

黄海海域口虾蛄种群的遗传多样性

张代臻^① 丁 鸽^① 周婷婷^② 杨文娟^② 李 佳^②
彭 旭^② 唐伯平^{①*}

① 江苏省滩涂生物资源与环境保护重点建设实验室 盐城师范学院 盐城 224051;

② 江苏省盐土生物资源研究重点实验室 盐城师范学院 盐城 224051

摘要: 为了比较黄海海域口虾蛄 (*Oratosquilla oratoria*) 不同地理种群的遗传多样性水平, 本研究通过分子标记探讨了 6 个口虾蛄种群的遗传变异。共获得 72 条 627 bp 的 *CO I* 序列, 检测到 41 个变异位点, 平均核苷酸多样性为 0.005 12; 定义了 39 个单元型, 平均单元型多样性为 0.962 5。6 个种群间的遗传距离在 0.004 3 ~ 0.006 4 之间; 盐城海域口虾蛄种群具有较高的遗传多样性水平, 而青岛和日照海域种群的核苷酸多样性水平则相对较低。歧点分布和中性检验 Tajima's *D* 及 Fu's *F_s* 值均说明黄海海域口虾蛄种群在历史上存在着一个快速扩张的事件, 并且根据 τ 值和分子钟估计种群扩张时间大约距今 5.5 万年。本研究结果将为黄海海域口虾蛄野生资源的保护和合理利用提供科学依据。

关键词: 口虾蛄; 黄海; *CO I* 基因; 遗传多样性

中图分类号: Q953 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263(2013)02-232-09

Genetic Diversity of *Oratosquilla oratoria* Populations in Yellow Sea

ZHANG Dai-Zhen^① DING Ge^① ZHOU Ting-Ting^②
YANG Wen-Juan^② LI Jia^② PENG Xu^② TANG Bo-Ping^{①*}

① Jiangsu Provincial Key Laboratory of Coastal Wetland Bioresources and Environmental Protection,
Yancheng Teachers University, Yancheng 224051;

② Jiangsu Key Laboratory for Bioresources of Saline Soil, Yancheng Teachers University, Yancheng 224051, China

Abstract: To reveal the genetic diversity of *Oratosquilla oratoria* from Yellow Sea, genetic variations among six populations were studied by molecular markers. A total of 39 haplotypes and 41 variable sites were defined in 627 sites for 72 *CO I* sequences. The average values of nucleotide diversity and haplotype diversity were 0.005 12 and 0.962 5, respectively. Genetic distance among populations ranged from 0.004 3 to 0.006 4. High genetic diversity was found in Yancheng population, but the lower nucleotide diversity was discovered in Qingdao and Rizhao populations. Results of mismatch distribution, Tajima's *D* statistics (Tajima's *D* = -2.051 69, $P < 0.05$) and Fu's *F_s* test (Fu's *F_s* = -40.079) supported a sudden population expansion event. The time of expansion was estimated to occur about 55 000 years ago by τ value and molecular clock. The results could provide a scientific basis for protection and utilization of germplasm resources of *O. oratoria* in

基金项目 国家自然科学基金项目 (No. 31000142, 31071897), 江苏省基础研究计划 (自然科学基金) 项目 (No. BK2011421), 江苏省高校自然科学基金重大项目 (No. 12KJA180009), 盐城市农业科技指导性项目 (No. YKN2011003), 江苏省滩涂生物资源与环境保护重点建设实验室课题 (No. JLCBE12002) 和高层次人才项目 (No. XKR2010003);

* 通讯作者, E-mail: jsbelab@163.com;

第一作者简介 张代臻, 男, 硕士; 研究方向: 分子系统地理学; zhangdaizhen@yahoo.com.cn。

收稿日期: 2012-08-19, 修回日期: 2012-10-30

Yellow Sea.

Key words: *Oratosquilla oratoria*; Yellow Sea; *CO I* gene; Genetic diversity

海洋经济动物口虾蛄 (*Oratosquilla oratoria*) 隶属于节肢动物门 (Arthropoda) 甲壳纲 (Crustacea) 口足目 (Stomatopoda) 虾蛄科 (Squillaidae) 口虾蛄属, 是口足目的优势种, 广泛分布于我国水深 60 m 以内的浅海海域 (魏崇德 1991, 黄宗国 2008)。由于具有较高的营养价值而被作为重要的养殖渔业种, 但由于无序捕捞及养殖苗的随意放流, 导致其野生资源骤减或混杂, 这势必会影响到其遗传多样性水平。遗传多样性一般指种群内个体间的遗传变异、种群间遗传分化、遗传结构及其成因等, 开展种群遗传多样性研究对于了解种群起源及动态变化规律具有重要意义。

目前对口虾蛄的研究多集中在形态学 (林月娇等 2008)、生物学特征 (王春琳等 1996, 王波等 1998)、营养成分 (曹根庭等 1994, 钱云霞等 2000)、能量代谢 (姜祖辉等 1999) 以及繁殖发育 (Hamano et al. 1987, 徐善良等 1996) 和人工育苗技术 (孙丕喜等 2000) 等方面。关于其种群遗传多样性的研究却少有报道, 仅初步分析了粤东深圳和汕尾海域 (黄映萍等 2011)、香港海域 (Lui et al. 2010)、渤海部分海域 (张代臻等 2010, Zhang et al. 2012) 口虾蛄的遗传多样性。研究揭示渤海与南海海域具有较高的单元型多样性水平, 而渤海海域的核苷酸水平却明显低于粤东海域。但由于过度捕捞以及养殖

病害等因素, 南海、渤海海域口虾蛄野生种群规模骤缩, 年捕获量逐渐降低 (农业部南海区渔政渔港监督管理局资源环保处 2006, 刘海映等 2009), 而黄海海域口虾蛄的捕捞压力和养殖规模明显低于上述海域, 推测该海域应该具有较好的遗传多样性水平。本文通过测得线粒体细胞色素氧化酶 I (Cytochrome oxidase subunit I, *CO I*) 序列, 对黄海海域的青岛、日照、赣榆、连岛镇、燕尾港、盐城 6 个海域口虾蛄的遗传多样性进行探讨, 可为黄海海域口虾蛄野生种群的种质资源评估、保护和合理利用以及制定有效的捕捞措施、合理的资源管理方案提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料 实验材料是 2008 ~ 2011 年采集于黄海海域的山东青岛、日照以及江苏赣榆、连岛镇、燕尾港、盐城 6 个海域共计 72 只口虾蛄样本, 具体情况见表 1。样本活体运回实验室后, 取其肌肉组织用 95% 的无水乙醇浸泡固定, 并长期保存在 -20℃ 的冰箱中冷冻备用。

1.2 方法

1.2.1 样本处理及 DNA 提取 用已灭菌的镊子或剪刀取口虾蛄背部肌肉 40 ~ 50 mg, 置于 1.5 ml 的 Eppendorf 管中, 用 ddH₂O 浸洗, 彻底洗脱样品中的乙醇后, 用常规的酚-氯仿法提取

表 1 本研究所用口虾蛄样本的采样地及数量

Table 1 Number and locations of *Oratosquilla oratoria* in the study

种群 Population	代号 Code	样本数量 Size of samples	采样地 Location
青岛 Qingdao	QD	20	山东青岛
日照 Rizhao	RZ	8	山东日照
赣榆 Ganyu	GY	11	江苏连云港赣榆
连岛镇 Liandaozhen	LDZ	11	江苏连云港连岛镇
燕尾港 Yanweigang	YWG	12	江苏灌云燕尾港
盐城 Yancheng	YCSY	10	江苏盐城射阳
合计 Total		72	

总基因组 DNA(Sambrook et al. 1989)。

1.2.2 PCR 扩增 PCR 反应在 ABI 9700 PCR 扩增仪上进行,用于 *CO I* 基因扩增的特异性引物为 KLCOI-1490 5'-GGT CAA ATC ATA AAG ATA TTG G-3'和 KHCOI-2198 5'-TAA ACT TCA GGG TGA CCA AAA AAT CA-3'。反应总体积 30 μ l,其中 *Taq* DNA 聚合酶 1.0 U (Promega), dNTP 0.2 mmol/L, MgCl₂ 2.0 mmol/L, 10 \times Buffer 3.0 μ l,上、下游引物各 0.5 μ mol/L, DNA 模板约 5 ~ 10 ng。循环参数为:94 $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 30 s, 50 $^{\circ}$ C 退火 45 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 90 s, 32 个循环; 72 $^{\circ}$ C 后延伸 10 min。

1.2.3 PCR 产物纯化及序列测定 反应产物经 2% 琼脂糖凝胶电泳后,用 PCR 产物胶回收试剂盒(上海华舜)纯化,回收产物用 ABI PRISM BigDye 测序反应试剂盒(Perk in-Elmer)在 ABI 3730 全自动 DNA 测序仪上完成序列测定。

1.2.4 数据分析 获得的序列用 Dnastar 软件(DNASTAR, Inc, USA)完成序列校对,利用 Clustal X 软件进行 DNA 序列对位排列(Thompson et al. 1997)。采用 Mega 4.0 软件分析核苷酸组成及统计单元型、计算 Kimura 双参数遗传距离(Kimura 2-parameter distance)(Kumar et al. 2004)。用 Arlequin 3.01 软件统计种群核苷酸多样性(nucleotide diversity, π)、单元型多样性(haplotype diversity, h)(Excoffier et al. 2005)。用 DnaSP 4.10 软件对种群间分化指数(F_{st})、基因交流值(N_m)进行分析(Rozas et al. 2006);用 MrBayes 2.01 构建口虾蛄各单元型间系统树(Huelsenbeck et al. 2001);以 Arlequin 3.01 软件进行 Tajima's D、Fu's F_s 等中性检验,了解口虾蛄的种群历史。

2 结果

2.1 *CO I* 基因片段的碱基组成及序列变异

本研究分别测得青岛、日照、赣榆、连岛镇、燕尾港、盐城 6 个区域共 72 个样本的 *CO I* 基因序列片段 627 bp。在这些线粒体 *CO I* 序列中,测得 4 种核苷酸碱基含量的平均值分别为 A =

27.5%, T = 37.1%, G = 17.8%, C = 17.6%, 其中 T 的含量最高, C 的含量最低, A + T 的含量为 64.6%, 明显高于 G + C 的含量(35.4%)。本研究发现了 41 个变异位点, 其中存在简约信息位点 21 个, 变异位点数占总位点数的 7%, 转换与颠换的比值为 3.018, 转换高于颠换。且所有变异位点中均为碱基替代, 未发现插入/缺失。

2.2 种群遗传多样性及遗传分化分析 72 条序列共定义了 39 个单元型(表 2), 分别命名为 H1 ~ H39(GenBank 号为 JX522490 ~ JX522528)。单元型的多样性为 0.962 0。单元型 H3 和 H19 被共享个体数目最多, H3 为来自赣榆、连岛镇和青岛、日照的 10 个个体所共享, 占总个体数的 14.8%; 单元型 H19 为青岛、日照、盐城和燕尾港的 8 个个体所共享, 占总个体数的 11.1%。被 2 个以上种群共享的单元型还有 H2、H4、H5、H6、H10、H12、H17。在 6 个种群中, 单元型多样性最高的是盐城种群(1.000 0), 明显高于平均单元型多样性水平; 其次青岛、日照种群的单元型多样性水平也高于平均值; 而连云港海域 3 个种群的单元型多样性水平则低于平均值, 且赣榆种群单元型多样性最低(0.891 0)。6 个种群的平均核苷酸多样性值为 0.005 12; 而核苷酸多样性最高的也是盐城种群, 为 0.006 52, 青岛和日照海种群域的核苷酸多样性水平相对较低, 分别为 0.004 62 和 0.003 99; 连云港海域仅连岛镇种群的核苷酸多样性水平高于平均值(表 3)。

基于双参数模型计算获得 6 个种群间的遗传距离(表 4)。口虾蛄 6 个种群间的遗传距离在 0.004 3 ~ 0.006 4 之间, 其中遗传距离最小的是日照与赣榆种群、日照与青岛种群之间(0.004 3), 最大的为盐城与连岛镇之间(0.006 4); 6 个种群内部单元型之间的遗传距离从大到小依次为盐城种群(0.006 6)、连岛镇种群(0.006 1)、赣榆种群(0.005 0)、青岛种群(0.004 6)、燕尾港和日照种群均为 0.004 0。单元型间的平均遗传距离为 0.005 0。

表 2 口虾蛄单元型间的变异位点及共享情况
Table 2 Variable sites and distribution of haplotypes of *Oratosquilla oratoria*

单元型 Haplotype	变异位点 Variable site	样本数量(样本编号) Number of sample(Code of sample)
	1111111222222333333444444455555555 89913347780256990112245800245678124566778 02804733650773368476947947862499215109584	
H1	CTTCTACATAAAGGTTTGCATGCATGCCGATTACCTCTCG	1 (GY13)
H2T.....C.....A.....	3 (GY12, YCSY5, YWG5)
H3T.....AA	10 (GY11, 6, 3, 2, LDZ6, 16, 17, QD7, 8, RZ2)
H4C...T.....A..A.....A.....	2 (GY10, LDZ4)
H5	.C.....G.....T.....A.....AA	3 (GY9, LDZ13, YWG8)
H6T.....T.....AA	4 (GY5, QD13, 16, RZ3)
H7	T.....G..A...T.....AA	1 (GY1)
H8T.....A..A.....A.....	1 (GY7)
H9T.....T.....AA	1 (LDZ1)
H10T.....A..A.....G.....	2 (LDZ2, YCSY8)
H11T.....T..AA	1 (LDZ3)
H12T.....	2 (LDZ7, RZ6)
H13	.C.....G.....TG.....A...C.....AA	1 (LDZ11)
H14	.C.....G.T.C.....A.....	1 (LDZ12)
H15	.C.....G.T.C.....C..A.....	1 (QD1)
H16T.....T..A.....	1 (QD6)
H17C...T.....AA	4 (QD12, 19, RZ8, YCSY12)
H18	...T.....T.....A.....	2 (QD17, 10)
H19T.....A.....	8 (QD2, 11, RZ1, 7, YCSY11, YWG1, 7, 12)
H20	...C.....T.....A.....	1 (QD3)
H21T.C.....T..A.....	1 (QD4)
H22T.....C.....A.....	1 (QD5)
H23	.C.....C.....T..A..C.....AA	1 (QD9)
H24T...G.....A.....	2 (QD15, 14)
H25T.....T.....TT..A.....	1 (QD18)
H26T.C.....A.....	1 (QD20)
H27T.....T.A...G.....AA	1 (RZ4)
H28	...G.G.....T.....A.....	1 (RZ5)
H29AC...T.....AA	1 (YCSY3)
H30AT.....C.....A.....	1 (YCSY4)
H31CC..T.....A.....AA	1 (YCSY6)
H32	...T.....T.....G..C.....AA	1 (YCSY10)
H33T.C.....T..CA.....	1 (YCSY13)
H34T.....G.....AA	1 (YCSY14)
H35T...T...A.....A.....	2 (YWG2, 11)
H36T.....A.....A.....	2 (YWG3, 10)
H37G.....T.....AA	1 (YWG4)
H38	.C.....CG.....T.....A.....AA	1 (YWG6)
H39A...T.....A.....A.....	1 (YWG9)

“.”表示与单元型 H1 对应碱基相同。“.”:The correspondong base was the same to H1.

口虾蛄整个种群的平均 F_{st} 值为 0.025 23, 6 个种群间的平均基因流 (N_m) 9.66。种群间的 F_{st} 值在 -0.052 78 ~ 0.117 95 之间。燕尾港与其他种群间的遗传分化程度最高,除燕尾港与连岛镇外, F_{st} 值均大于 0.05; 其他种群间的遗传分化值均小于 0.05(表 5)。将 6 个种群分成 2 组(青岛-日照组、赣榆-连岛镇-燕尾港-盐城组),通过 AMOVA 分子变异结果分析得出 96.46% 的遗传变异来自于种群内部,2.49% 来

自于组间,1.05% 来自于组内的种群间。

2.3 单元型系统进化关系及种群历史 整合粤东海域(黄映萍等 2011)、渤海海域(张代臻等 2010, Zhang et al. 2012) 及黄海海域口虾蛄单元型来整体分析系统进化关系,从单元型系统进化树可以看出,所有单元型聚为 2 个大支:一支由所有的粤东海域单元型组成,另一支则是黄海和渤海海域所有单元型聚集而成,黄海与渤海单元型交错聚集,并没有以不同海域单

表 3 口虾蛄 6 个种群的遗传多样性指数

Table 3 Genetic diversity of six populations of *Oratosquilla oratoria*

种群 Population	样本数量 Sample size	单元型数 Number of haplotype	单元型多样性 Haplotype diversity	核苷酸多样性 Nucleotide diversity	变异位点数 Number of variable sites
青岛 Qingdao	20	14	0.986 4	0.004 62	19
日照 Rizhao	8	7	0.964 3	0.003 99	8
赣榆 Ganyu	11	8	0.891 0	0.004 93	13
连岛镇 Liandaozhen	11	9	0.945 0	0.006 06	15
燕尾港 Yanweigang	12	8	0.924 0	0.004 01	9
盐城 Yancheng	10	10	1.000 0	0.006 52	15
整体 Total	72	39	0.962 0	0.005 12	41

表 4 口虾蛄 6 个种群间的遗传距离

Table 4 The average value of genetic distance among populations

种群 Population	赣榆 Ganyu	连岛镇 Liandaozhen	燕尾港 Yanweigang	青岛 Qingdao	日照 Rizhao	盐城 Yancheng
赣榆 Ganyu	0.005 0					
连岛镇 Liandaozhen	0.005 3	0.006 1				
燕尾港 Yanweigang	0.004 7	0.005 2	0.004 0			
青岛 Qingdao	0.005 0	0.005 7	0.004 9	0.004 6		
日照 Rizhao	0.004 3	0.005 1	0.004 4	0.004 3	0.004 0	
盐城 Yancheng	0.005 6	0.006 4	0.005 9	0.005 7	0.005 3	0.006 6

粗体数字代表种群内单元型间的遗传距离。Bold number indicated the genetic distance among haplotypes within population.

表 5 口虾蛄 6 个种群间的遗传分化指数 F_{st}

Table 5 Pairwise F_{st} values among six populations of *Oratosquilla oratoria*

种群 Population	赣榆 Ganyu	连岛镇 Liandaozhen	燕尾港 Yanweigang	青岛 Qingdao	日照 Rizhao	盐城 Yancheng
赣榆 Ganyu						
连岛镇 Liandaozhen	-0.052 78					
燕尾港 Yanweigang	0.051 28	0.030 70				
青岛 Qingdao	0.037 40	0.048 55	0.117 95			
日照 Rizhao	-0.033 61	0.006 45	0.095 01	-0.008 36		
盐城 Yancheng	-0.020 38	0.002 55	0.099 45	0.008 01	-0.002 11	

独聚集;黄海 6 个种群也没有以不同地理区系形成明显的分化结构,6 种群间未揭示显著的地理格局,各单元型以嵌套方式聚集在一起,而粤东海域与其他两个海域间存在着非常显著的遗传分化(图 1)。

选择歧点分布、Tajima D 检验和 Fu 检验分析黄海海域 6 个口虾蛄种群的历史,6 个种群以及整个种群的歧点分布情况均呈单峰分布(图 2),与种群发生快速扩张模型相吻合,支持黄海海域口虾蛄种群在历史上存在着一个快速扩张事件。同时,中性检验值 Tajima's D 值(整个种群为 -2.051 69, $P < 0.05$;赣榆种群为

-1.328 83, $P > 0.1$;连岛种群为 -1.143 84, $P > 0.1$;燕尾港种群为 -0.633 46, $P > 0.1$;青岛种群为 -1.737 70, $0.1 > P > 0.05$;日照种群为 -0.917 52, $P > 0.10$;盐城种群为 -1.054 10, $P > 0.10$)和 Fu's F_s 值(整个种群为 -40.079;赣榆种群为 -2.895;连岛镇种群为 -3.731;燕尾港种群为 -3.164;青岛种群为 -8.771;日照种群为 -3.802;盐城种群为 -6.795)均为负值,并且整个种群的统计检验均达显著水平($P < 0.05$),进一步证实了此种群扩张事件。

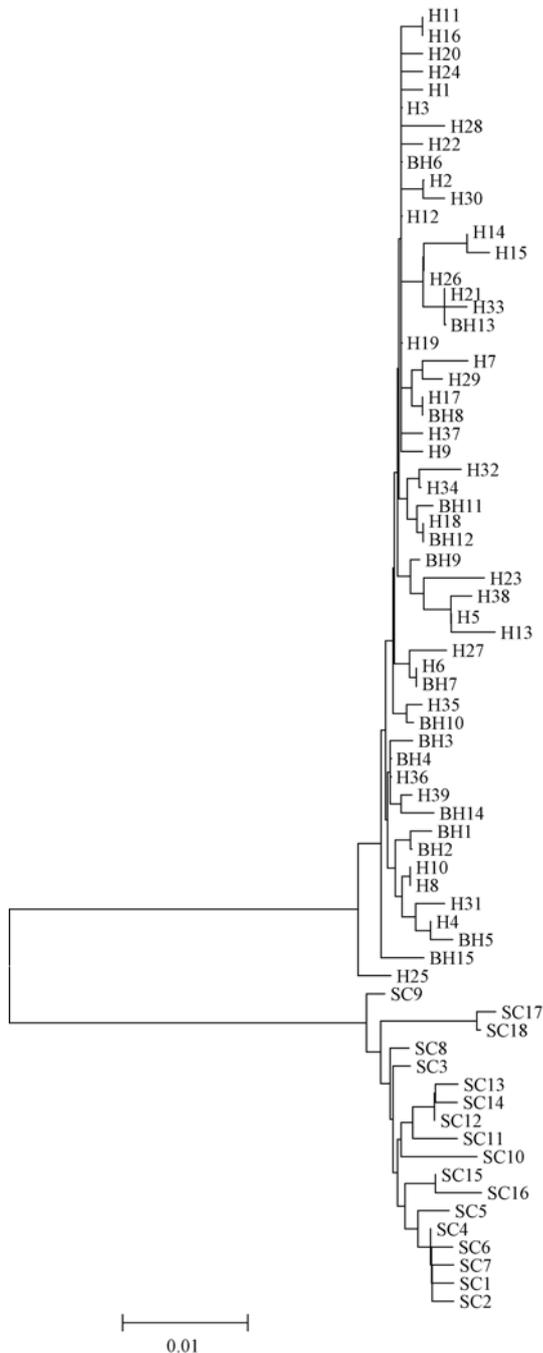


图 1 基于 *CO I* 基因序列构建的分子系统进化树

Fig. 1 Molecular phylogenetic tree based on *CO I* sequences

H. 黄海海域单元型; BH. 渤海海域单元型; SC. 粤东海域单元型。

H. Haplotype of Yellow Sea; BH. Haplotype of Bohai Sea; SC. Haplotype of eastern coast of Guangdong Province.

3 讨论

种群遗传多样性的降低将直接导致其对环境适应力的下降 (Wright 1978, Slatkin 1987, Loeschcke et al. 1994), 黄映萍等 (2011) 对粤东深圳和汕尾海域的口虾蛄种群的遗传多样性水平及遗传分化程度研究中, 测得单元型多样性为 0.971 0, 核苷酸多样性为 0.007 55, 单元型间的平均遗传距离为 0.214 1; 通过线粒体 *CO I* 基因序列对渤海海湾口虾蛄遗传多样性进行的初步研究, 48 个样本定义 18 个单元型, 单元型多样性 0.947 0, 核苷酸多样性为 0.004 85, 单元型之间的平均遗传距离 0.005, 歧点分布和中性检验均显示渤海湾口虾蛄种群经历过快速扩张过程 (张代臻等 2010, Zhang et al. 2012); 刘海映等 (2009) 采用 RAPD 方法也初步分析了大连沿海野生口虾蛄种群遗传多样性, 检测到多态位点占总位点数的 67.8%, 个体间平均遗传距离为 0.358 3。本研究通过对黄海 6 个口虾蛄种群的遗传多样性分析得出, 72 条序列定义了 39 个单元型, 单元型的多样性 0.962, 核苷酸多样性 0.005 12, 均高于渤海海域而低于粤东深圳和汕尾海域; 单元型间的平均遗传距离为 0.005, 与渤海海域完全一致而显著低于粤东和汕尾海域。6 个种群均具有较高的单元型多样性水平, 但青岛和日照海域的核苷酸多样性水平较低, 其 π 值均小于 0.005; 青岛、日照和燕尾港种群内部单元型之间的平均遗传距离较小, 均小于 0.005; 盐城和连岛镇的平均遗传距离较大, 均大于 0.006; 盐城种群的单元型多样性和核苷酸多样性值均最高, 且盐城种群内部单元型之间的遗传距离也最大 (0.006 6), 说明盐城海域口虾蛄种群具有较高的遗传多样性水平, 意味着该种群具有较强的进化潜力和环境适应能力; 从种群间的遗传距离来看, 盐城和连岛镇种群间的遗传距离最大 (0.006 4), 而日照与赣榆、日照与青岛种群间最小 (0.004 3), 但 AMOVA 分子变异揭示 96.46% 遗传变异来自于种群内部。

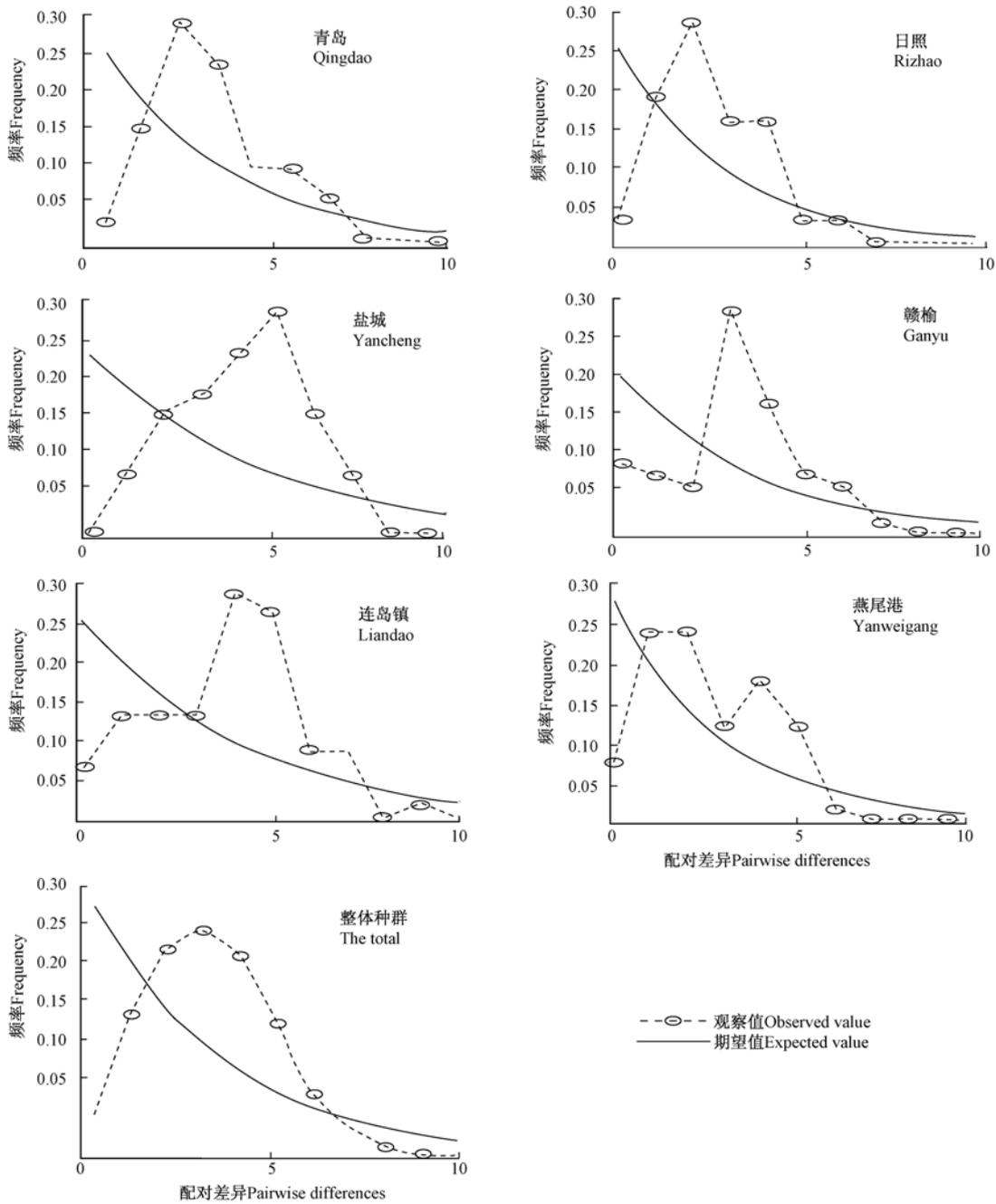


图 2 基于 CO I 基因序列的黄海海域口虾蛄种群的歧点分布

Fig. 2 Mismatch distribution of the wild population of *Oratosquilla oratoria* in Yellow Sea

根据单元型在各种群中的分布情况,发现 H3 和 H19 是 6 个口虾蛄种群的主要共享单元型,两个单元型占有 25% 的个体数量,可能是口虾蛄在进化过程中的较为原始的单元型类型;整合黄海、渤海以及粤东海域单元型的分子

系统树,粤东海域所有单元型单独聚为一支,而黄海与渤海所有单元型聚为另一支,显示粤东海域与其他两个海域间显著的遗传分化,而渤海与黄海单元型却交错聚集,说明这两个海域间频繁的基因交流;黄海 6 个不同地理种群也

未形成明显的地理分化格局,各种群单元型嵌套聚集,说明黄海海域不同种群间的遗传距离与地理距离不存在显著地相关关系,地理隔离不是黄海海域口虾蛄遗传分化的主要因素。本研究采用歧点分布和中性检验法研究种群历史,种群的歧点分布曲线呈明显的单峰分布,并且 Tajima's D 呈现负值,说明口虾蛄种群可能经历过自然选择、种群扩张或瓶颈效应,同时 Fu's Fs 的负值说明该种群曾经有过快速扩张的历史 (Tajima 1989, Rogers et al. 1992, Fu 1997)。同时 6 个种群均具有单峰分布及负的 Tajima's D 和 Fu's Fs 值进一步证实了此种群扩张事件。通过 τ 值和分子钟估计种群扩张时间大约在 5.5 万年前,该时间处于更新世晚期,第四纪晚冰期经历反复冰期-间冰期而引起的环境变迁,导致黄海口虾蛄种群反复的扩张和收缩,当冰期退去、气温回暖后的种群快速扩张可能就是本研究所检测到的结果。此外本研究获得的遗传多样性较好的盐城种群、遗传多样性相对较低的青岛和日照种群以及黄海海域整体的口虾蛄遗传多样性状况,为今后黄海海域口虾蛄野生种群的种质资源的评估、保护和合理开发利用以及合理的资源管理方案提供了科学依据。

参 考 文 献

- Excoffier L, Laval G, Schneider S. 2005. Arlequin ver. 3.01: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 1: 47-50.
- Fu Y X. 1997. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics*, 147(2): 915-925.
- Hamano T, Matsuura S. 1987. Egg size, duration of incubation, and larval development of the Japanese mantis shrimp in the laboratory. *Nippon Suisan Gakkaishi*, 53(1): 23-39.
- Huelsenbeck J P, Ronquist F. 2001. MrBayes: Bayesian inference of phylogeny. Version 2.01. Distributed by the author. Department of Biology, University of Rochester.
- Kumar S, Tamura K, Nei M. 2004. MEGA3: Integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment. *Briefings in Bioinformatics*, 5(2): 150-163.
- Loeschcke V, Tomiuk J, Jian S K, et al. 1994. Conservation Genetics. Basel: Birkhäuser Verlag, 37-53.
- Lui K K Y, Leung P T Y, Ng W C, et al. 2010. Genetic variation of *Oratosquilla oratoria* (Crustacea: Stomatopoda) across Hong Kong waters elucidated by mitochondrial DNA control region sequences. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*, 90(3): 623-631.
- Rogers A R, Harpending H. 1992. Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences. *Molecular Biology and Evolution*, 9(3): 552-569.
- Rozas J, Sánchez-DelBarrio J C, Messeguer X, et al. 2006. DNASP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics*, 19(18): 2496-2497.
- Sambrook J, Fritsch E F, Maniatis T. 1989. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. 2nd ed. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Slatkin M. 1987. Gene flow and the geographic structure of natural populations. *Science*, 236(4803): 787-792.
- Tajima F. 1989. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*, 123(3): 585-595.
- Thompson J D, Gibson T J, Plewniak F, et al. 1997. The Clustal X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Research*, 25(24): 4876-4882.
- Wright S. 1978. *Evolution and the Genetics of Populations*. Volume 4: Variability within and Among Natural Populations. Chicago: The University of Chicago Press.
- Zhang D Z, Ding G, Ge B M, et al. 2012. Population genetic structure of the mantis shrimp (*Oratosquilla oratoria*) revealed by mitochondrial DNA sequences. *Russian Journal of Genetics*, 48(48): 1232-1238.
- 曹根庭, 周涛. 1994. 虾蛄 *Oratosquilla oratoria* 营养成份的分析. *浙江海洋学院学报*, 13(3): 183-189.
- 黄映萍, 王莹, 苗素英. 2011. 粤东海域口虾蛄遗传多样性. *动物学杂志*, 46(2): 82-89.
- 黄宗国. 2008. *中国海洋生物种类与分布*. 北京: 海洋出版社.
- 姜祖辉, 王俊. 1999. 口虾蛄能量代谢的初步研究. *青岛大学学报*, 12(4): 70-74.
- 林月娇, 刘海映, 徐海龙, 等. 2008. 大连近海口虾蛄形态参数关系的研究. *大连水产学院学报*, 23(3): 215-217.
- 刘海映, 王桂娥, 王秀利. 2009. 大连海域口虾蛄资源遗传多样性的分析. *大连水产学院学报*, 24(4): 350-353.
- 农业部南海区渔政渔港监督管理局资源环保处. 2006. *南海区渔业统计资料汇编 (1985-2005)*.
- 钱云霞, 蒋霞敏, 王春琳, 等. 2000. 黑斑口虾蛄营养成分的研究. *中山大学学报: 自然科学版*, 39(增刊 1): 264

- 267.
- 孙丕喜, 张锡烈, 汤庭耀, 等. 2000. 口虾蛄 (*Oratosquilla oratoria*) 人工育苗技术研究. 黄渤海海洋, 18(2): 41-46.
- 王波, 张锡烈, 孙丕喜. 1998. 口虾蛄的生物学特征及其人工苗种生产技术. 黄渤海海洋, 16(2): 64-73.
- 王春琳, 徐善良, 梅文骧, 等. 1996. 口虾蛄的生物学基本特征. 浙江水产学院学报, 15(1): 60-62.
- 魏崇德. 1991. 浙江动物志: 甲壳类. 杭州: 浙江科学技术出版社.
- 徐善良, 王春琳, 梅文骧, 等. 1996. 口虾蛄 *Oratosquilla oratoria* (De Huan) 性腺特征及卵巢组织学观察. 浙江水产学院学报, 15(1): 21-28.
- 张代臻, 丁鸽, 张华彬, 等. 2010. 渤海湾口虾蛄线粒体 *CO I* 基因的遗传多样性研究. 南京师大学报: 自然科学版, 33(4): 80-83.

贵州草海发现钳嘴鹳

钳嘴鹳 (*Anastomus oscitans*) 主要分布在东南亚的印度、尼泊尔、越南、巴基斯坦、孟加拉国、缅甸、泰国、柬埔寨、老挝等国家。在中国境内钳嘴鹳最早于 2006 年 10 月在云南省大理洱源县西湖被发现, 2010 年 10 月 ~ 2012 年 6 月又在广西壮族自治区的百色市龙井水库、云南省景谷县和景洪市橄榄坝澜沧江沿岸、贵州省安顺县等地分别记录到 1 ~ 6 只 (Jiang et al. 2010, 张国英等 2012)。

2012 年, 在贵州草海 (26°49' ~ 26°53' N, 104°12' ~ 104°18' E) 4 次记录到钳嘴鹳种群, 其中 5 月 22 日、10 月 2 日、10 月 18 日在刘家巷黑颈鹤 (*Grus nigricollis*) 夜宿地分别记录到 2 只、13 只和 25 只, 11 月 15 日在胡叶林黑颈鹤夜宿地记录到 48 只 (见封 4 图)。钳嘴鹳与黑颈鹤、灰鹤 (*G. grus*)、白鹭 (*Egretta garzetta*)、中白鹭 (*E. intermedia*)、赤麻鸭 (*Tadorna ferruginea*)、斑头雁 (*Anser indicus*) 等鸟类混群活动, 观察到钳嘴鹳觅食鱼虾和螺丝, 觅食时伴随明显的种群内个体打斗行为。钳嘴鹳的惊飞距离约为 50 m (测距仪, 型号 Bushnell Pro 500), 一般当混群活动的其他鸟类全部惊飞后才最后惊飞。所观察到的钳嘴鹳均出现在黑颈鹤的夜宿地附近。黑颈鹤的每个夜宿地均有一个或多个管护员严格管理, 游客等人为干扰远低于其他区域。

罗祖奎^{①②} 任峻^① 刘文^③ 李振吉^③ 李性苑^①

① 凯里学院环境与生命科学学院 凯里 556011;

② 贵州省原生态民族文化研究中心 凯里 556011;

③ 草海国家级自然保护区管理局 毕节 553100

基金项目 贵州省科技攻关计划 (黔科合 SY 字 [2012] 3187 号), 贵州省科学技术基金 (黔科合 J 字 [2012] 2296 号), 贵州省教育厅重点课题 (黔教合 KY 字 [2012] 081);

第一作者介绍 罗祖奎, 男, 副教授; 研究方向: 鸟类生态学; E-mail: luozukui@126.com。

收稿日期: 2012-11-26, 修回日期: 2013-01-24