

基于线粒体D-loop序列的辽宁刀鲚三个群体遗传分析

胡宗云, 杨培民*, 张健, 王建军

辽宁省淡水水产科学研究院, 辽宁省水生动物病害防治重点实验室, 辽宁 辽阳

收稿日期: 2021年11月13日; 录用日期: 2021年11月27日; 发布日期: 2021年12月13日

摘要

以辽河、大洋河及鸭绿江3个水系的75尾刀鲚(*Coilia nasus*)为试验材料, 利用PCR扩增和测序技术研究了3个刀鲚群体的遗传结构。获得的1130~1171 D-loop同源序列中检测出94变异位点和60个单倍型, 总群体单倍型和核苷酸多样性指数分别为 0.992 ± 0.004 和 0.010 ± 0.000 。分子方差分析(AMOVA)结果表明, 98.27%遗传变异来自群体内, 群体间遗传分化较小, 单倍型聚类分析和网络图显示单倍型分布没有明显的地理谱系结构, 3个群体可作为一个遗传管理单元。该结果可为刀鲚的种质资源保护提供参考。

关键词

刀鲚, D-loop, 遗传结构, 辽河, 大洋河, 鸭绿江

Genetic Structure Analysis of Three Wild Populations of *Coilia nasus* in Liaoning Province Based on Mitochondrial D-loop Sequences

Zongyun Hu, Peimin Yang*, Jian Zhang, Jianjun Wang

Liaoning Key Laboratory for Prevention and Treatment of Aquatic Animal Diseases, Liaoning Institute of Freshwater Fisheries, Liaoyang Liaoning

Received: Nov. 13th, 2021; accepted: Nov. 27th, 2021; published: Dec. 13th, 2021

*通讯作者。

Abstract

The genetic structure of *Coilia nasus* was studied based on the sequences analysis of mitochondrial D-loop in 75 individuals from Liao River (n = 20), Dayang River (n = 27) and Yalu River (n = 28), Liaoning province. In 1130~1171 bp of D-loop sequences, there were 94 polymorphic sites and 60 haplotypes. The haplotype and nucleotide diversities were 0.992 ± 0.004 and 0.010 ± 0.000 , respectively. AMOVA revealed 98.27% of the total variation was resulted from intra-population differentiation, there was little genetic differentiation among populations. Both NJ tree and MJ network of 60 haplotypes indicated there was no geographic structure among populations. Three populations of *C. nasus* should be considered as a genetic management unit. The findings may be very useful to protect this species stock.

Keywords

Coilia nasus, D-loop, Genetic Structure, Liao River, Dayang River, Yalu River

Copyright © 2021 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

刀鲚(*Coilia nasus*)又称刀鱼、凤尾鱼,隶属于鲱形目(Clupeiformes)鲱科(Engrulidae)鲚属(*Coilia*),是一种中小型洄游鱼类[1]。在中国,刀鲚常见于黄海、东海及长江中下游水域,辽宁地区的辽河、大洋河及鸭绿江亦有分布[2]。在长江中下游地区,刀鲚作为一种高价值的名贵鱼类深受市场青睐。受过度捕捞和栖息地环境破坏的影响,长江刀鲚资源量从上世纪70年代起急剧下降[3],现在的年捕获量仅相当于历史最高产量的2% [4]。目前,有关刀鲚的研究主要集中在分类学[5] [6] [7]、资源现状[8] [9] [10]、繁育技术[11] [12] [13]、种群生态学[14] [15] [16]、营养成分分析[17] [18] 等几个领域。有关刀鲚群体遗传结构的研究也有报道,但这些研究多集中在长江流域的群体[20]-[27],基于线粒体 D-loop 序列的辽宁刀鲚群体的遗传结构研究还未见报道。

线粒体 DNA (mtDNA)作为重要的遗传标记,具有进化速度快、核苷酸替代率高和母系遗传的特点,而 D-loop 序列属于非编码区,是 mtDNA 进化速度最快的区域,常用于鱼类进化生物学和群体遗传学研究[28] [29]。本研究以采自辽河、大洋河和鸭绿江的刀鲚样本为试验材料,对其线粒体 D-loop 序列进行了 PCR 扩增和生信分析,旨在为掌握 3 个刀鲚野生群体遗传结构和保护刀鲚种质资源提供理论支撑。

2. 材料与方法

2.1. 材料

2019年7月至2020年10月,笔者采用流刺网捕获了3个水系75尾野生刀鲚,包含辽河群体20尾(LH)、大洋河群体27尾(标记为DYH)和鸭绿江群体28尾(标记为YLJ)(见表1)。样本体长为17.5~28.9 cm,体重为13.98~75.05 g。每尾剪取背部肌肉1~2 g,保存于装有95%酒精EP管内带回实验室。

Table 1. Sampling details of *C. nasus* used in this study**表 1.** 刀鲚样品来源信息

群体	简称	取样时间	采集地经纬度	样品数
辽河群体	LH	2020.7	辽宁省海城市西四镇下坎村 N40°55'48"; E120°20'24"	20
大洋河群体	DYH	2019.10	辽宁省东港市孤山镇肖家园村 N42°53'19.55"; E123°37'36"27	27
鸭绿江群体	YLJ	2020.9	辽宁省东港市一撮毛港 N39°55'48"; E124°16'12"28	28

2.2. 方法

2.2.1. DNA 提取、引物设计、PCR 扩增及测序

取肌肉 0.1g 左右, 利用基因组提取试剂盒(Tiangen, DP304)提取总 DNA。扩增 D-loop 序列的引物为 DF (5'-CTAACTCCCAAAGCTAGAATTCT-3')和 DR (5'-ATCTTAGCA TCTTCAGTG-3') [30]。PCR 反应体系为 25 μ L, 包括 2.5 μ L 10 \times PCR buffer (Mg²⁺ plus, 20 mM)、2 μ L dNTP mix (2.5 mM)、0.25 μ L Taq DNA polymerase (5 U/ μ L)、上下游引物各 1 μ L (10 μ M)、模板 1 μ L, 用双蒸水补足至 25 μ L。所有的 PCR 反应均在 ABI 9700 扩增仪上进行, PCR 扩增条件为: 94 $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 35 个循环, 每个循环包括 94 $^{\circ}$ C 变性 1 min, 56 $^{\circ}$ C 退火 1 min, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1min 30 s; 最后 73 $^{\circ}$ C 总延伸 10 min。扩增产物经 1.2% 琼脂糖凝胶电泳检测, 获得目的条带的产物至生工生物(上海)有限公司进行纯化, 并由 ABI 3730 全自动测序仪双向测序和拼接。

2.2.2. 数据处理

获得的序列经 Clustal W 比对剪切后, 运用 MEGA6.0 软件包计算序列碱基组成、变异位点数和转换与颠换值; 并基于 Kimura 双参数法(Kimura 2-parameter, K2p)模型构建系统进化树, 采用 Bootstrap (1000 个循环)检验节点的置信度。利用 DnaSP (version 6.10.04)软件计算单倍型数、单倍型多样性及核苷酸多样性等参数。应用 Arlequin 3.5 软件中进行分子变异分析(AMOVA)。此外, 运用 Network 10.2.0.0 软件构建单倍型网络图, 分析单倍型与群体间的对应关系。

3. 结果

3.1. D-loop 序列分析

75 尾个体的 D-loop 序列中, 获得了 1130~1171 bp 同源序列(见表 2), D-loop 基因序列的 A、T、G、C 含量分别为 33.2%、33.4%、19.4%和 14%, A + T 含量(66.6%)大于 G + C (33.4%), 呈现出明显的 AT 偏好。序列中检测出 94 个变异位点, 约占总位点的 8%, 其中包含简约信息位点 50 个、单突变位点 44 个。各群体发生碱基转换/颠换数相近, 总体发生碱基转换的位点有 9 个, 发生碱基颠换的位点有 2 个。所有序列总的碱基插入/缺失数为 79 个, 其中 YLJ 群体插入/缺失数最高(76 个), DYH 群体次之(43 个), LH 群体最小(40 个)。3 个群体共检测到 60 个单倍型, 单倍型数由高到底依次为 YLJ > DYH > LH; 单倍型多样性指数相近, 均接近于 1; 3 群体中 LH 和 YLJ 群体的核苷酸多样性指数相等 (0.010 ± 0.001), 略大于 DYH 群体(0.009 ± 0.001); 平均核苷酸差异数以 LH 群体最高, YLJ 群体次之, DYH 群体最小。

Table 2. Genetic diversity parameters of 3 populations of *Coilia nasus* based on D-loop sequences
表 2. 3 个刀鲚群体 D-loop 序列的遗传多样性参数

遗传多样性参数	LH	DYH	YLJ	总体
个体数	20	27	28	75
序列长度	1132~1171	1131~1171	1130~1171	1173*
变异位点数	60	55	58	94
转换/颠换	9/2	9/1	9/2	9/2
插入/缺失数	40	43	76	79
单倍型数	20	23	24	60
单倍型多样性(h)	1.000 ± 0.016	0.989 ± 0.013	0.989 ± 0.012	0.992 ± 0.004
核苷酸多样性(π)	0.010 ± 0.001	0.009 ± 0.001	0.010 ± 0.001	0.010 ± 0.000
平均核苷酸差异数(K)	11.326	9.778	11.206	10.822

*比对位点数。

3.2. 群体遗传结构

3 个群体间遗传距离、遗传分化指数见表 3。3 个群体的群体内遗传距离均为 0.010 ± 0.000 ；群体间遗传距离为 $0.009 \sim 0.011$ ，其中 YLJ 与 LH 群体间距离最大，YLJ 与 DYH 群体间次之，DYH 与 LH 群体间最小。群体间的遗传分化指数为 $-0.028 \sim 0.044$ ，均小于 0.05，表明群体间遗传分化极小。AMOVA 分析可知(见表 4)，群体间和群体内遗传变异占比分别为 1.73% 和 98.27%，表明群体间的遗传分化较低，群体内的遗传变异为总变异的主要来源。

Table 3. Genetic fixation index (F_{st}) (upper diagonal) and genetic distance between (below diagonal) and within (diagonal) *C. nasus* populations

表 3. 刀鲚群体间遗传分化指数(右上角)、遗传距离(左下角)及群体内遗传距离(对角线)

群体	LH	DYH	YLJ
LH	0.010 ± 0.000	-0.028	0.044
DYH	0.009 ± 0.002	0.010 ± 0.000	0.026
YLJ	0.011 ± 0.002	0.010 ± 0.002	0.010 ± 0.000

Table 4. The AMOVA analysis among 3 populations of *C. nasus*

表 4. 3 个刀鲚群体间遗传变异的分子方差分析(AMOVA)

变异来源	自由度	平方和	方差组分	方差比例(%)
群体间	2	15.367	0.009	1.73
群体内	72	385.047	5.348	98.27
总体	74	400.413	5.442	
固定指数	$0.0173 (P = 0.000)$			

3.3. 单倍型分布与聚类分析

在定义的 60 个单倍型中(见表 5), 单倍型 Hap11 为 3 个群体共享单倍型, 占样本数的 6.67%; Hap9、Hap10 和 Hap20 为 LH 与 DYH 群体共享单倍型, Hap53 和 Hap40 分别为 LH 与 YLJ、DYH 与 YLJ 群体的共享单倍型。其余单倍型为各群体所独有, 这些单倍型出现的频率很低, 仅由群体内 1~2 个样本持有, 各群体独有单倍型数量由高到低依次为: YLJ (20 个) > DYH (18 个) > LH (15 个)。此外, 基于 60 个单倍型建立的 NJ 树(见图 1)表明, 各群体的单倍型交错地聚集在一起, 并没有形成明显的地理分支结构。同样, 在 MJ 网络图中(见图 2), 不同群体的单倍型彼此分散相连, 未形成地理群体枝系。

Table 5. Distribution and the number of mtDNA D-loop haplotypes in each population of *C. nasus*

表 5. 3 个刀鲚群体 D-loop 序列单倍型数量与分布

单倍型	群体			单倍型总数(比例)
	LH	DYH	YLJ	
Hap1	0	0	1	1 (1.33%)
Hap2	0	1	0	1 (1.33%)
Hap3	0	1	0	1 (1.33%)
Hap4	1	0	0	1 (1.33%)
Hap5	1	0	0	1 (1.33%)
Hap6	0	2	0	2 (2.67%)
Hap7	1	0	0	1 (1.33%)
Hap8	1	0	0	1 (1.33%)
Hap9	1	1	0	2 (2.67%)
Hap10	1	1	0	2 (2.67%)
Hap11	1	2	2	5 (6.67%)
Hap12	1	0	0	1 (1.33%)
Hap13	0	1	0	1 (1.33%)
Hap14	0	0	1	1 (1.33%)
Hap15	1	0	0	1 (1.33%)
Hap16	0	0	1	1 (1.33%)
Hap17	0	1	0	1 (1.33%)
Hap18	0	0	1	1 (1.33%)
Hap19	0	0	1	1 (1.33%)
Hap20	1	1	0	2 (2.67%)
Hap21	0	0	1	1 (1.33%)
Hap22	0	0	1	1 (1.33%)
Hap23	0	0	1	1 (1.33%)
Hap24	0	0	2	2 (2.67%)
Hap25	0	1	0	1 (1.33%)

Continued

Hap26	0	1	0	1 (1.33%)
Hap27	0	1	0	1 (1.33%)
Hap28	0	0	1	1 (1.33%)
Hap29	1	0	0	1 (1.33%)
Hap30	0	0	1	1 (1.33%)
Hap31	0	1	0	1 (1.33%)
Hap32	0	0	1	1 (1.33%)
Hap33	0	2	0	2 (2.67%)
Hap34	0	1	0	1 (1.33%)
Hap35	0	1	0	1 (1.33%)
Hap36	1	0	0	1 (1.33%)
Hap37	1	0	0	1 (1.33%)
Hap38	1	0	0	1 (1.33%)
Hap39	0	0	1	1 (1.33%)
Hap40	0	2	1	3 (4%)
Hap41	0	0	1	1 (1.33%)
Hap42	0	0	1	1 (1.33%)
Hap43	0	0	2	2 (2.67%)
Hap44	0	0	1	1 (1.33%)
Hap45	0	1	0	1 (1.33%)
Hap46	1	0	0	1 (1.33%)
Hap47	0	1	0	1 (1.33%)
Hap48	0	1	0	1 (1.33%)
Hap49	1	0	0	1 (1.33%)
Hap50	0	1	0	1 (1.33%)
Hap51	1	0	0	1 (1.33%)
Hap52	0	0	1	1 (1.33%)
Hap53	1	0	1	2 (2.67%)
Hap54	0	1	0	1 (1.33%)
Hap55	1	0	0	1 (1.33%)
Hap56	0	0	1	1 (1.33%)
Hap57	0	0	2	2 (2.67%)
Hap58	0	1	0	1 (1.33%)
Hap59	1	0	0	1 (1.33%)
Hap60	0	0	1	1 (1.33%)
总计	20	23	24	60 (80%)

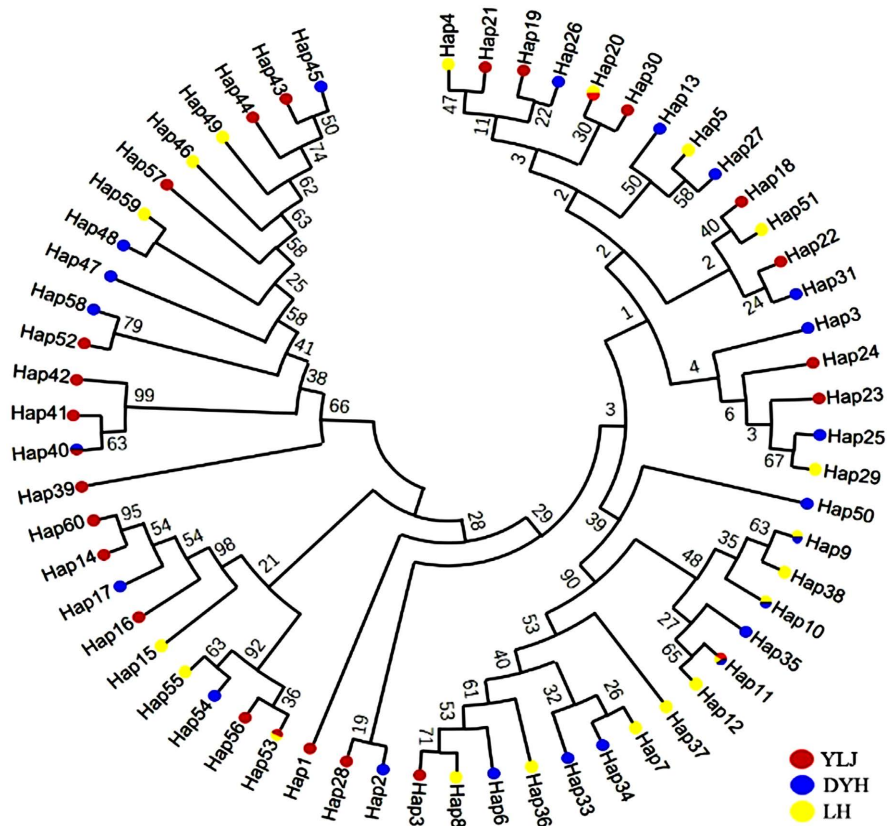
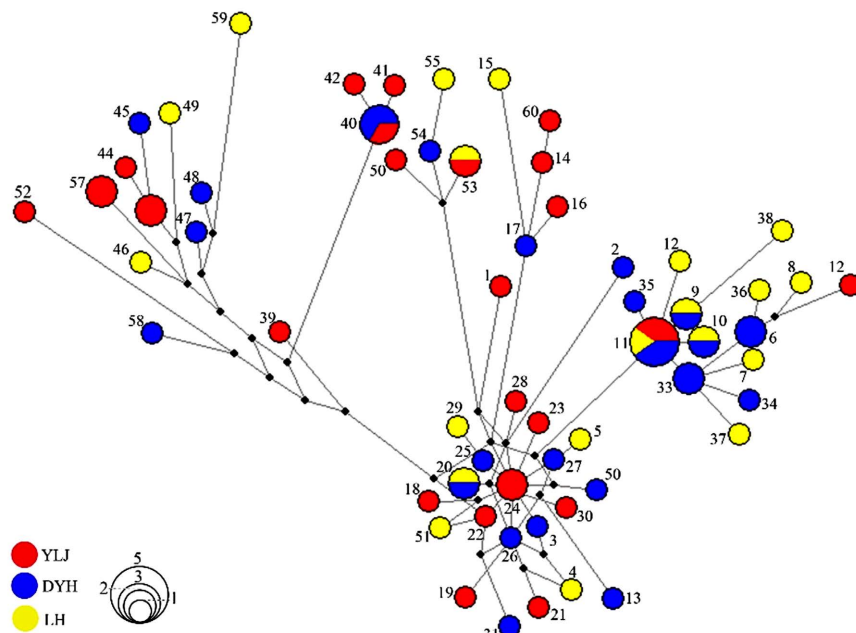


Figure 1. The NJ tree of 60 haplotypes for 3 populations of *C. nasus* in Liaoning province
图 1. 辽宁地区 3 个刀鲚群体基于 60 个线粒体 D-loop 单倍型的 NJ 树



注：圆圈大小代表对应的单倍型频率

Figure 2. The MJ network of 60 haplotypes for 3 *C. nasus* populations in Liaoning province
图 2. 辽宁地区 3 个刀鲚群体基于 60 个单倍型的 MJ 网络图

4. 讨论

4.1. 群体遗传多样性

物种遗传多样性与其适应能力、生存能力和进化潜力密切相关, 遗传变异是有机体适应环境的必要条件[31] [32]。衡量物种或种群线粒体 DNA 变异程度指标主要有单倍型多样性(h)和核苷酸多样性(π) [33]。本研究中测定的 3 个刀鲚群体 75 个样本共检测到 94 个变异位点和定义了 60 个单倍型, 单倍型多样性指数和核苷酸多样性指数分别为 0.989~1.000 和 0.009~0.010。单倍型多样性指数与长江口临近水域刀鲚(h : 0.9848~1.0000) [22]、日本刀鲚($h = 1$) [34]相近, 但高于养殖刀鲚($h = 0.873$) [23]; 核苷酸多样性指数略低于长江口临近水域刀鲚(π : 0.0089~0.3630) [22], 但要高于养殖刀鲚($\pi = 0.0055$) [23]和日本刀鲚($\pi = 0.0061$) [34]。此外, 3 个刀鲚群体遗传多样性指数略高于太湖($h = 0.929$; $\pi = 0.00594$)、瀾湖($h = 0.951$; $\pi = 0.01036$)、高邮湖($h = 0.728$; $\pi = 0.00556$)、白马湖($h = 0.918$; $\pi = 0.00638$)、洪泽湖($h = 0.726$; $\pi = 0.00552$)和骆马湖($h = 0.816$; $\pi = 0.00602$)几个定居生态型群体[35]。这一结果表明, 尽管受到环境污染、过度捕捞等不利因素的影响, 辽宁地区 3 个刀鲚群体自然群体数量下降趋势明显, 但其遗传多样性指数仍处于较高水平, 对环境适应能力及进化潜力较大, 具有较高的种质资源保护价值和开发及利用潜力。

4.2. 种群遗传分化

群体间遗传距离以及遗传分化指数是衡量群体分化程度的重要指标, 二者的数值与群体分化程度为线性关系[36], 鱼类遗传分化格局与其分布的水系格局及地理距离密切相关[37]。本研究中 3 个群体样本来自辽河(LH)、大洋河(DYH)和鸭绿江(YLJ)水系, 其中大洋河位于辽河和鸭绿江之间。三群体采样点之间的直线距离关系如下: LH 与 YLJ (200 km) > LH 与 DYH (160 km) > DYH 与 YLJ (50 km)。3 刀鲚群体间的遗传距离为 0.009~0.011, 其中 DYH 与 LH 群体遗传距离最小(0.009 ± 0.002), DYH 与 YLJ 群体的遗传距离次之(0.010 ± 0.002), LH 与 YLJ 群体遗传距离最大(0.011 ± 0.002), 即 3 刀鲚群体的遗传结构关系与水系分布及地理距离并不完全相符, 相似的结果在乔氏新银鱼(*Neosalanx jordani*) [37]和太湖新银鱼(*Neosalanx taihuensis*) [38]也有报道。Wright [39]指出, 遗传分化指数 F_{st} 在 0 到 1 范围内, 值越大两种群的分化程度越高。 F_{st} 为 0~0.05 表示极小遗传分化; F_{st} 为 0.05~0.15 表示中度遗传分化; F_{st} 为 0.15~0.25 表示较大遗传分化; F_{st} 大于 0.25, 表示有极大的遗传分化[40]。本研究中 F_{st} 为-0.028~0.044, 属于极小遗传分化水平, 且统计检验不显著。AMOVA 分析结果显示, 遗传变异主要来自群体内, 群体间的遗传分化极小, 这与长江口临近水域刀鲚(*C.nasus*) [22]、辽宁沿海细纹鲷子鱼(*Liparis tanakae*) [41]种群遗传结构研究结果相似。单倍型聚类分析和网络图也支持上述观点: 3 群体的单倍型相互交错地聚在一起, 并没有形成与水系相对应的地理分支。这种遗传分化格局可能与两个因素有关: 1) 种群扩张过程中多次独立建群事件。Kamal 等[42]研究表明, 多次独立远距离建群事件可导致淡水生物流域间差异不明显的遗传分化格局; 2) 刀鲚淡水产卵、海水越冬的洄游习性。刀鲚进入海水后群体间地理阻隔变小, 3 群体可能存在相互重叠的越冬场, 群体间基因交流频繁致使遗传分化较小。

4.3. 辽宁刀鲚资源保护

本研究表明, 辽河、大洋河和鸭绿江三个刀鲚群体具有较高的遗传多样性, 预示其对环境具有较强的适应性, 具有较大的进化潜能和丰富的遗传选育潜力。同时, 3 个刀鲚群体间和群体内遗传距离在 0.009~0.010 之间, 且处于一个水平, 群体间遗传分化程度较低, 可以作为一个遗传管理单元。鉴于当前辽宁刀鲚自然群体数量急剧减少的现状, 今后应从渔政管理、科技支撑和产业化推广多角度推进刀鲚资源养护工作, 以更好地保护、开发和利用这一名贵种质资源。

5. 小结

本研究利用 D-loop 分子标记对辽宁地区三个刀鲚群体遗传结构进行了分析, 数据显示 3 个刀鲚群体具有较高的遗传多样性, 保护、开发及利用价值较大, 应加强其资源养护工作。同时, 鉴于线粒体基因自身的缺点[43]和本研究采集的样本量较小, 今后应采用包括核基因在内的多种分子标记来分析更多的样本以获取更加可靠的数据。

基金项目

辽宁省农业农村厅项目(JH20-210000-39754)、辽宁省农科院项目(2021HQ1918、2020JXJL006)及辽宁省科技厅项目(2021JH2/10200031)。

参考文献

- [1] Fang, D.A., Zhou, Y.F., Zhang, M.Y., *et al.* (2017) Developmental Expression of HSP60 and HSP10 in the *Coilia nasus* Testis during Upstream Spawning Migration. *Genes*, **8**, Article No. 189. <https://doi.org/10.3390/genes8070189>
- [2] 张健, 杨培民, 胡宗云, 等. 大洋河刀鲚繁殖生物学特性[J]. 淡水渔业, 2021, 51(6): 3-11.
- [3] Ma, C., Cheng, Q., Zhang, Q., *et al.* (2010) Genetic Variation of *Coilia ectenes* (Clupeiformes: Engraulidae) Revealed by the Complete Cytochrome *b* Sequences of Mitochondrial DNA. *Journal of Experimental Marine Biology & Ecology*, **385**, 14-19. <https://doi.org/10.1016/j.jembe.2010.01.015>
- [4] Liu, K., Yin, D., Shu, Y., *et al.* (2019) Transcriptome and Metabolome Analyses of *Coilia nasus* in response to Anisakidae Parasite Infection. *Fish & Shellfish Immunology*, **87**, 235-242. <https://doi.org/10.1016/j.fsi.2018.12.077>
- [5] 袁传宓, 秦安龄, 刘仁华, 等. 关于长江中下游及东南沿海各省的鲚属鱼类种下分类的探讨[J]. 南京大学学报(自然科学版), 1980(3): 67-82.
- [6] 程起群, 李思发. 刀鲚和湖鲚种群的形态判别[J]. 海洋科学, 2004, 28(11): 39-43.
- [7] 周晓棣, 杨金权, 唐文乔, 等. 基于线粒体 CO I 基因 DNA 条形码的中国鲚属物种有效性分析[J]. 动物分类学报, 2010, 35(4): 819-826.
- [8] 袁传宓. 长江中下游刀鲚资源和种群组成变动状况及其原因[J]. 动物学杂志, 1988(3): 15-18.
- [9] 毛成贵, 矫新明, 钟俊生, 等. 长江口刀鲚资源现状及保护研究进展[J]. 淮海工学院学报, 2015, 24(3): 78-83.
- [10] 代培, 严燕, 朱孝彦, 等. 长江刀鲚国家级水产种质资源保护区(安庆段)刀鲚资源现状[J]. 中国水产科学, 2020, 27(11): 1267-1276.
- [11] 施永海, 张根玉, 张海明, 等. 刀鲚的全人工繁殖及胚胎发育[J]. 上海海洋大学学报, 2015, 24(1): 36-43.
- [12] 徐钢春, 杜富宽, 黎燕, 等. 注射 LHRH-A2 对刀鲚的催产效果及其雌鱼血液生化指标的影响[J]. 水产学报, 2016(8): 1186-1194.
- [13] 费忠智. 长江刀鲚商品鱼池塘主养技术[J]. 水产养殖, 2019, 40(3): 34-36.
- [14] 郑飞, 郭弘艺, 唐文乔, 等. 溯河洄游的长江刀鲚种群的年龄结构及其生长特征[J]. 动物学杂志, 2012, 47(5): 24-31.
- [15] 贺刚, 方春林, 吴斌, 等. 鄱阳湖刀鲚生殖群体特征及状况分析[J]. 水生态学杂志, 2017, 38(3): 60-65.
- [16] 万全, 赖年悦, 李飞, 等. 安徽无为长江段刀鲚生殖洄游群体年龄结构的变化分析[J]. 水生态学杂志, 2009, 30(4): 60-65.
- [17] 闻海波, 张呈祥, 徐钢春, 等. 长江刀鲚营养成分分析与品质评价[J]. 广东海洋大学学报, 2008, 28(6): 20-24.
- [18] 唐雪, 徐钢春, 徐跑, 等. 野生与养殖刀鲚肌肉营养成分的比较分析[J]. 动物营养学报, 2011, 23(3): 514-520.
- [19] 蒋湘辉, 杨培民. 大洋河刀鲚繁殖前后肌肉营养成分分析[J]. 水产科学, 2021, 40(6): 835-842. <https://doi.org/10.16378/j.cnki.1003-1111.20146>
- [20] 张媛, 胡则辉, 周志刚, 陈亚瞿. 利用 RAPD-PCR 与 ISSR-PCR 标记技术分析长江口刀鲚的群体遗传结构[J]. 上海水产大学学报, 2006, 15(4): 390-397.
- [21] 马春艳, 刘敏, 马凌波, 张凤英, 陈亚瞿. 长兴岛刀鲚群体的遗传多样性分析[J]. 海洋科学, 2007, 31(12): 9-12.
- [22] 杨金权, 胡雪莲, 唐文乔, 林弘都. 长江口邻近水域刀鲚的线粒体控制区序列变异与遗传多样性[J]. 动物学杂

- 志, 2008, 43(1): 8-15.
- [23] 徐钢春, 魏广莲, 李建林, 徐跑, 张呈祥, 顾若波. 基于线粒体 DNA D-loop 序列分析养殖刀鲚与湖鲚的遗传多样性[J]. 大连海洋大学学报, 2012, 27(5): 448-452.
- [24] 魏广莲, 徐钢春, 顾若波, 李建林, 徐跑. 基于 mtDNACytb 序列分析养殖与野生刀鲚群体的遗传多样性[J]. 江西农业大学学报, 2012, 34(6): 1216-1221+1244.
- [25] 李大命, 张彤晴, 关浩勇, 唐晟凯, 刘燕山, 刘小维, 潘建林. 基于线粒体 Cytb 基因和 D-loop 区序列的高邮湖湖鲚(*Coilia nasus*)遗传多样性分析[J]. 淡水渔业, 2017, 47(6): 3-8.
- [26] Xue, D.X., Yang, Q.L., Li, Y.L., *et al.* (2019) Comprehensive Assessment of Population Genetic Structure of the Overexploited Japanese Grenadier Anchovy (*Coilia nasus*): Implications for Fisheries Management and Conservation. *Fisheries Research*, **213**, 113-120. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2019.01.012>
- [27] 杨彦平, 许萌原, 马凤娇, 等. 基于线粒体 Cytb 基因的长江刀鲚群体遗传结构分析[J]. 江西农业学报, 2021, 33(8): 11-16+23.
- [28] 肖武汉, 张亚平. 鱼类线粒体 DNA 的遗传与进化[J]. 水生生物学报, 2000, 24(4): 384-391.
- [29] 郭新红, 刘少军, 刘巧, 等. 鱼类线粒体 DNA 研究新进展[J]. 遗传学报, 2004, 31(9): 983-990.
- [30] 唐文乔, 胡雪莲, 杨金权. 从线粒体控制区全序列变异看短颌鲚和湖鲚的物种有效性[J]. 生物多样性, 2007, 15(3): 224-231.
- [31] Conrad, M. (1983) *Adaptability: The Significance of Variability from Molecule to Ecosystem*. Plenum Press, New York.
- [32] Féral, J.P. (2002) How Useful Are the Genetic Markers in Attempts to Understand and Manage Marine Biodiversity? *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, **268**, 121-145. [https://doi.org/10.1016/S0022-0981\(01\)00382-3](https://doi.org/10.1016/S0022-0981(01)00382-3)
- [33] Nei, M. (1987) *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York. <https://doi.org/10.7312/nei-92038>
- [34] 孙超. 几种鲚属的鱼类分子遗传特征研究[D]: [硕士学位论文]. 南京: 南京农业大学, 2012.
- [35] 李大命, 唐晟凯, 刘燕山, 等. 基于线粒体控制区的江苏湖鲚群体遗传多样性和遗传结构分析[J]. 海洋渔业, 2021, 43(2): 149-159.
- [36] 王伟, 高伟峰, 张赛赛, 董安然, 姜欣彤. 大泷六线鱼 6 个野生群体遗传多样性的 12SrRNA 基因分析[J]. 水产学杂志, 2017, 30(5): 7-12.
- [37] 赵亮, 张洁, 刘志瑾, 等. 乔氏新银鱼基于细胞色素 b 序列的种群遗传结构和种群历史[J]. 生物多样性, 2010, 18(3): 251-261.
- [38] 李大命, 唐晟凯, 刘燕山, 等. 江苏省 4 个太湖新银鱼种群遗传多样性和遗传结构分析[J]. 渔业科学进展, 2020, 41(5): 52-60.
- [39] Wright, S. (1978) *Evolution and the Genetics of Population: Variability Within and among Natural Populations*. University of Chicago Press, Chicago.
- [40] Balloux, F. and Lugon-Moulin, N. (2002) The Estimation of Population Differentiation with Microsatellite Markers. *Molecular Ecology*, **11**, 155-165. <https://doi.org/10.1046/j.0962-1083.2001.01436.x>
- [41] 李玉龙, 刘修泽, 李轶平, 等. 基于线粒体 CO I 基因序列的辽宁沿海细纹鲷子鱼群体遗传多样性分析[J]. 海洋渔业, 2016, 38(2): 120-129.
- [42] Kamal, M.I., Richard, A.N. and Godfrey, M.H. (1996) Spatial Patterns of Genetic Variation Generated by Different Forms of Dispersal during Range Expansion. *Heredity*, **77**, 282-291. <https://doi.org/10.1038/hdy.1996.142>
- [43] Ballard, J.W.O. and Whitlock, M.C. (2004) The Incomplete Natural History of Mitochondria. *Molecular Ecology*, **13**, 729-744. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2003.02063.x>