

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2011.00255

澜沧江老挝纹胸鲃 *Cyt b* 基因的序列变异与遗传结构分析

金菊^{1,2}, 刘明典^{2,3}, 阴双雨^{1,2}, 汪登强², 刘绍平², 陈大庆^{2,4}

1. 华中农业大学水产学院, 武汉 430070;
2. 中国水产科学研究院长江水产研究所, 荆州 434000;
3. 西南大学生命科学学院, 重庆 400715;
4. 中国水产科学研究院淡水渔业研究中心, 无锡 214081

摘要: 老挝纹胸鲃是分布于澜沧江流域的一种特有鱼类, 喜激流底栖生活。为了解其各地理种群间的遗传结构与遗传变异, 文章分析了 129 尾采自澜沧江 8 条支流水系的老挝纹胸鲃 mtDNA 细胞色素 *b* 基因 1 138 bp 的序列变异, 共发现 16 个多态性位点, 定义了 15 个单倍型。澜沧江老挝纹胸鲃遗传变异较低, 平均单倍型多样性指数和核苷酸多样性指数分别是 $h=0.299$, $\pi=0.299$, 有 3 个种群甚至没有变异, 分子变异方差分析结果表明各种群内变异大于各种群间变异, 种群间没有差异。对老挝纹胸鲃所有种群进行的单倍型错配分布呈现单峰型, 中性检验结果均为负值(Tajima's $D=-2.36965$, $P<0.02$; Fu's $F_s=-20.975$, $P<0.05$)表明, 澜沧江老挝纹胸鲃自然种群可能经历过近期的种群扩张事件。

关键词: 老挝纹胸鲃; mtDNA *Cyt b*; 遗传结构; 种群扩张

Genetic structure and variation of *Glyptothorax laosensis* of the Lancang River based on cytochrome *b*

JIN Ju^{1,2}, LIU Ming-Dian^{2,3}, YIN Shuang-Yu^{1,2}, WANG Deng-Qiang², LIU Shao-Ping², CHEN Da-Qing^{2,4}

1. College of Fisheries, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China;
2. Yangtze River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Jingzhou 434000, China;
3. College of Life Science, Southwest University, Chongqing 400715, China;
4. Freshwater fishery research center of Chinese Academy of Fishery Sciences, Wuxi 214081, China

Abstract: The hillstream catfish, *Glyptothorax laosensis*, is endemic to basin of Lancang River (also known as Mekong River). Genetic variation was detected within and among 8 populations of *G. laosensis* in Lancang River based on mitochondrial cytochrome *b* sequences. A total 16 nucleotides sites were detected in 1 138 bp fragment, which defined 15 haplotypes from 129 sequences. The variation level was very low, with mean $h=0.299$ and $\pi=0.00032$, respectively, and no variation was detected in some populations. Hierarchical analysis of molecular variance (AMOVA) showed no significant

收稿日期: 2010-07-10; 修回日期: 2010-09-28

基金项目: 国家环保部项目资助

作者简介: 金菊, 硕士研究生, 专业方向: 分子生态学。Tel: 15926560340; E-mail: kingjinju@yahoo.com.cn

通讯作者: 刘绍平, 研究员, 研究方向: 渔业资源。E-mail: lsp@yfi.ac.cn

致谢: 长江水产研究所邓华堂、巴家文, 西南大学生命科学学院博士岳兴建、田辉伍、罗宏伟, 在采样、种类鉴定方面热心帮助, 并在文章撰写与修改过程中给出宝贵意见, 特此致谢。

genetic structuring among populations. The unimodal mismatch distribution of pairwise haplotype difference and the negatively selective neutrality test (Tajima's $D=-2.3696$, $P<0.02$; Fu's $F_s=-20.975$, $P<0.05$) suggested that a recent population expansion had occurred.

Keywords: *Glyptothorax laosensis*; mtDNA *Cyt b*; genetic diversity; population expansion

澜沧江是一条流经 6 国的国际性河流,发源于唐古拉山,在云南的西双版纳勐腊入老挝后称湄公河^[1],全长约 4 880 km,总落差约 5 100 km。从源头至河口,澜沧江地形、水环境及气候类型多种多样,孕育了极为丰富的鱼类资源,全流域特有鱼类达 224 种^[2]。作为一条重要的国际性河流和具备特殊的生态环境,澜沧江的开发极为引人关注。自 1986 年第一个水电站——漫湾水电站建设后,已经建立的和规划的电站密布澜沧江干流和支流。水电工程的建设不仅阻碍鱼类的迁徙交流,也破坏了鱼类生境,影响着该流域鱼类生存^[3],尤其是喜流水性鱼类。因此,在开发澜沧江的同时应加强对该流域鱼类资源,包括遗传资源的研究和保护。截至目前,关于澜沧江鱼类的记录均集中在分类、生物学、鱼类区系资源等方面^[4-6],而应用分子生物学调查鱼类遗传结构尚未有文献记录。

老挝纹胸鲃(*Glyptothorax laosensis*),隶属鲇形目(Siluriformes)、鲃科(Sisoridae)、纹胸鲃属(*Glyptothorax*),分布于我国云南澜沧江流域以及泰国、老挝、缅甸、柬埔寨、越南。生活在江河或山涧多砾石的急流河滩处,形态和生态上均形成一系列特殊的适应性变化,对水文特征和水质变化极为敏感,其生存现状和数量等资料直接反映水域环境的状况,也间接反映其生活地水生生物资源的现状^[5,6]。

线粒体DNA以进化速度快、严格的母系遗传、几乎不发生重组、可以选择不同的区域进行不同时间尺度的进化分析等特征成为分子种群遗传学和分子系统学研究的重要分子标记。而细胞色素*b*基因(*Cyt b*)在诸多线粒体基因中,研究的最清楚且进化速度适中,适合种群水平差异的检验,因此在鱼类种群遗传结构研究中应用广泛,并在一些野生种群保护中发挥了积极作用^[7-12]。

本文对采自澜沧江中下游 8 条支流的老挝纹胸鲃种群进行 mtDNA *Cyt b* 序列测定,了解其遗传结构、自然种群的分化程度和种群内及种群间的基

因交流状况,丰富澜沧江野生鱼类物种遗传数据库,为渔业管理部门制定老挝纹胸鲃野生鱼类资源的管理和保护提供有效依据。

1 材料和方法

1.1 材料

老挝纹胸鲃样本于 2009 年 3 月到 2010 年 1 月采自澜沧江中下游 8 条支流,共 129 尾。所有样本均用 95%酒精保存备用。标本的鉴定参照褚新洛等^[6]。样本数量、采样点见图 1 和表 1。

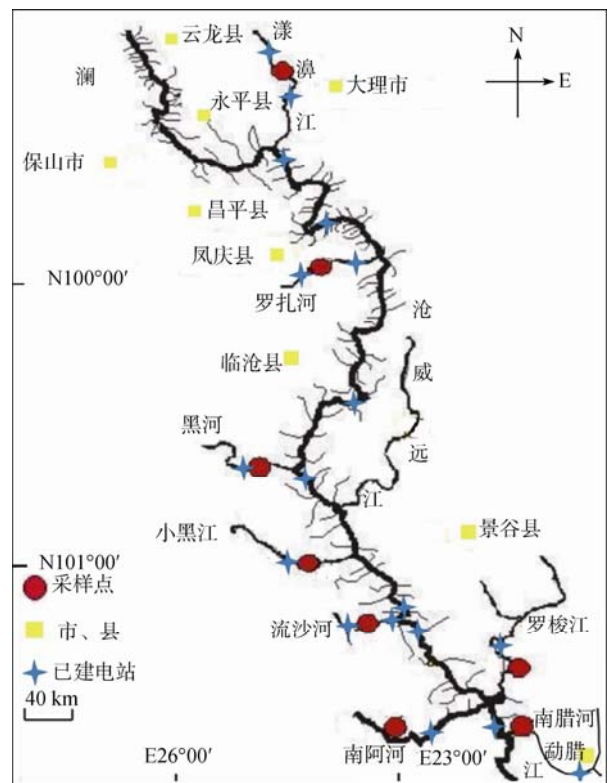


图 1 澜沧江老挝纹胸鲃采样图

1.2 方法

1.2.1 基因组总 DNA 的提取

保存样本剪取鳍条,双蒸水浸泡 4 h 除去残留乙

表1 不同支流种群老挝纹胸鲃样品的采集地、样品数、单倍型和序列多样性

种群	代号	样品数	单倍型数	变异位点数	单倍型多样性指数(<i>H</i>)	核苷酸多样性指数(π)
漾濞江	YBJ	30	7	6	0.366	0.00041
罗扎河	LZR	26	6	6	0.465	0.00016
小黑江	XHJ	6	1	0	0	0
黑河	HR	4	1	0	0	0
南阿河	NER	15	1	0	0	0
流沙河	LSR	9	2	1	0.222	0.00020
罗梭江	LSJ	23	5	5	0.324	0.00038
南腊河	NLR	16	4	3	0.350	0.00033
总计	8	129	15	16	0.299	0.00032

醇。剪碎后置于 1.5 mL 离心管中, 高盐法^[13]提取基因组总DNA, 加入 100 μ L TE 水溶解, -20°C 保存备用。

1.2.2 PCR 扩增及测序

目的基因全序列PCR扩增采用一对鲈形目扩增 mtDNA *Cyt b* 的通用引物L14184 和H15563^[14]。PCR 扩增反应体系 50 μ L, 其中包括 1.0 U *Taq*酶(TaKaRa), 2.5 mmol/L 的dNTPs 2 μ L, 10 \times PCR buffer 5.0 μ L, 10 μ mol/L 的引物各 2 μ L, 模板DNA 1 μ L(50 ng/ μ L), 最后加灭菌ddH₂O补至 50 μ L。反应程序: 94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min; 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 55 $^{\circ}\text{C}$ 复性 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 30 s, 共 35 个循环; 72 $^{\circ}\text{C}$ 再延伸 8 min。PCR产物用 1.0%琼脂糖凝胶电泳检验, 由北京天一辉远生物科技有限公司进行双向测序。

1.2.3 数据分析

使用DNA STAR软件包中的Seqman及MegAlign 软件对老挝纹胸鲃的测序结果进行比较、序列拼接和对位排列。用DnaSP 5.0^[15]软件计算各地理种群的单倍型多样性指数(*h*)、核苷酸多样性指数(π)、种群基因流(Nm)^[16], 绘制单倍型歧点分布^[17]。

利用Arlequin v3.1, 根据pairwise difference 模型, 进行分子方差分析, 评估种群的遗传分化, 并进行中性检验, 以检验老挝纹胸鲃序列是否符合中性变异, 评估老挝纹胸鲃种群历史, 并进行种群扩张时间 τ 值估算($\tau=2uk$)。其中 u 值是指所有单倍型的变异率, u 值可以通过公式 $u=2\mu k$ 计算获得, μ 值是指核苷酸的变异率, k 值是指所分析核苷酸片段的长度, 最终的大致扩张年代还要再乘以老挝纹胸鲃的性成熟年数^[18]。

以福建纹胸鲃作为外群(GenBank 登录号: AM235797), 应用MEGA4.1^[19]中Kimura-2-parameter 模型构建单倍型邻接 (Neighbor-joining, NJ) 树,

Bootstrap重复抽样 1 000 次检验。用Network4.0^[20]构建单倍型网络结构图。

2 结果与分析

2.1 序列变异及多样性

经比对后, 老挝纹胸鲃 *Cyt b* 基因序列片段长 1 138 bp, T、C、A、G 的平均含量分别为 30.58 %、28.03 %、27.86 %、13.53 %, A+T 含量(59.44%)明显高于G+C含量(41.56%), *Cyt b* 碱基组成具有较大的偏向性, G 的含量低, 与已有报道的纹胸鲃属鱼类 *Cyt b* 序列的碱基组成特点一致^[11, 21]。

在所有 1 138 bp 的序列中, 共发现 16 个变异位点(表 1), 占分析位点总数的 1.4%, 其中 6 个为简约信息位点, 10 个为单一突变位点。对于不同群体, 黑河、小黑江、南阿河等 3 个种群内没有发现变异位点, 其余 5 个种群内的变异位点也只有 1~6 个。

单倍型多样性指数和核苷酸多样性指数整体较低(表 1)。其中, 单倍型多样性指数罗扎河种群最高为 0.465, 黑河种群、小黑江种群、南阿河种群最低, 均为 0, 其余种群介于 0.222~0.366 之间; 核苷酸多样性指数漾濞江种群最高 0.00041, 黑河种群、小黑江种群、南阿河种群最低, 均为 0, 其余种群介于 0.00016~0.00038 之间。所有样本作为一个种群进行数据分析, 单倍型多样性指数为 0.299, 核苷酸多样性指数为 0.00032。

2.2 种群遗传结构

129 尾老挝纹胸鲃 *Cyt b* 基因共检测到 15 个单倍型(表 2), 编号为 H-1~H-15, 单倍型序列的 GenBank 登录号为 HM636503~HM636517。其中 H-1 分布最广, 所有群体均有出现, 频率也最高, 为 82.7%(108/129);

表 2 老挝纹胸鲃单倍型的地理分布

单倍型	地理分布								总计
	漾濞江	罗扎河	小黑江	黑河	南阿河	流沙河	罗梭江	南腊河	
H-1	24	19	6	4	15	8	19	13	108
H-2	1	1							2
H-3		3					1		4
H-4		1							1
H-5	1	1							2
H-6		1						1	2
H-7						1		1	2
H-8							1		1
H-9							1		1
H-10							1		1
H-11								1	1
H-12	1								1
H-13	1								1
H-14	1								1
H-15	1								1
总计	30	26	6	4	15	9	23	16	129

其次为 H-3, 分布于罗扎河和罗梭江种群(LZR、LSJ), 频率为 3.1%; H-2 分布于罗扎河和漾濞江种群(LZR、YBJ)、H-5 分布于罗扎河和漾濞江种群(LZR、YBJ)、H-6 分布于罗扎河和南腊河种群(LZR、NLR)、H-7 分布于流沙河和南腊河种群(LSR、NLR), 频率均为 1.55%; 其他单倍型频率均较低。小黑江种群、黑河种群、南阿河种群仅发现一个单倍型。有 9 个单倍型为群体独享, 如 H-4、H-8~10、H-11、H-12~15 分别为罗扎河、罗梭江种、南腊河、漾濞江种群独享, 但均只检出一次。

用 Network 的 Median-joining 方法构建单倍型网络结构如图 2。单倍型 H-1(108 个个体)位于网络图中心, 除了单倍型 H-14 外, 其他 13 个单倍型均经过一步突变连于 H-1, 据此推测 H-1 是原始单倍型。

使用 NJ 法(Kimura 2-parameter)构建的单倍型系统树见图 3。单倍型的拓扑结构未显示与地理位置相关关系的信息, 并且单倍型间系统关系的支持率均低于 50%。

老挝纹胸鲃种群间和种群内的分子变异分析(AMOVA)见表 3。结果显示, 遗传变异系数 $F_{ST} = -0.01570$, 为负值, 表明种群内的变异大于种群间的变异, 种群间没有差异[18]。基因流计算结果为 $N_m = 78.11$ [22], 说明种群间的基因交流十分频繁。总遗传变异中, 地理种群间变异占-1.57%, 各地理种群内变异占 101.57%, 变异主要来自种群内部。

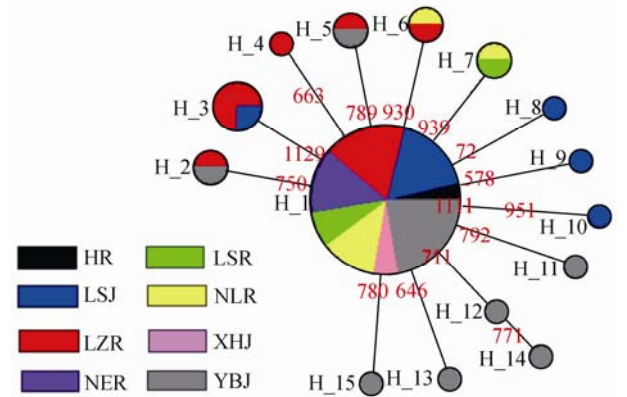


图 2 基于简约法构建老挝纹胸鲃的单倍型网络结构图

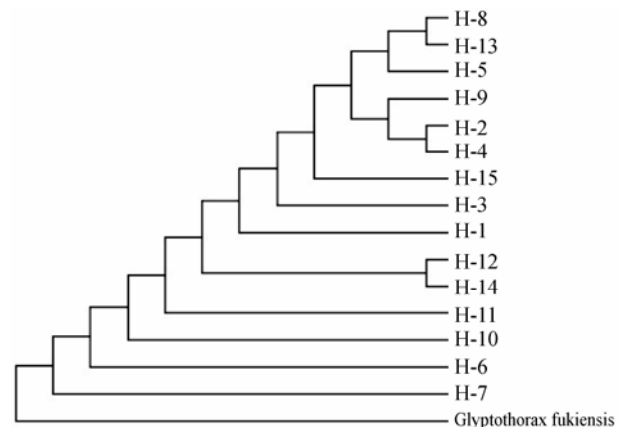


图 3 老挝纹胸鲃 mtDNA Cyt b 单倍型 NJ 树
各分支支持率均低于 50%, 故未在图中标注。

表3 老挝纹胸鲃种群间和种群内的分子变异分析(AMOVA)

变异来源	自由度	平方和	变异组成	变异百分比
种群间	7	0.998	-0.00289Va	-1.57
种群内	121	22.646	0.18715Vb	101.57
总计	128	23.643	0.18426	

2.3 种群历史

本文采用线粒体DNA单倍型错配分布、无限突变位点模型的中性检验值Tajima's *D*和Fu's *F_s* 等方法同时调查老挝纹胸鲃种群历史变动。错配分布结果显示, 老挝纹胸鲃种群单倍型和碱基差异呈单峰分布(图4), 同时Tajima's *D*(-2.3696, $P<0.02$)与Fu's *F_s*(-20.975, $P<0.05$)均为显著负值, 显示老挝纹胸鲃种群经历过最近的种群扩张事件^[17, 23~26]。根据公式 $\tau = 2ut$ 计算澜沧江老挝纹胸鲃种群的大约扩张时间, 已有报道的中国鲃形目鲃科鱼类的线粒体DNA进化速率约为每百万年 0.18%~0.30%^[27], 另外根据野外调查工作, 老挝纹胸鲃性成熟年数约为4年。通过AMOVA分析表明 $\tau=3.000$, 澜沧江流域老挝纹胸鲃种群的扩张时间可能是在距今0.88~1.47 Ma BP(百万年, 公元前)。

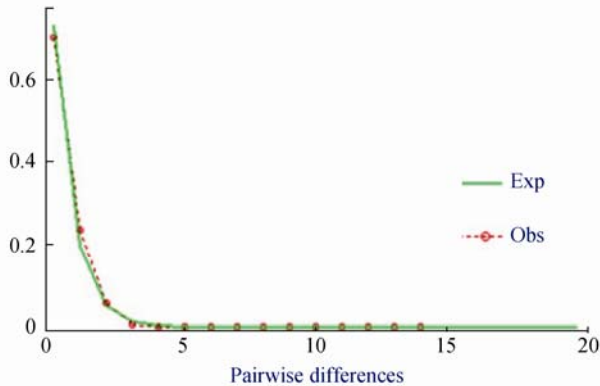


图4 以种群变异分布检测老挝纹胸鲃种群扩张结果
 $F_{ST}=-0.01570$, $\tau=3.000$; 扩张时间: 0.88~1.47 Ma BP。

3 讨论

3.1 种群间的遗传变异及分化分析

与扎那纹胸鲃和黑斑原鲃等鲃科鱼类比较, 云南澜沧江水系的老挝纹胸鲃单倍型多样性指数和核苷酸多样性指数均较低^[11, 21, 28], 总样本的单倍型多样性仅约为扎那纹胸鲃的($h=0.851$)1/3。澜沧江老挝纹胸鲃除了主单倍型H-1外, 其余单倍型的出现频

率都很低(表2), 反应了其低水平线粒体DNA变异的底遗传多样性状况。说明老挝纹胸鲃可能经历了较严重的“遗传瓶颈”, 但种群得到扩张的时间较短(图4), 至今还未能积累较多的遗传变异。此外, 人类活动也是影响澜沧江老挝纹胸鲃遗传多样性的一个可能因素。我们注意到, 本文采样点的中上段支流(漾濞江, 罗扎河)和下段支流(罗梭江, 南腊河)的多样性较高, 而中段支流(小黑江, 黑河, 南阿河, 流沙河)的多样性指数很低, 甚至其中3条支流群体没有检测到变异发生(图1、表1和表2)。这可能由于澜沧江水系密布的水电站(图1)将老挝纹胸鲃分割成一个个小群体, 加之栖息地的破坏、工业发展造成的环境污染^[29]以及酷渔滥捕等压力下, 导致老挝纹胸鲃群体发生遗传漂变, 一些稀有等位基因消失。

目前老挝纹胸鲃已经被澜沧江大大小小的水电站分割, 本研究中任两个采样点之间均建有一个以上水电站(图1), 但AMOVA分析结果显示, 老挝纹胸鲃遗传变异主要来自种群内, 而不是来自不同地理种群间, 老挝纹胸鲃不同地理种群并未形成显著的地理种群结构。基因流计算结果也表明种群间存在较丰富的基因交流, 说明澜沧江老挝纹胸鲃自然种群还未出现明显的遗传分化。这得益于单倍型H-1都是各个群体的主单倍型, 并拥有绝对高的频率(表2)。但是也应注意到, 喜流水的老挝纹胸鲃被水电站分割后, 基因交流将是十分困难, 各个群体的生境也可能有所区别, 这可能会引起一些群体中某些等位基因频率的改变而导致群体遗传分化。例如, 单倍型H-3在罗扎河种群有较高的频率, 而除罗梭江种群也发现一个个体外, 其他群体均没有出现(表2), 一旦H-3在罗扎河种群得到扩张, 就会引起老挝纹胸鲃遗传结构的变化。因此, 未来还应加强对澜沧江老挝纹胸鲃的研究, 以了解水电工程对老挝纹胸鲃等鱼类遗传结构的影响。

3.2 种群扩张分析

种群历史变动分析结果显示: 中性检验结果均

为负值, mismatch distribution 呈现单峰型, 表明此种群历史上曾经发生过种群扩张, 计算表明澜沧江流域老挝纹胸鲃的扩张可能是在距今 0.88~1.47 Ma BP, 这一结果与刘绍平等^[11]报道的怒江流域扎那纹胸鲃扩张时间大约在 1.32Ma 接近。而高原第二次强烈隆升发生在 1.10Ma BP~0.60Ma BP 左右, 高原面在 0.80~0.60Ma BP 平均高度达到 3 000~2 500 米左右, 高原的自然环境发生了根本性的改变。老挝纹胸鲃种群扩张时间正好与此时间重合, 由此推断可能是由于青藏高原第二次强烈隆升导致了老挝纹胸鲃种群扩散^[30]。

3.3 种群保护建议

尽管老挝纹胸鲃个体小, 经济价值不大, 但因其对环境变化较为敏感, 很适合作为澜沧江水电工程、水体污染等对鱼类影响研究的一个生物标记。鉴于老挝纹胸鲃目前种群数量仍较适中, 也没有发现群体遗传分化, 以就地保护为主要保护措施。同时, 由于老挝纹胸鲃遗传多样性比较低, 应加强对漾濞江、罗扎河、罗梭江和南腊河等遗传多样性相对较高的群体进行保护, 防止稀有等位基因丢失。

本研究采用 mtDNA *Cyt b* 序列作标记反应了澜沧江老挝纹胸鲃遗传多样性低且缺乏遗传结构。但要更准确全面了解老挝纹胸鲃种群的遗传结构, 尚需补充采样点的样本数及扩大采样范围, 并使用 D-loop、微卫星等多态性更高的分子标记, 进一步对澜沧江老挝纹胸鲃种群的进行深入地分析^[31~33], 其结果将更有助于制定科学的保护措施。

参考文献(References):

- [1] 何大明, 汤奇成. 中国国际河流. 北京: 科学出版社, 2000. [\[DOI\]](#)
- [2] 路斌, 沈放, 仝向荣, 王德斌, 杨黎江. 澜沧江—湄公河及部分支流鱼类多样性与水文特征的关系. 昆明学院学报, 2010, 32(3): 58–61, 65. [\[DOI\]](#)
- [3] 何舜平, 王伟, 陈银瑞, 李再云, 杨君兴. 澜沧江中上游鱼类生物多样性现状初报. 云南地理环境研究, 1999, 11(1): 26–29. [\[DOI\]](#)
- [4] 郑兰平, 陈小勇, 杨君兴. 云南省西双版纳州南拉河鱼类组成及其现状. 动物学研究, 2009, 30(3): 334–340. [\[DOI\]](#)
- [5] 许智宏. 面向 21 世纪的中国生物多样性保护. 北京: 中国林业出版社, 2000, 282–288. [\[DOI\]](#)
- [6] 褚新洛, 陈银瑞. 云南鱼类志(下册). 北京: 科学出版社, 1990, 183–184. [\[DOI\]](#)
- [7] Avise JC, Saunders NC. Hybridization and introgression among species of sunfish (*Lepomis*): analysis by mitochondrial DNA and allozyme markers. *Genetics*, 1984, 108: 237–255. [\[DOI\]](#)
- [8] Gray MW. Origin and evolution of mitochondrial DNA. *Annu Rev Cell Biol*, 1989, 5: 25–50. [\[DOI\]](#)
- [9] Meyer A, Wilson AC. Origin of tetrapods inferred from their mitochondrial DNA affiliation to lungfish. *J Mol Evol*, 1990, 31(5): 359–364. [\[DOI\]](#)
- [10] 祁得林. 黄河上游花斑裸鲤 *Cyt b* 基因的序列变异和遗传多样性. 动物学研究, 2009, 30(3): 255–261. [\[DOI\]](#)
- [11] 刘绍平, 王珂, 袁希平, 汪登强, 岳兴建, 陈大庆. 怒江扎那纹胸鲃的遗传多样性和遗传分化. 遗传, 2010, 32(3): 254–263. [\[DOI\]](#)
- [12] 庆宁, 吕凤义, 廖伟群, 赵俊, 丘城锋. 中间黄颡鱼群体遗传变异与亲缘生物地理. 动物学报, 2007, 53(5): 845–852. [\[DOI\]](#)
- [13] Aljanabi SM, Martinez I. Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques. *Nucl Acids Res*, 1997, 25(22): 4692–4693. [\[DOI\]](#)
- [14] Xiao WH, Zhang YP, Liu HZ. Molecular systematics of Xenocyprinae (*teleostei*: cyprinidae): taxonomy, biogeography, and coevolution of a special group restricted in East Asia. *Mol Phylogenet Evol*, 2001, 18(2): 163–173. [\[DOI\]](#)
- [15] Librado P, Rozas J. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 2009, 25(11): 1451–1452. [\[DOI\]](#)
- [16] Nei M. Evolution of human races at the gene level. In: Bonne-Tamir B, Cohen T, Goodman RM ed. *Hum. Genet*, part A: the unfolding genome. New York: Alan R. Liss, 1982: 167–181. [\[DOI\]](#)
- [17] Rogers AR, Harpending H. Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences. *Mol Biol Evol*, 1992, 9(3): 552–569. [\[DOI\]](#)
- [18] Excoffier L, Laval G, Schneider S. Arlequin (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis. *Evol Bioinform Online*, 2005, 1: 47–50. [\[DOI\]](#)
- [19] Tamura K, Dudley J, Nei M, Kumar S. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Mol Biol Evol*, 2007, 24(8): 1596–1599. [\[DOI\]](#)
- [20] Bandelt HJ, Forster P, Röhl A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Mol Biol Evol*, 1999, 16(1): 37–48. [\[DOI\]](#)
- [21] Chen XL, Chiang TY, Lin HD, Zheng HS, Shao KT, Zhang

- Q, Hsu KC. Mitochondrial DNA phylogeography of *Glyptothorax fokiensis* and *Glyptothorax hainanensis* in Asia. *J Fish Biol*, 2007, 70 (Supplement sa): 75–93. [\[DOI\]](#)
- [22] Millar CI, Libby WJ. Strategies for conserving clinal, ecotypic, and disjunct population diversity in widespread species. In: Fald DA, Holsinger KE. *Genetics and Conservation of Rare Plants*. New York: Oxford University Press, 1991: 149–170. [\[DOI\]](#)
- [23] 林弘都. 台湾与中国大陆地区鲤科鱼类之亲缘地理研究[学位论文]. 台南: 国立成功大学生命科学研究所, 1997. [\[DOI\]](#)
- [24] Tajima F. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*, 1989, 123: 585–595. [\[DOI\]](#)
- [25] Fu YX. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics*, 1997, 147: 915–925. [\[DOI\]](#)
- [26] Rogers AR. Genetic evidence for a pleistocene population explosion. *Evolution*, 1995, 49: 608–615. [\[DOI\]](#)
- [27] 彭作刚, 何舜平, 张耀光. 细胞色素b基因序列变异与东亚鲢科鱼类系统发育. 自然科学进展, 2002, 12(6): 596–600. [\[DOI\]](#)
- [28] 薛芹. 黑斑原鲃线粒体DNA序列的遗传多样性分析[学位论文]. 武汉: 华中农业大学, 2005. [\[DOI\]](#)
- [29] 杜娟. 试析我国澜沧江水域污染现状及相关法律法规的完善. 法制与社会, 2010, (11): 59–60. [\[DOI\]](#)
- [30] 李吉均, 文世宣, 张青松, 王富葆, 郑本兴, 李炳元. 青藏高原隆起的时代、幅度和形式的探讨. 中国科学A辑, 1979, (6): 608–616. [\[DOI\]](#)
- [31] van Tienderen PH, de Haan AA, van der Linden CG, Vosman B. Biodiversity assessment using markers for ecologically important traits. *Trends Ecol Evol*, 2002, 17(12): 577–582. [\[DOI\]](#)
- [32] Bekessy SA, Ennos RA, Burgman MA, Newton AC, Ades PK. Neutral DNA markers fail to detect genetic divergence in an ecologically important trait. *Biol Conserv*, 2003, 110(2): 267–275. [\[DOI\]](#)
- [33] 阎雪岚, 唐文乔, 杨金权. 基于线粒体控制区的序列变异分析中国东南部沿海凤鲆种群遗传结构. 生物多样性, 2009, 17(2): 143–150. [\[DOI\]](#)

•综合信息•

2011年第3期《遗传》封面说明

老挝纹胸鲃(*Glyptothorax laosensis*), 俗名又称石扁鱼、石扁头、石贴子、老虎鱼、刺古头, 隶属鲃形目(Siluriformes)、鲃科(Sisoridae)、纹胸鲃属(*Glyptothorax*), 分布于我国云南以及泰国、老挝、缅甸、柬埔寨、越南的澜沧江-湄公河流域, 模式产地在泰国湄公河。老挝纹胸鲃为澜沧江-湄公河流域特有鱼类。

老挝纹胸鲃个体较小, 体延长, 背缘拱形, 腹缘略圆凸。头部扁平, 头后身体向尾端逐渐侧扁。口下位, 横裂。须4对。皮肤表面具致密的硬质颗粒或略纵长的嵴突。胸鳍间腹面有明显的纵向皮纹吸着器, 吸着器纹路清晰完整。体深黄色或浅赭色, 腹面淡黄色, 沿背中线及侧线各有一明亮的纵带。

老挝纹胸鲃常居主河道及其支流沿岸浅水地带, 用胸腹面发达的皱褶吸附于石上, 以底栖无脊椎动物为食。根据中国水产科学研究院长江水产研究所2009—2010年调查数据, 老挝纹胸鲃体长范围43 mm–128 mm, 体重范围1.2 g–34.3 g。

随着澜沧江流域的开发, 人类活动对流域生态环境的改变, 如水电和矿产资源的开发、外来种的引入、过度捕捞等, 导致老挝纹胸鲃的原有栖息地生境及繁殖场所破坏, 威胁到该物种的延续与生存。老挝纹胸鲃的分化与青藏高原隆起及澜沧江形成有直接关系, 在进化上具有较高的学术意义, 同时老挝纹胸鲃对流水环境及环境质量变化较为敏感, 可以作为一种评价环境改变的潜在生物指示剂。老挝纹胸鲃遗传多样性较低, 可能经历了较严重的“遗传瓶颈”, 至今未能积累较多的遗传变异, 对环境变化的适应更加脆弱, 因此, 对其遗传保护研究工作亟待开展。详见本期第255~261页金菊, 刘明典的文章“澜沧江老挝纹胸鲃 *Cyt b* 基因的序列变异与遗传结构分析”一文。

(金菊, 刘明典)