

刘士力, 陈大伟, 朱鹏灿, 等. 基于线粒体 *Cyt b* 基因序列的 4 个黄尾鲴养殖群体遗传多样性分析[J]. 江苏农业学报, 2024, 40( 2 ): 342-347.

doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2024.02.016

## 基于线粒体 *Cyt b* 基因序列的 4 个黄尾鲴养殖群体遗传多样性分析

刘士力<sup>1</sup>, 陈大伟<sup>1,2</sup>, 朱鹏灿<sup>3</sup>, 郑建波<sup>1</sup>, 夏冯博<sup>1</sup>, 程 顺<sup>1</sup>, 蒋文枰<sup>1</sup>, 迟美丽<sup>1</sup>, 杭小英<sup>1</sup>, 李 飞<sup>1</sup>

(1. 浙江省淡水水产研究所农业农村部淡水渔业健康养殖重点实验室/浙江省淡水水产遗传育种重点实验室, 浙江 湖州 313001; 2. 上海海洋大学农业农村部淡水水产种质资源重点实验室, 上海 201306; 3. 湖州融晟渔业科技有限公司, 浙江 湖州 313105)

**摘要:** 黄尾鲴 (*Xenocypris davidi*) 是浙江省自然水域增殖放流的主要鱼类, 为了解人工繁育对黄尾鲴遗传多样性的影响, 利用线粒体 DNA 细胞色素 b 基因 (*Cyt b*) 对 4 个养殖群体的遗传多样性进行研究, 旨在为黄尾鲴增殖放流策略制定和实施提供基础数据。结果显示, 在编码 *Cyt b* 的 1 140 bp 序列中, 检测到 157 个变异位点, 界定了 21 种单倍型, 其中长兴、双浦、八里店和醴陵群体的单倍型数目分别为 10 个、11 个、7 个和 2 个, 单倍型多样性介于 0.226~0.794, 核苷酸多样性介于 0.006 14~0.023 86。除醴陵群体遗传多样性较低外, 其余 3 个养殖群体的遗传多样性具有高单倍型数和高核苷酸多样性的特点。4 个黄尾鲴养殖群体间的遗传距离为 0.018 74~0.092 74, 遗传分化指数为 0.808 63 ( $P < 0.01$ ), 其中长兴和八里店群体的分化程度较低, 双浦和醴陵群体的分化程度较高, 且遗传变异主要发生在群体间。本研究结果可从分子水平为黄尾鲴的资源保护和人工增殖放流提供参考依据。

**关键词:** 黄尾鲴; 养殖群体; *Cyt b* 基因; 遗传多样性

中图分类号: S965.124; Q75

文献标识码: A

文章编号: 1000-4440(2024)02-0342-06

## Genetic diversity analysis of four cultured *Xenocypris davidi* populations based on mitochondrial *Cyt b* gene sequence

LIU Shi-li<sup>1</sup>, CHEN Da-wei<sup>1,2</sup>, ZHU Peng-can<sup>3</sup>, ZHENG Jian-bo<sup>1</sup>, XIA Feng-bo<sup>1</sup>, CHENG Shun<sup>1</sup>, JIANG Wen-ping<sup>1</sup>, CHI Mei-li<sup>1</sup>, HANG Xiao-ying<sup>1</sup>, LI Fei<sup>1</sup>

(1. Key Laboratory of Healthy Freshwater Aquaculture, Ministry of Agriculture and Rural Affairs/Key Laboratory of Freshwater Aquatic Animal Genetic and Breeding of Zhejiang Province, Zhejiang Institute of Freshwater Fisheries, Huzhou 313001, China; 2. Key Laboratory of Exploration and Utilization of Aquatic Genetic Resources, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China; 3. Huzhou Rongsheng Fishery Technology Co., Ltd., Huzhou 313105, China)

**Abstract:** *Xenocypris davidi* is one of the main fish species that are proliferated and released into the natural waters

of Zhejiang province. To understand the impact of artificial breeding on the genetic diversity of *X. davidi* and provide basic data for formulation and implementation of proliferating and releasing strategies for *X. davidi*, the mitochondrial DNA cytochrome b (*Cyt b*) gene was used to study the genetic diversity of four cultured populations. The results showed that 157 variation sites were detected in the 1 140

收稿日期: 2023-04-23

基金项目: 浙江省财政专项(2024CZZX02); 国家淡水水产种质资源库项目(FGRC18537)

作者简介: 刘士力(1985-), 男, 湖北洪湖人, 博士研究生, 助理研究员, 研究方向为水生动物遗传育种。(E-mail) liushili1212@126.com

通讯作者: 李 飞, (E-mail) lifeibest1022@163.com

bp sequence that encoded the *Cyt b* gene, and 21 haplotypes were defined. Among them, the haplotype numbers in Changxing, Shuangpu, Balidian and Liling populations were 10, 11, 7 and 2, respectively. The haplotype diversity ranged from 0.226 to 0.794, and the nucleotide diversity ranged from 0.006 14 to 0.023 86. The Liling population had low genetic diversity, while the other three cultured populations were characterized by genetic diversity with large haplotype number and nucleotide diversity. The genetic distances among four cultured populations of *X. davidi* ranged from 0.018 74 to 0.092 74, and the genetic differentiation index was 0.808 63 ( $P < 0.01$ ), among which the genetic differentiation degrees between Changxing and Balidian populations were low, and the genetic differentiation degrees between Shuangpu and Liling populations were high. Moreover, genetic differentiation mainly occurred between populations. The study results can provide reference for resource protection and artificial proliferation and releasing of *X. davidi* at molecular level.

**Key words:** *Xenocypris davidi*; cultured population; *Cyt b* gene; genetic diversity

黄尾鲮隶属于鲤科(Cyprinidae)鲮亚科(Xenocyprinae)鲮属(*Xenocypris*)<sup>[1-2]</sup>,是一种分布于中国黄河、长江、闽江、珠江等流域的中小型淡水经济鱼类。黄尾鲮食性较广,以藻类及植物碎片、有机物碎屑为饵料,兼食浮游动物和底栖动物,能够净化水质,具有很高的经济价值和生态功能价值<sup>[3]</sup>。目前,黄尾鲮已被列为浙江省主要增殖放流的鱼类之一。当前,有关黄尾鲮的研究报道主要与黄尾鲮的生物学参数、生长特性以及繁育、养殖技术等有关。

线粒体 DNA 细胞色素 b 基因(*Cyt b*)进化速率适中,替换、缺失和插入等突变能够稳定持续遗传,适用于种间、种内的遗传分析<sup>[4]</sup>,被广泛应用于水生动物遗传多样性分析<sup>[5-10]</sup>。刘士力等<sup>[7]</sup>以 *Cyt b* 基因序列作为分子标记,对马口鱼(*Opsariichthys bidens*)瓯江、钱塘江野生群体和八里店养殖群体进行了研究,为其种质资源的保护和利用提供了数据支持。Wu 等<sup>[8]</sup>利用 *Cyt b* 序列对太平洋中部 8 个大眼金枪鱼(*Thunnus obesus*)群体进行分析,结果表明,大眼金枪鱼的遗传变异主要发生在群体内,并且可能在 11 万年前出现过一次明显的种群扩张。赵文浩等<sup>[9]</sup>利用线粒体 *Cyt b* 序列对车尔臣河和渭干河的 8 个地理群体共 174 尾叶尔羌高原鳅(*Triplophysa yarkandensis*)进行了遗传学多样性和遗传结构分析,结果表明,塔里木河 2 条支流的叶尔羌高原鳅的群体内部遗传变异占整个遗传变异的 96.57%,存在显著的群体间基因交流现象,可将这 8 个叶尔羌高原鳅群体归为一个保护管理单元进行资源保护。李大命等<sup>[10]</sup>利用 *Cyt b* 基因序列对太湖流域大银鱼(*Protosalanx chinensis*)野生群体的遗传多样性进行了分析,结果表明,太湖大银鱼种群的遗传多样性较高,有较高的适应生存环境、进化潜能以及较高的遗传育种改良潜力。

关于黄尾鲮遗传资源的分子研究还不多。张峻德等<sup>[11]</sup>利用线粒体 *CO I* 基因序列对千岛湖 3 个码头的 48 尾黄尾鲮的遗传资源状况进行了分析,共发现 4 个单倍型,且富文和临歧 2 个码头的黄尾鲮群体遗传分化显著。张宏等<sup>[12]</sup>利用线粒体 *CO I* 基因进行遗传多样性分析得出,千岛湖黄尾鲮群体和泾县、南昌县群体的遗传分化显著。郭爱环等<sup>[13]</sup>基于微卫星标记对钱塘江上游黄尾鲮增殖放流效果进行了评估,研究结果为浙江省内陆水域水生生物的增殖放流活动提供了数据和技术支持。

Xiao 等<sup>[14]</sup>利用线粒体 *Cyt b* 序列分析了鲮亚科的黄尾鲮和其他 6 个种的进化关系。李琳等<sup>[1]</sup>利用 *Cyt b* 和 *CO I* 序列评估了黄尾鲮与其他鲮亚科各物种的系统发育关系和分化时间。黄尾鲮具有较高的生态价值与经济价值,目前采用 *Cyt b* 基因序列对黄尾鲮进行群体遗传多样性的研究还不多。因此,通过线粒体 *Cyt b* 基因序列研究黄尾鲮群体的种群结构及遗传多样性状况,分析其遗传变异,可为其种群的保护提供参考。本研究拟对 4 个黄尾鲮养殖群体的线粒体细胞色素 b 基因全长进行扩增,对这 4 个群体的遗传结构进行分析,以为黄尾鲮的人工增殖放流策略的制定和实施、资源保护与合理开发提供基础数据和依据。同时,本研究拟获得的黄尾鲮线粒体 *Cyt b* 基因序列,可为其他黄尾鲮群体 *Cyt b* 基因序列的研究提供参考数据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

本研究所用黄尾鲮于 2022 年采自浙江长兴、双浦、八里店和湖南醴陵的 4 个黄尾鲮养殖基地,每个群体随机选取 32 尾,共计 128 尾。剪取适量黄尾鲮尾鳍,用无水乙醇固定,储存于 4 ℃ 冰箱中,用于后

续的群体遗传学分析。

## 1.2 试验方法

**1.2.1 DNA 提取、基因扩增与测序** 使用苯酚-三氯甲烷抽取法提取黄尾鲮尾鳍组织的 DNA, 用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测其完整性。参照黄尾鲮线粒体基因组序列(登录号: KF039718)应用 Primer Premier 6.0 软件设计 *Cyt b* 扩增和测序的引物 *Cyt b*-F 和 *Cyt b*-R。 *Cyt b*-F: 5'-GACTTGAAGAACCACCGTTG-3'; *Cyt b*-R: 5'-CTCCGATCTTCGGATTACAAGAC-3', 引物由生工生物工程(上海)股份有限公司合成。PCR 反应体系和反应条件参照文献[15]。PCR 扩增产物用 1% 琼脂糖凝胶进行电泳检测, 合格后送生工生物工程(上海)股份有限公司采用上下游引物进行双向测序。

**1.2.2 序列分析** 利用 BioEdit 7.0 软件进行序列比对, 并对照原始序列峰图进行人工校对。应用 Mega 7.0 软件对碱基的含量进行计算, 并采用邻接法基于 Kimura's 2-Parameter 模型建立系统进化树。运用 DnaSP 5.0 软件计算单倍型多样性指数( $h$ )、单倍型数、变异位点数和核苷酸多样性指数( $\pi$ )。在 TCS 1.21 中用最大简约法构建单倍型网络图。通过 DnaSP 5.0 软件分组计算并保存成 arp 格式后, 采用 Arlequin 3.1 软件进行分子方差分析(AMOVA), 计算各群体间的遗传分化指数( $F_{st}$ )。

## 2 结果与分析

### 2.1 黄尾鲮 *Cyt b* 基因碱基组成与变异分析

本研究对 4 个黄尾鲮养殖群体 128 个样本的 *Cyt b* 基因进行了扩增和测序, 得到了 128 条长度为 1154 bp 的同源序列, 提交 GenBank 后获得登录序列号: OQ599605~OQ599732。选择其中 1140 bp 编码 *Cyt b* 的序列用于下一步分析。结果显示, 在 1140 个位点中存在变异位点 157 个, 简约信息位点 156 个, 分别占分析位点的 13.8% 和 13.7%。碱基平均发生转换的概率( $T_s$ )与发生颠换的概率( $T_v$ )的比值( $T_s/T_v$ )为 7.96。4 种碱基在 128 条序列中平均含量为 29.2% (A)、14.6% (G)、27.8% (T) 和 28.4% (C), 其中 G 的含量最低, A+T 的含量为 57.0%, 明显高于 C+G 的含量。醴陵黄尾鲮养殖群体碱基含量和其他 3 个浙江养殖群体有一定差异(表 1)。

在 128 个样本中发现了 21 个单倍型(H1~H21), 双浦黄尾鲮养殖群体具有 11 个单倍型, 其中

9 个单倍型是该群体独有的, 另外 2 个单倍型分别与长兴和八里店黄尾鲮养殖群体共享。长兴和八里店黄尾鲮养殖群体的单倍型数目分别为 10 个和 7 个, 其中长兴黄尾鲮养殖群体包含八里店黄尾鲮养殖群体的所有单倍型, 且另外 3 种单倍型为其特有单倍型。醴陵黄尾鲮养殖群体仅有 2 个单倍型, 且是该群体独有的(表 2)。

表 1 黄尾鲮 4 个养殖群体 *Cyt b* 基因序列的碱基组成

Table 1 Nucleotide composition of *Cyt b* gene sequence in four cultured populations of *Xenocypris davidi*

群体	碱基含量 (%)					
	A	G	T	C	A+T	C+G
长兴	29.1	14.4	28.0	28.5	57.1	42.9
双浦	29.2	14.7	28.0	28.1	57.2	42.8
八里店	29.1	14.5	28.0	28.4	57.1	42.9
醴陵	29.6	14.7	27.1	28.6	56.7	43.3
平均	29.3	14.6	27.8	28.4	57.0	43.0

表 2 4 个黄尾鲮养殖群体 *Cyt b* 基因序列的单倍型分布情况

Table 2 Distribution of haplotypes in *Cyt b* sequences in four cultured populations of *Xenocypris davidi*

单倍型	数量 (个)				
	长兴	双浦	八里店	醴陵	总计
H1	3	0	15	0	18
H2	14	0	1	0	15
H3	2	0	4	0	6
H4	2	0	0	0	2
H5	1	0	0	0	1
H6	4	0	0	0	4
H7	3	1	5	0	9
H8	1	1	1	0	3
H9	1	0	3	0	4
H10	1	0	3	0	4
H11	0	3	0	0	3
H12	0	3	0	0	3
H13	0	14	0	0	14
H14	0	2	0	0	2
H15	0	3	0	0	3
H16	0	1	0	0	1
H17	0	1	0	0	1
H18	0	2	0	0	2
H19	0	1	0	0	1
H20	0	0	0	4	4
H21	0	0	0	28	28

2.2 黄尾鲮 *Cyt b* 基因遗传结构分析

使用 DnaSP (version 5.0) 软件计算黄尾鲮 4 个养殖群体的遗传多样性参数,结果(表 3)显示,4 个群体的单倍型(0.226~0.794)和核苷酸(0.006 14~0.023 86)的多样性程度具有明显分化。醴陵群体只有 2 个单倍型,单倍型多样性( $h$ )和核苷酸多样性( $\pi$ )分别仅为 0.226、0.006 14;双浦群体的单倍型数最多,有 11 个;八里店群体  $\pi$  最高,达 0.023 86。

表 3 黄尾鲮 4 个养殖群体 *Cyt b* 基因序列的遗传多样性参数  
Table 3 Genetic diversity parameters of *Cyt b* gene sequences in four cultured populations of *Xenocypris davidi*

群体	样本数 (个)	变异位点 (个)	单倍型数 (个)	单倍型 多样性 ( $h$ )	核苷酸 多样性 ( $\pi$ )
长兴	32	89	10	0.788	0.009 91
双浦	32	89	11	0.794	0.010 05
八里店	32	88	7	0.744	0.023 86
醴陵	32	31	2	0.226	0.006 14
总体	128	157	21	0.899	0.052 38

利用分子方差分析(AMOVA)法对 4 个黄尾鲮养殖群体 *Cyt b* 基因序列的遗传差异进行分析,结果表明,黄尾鲮养殖群体间的  $F_{st}$  为 0.808 63 ( $P < 0.01$ ),有 80.86% 的遗传变异来自群体间,其余的遗传变异来自群体内(19.14%)。

2.3 各群体遗传距离分析

利用 Mega 6.0 软件计算 4 个黄尾鲮养殖群体的遗传距离。由表 4 可知,各黄尾鲮养殖群体间遗传距离为 0.018 74~0.092 74,遗传距离差距较大。其中长兴与八里店黄尾鲮养殖群体的遗传距离最近,为 0.018 74;双浦和醴陵黄尾鲮养殖群体的遗传距离最远,为 0.092 74(图 1)。运用 Arlequin 计算各黄尾鲮养殖群体间的  $F_{st}$ ,  $F_{st}$  为 0.040 18~0.905 01。除了长兴与八里店黄尾鲮养殖群体之间的遗传分化指数较低外,其他任意 2 个黄尾鲮养殖群体间的遗传分化指数均在 0.500 00 以上。

黄尾鲮养殖群体的单倍型网络关系(图 2)显示,所研究的 4 个黄尾鲮养殖群体的单倍型具有一定的分化。醴陵、长兴、双浦和八里店黄尾鲮养殖群体的单倍型大致形成了 3 个部分。单倍型 H1~H8 形成了第一部分,以长兴和八里店黄尾鲮养殖群体

的个体为主。第二部包括 H9~H19,双浦黄尾鲮养殖群体中的个体主要集中于这一部分。醴陵黄尾鲮养殖群体中的个体均属于第三部分。

表 4 黄尾鲮 4 个养殖群体群体间的遗传距离(对角线下方)和遗传分化指数(对角线上方)

Table 4 Genetic distance (below diagonal line) and genetic differentiation index (above diagonal line) among four cultured populations of *Xenocypris davidi*

群体	长兴	双浦	八里店	醴陵
长兴	—	0.843 06	0.040 18	0.904 64
双浦	0.068 08	—	0.699 62	0.905 01
八里店	0.018 74	0.060 46	—	0.822 67
醴陵	0.091 12	0.092 74	0.091 69	—

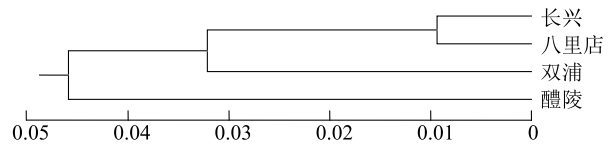


图 1 基于黄尾鲮 *Cyt b* 单倍型构建的邻接系统树  
Fig.1 Neighbour-joining dendrogram based on *Cyt b* haplotype of *Xenocypris davidi*

3 讨论

线粒体 DNA 因其分子量小、结构简单、进化速度快、母性遗传等特征,已成为鱼类群体遗传结构和系统演化关系分析的重要工具<sup>[16-17]</sup>。其中,线粒体 *Cyt b* 基因在线粒体 DNA 中进化速度适中,作为重要的蛋白质编码基因被广泛应用于遗传结构分析中。本研究获得的 128 个样本的 *Cyt b* 基因核苷酸分析结果显示,A+T 的含量(57.0%)高于 G+C 的含量(43.0%),4 种碱基中 G 的含量最低(14.6%)。这与大银鱼(*Protosalanx hyalocranius*)<sup>[18]</sup>和棘头梅童鱼(*Collichthys lucidus*)<sup>[19]</sup> *Cyt b* 基因序列中的研究结果一致,在这 2 种鱼中,A+T 的含量均高于 G+C 的含量,且 G 的含量最低。

长兴黄尾鲮养殖群体种源来自于八里店,但其亲本是由历年多次采购的苗种培育而成。*Cyt b* 序列分析结果表明,长兴与八里店黄尾鲮养殖群体碱基组成更为接近,长兴黄尾鲮养殖群体包含了八里店黄尾鲮养殖群体的所有单倍型,遗传距离也是各黄尾鲮养殖群体之间最小的,两群体间仅存在轻度



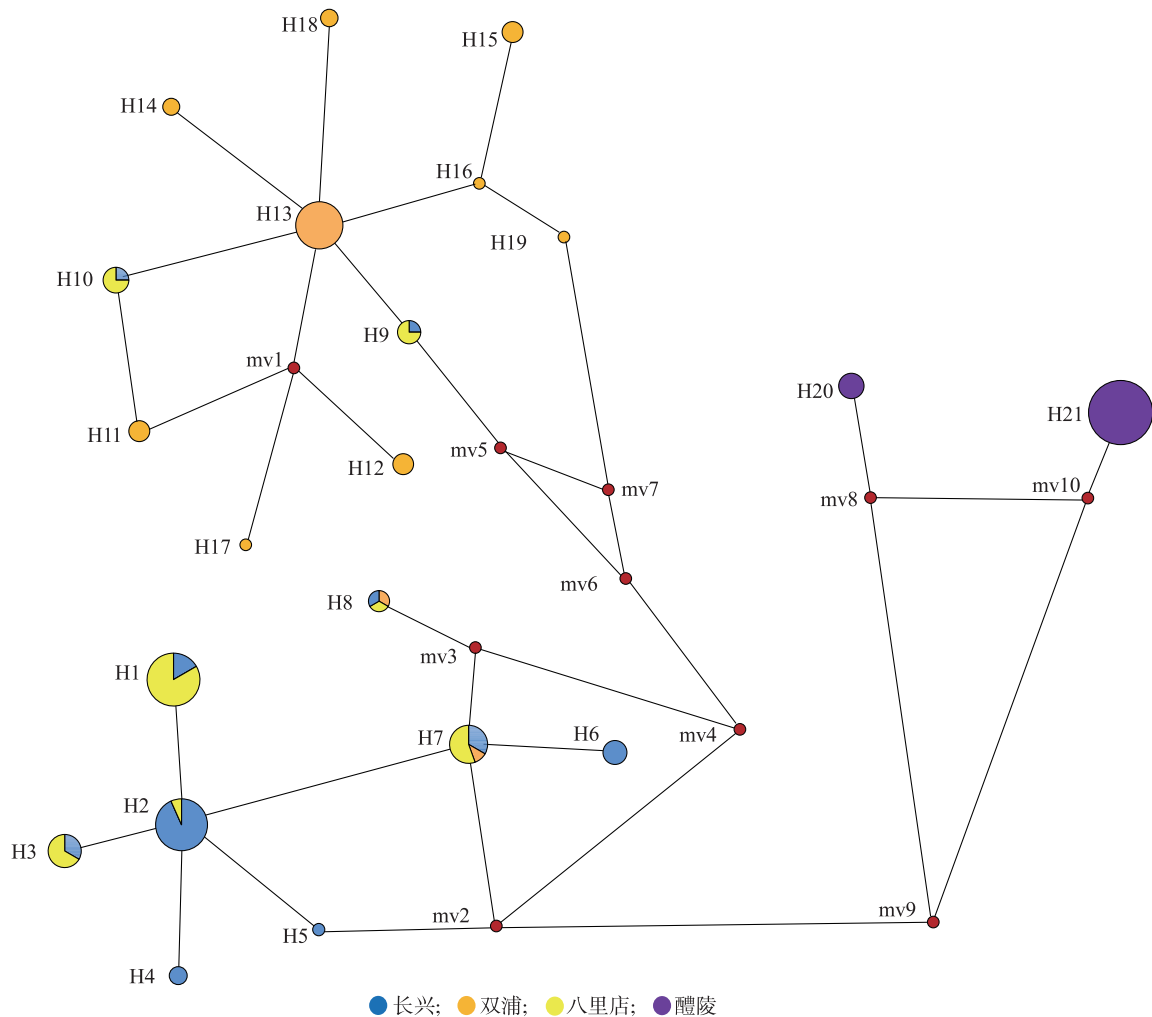


图2 黄尾鲮 4 个养殖群体 *Cyt b* 基因单倍型的网络关系

Fig.2 Median-joining network for haplotypes of *Cyt b* gene in four cultured populations of *Xenocypris davidi*

遗传分化,这与实际情况一致。而醴陵黄尾鲮养殖群体明显具有不同的苗种来源,其与另外 3 个黄尾鲮养殖群体间的遗传距离较远且遗传分化指数较高。通过分析发现醴陵黄尾鲮养殖群体遗传多样性相对较低,仅有 2 种单倍型,且绝大部分的个体属于其中 1 种单倍型。提示该批次黄尾鲮养殖群体可能由少量母系个体繁殖而来,逃逸至天然水域,容易对自然群体种质的遗传多样性造成影响。

在本研究中,醴陵黄尾鲮养殖群体  $h$  值 (0.226) 低于 0.500,  $\pi$  值 (0.006 14) 略高于 0.005 00,根据 Grant 等<sup>[20]</sup>的标准,群体符合鱼类第 2 种单倍型与核苷酸多样性组合,即低  $h$  和高  $\pi$  类型。造成这个结果的原因可能是群体由于瓶颈效应后的快速扩增和变异的积累。其他 3 个群体属于高

$h$  和高  $\pi$  类型。黄尾鲮绝对怀卵量为  $1.2 \times 10^5 \sim 1.7 \times 10^5$  粒/尾,人工繁殖技术水平已经获得突破。人工繁殖采用的亲本数量受到订单需求的影响,有采用较少亲本进行繁殖的可能。在避免人工养殖群体逃逸对野生资源产生影响的同时,制定科学的繁育策略预防群体遗传多样性降低也是非常重要的。

评估群体分化的主要指标有群体间的遗传距离和遗传分化指数。根据 Shaklee 等<sup>[21]</sup>的研究结果,鱼类种群间遗传距离为 0.002~0.065,平均遗传距离为 0.050,本研究中部分群体间的遗传距离高于 0.065。这一方面可能是由于 Shaklee 等<sup>[21]</sup>提出的这个标准是基于蛋白质电泳分析结果,其所包含的多态性位点较少;另一方面说明本研究所分析的部分黄尾鲮养殖群体间存在显著的遗传分化。

Wright<sup>[22]</sup>采用遗传分化指数( $F_{st}$ )作为衡量群体间遗传分化程度的标准,得出长兴和八里店群体间遗传分化指数小于 0.05,表明存在轻度分化。本研究中其他任意 2 个群体间的遗传分化指数均大于 0.5,属于极高度分化。本研究中,种群间的遗传距离分析与  $F_{st}$  的分析结果相符。不同养殖群体间存在极高度分化,表明在放流时选择合适的种苗来源是比较重要的。

张峻德等<sup>[11]</sup>利用线粒体 *CO I* 基因序列对千岛湖水水库 3 个码头共 48 尾黄尾鲮的遗传多样性进行了分析,仅发现 4 种单倍型,*CO I* 序列核苷酸和单倍型多样性均低于本研究中除鄱陵外的其他 3 个黄尾鲮养殖群体。这说明 *Cyt b* 基因序列具有更高的序列多样性。因此,采用 *Cyt b* 基因序列进行遗传多样性分析可以作为 *CO I* 基因序列分析的重要补充,为黄尾鲮的增殖放流及种质资源保护提供技术支持。目前 GenBank 中黄尾鲮 *Cyt b* 基因序列数量较少,本研究获得的 4 个养殖群体的 *Cyt b* 数据是黄尾鲮种质数据的重要补充。本研究结果为黄尾鲮的种质资源放流评估、种群关系研究、保护和利用提供了重要参考依据。

## 参考文献:

- [1] 李琳,陈蔚涛,汤永涛,等. 鲮亚科分子系统学研究[J]. 水生生物学报,2023,47(4):628-363.
- [2] BAKER H K, HANKINS D C, SHURIN J B. Introgressive hybridization erodes morphological divergence between lentic and lotic habitats in an endangered minnow[J]. Ecology and Evolution, 2021,11(19):13593-13600.
- [3] 张燕萍,章海鑫,傅义龙,等. 黄尾鲮的胚胎发育[J]. 江苏农业科学,2019,47(16):174-178.
- [4] ZARDOYA R, MEYER A. Phylogenetic performance of mitochondrial protein-coding genes in resolving relationships among vertebrates[J]. Molecular Biology and Evolution, 1996,13(7):933-942.
- [5] 杨慧兰,王银肖,谭慧敏,等. 白洋淀流域宽鳍鳮遗传多样性及种群历史动态[J]. 上海海洋大学学报,2021,30(5):837-846.
- [6] 岳丽佳,熊良伟,王帅兵,等. 基于线粒体 *Cyt b* 序列的 3 个宽体金线蛭群体遗传多样性分析[J]. 上海海洋大学学报,2020,29(1):9-16.
- [7] 刘士力,练青平,贾永义,等. 基于线粒体 *Cyt b* 基因序列的浙江省 3 个马口鱼群体遗传多样性分析[J]. 浙江农业学报,2023,35(2):293-300.
- [8] WU Z C, XU Q H, ZHU J F, et al. Genetic population structure of the bigeye tuna *Thunnus obesus* in the central Pacific Ocean based on mtDNA *Cyt b* sequences[J]. Fisheries Science,2014,80(3):415-426.
- [9] 赵文浩,易少奎,苏君晓,等. 新疆塔里木河叶尔羌高原鳅遗传多样性研究[J]. 水生生物学报,2022,46(3):364-374.
- [10] 李大命,张彤晴,唐晟凯,等. 太湖大银鱼(*Protosalanx chinensis*)细胞色素 *b* 基因序列多态性分析[J]. 江苏农业学报,2015,31(4):840-845.
- [11] 张峻德,赵良杰,刘其根. 千岛湖细鳞鲈和黄尾鲮 *CO I* 种群遗传结构比较的初步研究[J]. 淡水渔业,2013,43(5):3-7.
- [12] 张宏,赵良杰,胡忠军,等. 千岛湖和长江黄尾鲮种群的遗传变异研究[J]. 上海海洋大学学报,2015,24(1):12-19.
- [13] 郭爱环,原居林,练青平,等. 基于微卫星标记的钱塘江上游黄尾鲮增殖放流效果及其潜在遗传风险评估[J]. 水产学报,2022,46(12):2349-2356.
- [14] 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[J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2001,18(2):163-173.
- [15] 刘士力,刘一诺,蒋文枰,等. 红螯螯虾核糖体 DNA-ITS 区序列特征[J]. 浙江农业科学,2023,64(6):42-47.
- [16] GRANT W S, BOWEN B W. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation[J]. The Journal of Heredity, 1998,89(5):415-426.
- [17] 窦新杰,常玉梅,唐然,等. 几种雅罗鱼亚科鱼类基于 mtDNA 序列的亲缘关系[J]. 江苏农业学报,2014,30(4):826-832.
- [18] 李大命,唐晟凯,刘燕山,等. 基于 *Cyt b* 基因的江苏省大银鱼种群遗传多样性和遗传结构分析[J]. 上海海洋大学学报,2021,30(3):416-425.
- [19] 吴宙,周丽青,迟长风,等. 基于线粒体 *Cyt b* 基因序列的棘头梅童鱼种群遗传结构[J]. 中国水产科学,2021,28(1):90-99.
- [20] GRANT W S, BOWEN B W. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation[J]. The Journal of Heredity, 1998,89(5):415-426.
- [21] SHAKLEE J B, JHON C D. Speciation and evolution of marine fishes studied by electrophoresis analysis of proteins[J]. Pacific Science, 1982,36:141-157.
- [22] WRIGHT S. Evolution and the genetics of populations. Vol. IV. Variability within and among population[J]. Biometrics, 1979,35(1):359.

(责任编辑:陈海霞)