

大头鲤原种种群的遗传现状

唐卫星^{①②} 陈毅峰^{①*}

① 中国科学院水生生物研究所 水生生物多样性与保护重点实验室 武汉 430072;

② 中国科学院研究生院 北京 100049

摘要: 大头鲤 (*Cyprinus pellegrini*) 是一种云南高原湖泊特有的国家 II 级重点保护鱼类。土著种大头鲤与外来种鲤 (*C. carpio*) 的渐渗杂交在星云湖野生种群中已经广泛发生。本研究结合形态和微卫星及线粒体 DNA 分析检测了螺蛳铺大头鲤原种种群的遗传现状。结果显示,螺蛳铺大头鲤样本所有个体在形态上位于大头鲤与鲤的参照样本之间;在微卫星因子对应分析中也显示,其位于大头鲤与鲤的参照样本之间,但与大头鲤参照样本较为相似;在线粒体 DNA 分析中显示,都具有鲤的单倍型。中间性形态特征以及核基因组与线粒体基因组的不一致现象,表明螺蛳铺大头鲤样本均为杂种个体。因此,螺蛳铺大头鲤原种种群可能是一个杂种种群,有必要重新建立大头鲤人工繁殖计划。

关键词: 大头鲤;原种种群;渐渗杂交;形态;线粒体 DNA

中图分类号: Q953 文献标识码: A 文章编号: 0250-3263(2012)05-08-08

Genetic Status of the Original Population of Barbless Carp *Cyprinus pellegrini*

TANG Wei-Xing^{①②} CHEN Yi-Feng^{①*}

① *The Key Laboratory of Aquatic Biodiversity and Conservation, Institute of Hydrobiology, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430072;* ② *Graduate School of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China*

Abstract: Barbless Carp (*Cyprinus pellegrini*), which is endemic to lakes of Yunnan plateau, is categorized into the second grade in the list of China key protected animal species. Introgressive hybridization between native Barbless Carp and exotic Common Carp (*C. carpio*) has occurred extensively in Xingyun Lake. This study assessed the genetic status of the Luosipu original population of Barbless Carp based on morphological, microsatellite and mitochondrial DNA analyses. Morphological analyses showed that all individuals of the Luosipu Barbless Carp sample were strictly intermediate between reference samples of Barbless and Common Carp. Factorial correspondence analysis of microsatellite data indicated that all individuals of the Luosipu Barbless Carp sample fell in between reference samples of Barbless and Common Carp, but were very near to the former. Mitochondrial DNA analysis revealed that all individuals of the Luosipu Barbless Carp sample had the mitochondrial DNA haplotypes of Common Carp. There was obvious inconsistency between nuclear and mitochondrial genetic structures in Luosipu Barbless Carp sample. These results suggest that all individuals of the Luosipu Barbless Carp sample are hybrids. Considering that the Luosipu Barbless Carp population may in fact be a hybrid population, a new captive breeding programme should be found for effectively conserving and restoring Barbless Carp.

基金项目 973 项目(No. 2009CB119200),中国科学院重大项目(No. KSCX1-SW-13-04);

* 通讯作者, E-mail: chenyf@ihb.ac.cn;

第一作者介绍 唐卫星,男,博士;研究方向:入侵生物学; E-mail: tangweixing1980@163.com。

收稿日期: 2012-02-17, 修回日期: 2012-07-04

Key words: Barbless Carp(*Cyprinus pellegrini*); Original population; Introgressive hybridization; Morphology; Mitochondrial DNA

生物入侵是导致全球生物多样性丧失的主要因素之一^[1]。外来种不仅可以通过捕食和竞争等生态作用方式威胁本地种,还经常通过杂交从遗传上影响本地种^[2-3]。杂交通过 2 种模式来影响本地种:一种是在杂交后代出现生活力或育性下降的情况下,杂交会对本地种种群增长产生负面影响;另一种是在杂交后代可存活且可育的情况下,通过发生基因渐渗可对本地种遗传完整性造成破坏。实际上,无论是否发生基因渐渗,杂交都可导致濒危或稀有物种的灭绝^[4]。建立原种种群是保存和恢复濒危物种的重要途径之一。在受保护的本地种可能会与引入的外来种发生杂交和基因渐渗的情况下,确保本地种原种种群的遗传纯度对维持本地种的遗传完整性具有十分重要的意义。

大头鲤(*Cyprinus pellegrini*)为我国云贵高原的一个特有种,仅分布于星云湖和杞麓湖^[5]。历史上,大头鲤曾经是这 2 个湖泊的主产经济鱼类,但近几十年来随着外来鱼类的大量引进,该物种的野生种群已呈现急剧衰退,其中杞麓湖种群已经灭绝^[6-7]。目前,大头鲤已被列入《国家重点保护动物名录》和《中国濒危动物红皮书》进行保护^[7-8]。以前普遍认为大头鲤受到威胁主要是外来种鲢(*Hypophthalmichthys molitrix*)和鳙(*Aristichthys nobilis*)的食性竞争^[9-10],最近研究发现与外来种鲤(*C. carpio*)的渐渗杂交也已对星云湖大头鲤的遗传完整性造成了严重威胁^[11-13]。

为了保存和恢复星云湖大头鲤,当地水产部门于 2000 年利用从星云湖中捕获的大头鲤亲鱼在云南省江川县螺蛳铺养殖场建立了大头鲤原种种群,并且从 2003 年开始每年向星云湖投放大量的人工孵化鱼苗。然而,该大头鲤原种种群的纯种身份是可疑的。Tang 等^[13]通过对 2003 年的星云湖野生种群大头鲤的形态和微卫星分析,发现星云湖大头鲤与外来种鲤已经发生广泛的渐渗杂交。考虑到早在 20 世纪

60 年代末外来种鲤就已经被大量引入到星云湖^[14],可以推测,2000 年星云湖野生种群中可能已经存在大量杂交个体和基因渐渗个体。因此,在没有采用分子遗传方法进行准确鉴定的情况下,螺蛳铺大头鲤原种种群建群所使用的亲鱼极有可能包含被错误辨认为纯种的杂交个体或基因渐渗个体。

本研究的目的是使用形态、微卫星和线粒体 DNA 数据来检测螺蛳铺大头鲤原种种群的遗传纯度。该研究结果将为大头鲤的人工繁殖计划提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 实验样本 共计 19 尾标本采集于云南省江川县螺蛳铺养殖场的大头鲤原种种群(简称螺蛳铺大头鲤),所有个体都用于形态分析和微卫星分析,其中 9 个个体用于线粒体 DNA 分析。中国科学院水生生物研究所与昆明动物研究所标本馆馆藏的 51 尾大头鲤标本及 51 尾鲤标本在形态分析中分别用作大头鲤及鲤的纯种参照。2005 年采集于长江的 33 尾鲤在微卫星分析中用作鲤的纯种参照。Yang 等^[12]使用标本馆馆藏的福尔马林固定大头鲤标本作为参照,对 2007 年星云湖鲤亚属野生种群中 62 个个体的线粒体 DNA 控制区 920 bp 序列进行了系统发育分析,结果发现其中 29 个个体具有大头鲤单倍型,33 个个体具有鲤单倍型(GenBank 序列号: JX122513 ~ JX122540)。本研究的线粒体 DNA 控制区序列分析中使用了 Yang 等^[12]鉴定的这 62 条控制区序列作为大头鲤和鲤的纯种参照。Tang 等^[13]基于形态分析和微卫星分析在 2003 年星云湖野生种群中鉴定为大头鲤纯种的 2 个个体也被用于本研究的形态分析、微卫星分析和线粒体 DNA 分析。实验样本详细信息见表 1。以上样本中,用于分子分析的材料为使用 95% 酒精溶液固定的新鲜肌肉组织,用于形态测量的材料为使用 10% 福尔

表 1 形态和分子分析的样本信息
Table 1 Samples used in morphological and molecular analyses

样本 Samples	采集地点 Sampling sites	采样时间 Sampling time	个体数目 Number of individuals		
			形态 Morphology	微卫星 Microsatellite	线粒体 DNA mtDNA
螺蛳铺大头鲤 Luosipu Barbless Carp	螺蛳铺养殖场 Luosipu farm	2003	19	19	9
大头鲤 ^a Barbless Carp	星云湖 Xingyun Lake	1961 ~ 1963	51		
大头鲤 ^b Barbless Carp	星云湖 Xingyun Lake	2007			29
大头鲤 ^c Barbless Carp	星云湖 Xingyun Lake	2003	2	2	2
鲤 ^a Common Carp	长江 Yangtze River	1956 ~ 1973	16		
鲤 ^a Common Carp	元江 Yuanjiang River	1960 ~ 1965	35		
鲤 Common Carp	长江 Yangtze River	2005		33	
鲤 ^b Common Carp	星云湖 Xingyun Lake	2007			33

a. 来自中国科学院水生生物研究所和昆明动物研究所的馆藏标本; b. Yang 等^[12] 基于线粒体 DNA 控制区序列的系统发育分析鉴定为具有大头鲤线粒体 DNA 和鲤线粒体 DNA 的个体; c. Tang 等^[13] 基于形态分析和微卫星分析鉴定为大头鲤纯种的个体。

a. Museum specimens deposited in Institute of Hydrobiology and Kunming Institute of Zoology, Chinese Academy of Sciences; b. The individuals identified with Barbless Carp mtDNA or Common Carp mtDNA from the Xingyun Lake wild population collected in 2007 by Yang *et al.*^[12]; c. The individuals identified as pure Barbless Carp based on morphological and microsatellite analyses by Tang *et al.*^[13].

马林溶液固定的鱼体标本。

1.2 形态分析 测量的形态性状包括 2 个可数性状(须的数目和第一鳃弓外侧鳃耙数目)和 33 个度量性状。其中,须的数目和第一鳃弓外侧鳃耙数目是区分大头鲤和鲤的重要分类鉴定性状^[5]。33 个度量性状包括 13 个传统度量性状和 20 个框架结构度量性状^[15](图 1)。使用电子数显卡尺进行度量性状测量,精度为 0.01 mm。使用 Past 1.75b 软件对度量性状原始测量数据的个体大小差异进行校正,然后在 Statistica 7.0 软件中对度量性状校正数据的相关系数矩阵进行主成分分析(principal component analysis, PCA)。使用 Statistica 7.0 软件统计须的数目、第一鳃弓外侧鳃耙数目和主成分分数在各样本的平均值及标准差。

1.3 分子分析 采用标准酚氯仿方法从肌肉组织中抽提基因组 DNA。微卫星分析使用了从鲤的基因组中获取的 9 个微卫星位点:

MFW01、MFW04、MFW11、MFW12、MFW22^[16]和 CCA02、CCA24、CCA67、CCA72^[17]。PCR 反应总体积为 25 μ l,包含 1 \times PCR 缓冲液、0.2 mmol/L dNTP、0.2 μ mol/L 正向引物、0.2 μ mol/L 反向引物、0.5 U *Taq* 聚合酶(Biostar International)和 20 ~ 50 ng 基因组 DNA。PCR 反应条件为:94 $^{\circ}$ C 预变性 5 min;94 $^{\circ}$ C 变性 30 s,45 ~ 55 $^{\circ}$ C 退火 40 s,72 $^{\circ}$ C 延伸 40 s,循环 35 次;72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min。使用垂直电泳装置 Sequi-General GT Sequencing Cell (Bio-Rad) 分析 PCR 扩增产物,以分子量标记 pBR322 DNA/*Msp* I 为参照读取等位基因大小。使用 Genetix 4.05 软件对个体多位点分数进行因子对应分析(factorial correspondence analysis, FCA),以比较个体间相似性。

使用引物 5'-TGCAT ATAAA AGAA(TC) GCCTG GCATG-3'和 5'-TCACC CCTGG CTCCC AAAGC CAG-3'^[18] 进行线粒体 DNA 控制区约

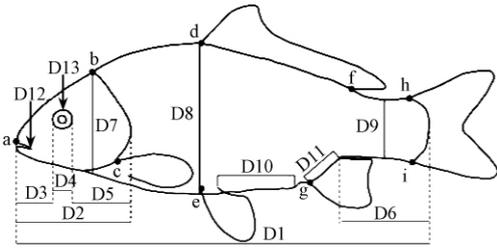


图 1 形态度量示意图

Fig. 1 Morphometric characters

传统形态度量性状: D1. 体长; D2. 头长; D3. 吻长; D4. 眼径; D5. 眼后头长; D6. 尾柄长; D7. 头高; D8. 体高; D9. 尾柄高; D10. 腹鳍基部末端至肛门距离; D11. 臀鳍基长; D12. 口宽(图中不能显示); D13. 眼间距(图中不能显示)。框架结构度量的坐标点: a. 吻端; b. 枕后; c. 胸鳍起点; d. 背鳍起点; e. 腹鳍起点; f. 背鳍基部末端; g. 臀鳍起点; h. 尾鳍背部起点; i. 尾鳍腹部起点。框架结构度量性状: a~b; a~d; a~c; a~e; b~c; b~d; b~e; c~e; c~d; d~e; d~f; d~g; e~g; e~f; f~g; f~h; g~i; g~h; h~i。

Traditional: D1. Standard length; D2. Head length; D3. Snout length; D4. Eye diameter; D5. Post orbital length; D6. Caudal peduncle length; D7. Head depth at occiput; D8. Body depth; D9. Caudal peduncle depth; D10. Posterior end of pelvic-fin base to anus length; D11. Anal-fin basal length; D12. Mouth width (not be directly shown here); D13. interorbital width (not be directly shown here). Truss: a-b; a-d; a-c; a-e; b-c; b-d; b-e; c-e; c-d; d-e; d-f; d-g; e-g; e-f; f-g; f-h; g-i; g-h; h-i.

500 bp 碱基的正反链双向扩增。PCR 反应总体积为 50 μ l, 体系组成和反应条件与微卫星 PCR 反应相同, 其中退火温度为 50 $^{\circ}$ C。将 PCR 引物扩增产物进行回收并在 ABI 3730 测序仪上对其进行测序。使用 Clustal X 1.83 软件和 DnaSP 4.20 软件进行序列比对及单倍型统计。使用 Arlequin 3.11 软件构建单倍型最小跨度网络图, 采用的模型为伽马曲线校正后的 Tamura-Nei 模型。使用 Adobe Illustrator 软件绘制单倍型网络图。

2 结果

2.1 形态分析 大头鲤与鲤的参照样本在须的数目和第一鳃弓鳃耙数目上是可以完全区分的。大头鲤参照样本(48 个个体无须, 2 个个体有 1 根须, 1 个个体有 2 根须)中绝大多数个体是无须的, 其须的数目平均值为 0.08 ± 0.34

(平均值 \pm 标准差, 后同); 鲤参照样本所有个体都具有 4 根须; 螺蛳铺大头鲤样本(12 个个体有 2 根须, 1 个个体有 3 根须, 6 个个体有 4 根须)中大多数个体具有中间数目的须, 即 2~3 根须, 其须的数目平均值为 2.68 ± 0.95 。大头鲤具有较高的鳃耙数目, 范围为 46~57, 平均值为 50.7 ± 2.3 ; 鲤具有较低的鳃耙数目, 范围为 18~24, 平均值为 21.0 ± 1.4 ; 螺蛳铺大头鲤样本的鳃耙数目严格介于大头鲤与鲤之间, 范围为 30~37, 平均值为 33.5 ± 2.0 (图 2)。

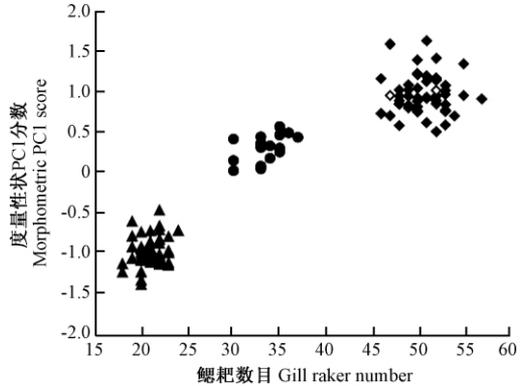


图 2 度量性状第一主成分(PC1)分数和鳃耙数目的散点图

Fig. 2 Plot of morphometric PC1 scores and number of gill rakers

实心圆形代表螺蛳铺大头鲤样本, 实心三角形代表鲤的标本馆纯种标本, 实心菱形代表大头鲤的标本馆纯种标本, 空心菱形代表 2003 年星云湖野生种群中的 2 个大头鲤纯种个体。Solid circles represent the Luosipu Barbless Carp sample; solid triangles represent the museum specimens of Common Carp; solid diamonds represent the museum specimens of Barbless Carp; open diamonds represent the 2 pure Barbless Carp individuals from the Xingyun Lake wild population collected in 2003.

度量性状校正数据的主成分分析结果显示, 大头鲤和鲤的参照样本在第一主成分(principal component, PC1; 占总变异的 78.77%)上完全分离(图 2)。度量性状 D5、D12、d~f 和 f~h 在 PC1 上具有较高的因子载荷(表 2), 是区分大头鲤和鲤的关键性状。大头鲤具有较高的 PC1 分数, 范围为 0.51~1.63, 平均值为 0.97 ± 0.24 ; 鲤具有较低的 PC1 分数, 范围为 $-1.38 \sim -0.46$, 平均值为 -0.97 ± 0.18 ; 螺蛳铺大头鲤样本的

PC1 分数与鳃耙数目相似,接近严格介于大头鲤与鲤之间,范围为 0.03 ~ 0.57,平均 0.30 ± 0.16 。基于度量性状 PC1 分数和鳃耙数目的散点图(图 2)显示:大头鲤和鲤分别位于图的右上角和左下角;螺蛳铺大头鲤分布于大头鲤和鲤之间,与两者没有重叠。

表 2 度量性状校正数据前 2 个主成分(PC)的特征载荷

Table 2 Character loadings on the first two principal components (PC) of the size-adjusted data of morphometric characters

度量性状 Morphometric characters	主成分 1 Principal component 1	主成分 2 Principal component 2
D1	-0.024	-0.081
D2	-0.203	0.127
D3	-0.056	0.609
D4	-0.152	-0.344
D5	-0.270	0.054
D6	-0.152	-0.084
D7	-0.147	0.048
D8	0.133	0.085
D9	0.247	0.038
D10	0.180	-0.284
D11	0.177	0.190
D12	-0.344	0.153
D13	-0.227	0.114
a ~ b	-0.099	0.055
a ~ d	-0.039	-0.019
a ~ e	-0.145	0.093
a ~ e	-0.109	-0.023
b ~ c	-0.043	0.035
b ~ d	0.025	-0.014
b ~ e	-0.015	-0.046
c ~ e	-0.053	-0.184
c ~ d	0.074	0.060
d ~ e	0.167	0.091
d ~ f	0.272	-0.099
d ~ g	0.203	-0.091
e ~ g	0.197	-0.242
e ~ f	0.205	-0.031
f ~ g	0.183	0.091
f ~ h	-0.324	-0.351
f ~ i	-0.141	-0.193
g ~ i	-0.075	0.006
g ~ h	0.034	0.036
h ~ i	0.243	0.070
解释变异的比例(%) Percentage of variance explained	78.77	4.54

2.2 微卫星分析 9 个微卫星位点显示了较高的多态性,多态性最高的位点 CCA67 具有 41 个等位基因,多态性最低的位点 MFW22 具有 6

个等位基因,所有位点共计有 258 个等位基因。因子对应分析结果显示,在第一因子轴上,鲤纯种样本与 2 个大头鲤纯种个体被很好地分离,螺蛳铺大头鲤样本所有个体都分布于鲤纯种样本与 2 个大头鲤纯种个体之间;螺蛳铺大头鲤样本与 2 个大头鲤纯种个体较为接近,聚为一群,而鲤纯种样本聚为另一群(图 3)。

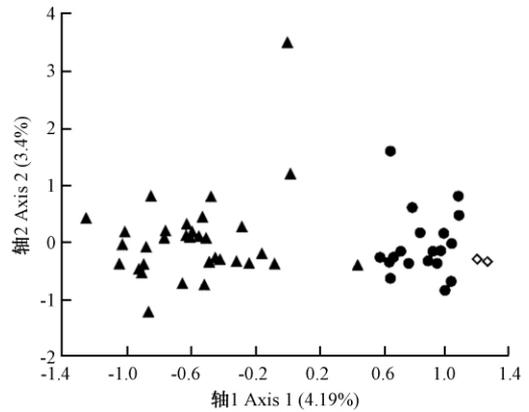


图 3 基于个体微卫星基因型的因子对应分析
Fig. 3 Factorial correspondence analysis of individual microsatellite genotypes

实心圆形代表螺蛳铺大头鲤样本,实心三角形代表 2005 年采集的鲤纯种样本,空心菱形代表 2003 年星云湖野生种群中的 2 个大头鲤纯种个体。

Solid circles represent the Luosipu Barbless Carp sample; solid triangles represent the pure Common Carp sample collected in 2005; open diamonds represent the 2 pure Barbless Carp individuals from the Xingyun Lake wild population collected in 2003.

2.3 线粒体 DNA 分析 共获取了 73 个个体的线粒体 DNA 控制区 452 bp 序列,共计 35 个变异位点和 23 个单倍型。最小跨度单倍型网络图显示 23 个单倍型可分为 2 个 Clade,其中 10 个单倍型属于 Clade I,13 个单倍型属于 Clade II(图 4)。Clade I 与 Clade II 之间具有 9 步突变。Yang 等^[12]鉴定的具有大头鲤线粒体 DNA 的所有 29 个个体都分布于 Clade II, Yang 等^[12]鉴定的具有鲤线粒体 DNA 的所有 33 个个体都分布于 Clade I,因此认为 Clade I 和 Clade II 分别代表鲤和 大头鲤的线粒体 DNA 单倍型(图 4)。螺蛳铺大头鲤样本的

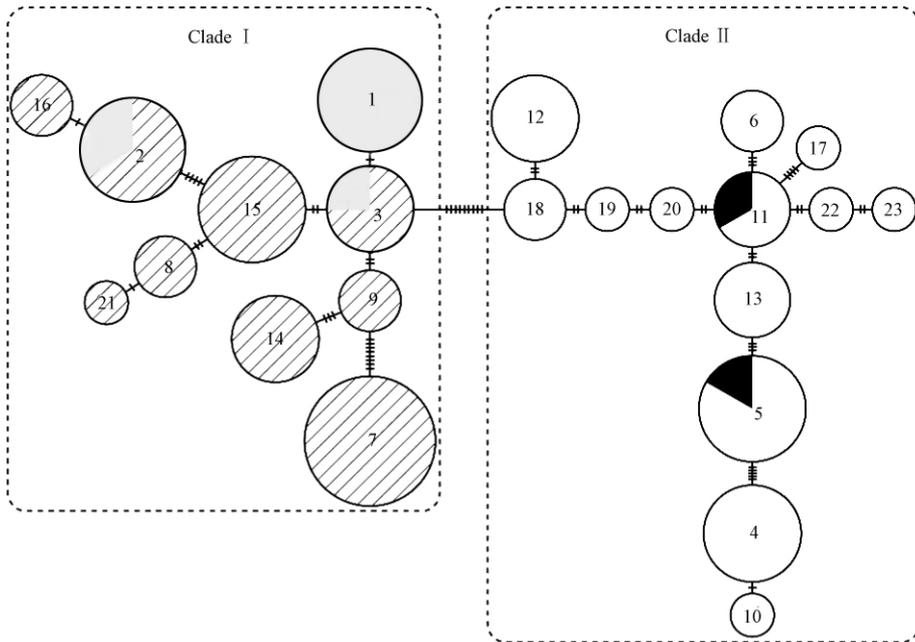


图 4 线粒体 DNA 控制区序列的单倍型网络图

Fig. 4 The mtDNA D-loop haplotype network

灰色代表螺蛳铺大头鲤样本;白色和阴影线分别代表 2007 年星云湖野生种群中具有大头鲤线粒体 DNA 的个体和具有鲤线粒体 DNA 的个体;黑色代表 2003 年星云湖野生种群中的 2 个大头鲤纯种个体。圆的面积与个体数目成正比。短横线数目代表单倍型之间的突变步数。数字分别代表不同的单倍型。

Gray represents the Luosipu Barbell Carp sample, white and hatched respectively represent the individuals with Barbell Carp mtDNA and the ones with Common Carp mtDNA from the Xingyun Lake wild population collected in 2007, black represents the 2 pure Barbell Carp individuals from the Xingyun Lake wild population collected in 2003. Circle areas are proportional to numbers of individuals. Cross-bars on connecting lines represent the number of mutational changes between the haplotypes. Number in circle represent the haplotype.

9 个个体共具有 3 个单倍型(GenBank 序列号: JX076824 ~ JX076826),都属于 Clade I,其中主要单倍型 H1 为该样本特有(图 4)。Tang 等^[13]鉴定的 2 个大头鲤纯种个体的单倍型分别为 H5 和 H11(GenBank 序列号: JX076827, JX076828),都属于 Clade II(图 4)。

3 讨论

本研究的形态和分子结果证实了之前的预言:螺蛳铺养殖场的大头鲤原种种群并不是一个大头鲤纯种种群。首先,形态分析显示螺蛳铺大头鲤样本所有个体都具有大头鲤和鲤的中间形态特征(图 2)。尽管标本固定时间差异和形态可塑性也可能导致形态变异,但是这 2 个因素造成较大形态变异的可能性较小,也不太可能会导致螺蛳铺大头鲤样本在度量性状和

鳃耙数目 2 种不同类型形态性状上一致地显示具有大头鲤和鲤之间的中间性。因此,螺蛳铺大头鲤样本的形态中间性更有可能是由于这些个体的杂种起源造成的。由于在大头鲤野生种群中大头鲤和鲤已发生广泛渐渗杂交^[13],可用作分子分析的大头鲤纯种个体已难于获取。微卫星分析中采用 2 个大头鲤纯种参照个体来自 2003 年的星云湖野生种群。Tang 等^[13]基于形态和微卫星分析将这 2 个个体分类为大头鲤纯种,本研究的线粒体 DNA 数据显示这 2 个个体也具有大头鲤的线粒体 DNA 单倍型,进一步支持这 2 个个体是纯的或较纯的大头鲤个体(图 4)。但是,仅 2 个个体并不能反映大头鲤纯种种群的遗传结构,因此微卫星结果仅能提供支持性证据。基于微卫星数据的因子对应分析显示,螺蛳铺大头鲤样本分布于 2 个大头鲤个体

和鲤纯种种群样本之间(图3),该结果支持了形态分析的结论,即螺蛳铺大头鲤样本所有个体可能都是杂种个体。因子对应分析也显示螺蛳铺大头鲤样本与2个大头鲤纯种个体较为接近,共同聚为一群,该结果表明,螺蛳铺大头鲤种群可能仍然包含了较高比例的大头鲤核基因。线粒体基因组作为独立于细胞核基因之外的DNA,具有不发生重组的特点,因而杂种个体的线粒体DNA起源是比较容易进行鉴定的。线粒体DNA分析显示,螺蛳铺大头鲤样本的所有抽样个体都具有鲤的线粒体DNA单倍型(图4)。螺蛳铺大头鲤样本在核基因水平上与大头鲤相似,而在线粒体基因水平上与鲤相同,这种核基因组成与线粒体基因组成的不一致现象充分证实该样本为杂种起源。因此,形态和分子的证据一致地表明螺蛳铺大头鲤样本所有个体为杂种起源。这个结论说明螺蛳铺大头鲤种群可能主要或全部由杂种个体组成。

考虑到螺蛳铺大头鲤种群实际上是一个鲤基因渐渗程度较高的杂种种群,而星云湖大头鲤野生种群中仍然存在纯种的或接近纯种的个体^[13],螺蛳铺大头鲤种群并不适合用于野生种群的恢复,将该种群的后代大量投放到星云湖反而可能会加剧星云湖大头鲤野生种群遗传完整性的丧失。至今,螺蛳铺大头鲤种群的人工增殖放流对星云湖野生种群遗传结构的影响还是未知的。本研究的线粒体DNA分析结果显示,螺蛳铺大头鲤样本的主要线粒体DNA单倍型H1在2007年星云湖野生种群样本中并没有出现(图4),该结果暗示螺蛳铺大头鲤种群人工增殖放流可能没有对星云湖野生种群造成较大影响。但是,由于数据量有限,关于螺蛳铺大头鲤种群人工增殖放流对星云湖野生种群的影响,还应通过获取更详细的数据进行全面和准确的评估。

为了大头鲤的有效保存和恢复,建议重新建立大头鲤人工繁殖种群。濒危物种保护的主要目的是保护物种特有的遗传多样性^[19],因此,在纯种稀少甚至灭绝的情况下,存在轻微基因渐渗的个体应该作为保护的對象^[3]。由于

星云湖野生种群中的大头鲤纯种个体已极其稀少^[13],仅包含少量外来基因的渐渗个体也可作为亲鱼用于人工繁殖种群的重建。此外,为了保证人工繁殖种群维持正常的遗传多样性水平,建群所用亲鱼数量应达到一定标准。基于以上考虑大头鲤人工繁殖种群重建可采纳的方案为:采用电捕等无伤害的捕捞方式,结合外部形态特征、微卫星和线粒体DNA的检测方法从星云湖野生种群中筛选纯种的或接近纯种的大头鲤雌性个体和雄性个体各100尾(根据Allendorf等^[20]的建议),以这200尾大头鲤作为亲鱼来开展人工繁殖和孵化放流。

致谢 何德奎先生和贵杂志编委会及两位审稿专家为本文写作提供了宝贵意见,崔桂华和杨君兴先生在标本测量中提供了帮助,李昆、贾艳菊、严云志、李钟杰和张培清等人在样本采集中提供了帮助,特此致谢。

参 考 文 献

- [1] Sala O E, Chapin F S III, Gardner R H, et al. Global change, biodiversity and ecological complexity // Walker B H, Steffen W L, Canadell J, et al. *The Terrestrial Biosphere and Global Change: Implications for Natural and Managed Ecosystems*. Cambridge: Cambridge University Press, 1999: 304 - 328.
- [2] Epifanio J, Nielsen J. The role of hybridization in the distribution, conservation and management of aquatic species. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 2000, 10 (3): 245 - 251.
- [3] Allendorf F W, Leary R F, Spruell P, et al. The problems with hybrids: setting conservation guidelines. *Trends in Ecology and Evolution*, 2001, 16(11): 613 - 622.
- [4] Rhymer J M, Simberloff D. Extinction by hybridization and introgression. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 1996, 27: 83 - 109.
- [5] 乐佩琦. 中国动物志: 硬骨鱼纲 鲤形目 下卷. 北京: 科学出版社, 2000: 399 - 425.
- [6] 李荫玺, 王开宏, 刘俊. 大头鲤生态环境及食性分析研究. *云南环境科学*, 1995, 14(1): 34 - 40.
- [7] 黄开银. 大头鲤——国家二类重点保护鱼类. *科学养鱼*, 1997, (7): 40.
- [8] 乐佩琦, 陈宜瑜. 中国濒危动物红皮书: 鱼类. 北京: 科学出版社, 1998: 183 - 185.

- [9] 曹文宣. 我国的淡水鱼类资源//刘建康,何碧梧. 中国淡水鱼类养殖学. 3版. 北京: 科学出版社, 1992: 61-64.
- [10] Xie P, Chen Y Y. Invasive carp in China's plateau lakes. *Science*, 2001, 294(5544): 999-1000.
- [11] 唐卫星. 星云湖大头鲤与外来鲤鱼的杂交和基因渗透. 武汉: 中国科学院水生生物研究所博士学位论文, 2008.
- [12] Yang B, Chen X Y, Yang J X. Non-native carp of the genus *Cyprinus* in Lake Xingyun, China, as revealed by morphology and mitochondrial DNA analysis. *Biological Invasions*, 2011, 13(1): 105-114.
- [13] Tang W X, Chen Y F. Hybridization between native barbless carp (*Cyprinus pellegrini*) and introduced common carp (*C. carpio*) in Xingyun Lake, China. *Zoological Science*, 2012, 29(5): 311-318.
- [14] Yang J X. The alien and indigenous fishes of Yunnan: a study on impact ways, degrees and relevant issues//Peter J S, Wang S, Xie Y. *Conserving China's Biodiversity (II)*. Beijing: China Environmental Science Press, 1996: 157-168.
- [15] Bookstein F L, Chernoff B C, Elder R L, et al. *Morphometrics in Evolutionary Biology: the Geometry of Size and Shape Change, with Examples from Fishes*. Philadelphia: Academy of Natural Sciences, 1985.
- [16] Crooijmans R P M A, van der Poel J J, Groenen M A M, et al. Microsatellite markers in common carp (*Cyprinus carpio* L.). *Animal Genetics*, 1997, 28(2): 129-134.
- [17] Yue G H, Ho M Y, Orban L, et al. Microsatellites within genes and ESTs of common carp and their applicability in silver crucian carp. *Aquaculture*, 2004, 234(1/4): 85-98.
- [18] 郑冰蓉, 张亚平, 肖衢, 等. 鲤属鱼类 mtDNA 控制区(D-环区)序列的变异性分析. *水产学报*, 2002, 26(4): 289-294.
- [19] Dowling T E, Childs M R. Impact of hybridization on a threatened trout of the southwestern United States. *Conservation Biology*, 1992, 6(3): 355-364.
- [20] Allendorf F W, Ryman N. *Genetic management of hatchery stocks*//Ryman N, Utter F. *Population Genetics and Fishery Management*. Seattle: University of Washington Press, 1987: 141-159.

欢迎订阅《动物学杂志》

《动物学杂志》是中国科学院动物研究所、中国动物学会主办的科技期刊,亦是中國自然科学核心期刊。主要报道动物学领域的最新研究成果,介绍有创见的新思想、新学说、新技术、新方法。报道范围既有宏观生态研究,又有微观实验技术。报道层次既有科学前沿性、资料性的,也有技术性、知识性的。稿件内容涉及范围广,实用性强,主要栏目有:研究报告、珍稀濒危动物、技术与方法、研究简报和快讯、科技动态等等。读者对象为动物科学领域的研究、教学、技术、管理人员及广大业余爱好者。

《动物学杂志》双月刊,16开,112页,2012年每册定价60元,全年360元,国内外公开发行。国内邮发代号:2-422;国外发行代号(Code No.):BM58。全国各地邮局均可订阅。如未能在当地邮局订到,可与编辑部直接联系。本刊对在校学生及个人订户7折优惠(直接与编辑部联系订阅)。

地址:北京市朝阳区北辰西路1号院5号中国科学院动物研究所内《动物学杂志》编辑部

邮编:100101;电话:(010)64807162。

E-mail: journal@ioz.ac.cn。网址: dwxzz.ioz.ac.cn。

欢迎投稿、欢迎订阅、欢迎刊登广告。