乌江彭水水电站截流前后白甲鱼群体遗传结构初步研究

熊美华,邵 科,徐 念,朱 滨,史 方

(水利部中国科学院水工程生态研究所,水利部水工程生态效应与生态修复重点实验室,武汉 430079)

摘要:彭水水电站2008年1月下闸截流蓄水。以2006－2009年间采集的白甲鱼截流前群体、截流后坝上群体、截流后坝下群体为研究材料,利用白甲鱼微卫星遗传标记对其种群遗传结构进行分析。结果表明:由多态信息含量指数(*PIC*)和期望杂合度(*He*)检测的群体遗传多样性,截流后坝上群体的最高,截流前群体和截流后坝下群体接近;根据Nei′s遗传距离构建的UPGMA聚类图显示,截流前群体和截流后坝下群体先聚成一类,再与截流后坝上群体相聚。群体间 *Fst* 为0.0466,显示群体间遗传分化较弱,遗传变异较小。初步研究结果表明,截流前后的3个白甲鱼群体遗传多样性较丰富,群体间遗传变异较小。要准确完整地评估水电站对白甲鱼的遗传变异的影响,还需要长期的监测和进一步的分析。

关键词:白甲鱼;遗传结构;微卫星;彭水水电站

中图分类号:Q145,Q347 **文献标志码**:A **文章编号**:1674－3075(2013)01－0069－07

乌江是长江上游右岸最大的支流,流经黔、渝、鄂、滇四省市,于重庆涪陵汇入长江。流域面积87 920 km^2,干流全长1 037 km,天然落差2 124 m,年平均径流量534亿m^3,是我国重要的水电能源基地之一。同时,由于流域面积广阔,鱼类资源丰富,乌江也是许多经济鱼类的原种基地。在乌江上所建造的梯级电站,将会使整个乌江流域隔断形成梯级水库,改变乌江流域的生态环境,进而影响到鱼类的生存环境(史方等,2009)。河流连续性受阻以及水文过程变化会促使河道物理特性发生改变,水体理化性质发生变化会导致鱼类食物链网结构变化,梯级开发中大坝的阻隔使洄游性鱼类无法完成生活史,库水的淹没使鱼类产卵场遭到破坏而对鱼类繁殖产生影响。另外,河流被电站隔断,以前河流内的物种间基因的交流也被限制和阻隔,从而降低了物种的遗传多样性;同时,河流上电站的建立,也将原来连续的生态系统分割成孤立的环境单元,使生境破碎化。而河流中属于定居型的鱼类种群,在生境破碎化后,将会被分隔成规模较小的、孤立的异质种群(Cantrell et al, 2002)。自然选择学说认为,物种变异与环境变异相关,而分子遗传变异也与环境变异有关,高水平的遗传变异是动植物为适应环境的显著变异而形成的策略。因此,电站建立所造成的生境破碎化不仅影响到鱼类的个体行为和种群遗传,而且对整个生态系统都有影响,它作用于生态系统的各个环节(Tessier & Bernatchez, 1999;Kruess, 2003;孙继英等,2007)。

彭水水电站位于乌江干流下游,重庆市彭水县县城上游11 km,距乌江河口涪陵市147 km,是乌江干流水电开发的第10个梯级。2003年开工, 2008年1月12日下闸截流蓄水。白甲鱼(*Onychostoma sima* (Sauvage et Dabry))属鲤形目、鲤科、鲤亚科、白甲鱼属,俗称白甲、沙鱼、短头,分布于长江水系,栖息在中下层水域,活动于急流中(胡世然等,2009)或有流水的岩洞中,常逆流而上,以刮食固着在砾石上的藻类为主,食谱较广(周剑等,2007),通常3冬龄可达性成熟(丁瑞华,1994)。白甲鱼肉质细嫩,肉味鲜美,营养价值较高(周兴华等,2007),是乌江重要经济鱼类之一。本文以白甲鱼微卫星标记为工具,对彭水水电站截流前后白甲鱼群体遗传多样性、遗传结构进行分析,初步评估电站建立形成的阻隔对白甲鱼群体可能造成的遗传变异情况。

1 材料和方法

1.1 实验材料

本研究所用的白甲鱼样本来自于2006－2009年采自于乌江彭水水电站坝上坝下不同断面的鱼类。按截流前后分为3个群体,截流前群体(before

收稿日期:2012－11－30

基金项目:长江上游珍稀特有鱼类人工繁殖、放流技术试点示范(SX[2009]140);科技部国际科技合作项目(2008DFA31550)。

通讯作者:史方,女,1983年生,安徽怀远人,助理研究员,主要从事保护生物学方面的研究。E-mail: moko@mail.ihe.ac.cn

作者简介:熊美华,女,1982年生,湖北监利人,助理研究员,主要从事鱼类生态学与保护生物学方面的研究。E－mail:dreamer@mail.ihe.ac.cn

closure, BC)共57尾,截流后坝上群体(above dam, AD)共35尾,截流后坝下群体(below dam, BD)共17尾。剪取新鲜鱼的胸鳍,并于无水乙醇中浸泡,在室温下保存,带回实验室提取DNA。蛋白酶K、*Taq* DNA聚合酶、dNTPs、丙烯酰胺等均购自宝生物工程(大连)有限公司;pBR 322 DNA/*Msp* Ⅰ marker购自天根生化科技(北京)有限公司;GelRED购自上海开放生物科技有限公司。

1.2 样品总DNA提取

取0.2g白甲鱼胸鳍剪碎,用高盐法(Aljanabi & Martinez, 1997)提取白甲鱼DNA。

1.3 引物合成

参考Xiong等(2009)研究结果,本实验共选取了多态性较好的微卫星位点13个。依据位点的相关引物信息,由北京天一辉远技术有限公司合成13对引物,引物序列信息如表1。

表1 13个微卫星位点的性质

Tab.1 Characterization of the thirteen microsatellite loci

位点	GenBank序列号	重复单元	引物序列(5′-3′)	退火温度/℃
OSI 1	FJ599781	(AC)13	F: GGCTGCATCCTCTTCTTC R: TATCACTCGTGTCGCTCC	56
OSI 21	FJ599789	(AGAA)8	F: GGCACAGATAACAGTAAG R: TATGAGGCAAAAGAAGAC	52
OSI 32	FJ599794	(GAAA)12A(AGAA)4	F: AGAGCCTGAAGTTTTG R: ATGAGTTTACACTGCTT	60
OSI 35	FJ599782	(AC)15	F: ACCCCTCCAAAACAGACAGA R: CTAATGTGGCCTGTGTTCCA	64
OSI 42	FJ875285	(GAAA)9	F:CACAGAAATAGCACGCGACT R: AAAACCTATTGCCAGGCATGT	60
OSI 44	FJ599792	(GAAA)5	F: CGGATGGATAGATGGAAGGA R: ATGCTATGGGCTCTGTTTGC	58
OSI 45	FJ599793	(TTTC)8	F: CAGTCTTTTTGCAGACTTCTGTG R: CAACGTTGACAGGTGTATTATGG	66
OSI 53	FJ875283	(TTCT)8	F: TTCAACGTGGCTTCTGCTTA R: TGCCACAACAGAAAGGTCAG	58
OSI 54	FJ875286	(AC)12	F: GCTTAGTCATGATGCGTTCG R: AACAGCCTGCATTGGACTGT	58
OSI 55	FJ875286	(TTCT)7	F: CAAACACCCACAGACACTGG R: CGCTGTCTGCTCCCTACATA	68
OSI 56	FJ875287	(TTTC)7	F: GACTGTTGTATGGAAATCACCTG R: CTCAACCTCATTGCAAACAAGA	68
OSI 59	FJ875290	(GAAA)10	F: TGTTGTTGTTAGAATCACACTTACCA R: TGGCTCTTTCCACCAACTTC	50
OSI 62	FJ875293	(CTTCT)19	F: TTAGCTGAGGGAACCGACTG R: AAGGCAGGAAGTGAAAGCAA	68

1.4 PCR扩增和结果记录

PCR反应在GeneAmp (ABI 9700)仪中进行。10 μL PCR反应体系包括:ddH_2O 4.1 μL,10×buffer缓冲液1 μL,2.5 mM dNTP 0.8 μL,引物F、R各为1.0 μL,5U/ μL *Taq* DNA聚合酶0.1 μL,20 ng/μL模版DNA 2 μL。PCR反应条件为:94℃预变性5 min;35个循环包括94℃,40 s,引物特有的退火温度(表1),40 s,72℃,40 s;72℃延伸10 min。PCR扩增产物检测:在1×TBE的电泳液中,用10%的非变性聚丙烯酰胺凝胶在160V下电泳4 h,GelRED染色,Bio-Rad凝胶成像系统扫描拍照,保存图片,依据条带所处的位置来判断位点大小,确定其基因型,并用pBR 322 DNA/Msp Ⅰ marker为对照。

1.5 数据统计方法

微卫星位点的等位基因数目及大小使用QUANTITY ONE version 4.62 (Bio-Rad Lab)进行分析。应用POPGENE version 1.31(Yeh et al, 1999)软件分析白甲鱼群体的种间遗传结构,计算以下遗传参数:杂合度(H)、有效等位基因数(Ae)、哈迪温伯格(Hardy-Weinberg)平衡偏离情况、F-统计量、基因流(Nm);采用非加权组平均聚类法(UPGMA)对Nei′s遗传距离进行系统聚类,,分析群体间遗传分化关系。按照Botstein等(1980)的公式计算多态信息含量。

2　结果与分析

2.1　群体遗传多样性分析

截流前后的 3 个白甲鱼群体在 13 对微卫星位点上共发现有 78 个等位基因,截流前群体、截流后坝上群体和截流后坝下群体分别具有 76、71、64 个等位基因。所有微卫星位点在 3 个群体上均表现为多态。

根据各位点等位基因的频率,计算遗传参数结果和 Hardy-Weinberg 平衡检测结果见表 2。在 3 个

表 2　13 个微卫星位点在 3 个白甲鱼群体中的遗传多样性分析

Tab. 2　Genetic diversity parameters of three *O. sima* populations for 13 microsatelliate loci

位点	指标	截流前群体 BC	截流后坝上群体 AD	截流后坝下群体 BD	位点	指标	截流前群体 BC	截流后坝上群体 AD	截流后坝下群体 BD
	等位基因数 Ao	4	4	4		等位基因数 *Ao*	4	4	4
	有效等位基因数 *Ae*	2.3464	2.9063	3.4611		有效等位基因数 *Ae*	2.0921	2.7162	2.9192
	观测杂合度 *Ho*	0.7857	0.9429	0.8824		观测杂合度 *Ho*	0.4912	0.5429	0.4706
OSI 1	期望杂合度 *He*	0.5790	0.6654	0.7326	OSI 53	期望杂合度 *He*	0.5266	0.6410	0.6774
	近交系数 F_{IS}	−0.3693	−0.4375	−0.2409		近交系数 F_{IS}	0.0590	0.1408	0.2842
	多态信息含量 *PIC*	0.517	0.604	0.662		多态信息含量 *PIC*	0.451	0.556	0.591
	哈迪温伯格平衡偏离 *P*	0.0047	0.0007	0.2498		哈迪温伯格平衡偏离 *P*	0.0006	0.6244	0.2553
	等位基因数 *Ao*	4	4	4		等位基因数 Ao	3	3	2
	有效等位基因数 Ae	1.8900	2.8473	2.2667		有效等位基因数 Ae	1.5133	1.7818	1.2620
	观测杂合度 Ho	0.4909	0.5000	0.4118		观测杂合度 Ho	0.3860	0.4571	0.2353
OSI 21	期望杂合度 *He*	0.4752	0.6585	0.5758	OSI 54	期望杂合度 *He*	0.3422	0.4451	0.2139
	近交系数 F_{IS}	−0.0425	0.2293	0.2632		近交系数 F_{IS}	−0.1379	−0.0419	−0.1333
	多态信息含量 *PIC*	0.401	0.586	0.477		多态信息含量 *PIC*	0.292	0.386	0.186
	哈迪温伯格平衡偏离 *P*	0.0010	0.0512	0.0000		哈迪温伯格平衡偏离 *P*	0.6951	0.5852	0.6385
	等位基因数 *Ao*	14	9	7		等位基因数 *Ao*	4	4	4
	有效等位基因数 *Ae*	9.9258	6.2000	5.3699		有效等位基因数 *Ae*	3.0379	3.1934	2.5689
	观测杂合度 *Ho*	0.4717	0.5161	0.2857		观测杂合度 *Ho*	0.6491	0.7941	0.8235
OSI 32	期望杂合度 *He*	0.9078	0.8525	0.8439	OSI 55	期望杂合度 *He*	0.6768	0.6971	0.6292
	近交系数 *FIS*	0.4755	0.3846	0.6489		近交系数$_{IS}$	0.0323	−0.1562	−0.3484
	多态信息含量 *PIC*	0.891	0.819	0.789		多态信息含量 *PIC*	0.611	0.630	0.537
	哈迪温伯格平衡偏离 *P*	0.0000	0.0000	0.0000		哈迪温伯格平衡偏离 *P*	0.0917	0.6884	0.4543
	等位基因数 *Ao*	7	7	6		等位基因数 *Ao*	5	5	5
	有效等位基因数 *Ae*	4.0360	3.9773	4.9402		有效等位基因数 *Ae*	3.8539	4.1172	3.9765
	观测杂合度 *Ho*	0.8772	0.9714	0.9412		观测杂合度 *Ho*	0.4286	0.6667	0.4615
OSI 35	期望杂合度 *He*	0.7589	0.7594	0.8217	OSI 56	期望杂合度 *He*	0.7482	0.7688	0.7785
	近交系数 F_{IS}	−0.1661	−0.2977	−0.1800		近交系数 F_{IS}	0.4213	0.1195	0.3834
	多态信息含量 *PIC*	0.714	0.708	0.766		多态信息含量 *PIC*	0.697	0.721	0.705
	哈迪温伯格平衡偏离 *P*	0.0029	0.0288	0.0000		哈迪温伯格平衡偏离 *P*	0.0000	0.0051	0.1517
	等位基因数 *Ao*	6	7	5		等位基因数 *Ao*	7	6	6
	有效等位基因数 *Ae*	3.2442	3.5303	2.3273		有效等位基因数 *Ae*	4.2076	3.8951	3.4611
	观测杂合度 *Ho*	0.5385	0.4286	0.6250		观测杂合度 *Ho*	0.6383	0.6571	0.5882
OSI 42	期望杂合度 *He*	0.6985	0.7271	0.5887	OSI 59	期望杂合度 *He*	0.7705	0.7540	0.7326
	近交系数 F_{IS}	0.2216	0.4021	−0.0959		近交系数 F_{IS}	0.1627	0.1159	0.1727
	多态信息含量 *PIC*	0.652	0.677	0.539		多态信息含量 *PIC*	0.728	0.701	0.670
	哈迪温伯格平衡偏离 *P*	0.0061	0.0010	0.8026		哈迪温伯格平衡偏离 P	0.1293	0.5618	0.9453
	等位基因数 *Ao*	3	3	3		等位基因数 *Ao*	12	12	11
	有效等位基因数 *Ae*	2.0906	1.9616	2.3401		有效等位基因数 *Ae*	9.5548	8.1696	6.4222
	观测杂合度 *Ho*	0.3061	0.4000	0.3529		观测杂合度 *Ho*	0.7500	0.9118	0.8824
OSI 44	期望杂合度 *He*	0.5270	0.4973	0.5900	OSI 62	期望杂合度 *He*	0.9040	0.8907	0.8699
	近交系数 F_{IS}	0.4132	0.1840	0.3837		近交系数 F_{IS}	0.1623	−0.0389	−0.0451
	多态信息含量 *PIC*	0.466	0.436	0.481		多态信息含量 *PIC*	0.886	0.866	0.829
	哈迪温伯格平衡偏离 *P*	0.0000	0.3544	0.0051		哈迪温伯格平衡偏离 P	0.0148	0.5240	0.9077
	等位基因数 *Ao*	3	3	3		等位基因数 Ao	5.8462	5.4615	4.9231
	有效等位基因数 Ae	1.7179	2.2962	1.6145		有效等位基因数 Ae	3.8085	3.6609	3.3023
	观测杂合度 Ho	0.4464	0.6286	0.3529		观测杂合度 Ho	0.5584	0.6475	0.5926
OSI 45	期望杂合度 He	0.4217	0.5727	0.3922	Mean	期望杂合度 He	0.6413	0.6869	0.6497
	近交系数 F_{IS}	−0.0683	−0.1135	0.0727		近交系数 F_{IS}	0.0895	0.0377	0.0896
	多态信息含量 PIC	0.368	0.475	0.340		多态信息含量 PIC	0.590	0.628	0.582
	哈迪温伯格平衡偏离 *P*	0.9000	0.8376	0.7346					

群体中,观测等位基因数和有效等位基因数均以截流前群体中为最高,分别为5.8462和3.8085,截流后坝上群体其次,截流后坝下群体最低;多态信息含量以截流后坝上群体最高,为0.628,截流前群体和截流后坝下群体的多态信息含量接近,分别为0.590和0.582;观测杂合度和期望杂合度均以截流后坝上群体中为最高,分别为0.6475和0.6869,截流后坝下群体其次,截流前群体为最低。截流前群体共有9个微卫星位点偏离了Hardy-Weinberg平衡($P<0.05$),截流后坝上群体有4个位点偏离了平衡,截流后坝下群体有3个位点偏离了平衡。

2.2 群体遗传变异分析

F-统计量是用来测量群体间遗传分化程度的指标,在3个群体中的分析结果见表3。白甲鱼群体在3个位点上的近交系数或分化系数 *Fst* 大于0.05,在其余10个位点的近交系数均小于0.05,各位点的近交系数均值为0.0466,基因流的均值为5.1092。

3个白甲鱼群体间遗传分化系数和遗传距离见表4。截流前群体和截流后坝下群体间的遗传分化系数最小(Fst = 0.0251)、遗传距离最近(D_A = 0.0950),说明这2个群体间的遗传分化水平比较低,即两者有较近的亲缘关系。对Nei′s遗传距离(D_A)采用UPGMA聚类分析(图1),截流前群体(BC)和截流后坝下群体(BD)先聚在一起,再与截流后坝上群体(AD)相聚。

表3 白甲鱼群体遗传变异分析

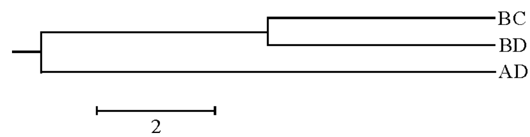
Tab.3 Genetic variation parameters of *O. sima* population for 13 microsatellite loci

位点 Locus	*PIC*	总近交系数 F_{IT}	群体分化系数 *Fst*	群体内近交系数 F_{IS}	基因流 *Nm*
OSI 1	0.594	-0.3130	0.0240	-0.3453	10.1832
OSI 21	0.488	0.1828	0.0221	0.1643	11.0626
OSI 32	0.833	0.5257	0.0497	0.5009	4.7788
OSI 35	0.729	-0.1941	0.0162	-0.2138	15.1384
OSI 42	0.623	0.2608	0.0813	0.1955	2.8265
OSI 44	0.461	0.4613	0.1940	0.3316	1.0390
OSI 45	0.394	-0.0043	0.0414	-0.0476	5.7858
OSI 53	0.533	0.2297	0.0727	0.1693	3.1891
OSI 54	0.288	-0.0702	0.0219	-0.0942	11.1476
OSI 55	0.593	-0.1385	0.0113	-0.1516	21.7795
OSI 56	0.708	0.3323	0.0366	0.3069	6.5714
OSI 59	0.700	0.1681	0.0211	0.1502	11.6043
OSI 62	0.860	0.0447	0.0172	0.0279	14.2444
Mean	0.6	0.1323	0.0466	0.0898	5.1092

表4 3个白甲鱼群体间的遗传分化系数(对角线上方)和Nei′s遗传距离(对角线下方)

Tab.4 Genetic distance coefficients (above the diagonal) and Nei′s genetic distance (below the diagonal) among the 3 *O. sima* populations

群体	截流前群体BC	截流后坝上群体AD	截流后坝下群体BD
截流前群体BC		0.0347	0.0251
截流后坝上群体AD	0.1453		0.0451
截流后坝下群体BD	0.0950	0.1962	



BC:截流前群体;BD:截流后坝下群体;AD:截流后坝上群体

图1 基于Nei′s遗传距离的3个白甲鱼群体UPGMA聚类

BC: before closure population; BD: below dam population after closure; AD: above dam population after closure

Fig.1 UPGMA dendrogram for 3 populations of the *O. sima* based on Nei′s genetic distance

3 讨论

3.1 群体遗传多样性

生物群体的遗传多样性是评价物种资源状况的一个重要依据。遗传多样性是物种适应多变的环境条件、维持长期生存和进化的基础。最大限度地维持种内遗传多样性水平,是持续利用种质资源的前提。群体的遗传多样性越高,对环境的适应能力就越强,进化的潜力也越大(马波等,2009)。*PIC*、*Ho*和*He*都是反映群体遗传多样性的度量,其数值越大,说明基因丰富度越高(吴勤超等,2010)。

多态信息含量(*PIC*)是衡量基因多态性的较好指标(吴旭等,2010)。根据Botstein等(1980)提出的衡量基因变异程度高低的多态性信息含量指标来看,本研究中的3个白甲鱼群体中,以OSI 62的*PIC*为最高,均值为是0.860;OSI 54的*PIC*为最低,均值为0.288;3个群体在13个微卫星位点上平均*PIC*值是0.6,在13个位点中,除OSI 21、OSI 44、OSI 45、OSI 54为中度多态位点外,其余9个位点均为高度多态。结果表明本研究所选的标记具有丰富的多态性,可作为有效的遗传标记用于白甲鱼群体之间遗传多样性和遗传结构的分析中。

观测杂合度易受样本大小等因素的影响。期望杂合度受样本取样的影响较小,其大小可反映群体的遗传多样性水平(Frankham et al, 2002)。期望杂合度值越大,其遗传多样性就越丰富。本研究中,对

截流前后的 3 个群体分析结果可看出,截流后坝上群体的平均期望杂合度最高,为 0.6869,而截流前群体和截流后坝下群体接近,分别为 0.6413 和 0.6497。这可能与截流后坝上坝下鱼类生存环境的变化有关。白甲鱼喜欢活动于有流水的河段中,在坝上形成水库后,库区中的白甲鱼上溯到库尾(沿河)及以上的流水江段进行摄食生活,这样增加了不同江段群体的基因交流,从而导致截流后坝上群体的遗传多样性要高于截流前群体。截流后坝下水量剧减,白甲鱼的适宜生存范围也减小,导致白甲鱼数量锐减,在水电站截流后的 2 年内,作者在坝下仅采集到 17 尾白甲鱼;同时,截流导致白甲鱼无法上溯到坝上进行交流,因此,截流后的坝下群体保留了截流前群体的遗传多样性,故二者的遗传多样性相似。

3.2　群体遗传分化

种群内和种群间的遗传变异水平属于遗传结构上的问题。种群间的遗传差异不显著,则是无分化的结构;反之则为有分化的结构(吴旭等,2010)。截流前后 3 个群体的分化系数均值为 0.0466,依据 Wright(1978)的划分标准,本研究采集的乌江彭水水电站白 3 个甲鱼群体是一个分化较弱的大种群。3 个群体间的遗传分化系数值均小于 0.05,进一步说明 3 个白甲鱼群体间遗传分化程度较弱。

遗传距离的大小也常用来作为反映群体遗传变异的尺度(Nei, 1978)。本研究中截流前后的 3 个白甲鱼群体间遗传距离在 0.05 ~0.30,按照 Shaklee(1982)提出的“鱼类在属、种和种群 3 级水平上的遗传距离的分类标准分别为 0.90、0.30 和 0.05”看,均出现了一定程度的遗传分化。依据遗传分化系数和遗传距离所得到的 3 个群体间的遗传分化程度并不一致,可能是因为 Shaklee(1982)的结论是专门针对鱼类来进行划分,而 Wright(1978)的研究是依据普遍性更大的类来划分的。

影响群体结构最重要的因素是基因交流程度和繁育方式(Vignieri, 2005),基因流越顺畅,遗传分化的程度越低。Slatkin(1985)以及 Walker 等(2001)认为,若每代迁入的个体数 $Nm>1$,则遗传漂变的作用就能被基因流所抵消,即能防止种群发生分化。本研究中的 3 个白甲鱼群体在 13 个微卫星位点上的平均 Nm 值为 5.1092,大于 1,表明截留后 2 年内 3 个白甲鱼群体间未出现重大的遗传变异。

3 个白甲鱼群体聚类与遗传多样性分析结果一致。当亚群内个体之间的近交系数(F_{IS})和种群内亚群间近交系数(F_{IT})的值为极显著的正值时,则表示群体内近交程度较严重(Weir & Cockerham, 1984)。在本研究中,平均 F_{IS} 和 F_{IT} 值均为正值,说明白甲鱼群体中存在一定程度的近交现象。

综合分析,本次研究的 3 个白甲鱼群体的遗传分化程度很弱。由于截流后样本采集时间距截流仅 2 年,且白甲鱼要经过 3 冬龄才能达到性成熟(丁瑞华,1994),因此,要准确完整地评估彭水水电站对白甲鱼的遗传变异的影响,还需要进行长期的监测,并结合白甲鱼的繁殖生物学数据做进一步分析。

参考文献

丁瑞华. 1994. 四川鱼类志[M]. 成都: 四川科学技术出版社: 334.

胡世然, 张竹青, 周承辉, 等. 2009. 白甲鱼生物学特性及人工驯养技术 [J]. 贵州农业科学, 37(10): 152 - 154.

马波, 姜作发, 霍堂斌. 2009. 下游黑龙江茴鱼种群遗传变异及地理分化的微卫星分析 [J]. 中国水产科学, 16(5): 678 - 688.

史方, 徐念, 熊美华, 等. 2009. 利用微卫星标记评估乌江彭水水电站对泉水鱼的遗传多样性影响 [J]. 水生态学杂志, 2(2): 117 - 121.

孙继英, 彭光旭, 胡波, 等. 2007. 拟环纹豹蛛种群遗传多样性与其生境的关系 [J]. 应用生态学报, 18(5): 1081 - 1085.

吴勤超, 梁宏伟, 李忠, 等. 2010. 黄颡鱼微卫星标记的筛选及三个野生群体的遗传结构分析 [J]. 生物技术通报, 3: 154 - 163.

吴旭, 严美姣, 李钟杰. 2010. 长江中下游不同地理种群鳜遗传结构研究 [J]. 水生生物学报, 34(4): 843 - 850.

周剑, 陈先均, 李孟均. 2007. 白甲鱼食性的初步研究 [J]. 水利渔业, 27(5): 83, 107.

周兴华, 郑曙明, 吴青, 等. 2007. 白甲鱼肌肉营养成分与品质的评价 [J]. 西南大学学报(自然科学版), 29(8): 123 - 128.

Aljanabi S M & Martinez I. 1997. Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques [J]. Nucleic Acids Research, 25 (22): 4692 - 4693.

Botstein D, White R L, Skolnick M, et al. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms [J]. American Journal of Human Genetics, 32(3): 314 - 331.

Cantrell R S, Cosner C, Fagan W F. 2002. Habitat edges and predator-prey interactions: effects on critical patch size

[J]. Mathematical Biosciences, 175(1): 31 – 55.

Frankham R, Ballou J D, Briscoe D A. 2002. Introduction to Conservation Genetics [M]. UK: Cambridge University Press: 29 – 62.

Kruess A. 2003. Effects of landscape structure and habitat type on a plant-herbivore-parasitoid community [J]. Ecography, 26(3): 283 – 290.

Nei M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals [J]. Genetics, 89: 583 – 590.

Shaklee J B. 1982. Speciation and evolution of marine fishes studies by electrophoresis analysis of proteins [J]. Pacific Scientific, 36: 141 – 157.

Slatkin M. 1985. Gene flow in natural populations [J]. Annual Review of Ecology and Systematics, 16: 393, 430.

Tessier N & Bernatchez L. 1999. Stability of population structure and genetic diversity across generations assessed by microsatellites among sympatric populations of landlocked Atlantic salmon (*Salmo salar* L) [J]. Molecular Ecology, 8: 169 – 179.

Vignieri S N. 2005. Streams over mountains: influence of riparian connectivity on gene flow in the Pacific jumping mouse (*Zapus trinotatus*) [J]. Molecular Ecology, 14(7): 1925 – 1937.

Walker C W, Vila C, Landa A, et al. 2001. Genetic variation and population structure in Scandinavian wolverine (*Gulo gulo*) populations [J]. Molecular Ecology, 10(1): 53 – 63.

Weir B S & Cockerham C C. 1984. Estimation F-statistics for the analysis of population structure [J]. Evolution, 38: 1358 – 1370.

Wright S. 1978. Evolution and the genetics of populations. Vol. 4. Variability within and among natural populations [A]. Chicago: University of Chicago Press: 1 – 30.

Xiong Meihua, Que Yanfu, Shi Fang, et al. 2009. Isolation and characterization of microsatellite loci in Onychostoma sima [J]. Conservation Genet Resour, 1: 389 – 392.

Yeh F C, Yang R C, Boyle T. 1999. POPGENE Version l.31, Microsoft Window-based Freeware for Population Genetic Analysis [CP]. Edmonton: University of Alberta and Centre for International Forestry Research.

（责任编辑　张俊友）

Preliminary Study on Population Genetic Structure of *Onychostoma sima* Before and After Closure of Pengshui Hydropower Station on Wujiang River

XIONG Mei-hua, SHAO Ke, XU Nian, ZHU Bin, SHI Fang

(Key Laboratory of Ecological Impacts of Hydraulic-Projects and Restoration of Aquatic Ecosystem of Ministry of Water Resources, Institute of Hydroecology, Ministry of Water Resources and Chinese Academy of Sciences. Wuhan 430079, P. R. China)

Abstract: Fragmentation of the Wujiang River ecosystem by Pengshui hydropower station may disrupt the river connectivity and communication of fish populations, consequently, fish population genetic structure and diversity will be affected. In this study, thirteen Simple Sequence Repeat (SSR) markers were used to compare genetic diversity among three *Onychostoma sima* populations which were consisted of before closure population of Pengshui hydropower station (BC), above dam population after closure (AD), and below dam population after closure (BD) from 2006 to 2009. Expected heterozygosity (*He*), observed heterozygosity (*Ho*), polymorphic information content (*PIC*) and number of effective alleles (*Ne*) were all determined. The results showed that genetic diversity of AD population was highest, and the other two were lower. *He* and *PIC* value of AD population were highest with values of 0.6869 and 0.628. The genetic similarity coefficient and Nei's standard genetic distance were computed based on the allele frequencies. Genetic differentiation and hierarchical partition of genetic diversity were evaluated by *Fst* and *Nm*. The genetic differentiation coefficient among the populations (*Fst*) was 0.0466, which showed weak genetic variation present among populations. Gene flow (*Nm*) between primers varied from 1.0390 to 21.7795 and the mean *Nm* was 5.1092. The UPGMA cluster figure that was constructed based on the genetic distance matrix showed that the BC and BD populations were clustered together firstly, and then be clustered with AD population. The results of the study showed the genetic diversity of the three *O. sima* populations was high, and the genetic variation among populations was weak. Long-term monitoring and more analysis will be necessary to assess the impact by Penshui hydropower station on population genetic structure and diversity in *O. sima*.

Key words: *Onychostoma sima*; genetic structure; microsatellite; Pengshui hydropower station