

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2010.00254

怒江扎那纹胸鲃的遗传多样性和遗传分化

刘绍平¹, 王珂¹, 袁希平^{1,2}, 汪登强¹, 岳兴建¹, 陈大庆¹

1. 中国水产科学研究院长江水产研究所, 农业部长江中上游渔业资源环境重点野外科学观测试验站, 荆州 434000;
2. 湖南省水产科学研究所, 长沙 410005

摘要: 怒江水电开发将对扎那纹胸鲃产生不利的影响。为了解扎那纹胸鲃遗传多样性和遗传分化情况, 文章测定了采自怒江中下游怒江州地区的贡山、古登和泸水及保山市地区的道街、勐糯和木城 6 个扎那纹胸鲃群体共 102 个个体的线粒体 *Cyt b* 基因序列。结果显示, 在 1 137 bp 序列中共检测到 87 个变异位点, 定义了 36 个单元型。总样品的单元型多样性(h)和核苷酸多样性(π)分别为 0.851 ± 0.028 和 0.01356 ± 0.0008 。扎那纹胸鲃的遗传多样性相对较低, 但怒江州种群遗传多样性显著高于保山市种群。群体间分化指数(F_{ST})($0.475 \sim 0.846$)明显高于群体内分化指数($0.002 \sim 0.108$), 且各群体间分化指数和地理距离呈线性正相关。利用 AMOVA (Analysis of molecular variance) 对遗传分化进行分割, 群体间和群体内分别占 53.65% 和 46.35%, 群体间遗传分化指数(F_{ST})为 0.5365 ($P < 0.01$), 扎那纹胸鲃在怒江州和保山种群分化显著。单元型分子系统树和简约网络图显示, 扎那纹胸鲃单元型聚为两个独立的支系: 怒江州支系和保山市支系。这些鱼类至少代表一个管理单位, 但也可能是一个进化显著单位。因此, 建议保护扎那纹胸鲃种群, 在水电工程建设时应充分考虑扎那纹胸鲃种群结构现状, 避免不同区域的种群之间发生基因交流。

关键词: 扎那纹胸鲃; *Cyt b*; 遗传多样性; 遗传分化

Genetic diversity and differentiation between populations of *Glyptothorax zanaensis* in the middle and lower reaches of the Nujiang River

LIU Shao-Ping¹, WANG Ke¹, YUAN Xi-Ping^{1,2}, WANG Deng-Qiang¹, YUE Xing-Jian¹, CHEN Da-Qing¹

1. Fishery Resources and Environment Key Field Station of Upper-middle Reaches of Yangze River, Ministry of Agriculture, Yangtze River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Science, Jingzhou 434000, China;
2. Fishery Research Institute of Hunan Province, Changsha 410005, China

Abstract: The development of hydroelectricity in the Nujiang River would have adverse impacts on the populations of *Glyptothorax zanaensis*. In order to assess the genetic diversity and differentiation of this species, we sequenced the cytochrome *b* gene of the mitochondria in 102 individuals of the fish collected from 6 sampling sites (Gongshan, Gudeng and Lushui in the Nujiang Prefectural District and Daojie, Mengnuo and Mucheng in the Baoshan Municipal District). A total of 87 variation sites were detected in the fragment of 1 137 bp in length, with which the 102 samples were defined as 36 haplotypes. The haplotype diversity (h) and the nucleotide diversity (π) of total samples were 0.851 ± 0.028 and 0.01356 ± 0.0008 ,

收稿日期: 2009-05-22; 修回日期: 2009-07-21

基金项目: 国家环保部项目(编号: EPA4261)资助

作者简介: 刘绍平(1963-), 男, 研究员, 研究方向: 渔业资源。E-mail: lsp@yfi.ac.cn

通讯作者: 陈大庆(1964-), 男, 博士, 研究员, 博士生导师, 研究方向: 水生生物资源与分子生态学。E-mail: chdq@yfi.ac.cn

respectively. Therefore, the genetic diversity of *G. zanaensis* was relatively low. However, the genetic diversity of the Nujiang population was significantly higher than that of the Baoshan population. The pairwise F_{st} value between the populations (0.475–0.846) was higher than that within the population (0.002–0.108), which implied that the F_{st} value was positively related to geographic distance. Analysis of molecular variance (AMOVA) showed that the genetic differentiation between the populations and within the populations were 53.65% and 46.35%, respectively. The fixation index (F_{st} value) was 0.5365, indicating that there existed significant differentiation between the Nujiang population and the Baoshan population. The phylogenetic tree and networks of the haplotypes of *G. zanaensis* showed that there were two separate lineages: the Nujiang lineage and the Baoshan lineage. Each lineage represents at least one separated management unit, or belongs to an evolutionary significant unit. It was suggested that in the construction of hydroelectric projects the measures for protecting *G. zanaensis* should be adopted in fully considering the populations of *G. zanaensis* and the status quo of their population structure to avoid the occurrence of gene exchange among populations.

Keywords: *Glyptothorax zanaensis*; cytochrome *b*; genetic diversity; genetic differentiation

怒江发源于青藏高原唐古拉山南麓, 流经我国西藏、云南, 进入缅甸、泰国后称为萨尔温江, 最后注入印度洋, 是一条国际性河流。怒江分布的鱼类种类不多, 约为 70 种, 但特有种 41 种, 所占比例很高, 且许多种为典型的青藏高原鱼类, 如裂腹鱼、高原鳅、鲴鲃类。怒江的生态环境比较脆弱, 任何生态环境的变化都可能会对当地鱼类造成重大的影响。当前由于我国对能源的需求不断加大, 怒江丰富的水电资源已引起人们的注意, 有关部门已经规划在怒江建设梯级水电工程。但是, 水电的开发必然会对当地生态环境及生物造成重大影响, 特别是对鱼类的影响。因此, 怒江水电开发引起国内外广泛争议。目前, 对怒江鱼类的研究报道主要集中在资源调查等方面, 对它们遗传学的研究还未见报道, 但这些种群遗传学数据可为我们评估怒江鱼类遗传多样性现状、水电开发对鱼类的影响, 以及采取的保护措施提供科学依据。

扎那纹胸鲃(*Glyptothorax zanaensis*)隶属鲃形目(Siluriformes)、鲃科(Sisoridae)、纹胸鲃属(*Glyptothorax*), 分布于怒江、澜沧江流域, 为产地主要经济鱼类^[1]。扎那纹胸鲃在形态特征上演化出一系列适应性变化, 如口吸着器与偶鳍配合, 便于牢固地吸附在水底岩石表面, 以适应急流环境。扎那纹胸鲃由于游泳能力弱, 与河流水环境的关系更为紧密, 对水文特征和水质变化极为敏感, 是一种水环境质量监测的极好指示生物^[2]。其生存压力主要来自植被破坏、水电站建设和水质污染等造成的栖息地退化, 也与过度捕捞有关。随着怒江水电梯级

电站的开发, 怒江将由流动的河流变成了一个相对静止的水库, 扎那纹胸鲃赖以生存的栖息地将发生显著的变化, 其命运令人堪忧。迄今对扎那纹胸鲃的研究十分贫乏。

线粒体DNA(mtDNA)作为群体遗传分析的工具具有广泛的优点^[3, 4], 因其具有较高的突变率, 突变固定后形成的多态性位点可反映出群体的遗传特征、种群分化和种属关系^[5], 已成为研究动物起源进化、群体遗传多样性、系统发育的重要标记。*Cyt b*基因为线粒体DNA上的蛋白质编码基因, 其进化速度较快, 适合种群水平差异的检测, 在鱼类群体与进化遗传学中有广泛的应用^[6-8]。本文基于线粒体*Cyt b*序列探讨怒江扎那纹胸鲃的遗传多样性和遗传分化, 以期资源保护和合理利用提供科学依据。

1 材料和方法

1.1 材料

扎那纹胸鲃样本于 2007 年 4 月至 2008 年 8 月采自怒江中下游干流 6 个采样点, 共计 102 尾, 其中贡山(GS)=12、古登(GD)=22、泸水(LS)=24、道街(DJ)=9、勐糯(MN)=13 和木城(MC)=22(图 1)。由于中下游生境的差异, 将采样点分为两个组: 怒江州(贡山、古登和泸水)和保山(道街、勐糯和木城)。所有样本经鉴定后剪取鳍条, 均保存于 100%无水乙醇备用。

1.2 方法

1.2.1 基因组 DNA 提取

用双蒸水浸泡样本 4 h 以上, 除去乙醇。剪碎鳍

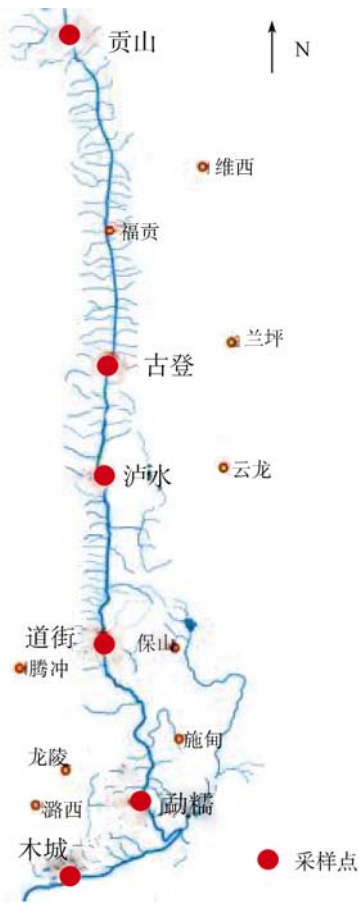


图 1 扎那纹胸鲃采样点分布图

条后放入 1.5 mL 的离心管中, 依据文献[9]略做修改, 高盐法提取 DNA, 自然干燥后加入灭菌去离子水溶解, 于-20℃保存备用。

1.2.2 PCR 扩增及测序

Cyt b 基因的扩增和测序所用引物为: L14322: 5'-GACTTGAAGAACCACCGTTGTTATTCAAC-3' 和 H15576^[10]: 5'-GCGCTAGGGAGGAATTTAACCTC-3'。PCR 扩增体系为 50 μL, 包括: 10×PCR Buffer 5 μL, 10 mmol/L dNTPs 0.4 μL, *Taq* DNA 聚合酶 1.5 U, 10 μmol/L 引物各 2 μL, DNA 模板 1 μL, 灭菌去离子水补足 50 μL。反应程序: 94℃ 预变性 5 min; 94℃ 变性 30 s, 54℃ 复性 30 s, 72℃ 延伸 30 s, 共 35 个循环; 72℃ 再延伸 8 min。PCR 产物用 1.5% 的琼脂糖凝胶回收后, 由北京利嘉泰成科技有限公司进行双向测序。

1.2.3 数据处理和分析

使用 Lasergene v7.0 软件包对每一个样品的双

向测序结果进行拼接, 结合人工校对序列。序列的对位排列用 Clustal X^[11] 完成。应用 DnaSP 4.50.3 软件^[12] 统计变异位点、简约信息位点、单元型数目、单元型多样性(h)、核苷酸多样性(π)及其标准差, 进行序列的中性检测(Tajima 检验和 Fu & Li 检验)。应用 Arlequin v3.01 软件^[13], 根据 pairwise difference 模型, 计算群体间的分化指数(F_{ST})和进行分子方差分析(AMOVA)。 F_{ST} 与地理距离关系可表示为: $\ln[F_{ST}/(1-F_{ST})] = 2.7653 \ln D - 15.567$, 其中 D 为地理距离。

使用 MEGA 4.0 软件^[14] 中, 根据 Kimura 2-*pa*-*pa* 模型^[15] 计算 6 个群体间的遗传距离并构建单元型的邻接(Neighbor-joining)分子系统树。系统树中节点的自举置信水平应用自引导(Bootstrap)估计, 循环验证次数为 1 000。使用 Network 4.0 程序^[16] 构建简约网络图(Median-joining network), 调查单元型间的进化关系。采用软件 SPSS 13.0 计算地理距离和遗传距离的相关系数。

2 结果与分析

2.1 遗传多样性

对序列进行拼接和校对后, 获得 *Cyt b* 基因全长为 1 137 bp。102 尾样本中共检测到 36 种单元型, 87 个变异位点。变异位点数约占分析位点总数的 7.64%, 其中单一多态位点 21 个, 简约信息位点 66 个; 转换与颠换的比例为 5.813。单元型变异位点及其在 6 个种群中的分布见图 2 和表 1。单元型 H15 的频率最大, 有 33 个个体(33/102), 分布在除贡山外的所有群体中; 其次是单元型 H2, 有 22 个个体(22/102), 分布在怒江州 3 个群体。26 个单元型仅出现在一个群体中, 其中除了单元型 H24 有 3 个个体和单元型 H35 有 3 个个体外, 均为 1 个个体, 它们在各群体的分布为贡山 6 个, 古登 8 个, 泸水 4 个, 道街 1 个, 勐糯 1 个和木城 6 个。其他 8 单元型有 2 或 3 个个体分布在 2 或 3 个群体中。

6 个群体的遗传多样性参数见表 2。由表 2 可知, 扎那纹胸鲃各群体单元型数和多态位点数差异很大。各群体单元型数在 5 到 13 之间; 怒江州 3 个群体的多态位点数在 28 到 61 之间, 而保山 3 个群体在 12 到 16 之间。从单元型多样性指数来看, 勐糯群体遗传多样性最低($H_d \pm SD: 0.641 \pm 0.151$); 从核苷

[illegible]

图 2 扎那纹胸鲷 36 种单元型变异位点分布
图上方数字表示相应碱基的位置; 圆点表示与第一种单元型有相同的碱基组成。

酸多样性来指数看,木城群体遗传多样性最低。单元型多样性和核苷酸多样性最高值均出现在怒江州的泸水群体($h \pm SD: 0.855 \pm 0.048$; $\pi \pm SD: 0.01251 \pm 0.0021$)。怒江州 3 个群体各遗传多样性参数均高于保山 3 个群体(木城单元型数除外)。

2.2 遗传分化

扎那纹胸鲃群体间的分化指数(F_{ST})分析表明,

地区间 F_{ST} 值(0.475~0.846)明显高于地区内群体的(0.002~0.108)(表 3)。群体间 F_{ST} 值最小的是保山道街和木城两个群体,最大的是贡山和木城群体。群体间 F_{ST} 值明显高于群体内,说明群体间的种群分化高于群体内。

用AMOVA对 F_{ST} 值进行总变异群体内和群体间的分割(表 4), 群体间遗传分化指数 $F_{ST}=0.5365 > 0.25$ 研究结果将所有群体划分为怒江州和保山 2 个组。

表 1 扎那纹胸鲃单元型地理分布

单元型	贡山	古登	泸水	道街	勐糯	木城	总计
H_1	1						1
H_2	5	10	7				22
H_3	1						1
H_4	1						1
H_5	1		2				3
H_6	1						1
H_7	1						1
H_8	1						1
H_9		1					1
H_10		1	1				2
H_11		1					1
H_12		1					1
H_13		1					1
H_14		1					1
H_15		1	6	5	8	13	33
H_16		1	1				2
H_17		1	1				2
H_18		1					1
H_19		1					1
H_20		1					1
H_21			1				1
H_22			1				1
H_23			1				1
H_24			3				3
H_25				1	1	1	3
H_26				1	1		2
H_27				1			1
H_28				1	1		2
H_29					1	1	2
H_30					1		1
H_31						1	1
H_32						1	1
H_33						1	1
H_34						1	1
H_35						2	2
H_36						1	1
总计	12	22	24	9	13	22	102

表 2 基于线粒体 *Cyt b* 基因序列的扎那纹胸鲃样本数、多态位点数、单元型数、单元型多样性指数和核苷酸多样性

组别	群体	样本量	多态位点数	单元型数	单元型多样性	核苷酸多样性
怒江州	GS	12	28	8	0.848 ± 0.104	0.00707 ± 0.0026
	GD	22	56	13	0.805 ± 0.089	0.01099 ± 0.0031
	LS	24	61	10	0.855 ± 0.048	0.01251 ± 0.0021
保山	DJ	9	15	5	0.722 ± 0.159	0.00291 ± 0.0011
	MN	13	12	6	0.641 ± 0.151	0.00161 ± 0.0007
	MC	22	16	9	0.658 ± 0.114	0.00134 ± 0.0005
	总计	102	87	36	0.851 ± 0.028	0.01356 ± 0.0008

注: GS 代表贡山群体; GD 代表古登群体; LS 代表泸水群体; DJ 代表道街群体; MN 代表勐糯群体; MC 代表木城群体。

表 3 扎那纹胸鲃 6 个群体间的种群分化指数(对角线下方)与种地理距离 (对角线上方, 单位: km)

群体	贡山	古登	泸水	道街	勐糯	木城
GS		171	242	362	437	422
GD	0.033		71	191	266	351
LS	0.108	0.035		120	195	280
DJ	0.769	0.614	0.475		75	160
MN	0.810	0.653	0.519	0.063		85
MC	0.846	0.701	0.575	0.002	0.025	

注: GS 代表贡山群体; GD 代表古登群体; LS 代表泸水群体; DJ 代表道街群体; MN 代表勐糯群体; MC 代表木城群体。

AMOVA对 F_{ST} 值进行组内和组间的分割(表 4), 组间所占总变异的比例 0.1959 大于 0.15, 说明组间群体分化显著。对 F_{ST} 值在组和群体水平变异分割, 组间、组内群体间和组内群体内的变异分别占总变异的 19.59%、0.56%和 79.85%($P<0.01$), 包含在组间的变异 $F_{ST}=0.1959 > 0.15(P<0.01)$, 表明扎那纹胸鲃在怒江州和保山 2 个组间的种群分化显著。因此, 扎那纹胸鲃地理群体间无论用哪种等级方式进行变异分析, 群体间的变异均大于 0.15, 表明扎那纹胸鲃种群分化显著。

用群体间 F_{ST} 值与地理距离(表 3)进行Mantel测验(图 3), 结果表明扎那纹胸鲃群体间的 F_{ST} 值随地理距离的增加而有增大的趋势, 两对矩阵存在极显

著的正相关性($R = 0.712, P = 0.003$)。 F_{ST} 值和地理距离呈线性正相关, 地理距离越大 F_{ST} 值越大, 群体间分化程度越高,表明扎那纹胸鲃群体的分化符合距离隔离模型。

2.3 分子系统树

构建的 NJ 树(图 4)和简约网络图(图 5)均表明, 6 个扎那纹胸鲃种群形成两个独立的支系, 一支为怒江州 3 个种群的单元型, 另一支为保山 3 个种群的单元型(单元型 H15 共享); 扎那纹胸鲃单元型的聚类与地理分群具有显著的相关性, 具有地理种群差异。最小进化网络图能够更清晰分析单元型的演化关系。单元型 H2 位于怒江州分支网络图的扩展中心

表 4 扎那纹胸鲃地理种群 AMOVA 分析

组及群体	自由度	方差	变异组成	变异所占比例(%)
所有种群: 群体间	5	403.1	4.61637	53.65
群体内	96	382.88	3.98833	46.35
所有组: 组间	1	4.947	0.09129	19.39
组内	101	37.955	0.37955	80.61
所有组及群体: 组间	1	4.947	0.09222	19.59
组内群体间	4	1.356	0.00262	0.56
组内群体内	96	36.599	0.38124	79.85

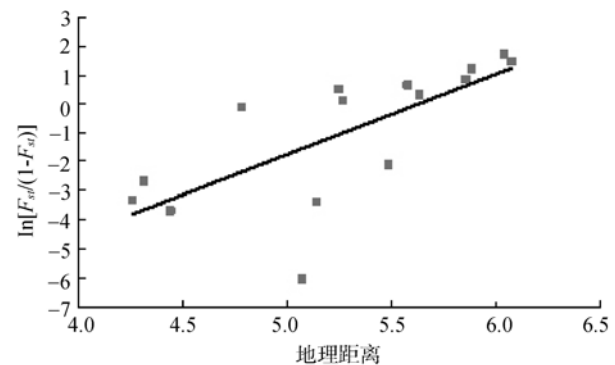


图 3 扎那纹胸鲃 6 个群体间遗传距离和地理距离的相关性

(面积大小代表单元型频率的大小), 或许代表了祖先单元型; 单元型 H15 位于保山分支网络图的扩展中心。两个支系通过 20 个突变相连。

3 讨论

3.1 扎那纹胸鲃的遗传多样性

遗传多样性是指生物种内和种间的遗传变异度, 是生物适应环境与进化的基础。遗传多样性的降低或丧失, 对于生活在多变环境中的野生群体是极大威胁^[17]。单元型多样性数和核苷酸多样性是衡量遗

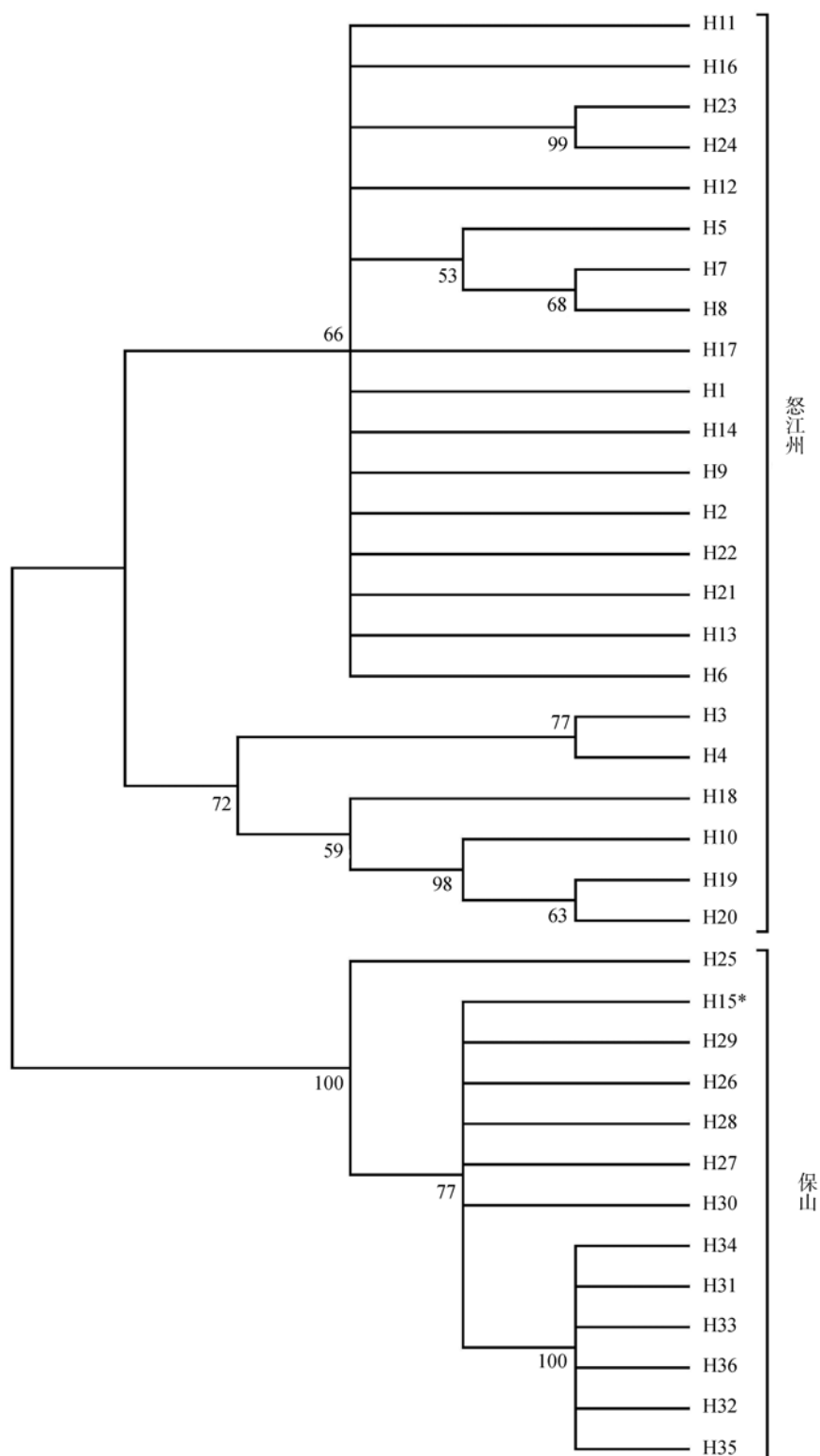


图 4 扎那纹胸鲃 6 个群体 21 种单元型的 NJ 树

传多样性的两个重要参数。研究 102 尾野生扎那纹胸鲃 *Cyt b* 基因序列, 共检测出 87 个变异位点, 36

种单元型, 计算出单元型多样性(h)和核苷酸多样性(π)分别为 0.851 ± 0.028 和 0.01356 ± 0.0008 。与黑斑原

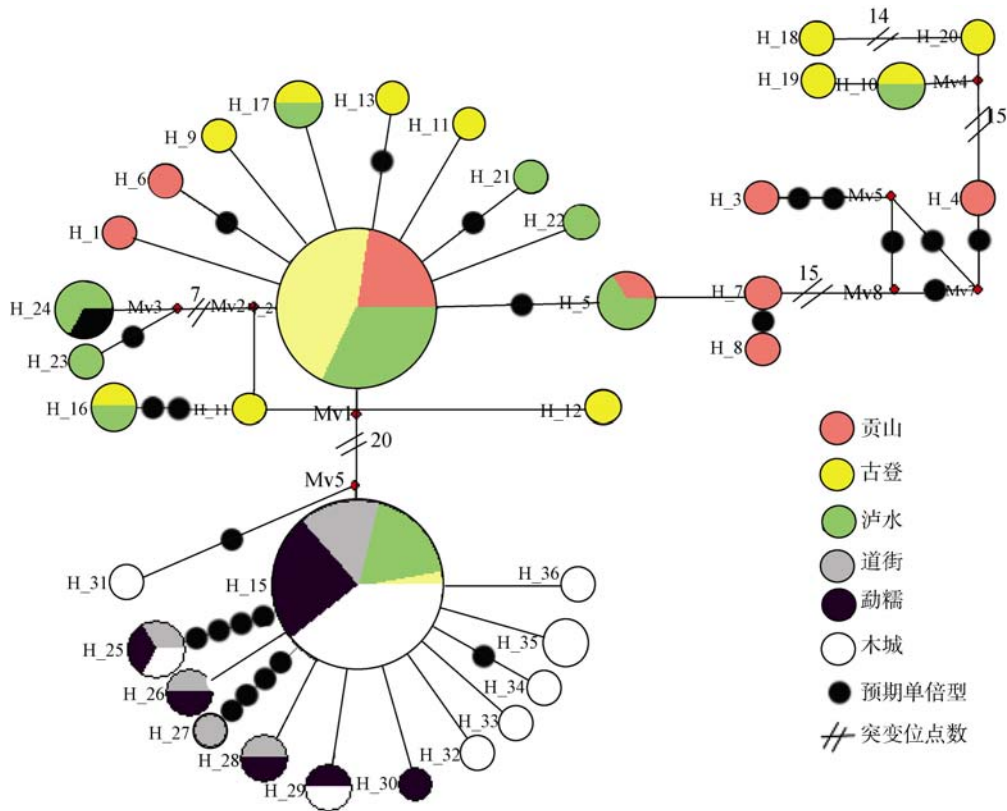


图5 怒江扎那纹胸鲃6个群体单元型网络图
圆圈的面积表示单元型分布的频率。

鲃(*Gyrlotsetnronmoucalom*)^[118]、青海湖裸鲤(*Gymnocypris przewalskii*)^[191]比较, 扎那纹胸鲃的遗传多样性水平是比较低。扎那纹胸鲃各群体单元型数和多态位点数差异很大。各群体单元型数在5到13之间; 怒江州3个群体的多态位点数在28到61之间, 而保山3个群体在12到16之间。怒江州3个群体各遗传多样性参数均显著高于保山3个群体(木城单元型数除外)。结果表明, 怒江州种群遗传多样性显著高于保山种群。

种群的mtDNA多态性相对贫乏, 通常的解释为种群曾经历过“瓶颈效应”^[201]的打击后又受“建立者效应”作用的结果。怒江州种群的Tajima's D (-0.73501, $P < 0.05$)和Fu's F_s (-0.26823, $P < 0.05$); 保山种群的Tajima's D (-2.25581, $P < 0.01$)和Fu's F_s (-2.68774, $P < 0.05$), 这两个种群Tajima's D 和Fu's F_s 值均为负值且差异显著, 说明可能曾经历过近期群体扩张或“遗传瓶颈”, 分别由一个较小的有效种群适应怒江不同生态环境逐渐发展形成现在的种群,

也可能是扎那纹胸鲃遗传多样性总体较为贫乏的原因之一。根据已校正的鲤科鱼类中Cyt b 通常采用的0.76%/Ma(百万年)的进化速率^[211], 将怒江州和保山组间净遗传距离($D_a = 0.020$, $P < 0.05$)转化为核苷酸替代的平均水平来计算群体的分歧时间, 推测怒江州和保山种群的分歧时间大约为距今1.32 Ma。3.6~1.7 Ma BP(百万年 公元前)青藏高原经“青藏运动”开始进入了一个快速的隆起阶段^[221]。高原气候和自然环境发生了巨大改变, 必然对高原生物区系产生重大影响, 特别是更新世晚期全球气候的急剧恶化, 甚至导致了一些高原生物的灭绝^[231], 而生活在高原水域中的鱼类也必然经历过对特殊环境适应性进化的选择。扎那纹胸鲃怒江州和保山种群扩张时间略低于“青藏运动”地质时间, 这支持扎那纹胸鲃遗传多样性较低由“瓶颈效应”引起。

3.2 扎那纹胸鲃种群的遗传分化

由于生态地理环境、生活习性的差别, 几乎所有生物的种群都会发生分化, 由种群分化导致的种

群间等位基因频率的差别称为种群的遗传分化。群体间的分化指数是衡量遗传分化的程度的一个重要参数。Weight^[24]指出分化指数 $F_{ST}=0\sim0.05$ 说明群体间的遗传分化很小; $F_{ST}=0.05\sim0.15$ 说明群体间存在中等程度的遗传分化; $F_{ST}=0.15\sim0.25$ 说明群体间的遗传分化比较大; $F_{ST}>0.25$ 说明群体间的遗传分化很大。从群体间分化指数来看, 群体间(0.475~0.846)明显高于群体内(0.002~0.108)。AMOVA对遗传分化在群体和组(怒江州和保山)水平进行分割, 分化指数均大于 0.15($P<0.1$), 扎那纹胸鲃群体遗传分化比较大。使用MEGA 4.0 和Network4. 0 两种软件对单元型构建的分子系统树均显示单元型形成两个独立的支系, 一支为怒江州 3 个群体的单元型, 另一支为保山 3 个群体的单元型(单元型H15 共享); 扎那纹胸鲃单元型的聚类与地理分群具有显著的相关性, 具有地理种群差异。以上结果均表明分布在怒江的扎那纹胸鲃群遗传分化显著, 可划分为怒江州和保山种群。

Wright (1943) 的距离隔离(Isolation by distance) 理论^[25]认为, 自然界存在着距离隔离现象, 即物种遗传分化的程度会随着地理距离的增加而增加。有许多研究证实了这一理论; 但也有研究者认为, 距离隔离对种群遗传分化的效应还要根据物种生物学特性(例如有限的散布能力)密切相关^[26]。Weiss 等^[27]和Gum等^[28]通过对欧洲茴鱼(*Thymallus thymallus*) 的生物地理学研究, 推断流域间和流域内种群碎片化的原因可能是其具有强烈的返家本能以及散布能力较差造成的经过Mantel检验, 扎那纹胸鲃各群体欧氏遗传距离和地理距离呈线性正相关, 群体的分化符合距离隔离模型。得出这一结果可能与如下两个原因有关: 第一, 扎那纹胸鲃进化的总趋势是向着急流中底栖的方向发展, 其形态特征和生态习性发生了一系列适应性变化, 游泳能力弱, 与河流水环境的关系更为紧密, 这些生物学特征会限制种群当前的基因流水平, 而种群之间保持较低的基因流水平(即使种群间不存在自然地理障碍, 或地理障碍可以穿越)是保持种群历史地理格局的先决条件^[26]; 第二, 怒江以泸水为界分成南北两个世界级的动物地理区-青藏高原区和东洋区, 这条分界线是怒江上下游水文情势形成的生态隔离带, 这可能是扎那纹

胸鲃种群分化的一个重要原因。

3.3 资源保护

mtDNA *Cyt b* 的结果显示, 怒江扎那纹胸鲃存在明显的遗传结构, 可分为两个分化的遗传种群, 即以泸水 - 道街为界, 泸水及以上地区为一个遗传种群, 称为怒江州种群; 道街及以上地区为保山市种群。这一结果对于扎那纹胸鲃自然种群的保护以及人类经济活动有重要的指导意义, 也为怒江梯级电站开发大坝建成后提供基础的遗传背景资料。怒江扎那纹胸鲃在怒江州和保山的种群分化至少代表一个管理单位, 但也可能是一个进化显著单位^[29, 30]。因此在制定保护措施时, 应该充分考虑到怒江扎那纹胸鲃是 2 个分化种群, 对这 2 个种群均应该加以保护, 忽略这 2 个遗传分化显著的地理区域中的任何一个种群都将造成遗传资源的丧失。在以提高种群数量为目的的人工繁殖过程时, 也需注意到怒江扎那纹胸鲃在怒江州和保山的遗传分化。

参考文献(References):

- [1] 褚新洛, 陈银瑞. 云南鱼类志(下册). 北京: 科学出版社, 1990, 187-188.
- [2] 周伟, 李明会. 鲃科鱼类多样性与栖境的关系. 云南农业大学学报, 2006, 21(6): 811-815.
- [3] Abise JC. Ten unorthodox perspectives on evolution prompted by comparative population genetic findings on mitochondria DNA. *Annu Rev Genet*, 1991, 25(1): 45-69.
- [4] Arise JC. Molecular Markers, Natural History and Evolution. Chapman and Hall, New York, 1994.
- [5] Cano RL, Brown WM, Wilson AC. Polymorphic sites and the mechanism of evolution in human mitochondrial DNA. *Genetics*, 1984, 106(3): 479-499.
- [6] Hochachka M. Biochemistry and Molecular Biology of Fishes. Elsevier Science Publishers, London, 1993.
- [7] Bennetts RQ, Grady JM, Rohde FC, Quattro JM. Discordant patterns of morphological and molecular change in broadtail madtoms (genus *Noturus*). *Mol Ecol*, 1999, 8(10): 1563-1569. [DOI](#)
- [8] Mcveigh HP, Davidson WS. A salmonid phylogeny inferred from mitochondrial cytochrome b gene sequences. *Fish Biol*, 1991, 39(Suppl. A): 277-282. [DOI](#)
- [9] Aljanabi SM, Martinez I. Universal and rapid salt-extracted of high quality genomic DNA for PCR-based techniques. *Nucleic Acids Res*, 1997, 25(22): 4692-4693. [DOI](#)

- [10] 黄种持, 黄柳婷, 林学文, 凌伟专. 黑脊倒刺鲃线粒体 DNA 多样性分析. 中国海洋大学学报, 2008, 38(2): 259–262.
- [11] Thompson JD, Gibson TJ, Plewniak F, Jeanmougin F, Higgins DG. The CLUSTAL X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Res*, 1997, 25(24): 4876–4882. [\[DOI\]](#)
- [12] Rozas J, Sacher-DelBarrio JC, Messeguer X. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics*, 2003, 19(18): 2496–2497. [\[DOI\]](#)
- [13] Excoffier L, Laval G, Schneider S. Arlequin ver.3.01: An integrated software packaged for population genetics data analysis. *Evol Bioinformatics*, 2005, 1: 47–50.
- [14] Tamura K, Dudley J, Nei M, Kumar S. MEGA4: molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0. *Mol Bio Evol*, 2007, 24(8): 1596–1599. [\[DOI\]](#)
- [15] Tamura K, Nei M, Kumar S. Prospects for inferring very large phylogenies by using the neighbor-joining method. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2004, 101(30): 11030–11035. [\[DOI\]](#)
- [16] Bandelt H, Forster P, Rohl A. Median joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Mol Biol Evol*, 1999, 16(1): 37–48.
- [17] 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. 动物学杂志, 2008, 43(1): 8–15.
- [18] 薛芹. 黑斑原鲃线粒体 DNA 序列的遗传多样性分析(学位论文). 华中农业大学, 2005.
- [19] 赵凯, 段子渊, 杨公社, 彭作刚, 何舜平, 陈宜瑜. 青海湖裸鲤的起源和花斑裸鲤的种群演化. 自然科学进展, 2007, 17(3): 320–328.
- [20] Billington N, Hebert PDN. Mitochondrial DNA diversity in fishes and its implication for introduction. *Can J Fish Aquat Sci*, 1991, 48(Suppl.1): 80–94.
- [21] Zardoya R, Doadrio I. Molecular evidence on the evolutionary and biogeographical patterns of European cypriids. *J Mol Evol*, 2007, 49(2): 227–237.
- [22] 李吉钧, 方小敏, 马海洲. 新生代晚期青藏高原强烈隆起及其对周边环境的影响. 第四纪研究, 1996, 26(4): 316–322.
- [23] 李吉钧, 方小敏, 潘保田, 赵志军, 宋友桂. 新生代晚期青藏高原强烈隆起及其对周边环境的影响. 第四纪研究, 2001, 21(5): 381–391.
- [24] Weight S. Evolution and the Genetics of Population Variability Within and Among Natural Population. University of Chicago Press, 1978.
- [25] Wright S. Isolation by distance. *Genetics*, 1948, 28(2): 114–138.
- [26] Avise JC. Phylogeography: the History and Formation of Species. Harvard University Press, Cambridge, 2002.
- [27] Weiss S, Persat H, Eppe R, Schlötterer C, Uiblein F. Complex patterns of colonization and refugia revealed for European grayling *Thymallus thymallus*, based on complete sequencing of the mtDNA control region. *Mol Ecol*, 2002, 11(8): 1393–1407. [\[DOI\]](#)
- [28] Gum B, Gross R, Kuehn R. Mitochondrial and nuclear DNA phylogeography of European grayling (*Thymallus thymallus*): evidence for secondary contact zones in central Europe. *Mol Ecol*, 2005, 14(6): 1707–1725. [\[DOI\]](#)
- [29] Moritz C. Defining “evolutionary significant units” for conservation. *Trends Ecol Evol*, 1994, 9(10): 373–375. [\[DOI\]](#)
- [30] Frazer DF, Bernatchez L. Adaptive evolutionary conservation: towards a unified concept for defining conservation units. *Mol Ecol*, 2001, 10(12): 2741–2752.