

文章编号: 1674 - 5566(2015)01 - 0012 - 08

千岛湖和长江黄尾鲴种群的遗传变异研究

张 宏¹, 赵良杰¹, 胡忠军^{1,2}, 刘 军¹, 刘其根^{1,2}

(1. 上海海洋大学 农业部淡水水产种质资源重点实验室, 上海 201306; 2. 上海高校知识服务平台上海海洋大学水产动物遗传育种中心, 上海 201306)

摘 要: 为了解千岛湖黄尾鲴种群与长江水系相关种群的遗传变异与关系, 我们对千岛湖(浙江省的汾口、富文、临岐)及其他地区(安徽泾县和江西南昌县)共 5 个地理种群的黄尾鲴(*Xenocypris davidi*)的线粒体 CO I 序列进行了分析。在 92 条黄尾鲴序列中, 共检测出 10 个变异位点, 归结为 10 个单倍型。单倍型网络结构显示其分布格局与地理格局呈现一定程度的对应关系。通过群体间遗传分化的分析显示, 千岛湖与长江群体间存在显著遗传分化(F_{st} 为 0.110 55 ~ 0.453 67), 同时, 千岛湖的群体间无分化(F_{st} 最大值为 0.066 05)以及长江的泾县和南昌群体间存在显著遗传分化(F_{st} = 0.399 93)。种群间遗传距离显示出千岛湖 3 个群体的关系更为密切, 泾县和其他各群体分化最为明显。中性检测和核苷酸失配分析均表明, 黄尾鲴南昌群体在历史上可能发生过种群扩张事件, 而其他群体未呈现明显的种群扩张迹象。

研究亮点: 目前关于黄尾鲴遗传资源的分子研究极少, 本文对钱塘江(千岛湖)水系和长江水系若干黄尾鲴种群的线粒体 CO I 序列进行了分析。初步了解了黄尾鲴种群在千岛湖与长江各群体间的遗传背景和谱系历史, 并进一步了解其种群遗传多样性现状, 为该种的遗传多样性保护提供理论依据。

关键词: 黄尾鲴; 线粒体 CO I 基因; 遗传多样性; 种群遗传

中图分类号: S 917

文献标志码: A

遗传资源, 是物种赖以生存和适应的基础, 也是生物资源利用的宝库。物种保护, 不仅仅需要关注物种多样性的保护, 同时也应该注意到遗传多样性资源的保护和维持。对于淡水鱼类而言, 由于地理隔离, 同一物种不同水系的种群往往会表现出明显的遗传分化, 形成了淡水鱼类丰富的遗传多样性。

黄尾鲴(*Xenocypris davidi*), 属鲤形目(Cypriniformes)鲤科(Cyprinidae), 鲴属(*Xenocypris*), 喜栖于较宽阔的江河湖泊的中底层水域, 是重要的淡水养殖和捕捞对象^[1], 具有一定的经济价值。千岛湖, 别名新安江水库, 自 1958 年库区蓄水以来, 黄尾鲴一直是该水库重要的渔业资源鱼类^[2]。近年来, 水质污染、过度捕捞、外来物种入侵等一系列问题, 对该水域鱼类

特别是土著鱼类种质资源构成了极大威胁^[3], 天然黄尾鲴种群也遭受了巨大的影响, 1990 年产量仅为 131.07 t, 比 1984 年减少了 283.5 t, 下降了 68.38%^[4]。为弥补千岛湖野生黄尾鲴资源的衰减, 相关部门多年来开展了人为引种、增殖放流活动。据有关报道, 长江水系的杭州青山水库^[5]、湖南官厅水库^[6]均有该种的人工繁育基地, 并为全国多地提供了增殖放流和养殖活动的种源。千岛湖黄尾鲴的增殖放流活动最早可以追溯到 20 世纪 80 年代, 但放流单位和放流种源等难以考证, 使得目前的千岛湖黄尾鲴种群来源复杂, 引种后对其土著黄尾鲴种群遗传多样性的影响尚不清楚。为初步了解千岛湖黄尾鲴种群的遗传多样性现状, 我们采集了钱塘江水系的浙江千岛湖、长江中游的江西南昌县和安徽泾县的

收稿日期: 2014-03-31 修回日期: 2014-09-28

基金项目: 公益性行业(农业)专项(201303056); 教育部博士点基金项目(20123104110002); 上海市高校知识服务平台项目(ZF1206)

作者简介: 张 宏(1988—), 男, 硕士研究生, 研究方向为分子生态学。E-mail: zhanghong300@163.com

通信作者: 刘其根, E-mail: qgliu@shou.edu.cn

黄尾鲴种群,利用线粒体 DNA 的 CO I 序列分析技术,研究黄尾鲴不同种群间的遗传变异情况,为该种遗传多样性保护方案的制定提供理论依据。

1 材料与方 法

1.1 样本采集

黄尾鲴标本采自 5 个地区,分别是千岛湖(钱塘江水系)的汾口(22 条)、富文(14 条)、临岐(15 条)、以及长江水系青弋江支流的安徽泾县(23 条)、鄱阳湖水系的江西南昌县(18 条)。采用刺网捕捉,样品经中国动物志(鲤形目)^[7]鉴定后,取新鲜肌肉保存于 95% 的乙醇中,带回上海海洋大学实验室备用。

1.2 实验方法

本实验线粒体 CO I 扩增使用的引物和反应体系参见文献[3,8]。PCR 产物经 1.0% 琼脂糖凝胶电泳进行检测,扩增产物的纯化和测序由上海生工生物工程有限公司完成。

1.3 数据处理

利用 DNASTAR 软件包中的 SeqMan 对测序结果进行人工校对,用 MEGA 5.0^[9] 嵌套的 Clustal W 对校对后序列进行比对剪切,获得长度一致的 CO I 序列片段。使用 MEGA 5.0^[9] 软件计算获得变异位点、简约信息位点、单个变异位

点、碱基组成和各群体之间的遗传距离(D_a)。利用 DnaSP 5.10^[10] 软件找出单倍型并计算各群体单倍型多样性(h)、核苷酸多态性(π)和核苷酸差异数(K)。用 Arlequin ver 3.0^[11] 软件包进行 AMOVA 层次分析和群体间遗传分化指数(F_{st})计算。通过 Network 4.6.1.0^[12] 软件构建单倍型网络图。利用 MEGA 5.0^[9] 软件中的 Model test 确定最佳模型为 K2 + G,采用该模型构建 ML 树,重复 1 000 次计算各分支的置信度。我们使用 Arlequin 软件包里面的 Tajima's D-test 进行中性检测,利用 DnaSP 5.10^[10] 绘制核苷酸失配分析图,以此来了解种群扩张历史。

2 结果

2.1 分子特征和遗传多样性

所测的线粒体 CO I 序列经拼接和人工校对后,获得 528 bp 片段用于分析。共检测出 518 个保守位点,6 个简约变异位点,4 个单变异位点,归结为 10 个单倍型(表 1)。CO I 基因中,各地理种群的碱基变化不大,T、C、A、G 的平均含量分别为 27.27%、18.18%、28.79% 和 25.76%,序列碱基组成的 A + T 含量(56.06%)高于 G + C 含量(43.94%)。

表 1 黄尾鲴各单倍型的核苷酸变异位点

Tab. 1 Nucleotide polymorphic sites of 10 haplotypes of *Xenocypris davidi*

	0	0	0	1	2	2	4	4	4	5
	1	2	7	3	9	9	5	6	9	1
	9	8	3	3	5	8	1	0	0	1
Hap01	G	C	G	T	G	A	C	T	A	A
Hap02	G	T	C	.	.
Hap03	A
Hap04	.	.	A	.	.	G	T	C	.	.
Hap05	A
Hap06	G
Hap07	.	.	.	C
Hap08	.	T
Hap09	G	.	.	.	G
Hap10	G	.	.	G	.

群体遗传多样性统计表明(表 2),南昌群体的单倍型多样性最高(0.758 3),泾县群体最低(0.482 8);临岐群体的核苷酸多样性最高

(0.003 3),泾县群体最低(0.001 8)。总体看,临岐群体的遗传多样性最为丰富。

表 2 黄尾鲮各群体遗传多样性

Tab. 2 Genetic diversity of each population of *Xenocypris davidi*

种群 population	多态位点数 number of polymorphic	单倍型数 number of haplotype	单倍型多样性 haplotype diversity (h)	核苷酸多样性 nucleotide diversity (π)	平均碱基差异 average nucleotide difference (K)
汾口 FK	4	3	0.498 2 ± 0.102 4	0.002 4 ± 0.000 6	1.277
富文 FW	4	3	0.484 5 ± 0.142 1	0.002 0 ± 0.000 8	1.055
临歧 LQ	4	3	0.590 5 ± 0.077 0	0.003 3 ± 0.000 4	1.733
泾县 JX	3	3	0.482 8 ± 0.102 3	0.001 8 ± 0.000 4	0.964
南昌 NC	5	6	0.758 3 ± 0.070 2	0.002 0 ± 0.000 4	1.072

2.2 单倍型分布和谱系分析

92 条黄尾鲮 CO I 序列共检测到 10 个单倍型(表 3),其中分布最广泛的单倍型是 Hap01,它在除泾县群体以外的其余群体中均有出现,频率也最高,为 43.48% (40/92)。特有单倍型共 6 个,其中 Hap07、Hap08、Hap09 和 Hap10 为南昌群体所特有,Hap04 为临歧特有,Hap05 为泾县特

有的单倍型。构建的群体单倍型网络结构图(图 1)显示,研究的黄尾鲮群体可分为 A、B、C 3 个谱系,A 谱系在长江和钱塘江的群体均有出现;B 谱系来自长江的南昌和泾县;C 谱系来自千岛湖各群体。遗传关系树(图 2)与单倍型网络图较为一致。

表 3 各群体单倍型分布表

Tab. 3 Haplotypes distribution in each population of *Xenocypris davidi*

单倍型 haplotypes	地理分布 distributions					总计 total
	汾口 FK	富文 FW	临歧 LQ	泾县 JX	南昌 NC	
Hap01	15	10	8		7	40
Hap02	5	2	6			13
Hap03	2	2		5		9
Hap04			1			1
Hap05				16		16
Hap06				2	6	8
Hap07					1	1
Hap08					1	1
Hap09					2	2
Hap10					1	1
总数 total	22	14	15	23	18	92

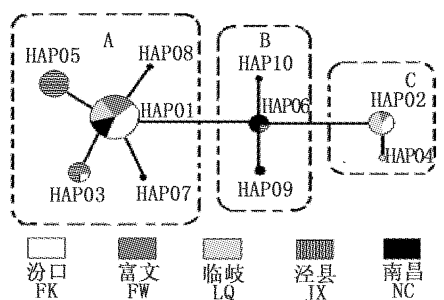


图 1 黄尾鲮种群的单倍型网络图

Fig. 1 Haplotype network of *Xenocypris davidi* in Qiantang River and Yangtze River basin

2.3 黄尾鲮群体间的遗传分化

遗传分化指数和遗传距离反映了各种群间

的分化情况(表 4)。千岛湖与长江群体间存在显著遗传分化(F_{st} 为 0.110 55 ~ 0.453 67),其中临歧和泾县群体间的分化指数最高(F_{st} = 0.453 67)。同时,千岛湖的群体间无分化(F_{st} 最大值为 0.066 05)以及长江的泾县和南昌群体间存在显著遗传分化(F_{st} = 0.399 93)。千岛湖内部汾口与富文(D_a = 0.002 14)、汾口与临歧(D_a = 0.003 05)、临歧与富文(D_a = 0.003 12)之间的遗传距离均小于长江水系的泾县与南昌群体(D_a = 0.003 21)。千岛湖和长江群体之间,临歧和泾县群体的遗传距离最高(D_a = 0.004 55)。

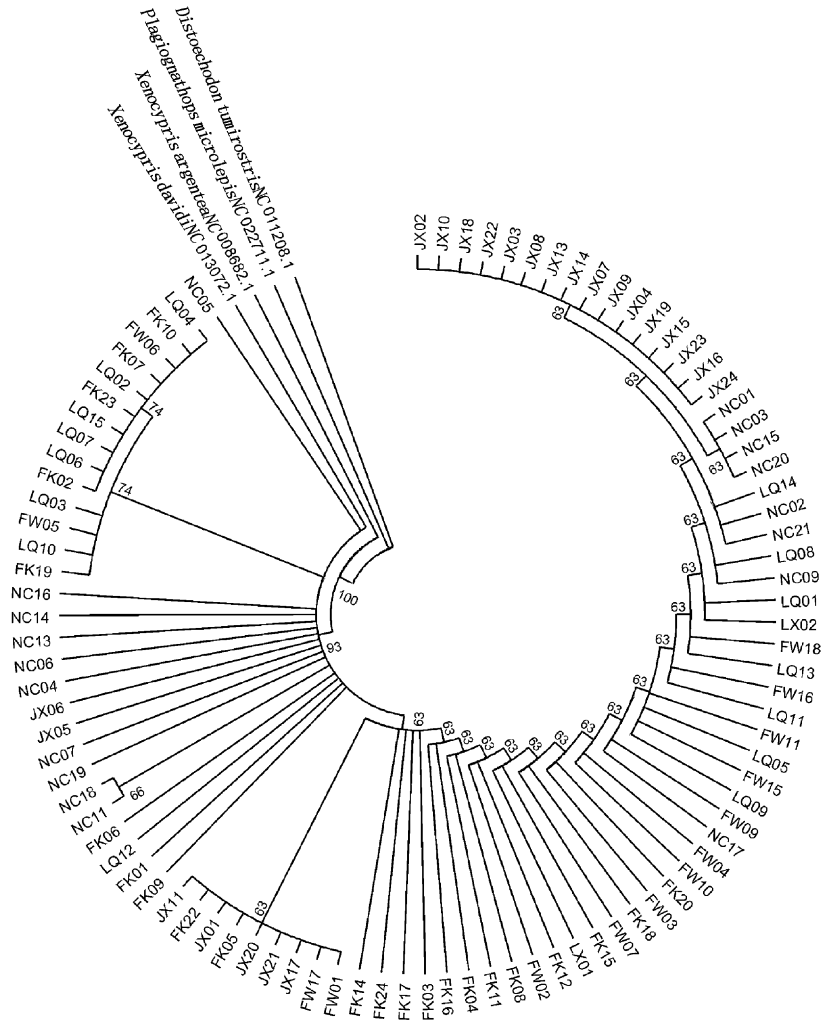


图 2 92 个黄尾鲴个体的 ML 树

Fig. 2 Polygenetic tree (ML) based on sequences of 92 samples of *Xenocypris davidi*

FK. 汾口; FW. 富文; LQ. 临歧; JX. 泾县; NC. 南昌。

表 4 黄尾鲴群体间遗传分化指数 F_{st} (对角线下方)、遗传距离 D_a (对角线上方) 和群体内遗传距离 (对角线)
Tab. 4 Fixation index (F_{st}) (below diagonal), pairwise genetic distance D_a (above diagonal) between pairwise populations and genetic distance within population (along diagonal) of *Xenocypris davidi*

	汾口 FK	富文 FW	临歧 LQ	泾县 JX	南昌 NC
汾口 FK	0.002 43	0.002 14	0.003 05	0.003 22	0.002 52
富文 FW	-0.039 72 ^{ns}	0.002 01	0.003 12	0.002 82	0.002 30
临歧 LQ	0.066 05 [*]	0.147 31 ^{ns}	0.003 3	0.004 55	0.003 38
泾县 JX	0.339 20 [*]	0.322 79 [*]	0.453 67 [*]	0.001 83	0.003 21
南昌 NC	0.110 55 [*]	0.118 05 [*]	0.216 86 [*]	0.399 93 [*]	0.002 04

注: ns 表示分化不显著, $P \geq 0.05$; * 表示显著分化, $0.01 < P < 0.05$; ** 表示极显著分化, $P \leq 0.01$ 。

Note: ns means no variation, $P \geq 0.05$; * means obvious variation, $0.01 < P < 0.05$; ** means extremely obvious variation, $P \leq 0.01$ 。

群体的 AMOVA 分析(表 5)显示:长江和钱塘江之间的变异占 9.39%,不同种群间的变异占 17.82%,来自群体内个体间的遗传变异占 72.79%;而对长江和钱塘江分别进行 AMOVA 分

析结果显示种群之间的变异主要是来源于长江水系中泾县和南昌群体(39.97%),钱塘江各群体间的变异较小(4.82%)。

表 5 黄尾鲮群体的 AMOVA 层次分析

Tab. 5 Analysis of molecular variance (AMOVA) among the populations of *Xenocypris davidi*

变异来源 source of variation	自由度 degree of freedom	平方和 sum of squares	变异组成 variance components	百分比/% percent of variation
(南昌 & 泾县)&(汾口 & 富文 & 临歧) (NC&JX)&(FK&FW&LQ)				
水系(组)间 among rivers	1	6.942	0.076 7	9.39
水系(组)内群体间 among populations	3	10.546	0.145 7	17.82
群体内 within population	87	52.372	0.595 1	72.79
总体 total	91	69.859	0.817 5	
南昌 & 泾县 NC&JX				
群体间 among populations	1	7.305	0.336 7	39.97
群体内 within population	39	19.720	0.505 6	60.03
总体 total	40	27.024	0.842 3	
汾口 & 富文 & 临歧 FK&FW&LQ				
群体间 among populations	2	3.185	0.033 5	4.82
群体内 within population	48	32.400	0.661 2	95.18
总体 total	50	35.585	0.694 7	

2.4 种群历史分析

为了解各群体种群历史,我们对 5 个群体进行核苷酸失配(mismatch)分析。结果(图 3)显

示,汾口、富文、临歧和泾县的黄尾鲮群体都大致表现为多峰分布,只有南昌群体表现为明显的单峰,暗示南昌群体曾经历过种群扩张。

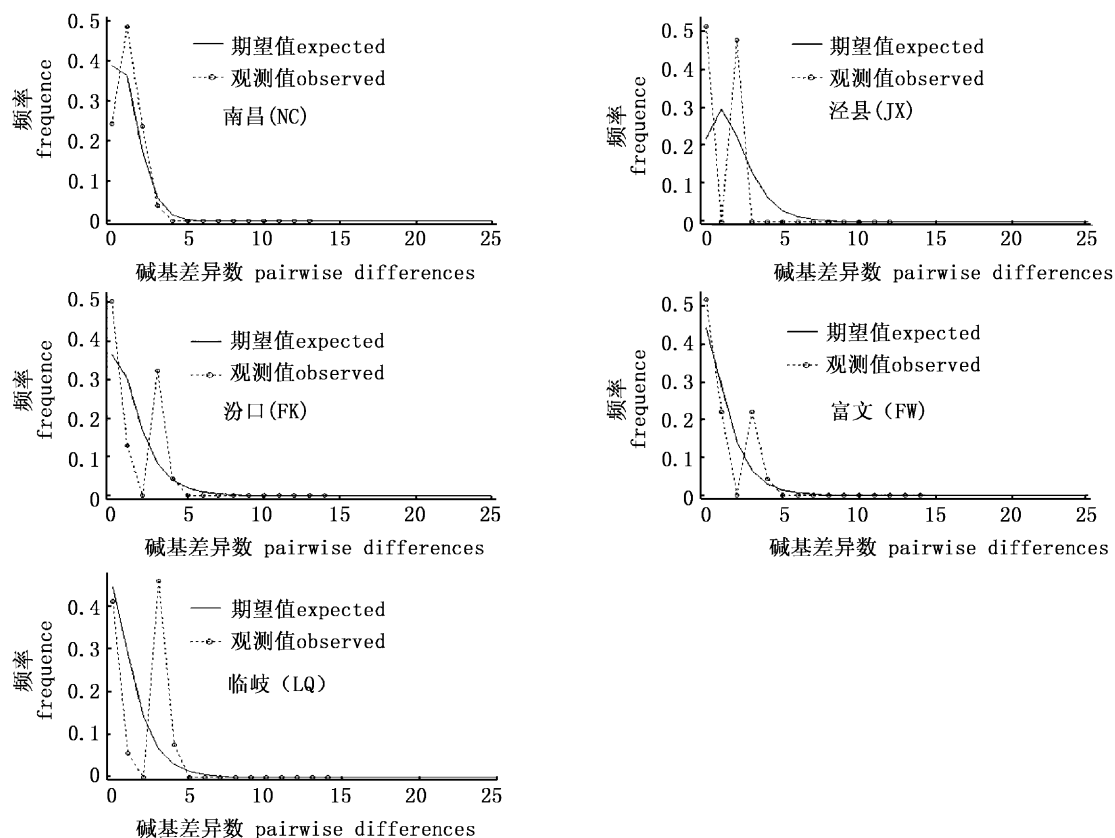


图 3 黄尾鲮 CO I 序列单倍型的核苷酸不配对分布

Fig. 3 Mismatch distribution based on mtDNA CO I sequences of five populations of *Xenocypris davidi*

虚线为观测值,实线为群体扩张模型下的预期分布。

Line of dashes showed observed value, black line showed expected value at the model of population expansion.

通过对 5 个群体进行 Tajima's D 检验,发现只有富文和南昌群体为负值,但不符合突变-漂变平衡($P > 0.05$),其他群体都是正值,不能排除中性假设。相对于 Tajima's D 检验, Fu's FS 检测更适用于种群层面的研究。通过 Fu's FS 检测发现只有南昌群体为显著的负值($P = 0.031$, $FS = -2.23615$),显著偏离突变-漂变平衡,而核酸失配分析也只有南昌群体呈现出明显的单峰,上述结果共同显示:黄尾鲴南昌群体在历史上可能发生过一次快速的种群扩张事件,种群表现为持续增长迹象。

3 讨论

3.1 黄尾鲴种群的单倍型间的进化网络关系

单倍型网络图(图 1)显示 A 谱系由来自钱塘江和长江的群体共同组成,而 B 谱系和 C 谱系则分别来自长江和钱塘江,为两江的特有谱系,显示出两条江之间具有一定的遗传格局。同时从单倍型网络图能够看出, A 谱系中来自长江水系的南昌群体与千岛湖 3 个群体之间有共享单倍型,该谱系的“混乱”现象提示长江水系和钱塘江水系间曾经有密切的联系。原因可能有自然水体流动(如洪涝灾害)或人类历史活动(如鱼类引种运输)等诸多因素。而钱塘江(主要是千岛湖)由两个互相不联系的谱系 A 和 C 构成, B 谱系介于两者之间,结合 AMOVA 分析的结果:种群之间的变异主要是来源于长江水系泾县和南昌群体(39.97%),钱塘江各群体间的变异较小(4.82%),进一步指示其扩散方向应该是由长江向钱塘江扩散。

3.2 种群间的遗传分化

F_{st} 是用来测量群体间遗传变异的重要指标^[13],本研究中遗传分化结果显示(表 4),千岛湖地区 3 个群体内部(富文群体、汾口群体和临歧群体)之间无显著分化,黄尾鲴其余地理种群之间的遗传分化均达到显著水平,对野生鱼类种群已有的研究报道也有类似现象,许桂菁等^[14]、丘城锋等^[15]、王培欣等^[16]、曾珍等^[17]分别对大眼华鳊(*Sinibrama macrops*)、美丽小条鳅(*Micronoemacheilus pulcher*)、叉尾斗鱼(*Macropodus opercularis*)和松江鲈鱼(*Trachidermus fasciatus*)的遗传结构进行分析,都一致发现野生群体(自然种群,不受人为干扰的

鱼类)不同地区存在地理差异且在遗传上发生显著分化。值得注意的是,泾县不仅与不同水系的钱塘江群体存在显著分化,其与同一水系的南昌群体也存在显著分化,这可能与泾县处于长江支流上游,与长江主流也较为隔离所致。长江中不同支流和江段物种存在显著分化也在宽鳍鱮^[18]、鲢^[19]和鳙^[20]等的研究中发现。另外,与南昌群体相比,泾县群体与千岛湖之间的分化值更大,推测由于泾县群体可能处于一个独立封闭的水系(上游是黄山山区),与千岛湖存在地理隔离,而且这样的地理屏障可能已经形成了足够长的时间,以至于成为泾县和千岛湖群体间有效基因交流的屏障,从而导致了基因上较大的遗传分化。

出于保护野生优良种质资源的目的,我们建议避免不同区域黄尾鲴种群相互发生二次接触基因交流,因为基因交流在某种程度上会阻碍群体间的遗传分化^[21]。但是为弥补千岛湖野生黄尾鲴资源的衰减,相关部门还是开展了人为引种、增殖放流活动,这是必须也是必要的。但在对于土著种黄尾鲴开展增殖放流时,应当尽可能采取本地种群育苗放流,同时对目前的种群按照其遗传谱系为单位进行保育,以保证该种的遗传资源得到更为有效的保护。根据我们开展的研究,对于该种的遗传资源现状有了一个基础的了解,但是由于采样条件和实验方法的限制,为了能够更为系统地了解该种的遗传多样性,从而达到保护该种遗传资源的目的,未来还应该在本研究的基础上对该种开展更大范围和深度的遗传多样性研究,以期能够更好地对该种的遗传现状进行评价。

参考文献:

- [1] 沈德长,程传国,艾亚辉. 套养黄尾鲴防除网箱附着物的试验[J]. 淡水渔业, 1981, 27(2): 26-33.
SHEN D C, CHENG C G, AI Y H. A test for in case of removing attachments on cages which were used to culture *Xenocypris davidi* [J]. Freshwater Fisheries, 1981, 27(2): 26-33.
- [2] 刘其根,汪建敏,何光喜,等. 千岛湖鱼类资源[M]. 上海:上海科学技术出版社, 2011.
LIU Q G, WANG J M, HE G X, et al. The fish resources of thousand-island lake[M]. Shanghai: Shanghai Science and Technology Press, 2011.
- [3] 张峻德,赵良杰,刘其根. 千岛湖细鳞鲴和黄尾鲴 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.
- ZHANG J D, ZHAO L J, LIU Q G. Primary study on comparison of population genetic structure between *Xenocypris microlepis* and *X. davidi* in Qiandao lake base on mitochondrial CO I gene[J]. Freshwater Fisheries, 2013, 43(5):3-7.
- [4] 罗仙池, 徐如卫, 吴振兴. 新安江水库黄尾密鲴资源增殖技术的研究[J]. 浙江水产学院学报, 1997, 16(1):19-21.
- LUO X C, XU R W, WU Z X. A basic study on aquaculture technical of the resources of *Xenocypris davidi* bleeker in Xinanjiang reservoir [J]. Journal of Zhejiang College of Fisheries, 1997, 16(1):19-21.
- [5] 冯晓宇, 杨仲景, 李行先, 等. 黄尾密鲴人工繁殖及鱼苗培育[J]. 杭州农业科技, 2005(s1):86-88.
- FENG X Y, YANG Z J, LI X X, et al. Artificial breeding and fish breeding of *Xenocypris davidi* [J]. Hangzhou Agricultural Science and Technology, 2005(s1):86-88.
- [6] 周远全, 胡四清, 杜茂盛. 细鳞斜颌鲴和黄尾密鲴在我区水库移植与推广[J]. 湖南水产, 1986, 34(6):40-41.
- ZHOU Y Q, HU S Q, DU M S. Transplantation and promotion of *Xenocypris microlepis* and *X. Davidi* in some reservoirs[J]. Hunan Fisheries, 1986, 34(6):40-41.
- [7] 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.
- CHEN Y Y. China Fauna Sinica: Osteichthyes, Cypriniformes (Middle) [M]. Beijing: Science and Technology Press, 1998.
- [8] 曲宪成, 张勇, 刘其根, 等. 千岛湖细鳞鲴种群线粒体 CO I 基因变异及遗传分化研究[J]. 湖南农业科学, 2011, 18(15):150-153.
- QU X C, ZHANG Y, LIU Q G, et al. Gene mutation and genetic differentiation of mitochondrial CO I in *Xenocypris microlepis* in Qiandao Lake [J]. Hunan Agricultural Sciences, 2011, 18(15):150-153.
- [9] TAMURA K, PETERSON D, PETERSON N, et al. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods[J]. Molecular Biology and Evolution, 2011, 28(10):2731-2739.
- [10] LIBRADO P, ROZAS J. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data [J]. Bioinformatics, 2009, 25(11):1451-1452.
- [11] EXCOFFIER L, LAVAL G, SCHNEIDER S. Arlequin (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis [J]. Evolutionary Bioinformatics Online, 2005(1):47-50.
- [12] BANDELT H, FORSTER P, R H L A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies [J]. Molecular Biology and Evolution, 1999, 16(1):37-48.
- [13] WRIGHE S. The genetical structure of populations [J]. Annals of Eugenics, 1949, 15(1):323-354.
- [14] 许桂菁, 蔡昆展, 邵广昭, 等. 大眼华鳊亲缘地理与族群遗传结构之研究[J]. 生物学报, 2005, 40(2):58-67.
- XU G J, CAI K Z, SHAO G Z, et al. Study of Phylogeography and genetic structure of *Sinibrama Macrops* (Teleostei: Cyprinidae) [J]. Biological Sinica, 2005, 40(2):58-67.
- [15] 丘城锋, 林岳光, 庆宁, 等. 华南西部及海南岛美丽小条鳅种群遗传变异与亲缘地理[J]. 动物学报, 2008, 54(5):805-813.
- QIU C F, LIN Y G, QING N, et al. Genetic variation and phylogeography of *Micronoemacheilus pulcher* populations among drainage systems between western South China and Hainan Island[J]. Acta Zoologica Sinica, 2008, 54(5):805-813.
- [16] 王培欣, 白俊杰, 胡隐昌, 等. 叉尾斗鱼种群遗传变异与亲缘地理[J]. 生态学报, 2011, 31(2):441-448.
- WANG P X, BAI J J, HU Y C, et al. Population genetic variations and phylogeography of *Macropodus opercularis* [J]. Acta Ecologica Sinica, 2011, 31(2):441-448.
- [17] 曾珍, 刘至治, 潘连德, 等. 松江鲈鱼野生群体遗传多样性的 RAPD 分析和 SCAR 标记的转化[J]. 动物学研究, 2012, 33(2):203-210.
- ZENG Z, LIU Z Z, PAN L D, et al. Analysis of genetic diversity in wild populations of *Trachidermus fasciatus* by RAPD and the transformation of two SCAR markers [J]. Zoologica Research, 2012, 33(2):203-210.
- [18] JOHANSSON F. 华南长江和西江流域鲤科宽鳍鱮和馬口鱼不同线粒体 DNA 谱系之间的体形分化[J]. 动物学报, 2006, 52(5):948-953.
- JOHANSSON F. Body shape differentiation among mitochondrial DNA lineages of *Zacco platypus* and *Opsariichthys bidens* (Cyprinidae) from the Changjiang and Xijiang river drainage areas in southern China [J]. Acta Zoologica Sinica, 2006, 52(5):948-953.
- [19] 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.
- WANG C Z, LIANG H W, ZOU G W, et al. Genetic variation analysis of two silver carp populations in the middle and upper Yangtze River by microsatellite [J]. Hereditas (Beijing), 2008, 30(10):1341-1348.
- [20] 李思发, 吕国庆, L. 贝纳切兹. 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, 1998, 44(1):82-93.
- LI S F, LU G Q, BERNATCHEZ L. Diversity of Mitochondrial DNA in the populations of *Silver carp*, *Bighead carp*, *Grass carp* and *Black carp* in the middle-and lower reaches of the Yangtze river [J]. Acta Zoologica Sinica, 1998, 44(1):82-93.
- [21] 黄原. 分子系统学-原理, 方法及应用[M]. 北京: 中国

农业出版社,1998.

HUANG Y. The principal, method and application of

molecular systematics [M]. Beijing: China Agricultural Press,1998.

Genetic variation analysis of *Xenocypris davidi* populations from Qiandao Lake and Yangtze River

ZHANG Hong¹, ZHAO Liangjie¹, HU Zhongjun^{1,2}, LIU Jun¹, LIU Qigen^{1,2}

(1. Key Laboratory of Aquatic Genetic Resources and Utilization, Ministry of Agriculture, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China; 2. Shanghai University Knowledge Service Platform, Shanghai Ocean University Aquatic Animal Breeding Center, Shanghai 201306, China)

Abstract: To know the genetic variation and relationship of *Xenocypris davidi* populations between Qiandao Lake and Yangtze River, we analyzed mitochondrial CO I sequences of *Xenocypris davidi* of five geographic populations at Qiandao Lake (Fenkou County, Fuwen County and Linqi County of Zhejiang Province) and the other areas (Jingxian County of Anhui Province and Nanchang County of Jiangxi Province) to detect their genetic structure and genetic variation. 10 variation sites were observed and 10 haplotypes were defined in 92 samples sequences. In the network of sequences haplotypes of *Xenocypris davidi*, the distribution pattern of haplotypes presented a certain degree of corresponding relationship to geographic pattern. Analysis of fixation index (F_{st}) showed that there were obvious variation between Yangtze River and Qiantang River (0.110 55 – 0.453 67), and no variations was detected in populations of Qiandao Lake ($F_{st} \leq 0.066 05$), and the variation between Yangtze River's Jingxian and Nanchang was very high ($F_{st} = 0.399 93$). Genetic distance between each two populations indicated that three populations in Qiandao Lake had close relationship, however, Jingxian County displayed highest variation with others. Both Neutrality test and Mismatch distributions of all populations indicated that population outbreak and population expansion may have occurred in Nanchang population in history, while other populations showed no obvious population expansion.

Key words: *Xenocypris davidi*; mtDNA CO I; genetic diversity; population genetic