

# 安徽省淮河水系短颌鲚群体遗传多样性

汪焕 胡玉婷 江河 段国庆 凌俊 潘庭双  
周华兴 陈小雷 侯冠军\*

安徽省农业科学院水产研究所, 水产增殖安徽省重点实验室 合肥 230031

**摘要:** 短颌鲚 (*Coilia brachygnathus*) 是一种小型经济鱼类, 同时也是大型肉食性鱼类和江豚 (*Neophocaena phocaenoides*) 的饵料, 在食物链中占据重要地位, 受过度捕捞、环境污染以及栖息地破坏等多种因素的影响, 短颌鲚野生资源面临严重威胁。目前有关淮河短颌鲚遗传资源的数据仍然缺乏。本研究采用微卫星分子标记对安徽省淮河水系短颌鲚 5 个群体进行遗传多样性分析。结果显示, 10 个微卫星位点在所有短颌鲚样本中均具有高度多态性, 多态信息含量 (PIC) 0.852 ~ 0.942; 5 个短颌鲚群体均显示出较高的遗传多样性水平, 期望杂合度  $H_e$  为 0.879 ~ 0.903, 多态信息含量 (PIC) 0.851 ~ 0.881。分子方差分析 (AMOVA) 显示, 大多数遗传变异存在于群体内 (97.88%), 群体间的遗传变异仅为 2.12%。5 个群体遗传分化水平较低 ( $F_{st} < 0.05$ ), 其中, 遗传分化系数最小的是浍河和颍河群体 ( $F_{st} = 0.004$ ) 且二者间遗传距离最近 ( $D_a = 0.161$ ); 遗传分化系数最大的是凤台和王家坝群体 ( $F_{st} = 0.041$ ) 且其间遗传距离最远 ( $D_a = 0.560$ )。群体遗传结构分析表明, 5 个短颌鲚群体可划分为 3 个组群。5 个群体都可能经历过瓶颈效应, 尤其是怀远和凤台群体。但安徽省淮河水系短颌鲚仍具有较高的遗传多样性, 具有潜在的开发与利用价值, 建议将其作为一个保护单元进行保护和管理。

**关键词:** 短颌鲚; 淮河; 微卫星 DNA; 遗传多样性; 遗传结构

**中图分类号:** Q953 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263 (2020) 06-760-08

## The Genetic Diversity of *Coilia brachygnathus* in the Huaihe River Basin of Anhui Province

WANG Huan HU Yu-Ting JIANG He DUAN Guo-Qing LING Jun  
PAN Ting-Shuang ZHOU Hua-Xing CHEN Xiao-Lei HOU Guan-Jun\*

Institute of Fisheries Science, Anhui Academy of Agricultural Sciences Anhui Province Key Laboratory  
of Aquaculture & Stock Enhancement, Hefei 230031, China

**Abstract:** As a small economic fish for human consumption, as well as a bait for large carnivorous fish and *Neophocaena phocaenoides*, *Coilia brachygnathus* occupies an important position in the food chain. Under

**基金项目** 安徽省农业科学院水产种质资源评价与保护创新团队项目 (No. 2020YL038), 安徽省水产产业技术体系项目 (皖农科 [2016]84 号);

\* 通讯作者, E-mail: hgi2005hf@163.com;

**第一作者简介** 汪焕, 女, 博士; 研究方向: 水产动物种质资源评价与保护; E-mail: wanghuan0325@126.com。

收稿日期: 2020-05-20, 修回日期: 2020-09-17 DOI: 10.13859/j.cjz.202006009

the influence of various factors such as overfishing, environmental pollution, and habitat destruction, the wild resources of *C. brachygnathus* are under serious threat. However, up to date, there is still a lack of data on the genetic resources of *C. brachygnathus* in Huaihe River. In the present study, genetic diversity was analyzed in five *C. brachygnathus* populations from the Huaihe River basin of Anhui Province by microsatellite test (Fig. 1). The results showed that 10 microsatellite loci were highly polymorphic and polymorphism information content (PIC) was from 0.852 to 0.942. The five populations showed high genetic diversity, with the expected heterozygosity ( $H_e$ ) from 0.879 to 0.903 and PIC from 0.851 to 0.881 (Table 1, 2). AMOVA analysis showed that most of the genetic variations were found within *C. brachygnathus* population (97.88%), while only 2.12% was found among populations (Table 3). Genetic differentiation and genetic distance analysis showed that the overall differentiation level was low ( $F_{st} < 0.05$ ),  $F_{st}$  between Huihe River and Yinghe River populations was lowest at 0.004 45, while that between Fengtai and Wangjiaba was the highest at 0.041 02. The genetic distance between Huihe River and Yinghe River population was the lowest at 0.160 9, while that between Fengtai and Wangjiaba population was the highest at 0.559 5 (Table 4, Fig. 2). The population genetic structure analysis based on Structure software indicated that the 5 populations belong to 3 genetic lineages (Fig. 3). In addition, the five *C. brachygnathus* populations might experience the bottleneck effect, especially in the Huaiyuan and Fengtai populations (Table 5). In conclusion, the wild resources still have high genetic diversity, according to the genetic structure of the five *C. brachygnathus* populations in the Huaihe River basin of Anhui Province, which we recommend to be one protection unit for protection and management. The results of the present study may enhance the understanding of *C. brachygnathus* populations in the Huaihe River, which will provide reference for the resource conservation and genetic improvement, and promote sustainable development and utilization of fish resources in the Huaihe River region.

**Key words:** *Coilia brachygnathus*; Huaihe River; Microsatellite DNA; Genetic diversity; Genetic structure

鲚属 (*Coilia*) 鱼类简称鲚鱼, 是一群中小型鱼类, 属于鲱形目 (*Clupeiformes*) 鲱科 (*Engraulidae*)。全世界共有鲚属鱼类 13 种, 其中, 中国分布有 4 种, 分别为七丝鲚 (*C. grayi*)、凤鲚 (*C. mystus*)、刀鲚 (*C. ectenes*) 和短颌鲚 (*C. brachygnathus*) (孟庆闻等 1995)。刀鲚和短颌鲚的分类地位存在争议。传统研究认为, 短颌鲚一般为定居型刀鲚, 是刀鲚的不同生态型, 然而近期一些研究发现短颌鲚中也存在像刀鲚一样溯河洄游的个体 (徐钢春等 2014, 陈婷婷等 2016)。短颌鲚为淡水种, 主要分布在长江及淮河流域的中、下游, 偶见于长江口咸淡水区, 受过度捕捞、环境污染以及栖息地破坏等多种因素的影响, 短颌鲚野生资源面临严重威胁。

淮河水系是我国 11 大水系之一, 地处东

部, 介于长江和黄河两流域之间 (吴梅 2013)。淮河流域人口分布密集, 受点源污染和农业非点源污染的影响, 其环境污染不容乐观, 多种鱼类可能面临过度捕捞和种质资源衰退的严峻问题 (方冬冬等 2018)。短颌鲚作为人类消费的小型经济鱼类, 其以小型鱼、虾类为食, 同时也是大型肉食性鱼类和江豚 (*Neophocaena phocaenoides*) 的饵料, 在食物链中占据重要地位。DNA 分子标记技术所采用的各种研究方法在鲚属鱼类遗传多样性研究中得到了很好应用, 然而目前有关淮河短颌鲚遗传资源的数据仍然匮乏。本研究利用微卫星分子标记对安徽省淮河水系 5 个短颌鲚野生群体进行遗传多样性和遗传结构分析, 旨在增进对淮河短颌鲚遗传资源的认识, 为短颌鲚的资源保护、良种选育和遗传改良提供理论依据, 也为合理有效的

人工养殖与管理提供基础资料。

## 1 材料与方法

### 1.1 样本采集

2018年9月至2019年6月,采集淮河水系安徽段5个不同地理群体短颌鲚样本,采样点分别位于怀远淮河(简称怀远群体)、宿州浍河(简称浍河群体)、凤台淮河峡山口段(简称凤台群体)、阜阳颍河(简称颍河群体)以及阜南王家坝(简称王家坝群体)(图1)。实验用鱼取其背部肌肉放入装有无水乙醇的离心管,4℃冰箱保存,以备后续实验使用。

### 1.2 短颌鲚基因组提取和微卫星扩增分型

利用基因组DNA提取试剂盒(北京天根生化科技有限公司,DP304)并参照说明书进行提取,提取后的短颌鲚基因组DNA利用紫外分光光度计检测其浓度及纯度,并置于-20℃冰箱保存备用。

本研究选用10对多态性较好的微卫星DNA分子标记(DJ36、DJ40、DJ41、DJ71、DJ228、DJ276、DJ312、DJ314、DJ360及DJ420)(Chen et al 2014),均能稳定扩增,每对微卫星引物上游序列的5'端选用FAM、HEX和TAMRA进行荧光标记,荧光引物由上海生工

生物工程股份有限公司合成。

PCR扩增总反应体系30 μl,包括短颌鲚基因组DNA模板(50 ng/μl)2 μl、10×EasyTaq Buffer 3 μl、dNTP(2.5 mmol/L)2.5 μl、上下游引物(10 μmol/L)各1 μl、TaqDNA聚合酶(5 U/μl)0.5 μl,无菌双蒸水补齐至30 μl。

PCR反应条件:94℃预变性5 min;94℃变性30 s,退火(10对微卫星引物退火温度55~59℃)40 s,72℃延伸50 s,共32~35个循环;最后72℃延伸10 min。1.5%的琼脂糖凝胶电泳检测PCR产物后,将扩增成功的产物用锡箔纸包裹避光低温保存,与内标LIZ500混合,利用ABI 3730XL基因分析仪进行短片段重复序列(short tandem repeat, STR)分型。

### 1.3 数据分析

基因分型结果通过Genemarker软件来读取,所得到的数据利用Genepop在线软件(<http://genepop.curtin.edu.au/>)进行哈迪-温伯格平衡检验以及连锁平衡检验。运用Arlequin 3.5软件对5个群体数据进行分子方差分析AMOVA(analysis of molecular variance),并计算两两群体之间的遗传分化系数( $F_{st}$ )(Excoffier et al. 2010);运用Popgene 1.32计算观测等位基因的数目( $N_a$ )、有效等位基因数

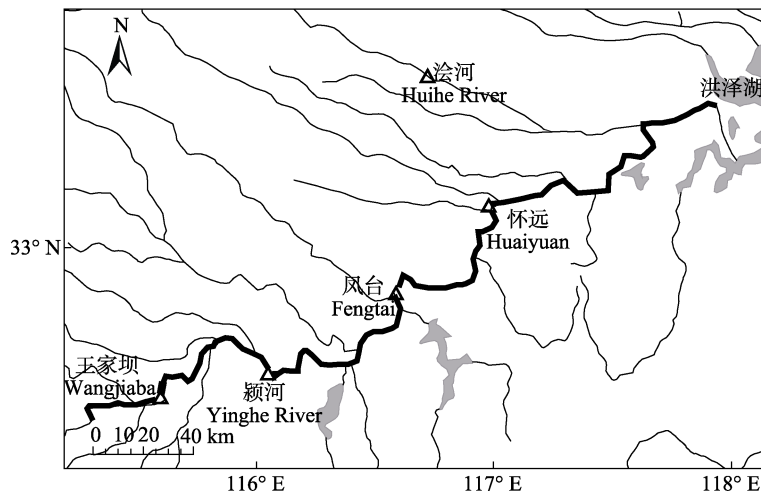


图1 安徽省淮河水系5个短颌鲚群体的采样地点

Fig. 1 Sampling sites of the five populations of *Coilia brachygnathus* from Anhui Huaihe River basin

( $N_e$ )、观测杂合度 ( $H_o$ )、期望杂合度 ( $H_e$ )、香浓信息指数 (Shannon's information index,  $I$ )、基因流 ( $N_m$ ) 及群体间遗传距离 ( $D_a$ ) (Nei 1972, Yeh et al. 1997); 利用 MEGA 7.0 软件基于 Nei 遗传距离使用 UPGMA 法构建系统树 (Kumar et al. 2016); 各位点及群体的多态信息含量 (polymorphism information content, PIC) 由软件 Cervus 3.0 (Kalinowski 2007) 计算。

Structure 2.3.4 (Porrás et al. 2013) 进行群体遗传结构分析, 登录 [http://taylor0.biology.ucla.edu/struct\\_harvest/](http://taylor0.biology.ucla.edu/struct_harvest/) 对得到的原始结果进行在线计算, 确定最佳分组  $K$  值, 使用 CLUMPP1.1.2 软件对结果进行比对和整合, 并使用 Excel 作图。使用软件 Bottlenecks 1.2 进行瓶颈效应分析, 基于无限等位基因模型 (infinite allele model, IAM)、双相突变模型 (two phase mutation model, TPM) 和逐步突变模型 (stepwise mutation model, SMM), 并通过 Sign 检验和 Wilcoxon 检验分析群体突变-漂移平衡来估计群体是否有杂合子过剩或缺失 (Luikart et al. 1998, Piry et al. 1999)。

## 2 结果与分析

### 2.1 微卫星位点的多态性

利用微卫星分子标记对安徽省淮河水系 5 个短颌鲚群体进行遗传多样性分析。10 个微卫星位点均为高度多态性位点, 多态信息含量 (PIC) 0.852 ~ 0.942, 平均观测杂合度为 0.601, 平均期望杂合度为 0.910, 每个位点平均等位基因数目为 23, 有效等位基因数为 11.596, 香浓信息指数为 2.663, 基因流为 9.458 (表 1)。

### 2.2 群体遗传多样性

哈迪-温伯格平衡检验以及连锁平衡检验结果表明, 浍河群体、颍河群体有 7 个位点极显著偏离哈迪-温伯格平衡, 怀远群体、凤台群体有 8 个位点极显著偏离平衡, 王家坝群体有 6 个位点极显著偏离平衡 (均为  $P < 0.01$ )。5 个群体中任意两个位点之间均未检测到连锁不平衡。不同群体之间的遗传信息比较见表 2, 5 个短颌鲚群体均显示出较高的遗传多样性水平 ( $H_e$  0.879 ~ 0.903, PIC 0.851 ~ 0.881)。凤台群体等位基因数、期望杂合度及多态信息含量

表 1 基于微卫星标记的安徽省淮河水系 5 个短颌鲚群体的遗传信息

Table 1 Genetic information of five *Coilia brachygnathus* populations in the Huaihe River basin of Anhui Province based on microsatellite markers

位点 Loci	观测杂合度 Observed heterozygosity	期望杂合度 Expected heterozygosity	多态信息含量 Polymorphism information content	观测等位基因数 Number of alleles	有效等位基因数 Number of effective alleles	香浓信息指数 Shannon's Information index	基因流 Gene flow
DJ36	0.738	0.897	0.885	15	9.482	2.414	12.932
DJ40	0.294	0.889	0.880	25	8.773	2.721	6.707
DJ41	0.713	0.929	0.922	28	13.559	2.912	13.515
DJ71	0.642	0.904	0.893	19	10.088	2.500	7.278
DJ228	0.335	0.901	0.890	19	9.852	2.521	11.007
DJ276	0.616	0.915	0.906	26	11.434	2.690	6.801
DJ312	0.683	0.869	0.852	13	7.485	2.161	9.005
DJ314	0.816	0.948	0.942	29	18.188	3.076	11.844
DJ360	0.702	0.947	0.941	35	17.711	3.125	11.494
DJ420	0.472	0.896	0.884	21	9.381	2.505	3.994
平均值 ± 标准差 Mean ± SD	0.601 ± 0.176	0.910 ± 0.205	0.901 ± 0.030	23 ± 6.8	11.596 ± 3.716	2.663 ± 0.305	9.458 ± 3.166

表 2 五个短颌鲚群体遗传信息比较

Table 2 Comparison of genetic information of the five *Coilia brachygnathus* populations

群体 Population	样本量 Sample size (ind)	等位基因数 Number of alleles	观测杂合度 Observed heterozygosity	期望杂合度 Expected heterozygosity	多态信息含量 Polymorphism information content
浍河 Huihe River	32	15.200 ± 3.967	0.646 ± 0.136	0.897 ± 0.021	0.873 ± 0.024
怀远 Huaiyuan	32	14.400 ± 3.777	0.563 ± 0.201	0.897 ± 0.036	0.872 ± 0.040
颍河 Yinghe River	32	15.300 ± 4.270	0.625 ± 0.262	0.890 ± 0.040	0.865 ± 0.044
凤台 Fengtai	37	17.100 ± 4.483	0.563 ± 0.197	0.903 ± 0.038	0.881 ± 0.043
王家坝 Wangjiaba	28	13.800 ± 3.490	0.616 ± 0.210	0.879 ± 0.057	0.851 ± 0.061

最高，王家坝群体等位基因数及多态信息含量最低。5 个群体的遗传信息指标并无显著性差异 ( $P > 0.05$ )。

2.3 群体遗传结构

AMOVA 结果显示，5 个群体之间的变异为 2.12%，群体内变异为 97.88%，整体遗传分化系数  $F_{st}$  值为 0.021 ( $F_{st} < 0.05$ )，分化水平较低(表 3)。5 个群体间的  $F_{st}$  为 0.004 ~ 0.041，其中，遗传分化最小的是浍河和颍河群体 ( $F_{st} = 0.004$ )，其间遗传距离最近 ( $D_a =$

0.161)；遗传分化最大的是凤台和王家坝群体 ( $F_{st} = 0.041$ )，其间遗传距离最远 ( $D_a = 0.560$ ) (表 4)。

基于 Nei's 遗传距离用 UPGMA 法构建 5 个短颌鲚群体的系统发育树，5 个群体具有共同的祖先型，宿州浍河和阜阳颍河短颌鲚群体最先聚类为一支，然后分别与怀远群体和阜南王家坝群体聚类，最后与凤台淮河峡山口段短颌鲚聚在一起，表明凤台短颌鲚群体与其他 4 个群体间遗传距离较远 (图 2)。

表 3 淮河水系 5 个短颌鲚群体的 AMOVA 分析

Table 3 AMOVA analysis among five populations of *Coilia brachygnathus* in Huaihe River

变异来源 Source of variation	自由度 Degree of freedom	平方和 Sum of squares	方差组分 Variance components	百分比 Percentage (%)
群体间 Among populations	4	42.321	0.095 75	2.12
群体内 Within populations	317	1 402.990	4.425 83	97.88
总变异 Total	321	1 455.311	4.521 59	100

$F_{st} = 0.021$

表 4 淮河水系 5 个短颌鲚群体的遗传距离和遗传分化指数

Table 4 Genetic differentiation  $F_{st}$  values and Nei's genetic distance among five populations of *Coilia brachygnathus* in Huaihe River

群体 Population	浍河 Huihe River	怀远 Huaiyuan	颍河 Yinghe River	凤台 Fengtai	王家坝 Wangjiaba
浍河 Huihe River		0.005	0.004	0.032	0.013
怀远 Huaiyuan	0.176		0.007	0.032	0.012
颍河 Yinghe River	0.161	0.179		0.035	0.020
凤台 Fengtai	0.487	0.478	0.495		0.041
王家坝 Wangjiaba	0.239	0.227	0.292	0.560	

对角线以下是 Nei's 标准遗传距离 ( $D_a$ )，对角线以上遗传分化指数 ( $F_{st}$ )。

Nei's genetic distance (below diagonal) and  $F_{st}$  (above diagonal).

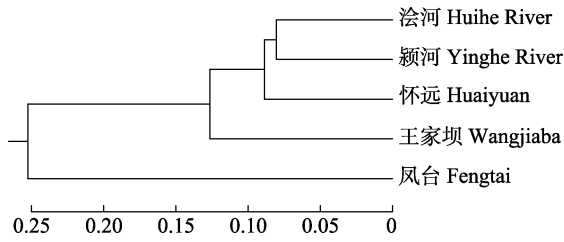


图2 基于Nei's 遗传距离构建的淮河水系5个短颌鲚群体的UPGMA系统发育树

Fig. 2 The UPGMA phylogenetic tree of the five *Coilia brachygnathus* populations in Huaihe River based on Nei's genetic distance

标尺示遗传距离。Bar indicates the genetic distance.

Structure 分析,  $K = 3$  是比较理想的种群亚型类群数目, 即 5 个短颌鲚群体最可能划分为 3 个不同的组群 (图 3), 图中不同颜色分别代表不同的组群, 其中浍河群体、怀远群体、颍河群体及王家坝群体遗传背景整体趋于一致, 而与凤台群体遗传差异较大。

### 2.4 群体突变-漂移平衡分析

根据微卫星位点的等位基因频率, 基于 IAM、TPM 和 SMM 3 种不同的假设, 对 5 个短颌鲚群体进行检验 (表 5)。在 IAM 模型假设下, 凤台群体在 Sign 检验中呈现极显著的杂合度过剩 ( $P < 0.01$ ), Wilcoxon 检验的双尾检

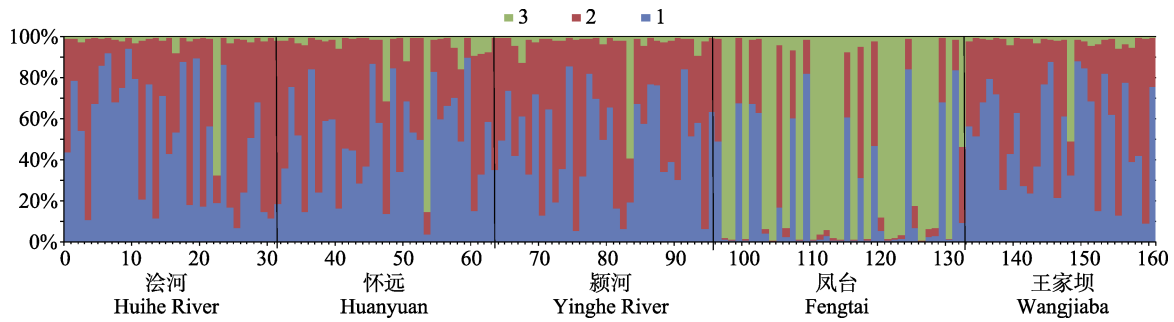


图3 安徽省淮河水系5个短颌鲚群体遗传结构图

Fig. 3 Population genetic structure of *Coilia brachygnathus* in Anhui Huaihe River

显示  $K = 3$  时的种群聚类关系, 三种颜色代表三个遗传上不同的组群。纵坐标表示各种群中的单个个体占种群祖先成分的比例。The assignment results show  $K = 3$ . Three colors represent three different genetic clusters. Y-coordinate denotes the proportion of ancestry components in an individual in relation to other population.

表5 淮河短颌鲚群体突变-漂移平衡分析

Table 5 Analysis of mutation-drift equilibrium of *Coilia brachygnathus* in the Huaihe River

群体 Population	Sign 检验 Sign test						Wilcoxon 检验 Wilcoxon test		
	IAM		TPM		SMM		IAM	TPM	SMM
	$H_E/H_D$	$P$	$H_E/H_D$	$P$	$H_E/H_D$	$P$	$P$	$P$	$P$
浍河 Huihe River	9/1	0.058	7/3	0.383	3/7	0.060	0.131	0.131	0.032*
怀远 Huaiyuan	9/1	0.052	9/1	0.047*	5/5	0.400	0.002**	0.032*	1.000
颍河 Yinghe River	9/1	0.052	8/2	0.165	3/7	0.061	0.003**	0.432	0.193
凤台 Fengtai	10/0	0.007**	9/1	0.049*	1/9	0.002**	0.001**	0.032*	0.032*
王家坝 Wangjiaba	9/1	0.055	7/3	0.375	5/5	0.399	0.010**	0.432	0.625

$H_E/H_D$  表示杂合过剩与杂合不足位点数之比; \* 表示显著偏离突变-漂移平衡 ( $P < 0.05$ ), \*\* 表示极显著偏离突变-漂移平衡 ( $P < 0.01$ )。

$H_E/H_D$  means the ratio of loci number with heterozygosity excess to heterozygosity deficiency; \* means significant deviation from mutation-drift equilibrium ( $P < 0.05$ ); \*\* means extremely significant deviation from mutation-drift equilibrium ( $P < 0.01$ ).

测结果显示除浍河群体外, 其他 4 个群体均表现出极显著的杂合度过剩 ( $P < 0.01$ ); 在 TPM 模型假设下, 怀远群体和凤台群体在 Sign 检验中呈现显著的杂合度过剩 ( $P < 0.05$ ), 且 Wilcoxon 检验的双尾检测均表现出显著水平 ( $P < 0.05$ ); 在 SMM 模型假设下, 凤台群体在 Sign 检验中呈现极显著的杂合度缺失 ( $P < 0.01$ ), 凤台群体和浍河群体在 Wilcoxon 检验的双尾检测中均表现出显著水平 ( $P < 0.05$ )。

### 3 讨论

#### 3.1 安徽省淮河水系短颌鲚群体遗传多样性

遗传多样性是物种生存与进化的基础, 物种内丰富的遗传多样性和遗传变异, 有利于提高物种对环境变化的适应能力。遗传多样性降低会导致种群适应力和生存力降低, 甚至增加灭绝的风险(汪焕等 2020)。基因杂合度 ( $H$ ) 与多态信息含量 (PIC) 是反映群体内个体遗传变异程度的两个重要指标, 数值越大说明遗传变异越大, 反之遗传变异越小, 杂合度还能反映群体遗传多样性的高低(黄承勤等 2020)。本研究中 5 个短颌鲚群体的平均期望杂合度和多态信息含量均表明安徽省淮河水系短颌鲚仍保持着较高的遗传多样性, 其中, 凤台峡山口短颌鲚群体遗传多样性最高, 王家坝群体最低。凤台短颌鲚群体采集于淮河干流峡山口国家级种质资源保护区, 因受外界干扰较小, 可能保留了某些稀有等位基因; 而王家坝群体受到人为干扰、环境污染及过度捕捞的影响相对较大, 遗传多样性降低。

基于 DNA 分子标记的鲚属鱼类遗传多样性研究已大量开展, 研究表明鲚属鱼类普遍存在较高的遗传多样性。如采用线粒体分子标记发现长江中下游洞庭湖、长湖、巢湖 3 个湖泊短颌鲚(王旭歌等 2018) 以及洪泽湖湖鲚 (*C. nasus*) (李大命等 2018) 遗传多样性较高。基于微卫星分子标记的长江刀鲚野生群体与 3 个连续选育世代群体遗传多样性研究显示, 长江刀鲚具有丰富的遗传多样性和进一步选育的潜力(于爱清等 2019)。

#### 3.2 安徽省淮河水系短颌鲚群体遗传结构

研究群体遗传结构不仅可以评价物种群体间的变异水平以及不同地理群体之间的关系, 还能确定群体中的进化显著单元和管理单元, 制定资源保护和管理策略(O'Brien 1994)。Wright (1965) 提出, 遗传分化系数  $F_{st} < 0.05$  为低度分化,  $0.05 \leq F_{st} \leq 0.15$  为中度分化,  $F_{st} > 0.15$  分化程度较高,  $F_{st} > 0.25$  分化程度极大。本研究  $F_{st}$  为 0.003 23 ~ 0.040 02, 小于 0.05, 表明安徽省淮河水系 5 个短颌鲚群体间的遗传分化程度为低度分化; 5 个短颌鲚群体之间的变异仅为 2.12%, 而群体内变异为 97.88%, 群体内变异是遗传变异的主要来源。王旭歌等 (2018) 对长江中下游洞庭湖、长湖、巢湖 3 个湖泊短颌鲚遗传分化程度的研究表明, 3 个湖泊短颌鲚地理群体的  $F_{st}$  值为 0.265 95, 呈现出中等程度的分化水平, 遗传变异主要发生在群体内部, 占 73.40%。

鱼类种群遗传结构与其所处水域环境因子有密切关系, 过度捕捞、水体污染、工程建设以及外来种入侵等都会对鱼类种质资源造成影响(郑德育等 2019)。本研究结果并不特别符合扩散距离和遗传关系的一般规律, 可能与其分布的地理位置有关。尤其是凤台群体, 该群体采集于淮河干流峡山口国家级种质资源保护区, 人类干扰较小, 并且受到上游支流群体的影响, 导致与其他 4 个群体的遗传距离最远。根据安徽省淮河水系短颌鲚群体的遗传结构分析结果, 建议仍将其作为一个保护单元进行保护和管理。

#### 3.3 安徽省淮河水系短颌鲚群体瓶颈效应分析和资源保护

处于突变-漂移平衡下的种群, 微卫星位点显示杂合过剩与杂合不足的概率应大致相等。种群在经历了瓶颈效应后等位基因数目与基因多样性(杂合度)均会降低, 其中等位基因的丢失比杂合度降低速度快, 从而导致杂合过剩, 而且这一作用将保持数代直至群体再次回到遗传平衡状态(杨胜林等 2013)。本研究中基于 IAM、TPM 和 SMM 三种突变模型的 Sign 检验

和 Wilcoxon 检验结果显示, 淮河短颌鲚 5 个群体都有可能经历过瓶颈效应, 这也是大部分微卫星位点偏离哈迪-温伯格平衡的原因之一。研究表明, 许多微卫星数据更符合 TPM 模型, 目前已被推荐用于种群数量瓶颈效应的检验 (Cornuet et al. 1996)。如果仅用 TPM 模型来检验种群的瓶颈效应, 本研究中 5 个短颌鲚群体仅有怀远和凤台群体可能经历过瓶颈效应。因此必须加强淮河短颌鲚资源的保护力度, 增加种群数量, 提高其遗传多样性水平, 以避免淮河水系短颌鲚资源的衰退。

本研究结果显示, 安徽省淮河水系短颌鲚遗传多样性仍然较高, 具有潜在的开发与利用价值, 应对淮河水系短颌鲚进行有效保护, 使其种质资源得到合理的可持续性利用。如严格控制捕捞强度, 加强环境保护, 建立保护区、合理修建鱼道、科学增殖放流, 延长禁渔期等, 以保证淮河短颌鲚种群的繁衍和资源恢复, 并实现淮河流域渔业资源的可持续发展与利用。

## 参 考 文 献

- Chen F, Zeng L, Cheng Q. 2014. Development of thirty-four novel polymorphic microsatellite markers in *Coilia ectenes* (Clupeiformes: Engraulidae) and cross-species amplification in two closely related taxa. *Journal of Genetics*, 93: 37–43.
- Cornuet J M, Luikart G. 1996. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. *Genetics*, 144(4): 2001–2014.
- Excoffier L, Lischer H E L. 2010. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10(3): 564–567.
- Kalinowski S T. 2007. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology*, 16(5): 1099–1106.
- Kumar S, Stecher G, Tamura K. 2016. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology & Evolution*, 33(7): 1870–1874.
- Luikart G, Cornuet J. 1998. Empirical evaluation of a test for identifying recently bottlenecked populations from allele frequency data. *Conservation Biology*, 12(1): 228–237.
- Nei M. 1972. Genetic distance between populations. *American Naturalist*, 106(949): 283–292.
- O'Brien S J. 1994. A role for molecular genetics in biological conservation. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 91(13): 5748–5755.
- Piry S, Luikart G, Cornuet J M. 1999. Computer note. BOTTLENECK: a computer program for detecting recent reductions in the effective size using allele frequency data. *Journal of Heredity*, 90(4): 502–503.
- Porras H L, Ruiz Y, Santos C, et al. 2013. An overview of Structure: applications, parameter settings, and supporting software. *Frontiers in Genetics*, 4(98): 98.
- Wright S. 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 19(3): 395–420.
- Yeh F C, Boyle T J B. 1997. Population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits. *Belgian Journal of Botany*, 129: 157–163.
- 陈婷婷, 姜涛, 卢明杰, 等. 2016. 基于耳石微化学的长江靖江段长颌鲚与短颌鲚生境履历重建. *湖泊科学*, 28(1): 149–155.
- 方冬冬, 顾钱洪, 周传江, 等. 2018. 淮河源区群体遗传多样性研究. *水产科学*, 37(5): 665–673.
- 黄承勤, 黄英毅, 黄欣, 等. 2020. 湖栖鳊鱼微卫星 DNA 标记的开发与群体遗传多样性分析. *动物学杂志*, 55(1): 67–76.
- 李大命, 张彤晴, 唐晟凯, 等. 2018. 基于线粒体 Cytb 基因和 D-loop 区序列的洪泽湖湖鲚遗传多样性分析. *江苏农业科学*, 46(20): 36–39.
- 孟庆闻, 苏锦祥. 1995. 鱼类分类学. 北京: 中国农业出版社.
- 汪焕, 江河, 段国庆, 等. 2020. 安徽省草鱼养殖群体遗传多样性及遗传结构分析. *安徽农业大学学报*, 47(1): 25–29.
- 王旭歌, 何勇凤, 吴兴兵, 等. 2018. 长江中下游湖泊短颌鲚线粒体控制区遗传多样性分析. *动物学杂志*, 53(1): 106–113.
- 吴梅. 2013. 淮河水系的形成与演变研究. 北京: 中国地质大学博士学位论文.
- 徐钢春, 顾若波, 刘洪波, 等. 2014. 长江短颌鲚耳石 Sr/Ca 值变化特征及其江海洄游履历. *水产学报*, 38(7): 939–945.
- 杨胜林, 徐龙鑫, 杨海兵, 等. 2013. 中国 5 个矮马品种的瓶颈效应分析. *中国畜牧兽医*, 40(1): 140–144.
- 于爱清, 施永海, 邓平平. 2019. 长江刀鲚选育和野生群体遗传多样性的微卫星分析. *水产科技情报*, 46(3): 7–11.
- 郑德育, 郭易佳, 杨天燕, 等. 2019. 基于线粒体 ND2 基因序列的少鳞鳊遗传多样性研究. *南方水产科学*, 15(5): 84–91.