

基于微卫星标记的青弋江水系光唇鱼群体遗传变异

胡玉婷, 段国庆, 周华兴, 凌俊, 潘庭双, 江河

(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: 为探讨长江支流青弋江水系光唇鱼的群体遗传变异, 基于微卫星标记分析其 5 个采样点共 105 个样品的遗传多样性与遗传结构。光唇鱼 5 个群体均有较高的遗传多样性, 其平均等位基因数 (N_a) 为 5.250~8.375、平均有效等位基因数 (N_e) 为 3.580~4.415; 平均观测杂合度 (H_o) 为 0.618~0.677、平均期望杂合度 (H_e) 为 0.669~0.774; 平均多态信息含量 (PIC) 为 0.629~0.699、平均 Shannon 多样性指数 (I) 为 1.359~1.566。群体间 Nei's 遗传距离 (0.116~0.322) 较小, 群体遗传分化指数 (F_{ST}) 和分子方差分析 (AMOVA) 结果一致表明群体间无显著遗传分化。基于群体间 Nei's 遗传距离构建的 UPGMA 系统进化树显示, 秧溪河和浦溪河群体、麻川河和泾县群体分别聚为一支, 最后与旌德群体聚在一起。这是由于群体间遗传距离与其栖息地之间距离远近显著相关。

关键词: 光唇鱼; 青弋江; 微卫星; 遗传变异

中图分类号: S917; Q959.4

文献标识码: A

文章编号: 1672-352X (2020)03-0356-06

Population genetic variation of *Acrossocheilus fasciatus* in Qingyi River based on microsatellite markers

HU Yuting, DUAN Guoqing, ZHOU Huaxing, LING Jun, PAN Tingshuang, JIANG He

(Fishery Institute of Anhui Academy of Agricultural Sciences, Anhui Province Key Laboratory of Aquaculture & Stock Enhancement, Hefei 230031)

Abstract: In the study, genetic diversity and genetic structure of 105 *A. fasciatus* samples collected from 5 localities in Qingyi River flowing into the Yangtze River were analyzed based on microsatellite markers. The allele number (N_a) and the effective allele number (N_e) of the 5 populations ranged from 5.250 to 8.375 and from 3.580 to 4.415. The observed heterozygosity (H_o) was between 0.618-0.677 and the expected heterozygosity (H_e) was between 0.669-0.774. The range of average polymorphism information content (PIC) was 0.629-0.699 and Shannon diversity index (I) was 1.359-1.566. The above results indicated the high genetic diversity in all 5 populations. The results of Nei's genetic distance, the genetic differentiation index (F_{ST}) and molecular variance analysis (AMOVA) revealed no significant genetic differentiations among populations. UPGMA trees among populations of *A. fasciatus* based on Nei's genetic distance indicated that YX and PX population, MC and JX population, formed an clade, respectively. Then the 4 populations and JD population clustered together. The genetic distance among populations is significantly correlated with their geographic distance among different habitats.

Key words: *Acrossocheilus fasciatus*; Qingyi River; microsatellite; genetic variation

光唇鱼属 (*Acrossocheilus*) 隶属鲤形目 (Cypriniformes) 鲤科 (Cyprinidae) 鲃亚科 (Barbinae), 是一类在山涧溪流和江河中上游等急流环境中栖息的中小型淡水鱼类; 杂食性, 常见体长 5~15 cm^[1-3]; 广泛分布于长江及以南各水系, 安徽、浙江、福建、台湾是其主要分布地; 国外见

于越南和老挝的红河 (元江) 水系^[3-5]。光唇鱼属鱼类物种多样性高, 但一些物种分布区域相近、形态十分相似, 难以区分, 目前辨别的物种有 22 种^[4]。光唇鱼 (*Acrossocheilus fasciatus*) 作为光唇鱼属的代表物种, 是我国特有的一种小型山溪鱼类, 主要分布在安徽、浙江等地山区^[3]。

收稿日期: 2019-10-24

基金项目: 安徽省科技重大专项 (17030701009), 安徽省农业科学院团队 (2020YL038、2020YL039) 和安徽省水产产业技术体系 (皖农科[2016]84 号) 共同资助。

作者简介: 胡玉婷, 博士, 副研究员。E-mail: huyuting1021@126.com

青弋江发源于黄山山脉,是长江下游地区最长的一级支流,全长 309 km,分布着多级河流阶地,地势落差大^[6];上游流经山区峡谷、地形复杂多样,汇集了众多溪流,水流湍急,孕育了丰富的山溪鱼类。光唇鱼广泛分布于青弋江中上游各级支流,尤其河源溪流是其重要的栖息地,是该区域的常见种和优势种。光唇鱼肉味鲜美,深受产地及周边居民喜爱,目前杭州等地售价高达 180~250 元·kg⁻¹,是具有较高经济价值的特色鱼类。然而,经济利益驱使人们过度捕捞,导致光唇鱼的野生资源日益减少,栖息地破坏等因素进一步威胁了光唇鱼的生存。为保护性开发利用光唇鱼种质资源,近年国内不断探索光唇鱼的人工繁育技术,但仍存在很多不完善,规模化人工繁育未真正实现^[7-9]。光唇鱼繁养殖多是直接引种驯化,存在亲本来源不清、属内物种混杂等问题。目前国内已有一些关于光唇鱼属鱼类遗传背景研究的报道^[10-15],如王莉等^[10]基于线粒体 ND4 基因序列分析了 7 种条纹光唇鱼的种间系统进化关系,认为半刺光唇鱼 (*Acrossocheilus hemispinus hemispinus*) 与带半刺光唇鱼 (*Acrossocheilus hemispinus cinctus*) 可能为两个独立的种;潘娜等^[11-12]基于线粒体 COII 基因和 D-loop 区序列结合外部形态特征分别鉴定了江西赣州安南光唇鱼与半刺光唇鱼为同种,浙江新昌光唇鱼与温州光唇鱼 (*Acrossocheilus wenchowensis*) 为同种;Yuan^[13]基于线粒体控制区分析的 13 种条纹光唇鱼的系统发育关系和形态分类结果多数相一致;Zheng 等^[14]

采用 4 个线粒体基因序列分析了 9 个采样点 62 个样本的云南光唇鱼 (*Acrossocheilus yunnanensis*) 遗传多样性和遗传结构,结果表明其可划分为 4 个组群,遗传差异主要存在于组群间;Ju 等^[15]利用线粒体细胞色素 *b* 序列研究了 26 个群体 229 尾台湾光唇鱼 (*Acrossocheilus paradoxus*) 的群体遗传结构及该种在台湾的扩散历史,结果显示其可分为 4 个谱系,祖先群体广布于中国大陆及台湾北部和西部;其中 3 种谱系起源于中国大陆,经历了两次冰期的三次扩张。但迄今未见关于光唇鱼物种的群体遗传研究的报道,光唇鱼的群体遗传状况不清,因此开展光唇鱼的遗传多样性与遗传结构研究很有必要。

微卫星序列 (microsatellite DNA) 又称简单序列重复 (simple sequence repeats, SSR), 因具有高度多态性、中性、共显性遗传以及检测方便等特点,目前已广泛应用于水产动物的群体遗传学和种质鉴定等研究中^[16-18]。在光唇鱼属其他鱼类中,也已开发一些微卫星分子标记^[19-21],但这些微卫星标记仅在少数的一两个群体中应用,未见应用于光唇鱼的群体遗传研究中。本研究采用 8 对微卫星分子标记,分析了青弋江光唇鱼的群体遗传多样性与遗传结构,为光唇鱼的育种和资源保护提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 样品采集

实验样品采集于 2018—2019 年,详细采样信息见表 1 与图 1。

表 1 青弋江光唇鱼样本采集信息

Table 1 The sample information of *Acrossocheilus fasciatus* from Qingyi River

序号 NO.	群体 Populations	样本量 Sample size	采集地 Collection sites	水系 River system
1	YX	30	焦村镇	秧溪河
2	PX	29	耿城镇	浦溪河
3	MC	17	三口镇	麻川河
4	JD	15	旌德朱旺村	徽水河
5	JX	14	泾县	青弋江干流

1.2 基因组 DNA 提取、微卫星 PCR 扩增与分型

采用常规的酚-氯仿法提取基因组 DNA^[22]。先用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测 4 μL 左右样品 DNA 的质量,再用 NanoDropND-1000 紫外分光光度计检测 DNA 浓度;最后 -20℃ 保存备用。从已发表的光唇鱼属鱼类微卫星引物中筛选 8 对^[19],委托上海生工生物工程有限公司合成荧光引物。PCR 扩增体系 20 μL: 含模板 DNA 约 20~50 ng, Mg²⁺浓度

3 mmol·L⁻¹, 1×buffer 2 μL、dNTP 400 mmol·L⁻¹, Taq 酶 1 U, 上下游引物各 0.2 mmol·L⁻¹。PCR 反应程序为: 94℃ 预变性 5 min; 94℃ 变性 30 s, 57℃ 退火 30 s, 72℃ 延伸 40 s, 35 个循环; 72℃ 延伸 10 min。反应产物 4℃ 避光保存。扩增产物由上海生工生物工程有限公司使用 ABI 3730XL 测序仪进行毛细管电泳检测,然后用软件 Genemarker 2.2 分析检测数据,进行基因分型。

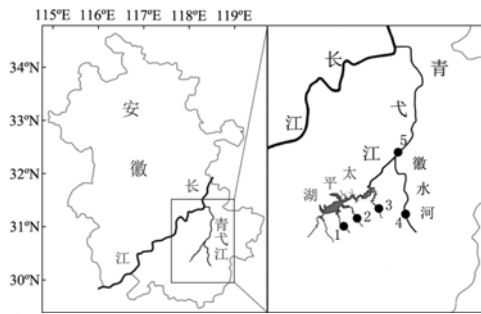


图 1 青弋江光唇鱼采样示意图

Figure 1 Sampling localities of *A. fasciatus* from Qingyi River

1.3 数据统计与分析

基于 STR 分型结果, 采用 PopGene 32^[23]计算各群体每个微卫星位点的等位基因数 (N_a)、有效等位基因数 (N_e)、观测杂合度 (H_o)、期望杂合度 (H_e)、群体间 Nei's 遗传距离 (D_a)、Shannon 多样性指数 (I) 和 Hardy-Weinberg 平衡检验, Hardy-

Weinberg 平衡检验偏离指数 (D) 由公式 $D=(H_o-H_e)/H_e$ 。各位点的多态信息含量 (PIC) 由软件 Cervus 3.0^[24]计算。基于群体间遗传距离使用 MEGA 4.0^[25]构建 UPGMA 聚类树。利用软件 Arlequin3.5^[26]检测群体遗传变异程度 (F_{ST} , AMOVA)。用软件 PC-ORD 5.0^[27]检验群体遗传距离与其地理距离之间的相关性。

2 结果与分析

2.1 微卫星位点的多态性

微卫星多态性分析结果(表 2)中: 8 对微卫星位点在 5 个光唇鱼群体中均表现出较高多态性, 共检测到等位基因 91 个, 所有群体的 N_a 、 N_e 、 H_o 、 H_e 平均值分别为 11.38、4.89、0.657、0.716, N_e 与 N_a 差别较大。所有位点的 PIC 为 0.176~0.899, 平均值是 0.690。

表 2 光唇鱼 8 对微卫星位点的信息和遗传多样性

Table 2 Information and genetic diversity information of 8 microsatellites in *A. fasciatus*

位点 Locus	引物序列 Primers	产物大小/bp Size range	N_a	N_e	I	H_o	H_e	PIC
HCC21	F:AGCCTCACGTCTCATCT R:GTGCCTGTAGTCTCCTGTAA	223~285	18	3.84	1.993	0.660	0.743	0.702
HCE64	F:AGGCTGATAGAATACACTT R:GATTTATGGTGGTGAAGTA	151~165	4	1.30	0.481	0.223	0.231	0.176
HCG81	F:AAAACGCTCATAAATCACTC R:GTCCCTTCAATGTAGCATAA	202~258	15	6.24	2.163	0.894	0.844	0.824
HCC34	F:CCGTAGATTCCAGCAGAC R:GATTCACCGTAAACCACA	162~214	12	3.32	1.615	0.872	0.703	0.665
HCD114	F:AAAGAACAGCCAGAACAT R:CAGCCAAGACAACAAATC	232~305	16	9.75	2.482	0.617	0.902	0.899
HCC14	F:CAGAAAGCTGTGAGTGTC R:ATGTTTTGTCTTGGATTG	159~189	12	6.61	2.140	0.617	0.853	0.829
HCC33	F:ATTGCGAGCCACCAGTAA R:AACACCAAGAGCCACAGC	229~263	10	5.34	1.911	0.702	0.817	0.788
HCG111	F:GACGCTGGAGAAGGTTAG R:GCAGGTGCCATCTTTATT	182~192	4	2.73	1.072	0.670	0.637	0.561
平均 Average			11.38	4.89	1.732	0.657	0.716	0.690

注: N_a 是等位基因数; N_e 是有效等位基因数; I 是 Shannon 多样性指数; H_o 是观测杂合度; H_e 是期望杂合度; PIC 是多态信息含量

Note: N_a . Number of alleles; N_e . Effective number of alleles; I . Shannon index of genetic diversity; H_o . Observed heterozygosity; H_e . Expected heterozygosity; PIC . Polymorphism information content

表 3 光唇鱼 5 个群体的遗传多样性参数

Table 3 Genetic diversity of 5 populations in *A. fasciatus*

参数 Parameter	YX	PX	MC	JD	JX
等位基因数 N_a	8.375	8.250	7.875	5.250	6.375
有效等位基因数 N_e	4.124	4.289	4.308	3.580	4.415
观测杂合度 H_o	0.650	0.677	0.618	0.672	0.675
期望杂合度 H_e	0.669	0.675	0.702	0.717	0.774
Shannon 多样性指数 I	1.512	1.522	1.555	1.359	1.566
多态信息含量 PIC	0.632	0.637	0.654	0.629	0.699

2.2 群体遗传多样性

5 个群体的遗传多样性结果(表 3)显示: 群体

平均等位基因数 (N_a) 为 5.250~8.375, 其中旌德 (JD) 群体平均等位基因最少, 秧溪河 (YX) 群

体最多; 平均有效等位基因数(N_e)为 3.580~4.415, 其中旌德(JD)群体最少, 泾县(JX)群体最多; 平均观测杂合度 0.650~0.677, 其中麻川河(MC)群体最低, 浦溪河(PX)群体最高; 平均期望杂合度 0.669~0.774, 其中秧溪河(YX)群体最低, 泾

县(JX)群体最高。平均多态信息含量 0.629~0.699, 各群体相差不大且都大于 0.5。各群体 Shannon 多样性指数(I)为 1.359~1.566, 大小依次为 $JX > MC > PX > YX > JD$, 与各群体平均有效等位基因数大小一致。

表 4 光唇鱼群体间遗传距离(对角线下)和群体分化指数 F_{ST} (对角线上)

Table 4 Pairwise genetic distances (below diagonal) and F -statistics (above diagonal) of 5 populations in *A. fasciatus*

群体 populations	YX	PX	MC	JD	JX
YX		0.003*	0.080	0.060	0.042
PX	0.041		0.078	0.061	0.040
MC	0.256	0.255		0.074	0.003*
JD	0.235	0.243	0.322		-0.005*
JX	0.200	0.205	0.116	0.140	

注: *表示 $P > 0.05$, 无*则表示 $P < 0.001$ Note: * represents $P > 0.05$, and no * represents $P < 0.001$

表 5 光唇鱼群体遗传结构的分子变异(AMOVA)分析

Table 5 AMOVA analysis of genetic structure in *A. fasciatus*

变异来源 Source of variation	自由度 DF	变异分量 Variance components	变异百分比 Percentage of variation	P 值 P-value
群体间 Among population	4	0.128 15	4.43	<0.001
群体内 Within population	183	2.764 3	95.57	<0.001
总计 Total	187	2.892 5	100.00	

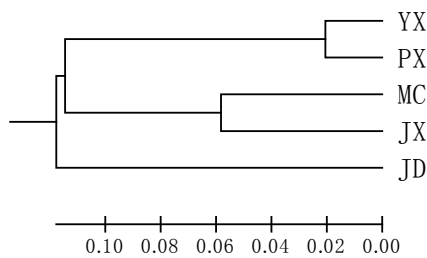


图 2 基于 Nei's 遗传距离构建的光唇鱼群体 UPGMA 聚类树
Figure 2 UPGMA trees among populations of *A. fasciatus* based on Nei's genetic distance

分化指数(F_{ST})。群体间遗传距离大小为 0.041~0.322, 其中秧溪河群体和浦溪河群体遗传距离最小, 麻川河群体和旌德群体遗传距离最大。群体分化指数(F_{ST})较低, 仅为 -0.005~0.080。AMOVA 结果也显示仅有 4.43% 的遗传变异来自地理群体间, 而地理群体内的遗传变异高达 95.57% (表 5)。基于群体间遗传距离构建的 UPGMA 聚类树(图 2)结果显示: 秧溪河群体和浦溪河群体、麻川河群体和泾县群体分别聚在一起, 最后与旌德群体聚为一支。遗传距离与地理距离相关性检测显示 5 个地理群体遗传距离与地理距离间呈显著相关($R=0.868$, $P=0.019 < 0.05$)。

2.3 群体遗传结构

表 4 显示为各群体间的 Nei's 遗传距离和群体

表 6 Hardy-Weinberg 平衡的卡方检验概率值(P)与遗传偏离指数(D)

Table 6 Hardy-Weinberg equilibrium Chi-square test probability value (P) and genetic deviation index (D)

位点 Locus	YX		PX		MC		JX	
	P	D	P	D	P	D	P	D
HCC21					0.000 0	-0.547 9	0.003 2	-0.208 3
HCG81	0.023 4	0.179 9						
HCC34			0.021 6	0.455 2				
HCD114	0.000 0	-0.378 6	0.000 0	-0.357 0				
HCC14			0.000 0	-0.225 1				

注: 无数据表示未偏离平衡 Note: No data mean Hardy-Weinberg equilibrium

2.4 Hardy-Weinberg 平衡分析

40 个群体与位点的组合(5 群体×8 位点)中, 卡方检验(Chi-square test)结果显示: 2 个组合显著偏离 Hardy-Weinberg 平衡($P < 0.05$), 5 个组合

极显著偏离 Hardy-Weinberg 平衡($P < 0.01$)(表 6)。这些偏离 Hardy-Weinberg 平衡的群体位点组合中, 5 个组合 $D < 0$, 表现为杂合子缺失; 2 个组合 $D > 0$, 表现为杂合子过剩。

3 讨论

3.1 光唇鱼群体遗传多样性

群体遗传多样性通常反映了一个物种应对环境变化的能力和进化潜力。遗传多样性参数 N_e (有效等位基因数)、 H_o (观测杂合度)、 PIC (多态信息含量) 等的数值越大, 则表明物种适应能力越好, 反之则越差。Dewoody 等^[28]基于 524 个微卫星位点对 78 种鱼类中约 4 万个样品的研究结果显示: 淡水鱼类的群体遗传多样性水平 $He=0.46$, $Na=7.50$; 而 Nichols 等^[29]的研究认为 $PIC>0.5$ 时微卫星位点呈高度多态性。可知青弋江光唇鱼的遗传多样性水平 ($Na=11.38$, $Ne=4.89$, $Ho=0.657$, $He=0.716$, $PIC=0.690$) 总体较高。其中, Ne 与 Na 差别较大, 而 Ne 远低于 Na 的原因多是因过度捕捞、栖息地破坏、产卵场缩小等导致的有效群体缩小, 使得有效等位基因丢失。

5 个群体间比较, 泾县 (JX) 群体虽然等位基因数 Na 和观测杂合度 Ho 不突出, 但 Ne 、 He 、 I 、 PIC 值均最高, 表明该群体不仅遗传多样性最高, 而且各等位基因在该群体分布更为均衡, 受选择因素影响更小; 旌德群体 (JD) 的 Na 、 Ne 、 I 、 PIC 值均最小, 显示该群体最低的遗传多样性水平。

与同属鱼类比较时, 青弋江光唇鱼遗传多样性高于厚唇光唇鱼 (*Acrossocheilus labiatus*) ($Na: 2\sim 10$, $PIC=0.629$, $Ho=0.583$, $He=652$) 和台湾光唇鱼 ($Na: 4\sim 11$, $Ho=0.58$)^[19-20], 但低于赤水河赤水市宽口光唇鱼 (*Acrossocheilus labiatus*) ($Na=19.6$, $He=0.870$, $Ho=0.831$)^[21]; 与其他淡水鱼类相比较, 遗传多样性水平高于长江中下游 5 个湖泊黄颡鱼群体 ($Na: 4.0\sim 4.6$, $Ne: 2.24\sim 3.04$, $Ho: 0.378\sim 0.499$, $He: 0.432\sim 0.600$, $PIC: 0.389\sim 0.571$)^[30] 和广西鲢鱼 (*Hypophthalmichthys molitrix*) 群体 ($Na=2.938$, $Ne=1.787$, $Ho=0.374$, $He=0.327$, $I=0.595$, $PIC=0.294$)^[31]; 低于中国草鱼 (*Ctenopharyngodon idellus*) 群体 ($Na: 12.3\sim 15.4$, $Ne: 7.4\sim 9.2$, $Ho: 0.827\sim 0.851$, $He: 0.852\sim 0.885$, $PIC: 0.822\sim 0.860$)^[32] 和长江水系 4 个野生青鱼群体 (*Mylopharyngodon piceus*) ($Ne=5.249$; $Ho=0.798$; $He=0.781$; $PIC=1.783$)^[17]。这说明基于微卫星标记的青弋江光唇鱼遗传多样性在淡水鱼类中也处于中等偏高水平。比较基于线粒体分子标记的光唇鱼属鱼类遗传多样性结果显示: 云南光唇鱼 (总单倍型多样性和核苷酸多样性分别为 0.920 6, 0.024 65) 遗传多样性高^[14]; 台湾光唇鱼的遗传多样性中等

(平均单倍型多样性 0.62, 平均核苷酸多样性 0.001 13)^[15]。这说明基于线粒体分子标记的光唇鱼属鱼类遗传多样性同样处于中度到高度水平。这些研究进一步表明中高度的遗传多样性水平是光唇鱼属鱼类的普遍现象。

3.2 光唇鱼群体遗传结构

群体分化指数 (F_{ST}) 是衡量群体遗传分化程度的主要指标。根据 Curnow^[33]的研究, F_{ST} 分别为 0~0.05、0.05~0.15 和 0.15~1 时群体间为无分化、中度分化和高度分化。青弋江光唇鱼群体间 F_{ST} (0.043, -0.005~0.080) 较低, 而 AMOVA 分析结果也显示群体间的遗传变异占比仅 4.43% ($P<0.01$), 这表明青弋江光唇鱼群体间无显著遗传分化。群体间 UPGMA 系统聚类树中秧溪河群体和浦溪河群体、麻川河群体和泾县群体分别聚在一起, 然后与旌德群体聚为一支。这种群体遗传结构应该与光唇鱼善于游泳的特性和各群体分布的地理位置有关。秧溪河、浦溪河和麻川河均为太平湖河源溪流, 河道较短, 其中秧溪河、浦溪河入湖口位置距离较近 (小于 5 km), 与麻川河入湖口距离较远 (大于 28 km), 因此 YX 与 PX 群体聚在一起; 麻川河入湖口距太平湖大坝较近 (约 6 km), 大坝下游即为青弋江干流, 河道宽且无地理阻隔, 而泾县群体 (JX) 即采自青弋江干流, 因此 MC 与 JX 群体聚在一起; 旌德 (JD) 群体采自徽水河上游支流所属的朱旺景区, 该群体与最近的泾县群体 (JX) 距离约 70 km 且所经河段地势落差大, 因此 JD 群体与其他群体遗传距离最远。同时, 遗传距离与地理距离的相关性检测结果也表明了 5 个地理群体间遗传距离与地理距离间呈显著正相关 ($R=0.868$, $P<0.05$)。

对淡水鱼类来说, 鱼类的遗传分化格局往往与其分布的水系格局相吻合。不同流域间由于存在明显的地理障碍, 故常存在明显的种群遗传分化; 而同一流域内的种群通常分化不明显或没有遗传分化。但视地理阻隔、生态环境和鱼类生活习性等的不同, 同一流域相通的水体间也常有群体分化的情况产生^[34]。青弋江光唇鱼群体间遗传结构则显示了这种鱼类的遗传分化格局。基于线粒体标记的其他光唇鱼属鱼类群体结构研究也显示了类似的结果。如: 云南光唇鱼 9 个采样群体根据所属不同水系及同水系距离划分为 4 个组群时, AMOVA 分析结果中组群间遗传差异最大, 占比高达 94%^[14], 这显示了所属水系和水系距离大小是影响云南光唇鱼亲缘关系 (或遗传距离大小) 的主要因素; 而基于台湾光唇鱼 26 个群体的遗传结构研究认为中部山脉是

阻隔台湾地区台湾光唇鱼东部、西部种群基因交流的一个障碍^[15]。

Hardy-Weinberg 不平衡现象多是由于群体近交所产生的, 这常出现在一个较小的群体或者封闭群体中, 而在一个大的稳定群体中很难发生。青弋江光唇鱼 5 个地理群体间无明显异常分化, 说明其基因交流较为频繁; 但近年来光唇鱼受到过度捕捞、栖息地破坏等因素的严重影响, 导致光唇鱼群体的遗传结构, 表现为基因型频率和基因频率的 Hardy-Weinberg 不平衡。综上, 需要进一步加强青弋江光唇鱼的资源保护, 并通过人工繁养殖保证市场供应从而减少野生资源的进一步破坏。

参考文献:

- [1] 伍献文. 中国鲤科鱼类志(下册) [M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1977.
- [2] 浙江动物志编辑委员会. 浙江动物志-淡水鱼类[M]. 杭州: 浙江科学技术出版社, 1991.
- [3] 乐佩琦. 中国动物志-下卷-硬骨鱼纲, 鲤形目: 硬骨鱼纲·鲤形目[M]. 北京: 科学出版社, 2000.
- [4] 袁乐洋. 光唇鱼属单系性、亲缘关系和分类整理[D]. 武汉: 中国科学院水生生物研究所, 2009.
- [5] KOTTELAT M. Freshwater fishes of northern Vietnam [M]. Washington: World Bank, 2001.
- [6] 胡春生, 刘邵晨, 胡晨琦, 等. 黄山北麓青弋江发育研究[J]. 地理学报, 2018, 73(1): 138-151.
- [7] 凌俊, 江河, 段国庆, 等. 黄山回溪河养殖光唇鱼全人工繁殖技术研究[J]. 安徽农业科学, 2017, 45(30): 105-107.
- [8] 巫一安, 潘坛仁. 光唇鱼的驯养与人工繁殖试验[J]. 水产养殖, 2009, 30(11): 10-11.
- [9] 林衍峰, 严云志. 投喂激素催产光唇鱼试验[J]. 河北渔业, 2016(1): 42-45.
- [10] 王莉, 王绪祯, 何舜平. 基于线粒体 ND4 基因序列的七种条纹光唇鱼系统发育及对半刺光唇鱼分类地位的质疑[J]. 水生生物学报, 2010, 34(6): 1218-1222.
- [11] 潘娜, 苗亮, 李明云, 等. 浙江新昌光唇鱼(*Acrossocheilus*) CO II 和 D-loop 基因克隆及系统发育分析[J]. 海洋与湖泊, 2015, 46(2): 381-388.
- [12] 薛艳洁, 潘娜, 李明云. 基于线粒体 CO II 基因和 D-loop 区序列对江西南安光唇鱼(*Acrossocheilus*)物种鉴定及系统发育位置分析[J]. 生物学杂志, 2019, 36(1): 25-28.
- [13] YUAN L Y, LIU X X, ZHANG E. Mitochondrial phylogeny of Chinese barred species of the cyprinid genus *Acrossocheilus oshima*, 1919 (Teleostei: Cypriniformes) and its taxonomic implications [J]. Zootaxa, 2015, 4059(1): 151-168.
- [14] ZHENG L P, YANG J X. Genetic diversity and population structure of *Acrossocheilus yunnanensis* (Teleostei, Cyprinidae) inferred from four mitochondrial gene sequences [J]. Mitochondrial DNA Part A, 2018, 29(4): 606-614.
- [15] JU Y M, HSU K C, YANG J Q, et al. Mitochondrial diversity and phylogeography of *Acrossocheilus paradoxus* (Teleostei: Cyprinidae) [J]. Mitochondrial DNA Part A, 2018, 29(8): 1194-1202.
- [16] 赵彦花, 区又君, 温久福, 等. 基于微卫星标记的黄唇鱼遗传多样性研究[J]. 南方水产科学, 2019, 15(4): 127-132.
- [17] 王丰, 张家华, 沈玉帮, 等. 青鱼野生与养殖群体遗传变异的微卫星分析[J]. 水生生物学报, 2019, 43(5): 939-944.
- [18] YI T L, GUO W J, LIANG X F, et al. Microsatellite analysis of genetic diversity and genetic structure in five consecutive breeding generations of mandarin fish *Siniperca chuatsi* (Basilwsky)[J]. Genet Mol Res, 2015, 14(1): 2600-2607.
- [19] CHEN L N, LI Z B, CHEN X J, et al. Isolation and characterization of 15 microsatellite loci in *Acrossocheilus labiatus* Regan (Cyprinidae)[J]. Conservation Genet Resour, 2012, 4(1): 167-169.
- [20] HSU K C, WANG J P, CHEN X L, et al. Isolation and characterization of microsatellite loci in *Acrossocheilus paradoxus* (Cyprinidae) using PCR-based isolation of microsatellite arrays (Pima)[J]. Conserv Genet, 2004, 5(1): 113-115.
- [21] 刘瑞成, 张富铁, 但胜国, 等. 宽口光唇鱼微卫星位点的筛选与特征分析[J]. 四川动物, 2013, 32(2): 161-166.
- [22] 萨姆布鲁克 J, 弗里奇 E F, 曼尼阿蒂斯 T. 分子克隆实验指南[M]. 金冬雁, 黎孟枫, 侯云德, 等译. 2 版. 北京: 科学出版社, 1992.
- [23] YEH F C, BOYLE T J B. Population genetic analysis of codominant and dominant markers and quantitative traits [J]. Belg J Bot, 1997, 129: 157-163.
- [24] KALINOWSKI S T, TAPER M L, MARSHALL T C. Revisiting how the computer program Cervus accommodates genotyping error increases success in paternity assignment[J]. Mol Ecol, 2007, 16(5): 1099-1106.
- [25] KUMAR S, NEI M, DUDLEY J, et al. MEGA: a biologist-centric software for evolutionary analysis of DNA and protein sequences[J]. Briefings Bioinform, 2008, 9(4): 299-306.
- [26] EXCOFFIER L, LISCHER H E L. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows[J]. Mol Ecol Resour, 2010, 10(3): 564-567.
- [27] MCCUNE B, MEFFORD M J. PC-ORD: Multivariate analysis of ecological data, Version 5.0[R]. MjM Software, Gleneden Beach, Oregon, 1999.
- [28] DEWOODY J A, AVISE J C. Microsatellite variation in marine, freshwater and anadromous fishes compared with other animals[J]. J Fish Biol, 2000, 56(3): 461-473.
- [29] NICHOLS K M, YOUNG W P, DANZMANN R G, et al. A consolidated linkage map for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*)[J]. Animal Genet, 2003, 34(2): 102-115.
- [30] 刘红艳, 陈校辉, 熊飞. 长江中下游湖泊和云南抚仙湖黄颡鱼群体遗传结构研究[J]. 华中师范大学学报(自然科学版), 2016, 50(2): 269-275.
- [31] 叶香尘, 韦玲静, 梁克, 等. 广西本地鲢和长丰鲢群体遗传多样性分析[J]. 基因组学与应用生物学, 2019, 38(1): 100-108.
- [32] 朱冰, 樊佳佳, 白俊杰, 等. 金草鱼与中国 4 个草鱼群体的微卫星多态性比较分析[J]. 南方水产科学, 2017, 13(2): 51-58.
- [33] CURNOW R N, WRIGHT S. Evolution and the genetics of populations, volume 4: variability within and among natural populations[J]. Biometrics, 1979, 35(1): 359.
- [34] 胡玉婷, 杨少荣, 黎明政, 等. 鄱阳湖及洞庭湖红鳍原鲃的群体分化研究[J]. 水生生物学报, 2015, 39(1): 13-23.