

DOI: 10.3724/SP.J.1118.2020.19046

河南省小黄黝鱼群体遗传多样性

汪曦, 曾会玲, 孟晓林, 王先锋, 宋东鳌, 张建新, 顾钱洪, 汤永涛, 周传江,
聂国兴

河南省水产动物养殖工程技术研究中心, 水产动物疾病控制河南省工程实验室, 河南师范大学水产学院, 河南 新乡, 453007

摘要: 小黄黝鱼 [*Micropercops swinhonis* (Günther, 1873)] 是中国特有的一种小型淡水虾虎鱼类, 广泛分布于长江及以北各水系, 其中在河南省各水系均有分布。为评估河南省小黄黝鱼种质资源现状及其遗传多样性, 本研究对河南省境内黄河、长江、淮河和海河 4 个水系 77 尾小黄黝鱼样品进行线粒体 COI 基因的扩增。结果显示, 河南省小黄黝鱼的平均单倍型多样性 (H_d) 为 0.89088, 平均核苷酸多样性 (π) 为 0.00361, 其中淮河水系华行村种群 (HXC) 核苷酸多样性最高 ($\pi=0.00433$), 黄河水系马颊河种群 (MJH) 核苷酸多样性最低 ($\pi=0.00078$); 系统发育树和单倍型网络图结果均显示小黄黝鱼并未按照水系形成明显的地理遗传支系; 根据 4 个水系进行分组, AMOVA 分析显示仅 16.00% 的变异来自于水系间, 而 78.43% 遗传变异来自各群体内部; 同样地, 未预先设定分组情况的 SAMOVA 分析也得到了相似的结果, 不支持小黄黝鱼具有明显的地理遗传结构的假设; 种群历史动态分析显示, 河南省小黄黝鱼种群呈逐步增长趋势; Fu's F_s 中性检验与错配分析表明, 河南小黄黝鱼种群可能经历过近期群体扩张事件, 且该过程可能与气候变为暖湿型有关。

关键词: 河南省; 小黄黝鱼; COI 基因; 遗传多样性; 群体遗传结构

中图分类号: S931

文献标志码: A

文章编号: 1005-8737-(2020)01-0096-10

小黄黝鱼 (*Micropercops swinhonis*) 隶属硬骨鱼纲 (Osteichthyes), 鲈形目 (Perciformes), 沙塘鳢科 (Eleotridae), 小黄黝鱼属, 分布于长江及其以北各大河流中, 喜成群生活于河流中下层及水草丛内, 以浮游动植物及藻类为食, 是中国特有小型淡水底栖鱼类^[1]。在河南鱼类资源调查队对河南省境内鱼类资源野外调查过程中, 发现多条河流中鱼类多样性较低, 生境片段化与过度捕捞现象普遍存在, 部分河流为季节性河流且水利设施的建设导致部分河流下游水资源匮乏, 鱼类资源几乎消失, 而在水资源充沛的河段, 人口分布密集, 水资源污染状况较严重且存在违法捕捞现象, 野生小黄黝鱼资源面临威胁。

目前关于小黄黝鱼的研究主要集中在繁殖生物学、生态学及分类学^[2-6]等方面, 2017 年郑新等^[7]曾对中国小黄黝鱼种群遗传结构和分化开展研究, 但在河南省境内样点设置仅黄河下游 (濮阳) 一处, 未涉及河南省其他水域, 不能全面反映河南省小黄黝鱼遗传多样性现状。在已完成的河南省鱼类资源调查 1630 个样点中仅少数样点获得小黄黝鱼样品, 且其中多个样点样本数量仅 1~3 尾, 与资料中记载的河南省常见种存在差距。河南省涵盖长江、黄河、淮河、海河四水系, 整体上西部山区东部平原的地势结构、气候环境均会对鱼类的种质资源产生影响。因此, 本研究选取具有代表性的 10 个采样点, 开展小黄黝鱼种群遗

收稿日期: 2019-03-20; 修订日期: 2019-08-22.

基金项目: 国家自然科学基金项目(31401964, 31872199); 河南省科技攻关重点项目(162102310443, 182102110007, 182102110046, 182102110237); 河南省创新型科技团队支持计划项目(CXTD2016043).

作者简介: 汪曦(1993-), 硕士研究生, 研究方向为渔业资源保护. E-mail: xiwang193@163.com

通信作者: 周传江, 副教授, 研究方向为鱼类资源保护与利用. E-mail: chuanjiang88@163.com

传多样性研究, 对全面了解河南省境内各水系小黄黝鱼遗传多样性现状及加强河南省野生鱼类资源保护工作具有重要意义。

线粒体 DNA 因其结构简单、遵循母系遗传且几乎无重组现象的特点常被用作分子标记, 其中, COI 因其基因进化相对保守、足够的变异位点、序列长度合适等优势被普遍应用于群体遗传多样性研究^[8-12]。本研究以线粒体 COI 基因为分子标记, 对采自河南省长江、黄河、淮河、海河四水系的小黄黝鱼样品进行遗传多样性研究, 以期全面了解河南省小黄黝鱼种质资源状况, 并为保护

与合理利用小黄黝鱼种质资源提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

选取河南省鱼类资源调查队 2012 年以来采集的 10 个地理群体小黄黝鱼样品作为分析对象, 样本使用地笼、刺网、撒网等工具采集, 根据形态学鉴定后, 取背部肌肉组织或鳍条放入无水乙醇中备用, 采样点分别涉及河南省长江水系、黄河水系、淮河水系及海河水系。研究样本信息如表 1 所示。

表 1 小黄黝鱼样本信息
Tab. 1 Sampling information of *Micropercops swinhonis*

种群 population	编号 code	采集地点 sampling location	所属水系 river system	经纬度 longitude and latitude	样本数 sample size
潘河	PH	南阳市社旗县唐庄乡乔庄村潘河大桥	长江水系 Yangtze River	N: 33.10992° E: 111.94238°	7
泌水河	BSH	驻马店市泌阳县人民路泌水河	长江水系 Yangtze River	N: 32.70975° E: 113.32315°	9
黄庄河	HZH	安阳市滑县冢上黄庄河	黄河水系 Yellow River	N: 35.51723° E: 114.84834°	5
天然渠	TRQ	新乡市封丘县城关镇天然渠	黄河水系 Yellow River	N: 35.02618° E: 114.43631°	8
马颊河	MJH	濮阳市南乐县后陈家村马颊河	黄河水系 Yellow River	N: 36.10607° E: 115.21368°	4
小龙山水库	XLSSK	信阳市罗山县小龙山水库	淮河水系 Huaihe River	N: 32.15923° E: 114.50424°	5
华行村	HXC	许昌市襄城县颍阳镇华行村	淮河水系 Huaihe River	N: 33.95141° E: 113.62022°	11
颍河	YH	许昌市禹州市韩城街道后屯村颍河	淮河水系 Huaihe River	N: 34.18073° E: 113.44961°	13
淇河	QIH	安阳市林州市五龙镇河头村淇河	海河水系 Haihe River	N: 35.83636° E: 113.95187°	9
卫河	WH	安阳市内黄县豆公乡渡村卫河	海河水系 Haihe River	N: 35.97175° E: 114.73254°	6

1.2 实验方法

采用酚-氯仿法抽提基因组 DNA^[13]。利用 1% 琼脂糖凝胶电泳和紫外分光光度计检测 DNA 质量与含量, 将检测合格的基因组 DNA 放于-20℃保存, 用于后续试验。

线粒体 COI 基因扩增引物参考 Hubert 等^[14], COI-F: TCTCAACCAACCATAAAGACATTGG, COI-R: TATACTTCTGGGTGCCAAAGAACATCA, 在商业公司合成引物。30 μL PCR 反应体系包含: 15 μL MixTaq 酶(Solarbio, 北京)、12 μL 无菌双蒸水、1 μL DNA 模板、上下游引物各 1 μL(10 μmol/L)。PCR 反应程序: 94℃预变性 5 min; 94℃变性 30 s, 55℃退火 30 s, 72℃延伸 1 min, 30 次循环; 72℃终延伸 10 min, 4℃保存。PCR 产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳检测合格后, 送至天一辉远生物科技有限公司进行双端测序, 测序引物同 PCR 引物。

1.3 数据分析

将测序得到的峰图文件利用 Lasergene version7.0 中的 SeqMan^[15]进行组装拼接, 并进行人工校正, 将组装好的数据用 Bioedit^[16]进行多重序列比对获得一致序列用于后续分析。用 DnaSP 5.0 软件^[17]计算单倍型多样性(haplotype diversity, H_d)和核苷酸多样性(nucleotide diversity, π)等遗传多样性参数, 并进行错配分布(mismatch distribution)分析; 用 Arlequin 3.5^[18]软件包中的 AMOVA 方法分析群体间遗传结构和遗传变异; 同时, 利用 SAMOVA 2.0(Spatial Analysis of Molecular Variation)^[19]软件进行单倍型的地理遗传结构检测, 尝试定义的分组数 K 为 2~9, 每组 1000 次重复, 观察所得结果 F_{CT} 的变化规律, F_{CT} 处在峰值时对应的 K 即是最佳分组数; 采用群体遗传分化指数(F_{ST})评价种群间的遗传分化程度; 采用 Fu's

F_S 检验和 Tajima's D 进行中性检验, 结合错配分布结果推断群体历史是否发生过近期扩张; 用 MEGA 6.0^[20]计算群体间的遗传距离, 并以中华沙塘鳢(*Odontobutis sinensis*)作为外类群, 构建最大似然树 (maximum-likelihood, ML); 利用 FigTree v1.4.2 对系统发育树进行编辑, 利用 NETWORK 5.0 软件构建单倍型网络图分析单倍型间进化关系; 运用 BEAST v 1.7.4^[21]软件, 探讨种群历史动态, 由 Tracer v1.5^[22]生成贝叶斯天际线点图(Bayesian Skyline Plot, BSP)。

2 结果与分析

2.1 序列特征及遗传多样性

对 10 个不同地理种群 77 尾小黄黝鱼样品

COI 基因进行测序, 获得一致序列长度为 640 bp, 变异位点 21 个, 占总碱基数的 3.28%; 简约信息位点 8 个, 占总碱基数 1.25%; G(18.5%)的含量明显低于 T (31.9%)、C(25.6%)和 A(24.0%)的含量; 共检测到 24 个单倍型, 其中, Hap_2 (PH、BSH、HZH、TRQ、YH、QH、WH)与 Hap_1 (PH、TRQ、HXC、WH)为 4 水系共享; Hap_3 (PH、BSH、HXC)与 Hap_5 (BSH、HXC)为长江与淮河水系共享; Hap_7 (MJH、HZH、TRQ、XLSSK、HXC、WH)为黄河与淮河水系共享; Hap_8 (MJH、QH)为黄河与海河水系共享, 其余为水系特有单倍型(表 2)。

遗传多样性分析结果显示(表 2), 所有样本平均核苷酸多样性 $\pi=0.00361$, 单倍型多样性 $H_d=0.89088$ 。各群体的核苷酸多样性在 0.00078~

表 2 河南省四水系各群体的遗传多样性信息

Tab. 2 Genetic diversity of *Micropercops swinhonis* populations from four river systems in Henan Province

水系 river system	群体 population	单倍型数 haplotype number	单倍型 haplotype	单倍型多样 性 H_d	核苷酸多样 性 π	Tajima's D	Fu's F_S
长江水系 Yangtze River	PH	4	Hap_1 (1), Hap_2 (1), Hap_3 (4), Hap_4 (1)	0.71429	0.00313	-0.09908	-0.37037
	BSH	3	Hap_2 (5), Hap_3 (3), Hap_5 (1)	0.63889	0.00260	-0.39837	-0.59727
黄河水系 Yellow River	HZH	2	Hap_2 (3), Hap_7 (2)	0.60000	0.00188	1.45884	1.45884
	TRQ	6	Hap_1 (1), Hap_2 (2), Hap_7 (2), Hap_9 (1), Hap_10 (1), Hap_11 (1)	0.92857	0.00300	-0.35205	-0.42690
淮河水系 Huaihe River	MJH	3	Hap_6 (1), Hap_7 (2), Hap_8 (1)	0.83333	0.00078	-0.61237	-0.61237
	XLSSK	3	Hap_7 (3), Hap_12 (1), Hap_13 (1)	0.79487	0.00156	0.24314	0.24314
	HXC	7	Hap_1 (2), Hap_5 (2), Hap_7 (2), Hap_14 (1), Hap_15 (1), Hap_16 (1), Hap_17 (1)	0.93333	0.00433	-0.58500	-0.38531
海河水系 Haihe River	YH	8	Hap_2 (1), Hap_3 (2), Hap_7 (2), Hap_15 (4), Hap_18 (1), Hap_19 (1), Hap_20 (1), Hap_21 (1)	0.89744	0.00378	-0.25198	-0.10195
	QH	3	Hap_2 (4), Hap_8 (3), Hap_22 (2)	0.72222	0.00156	1.23476	1.06300
	WH	5	Hap_1 (1), Hap_2 (2), Hap_7 (1), Hap_23 (1), Hap_24 (1)	0.93333	0.00355	0.19651	0.36206
数据总量 total		24		0.89088	0.00361	-1.21579	-3.07178*

注: *表示 Tajima's D 和 Fu's F_S 值显著偏离中性检验模型。

Note: *represents the value of Tajima's D and Fu's F_S significantly deviate from the standard neutral model.

0.00433 之间变化, 单倍型多样性在 0.60000~0.93333 之间变化, 小黄黝鱼种群显示较高单倍型多样性与低核苷酸多样性的特点。

2.2 小黄黝鱼群体的遗传结构

各群体间遗传分化指数 F_{ST} 变化范围为 -0.11139~0.62264, 其中 HZH(-0.11139~0.38889)、TRQ(-0.11139~0.28749)、WH(-0.09213~0.33159)

与其他群体间(除 PH 外)存在显著性差异($P<0.05$); MEGA 6.0 分析结果显示, 群体间遗传距离在 0.001~0.003 之间(表 3)。

将小黄黝鱼群体按照水系划分为 4 个组群(长江水系、黄河水系、淮河水系、海河水系)进行 AMOVA 分析, 结果表明, 主要遗传变异来自种群内, 占 78.42%, 组间遗传变异占 16.00%(表 4)。

表 3 河南省四水系小黄黝鱼群体间遗传分化指数(F_{ST} , 对角下方)和遗传距离(对角上方)

Tab. 3 Pairwise F_{ST} (below diagonal) and genetic distance (above diagonal) among *Micropercops swinhonis* populations from four river systems in Henan Province

群体 population	长江水系 Yangtze River			黄河水系 Yellow River			淮河水系 Huaihe River			海河水系 Haihe River	
	PH	BSH	HZH	TRQ	MJH	XLSSK	HXC	YH	QH	WH	
PH	0.001	0.002	0.001	0.002	0.003	0.002	0.002	0.002	0.001	0.001	
BSH	-0.01013*		0.002	0.001	0.001	0.002	0.002	0.002	0.001	0.001	
HZH	0.30758	0.09921*		0.001	0.002	0.001	0.001	0.001	0.001	0.002	
TRQ	0.24721	0.10000*	-0.11139*		0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	0.001	
MJH	0.60114	0.52960	0.34783*	0.23986*		0.002	0.001	0.002	0.001	0.001	
XLSSK	0.62264	0.55344	0.38889*	0.28749	0.09091*		0.001	0.001	0.002	0.002	
HXC	0.38233	0.26391	-0.00917*	0.00033*	0.01939*	0.04860*		0.001	0.001	0.001	
YH	0.36275	0.27148	0.07323*	0.09906*	0.06625*	0.12009*	0.03703*		0.001	0.002	
QH	0.36954	0.22321	0.06139*	0.09166*	0.36043*	0.46360	0.18454	0.23511		0.001	
WH	0.22509	0.10846*	-0.08758*	-0.09213*	0.28358*	0.33159*	0.03412*	0.14835*	0.10566*		

注: *表示差异显著($0.01 < P < 0.05$)。

Note: * represents significant difference ($0.01 < P < 0.05$).

表 4 河南省四水系小黄黝鱼群体 AMOVA 分析

Tab. 4 Analysis of molecular variance (AMOVA) among *Micropercops swinhonis* populations from four river systems in Henan Province

变异来源 source of variation	自由度 df	平方和 sum of squares	变异组成 variance component	变异百分比/% percentage of variation	固定系数 fixation index
组间 among groups	3	17.559	0.22151	16.00	$F_{SC}=0.06651^*$
组内种群间 among populations within groups	6	9.922	0.07737	5.59	$F_{ST}=0.21584$
种群内 within populations	67	72.752	1.08585	78.42	$F_{CT}=0.15997^*$
合计 total	76	100.234	1.38473		

注: F_{ST} 为种群总变异; F_{SC} 为组内变异; F_{CT} 为组间变异; *表示差异显著($P<0.05$)。

Note: F_{ST} is total variation of population; F_{SC} is variation within groups; F_{CT} is variation among groups. * indicates significant difference at 0.05 level.

SAMOVA 分析结果表明, 主要遗传变异来自种群内(表 5), 并且随着分组数 K 的增加, 组间遗传差异总体上呈现增长趋势, 并且在 K 为 9 时出现最大值(图 1)。

2.3 小黄黝鱼群体系统发育关系

利用 MEGA 6.0, 以中华沙塘鳢作为外类群, 根据小黄黝鱼 24 个单倍型, 基于 K2P 双参模

型^[23], Bootstrap 设置为 1000 次^[24], 其余参数按默认值设置, 利用最大似然法构建 ML 系统发育树(图 2), 结果显示, 群体间交叉嵌套现象普遍, 没有形成明显的谱系。

利用 NETWORK 5.0 构建单倍型网络图(图 3), 显示了与 ML 树相似的结果, 小黄黝鱼不同水系的单倍型散在分布于整个网络上, 没有明显的地理结构。

表 5 不同分组(K)时小黄黝鱼群体的 SAMOVA 分析结果Tab. 5 The SAMOVA results of *Micropercops swinhonis* populations under different group numbers (K)

分组数 number of groups, K	变异来源 source of variation			%
	组间差异 among groups	组内种群间差异 among populations within groups	种群内差异 within populations	
2	25.82	6.76	67.42	
3	26.76	2.44	70.80	
4	28.44	-3.03	74.60	
5	27.94	-5.10	77.16	
6	28.74	-6.07	77.63	
7	29.04	-8.44	79.40	
8	30.12	-9.92	79.80	
9	32.10	-12.06	79.96	

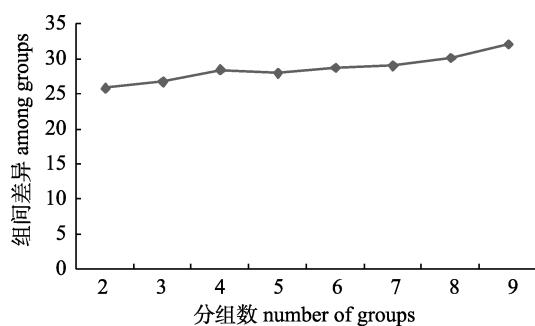


图 1 小黄黝鱼种群结构的 SAMOVA 结果

Fig. 1 SAMOVA results of *Micropercops swinhonis* population structure

■ 长江水系 Yangtze River basin
 ■ 黄河水系 Yellow River basin
 ■ 淮河水系 Huaihe River basin
 ■ 海河水系 Haihe River basin

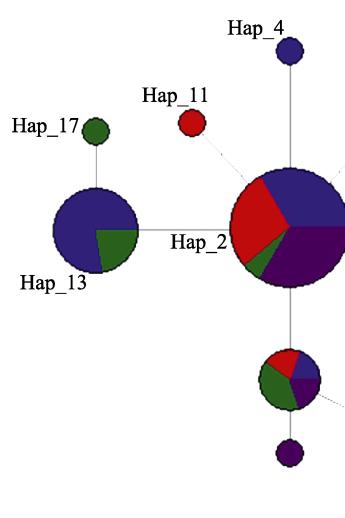


图 3 基于 NETWORK 5.0 软件构建的小黄黝鱼群体单倍型网络图

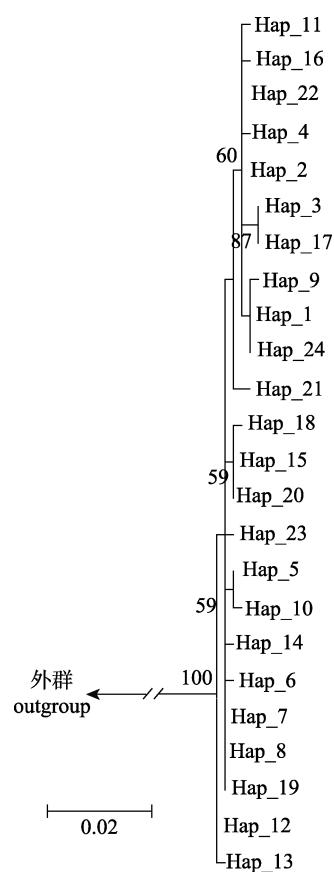
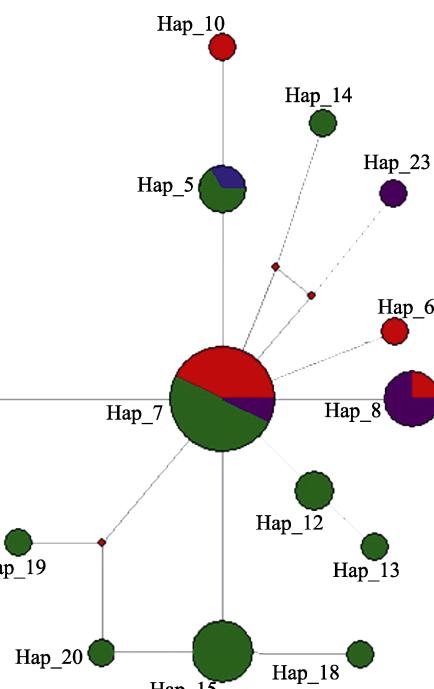
Fig. 3 Network of haplotypes of *Micropercops swinhonis* using NETWORK 5.0

图 2 小黄黝鱼 10 个种群 COI 单倍型的 ML 系统树

Fig. 2 ML phylogenetic tree of *Micropercops swinhonis* based on COI haplotypes from ten populations

2.4 种群历史动态与中性检验利用

按照不同水系进行种群错配分布(mismatch distribution)分析。结果显示, 长江、黄河、淮河、海河4个水系中的小黄黝鱼均呈现多峰分布(图4a, 4b, 4c, 4d), 而将所有群体作为一个整体进行分析时呈单峰分布(图4e); BSP结果显示, 长江水

系(图5a)、黄河水系(图5b)、淮河水系(图5c)以及海河水系(图5d)都呈现出逐步上升的趋势, 将这些水系的小黄黝鱼群体作为一个整体来分析结果显示, 河南省小黄黝鱼群体同样呈现出整体逐步增长的趋势, 并且在0.02 Ma BP左右增长速度开始加快(图5e)。

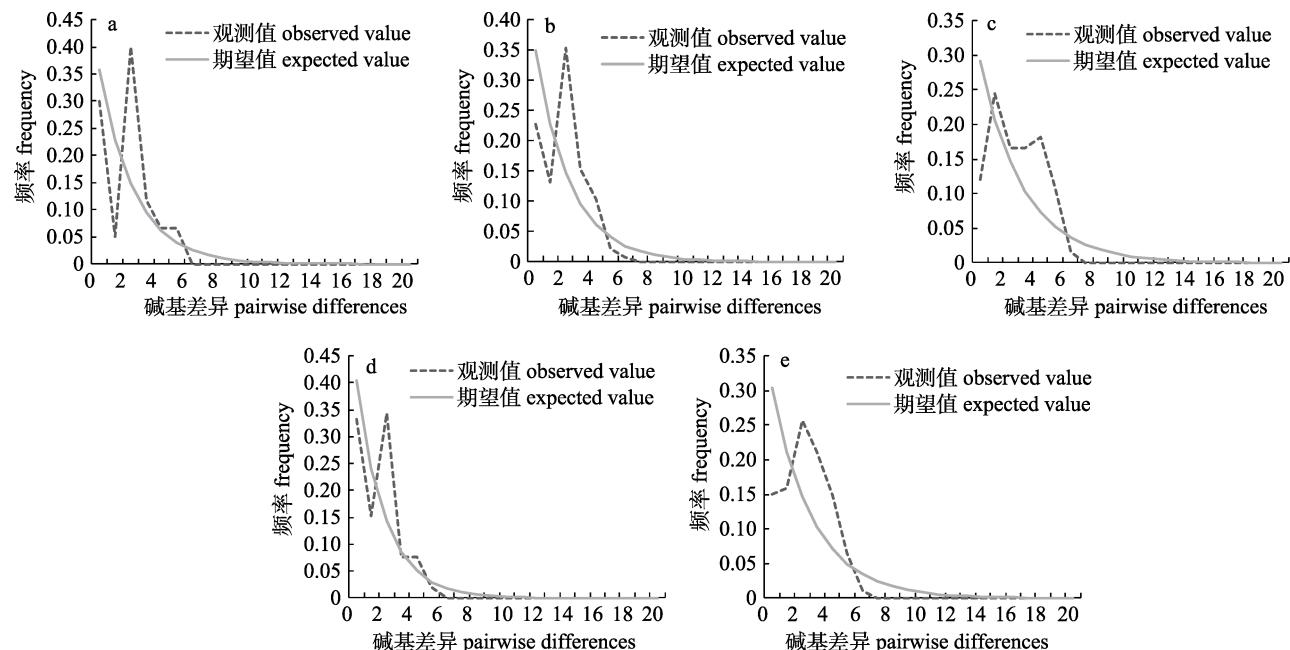


图4 河南省四水系中小黄黝鱼群体错配分布分析

a. 长江水系; b. 黄河水系; c. 淮河水系; d. 海河水系; e. 整体.

Fig. 4 Mismatch distribution analysis of *Micropercops swinhonis* sampled from four river systems in Henan Province
a. Yangtze River; b. Yellow River; c. Huaihe River; d. Haihe River; e. total.

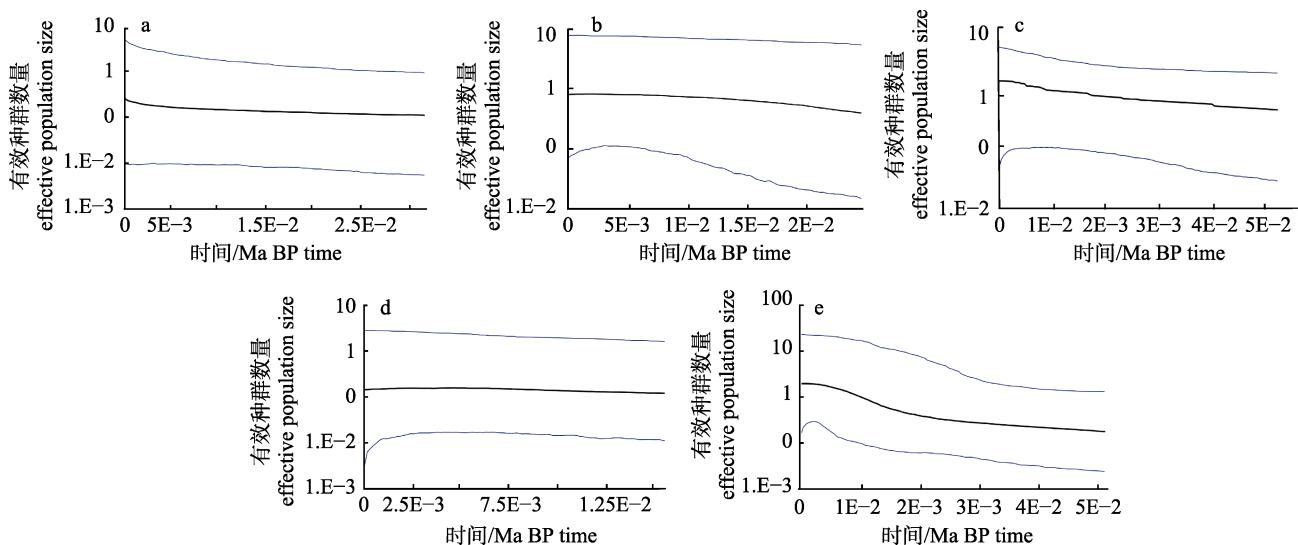


图5 河南省四水系中小黄黝鱼群体贝叶斯天际线点图

a. 长江水系; b. 黄河水系; c. 淮河水系; d. 海河水系; e. 整体.

Fig. 5 BSP (Bayesian skyline plots) of *Micropercops swinhonis* sampled from four river systems in Henan province
a. Yangtze River; b. Yellow River; c. Huaihe River; d. Haihe River; e. total.

Tajima's D 与 Fu's F_S 分析结果, 各群体均没有出现显著负值, 但总体水平上 Fu's F_S 中性检验结果为显著负值。

3 讨论

3.1 小黄黝鱼遗传多样性分析

核苷酸多样性(π)由于累积时间远大于单倍型多样性(H_d), 更能反映群体的遗传多样性, 当 π 为 0.0015~0.0047 时, 显示出较低的遗传多样性^[25]。本研究中, 小黄黝鱼群体表现出较低的核苷酸多样性, 其中黄河水系的 MJH 群体核苷酸多样性($\pi=0.00078$)最低, 而淮河水系 HXC、YH 群体以及长江水系 PH 群体、海河水系 WH 群体核苷酸多样性都较 MJH 群体高, 说明长江、淮河、海河三水系的小黄黝鱼遗传多样性高于黄河水系, 在鱼类资源野外调查工作中笔者发现, 黄河水系较少发现小黄黝鱼群体且捕捞的个体数量较少。黄河水系小黄黝鱼种质资源出现衰退现象, 与野外调查工作实际相吻合。本研究中调查区域内小黄黝鱼群体具有高 H_d (0.89088)低 π (0.00361)的遗传多样性模式, 与郑新等^[7]对小黄黝鱼群体的研究结果一致。相似的遗传多样性特征还在河南省其他鱼类群体中发现, 程清清等^[26]对河南省黄河及卫河(海河水系)中的鱥(*Hemiculter leucisculus*)和棒花鱼(*Abbottina rivularis*)进行研究, 结果显示两种鱼都同样表现出高 H_d 低 π 的模式; 方冬冬等^[27]对淮河源区鱥研究时也出现相同的遗传多样性模式, 并且他们均提出种群近期可能经历了瓶颈效应后的小群体急剧扩张, 这可能是导致高 H_d 低 π 模式的原因, 另外人为干扰及水库大坝建设也可能导致遗传多样性低。因此, 笔者推测小黄黝鱼群体出现高 H_d 低 π 的遗传多样性模式可能是由于: (1)水资源污染、水利设施建设等使鱼类生境退化、种群扩散与种群间基因交流受阻, 遗传漂变现象增加^[28-29]; (2)小黄黝鱼群体历史动态显示在近期经历了种群扩张事件, 单倍型数量增加而未积累明显的核苷酸差异; (3)原生观赏鱼市场的兴起可能导致对小黄黝鱼捕捞量的增加, 加速种群数量急剧减少。有研究表明, 环境适应能力与遗传多样性成正比^[9], 目前河南省小黄黝鱼遗

传多样性较低表明其环境适应能力较弱, 因此, 为防止小黄黝鱼遗传多样性遭到破坏, 应当对其采取科学合理的保护措施, 尽可能地减少人类干扰活动, 提供更优质的生存环境。

3.2 小黄黝鱼种群遗传结构分析

F_{ST} 作为衡量群体间遗传分化程度的重要指标, 超过 0.25 时表示遗传分化很大^[30], 小黄黝鱼种群间仅 37.78% 的 $F_{ST}>0.25$, 其中 58.82% 来源于长江水系(PH、BSH)。另外, 各种群均存在特有单倍型, 表明种群间存在一定程度遗传分化, 但总体而言小黄黝鱼种群间分化程度较低。长江水系(PH、BSH)与其他水系小黄黝鱼种群间存在更多的遗传分化, 刘慧芬等^[31]对河南省四水系宽鳍鱲(*Zacco platypus*)的研究结果也显示, 长江水系中宽鳍鱲群体同其他水系群体间存在较大分化, 并指出基因交流存在阻碍是主要原因。因此, 笔者推测长江水系小黄黝鱼群体具有更显著的群体间遗传分化可能是因为底栖鱼类移动能力弱, 加之 PH、BSH 与其他水系间种群由于大别山产生天然的隔离, 导致缺乏基因交流的机会。

AMOVA 结果显示出主要的遗传变异来源于种群内, 但组间变异量占 16.00%, F_{ST} 值显示出黄河与淮河, 黄河与海河, 两两之间 F_{ST} 值比较显示出分化且数据具有显著性差异, 但分化水平较低, 结合单倍型网络和系统发育树, 结果反映调查区域内种群没有形成显著的水系及地理分布格局, 但一些水系的种群间表现出较弱的遗传分化。SAMOVA 结果也表明主要的遗传变异来源于种群内, 随着分组数量的增加而呈现上升趋势而不存在单峰结构, 同样表明小黄黝鱼群体不具有显著的地理结构。李强^[32]对长江与淮河流域中沙塘鳢属鱼类的研究发现, 不同地理区域也出现了交叉聚类的现象, 并表示基因交流可能是导致该现象的原因。我们推测河南省不同地理种群间的小黄黝鱼存在基因交流, 据文献记载, 黄河、长江、淮河等历史上均有洪泛灾害、水系变迁的情况^[33-35], 而且引黄济卫、南水北调以及上下游省份的跨流域调水工程^[36-37]也会造成水系间沟通。除此之外, 原生鱼作为观赏鱼的兴起, 引种等过程也可能导致种群地理隔离被打破^[7], 这些情况

都可能使各水系小黄黝鱼种群间存在基因交流,从而导致分化关系模糊。

3.3 小黄黝鱼种群历史动态分析

Fu's F_s 中性检验结果为显著负值,且整体的错配分布图具有明显单峰,表明河南省小黄黝鱼群体近期发生过群体扩张事件。从河南地区小黄黝鱼的群体历史动态来看,无论是按照单个水系分析还是作为整体进行分析,结果均呈逐步增长趋势。由于自然气候、河流地质变迁、人类活动等因素均对鱼类群体历史动态产生影响^[38-39],小黄黝鱼的有效种群数量增长趋势在不同水系、各个历史时期均呈现出不同的增长趋势,此外,调查区域属于华北区,是典型的季风区,0.080~0.117 Ma BP 期间总的气候类型为暖湿气候^[40],适宜小黄黝鱼生存、繁殖,可能是引起小黄黝鱼有效种群数量总体呈现增长趋势加快的原因。

参考文献:

- [1] Wu H L, Zhong H S. Faunica Sinica, Osteichthyes, Perciformes (V) Gobioidei[M]. Beijing: Science Press, 2008: 141-145. [伍汉霖, 钟汉生. 中国动物志硬骨鱼纲鲈形目(五)虾虎鱼亚目[M]. 北京: 科学出版社, 2008: 141-145.]
- [2] Kim I S, Kim B J. Population ecology of the goby, *Micropercops swinhonis* in the Puan-gun, Ch'ollabuk-do, Korea[J]. Korean Journal of Limnology, 1997, 30: 47-54.
- [3] Kim I S. Breeding habits and egg development of the goby, *Micropercops swinhonis*[J]. The Korean Journal of Ecology, 1996, 19(5): 477-486.
- [4] Iwata A, Sakai H, Shibukawa K, et al. Developmental characteristics of a freshwater goby, *Micropercops swinhonis*, from Korea[J]. Zoological Science, 2001, 18(1): 91-97.
- [5] Nichol J T. The freshwater fishes of China[J]. Nature History of Central Asia, 1943, 9: 258-259.
- [6] Yi B L. Notes on species of genus *Hypseleotris* (Eleotridae) with respect to its sex dimorphism[J]. Journal of Huazhong Agricultural College, 1982, 1(3): 72-77. [易伯鲁. 黄黝鱼属的种类及其两性异形[J]. 华中农学院学报, 1982, 1(3): 72-77.]
- [7] Zheng X, Li C H. Population structure and genetic divergence of *Micropercops swinhonis*[J]. Journal of Shanghai Ocean University, 2017, 26(3): 358-365. [郑新, 李晨虹. 中国小黄黝鱼种群遗传结构和分化研究[J]. 上海海洋大学学报, 2017, 26(3): 358-365.]
- [8] Amor M D, Norman M D, Cameron H E, et al. Allopatric speciation within a cryptic species complex of Australasian octopuses[J]. PLoS ONE, 2014, 9(6): e98982.
- [9] Hu J, Hou X Y, Yin S W, et al. Genetic diversity and divergence of cheilinus undulatus of different geographic populations of the South China Sea revealed by COI and Cyt b gene analyses[J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2014, 38(6): 1008-1016. [胡静, 侯新远, 尹绍武, 等. 基于 mtDNA COI 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.]
- [10] Shan Y J, Lu C Y, Li C, et al. Study of DNA barcoding and genetic variation based on the mitochondrial COI gene sequences in five carp varieties[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2013, 30(5): 931-938. [单云晶, 鲁翠云, 李超, 等. 基于线粒体 COI 基因序列的 5 种鲤养殖品种遗传多样性研究[J]. 中国水产科学, 2013, 30(5): 931-938.]
- [11] Zhang Y, Zhou C J, Gu Q H, et al. Molecular phylogenetic analysis of gobies in the north of Henan based on COI and D-Loop sequences[J]. Journal of Henan Normal University (Natural Science Edition), 2016, 44(5): 94-100. [张毅, 周传江, 顾钱洪, 等. 基于 COI 和 D-Loop 序列豫北虾虎鱼分子系统分析[J]. 河南师范大学学报(自然科学版), 2016, 44(5): 94-100.]
- [12] Liang H W, Meng Y, Luo X Z, et al. Genetic diversity of six *Monopterus albus* populations based on COI gene sequences[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2018, 25(4): 837-846. [梁宏伟, 孟彦, 罗相忠, 等. 基于线粒体 COI 基因的 6 个黄鳝群体遗传多样性[J]. 中国水产科学, 2018, 25(4): 837-846.]
- [13] Sambrook J, Fritsch E F, Maniatis T. Molecular Cloning: A Laboratory Manual[M]. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989: 1626.
- [14] Hubert N, Hanner R, Holm E, et al. Identifying Canadian freshwater fishes through DNA barcodes[J]. PLoS ONE, 2008, 3(6): e2490.
- [15] Swindell S R, T N Plasterer. Seqman. Contig assembly[J]. Methods in Molecular Biology, 1997, 70(1): 75-89.
- [16] Tippmann H F. Analysis for free: Comparing programs for sequence analysis[J]. Briefings in Bioinformatics, 2004, 5(1): 82-87.
- [17] Rozas J, Rozas R. DnaSP, DNA sequence polymorphism: an interactive program for estimating population genetics parameters from DNA sequence data[J]. Bioinformatics, 1995, 11(6): 621-625.
- [18] Excoffier L, Laval G, Schneider S. Arlequin (version 3.0): An integrated software package for population genetics data analysis[J]. Evolutionary Bioinformatics, 2005, 1: 47-50.
- [19] Dupanloup I, Schneider S, Excoffier L. A simulated annealing approach to define the genetic structure of populations[J].

- Molecular Ecology, 2002, 11(12): 2571-2581.
- [20] Tamura K, Stecher G, Peterson D, et al. MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0[J]. Molecular Biology and Evolution, 2013, 30(12): 2725-2729.
- [21] Drummond A J, Suchard M A, Xie D, et al. Bayesian phylogenetics with BEAUTI and the BEAST 1.7[J]. Molecular Biology and Evolution, 2012, 29(8): 1969-1973.
- [22] Rambaut A, Drummond A J. Tracer v1.4[J]. Encyclopedia of Atmospheric Sciences, 2007, 141(3567): 2297-2305.
- [23] Kimura M. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences[J]. Journal of Molecular Evolution, 1980, 16(2): 111-120.
- [24] Felsenstein J. Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap[J]. Evolution, 1985, 39(4): 783-791.
- [25] Lan H, Shi L M. The origin and genetic differentiation of native breeds of pigs in southwest China: An approach from mitochondrial DNA polymorphism[J]. Biochemical Genetics, 1993, 31(1-2): 51-60.
- [26] Cheng Q Q, Gu Q H, Fang D D, et al. Comparison of population genetic structure of two co-distributed cyprinid species[J]. Journal of Fisheries of China, 2017, 41(8): 1169-1182. [程清清, 顾钱洪, 方冬冬, 等. 同域分布两种鲤科鱼类种群遗传结构的比较[J]. 水产学报, 2017, 41(8): 1169-1182.]
- [27] Fang D D, Gu Q H, Zhou C J, et al. Genetic diversity of *hemiculter leucisculus* in fountainhead area of Huaihe River[J]. Fisheries Science, 2018, 37(5): 665-673. [方冬冬, 顾钱洪, 周传江, 等. 淮河源区鱥群体遗传多样性研究[J]. 水产科学, 2018, 37(5): 665-673.]
- [28] González-Astorga J, Núñez-Farfán J. Effect of habitat fragmentation on the genetic structure of the narrow endemic *Bronniartia vazquezii*[J]. Evolutionary Ecology Research, 2001, 3(7): 861-872.
- [29] Harrison R. Molecular changes at speciation[J]. Annual Review of Ecology and Systematics, 1991, 22(1): 281-308.
- [30] Freeland J R. Molecular Ecology[M]. Chichester: John Wiley & Sons, 2005: 112-116.
- [31] Liu H F, Zhang C, Wang J, et al. Genetic diversity of wild *Zacco platypus* populations among four river systems in Henan Province analyzed by mitochondrial COI gene[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2018, 25(2): 269-277. [刘慧芬, 张超, 王静, 等. 河南境内四水系宽鳍鱲野生群体的遗传多样性[J]. 中国水产科学, 2018, 25(2): 269-277.]
- [32] Li Q. Multilocus genetic diversity and population structure for the *Odontobutis* distributed in Yangtze river basin and Huai River[D]. Shanghai: Shanghai Ocean University, 2015. [李强. 基于多基因位点的长江流域及淮河流域沙塘鳢属鱼类遗传多样性与种群遗传结构分析[D]. 上海: 上海海洋大学, 2015.]
- [33] Li C. Study on overground river of Ergu River in Northern Song Dynasty[J]. Historical Geography, 2013, 12(2): 57-70. [李丞. 北宋二股河地上河问题研究[J]. 历史地理, 2013, 12(2): 57-70.]
- [34] Ye Q C. Study on the erosion environmental development orientation in the middle Yellow River[J]. Yellow River, 1996(11): 11-15. [叶青超. 黄河下游地上河发展趋势研究[J]. 人民黄河, 1996(11): 11-15.]
- [35] Zhang Y Y, Li Z L, Liu X J. Evolution of interconnected river and lake networks in the Huai River Basin over the last millennium[J]. South-to-North Water Transfers and Water Science & Technology, 2016, 14(4): 77-83. [张永勇, 李宗礼, 刘晓洁. 近千年淮河流域河湖水系连通演变特征[J]. 南水北调与水利科技, 2016, 14(4): 77-83.]
- [36] Jin M. Research on the urbanization response of interconnected river system network in Zhengzhou City[D]. Zhengzhou: Zhengzhou University, 2014. [靳梦. 郑州市水系连通的城市化响应研究[D]. 郑州: 郑州大学, 2014.]
- [37] Yu L. Research on the river system form structure and connectivity of Huaihe river basin[D]. Zhengzhou: Zhengzhou University, 2017. [于璐. 淮河流域水系形态结构及连通性研究[D]. 郑州: 郑州大学, 2017.]
- [38] Gao Y, Wang S Y, Guo J. Quaternary palaeoenvironmental oscillations drove the evolution of the Eurasian *Carassius auratus* complex (Cypriniformes, Cyprinidae)[J]. Journal of Biogeography, 2012, 39(12): 2264-2278.
- [39] Flanagan S P, Rose E, Jones A G. Population genomics reveals multiple drivers of population differentiation in a sex-role-reversed pipefish[J]. Molecular Ecology, 2016, 25(20): 5043-5072.
- [40] Shen Y P, Kang J C. A 150 ka climatic record of loess from grain-size data in Linxia, Gansu[J]. Arid Land Geography, 1992, 15(3): 44-49. [沈永平, 康建成. 十五万年来临夏黄土粒度变化的气候记录[J]. 干旱区地理, 1992, 15(3): 44-49.]

Genetic diversity of wild *Micropercops swinhonis* populations in Henan Province

WANG Xi, ZENG Huiling, MENG Xiaolin, WANG Xianfeng, SONG Dongying, ZHANG Jianxin, GU Qianhong, TANG Yongtao, ZHOU Chuanjiang, NIE Guoxing

College of Fisheries, Henan Normal University; Engineering Technology Research Center of Henan Province for Aquatic Animal Cultivation; Engineering Lab of Henan Province for Aquatic Animal Disease Control, Xinxiang 453007, China

Abstract: *Micropercops swinhonis* is a specific small freshwater demersal fish, which is widely distributed in the water systems of the Yangtze River and its northern rivers, as well as the rivers of Henan Province. To assess the current situation of germplasm resources and genetic diversity, 77 *M. swinhonis* samples were collected from the basins of the Yellow River, Yangtze River, Huaihe River, and Haihe River in Henan Province. We analyzed the population genetic diversity and differentiation of the species using the mitochondrial COI gene. In this study, we amplified the partial mitochondrial COI gene sequences of 77 individuals from 10 populations (PH, BSH, HZH, TRQ, MJH, XLSSK, HXC, YH, QH, and WH). The results showed an average haplotype diversity of 0.89088 and average nucleotide diversity of 0.00361 in all populations, with a maximum and minimum in the HXC and NJH populations, respectively. AMOVA analysis showed that the genetic differentiation of *M. swinhonis* mainly occurred within the population variation, with 78.43% genetic variation within *M. swinhonis* populations. The results of phylogenetic tree and network of haplotypes suggested that *M. swinhonis* did not form from a significant geographic cluster. Similarly, the results of SAMOVA support the phylogenetic tree and network of haplotypes when not using grouping in advance. Demographic history analysis showed that the 10 populations experienced rapid population growth and have maintained an upward trend. Fu's F_S value and mismatch nucleotide analysis revealed that a recent population expansion had occurred in *M. swinhonis* populations, the process for which may be related to the climate changing to warm and humid.

Key words: Henan Province; *Micropercops swinhonis*; COI; genetic diversity; population genetic structure

Corresponding author: ZHOU Chuanjiang. E-mail: chuanjiang88@163.com