

王桢璐,姚东林,谢少林,等. 基于线粒体 *Cyt b* 和 *CO I* 基因序列的华南鲤群体遗传结构分析[J]. 江苏农业科学,2018,46(18):179-183.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2018.18.045

# 基于线粒体 *Cyt b* 和 *CO I* 基因序列 的华南鲤群体遗传结构分析

王桢璐<sup>1</sup>, 姚东林<sup>2</sup>, 谢少林<sup>1,3</sup>, 范兰芬<sup>1</sup>, 邹记兴<sup>1</sup>, 周爱国<sup>1,3,4</sup>

(1. 华南农业大学海洋学院, 广东广州 510642; 2. 广东省清远市水产技术推广站, 广东清远 511510;  
3. 清远市北江水产科学研究所, 广东清远 511510; 4. 广东省清远市兴渔水产科技有限公司, 广东清远 511510)

**摘要:**运用线粒体 *Cyt b* 和 *CO I* 基因序列测定技术,分析华南鲤(*Cyprinus carpio rubrofasciatus* Lacepede)3个种群的群体遗传结构及其变异。结果表明,海南鲤、珠江鲤、榕江鲤平均遗传距离分别为0.003 1(*Cyt b*)、0.003 0(*CO I*);52尾个体分别检测出13(*Cyt b*)、12(*CO I*)个单倍型,总群体单倍型多样性(Hd)分别为0.874(*Cyt b*)、0.770(*CO I*),核苷酸多样性指数( $\pi$ )分别为0.004 15(*Cyt b*)和0.003 38(*CO I*),平均核苷酸差异数(*K*)分别为3.027(*Cyt b*)和1.835(*CO I*)。构建NJ系统进化树发现,各种群间未形成明显的谱系结构,未发现明显的地理结构。海南鲤与珠江鲤、榕江鲤的分化约在2.50万、2.65万年前,而珠江鲤和榕江鲤之间的分化年代约在1.50万年前。珠江鲤和榕江鲤的遗传分化指数差异不显著,2个种群间的交流更加频繁。

**关键词:**华南鲤;*Cyt b* 基因;*CO I* 基因;群体遗传结构;遗传距离;多样性指数;分化年代

**中图分类号:** Q173 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2018)18-0179-04

鲤亚科(Cyprininae)鱼类在鱼类分类学中属于鲤形目(Cypriniformes)鲤科(Cyprinidae)。中国鲤亚科鱼类共有五属,分别为鲃鲤属(*Puntius* Smith)、原鲤属(*Procypris* Lin)、鲤属(*Cyprinus*)、须鲤属(*Carassioideus*)和鲤属(*Carassius*)<sup>[1]</sup>。其中,鲤在华南地区有华南鲤亚种的分布,华南鲤遍布华南地区的几乎所有流域。

目前,对鲤的研究已经从传统形态学研究转向分子生物学方面的研究。通过对中国鲤中的红鲤资源进行形态学、分子遗传学等方面的研究,获取了中国6个红鲤种群的全面数据,为红鲤的育种奠定了基础<sup>[2]</sup>。2010年,中国首次完成了鲤鱼的全基因组测序;2013年,中国学者从形态学、染色体组型和同工酶等方面对山东省东平湖的野生鲤鱼资源进行了全面研究<sup>[3]</sup>。这些研究工作为中国鲤亚科鱼类的研究提供了坚实基础。线粒体(mitochondrion)作为真核生物细胞中的一种双层膜细胞器,为有氧呼吸提供场所,并为细胞提供能量。线粒体存在于细胞质中,其内部存在一定的遗传物质,因此线粒体DNA为细胞外遗传物质。细胞色素b(*Cyt b*)和细胞色素氧化酶I(*CO I*)是常用的线粒体标记基因<sup>[4-7]</sup>。细胞色素b(*Cyt b*)基因进化速度适中,其变异主要为转换和颠换,因此不同科、属、种中能较好地显示进化关系,常用于构建物种系统发育关系<sup>[8-9]</sup>。

细胞色素氧化酶I(*CO I*)作为分子标记具有诸多优势,有足够的变异且相对保守、有合适的序列长度、可用通用引物扩增和测序等,其分子标记作为DNA条形码可快速鉴定物种,近年来被广泛应用于物种鉴定<sup>[10-15]</sup>。

目前,有关华南鲤的研究资料很少,华南鲤的资源状况尚不清楚。该研究以线粒体 *Cyt b* 和 *CO I* 基因为分子标记,结合2个标记各自的进化特点,在每个基因片段独立分析的基础上,分析不同地区华南鲤种群遗传多样性,有助于了解其资源现状,为其资源保护工作提供一定的理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

该研究华南鲤(*Cyprinus carpio rubrofasciatus* Lacepede)样品分别采至海南万泉河(21尾)、珠江水系的高明河(31尾)和广东榕江(22尾),共采集74个样品。样本采集是随当地渔民出船捕捞获得,剪取新鲜样品的肌肉和尾鳍组织,加入95%乙醇后4℃保存备用。

样品DNA采用海洋组织提取试剂盒提取(天根生化科技有限公司)、*Taq* DNA聚合酶采用宝生物工程(大连)有限公司产品,试验中其他试剂均为分析纯,测序送至上海英骏公司进行。试验根据已经报道的鲤科目鱼类相关序列,并参考其他文献的报道,结合两者信息用Editseq及Primer premier 5.0软件设计引物<sup>[14-15]</sup>,*CO I* 基因:上游引物F,5'-TCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC-3';下游引物R,5'-TAGAC TTCTGGGTGGCCAAAGAATCA-3'。*Cyt b* 基因,上游引物F,5'-GACTTGAAAAACCACCGTTG-3';下游引物R,5'-CCTCAGAAGGATATTTGTCCTC-3'。

### 1.2 方法

1.2.1 华南鲤基因组DNA提取 取保存于95%乙醇中的

收稿日期:2017-04-05

基金项目:国家现代农业产业技术体系建设专项(编号:CARS-46-43);华南农业大学青年科技人才培养专项(编号:201707N025);华南农业大学引进人才专项;华南农业大学海洋学院青年教师科研启动基金。

作者简介:王桢璐(1994—),女,重庆人,硕士,主要从事水产动物种质资源研究。E-mail:wangzhenlu1994@163.com。

通信作者:周爱国,博士,讲师,主要从事水产动物遗传育种和种业研究。E-mail:scauzhouaiguo@163.com。

样品 80 ~ 100 mg, 用去离子水冲洗 1 遍, 再放入有去离子水的烧杯中漂洗 2 min, 用滤纸吸干后置于 1.5 mL 离心管内。先加入 50  $\mu$ L 裂解液, 用剪刀剪碎组织样品后, 再加入 450  $\mu$ L 裂解液和 10  $\mu$ L 蛋白酶 K 用漩涡振荡器混合 20 s, 置水浴锅中 55  $^{\circ}$ C 恒温裂解, 裂解时间视具体裂解效果而定, 一般 3 ~ 7 h。完全裂解后, 按照海洋组织 DNA 提取试剂盒的操作说明进行提取, 提取产物用琼脂糖凝胶电泳检测提取效果, 后置于 -20  $^{\circ}$ C 保存备用。

1.2.2 华南鲤 *Cyt b* 和 *CO I* 基因 PCR 扩增与测序 PCR 反应体系总体积为 50  $\mu$ L, 包括 dNTPs (2.5 mmol/L) 2  $\mu$ L, 10  $\times$  buffer 5  $\mu$ L, *Taq* DNA 聚合酶 (1 U/ $\mu$ L) 2  $\mu$ L, 上下游引物各 1  $\mu$ L。

PCR 反应程序: 94  $^{\circ}$ C 预变性 7 min (*Cyt b*) 和 4 min (*CO I*); 94  $^{\circ}$ C 变性 30 s, 60  $^{\circ}$ C 退火 30 s, 72  $^{\circ}$ C 延伸 30 s (*Cyt b*) 和 1 min (*CO I*), 35 个循环; 最后 72  $^{\circ}$ C 延伸 5 min。PCR 产物经电泳、胶回收 (采用 TaKaRa 凝胶纯化试剂盒) 后送至上海英骏公司, 在 ABI 3730 自动测序仪上用正向引物进行单向测序。

1.3 数据分析

采用 Chromas 2.23 软件查看序列的测序效果, 并以此为依据判断测序是否准确。使用 MEGA 6.06 软件的 Clustal W 功能进行序列比对并进行人工矫正, 然后计算平均碱基数、碱基组成比例、简约信息位点等数值, 并构建系统进化树。使用 DNASP (版本号为 4.5) 软件进行中性假说检验 (Fu's *F<sub>s</sub>* 和 Tajima's *D* 算法) 和核苷酸分析, 并计算平均核苷酸差异值和核苷酸多样性。使用 Allequin V 3.5.1.3 软件分析单倍型多样性和单倍型组成等。

表 1 华南鲤 3 个种群 *Cyt b* 和 *CO I* 基因序列特征

种群	基因	样品数 (个)	简约信息位点 (个)	占比 (%)	碱基含量 (%)					
					T	C	A	G	A + T	C + G
HL	<i>Cyt b</i>	16	10	45.45	26.97	30.42	28.91	13.7	55.88	44.12
	<i>CO I</i>	19	4	30.77	26.94	29.13	27.05	16.89	53.99	46.02
ZL	<i>Cyt b</i>	17	4	18.18	28.48	29.05	29.05	13.43	57.52	42.48
	<i>CO I</i>	16	5	38.46	27.2	28.88	27.14	16.78	54.34	45.66
RL	<i>Cyt b</i>	19	8	36.36	27.10	30.28	28.66	13.96	55.76	44.24
	<i>CO I</i>	17	4	30.77	27.2	28.86	27.16	16.77	54.37	45.63
Total	<i>Cyt b</i>	52	22	100	27.52	29.92	28.87	13.70	56.39	43.61
	<i>CO I</i>	52	13	100	27.11	28.96	27.12	16.77	54.23	45.77

注: “HL” 表示“海南鲤”; “ZL” 表示“珠江鲤”; “RL” 表示“榕江鲤”。下表同。

2.2 基于 *Cyt b* 和 *CO I* 基因序列对华南鲤种群遗传距离的分析

应用 MEGA 6.06 计算该研究的华南鲤 3 个种群的 Kimura 双参数模型遗传距离、平均遗传距离、各种群内的平均遗传距离、两两种群间的净遗传距离。由表 2 可知, 线粒体 *Cyt b* 基因序列的核苷酸分化速率为 2%/百万年<sup>[16-17]</sup>, 由试验结果可知, 海南鲤与珠江鲤和榕江鲤的分化年代较远, 大约在 2.5 万年和 2.65 万年前, 而珠江鲤和榕江鲤之间的的分化年代大约在 1.5 万年前。

对 3 个群体间的遗传分化指数进行计算发现, *Cyt b* 和 *CO I* 基因分析结果一致, 珠江鲤和榕江鲤两群体间的 *F<sub>ST</sub>* 值统计检验不显著 (*P* > 0.05); 海南鲤同珠江鲤、榕江鲤两群体间的 *F<sub>ST</sub>* 值统计检验均显著 (*P* < 0.05)。由此可知, 珠江鲤和

2 结果与分析

2.1 华南鲤 *Cyt b* 和 *CO I* 基因的序列组成及变异

该试验获得并分析 *Cyt b* 和 *CO I* 基因序列均为 52 个, 其中海南鲤分别为 16、19 个, 珠江鲤 17、16 个, 榕江鲤 19、17 个。对华南鲤 3 个种群线粒体 *Cyt b* 和 *CO I* 基因进行序列测定, 用 Clustal W 软件进行序列比对, 人工校正后共得到分析序列长度分别为 729 bp (*Cyt b*) 和 610 bp (*CO I*)。序列的简约信息位点数, T、C、A、G、A + T、C + G 含量见表 1。

3 个种群 *Cyt b* 基因序列共检测到 22 个简约信息位点, 其中海南鲤最多, 16 个样本共检测到简约信息位点 10 个, 海南鲤 T、C、A、G 含量分别为 26.97%、30.42%、28.91%、13.72%, A + T 的含量 (55.88%) 明显高于 C + G 的含量 (44.12%); 珠江鲤 17 个样本共检测到简约信息位点 4 个, T、C、A、G、A + T、C + G 含量分别为 28.48%、29.05%、29.05%、13.43%、57.52%、42.48%; 榕江鲤 19 个样本共检测到简约信息位点 8 个, T、C、A、G、A + T 和 C + G 含量分别为 27.10%、30.28%、28.66%、13.96%、55.76% 和 44.24%。

3 个种群 *CO I* 基因序列共检测到 13 个简约信息位点, 其中海南鲤 19 个样本共检测到简约信息位点 4 个, T、C、A 和 G 含量分别为 26.94%、29.13%、27.05%、16.89%, A + T 的含量 (53.99%) 明显高于 C + G 的含量 (46.02%); 珠江鲤 16 个样本共检测到简约信息位点 5 个, T、C、A、G、A + T 和 C + G 含量分别为 27.20%、28.88%、27.14%、16.78%、54.34%、45.66%; 榕江鲤 17 个样本共检测到简约信息位点 4 个, T、C、A、G、A + T、C + G 含量分别为 27.20%、28.86%、27.16%、16.77%、54.37%、45.63%。

榕江鲤两群体间的遗传分化不显著, 而海南鲤同珠江鲤和榕江鲤种群产生了一定程度的遗传分化。

2.3 基于 *Cyt b* 和 *CO I* 基因序列对华南鲤种群遗传结构分析

由表 3 可知, 华南鲤 3 个种群 52 个样本共计 13 个 (*Cyt b*) 和 12 个 (*CO I*) 单倍型, 其中海南鲤有 10、5 个单倍型, 珠江鲤有 7 个单倍型, 榕江鲤有 6、5 个单倍型。3 个华南鲤种群共同单倍型分别为 4、2 种, 分别为 *Cyt b* 基因 (Hc3、Hc5、Hc7 和 Hc8)、*CO I* 基因 (Hd1 和 Hd4)。分析 *Cyt b* 基因序列发现, 除了 4 种共有单倍型外, 海南鲤和珠江鲤无其他共同单倍型, 而与榕江鲤也无其他共同单倍型, 此外还有 Hc4、Hc6、Hc9、Hc10 4 种特有单倍型; 珠江鲤除 4 种共有单倍型外, 还与榕江鲤有 2 种共同单倍型: Hc11 和 Hc13, Hc12 为其特有单倍型。

表 2 华南鲤种群间遗传距离分析

种群	基因	遗传距离		
		HL	ZL	RL
HL	<i>Cyt b</i>	0.003 4	0.076 9	0.064 2
	<i>CO I</i>	0.003 1	0.404 4	0.401 3
ZL	<i>Cyt b</i>	0.005 0	0.002 7	-0.027 7
	<i>CO I</i>	0.005 6	0.003 5	0.003 5
RL	<i>Cyt b</i>	0.005 3	0.003 0	0.003 4
	<i>CO I</i>	0.004 7	0.003 0	0.002 4

注:左下矩阵为两两种群间净遗传距离,右上矩阵为各种群间的遗传分化系数  $F_{ST}$  值,对角线表示种群内遗传距离。

由表 4 可知,各群体的核苷酸多样性指数较低,单倍型多样性指数整体均较高。分析 *Cyt b* 基因序列单倍型多样性和

表 3 *Cyt b* 和 *CO I* 基因序列单倍型及其分布

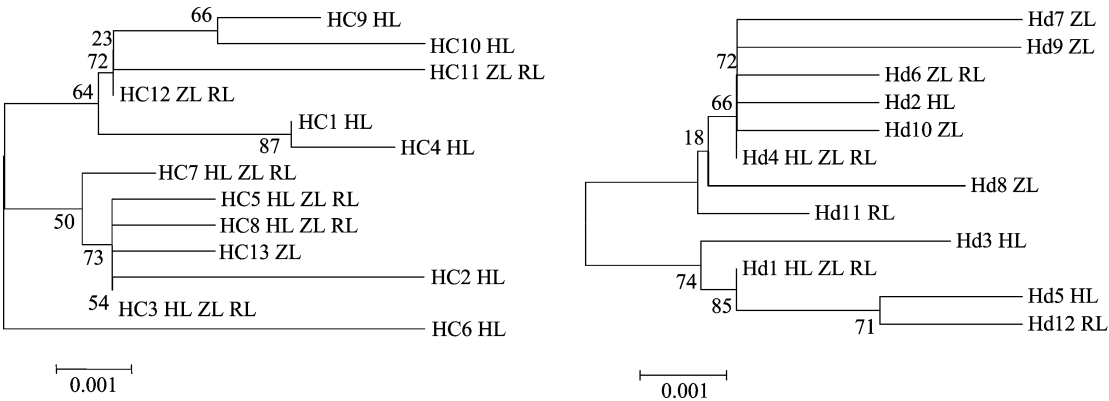
单倍型	合计 (个)	分布数(个)												
		Hc1/ Hd1	Hc2/ Hd2	Hc3/ Hd3	Hc4/ Hd4	Hc5/ Hd5	Hc6/ Hd6	Hc7/ Hd7	Hc8/ Hd8	Hc9/ Hd9	Hc10/ Hd10	Hc11/ Hd11	Hc12/ Hd12	Hc13/-
HL	10/5	1/7	3/1	2/8	3/2	1/1	1/0	1/0	2/0	1/0	1/0	0/0	0/0	0/-
ZL	7/7	0/2	0/0	5/0	0/4	4/0	0/4	1/3	1/1	0/1	0/1	1/0	2/0	3/-
RL	6/5	0/2	0/0	4/0	0/8	6/0	0/4	2/0	3/0	0/0	0/0	3/2	0/1	1/-

注:“Hc-”和“Dd-”分别表示 *Cyt b* 和 *CO I* 基因序列单倍型。

表 4 华南鲤种群的遗传变异参数统计

种群	个体数	单倍型多样性指数	核苷酸多样性指数( $\pi$ )	平均核苷酸差异数( $K$ )	Tajima's $D$	Fu's $F_s$
HL( <i>Cyt b</i> / <i>CO I</i> )	16/19	0.933/0.708	0.006 37/0.003 13	4.65/1.906	-0.569 2/-0.160 6	-2.05/0.475
ZL( <i>Cyt b</i> / <i>CO I</i> )	17/16	0.853/0.867	0.002 68/0.003 51	1.956/2.142	-0.956 3/-1.079 1	-1.635/-1.507
RL( <i>Cyt b</i> / <i>CO I</i> )	19/17	0.836/0.735	0.003 4/0.003 51	2.48/1.456	0.284 8/-0.602 6	0.239/-1.507

注:“\*”表示数据具有显著性相关( $P < 0.05$ )。



“HL”表示“海南鲤”;“ZL”表示“珠江鲤”;“RL”表示“榕江鲤”。“Hc-”和“Dd-”分别表示 *Cyt b* 和 *CO I* 基因序列单倍型

图 1 基于 *Cyt b* 和 *CO I* 基因单倍型序列构建的华南鲤种群 NJ 系统发育树

3 分析与讨论

3.1 华南鲤种群序列特征分析

线粒体 *Cyt b* 和 *CO I* 基因是目前常用的分子标记,试验运用序列测定技术分析华南鲤 3 个种群的 *Cyt b* 和 *CO I* 基因序列特征。脊椎动物线粒体一般特征为“高(A+T)含量且低 G 含量”<sup>[18]</sup>,华南鲤 3 个种群的 *Cyt b* 和 *CO I* 基因序列也符合这一特征,与李青等对星斑川鲮、黄盖鲮、石鲮,线粒体 *Cyt b* 和 *CO I* 基因序列的研究结果<sup>[19]</sup>相符。研究表明,碱基

核苷酸多样性可知,海南种群均最高,而珠江、榕江鲤相对较低,其中珠江鲤的核苷酸多样性(0.002 68)明显小于海南鲤(0.006 37)。而分析 *CO I* 基因序列发现,海南鲤群体的遗传多样性(0.003 13)较珠江鲤和榕江鲤(0.003 51)低。通过 Tajima's  $D$  和 Fu's  $F_s$  进行中性检验,结果表明华南鲤 3 个种群内的 Tajima's  $D$  和 Fu's  $F_s$  值均不具备显著差异性。

2.4 基于 *Cyt b* 和 *CO I* 基因单倍型序列对华南鲤种群聚类分析

采用 Mega 5.0 软件对华南鲤 3 个种群 *Cyt b* 和 *CO I* 基因单倍型序列进行 NJ 聚类分析,bootstrap(重复次数为 1 000)检验 NJ 树各分支置信度,由图 1 可知,各地理种群无序分布于个分支,没有发现明显的地理聚群、地理结构;各种群间没有明显的谱系结构。

中 A+T 的含量越高,线粒体 DNA 的进化优势越明显<sup>[20]</sup>。海南鲤、珠江鲤、榕江鲤的 A+T 的含量分别为 55.88%、57.52%、55.76%(*Cyt b*),53.99%、54.34%、54.37%(*CO I*),均明显高于 C+G 的含量。此外,无论 *Cyt b* 还是 *CO I* 基因的序列,珠江鲤的碱基中 A+T 含量都是最高的,这表明珠江鲤相对于海南鲤、榕江鲤具有更强的进化优势,可能与珠江鲤处于珠江流域生存环境有关,珠江作为中国第二大河流,年径流量大、流经地域广,较海南鲤所处的海南岛万泉河水系和榕江鲤所在的榕江水系更为复杂。

### 3.2 华南鲤种群遗传多样性分析

遗传多样性是物种适应环境、不断进化的基础,一个物种的遗传多样性与其进化潜力、适应能力和生存能力密切相关<sup>[21-22]</sup>。华南鲤 3 个种群 *Cyt b* 基因序列平均遗传距离为 0.003 1,52 尾个体检测出 13 个单倍型,总群体单倍型多样性为 0.874,核苷酸多样性指数为 0.004 15,平均核苷酸差异数为 3.027。基于 *CO I* 基因序列的分析表明,3 个种群 *Cyt b* 基因序列平均遗传距离为 0.003 0,检测出 12 个单倍型,总群体单倍型多样性为 0.770,核苷酸多样性指数为 0.003 38,平均核苷酸差异数为 1.835。核苷酸多样性能精确的揭示一个群体线粒体 DNA 的多态性程度<sup>[23]</sup>。研究表明,华南鲤的核苷酸多样性远小于南海圆舵鲤的核苷酸多样性(0.036 81)<sup>[24]</sup>。当一个群体核苷酸多样性指数在 0.001 5 ~ 0.004 7 时,其群体的遗传多样性较低<sup>[25]</sup>。该研究结果表明,3 种华南鲤的遗传多样性不高。此外,华南鲤 3 个种群基于 *Cyt b* 和 *CO I* 基因序列均具有较高的单倍型多样性和较低的核苷酸多样性的特征,这与曹艳等对中国南海康氏马鲛<sup>[26]</sup>和熊丹等对南海短尾大眼鲷的研究结果<sup>[27]</sup>相似,故推测华南鲤近期历史上有种群快速扩张情况,因此单倍型多样性会增加,但由于时间不够长,核苷酸的变异还没有形成累积效应,故核苷酸多样性较低。但 Tajima's *D* 和 Fu's *F<sub>s</sub>* 中性检验均不具显著性差异,则表明华南鲤没有出现群体扩张,出现这一矛盾的原因可能是该研究的样品数量及采样点较少。

### 3.3 华南鲤种群的遗传分化

分析华南鲤 *Cyt b* 和 *CO I* 基因的序列组成及变异发现,珠江鲤和榕江鲤的 A + T 含量十分接近,且均较高;而海南鲤的 A + T 含量均较低。基于 *Cyt b* 和 *CO I* 基因序列对华南鲤种群遗传距离的分析发现,珠江鲤与榕江鲤之间的遗传距离均为 0.003 0,是 3 个种群间遗传差距最小的数值。而其他两两之间的遗传距离均在 0.004 7 ~ 0.005 6 之间。通过分析华南鲤 3 个群体的 NJ 进化树发现,3 个群体散乱分布于各支,未出现明显单一的地理聚群;从 *Cyt b* 基因的进化树上可见珠江和榕江 2 个群体有更多的交集,而海南群体产生了一定的遗传分化;从 *CO I* 基因的进化树上可见珠江和海南种群相对较为集中,与榕江种群均有交集,这些结果也体现了一定的遗传进化和地理格局的分布。

Heather 等根据  $F_{ST}$  大小划定了群体的分化程度:高度分化,  $F_{ST} > 0.25$ ;中度分化,  $0.05 < F_{ST} \leq 0.25$ ;低度分化,  $0 < F_{ST} \leq 0.05$ ,作为群体遗传分化标准被广泛认可<sup>[28]</sup>。在对华南鲤种群遗传结构的分析中,海南鲤和珠江鲤、榕江鲤 2 个种群间基于 *Cyt b* 基因序列的  $F_{ST}$  值分别为 0.076 9 和 0.064 2;基于 *CO I* 基因序列的  $F_{ST}$  值分别为 0.404 4 和 0.401 3,均远高于高度分化标准(0.25);而珠江鲤和榕江鲤间基于 *Cyt b* 基因序列的  $F_{ST}$  值为 -0.027 7,基于 *CO I* 基因序列的  $F_{ST}$  值为 0.003 5,均低于海南鲤和珠江鲤、榕江鲤 2 个种群间的  $F_{ST}$  值。

综上分析,在 3 个华南鲤种群中,海南鲤相对于其他 2 个种群遗传分化较大,而珠江鲤和榕江鲤有较近的遗传关系,之间的遗传分化相对较小。另外,珠江鲤和榕江鲤的遗传分化指数没有显著差异,而同海南鲤的差异显著,这与 3 个种群的地理位置有一定关系。珠江鲤所在的珠江水系是华南地区最

大的水系,其每年水量巨大且支流众多<sup>[29]</sup>,与榕江鲤所在的榕江水系有一定接触,2 个种群间的交流更加频繁,故珠江鲤和榕江鲤的遗传分化指数差异不显著。而海南鲤主要分布于海南岛,本次试验所用海南鲤采集于海南岛万泉河水系,所处地区未受到深度开发,与外界产生交流少<sup>[30]</sup>,故同珠江鲤、榕江鲤的遗传分化指数差异显著。

### 参考文献:

- [1] 王幼槐. 中国鲤亚科鱼类的分类、分布、起源及演化[J]. 水生生物学报,1979,3(4):419-438.
- [2] 王成辉. 中国红鲤遗传多样性研究[D]. 上海:上海水产大学,2002:29-147.
- [3] 卢红. 东平湖鲤的种质遗传特征研究[D]. 济南:山东大学,2013:26-55.
- [4] 李献儒,柳淑芳,李达,等. DNA 条形码在鲱形目鱼类物种鉴定和系统进化分析中的应用[J]. 中国水产科学,2015,22(6):1133-1141.
- [5] 孙鹏,彭士明,尹飞,等. 利用 *CO I* 和 *Cyt b* 序列探讨东海区 3 种鲷属鱼类的种群遗传结构[J]. 海洋渔业,2011,33(4):398-404.
- [6] 郑小东,马媛媛,程汝滨. 线粒体 DNA 标记在头足纲动物分子系统学中的应用[J]. 水产学报,2015,39(2):294-303.
- [7] 于萍,曹婷,施力光,等. 猪线粒体 DNA 研究应用进展[J]. 家畜生态学报,2014,35(7):1-6.
- [8] 哈丽亚. 利用线粒体 *Cyt b* 基因检测骨顶鸡(*Fulica atra*)种内巢寄生的初步研究[D]. 哈尔滨:东北林业大学,2014:15-17.
- [9] 于涛,吴彪,杨爱国,等. 栉孔扇贝、虾夷扇贝及其杂交子代线粒体 *CO I* 和 *Cyt b* 基因遗传多样性分析[J]. 海洋科学,2016,40(3):1-9.
- [10] 邢炳麟,林汝榕,王彦国,等. 基于 *CO I* 基因的厦门海域鱼类 DNA 条形码鉴定[J]. 应用海洋学报,2016(1):144-150.
- [11] 谢少林,吕子君,周爱国,等. 基于线粒体 *Cyt b* 和 *CO I* 基因对珠江、海南和红河长臀鮠群体遗传结构分析[J]. 生态科学,2016(3):65-72.
- [12] 胡静,侯新远,尹绍武,等. 基于 mtDNA *CO I* 和 *Cyt b* 基因序列对南中国海不同海域波纹唇鱼群体遗传多样性的研究[J]. 水生生物学报,2014,38(6):1008-1016.
- [13] 熊丹,李敏,李永振,等. 南海短尾大眼鲷线粒体 *Cyt b* 基因序列及种群判别分析[J]. 中国水产科学,2016,23(1):188-197.
- [14] 毕潇潇,高天翔,肖永双,等. 4 种鲈鱼线粒体 16S rRNA、*CO I* 和 *Cyt b* 基因片段序列的比较研究[J]. 南方水产科学,2009,5(3):46-52.
- [15] Liu L T, Xiao W H, Liu W W. Effect of 5'-Aza-2'-deoxycytidine on the P16 tumor suppressor gene in hepatocellular carcinoma cell line HepG2[J]. World Journal of Gastroenterology, 2001, 7(1):131-135.
- [16] 任桂静,刘奇,高天翔,等. 基于线粒体 DNA 序列探讨斑头鱼分类地位[J]. 动物分类学报,2011,36(2):332-340.
- [17] Despoina X, Arnold B B, Evangelia D, et al. Base substitution in fish mitochondrial DNA: patterns and rates - molecular systematics of fishes - chapter 2[J]. European Journal of Work & Organizational Psychology, 2012, 21(4):489-517.
- [18] Dibattista J D, Randall J E, Newman S J. Round herring (*genus*

吴会民,姜巨峰,刘肖莲,等. 血鸚鵡鱼与其亲本形态学指标的相关性分析[J]. 江苏农业科学,2018,46(18):183-185.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2018.18.046

# 血鸚鵡鱼与其亲本形态学指标的相关性分析

吴会民<sup>1</sup>,姜巨峰<sup>1</sup>,刘肖莲<sup>1</sup>,李春艳<sup>1</sup>,付志茹<sup>1</sup>,白晓慧<sup>1</sup>,冯守明<sup>1</sup>,张先光<sup>2</sup>

(1. 天津市水产研究所/天津市观赏鱼技术工程中心,天津 300221; 2. 天津嘉禾田源观赏鱼养殖有限公司,天津 301809)

**摘要:**为提高高品质血鸚鵡鱼产出率,研究了血鸚鵡鱼的全长、体长和体高及其亲本红头丽体鱼(*C. synspilum* Hubbs)(母本)和红魔丽体鱼(*C. citrinellum* Gunther)(父本)的主要形态学指标的相关性。结果表明,不同亲本组合繁育的血鸚鵡鱼的形态存在明显的分化现象,血鸚鵡鱼与其亲本的多项形态学指标存在显著的相关关系( $P < 0.05$ ),并通过逐步回归分析的方法构建了血鸚鵡鱼的体长/体高和全长/体高为因变量、其亲本的形态学指标为自变量的多元回归方程,为在生产实践中的亲鱼配组提供了理论基础。

**关键词:**血鸚鵡鱼;红头丽体鱼;红魔丽体鱼;形态学指标;相关性;分化;回归分析

**中图分类号:** Q173 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2018)18-0183-03

血鸚鵡鱼别称财神鱼、发财鱼和红财神,起源于中国台湾,属鲈形目慈鲷科,由红头丽体鱼(*C. synspilum* Hubbs)雌鱼和红魔丽体鱼(*C. citrinellum* Gunther)雄鱼杂交所得,因其全身鲜红、体型短圆、嘴呈心形且无法合拢,有“招财进宝”“驱鬼镇宅”等寓意,而深受广大消费者的喜爱<sup>[1-3]</sup>。

迄今为止,国内许多学者运用传统形态学和多元分析方法对不同鱼类及其杂交子代形态差异进行分析,如尼奥鱼

[尼罗罗非鱼(*Oreochromis niloticus* ♀) × 奥利亚罗非鱼(*O. aureus* ♂)]<sup>[4]</sup>、斑鳢(*Channa maculata*)与乌鳢(*C. argus*)<sup>[5]</sup>、翘嘴鲌(*Siniperca chuatsi*)与斑鲌(*S. schesleri*)<sup>[6]</sup>、滇池金线鲃(*Sinocyclocheilus grahami*)与西畴金线鲃(*S. xichouensis*)<sup>[7]</sup>以及宝石鲈(*Scortum barcoo*)与淡水黑鲷(*Hephaestus fuliginosus*)<sup>[8]</sup>的杂交等。然而,对血鸚鵡鱼的研究则多集中在繁养技术、营养需求、病害防治<sup>[9-14]</sup>等方面,对其亲本红头丽体鱼和红魔丽体鱼与其形态学关系的研究尚未见报道。本研究利用传统形态学方法和多元分析方法对血鸚鵡鱼及其亲本红头丽体鱼和红魔丽体鱼之间进行形态差异进行分析,揭示血鸚鵡鱼与其亲本之间的亲缘关系,找出对血鸚鵡鱼影响较大的形态特征,为血鸚鵡鱼的亲鱼配组、品级选优、种质鉴定及养殖推广提供基础资料和理论指导。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

(4);814-820.

[24]李敏,李玉芳,张鹏,等. 基于线粒体控制区序列的南海圆舵鲃种群遗传结构分析[J]. 南方水产科学,2016,12(4):88-95.

[25]Ichikawa-Seki M, Tokashiki M, Opara M N, et al. Molecular characterization and phylogenetic analysis of *Fasciola gigantica* from Nigeria[J]. Parasitology International, 2017, 66(1):893-897.

[26]曹艳,章群,宫亚运,等. 中国南海康氏马鲛线粒体 *CO I* 序列遗传变异分析[J]. 南方水产科学,2016,12(5):53-60.

[27]熊丹,李敏,陈作志,等. 南海短尾大眼鲷的种群遗传结构分析[J]. 南方水产科学,2015(2):27-34.

[28]Heather K, Freeland J R. Applications and implications of neutral versus non-neutral markers in molecular ecology[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2011, 12(6):3966-3988.

[29]林小植,李冬梅,刘焕章,等. 广东韩江潮州江段鱼类多样性及季节变化[J]. 生物多样性,2016,24(2):185-194.

[30]邢迎春,赵亚辉,张春光,等. 中国近现代内陆水域鱼类系统分类学研究历史回顾[J]. 动物学研究,2013,34(4):251-266.

收稿日期:2017-12-16

基金项目:天津市水产现代农业产业技术体系创新团队项目(编号:ITFRS2017016);天津市农村科技帮扶工程项目(编号:15ZXBFC00190);天津市科技支撑计划项目(编号:12ZCDZNC06000);天津市水产局项目(编号:J2014-28青)。

作者简介:吴会民(1980—),男,河北石家庄人,硕士,高级工程师,主要从事淡水养殖研究。E-mail:wuhm2005@163.com。

通信作者:姜巨峰,硕士,高级工程师,主要从事观赏鱼设施化健康养殖研究。E-mail:jufegnjang@163.com。

*Ettrumeus*) contain distinct evolutionary lineages coincident with a biogeographic barrier along Australia's southern temperate coastline [J]. Marine Biology, 2014, 161(11):2465-2477.

[19]李青,王波,郑风荣,等. 星斑川鲈,黄盖鲈和石鲈线粒体基因 *Cyt b* 和 *CO I* 片段序列的比较研究[J]. 水产科学,2016,35(6):625-632.

[20]胡玉婷,胡王,凌俊,等. 滁州鲫鱼线粒体细胞色素 *b* 基因和控制区序列比较及其系统进化分析[J]. 南方水产科学,2015(2):101-108.

[21]谢少林,王超,吕子君,等. 基于线粒体控制区 D-loop 序列的长臀鲈种群遗传结构分析[J]. 华南农业大学学报,2016(1):1-6.

[22]Ovenden J R, Berry O, Welch D J, et al. Ocean's eleven: a critical evaluation of the role of population, evolutionary and molecular genetics in the management of wild fisheries [J]. Fish and Fisheries, 2015, 16(1):125-159.

[23]Zhang J X, Jiao T, Zhao S G. Genetic diversity in the mitochondrial DNA D-loop region of global swine (*Sus scrofa*) populations [J]. Biochemical and Biophysical Research Communications, 2016, 473