

文章编号:1000-0615(2010)05-0673-07

DOI:10.3724/SP.J.1231.2010.06674

鲢中国土著群体与海外移居群体遗传多样性的 AFLP 分析

严骏骢, 赵金良*, 李思发, 郑德锋

(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:采用 AFLP 技术从长江群体内(邗江、老河)、中国长江、珠江、黑龙江群体间以及中国土著群体和海外移居群体(多瑙河、密西西比河)间 3 个层面分析了鲢自然群体在世界范围内的遗传格局。结果表明,邗江、老河、珠江、黑龙江群体的 Nei 氏基因多样性(H)分别为 0.0481 ± 0.1151 、 0.0659 ± 0.1333 、 0.0510 ± 0.1155 和 0.0661 ± 0.1364 ,多瑙河、密西西比河群体分别为 0.0576 ± 0.1250 和 0.0540 ± 0.1221 ;中国土著鲢总的遗传多样性(0.0729 ± 0.1295)高于海外移居群体。AMOVA 分析表明,群体间差异对群体总遗传变异的贡献率为 8.14%,而群体内差异的贡献率为 91.86%。长江石首与邗江群体间的遗传分化 F_{ST} 值为 $0.0701 (P < 0.01)$,长江、珠江、黑龙江群体间的 F_{ST} 值为 $0.0704 (P < 0.01)$,中国土著群体与海外移居群体间的 F_{ST} 值为 $0.0424 (P < 0.01)$,鲢中国土著群体内、土著群体与海外移居群体间均表现分化显著。研究结果为进一步监测海内、外鲢自然群体的遗传变化趋势积累基础资料。

关键词:鲢;遗传多样性;扩增片段长度多态性;土著群体;移居群体

中图分类号:Q 346+.5;S 917

文献标识码:A

鲢(*Hypophthalmichthys molitrix*)属于鲤形目、鲤科、鲢亚科、鲢属,在中国北起黑龙江,中经黄河、淮河、长江、钱塘江、闽江、珠江,南至红河都有分布^[1]。鲢和鳙(*Aristichthys nobilis*)、草鱼(*Ctenopharyngodon idellus*)、青鱼(*Mylopharyngodon piceus*)一起统称“四大家鱼”,约占中国淡水渔业总产量的 75%^[2]。其中,鲢产量最高,据联合国粮食及农业组织 FAO 统计,2007 年鲢产量达 360 万吨,是世界产量最高的种类。

作为原主要产地的中国,历史上鲢天然资源十分丰富^[3]。其中,长江是我国鲢鱼苗和成鱼的第一大供给区,珠江、黑龙江次之^[2,4]。但自 20 世纪 60 年代以来,受过度捕捞、水域污染、兴建大坝等影响,我国鲢天然鱼苗、成鱼产量均呈急剧下降趋势,资源出现明显衰退^[5]。

20 世纪 80 年代,长江鲢成鱼捕捞量不及 50 年代的 1/2,鱼苗捕捞量不及 60 年代的 1/4;珠江鲢资源明显衰退,而黑龙江鲢已不能形成产量^[2,6]。据长江中游的渔业调查资料,1997 -

1999 年,四大家鱼总量为 21.54 ~ 35.87 亿尾,为 1981 年同期量的 32.15% ~ 53.53%,鱼苗成色比例中,鲢、鳙呈下降趋势^[7]。三峡大坝建成后,2003 - 2006 年长江中游四大家鱼总产卵量又降为 2002 年的 56.88%,为 1997 - 2002 年平均值的 42.82%^[8]。

与此同时,20 世纪 60 年代以来,鲢被广泛移植至亚、欧、美、非洲的许多国家和地区,用于控制藻类或发展水产养殖。其中,一些移植群体已在当地形成了新的地方群体。在欧洲,1963 - 1964 年匈牙利最早引入鲢用于水产养殖,随后在欧洲各国迅速传播,1973 年首次在多瑙河发现鲢自然群体^[9]。在美国,1973 年时被私人渔场引入阿肯色州,用于池塘水质处理,1983 年被引入 Mallard 湖,用于清理水藻,使得部分鲢流入法兰西斯河、密西西比河,由于当地没有与之适应的天敌,鲢很快在密西西比河流域成为优势种^[10]。到 2005 年,鲢已出现在美国 16 个州、密西西比河及其支流^[11]。与国内土著群体资源不断衰退的局面相比,鲢海外群体呈现不断扩张趋势,资源

收稿日期:2009-10-27 修回日期:2009-12-16

资助项目: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)

通讯作者:赵金良, E-mail:jlzhao@shou.edu.cn

量不断增加,并对当地水域生态系统产生了一定的影响。

遗传多样性在物种种质资源研究中具有举足轻重的作用,而目前对我国大范围(尺度)鲢群体遗传特征的研究资料积累较少,仅李思发等^[12]利用同工酶技术研究了长江、珠江、黑龙江鲢的遗传结构特征,认为长江、珠江、黑龙江鲢群体间具有一定的遗传差异。有关鲢群体遗传多样性多集中长江流域内,赵金良等^[13]通过同工酶技术分析了长江中、下游鲢群体结构,初步认为长江鲢同属于一个大种群;而 mt-RFLP、RAPD、微卫星分析表明长江不同江段鲢群体还存在一定的遗传分化^[14-18]。由于缺乏系统的采样和进一步分析,对我国鲢主要天然群体的遗传特征和结构认识还不充分,而鲢海外移居群体的遗传背景和遗传特性研究尚为空白。

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^[19],并在鱼类群体

遗传中得到了广泛的应用^[20-22]。为全面了解鲢中国自然群体以及海外移居群体的遗传背景,本研究利用 AFLP 技术对中国长江、珠江、黑龙江鲢天然群体,以及美洲密西西比河和欧洲多瑙河海外移居群体遗传特征进行比较分析,以期进一步了解中国鲢天然群体的遗传多样性现状,探明海外移居群体与中国土著群体的遗传差异,在世界范围内全面积累鲢遗传多样性资料,为进一步监测海内、外鲢群体的遗传变化趋势积累资料,为鲢的遗传资源保护、利用和管理提供依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

鲢样本分别于 2005-2007 年取自我国长江(邗江段和老河段)、珠江、黑龙江、多瑙河(匈牙利)、美国密西西比河,剪取鳍条置于 100% 酒精中保存(表 1)。蛋白酶 *K*、 $2 \times Taq$ mix 购自天根生化科技(北京)有限公司, T_4 连接酶、*EcoR* I、*Mse* I 购自美国 NEB 公司。

表 1 鲢采样群体信息

Tab. 1 The information of the samples of silver carp populations

群体 populations	缩写 abbreviation	采集地点 sampling site	尾数 sample size
长江邗江 Yangtze River-Hanjiang	YZ-HJ	江苏省邗江江段 Hanjiang section, Jiangsu Province	20
长江老河 Yangtze River-Laohe	YZ-LH	湖北省石首江段 Shishou section, Hubei Province	20
珠江 Pearl River	PR	广东省肇庆江段 Zhaoqing section, Guangdong Province	20
黑龙江 Amur River	AMUR	黑龙江省抚远江段 Fuyuan section, Heilongjiang Province	20
多瑙河 Danube River	DAU	匈牙利 Faks 江段 Faks section, Hungary	20
密西西比河 Mississippi River	MIS	美国 Sioux river 段 Sioux river section, America	18

1.2 实验方法

总 DNA 提取 采用盐析法提取总 DNA,通过 1% 的琼脂糖凝胶电泳和紫外分光光度计检测 DNA 质量和浓度。

引物设计与合成 参照 Qi 等^[24]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 9 对引物组合用于 AFLP 正式实验,分别是: E-AGC/M-CAC、E-AGC/M-CAG、E-AGC/M-CTA、E-AGC/M-CAT、E-AGC/M-CTG、E-ACT/M-CAC、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。

酶切与连接 酶切反应在 10 μ L 体系中进行: $10 \times NE$ Buffer 2 1.25 μ L, $100 \times BSA$ 0.1 μ L, 20 U/ μ L 的 *EcoR* I 0.25 μ L, 10U/ μ L 的 *Mse*

I 0.25 μ L, 20 pmol/ μ L 的 DNA(模板) 1 μ L, 去离子灭菌水补足至 10 μ L, 37 $^{\circ}C$ 酶切 4.5 h, 75 $^{\circ}C$ 15 min 酶变性。

连接反应在 20 μ L 体系中进行: 5 pmol/ μ L *EcoR* I 接头 1 μ L, 50 pmol/ μ L *Mse* I 接头 1 μ L, $10 \times T_4$ 连接酶 Buffer(含 10 mmol/L ATP) 1 μ L, T_4 连接酶(400 U/ μ L) 0.5 μ L, 酶切产物 10 μ L, 去离子灭菌水补足至 20 μ L, 16 $^{\circ}C$ 连接 16 h。

预扩增 连接产物 0.5 μ L, *EcoR* I 预扩增引物(20 pmol/ μ L) 0.6 μ L, *Mse* I 预扩增引物(20 pmol/ μ L) 0.6 μ L, $2 \times Taq$ mix 10 μ L(含 *Taq* 酶 0.5 U), 去离子灭菌水补足 20 μ L。PCR 反应条件为: 94 $^{\circ}C$ 预变性 2 min; 94 $^{\circ}C$ 变性 30 s, 56 $^{\circ}C$ 退火 30 s, 72 $^{\circ}C$ 延伸 80 s, 25 个循环; 72 $^{\circ}C$ 延伸 10 min; 4 $^{\circ}C$ 保存。预扩增产物稀释 100 倍, -20 $^{\circ}C$

保存。

选扩增 $2 \times Taq$ mix 12.5 μ L, *EcoR* I 选扩增引物(20 pmol/ μ L)0.5 μ L, *Mse* I 选扩增引物(20 pmol/ μ L)0.5 μ L, 预扩增稀释产物 1 μ L, 用去离子灭菌水补足 25 μ L。PCR 反应条件为 94 $^{\circ}$ C 预变性 2 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 30 s, 65 $^{\circ}$ C (以后每循环降低 1 $^{\circ}$ C) 退火 30 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 80 s, 10 个循环; 然后 94 $^{\circ}$ C 30 s, 55 $^{\circ}$ C 30 s, 72 $^{\circ}$ C 60 s, 23 个循环; 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min; 4 $^{\circ}$ C 保存。

变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测 使用 6% 变性聚丙烯酰胺凝胶, 在 2 000 V 恒电压下使用北京六一仪器厂的 DYY-10C 电泳仪和 DYCZ-20C 垂直电泳槽电泳。采用硝酸银染色、氢氧化钠快速显色法^[25], 得到最终条带。

1.3 数据分析

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 氏基因多样性指数 (H)、Shannon 信息指数 (I) 以及 Nei 氏遗传距离 (D) 和遗传一致度 (I) 等遗传参数, 利用 MEGA3.1 构建群体间亲缘关系 NJ 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。

2 结果

2.1 鲢群体遗传多样性

9 对 AFLP 引物扩增共获得 350 个清晰条带 (图 1)。其中, 多态性条带 160 个, 每对引物平均扩增出 38 个条带, 平均多态比例 45.71% (表 2)。

鲢各采样群体的多态性位点比例、有效等位基因数、Nei 氏基因多样性和 Shannon 信息指数如表 3。以 Nei 氏基因多样性为例, 长江邗江群体遗传多样性最低, 为 0.0481 ± 0.1151 ; 黑龙江和长江老河群体分别为 0.0661 ± 0.1364 、 0.0659 ± 0.1333 , 高于其他群体; 多瑙河群体和密西西比河群体居中, 分别为 0.0576 ± 0.1250 、 0.0540 ± 0.1221 。

将老河与邗江采样群体合并为长江群体, 长江、珠江、黑龙江群体的 Nei 氏基因多样性分别为 0.0656 ± 0.1314 、 0.0510 ± 0.1155 、 0.0661 ± 0.1364 , 黑龙江群体略高于长江群体, 珠江群体

最低。

将长江、珠江、黑龙江群体合并为中国土著鲢, 中国土著鲢总的 Nei 氏基因多样性 (0.0729 ± 0.1295) 高于海外移居群体。

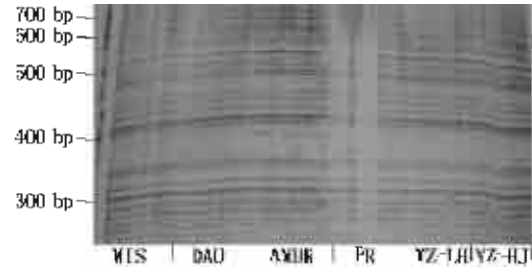


图 1 鲢 E-ACT/M-CTA 引物扩增条带图

MIS. 密西西比河; DAU. 多瑙河; AMUR. 黑龙江; PR. 珠江; YZ-LH. 长江老河; YZ-HJ. 长江邗江。

Fig. 1 The amplified bands of silver carp by E-ACT/M-CTA primer

MIS. Mississippi River; DAU. Danube River; AMUR. Amu River; PR. Pearl River; YZ-LH. LaoHe Section; YZ-HJ. Hanjiang Section.

表 2 鲢 9 对 AFLP 引物扩增的条带数

Tab. 2 The amplified bands of silver carp by 9 AFLP primers

引物组合 primer combinations	条带数 number of site	多态条带数 number of polymorphic site
E-AGC/M-CAC	33	15
E-AGC/M-CAG	25	20
E-AGC/M-CTA	35	20
E-AGC/M-CAT	33	15
E-AGC/M-CTG	46	8
E-ACT/M-CAC	54	19
E-ACT/M-CAG	39	17
E-ACT/M-CTA	45	25
E-ACT/M-CTG	40	21
total	350	160

2.2 鲢群体间遗传距离

鲢各水系群体间的遗传相似度和遗传距离见表 4, 群体间的遗传距离为 0.0065 ~ 0.0095。中国土著群体内, 长江群体与珠江群体、长江群体与黑龙江群体、珠江群体与黑龙江群体的遗传距离分别为 0.0071、0.0069、0.0085, 长江群体与黑龙江群体遗传距离最近, 珠江群体与黑龙江群体最远。

2.3 鲢群体遗传分化

AMOVA 分析表明, 在鲢群体的总变异量中, 群体间差异的贡献率仅为 8.14%, 而群体内个体间差异的贡献率高达 91.86%。群体间两两

比较的遗传分化指数在 0.043 4 ~ 0.106 7 ($P < 0.01$), 群体间差异显著(表 5)。其中, 长江老河与邗江群体间的遗传分化 F_{ST} 值为 0.070 1 ($P < 0.01$), 长江群体内分化显著。国内长江、珠江、

黑龙江群体间总的 F_{ST} 值为 0.0704 ($P < 0.01$), 中国土著群体间分化显著。中国土著鲢与海外移居群体的总 F_{ST} 值为 0.042 4 ($P < 0.01$), 中国土著鲢和海外移居群体间分化显著。

表 3 鲢群体的遗传多样性
Tab.3 Genetic diversities of silver carp populations

群体 populations	多态位点数 polymorphic sites	多态位点比例(%) PPL	有效等位基因数 N_e	Nei 氏基因多样性 H	Shannon 信息指数 I
YZ-HJ	78	22.29	1.073 8 ± 0.195 0	0.048 1 ± 0.115 1	0.078 4 ± 0.173 8
YZ-LH	97	27.71	1.102 6 ± 0.228 2	0.065 9 ± 0.133 3	0.105 5 ± 0.199 8
PR	84	24.00	1.076 9 ± 0.193 4	0.051 0 ± 0.115 5	0.083 7 ± 0.175 9
AMUR	97	27.71	1.105 0 ± 0.237 9	0.066 1 ± 0.136 4	0.105 1 ± 0.202 4
DAU	90	25.71	1.089 3 ± 0.215 7	0.057 6 ± 0.125 0	0.093 3 ± 0.187 6
MIS	87	24.86	1.083 6 ± 0.208 4	0.054 0 ± 0.122 1	0.087 5 ± 0.183 2

表 4 鲢群体的遗传相似度(对角线上方)和遗传距离(对角线下方)
Tab.4 Genetic similarity and genetic distance among silver carp populations

群体 populations	长江 YZ	珠江 PR	黑龙江 AMUR	多瑙河 DAU	密西西比河 MIS
长江 YZ		0.992 9	0.993 1	0.993 5	0.991 0
珠江 PR	0.007 1		0.991 5	0.992 8	0.991 2
黑龙江 AMUR	0.006 9	0.008 5		0.991 9	0.990 5
多瑙河 DAU	0.006 5	0.007 2	0.008 1		0.991 7
密西西比河 MIS	0.009 0	0.008 8	0.009 5	0.008 3	

表 5 鲢群体间的遗传分化指数
Tab.5 Genetic divergence index among silver carp populations

群体 populations	长江 YZ	珠江 PR	黑龙江 AMUR	多瑙河 DAU
珠江 PR	0.0681 *			
黑龙江 AMUR	0.0577 *	0.0999 *		
多瑙河 DAU	0.0568 *	0.0851 *	0.0434 *	
密西西比河 MIS	0.0943 *	0.1067 *	0.0764 *	0.0436 *

注: * 表示 $P < 0.01$ 。
Notes: * show $P < 0.01$.

2.4 鲢群体间的亲缘关系

依据鲢群体 AFLP 实验数据, 构建了鲢不同水系群体的 NJ 亲缘关系树(图 2)。其中, 长江群体与黑龙江群体最先聚类, 然后与珠江群体聚类。最后与多瑙河群体、密西西比河群体聚类。

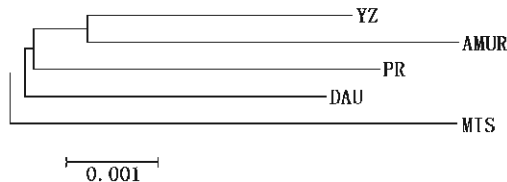


图 2 鲢群体间的 NJ 亲缘关系
Fig.2 Genetic relationship of silver carp populations by NJ

3 讨论

尽管鲢在世界水产养殖发展中占有举足轻重的地位, 但其遗传背景资料积累仍相对匮乏。本研究首次利用 AFLP 技术在长江群体内、长江、珠江、黑龙江群体间、中国土著群体和海外移居群体间三个不同层面上较系统地研究了鲢的遗传多样性和分化格局, 结果表明: 在国内长江、珠江、黑龙江三大群体中, 黑龙江群体的 Nei 氏遗传多样性最高(0.066 1 ± 0.136 4), 略高于长江群体(0.065 6 ± 0.131 4), 这与李思发等^[12]的分析结果基本一致。一般认为, 遗传多样性与群体大小呈一定的正相关, 国内鲢土著群体中, 以长江群体数量最大, 但长江、珠江、黑龙江鲢遗传多样性大小与种群数量大小并不相吻合, 张四明等^[16]在长江水系鲢和草鱼的种间遗传变异比较中也观察到类似现象。这一现象目前尚难解释, 李思发等^[12]推测这可能与黑龙江曾经移植长江和珠江鲢鱼苗有关。在长江群体内, 邗江群体的 Nei 氏遗传多样性(0.048 1 ± 0.115 1)明显低于老河群体(0.065 9 ± 0.133 3), 这种差异可能与长江下游鲢自然群体资源量较中游群体明显小有关。

两个海外移居群体的 Nei 氏遗传多样性 ($0.0576 \pm 0.1250, 0.0540 \pm 0.1221$) 均低于中国土著群体 (0.0729 ± 0.1295)。尽管目前国内土著群体资源下降,数量锐减,但由于国内土著群体的原始种群数量大,遗传多样性仍可能维持在较高水平;海外移居群体经过几十年的迅速扩张,现已形成了一定规模的种群,但由于最初引进时的奠基群体来源较为单一、群体数量小,遗传多样性水平较低。

国内长江群体与珠江群体、长江群体与黑龙江群体、珠江群体与黑龙江群体的遗传距离分别为 $0.0071, 0.0069, 0.0085$, 长江、珠江、黑龙江群体间的遗传分化指数 (F_{ST}) 为 0.0704 ($P < 0.01$), 这与李思发等^[12]认为长江、珠江、黑龙江鲢群体存在显著分化的结论一致。鲢是由鲤科鱼类于第三纪分化、进化形成的平原型淡水鱼类^[1]。长江、珠江、黑龙江分属不同纬度区,自然气候条件不同,由于水系相对独立,形成自然屏障,使得早期进入这三个水系的鲢群体在不同生态环境下相对独立进化,经历长期的不同进化积累,产生现群体间的遗传分化。鲢中国土著群体与海外移居群体的遗传分化指数 (F_{ST}) 为 0.0424 ($P < 0.01$), 遗传分化显著。鲢中国土著群体与海外群体遗传分化的原因可能来自两个方面: (1) 鲢是我国土著物种,原始群体数量大,基因库丰富;海外群体于二十世纪六十年代后移居海外,来源单一、奠基群体数量小,移居群体的基因库明显小于土著群体,是造成土著群体与海外移居群体间遗传分化的主要原因; (2) 近几十年来,土著群体与海外移居群体经历了不同的生态环境压力所致。国内土著群体在持续遭受高强度捕捞、产卵场破坏、生态环境恶化等影响下,表现资源锐减;而海外移居群体处于捕捞压力小、自然生态环境适宜,群体规模明显迅速扩张,不同生态环境压力下可引发群体遗传变异产生不同变动趋势、导致群体间的分化趋异。

美国密西西比河鲢于 1973 年最早引进,具体来源不明。多瑙河流域范围广,流经许多东欧国家。现有资料分析,较大规模引种的欧洲国家是前苏联,由前苏联传入东欧国家,如匈牙利等。此外,欧洲国家还直接从中国引进鲢,或多次引进鲢。因此,多瑙河鲢群体究竟是由哪些国家的引进鲢逃逸后形成的,现也无法考证。聚类分析

表明,中国土著鲢群体最先聚类,最后与多瑙河和密西西比河群体聚类。该聚类关系只能较笼统描述当前世界范围鲢自然群体的遗传现状与大致格局,研究数据还不足以清晰回答这些海外自然繁殖群体的确切水系来源。

鲢是中国的土著群体,历史上一直是中国乃至世界淡水渔业发展的重要支柱。二十世纪六十年来,受我国社会经济快速发展和工业文明的深刻影响,天然资源处于急剧衰退中。尽管我们制定颁布了《渔业法》、《水生野生动物保护法》、实行禁渔期等一系列的法律、法规,开展水产原种场建设、人工放流增殖等一系列积极保护举措,但都未能从根本上制止或解决鲢天然资源衰退的现实问题。而与二十世纪六十年代才移居海外、经过近五十年的发展,而今在异地形成了新的地方群体或优势种的海外群体相比,形成鲜明的对照。为此,我们还需要进一步研究并调整保护对策,从鱼类生存、生长、繁殖的天然生态环境要求出发,将鱼类资源保护与水资源、生态环境等保护结合起来,才能切实有效保护和恢复鱼类野生资源,维系我国渔业的健康、持续发展。

参考文献:

- [1] 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.
- [2] 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.
- [3] 中国淡水养鱼经验总结会. 中国淡水鱼类养殖学[M]. 第二版. 北京:科学出版社,1973.
- [4] 中国科学院水生生物研究所. 长江鱼类[M]. 北京:科学出版社,1976.
- [5] 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.
- [6] 长江四大家鱼产卵场调查队. 葛洲坝水利枢纽工程截流后长江四大家鱼产卵场调查[J]. 水产学报,1982,6(4):287-305.
- [7] 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.
- [8] 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.
- [9] Karoly P. Exotic fishes in Hungarian waters: their

- importance in fishery utilization of natural water bodies and fish farming [J]. *Aquaculture Res*, 2008, 11(4): 163 - 167.
- [10] Cynthia S K, David M L. Ecological predictions and risk assessment for alien fishes in North America [J]. *Science*, 2002, 298(5592): 1233 - 1236.
- [11] 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*, 2007, 29 - 30.
- [12] 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.
- [13] 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.
- [14] 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.
- [15] 张锡元, 张德春, 杨代淑, 等. 长江鲢遗传多样性的随机扩增多态 DNA 分析 [J]. *水产学报*, 1999, 23: 7 - 13.
- [16] 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 - 126.
- [17] 朱晓东, 狄波, 李娇, 等. 利用 30 个微卫星标记分析长江中下游鲢群体的遗传多样性 [J]. *遗传*, 2007, 29(6): 705 - 713.
- [18] 王长忠, 梁宏伟, 邹桂伟, 等. 长江中上游两个鲢群体遗传变异的微卫星分析 [J]. *遗传*, 2008, 30(10): 1341 - 1348.
- [19] Vos P, Hodggers R, Bleeker M, *et al.* AFLP, a new technique for DNA fingerprinting [J]. *Nucleic Acids Res*, 1995, 23(4): 407 - 414.
- [20] 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.
- [21] 张留所, 孔晓瑜, 喻子牛, 等. AFLP 技术在水生动物遗传学研究中的应用及前景展望 [J]. *高科技通讯*, 2003, 13(4): 95 - 98.
- [22] 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.
- [23] 马洪雨, 陈松林, 田永胜, 等. 我国引进条斑星鲽群体遗传多样性的 AFLP 分析 [J]. *水产学报*, 2008, 32(3): 321 - 326.
- [24] Qi X, Lindhout R. Development of AFLP markers in barley [J]. *Mol General Genet*, 1997, 254: 330 - 336.
- [25] 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.

Genetic diversity of Chinese native populations and overseas transplanted populations of silver carp by AFLP

YAN Jun-cong, ZHAO Jin-liang^{*}, LI Si-fa, ZHENG De-feng
(Key Laboratory of Aquatic Genetic Resources and Utilization of Ministry of Agriculture,
Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China)

Abstract: The genetic diversity of silver carp (*Hypophthalmichthys molitrix*) populations around the world was thoroughly evaluated by AFLP at three different levels: populations within Yangtze River (Hanjiang-section, YZ-HJ and Laohe-section, YZ-LH), among Chinese native populations (Yangtze River, YZ, Pearl River, PR overseas Amur River, AMU) and between Chinese native populations and overseas transplanted populations (Danube River, DAU and Mississippi River, MIS). The results showed Nei's genetic diversity (H) of native populations was 0.0481 ± 0.1151 , 0.0659 ± 0.1333 , 0.0510 ± 0.1155 , 0.0661 ± 0.1364 for YZ-HJ, YZ-LH, PR, AMU, respectively; while it was 0.0576 ± 0.1250 , 0.0540 ± 0.1221 for the transplanted populations of DAU and MIS, respectively. The whole genetic diversity of the Chinese native populations (0.0729 ± 0.1295) was higher than that of the transplanted populations. AMOVA showed the variance within population (91.86%) was larger than that of interpopulation (8.14%). The genetic divergence index within Yangtze River group, Chinese native groups, Chinese native groups and overseas groups was 0.0701 ($P < 0.01$), 0.0704 ($P < 0.01$) and 0.0424 ($P < 0.01$), respectively, which showed there are significant differences in three different group levels. These results would lay a basis for long observation on trend of genetic variation of silver carp native populations and transplanted populations.

Key words: *Hypophthalmichthys molitrix*; genetic diversity; amplified fragment length polymorphism (AFLP); native and transplanted populations

Corresponding author: ZHAO Jin-liang. E-mail: jlzha@shou.edu.cn