

DOI: 10.3724/SP.J.1118.2011.00283

鳙中国土著群体与移居群体遗传变异的 AFLP 分析

严骏骢, 赵金良, 李思发, 郑德锋, 曹阳

上海海洋大学 农业部水产种质资源与利用重点开放实验室, 上海 201306

摘要: 为全面了解鳙(*Aristichthys nobilis*)在世界范围的群体遗传状况, 本研究采用 AFLP 技术分析了鳙中国土著群体(长江、珠江)与国内、外移居群体(中国黑龙江、欧洲多瑙河、北美密西西比河)的遗传变异特征, 结果表明, 鳙长江、珠江土著群体的 Nei's 基因多样性(H)分别为 0.0394 ± 0.1221 和 0.0529 ± 0.1236 , 黑龙江、多瑙河、密西西比河移居群体分别为 0.0233 ± 0.0883 、 0.0122 ± 0.0619 和 0.0134 ± 0.0614 , 说明国内、外移居群体的遗传多样性显著低于国内土著群体, 这与移居群体的来源以及在异地适应、定居、建群过程中发生了明显的遗传瓶颈效应有关。AMOVA 分析表明, 群体间差异对群体总遗传变异的贡献率为 31.48%, 而群体内的贡献率为 68.52%。鳙长江、珠江群体间的遗传分化指数 F_{st} 值为 0.3501 ($P < 0.01$), 土著群体与国内、外移居群体间的总 F_{st} 值为 0.1550 ($P < 0.01$), 鳙土著群体与国内、外移居群体间表现为显著分化, 反映了移居新形成的自然群体在遗传背景、遗传漂变、经历的生态环境压力与自然选择等方面与土著群体间存在明显差异。本研究通过了解鳙自然群体的遗传现状, 海内、外移居群体与中国土著群体的遗传差异, 旨在为进一步监测该物种海内、外移居群体的遗传变化趋势积累资料, 为鳙遗传资源保护、引种移植管理提供依据。[中国水产科学, 2011, 18(2): 283-289]

关键词: 鳙; 土著群体; 移居群体; 遗传变异; AFLP

中图分类号: S96

文献标识码: A

文章编号: 1005-8737-(2011)02-0283-07

鳙(*Aristichthys nobilis*)为大型鲤科经济鱼类, 与鲢、草鱼、青鱼合称“四大家鱼”, 是中国传统淡水渔业的支柱种类^[1]。自然分布于中国海河、黄河、长江、钱塘江、珠江流域, 天然资源丰富^[2-3]。上世纪中期起, 为发展水产养殖或控制水体藻类, 鳙被广泛移植至亚洲、欧洲、美洲、非洲等世界各地, 部分移植群体还在当地形成了新的自然群体^[4]。其中, 黑龙江水系原先没有鳙自然分布, 现在的群体为 20 世纪 50 年代起从中国南方多次移植群体的后代^[3]。前苏联于 1940-1950 年大规模引种中国“四大家鱼”, 再转展匈牙利、东欧, 随后传播到多瑙河^[5]。美国于 1973 年引入鳙用于处理池塘水质, 现已遍及美国密西西比河等流域^[6-7]。由于人类社会行为干涉, 使得东亚特有种鳙在世界范围内呈现了新的自然分布格局, 并对当地经

济生产、自然生态产生了重要的影响。

由于缺乏系统的采样和分析, 目前对鳙自然群体的遗传结构认识还不充分。仅李思发等^[8]利用同工酶技术研究了鳙长江群体与珠江群体的生化遗传特征。此后, 国内学者还分别采用同工酶、mtDNA-RFLP 等技术分析了鳙长江中下游群体的遗传结构^[9-11]。而对鳙国内、外移居群体的遗传背景及它们适应新环境产生的遗传变异趋势研究尚为空白。

AFLP(Amplified Fragment Length Polymorphism)技术因条带丰富、多态性强、结果稳定、重复性好, 成为一种新型的分子标记, 并在鱼类群体遗传中得到了广泛的应用^[12-18]。为在世界范围内积累鳙自然群体遗传多样性资料, 本研究利用 AFLP 技术对鳙中国土著群体(长江、珠江), 以及

收稿日期: 2010-03-31; 修订日期: 2010-06-12

基金项目: 国家自然科学基金重点项目(30630051); 上海市重点学科建设项目资助(Y1101)。

作者简介: 严骏骢(1983-), 男, 硕士研究生, 研究方向为动物遗传育种。E-mail: yanjuncong@qq.com

通讯作者: 赵金良, 教授。E-mail: jlzhao@shou.edu.cn

国内移居群体(黑龙江)、海外移居群体(欧洲多瑙河、北美密西西比河)的遗传特征进行比较分析,以期全面了解鳙自然群体的遗传现状,海内、外移居群体与中国土著群体的遗传差异,为进一步监测鳙海内、外移居群体的遗传变化趋势积累资料,为鳙遗传资源保护、引种移植管理提供依据。

1 材料与方 法

1.1 实验材料

鳙样本于 2005–2007 年分别取自中国长江、珠江、黑龙江和欧洲多瑙河、北美密西西比河(表 1)。剪取鳙条置于 100%酒精中保存。蛋白酶 K、 $2\times Taq$ mix 购自天根生化科技(北京)有限公司, *EcoR* I、*Mse* I 和 T_4 连接酶购自美国 NEB 公司。

1.2 AFLP 实验

采用盐析法提取总 DNA,限制性内切酶 *EcoR* I 和 *Mse* I 进行双酶酶切,参照 Qi 等^[19]的方法设计合成接头、预扩增引物和 64 对选扩增引物。预实验后,共选出 10 对引物组合用于 AFLP 正式实验,分别是: E-AAC/M-CAA、E-AAC/M-CTA、E-AAC/M-CTC、E-AAC/M-CAT、E-AGC/M-CAG、E-AGC/M-CTG、E-ACT/M-CTC、E-ACT/M-CAG、E-ACT/M-CTA、E-ACT/M-CTG,所有引物均由上海捷瑞生物工程有限公司合成。选择性扩增产物用 6%变性聚丙烯酰胺凝胶分离,采用硝酸银染色、氢氧化钠快速显色法显带^[20]。

1.3 统计分析

读取清晰的 AFLP 条带,以 0、1 分别表示条

带的有无,将 AFLP 图谱转化为 0, 1 矩阵。利用 Popgene(Version 1.31)软件计算有效等位基因数(N_e)、Nei's 基因多样性指数(H)、Shannon 信息指数(I)以及 Nei 的遗传距离(D)等遗传参数,利用 MEGA 3.1 构建群体间 NJ 亲缘关系树。利用 Arlequin 3.1 软件计算群体间遗传分化指数(F_{st}),分子方差分析(AMOVA)计算群体间遗传分异水平。分析结果以平均值 \pm 标准差表示($\bar{x} \pm SD$)。

2 结果与分析

2.1 鳙群体遗传多样性

10 对 AFLP 引物在鳙 6 个采样群体 106 尾样品中共扩增获得 255 个清晰条带(图 1),本研究仅统计了 100~700 bp 区间的清晰、稳定条带,每对引物平均扩增出 25.5 个条带。其中,多态性条带 69 个,平均多态比例 27.06%(表 2)。

鳙 6 个群体的多态性位点比例、有效等位基因数、Nei's 基因多样性和 Shannon 信息指数如表 3。长江和珠江土著群体的 Nei's 基因多样性指数分别为 0.0394 \pm 0.1221 和 0.0529 \pm 0.1236,高于国内黑龙江移居群体(0.0233 \pm 0.0883)和海外多瑙河移居群体(0.0122 \pm 0.0619)、密西西比河移居群体(0.0134 \pm 0.0614)。

2.2 鳙群体间遗传距离

鳙 6 个群体间的遗传相似度和遗传距离列于表 4。群体间的遗传距离为 0.001 0~0.040 9,其中,多瑙河群体与密西西比河群体间的遗传距离最小(0.001 0),而珠江群体与长江邗江段群体间的遗

表 1 鳙 6 个采样群体信息

Tab. 1 Information of bighead carp samples from 6 populations

群体 population	采集地点 sampling location	地理坐标 geographic coordinates	<i>n</i>
长江石首(YZ-SS) Yangtze River-Shishou	湖北省石首江段 Shishou section, Hubei province	29°43'N, 112°43'E	20
长江邗江(YZ-HJ) Yangtze River-Hanjiang	江苏省邗江江段 Hanjiang section, Jiangsu province	32°14'N, 119°28'E	16
珠江(PR) Pearl River	广东省肇庆江段 Zhaoqing section, Guangdong province	13°02'N, 112°27'E	20
黑龙江(AMUR) Amur River	黑龙江省抚远江段 Fuyuan section, Heilongjiang province	48°21'N, 124°17'E	20
多瑙河(DAU) Danube River	匈牙利 Faks 江段 Faks section, Hungary	46°15'N, 20°09'E	10
密西西比河(MIS) Mississippi River	美国 Sioux River 段 Sioux River section, America	38°53'N, 90°10'E	20

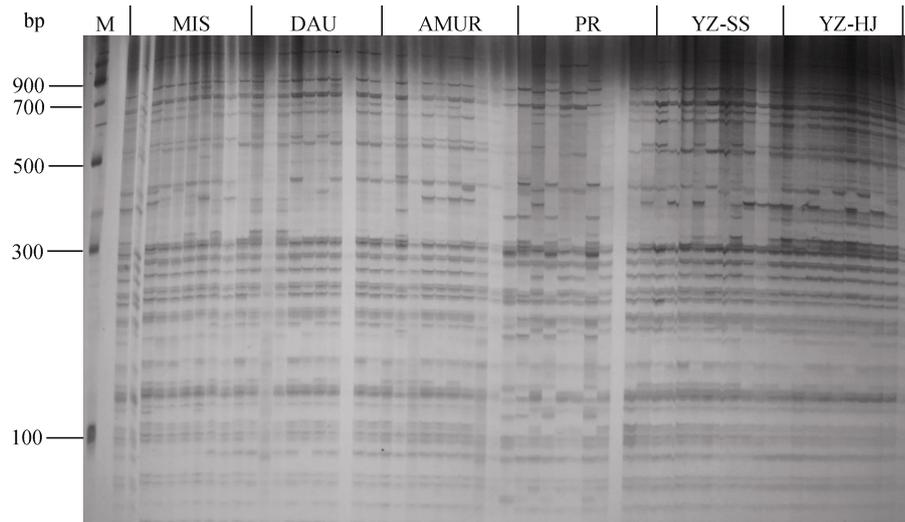


图 1 鳙 E-ACT/M-CTA 引物扩增条带图

MIS: 密西西比河, DAU: 多瑙河, AMUR: 黑龙江, PR: 珠江, YZ-LH: 长江石首, YZ-HJ: 长江邗江, M: 分子量标记.

Fig. 1 Amplified bands of bighead carp by E-ACT/M-CTA primer combination

MIS: Mississippi River, DAU: Danube River, AMUR: Amur River, PR: Pearl River, YZ-LH: Shishou section, Yangtze River, YZ-HJ: Hanjiang section, Yangtze River, M: Molecular weight marker.

表 2 鳙 10 对 AFLP 引物扩增的条带数

Tab. 2 Amplified bands of bighead carp by 10 AFLP primer combinations

引物组合 primer combination	条带数 numbers of sites	多态条带数 numbers of polymorphic sites
E-AAC/M-CAA	25	8
E-AAC/M-CTA	25	8
E-AAC/M-CAT	26	2
E-AAC/M-CTC	27	11
E-AGC/M-CAG	22	4
E-ACG/M-CTG	25	7
E-ACT/M-CAG	26	5
E-ACT/M-CTA	30	8
E-ACT/M-CTG	27	8
E-ACT/M-CTC	22	8
合计 total	255	69

传距离最大(0.040 9)。

将 6 个群体分为国内土著群体和国内移居群体、国外移居群体进行分析, 国内土著群体与黑龙江移居群体的遗传距离为 0.018 0, 与多瑙河、密西西比河移居群体的遗传距离分别为 0.019 0、0.018 5。

2.3 鳙群体间遗传分化

AMOVA 分析表明, 在 6 个群体的总变异性

中, 群体间差异的贡献率为 31.48%, 而群体内差异的贡献率为 68.52%。群体间两两比较的遗传分化指数为 0.057 4~0.428 1($P<0.01$), 其中, 国内长江与珠江土著群体间的遗传分化指数(F_{st})为 0.350 1 ($P<0.01$), 群体间分化显著(表 4)。将 6 个群体分成土著群体和国内移居群体、国外移居(多瑙河、密西西比河)群体来分析, 国内土著群体与国内移居群体、国外移居群体的 F_{st} 为 0.155 0($P<0.01$), 群体间分化显著。

2.4 鳙群体间亲缘关系

依鳙采样群体 AFLP 分析数据, 构建了鳙 6 群体的 NJ 树(图 2)。多瑙河群体和密西西比河群体最先聚类, 后与黑龙江群体聚类, 它们一起再与长江群体聚类, 最后与珠江群体聚类。

3 讨论

“四大家鱼”是起源于新第三纪后期上新世喜马拉雅山开始抬升和中国东部平原形成季风气候、产生大的河流和湖泊之时形成的平原型淡水鱼类, 与鲢、草鱼相比, 鳙自然分布相对较窄^[2]。本研究结果表明, 鳙珠江群体 Nei's 基因多样性指数(0.052 9±0.123 6)高于长江群体(0.039 4±

表 3 鳙 6 个群体的遗传多样性
Tab. 3 Genetic diversities of 6 bighead carp populations

群体 population	多态位点数 polymorphic sites	多态位点比例/% percentage of polymorphism, PPL	有效等位基因数 effective number of alleles, N_e	Nei's 基因多样性 Nei's gene diversity H	Shannon 信息指数 Shannon's information index, I
长江邗江 YZ-HJ	27	10.59	1.0773±0.2496	0.0417±0.1309	0.0602±0.1855
长江石首 YZ-SS	25	9.80	1.0512±0.1792	0.0314±0.1033	0.0480±0.1537
珠江 PR	47	18.43	1.0827±0.2096	0.0529±0.1236	0.0832±0.1869
黑龙江 AMUR	28	10.98	1.0381±0.1602	0.0233±0.0883	0.0373±0.1304
多瑙河 DAU	12	4.71	1.0185±0.0999	0.0122±0.0619	0.0194±0.0950
密西西比河 MIS	16	6.27	1.0195±0.0964	0.0134±0.0614	0.0222±0.0964

表 4 鳙 6 个群体的遗传距离(对角线下方)和遗传分化指数(对角线上方)
Tab. 4 Genetic distance and genetic divergence index among 6 bighead carp populations

群体 population	长江邗江 YZ-HJ	长江石首 YZ-SS	珠江 PR	黑龙江 AMUR	多瑙河 DAU	密西西比河 MIS
长江邗江 YZ-HJ		0.21028*	0.42547*	0.42223*	0.39949*	0.42810*
长江石首 YZ-SS	0.0081		0.29007*	0.18208*	0.14505*	0.14977*
珠江 PR	0.0409	0.0302		0.33779*	0.33170*	0.38915*
黑龙江 AMUR	0.0165	0.0103	0.0364		0.17489*	0.17756*
多瑙河 DAU	0.0150	0.0106	0.0403	0.0070		0.05744*
密西西比河 MIS	0.0143	0.0098	0.0401	0.0066	0.0010	

注: “*” 表示群体间分化极显著 ($P < 0.01$)。

Note: “*” means genetic divergence is significantly different between 2 different populations ($P < 0.01$).

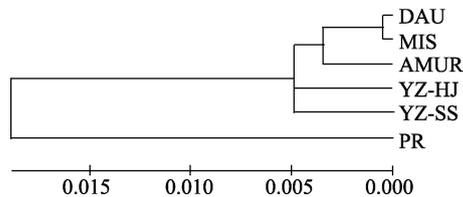


图 2 鳙 6 个群体的 NJ 遗传关系

Fig.2 Genetic relationship of 6 bighead carp populations by NJ method

0.122 1), 这与 20 世纪 80 年代的同工酶分析结果不一致^[7]。一般认为, 遗传多样性与群体大小呈一定的正相关, 鳙土著群体以长江群体数量最大, 而本研究中鳙长江群体、珠江群体的遗传多样性与其群体数量大小并不相吻合, 在长江鲢与草鱼的种间遗传变异比较中也观察到类似现象^[21]。推测其原因, “四大家鱼”可能是由中国印度区(东洋区)扩散而来^[22-23], 只是在扩散后期, 长江流域提

供了更适合鳙生存、生长与繁育的自然生态条件, 使得长江群体迅速扩张而形成了较大的种群; 另一方面, 由于受过度捕捞、水质污染、兴建大坝等影响, 自 20 世纪 60 年代以来, 长江鳙天然鱼苗、成鱼产量均呈急剧下降、资源急剧衰退^[24-25], 而三峡大坝的建成蓄水更加剧了长江鳙自然群体衰退局面^[26]。上述现象也可能与近年来长江鳙资源急剧锐减有一定关联; 此外, 由于条件所限, 本研究中分析样本数量不够大、AFLP 标记的共显性以及银染分析等对实验结果也有一定的影响。鳙长江群体与珠江群体间的遗传距离为 0.032 5, 群体间分化极显著 ($F_{st}=0.350 1, P < 0.01$), 这与李思发等^[8]1986 年的研究结论一致。长江水系和珠江水系分属不同纬度区, 地理、自然、气候条件各不相同, 伴随南岭-武夷山脉自然屏障的形成, 长江水系与珠江水系形成、分离造成鳙自然群体

间的基因交流阻断, 早期分布扩散的鳙群体在不同生态环境下相对独立进化, 经历长期的进化积累, 产生了现长江、珠江鳙群体间的遗传分化。

为发展当地水产养殖或改良水质, 国内、外许多国家和地区都进行过鳙的引种移植。由于鳙自然繁殖对生态环境的特殊需求(水温、大的江河、江洪、维持胚胎发育的流速等), 鳙虽然被传播到世界 50 多个国家和地区, 但仅在北纬 21° 至北纬 47° 的有限区域范围内(如欧洲多瑙河、北美密西西比河和日本利根川河)成功建立了自然繁殖群体^[27]。由于移居群体最初引种时的奠基群体来源单一、群体数量小, 在适应当地环境、进入自然水体和成功繁殖建群的过程中, 幸存者还经历了遗传瓶颈和自然选择的共同作用, 导致移居群体的遗传多样性水平较为低下。本研究结果表明, 鳙黑龙江移居群体、多瑙河移居群体、密西西比河移居群体的 Nei's 遗传多样性均显著低于土著群体(珠江群体、长江群体)的遗传多样性。同时, 鳙土著群体与国内移居群体、海外移居群体间均存在显著的遗传分化($F_{st}=0.1550$, $P<0.01$), 原因可能来自两个方面: 一方面, 鳙为中国土著物种, 其原始群体数量大、基因库丰富; 而移居群体来源相对单一、奠基群体数量较小, 多为人工繁育群体后代引种, 基因库明显小于土著群体, 加上建群过程中存在瓶颈效应的影响导致其与源群体间的产生分异。另一方面, 土著群体与移居群体经历了不同的生态环境压力, 近 50 年来, 鳙中国土著群体在持续高强度捕捞、产卵场破坏、生态环境恶化等不利影响下, 表现为数量锐减、资源衰退; 国内黑龙江移居群体受北方气候、自然、生态环境条件限制, 群体未发生过明显扩张; 而多瑙河、密西西比河海外移居群体在自然生态条件适宜、捕捞压力小、与当地种竞争中处于优势的条件下, 群体迅速扩张、资源量急增, 不同生态环境压力引发群体遗传变异产生不同的变动趋势, 环境胁迫、自然选择与遗传漂变的共同作用导致鳙土著群体与国内移居群体、海外移居群体间的分化趋异明显。本课题组在鳙中国土著群体与海外移居群体的遗传结构比较中也观察到相似

的结果^[28]。

鳙于 1973 引入美国, 但其具体来源地不明^[27]。多瑙河流域范围广, 流经许多东欧国家, 鳙可能通过前苏联间接传入或直接由中国引进^[4], 现群体究竟是由哪些国家的引进群体逃逸后形成的, 目前尚无法考证。聚类分析表明, 多瑙河群体、密西西比河、黑龙江群体最先与长江群体聚类, 最后与珠江群体聚类, 该聚类关系初步揭示了鳙国内移居群体、海外移居群体最初可能均来源于长江自然群体, 这一初步结果尚需其他相关证据加以验证。

总体来看, 鳙引种移植为世界各地提高鱼产量、改善水质发挥了积极作用。同时, 鳙引种带来的不利影响近年来也开始受到关注。在云南杞麓湖和星云湖, 作为食用鱼养殖引进的鳙与当地土著种大头鲤(*C. pellegrini*)食性相似, 鳙在食物竞争中取胜, 挤占了原来大头鲤的生态位, 导致大头鲤土著种群下降, 甚至面临灭绝^[29]。美国 1973 年首次引进鳙, 80 年代出现在密西西比河, 1989 年开始自然繁殖, 现已遍布密西西比河流域^[7]。由于鳙在密西西比河迅速建群、扩散和扩张, 鳙已被列为高度潜在危险物种, 对当地物种可能产生的不利影响正在评估中^[7, 27]。另一个非常值得注意的现象是, 在原产地鳙与鲢虽栖息同一水域, 不会自然交配, 而在密西西比河等海外移居地, 可与同样引种成功建群的鲢之间发生自然交配现象^[27]。目前, 对鱼类生物入侵、扩散及适应性进化的认识还很有限^[30]。在海内、外成功建群的鳙可为鱼类入侵适应性进化的遗传学基础研究提供适当的研究材料。

致谢: 珠江水产研究所陈永乐、黑龙江水产研究所叶海富、上海海洋大学蔡完其、钟俊生、王成辉等专家协助国内样品采集, 美国哥伦比亚环境研究中心 Chapman D.C. 博士和匈牙利渔业、水产与灌溉研究所 Zsigmond J. 博士分别协助美国密西西比河和欧洲多瑙河的海外样品采集, 深表谢忱!

参考文献:

- [1] 中国淡水养鱼经验总结委员会. 中国淡水鱼类养殖学[M]. 第 2 版, 北京: 科学出版社, 1973.

- [2] 李思忠, 方芳. 鲢、鳙、青、草鱼地理分布的研究[J]. 动物学报, 1990, 36(3): 244–250.
- [3] 李思发, 吴力钊, 王强, 等. 长江、珠江、黑龙江鲢、鳙、草鱼种质资源研究[M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1990.
- [4] Froese R, Pauly D. FishBase (2010), World Wide Web electronic publication. *www.fishbase.org*, version 2010.3
- [5] Karoly P. Exotic fishes in Hungarian waters: their importance in fishery utilization of natural water bodies and fish farming [J]. *Aquac Res*, 2008, 11(4): 163–167.
- [6] Cynthia S K, David M L. Ecological predictions and risk assessment for alien fishes in North America [J]. *Science*, 2002, 298(5592): 1233–1236.
- [7] Conover G, Simmonds R, Whalen M. Management and control plan for bighead, black, grass, and silver carps in the United States [C]. Aquatic Nuisance Species Task Force (ANSTF), 2007: 29–30.
- [8] 李思发, 王强, 陈永乐. 长江、珠江、黑龙江三水系的鲢、鳙、草鱼原种种群的生化遗传结构与变异[J]. 水产学报, 1986, 10(4): 351–372.
- [9] 吴力钊, 王祖熊. 长江下游鳙鱼天然种群的生化遗传变异[J]. 水生生物学报, 1991, 15(1): 94–96.
- [10] 赵金良, 李思发. 长江中下游鲢、鳙、草鱼、青鱼种群分化的同工酶分析[J]. 水产学报, 1996, 20(2): 104–110.
- [11] Lu G Q, Li S F, Bernatchez L. Mitochondrial DNA diversity, population structure, and conservation genetics of four native carps within the Yangtze River, China[J]. *Can J Fish Aquat Sci*, 1997, 54: 47–58.
- [12] 王志勇, 王艺磊, 林利民, 等. 利用 AFLP 指纹技术研究中国沿海真鲷群体的遗传变异和趋异[J]. 水产学报, 2001, 25(4): 289–293.
- [13] 王志勇, 邱淑贞, 林利明, 等. 福建官井洋大黄鱼 AFLP 指纹多态性的研究[J]. 中国水产科学, 2002, 9(3): 198–202.
- [14] 韩志强, 高天翔, 王志勇, 等. 黄姑鱼群体遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 水产学报, 2006, 30(5): 640–646.
- [15] 匡友谊, 佟广香, 尹家胜, 等. 呼玛河哲罗鱼遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 中国水产科学, 2007, 14(4): 615–621.
- [16] 马洪雨, 陈松林, 田永胜, 等. 我国引进条斑星鲈群体遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 水产学报, 2008, 32(3): 321–326.
- [17] 赫崇波, 陈姝君, 高祥刚, 等. 斑点叉尾鲷中国养殖群体遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 中国水产科学, 2008, 15(5): 722–728.
- [18] 佟广香, 匡友谊, 尹家胜, 等. 野生哲罗鱼种质资源遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 中国水产科学, 2009, 16(6): 833–841.
- [19] Qi X, Lindhout R. Development of AFLP markers in barely [J]. *Mol Gen Genet*, 1997, 254: 330–336.
- [20] 梁宏伟, 王长忠, 李忠, 等. 聚丙烯酰胺凝胶快速、高效银染方法的建立[J]. 遗传, 2008, 30(10): 1379–1382.
- [21] 张四明, 汪登强, 邓怀, 等. 长江中游水系鲢和草鱼群体 mtDNA 遗传变异的研究[J]. 水生生物学报, 2002, 26(2): 142–147.
- [22] 湖北省水生生物研究所鱼类研究室. 长江鱼类[M]. 北京: 科学出版社, 1976.
- [23] 郑慈英. 珠江鱼类志. 北京: 科学出版社 1989.
- [24] 刘乐和, 吴国犀, 曹维孝, 等. 葛洲坝水利枢纽兴建后对青、草、鲢、鳙繁殖生态效应的研究[J]. 水生生物学报, 1986, 10(4): 353–364.
- [25] 邱顺林, 刘绍平, 黄木桂, 等. 长江中游江段四大家鱼资源调查[J]. 水生生物学报, 2002, 26(6): 716–718.
- [26] 段辛斌, 陈大庆, 李志华, 等. 三峡水库蓄水后长江中游产漂流性卵鱼类产卵场现状[J]. 中国水产科学, 2008, 15(4): 523–532.
- [27] Kolar C S, Chapman D C, Courtenay W R, et al. Bigheaded carps: a biological synopsis and environmental risk assessment [J]. American Fisheries Society, Special Publication 33, Bethesda, Maryland. 2007.
- [28] 严骏骢, 赵金良, 李思发, 等. 鲢中国土著群体与海外移居群体遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 水产学报, 2010, 34(4): 673–679.
- [29] 陈银瑞, 杨君兴, 李再云. 云南鱼类多样性和面临的危机[J]. 生物多样性, 1998, 6(4): 272–277.
- [30] 徐如梅, 叶万辉. 生物入侵理论与实践[M]. 北京: 科学出版社, 2004.

Genetic variation of bighead carp *Aristichthys nobilis* from Chinese native populations and introduced populations by AFLP

YAN Juncong, ZHAO Jinliang, LI Sifa, ZHENG Defeng, CAO Yang

Key Laboratory of Aquatic Genetic Resources and Utilization, Ministry of Agriculture, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China

Abstract: Bighead carp, *Aristichthys nobilis*, one of the largest economical cyprinids species, is endemic in eastern China plains, and has also formed some new populations in alien rivers due to extensive introduction for aquacultural or ecological purposes. To understand the genetic resource of wild bighead carp around the world, genetic variation of Chinese native populations from Yangtze River (YZ) and Pearl River (PR), national introduced populations from Amur River (AMUR), and two alien introduced populations from Danube River (DAU), Europe, and Mississippi River (MIS) and North America were analyzed by AFLP. The results showed Nei's genetic diversity (H) of the native populations YZ and PR were 0.0394 ± 0.1221 and 0.0529 ± 0.1236 , respectively, while 0.0233 ± 0.0883 , 0.0122 ± 0.0619 and 0.0134 ± 0.0614 for the introduced AMUR, DAU and MIS populations. Genetic diversity of the introduced populations was lower than the native populations because continuous genetic bottle-neck effects happened for the introduced populations during the progresses of introduction, adaption and establishment of new populations in alien areas. AMOVA showed the variance within populations was 68.52% while interpopulations variance was 31.48% for all bighead carp populations. The F_{st} of two native populations was 0.350 1 ($P < 0.01$), while F_{st} of native populations and introduced populations was 0.155 0 ($P < 0.01$). There was significant difference among native populations and introduced populations, which may reflect different genetic background and genetic drift, ecological pressure and natural selection exerted on them. The above results may be helpful to monitor genetic variation trends for both native populations and introduced populations in alien rivers in the future. [Journal of Fishery Sciences of China, 2011, 18(2): 283–289]

Key words: *Aristichthys nobilis*; native populations; introduced populations; genetic variation; AFLP

Corresponding author: ZHAO Jinliang. E-mail: jlzhao@shou.edu.cn