



•研究报告•

# 基于基因组重测序的长江上游瓦氏黄颡鱼群体遗传结构

熊飞<sup>1,2</sup>, 刘红艳<sup>1,2\*</sup>, 翟东东<sup>1,2</sup>, 段辛斌<sup>3\*</sup>, 田辉伍<sup>3</sup>, 陈大庆<sup>3</sup>

1. 江汉大学生命科学学院, 湖北省汉江流域特色生物资源保护开发与利用工程技术研究中心, 武汉 430056; 2. 江汉大学持久性有毒污染物环境与健康危害湖北省重点实验室, 武汉 430056; 3. 中国水产科学研究院长江水产研究所, 武汉 430223

**摘要:** 利用基因组重测序的方法获取高通量SNP标记, 分析了长江上游三峡大坝-白鹤滩大坝之间8个不同江段(太平溪、巴南、合川、岷江口、宜宾、邵女坪、桧溪、冯家坪)共136尾瓦氏黄颡鱼(*Pelteobagrus vachelli*)的遗传多样性和遗传分化水平, 阐明了长江上游瓦氏黄颡鱼群体遗传结构。结果显示: (1)三峡库区太平溪群体和巴南群体具有较高的SNP (single nucleotide polymorphism)数量和核苷酸多样性指数, 遗传来源丰富, 其遗传多样性高于其他群体; 上游的岷江口、宜宾、邵女坪和冯家坪群体遗传来源单一。(2)瓦氏黄颡鱼存在3个不同的遗传分支, 且不同遗传分支之间存在较大的遗传分化。(3)群体SNP数量和核苷酸多样性指数与河流坡降呈显著负相关, 群体遗传分化指数与地理距离和隔离时间无显著相关性。研究结果表明, 在三峡大坝-白鹤滩大坝江段, 瓦氏黄颡鱼上游群体具有更低的遗传多样性, 更易发生遗传漂变作用, 在鱼类遗传多样性保护中需要特别关注; 瓦氏黄颡鱼存在3种显著的遗传结构, 应视为3个不同遗传单元进行种质资源管理。

**关键词:** 瓦氏黄颡鱼; 长江上游; 遗传分化; 遗传多样性; 基因组重测序

熊飞, 刘红艳, 翟东东, 段辛斌, 田辉伍, 陈大庆 (2023) 基于基因组重测序的长江上游瓦氏黄颡鱼群体遗传结构. 生物多样性, 31, 22391. doi: 10.17520/biods.2022391.

Xiong F, Liu HY, Zhai DD, Duan XB, Tian HW, Chen DQ (2023) Population genetic structure of *Pelteobagrus vachelli* in the upper Yangtze River based on genome re-sequencing. Biodiversity Science, 31, 22391. doi: 10.17520/biods.2022391.

## Population genetic structure of *Pelteobagrus vachelli* in the upper Yangtze River based on genome re-sequencing

Fei Xiong<sup>1,2</sup>, Hongyan Liu<sup>1,2\*</sup>, Dongdong Zhai<sup>1,2</sup>, Xinbin Duan<sup>3\*</sup>, Huiwu Tian<sup>3</sup>, Daqing Chen<sup>3</sup>

1 School of Life Sciences, Jiangnan University, Hubei Engineering Research Center for Protection and Utilization of Special Biological Resources in the Hanjiang River Basin, Wuhan 430056

2 Hubei Key Laboratory of Environmental and Health Effects of Persistent Toxic Substances, Jiangnan University, Wuhan 430056

3 Yangtze River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Wuhan 430223

### ABSTRACT

**Aims:** *Pelteobagrus vachelli* is an important economic fish in the Yangtze River. Nevertheless, it shows a trend of younger age and miniaturization, and the number of reproductive population above the third age was small, which is not benefit to the long-term maintenance of its resources. Therefore, more attention and conservation measure are needed for this species. The aim of this study is to clarify genetic diversity and genetic structure of *P. vachelli*.

**Methods:** We collected 136 samples of eight different river sections (Taipingxi, Banan, Hechuan, Minjiangkou, Yibin, Shaonüping, Huixi, Fengjiaping) from the Three Gorges Dam to Baihetan Dam in the upper Yangtze River. High-throughput SNP (single nucleotide polymorphism) markers through genome re-sequencing method was used to study genetic diversity and genetic differentiation of *P. vachelli* populations.

**Results:** The number of SNP and nucleotide diversity of Taipingxi and Banan populations in the Three Gorges Reservoir region were significantly higher than those in the other populations, and there were three genetic branches

收稿日期: 2022-07-09; 接受日期: 2022-11-14

基金项目: 国家自然科学基金(51979123)、湖北省高等学校优秀中青年科技创新团队计划项目(T2020034)和江汉大学科技创新专项项目(2021kzx006)

\* 共同通讯作者 Co-authors for correspondence. E-mail: lhy9603@126.com; duan@yfi.ac.cn

<https://www.biodiversity-science.net>

and abundant genetic sources in the two populations. However, there was only one genetic branch and single genetic source in Minjiangkou, Yibin, Shaonüping and Fengjiaping populations. The populations could be divided into three distinct genetic groups with great genetic differentiation. All individuals in Fengjiaping and Minjiangkou belonged to group 1, all individuals in Shaonüping and Yibin belonged to group 2, Huixi and Hechuan populations had two genetic branches (group 1 and group 2), and Banan and Taipingxi populations had three genetic branches (group 1, group 2 and group 3). The SNP number and nucleotide diversity were significantly affected by channel slope. The genetic differentiation was not related to geographical distance and isolated time.

**Conclusion:** The upstream populations with lower genetic diversity are more prone to genetic drift and thus need more attention in the fish protection. There are three distinct genetic structures in the upper Yangtze River, which can be regarded as three different genetic units for management of germplasm resource.

**Key words:** *Pelteobagrus vachelli*; the upper Yangtze River; genetic differentiation; genetic diversity; genome re-sequencing

瓦氏黄颡鱼(*Pelteobagrus vachelli*)隶属于鲿科黄颡鱼属, 广泛分布于长江及其支流, 是长江常见的底栖定居性鱼类(丁瑞华, 1994)。过度捕捞等人为因素导致其资源衰退, 瓦氏黄颡鱼被认为是中度超额开发物种(陈大庆等, 2002)。另外, 水电工程的建设导致许多河段水位抬高, 淹没大量砾石和水草等附着物, 影响粘性卵的附着, 造成瓦氏黄颡鱼等产粘性卵鱼类的产卵场消失(姚维志, 2018)。虽然渔业资源调查显示, 瓦氏黄颡鱼目前在长江渔获物中的占比仍处于优势地位, 但是其群体呈现出低龄化和小型化的现象, 渔获物中大部分个体未达到性成熟, 3龄以上繁殖群体较少, 不利于其资源的可持续利用(杨家云, 1994; 熊飞等, 2015)。遗传多样性是物种进化和适应的基础, 维持群体遗传多样性有利于物种长期的进化和生存(Nakajima et al, 2020)。瓦氏黄颡鱼是长江重要的经济鱼类, 探明其群体遗传多样性和遗传结构, 对于评估其种质状况和制定合理的管理政策至关重要。

长江上游是水电大坝梯级开发集中、河流生境破碎化严重的区域, 已建成三峡、向家坝、溪洛渡等多座大型水电站(Cheng et al, 2015)。关于长江上游鱼类的相关研究主要集中在特有鱼类和洄游性鱼类等方面(Song et al, 2016; Liu et al, 2017), 而对于广布种及定居性鱼类的关注较少。关于瓦氏黄颡鱼群体遗传结构的研究, 涉及长江上游区域的较少, 且所用的分子标记多为线粒体DNA标记(Wang et al, 2004), 获得的遗传信息有限。单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP)是基因组变异的主要方式之一, 其遗传稳定性好、通量高。重测序技术将新获得的序列与已知的参考基因组序列

进行比对, 获取大量的SNP位点, 为群体遗传研究提供了重要手段(Kang et al, 2017)。本研究利用基因组重测序的方法获取高通量SNP标记, 分析了长江上游三峡大坝-白鹤滩大坝之间8个不同江段(太平溪、巴南、合川、岷江口、宜宾、邵女坪、桧溪、冯家坪)瓦氏黄颡鱼的遗传多样性和遗传分化水平, 探讨了长江上游瓦氏黄颡鱼群体遗传结构, 以期为长江上游鱼类遗传种质资源保护和管理提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区域和样本采集

2019年8月-10月于长江上游采集瓦氏黄颡鱼样品, 采集区域为三峡大坝至白鹤滩大坝约1,300 km的江段。共设置8个采样点, 分别为太平溪(TP)、巴南(BN)、合川(HC)、岷江口(MJ)、宜宾(YB)、邵女坪(SN)、桧溪(HX)和冯家坪(FJ)(图1, 表1)。样点太平溪、巴南和宜宾位于三峡大坝(2003年截流)和向家大坝(2008年截流)间, 该河段长度约1,000 km, 生境相对完好, 存在从上游河流生境到库区生境的变化。其中, 太平溪和巴南分别位于三峡水库的库首和库尾。样点邵女坪和桧溪位于向家大坝和溪洛渡大坝(2007年截流)之间。样点冯家坪位于溪洛渡大坝和白鹤滩大坝(2015年截流)之间。样点合川位于支流嘉陵江, 与长江干流有草街水电站(2005年截流)阻隔。样点岷江口处于岷江支流的下游, 与长江干流相隔约18 km的距离, 其上游有犍为水电站(2019年截流)。

取瓦氏黄颡鱼的尾鳍和背部肌肉组织, 用95%乙醇固定, 带回实验室保存备用。每个样点能获取的瓦氏黄颡鱼种群数量不同, 当样点获取的样

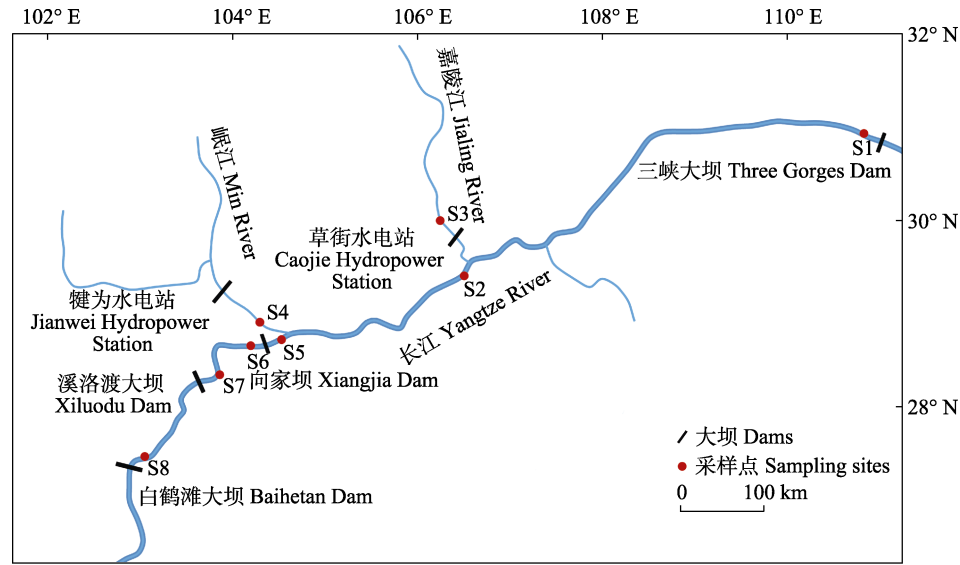


图1 长江上游瓦氏黄颡鱼的样点分布。S1: 太平溪(TP); S2: 巴南(BN); S3: 合川(HC); S4: 岷江口(MJ); S5: 宜宾(YB); S6: 邵女坪(SN); S7: 桧溪(HX); S8: 冯家坪(FJ)。  
Fig. 1 Sampling sites of *Pelteobagrus vachelli* in the upper reaches of Yangtze River. S1, Taipingxi (TP); S2, Banan (BN); S3, Hechuan (HC); S4, Minjiangkou (MJ); S5, Yibin (YB); S6, Shaonüping (SN); S7, Huixi (HX); S8, Fengjiaping (FJ).

表1 瓦氏黄颡鱼8个群体的样点信息。样点缩写见图1。  
Table 1 Sampling information in eight populations of *Pelteobagrus vachelli*. Site abbreviations are shown in Fig. 1.

群体	Population	采样时间	Sampling time	样本数	No. of sample	海拔	Elevation (m)	坡降	Channel slope (m/km)	生境类型	Habitat type
太平溪	TP	2019.8		14		110		0.12		水库	Reservoir
巴南	BN	2019.8		25		160		0.20		回水区	Backwater area
合川	HC	2019.9		4		187		1.85		水库	Reservoir
岷江口	MJ	2019.10		25		257		2.26		河流	River
宜宾	YB	2019.10		6		253		0.70		河流	River
邵女坪	SN	2019.10		12		296		0.90		水库	Reservoir
桧溪	HX	2019.10		25		356		1.40		河流	River
冯家坪	FJ	2019.10		25		578		1.50		河流	River

本量较大时, 随机选取25个样本进行研究, 当样点获取的样本量小于25个时, 使用全部的样本进行研究(表1)。

1.2 基因组DNA提取和重测序文库的构建

瓦氏黄颡鱼基因组DNA采用Foregene动物组织基因组试剂盒进行提取, 获取的基因组DNA用TE缓冲液溶解。用1%的琼脂糖凝胶电泳检测基因组DNA样品是否有降解和杂质, 用NanoDrop one超微量分光光度计(Thermo Scientific)检测基因组DNA纯度和浓度。

取约1 μg基因组DNA模板, 根据TruSeq DNA Sample Preparation Guide (Illumina, 15026486 Rev.C)的方法及流程进行重测序文库制备。具体如下: 用

超声破碎的方法将DNA随机打断, 挑选350 bp的片段进行DNA片段的末端修复和3'端加A反应, 然后加上测序接头, 通过PCR反应富集目的片段, 形成测序文库。检测合格的文库在安诺优达基因科技有限公司的HiSeq X Ten测序平台上进行双端测序(PE150), 得到150 bp的raw reads。对raw reads进行过滤, 去除带接头的序列, 过滤N含量超过10%的序列, 去除质量值低于10的碱基数超过整条序列50%的reads, 得到clean reads。

1.3 序列比对及SNP变异检测

利用Bowtie2软件(Langmead et al, 2012)将得到的瓦氏黄颡鱼clean reads与近缘种黄颡鱼参考基因组(Gong et al, 2018)进行比对, 把序列定位在参考

基因组上相应位置, 统计测序深度、基因组覆盖度等信息。利用GATK (McKenna et al, 2010) 和Samtools (Li et al, 2009)检测SNP位点。利用Vcftools软件(Danecek et al, 2011)进行SNP位点过滤, 过滤标准为: 质量值(quality value)  $\geq 30$ , 次等位基因频率(minor allele frequency, MAF)  $\geq 5\%$ , 哈迪-温伯格平衡检验(Hardy-Weinberg equilibrium test, HWE)  $\geq 0.01$ , 所有个体中每个位点缺失基因型的个体不超过4个。

1.4 遗传多样性和遗传结构分析

利用Vcftools软件(Danecek et al, 2011)计算每个群体的SNP数量、核苷酸多样性指数( $\pi$ )和遗传分化指数( $F_{st}$ )。瓦氏黄颡鱼的群体遗传结构利用Admixture软件(Alexander et al, 2009)进行分析, K值设置为1–10, 对聚类结果进行交叉验证, 采用交叉验证错误率最低值判断最优聚类数。在RAxML v8.1.17软件中(Stamatakis, 2014)基于GTR + I + G模型的Bayesian方法构建最大似然树(maximum likelihood, ML), 设置100,000次重复。使用Eigen软件(Price et al, 2006)进行主成分分析(principal component analysis, PCA), 使用Plink软件(Purcell et al, 2007)计算IBS (identity by state, IBS)值来评估群体的遗传相似度。

1.5 环境因子对遗传结构的影响

环境因子主要考虑海拔高度、河流坡降、地理距离和隔离时间等因素。用GPS测量每个样点的海拔高度(精度1 m); 河道坡降即单位河段长度的落差, 按样点上游5 km和下游5 km的河段范围计算; 地理距离(沿着河道测量)利用ArcGIS 10.5的大比例

尺流域地形图进行测量; 隔离时间从大坝截流时间算起。用R软件里的cor.test函数分析遗传多样性指数(SNP数量、核苷酸多样性指数)与河道坡降和海拔的相关性。用R软件vegan程序(Dixon, 2003)进行Mantel检验, 分析遗传分化指数与地理距离和隔离时间的关系, 遗传分化指数采用线性化的 $[F_{st}/(1-F_{st})]$ 遗传分化指数。

2 结果

2.1 高通量测序数据分析

共获得了瓦氏黄颡鱼136个样本的基因组重测序序列, 序列已上传至GenBank (Bioproject accession number为PRJNA803961, Biosample accession numbers为SAMN25692057–SAMN25692192)。各群体的测序参数统计如表2, 共得到了1,345.21 Gb的clean data, 平均测序质量值Q30为92.78%, 平均测序深度为8.95 x, 平均测序比率为50.73%, 平均基因组覆盖率为69.43%。

2.2 遗传多样性

通过与黄颡鱼参考基因组比对, 共获得了瓦氏黄颡鱼7,341,959个SNP位点, SNP数量从419,733 (岷江口)到4,172,876 (太平溪), 群体最大的SNP数量约为最小SNP数量的10倍, 显示了SNP数量较大的变化范围。在三峡大坝-白鹤滩大坝江段, 瓦氏黄颡鱼上游群体的SNP数量和核苷酸多样性指数低于下游的太平溪和巴南群体(表2)。

2.3 群体遗传结构

当K = 3时, 交叉验证错误率最小(图2a), 显示瓦氏黄颡鱼群体可分为3个不同遗传分支(图2b)。冯

表2 瓦氏黄颡鱼8个群体重测序数据及群体遗传多样性参数

Table 2 The genome re-sequencing data and genetic diversity parameters in eight populations of *Pelteobagrus vachelli*

群体 Population	样本数 No. of sample	Clean data (Gb)	Q30 (%)	测序深度 Sequencing depth	序列比对率 Sequence mapped (%)	基因组覆盖度 Coverage of genomic reference (%)	SNP数目 Number of SNP	核苷酸多样性指数 Nucleotide diversity
太平溪 TP	14	145.22	93.11	9.54	54.31	72.92	4,172,876	$2.44 \times 10^{-3}$
巴南 BN	25	236.41	92.82	8.71	53.43	71.68	3,543,176	$2.81 \times 10^{-3}$
合川 HC	4	35.77	92.81	8.38	49.94	66.28	534,504	$8.59 \times 10^{-4}$
岷江口 MJ	25	217.32	92.73	8.25	50.68	66.39	419,733	$5.60 \times 10^{-4}$
宜宾 YB	6	50.16	91.87	7.44	48.50	67.36	563,968	$6.76 \times 10^{-4}$
邵女坪 SN	12	128.29	92.79	9.37	49.09	69.64	457,603	$5.75 \times 10^{-4}$
桧溪 HX	25	258.76	92.79	9.20	49.22	68.87	597,465	$6.60 \times 10^{-4}$
冯家坪 FJ	25	273.27	92.78	9.57	49.06	69.73	441,092	$5.84 \times 10^{-4}$
总体 Total	136	1,345.21	92.78	8.95	50.73	69.43	7,341,959	$1.19 \times 10^{-3}$



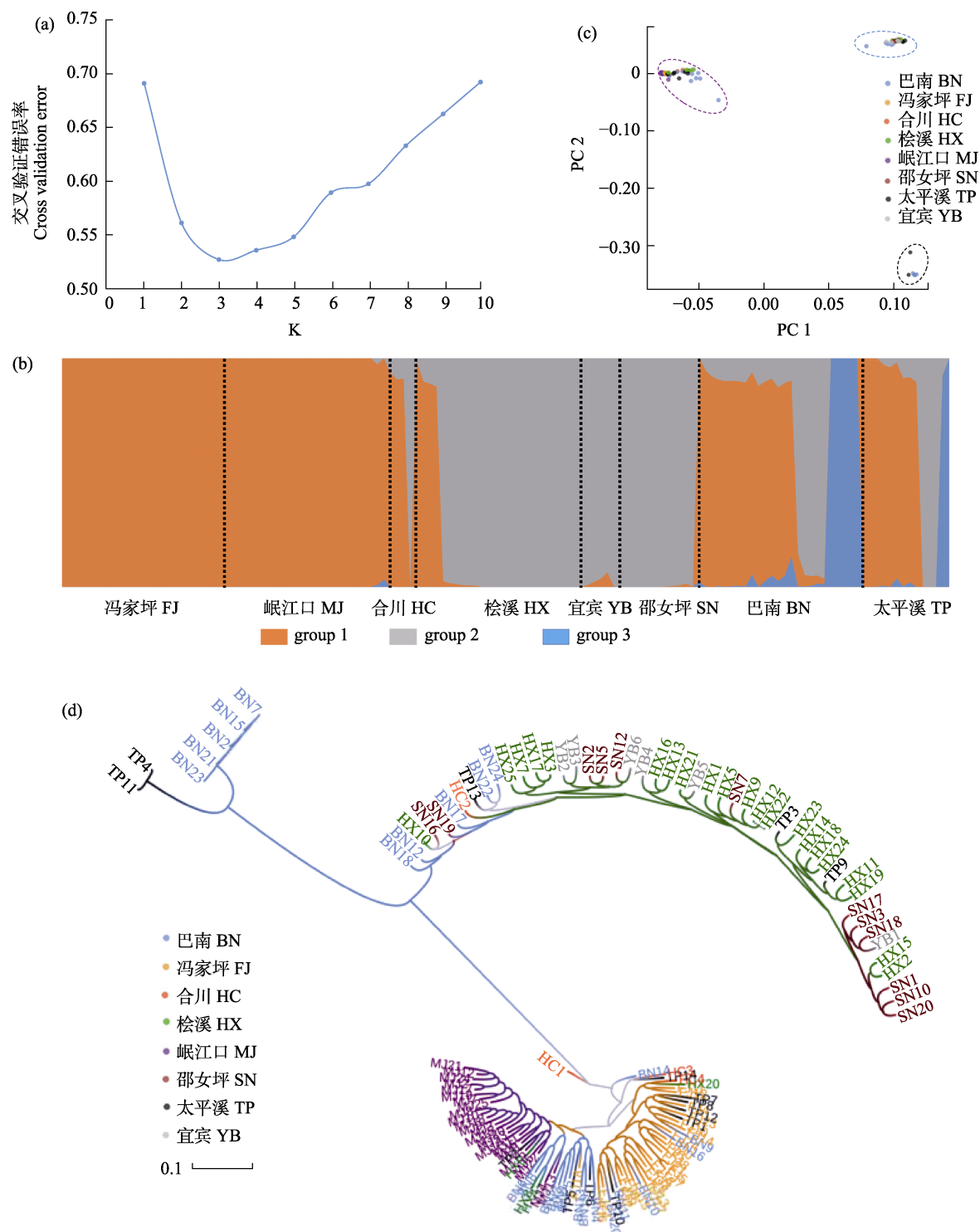


图2 基于SNP标记分析8个瓦氏黄颡鱼群体的遗传结构。(a)由交叉验证错误率确定的最优分组数;(b)  $K = 3$ 时,所有个体的分组情况;(c) PCA聚类情况;(d) ML聚类树。样点缩写见图1。  
Fig. 2 Genetic structure based on SNP markers in eight populations of *Pelteobagrus vaclerii*. (a) The optimal number of clusters determined by cross-validated error rate valley. (b) Population structure ( $K = 3$ ) of all individuals. (c) PCA plot of every individual. (d) ML phylogenetic tree. Site abbreviations are shown in Fig. 1.

家坪和岷江口的所有个体属于group 1, 邵女坪和宜宾所有个体属于group 2, 冯家坪、岷江口、邵女坪

和宜宾群体的遗传背景较为单一; 桫溪和合川的群体有2种遗传背景, 桫溪绝大多数个体属于group 2,

少量个体属于group 1; 合川群体里group 1和group 2遗传来源的个体数量大体相当; 巴南和太平溪有3种遗传背景的个体, 显示这两个地理位置的瓦氏黄颡鱼遗传来源较为丰富, 其中group 1所占的比例最大, group 3所占的比例最小(图2b)。PCA分析(图2c)和ML聚类树(图2d)也进一步验证了这种结果。

#### 2.4 群体遗传分化

冯家坪与岷江口遗传分化指数较小(0.016), 但这两个群体与其他群体间的遗传分化指数较大(0.075–0.261)。桫溪、邵女坪和宜宾之间的遗传分化指数为负值或值较小(–0.008至0.002), 这3个群体的遗传背景非常相似, 但桫溪和邵女坪群体与其他群体遗传分化指数较大(0.068至0.257)。合川与巴南和太平溪之间也为负值或者值较小(–0.109至0.050), 另外宜宾群体与巴南和太平溪之间的遗传分化指数也较小(–0.020至0.050) (表3), 结合structure结构图来看, 巴南和太平溪的一部分遗传背景与合川相似, 一部分遗传背景与宜宾相似。另外, 我们比较3种遗传分支之间的遗传分化指数(structure图中的group 1、group 2、group 3), group 1与group 2间的遗传分化指数为0.260, group 2与group 3间的遗传分化指数为0.485, group 1与group 3间的遗传分化指数为0.510, 可以看出, 瓦氏黄颡鱼3种遗传分支之间存在较大的遗传分化。

表3 长江上游瓦氏黄颡鱼两两群体之间的遗传分化指数  
Table 3 Genetic differentiation between the pairwise populations of *Pelteobagrus vaclerii* in the upper Yangtze River

群体 Population	太平溪 TP	巴南 BN	合川 HC	岷江口 MJ	宜宾 YB	邵女坪 SN	桫溪 HX
巴南 BN	0.050						
合川 HC	–0.109	–0.039					
岷江口 MJ	0.112	0.143	0.075				
宜宾 YB	–0.020	0.043	0.152	0.233			
邵女坪 SN	0.068	0.112	0.192	0.235	0.000		
桫溪 HX	0.126	0.154	0.079	0.179	–0.008	0.002	
冯家坪 FJ	0.125	0.152	0.092	0.016	0.261	0.257	0.193

IBS结果显示, 3个遗传分支内个体间的遗传相似度值均较高, 其中group 2的遗传相似度最高, group 1其次, group 3遗传相似度最低(图3)。

#### 2.5 环境因素对遗传结构的影响

相关性分析显示, SNP数量和核苷酸多样性指

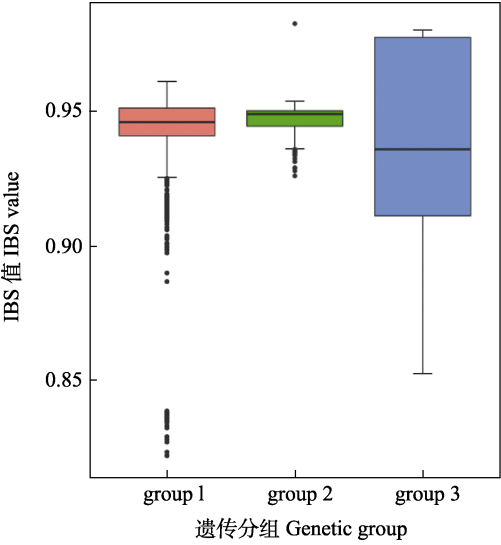


图3 瓦氏黄颡鱼3个遗传分支内个体间的遗传相似度IBS值  
Fig. 3 Genetic similarity within three genetic groups based on identity by state (IBS)

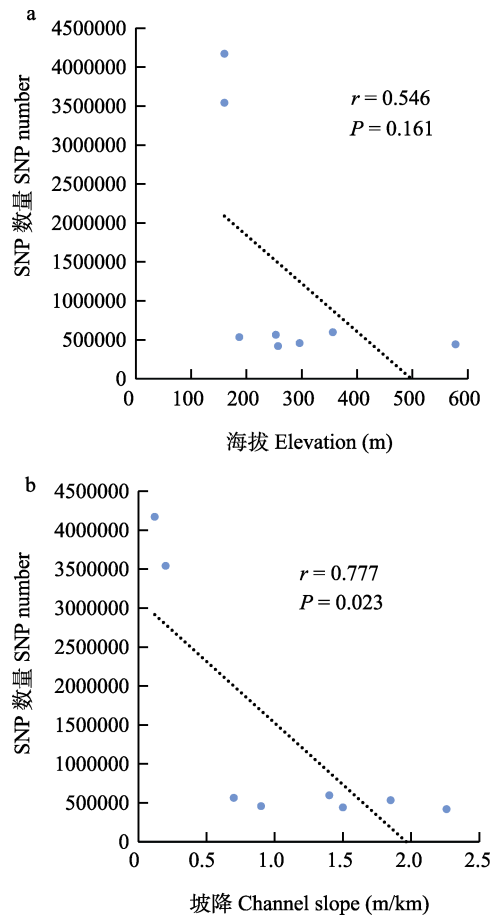


图4 瓦氏黄颡鱼SNP数量与河道海拔(a)和坡降(b)的相关性分析。P < 0.05表示显著相关。  
Fig. 4 Correlation analysis of the SNP numbers with elevation (a) and channel slope (b). P < 0.05 indicates significant correlation.

数与海拔没有显著相关关系(图4a, 图5a); SNP数量与河道坡降显著负相关( $r = 0.777$ ,  $P = 0.023$ ) (图4b), 核苷酸多样性指数也与河道坡降显著负相关( $r = 0.751$ ,  $P = 0.032$ ) (图5b), 说明瓦氏黄颡鱼的遗传多样性受河流坡降的影响。

Mantel 检验显示, 遗传分化指数与地理距离和隔离时间相关性不显著(图6), 表明当前瓦氏黄颡鱼的群体遗传分化受地理距离和隔离时间的影响不明显。

### 3 讨论

#### 3.1 瓦氏黄颡鱼遗传多样性与遗传结构

在三峡大坝-白鹤滩大坝江段, 瓦氏黄颡鱼上游群体SNP数量和核苷酸多样性指数明显小于下游的太平溪和巴南群体, 从群体结构图中也可以看出,

瓦氏黄颡鱼下游的太平溪和巴南群体有3种遗传背景, 遗传来源较丰富, 而上游的岷江口、宜宾、邵女坪和冯家坪群体仅有1种遗传背景, 遗传来源较为单一。因此, 瓦氏黄颡鱼在下游得到了较多的遗传补充, 而在上游得到的遗传补充较少。类似的下stream群体遗传多样性较上游丰富的现象在长江其他鱼类中也存在, 如黑尾近红鲃(*Ancherythroculter nigrocauda*) (Zhai et al, 2019) 和中华纹胸鮡(*Glyptothorax sinensis*) (张力文等, 2020)。本研究中, 瓦氏黄颡鱼上游群体具有更低的遗传多样性, 更易发生遗传漂变作用, 在鱼类遗传多样性保护中需要特别关注。

长江上游个体之间的遗传相似度较高, 这可能跟繁殖群体的减少相关, 已有的研究表明瓦氏黄颡鱼资源呈现低龄化和小型化的趋势, 3龄以上的繁

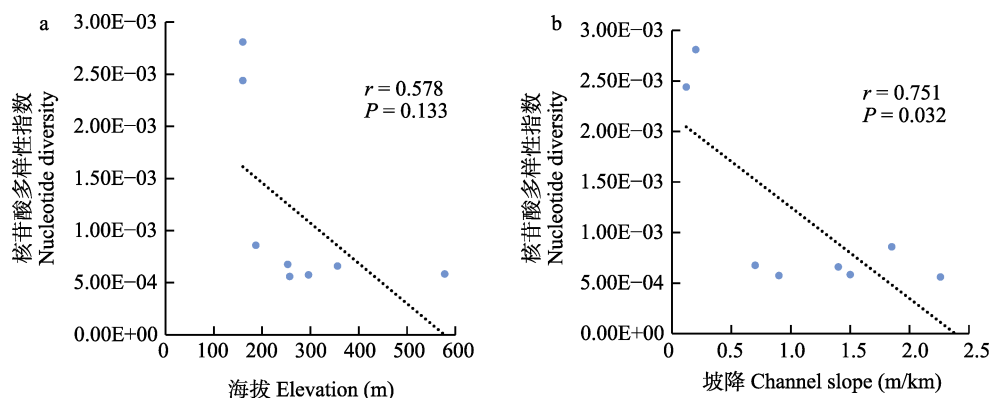


图5 瓦氏黄颡鱼核苷酸多样性指数与海拔(a)和坡降(b)的相关性分析。  $P < 0.05$ 表示显著相关。

Fig. 5 Correlation analysis of nucleotide diversity with elevation (a) and channel slope (b).  $P < 0.05$  indicates significant correlation.

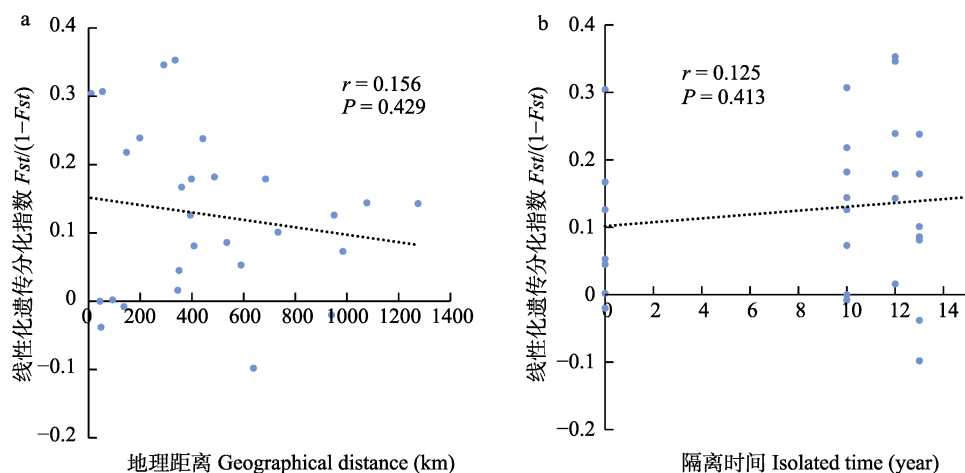


图6 遗传分化(a)与地理距离(b)和隔离时间的Mantel检验。  $F_{st}$ : 遗传分化指数。

Fig. 6 Mantel test of genetic differentiation with geographical distance and isolated time.  $F_{st}$ , Index of genetic differentiation.

殖群体占比较少(杨家云, 1994; 熊飞等, 2015)。虽然目前瓦氏黄颡鱼在渔获物中仍占较大的比例(吕浩等, 2018), 其高繁殖力能快速补偿损失的成熟个体, 扩大群体规模, 然而, 局部种群的消失或大部分成熟个体的消失, 会造成遗传多样性的丧失。较低的遗传多样性并不总是意味着种群数量的必然下降, 长江上游大坝建设后, 一些江段的水流变缓, 瓦氏黄颡鱼的某些基因型可能更适应这种缓流的环境。但是, 低遗传多样性对物种长期的生存和进化是不利的(Cook & Sullivan, 2018)。

与长江上游一些产漂流性卵鱼类遗传结构的同质性不同(Cheng et al, 2013; Liu et al, 2020), 产粘性卵的瓦氏黄颡鱼存在明显的遗传结构。在被研究的长江上游群体中存在3个明显的遗传分支。宜宾与邵家坪和桤溪群体之间虽有向家坝阻隔, 但为同一遗传背景; 冯家坪与岷江口群体有向家坝和溪洛渡大坝阻隔, 但这两个群体遗传背景也一致。瓦氏黄颡鱼的这种遗传结构可能是群体历史造成的, 而不是大坝阻隔的影响。

### 3.2 环境因素对瓦氏黄颡鱼群体结构的影响

河流坡降通常限制鱼类的迁移、扩散, 从而影响鱼类的基因流和种群遗传结构。Kanno等(2011)研究表明, 河流坡降是影响美洲红点鲑(*Salvelinus fontinalis*)种群遗传结构的主要因子。本研究结果显示坡降对瓦氏黄颡鱼SNP数量和核苷酸多样性指数造成了显著影响, 水流的高度落差可能是阻碍瓦氏黄颡鱼扩散和基因交流的原因之一。


瓦氏黄颡鱼不同江段的群体遗传分化较大, 但是Mantel检验遗传分化指数与地理距离无显著相关性。宜宾与岷江口地理距离相隔较近, 但是遗传分化值达到了0.233。冯家坪与岷江口相距较远, 遗传分化值仅为0.016, 在这些群体中, 地理距离似乎并不是群体遗传分化的主要原因, 奠基者效应和生境差异则更可能造成了目前的遗传分化格局。冯家坪到太平溪江段最大距离达1,300 km左右, 海拔落差470 m左右, 其间地形复杂, 流域内环境时空变化较大, 不同局域环境的适应性差异可能产生群体遗传分化(Xu et al, 2017)。

长江上游瓦氏黄颡鱼群体遗传分化与隔离时间相关关系不显著。一般认为, 短期的时间尺度造成的遗传分化比较难检测出来。Deiner等(2007)发现

大坝建成后的虹鳟(*Oncorhynchus mykiss*)遗传结构没有发生大的变化(繁殖了5–10代), Vera-Escalona等(2015)研究表明, 大坝阻隔未引起普拉特南乳鱼(*Galaxias platei*)产生明显的遗传分化(繁殖了20–30代)。本研究长江上游区域大坝截流时间约20年的时间或更短, 按照瓦氏黄颡鱼最小性成熟年龄2龄一个世代计算, 大约经历了10个或更少的世代, 短时间内产生的遗传隔离效应还没有对瓦氏黄颡鱼遗传结构造成影响。

高通量测序技术为鱼类遗传分析提供了大量的分子标记, 为群体遗传模式的研究提供了强有力的工具。本研究鉴定了瓦氏黄颡鱼大量的SNP位点, 阐明了长江上游瓦氏黄颡鱼群体遗传多样性和遗传结构。瓦氏黄颡鱼上游群体具有更低的遗传多样性, 更易发生遗传漂变, 在鱼类遗传多样性保护中需要特别关注。长江上游瓦氏黄颡鱼存在显著的遗传结构, 可分为3种不同的遗传分支, 不同遗传分支之间分化较大, 可视作3个不同遗传单元进行种质资源管理。

### ORCID

熊飞  <https://orcid.org/0000-0002-0692-6862>

### 参考文献

- Alexander DH, Novembre J, Lange K (2009) Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Research*, 19, 1655–1664.
- Chen DQ, Liu SP, Duan XB, Xiong F (2002) A preliminary study of the fisheries biology of main commercial fishes in the middle and upper reaches of the Yangtze River. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 26, 618–622. (in Chinese with English abstract) [陈大庆, 刘绍平, 段辛斌, 熊飞 (2002) 长江中上游主要经济鱼类的渔业生物学特征. *水生生物学报*, 26, 618–622.]
- Cheng F, Li W, Castello L, Murphy BR, Xie SG (2015) Potential effects of dam cascade on fish: Lessons from the Yangtze River. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 25, 569–585.
- Cheng F, Li W, Wu QJ, Hallerman E, Xie SG (2013) Microsatellite DNA variation among samples of bronze gudgeon, *Coreius heterodon*, in the mainstream of the Yangtze River, China. *Ichthyological Research*, 60, 165–171.
- Cook DR, Sullivan SMP (2018) Associations between riffle development and aquatic biota following low head dam removal. *Environmental Monitoring and Assessment*, 190, 339.



- Danecek P, Auton A, Abecasis G, Albers CA, Banks E, DePristo MA, Handsaker RE, Lunter G, Marth GT, Sherry ST, McVean G, Durbin R (2011) The variant call format and VCFtools. *Bioinformatics*, 27, 2156–2158.
- Deiner K, Garza JC, Coey R, Girman DJ (2007) Population structure and genetic diversity of trout (*Oncorhynchus mykiss*) above and below natural and man-made barriers in the Russian River, California. *Conservation Genetics*, 8, 437–454.
- Ding RH (1994) The Fishes of Sichuan. Sichuan Science & Technology Press, Chengdu. (in Chinese) [丁瑞华 (1994) 四川鱼类志. 四川科学技术出版社, 成都.]
- Dixon P (2003) Vegan, a package of R functions for community ecology. *Journal of Vegetation Science*, 14, 927–930.
- Gong GR, Dan C, Xiao SJ, Guo WJ, Huang PP, Xiong Y, Wu JJ, He Y, Zhang JC, Li XH, Chen NS, Gui JF, Mei J (2018) Chromosomal-level assembly of yellow catfish genome using third-generation DNA sequencing and Hi-C analysis. *GigaScience*, 7, giy120.
- Kang JL, Ma XH, He SP (2017) Population genetics analysis of the Nuijiang catfish *Creteuchiloglanis macropterus* through a genome-wide single nucleotide polymorphisms resource generated by RAD-seq. *Scientific Reports*, 7, 2813.
- Kanno Y, Vokoun JC, Letcher BH (2011) Fine-scale population structure and riverscape genetics of brook trout (*Salvelinus fontinalis*) distributed continuously along headwater channel networks. *Molecular Ecology*, 20, 3711–3729.
- Langmead B, Salzberg SL (2012) Fast gapped-read alignment with bowtie 2. *Nature Methods*, 9, 357–359.
- Li H, Handsaker B, Wysoker A, Fennell T, Ruan J, Homer N, Marth G, Abecasis G, Durbin R, Proc GPD (2009) The sequence alignment/map format and SAMtools. *Bioinformatics*, 25, 2078–2079.
- Liu D, Li X, Song Z (2020) No decline of genetic diversity in elongate loach (*Leptobotia elongata*) with a tendency to form population structure in the upper Yangtze River. *Global Ecology and Conservation*, 23, e01072.
- Liu HY, Xiong F, Duan XB, Tian HW, Liu SP, Chen DQ (2017) Low population differentiation revealed in the highly threatened elongate loach (*Leptobotia elongata* Bleeker), a species endemic to the fragmented upper reaches of the Yangtze River. *Biochemical Systematics & Ecology*, 70, 22–28.
- Lü H, Tian HW, Duan XB, Chen DQ, Shen SY, Liu SP (2018) The larval resources of fishes spawning drifting eggs in the lower reaches of the Minjiang River. *Resources and Environment in the Yangtze Basin*, 27(1), 88–96. (in Chinese with English abstract) [吕浩, 田辉伍, 段辛斌, 陈大庆, 申绍祎, 刘绍平 (2018) 岷江下游干流段鱼类资源现状及其多样性分析. 长江流域资源与环境, 27(1), 88–96.]
- McKenna A, Hanna M, Banks E, Sivachenk AO, Cibulskis K, Kernysky A, Garimella K, Altshuler D, Gabriel S, Daly M, DePristo MA (2010) The genome analysis toolkit: A mapreduce framework for analyzing next-generation DNA sequencing data. *Genome Resources*, 20, 1297–1303.
- Nakajima N, Hirota SK, Matsuo A, Suyama Y, Nakamura F (2020) Genetic structure and population demography of white-spotted charr in the upstream watershed of a large dam. *Water*, 12, 2406.
- Price AL, Patterson NJ, Plenge RM, Weinblatt ME, Shadick NA, Reich D (2006) Principal components analysis corrects for stratification in genome-wide association studies. *Nature Genetics*, 38, 904–909.
- Purcell S, Neale B, Todd-Brown K, Thomas L, Ferreira MAR, Bender D, Maller J, Sklar P, Bakker PIWD, Daly MJ, Sham PC (2007) PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *The American Journal of Human Genetics*, 81, 559–575.
- Song J, Chang LJ, Wang D (2016) Multi-locus genomic analysis reveals the genetic diversity and population structure of the rock carp (*Procypris rabaudi*) in the upper Yangtze River. *Biochemical Systematics & Ecology*, 66, 86–93.
- Stamatakis A (2014) RAxML version 8: A tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics*, 30, 1312–1313.
- Vera-Escalona I, Habit E, Ruzzante DE (2015) Echoes of a distant time: Effects of historical processes on contemporary genetic patterns in *Galaxias platei* in Patagonia. *Molecular Ecology*, 24, 4112–4128.
- Wang ZW, Wu QJ, Zhou JF, Ye YZ (2004) Geographic distribution of *Pelteobagrus fulvidraco* and *Pelteobagrus vachelli* in the Yangtze River based on mitochondrial DNA markers. *Biochemical Genetics*, 42, 391–400.
- Xiong F, Liu HY, Duan XB, Liu SP, Chen DQ (2015) Present status of fishery resources in Yibin section of the Upper Yangtze River. *Journal of Southwest University (Natural Science Edition)*, 37(11), 43–50. (in Chinese with English abstract) [熊飞, 刘红艳, 段辛斌, 刘绍平, 陈大庆 (2015) 长江上游宜宾江段渔业资源现状研究. 西南大学学报(自然科学版), 37(11), 43–50.]
- Xu SY, Song N, Zhao LL, Cai SS, Han ZQ, Gao TX (2017) Genomic evidence for local adaptation in the ovoviparous marine fish *Sebastiscus marmoratus* with a background of population homogeneity. *Scientific Reports*, 7, 1562.
- Yang JY (1994) The reproductive biology of *Pelteobagrus vachelli* in the Jialing River. *Journal of Southwest China Normal University (Natural Science)*, 19, 639–645. (in Chinese with English abstract) [杨家云 (1994) 嘉陵江瓦氏黄颡鱼的繁殖生物学. 西南师范大学学报(自然科学版), 19, 639–645.]
- Yao WZ (2018) Habitat and restoration of fluvial fish which producing sticky eggs: A case study in the upper reaches of

the Yangtze River. In: Proceedings of the Second International Symposium on Modern Marine Ranching and the Fisheries Resources and Environment Committee of the Chinese Aquatic Society, pp. 100. China Aquatic Society Marine Ranching Research Association, Dalian. (in Chinese with English abstract) [姚维志 (2018) 河流产粘性卵鱼类生境及修复——以长江上游为例. 见: 第二届现代化海洋牧场国际学术研讨会、中国水产学会渔业资源与环境专业委员会2018年学术年会论文集, pp. 100. 中国水产学会海洋牧场研究会, 大连.]

Zhai DD, Zhang Z, Zhang FT, Liu HZ, Cao WX, Gao X (2019)

Genetic diversity and population structure of a cyprinid fish (*Ancherythroculter nigrocauda*) in a highly fragmented river. *Journal of Applied Ichthyology*, 35, 701–708.

Zhang LW, Tian HW, Chen DQ, Liu SP, Duan XB, Wang DQ (2020) Genetic diversity and structure of *Glyptothorax sinensis* in upper Yangtze River. *Freshwater Fisheries*, 50, 3–11. (in Chinese with English abstract) [张力文, 田辉伍, 陈大庆, 刘绍平, 段辛斌, 汪登强 (2020) 长江上游中华纹胸鮡遗传多样性及遗传结构研究. *淡水渔业*, 50, 3–11.]

(责任编辑: 高天翔 责任编辑: 李会丽)