

文章编号:1671-4229(2023)01-0078-08

北江流域侧条光唇鱼(*Acrossocheilus parallens*)的遗传多样性及核型分析

张翠萍, 林健烽, 赖星星, 张明清, 袁丽媚, 覃伟健, 舒 琥*

(广州大学 生命科学学院, 广东 广州 510006)

摘要: 为了解侧条光唇鱼(*Acrossocheilus parallens*)的遗传多样性及染色体核型, 文章通过传统形态学及框架结构测量研究北江侧条光唇鱼的形态学特征, 活体注射植物凝集素(PHA)和秋水仙素研究其染色体核型, 对线粒体DNA扩增及测序研究其遗传多样性。形态学结果显示, 该群体的可数性状及可量性状与《中国动物志》存在一定的差异, 如: 可数性状中胸鳍鳍条数为12~14, 而《中国动物志》中为14~16; 可量性状中体长/体高、体长/头长、头长/吻长的比值均明显大于《中国动物志》中所描述的比值。Pearson相关分析表明, 10项可量性状和17项框架结构性状均与体重呈极显著正相关($P < 0.01$)。侧条光唇鱼的核型公式为 $2n = 14m + 16sm + 8st + 12t$, 染色体臂数 $NF = 80$, 未发现异型性染色体。侧条光唇鱼线粒体*Cyt b*基因与D-loop序列分析显示, 碱基A+T含量均高于C+G含量, 且G含量最低, 表现出明显的碱基偏倚性。基于D-loop序列和*Cyt b*基因各单倍型之间的遗传距离分别为0.001~0.004和0.001~0.003, 表明该群体各单倍型之间的遗传距离很近。D-loop序列和*Cyt b*基因的单倍型多样性指数(Hd)、核苷酸多样性指数(Pi)和平均核苷酸差异数(k)分别为0.414、0.00071、0.514和0.384、0.00041、0.464, 表明该群体的遗传多样性处于较低水平。

关键词: 侧条光唇鱼; 遗传多样性; 染色体核型; 线粒体DNA; 形态学

中图分类号: S 917.4 文献标志码: A

Genetic diversity and karyotype analysis of *Acrossocheilus parallens* in the Beijiang river

ZHANG Cui-ping, LIN Jian-feng, LAI Xing-xing, ZHANG Ming-qing,
YUAN Li-mei, QIN Wei-jian, SHU Hu*

(School of Life Science, Guangzhou University, Guangzhou 510006, China)

Abstract: In order to clarify the genetic diversity and chromosome karyotype of *Acrossocheilus parallens*, the morphological characteristics of *A. parallens* in the Beijiang river were studied by traditional morphology and frame structure measurement, the karyotype was studied by injecting phytohemagglutinin (PHA) and colchicine in vivo, and the genetic diversity was studied by mitochondrial DNA amplification and sequencing. The morphological results showed that the countable and measurable traits of this population were different from those of *A. parallens* in *Fauna Sinica*. For example, the number of pectoral fins measured in this study was 12~14, while that in *Fauna Sinica* was 14~16. The ratios of body length/body height, body length/head length and head length/snout length in measurable

收稿日期: 2022-02-17; 修回日期: 2022-03-26

基金项目: 广东省自然科学基金委员会区域联合基金重点资助项目(2019B1515120064); 中国-东盟渔业资源保护与开发利用资助项目(CAMC-2018F)

作者简介: 张翠萍(1997—), 女, 硕士研究生. E-mail: 976752932@qq.com

* 通信作者. E-mail: shuhu001@126.com

引文格式: 张翠萍, 林健烽, 赖星星, 等. 北江流域侧条光唇鱼(*Acrossocheilus parallens*)的遗传多样性及核型分析[J]. 广州大学学报(自然科学版), 2023, 22(1): 78-85.

traits were significantly greater than those described in *Fauna Sinica*. Pearson correlation analysis showed that 10 measurable traits and 17 frame structures were significantly positively correlated with body weight ($P < 0.01$). The karyotype formula of *A. parallens* was $2n = 14m + 16sm + 4st + 6t$, and the number of chromosome arms (NF) was 80. No atypical sex chromosomes were found. The analysis of mitochondrial *Cyt b* gene and D-loop sequence showed that the content of A + T bases was higher than that of C + G bases, and the content of base G was the lowest, showing significant base bias. Based on D-loop and *Cyt b* gene, the genetic distances between each haplotype were in the range of 0.001 ~ 0.004 and 0.001 ~ 0.003, respectively, indicating that the genetic distances between the haplotypes in the population were close. The haplotype diversity (Hd), nucleotide diversity (Pi) and average nucleotide differences (k) of D-loop and *Cyt b* gene were 0.414, 0.000 71, 0.514 and 0.384, 0.000 41, 0.464, respectively, indicating that the genetic diversity of the population was at a low level.

Key words: *Acrossocheilus parallens*; genetic diversity; chromosome karyotype; mitochondrial DNA; morphology

侧条光唇鱼(*Acrossocheilus parallens*)属鲤形目(Cypriniformes)鲤科(Cyprinidae)鲃亚科(Barbinae)光唇鱼属(*Acrossocheilus*),俗称石花鱼,主要分布于珠江水系和广西柳江水域^[1-2],喜栖于石砾底质的清水河溪中,生活在急流水中下层。侧条光唇鱼脂肪含量高,肉质鲜美,为珠江流域山区及丘陵地区的中小型经济鱼类^[2]。种群的遗传多样性一般是指群体内所有个体遗传物质的变异程度,变异程度越高,遗传多样性就越高;反之越低。遗传多样性是物种生存与进化的物质基础^[3],遗传多样性高的种群具有更强的进化潜力,能适应复杂的环境,保证物种的延续;而遗传多样性低的种群,对环境的适应性下降,在进化中逐渐灭绝^[4]。通过研究侧条光唇鱼种群的遗传多样性,可以探索其进化历程和进化潜力,有利于评估和保护其遗传多样性,可以为其遗传育种和资源保护提供理论依据和数据支持^[5]。

形态学特征是最直观且容易获得的指标,能够总体上反映物种的变异程度^[6],但因其易受环境的影响,对物种遗传多样性的反映也有较大误差,所以往往作为遗传多样性分析的辅助手段。染色体是遗传物质的主要载体,染色体核型具有种质特异性,研究物种的染色体核型对探讨其分类地位、系统演化、种质鉴定和群落分析等具有重要作用^[7]。线粒体 DNA 具有结构简单、进化速度快、拷贝数多、多态性和母系遗传等特点^[8],在鱼类分子群体遗传学中应用广泛。其中,D-loop、*Cyt b* 基因进化较快,适于种群水平差异的研究^[9]。

目前,国内外有关侧条光唇鱼的研究主要集中在形态学特征比较^[10-11]、繁殖生物学研究^[2,12]、年龄与生长特征分析^[13]、线粒体基因组与系统发育研究^[14-16]等方面,对其遗传多样性及染色体核型分析的研究尚未见报道。本文从形态学、染色体和线粒体 DNA 3 个水平上系统地研究了北江流域侧条光唇鱼的遗传多样性和遗传结构,旨在为其遗传多样性评估和种质资源的开发利用提供基础资料。

1 材料与方法

1.1 实验材料

于 2016 - 2017 年从韶关市曲江区马坝镇渔民住处附近采集野生侧条光唇鱼 38 尾,其中 30 尾(体长 55.2 ~ 98.0 cm)用于形态学测量,并取适量的背部肌肉置于 2 mL 离心管中,用 95% 乙醇固定并保存于 -20 °C 冰箱中,用于后续 DNA 提取。8 尾用于染色体标本制作及核型分析。

1.2 形态学测量

参考刘苏等^[17]的测量方法略作改动,选取 10 个解剖学坐标点,分别测量 30 尾侧条光唇鱼的形态参数,包括 11 项可量性状(体重、全长、体长、头长、吻长、眼径、眼间距、体高、体宽、尾柄长和尾柄高)、7 项可数性状(侧线鳞数、侧线上鳞数、侧线下鳞数、胸鳍条数、背鳍条数、腹鳍条数、臀鳍条数)和 17 项框架参数(L_{1-2} 、 L_{1-3} 、 L_{1-10} 、 L_{2-3} 、 L_{2-9} 、 L_{2-10} 、 L_{3-4} 、 L_{3-9} 、 L_{4-5} 、 L_{4-8} 、 L_{4-9} 、 L_{5-6} 、 L_{5-7} 、

L_{6-7} 、 L_{7-8} 、 L_{8-9} 、 L_{9-10}) (图 1)。其中,体重用电子天平(精度为 0.1 g)称量,其余可量性状和框架参数均使用电子游标卡尺(精度为 0.1 mm)测量。

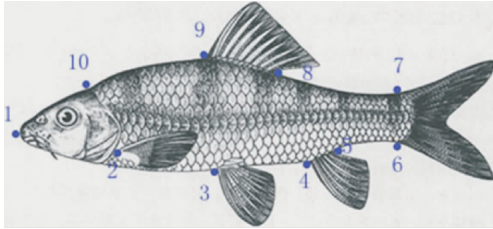


图 1 侧条光唇鱼的框架参数示意图

Fig. 1 Schematic framework parameter of *A. parallens*

注:1-吻端,2-胸鳍起点,3-腹鳍起点,4-臀鳍起点,5-臀鳍基部末端,6-尾鳍基部下端,7-尾鳍基部下端,8-背鳍基部末端,9-背鳍起点,10-鳃盖骨前端上侧

1.3 染色体标本制备及核型分析

参考林义浩^[18]、舒琥等^[19]提出的植物凝集素(phytoagglutinin, PHA)体内注射法,稍作改良进行侧条光唇鱼的染色体标本制备。在 100 倍油镜下观察,选取 100 个染色体分散良好、无明显缺失的中期分裂相细胞,进行显微摄影。统计这些图像中的染色体数,以其众数作为侧条光唇鱼的染色体数。选取数目完整、浓缩适中(正中期)、分散良好和形态清晰的分裂相,测量每条染色体的臂长,计算其臂比值和相对长度,按 Levan 等^[20]所设立的标准对其进行染色体分类、配对和排列。

1.4 基因组 DNA 的提取、扩增与测序

使用通用型 DNA 小量提取试剂盒(迈宝,中国)提取侧条光唇鱼的总 DNA,使用琼脂糖凝胶电泳和 Biotek(美国)检测所提取 DNA 的质量和纯度,于 $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 保存。PCR 扩增引物由生工生物工程(上海)股份有限公司合成,D-loop 控制区引物序列分别为 D1F: TAACTCCCACCACTGGCTCC 和 D1R: GCACCCATCTTGGCATCTTC, *Cyt b* 基因引物序列分别为 C1F: TAAGGCGTTGGATTAGAAGC 和 C1R: CGGATTACAAGACCGATGC。PCR 反应体系为 25 μL , 包含: $2 \times \text{Taq MasterMix}$ 12.5 μL , DNA 模板 3 μL , 正、反引物 1 μL , ddH₂O 7.5 μL 。D-loop 序列的扩增反应条件为: $94\text{ }^{\circ}\text{C}$ 6 min; $94\text{ }^{\circ}\text{C}$ 45 s, $56\text{ }^{\circ}\text{C}$ 45 s, $72\text{ }^{\circ}\text{C}$ 1 min, 30 个循环; $72\text{ }^{\circ}\text{C}$ 10 min。*Cyt b* 基因扩增反应条件为: $94\text{ }^{\circ}\text{C}$ 6 min; $94\text{ }^{\circ}\text{C}$ 45 s, $53\text{ }^{\circ}\text{C}$ 45 s, $72\text{ }^{\circ}\text{C}$ 85 s, 30 个循环; $72\text{ }^{\circ}\text{C}$ 10 min。PCR 扩增产物使用琼脂糖凝胶电泳检测,挑选亮度清晰、特异性好的条带进行测序(生工,上海)。

1.5 数据处理

使用 Excel 统计形态学数据的最大值、最小值、平均数和标准差;使用 SPSS 19.0 进行 Pearson 相关分析。使用 Chromas 2.41 和 Seqman II 软件对测序序列进行人工校对和拼接,并于 NCBI 中的标准序列进行比对和验证。使用 MEGA 5.05 计算 D-loop 和 *Cyt b* 基因的基本序列信息和遗传距离。使用 DNASP 5.10 计算 D-loop 和 *Cyt b* 基因多态性参数,包括保守位点数、Indel 位点数、多态位点数(简约位点数和单突变位点数)、单倍型数、单倍型多样性、核苷酸多样性和平均核苷酸差异数。

2 结果与分析

2.1 侧条光唇鱼的形态特征分析

侧条光唇鱼的可数性状和可量性状如表 1 所示。结果表明,体长为体高的 3.68 ~ 3.86 倍,为体宽的 6.36 ~ 6.42 倍,为头长的 4.08 ~ 4.6 倍,为尾柄长的 5.44 ~ 5.47 倍,为尾柄高的 8.83 ~ 8.90 倍。头长为吻长的 4 ~ 4.14 倍,为眼径的 3.43 ~ 4.14 倍,为眼间距的 2.38 ~ 2.96 倍。尾柄长为尾柄高的 1.62 ~ 1.63 倍。

表 1 侧条光唇鱼的可数性状及可量性状

Table 1 The countable traits and measurable traits of *A. parallens*

形态指标	数值范围	平均值 \pm 标准差
侧线鳞	36 ~ 40	37.16 \pm 0.52
侧线上鳞	6 ~ 7	6.10 \pm 0.18
侧线下鳞	4 ~ 5	4.90 \pm 0.18
胸鳍鳍条	12 ~ 14	13.17 \pm 0.39
背鳍鳍条	8 ~ 9	9.06 \pm 0.19
腹鳍鳍条	8 ~ 9	8.93 \pm 0.12
臀鳍鳍条	5 ~ 6	6.00 \pm 0.07
体重/g	3.9 ~ 19.7	10.87 \pm 2.88
全长/cm	70.2 ~ 122.2	98.21 \pm 9.08
体长/cm	55.2 ~ 98.0	78.47 \pm 7.62
头长/mm	12.0 ~ 24.0	17.29 \pm 1.80
吻长/mm	2.9 ~ 6.0	4.61 \pm 0.69
眼径/mm	3.5 ~ 5.8	4.61 \pm 0.51
眼间距/mm	5.05 ~ 8.10	6.52 \pm 0.68
体高/mm	15.0 ~ 25.4	20.88 \pm 1.64
体宽/mm	8.6 ~ 15.4	12.36 \pm 1.10
尾柄长/mm	10.1 ~ 18.0	14.33 \pm 1.59
尾柄高/mm	6.2 ~ 11.1	9.12 \pm 0.77

Pearson 相关性分析显示,10 项可量性状参数(除体重外)和 17 项框架结构参数与体重极显著正相关($P < 0.01$,表 2)。其中,与体重相关系数最大的是 L_{1-3} ($r = 0.971$);相关系数最小的是眼径($r = 0.568$)。

表 2 各性状与体重间的 Pearson 相关性

Table 2 Pearson correlation between each character and weight

性状	r	性状	r
全长/cm	0.967 **	L_{2-9} /mm	0.756 **
体长/cm	0.962 **	L_{2-10} /mm	0.906 **
头长/mm	0.941 **	L_{3-4} /mm	0.879 **
吻长/mm	0.742 **	L_{3-9} /mm	0.930 **
眼径/mm	0.568 **	L_{4-5} /mm	0.909 **
体高/mm	0.959 **	L_{4-8} /mm	0.954 **
尾柄长/mm	0.837 **	L_{4-9} /mm	0.959 **
尾柄高/mm	0.932 **	L_{5-6} /mm	0.793 **
体宽/mm	0.924 **	L_{5-7} /mm	0.931 **
眼间距/mm	0.847 **	L_{6-7} /mm	0.906 **
L_{1-2} /mm	0.850 **	L_{7-8} /mm	0.862 **
L_{1-3} /mm	0.971 **	L_{8-9} /mm	0.883 **
L_{1-10} /mm	0.907 **	L_{9-10} /mm	0.902 **
L_{2-3} /mm	0.891 **		

注: * 表示 $P < 0.05$,显著相关; ** 表示 $P < 0.01$,极显著相关

2.2 染色体核型分析

表 3 显示,100 个分裂相中有 62 个分裂相的染色体数为 50,占总数的 62%,即染色体众数为 50,因此,可判定侧条光唇鱼的染色体数为 $2n = 50$ 。根据 Levan 等^[20]分类标准将 50 条染色体分为中部着丝粒染色体(m)、亚中部着丝粒染色体(sm)、亚端部着丝粒染色体(st)和端部着丝粒染色体(t),每组分别含有 7 对、8 对、4 对和 6 对染色体(图 2,表 4)。25 对染色体中,染色体相对长度最长的为第 8 号染色体,占 6.12%,属于亚中部染色体;最短的为第 25 号染色体,占 2.50%,为端部染色体。侧条光唇鱼的核型公式为: $2n = 14m + 16sm + 8st + 12t$,臂数 $NF = 80$,未发现异型性染色体。

表 3 侧条光唇鱼的染色体数目统计

Table 3 The number of *A. parallens* chromosome

染色体数目	分裂相数目	出现频率/%
≤ 46	4	4
47	8	8
48	14	14
49	10	10
50	62	62
≥ 51	2	2
总和	100	100

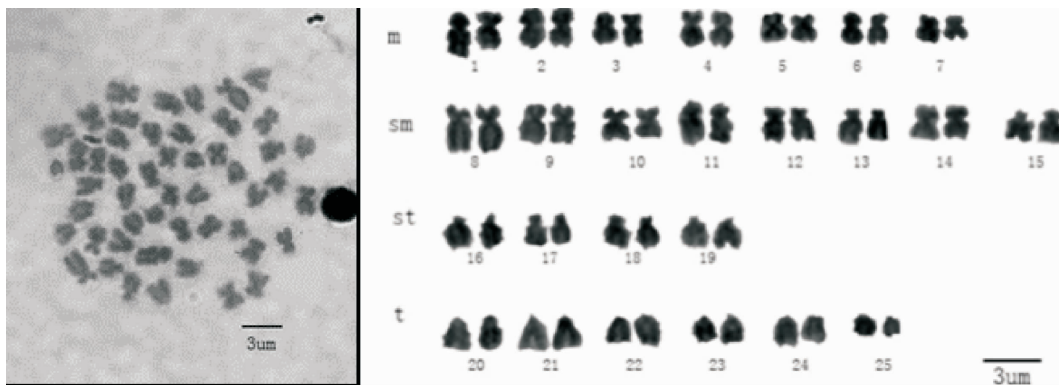


图 2 侧条光唇鱼核型

Fig. 2 The karyotype of *A. parallens*

表 4 侧条光唇鱼染色体参数统计

Table 4 The parameters of the chromosomes of *A. parallens*

染色体编号	相对长度/%	臂比	类型	染色体编号	相对长度/%	臂比	类型
1	5.11 ± 0.02	1.77 ± 0.10	m	14	4.08 ± 0.22	2.35 ± 0.06	sm
2	4.63 ± 0.08	1.22 ± 0.02	m	15	3.48 ± 0.01	2.26 ± 0.12	sm
3	4.48 ± 0.05	1.45 ± 0.18	m	16	3.99 ± 0.15	4.53 ± 0.09	st

(续表 4)

染色体编号	相对长度/%	臂比	类型	染色体编号	相对长度/%	臂比	类型
4	4.47 ± 0.02	1.60 ± 0.06	m	17	3.82 ± 0.14	4.48 ± 0.20	st
5	3.50 ± 0.03	1.30 ± 0.11	m	18	3.62 ± 0.14	3.11 ± 0.02	st
6	3.24 ± 0.02	1.54 ± 0.06	m	19	3.47 ± 0.01	3.36 ± 0.09	st
7	3.06 ± 0.10	1.28 ± 0.06	m	20	3.99 ± 0.03	∞	t
8	6.12 ± 0.01	2.09 ± 0.15	sm	21	3.90 ± 0.09	∞	t
9	5.17 ± 0.00	1.87 ± 0.05	sm	22	3.23 ± 0.04	∞	t
10	4.87 ± 0.16	1.78 ± 0.18	sm	23	3.16 ± 0.07	∞	t
11	4.48 ± 0.13	1.94 ± 0.05	sm	24	3.10 ± 0.04	∞	t
12	4.32 ± 0.00	2.20 ± 0.08	sm	25	2.50 ± 0.17	∞	t
13	4.20 ± 0.08	2.65 ± 0.03	sm				

2.3 线粒体 DNA 序列特征及遗传多样性分析

经序列比对和人工修整后,获得了长度为 726 ~ 730 bp 的 D-loop 序列和长度为 1 141 bp 的 *Cyt b* 序列。D-loop 序列中碱基 A、T、G、C 的平均含量分别为 33.6%、33.6%、12.7% 和 20.1%,其中, A + T 含量(67.2%) 高于 C + G 含量(32.8%)。 *Cyt b* 序列中碱基 A、T、G、C 的平均含量分别为 27.9%、27.2%、14.9% 和 30.0%,其中 A + T 含量(55.1%) 也高于 G + C 含量(44.9%)。与大多数鱼类的线

粒体 DNA 特点相似,两个序列均表现出明显的碱基偏倚性。

由表 5 可知,D-loop 序列的变异速率高于 *Cyt b* 基因。D-loop 序列中含有 721 个保守位点,6 个插入或缺失位点(indel site)及 5 个多态性位点。而 *Cyt b* 基因含有 1 138 个保守位点,3 个多态性位点,未发生碱基的插入或缺失突变。基于 D-loop 和 *Cyt b* 基因的遗传多样性指数表明,两个序列均表现为低单倍型多样性和低核苷酸多样性(表 6)。

表 5 侧条光唇鱼线粒体基因组中 D-loop 和 *Cyt b* 基因的多态性分析

Table 5 The polymorphism analysis of the D-loop and *Cyt b* gene of *A. parallens* in mitochondrial genome

基因序列	比对碱基位点数	多态位点数及百分比	简约信息位点数及百分比	单突变位点数及百分比	Indel 位点数及百分比
D-loop	726	5(0.68%)	2(0.27%)	3(0.41%)	6(0.82%)
<i>Cyt b</i>	1 141	3(0.26%)	1(0.09%)	2(0.17%)	0(0.00%)

表 6 侧条光唇鱼线粒体 D-loop 及 *Cyt b* 基因遗传多样性指数

Table 6 The genetic diversity index of the D-loop and *Cyt b* gene of *A. parallens*

基因序列	单倍型数(h)	单倍型多样性(Hd)	核苷酸多样性(Pi)	平均核苷酸差异数(k)
D-loop	6	0.414	0.000 71	0.514
<i>Cyt b</i>	3	0.384	0.000 41	0.464

2.4 遗传距离分析

北江流域侧条光唇鱼基于 D-loop 序列共有 6 种单倍型,其中单倍型 Hap_2 是主要的单倍型,包含 23 个个体,占样本总数的 76.67%。各单倍型之间的遗传距离为 0.001 ~ 0.004(表 7)。基于 *Cyt b* 基因的单倍型有 3 种,其中 Hap_1 是主要的

单倍型,包含 23 个个体。各单倍型之间的遗传距离为 0.001 ~ 0.003(表 8)。因此,该群体中各单倍型之间的遗传距离未能达到划分亚种水平(0.02 ~ 0.20)^[21]。

表 7 D-loop 序列各单倍型的遗传距离

Table 7 The genetic distance of D-loop sequence between each haplotype

单倍型	Hap_1	Hap_2	Hap_3	Hap_4	Hap_5	Hap_6
Hap_1						
Hap_2	0.001					
Hap_3	0.003	0.001				
Hap_4	0.004	0.003	0.001			
Hap_5	0.003	0.001	0.003	0.004		
Hap_6	0.003	0.001	0.003	0.004	0.003	

表 8 *Cyt b* 各单倍型的遗传距离Table 8 The genetic distance of *Cyt b* gene between each haplotype

单倍型	Hap_1	Hap_2	Hap_3
Hap_1			
Hap_2	0.001		
Hap_3	0.002	0.003	

3 讨 论

3.1 侧条光唇鱼的形态学特征

鱼类的形态学性状是分类鉴定的重要依据,与其行为食性、栖息环境和季节变化等因素密切相关^[22],形态学特征研究是研究遗传多样性的主要方法之一。《广东淡水鱼类志》^[23]、《中国动物志硬骨鱼纲鲤形目(下卷)》^[24]和《珠江鱼类图鉴》^[25]等对侧条光唇鱼的外部形态特征有一定的记述。此外,赵俊等^[10]、李红敬等^[11]和赵虎等^[26]对侧条光唇鱼的形态特征有过研究,但缺少基于形态学特征研究侧条光唇鱼种群的遗传多样性。本研究对北江流域侧条光唇鱼可数性状及可量性状进行测量分析,结果显示,其侧线鳞数及鳍条数与前人描述的侧条光唇鱼形态特征存在一定的差异,如《中国动物志》中描述的侧条光唇鱼侧线鳞数为 38~40,侧线上鳞为 5.5~6.0,侧线下鳞为 3.5~4.5,胸鳍鳍条数为 14~16,背鳍鳍条数为 8,腹鳍鳍条数为 8,臀鳍鳍条数为 5,而《珠江鱼类图鉴》中描述的侧线鳞数为 36~38。可量性状中体长/体高、体长/头长和头长/吻长的比值均明显大于《中国动物志》中所描述的比值,说明本研究中

的侧条光唇鱼在这些性状上发生了变化。《中国动物志》中测量的样本分别采自广东乐昌、连山、和平和连平,样本总数仅为 10 尾;而本研究中样本采自广东韶关马坝,形态测量的样本数为 30 尾。因此,形成以上差异的原因可能是由于采样点及栖息环境的不同,统计样本量的差异及时空的差异性导致不同群体性状的差异。体重被认为是经济鱼类选育中的重要性状指标之一,体重测量易受客观环境干扰,影响选育效果^[27]。Pearson 相关性分析结果表明,10 项可量性状和 17 项框架结构性状均与体重呈极显著正相关($P < 0.01$),说明在选育过程中这些性状可以间接反映侧条光唇鱼的体重,可用于辅助选育。

3.2 侧条光唇鱼的染色体核型

染色体核型分析对鱼类的遗传变异、分类和系统演化等研究具有重要作用^[18]。本研究中侧条光唇鱼的核型公式为: $2n = 14m + 16sm + 4st + 6t$,臂数 $NF = 80$,与已报道的光唇鱼(*A. fasciatus*)^[28]、虹彩光唇鱼(*A. iridescens*)^[29]、吉首光唇鱼(*A. jishouensis*)^[30]和北江光唇鱼(*A. beijiangensis*)^[31]的染色体核型结果一致(表 9)。在这些光唇鱼核型公式中,中部着丝粒染色体和亚中部着丝粒染色体数目均为 $14m + 16sm$,说明这几种光唇鱼的亲缘关系更近,而与云南光唇鱼(*A. yunnanensis*)^[32]和半刺光唇鱼(*A. hemispinus*)^[33]的染色体核型和臂数却存在一定的差异。这些差异可能是由于光唇鱼属内不同物种间染色体核型分化造成的,也可能与材料来源有关。光唇鱼属鱼类是鲃亚科鱼类中比较原始的类群^[33]。在特定的分类阶元内,具有较多端部或亚端部着丝粒染色体

表 9 侧条光唇鱼与其他光唇鱼属鱼类的核型比较

Table 9 A comparison of karyotypes between *A. parallens* and other fishes of *Acrossocheilus*

种名	2n	核型公式	NF	方法	材料来源	文献来源
侧条光唇鱼	50	$14m + 16sm + 8st + 12t$	80	PHA 活体注射	广东韶关北江水系	本文
光唇鱼	50	$14m + 16sm + 6st + 14t$	80	PHA 活体注射	浙江省新昌县养殖场	[28]
虹彩光唇鱼	50	$14m + 16sm + 10st + 10t$	80	PHA 活体注射	贵州省平塘县	[29]
吉首光唇鱼	50	$14m + 16sm + 12st + 8t$	80	PHA 活体注射	湖南省吉首市峒河	[30]
北江光唇鱼	50	$14m + 16sm + 14st + 6t$	80	PHA 活体注射	广东北江水系	[31]
云南光唇鱼	50	$10m + 18sm + 12st + 10t$	78	肾组织加 PHA 体外短期培养	四川省岷江流域	[32]
半刺光唇鱼	50	$10m + 16sm + 8st + 16t$	76	PHA 活体注射	广西桂林	[33]

的种群是原始类群,而具有较多中部或亚中部着丝粒染色体的种群是特化类群^[34]。侧条光唇鱼具有较多的中部和亚中部着丝粒染色体,臂数相对较多,故是较特化的类群。侧条光唇鱼第 8 号染色体是最长的,相对长度为 6.12%,为亚中部着丝粒染色体,这条染色体在其他光唇鱼^[28,30-31]核型中也能找到,且长度相近,因此,该染色体可作为光唇鱼类的标志性染色体。

3.3 侧条光唇鱼的遗传多样性分析

线粒体基因中,*Cyt b* 基因具有中等的进化速率,序列变异丰富,是 mtDNA 中结构和功能最清楚的蛋白质编码基因之一,常被用于种内和种间的有效鉴定^[35]。D-loop 序列为非编码序列,受自然选择压力较小,进化速率快,常用于种内遗传变异分析^[36]。北江流域侧条光唇鱼 *Cyt b* 基因与 D-loop 序列中,碱基 A + T 含量均高于 C + G 含量,且 G 含量最低,表现出了明显的碱基偏倚性,说明这两个碱基在进化中更具优势,与已报道的光唇鱼属鱼

类的 DNA 序列特征相似^[37-40]。D-loop 序列中插入或缺失位点和多态性位点均高于 *Cyt b* 基因,说明 D-loop 序列的变异速率高于 *Cyt b* 基因,更适合作为研究北江侧条光唇鱼遗传变异的分子标记。

平均遗传距离、单倍型多样性和核苷酸多样性都是评估种群遗传多样性的重要指标^[41]。Shaklee 等^[21]研究认为遗传距离大于 0.02 同时小于 0.20 时,种群可划分为亚种。在本研究中,侧条光唇鱼基于 D-loop 序列各单倍型之间的遗传距离为 0.001 ~ 0.004,基于 *Cyt b* 基因各单倍型之间的遗传距离为 0.001 ~ 0.003,说明该群体各单倍型之间遗传距离很近,未发生明显遗传分化。Grant 等^[42]认为群体核苷酸多样性指数高于 0.005 且单倍型多样性指数高于 0.5 时,群体遗传多样性比较高。本研究结果表明,北江流域侧条光唇鱼表现为低单倍型多样性($Hd < 0.5$)和低核苷酸多样性($Pi < 0.005$),说明该群体的遗传多样性处于较低水平,可能经历了瓶颈效应^[43]。

参考文献:

- [1] 李红敬, 李晓风, 吕萃, 等. 侧条光唇鱼的年轮特征[J]. 信阳师范学院学报(自然科学版), 2016, 29(1): 57-61.
- [2] 蓝昭军, 赵俊, 李强, 等. 北江侧条光唇鱼的个体生殖力[J]. 华南师范大学学报(自然科学版), 2010, 1(1): 92-97.
- [3] 李大命, 唐晟凯, 刘燕山, 等. 江苏省 4 个太湖新银鱼种群遗传多样性和遗传结构分析[J]. 渔业科学进展, 2020, 41(5): 52-60.
- [4] 汪珂. 川陕哲罗鲑种群遗传学及分子系统发育研究[D]. 南京: 南京农业大学, 2016.
- [5] 邱楚雯, 王韩信. 泥鳅属鱼类遗传多样性的研究进展[J]. 水产科技情报, 2017, 44(2): 78-82, 86.
- [6] 苟盼盼, 王秀丽, 窦冬雨, 等. 红鳍东方鲀不同家系群体的形态性状差异与相关性分析[J]. 大连海洋大学学报, 2019, 34(5): 674-679.
- [7] 刘鑫, 张东, 林听听, 等. 灰海马染色体制备及核型分析[J]. 水产学报, 2020, 44(6): 907-914.
- [8] 陈四海, 区又君, 李加儿. 鱼类线粒体 DNA 及其研究进展[J]. 生物技术通报, 2011(3): 13-20.
- [9] 于旭蓉, 仇雪梅, 柳晓瑜, 等. 线粒体 DNA 多态性在海洋动物群体遗传结构研究中的应用[J]. 生物技术通报, 2011(10): 49-54.
- [10] 赵俊, 陈湘舜. 厚唇光唇鱼(*Acrossocheilus labiatus*)和侧条光唇鱼(*A. parallens*)的比较研究[J]. 华南师范大学学报(自然科学版), 1992(1): 20-25.
- [11] 李红敬, 谢素霞. 侧条光唇鱼和宽鳍鱮的两个地理种群形态比较[J]. 信阳师范学院学报(自然科学版), 2007(2): 201-203.
- [12] 蓝昭军, 徐嘉良, 李强, 等. 侧条光唇鱼两邻近种群繁殖生物学特征的差异[J]. 动物学杂志, 2015, 50(5): 735-743.
- [13] 蓝昭军, 李强, 赵俊, 等. 北江侧条光唇鱼的年龄与生长特征[J]. 动物学杂志, 2015, 50(4): 518-528.
- [14] Xie X Y, Huang G F, Li Y T, et al. Complete mitochondrial genome of *Acrossocheilus parallens* (Cypriniformes, Barbinae) [J]. Mitochondrial DNA Part A, 2016, 27(5): 3339-3340.
- [15] Zhou Q H, Ding M, Zhang J. Mitochondrial genome of *Acrossocheilus parallens* (Osteichthyes: Cyprinidae) [J]. Mitochondrial DNA Part A, 2016, 27(5): 3124-3125.
- [16] Han C, Li Q, Xu J Q, et al. Characteristics and phylogenetic studies of *Acrossocheilus parallens* (Cypriniformes, Barbinae) complete mitochondrial genome [J]. Mitochondrial DNA Part A, 2016, 27(6): 4708-4709.

- [17] 刘苏,朱新平,陈昆慈,等. 斑鳢、乌鳢及其杂交种形态差异分析[J]. 华中农业大学学报, 2011, 30(4): 488-493.
- [18] 林义浩. 快速获得大量鱼类肾细胞中期分裂相 PHA 体内注射法[J]. 水产学报, 1982(3): 201-206.
- [19] 舒琬,蔡晓阅,刘锋,等. 鲃形目 3 种鱼的染色体组型分析[J]. 动物学杂志, 2010, 45(2): 101-106.
- [20] Levan A, Fredga K, Sandberg A A. Nomenclature for centromeric position on chromosomes[J]. Hereditas, 1964, 52(2): 201-220.
- [21] Shaklee J B, Tamaru C S, Waples R S. Speciation and evolution of marine fishes studied by the electrophoretic analysis of proteins[J]. Pacific Science, 1982, 36(2): 141-157.
- [22] 汪学杰,牟希东,胡隐昌,等. 布氏鲮形态特征和染色体核型的研究[J]. 大连水产学院学报, 2010, 25(2): 187-190.
- [23] 潘炯华,钟麟,郑慈英,等. 广东淡水鱼类志[M]. 广州: 广东科技出版社, 1991.
- [24] 乐佩琦. 中国动物志硬骨鱼纲鲤形目(下卷)[M]. 北京: 科学出版社, 2000.
- [25] 李桂峰. 珠江鱼类图鉴[M]. 北京: 科学出版社, 2018.
- [26] 赵虎,张红星,王启军,等. 侧条厚唇鱼在河南商城被再次发现[J]. 河北渔业, 2013(10): 14-15.
- [27] 董义超,盛伟博,于会国,等. 花鲈幼鱼形态性状与体质量影响关系的通径分析[J]. 水产学杂志, 2021, 34(1): 29-34.
- [28] 蒋进,李祥云,吴尔苗. 光唇鱼染色体核型分析[J]. 淡水渔业, 2009, 39(3): 77-79.
- [29] 李敏,杨晓芬,吴钦. 贵州虹彩光唇鱼的核型研究[J]. 江西水产科技, 2008(4): 33-36.
- [30] 杨春英,刘良国,杨品红,等. 吉首光唇鱼形态特征和染色体核型分析[J]. 淡水渔业, 2014, 44(2): 9-13.
- [31] 桂建芳,李渝成. 鱼类学论文集(第五辑)[M]. 北京: 科学出版社, 1986.
- [32] 咎瑞光,宋峥,刘万国. 七种鲃亚科鱼类的染色体组型研究,兼论鱼类多倍体的判定问题[J]. 动物学研究, 1984(S1): 82-88.
- [33] 余先觉,周瞰,李渝成,等. 中国淡水鱼类染色体[M]. 北京: 科学出版社, 1989.
- [34] 邹远超,袁佳玲,符鹏,等. 宽体沙鳅的染色体核型与 DNA 含量分析[J]. 动物学杂志, 2017, 52(3): 441-448.
- [35] Yu M L, He S P. Phylogenetic relationships and estimation of divergence times among *Sisoridae* catfishes[J]. Science China: Life Sciences, 2012, 55(4): 312-320.
- [36] Tanya C, Kumar R. Molecular markers and their applications in fisheries and aquaculture[J]. Advances in Bioscience and Biotechnology, 2010, 1(4): 281-291.
- [37] 薛艳洁,潘娜,李祥云. 基于线粒体 *CO II* 基因和 D-loop 区序列对江西安南光唇鱼(*Acrossocheilus*)物种鉴定及系统发育位置分析[J]. 生物学杂志, 2019, 36(1): 25-28.
- [38] 周华兴,胡玉婷,段国庆,等. 基于线粒体细胞色素 b 基因序列的新安江流域温州光唇鱼群体遗传研究[J]. 渔业科学进展, 2019, 40(2): 43-50.
- [39] 胡玉婷,江河,段国庆,等. 基于线粒体 *Cyt b* 基因的皖南山区温州光唇鱼种群遗传结构[J]. 中国农学通报, 2017, 33(32): 121-126.
- [40] 潘娜,苗亮,李祥云,等. 浙江新昌光唇鱼(*Acrossocheilus*) *CO II* 和 D-loop 基因克隆及系统发育分析[J]. 海洋与湖沼, 2015, 46(2): 381-388.
- [41] 潘贤辉,周康奇,陈忠,等. 基于线粒体 D-loop 区和 *COI* 基因序列研究 2 个禾花鲤群体和野生鲤群体的遗传多样性与系统进化关系[J]. 淡水渔业, 2019, 49(6): 33-40.
- [42] Grant W S, Bowen B W. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: Insights from sardines and anchovies and lessons for conservation[J]. Journal of Heredity, 1998, 89(5): 415-426.
- [43] 刘伟,代应贵,袁振兴,等. 都柳江粗唇种群线粒体 DNA *Cyt b* 基因和 D-loop 序列组成及遗传多样性[J]. 淡水渔业, 2016, 46(3): 10-15.

【责任编辑:周全】