

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2008.01459

黑龙江水系不同倍性鲫鱼的遗传多样性

贾智英¹, 石连玉¹, 刘晓峰², 孙效文¹

1. 中国水产科学研究院黑龙江水产研究所, 哈尔滨 150070;
2. 大连水产学院生命科学与技术学院, 大连 116023

摘要: 利用 12 对微卫星标记对黑龙江水系 6 个野生鲫鱼不同倍性群体进行遗传结构分析。结果表明: 6 个采集群体的平均等位基因数为 5.8~6.8, 平均有效等位基因数为 2.8~4.6, 平均期望杂合度为 0.5592~0.6962, 平均多态信息含量为 0.5962~0.6481, 说明这几个群体遗传多样性水平较高。根据 d 值, 各群体均有不同程度的偏离 Hardy-Weinberg 平衡的现象, 均表现为杂合度过度。Kruskal-Wallis 检验表明两种倍性、6 个采集群体鲫鱼遗传多样性差异不显著, 没有发现三倍体鲫由于倍性增加而出现额外的等位基因片段。群体间基因分化系数(G_{ST})为 0.0398, 表明群体间存在轻度遗传分化。聚类分析表明, 同水体两种鲫鱼亲缘关系最近, 不同采集群体间松花江与乌苏里江分化最小, 月亮湾与新荒泡其次, 双凤水库群体分化最大。

关键词: 鲫鱼; 遗传多样性; 微卫星标记

The genetic diversity of diploid and triploid crucian carp from six populations in Heilongjiang River System

JIA Zhi-Ying¹, SHI Lian-Yu¹, LIU Xiao-Feng², SUN Xiao-Wen¹

1. Heilongjiang River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fisheries Science, Harbin 150070, China;
2. Life Science and Technology, Dalian Fishery University, Dalian 116023, China

Abstract: Twelve microsatellite markers from silver crucian carp were used to investigate the genetic structuring of the diploid and triploid crucian carp from six natural populations in Heilongjiang River System. In the six populations, the number of average allele (A) is from 5.8 to 6.8, the number of effective allele (N_e) is from 2.8 to 4.6, the expected heterozygosity value (H_e) is from 0.5592 to 0.6962 and the average PIC value is from 0.5962 to 0.648, which indicated that the genetic diversity of the populations investigated is rich. According to genetic deviation index (d), deviation from Hardy-Weinberg equilibrium was found in these populations and all of them showed heterozygosity excess. Kruskal-Wallis test indicated that there was no significant variance in different ploid level and populations. No extra alleles that present with the increase of ploid level were found. The coefficient of gene differentiation between populations(G_{ST}) was 0.0398 which indicated low values of genetic differentiation between these populations. Genetic distance was calculated and cluster analysis was also carried out. The results showed that distance between polyploid and diploid in same water was the nearest. Among populations, Songhua River and Ussuri River were the nearest, Xinhuangpao Lake and Moon Bay Lake were nearer, and Shuangfeng reservoir has the largest genetic distance with others.

Keywords: crucian carp; genetic diversity; microsatellite marker

收稿日期: 2008-03-06; 修回日期: 2008-06-16

基金项目: 国家自然科学基金项目(编号: 30271010)资助[Supported by the National Natural Sciences Foundation of China(No.30271010)]

作者简介: 贾智英(1976-), 女, 山东烟台人, 助理研究员, 博士, 研究方向: 水产动物遗传育种。E-mail: xiaojiade_41@163.com

通讯作者: 孙效文(1955-), 男, 吉林人, 研究员, 博士生导师, 研究方向: 水产动物生物技术与遗传育种。Tel: 0451-84862646; E-mail: sunxw2002@163.com

黑龙江水系的鲫鱼包括两个亚种, 银鲫 (*Carassius auratus gibelio*) 和鲫 (*Carassius auratus* L.), 前者是行天然雌核发育的三倍体种群, 体细胞染色体数为 156 或 162, 后者染色体数为 100, 行两性融合生殖^[1]。银鲫生长速度比普通鲫鱼快, 由它所培育出的异育银鲫在全国各地得到广泛养殖, 而方正县双凤水库的银鲫即方正银鲫在 20 世纪 90 年代被全国原、良种审定委员会认定为原种。多倍体鱼类的起源也是遗传学家和分子进化学家研究的热点, 所以银鲫既是我国名优鱼类, 又是研究多倍体鱼类起源、进化的极好的材料。在自然水体中, 银鲫与普通鲫形态相似, 常在同一水体中混生, 外表上难以区分, 因而对同水体两种鲫鱼遗传多样性研究显得尤为重要^[2]。目前对黑龙江水系同水体、不同水体及不同倍性鲫鱼进行遗传多样性研究较少^[3], 因此利用分子遗传标记技术进行黑龙江水系鲫鱼遗传多样性研究十分必要。

微卫星分子标记是一种共显性分子标记, 多态

性高, 重复性强, 是目前在遗传图谱构建、QTL 定位、亲子鉴定和群体遗传结构分析等方面应用最广泛的分子标记之一。本研究采用微卫星标记技术对黑龙江水系六个地理群体不同倍性鲫鱼进行遗传多样性研究, 以期对黑龙江水系鲫鱼种质资源保护和利用及揭示银鲫起源和进化机制提供遗传学理论根据。

1 材料和方法

1.1 样品的采集与倍性检测

主要采集了 6 个地理种群, 分别为黑龙江省方正县双凤水库、呼伦湖、乌苏里江抓吉江段、松花江哈尔滨江段、嫩江新荒泡和月亮湾两个支流。前 3 组是通过多次撒网捕捞获得, 后 3 组是靠渔家在多个地点捕捞得到, 剪取尾鳍, 保存于 75% 酒精中。采用 Cell Lab Quanta™ SC 流式细胞仪(美国 Beckman 公司)进行倍性检测, 采样时间和数量见表 1。

表1 样本采集时间和数目

Table 1 Collecting time and number of samples

群体 Population	时间 Time	数量 Number	倍性 Ploidy	
			二倍体 Diploid	三倍体 Triploid
双凤水库 Shuangfeng Reservoir	2005.10	55	12	43
呼伦湖 Hulun Lake	2005.12	35	6	29
松花江 Songhua River	2006.5	59	38	21
乌苏里江 Ussuri River	2006.5	58	35	23
新荒泡 Xinhuangpao Lake	2006.7	22	4	18
月亮湾 Moon Bay Lake	2006.7	30	3	27

1.2 DNA 提取

DNA 提取方法仍采取传统酚/氯仿的方法, 具体操作方法见文献[4]。

1.3 多态性微卫星引物与产物检测

实验共采用 12 对银鲫微卫星引物进行群体遗传多样性研究, 分别为 J4, J9, J12, J58, J69, HLJY-016, HLJY-018, HLJY-019, HLJY-025, HLJY-030, HLJY-034, HLJY-035, 具体引物信息见参考文献[5, 6]。

PCR 扩增体系为 25 μ L, 其中模板 DNA 50 ng, PCR buffer 18 μ L (10 mmol/L Tris-Cl (pH 8.3), 50 mmol/L KCl, 1.5 mmol/L MgCl₂, 0.001% 明胶, 0.1% Tween-100, dATP、dGTP、dTTP、dCTP 各 2 mmol/L), 引物为 0.2 mmol/L, Taq 酶为 1 U, 加无菌去离子水补足 25 μ L。扩增产物采用 5% 聚丙烯酰胺凝胶电泳进行检测分析。

1.4 数据统计方法

本研究计算了 6 个自然采样区鲫鱼群体在 12 个微卫星位点上的平均等位基因数 (Average number of allele, A)、平均有效等位基因数 (Average number of effective allele, N_e)、平均观测杂合度 (Average observed heterozygosity, H_o)、平均期望杂合度 (Average expected heterozygosity, H_e)。同时计算了各群体在各个位点的 Hardy-Weinberg 遗传偏离指数 (Genetic deviation index, d)。为了研究群体间的遗传变异水平, 计算了各群体间的遗传一致度系数 (Genetic identity index, I)、遗传距离 (Genetic distance, D)、基因分化系数 (Gene differentiation, G_{ST})^[7] 公式如下:

$$\text{平均等位基因数: } A = (1/n) \sum \chi_i;$$

$$\text{平均有效等位基因数: } N_e = 1 / \sum f_i^2;$$

平均观测杂合度: $H_o = \text{杂合子个体观测数} / \text{观察个体总数}$;

平均期望杂合度: $H_e = 1 - \sum f_i^2$;

多态信息含量: $PIC = 1 - \sum f_i^2 - \sum \sum f_i^2 f_j^2$;

Hardy-Weinberg 遗传偏离指数: $d = (H_o - H_e) / H_e$;

遗传一致度系数: $I = Sp_i q_i / (\sum p_i^2 \sum q_i^2)^{1/2}$;

遗传距离: $D = -\ln I$;

基因分化系数: $G_{ST} = (H_T - H_S) / H_T$ 。

式中 χ_i 表示第 i 个位点的等位基因数, f_i 表示某一位点第 i 个等位基因的频率, $j=i+1$ 。 n 为位点数, H_T 为各群体总平均遗传多样性, H_S 为各群体内平均遗传多样性。 p_i 和 q_i 分别表示某一座位在两群体中第 i 个等位基因的频率。

采用 SPSS 12.0 软件对不同倍性和群体杂合度期望值(H_e)进行 Kruskal-Wallis 检验, 比较遗传多样性的差异。再以 UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic means, 类平均法)算法进行聚类分析。

2 结果与分析

2.1 倍性检测结果

利用流式细胞仪检测不同倍性鲫鱼 DNA 含量(图 1), 二倍体鲫鱼细胞 DNA 相对含量为 200, 三倍体为 300, 三倍体鲫鱼 DNA 含量是二倍体鲫的 1.5 倍。本研究中不同群体内二倍体、三倍体鲫鱼具体数量见表 1。

2.2 PCR 扩增结果

本研究采用 12 对银鲫微卫星引物对我国黑龙

江水系 6 个水体多倍体和二倍体鲫进行了遗传变异分析, 这些引物在所研究的二倍体鲫群体中都能稳定重复地扩增出相应的序列, 引物通用性达 100%。在所有群体中未发现三倍体鲫由于倍性增加而出现额外的等位基因片段, 因而从微卫星位点上很难鉴别倍性。

2.3 遗传多样性结果及分析

反映 6 个鲫群体遗传多样性的 A 、 N_e 、 H_o 、 H_e 、 d 和 PIC 值的计算结果见表 2 和表 3。

每个位点得到的等位基因数为 2.3~12.8, 各群体等位基因数为 5.8~6.8 个; 每个位点有效等位基因数为 1.3~8.2, 各群体有效等位基因数为 2.8~4.6。月亮湾与新荒泡群体中三倍体和二倍体等位基因数和有效等位基因数差异较大, 这两个水体采集的二倍体数分别为 3、4, 因而可能与采集样本数有关。12 对微卫星标记在 6 个采集群体中均表现为多态, 按 Botstein 等首先提出了衡量基因变异程度高低的多态信息含量指标, 除引物 J4 为低度多态、HLJY-016 中度多态外, 其余 10 对引物在群体间和群体内均表现为高度多态性, 而 6 个群体的 PIC 均表现为高度多态(表 2 和表 3)。

在 6 个群体中新荒泡鲫鱼遗传多样性最高($H_e=0.6915$, $PIC=0.6481$), 其次为乌苏里江、月亮湾、双凤水库、呼伦湖, 而松花江最低。各位点和群体的平均期望杂合度分别为 0.1896~0.8778 和 0.5592~0.6962, 各采集群体的 H_o 值均大于 H_e 。对同水体两种鲫鱼和 6 个采集群体分别在 12 个微卫星位点进行无偏倚杂合度期望值(H_e)的 Kruskal-Wallis

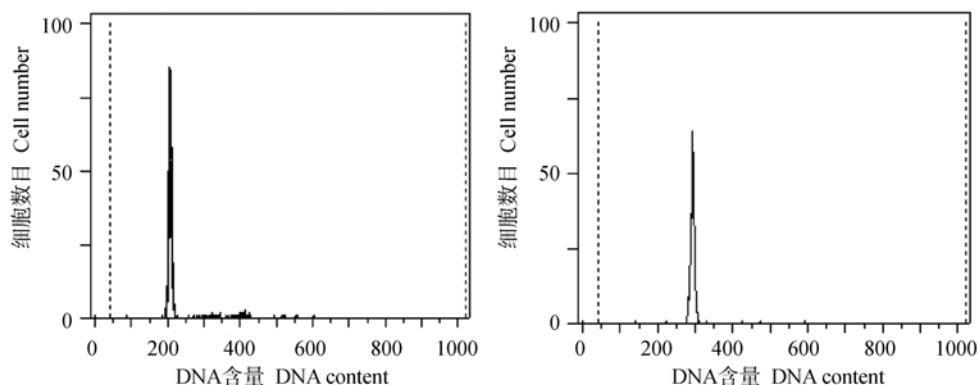


图 1 流式细胞仪测定 DNA 相对含量图

A: 二倍体鲫; B: 三倍体银鲫。

Fig. 1 Histogram picture of nuclear DNA content of the crucian carp taken by flow cytometry

A: Diploid; B: Triploid.

表 2 6 个鲫鱼群体在 12 个微卫星位点的遗传多态性

Table 2 Allelic variability for six populations at twelve microsatellite loci

位点 Locus	平均等位基因数 <i>A</i>	有效等位基因数 <i>Ne</i>	观测杂合度 <i>Ho</i>	期望杂合度 <i>He</i>	遗传偏离指数 <i>d</i>	多态信息含量 <i>PIC</i>
J4	3.2	1.3	0.2791	0.1896	0.4718	0.1655
J9	8.0	5.0	0.8288	0.7839	0.0573	0.7570
J12	7.8	4.9	0.9245	0.7889	0.1720	0.7573
J58	8.3	5.1	0.9909	0.7790	0.2720	0.7451
J69	6.0	3.9	0.9951	0.7410	0.3428	0.6947
HLJY-018	12.8	8.2	0.9769	0.8778	0.1128	0.8658
HLJY-016	2.3	2.0	0.8510	0.4935	0.7242	0.3686
HLJY-025	4.8	3.0	0.8476	0.6696	0.2658	0.6168
HLJY-030	7.2	5.3	0.9933	0.7970	0.2464	0.7660
HLJY-034	5.0	3.1	0.9482	0.6654	0.4249	0.6059
HLJY-019	4.8	3.0	0.9479	0.6467	0.4657	0.5765
HLJY-035	5.5	2.6	0.9758	0.6069	0.6078	0.5269

表 3 6 个鲫鱼群体的遗传多样性参数

Table 3 Genetic diversity of six crucian carp populations

参数 Parameter	倍性 Ploidy	6 个鲫鱼群体 Six crucian carp populations					
		新荒泡 Xinhuangpao Lake	月亮湾 Moon Bay Lake	乌苏里江 Ussuri River	双凤水库 Shuangfeng reservoir	呼伦湖 Hulun Lake	松花江 Songhua River
平均等位基因数 <i>A</i>	2n	3.6667	3.3333	6.0000	5.4167	4.0833	6.1667
	3n	6.5833	6.2500	6.1667	4.7500	5.7500	4.8333
	total	6.8333	6.5000	6.5833	5.7500	5.7500	6.4167
有效等位基因数 <i>Ne</i>	2n	2.7840	2.8201	4.0231	3.5021	3.2779	3.6299
	3n	4.5753	4.0366	4.1946	3.3264	3.5394	3.4951
	total	4.3942	4.0779	4.2072	3.5464	3.6178	3.8420
观测杂合度 <i>Ho</i>	2n	0.8333	0.7222	0.8899	0.9444	0.8056	0.8389
	3n	0.8889	0.8654	0.8636	0.9823	0.8631	0.8667
	total	0.8788	0.8506	0.8750	0.9722	0.8529	0.8500
期望杂合度 <i>He</i>	2n	0.5769	0.5592	0.6817	0.6664	0.6124	0.6466
	3n	0.6962	0.6706	0.6827	0.6479	0.6570	0.6219
	total	0.6915	0.6713	0.6868	0.6652	0.6563	0.6485
遗传偏离指数 <i>d</i>	2n	0.4444	0.2914	0.3054	0.4173	0.3155	0.2973
	3n	0.2767	0.2905	0.2650	0.5162	0.3136	0.3937
	total	0.2708	0.2670	0.2741	0.4616	0.2995	0.3106
多态信息含量 <i>PIC</i>	2n	0.5355	0.5035	0.6331	0.6017	0.5605	0.5928
	3n	0.6552	0.6274	0.6394	0.5725	0.6120	0.5638
	total	0.6481	0.6285	0.6413	0.5973	0.6115	0.5962

检验, 差异均不显著($H=17.4901$, $d_f=5$, $P>0.05$; $H=11.6364$, $d_f=11$, $P>0.05$)。

根据 d 值, 不同水体及不同倍性群体均有不同程度的偏离 Hardy-Weinberg 平衡的现象, 表现为杂合度过度, 其中月亮湾种群偏离 Hardy-Weinberg 平衡最小, 双凤水库最大。对各位点进行多群体检测 (Multi-group test) 发现, 在 12 个多态位点中 6 个采集群体也不同程度的偏离 Hardy-Weinberg 平衡, J9 位点偏离程度较低。

2.4 群体遗传分化

根据 Nei^[8] 计算了 6 个群体及多倍体与二倍体的

遗传距离(D)和遗传一致度(I), 在各群体多倍体与二倍体中遗传一致度均大于 0.5, 遗传距离均小于 0.5。其中乌苏里江多倍体与二倍体群体的遗传距离最近(D 为 0.0300), 而遗传一致度最高(I 为 0.9704); 双凤二倍体群体和松花江三倍体群体的遗传距离最远(D 为 0.4695), 而遗传一致度最低(I 为 0.6253)。在 6 个采集群体中, 月亮湾与新荒泡遗传一致度最高(I 为 0.9395), 双凤水库与松花江最低(D 为 0.7040), 见表 4 和表 5。

根据群体间及群体内多倍体与二倍体之间的遗传距离, 使用 MEGA4.0 软件, 采用 UPGMA 法分别对它们进行聚类分析, 如图 2 所示。结果表明, 除月

表 4 不同倍性鲫鱼群体遗传一致度与遗传距离
Table 4 Genetic identity (*I*) and distance (*D*) in different ploidy populations

群体 Population	倍性 Ploidy	新荒泡 Xinhuangpao Lake		月亮湾 Moon Bay Lake		乌苏里江 Ussuri River		双凤水库 Shuangfeng resevoir		呼伦湖 Hulun Lake		松花江 Songhua River	
		2N	3N	2N	3N	2N	3N	2N	3N	2N	3N	2N	3N
新荒泡 Xinhuangpao Lake	2n	–	0.1571	0.2836	0.1995	0.2570	0.2894	0.3076	0.3299	0.2612	0.2316	0.3388	0.3728
	3n	0.8546	–	0.1816	0.0654	0.1248	0.1330	0.2717	0.2199	0.1717	0.1421	0.2002	0.2370
月亮湾 Moon Bay Lake	2n	0.7531	0.8339	–	0.1776	0.2178	0.1966	0.3942	0.3268	0.2510	0.2545	0.2241	0.2914
	3n	0.8191	0.9367	0.8373	–	0.1336	0.1413	0.2976	0.2548	0.1575	0.1248	0.1971	0.2391
乌苏里江 Ussuri River	2n	0.7734	0.8827	0.8043	0.8749	–	0.0300	0.3057	0.2347	0.1290	0.0997	0.1099	0.1397
	3n	0.7487	0.8755	0.8215	0.8682	0.9704	–	0.2996	0.2564	0.1192	0.0973	0.1056	0.1493
双凤水库 Shuangfeng resevoir	2n	0.7352	0.7621	0.6742	0.7426	0.7366	0.7411	–	0.0963	0.4263	0.3594	0.4042	0.4695
	3n	0.7190	0.8026	0.7212	0.7751	0.7908	0.7738	0.9082	–	0.3238	0.2727	0.3597	0.3852
呼伦湖 Hulun Lake	2n	0.7701	0.8422	0.7780	0.8543	0.8790	0.8876	0.6529	0.7234	–	0.0682	0.1926	0.2170
	3n	0.7933	0.8675	0.7753	0.8827	0.9051	0.9073	0.6981	0.7613	0.9341	–	0.1519	0.1837
松花江 Songhua River	2n	0.7126	0.8186	0.7992	0.8211	0.8959	0.8998	0.6675	0.6979	0.8248	0.8591	–	0.0692
	3n	0.6888	0.7890	0.7472	0.7873	0.8696	0.8613	0.6253	0.6803	0.8049	0.8322	0.9331	–

注：对角线以上为遗传距离，对角线以下为相似性指数。
Notes: Numbers above the diagonal are genetic distance and numbers below are genetic identity.

表 5 6 个采集群体的遗传一致度与遗传距离

Table 5 Genetic identity (*I*) and distance (*D*) in six populations collected

	新荒泡 Xinhuangpao Lake	月亮湾 Moon Bay Lake	乌苏里江 Ussuri River	双凤水库 Shuangfeng reservoir	呼伦湖 Hulun Lake	松花江 Songhua River
新荒泡 Xinhuangpao Lake	—	0.0624	0.1245	0.2087	0.1309	0.2011
月亮湾 Moon Bay Lake	0.9395	—	0.1207	0.2394	0.1172	0.1848
乌苏里江 Ussuri River	0.8829	0.8863	—	0.2388	0.0860	0.0988
双凤水库 Shuangfeng reservoir	0.8116	0.7871	0.7915	—	0.2765	0.3510
呼伦湖 Hulun Lake	0.8773	0.8894	0.9176	0.7584	—	0.1451
松花江 Songhua River	0.8178	0.8313	0.9059	0.7040	0.8649	—

注：对角线以上为遗传距离，对角线以下为相似性指数。

Notes: Numbers above the diagonal are genetic distance and numbers below are genetic identity.

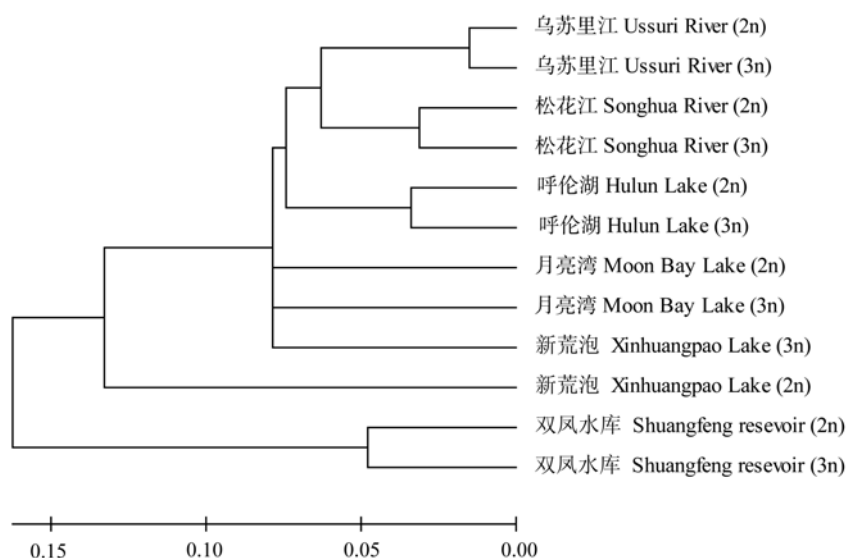


图 2 群体的 UPGMA 分子系统树

Fig.2 UPGMA molecular trees of populations

亮湾和新荒泡两个水体多倍体和二倍体各聚为一支外，其余水体多倍体与二倍体聚为一类；以采集群体为单位，首先乌苏里江与松花江聚为一类，其次为呼伦湖，然后新荒泡与月亮湾聚为一支，双凤水库构成最外支。同时计算出 6 个采集群体的基因分化系数(G_{ST})为 0.0398。

3 讨论

3.1 群体遗传结构

有关用微卫星标记研究我国北方三倍体与二倍体鲫栖息同水体遗传多样性的报道较少。 PIC 、 N_e 、 H_o 和 H_e 等都是反映群体遗传多样性的度量，

其数值越大，说明基因丰富度越高。从研究结果看，同水体二倍体与多倍体两种鲫鱼遗传结构相似性高，群体遗传多样性丰富。 N_e 、 H_o 和 H_e 所测值分别为 3.5~4.3、0.8500~0.9722 和 0.6485~0.6962，其中乌苏里江与松花江 N_e 、 H_o 和 H_e 最高，新荒泡和月亮湾 N_e 、 H_o 和 H_e 最低。新荒泡和月亮湾多倍体比例高，因而其遗传多样性丰富程度与水体类型和多倍体所占比例有关。鲁翠云等^[3]报道了双龙水库平均杂合度值 0.5885~0.6091，比本实验结果偏低，这可能与不同电泳检测方法有关。鲁双庆等^[9]报道四种鲫鱼的平均遗传杂合度值为 0.607~0.721，与本研究结果相吻合。DeWoody

等^[10]统计了 78 个物种的 524 个微卫星近 40 000 个个体数据后, 得出淡水鱼类 $He=0.46$, $A=7.5$ 相比, 这几个鲫鱼种群的 He 偏高而 Ne 偏低, 结合 Hardy-Weinberg 平衡偏离现象检测结果推测, 这可能与其本身生殖机制和起源方式有关。Kruskal-Wallis 检验表明群体内两种倍性鲫鱼和各采集群体间的遗传多样性差异不显著, 说明它们之间虽然有差异, 但并没有达到统计上的显著水平。

群体间的遗传距离是遗传变异的尺度, 遗传距离越小, 预示着彼此间亲缘关系越近。本实验从群体内不同倍性间与群体间遗传相似性指数、遗传距离及聚类分析表明, 群体内两种鲫间亲缘关系最近, 其次为群体间的关系。基因分化系数(G_{ST})是测定群体遗传分化的主要参数, 一般情况下, G_{ST} 为 0 ~ 0.05 时, 表明群体之间有轻度的遗传分化; G_{ST} 为 0.05 ~ 0.15 时, 各群体之间有中度遗传分化; G_{ST} 为 0.15 ~ 0.25 时, 表明各群体之间存在较大的遗传分化; G_{ST} 大于 0.25 时, 表明各群体之间存在很大的遗传分化^[11]。在本研究中, 6 个采集群体的基因分化系数(G_{ST})为 0.0398, 说明总的遗传变异中绝大部分来自群体内, 群体间体现出的遗传分化程度较低。

3.2 二倍体与多倍体关系及多倍体起源问题

多倍体生物主要有两种起源——同源多倍化和异源多倍化, 两者染色体数均增加, 但前者基因组遗传物质主要来自于一种生物, 生物遗传多样性没有变化; 后者遗传物质来源于两种生物, 生物遗传多样性增加。PCR 扩增结果没有在所采集的群体中检测到因银鲫的倍性增加而在杂合性位点上出现等位 DNA 片段增加的现象, 从杂合性位点的电泳图上无法使之与普通鲫分开, 这与李因传的研究结果相一致^[12]; Kruskal-Wallis 检测结果也说明不同群体内两种鱼的遗传多样性没有显著差异。根据引物的高通用性和两种鲫之间较高的遗传相似性可以初步推断多倍体银鲫极有可能先经过二倍体鲫异源多倍化再同源加倍而来, 但还需要进一步深入研究来证实这种推断。总之, 两种鲫在同水体与不同水体遗传结构与遗传多样性的研究对阐明银鲫起源和进化等长期没有解决的问题会起到一定的作用, 同时为以黑龙江水系鲫鱼群体开展种质资源保护和利用提供理论依据。

参考文献(References):

- [1] SHEN Jun-Bao, LIU Ming-Hua, FAN Zhao-Ting. Silver crucian carp (*Carassius auratus gibelio* (Bloch)) in Heilongjiang Province, China. Harbin: The Scientific and Technological Press of Heilongjiang, 1997.
- [2] SHEN Jun-Bao, WANG Guo-Rui, FAN Zhao-Ting. The ploidy of crucian carp and its geographical distribution in Heilongjiang main river. *Journal of Fisheries of China*, 1983, 7(2): 87–94.
- [3] LU Cui-Yun, YANG Yan-Hao, TONG Guang-Xiang, HAO Jun, SUN Xiao-Wen, LIANG Li-Qun, LEI Qing-Quan. Comparative studies of genetic diversity between *C. auratus gibelio* (Bloch) and *C. auratus auratus* (L.) in the same reservoir. *Chinese Journal of Fisheries*, 2006, 19(2): 42–50.
- [4] LIANG Li-Qun, SUN Xiao-Wen, WANG Peng, YAN Xue-Chun, SHEN Jun-Bao. The research on the DNA extraction from the fish finny. *Biotechnology*, 1994, 4(1): 45–46.
- [5] Jia ZY, Sun XW, Liang LQ, Lu CY, Lei QQ. Isolation and characterization of microsatellite markers from Fangzheng silver crucian carp, *Carassius auratus gibelio* (Bloch), and cross-amplification in the closely related species crucian carp, *Carassius auratus auratus* (Linnaeus). *Molecular Ecology Notes*, 2006, 6: 1141–1143. [\[DOI\]](#)
- [6] Yue GH, Orban L. Polymorphic microsatellites from silver crucian carp (*Carassius auratus gibelio* Bloch) and cross-amplification in common carp (*Cyprinus carpio* L.). *Molecular Ecological Notes*, 2002, 2: 534–536.
- [7] Nei M. *Molecular Population Genetics and Evolution*. Amsterdam: North-Holland Publishing Company, 1975, 79–124.
- [8] Nei M. Genetic distance between populations. *American Naturalist*, 1972, 106: 283–292. [\[DOI\]](#)
- [9] LU ShuangQing, LIU Zhen, LIU Hong-Yu, SHAO Tiao-Yi, SU Jian-Ming. Microsatellite DNA analysis of genetic diversity and the phylogenetic relationships of four breed varieties of *Carassius* sp. *Journal of Fisheries Sciences of China*, 2005, 12(4): 371–376.
- [10] DeWoody JA, Avise JC. Microsatellite variation in marine, freshwater and anadromous fishes compared with other animals. *J Fish Biol*, 2000, 56(3): 461–473. [\[DOI\]](#)
- [11] Balloux F, Lugon-Moulin N. The estimation of population differentiation with microsatellite markers. *Mol Ecol*, 2002, 11: 155–165.
- [12] LI Yin-Chuan. Comparative investigation of the genetic diversity between *C.a. gibelio* and *C.a. auratus* [Dissertation]. Northeast Agricultural University, 2001.

李因传. 黑龙江银鲫与普通鲫的遗传多态的比较研究[学位论文]. 东北农业大学, 2001.