

中国鲃亚科鱼类遗传多样性研究进展

顾钱洪, 方冬冬, 程清清, 周传江

(河南师范大学 水产学院, 河南 新乡 453007)

摘要: 鲃亚科鱼类在我国有较广泛的分布, 但有关其种群遗传学研究的报道相对较少. 本文从鲃亚科鱼类在我国的地理分布、遗传多样性研究现状等方面进行综述, 重点阐述鲃亚科鱼类种群遗传多样性、种群遗传结构、种群间系统发育关系、群体历史动态和谱系地理格局等方面的研究进展, 并概括遗传多样性研究在鲃亚科鱼类分子育种、种质鉴定等方面的应用. 以期进一步促进我国鲃亚科鱼类遗传多样性的研究, 提高其种质资源的保护和评估, 加快优良种质的培育, 实现鲃亚科鱼类资源的合理开发和可持续利用.

关键词: 鲃亚科; 地理分布; 遗传多样性; 种群遗传结构

中图分类号: S917.4

文献标志码: A

随着人们生活水平和生活质量的不断提高, 传统的肉禽类已经无法满足人们对蛋白质的需求, 鱼肉含有丰富的蛋白质, 为获取更多的渔业资源, 人为过度捕捞造成鱼类野生资源量下降的问题也日益突出. 种质资源衰退、生存环境恶化、各种疾病泛滥^[1]等是目前渔业面临的主要问题. 鲃亚科鱼类作为淡水中小型鱼类, 在抑制野杂鱼类过度生长、扭转水域鱼类小型化、稳定流域内生态系统平衡、净化水质、提高饵料资源利用率等方面起着关键作用^[2-3]. 鲃亚科鱼类一些种类经济价值较高, 肉质鲜美, 深受消费者喜爱, 因此受到人类捕捞压力较大^[4]. 在我们长期的鱼类资源调查过程中发现自然水体中鲃亚科鱼类的数量呈下降趋势, 种群结构小型化低龄化问题较严重. 目前, 我国鲃亚科鱼类的研究主要侧重在形态学、地理空间分布、系统进化以及在养殖上的引种和驯化等方面^[5], 而关于遗传多样性方面的研究相对较少.

鱼类遗传多样性的研究有利于我们掌握现有物种的种质资源现状, 从而为合理保护和利用现有资源提供正确的理论指导和科学依据^[6]. 遗传多样性研究可以揭示物种种质资源现状, 遗传多样性和物种的系统演化, 对于开展鲃亚科鱼类种质资源的保护、利用、遗传育种等方面具有非常重要的作用和意义^[7]. 本文对近年来我国鲃亚科鱼类遗传多样性研究进行综述, 以期推动我国鲃亚科鱼类资源保护和可持续利用.

1 鲃亚科鱼类在我国的地理分布

鲃亚科作为东亚特有物种, 在东亚地区有着广泛的分布, 大约有 18 个属, 64 种. 我国地域面积广阔, 江河湖泊水系发达, 河流纵横交错, 在我国除青藏高原外几乎所有的内陆水域都有鲃亚科鱼类的存在, 在我国分布有 17 个属, 63 种^[8], 在这 17 个属中的白鱼属、近红鲃属、半鲃属、海南鲃属、须鲃属约 25 种为我国特有种类^[9]. 其中的白鱼属最多有 16 种, 占总数的 25.4%. 其次是鲃属有 9 种, 占总数的 14.3%.

鲤科鱼类在我国淡水鱼类中最为常见, 鲃亚科是鲤科鱼类中较大的一个类群, 我国从北到南所有的河流、湖泊中都有分布, 且大部分主要分布在长江中下游及其以南地区. 追究其原因可能是喜马拉雅造山运动导致青藏高原抬升, 我国东部形成大面积的冲积平原, 在季风气候的影响下形成许多错综复杂的河流和星罗棋布的湖泊. 白鱼属是我国鲃亚科中种数最多的一个属, 主要分布在长江中下游地区和珠江水系的云南地区;

收稿日期: 2016-11-03; 修回日期: 2017-06-01.

基金项目: 河南省重点科技攻关项目(142102110144); 河南省水产动物营养与健康养殖创新型科技团队(CXTD2016043); 河南省高校科技创新团队支持计划(14IRTSTHN013).

作者简介(通信作者): 顾钱洪(1984-), 男, 湖北咸宁人, 河南师范大学副教授, 博士, 研究方向为群体遗传学, E-mail: qianhong_g@163.com.

其次是鲃属,有9种且地理分布极广,在我国北到黑龙江,南到云南的诸多内陆水域内都有分布;有些属因为地理隔离和特殊气候的影响而形成特有种,如海南拟鲃(*Pseudohemiculter hainanensis*);鲃属、鲂属、红鲃属。西到长江上游,东到台湾水系,北到凯湖、呼伦湖,鲃亚科鱼类在我国的主要分布情况见表1。

鲃亚科鱼类在我国分布广泛,遍布我国内陆所有水域,长江和珠江两大水系是主要分布区。而在长江以北分布的类群大多数为常见属种^[10]。从鲃亚科鱼类的地理分布格局来看,推测鲃亚科鱼类的发源地是东亚,而中国则是鲃亚科鱼类发源的中心和分布中心^[11]。

2 鲃亚科鱼类遗传多样性研究技术

随着分子生物学的快速发展,核基因技术和线粒体DNA技术在研究鲃亚科鱼类遗传多样性,探索其发源、进化、系统发育等方面被广泛运用。不同的分子标记技术可以从不同的角度和层次去揭示相关的遗传信息,这为保护和利用鲃亚科鱼类资源提供了合理的科学依据。

2.1 核基因分子标记

核基因技术主要包括限制性内切酶片段长度多态性分子标记、随机扩增多态特性分子标记等在内的7种分子标记。目前在鲃亚科鱼类遗传多样性及其相关研究中常使用的核基因分子标记主要有限制性内切酶片段长度多态性(restriction fragment length polymorphism, RFLP)分子标记、随机扩增多态性DNA(random amplified polymorphic DNA, RAPD)分子标记、扩增片段长度多态性(amplified fragment length polymorphism, AFLP)分子标记、简单序列重复(simple sequence repeat, SSR)分子标记和间隔区序列多态性(Inter-simple sequence repeat, ISSR)分子标记。

边春媛等人对3个人工繁殖团头鲂群体进行多态性(RFLP)分析,结果显示3个群体之间遗传差异不明显,遗传多样性均很低^[12]。王伟应利用AFLP和线粒体D-LOOP两种分子技术研究发现翘嘴鲃养殖群体的遗传多样性低于野生群体,其主要原因可能是遗传漂变、人工引种等造成的^[13]。李琳应用SSR分子标记技术对广东鲂遗传多样性及鲃亚科鱼类微卫星特征的研究中指出,广东鲂总体呈现种内遗传多样性偏低,种间遗传分化较大,需要加强其资源的保护^[14]。史建伍等采用RAPD技术对3个不同群体的翘嘴红鲃遗传多样性研究中发现3个群体之间遗传差异较大,可以作为良种选育的亲本^[15]。杨太有等对丹江口水库翘嘴红鲃遗传多样性的研究中采用ISSR与RAPD相结合的方法,结果显示丹江口水库的翘嘴红鲃群体呈现出高度丰富的遗传多样性,可以作为培育优良品种选育的亲本进行人工引种和驯化^[16]。

这几种核基因分子标记很好的揭示了鱼类种群内个体间的遗传变异和种群间的遗传分化,对了解鱼类种质资源现状和物种系统演化,从而采取有效的保护措施具有重要作用。并且这些分子标记在种质鉴定和鱼类育种研究中能提供有效的理论指导。在比较养殖群体和野生群体鱼类遗传多样性研究中发现,养殖群体遗传多样性低在鱼类中是一种较普遍的现象^[17]。养殖群体长期的单一繁殖以及受亲本数量限制,近亲繁殖严重,容易产生遗传漂变,造成等位基因丧失,从而降低遗传多样性。

2.2 线粒体DNA分子标记

鱼类线粒体DNA的研究已经成为一个热门领域,在鱼类系统发育、遗传多样性、濒危物种保护等方面的研究最为集中。鱼类线粒体DNA分子标记有很多的优点如分子结构简单、进化速率快、母系遗传、拷贝数量多等特点。但研究者更倾向于线粒体基因和核基因联合研究鱼类的遗传进化,研究结果更充分、可靠^[18]。

随着第三代分子标记技术的不断完善和发展,单核苷酸多态性(SNP)在遗传多样性的分析中得到了广泛的应用,特别是SNPs检测技术与DNA微阵列和DNA芯片技术相结合,使得检测结构更加稳定可靠^[19]。这些研究技术有望在鲃亚科鱼类种群遗传学研究中得到广泛应用。

3 鲃亚科鱼类遗传多样性研究

鲃亚科鱼类遗传多样性的研究旨在通过运用现代化分子生物技术对鲃亚科鱼类表型、染色体、蛋白质以及DNA等方面的研究来探究其群体遗传结构变异、种群分化的原因,推测种群历史动态的演变过程,重建种间与种内的系统发育关系,为保护该物种提供科学依据。

表1 鮠亚科鱼类在我国分布

属	种 类	种 数	地理分布
大鳍属	大鳍鱼	1	云南
罗碧鱼属	罗碧鱼	1	云南
细鳊属	细鳊	2	台湾、海南、珠江、闽江
	台细鳊		台湾、海南、西江
白鱼属	山白鱼	16	云南
	长尾白鱼		南盘江
	西昌白鱼		金沙江
	宜良白鱼		南盘江
	程海白鱼		云南
	阳宗白鱼		云南
	斑白鱼		南盘江
	大鳞白鱼		云南
	嵩明白鱼		牛栏江
	邛海白鱼		四川邛海
	鱓浪白鱼		云南
	星云白鱼		云南
	杞麓白鱼		云南
	寻甸白鱼		金沙江
	多鳞白鱼		云南
	银白鱼		云南
华鳊属	伍氏华鳊	4	闽江、瓯江、灵江、钱塘江、长江中上游
	大眼华鳊		台湾及西江水系
	海南华鳊		珠江、韩江、海南岛水系
	四川华鳊		四川
须鳊属	须鳊	1	广西
近红鲌属	高体近红鲌	4	四川
	短臀近红鲌		四川
	黑尾近红鲌		四川
	大眼近红鲌		珠江
飘鱼属	飘鱼	2	广泛分布于我国
	寡鳞飘鱼		长江、黄河、珠江等水系
似鲮属	似鲮	3	长江、黄河
	海南似鲮		海南、珠江
	小似鲮		广西
鲈属	鲈	5	广泛分布于我国
	张氏鲈		四川
	贝氏鲈		广泛分布于我国
	兴凯鲈		兴凯湖
	蒙古鲈		呼伦湖
半鲈属	半鲈	3	长江上游
	伍氏半鲈		珠江、钱塘江
	大鳞半鲈		澜沧江
拟鲈属	南方拟鲈	3	珠江
	海南拟鲈		南方水系
	贵州拟鲈		贵阳
海南鲈属	锯齿海南鲈	1	海南
原鲌属	红鳍原鲌	2	广泛分布于我国
	扁体原鲌		黑龙江
鲌属	翘嘴鲌	9	广泛分布于我国
	海南鲌		珠江及海南
	蒙古鲌		广泛分布于我国
	程海鲌		云南
	邛海鲌		四川邛海
	尖头鲌		长江、黑龙江
	青梢红鲌		广泛分布于我国
	兴凯鲌		兴凯湖
	拟尖头鲌		长江中上游
鳊属	鳊	1	广泛分布于我国
鲂属	三角鲂	5	珠江及海南水系
	鲂		广泛分布于我国
	厚颌鲂		长江上游
	团头鲂		长江中下游
	长体鲂		四川

3.1 种群遗传多样性研究

种群遗传多样性的研究主要是指种内不同群体之间和群体内不同个体间遗传多样性的丰富程度. 种群遗传多样性研究可以从微观水平认识物种多样性, 为物种的进化、分类、保护和遗传改良提供参考.

目前, 对鲃亚科鱼类种群遗传多样性的研究主要集中在经济价值较高的鳊属(*Parabramis*)、鲂属(*Megalobrama*)、鮠属(*Culter*)等鱼类上^[20]. 常采用期望杂合度、等位基因数、多态性位点数等参数反映一个物种种群遗传多样的丰富程度和现有物种遗传变异程度.

研究鱼类遗传多样性及其变化规律, 可以帮助我们监测种群遗传结构的变化及水环境变化对群体遗传结构的影响^[21]. 特别是在我国大兴水利建设的情况下, 水利设施的建设是人为原因造成基因流受阻的地理隔离, 一些鱼类生殖洄游受阻, 无法找到合适的产卵场从而导致优质的基因流流失, 遗传多样性降低等. 单红对三峡水库南方鲇的遗传多样性的研究发现南方鲇遗传多样性较高, 但以葛洲坝为界, 上游和下游各为一支, 出现了明显的遗传分化^[22]; 黄小彧对长江水系翘嘴红鲌遗传多样性的研究中指出, 翘嘴红鲌呈现出核苷酸多样性较低, 单倍型多样性较高的现象, 总体种群遗传多样性偏低^[23]. 可能是三峡大坝建设阻碍种群间基因交流; 张建铭在赣江流域四大家鱼遗传多样性的研究中指出, 赣江流域四大家鱼种内遗传变异程度较大, 种间遗传相似度较低, 原因是峡江水利枢纽的建设阻碍了四大家鱼的洄游路线, 导致野生资源减少, 基因交流的机会降低^[24].

为了保护物种多样性和遗传多样性, 协调工程建设与自然保护之间的关系, 实现河流的可持续发展, 需要我们采取一些切实有效的方法: 建立自然保护区、关键栖息地的保护与人工修复、合理修建鱼道、限制捕捞、科学增殖放流等.

3.2 种群遗传结构研究

种群间的遗传分化和种群内的遗传变异是种群遗传结构研究的重要内容, 种群遗传分化的主要原因是地理隔离和基因突变; 种群遗传变异的主要原因是基因突变、遗传漂变、基因重组、染色体变异等^[25]. 种群遗传结构的差异主要取决于群体间地理间隔距离的大小和基因交流的程度^[26]. 黎瑞宝对中国海南鮠遗传多样性的比较研究中指出, 海南岛水系的琼山群体与其他群体呈现高度分化, 原因是琼山位于入海口, 水域面积宽广, 加上地理隔离较为明显, 阻碍了与其他群体的基因交流^[27].

3.2.1 种群遗传分化研究

地理隔离和不同种群间面临的环境压力是导致种群遗传分化的两个主要原因. 地理间隔距离的大小会影响群体间的遗传分化程度, 伊西庆分析了中国东部6大淡水湖泊翘嘴鲌线粒体ND₂基因序列的遗传变异, 结果显示兴凯湖种群与其他种群间的遗传分化程度显著, 种群间缺乏基因交流, 这可能是兴凯湖与其他几个湖泊相隔较远, 水系不通, 存在明显的地理隔离有关^[28]. 种群间存在遗传分化还可能与不同种群间面临的环境压力有关, 如人为捕捞压力和环境恶化导致种群数量剧减, 产生瓶颈效应, 进而发生遗传漂变, 从而会导致这些种群与其他种群间产生遗传分化^[29-30]. 聂竹兰在对四个不同地理种群三角鲂遗传多样性的研究中指出四个群体间均存在中等程度的遗传分化, 分子方差显示群体间的遗传分化主要来自于群体内的个体间而非群体间或是群体内, 主要原因是认为过度捕捞压力和环境恶化导致种质资源遭到严重破坏, 产生瓶颈效应^[31]. 因此, 如果是种群发生瓶颈效应后导致种群遗传多样性降低, 种群间产生遗传分化, 需要对该种群采取相应的保护措施, 如控制捕捞, 制定禁渔期和禁渔区, 通过增殖放流等措施恢复种群数量.

3.2.2 地理隔离和基因流研究

地理隔离是阻止种群间基因交流的天然障碍, 加剧了遗传分化的速率. 一般而言, 地理隔离较近的两群体遗传分化程度较小, 反之, 遗传分化程度较大. 而基因交流则会抑制遗传变异, 减少遗传分化^[32].

有关洄游性鱼类的研究中显示水电站等水利设施的建设会导致种内遗传变异和种间遗传分化, 由于基因流受阻和栖息地片段化会降低物种的遗传多样性^[33-34]. 王伟在研究不同地理种群翘嘴鲌遗传多样性中指出群体遗传变异的42.58%来自种群间, 57.42%的遗传变异来自种群内($P < 0.01$). 其主要原因是水库修建造成的地理隔离^[35].

同一物种不同个体之间通过基因交流可以使基因频率趋于相近从而减少遗传分化, 使之具有更强适应环境的能力. 赵良杰在大眼华鳊遗传多样性和亲缘地理学的研究中指出在钱塘江干流的12个群体间均具有

较强的基因流,各群体之间的遗传分化程度不显著^[36]。原因是各地理群体之间处于一种交流的状态,能够有效地抑制遗传漂变的发生,并且保持丰富的遗传多样性。

3.2.3 群体历史动态研究

群体历史动态是分子系统地理学主要的研究内容。通过种群历史动态研究来探究地质、气候变化对现有物种空间分布及物种的起源演化具有重大意义,特别是针对濒危物种和稀有物种的保护和管理具有重要的科学参考价值。

鲇亚科鱼类在我国有 17 属 63 种,开展鲇亚科鱼类群体历史动态的研究有助于保护其物种多样性,为合理开发利用该资源提供科学依据。黄小彧对长江水系翘嘴鲇种群历史动态和遗传多样性保护的研究中指出翘嘴鲇呈现出低的核苷酸多样性与高的单倍型多样性共存的特征,说明翘嘴鲇群体在历史上可能经历过种群扩张或是瓶颈效应。经过计算这可能与第四纪冰川有关,这一时期冰期主宰着世界,显著的特征是气候变冷,有冰期和间冰期的明显交替,全球冰量增加海平面下降,翘嘴鲇在这一时期大量灭亡,只有少数在干涸且有一定积水的湖泊和河道中存活下来,随着冰期结束海平面的上升翘嘴鲇得以分布区扩大,种群开始扩张^[37]。范启基于线粒体细胞色素 b(*cytb*)基因片段构建系统发育树以探讨长江流域鲇条的群体历史动态,中性检验和核苷酸错配分析显示鲇条 5 个谱系均经历过种群扩张,其中谱系 A 的扩张时间处于第四纪间冰期^[38],这一时期相对于冰期气候温暖,海平面上升,有利于物种的生存,也有利于物种的向外扩散,呈现出从上游向中游扩张的规律^[39]。

3.3 系统发育研究

系统发育是研究物种之间进化关系的,开展鲇亚科鱼类系统发育的研究旨在探讨鲇亚科鱼类在我国的地理分布格局形成的原因及其演化,以期建立鲇亚科鱼类全面的系统进化关系,阐述其进化规律。

目前关于鱼类系统发育学的研究方法主要有形态学、化石、分子生物学等研究,尤其是分子生物学的快速发展减小了系统误差,提高了系统发育分析的准确性和可靠性。在鲇亚科鱼类属间系统发育和单系性的研究中国内外学者存在很大的分歧^[40]。特别是鲇亚科单系性问题的研究一直是争论的焦点,虽然已经开展了形态骨骼特征和分子生物学的研究,但至今仍未被解决。Howes 通过形态学的研究方法把鲇亚科鱼类的骨骼特征进行比较,将鲇亚科划分为 鲇群、鲇群和 cheline 群,认为其不是一个单系群^[41];而王伟基于鲇亚科鱼类的线粒体控制区(D-LOOP)基因序列构建了 NJ,MP 和 BI 树,其结果一致支持鲇亚科为单系群^[13]。在鲇亚科鱼类属间系统发育的研究中采用分子手段的研究方法相对较少,由于鲇亚科鱼类系统发育关系未能完全建立,所选用的 DNA 分子标记不具代表性致使许多的研究结果存在很大争议。谢仲桂基于线粒体 DNA 细胞色素 b 基因序列对鲇亚科相关类群进行了系统发育重建,结果表明鲇亚科与鲇亚科或雅罗鱼亚科之间亲缘关系较近,鲇属和依氏鱼属、拟鲇属、飘鱼属、似鲇属亲缘关系较近可以聚为一支,华鲇属与鲇属鱼类之间遗传分化较小互为姊妹群,锯齿海南鲇和细鲇与鲇亚科其他属之间亲缘关系较远,遗传分化较大^[42];而 Dai 等人利用骨骼差异的特征,以草鱼和青鱼为外类群对鲇亚科进行了系统发育研究,认为鲇亚科是一个单系类群。其中华鲇属、鲇属、鲇属亲缘关系较近,演化成了特化类群;罗碧鱼属、大鳍鱼属和鲇属、似鲇属、飘鱼属之间遗传分化较小,亲缘关系较近;白鱼属和依氏鱼属是一支亲缘关系较近的原始种群^[10]。

综合目前的形态学和线粒体基因的研究结果,鲇亚科鱼类在单系性和属间系统发育的研究仍然存在很大的分歧和争议。今后可以从基因组和转录组水平研究鲇亚科鱼类系统演化关系,对鲇亚科鱼类系统进化关系进行全面的评估,用科学的方法去揭示鲇亚科系统发育问题和自然演化的实质过程^[13]。

3.4 谱系地理格局研究

谱系地理格局主要是研究现有物种地理分布形成的原因及这种原因与地质变化之间的关系,进而探究相关地质运动对物种起源变化及地理分布的影响。初级淡水鱼类的迁徙方式大致有三种,经过地壳运动造成各个水系相连而迁徙;冰河时期天气寒冷大量水分储存在冰层之间,因而海平面下降,致使河流下游水系相连;小型海湾大量注入淡水,导致鱼类的迁徙^[43]。研究不同水系近缘物种的分布,能够验证一定的地质、水系的演化与变迁。鲇亚科鱼类在我国分布广泛,开展其谱系生物地理学研究,有助于探索我国地质历史和水系变迁历史对鱼类分布和种群结构的影响。范启等对长江流域鲇种群遗传结构研究中指出,长江中下游地区种群间的遗传分化程度和遗传距离都较小,可能与冰河时期,海平面下降,长江中下游的湖泊与长江干流相连,

种群间基因交流频繁有关,也可能是在全新世长江中下游地区多发洪水,促使种群间的基因交流^[39]。

对鲇亚科鱼类谱系地理格局的研究,不仅可以揭示该物种的起源演化,探讨我国不同水系演化和地质历史对鱼类遗传多样性的影响,同时也为鲇亚科鱼类的保护和管理提供科学依据。

4 在分子育种方面的应用

我国是一个水产养殖大国,但是良种繁育体系的不完善,选种育种技术的不成熟,加之许多主要养殖品种经过不良的人工驯养、人工繁殖之后,群体发生遗传漂变,遗传多样性降低,性成熟早,肉质品味下降等现象,这不利于我国水产养殖业健康稳定发展。

因此,建立完善的良种繁育体系,发展选种育种技术,培育抗逆性强、生长性能好的优质水产品,进而提高养殖效益,实现渔业健康稳定的发展。张新辉等利用雌核发育技术对团头鲂发育后的外部形态、性腺发育、遗传特征进行了研究和分析,结果表明雌核发育群体与正常交配群体之间在遗传结构没有太大差别,个体之间差异不显著,这说明人工诱导雌核发育技术是实现良种培育、构建稳定家系方面是一种有效的方法和途径^[44]。

分子育种技术很好地解决了鲇亚科鱼类由于近交产生的遗传衰退问题^[45],有利于建立具有优良性状的家系、品系、纯系,充分发挥和利用鲇亚科鱼类丰富遗传资源优势。

5 在种质鉴定方面的应用

鱼类种质资源的优劣是关乎水产品加工生产、优良品种选育和水产养殖业健康稳定发展的一个重要物质基础。近年来为提高产量增加收益而盲目增加养殖密度的不合理做法,导致养殖品种个体普遍小、遗传多样性降低、防御病害的能力下降等现象普遍发生。所以为了保护鱼类种质资源和促进整个产业链的发展,开展鱼类种质资源的鉴定的工作显得非常必要。

种质鉴定用传统的形态分类很难确定具体分类地位,借助分子生物学方法及分子信息不仅可以有效区分不同种之间以及不同种群之间的亲缘关系,还可以代表其遗传结构的类同。张倩倩等人利用微卫星分子标记技术构建了鳊鱼和鲂鱼类群的微卫星 DNA 数据库,并对鳊、鲂鱼类不同群体进行了亲缘关系鉴定,其结果产生的特异性条带可以将鲂属和鳊属区分,这种方法可以作为中国、鳊鲂鱼类种质鉴定的参照^[46];边琳鹤等人采用线粒体 D 环作为分子标记,对四种鲤科鱼类种间鉴定进行了研究,结果显示种间特征性碱基的存在,可以严格将它们区分^[47];彭居俐等人采用线粒体 CO1 基因对鲇属鱼类进行物种鉴定,结果发现 CO1 基因能够很好地区分鲇属各个物种,是一个很好的 DNA 条形码序列^[48]。

6 展 望

近几十年来,随着分子生物技术的不断发展和完善,研究者对鱼类遗传多样性的研究从形态学水平、细胞学水平、生理生化水平发展到了 DNA 分子水平。以第一代为核心的 RFLP, RAPD, AFLP, mtDNA 分子标记技术和以第二代为核心的微卫星、ISSR 为核心的分子标记技术使我们从微观的角度更直接地获得丰富的遗传信息^[49]。但在各种鱼类遗传多样性的研究技术中,都存在一定的局限性和缺陷^[6]。因此,开发遗传稳定性高、位点丰富、适用性性强、易于操作、成本较低的遗传标记,对于鱼类遗传多样性的研究、生物多样性的保护、渔业资源管理有着广阔的前景。

鲇亚科鱼类在我国有较广泛的分布,并且具有较高的经济价值。由于水环境的变化和水利工程建设等人类活动的加剧,鲇亚科鱼类栖息地遭受破坏和片段化,不利于其资源的保护。为此,有关鲇亚科鱼类遗传多样性的研究逐渐成为我们关注的焦点。但总体来说,目前我国对鲇亚科鱼类遗传多样性的研究还处于认识阶段,围绕鲇亚科鱼类资源的开发、保护、利用三方面相结合的研究有待进一步加强^[6]。今后我们突破的重点是以直接测序、DNA 芯片、变性高效液相色谱、质谱检测技术、高分辨率溶解曲线等^[50]为代表的高通量、自动化程度较高的检测方法结合转录组学、蛋白质组学、基因组学、代谢组学等^[51]多种组学技术的研究必然帮助我们不断拓宽和深入了解鲇亚科鱼类系统发育、遗传结构和亲缘关系的演变等分子机制,另外以纳米孔测序

为代表的第四代测序技术的不断完善和发展^[52],从传统的生化反应转变为物理手段,不仅节约测序成本,也为鲃亚科鱼类遗传多样性的研究提供新思路。

参 考 文 献

- [1] 张俊杰,鄢庆批.我国鱼类资源的危机和保护[J].水利渔业,2007,27(2):55-58.
- [2] 周剑,陈先均.翘嘴红鲌生物学特性及人工繁殖的初步研究[J].四川农业科技,2005(1):28-32.
- [3] 殷名称,繆学祖.太湖常见鱼类生态学特点和增殖措施探讨[J].湖泊科学,1991,3(1):25-34.
- [4] 王瑾瑾.狭义鲃亚科及其相关类群系统发育关系研究及厚颌鲂遗传多样性分析[D].重庆:西南大学,2013.
- [5] 汤娇雯,张富,陈兆波,等.我国鱼类生物多样性保护策略[J].淡水渔业,2009,39(4):75-79.
- [6] 崔朝霞,张岷,宋林生,等.中国重要海洋动物遗传多样性的研究进展[J].生物多样性,2011,19(6):815-833.
- [7] 代应贵,肖海.裂腹鱼类种质多样性研究综述[J].中国农学通报,2011,27(32):38-46.
- [8] 乐佩琪,罗云林.鲃亚科鱼类系统发育初探(鲤形目:鲤科)[J].水生生物学报,1996,20(2):182-185.
- [9] 罗云林.鲂属鱼类的分类整理[J].水生生物学报,1990,14(2):160-165.
- [10] Dai Y G, Yang J X, Chen Y R. Phylogeny and zoogeography of the subfamily Cultrinae (Cyprinidae) [J]. Acta Zootaxonomica Sinica, 2005,30(2):213-233.
- [11] 陈宜瑜.中国动物志,硬骨鱼纲·鲤形目(中卷)[M].北京:科学出版社,1998.
- [12] 边春媛,董仕,谭书贞.3个群体团头鲂 mtDNA D-loop 区段的限制性片段长度多态性分析[J].大连水产学院学报,2007,22(3):175-179.
- [13] 王伟.翘嘴鲌群体遗传多样性及鲃亚科鱼类系统发生的研究[D].上海:华东师范大学,2007.
- [14] 李琳.珠江三种鲃亚科鱼类的微卫星特征及广东鲂遗传多样性分析[D].上海:上海海洋大学,2014.
- [15] 史建伍,舒朝朝,胡蓓娟,等.翘嘴红鲌群体遗传多样性分析[J].南昌大学学报,2014,38(6):609-612.
- [16] 杨太有,陈宏喜,刘向奇,等.丹江口水库翘嘴红鲌遗传多样性的 RAPD 和 ISSR 分析[J].海洋与湖沼,2008,39(3):240-244.
- [17] 肖明松,崔峰,康健,等.长吻鮠养殖群体与野生群体遗传多样性分析[J].水生生物学报,2013,37(1):90-99.
- [18] Chen W, Du K, He S. Genetic structure and historical demography of *Schizothorax nukiangensis*(Cyprinidae) in continuous habitat[J]. Ecology and Evolution, 2015,5(4):984-995.
- [19] 唐立群,肖层林,王伟平. SNP 分子标记的研究及其应用进展[J].中国农学通报,2012,28(12):154-158.
- [20] 曹文宣.有关长江流域鱼类资源保护的几个问题[J].长江流域资源与环境,2008,17(2):163-164.
- [21] 李国庆,伍育源,秦志峰,等.鱼类遗传多样性研究[J].水产科学,2004,23(8):42-44.
- [22] 单红.三峡水库内外南方鲂遗传多样性的 RAPD 分析[D].重庆:西南大学,2006.
- [23] 黄小彧.长江水系翘嘴鲌遗传多样性的研究[D].广州:暨南大学,2012.
- [24] 张建铭.赣江峡江段四大家鱼资源及其遗传多样性研究[D].南昌:南昌大学,2010.
- [25] Wright S. The genetical structure of populations[J]. Annals of Eugenics, 1951,15(4):323-354.
- [26] Finston T L, Peck S B. Population structure and gene flow in *Stomion*: a species swarm of flightless beetles of the Gala pagos Islands[J]. Heredity, 1995,75(4):390-397.
- [27] 黎瑞宝.中国海南鲌遗传多样性的比较研究[D].广州:暨南大学,2013.
- [28] 伊西庆.中国东部6个大型湖泊翘嘴鲌遗传多样性的线粒体 ND2 基因序列分析[D].广州:暨南大学,2009.
- [29] Nei M, Maruyama T, Chakraborty R. The bottleneck effect and genetic variability in populations[J]. Evolution, 1975,29(1):1-10.
- [30] Wade M J, McCauley D E. Extinction and recolonization: their effects on the genetic differentiation of local populations[J]. Evolution, 1988,42:995-1005.
- [31] 聂竹兰.三角鲂转录组分析与不同地理种群遗传多样性研究[D].武汉:华中农业大学,2014.
- [32] Slatkin M. Gene flow and the geographic structure of natural populations[J]. Science, 1987,236:787-792.
- [33] Jager H I, Chandler J A, Lepla K B, et al. A theoretical study of river fragmentation by dams and its effects on white sturgeon populations [J]. Environ Biol Fish, 2001,60(4):347-361.
- [34] Wofford J E B, Gresswell R E, Banks M A. Influence of barriers to movement on within-watershed genetic variation of coastal cutthroat trout[J]. Ecol Appl, 2005,15(2):628-637.
- [35] 王伟,陈立桥,禹娜.应用 COII 基因部分序列分析翘嘴鲌群体的遗传多样性[J].大连水产学院学报,2008,23(5):403-408.
- [36] 赵良杰.大眼华鳊遗传多样性和亲缘地理学研究[D].上海:上海海洋大学,2012.
- [37] Avise J C, Hamrick J L. Conservation Genetic, Case Histories from Nature[M]. New York: Chapman and Hall, 1996:160-189.
- [38] 向芳,朱利东,王成善,等.宜昌地区第四纪沉积物中玄武岩砾石特征及其与长江三峡贯通的关系[J].地球科学与环境科学,2006,28(2):6-11.
- [39] 范启,何舜平.长江流域整种群遗传多样性和遗传结构分析[J].水生生物学报,2014,38(4):627-634.

- [40] Hewitt G M. The genetic legacy of the quaternary ice ages[J]. *Nature*, 2000, 405(6789): 907-913.
- [41] Howes G J. Notes on the anatomy of *Macrochiroichthys macrochirus* (Valenciennes), 1844, with comments on the *Cultrinae* (Pisces, Cyprinidae) [J]. *Bull Brit Mus Nat Hist (Zool)*, 1979, 36: 147-200.
- [42] 谢仲桂. 华鳊属鱼类形态变异和种间系统发育关系及其与鲴亚科相关类群分子进化的研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2003.
- [43] Harold K V. Maps of Pleistocene sea levels in Southeast Asia; shorelines, river systems and time durations [J]. *J Biogeog*, 2000, 27(5): 1153-1167.
- [44] 张新辉, 高泽霞, 罗伟, 等. 雌核发育团头鲂的形态和遗传特征分析[J]. *水生生物学报*, 2015, 39(1): 126-132.
- [45] 孙效文, 鲁翠云, 匡友谊. 分子标记指导的镜鲤育成品种的遗传结构估计[J]. *发明专利公报*, 2008, 24(7): 78-82.
- [46] 张倩倩, 陈杰, 蒋霞云. 不同鳊鲂鱼类群体微卫星 DNA 指纹图谱的构建和遗传结构分析[J]. *水产学报*, 2014, 38(1): 15-22.
- [47] 边琳鹤, 李勤慎, 冯志云. 基于 mtDNA D-loop 进行四种鲤科鱼类种间鉴定研究[J]. *中国农学通报*, 2014, 30(26): 33-39.
- [48] 彭居俐, 王绪祯, 何舜平. DNA 条形码技术的研究进展及其应用[J]. *水生生物学报*, 2008, 32(6): 916-919.
- [49] 许家磊, 王宇, 后猛, 等. SNP 检测方法的研究进展[J]. *分子植物育种*, 2015, 13(2): 475-482.
- [50] 陈松林, 邵长伟, 徐鹏. 水产生物技术发展战略研究[J]. *中国工程科学*, 2016, 18(3): 49-56.
- [51] 罗辉, 叶华, 肖世俊, 等. 转录组学技术在水产动物研究中的运用[J]. *水产学报*, 2015, 39(4): 589-607.
- [52] 田李, 张颖, 赵云峰. 新一代测序技术的发展和运用[J]. *生物技术通报*, 2015, 31(11): 1-8.

Genetic Diversity of *Culterinae* in China: a Summary and Prospectiveness

Gu Qianhong, Fang Dongdong, Cheng Qingqing, Zhou Chuanjiang

(College of Fisheries, Henan Normal University, Xinxiang 453007, China)

Abstract: *Culterinae* is widely distributed in China, however, few studies have been conducted to investigate the population genetics of *Culterinae*. The geographical distribution and genetic diversity of *Culterinae* have been summarized in this paper, and it mainly focuses on the population genetic diversity, population genetic structure, phylogenetic relationship, historical demography and the pattern of phylogeography. Furthermore, it reviewed the application of genetic diversity on the molecular breeding, germplasm identification. We hope to provide new insights into research on genetic diversity of *Culterinae*, improve the conservation and evaluation of germplasm resources and promote the healthy development of the aquaculture, in order to achieve the management and sustainable use of *Culterinae*.

Keywords: *Culterinae*; geographical distribution; genetic diversity; population genetic structure

[责任编辑 王凤产]