

基于线粒体 Cyt b 基因序列变异的克孜河塔里木裂腹鱼和斑重唇鱼遗传多样性

阎雪岚 杨金权 唐文乔* 王丽卿 阿达来提·尔迪

(水产种质资源发掘与利用教育部重点实验室 上海海洋大学鱼类研究室 上海 201306;
新疆维吾尔自治区水利厅喀什噶尔河流域管理处 喀什 844000)

摘要: 采用线粒体细胞色素 *b* 基因(Cyt *b*) 序列,分析了采自新疆克孜河 3 个群体(斯木哈纳 SM、牙师 YS、卡拉贝利 KL)的塔里木裂腹鱼(*Schizothorax biddulphi*) 41 尾个体及 1 个斑重唇鱼(*Diptychus maculatus*) 群体(斯木哈纳)23 尾个体的种群遗传多样性和遗传结构。结果显示,塔里木裂腹鱼检测到 6 个碱基变异位点,定义了 4 种单倍型,平均单倍型多样性指数及核苷酸多样性指数分别为 0.525 4 和 0.001 16。分子变异分析(AMOVA)结果提示,塔里木裂腹鱼的遗传变异全部发生于群体内部;群体间 Kimura-2-parameter 遗传距离、分化指数($F_{st} < 0.085 25$)和基因流($N_m > 3.18$)都显示 3 个群体没有种群分化,属于单一群体。斑重唇鱼检测出 7 个变异位点,定义了 8 个单倍型,平均单倍型多样性指数与核苷酸多样性指数分别为 0.830 1 和 0.001 13。研究表明,克孜河的塔里木裂腹鱼和斑重唇鱼均处于很低的遗传多样性水平,物种维持力较弱。

关键词: 塔里木裂腹鱼; 斑重唇鱼; Cyt *b*; 遗传多样性; 克孜勒苏河; 新疆
中图分类号: Q951 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263(2009)05-08-06

Genetic Diversity of Two Cyprinid Fishes: *Schizothorax biddulphi* and *Diptychus maculatus* in Kezilesu River, Xinjiang Uygur Autonomous Region Based on Cyt b Gene Sequences Variation

YAN Xue-Lan YANG Jin-Quan TANG Wei-Qiao* WANG Li-Qing Adalaiti Tuerdi

(Key Laboratory of Exploration and Utilization of Aquatic Genetic Resources, Ministry of Education,
Laboratory of Ichthyology, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306;

Kashgar River Basin Management Office of Water Resources Department of the Xinjiang Uygur Autonomous Region, Kashi 844000, China)

Abstract: The complete mitochondrial Cyt *b* gene sequences were analyzed to detect the diversity of *Schizothorax biddulphi* and *Diptychus maculatus*. A total of 41 individuals of *S. biddulphi* were sampled from 3 localities (Simuhana, Yashi and Kalabeili) and 23 individuals of *D. maculatus* were sampled from 1 locality (Simuhana) of Kezilesu River, West Xinjiang autonomous region. In *S. biddulphi*, 6 variable sites were detected and 4 haplotypes were defined, which has low haplotype diversity (0.525 4) and low nucleotide diversity (0.001 16). Analysis of molecular variance (AMOVA) indicated that all of the genetic variations observed were found within three populations. The average Kimura 2-parameter distances among the three populations of *S. biddulphi*, the population differentiation

基金项目 上海高校水产养殖学 E 研究院项目(No. E03009),上海市重点学科建设项目(No. S30701);

*通讯作者, E-mail: wqtang@shou.edu.cn;

第一作者介绍 阎雪岚,女,硕士研究生;研究方向:鱼类分子生态学; E-mail: xlyan@stmail.shou.edu.cn。

收稿日期: 2009-01-20, **修回日期:** 2009-06-24

values ($F_{st} < 0.08525$) and the level of gene flow ($N_m > 3.18$) all showed that there was no genetic differentiation among these three populations, indicating that the three populations belong to a single population. In *D. maculatus*, 7 variable sites were detected and 8 haplotypes were defined, and the haplotype diversity and nucleotide diversity were 0.8301 and 0.00113, respectively. Both *S. biddulphi* and *D. maculatus* have low genetic diversity, indicating their weak viability to maintain population.

Key words: *Schizothorax biddulphi*; *Diptychus maculatus*; Cyt b; Genetic diversity; Kezilesu River; Xinjiang Autonomous Region

克孜勒苏河(简称克孜河)位于新疆西部,发源于天山南脉塔吉克斯坦境内海拔6 600 m 的阿赖岭南坡,是喀什噶尔河水系中最大的一条河流^[1]。克孜河中上游干流穿行在天山山脉与帕米尔高原之间的洼地,出塔吉克斯坦后海拔约3 000 m,自西向东流经我国新疆克孜勒苏克尔克孜自治州,进入喀什地区以后称喀什格尔河,海拔降至约1 500 m。最后与叶尔羌河相遇,汇入塔里木河。克孜河全长 778 km,我国境内约 600 km,流域面积15 100 km²。克孜河的径流主要依靠上游冰雪融水,11 月至次年 3 月为冰冻期,年均流量 22.37 亿 m³。克孜河在克孜州乌恰县卡拉贝利水文站(海拔1 817 m)以上,流淌于高山峡谷之中,两岸植被稀少,除个别村庄和沿岸公路,没有大的水利工程、工业设施和农业耕植,河道和水文情势未受人为过多干扰,环境基本处于自然状态。进入平原灌区后,河道变宽,两岸多耕地,主流分散,建有平原水库 10 座,形成了纵横交错的灌溉引水渠系。一般的水文年,克孜河水流在与叶尔羌河相遇前,已消失于塔克拉玛干大沙漠。

Day^[2]最早记录了采自喀什的叶尔羌高原鳅(*Nemachilus yarkandensis*)和塔里木裂腹鱼(*Schizothorax biddulphi*)。Zugmayer^[3]在喀什记录了塔里木裂腹鱼、厚唇裂腹鱼(*S. irregularis* = *S. intermedius intermedius*)和新疆扁吻鱼(*Aspiorhynchus laticeps*)。李思忠^[4]记录了采自阿图什、疏勒的叶尔羌高原鳅、厚唇裂腹鱼和隆额高原鳅(*Triplophysa bombifrons*)。但最近 40 年来,并未见克孜河鱼类的采集记录和报道^[5,6]。我们于 2007、2008 年在克孜河流域进行了多次采集,发现被列入新疆《地方重点保护野生动物

名录》的塔里木裂腹鱼和斑重唇鱼还有一定数量。塔里木裂腹鱼是新疆特有鱼类,仅分布于塔里木水系。斑重唇鱼在国外分布于前苏联、印度,在我国仅分布于伊犁河和塔里木河水系。克孜河已成为保护这 2 种裂腹鱼类的重要种质资源库,但目前还未见其种质评估方面的研究报道^[7-10]。本文以进化速度适中的线粒体 DNA 细胞色素 b 基因为分子标记,对克孜河塔里木裂腹鱼和斑重唇鱼进行遗传多样性分析,以期初步了解这两种鱼的遗传多样性现状,为种质资源保护与合理利用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 标本采集 塔里木裂腹鱼 2008 年 4~8 月采自克孜河上游的斯木哈纳江段(简称 SM,海拔 2 930 m, N 39°27'14", E 73°44'01", 离河源 78 km)9 尾,中上游牙师江段(YS,海拔 2 770 m, N 39°43'96", E 73°58'32", 离河源 122 km)13 尾,中游卡拉贝利水文站(KL,海拔 1 817 m, N 39°35'57", E 75°05'19", 离河源 213 km)19 尾,共计 41 尾。斑重唇鱼 23 尾于同一时间采自斯木哈纳江段。鲜活样本用 95%酒精固定后带回实验室鉴定,取肌肉分析。取过样的标本保存在上海海洋大学鱼类标本室。

1.2 基因组总 DNA 提取、PCR 扩增及目的片段的纯化和测序 基因组 DNA 从肌肉组织中分离并用蛋白酶 K 消化,采用传统的“酚-氯仿”法提取。mtDNA Cyt b 序列通过 PCR 双向扩增获得,扩增引物为 L14724 (5'-GAC TTG AAA AAC CAC CGT TC-3')和 H15915 (5'-CTC CGA TCT CCGGAT TAC AAG AC-3')^[11]。PCR 反应体系为:10 ×buffer 5 μl, 10 mmol/L dNTPs 0.5 μl,引

物各 0.2 $\mu\text{mol/L}$, *Taq* 酶 1.0 U, 以及模板 DNA 约 100 ng, 加去离子水至 50 μl 。PCR 反应条件为 95 预变性 5 min; 95 变性 40 s, 53 退火 40 s, 72 延伸 1 min, 共 30 个循环; 最后 72 延伸 5 min。扩增产物经琼脂糖凝胶电泳检测后用 UNIQ-10 柱式 DNA 回收试剂盒回收, 由上海生工生物公司测序, 测序引物与 PCR 扩增引物相同。

1.3 序列分析 序列的比对使用 Clustal X^[12] 软件并在 SEAVIEW^[13] 程序中加以手工校正。用 MEGA 4.0^[14] 软件计算核酸序列的组成、变异位点及单倍型数目。用 Arlequin Ver. 3.01^[15] 软件统计种群核苷酸多样性 (π)、单倍型多样性 (h) 及其标准差 (SD)。以 Kimura 双参数法 (Kimura 2-parameter) 估计遗传距离。采用分子变异分析方法 (AMOVA) 以 10 000 次重复随机抽样单倍型重排后进行显著性检验, 估计种群遗

传结构及不同遗传变异的分布。群体间分化指数 (F_{st}) 和基因流 (N_m) 利用 DnaSP Ver. 4.10^[16] 软件分析。

2 结果

2.1 塔里木裂腹鱼和斑重唇鱼的遗传多样性

2.1.1 Cyt b 序列及其变异 序列拼接和比对后, 获得全长为 1 140 bp 的塔里木裂腹鱼 Cyt b 基因。41 尾个体共检测到 6 个碱基突变位点 (variable site) (图 1), 变异全部发生在密码子第 3 位, 其中 5 次转换, 1 次颠换。基因序列中, 碱基 A、T、C、G 的含量分别为 27.1%、28.1%、28.5% 和 16.3%。G 含量很低, 表现出强烈的碱基组成偏向性, 显示了 Cyt b 基因的共同特性^[17]。特别是在密码子第二和第三位更为明显, 而密码子第一位碱基组成比较接近。

	变异位点 Variable sites						种群 Populations			
	108	582	699	792	903	954	SM	YS	KL	
塔里木裂腹鱼 <i>S. biddulphi</i>	Hap 1	C	A	C	A	G	A	3	5	5
	Hap 2	G	.	.	G	.	.	5	8	11
	Hap 3	G	1	0	0
	Hap 4	G	G	T	.	A	G	0	0	3
斑重唇鱼 <i>D. maculatus</i>	Hap 5	399	525	531	795	882	903	991	3	
	Hap 6	T	G	C	G	G	A	A	2	
	Hap 7	.	A	1	
	Hap 8	.	.	T	.	A	.	.	7	
	Hap 9	.	.	T	1	
	Hap 10	C	1	
	Hap 11	G	.	6	
	Hap 12	.	.	.	A	.	.	.	2	

图 1 塔里木裂腹鱼和斑重唇鱼 Cyt b 单倍型变异位点及其分布

Fig. 1 Variable sites of Cyt b and their distributions in *Schizothorax biddulphi* and *Diptychus maculatus*

Hap. 单倍型; SM. 斯木哈纳群体; YS. 牙师群体; KL. 卡拉贝利群体。

Hap. Haplotype; SM. Simuhana population; YS. Yashi population; KL. Kalabeili population.

斑重唇鱼 Cyt b 基因的全长仍为 1 140 bp。23 尾个体共检测到 7 个碱基变异位点 (图 1), 都是转换变异, 其中 6 次发生在密码子的第 3 位, 1 次发生在第 1 位。4 种碱基的含量分别为 A 24.4%、T 30.2%、C 27.5% 和 G 17.9%, 表现

出与塔里木裂腹鱼类似的碱基组成偏向性。

2.1.2 群体遗传多样性分析 在所分析的 41 尾塔里木裂腹鱼个体中共有 4 种单倍型, 而 23 尾斑重唇鱼个体中却发现 8 种单倍型, GenBank 登录号为 FJ931464 ~ FJ931475。用 Arlequin

表 1 塔里木裂腹鱼和斑重唇鱼 mtDNA Cyt b 遗传多样性分析

Table 1 Genetic diversity of *Schizothorax biddulphi* and *Diptychus maculatus* based on mtDNA Cyt b gene sequences

种名 Species	采集地点 Location	样本数 Sample size	单倍型数 Haplotype	单倍型多样性 Haplotype diversity (<i>h</i>)	核苷酸多样性 Nucleotide diversity ()
塔里木裂腹鱼 <i>S. biddulphi</i>	克孜河中上游 Middle and upper reaches	41	4	0.525 4 ±0.071 0	0.001 16 ±0.000 82
斑重唇鱼 <i>D. maculatus</i>	克孜河上游 Upper reaches	23	8	0.830 1 ±0.063 6	0.001 13 ±0.000 83

Ver. 3.01 软件分析所得的核苷酸多样性参数见表 1。结果表明,塔里木裂腹鱼和斑重唇鱼都具有很低的核苷酸多样性,仅为 0.001 16 和 0.001 13。尽管斑重唇鱼拥有较高的单倍型多样性 ($h = 0.830 1$),但由于变异位点很少,只有 7 个,核苷酸多样性也很低。

2.2 不同群体间塔里木裂腹鱼的遗传多样性差异

2.2.1 群体间的单倍型和核苷酸多样性分异
采自克孜河中上游江段 3 个塔里木裂腹鱼群

表 2 塔里木裂腹鱼 3 个群体内 mtDNA Cyt b 遗传多样性分析

Table 2 Genetic diversity among 3 populations of *Schizothorax biddulphi* based on mtDNA Cyt b gene

采集点 Location	样本数 Sample size	单倍型数 Haplotype	单倍型多样性 Haplotype diversity (<i>h</i>)	核苷酸多样性 Nucleotide diversity ()
斯木哈纳 Simuhana SM	9	3	0.733 3 ±0.155 2	0.000 93 ±0.000 86
牙师 Yashi YS	13	2	0.436 4 ±0.133 3	0.000 77 ±0.000 66
卡拉贝利 Kalabeili KL	19	3	0.549 7 ±0.098 7	0.001 49 ±0.001 08
总计 Total	41	4	0.525 4 ±0.071 0	0.001 16 ±0.000 82

2.2.2 群体间的遗传距离及 AMOVA 分析 用 MEGA 4.0 软件分析得到的 Kimura-2-parameter 遗传距离结果(表 3)。结果显示,各群体间的遗传距离都与群体内的一致。分子方差分析也显示群体间的变异分量为负值,均表明这 3 个

表 3 塔里木裂腹鱼群体内与群体间的 Kimura-2-parameter 遗传距离

Table 3 The average Kimura-2-parameter distance between and within *Schizothorax biddulphi* populations

群体 Populations	斯木哈纳 Simuhana SM	牙师 Yashi YS	卡拉贝利 Kalabeili KL
斯木哈纳 Simuhana SM	0.001		
牙师 Yashi YS	0.001	0.002	
卡拉贝利 Kalabeili KL	0.002	0.002	0.001

体的 41 尾个体,共定义了 4 个单倍型,即 Hap1 ~ Hap4。SM、YS、KL 3 个群体有 2 个共享单倍型(Hap1 和 Hap2),其中 Hap2 共享频率和出现次数较高,有 24 尾个体共享;Hap1 为 13 尾个体共享。Hap3 及 Hap4 分别是 SM 和 KL 群体的特有单倍型。单倍型频率分布见图 1。

从核苷酸多样性指数看(表 2),以 YS 群体最低,KL 群体最高;从单倍型指数看,以 SM 群体最高,YS 群体最低。

群体的遗传变异发生在种群内,群体间没有遗传差异(表 4)。

表 4 塔里木裂腹鱼群体 41 个样本 Cyt b 序列的分子变异分析

Table 4 AMOVA of Cyt b gene for 41 individuals of *Schizothorax biddulphi*

变异来源 Source of variation	自由度 <i>df</i>	变异分量 Variance components	变异百分比 Percentage of variation
群体间 Among population	2	- 0.013 85	- 1.86
群体内 Within population	38	0.757 82	101.86
总计 Total	40	0.743 97	

2.2.3 种群分化和基因流 利用 DnaSP 软件估算 3 个群体间的分化指数 (F_{st}) 和基因流 (N_m), 结果见表 5。可见 3 个群体间的 F_{st} 很小, N_m 很大, 表明 3 群体之间的分化程度很低, 相互间存在着广泛的基因交流。

表 5 塔里木裂腹鱼群体分化指数 F_{st} (对角线下) 和群体基因交流值 (N_m)(对角线上)

Table 5 Matrix of pair wise F_{st} (below diagonal) and N_m (above diagonal) between 3 populations of *Schizothorax biddulphi*

群体 Populations	斯木哈纳 Simuhana SM	牙师 Yashi YS	卡拉贝利 Kalabeili KL
斯木哈纳 Simuhana SM		3.18	4.88
牙师 Yashi YS	0.085 25		10.45
卡拉贝利 Kalabeili KL	0.054 03	0.024 51	

3 讨论

3.1 克孜河塔里木裂腹鱼和斑重唇鱼的遗传多样性 遗传多样性是一个物种适应环境与进化的基础, 种内遗传多样性越丰富, 其进化潜力也愈大, 对环境变化的适应能力也就越强。本研究显示, 41 尾塔里木裂腹鱼个体中仅发现 4 种单倍型, 而 23 尾斑重唇鱼个体中却发现 8 种单倍型, 说明斑重唇鱼的单倍型多样性比塔里木裂腹鱼丰富 ($h = 0.8301$ 对 0.5254)。但克孜河塔里木裂腹鱼和斑重唇鱼的核苷酸多样性都很低 (分别为 0.00116 、 0.00113), 不仅低于裂腹鱼亚科的其他种类, 如青海湖裸鲤 (*Gymnocypris przewalskii*) (0.00201 ± 0.00124)^[18], 黄河花斑裸鲤 (*G. eckloni herzensten*) (0.00485 ± 0.00249)^[18], 黄河裸裂尻 (*Schizopygopsis pylzovi*) ($0.0018 \sim 0.0045$)^[19] 等, 也低于其他鲤科鱼类, 如宽鳍鱲 (*Zacco platypus*) ($0.0 \sim 0.008$)^[20]、倒刺鲃 (*Spinibarbus caldwelli*) ($0.00188 \sim 0.00813$)^[21] 等。如此贫乏的遗传多样性, 可能预示着克孜河塔里木裂腹鱼和斑重唇鱼种群曾经历过“瓶颈效应”的打击^[22], 也表明其种群的进化潜力较低, 对环境变化的适应能力较弱, 对

物种的管理和保护存在着较大的风险^[23]。

3.2 克孜河塔里木裂腹鱼的种群分化与物种保护 本研究显示, 塔里木裂腹鱼 3 个群体的 4 种单倍型中, 有 2 种单倍型为 3 个群体所共有, 出现几率达 90.2%, 其他 2 种单倍型分别为卡拉贝利和斯木哈纳群体所特有, 其合计的出现几率仅为 9.8%。3 个群体间的遗传距离与群体内的遗传距离没有差异, 遗传变异全部来自群体内部。群体间分化指数 (F_{st}) 和基因流 (N_m) 分析也表明群体间没有分化。这些都表明克孜河流域塔里木裂腹鱼的遗传结构没有分化, 即整个水系均属于单一种群。群体间这种均一的遗传结构, 可能源于塔里木裂腹鱼的集群洄游繁殖习性, 导致上、下游塔里木裂腹鱼群体间基因交流频繁; 也可能源于所用的遗传标记保守性较强, 不足以检测到它们的分化。

3.3 克孜河塔里木裂腹鱼和斑重唇鱼的保护

克孜河虽然长达 700 余千米, 并经叶尔羌河汇入中国最长的内陆河——塔里木河。但克孜河在卡拉贝利水文站以下引水沟渠众多, 大部分河道均被沟渠化, 下游河道在与叶尔羌河相遇前, 早已消失在塔克拉玛干大沙漠中。因此, 真正适合塔里木裂腹鱼和斑重唇鱼生存的仅有卡拉贝利以上 100 余千米河段, 种群已处在完全隔离的状态。这一河段虽然还保持着一定的种群数量, 但裂腹鱼类喜栖息于水质良好的自然河流, 具有在产卵场、索饵场和越冬场之间一定距离迁移的习性, 本身生长也缓慢, 性成熟较迟 (我们解剖的 4 龄塔里木裂腹鱼还未性成熟), 种群补充困难。加之遗传多样性低, 整个水系也只属于孤立的单一种群。因此, 如果由于水利工程和工业设施建设以及大规模的农业开垦, 过多地干扰了原有河道和水文情势, 将严重影响这 2 种裂腹鱼类在克孜河的生存。种群一旦遭受破坏, 就很难恢复, 这个宝贵的重要种质资源库也会丧失。

致谢 承新疆水利厅喀什噶尔河流域管理处韩民处长, 新疆水产研究所马勇高级工程师, 以及上海海洋大学张瑞雷副教授和魏凯、曾霖等同

学协助采集标本,在此深表感谢。

参 考 文 献

- [1] 胡永超. 新疆喀什噶尔河流域克孜河下游水土流失现状及对策. 水土保持通报, 2004, 24(3) :54 ~ 56.
- [2] Day F. On the fishes of Yarkand. *Proceedings of the Zoological Society of London*, 1877, 53:781 ~ 807.
- [3] Zugmayer E. Beiträge zur Ichthyologie von Zentral-Asien. *Zoologische Jahrb üher*, 1910, 29(3/4) :275 ~ 298.
- [4] 李思忠,戴定远,张世义等. 新疆北部鱼类的调查研究. 动物学报, 1966, 18(1) :41 ~ 56.
- [5] 田永胜,王国英,潘育英. 新疆土著鱼类的数值分类. 八一农学院学报, 1994, 17(1) :86 ~ 93.
- [6] 王德忠. 新疆的裂腹鱼亚科鱼类研究. 干旱区研究, 1998, 15(4) :26 ~ 32.
- [7] 曹文宣. 裂腹鱼亚科鱼类的分类. 见:伍献文主编. 中国鲤科鱼类志. 上海:上海科学技术出版社, 1964, 137 ~ 197.
- [8] 武云飞,吴翠珍. 青藏高原鱼类. 成都:四川科学技术出版社, 1991.
- [9] 陈毅峰,曹文宣. 裂腹鱼亚科鱼类的分类. 见:乐佩琦主编. 中国动物志 硬骨鱼纲 鲤形目(下卷). 北京:科学出版社, 2000, 273 ~ 390.
- [10] 祁得林,郭松长,赵新全. 青藏高原裸裂尻属鱼类两个疑难种的分子系统学. 动物学报, 2006, 52(6) :1 058 ~ 1 066.
- [11] Xiao W H, Zhang Y P, Liu H Z. Molecular systematics of Xenocyprinae (Teleostei: Cyprinidae): taxonomy, biogeography, and coevolution of a special group restricted in East Asia. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2001, 18(2) :163 ~ 173.
- [12] Thompson J D, Gibson T J, Plewniak F, et al. The Clustal X windows interface: flexible strategies ed for multiple sequences alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Research*, 1997, 25(24) :4 876 ~ 4 882.
- [13] Galtier N, Guy M, Gautier C. SEAVIEW and PHYLO-WIN: two graphic tools for sequence alignment and molecular phylogeny. *Computer Applications in the Biosciences*, 1996, 12(6) :543 ~ 548.
- [14] Tamura K, Dudley J, Nei M, et al. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4. 0. *Molecular Biology and Evolution*, 2007, 24:1 596 ~ 1 599.
- [15] Excoffier L, Laval G, Schneider S. Arlequin ver. 3. 0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 2005, 1:47 ~ 50.
- [16] Rozas J, Sánchez-DelBarrio J C, Messeguer X, et al. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics*, 2003, 19(18) :2 496 ~ 2 497.
- [17] Cantatore P, Roberti M, Pesole G, et al. Evolutionary analysis of cytochrome b sequences in some perciformes: Evidence for a slower rate of evolution than in mammals. *Journal of Molecular and Evolution*, 1994, 39(6) :589 ~ 597.
- [18] 赵凯,李俊兵,杨公社等. 青海湖及其相邻水系特有裸鲤属鱼类的分子系统发育. 科学通报, 2005, 50(13) :1 348 ~ 1 355.
- [19] Qi D L, Guo S C, Zhao X Q, et al. Genetic diversity and historical population structure of *Schizopygopsis pylzovi* (Teleostei: Cyprinidae) in the Qinghai-Tibetan Plateau. *Freshwater Biology*, 2007, 52(6) :1 090 ~ 1 104.
- [20] Perdices A, Cunha C, Coelho M M. Phylogenetic structure of *Zacco platypus* (Teleostei: Cyprinidae) populations on the upper and middle Chang Jiang (= Yangtze) drainage inferred from cytochrome b sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2004, 31:192 ~ 203.
- [21] 黄种持,黄柳婷,林学文等. 黑脊倒刺鲃线粒体 DNA 多样性分析. 中国海洋大学学报, 2008, 38(2) :259 ~ 262.
- [22] Billington N, Hebert P D N. Mitochondrial DNA diversity in fishes and its implications for introductions. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 1991, 48(suppl. 1) :8 ~ 94.
- [23] Frankham R, Ballou J D, Briscoe D. Introduction to Conservation Genetics. Cambridge: Cambridge University Press, 2002.