

Zhou S J, Xu L M, Liu Y L, et al. Population genetic diversity and historical dynamics of *Xenocypris microlepis* in the Xiangjiang River [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2026, 50(3): 032601. [周思洁, 许丽美, 刘宇路, 等. 湘江细鳞鲴群体遗传多样性及种群历史动态研究 [J]. 水生生物学报, 2026, 50(3): 032601.]

湘江细鳞鲴群体遗传多样性及种群历史动态研究

周思洁¹ 许丽美¹ 刘宇路¹ 黄艳飞¹ 李德亮^{1*} 龚宇舟^{1,2*}

(1. 湖南农业大学水产学院, 长沙 410128; 2. 岳麓山实验室, 长沙 410128)

摘要: 本研究共采集湘江永州段(YZ)、衡阳段(HY)、东江湖段(DJH)、茶陵段(CL)和浏阳段(LY)五个群体的细鳞鲴(*Xenocypris microlepis*)188尾, 并利用线粒体DNA的D-Loop区序列, 分析湘江细鳞鲴的群体遗传多样性及种群历史动态。在测序获得的188条D-loop序列中共检测出变异位点37个, 单倍型24个, 单倍型多样性(H_d)、核苷酸多样性(P_i)和群体间遗传距离分别为0.755—0.911、0.00277—0.00556和0.00467—0.00658。24个单倍型中仅Hap1为5个群体的共享单倍型, 且单倍型间未形成与地理位置相对应的进化支聚类关系。分子方差分析结果显示, 5个群体的遗传变异主要来源于群体内部(90.48%), 而群体间的遗传差异仅占总变异的9.52%。UPGMA聚类分析显示, HY与LY聚为一支, YZ与CL聚为一支。基于 F_{st} 指数的计算表明, HY与DJH和CL存在低等程度的遗传分化, DJH与YZ和CL, LY与其他4个群体均存在中等程度的遗传分化, 而YZ与CL和HY均不存在分化。Mantel test分析发现, 湘江细鳞鲴群体遗传差异与地理距离间不存在显著相关性。中性检验及核苷酸错配分析表明湘江细鳞鲴历史上未经历大规模种群扩张或收缩, 而贝叶斯天际线模型推演结果则揭示了从25万年前至今, 除HY细鳞鲴群体扩张外, 其余4个群体均呈现收缩态势。研究结果对于评价湘江流域细鳞鲴资源恢复效果及种质资源保护与利用提供参考。

关键词: 湘江; 遗传多样性; D-loop; 单倍型; 种群动态; 细鳞鲴

中图分类号: Q953 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-3207(2026)03-032601-10

doi: 10.3724/1000-3207.2025.2025.0324 **CSTR:** 32229.14.SSSWXB.2025.0324



遗传多样性是物种不断进化, 适应环境的基础, 其水平高低直接影响种群应对环境压力和遗传瓶颈的能力, 同时也是评价生物资源状况的重要依据^[1]。当前, 中国淡水鱼类普遍面临遗传多样性衰减的风险^[2-5], 这对生物多样性保护提出了严峻挑战。因此, 系统地开展鱼类种群遗传多样性监测与评估, 对于制定科学的鱼类种质资源保护和利用策略具有重要指导意义^[6]。细鳞鲴(*Xenocypris microlepis*), 又称细鳞斜颌鲴, 隶属于鲤形目(Cypriniformes), 鲤科(Cyprinidae), 鲴属(*Xenocypris*), 广泛分布于我国

黑龙江、长江和珠江等水域, 栖息于中下层水体^[7]。因形体好、肉质细嫩、味道鲜美、骨刺少, 深受消费者喜爱, 是我国重要的养殖对象^[8]。此外, 细鳞鲴作为杂食性鱼类, 以其发达的下颌角质缘刮食水底藻类和有机碎屑, 在淡水生态系统中具有清洁水质和维持水生态系统平衡的功能, 常被用于控制蓝藻水华的生物治理^[9-11]。

受过度捕捞、水利设施建设和环境污染等因素影响, 多地水域细鳞鲴的自然资源呈现衰减的趋势^[12-15]。而规模化的增殖放流, 也可能导致人工繁

收稿日期: 2025-09-15; **修订日期:** 2025-11-24

基金项目: 国家重点研发计划(2023YFD2400900); 湖南省农业农村厅专项(湘财农指[2024]52号); 湖南省水产产业技术体系(HARS-07); 上海市2022年度科技创新行动计划(22YF1429200)资助 [Supported by the National Key Research and Development Program (2023YFD2400900); Special Project of Hunan Provincial Department of Agriculture and Rural Affairs (Xiang Cai Nong Zhi [2024] No. 52); Hunan Aquatic Industry Technology System (HARS-07); Shanghai Municipal 2022 Science and Technology Innovation Action Plan (22YF1429200)]

作者简介: 周思洁(2000—), 女, 硕士研究生; 研究方向为渔业资源与环境。E-mail: zhousj@stu.hunau.edu.cn

通信作者: 李德亮(1980—), 男, 博士; 研究方向为渔业资源与环境。E-mail: lidl@hunau.edu.cn 龚宇舟(1990—), 男, 博士; 研究方向为特色渔业资源利用。E-mail: gongyz@hunau.edu.cn *共同通信作者

殖子代混入野外种群,影响天然种群遗传结构^[16]。目前,国内针对细鳞鲴群体遗传多样性和种群历史动态的研究相对有限。张勇^[7]基于线粒体 COI 基因和微卫星标记对钱塘江和曹娥江流域的细鳞鲴群体的遗传多样性进行评价,发现它们具有中等程度的单倍型多样性和低水平的核苷酸多样性,且群体间没有显著的遗传分化;同样基于线粒体 COI 基因的研究显示千岛湖的细鳞鲴总体上具有中等水平的单倍型多样性和核苷酸多样性,群体间未出现遗传分化,但可能经历过种群扩张^[17,18]。湘江作为长江的一级支流,是湖南省境内最大的河流,其水生生物多样性对维持流域生态平衡至关重要^[18]。细鳞鲴是湘江的优势物种,其占渔获物比例可达16.3%^[19],这可能与“十年禁渔”的施行及湘江流域长期的细鳞鲴增殖放流密切相关。据湖南省农业农村厅数据,2021—2023年,仅株洲市、湘潭市和衡阳市细鳞鲴年放流量分别为4万、10万和50万尾。然而,湘江细鳞鲴群体遗传多样性、种群结构及历史动态仍缺乏系统研究,研究结果对于评价湘江流域细鳞鲴资源恢复效果及种质资源保护与利用具有重要参考价值。

线粒体DNA (mitochondrial DNA, mtDNA)具有母系遗传、结构简单、进化速度快、无重组、多拷贝等特点,是一种理想的分子标记^[20]。D-loop区是线粒体DNA中的一段非编码区,也是线粒体基因组中进化速度最快、多态性最为丰富的部分,适合用作种内不同种群或个体间的遗传分化研究^[21,22]。本研究旨在利用线粒体DNA的D-loop区序列研究湘江细鳞鲴的群体遗传多样性及其种群历史动态。

1 材料与方法

1.1 样品采集

在长江“十年禁渔”背景下针对湘江展开的渔业资源监测过程中,作者于2024年10—11月在湘江流域的干流及主要支流进行了细鳞鲴的样本采集工作,共获取样本188尾,各采样点的细鳞鲴数量为永州(YZ) 26尾、衡阳(HY) 35尾、资兴东江湖(DJH) 49尾、株洲茶陵(CL) 48尾、浏阳(LY) 30尾(图1)。使用刺网和地笼获取细鳞鲴后全鱼低温运输至实验室,剪取背部肌肉置于无水乙醇中低温保存用于后续实验。

1.2 基因组DNA提取、PCR扩增及测序

称取约0.3 g背部肌肉组织,经蒸馏水反复冲洗后以滤纸吸干表面水分。将样品置于1.5 mL离心管中剪碎,参照TIANGEN组织DNA提取试剂盒

(AG21010, 天根生化科技有限公司, 北京)说明,加入裂解液后56℃水浴12h至组织完全裂解,随后进行基因组DNA提取。提取产物经1%琼脂糖凝胶电泳检测质量,符合要求的DNA样本保存于-20℃环境中留待后续使用。利用Primer 5^[23]软件根据细鳞鲴线粒体D-loop区序列特征设计引物,扩增引物为F5'-AGCGCCAGAAAAGAGAGATT-3', R5'-GGTCTAAGAAACTCCGCAT-3',由上海生工生物公司合成。取保存的细鳞鲴DNA样品扩增D-loop序列,PCR反应体系总体积为50 μ L,包括10 $\times$ Buffer 5 μ L, dNTPs (2.5 mmol/L) 4 μ L, 上、下游引物(5 mmol/L)各1 μ L, Taq 酶2 μ L, DNA模板1 μ L, ddH₂O补足到36 μ L。PCR反应条件:初始94℃预变性5min;随后进行35个循环的扩增反应,每个循环包括94℃变性30s、54℃退火30s和72℃延伸1min;最终72℃延伸10min,4℃下保存。在反应结束后,取2 μ L PCR产物进行1%琼脂糖凝胶电泳,检验目的片段,扩增成功的PCR样品送上海生工生物公司进行双向测序。

1.3 数据分析

使用BioEdit 7.0^[24]软件进行序列拼接校对。采用MEGA X^[25]软件中的Clustal W算法以默认参数对所有样品的D-loop序列进行多序列比对后再手

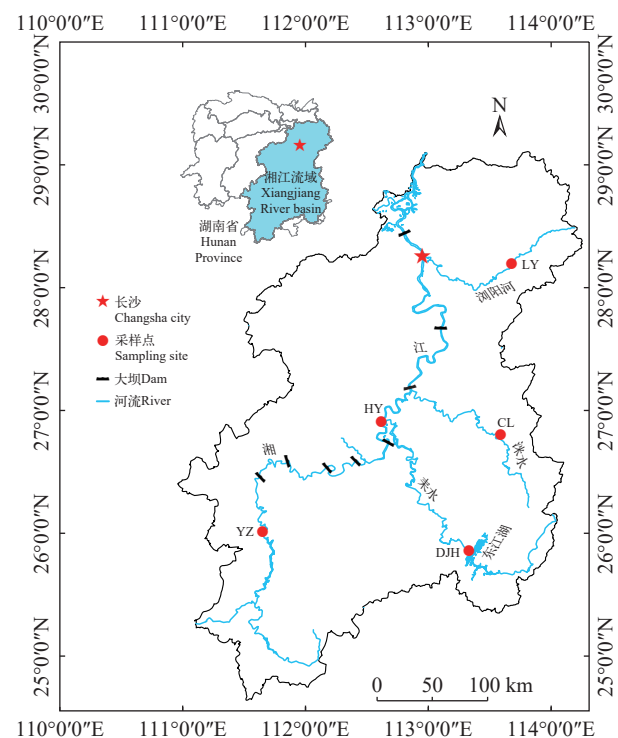


图1 湘江细鳞鲴种群采样位点图

Fig. 1 Map of sampling sites for *Xenocypris microlepis* populations in the Xiangjiang River

工校正,同时分析序列的变异特征、碱基组成及群体间的遗传距离。使用DNASP v5^[26]计算细鳞鲷D-loop序列的变异位点数、简约信息位点、单倍型、单倍型多样性(H_d)和核苷酸多样性(P_i)。使用Arlequin v3.5^[27]进行群体间的分子方差分析(AMOVA),计算遗传分化指数(F_{st}),并通过中性检验和核苷酸错配2种方法来探索湘江流域细鳞鲷的种群历史动态,核苷酸错配分布图使用Origin绘制。使用MEGA X^[25]基于种群遗传距离构建非加权组平均法(UPGMA)聚类树,并以银鲷(*Xenocypris argentea*)线粒体D-loop区对应序列(GenBank number: NC_008682.1)为外群,使用IQ-TREE构建湘江流域细鳞鲷单倍型的最大似然(ML)树,最佳替代模型(K2P+ASC)利用ModelFinder (v1.6.12)^[28]基于BIC准则确定,采用standard bootstrap迭代1000次评估分支支持率。使用Pop-Art^[29]中的TCS Network算法绘制单倍型网络图。为验证细鳞鲷种群间遗传差异与地理距离的关系,首先利用Arcmap获得各采样点间的水路距离矩阵,再在GenAlEx 6.51b2^[30]中将其与种群间遗传分化系数矩阵做mantel test, Permutation数量设为9999,结果散点图的绘制及趋势线添加使用Chiplot (<https://www.chiplot.online>)。基于BEAST 2.7.6^[31],利用贝叶斯天际线模型推演种群历史动态,在BEAUti中设置: Subset Model设置为GTR, Gamma类别计数为4,并采用严格分子钟(固定速率0.00079),树构建先验设置为Coalescent Bayesian Skyline,群体数量参数维度设为4, MCMC迭代次数设置为20000000;运算完成后使用Tracer 1.7.2^[32]软件检验有效样本量(Effective sampling size, ESS),并构建贝叶斯天际线图。

2 结果

2.1 群体遗传多样性

对测序结果进行拼接、剪辑和校对,共获得188条长度为949 bp的线粒体D-loop区序列,包含保守位点896个,简约信息位点26个,另有16个位点间隔或空缺。碱基A、T、C和G的平均含量分别为33.92%、31.13%、20.79%和14.16%。

共检测到37个变异位点、24个单倍型,单倍型多样性、核苷酸多样性和平均核苷酸差异数分别为0.903、0.00543和5.065。5个群体的单倍型多样性和核苷酸多样性的变化分别为0.755—0.911和0.00277—0.00556。HY群体拥有最高的单倍型多样性(0.911)和核苷酸多样性(0.00556),并且包含了所有检测到的24个单倍型中的15个,占总单倍型数的62.5%。CL群体单倍型多样性最低为0.755,而LY群体的核苷酸多样性最低为0.00277(表1)。

2.2 群体遗传分化

分子方差分析(AMOVA)的结果显示,5个细鳞鲷群体的遗传变异主要来自群体内部(90.48%),而群体间的遗传差异仅占总变异的9.52%(表2)。5个群体间遗传距离为0.00467—0.00658, DJH群体与YZ群体间的遗传距离最大, HY群体与LY群体间的遗传距离最小。群体间的 F_{st} 值为-0.01831—0.23827, LY群体 F_{st} 与其他4个群体之间均具有显著差异,且与YZ群体间最大,为0.23827(表3)。

单倍型Hap1为5个群体的共享单倍型。HY群体拥有4个特有单倍型(Hap15、Hap16、Hap18和Hap19), 占总单倍型的16.67%; LY群体拥有3个特有单倍型(Hap20、Hap21和Hap22), 占总单倍型的12.50%; YZ群体拥有2个特有单倍型(Hap23和Hap24), 占总单倍型的8.33%; 茶陵(CL)和东江湖群体(DJH)各有1个特有单倍型, 分别为Hap8和Hap9(图2)。单倍型ML系统进化分析结果显示, 所有单倍型交错分布, 未能按照群体形成独立的分支, 且在单倍型网络图中呈现以单倍型Hap1为核心的星状辐射结构(图3)。

UPGMA聚类结果显示, HY群体与LY群体聚为一支, YZ群体与CL群体聚为一支, 这两支聚合后再与DJH群体聚类(图4)。

利用Mantel test验证种群间 F_{st} 的遗传分化矩阵与种群间地理距离矩阵的相关性发现, 二者间不存在显著关联($P=0.061$; 图5)。

2.3 种群历史动态

中性检验结果显示, 湘江细鳞鲷群体 Tajima's

表1 五个采样点细鳞鲷群体的D-loop区序列遗传多样性

Tab. 1 Genetic diversity of five *Xenocypris microlepis* populations based on D-loop sequences

群体 Population	变异位点数 Mutation site	单倍型数 Haplotype	单倍型频率 Haplotype frequency (%)	单倍型多样性 H_d	核苷酸多样性 P_i	平均核苷酸差异数 Mean nucleotide difference
YZ ($n=26$)	19	9	37.50	0.791	0.00538	5.028
DJH ($n=49$)	23	13	54.17	0.904	0.00552	5.721
HY ($n=35$)	25	15	62.50	0.911	0.00556	5.193
CL ($n=48$)	16	8	33.33	0.755	0.00464	4.335
LY ($n=30$)	16	6	25.00	0.786	0.00277	2.584
All ($n=188$)	37	24	100	0.903	0.00543	5.065

D 值为 -1.22335 — 0.63101 , F_u 's F_s 值为 -2.38845 — 2.63272 (表 4), 各群体统计检验结果均差异不显著, 没有强有力的证据表明种群经历了近期扩张/收缩或强烈的定向选择。这与核苷酸错配分布图中5个群体的观测值均呈多峰分布的情况相吻合(图 6)。贝叶斯天际线模型推演结果显示, 湘江细鳞鲷种群规模在25万年前一直处于稳定状态, 但从25万年前以来, HY群体在近期表现出扩张趋势, 而其余4个群体均呈现近期收缩态势(图 7)。

3 讨论

3.1 湘江细鳞鲷的群体遗传多样性

线粒体DNA的D-Loop区序列因高突变率的特性使其在近缘物种或种内群体的遗传分析中, 相比

表 2 五个采样点细鳞鲷群体 D-loop 区序列分子方差分析

Tab. 2 AMOVA results of five *Xenocypris microlepis* populations based on D-loop sequences

变异来源 Source of variation	自由度 Freedom	方差总和 Sum of squares	变异组分 Variance component	变异贡献率 Percentage variation (%)
群体间 Among populations	4	45.758	0.24587	9.52
群体内 Within populations	183	427.780	2.33759	90.48
总计 Total	187	473.537	2.58346	100.00

*COI*编码基因, 具有更高的遗传分辨率, 更适用于揭示群体间细微的遗传分化和有效揭示种群历史动态, 如种群扩张和瓶颈效应等^[5, 33]。湘江细鳞鲷线粒体DNA的D-loop区碱基序列中A+T的含量为65.05%, 而G+C的含量为34.95%, 呈现明显的AT偏倚性, 符合脊椎动物mtDNA碱基的组成特征^[34]。单倍型多样性(H_d)和核苷酸多样性(P_i)是评估物种遗传多样性的重要指标^[35], 依据mtDNA H_d 和 P_i 的4种遗传多样性划分标准^[2], 湘江细鳞鲷群体拥有中高等水平的遗传多样性($H_d=0.755$ — 0.911 , $P_i=0.00277$ — 0.00556)。湘江细鳞鲷的遗传多样性高于曹娥江($H_d=0.5333 \pm 0.1721$, $P_i=0.001$)、钱塘江($H_d=0.129$ —

表 3 五个采样点细鳞鲷群体间遗传距离及 F_{st}

Tab. 3 Genetic distance and F_{st} among five *Xenocypris microlepis* populations

群体 Population	YZ	DJH	HY	CL	LY
YZ		0.11602*	0.05908	-0.01831	0.23827*
DJH	0.00658		0.02864*	0.11739*	0.11810*
HY	0.00592	0.00616		0.04778*	0.08559*
CL	0.00495	0.00615	0.00545		0.19711*
LY	0.00534	0.00515	0.00467	0.00470	

注: 对角线以下为群体间的遗传距离, 对角线以上为群体间 F_{st} , *表示 $P<0.05$

Note: Below the diagonal line are the genetic distances between populations, and above the diagonal line are the F_{st} values between populations; * indicates $P<0.05$

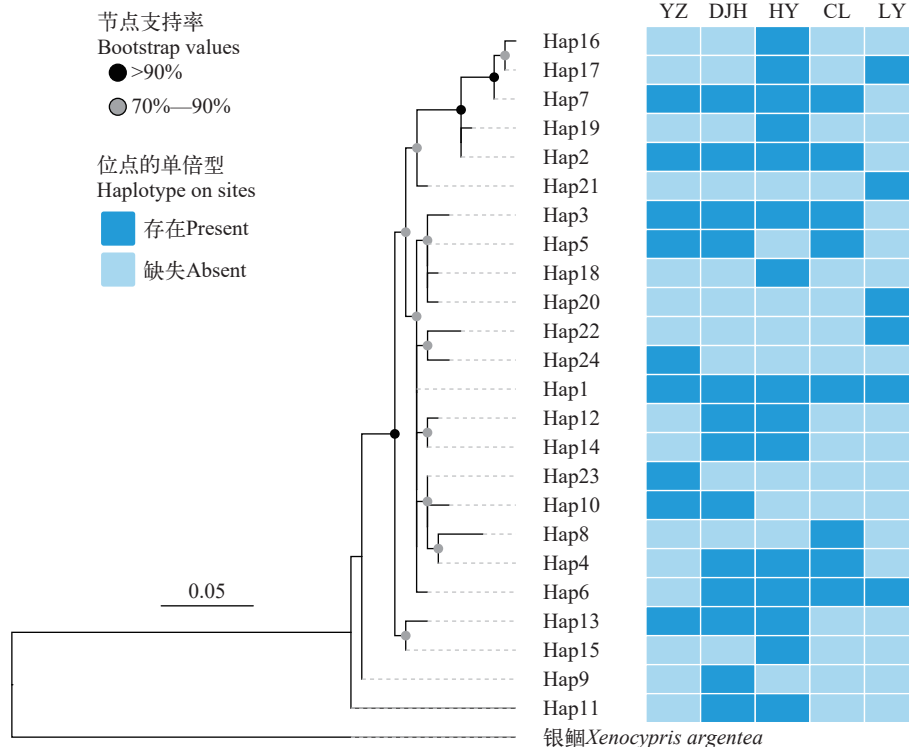


图 2 基于细鳞鲷24个单倍型的ML系统发育树

Fig. 2 ML tree of *Xenocypris microlepis* based on 24 D-loop haplotypes

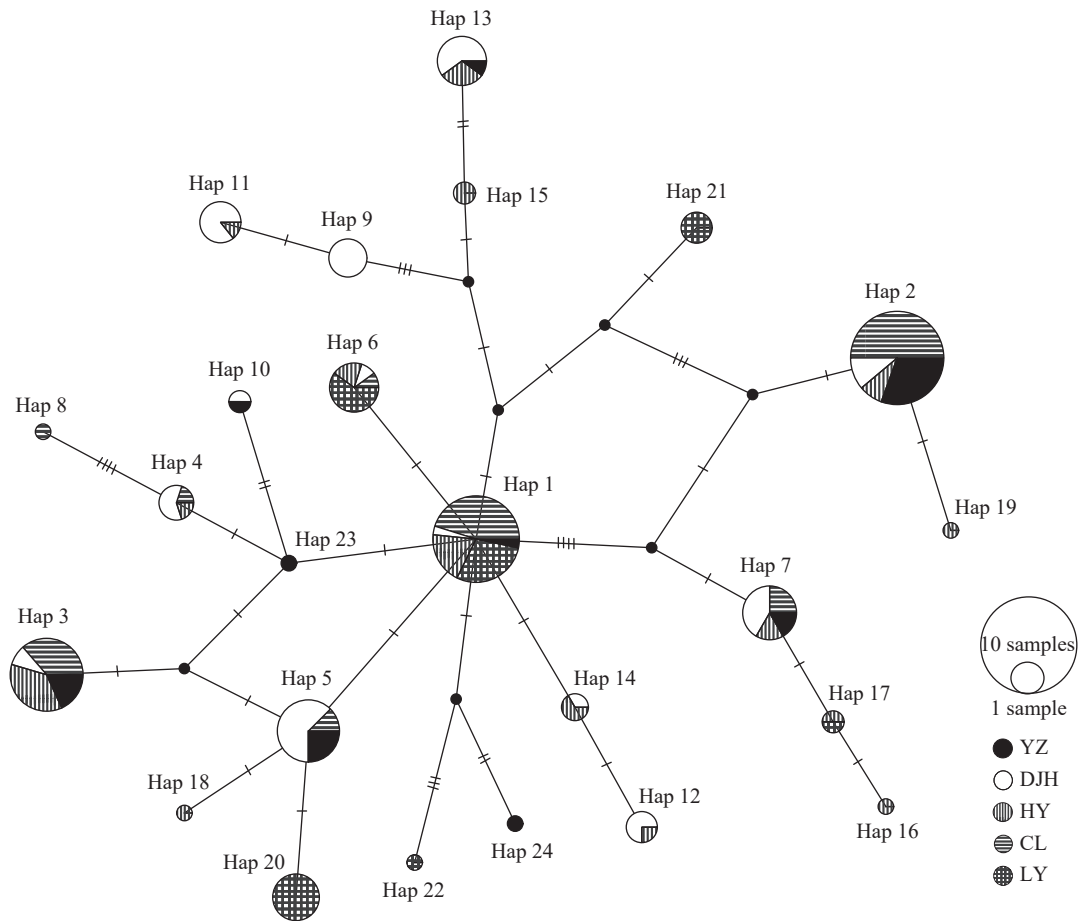


图3 基于细鳞鲷 D-loop 区序列的单倍型网络图

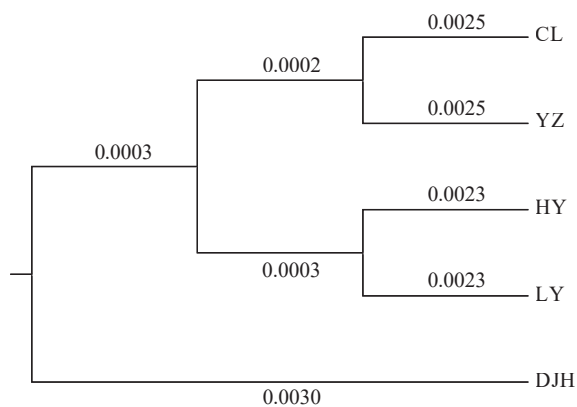
Fig. 3 Haplotype network of *Xenocypris microlepis* populations based on D-loop haplotypes

图4 基于细鳞鲷不同种群遗传距离构建的 UPGMA 聚类树

Fig. 4 UPGMA clustering of *Xenocypris microlepis* populations based on genetic distances

0.500, $P_i=0.0002-0.0009$)^[7]及千岛湖的细鳞鲷群体 ($H_d=0-0.621$, $P_i=0-0.00338$)^[17, 18], 也高于闽江、汀江的扁圆吻鲷群体 (*Distoechodon compressus*; $H_d=0.547$, 0.600 , $P_i=0.00097$, 0.00244)^[36]和千岛湖的黄尾鲷群体 (*Xenocypris davidi*; $H_d=0.457-0.621$, $P_i=0.00186-0.00338$)^[18], 但低于鄱阳湖及其临近水

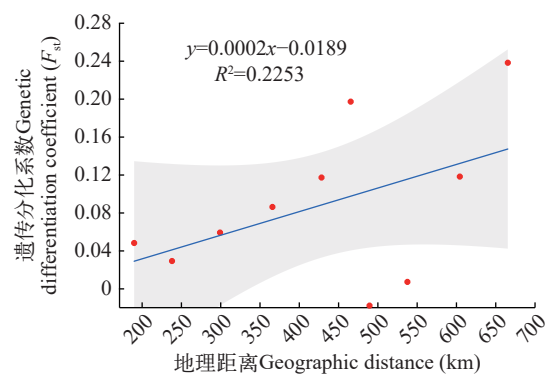


图5 细鳞鲷种群间遗传差异与地理距离的关系

Fig. 5 Relationship between genetic differentiation and geographic distance among *Xenocypris microlepis* populations

系的银鲷群体 (*Xenocypris argentea*; $H_d=0.96471-0.99310$, $P_i=0.00419-0.00560$)^[37]。造成这种差异的原因可能是湘江作为长江的一级支流为细鳞鲷遗传多样性的积累提供了良好条件, 而对比湘江, 流域面积和长度均更小的曹娥江、钱塘江的环境容量和栖息地稳定性相对较差, 其孕育的细鳞鲷种群规模可能较小或经历过波动, 导致遗传多样性较

低^[38]。千岛湖是人工水库,其现有的鱼类种群多由蓄水后残存或重新引入的群体发展而来,奠基者效应和遗传漂变可能导致湖内初始细鳞鲟群体遗传

表 4 细鳞鲟群体Tajima's D 和 Fu's F_s 中性检验结果

Tab. 4 Tajima's D and Fu's F_s neutrality tests results of *Xenocypris microlepis*

中性检验 Neutral test	YZ	DJH	HY	CL	LY
Tajima's D	0.03481	0.35468	-0.50048	0.63101	-1.22335
Fu's F_s	0.76769	0.47142	-2.38845	2.63272	1.22006

多样性的丧失。较高的遗传多样性水平可以为湘江流域细鳞鲟原种的培育提供优质的种质来源。

种群的遗传结构受基因流动、遗传漂变、选择适应等因素的影响。这些因素中的任何一个发生变化,都可能产生种群遗传结构的变化^[39]。单倍型系统发育树的结果显示,来自5个群体的单倍型没有明显的地理遗传谱系,而是不同群体间随机交错分布。此外单倍型网络图中也仅Hap1为5个群体的共享单倍型,各单倍型间突变距离较小,没有明

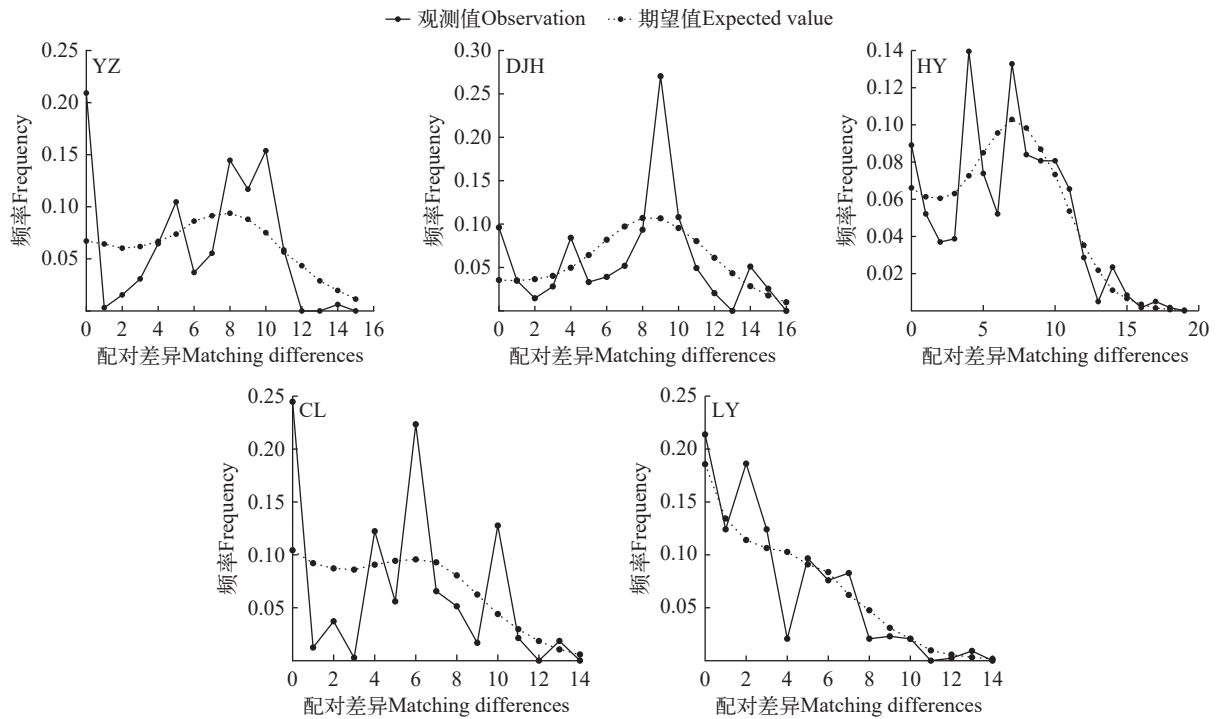


图 6 细鳞鲟群体的核苷酸错配分布图

Fig. 6 Nucleotide mismatch distribution of *Xenocypris microlepis* populations

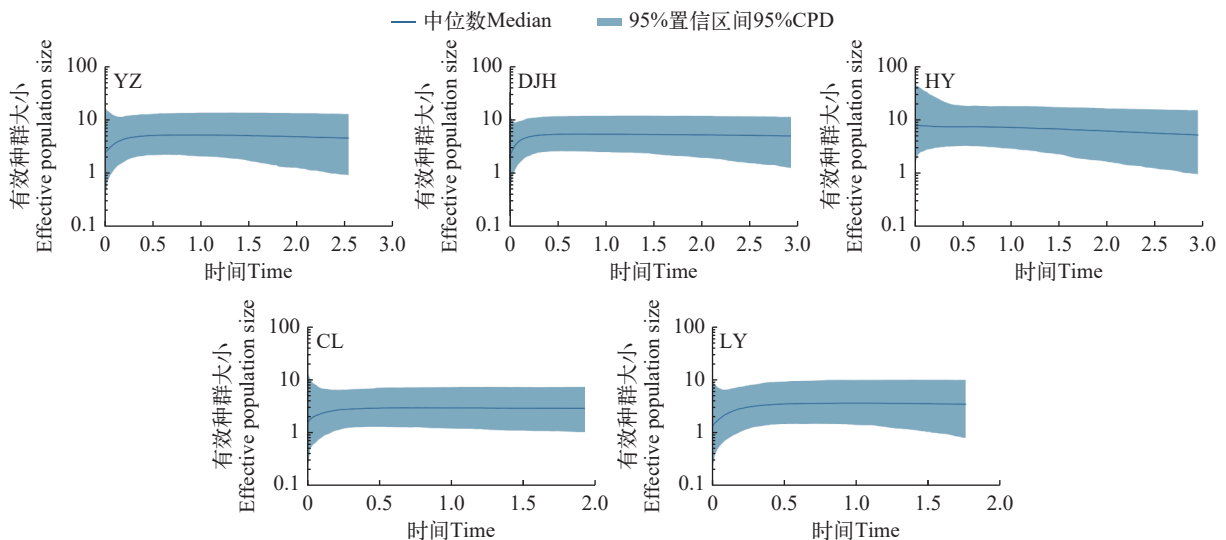


图 7 细鳞鲟群体的贝叶斯天际线图

Fig. 7 Bayesian skyline plot of *Xenocypris microlepis* populations

显的地理遗传格局,与系统发育分析结果一致,表明湘江细鳞鲃的5个群体间遗传相似度较高。这种遗传混合模式与钱塘江和曹娥江的细鳞鲃群体类似,后者同样表现出主要单倍型广泛分布于不同地理群体的特征^[7]。AMOVA进一步证实,湘江流域5个细鳞鲃群体的遗传变异主要源自群体内部,仅9.52%的变异发生在群体间,这一比例与钱塘江细鳞鲃群体(群体内变异87%)高度相似^[7],类似情况在千岛湖的细鳞鲃群体中也有报道^[17]。推测原因可能为湘江流域历史上具备良好的水系连通性,使得不同地理群体的细鳞鲃之间存在频繁的基因交流,从而在物种层面形成了丰富的遗传多样性。当前由于水利工程等因素可能导致栖息地碎片化,但这种分化发生时间较短,尚未对细鳞鲃在遗传水平上产生显著的影响。因此,当前观测到的高群体内变异,很可能是历史大种群遗传特征的遗留。分析基于 F_{st} 的遗传分化矩阵与种群间地理距离矩阵的相关性发现二者间不存在显著关联,而遗传距离与地理距离间的相关性不高,可能与湘江流域人为开展的细鳞鲃增殖放流活动有关,人工放流的个体与野生个体杂交,会导致群体间基因趋同,从而模糊原本的地理遗传结构^[16,40]。遗传分化指数(F_{st})作为衡量群体间遗传差异的重要参数,在群体遗传学研究中具有关键意义^[41]。根据Wright^[42]的群体分化等级标准,本研究中HY群体与DJH群体和CL群体存在低等程度的遗传分化,DJH群体与YZ群体和CL群体,LY群体与其他4个群体均存在中等程度的遗传分化,而YZ群体与CL群体和HY群体均不存在分化。UPGMA聚类树表明湘江一级支流——耒水上游DJH细鳞鲃群体在遗传上与湘江流域其他群体距离较远。这一现象很可能是地理隔离与增殖放流共同作用的结果。东江湖作为大型人工水库,其物理屏障限制了天然基因交流,此外作为重要的大水面渔业水域,其增殖放流的强度及放流苗种的本地来源纯度可能与湘江其他区域存在差异。

3.2 湘江细鳞鲃的种群历史动态

中性检验的结果是推断群体历史动态的重要依据^[43]。Tajima's D 为负值意味着可能存在瓶颈效应和大规模的碱基插入和缺失,如达到显著负值,则意味着种群可能经历过扩张。Fu's F_s 为正值说明种群趋于稳定,若为负值则说明种群趋于扩张^[44]。本研究中5个湘江细鳞鲃群体的Tajima's D 值在-1.22335—0.63101, Fu's F_s 值在-2.38845—2.63272,均未达到统计学显著水平($P < 0.05$),说明调查到的湘江流域细鳞鲃群体没有在近期经历过显著的定向选择压力或快速的大规模种群扩张事件。更为

直观的证据来自核苷酸错配分布图,单峰分布通常是种群经历过近期快速扩张事件的典型遗传信号,而多峰分布则常被认为反映了种群长期处于稳定状态或种群内部存在遗传上的亚结构分化^[43,45]。5个群体的核苷酸错配观测值分布均呈现出明显的多峰形态,说明湘江细鳞鲃种群数量应长期处于稳定状态。

然而,贝叶斯天际线模型推演揭示了湘江细鳞鲃从25万年前以来,种群动态在不同群体间出现分化,其中,HY群体表现出扩张趋势,其余4个群体均呈现收缩态势。这与中性检验和错配分布分析的湘江细鳞鲃种群长期处于稳定状态的结果不一致,一方面可能是不同检测方法基于的算法不同而导致的结果差异,另一方面也暗示了湘江细鳞鲃种群历史动态相对复杂。5个不同群体间种群动态的不同可能与晚第四纪以来的气候波动(如冰期—间冰期旋回)对湘江流域水文情势的影响有关。古气候变化和水系的变迁与鱼类种群历史动态有着密切的关系^[46]。衡阳水域位于湘江流域中部,其作为盆地的地质背景可能更利于维持水系的稳定,提供了更持久的适宜栖息地与繁殖条件。而其余4个群体呈现出的收缩态势可能是因为更新世冰期气候寒冷,河流积水大量减少导致的鱼类数量下降^[47]。综合来看,湘江流域的5个细鳞鲃群体在近期未经历剧烈的种群数量变动,但这些群体可能存在遗传亚结构分化,导致核苷酸错配的多峰分布模式。这一结论与本研究观察到的群体间存在一定程度的遗传分化(尤其是LY群体与其他群体),以及群体内部维持了较高遗传多样性的结果相容。这提示我们,未来的研究可结合核基因标记(如微卫星),进一步探究湘江流域细鳞鲃种群内部的精细遗传结构。

4 结论

本研究对湘江流域细鳞鲃的遗传多样性和种群历史动态进行了探究,主要结论:(1)湘江流域细鳞鲃当前的遗传多样性处于中等偏上水平,但仍需警惕由生境破碎化和人为干预引发的遗传衰退风险;(2)湘江细鳞鲃的不同地理群体间已出现低到中等程度的遗传分化,但未发现遗传距离与地理距离间的显著相关性,暂未表现出明显的地理遗传格局;(3)湘江细鳞鲃种群数量整体上较稳定。综合来看,在今后增殖放流与养殖实践中,应优先选择从本地天然水域捕获的优质细鳞鲃亲鱼,进行科学规范的人工繁育,从而最大限度维持各地理种群原有的遗传特性与适应能力,切实保障增殖群体在自然水域

中的生态安全性与遗传可持续性, 促进渔业资源的稳定恢复, 维持水域生态系统健康。

(作者声明本文符合出版伦理要求)

致谢:

衷心感谢廖小林教授在论文的选题立意及实验设计上所给予的建议和指导。

参考文献:

- [1] Jiang S, Li Z, Li J, *et al.* Analysis of genetic diversity and structure of eight populations of *Nerita yoldii* along the coast of China based on mitochondrial *COI* gene [J]. *Animals*, 2024, **14**(5): 718.
- [2] Yi X Q, Di X D, Zhang Q. Preliminary study on genetic diversity of *Esox reicherti* in Amur River Basin based on cytochrome b gene [J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2009, **37**(12): 5403-5405. [伊西庆, 底晓丹, 章群. 黑龙江流域黑斑狗鱼遗传多样性的Cytb基因初探 [J]. *安徽农业科学*, 2009, **37**(12): 5403-5405.]
- [3] Sumana S L, Wang P, Zhang C, *et al.* Genetic diversity of the common carp black strain population based on mtDNA (D-loop and cyt b) [J]. *Heliyon*, 2024, **10**(10): e30307.
- [4] Liu J, Yuan L C, Yang J H, *et al.* Analysis of genetic diversity and genetic structure of three successive breeding generations in *Cyprinus carpio yunkiang* [J]. *Freshwater Fisheries*, 2024, **54**(2): 105-112. [刘娟, 袁林聪, 杨剑虹, 等. 元江鲤3个连续选育世代的遗传多样性与遗传结构变化 [J]. *淡水渔业*, 2024, **54**(2): 105-112.]
- [5] Peng M, Han Y Q, Wu W J, *et al.* Population genetic diversity analysis of *Leiocassis crassilabris* in the watershed of Xijiang River base on mitochondrial D-loop [J]. *Freshwater Fisheries*, 2020, **50**(2): 3-9. [彭敏, 韩耀全, 吴伟军, 等. 基于线粒体D-loop的西江流域粗唇鲃群体遗传多样性分析 [J]. *淡水渔业*, 2020, **50**(2): 3-9.]
- [6] Guo A H, Yuan J L, Lian Q P, *et al.* Stock enhancement effect and potential genetic risks of *Xenocypris davidi* by molecular markers in the upper reaches of Qiantang River, China [J]. *Journal of Fisheries of China*, 2022, **46**(12): 2349-2356. [郭爱环, 原居林, 练青平, 等. 基于微卫星标记的钱塘江上游黄尾鲴增殖放流效果及其潜在遗传风险评估 [J]. *水产学报*, 2022, **46**(12): 2349-2356.]
- [7] Zhang Y. Population genetics analyses of *Xenocypris microlepis* based on mitochondrial *COI* and microsatellite markers [D]. Shanghai: Shanghai Ocean University, 2011: 23—30. [张勇. 基于线粒体*COI*基因和微卫星标记对细鳞鲴种群遗传结构的研究 [D]. 上海: 上海海洋大学, 2011: 23—30.]
- [8] Liu M. Studies on the age, growth and reproductive biology of *Xenocyprinae microlepis* [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2009: 10. [刘敏. 细鳞鲴的年龄、生长和繁殖生物学研究 [D]. 武汉: 华中农业大学, 2009: 10.]
- [9] Peng X, Zhao L, Liu J, *et al.* Comparative transcriptome analyses of the liver between *Xenocypris microlepis* and *Xenocypris davidi* under low copper exposure [J]. *Aquatic Toxicology*, 2021(236): 105850.
- [10] Wu H, Zhang Y M, Zhou C, *et al.* Influence of temperature on physiological characteristics of *Plagiognathops microlepis* Bleeker [J]. *Environmental Engineering*, 2015, **33**(5): 23-27. [吴晗, 张毅敏, 周创, 等. 温度对细鳞斜颌鲴生理特性影响的研究 [J]. *环境工程*, 2015, **33**(5): 23-27.]
- [11] Yuan S P, Wu Z N, Cai H F, *et al.* Survey of fisheries resources in zhangqi river and study on artificial breeding of *Plagiognathops microlepis* [J]. *Journal of Ningbo University (Natural Science & Engineering Edition)*, 2010, **23**(4): 31-34. [袁思平, 吴仲宁, 蔡惠凤, 等. 樟溪河渔业资源调查及细鳞斜颌鲴人工繁育 [J]. *宁波大学学报(理工版)*, 2010, **23**(4): 31-34.]
- [12] Wang Y D, Xiong B X, Ma X F, *et al.* Age and growth of *Xenocypris microlepis* in Daoguanhe Reservoir [J]. *Journal of Huazhong Agricultural University*, 2004, **23**(2): 241-243. [王银东, 熊邦喜, 马徐发, 等. 道观河水库细鳞鲴的年龄与生长 [J]. *华中农业大学学报*, 2004, **23**(2): 241-243.]
- [13] Ren M L, Ren B. The age and growth of *Plagiognathops microlepis* (Bleeker) in Heilongjiang River [J]. *Chinese Journal of Fisheries*, 1995, **8**(1): 13-17. [任慕莲, 任波. 黑龙江细鳞斜颌鲴生长的研究 [J]. *水产学杂志*, 1995, **8**(1): 13-17.]
- [14] Wang Y D, Xiong B X, Ma X F, *et al.* Study on fecundity of *Xenocypris microlepis* in Daoguanhe Reservoir, Hubei Province [J]. *Journal of Lake Science*, 2004, **16**(2): 178-184. [王银东, 熊邦喜, 马徐发, 等. 湖北道观河水库细鳞鲴的个体生殖力 [J]. *湖泊科学*, 2004, **16**(2): 178-184.]
- [15] Yang T X, Qiu Z H, Sun J, *et al.* Biology, resource protection and utilization of *Sparganus gracilis* in Chaihe Reservoir [J]. *Reservoir Fisheries*, 2000, **20**(1): 47-48. [杨天祥, 邱振海, 孙健, 等. 柴河水库细鳞鲴生物学及资源保护和利用 [J]. *水利渔业*, 2000, **20**(1): 47-48.]
- [16] Yang X W, Liu Y, Xue X P, *et al.* Resource contribution rate assessment of stock enhancement of silver carp, *Hypophthalmichthys molitrix* in Jiangsu section of the Yangtze River based on microsatellite markers [J]. *Journal of Lake Sciences*, 2020, **32**(4): 1154-1164. [杨习文, 刘熠, 薛向平, 等. 基于微卫星标记的长江江苏段鲢 (*Hypophthalmichthys molitrix*) 增殖放流资源贡献率的评估 [J]. *湖泊科学*, 2020, **32**(4): 1154-1164.]
- [17] Qu X C, Zhang Y, Liu Q G, *et al.* Gene mutation and genetic differentiation of mitochondrial *COI* in *Xenocypris microlepis* in Qiandaohu Lake [J]. *Hunan Agricultural Sciences*, 2011(8): 150-153. [曲宪成, 张勇, 刘其根, 等. 千岛湖细鳞鲴种群线粒体*COI*基因变异及遗传分

- 化研究 [J]. *湖南农业科学*, 2011(8): 150-153.]
- [18] Zhang J D, Zhao L J, Liu Q G. Primary study on comparison of population genetic structure between *Xenocypris microlepis* and *X. davidi* in Qiandao Lake base on mitochondrial *COI* gene [J]. *Freshwater Fisheries*, 2013, **43**(5): 3-7. [张峻德, 赵良杰, 刘其根. 千岛湖细鳞鲷和黄尾鲷COI种群遗传结构比较的初步研究 [J]. *淡水渔业*, 2013, **43**(5): 3-7.]
- [19] Gao Y Y, Yang Z F, Yu J B, *et al.* Fish community and functional diversity of river-reservoir ecosystem in the lower Xiangjiang River [J/OL]. *Journal of Hydroecology*, 2025: 1—20. [高易阳, 杨政飞, 余建波, 等. 湘江下游河库复合生境鱼类群落结构及功能多样性研究 [J/OL]. *水生态学杂志*, 2025: 1—20.]
- [20] Galtier N, Nabholz B, Glémin S, *et al.* Mitochondrial DNA as a marker of molecular diversity: a reappraisal [J]. *Molecular Ecology*, 2009, **18**(22): 4541-4550.
- [21] Nicholls T J, Minczuk M. In D-loop: 40 years of mitochondrial 7S DNA [J]. *Experimental Gerontology*, 2014(**56**): 175-181.
- [22] Xie S L, Wang C, Lv Z J, *et al.* Analysis of population genetic structure of *Cranoglanis* based on mitochondrial D-loop sequences [J]. *Journal of South China Agricultural University*, 2016, **37**(1): 8-13. [谢少林, 王超, 吕子君, 等. 基于线粒体控制区D-loop序列的长臀鮠种群遗传结构分析 [J]. *华南农业大学学报*, 2016, **37**(1): 8-13.]
- [23] Singh V K, Mangalam A K, Dwivedi S, *et al.* Primer premier: program for design of degenerate primers from a protein sequence [J]. *Biotechniques*, 1998, **24**(2): 318-319.
- [24] Hall T A. Bioedit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for windows 95/98/nt [J]. *Nucleic Acids Symposium Series*, 1999, **41**(41): 95-98.
- [25] Kumar S, Stecher G, Li M, *et al.* MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2018, **35**(6): 1547-1549.
- [26] Librado P, Rozas J. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data [J]. *Bioinformatics*, 2009, **25**(11): 1451-1452.
- [27] Excoffier L, Lischer H E L. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows [J]. *Molecular Ecology Resources*, 2010, **10**(3): 564-567.
- [28] Kalyaanamoorthy S, Minh B Q, Wong T K F, *et al.* ModelFinder: fast model selection for accurate phylogenetic estimates [J]. *Nature Methods*, 2017, **14**(6): 587-589.
- [29] Leigh J W, Bryant D. Popart: full-feature software for haplotype network construction [J]. *Methods in Ecology and Evolution*, 2015, **6**(9): 1110-1116.
- [30] Peakall R, Smouse P E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update [J]. *Bioinformatics*, 2012, **28**(19): 2537-2539.
- [31] Bouckaert R, Heled J, Kühnert D, *et al.* BEAST 2: a software platform for Bayesian evolutionary analysis [J]. *PLoS Computational Biology*, 2014, **10**(4): e1003537.
- [32] Rambaut A, Drummond A J, Xie D, *et al.* Posterior summarization in Bayesian phylogenetics using tracer 1.7 [J]. *Systematic Biology*, 2018, **67**(5): 901-904.
- [33] Li X Q, Liu F, Leng C M, *et al.* Genetic structure and diffusion of population of *Coilia ectenes taihuensis* in Lake Nansi inferred from the mitochondrial control region [J]. *Journal of Lake Sciences*, 2015, **27**(4): 686-692. [李秀启, 刘峰, 冷春梅, 等. 基于线粒体DNA控制区的南四湖湖鲢(*Coilia ectenes taihuensis*)群体遗传结构和种群扩散 [J]. *湖泊科学*, 2015, **27**(4): 686-692.]
- [34] Broughton R E, Milam J E, Roe B A. The complete sequence of the zebrafish (*Danio rerio*) mitochondrial genome and evolutionary patterns in vertebrate mitochondrial DNA [J]. *Genome Research*, 2001, **11**(11): 1958-1967.
- [35] Zhang Q, Sun C, Zhu Y, *et al.* Genetic diversity and structure of the round-tailed paradise fish (*Macropodus ocellatus*): Implications for population management [J]. *Global Ecology and Conservation*, 2020(**21**): e00876.
- [36] Zhang Z, Li J M, Zhang X D, *et al.* Genetic diversity of *Distoechodon compressus* and discussion of its phylogenetic relationships in subfamily Xenocyprinae [J]. *Biotic Resources*, 2022, **44**(5): 452-460. [张智, 李吉明, 张小东, 等. 基于Cyt b基因的扁圆吻鲷遗传多样性及其在鲷亚科系统发育地位探讨 [J]. *生物资源*, 2022, **44**(5): 452-460.]
- [37] Hu Y T, Yang S R, Li M Z, *et al.* Population differentiation of *Xenocypris argentea* in Poyang Lake and adjacent drainages [J]. *Sichuan Journal of Zoology*, 2012, **31**(5): 696-703. [胡玉婷, 杨少荣, 黎明政, 等. 鄱阳湖及邻近水系银鲴的种群分化研究 [J]. *四川动物*, 2012, **31**(5): 696-703.]
- [38] Ren G, Xuan X L, Xie Y T, *et al.* Evaluation of general genetic diversity of fishes from middle and small rivers on the East China—taking Cao'e River as an example [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2020, **44**(1): 67-74. [任岗, 宣鑫玲, 谢亚婷, 等. 中国东部沿海中小型河流鱼类的整体遗传多样性评价——以曹娥江为例 [J]. *水生生物学报*, 2020, **44**(1): 67-74.]
- [39] Sun N, Zhu D M, Li Q, *et al.* Genetic diversity analysis of topmouth culter (*Culter alburnus*) based on microsatellites and D-loop sequences [J]. *Environmental Biology of Fishes*, 2021, **104**(3): 213-228.
- [40] Zhang Y P, Chen W J, Wang D Q, *et al.* Genetic diversity analysis of wild and released grass carp populations in Poyang Lake system [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2013, **41**(9): 207-211. [张燕萍, 陈文静, 汪登强, 等. 鄱阳湖水系草鱼野生及增殖放流群体遗传多样性分析 [J]. *江苏农业科学*, 2013, **41**(9): 207-211.]

- [41] Xiang W D, Lin J. Research techniques and progress of fish genetic diversity in China [J]. *Journal of Wuhan Polytechnic University*, 2011, **30**(3): 29-33. [向文殿, 林佳. 我国鱼类遗传多样性的研究技术及进展 [J]. 武汉工业学院学报, 2011, **30**(3): 29-33.]
- [42] Wright S. Evolution in mendelian populations [J]. *Bulletin of Mathematical Biology*, 1990, **52**(1/2): 241-295.
- [43] Rogers A R, Harpending H. Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 1992, **9**(3): 552-569.
- [44] Tajima F. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism [J]. *Genetics*, 1989, **123**(3): 585-595.
- [45] Slatkin M, Hudson R R. Pairwise comparisons of mitochondrial DNA sequences in stable and exponentially growing populations [J]. *Genetics*, 1991, **129**(2): 555-562.
- [46] Gao Y, Wang S Y, Luo J, *et al.* Quaternary *Palaeoenvironmental oscillations* drove the evolution of the Eurasian *Carassius auratus* complex (Cypriniformes, Cyprinidae) [J]. *Journal of Biogeography*, 2012, **39**(12): 2264-2278.
- [47] Waters J M, Craw D, Burridge C P, *et al.* Within-river genetic connectivity patterns reflect contrasting geomorphology [J]. *Journal of Biogeography*, 2015, **42**(12): 2452-2460.

POPULATION GENETIC DIVERSITY AND HISTORICAL DYNAMICS OF *XENOCYPRIS MICROLEPIS* IN THE XIANGJIANG RIVER

ZHOU Si-Jie¹, XU Li-Mei¹, LIU Yu-Lu¹, HUANG Yan-Fei¹, LI De-Liang¹ and GONG Yu-Zhou^{1,2}

(1. College of Fisheries, Hunan Agricultural University, Hunan Province, Changsha 410128, China;

2. Yuelushan Laboratory, Changsha 410128, China)

Abstract: A total of 188 *Xenocypris microlepis* specimens were collected from five populations in the Xiangjiang River: Yongzhou (YZ), Hengyang (HY), Dongjiang Lake (DJH), Chaling (CL), and Liuyang (LY). Mitochondrial DNA D-loop sequences were used to analyze the genetic diversity and historical demography. Analysis of the 188 sequences revealed 37 variable sites and 24 haplotypes. Haplotype diversity (H_d), nucleotide diversity (P_i), and genetic distances among populations ranged from 0.755 to 0.911, 0.00277 to 0.00556, and 0.00467 to 0.00658, respectively. Among the 24 haplotypes, only Hap1 was shared across all five populations, and no phylogenetic structure was observed. Analysis of molecular variance (AMOVA) revealed that most genetic variation occurred within populations (90.48%), while only 9.52% occurring among populations. UPGMA clustering based on genetic distance grouped HY with LY and YZ with CL. F_{st} -based estimations indicated low genetic differentiation between HY and DJH and between HY and CL; moderate differentiation between DJH and YZ, DJH and CL, and between LY and the other four populations; and no differentiation between YZ and CL or between YZ and HY. A Mantel test showed no significant correlation between genetic differentiation and geographic distance. Neutrality tests and mismatch distribution analysis suggested indicated no evidence of historical population expansion or contraction in the Xiangjiang River, whereas Bayesian skyline plots indicated a declining trend over the past 250000 years in all populations except HY. These findings provide valuable insights for evaluating the effectiveness of artificial restocking and for guiding conservation and utilization of *X. microlepis* genetic resources in the Xiangjiang River basin.

Key words: Xiangjiang River; Genetic diversity; D-loop; Haplotype; Population dynamics; *Xenocypris microlepis*