

DOI: 10.3724/SP.J.1118.2018.18257

DNA 条形码在渔业生物多样性保护中的应用

柳淑芳^{1,2}, 刘永新³, 叶乃好^{1,2}, 刘志鸿¹, 马骞^{1,2}, 李昂^{1,2}, 庄志猛¹

1. 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 山东 青岛 266071;
2. 青岛海洋科学与技术国家实验室, 海洋渔业科学与食物产出过程功能实验室, 山东 青岛 266200;
3. 中国水产科学研究院, 北京 100141

摘要: 生物多样性与人类存亡休戚相关, 保护生物多样性是实现人类社会可持续发展的基础。本文立足我国渔业生物多样性现状, 针对我国渔业生物过度开发和保护不足等难题, 提出了通过开展渔业生物 DNA 条形码研究来推动我国渔业生物多样性学科发展的思路, 详细阐述了 DNA 条形码在渔业生物资源可持续开发、物种分类鉴定、生物多样性监测、外来物种评价、水产品市场监管、渔业信息化等多个领域的应用现状, 进一步展望了 DNA 条形码可以成为渔业生物区系研究、水域生态研究、电子分类技术以及宏 DNA 条形码新技术等多个方面的研究热点, 呼吁扎实推进我国渔业生物 DNA 条形码数据库和信息化平台的建设和共享。

关键词: 渔业资源; 生物多样性保护; DNA 条形码

中图分类号: S917

文献标志码: A

文章编号: 1005-8737-(2018)04-0902-13

生物多样性、全球变化与可持续发展是当前生态研究的三大热点^[1]。我国海域辽阔, 内陆水系发达, 自然条件多样, 形成了多种多样的水域生态系统, 孕育了丰富的物种多样性, 在世界生物多样性中占有重要地位。渔业生物多样性是自然界赋予人类的宝贵财富, 是人类开发和利用渔业生物资源的重要基础, 是维系生态系统稳定、保障优质蛋白供给的源泉。近年来, 人类活动的过度干预造成了生态系统的大面积破坏, 导致越来越多的物种濒临灭绝^[2]。我国已成为生物多样性受到威胁最严重的国家之一, 有效开展生物多样性保护工作已迫在眉睫。当前, 发达国家已经从国家战略角度高度重视渔业生物资源养护与开发利用, 生物多样性丰富程度已成为衡量一个国家生态文明水平和可持续发展能力的重要标志。

2010 年《中国生物多样性保护战略与行动计划(2011—2030 年)》发布, 我国从国家战略层面

确立了水生生物遗传资源保护的方向和主要内容, 将水生生物资源调查与养护列为优先行动, 促进我国水生生物资源从无序开发向养护利用并重的方向发展。2018 年, 生态环境部、农业农村部和水利部联合发布《重点流域水生生物多样性保护方案》, 明确提出要开展流域水生生物调查观测与生态修复, 保护生物资源多样性, 维护地区生态系统安全。针对渔业多样性保护研究工作, 科技部于 2014 年启动科技基础性工作专项“我国重要渔业生物 DNA 条形码信息采集及其数据库构建”, 系统开展渔业生物 DNA 条形码数据采集与数据库构建, 为我国渔业生物资源开发利用和管理提供了科学基础, 为提升我国渔业科技创新能力提供了重要支撑。

1 我国渔业生物多样性的特点

渔业生物指蕴藏在水域中的具有经济、社会

收稿日期: 2018-07-29; 修订日期: 2018-08-10.

基金项目: 科技部科技基础性工作专项(2013FY110700); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(2014A11); 山东省泰山学者建设工程专项.

作者简介: 柳淑芳, 研究员, 从事渔业生物学研究. E-mail: liusf@ysfri.ac.cn

通信作者: 庄志猛, 研究员, 从事海洋生物学研究. E-mail: zhuangzm@ysfri.ac.cn

和美学价值的, 现在或将来可以通过渔业得以利用的生物资源。它不仅包括鱼、虾、蟹、贝、藻等水生经济动植物, 还包括所有与渔业生产和生态环境有关的水生野生动物和水生饵料生物等。有效保护和合理利用渔业生物多样性对促进渔业可持续发展、维护国家生态安全具有重要意义。我国渔业生物多样性丰富, 现将其主要特点归纳如下。

1.1 渔业生物资源丰富, 物种多样

我国水生生物种类是世界上最多的国家之一。我国管辖海域范围内, 记录了 22000 多种海洋生物, 分属于 46 个门, 约占全球海洋生物总量的 10%, 包括鱼类 3248 种, 节肢动物 4362 种, 软体动物 2557 种, 腔肠动物 1010 种, 藻类 790 种, 海洋哺乳动物 39 种^[3]。淡水流域中, 记录了 800 多种鱼类, 其中海、淡水洄游性鱼类有 238 种。其他淡水水生生物资源也十分丰富, 包括爬行动物 380 种、底栖生物 600 种, 浮游生物 200 种以及高等水生植物 70 多种和水生维管束植物 186 种^[4]。另外, 随着水产养殖业的发展, 近年来从国外引进的养殖对象也有 100 多种。

丰富的水生生物资源是与渔业资源开发和利用的重要物质基础, 是国家粮食安全、增加渔民收入、建设生态文明、发展“蓝色经济”的可靠保障。充分利用我国渔业生物种类繁多、基因资源丰富、环境条件各异的巨大优势, 开展我国渔业

生物多样性研究, 拓展渔业生物资源开发利用新领域, 对于支撑我国渔业产业持续发展、促进我国渔业经济快速增长和提升渔业科技创新能力具有重要作用。

1.2 生物区系特征明显, 特有种众多

我国渔业水域广袤, 拥有半封闭型的内陆海(渤海)和世界上最大的陆缘海(黄海、东海、南海), 拥有长江、黄河、珠江、松花江等七大流域, 地跨 37 个维度, 呈现热带、亚热带和温带 3 个气候带的环境差异, 因此形成了我国特有的渔业生物区系。

就海洋鱼类而言, 根据其分布区域, 可以分为印度洋-西太平洋种类、北太平洋种类、大西洋-印度洋-太平洋共有种类, 我国近海土著种类和特有种类(表 1); 从适温属性来看, 包括暖水性种类、暖温性种类、冷温性种类以及纯冷水性种类(表 1)^[4]; 从物种的进化地位看, 我国海洋不仅拥有世界性海洋生物物种, 还保存有其他海域早已灭绝的古老孑遗物种, 以及在进化上属于原始或孤立的类群, 如鸚鵡螺、中国鲎、柱头虫、文昌鱼、海豆芽和酸浆贝等, 其中属于孤立类群的鱼类就有 80 种^[5]。

我国淡水渔业生物种类多、数量大, 但不同水系的生物组成与分布存在较大差异, 海拔越低、温度越高、越靠近下游, 生物种类越多。我国淡水水系中自然分布的土著鱼类有 800 多种, 其中鲤形目鱼类的种类和数量最多, 达 623 种,

表 1 我国海洋鱼类分布类型和数量
Tab.1 The distribution types and quantity of marine fishes in China

	类型 distribution type	种与亚种 species and subspecies	占比/% ratio
按分布区域划分 distribution area based	印度洋-西太平洋种类 India Ocean-Western Pacific species	916	50.75
	北太平洋种类 North Pacific species	734	40.66
	大西洋、印度洋和太平洋共有种类 the Atlantic, India Ocean and Pacific Ocean common species	75	4.16
	我国近海土著种和特有种 native species and endemic species of China's offshore waters	80	4.43
按适温属性划分 thermophilic properties based	暖水性种类(20-25℃) warm water species (20-25℃)	1374	76.12
	暖温性种类(12-20℃) warm temperate species (12-20℃)	368	20.39
	冷温性种类(4-12℃) cold temperate species (4-12℃)	60	3.32
	冷水性种类(0-4℃) cold water species (0-4℃)	3	0.17

约占淡水鱼类总数的 77%; 其次是鲇形目鱼类, 有 84 种, 占比约 10%。我国淡水鱼类多数属于洄游或半洄游习性, 主要分布在长江、珠江、黄海和黑龙江四大水系, 专门定居湖泊生活的鱼类较少。各水系的鱼类组成和数量详见表 2。

1.3 水产养殖新品种和引进种资源丰富

我国淡水养殖历史悠久, 20 世纪 60 年代前后青草鲢鳙四大家鱼的人工繁殖相继获得成功, 并被引种到世界 20 多个国家和地区, 推动了世界淡水渔业和淡水鱼类生物学研究的发展。现今, 我国淡水养殖打破了以四大家鱼为主的传统格局, 鳊鲌、罗非鱼、虹鳟、河蟹、中华绒螯蟹和淡水珍珠贝等一批名特优水产品已形成较大养殖规模^[10]。

海水养殖方面, 从亲鱼和种苗培育到越冬和养成, 以及配合饲料研制、工厂化养殖和网箱养殖等各环节都取得了突破性进展。目前我国海水养殖种类已达百余种, 已实现人工育苗的海水鱼类达到 50 余种, 包括大黄鱼、石斑鱼、红鳍东方鲀、真鲷、牙鲆、半滑舌鳎等; 年产十万吨以上的种类包括牡蛎、扇贝、贻贝、蛤、缢蛏、对虾、海带和紫菜等^[10]。

我国是世界上引种最多的国家之一, 大规模引种工作始于 20 世纪 50 年代末。随着水产养殖

业的发展, 我国先后从国外引进的养殖对象有 100 多种。目前, 淡水养殖的代表性种类是罗非鱼和罗氏沼虾, 海水养殖的代表性种类是扇贝和牡蛎, 推广应用效果较好的种类有淡水白鲢、斑点叉尾鲴、胡子鲇、虹鳟、大菱鲆和条纹鲈等, 移植驯化效果较好的种类有团头鲂、银鲫、银鱼(太湖新银鱼)、池沼公鱼^[11]。

根据全国水产原种和良种审定委员会最新数据, 1996 至 2018 年间审定通过的水产新品种达 201 种, 包括选育种 107 种、杂交种 58 种、引进种 30 种及其他 6 种。这些水产新品种极大丰富了我国的水产种质资源, 且多数已形成产业规模并产生较好社会 and 经济效益, 对推动我国渔业发展做出了重要贡献。

2 我国渔业生物多样性开发利用与保护面临的问题

2.1 渔业资源开发过度和保护不足

历经改革开放近 40 年的发展, 我国已经成为世界第一渔业大国, 渔业总产值占到全国 GDP 的 5% 左右, 渔业在拉动农村经济、调整产业结构、增加就业和渔民收入、改善膳食结构、提高国民生活水平等方面发挥了重大作用。但这些成绩是

表 2 我国四大水系鱼类分布特点
Tab.2 The distribution characteristics of fishes in the four major river systems in China

水系名称 river system	代表区系 representative flora	种与亚种 species and subspecies	鱼类成分 fish composition
珠江水系 Pearl Rivers	属东洋区的东南亚亚区和南 亚亚区 the Southeast Asian subregion and the South Asian subregion of the Oriental Region	296	纯淡水鱼类 239 种, 洄游性鱼类 7 种, 常见河口鱼类 50 种 ^[6] 239 freshwater fish species, 7 species of migratory fish, and 50 species of estuarine fish
长江水系 Yangtze Rivers	属北中亚区 North Central Asia	332	纯淡水鱼类 291 种, 鲤科约占一半 ^[7] 291 freshwater fish species, of which the Cyprinus carp accounts for 50 percent
黄河水系 Yellow Rivers	以平原复合体鱼类为主 plain complex fishes	191	下游物种数较多, 多属江河平原鱼类和洄游性鱼类; 上游物 种数较少, 主要是裂腹鱼亚科和条鳅亚科鱼类 ^[8] There are more downstream species, most of which belong to river plain fishes and migratory fishes There are less upstream species, which are mainly Schizotho- racinae and Noemacheilinae fishes
黑龙江水系 Heilongjiang Rivers	古北界的黑龙江过渡亚区 Palaeartic transitional zone of Heilongjiang	120	河口鱼类和溯河性鱼类 22 种, 纯淡水鱼类 89 种, 其中土著鱼 类 92 种 ^[9] 22 estuarine fish and anadromous fish species, 89 freshwater fish species, 92 of which are indigenous fishes

以长期消耗资源为代价的,粗放型掠夺式的生产方式导致了渔业生物资源急剧衰退,渔获物低龄化、小型化、低值化现象严重。

我国渔业资源长期处于开发过度和保护不足的状态,突出表现在五个方面:(1)过度捕捞。随着捕鱼机械化程度提高,网具规模不断加大,渔具数量无限制投入,违禁工具不断翻新和频繁使用,导致渔业资源的数量和品质急剧下降,部分具有经济价值的渔业资源枯竭,甚至绝灭^[12]。(2)水体污染严重。各种污染源(工业废水、农药、生活垃圾)导致水体富营养化,极大程度破坏了鱼类赖以生存的水域生态环境,此外,大规模水体污染事件时有发生,更是给水生生物带来了灭顶之灾。(3)栖息生境破坏严峻。受大型水利水电工程、围湖围海造田、江河湖库阻隔的影响,渔业生物栖息地受到严重破坏,许多产卵场、索饵场、越冬场和洄游通道的渔业功能丧失,致使渔业资源增殖和恢复能力下降^[13]。(4)渔业资源保护不到位。地方政府对水生生物资源生态保护不够重视,落实生态保护措施不到位,酷渔滥捕和管理不严格,导致天然水域中主要经济和珍稀水生生物资源大幅度下降,难以形成鱼汛^[14]。

由于上述原因,我国渔业生物资源已处于严重衰退状态。黄渤海和东海大型经济鱼类,如真鲷、鳎、对虾等的生物量仅为10年前的29%^[15]。渤海曾经素有“鱼类宝库”之称,但20世纪90年代的调查结果发现其渔业资源质量已大幅降低,较大型的经济鱼类已基本绝迹,经济价值较低的小型中上层鱼类成为渔业资源的主要组成^[16]。目前,长江成鱼捕捞量不及50年代的1/2,鱼苗捕捞量仅为60年代的1/4^[7]。许多珍稀水生生物种类,如白鳍豚、中华鲟、鲟等已濒临灭绝。因此,我国渔业生物资源保护迫在眉睫,亟须制定合理的渔业生物多样性保护规划与方案,并开展有效监督和执行管理。

2.2 渔业生物多样性现状不容乐观

物种多样性是决定生态系统结构和功能的首要因素,对于经长期进化而达到相对平衡的生态系统,每一个物种的消亡或加入,不仅是一种生物资源的缺失或增加,更重要的是将对生态系统

的整体结构和功能产生影响。据估计,世界上物种消失的绝对数量为每年约2.7万种,即每天消失74个物种。很多生物尚未被人类认识就消亡了,这无疑是人类的悲哀和灾难。近年来,由于人们对优质水产品需求的骤增,水域生态系统处于持续增长的压力之下,渔业生物的物种多样性和遗传多样性缺失严重,野生渔业生物濒危程度加剧,外来物种入侵危害不断加大,众多因素造成了渔业生物多样性严重下降,濒危物种迅速增多。目前,我国处于濒危状态和受到严重威胁的鱼类有97种(亚种),隶属于9目24科80属^[2]。可见,开展渔业生物多样性保护已成为一项紧迫任务。

渔业生物多样性下降的直接诱因是生态环境不断恶化和过度捕捞,造成水生生物资源严重衰退和遗传多样性降低,直接威胁到许多渔业生物群体资源,如长江鲟、白鲟、中华鲟、黄河鲤、北方铜鱼等名贵鱼类,导致其濒临灭绝^[10]。间接诱因是不合理引种或养殖品种逃逸后与野生近缘种交配导致土著生物种质资源退化,遗传资源丧失,降低了水域生态系统的生物多样性,破坏了物种间的相互依赖关系,影响到食物网的营养关系,从而导致生态系统结构与功能发生变化,促使生态平衡变得极为敏感和脆弱。例如,由于引种不当,滇池中除泥鳅和鲫以外,其他土著鱼类已很少被发现,银白鱼和多鳞白鱼等特有土著名贵鱼类更是早已绝迹^[14]。

2.3 渔业生物多样性研究亟需新方法

我国渔业生物资源丰富,历经数十年的开发利用,正面临着全球变化和人类活动的双重压力。确保渔业生物资源的可持续开发利用,首先需要了解维持目标水域生态系统稳定的生物多样性特点及其变化规律。此外,物种准确鉴定与识别是开展渔业水域濒危物种发现与保护、生态危害种控制与防治、水域生态系统关键种确定、水产品贸易监管、渔业生物来源食品检验检疫等系列工作的重要基础。然而,由于渔业生物栖息环境多样,受环境影响许多物种存在“同种异形”和“异种同形”现象,一些种属中存在潜在或隐存的分类单元;水生动物个体早期发育过程复杂,卵子、幼体和成体之间形态变化多样,有的物种形

态差异甚大;水生动物食物关系复杂,胃含物物种识别困难,传统的形态分类学和生态学研究存在技术瓶颈,难以满足现代渔业管理及社会经济迅猛发展的需求。

建立我国渔业生物 DNA 条形码信息采集标准和数据库是丰富渔业生物多样性认识、发现新物种、揭示隐存种、理清“同种异形”和“异种同形”现象的便捷途径之一^[17],能为研究水生生物的进化规律和遗传变异提供海量数据,能为研究渔业资源动态和共享资源管理提供新机遇。

3 DNA 条形码在渔业生物多样性保护中的地位和作用

3.1 符合渔业资源可持续开发利用的基本国策

针对我国渔业生物资源严重衰退、栖息地生境日益恶化的现状,国务院于 2006 年颁布了《中国水生生物资源养护行动纲要》,明确指出要“切实加强国家生态建设,依法保护和合理利用水生生物资源,实施可持续发展战略”。《国家中长期科学和技术发展纲要(2006—2020 年)》在“环境重点领域”将“生态脆弱区域生态系统功能的恢复和重建”列为优先主题;在“海洋生态与环境保护领域”将“加强海洋生态与环境保护技术研究,发展近海海域生态与环境保护、修复技术”列为优先主题。开展渔业生物多样性调查,构建渔业生物 DNA 条形码数据库,是实施渔业生物资源养护与栖息地生境修复、实现渔业生物资源良性循环利用的基础,符合国家中长期发展规划的科学目标和国家发展战略的重点需求。DNA 条形码不仅为分类学、系统学、生态学等经典学科的发展开辟了新通路,也为促进进化生态学、生物多样性保护、生物信息学等新兴学科的交叉融合提供了新途径。

3.2 加速物种鉴定和揭示隐存种多样性

水生生物种类繁多、分布广泛、生境复杂,物种分类和鉴定一直比较困难;水生生态系统中隐存种的现象十分普遍,很多物种形态学很相似但基因组相差甚远;水生生物的幼稚体和成体之间形态差异较大,特别是在江河入海口等水域往往存在着很多物种的成体和幼体,进一步加大了物

种鉴别的难度。因此,传统形态学分类方法对水生生物分类鉴定往往显得力不从心。DNA 条形码技术突破了鉴定者对分类经验的过度依赖,还能避免形态学特征趋同或趋异产生的鉴定误差,不管是有效评价隐存种的存在、还是准确阐明物种的幼体和成体生长周期,均取得了一系列的成效。如 Steinke 等^[18]对南非 2526 例鱼类幼体和浮性卵及 3215 条成鱼的 DNA 条形码进行分析,发现了此前南非未被记录的 189 种鱼类。Rosso 等^[19]发现阿根廷潘帕平原的代表性鱼类黄金河虎(*Salminus brasiliensis*)、克林雷氏鲇(*Rhamdia quelen*)等 7 种鱼类与其在南美洲其他地区采集的同种个体的遗传距离相差超过 3%,表明这些鱼类的 COI 序列组成具有显著的地域性,推测可能存在潜在的物种。Khedkar 等^[20]研究了印度纳尔默达河流域的 90 种形态种的 DNA 条形码序列,发现了 5 个新物种,还发现了此前该地区未报告的 43 种鱼类。Young 等^[21]运用 DNA 条形码从落基山脉多个水系中鉴定出杜父鱼属(*Cottus*)的 8 个物种,但之前的研究中只有 2 个物种被描述过。可见, DNA 条形码技术有效提高了物种鉴定能力和效率,加速了新物种和隐存种的发现速度。

3.3 提高渔业生物多样性监测的精准度

DNA 条形码为生物多样性热点地区的物种鉴定和生物多样性监测提供了得力工具,尤其是开展大区域、大尺度范围内的生物多样性评估,可以纠正基于形态学特征错误鉴定的物种,提高生物多样性的监测效率和准确性。例如,Chen 等^[22]从怒江流域 46 个形态种的 1139 份鱼类样本中鉴定出 43 个物种,避免了形态学特征趋同或趋异产生的误判。张顺等^[23]将 DNA 条形码技术应用于雷州半岛红树林区鱼类多样性调查,1720 份鱼类样品鉴定出 94 个种,为研究鱼类生态类群组成特点和红树林生态系统对鱼类栖息地与育幼场的功能提供了直接证据。为摸清甘肃省土著鱼类资源与分布现状,并探索 DNA 条形码在鱼类辅助物种鉴定中的适用性,王太等^[24]对甘肃境内黄河水系、嘉陵江水系和河西内陆河水系进行了较全面的鱼类多样性调查,并比较分析了不同河段的物种多样性,为甘肃省鱼类资源的保护和管理提供

了重要参考价值。

渔业生物多样性是人们开发和利用渔业生物资源的重要基础,渔业生物资源评估不仅包括区域内物种的种类、数量,还包括物种间遗传距离、谱系多样性和系统发育结构^[25-26]。DNA 条形码分析同时还可以评估渔业生物遗传多样性及其种群遗传结构,描述不同种群的谱系关系和地理分布模式,有助于阐明种群的起源和演化过程,揭示生境要素和古地质事件对渔业生物分布格局的作用。

3.4 促进外来渔业物种的生态入侵评价

近年来,外来种入侵严重影响本地渔业生产,许多国家根据自身情况制定了生物安全管理办法以预防和监控外来种,但物种的准确鉴定是需要优先解决的难题。DNA 条形码能够迅速和准确鉴别物种,根据系统发育谱系学还可以推测外来物种的来源和入侵途径,从而提出预防措施和管理方法。Saitoh 等^[27]对日本宫城湖周围严重濒危物种细鳞鱼的 DNA 条形码进行系统发育关系分析,发现这些细鳞鱼的种源并非本地。Kneibelsberger 等^[28]对涵盖德国列入濒危动物红皮书的近 80% 鱼类的 DNA 条形码进行分析,将德国潜在的外来物种数量从 14 增至 21。Gavrilović 等^[29]研究了双壳贝类 *Pinctada imbricata radiata* 在地中海的入侵状况,根据不同水域、不同年代标本的 DNA 条形码基因单倍型判断,所有标本均属于同一个进化分支,表明该入侵种具有强大的繁殖和扩散能力。

我国外来物种的入侵也非常严重,至 2011 年,我国共查明外来入侵种 488 种,包括植物 265 种、动物 171 种、菌类 26 种、病毒 12 种、原核生物 11 种、原生生物 3 种。水葫芦、美国白蛾、巴西龟、福寿螺、日本鲍鱼等代表性入侵种已经对我国的生态环境和农业生产造成了严重威胁。杨倩倩等^[30]基于 DNA 条形码技术研究了浙江省 7 个区县福寿螺入侵情况,揭示我国外来福寿螺包括 *Pomacea canaliculata* 和 *P. maculata* 两个种,依据系统发育关系推测其分别来源于阿根廷和巴西。

3.5 提升渔业市场经营和贸易监管水平

我国是水产品生产和消费大国,产品种类繁多、形式多样,流通领域的水产品掺杂使假、以

假充真、以次充好等现象时有发生。DNA 条形码可用于加工、蒸煮、熏制等处理后的水产品物种鉴定和安全性评价,可以对原材料进行溯源和追踪,在水产品掺假识别、水产品贸易监管、渔业生物食品来源检验检疫、水产品药材鉴别等方面均具有潜在应用价值。

国内外水产品市场上鱼类名称标注错误时有发生, DNA 条形码可以准确鉴别真伪。北美的一份调查分析表明, 25% 的海产品标签与实物不一致^[31]。加拿大海产品市场上高达 41% 的产品标签与实物不符^[32]; 欧洲市场的红鱼也被发现存在标签误标的问题^[33]; 我国深圳市场上出售的鱼肉制品错贴率达 36%^[34]。Hou 等^[35]将 DNA 条形码方法用于干海马成分检测,在海马贸易中发挥了重要作用。

商贩还会把受保护的或禁止上市的物种贴成市场可以销售的商品标签。Birstein 等^[36]利用 DNA 条形码检测出 23% 的鱼子酱标注鱼类名称有误,甚至部分商品含有濒危物种成分。使用 DNA 条形码方法还可以从鱼翅产品中鉴别出鲨鱼原料的种类^[37]; 通过海龟肉、胴体或海龟蛋的 DNA 条形码分析,可以很容易地鉴别出是否存在非法贸易^[38]。台湾境内鱼翅样品仅有 23% 来自非濒危物种, 2.5% 来自濒危鲨鱼物种, 50% 来自易危种, 24.5% 来自近危种^[39]。Holmes 等^[40]对澳大利亚附近海域非法捕捞的不明来源的 211 个鱼鳍样品进行物种鉴定,发现多数物种被列入世界自然保护联盟(IUCN)红色名录,样品中竟然还包括极度濒危物种——钝锯鳐(*Anoxypristis cuspidate*)。李楠等^[41]用 DNA 条形码对北京、厦门两地市售烤鱼片和鱼干成分进行鉴定, 27 份样品中有 15 份含有河鲀成分,提示应加强产品的监管以避免中毒事件的发生。

3.6 积极推动我国渔业领域信息化进程

21 世纪是大数据和信息化的时代,通过构建我国重要渔业生物 DNA 条形码数据库,进一步拓展 DNA 条形码技术在渔业种质资源评价、新资源开发、水产育种、水产品质量安全和外来种入侵控制等方面的应用,不仅可为我国渔业产业、渔业经济发展健康持续发展和水产科学的创新提

供基础平台,还可以有效增强渔业生物多样性的保护能力,对我国水生生物种质资源保存与信息化有重要的战略性意义。

“渔业生物 DNA 条形码数据库”由中国水产科学研究院黄海水产研究所牵头,整合厦门大学、中国科学院海洋研究所以及中国水产科学研究院辖属的海区与流域研究所等多家单位共同完成,采集和保存渤、黄、东、南海四大海区和长江、黄河、珠江、松花江等 7 大流域的渔业生物凭证标本和 DNA 条形码,并将其信息进行标准化整理和数字化表达。当前,渔业生物 DNA 条形码数据库及其凭证标本库已初具规模,截止 2018 年 7 月,保存渔业生物物种信息 6737 条、渔业生物标本 46450 号,渔业生物 DNA 条形码 30445 条。

为建设符合国际通用标准并可进行数据交换和共享的数据库体系,我国渔业生物 DNA 条形码数据库的架构和数据标准,完全参照国际 DNA 条形码数据库 BOLD 的建设规范和数据要求完成。基于相关的实施细则和统一技术标准,在知识产权保护 and 利益均衡的合理框架之内,中国渔业生物的 DNA 条形码数据库可为水产、海关和质检等相关职能部门及相关的商业机构提供查询服务,并积极推动我国信息资源的有效共享和利用。

4 渔业生物 DNA 条形码的重点研究领域

4.1 渔业生物 DNA 条形码信息平台构建、维护与共享

在“大数据”时代背景下,渔业生物 DNA 条形码数据不再是单一的、一维尺度的数据,而是丰富的、多维尺度的数据。全球范围的生物 DNA 条形码资源整合与信息共享已成为一个趋势,国际生命条形码联盟(Consortium for the Barcode of Life, CBOL)通过搭建生命条形码数据门户网站,将 DNA 条形码信息与生物多样性信息整合,为 DNA 条形码分析与应用的开放平台建设奠定基础^[42]。

基于 DNA 条形码在物种鉴别上的广泛尝试和应用,2004 年,启动了全球鱼类 DNA 条形码计划(Fish Barcode of Life Initiative, FISH-BOL);2007 年,国际生命条形码数据库系统(Barcode of

Life Data Systems, BOLD)开始筹建;2008 年,我国成为国际生命条形码计划(International Barcode of Life, iBOL)四个中心节点之一;2013 年,我国正式启动渔业生物 DNA 条形码计划,“中国重要渔业生物 DNA 条形码信息平台”(http://www.fishery-barcode.cn)目前已正式上线测试。该平台将成为我国渔业生物 DNA 条形码信息和渔业生物多样性信息发布的重要平台、渔业生物资源保护和利用信息发布与国际交流的重要平台,可为国内科研、教学、产业提供畅通、高效、快速、准确的信息服务。

渔业生物 DNA 条形码信息平台由实物库(凭证标本库、组织标本库和 DNA 库)、DNA 条形码数据库、物种信息库和信息分析共享系统四部分组成。从平台建设和维护的角度,渔业生物 DNA 条形码信息采集需要规范化、标准化的工作流程,平台所保存的 DNA 条形码序列信息准确可靠,且均来自经分类学家准确鉴定的标本,这些凭证标本具有详尽的注释并规范化保藏,由此才能在数据展示系统中实现简单快捷地鉴定物种并获取其关联信息。从平台应用和共享的角度,则需要不断完善和优化渔业生物 DNA 条形码标准数据库,既要充分考虑如何根据渔业领域大数据特征整合和管理好海量数据资源,还要深入思考如何使用好渔业生物学大数据,使得渔业生物多样性信息快速获取成为可能,为满足公众对渔业生物物种准确鉴定和快速认知提供重要支撑。由此可见,渔业生物 DNA 条形码信息平台的建设将是长期而艰巨的任务。

4.2 DNA 条形码在渔业生物物种鉴别和分类中的应用

DNA 条形码极大地增强人类监测、了解和利用渔业生物多样性资源的能力,可以为发现新种和隐存种提供有力证据,但发现新物种和划分隐存种是一项复杂而系统的工作。如果种群间存在生殖隔离,DNA 条形码分析则会表现出较大的种内遗传距离,提示可能产生物种(亚种)分化。但新种的最终确定还需要整合形态学、解剖学特征及早期发育特征等多重数据进行分析^[43]。

DNA 条形码在渔业生物物种鉴定方面的技

术优势主要体现在以下几个方面: (1)多数渔业生物遗传背景不清, 种质鉴定仍停留在形态水平上, DNA 条形码提供了遗传信息的分类学标准和有效的分子分类学手段; (2)渔业生物栖息环境多样, 多有“同种异形”和“异种同形”现象, 潜在隐存分类单元, 通过 DNA 条形码认识渔业生物多样性, 可为研究水生生物的起源和演化规律提供海量数据, 为研究渔业资源动态尤其是共享资源管理提供新机会; (3)水生动物早期发育过程复杂, 卵子、幼体形态变化多样, DNA 条形码对仔幼稚鱼、鱼卵进行快速准确鉴定, 可为查明资源早期补充提供依据; (4)渔业生物食物关系复杂, 胃含物物种识别困难, 传统的形态分类学和生态学研究存在技术瓶颈, DNA 条形码可以通过小块材料, 甚至是痕量的组织, 实现物种鉴定; (5)针对水产品贸易监管、渔业生物来源食品检验检疫缺乏有效手段, DNA 条形码为流通环节的水产品鉴定提供了有效技术方法, 为水产加工品定性和贸易纠纷提供可靠标准。

由此可见, DNA 条形码不仅是传统分类学的有力补充, 而且可使标本鉴定过程实现自动化和标准化, 能够在较短时间内建立形成易于利用的应用系统。DNA 条形码技术在渔业生物资源监测、保护、开发和利用的各个层面都具有广阔的应用前景。

4.3 DNA 条形码技术在渔业生物区系研究中的应用

DNA 条形码的研究尺度不断扩大, 研究的对象从单个物种的鉴定, 发展到生物群落谱系树的建立, 再到生物群系形成原因和演化历史, 直到一个岛屿、一个湖泊或一条河流全部生物区系(biota)的物种清查。随着高通量测序和大数据处理技术的发展, 其研究尺度将进一步扩大到生物群区(biome), 以揭示生物多样性演化和适应环境的机制。生物群区是生物多样性形成和演化的重要自然单元, 也是生物多样性适应大尺度环境变化的基本单元。运用新一代生命条形码技术开展大尺度的生物群区研究, 不仅会推动生物多样性学科发展, 也将促进生物地理学、进化生物学和群落生态学等相关学科的发展^[44]。

DNA 条形码技术在生物区系研究中的应用, 为认识生物群落构建机制和制定生物多样性保护策略提供了新的视角^[45]。非洲坦噶尼喀湖的慈鲷科鱼类十分丰富, 且不断有新种被发现, Breman 等^[46]对该湖区的 96 种慈鲷形态种进行 DNA 条形码分析, 鉴定出 115 个物种, 表明坦噶尼喀湖拥有更多潜在的慈鲷物种。坦噶尼喀湖慈鲷具有复杂的演化历史, 变异、杂交和基因渗入加速了新物种的形成, DNA 条形码鉴定结果有助于揭示该湖区鱼类群落组成、结构及其生态功能。Decru 等^[47]比较了 DNA 条形码和传统形态学鉴定技术鉴定刚果东北流域的鱼类区系的差异, 结果发现通过 COI 序列确定的物种数量超过了使用形态特征推断的物种数量。我国长江鱼类区系相对复杂, 鱼类的生物多样性受到栖息地环境急剧变化的威胁, Shen 等^[48]分析了长江中游鱼类区系的 35 种鱼类 DNA 条形码, 结果表明多数物种的种间遗传距离超过 2%, 但 COI 基因的单倍型多样性却比较低 ($\leq 0.5\%$), 提示迫切需要对该鱼类区系采取一定的保护措施。

4.4 DNA 条形码技术在摄食生态学研究中的应用

在渔业生态学方面, DNA 条形码为揭示食物网结构和营养级关系提供了有效工具。食物网及营养动力学研究对于理解生态系统的能量流动和物质循环过程及其生态功能具有重要意义^[49]。通过渔业生物摄食生态学研究, 阐明渔业生物的食物联系及其种间关系, 可为揭示渔业资源优势种更替和补充机制提供理论依据。但由于胃含物多数已被过度消化, 通常难以通过形态学特征识别胃含物中的物种成分。Jo 等^[50]比较了肉眼识别和 DNA 分析方法的精度, 他采用 DNA 条形码技术从塔斯马尼亚湖褐鳟(*Salmo trutta*)的肠道内容物中分辨出 44 个独特的操作分类单元(Operational Taxonomic Units, OTU), 比肉眼识别出的分类单元多 1.4 倍。可见, 渔业生物胃含物的 DNA 条形码对发现潜在生物多样性也是一个有力补充。

DNA 条形码与荧光定量 PCR 技术结合, 实现了胃含物分析从定性研究向定量研究的发展。Durbin 等^[51]运用 DNA 条形码技术定量评估了肉食性桡足类对汤氏纺锤水蚤(*Acartia tonsa*)无节幼

体的现场摄食率。Tobe 等^[52]通过 DNA 条形码定量分析发现南极大磷虾(*Euphausia superba*)摄食的主要饵料是长腹剑水蚤属(*Oithona*)。随着测序技术的升级发展,基于 DNA 条形码的摄食生态学和营养动力学研究将更加准确可靠、经济高效^[53],从而提升人们对生态系统能量流动和物质循环的研究能力。

4.5 DNA 条形码与新技术的结合与应用

随着新一代测序平台(next-generation sequencing, NGS)的发展,利用高通量测序从混合样本中获得海量条形码序列的技术(即宏条形码 meta-barcoding)将 DNA 条形码的应用带到新阶段^[54]。高通量条形码技术不仅可以对现代生物多样性进行有效评估,也可以对历史上的动植物群落多样性进行评估,为生物多样性研究与保护提供了新的推动力,应用前景广阔^[55]。第五届国际生命条形码大会明确提出探讨植物 DNA 条形码 2.0 (Plant DNA Barcode 2.0)的必要性,即从单个和(或)少数 DNA 片段向利用大量 DNA 片段乃至细胞器基因组数据发展的趋势,包括超级条形码(ultra-barcoding)或细胞器条形码(organelle-barcoding)、微条形码(mini-barcoding),以及基因组浅层测序(genome skimming)等方面^[56]。

宏 DNA 条形码能迅速、批量地进行生物多样性评估,已经在渔业生物的多个领域应用。Cilleros 等^[57]运用宏 DNA 条形码技术检测圭那亚地区的鱼类组成,一个批次便可完成水体中环境 DNA 的检测,鉴定出 148 种鱼。Kimmerling 等^[58]在亚喀巴湾海域的珊瑚礁选择了 383 个采样点共采集 9933 份样品,将宏 DNA 条形码测序结果与传统的 DNA 条形码结果进行比较,两者的符合率为 77%,表明宏 DNA 条形码技术适用于生物多样性监测以及珊瑚礁生物种群的保护和管理工作。宏条形码技术还可用于濒危和入侵物种的鉴定、渔业生物食性分析、生态环境的评估等^[59-61]。

DNA 条形码与生物芯片相结合产生的 DNA 条形码芯片,继承了芯片技术的高通量、重复性好、操作性强等优点,从而弥补了传统 DNA 条形码需要测序、繁琐费时的不足,能够同时检测大批量样品,大大提高了物种鉴定效率,已经被尝

试应用于鱼类的快速分类鉴定^[62]。本团队也陆续开展了鲱形目鲱科鱼类、鲉形目鲉科鱼类和山东近海鱼类的 DNA 条形码芯片的分子探针筛选,并证明 DNA 条形码芯片用于鱼类的快速鉴定具有一定的可行性^[63-65]。DNA 条形码芯片的成功使便携式鱼类分类鉴定扫描仪的研发成为可能,将为物种鉴定的现场快速检测技术提供支撑。

5 渔业生物 DNA 条形码发展趋势展望

随着 DNA 条形码的深入研究和广泛应用,渔业生物 DNA 条形码研究将朝着纵横两个方向发展。纵向主要表现为三方面:(1)继续完善渔业生物 DNA 条形码标准数据库和信息平台建设;(2)着力解决渔业生物近缘物种、杂交种及新品种的 DNA 条形码分辨率有限的问题;(3)加强宏 DNA 条形码研究,针对混合样品(消化道内含物等)或环境样品(水体和沉积物等)等高度降解的 DNA,筛选最佳引物和优化扩增体系,提高检测通量和灵敏性。横向主要表现为多学科交叉融合, DNA 条形码与保护生物学、生物地理学、群落生态学和进化生物学等学科互相渗透与交融,派生出群落系统发育学(community phylogenetics)、群落谱系学(community genealogy)及系统发育区系学(phylofloristics)等新方向,为研究渔业生物区系的发生和演化过程提供了一新途径。

参考文献:

- [1] Juliann E A, Narcisa G P, Gregory J H, et al. Biodiversity areas under threat: overlap of climate change and population pressures on the world's biodiversity priorities[J]. PLoS ONE, 2017, 12(1): e0170615.
- [2] Chen Y Y. Development of Biodiversity Conservation and Research in China VIII[M]. Beijing: China Meteorological Press, 2004: 15-36. [陈宜瑜. 中国生物多样性保护与研究进展 VIII[M]. 北京: 气象出版社, 2004: 15-36.]
- [3] Liu J Y. Status of marine biodiversity of the China seas[J]. PLoS ONE, 2013, 8(1): e50719.
- [4] Zhang J H, He Y J. Aquatic biodiversity and research progress in China[J]. South China Fisheries Science, 2005, 1(3): 69-72. [章继华, 何永进. 我国水生生物多样性及其研究进展[J]. 南方水产, 2005, 1(3): 69-72.]
- [5] Huang Z G. General characteristics of the species in China seas[J]. Biodiversity Science, 1994, 2(2): 63-67. [黄宗国.

- 中国海物种的一般特点[J]. 生物多样性, 1994, 2(2): 63-67.]
- [6] Chen Y Y, Cao W X, Zheng C Y. Ichthyofauna of the Zhujiang River with a discussion on zoogeographical divisions for freshwater fishes[J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 1986, 10(3): 228-236. [陈宜瑜, 曹文宣, 郑慈英. 珠江的鱼类区系及其动物地理区划的讨论[J]. 水生生物学报, 1986, 10(3): 228-236.]
- [7] Li S F. Study on Biodiversity and Conservation of Important Fish in the Yangtze River[M]. Shanghai: Shanghai Scientific & Technical Publishers, 2001: 12. [李思发. 长江重要鱼类生物多样性和保护研究[M]. 上海: 上海科学技术出版社, 2001: 12.]
- [8] Ru H J, Wang H J, Zhao W H, et al. Fishes in the mainstream of the Yellow River: assemblage characteristics and historical changes[J]. Biodiversity Science, 2010, 18(2): 179-186. [茹辉军, 王海军, 赵伟华, 等. 黄河干流鱼类群落特征及其历史变化[J]. 生物多样性, 2010, 18(2): 179-186.]
- [9] Ren M L. Ichthyofauna of the Heilongjiang river [J]. Chinese Journal of Fisheries, 1994, 7(1): 1-14. [任慕莲. 黑龙江的鱼类区系[J]. 水产学杂志, 1994, 7(1): 1-14.]
- [10] Zhang F S. China aquaculture industry development in modern times and contemporary age: status and prospects[J]. World Sci-Tech R & D, 2003, 25(3): 5-13. [张福绥. 近现代中国水产养殖业发展回顾与展望[J]. 世界科技研究与发展, 2003, 25(3): 5-13.]
- [11] Fisheries Bureau of the Ministry of Agriculture. China Fisheries Yearbook[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2001: 317. [农业部渔业局. 中国渔业年鉴[M]. 北京: 中国农业出版社, 2001: 317.]
- [12] Ji Y, Yu J S, Chen C. Study on the cause for marine fisheries overfishing[J]. China Science and Technology Information, 2012(6): 35, 53. [吉樱, 喻江山, 陈晨. 海洋渔业过度捕捞原因探讨[J]. 中国科技信息, 2012(6): 35, 53.]
- [13] Zhou X Y. Effect of hydraulic and hydro-power projects on the diversity of hydrobios and protective measures[J]. China Rural Water and Hydropower, 2009(11): 144-146. [周小愿. 水利水电工程对水生生物多样性的影响与保护措施[J]. 中国农村水利水电, 2009(11): 144-146.]
- [14] Chen Z M, Yang J X, Su R F, et al. Present status of the indigenous fishes in Dianchi Lake[J]. Biodiversity Science, 2001, 9(4): 407-413. [陈自明, 杨君兴, 苏瑞凤, 等. 滇池土著鱼类现状[J]. 生物多样性, 2001, 9(4): 407-413.]
- [15] Jin X S, Dou S Z, Shan X J, et al. Hot spots of frontiers in the research of sustainable yield of Chinese inshore fishery[J]. Progress in Fishery Sciences, 2015, 36(1): 124-131. [金显仕, 窦硕增, 单秀娟, 等. 我国近海渔业资源可持续产出基础研究的热点问题[J]. 渔业科学进展, 2015, 36(1): 124-131.]
- [16] Jin X S, Tang Q S. The dynamics of major fishery resources in the Bohai Sea[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 1998(3): 18-24. [金显仕, 唐启升. 渤海渔业资源结构, 数量分布及其变化[J]. 中国水产科学, 1998(3): 18-24.]
- [17] Liu S F, Li X R, Li D, et al. Species identification and phylogenetic relationships in order Clupeiformes based on DNA barcoding[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2015, 22(6): 1133-1141. [柳淑芳, 李献儒, 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.]
- [18] Steinke D, Connell A D, Hebert P D. Linking adults and immatures of South African marine fishes[J]. Genome, 2016, 20: 1-9.
- [19] Rosso J J, Mabrugaña E, Castro M G, et al. DNA barcoding Neotropical fishes: recent advances from the Pampa Plain, Argentina[J]. Molecular Ecology Resources, 2012, 12(6): 999-1011.
- [20] Khedkar G D, Jamdade R, Naik S, et al. DNA barcodes for the fishes of the Narmada, one of India's longest rivers[J]. PLoS ONE, 2014, 9(7): e101460.
- [21] Young M K, McKelvey K S, Pilgrim K L, et al. DNA barcoding at riverscape scales: assessing biodiversity among fishes of the genus *Cottus* (*Teleostei*) in northern Rocky Mountain streams[J]. Molecular Ecology Resources, 2013, 13(4): 583-595.
- [22] Chen W T, Ma X H, Shen Y J, et al. The fish diversity in the upper reaches of the Salween river, Nujiang river, revealed by DNA barcoding[J]. Scientific Reports, 2015, 5: 17437.
- [23] Zhang S, Liao J, Bai Q, et al. COI barcoding-assisted species diversity study on mangrove fish in leizhou peninsula[J]. Oceanologia et Limnologia Sinica, 2016, 47(3): 663-672. [张顺, 廖健, 柏琴, 等. COI 条形码辅助分析雷州半岛红树林区鱼类的物种多样性[J]. 海洋与湖沼, 2016, 47(3): 663-672.]
- [24] Wang T, Zhang Y P, Guan L H, et al. Current freshwater fish resources and the application of DNA barcoding in species identification in Gansu Province[J]. Biodiversity Science, 2015, 23(3): 306-313. [王太, 张艳萍, 管丽红, 等. 甘肃省鱼类资源现状及 DNA 条形码在鱼类物种鉴定中的应用[J]. 生物多样性, 2015, 23(3): 306-313.]
- [25] Costion C, Ford A, Cross H, et al. Plant DNA barcodes can accurately estimate species richness in poorly known floras[J]. PLoS ONE, 2011, 6(11): e26841.
- [26] Erickson D L, Jones F A, Swenson N G, et al. Comparative evolutionary diversity and phylogenetic structure across

- multiple forest dynamics plots: a mega-phylogeny approach[J]. *Frontiers in Genetics*, 2014, 5: Article 358.
- [27] Saitoh K, Shindo K, Fujimoto Y, et al. Mitochondrial genotyping of an endangered bitterling *Acheilognathus typus* (Cyprinidae)[J]. *Zookeys*, 2016, 11(623): 131-141.
- [28] Kneibelsberger T, Dunz A R, Neumann D, et al. Molecular diversity of Germany's freshwater fishes and lampreys assessed by DNA barcoding[J]. *Molecular Ecology Resources*, 2015, 15(3): 562-572.
- [29] Gavrilović A, Piria M, Guo X Z, et al. First evidence of establishment of the rayed pearl oyster, *Pinctada imbricata radiata* (Leach, 1814), in the eastern Adriatic Sea[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2017, 125(1-2): 556-560.
- [30] Yang Q Q, Liu S W, Ru W D, et al. Molecular identification of invasive golden apple snails in Zhejiang province based on DNA barcoding[J]. *Biodiversity Science*, 2016, 24(3): 341-350. [杨倩倩, 刘苏汶, 茹炜崇, 等. 基于DNA条形码技术对浙江省外来入侵福寿螺进行分子鉴定[J]. *生物多样性*, 2016, 24(3): 341-350.]
- [31] Wong E H K, Hanner R H. DNA barcoding detects market substitution in North American seafood[J]. *Food Research International*, 2008, 41(8): 828-837.
- [32] Handy S M, Deeds J R, Ivanova N V, et al. A single-laboratory validated method for the generation of DNA barcodes for the identification of fish for regulatory compliance[J]. *Journal of AOAC International*, 2011, 94(1): 201-210.
- [33] Shum P, Moore L, Pampoulie C et al. Harnessing mtDNA variation to resolve ambiguity in 'Redfish' sold in Europe[J]. *PeerJ*, 2017, 5: e3746.
- [34] Wang M, Liu H, Huang H, et al. Identifying fish products in Shenzhen through DNA barcoding[J]. *Food Science*, 2015, 36(20): 247-251. [王敏, 刘荭, 黄海, 等. DNA条形码技术在深圳鱼肉制品鉴定中的应用[J]. *食品科学*, 2015, 36(20): 247-251.]
- [35] Hou F, Wen L, Peng C, et al. Identification of marine traditional Chinese medicine dried seahorses in the traditional Chinese medicine market using DNA barcoding[J]. *Mitochondrial DNA*, 2018, 29(1): 107-112.
- [36] Birstein V J, Doukakis P, Desalle R. Polyphyly of mtDNA lineages in the Russian sturgeon, *Acipenser gueldenstaedtii*: forensic and evolutionary implications[J]. *Conservation Genetics*, 2000, 1(1): 81-88.
- [37] Fields A T, Abercrombie D L, Eng R, et al. A novel mini-DNA barcoding assay to identify processed fins from internationally protected shark species[J]. *PLoS ONE*, 2015, 10(2): e0114844.
- [38] Vargas S M, Araújo F, Santos F R. DNA barcoding of Brazilian sea turtles (Testudines)[J]. *Genetics & Molecular Biology*, 2009, 32(3): 608-612.
- [39] Liu S, Lin O, Hu C S, et al. DNA barcoding of shark meats identify species composition and CITES-Listed species from the markets in Taiwan[J]. *PLoS ONE*, 2013, 8(11): e79373.
- [40] Holmes B H, Steinke D, Ward R D. Identification of shark and ray fins using DNA barcoding[J]. *Fisheries Research*, 2009, 95(2-3): 280-288.
- [41] Li N, Jiang T, Shen Q, et al. Application of DNA barcode to identify the species of puffer fish in roasted fish fillet and dried fish[J]. *Chinese Journal of Food Hygiene*, 2014, 26(2): 111-114. [李楠, 江涛, 沈青, 等. 应用DNA条形码技术鉴定烤鱼片、鱼干中河鲀鱼种[J]. *中国食品卫生杂志*, 2014, 26(2): 111-114.]
- [42] Sarkar I N, Trizna M. The barcode of life data portal: bridging the biodiversity informatics divide for DNA barcoding[J]. *PLoS ONE*, 2011, 6(7): e14689.
- [43] DeSalle R, Goldstein P Z. Integrating DNA barcode data and taxonomic practice: determination, discovery, and description[J]. *Bioessays*, 2011, 33: 135-147.
- [44] Ma K P. DNA barcode: from species to biome[J]. *Biodiversity Science*, 2015, 23(3): 279-280. [马克平. DNA条形码: 从物种到生物群落[J]. *生物多样性*, 2015, 23(3): 279-280.]
- [45] Li C L, Wang M X, Cheng F P, et al. DNA barcoding and its application to marine zooplankton ecology[J]. *Biodiversity Science*, 2011, 19(6): 805-814. [李超伦, 王敏晓, 程方平, 等. DNA条形码及其在海洋浮游动物生态学研究中的应用[J]. *生物多样性*, 2011, 19(6): 805-814.]
- [46] Breman F C, Loix S, Jordaens K, et al. Testing the potential of DNA barcoding in vertebrate radiations: the case of the littoral cichlids (Pisces, Perciformes, Cichlidae) from Lake Tanganyika[J]. *Molecular Ecology Resources*, 2016, 16(6): 1455-1464.
- [47] Decru E, Moelants T, De Gelas K, et al. Taxonomic challenges in freshwater fishes: a mismatch between morphology and DNA barcoding in fish of the north-eastern part of the Congo basin[J]. *Molecular Ecology Resources*, 2016, 16(1): 342-352.
- [48] Shen Y, Guan L, Wang D, et al. DNA barcoding and evaluation of genetic diversity in Cyprinidae fish in the midstream of the Yangtze River[J]. *Ecology and Evolution*, 2016, 6(9): 2702-2713.
- [49] Duffy J E, Cardinale B J, France K E, et al. The functional role of biodiversity in eco-systems: incorporating trophic complexity[J]. *Ecology Letters*, 2007, 10: 522-538.
- [50] Jo H, Ventura M, Vidal N, et al. Discovering hidden biodiversity: the use of complementary monitoring of fish diet

- based on DNA barcoding in freshwater ecosystems[J]. Ecology and Evolution, 2015, 6(1): 219-232.
- [51] Durbin E G, Casas M C, Ryneerson T A, et al. Measurement of copepod predation on nauplii using qPCR of the cytochrome oxidase I gene[J]. Marine Biology, 2008, 153: 699-707.
- [52] Tobe K, Meyer B, Fuentes V. Detection of zooplankton items in the stomach and gut content of larval krill, *Euphausia superba*, using a molecular approach[J]. Polar Biology, 2010, 33: 407-414.
- [53] Taberlet P, Valentini A, Miquel C, et al. New perspectives in diet analysis based on DNA barcoding and parallel pyrosequencing: the trnL approach[J]. Molecular Ecology Resources, 2009, 9: 51-60.
- [54] Taberlet P, Coissac E, Pompanon F, et al. Towards next-generation biodiversity assessment using DNA metabarcoding[J]. Molecular Ecology, 2012, 21: 2045-2050.
- [55] Yu D W, Ji Y, Emerson B C, et al. Biodiversity soup: metabarcoding of arthropods for rapid biodiversity assessment and biomonitoring[J]. Methods in Ecology and Evolution, 2012, 3: 613-623.
- [56] Li D Z, Zeng C X. Prospects for plant DNA barcoding[J]. Biodiversity Science, 2015, 23(3): 297-298. [李德铎, 曾春霞. 植物 DNA 条形码研究展望[J]. 生物多样性, 2015, 23(3): 297-298.]
- [57] Cilleros K, Valentini A, Allard L, et al. Unlocking biodiversity and conservation studies in high diversity environments using environmental DNA (eDNA): a test with Guianese freshwater fishes[J]. Molecular Ecology Resources, 2018.
- [58] Kimmerling N, Zuqert O, Amitai G, et al. Quantitative species-level ecology of reef fish larvae via metabarcoding[J]. Nature Ecology & Evolution, 2018, 2(2): 306-316.
- [59] Balasingham K D, Walter R P, Mandrak N E, et al. Environmental DNA detection of rare and invasive fish species in two Great Lakes tributaries[J]. Molecular Ecology, 2018, 27(1): 112-127.
- [60] Jakubavičiūtė E, Bergström U, Eklöf J S, et al. DNA metabarcoding reveals diverse diet of the three-spined stickleback in a coastal ecosystem[J]. PLoS ONE, 2017, 12(10): e0186929.
- [61] Hatzenbuehler C, Kelly J R, Martinson J, et al. Sensitivity and accuracy of high-throughput metabarcoding methods for early detection of invasive fish species[J]. Science Reports, 2017, 7: 46393.
- [62] Kochzius M, Nölte M, Weber H, et al. DNA Microarrays for identifying fishes[J]. Marine Biotechnology, 2008, 10: 207-217.
- [63] Liu S F, Li X R, Du T F, et al. DNA barcoding and electronic microarray for common fish species in Shandong coastal waters[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2016, 23(4): 777-790. [柳淑芳, 李献儒, 杜腾飞, 等. 山东近海习见鱼类 DNA 条形码及其电子芯片分析[J]. 中国水产科学, 2016, 23(4): 777-790.]
- [64] Liu S F, Li X R, Yang Y, et al. A DNA barcode for the Scorpaeniformes and construction of a DNA microarray for Scorpaenidae fish[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2016, 23(3): 1006-1022. [柳淑芳, 李献儒, 杨钰, 等. 鲈形目鱼类 DNA 条形码分析及鲈科 DNA 条形码电子芯片建立[J]. 中国水产科学, 2016, 23(3): 1006-1022.]
- [65] Liu S F, Li X R, Li D, et al. Development of DNA barcode-microarray for identification of Engraulidae fishes[J]. Progress in Fishery Sciences, 2016, 37(6): 19-25. [柳淑芳, 李献儒, 李达, 等. 鳀科(Engraulidae)鱼类 DNA 条形码电子芯片研究[J]. 渔业科学进展, 2016, 37(6): 19-25.]

DNA barcoding: A potential tool for fishery biodiversity conservation

LIU Shufang^{1,2}, LIU Yongxin³, YE Naihao^{1,2}, LIU Zhihong¹, MA Qian^{1,2}, LI Ang^{1,2}, ZHUANG Zhimeng¹

1. Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071, China;

2. Function Laboratory for Marine Fisheries Science and Food Production Processes, Qingdao National Laboratory for Marine Science and Technology, Qingdao 266200, China;

3. Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 100141, China

Abstract: The Earth's biodiversity are closely altered by a variety of human activities at all scale from local to global. These changes have a strong potential effect to biological communities, ecosystem properties, social affairs and economic development they provide. China fishery is characterized by high biodiversity which cover 10 percent of the total earth species because its role geographical position that occupies the eastern part of the Eurasian continent adjacent to the western Pacific Ocean. In recent years, it is a very realistic and important scientific problem to protect and rationally utilize the biodiversity of fisheries globally. However, insufficient protection and hard utilization of fishery isn't a single case in China. To promote the development of fishery biological diversity in China, this paper puts forward the idea of DNA bar code methods for performing in fishery biology activities. It reviewed how DNA barcode expounds the sustainable development in the fishery biological resources, species identification and classification, fishery biodiversity monitoring, foreign species evaluation, market and supervision, fishery information and so on. Besides that, it further discussed the recent prospects for the DNA barcode in the biologic study of fishery organisms, water ecological research, electronic classification technology and the new technology of meta DNA barcoding. This research had appealed the continuous researches on construction of a fishery DNA barcode database and information platform of China which need to be constructed and shared nationally and globally.

Key words: fishery; biodiversity conservation; DNA barcode

Corresponding author: ZHUANG Zhimeng. E-mail: zhuangzm@ysfri.ac.cn