

安徽两水系黄颡鱼的微卫星遗传多样性分析

胡玉婷, 江河, 段国庆, 周华兴, 凌俊, 汪焕
(安徽省农业科学院水产研究所/水产增养殖安徽省重点实验室, 安徽合肥 230031)

摘要: 为了解安徽省内长江和淮河水系黄颡鱼 (*Pelteobagrus fulvidraco*) 遗传多样性和遗传结构, 选用 10 个微卫星标记对 9 个自然群体共 254 尾黄颡鱼进行了遗传分析。共检测到等位基因数 (N_a) 245 个, 平均有效等位基因数 (N_e) 9.75 个。各群体的平均 N_a 为 5.20~14.80, 平均 N_e 为 2.64~8.93; 平均观测杂合度 (H_o) 为 0.496~0.671, 平均期望杂合度 (H_e) 为 0.557~0.818; 平均多态信息含量 (PIC) 为 0.500~0.790。AMOVA 分析显示仅 8.15% 的遗传变异来自群体间, 各群体间的遗传分化指数 (F_{ST}) 为 0.006~0.236。基于 Nei's 遗传距离的 UPGMA 系统树和利用 Structure 软件的群体遗传结构分析均显示, 9 个群体可被划分 4 或 5 个谱系, 其中石台 (秋浦河水系)、麻川河 (青弋江支流)、阜南 (淮河水系) 3 个群体的个体遗传结构均比较独立, 与其他群体亲缘关系较远; 其他 6 个群体 (长江水系的望江、无为、龙窝湖、泾县群体和淮河水系的凤台、瓦埠湖) 的较为复杂, 可能存在谱系间的混杂。结果表明, 研究区域内黄颡鱼野生资源遗传多样性较高, 地理群体间存在遗传分化且部分群体可能经历了瓶颈效应。

关键词: 黄颡鱼; 微卫星; 遗传多样性; 遗传结构; 安徽

中图分类号: S 917.4

文献标志码: A

开放科学 (资源服务) 标识码 (OSID):



Genetic diversity analysis of *Pelteobagrus fulvidraco* from two major drainage systems in Anhui Province based on microsatellite markers

HU Yuting, JIANG He, DUAN Guoqing, ZHOU Huaxing, LING Jun, WANG Huan

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

Abstract: We collected 254 individuals of nine wild *Pelteobagrus fulvidraco* populations from Yangtze River and Huaihe River in Anhui Province, then genotyped them by using ten microsatellite markers. The result shows a high level of genetic diversity. Altogether 245 alleles had been detected in ten loci with an average of effective allele number (N_e) of 9.75 per locus. In all *P. fulvidraco* populations, the allele number (N_a) was 5.20–14.80 and the N_e was 2.64–8.93; the observed heterozygosity (H_o) was 0.496–0.671 and the expected heterozygosity (H_e) was 0.557–0.818; the polymorphism information content (PIC) was 0.500–0.790. The molecular variance analysis (AMOVA) exhibited only 8.15% genetic variation among the populations and showed a low and middle level genetic differentiation (F_{ST} : 0.006–0.236). The UPGMA tree of *P. fulvidraco* based on Nei's genetic distance (0.079–0.640) and population genetic structure analysis based on Structure software both indicate that the nine populations belonged to four or five genetic lineages; ST, FN and MC populations were all independent groups which were genetically distantly related to the others. The results reveal that there is genetic differentiation among the nine *P. fulvidraco* populations and some populations have experienced bottle-

收稿日期: 2020-04-03; 修回日期: 2020-05-11

资助项目: 安徽省科技重大专项 (17030701003); 安徽省农业科学院团队 (2020YL039); 安徽省水产产业技术体系 (皖农科 [2016] 84 号)

作者简介: 胡玉婷 (1986—), 女, 博士, 副研究员, 从事水产动物育种研究。E-mail: huyuting1021@126.com

neck effects, but the wild resources still have high genetic diversity.

Key words: *Pelteobagrus fulvidraco*; Microsatellite; Genetic diversity; Genetic structure; Anhui

黄颡鱼 (*Pelteobagrus fulvidraco*) 是黄颡鱼属最常见的物种, 俗称戈丫、黄骨鱼、黄辣丁等, 广泛分布于长江、黄河、珠江及黑龙江等水系^[1]。黄颡鱼无肌间刺、营养丰富、肉质鲜美, 深受消费者青睐, 是我国主要的经济鱼类之一。近年来, 黄颡鱼养殖热潮兴起, 安徽省的黄颡鱼养殖业也发展强劲。根据 2019 年中国渔业统计年鉴的数据, 2018 年我国黄颡鱼养殖产量为 50.96 万 t, 其中安徽省为 3.41 万 t, 居全国第五^[2]。安徽省内的长江和淮河流域既是黄颡鱼养殖的主产区之一, 又具有丰富的黄颡鱼野生资源。然而, 由于野生黄颡鱼栖息生境遭到破坏、各地黄颡鱼的无序引进、养殖黄颡鱼的逃逸及杂交黄颡鱼 (黄颡鱼♀×瓦氏黄颡鱼 *P. vachelli*♂) 品种的推广等原因, 野生黄颡鱼种质纯度面临威胁。目前对野生黄颡鱼种质资源的遗传现状不清, 在缺乏科学规划和盲目利用的情况下, 难以获得优异的养殖性状。因此, 开展野生群体的遗传多样性和遗传结构研究, 是保护黄颡鱼种质资源和进一步开发利用的必要基础工作。

微卫星标记由于具有高多态性、稳定性、共显性及方便检测等特点, 被广泛应用于水产领域。作为一种高效率的中性分子标记, 微卫星分子标记技术是鱼类群体遗传学研究的常见选择, 如黄唇鱼 (*Bahaba flavolabiata*)^[3]、军曹鱼 (*Rachycentron canadum*)^[4] 等海水鱼类, 和四大家鱼^[5-8]、鲤 (*Cyprinus carpio*)^[9]、大口黑鲈 (*Micropterus salmoides*)^[10] 等淡水鱼类。有关野生黄颡鱼的群体遗传多样性和遗传结构已有诸多研究, 如库喜英^[11]、张鹤千等^[12]、钟立强等^[13]、Zhong 等^[14] 基于线粒体 DNA 序列变异研究了中国不同水系黄颡鱼群体的遗传多样性和遗传结构, 发现各地黄颡鱼的群体遗传多样性水平和遗传分化程度差别较大。基于微卫星标记的相关研究也有类似结果, 如 Zhong 等^[15] 认为来自长江中下游 5 个湖泊的黄颡鱼群体遗传多样性中等而遗传分化程度较低; 李大宇等^[6] 发现来自长江上游、东北、天津的 6 个黄颡鱼群体的多样性水平总体呈适中偏高水平, 各自然群体聚类结果与地理分布有一定相关性; 刘红艳等^[17] 对长江中下游湖泊和云南抚仙湖黄颡鱼群体进行了遗传分析, 结果显示其遗传多样性水平较高, 群体间存在明显遗传分化, 6 个黄

颡鱼群体可分为两组, 鄱阳湖、巢湖和洪泽湖为一组, 溇湖、太湖和抚仙湖群体为另一组; Guo 等^[18] 指出长江 7 个群体和白洋淀黄颡鱼的群体遗传多样性高, 但群体间无显著遗传分化。然而, 目前有关安徽两水系黄颡鱼群体遗传的研究不多, 对当前黄颡鱼种质资源状况的研究不充分, 且近年来黄颡鱼繁育及养殖产业的蓬勃发展是否对其自然种质有所影响也不得而知。因此, 本研究以安徽省内长江、淮河水系 9 个黄颡鱼群体为研究对象, 采用微卫星标记分析其遗传多样性, 有助于深入了解其种质资源现状和变化, 并为黄颡鱼的资源保护和开发利用提供基础资料。

1 材料与方法

1.1 样品采集

黄颡鱼样品采集于 2018—2019 年, 采集信息见表 1 和图 1。取样品鱼背部肌肉于 95% 乙醇中保存备用。

1.2 DNA 提取和 PCR 扩增

根据文献 [15, 19], 通过聚丙烯酰胺凝胶电泳筛选扩增片段条带清晰、大小适度且多样性较高的 10 对微卫星引物 (表 2)。委托生工生物工程 (上海) 股份有限公司合成引物并利用荧光修饰标记 (HEX 和 6-FAM) 修饰。使用动物基因组提取试剂盒 (Universal Genomic DNA Extraction Kit, 天根生化科技有限公司生产) 提取黄颡鱼基因组 DNA, 用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 质量, -20 °C 保存备用。

PCR 扩增体系 (20 μL) 包括模板 DNA 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 反应程序和参数为: 94 °C 预变性 5 min; 94 °C 变性 30 s, 55~65 °C (表 2) 退火 30 s, 72 °C 延伸 40 s, 35 个循环; 72 °C 延伸 10 min。PCR 产物 4 °C 避光保存后, 委托生工生物工程 (上海) 股份有限公司使用 ABI 3730XL 测序仪进行毛细管电泳检测。采用 Genemarker 2.0 软件^[20] 结合人工分析检测数据进行 STR 基因分型。

1.3 数据分析

基于 STR 分型结果, 使用 CONVERT 1.31 软

表1 黄颡鱼样本采集信息
Table 1 *P. fulvidraco* samples information

采样点编号 Sampling site No.	群体 Population	样本数 Sample size	采集地 Samplinig site	所属水系 River system
1	望江 WJ	29	望江县	长江干流
2	无为 WW	20	无为县	长江干流
3	龙窝湖 LW	28	龙窝湖	长江干流湖泊
4	石台 ST	30	石台县	长江支流秋浦河
5	泾县 JX	30	泾县	长江支流青弋江
6	麻川河 MC	30	黄山区三口镇	长江支流青弋江河源麻川河
7	凤台 FT	30	凤台县	淮河干流
8	瓦埠湖 WB	30	瓦埠湖	淮河干流湖泊
9	阜南 FN	27	阜南县	淮河干流

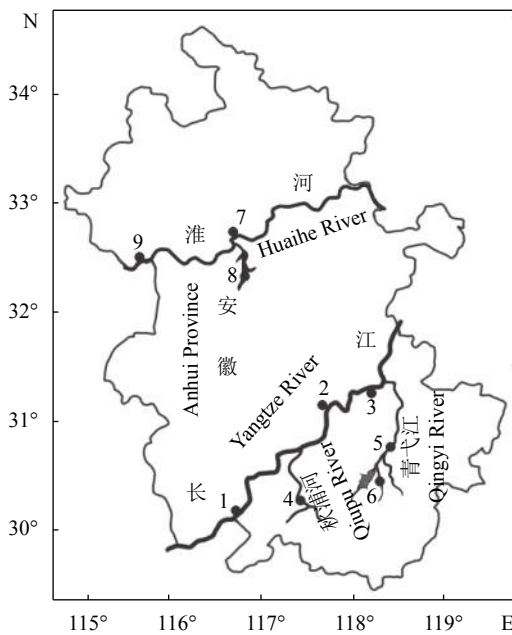


图1 黄颡鱼采样示意图

1. 望江; 2. 无为; 3. 龙窝湖; 4. 石台; 5. 泾县; 6. 麻川河;
7. 凤台; 8. 瓦埠湖; 9. 阜南

Figure 1 Sampling sites of *P. fulvidraco*

1. WJ; 2. WW; 3. LW; 4. ST; 5. JX; 6. MC; 7. FT; 8. WB; 9. FN

件^[21]转换为各软件所需格式。采用 PopGene 32 软件^[22]计算各微卫星位点和各群体的等位基因数 (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) 和等位基因频率。利用 GENEPOP 软件^[23]检验微卫星位点是否符合 Hardy-Weinberg 平衡。群体的多态信息含量 (PIC) 由 PIC_Calc 0.6 软件 (中国水产科学研究院黄海水产研究所开发) 计算。基于群体间遗传距离使用 MEGA 4.0 软件^[24]构建 UPGMA 聚类

树。利用 Arlequin 3.5 软件^[25]开展群体间遗传分化指数 (F_{ST}) 的检测和分子方差分析 (AMOVA)。由公式 $N_m = (1/F_{ST} - 1)/4$ 计算群体间基因流 (N_m)^[26]。利用 Structure 2.3.4 软件^[27]分析黄颡鱼群体间遗传结构并进行聚类分析。使用 Bottlenecks 1.2 软件^[28]进行瓶颈效应分析, 基于 TPM 突变模型 (Two phase mutation model) 的 Wilcoxon test 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。

2 结果

2.1 微卫星位点多态性

采用的 10 个微卫星位点在 9 个黄颡鱼群体中的信息和遗传多样性结果见表 3。共检测到等位基因 245 个, 所有位点的 N_a 、 N_e 、 H_o 和 H_e 的平均值分别为 24.5、9.75、0.601 和 0.795。所有位点的 PIC 介于 0.287~0.936, 平均 0.785。位点均符合 Hardy-Weinberg 平衡。

2.2 群体遗传多样性

麻川河群体的平均 N_a (5.20)、 N_e (2.64)、 H_o (0.496) 和 H_e (0.557) 均最低, 而龙窝湖与凤台群体 N_a 相同且最高 (14.80), 龙窝湖群体的 H_o 最高 (0.671), 泾县群体的 N_e 和 H_e 均最高 (8.93 和 0.818)。各群体的平均 PIC (0.500~0.790) 相近且均大于 0.5 (表 4)。表明黄颡鱼群体总体遗传多样性较高, 各采样群体中麻川河群体遗传多样性最低。

2.3 群体遗传结构

各群体间的 Nei's D_a 为 0.079~0.640 (表 5), 其中凤台和瓦埠湖群体间遗传距离最小, 麻川河和石台群体间最大。群体 F_{ST} 和 N_m 见表 6。 F_{ST} (0.006~

表2 黄颡鱼10对微卫星引物信息
Table 2 Information of ten pairs of microsatellite primers of *P. fulvidraco*

位点 Locus	引物序列 Primer sequence	核心序列 Core sequence	退火温度 Annealing temperature/°C	产物长度 Size range/bp
CT30	F: ACACCAAACATTGTGCTAC R: ATTCAGGAGATCCCGACACT	(CT) ₉ T(TC) ₂	55	235~293
CT42	F: GCAGAGGGTTGCTTTTGCCTTTTA R: CAACAATCACATTCTATGAGGAGT	(TC) ₆	65	129~151
CT81	F: GTCTCCATCACTGCCACAT R: TCAGCAATTATGTGAAAAGTGTCT	(CT) ₆ G(TC) ₄	58	128~170
CT209	F: AACTCACTCACCGCACGTCGC R: GTGTGAAGACTGAACGATGAT	(TC) ₁₃	62	369~419
HLJ13	F: GACCCAGTTCCACATTG R: GGCTACCACATCCCTCAT	(CA) ₂₃	58	163~223
HLJ17	F: ATGGTATAAACATGGTGCTA R: ATGATGCTGATAGGGTGA	(TG) ₂₅	58	174~234
HLJ45	F: TGGGTCTCTCTGGGTCA R: GCGGCTCACTCACTCC	(TG) ₂₉	56	169~271
HLJ60	F: GATCAACGTCCAACAGAG R: GGAAAGAAAGATGGCTAG	(CA) ₂₈ (TTT) ₇	56	228~286
HLJ66	F: AACTGACATACACTGGCATAA R: CTGGCAACGTGTTTCTGGCATAA	(TG) ₂₇	56	250~316
AG48	F: GCTGATACATTCTTTATTAGGGCACC R: GTCGCACTTCCCCTCTGTCA	(AG) ₁₃	65	185~263

表3 黄颡鱼10个微卫星位点的信息和遗传多样性
Table 3 Information and genetic diversity information of ten microsatellites in *P. fulvidraco*

位点 Locus	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	多态信息含量 PIC
CT30	27	13.17	0.591	0.926	0.919
CT42	7	1.46	0.299	0.317	0.287
CT81	13	1.52	0.319	0.344	0.335
CT209	23	10.38	0.756	0.906	0.896
HLJ13	29	13.70	0.799	0.929	0.923
HLJ17	27	14.79	0.677	0.934	0.928
HLJ45	42	16.41	0.835	0.941	0.936
HLJ60	22	10.78	0.429	0.909	0.900
HLJ66	30	7.95	0.598	0.876	0.865
AG48	25	7.37	0.705	0.866	0.854
均值 Mean	24.5	9.75	0.601	0.795	0.785

0.236) 范围较大, 各群体间具有不同程度的遗传分化, 其中凤台和瓦埠湖群体间的 F_{ST} 最小 (无分化), 石台和麻川河群体间 F_{ST} 最大 (高度分化)。群体间 N_m 为 0.811~40.073, 其中凤台和瓦埠湖群体间最大, 麻川河群体和石台群体间最小 (0.811)、麻川河和阜南群体间 N_m 也小于 1 (0.937), 表明这些群体间几乎无基因交流。另外, 麻川河群体和其他所有群体间、石台群体和其他所有群体间、阜南

群体和其他所有群体间的 N_m 均小于 4, 表明这些群体间基因交流受限。

AMOVA 结果 (表 7) 显示, 把所有群体划分为一个组时, 8.15% 的遗传变异来自群体间; 当把所有群体按照水系分别划分为长江和淮河 2 个组时, 有 0.73% 的遗传变异来自不同组间, 而有 7.74% 的遗传变异来自组内群体间, 占群体间变异总数的 91.52%, 说明群体间的变异主要是水系内群体

表4 黄颡鱼9个群体的遗传多样性
Table 4 Genetic diversity of nine populations of *P. fulvidraco*

群体 Population	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	多态信息含量 PIC
望江 WJ	13.00	7.56	0.635	0.779	0.752
无为 WW	12.70	6.76	0.640	0.781	0.749
龙窝湖 LW	14.80	8.42	0.671	0.792	0.765
石台 ST	9.60	4.09	0.497	0.643	0.608
泾县 JX	14.70	8.93	0.603	0.818	0.790
麻川河 MC	5.20	2.64	0.496	0.557	0.500
凤台 FT	14.80	8.71	0.663	0.782	0.760
瓦埠湖 WB	13.60	8.33	0.613	0.777	0.754
阜南 FN	11.30	4.95	0.607	0.719	0.688

表5 黄颡鱼群体间遗传距离 (对角线下)
Table 5 Nei's genetic distance (below diagonal) of *P. fulvidraco* populations

群体 Population	望江 WJ	无为 WW	龙窝湖 LW	石台 ST	泾县 JX	麻川河 MC	凤台 FT	瓦埠 WB	阜南 FN
望江 WJ									
无为 WW	0.114								
龙窝湖 LW	0.086	0.111							
石台 ST	0.290	0.224	0.239						
泾县 JX	0.138	0.158	0.110	0.308					
麻川河 MC	0.505	0.508	0.516	0.640	0.375				
凤台 FT	0.167	0.223	0.165	0.416	0.142	0.426			
瓦埠湖 WB	0.175	0.214	0.159	0.362	0.142	0.381	0.079		
阜南 FN	0.343	0.360	0.366	0.569	0.364	0.637	0.319	0.333	

表6 黄颡鱼群体分化指数 F_{ST} (对角线下) 和群体间基因流 N_m (对角线上)
Table 6 Pairwise F -statistics (below diagonal) and gene flow (above diagonal) of *P. fulvidraco* populations

群体 Population	望江 WJ	无为 WW	龙窝湖 LW	石台 ST	泾县 JX	麻川河 MC	凤台 FT	瓦埠 WB	阜南 FN
望江 WJ		21.489	38.212	2.562	13.411	1.228	8.647	7.947	2.911
无为 WW	0.012		26.346	3.373	12.637	1.202	6.364	6.618	2.852
龙窝湖 LW	0.007*	0.009*		3.101	24.260	1.228	9.403	9.710	2.821
石台 ST	0.089	0.069	0.075		2.522	0.811	1.869	2.093	1.279
泾县 JX	0.018	0.019	0.010*	0.090		1.588	12.771	12.313	2.984
麻川河 MC	0.169	0.172	0.169	0.236	0.136		1.401	1.517	0.937
凤台 FT	0.028	0.038	0.026	0.118	0.019	0.151		40.073	3.147
瓦埠湖 WB	0.031	0.036	0.025	0.107	0.020	0.142	0.006*		2.976
阜南 FN	0.079	0.081	0.081	0.164	0.077	0.211	0.074	0.078	

注: *. $P > 0.05$; 无*则表示 $P < 0.001$

Note: *. $P > 0.05$, while the values without * means $P < 0.001$.

表7 黄颡鱼群体遗传结构的分子变异分析
Table 7 AMOVA analysis of genetic structure of *P. fulvidraco* populations

分组 Group	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/%	<i>P</i>
1个组群 One group	群体间	8	0.327	8.15	<0.01
	群体内	499	3.683	91.85	<0.01
	总计	507	4.010		
2个组群 Two groups	组群间	1	0.030	0.73	>0.05
	组群内群体间	7	0.312	7.74	<0.01
	群体内	499	3.683	91.52	<0.01
	总计	507	4.024		

间变异, 因水系不同而导致遗传变异较小。综上, 黄颡鱼 9 个自然群体间存在遗传分化。

基于群体 D_a 构建的 UPGMA 聚类树 (图 2) 结果显示, 长江水系的望江、龙窝湖、无为和泾县 4 个群体, 淮河水系的凤台和瓦埠湖 2 个群体分别先聚在一起, 然后两者再聚在一起, 最后依次与石台、阜南和麻川河群体聚类。石台、阜南、麻川河群体与其他群体间距离较远。表明石台、阜南、麻川河 3 个群体遗传组成比较独立, 与其他群体间亲缘关系较远。

Structure 软件分析结果显示, $L(K)$ 随 K 快速递增后达到稳定, ΔK 随 K 先递增后下降。 $K=5$ 时, ΔK 最大, 但与 K 为 4 时的 ΔK 十分相近 (图 3), 表明最可能的谱系数为 5 或者 4 (图 4)。

各采样群体在每个谱系中的样本分布见表 8。

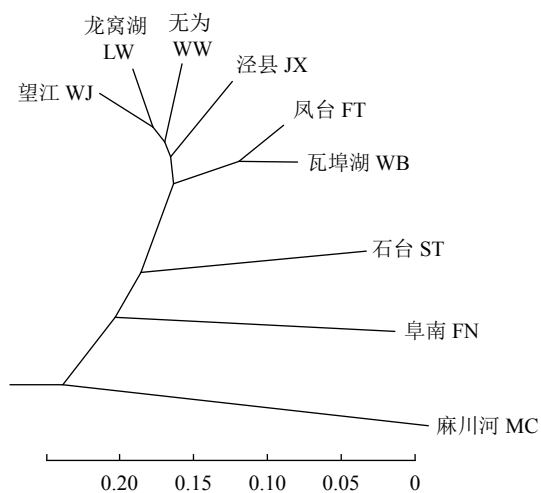


图2 基于Nei's遗传距离构建的黄颡鱼群体UPGMA聚类树
Figure 2 UPGMA tree of *P. fulvidraco* populations based on Nei's genetic distance

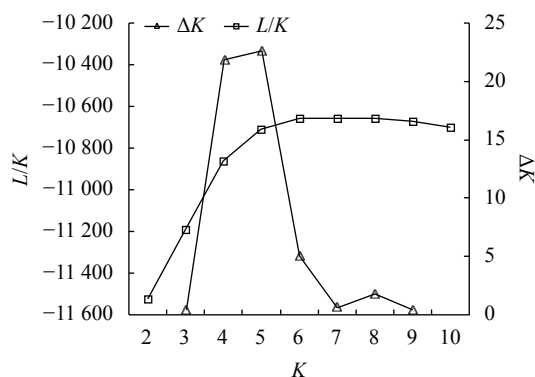


图3 用Structure 软件获得的不同K假设的似然值和 ΔK 评估
Figure 3 Plot of mean likelihood values and estimated ΔK for each possible K value using data obtained from Structure software

$K=4$ 时, 各采样群体在每个谱系中均有样本分布, 所有群体均有一个主要分布谱系, 样品占比介于 59.42%~95.50%; $K=5$ 时, 各采样群体在每个谱系中均有样品分布, 其中 8 个群体均有一个主要分布谱系, 样本比例高达 62.11%~95.00%; 而泾县群体中样品比例最高的 2 个谱系占比分别为 41.52% 和 45.71%, 均未达一半, 且差异不大。

2.4 瓶颈效应分析

所有群体中, 仅石台和阜南群体显著偏离突变-漂移不平衡 ($P < 0.05$), 均表现为杂合子缺失 (P 分别为 0.009 和 0.005)。这表明石台和阜南 2 个群体可能经历了瓶颈效应。

3 讨论

3.1 群体遗传多样性

群体的遗传多样性通常反映了物种应对环境变化的能力和进化潜力, 其遗传多样性参数如

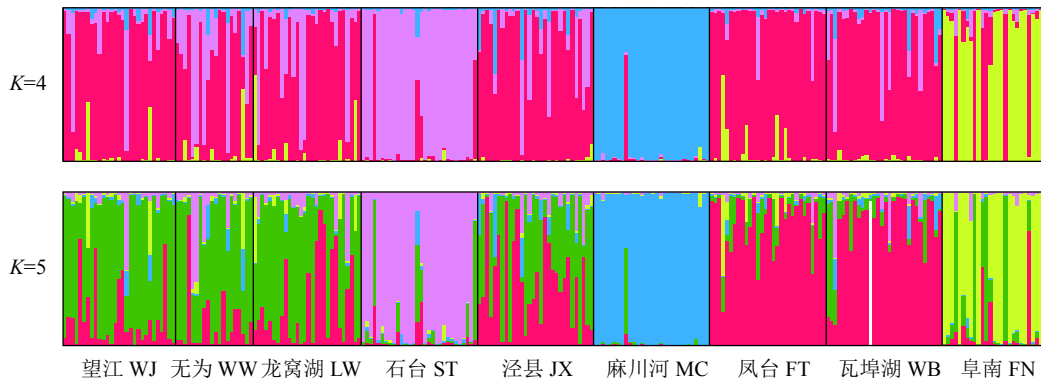


图4 基于微卫星数据的黄颡鱼群体遗传结构图

Figure 4 Genetic structure of *P. fulvidraco* populations based on microsatellite analysis

表8 黄颡鱼各群体的样本在不同谱系中的分布

Table 8 Proportion of different *P. fulvidraco* populations population individuals in each genetic lineage

群体 Population	谱系占比 Genetic lineage proportion/% (K=4)				谱系占比 Genetic lineage proportion/% (K=5)				
	I	II	III	IV	I	II	III	IV	V
望江 WJ	4.01	82.04	11.28	2.67	17.86	71.55	2.79	3.69	4.11
无为 WW	4.96	59.42	31.76	3.86	14.35	67.13	4.00	3.41	11.10
龙窝湖 LW	5.62	70.73	22.44	1.20	25.98	62.11	1.31	4.38	6.22
石台 ST	1.00	8.95	88.56	1.49	3.80	11.0	1.80	1.30	83.00
泾县 JX	1.34	77.47	15.40	5.79	41.52	45.71	5.61	1.30	5.87
麻川河 MC	0.80	2.90	0.80	95.50	0.90	2.50	95.00	0.80	0.80
凤台 FT	6.32	87.48	4.50	1.70	79.27	12.01	1.70	4.82	2.20
瓦埠湖 WB	1.90	82.47	10.92	4.72	78.37	11.95	3.78	1.30	4.59
阜南 FN	72.34	23.52	3.24	0.90	8.08	18.63	0.90	69.99	2.40

注: 粗体数字表示每个群体中分布最多谱系中的个体占比

Note: The bold numbers represent the proportion of individuals in the most widely distributed lineage in each population.

N_e 、 H_o 及 PIC 等越大, 表明物种的适应能力越好、进化潜力越大。根据相关研究, 当杂合度为 0.5~0.8 时群体遗传多样性较高^[29], 当 PIC>0.5 时为高度多态性^[30], 而一般淡水鱼类的群体遗传多样性平均水平约为 $H_e=0.46$ 、 $N_a=7.50$ ^[31]。本研究中黄颡鱼遗传多样性参数的平均 H_o 为 0.601、 H_e 为 0.795、 N_a 为 24.5、 N_e 为 9.75、PIC 为 0.785; 各群体的 N_a 为 5.20~14.80, N_e 为 2.64~8.93, H_o 为 0.497~0.671, H_e 为 0.557~0.818, PIC 为 0.500~0.790。表明本研究中黄颡鱼的遗传多样性在淡水鱼中较高。与其他黄颡鱼群体比较, 本研究中黄颡鱼的遗传多样性也较高, 高于李大宇等^[16]对 6 个黄颡鱼群体(吉林月亮湖、四川、黑龙江松花江段、湖北省长湖、天津养殖群体)的报道($N_e=1.96$, $H_o=0.49$, $H_e=0.40$, PIC=0.34); 也略高于

长江中下游 5 个湖泊和云南抚仙湖黄颡鱼群体遗传多样性(N_a 为 3.5~4.6, N_e 为 2.240~3.041, H_o 为 0.343~0.499, H_e 为 0.432~0.600, PIC 为 0.389~0.571)^[17]; 还高于长江中上游赤水、乐山和洞庭 3 个黄颡鱼自然群体的研究结果($N_a=4.8$, PIC=0.466, $N_e=2.568$, $H_e=0.544$)^[19]。但是同种标记在不同研究中其多态性研究结果存在较大差异, 这与采用的研究样本及检测技术不同有关; 即使相同微卫星位点在利用不同检测技术的研究中也会表现出较大差异^[32]。已有研究^[16-17, 19]中少数群体(黑龙江松花江段、乐山和洞庭)的样品量偏少(<20 尾); 尤其选用的多数微卫星标记及其检测手段(聚丙烯酰胺凝胶电泳)与本研究(毛细管电泳法)不同, 由于聚丙烯酰胺凝胶电泳的分辨率相比最新的毛细管电泳技术偏低, 常造成 N_a 缺失。有鉴于此, 早期研

究中多数黄颡鱼群体的遗传多样性需要采用最新的毛细管电泳技术重新检测,以确定其真实的遗传多样性水平。

本研究中9个黄颡鱼自然群体间相比较,麻川河、石台和阜南3个群体的遗传多样性明显低于其他6个群体,这可能与这3个采样群体位于河流的上游有关。由于栖息地河窄水浅、季节性缺水且受人为捕捞压力较大,导致水环境稳定性差,群体数量不稳定,受遗传漂变影响较大。其他6个采样群体位于河流的中下游,河宽水深、种群数量多且稳定,受遗传漂变影响较小。瓶颈效应分析结果也基本证实了这种推测。如石台和阜南群体确实显著偏离了突变-飘移不平衡($P < 0.05$),表现为杂合子缺失,其他群体未明显偏离突变-飘移不平衡。另外,地理隔离导致的与周边群体的基因交流受限也可能是原因之一。因为石台群体位于长江支流秋浦河上游,与长江干流及沿岸不仅距离远而且海拔落差大;麻川河群体采自于长江支流青弋江的河源溪流之一且青弋江和麻川河之间经过太平湖大坝阻隔,阜南群体虽然位于淮河干流,但采自于淮河大坝——王家坝上游,与坝下凤台等群体不仅距离远而且由于大坝的阻隔难以进行基因交流。其余6个采样群体的遗传多样性参数(N_a 为12.7~14.8, N_e 为6.76~8.93, H_o 为0.603~0.671, H_e 为0.777~0.818和PIC为0.749~0.790)不仅高,而且群体间差异小。这表明安徽境内长江、淮河两水系黄颡鱼总体上具有较高的遗传多样性,具有黄颡鱼遗传改良的潜力,但部分群体由于受到自然及人为因素的影响,可能经历了瓶颈效应,需要重视其保护。

3.2 群体遗传结构

群体间 F_{ST} 、 N_m 和群体 D_a 是衡量群体遗传分化程度的重要指标。当 F_{ST} 为0~0.5、0.5~0.15和0.15~1时群体间分别为无分化、中度分化和高度分化^[33]。本研究中黄颡鱼群体间 F_{ST} 为0.006~0.236,各成对群体间处于无分化至高度分化间;而AMOVA的分层分析结果显示群体间的遗传变异占比仅8.15%($P < 0.01$),且群体间的变异主要是水系内群体间变异,由于水系分化而导致的遗传变异较小。比较成对群体间 F_{ST} 大小可知,石台、阜南、麻川河3个群体与其他群体间的 F_{ST} 均大于0.05,而这3个群体间的 F_{ST} 均大于0.15,其余6个群体间的成对 F_{ST} 均小于0.05,这表明黄颡鱼各群体间有不同程度的遗传分化,主要由于石台、

阜南、麻川河3个群体的遗传变异所引起。 N_m 的结果可与 F_{ST} 结果相互印证,即所有包含石台、阜南、麻川河3个群体的 N_m 均小于4,否则均大于4,而相关研究认为 $N_m > 4$ 时,遗传漂变的影响可忽略,各群体间处于随机交配状态,基因流动是影响群体遗传分化的主要因素^[34-35]。这说明除上述3个群体外,其余6个群体间基因交流频繁,各群体间无明显遗传分化。群体遗传距离中包含石台、阜南、麻川河3个群体的群体间 D_a 为0.224~0.640,其余6个群体间的 D_a 为0.079~0.223。显示了石台、阜南、麻川河3个群体间及它们与另外6个群体的遗传差异较大,与 F_{ST} 和 N_m 分析结果一致。

UPGMA系统进化树和种群遗传结构分析结果与遗传分化分析结果相吻合,均显示9个群体可能来自5个或者4个谱系(亚类群),各群体内绝大部分个体($K=4$ 时,72.34%~95.50%; $K=5$ 时,62.11%~95.00%)均属于某一个谱系。其中石台、麻川河、阜南3个群体的个体遗传结构均比较独立,与其他群体亲缘关系较远;其他6个群体中个体的遗传结构较为复杂,可能存在2个谱系的混杂。考虑到各采样群体的地理位置,黄颡鱼群体遗传结构可能与各自然群体所处水系及地理位置的特点有关。如石台群体来自于长江支流秋浦河,麻川河群体采自于长江支流青弋江的河源溪流之一且青弋江和麻川河之间经过太平湖大坝阻隔,阜南群体虽然位于淮河干流,但采自于淮河大坝——王家坝上游,与坝下凤台等群体不仅距离远而且由于大坝的阻隔难以进行基因交流。而其余6个群体来自长江或淮河干流和沿岸地区,具有相似的地理环境条件,种群数量大而稳定且同水系间基因交流频繁,群体间难以积累大量遗传变异。综上,安徽境内长江、淮河两水系黄颡鱼野生资源遗传多样性较高,地理群体间存在遗传分化且部分群体间经历了瓶颈效应。

参考文献:

- [1] 褚新洛,郑葆珊,戴定远,等.中国动物志·硬骨鱼纲·鲇形目[M].北京:科学技术出版社,1999:36-38.
- [2] 农业农村部渔业渔政管理局,全国水产技术推广总站,中国水产学会.2019中国渔业统计年鉴[M].北京:中国农业出版社,2019:25,31.
- [3] 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.
- [4] 李伟强,陈刚,马骞,等.利用微卫星标记分析军曹鱼养殖群体的遗传多样性[J].渔业科学进展,2020,41(2):113-120.

- [5] 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, 4(5): 939-944.
- [6] 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.
- [7] 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.
- [8] 冯晓婷, 杨习文, 杨雪军, 等. 基于微卫星标记对长江江苏段鳊增殖放流效果评估[J]. 中国水产科学, 2019, 26(6): 1185-1193.
- [9] 董在杰, 刘念, 傅建军, 等. 6个野生与选育鲤群体的微卫星遗传分析[J]. 南方水产科学, 2018, 14(4): 46-55.
- [10] 孙成飞, 谢汶峰, 胡婕, 等. 大口黑鲈3个养殖群体的遗传多样性分析[J]. 南方水产科学, 2019, 15(2): 64-71.
- [11] 库喜英, 周传江, 何舜平. 中国黄颡鱼的线粒体DNA多样性及其分子系统学[J]. 生物多样性, 2010, 18(3): 262-274.
- [12] 张鹤千, 杨子拓, 李桂峰, 等. 珠江流域野生黄颡鱼 *Pelteobagrus fulvidraco* 的 *Cytb* 基因序列分析[J]. 中山大学学报(自然科学版), 2015, 54(5): 102-108.
- [13] 钟立强, 刘朋朋, 潘建林, 等. 长江中下游5个湖泊黄颡鱼 (*Pelteobagrus fulvidraco*) 种群线粒体细胞色素 *b* 基因的遗传变异分析[J]. 湖泊科学, 2013, 25(2): 302-308.
- [14] ZHONG L Q, SONG C, WANG M H, et al. Genetic diversity and population structure of yellow catfish *Pelteobagrus fulvidraco* from five lakes in the middle and lower reaches of the Yangtze River, China, based on mitochondrial DNA control region[J]. Mitochondr DNA, 2013, 24(5): 552-558.
- [15] ZHONG L Q, WANG M H, PAN J L, et al. Evaluation of genetic diversity and population structure of five yellow catfish *Pelteobagrus fulvidraco* populations by microsatellite markers[J]. Oceanol Hydrobiol St, 2018, 47(2): 99-106.
- [16] 李大宇, 殷倩茜, 侯宁, 等. 黄颡鱼 (*Pelteobagrus eupogon*) 不同生态地理分布群体遗传多样性的微卫星分析[J]. 海洋与湖沼, 2009, 40(4): 460-469.
- [17] 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.
- [18] GUO W J, GUO C T, WANG Y H, et al. Population structure and genetic diversity in yellow catfish (*Pelteobagrus fulvidraco*) assessed with microsatellites[J]. J Genet, 2019, 98(1): 1-4.
- [19] 吴勤超, 梁宏伟, 李忠, 等. 黄颡鱼微卫星标记的筛选及三个野生群体的遗传结构分析[J]. 生物技术通报, 2010(3): 154-159, 163.
- [20] HOLLAND M M, PARSON W. GeneMarker HID: a reliable software tool for the analysis of forensic STR data[J]. J Forensic Sci, 2011, 56(1): 29-35.
- [21] GLAUBITZ J C. CONVERT: a user-friendly program to reformat diploid genotypic data for commonly used population genetic software packages[J]. Mol Ecol Notes, 2004, 4(2): 309-31.
- [22] YE H 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.
- [23] ROUSSET F. Genepop 007: a complete re-implementation of the genepop software for Windows and Linux[J]. Mol Ecol Resour, 2008, 8(1): 103-106.
- [24] KUMAR S, DUDLEY J, NEI M, et al. MEGA: a biologist-centric software for evolutionary analysis of DNA and protein sequences[J]. Brief Bioinform, 2008, 9(4): 299-306.
- [25] 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.
- [26] HUDSON R R, SLATKIN M, MADDISON W P. Estimation of levels of gene flow from DNA sequence data[J]. Genetics, 1992, 132(2): 583-589.
- [27] PORRAS H L, RUIZ Y, SANTOS C, et al. An overview of structure: applications, parameter settings, and supporting software[J]. Front Genet, 2013, 4: 98.
- [28] MARUYAMA T, FUERST P A. Population bottlenecks and nonequilibrium models in population genetics II, Number of alleles in a small population that was formed by a recent bottleneck[J]. Genetics, 1985, 111(3): 675-689.
- [29] TAKEZAKI N, NEI M. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA[J]. Genetics, 1996, 144(1): 389-399.
- [30] NICAL K M, YOUNG W P, DANZMANN R G. A consolidated linkage map for rainbow trout[J]. Anim Genet, 2003, 34(2): 102-115.
- [31] 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.
- [32] 傅建军, 李家乐, 沈玉帮, 等. 草鱼野生群体遗传变异的微卫星分析[J]. 遗传, 2013, 35(2): 192-201.
- [33] WRIGHT S. Evolution and the genetics of populations. Vol. 4. Variability within and among natural populations [M]. Chicago: University of Chicago Press, 1978: 58.
- [34] SLATKIN M. Gene flow in natural populations[J]. Annu Rev Ecol Syst, 1985, 16: 393-430.
- [35] SLATKIN M. Gene flow and the geographic structure of natural populations[J]. Science, 1987, 236(4803): 787-792.