

利用微卫星分子标记分析长江、赣江 和鄱阳湖鲢群体遗传结构

于悦¹ 庞美霞² 俞小牧² 童金苟² 沈建忠¹

1. 农业部淡水生物繁育重点实验室/华中农业大学水产学院, 武汉 430070;

2. 淡水生态与生物技术国家重点实验室/中国科学院水生生物研究所, 武汉 430072

摘要 利用 10 个高度多态的微卫星标记对采自长江、赣江、鄱阳湖湖口和都昌水域的 4 个鲢野生群体遗传结构进行分析。检测到 148 个等位基因, 每个微卫星位点的等位基因数 5~24, 有效等位基因数 6.4~7.1, 平均观测杂合度 H_o 为 0.802~0.821, 平均期望杂合度 H_e 为 0.817~0.839, 表明这 4 个鲢群体遗传多样性较高。鲢群体间的遗传相似系数为 0.922 2~0.944 1, 遗传距离为 0.057 6~0.081 0, 固定系数 F_{st} 值为 -0.012 35~0.005 28, 表明这 4 个鲢群体间遗传一致性高, 遗传距离小, 群体遗传分化不显著。AMOVA 结果显示遗传变异主要来自群体内, 基因流分析认为长江、赣江、鄱阳湖鲢群体存在频繁的基因交流。

关键词 鲢; 遗传结构; 微卫星; 长江; 赣江; 鄱阳湖

中图分类号 S 917; Q 959.46⁺8 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2016)06-0104-07

鲢(*Hypophthalmichthys molitrix*)作为我国“四大家鱼”之一, 生长快、产量高, 是我国重要的养殖对象, 在水产养殖中占有重要地位。鲢以浮游生物为食, 通过控制浮游生物数量, 能够改善水体环境, 因此被引种到很多国家用以抑制藻类爆发^[1-2]。长江及其通江湖泊是我国鲢主要种质资源库, 然而长期的过度捕捞、环境污染、江湖阻隔、水利工程建设等原因, 鲢等长江鱼类资源遭到严重损害^[3-4]。

可持续渔业依赖于对种质资源的有效保护, 需要对遗传上有差异的所有个体进行充分保护^[5], 为全面了解长江鲢群体遗传资源现状, 为长江鲢种质资源保护提供依据, 我国学者曾用不同遗传标记, 如同工酶^[6]、RAPD^[7]、AFLP^[8]、mtDNA-RFLP^[9-11]和微卫星(SSR)^[12-13], 分析了长江鲢群体的遗传多样性和遗传结构。研究表明长江中上游^[13]、长江中下游^[9, 12]、赣江和长江^[11]的鲢群体存在遗传分化, 推断产生的原因主要有 2 个, 一是长江鲢可能存在 2 个祖先群体^[9, 12]; 二是生态隔离: 葛洲坝和三峡大坝的阻隔^[13], 长江与鄱阳湖的水位差^[11]。Wang 等^[11]利用线粒体 DNA 的 RFLP 分析结果显示长江和赣江鲢群体存在遗传分化, 鄱阳湖鲢群体主要来

自赣江。然而, 胡茂林等^[14]2007—2008 年的监测发现, 在长江干流中繁殖的四大家鱼幼鱼可以通过湖口进入鄱阳湖。那么, 长江与赣江的鲢群体是否存在基因交流、存在多大程度的基因交流, 值得分析。

微卫星标记在核基因组中广泛均匀分布, 具有多态性高、稳定性好、共显性遗传的特点, 广泛用于鱼类群体遗传结构和基因流分析^[15-17]。本研究拟利用微卫星分子标记对采自长江彭泽江段、赣江新干江段、鄱阳湖湖口和都昌水域的 4 个鲢群体的遗传多样性、遗传结构以及基因流进行分析, 对 Wang 等^[11]的研究结果进行验证性探讨, 以为保护、管理长江流域鲢种质资源提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料及 DNA 提取

于 2012 年 9—10 月, 在长江彭泽江段(PZ)、江西都昌(DC)、湖口(HK)和赣江新干江段(XG), 共采集鲢样本 153 尾, 具体信息见表 1 和图 1。剪取每尾鱼的少量鳍条用无水乙醇保存。基因组总 DNA 提取方法参照文献^[18]提供的酚-氯仿法, 检测 DNA 样品浓度, 将 DNA 工作液统一稀释为 50

收稿日期: 2016-04-20

基金项目: 国家自然科学基金项目(31372534)

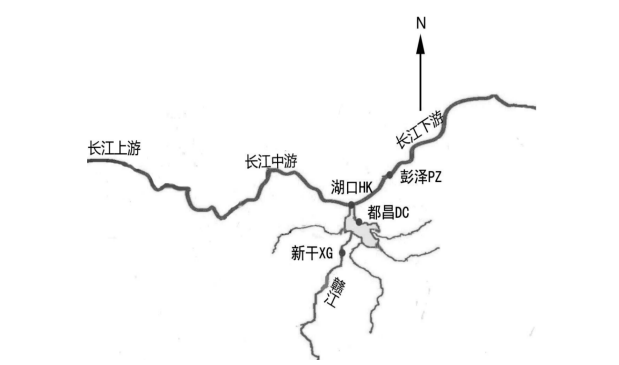
于悦, 硕士研究生, 研究方向: 渔业资源. E-mail: yuyue101ok@163.com

通信作者: 沈建忠, 教授, 研究方向: 鱼类生态学、鱼类种群评估. E-mail: jzhsh@mail.hzau.edu.cn

ng/ μ L。

表 1 长江、鄱阳湖、赣江 4 个鲢群体样本的基本信息
Table 1 Sample information of four silver carp stocks from the Yangtze River, Poyang Lake and Ganjiang River

样本来源 Sampling sites	采样时间 Sampling time	样本量 Sample size
长江彭泽江段 PZ	2012	39
江西都昌 DC	2012	36
江西湖口 HK	2012	38
赣江新干江段 XG	2012	40



圆点表示采样点 The circle dots indicated sampling sites.
图 1 长江、赣江和鄱阳湖鲢群体采样点分布示意图
Fig.1 Distribution of sampling sites for silver carps in Yangtze River, Poyang Lake and Ganjiang River

表 2 本研究所用鲢微卫星标记的基本信息
Table 2 Information of silver carp microsatellite markers used in this study

位点 Locus	登录号 Accession No.	重复类型 Repeat motif	引物序列(5'-3') Primer sequence(5'-3')	退火温度/℃ Annealing temperature	片段大小/bp Size range
Hysd490-2	KC191542	(GAAGA) ₁₅	F:GAATACGCAAGGCAAGAGAT R:CTTTGCTCTCAATCACACG	56	178~343
Hysd558-2	JX499391	(GATA) ₈	F:TGGTGGCTTGACAAAGTTATG R:TCCTATGCTGGATTGGATTC	54	217~309
Hysd6-1	KC160525	(AGAAT) ₁₁	F:ATACAGCCATGACATGAACAC R:AACAAAGGAAATCTGCGTG	56	196~271
Hysd1063-2	KC160526	(AGAT) ₁₂	F:GGATGCTAAGGTATTCTGG R:AAATAGCATTAATTCAAGTACT	55	151~223
Hysd2095-1	JX499392	(AAAT) ₆	F:TCCACCAACAGCAGCAAAG R:CTCCAACACCTGAGATGAGACA	58	149~173
Hysd497-1	JX499462	(AAAAG) ₈	F:GCAATCTGCTCCATCTTAG R:ATGAGCGAAGGTCTTACGG	56	171~246
Hysd1572-1	JX499906	(TAGA) ₁₁	F:TGGATTGGATTATGGATGAC R:ATGTGACGAGACAAGAAACG	56	117~165
Hysd792-1	KC160529	(GAAGA) ₉	F:ATAACTGAATCATTCCATCGCC R:AGCTTAACCTGCCCTTACTTG	60	74~194
Hysd209-2	JX499889	(AGAT) ₁₀	F:GTCTGAGGAAACATGGGCTACT R:AAAAAGGCTATTTCGGGGG	58	204~252
Hysd12-1	KC160528	(AGAT) ₉	F:GCACTCATCTCAACCATC R:ATTTTCAGACGCAGCCAAG	56	156~196

2 结果与分析

2.1 鲢各群体的遗传多样性特征及群体结构分析

4 个鲢群体 10 个微卫星位点的遗传多样性参数统计结果见表 3。共检测到 148 个等位基因,每个微卫星位点的等位基因数 5~24 个,PZ、DC、HK、XG 4 个鲢群体分别检测到 86、124、127、107 个等位基因。其中,PZ 鲢群体采自长江江段又称为 YZR 群体,XG 鲢群体采自赣江江段又称为 GR 群体,HK 和 DC 鲢群体统称为 PYL 群体。YZR、PYL、GR 鲢群体共有等位基因 91 个,YZR 与 PYL 鲢群体共有等位基因 18 个,PYL 与 GR 鲢群体共有等位基因 12 个,而 YZR 与 GR 鲢群体共有等位

基因 3 个。YZR、PYL、GR 鲢群体分别有 4、19、1 个特有等位基因,其中 PYL 中 HK、DC 鲢群体分别有 3、5 个特有等位基因。4 个鲢群体的平均等位基因数为 11.85,其中 HK 群体最高为 12.7,GR 群体最低为 10.7,表明这 4 个鲢群体在 10 个微卫星位点上均具有较高的多态性。3 个水域 YZR、PYL、GR 中鲢群体杂合度水平(H_e 、 H_o)以及多态信息含量(PIC)较高且非常相近, H_e 分别为 0.850、0.837、0.824; H_o 分别为 0.818、0.818、0.799;PIC 分别为 0.818、0.801、0.789,表明长江、赣江和鄱阳湖水域的鲢群体遗传多样性均较高。4 个鲢群体在 10 个多态微卫星位点上均符合哈迪-温伯格平衡。

表 3 4 个鲢群体在 10 个微卫星位点的多态性信息
Table 3 Polymorphic information of four silver carp stocks at 10 microsatellites loci

群体 Stocks	参数 Parameter	Hysd 792-1	Hysd 12-1	Hysd 490-2	Hysd 558-2	Hysd 1063-2	Hysd 2095-1	Hysd 209-2	Hysd 1572-1	Hysd 6-1	Hysd 497-1
YZR	n	39	40	40	40	39	39	38	40	40	39
	N_a	19	8	18	13	12	5	12	7	11	11
	H_e	0.939	0.872	0.927	0.876	0.883	0.730	0.818	0.764	0.865	0.822
	H_o	0.763	0.895	0.921	0.795	0.947	0.605	0.838	0.711	0.844	0.865
	PIC	0.922	0.844	0.908	0.851	0.859	0.671	0.783	0.721	0.834	0.787
	P_{HW}	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
DC	n	36	36	35	36	35	34	36	36	36	34
	N_a	20	9	18	14	14	5	13	9	10	12
	H_e	0.928	0.826	0.933	0.834	0.905	0.702	0.839	0.744	0.870	0.810
	H_o	0.962	0.846	1.000	0.889	0.846	0.741	0.778	0.704	0.875	0.731
	PIC	0.904	0.785	0.907	0.802	0.877	0.624	0.807	0.705	0.834	0.765
	P_{HW}	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
HK	n	38	39	40	38	40	37	38	40	36	37
	N_a	20	9	20	16	14	4	13	8	10	13
	H_e	0.942	0.792	0.917	0.895	0.884	0.723	0.877	0.685	0.815	0.811
	H_o	1.000	0.727	0.750	0.846	1.000	0.545	0.846	0.750	0.917	0.600
	PIC	0.904	0.785	0.907	0.802	0.877	0.624	0.807	0.705	0.834	0.765
	P_{HW}	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns
GR	n	40	40	40	38	40	40	39	40	38	37
	N_a	17	9	20	13	11	4	10	7	9	7
	H_e	0.924	0.834	0.923	0.883	0.850	0.650	0.793	0.695	0.861	0.830
	H_o	0.950	0.605	0.750	0.895	0.865	0.675	0.789	0.811	0.789	0.865
	PIC	0.905	0.799	0.904	0.858	0.821	0.569	0.752	0.656	0.833	0.796
	P_{HW}	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns

注: N_a :等位基因数 Number of alleles; H_e :期望杂合度 Expected heterozygosity; H_o :观测杂合度 Observed heterozygosity;PIC:多态信息含量 Polymorphic information content; P_{HW} :哈迪-温伯格平衡 P 值 P value for Hardy-Weinberg equilibrium; ns,0.05 水平上不显著 Not significant at 0.05 level.

2.2 群体间的遗传分化

4 个鲢群体间的 F_{st} 值(表 4)介于-0.012 35~0.005 28 之间,两两群体间 F_{st} 值均不显著($P>0.05$),表明这 4 个鲢群体间遗传分化不显著。

AMOVA 分析显示遗传变异主要来自群体内,而群体间的遗传变异仅占 0.94%。4 个鲢群体间的 Nei's 遗传距离和相似系数分别介于 0.057 6~0.081 0 和 0.922 2~0.944 1 之间(表 5),表明群体间

遗传一致性较高,遗传距离较小,其中 HK 群体和 DC 群体之间的遗传距离最小,与 GR 群体之间的遗传距离最大。根据 Nei's 遗传距离构建的 UPGMA 树显示, HK 与 DC 聚为一支后与 YZR 群体聚为一支,再与 GR 群体相聚(图 2),此聚类结果基本与群体间的地理距离关系一致。基因流结果显示, YZR、GR 和 PYL 鲢两两群体间存在较大的基因交流, YZR 与 PYL 平均基因流大小 30.042 8, GR 与 PYL 之间平均基因流大小 25.392 4, YZR 与 GR 平均基因流大小 29.982 7。

表 4 4 个鲢群体两两间 F_{st} 值

Table 4 Pairwise F_{st} values among four silver carp stocks

	YZR	DC	HK	GR
YZR				
DC	0.003 55			
HK	0.004 09	-0.012 35		
GR	0.005 28	0.000 28	-0.000 7	

3 讨 论

3.1 长江流域鲢群体的遗传多样性

遗传多样性作为生物多样性的重要组成部分,是物种长期存在和进化的基础,不仅关系种群的适合度和生存力,同时对于种群适应环境的改变,保持种群的进化也至关重要,遗传多样性越丰富,物种对环境变化的适应能力就越强^[24]。研究发现,采自长江彭泽江段、鄱阳湖、赣江新干江段鲢群体的 H_o 分别为 0.850、0.837、0.824; H_e 分别为 0.818、0.818、0.799,长江彭泽江段鲢群体杂合度略高于赣江新干江段鲢群体,鄱阳湖鲢群体居中。该结果与王长忠

表 5 4 个鲢群体两两间 Nei's 遗传一致性(对角线上方)和遗传距离(对角线下方)

Table 5 Nei's genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal) among four silver carp stocks

	YZR	DC	HK	GR
YZR		0.934 3	0.943 4	0.927 2
DC	0.067 9		0.944 1	0.935 7
HK	0.058 3	0.057 6		0.922 2
GR	0.075 5	0.066 5	0.081 0	

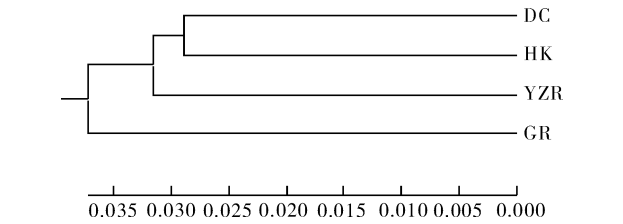


图 2 基于 Nei's 遗传距离构建的 UPGMA 树
Fig.2 UPGMA population tree for silver carp stocks based on Nei's genetic distance

等^[13]、郭稳杰^[19]、庞美霞等^[25]对长江中上游鲢群体遗传多样性的分析结果相近(表 6),表明这些群体均具有较高的遗传多样性水平。而田华^[26]、姬长虹等^[27]、朱晓东等^[13]对长江中下游鲢群体遗传多样性的分析结果偏低(表 6),可能与采用的分子标记和分型方式有关,朱晓东等^[12]、田华^[26]、姬长虹等^[27]使用的是 2、3 碱基重复为主的微卫星标记,相较于本研究及郭稳杰^[19]、庞美霞等^[25]采用的 4、5 碱基重复的微卫星标记,筛选效率和多态性要低^[28];而且朱晓东等^[12]采用的分型方式是琼脂糖凝胶电泳,其分辨率低于本研究和其他研究所采用的聚丙烯酰胺凝胶电泳分型方式,因此其检测的鲢群体遗

表 6 长江流域鲢群体的遗传多样性

Table 6 Genetic diversity of silver carp stocks in the Yangtze River basin

遗传多样性评价指标 Genetic diversity evaluation index			群体来源 Stocks	参考文献 Reference
观测杂合度 H_o	期望杂合度 H_e	平均多态信息含量 PIC		
0.798~0.837	0.824~0.850	0.789~0.818	长江、鄱阳湖、赣江 Yangtze River, Poyang Lake and Ganjiang River	本文 This study
0.784~0.846	0.828~0.847	0.797~0.817	三峡水库 Three Gorges Reservoir	[25]
0.700~0.879	0.665~0.920	0.708~0.790	长江中上游 The upper Yangtze River	[19]
0.834, 0.775	0.713, 0.623	0.077~0.865	万州和监利 Wanzhou and Jianli	[13]
0.617	0.744	0.568 5	监利 Jianli	[26]
0.416 9~0.461 9	0.500 2~0.552 9	0.455 3~0.493 0	湘江、监利、枞阳 Xiangjiang, Jianli and Zongyang	[27]
0.323 3~0.351 1	0.442 1~0.470 4	0.406 8~0.428 6	长江中下游 The lower Yangtze River	[12]

传多样性最低。综合分析认为,虽然面临着过度捕捞、生境片段化等威胁,目前长江流域,包括长江干流、赣江及其附属水体鄱阳湖水域鲢群体遗传多样性总体仍保持较高水平,但若长江流域环境污染、过度捕捞、生境隔离等威胁长期持续存在,长江流域鲢群体遗传多样性将受到怎样的影响,值得继续关注。

3.2 群体间遗传分化程度与基因流

遗传距离作为衡量群体间遗传分化程度的重要指标,群体间遗传距离越小,遗传一致性越高,表明群体亲缘关系就越近,遗传分化程度就越低。固定系数(F_{st})作为衡量群体间等位基因遗传分化程度的重要参数,当 $F_{st} < 0.05$ 时,群体间遗传分化不显著;当 $0.05 < F_{st} < 0.15$ 时,遗传分化程度中等;当 $0.15 < F_{st} < 0.25$ 时,遗传分化较大;当 $F_{st} > 0.25$ 时,遗传分化极大^[29]。本研究中 4 个鲢群体间的 F_{st} 值均小于 0.05,表明长江、鄱阳湖、赣江这 3 个水域鲢群体间几乎不存在遗传分化。AMOVA 分析显示,鲢群体遗传变异主要来自于群体内,群体内的遗传变异占 99.16%,而群体间的遗传变异仅占 0.94%。该结果与 Wang 等^[11]认为长江和赣江鲢种群存在遗传分化,且鄱阳湖鲢的补充群体主要来自赣江的结论不一致。Wang 等^[11]根据长江和鄱阳湖的水文情况推断鄱阳湖与长江存在的水位差使长江鲢幼苗进入鄱阳湖的可能性较小。然而,叶许春等^[30]根据 1960—2007 年湖口站长江倒灌鄱阳湖的实测资料统计分析表明,江水倒灌鄱阳湖现象频繁发生(47 年间共有 38 年发生),尤其在长江主汛期的 7—9 月,长江倒灌最为频繁,使长江鲢可随江水倒灌进入鄱阳湖。胡茂林等^[14]2007—2008 年的监测显示,长江繁殖的四大家鱼幼鱼可以通过湖口进入鄱阳湖,而且这 2 年在鄱阳湖湖口水域出现的四大家鱼幼鱼均以鲢为主,集中出现的时间是 7、8 月份,出现数量与湖口水位呈正相关。朱其广^[31]于 2010 年 4—9 月对鄱阳湖通江水道中部星子县水域四大家鱼幼鱼的调查结果与胡茂林等^[14]的基本一致,入湖幼鱼高峰期集中在 7 月下旬和 8 月中旬,且以鲢为主(78.75%)。因此,可以认为长江鲢群体是鄱阳湖补充群体的重要来源之一。对 4 个鲢群体共有等位基因的分析发现,鄱阳湖与长江和赣江鲢群体分别具有共有等位基因数 18 和 12 个,长江与赣江鲢群体共有等位基因 3 个;基因流分析结果显示,

长江与鄱阳湖平均基因流大小 30.042 8,赣江与鄱阳湖平均基因流大小 25.392 4,长江与赣江平均基因流大小 29.982 7,这些均表明长江、鄱阳湖、赣江鲢群体间存在较大程度的基因交流。Wright^[29]认为种群间基因流 $Nm > 1$,表明基因流能有效防止种群间遗传分化的产生,且指数越大基因交流程度越大; $Nm < 1$,表明种群间的基因交流受到阻碍而产生遗传分化。

综上所述,长江鲢群体可以进入鄱阳湖并且作为鄱阳湖的重要补充群体,长江鲢群体通过鄱阳湖通道与赣江鲢群体存在较大的基因交流,因此,长江和赣江鲢群体之间不存在显著的遗传分化。

3.3 SSR 与 mtDNA 结果的分歧

本研究中利用 SSR 分子标记对长江、鄱阳湖、赣江鲢群体遗传结构的分析并未得到与 Wang 等^[11]利用 mtDNA 分析一致的结果。在群体结构分析中,存在分歧并非个例,例如,Roberts 等^[32]和 Bowen 等^[33]分别利用 SSR 和 mtDNA 在海龟的群体遗传分析中得到不一致的结果。Larmuseau 等^[34]对沙虾虎鱼(一种小型的海洋底栖鱼类,*Pomatoschistus minutus*)的研究发现,mtDNA 与 SSR 分析结果差异显著($SSR F_{st} = 0.012 1$; mtDNA $F_{st} = 0.429 3$)。Lemaire 等^[35]对大西洋和地中海欧洲舌齿鲈(*Dicentrarchus labrax*)群体的遗传分化分析结果表明,mtDNA 相较于 SSR 的结果高 30 倍(mtDNA $\theta_C = 0.67$; SSR $\theta_N = 0.02$)。利用 SSR 和 mtDNA 分析 F_{st} 值产生分歧,主要原因有等位基因的趋同性(allelic size homoplasmy)^[32,36]、扩张事件(expansion event)^[34]、性别偏倚扩散(sex-biased dispersal)^[32,35]等。综合文献报道与本文研究结果,我们认为长江、赣江鲢繁殖群体雌雄个体之间大量的遗传重组形成的明显的基因交流会部分掩盖群体的遗传分化,可能导致在核基因组(SSR)水平上未能检测到明显的群体分化。对目前 2 种不同分子标记存在的检测结果的分歧希望通过进一步的对比分析进行核实。此外,研究发现长江、鄱阳湖、赣江群体分别有 4、19、1 个特有等位基因,这些群体特异的等位基因将为鲢群体遗传多样性的进一步研究和种质资源的保护提供参考。

致 谢 感谢江西省渔政局都昌和湖口分局、彭泽水产局、新干农业局水产技术推广站对本研究采集

样本提供的支持和帮助,特此致谢!

参 考 文 献

- [1] 刘建康,谢平.用鲢鲢直接控制微囊藻水华的围隔试验和湖泊实践[J].生态科学,2003,22(3):193-198.
- [2] KOLAR C S, CHAPMAN D C, COURTENAY W R J, et al. Asian carps of the genus *Hypophthalmichthys* (Pisces, Cyprinidae): a biological synopsis and environmental risk assessment [M]. [S. l.]: USGS Professional Paper, 2005.
- [3] 陈大庆.长江渔业资源现状与增殖保护对策[J].中国水产, 2003(3):17-19.
- [4] 曹文宣.长江鱼类资源的现状与保护对策[J].江西水产科技, 2011(2):1-4.
- [5] RYMAN N, UTTER F, LAIKRE L. Protection of intraspecific biodiversity of exploited fishes[J]. Reviews in fish biology and fisheries, 1995, 5(4): 417-446.
- [6] 赵金良,李思发.长江中下游鲢、鳙、草鱼、青鱼种群分化的同工酶分析[J].水产学报,1996,20(2):104-110.
- [7] 张四明,邓怀,汪登强,等.长江水系鲢和草鱼遗传结构及变异性的 RAPD 研究[J].水生生物学报,2001,25(4):324-330.
- [8] 严骏骢,赵金良,李思发,等.鲢中国土著群体与海外移居群体遗传多样性的 AFLP 分析[J].水产学报,2010,34(5):673-679.
- [9] 李思发,吕国庆,贝纳切兹 L. 长江中下游鲢鳙草青四大家鱼线粒体 DNA 多样性分析[J].动物学报(英文版),1998(1):82-93.
- [10] 张四明,汪登强,邓怀,等.长江中游水系鲢和草鱼群体 mtDNA 遗传变异的研究[J].水生生物学报,2002,26(2):142-147.
- [11] WANG Z, WU Q, ZHOU J, et al. Silver carp, *Hypophthalmichthys molitrix*, in the Poyang Lake belong to the Ganjiang River population rather than the Changjiang River population [J]. Environmental biology of fishes, 2003, 68(3): 261-267.
- [12] 朱晓东,耿波,李娇,等.利用 30 个微卫星标记分析长江中下游鲢群体的遗传多样性[J].遗传,2007,29(6):705-713.
- [13] 王长忠,梁宏伟,邹桂伟,等.长江中上游两个鲢群体遗传变异的微卫星分析[J].遗传,2008,30(10):1341-1348.
- [14] 胡茂林,吴志强,刘引兰,等.鄱阳湖湖口水域四大家鱼幼鱼出现的时间过程[J].长江流域资源与环境,2011(5):534-539.
- [15] 匡友谊,佟广香,徐伟,等.黑龙江流域哲罗鲑的遗传结构分析[J].中国水产科学,2010,17(6):1208-1217.
- [16] 全迎春,李大宇,曹鼎辰,等.微卫星 DNA 标记探讨鲤鲫的种群结构与遗传变异[J].遗传,2006,28(12):1541-1548.
- [17] YANG M, TIAN C, LIANGX F, et al. Genetic structure and diversity in natural and stocked populations of the mandarin fish (*Siniperca chuatsi*) in China[J]. Genetics and molecular research: GMR, 2015, 14(2): 5153-5160.
- [18] SAMBROOK J, RUSSELL D. Molecular cloning: a laboratory manual [M]. Third edition. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001.
- [19] 郭稳杰.鲢群体遗传结构及比较基因组作图研究[D].武汉:中国科学院水生生物研究所,2013.
- [20] NEI M. Genetic distance between populations[J]. American naturalist, 1972, 106: 283-292.
- [21] TAMURA K, DUDLEY J, NEI M, et al. MEGA4: molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0[J]. Molecular biology and evolution, 2007, 24(8): 1596-1599.
- [22] EXCOFFIER L, LAVAL G, SCHNEIDER A S. Arlequin (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis[J]. Evolutionary bioinformatics online, 2007, 1(1): 47-50.
- [23] EXCOFFIER L, SMOUSE P E, QUATTRO J M. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data[J]. Genetics, 1992, 131(2): 479-491.
- [24] 夏铭.遗传多样性研究进展[J].生态学杂志,1999(3):59-65.
- [25] 庞美霞,俞小牧,童金苟.三峡库区 5 个鲢群体遗传变异的微卫星分析[J].水生生物学报,2015,39(5):869-876.
- [26] 田华.鲢鳙长江野生群体和养殖群体微卫星的遗传多样性分析[D].武汉:华中农业大学,2008.
- [27] 姬长虹,谷晶晶,毛瑞鑫,等.长江、珠江、黑龙江水系野生鲢遗传多样性的微卫星分析[J].水产学报,2009,33(3):364-371.
- [28] 谭照君,张天奇,鲁翠云,等.鲢三、四核苷酸重复微卫星标记的筛选及其特征分析[J].上海海洋大学学报,2011,20(3):328-335.
- [29] WEIGHT S. Evolution and the genetics of population variability within and among natural population [M]. Chicago: University of Chicago Press, 1978: 4.
- [30] 叶许春,李相虎,张奇.长江倒灌鄱阳湖的时序变化特征及其影响因素[J].西南大学学报,2012,34(11):70-75.
- [31] 朱其广.鄱阳湖通江水道鱼类夏秋季群落结构变化和四大家鱼幼鱼耳石与生长的研究[D].南昌:南昌大学,2011.
- [32] ROBERTS M A, SCHWARTZ T S, KARL S A. Global population genetic structure and male-mediated gene flow in the green sea turtle (*Chelonia mydas*): analysis of microsatellite loci[J]. Genetics, 2004, 166(4): 1857-1870.
- [33] BOWEN B W, MEYLAN A B, ROSS J P, et al. Global population structure and natural history of the green turtle (*Chelonia mydas*) in terms of matriarchal phylogeny [J]. Evolution, 1992, 46(4): 865-881.
- [34] LARMUSEAU M H D, RAEYMAEKERS J A M, HELLEMANS B, et al. Mito-nuclear discordance in the degree of population differentiation in a marine goby[J]. Heredity, 2010, 105(6): 532-542.
- [35] LEMAIRE C, VERSINI J J, BONHOMME F. Maintenance of genetic differentiation across a transition zone in the sea: discordance between nuclear and cytoplasmic markers[J]. Journal of evolutionary biology, 2005, 18(1): 70-80.
- [36] O'REILLY P T, CANINO M F, BAILEY K M, et al. Inverse

relationship between Fst and microsatellite polymorphism in
the marine fish, walleye pollock (*Theragra chalcogramma*):

implications for resolving weak population structure[J].Molec-
ular ecology,2004,13(7):1799-1814.

Population genetic structure of silver carp from Yangtze River,
Ganjiang River and Poyang Lake based on microsatellite markers

YU Yue¹ PANG Meixia² YU Xiaomu² TONG Jingou² SHEN Jianzhong¹

1.Key Laboratory of Freshwater Animal Breeding Certificated by Ministry of
Agriculture/College of Fisheries,Huazhong Agricultural University,Wuhan 430070,China ;
2.State Key Laboratory of Freshwater Ecology and Biotechnology/ Institute of Hydrobiology ,
the Chinese Academy of Sciences ,Wuhan 430072,China

Abstract Ten microsatellite markers were employed to analyze the genetic structure of four silver carp (*Hypophthalmichthys molitrix*) populations from Yangtze River,Ganjiang River and Poyang Lake and a total of 148 alleles were detected.The number of alleles per locus ranged from 5 to 24,the effective alleles ranged from 6.4 to 7.1,the average observed heterozygosity ranged from 0.802 to 0.821,and the average expected heterozygosity ranged from 0.817 to 0.839,indicating a high level of genetic diversity in the four silver carp populations.The genetic similarity coefficient ranged from 0.922 2 to 0.944 1,the genetic distance of these populations ranged from 0.057 6 to 0.081 0,the fixation index F_{st} values ranged from -0.012 35 to 0.005 28,which revealed that genetic consistency in the four silver carp populations was high,the genetic distance was small and the genetic differentiation was not significant.AMOVA analysis showed that genetic variation mainly came from within populations,and gene flow analysis indicated that genetic exchange of silver carp in Yangtze River,Ganjiang River and Poyang Lake was frequent.Our study provided valuable information on the germplasm resources of silver carp in Yangtze River,Ganjiang River and Poyang Lake,which could help develop appropriate policies on the conservation and utilization of silver carp.

Keywords silver carp (*Hypophthalmichthys molitrix*); genetic structure; microsatellite; Yangtze River; Ganjiang River;Poyang Lake

(责任编辑:边书京)