

Doi: 10.11840/j.issn.1001-6392.2021.06.004

基于线粒体 COI 序列的矛尾复虾虎鱼 5 个野生群体的遗传多样性分析

祝斐¹, 应博凯², 贾超峰¹, 孟乾¹, 高波¹, 孙瑞健¹, 宋双双²,
徐大凤¹, 卢瑶瑶², 张志伟¹, 陈淑吟¹, 张志勇¹, 陈心²

(1. 江苏省海洋水产研究所, 江苏 南通 226000; 2. 南通大学 生命科学学院实验室, 江苏 南通 226000)

摘要: 由于近年来过度捕捞及滩涂开发, 野生矛尾复虾虎鱼资源量急剧下降。因此, 对我国矛尾复虾虎鱼开展遗传多样性研究, 有利于掌握矛尾复虾虎鱼种质资源现状。本文基于线粒体 COI 序列对大连、如东、连云港、长江口和宁波的 5 个矛尾复虾虎鱼群体开展了遗传多样性研究。结果表明, 5 个群体中共有 17 个单倍型, 在 427 个位点中, 共检测到 15 个变异位点, 其中简约信息位点 11 个, 单独位点 4 个。碱基 A、T、G、C 的平均含量分别为 24.6%、29.6%、20.1%、25.7%。5 个群体的单倍型多样性和核苷酸多样性分别为 0.652 和 0.002 55。野生矛尾复虾虎鱼整体的遗传多样性水平为中等偏下, 宁波群体的遗传多样性最高, 如东群体最低。群体间遗传分化系数 FST 及遗传距离分析表明, 宁波群体与其他群体遗传距离相对较远, 并存在显著的遗传分化; AMOVA 分析表明, 群体内的遗传变异高于群体间变异 (81.45% > 18.55%); 中性检验结果显示, 大连、连云港、长江群体在历史上可能经历过扩张。本研究为野生矛尾复虾虎鱼种质资源保护和合理开发利用提供了理论依据。

关键词: 矛尾复虾虎鱼; 遗传多样性; 线粒体; COI 序列

中图分类号: P735; Q173

文献标识码: A

文章编号: 1001-6932(2021)06-0636-08

Genetic diversity based on the mitochondrial COI gene sequences in five wild populations of *Synechogobius hasta*

ZHU Fei¹, YING Bokai², JIA Chaofeng¹, MENG Qian¹, GAO Bo¹, SUN Ruijian¹, SONG Shuangshuang²,
XU Dafeng¹, LU Yaoyao², ZHANG Zhiwei¹, CHEN Shuyin¹, ZHANG Zhiyong¹, CHEN Xin²

(1. Jiangsu Marine Fisheries Research Institute, Nantong 226000, China;

2. Laboratory of Life Sciences, Nantong University, Nantong 226000, China)

Abstract: Overfishing and coastal development in recent years cause the loss of wild *Synechogobius hasta* population. To study the genetic diversity of different populations of wild *Synechogobius hasta*, five populations from Dalian, Rudong, Lianyungang, Changjiang River Estuary and Ningbo were analyzed by sequencing the mitochondrial cytochrome oxidase subunit I (COI) genes. The results showed that there were 17 haplotypes in 5 populations, and 15 polymorphic sites were detected in 427 bp, including 11 parsimony information sites and 4 single variable sites. The average contents of base A, T, G and C were 24.6%, 29.6%, 20.1% and 25.7%, respectively. The haplotype diversity and nucleotide diversity of the five populations were 0.652 and 0.002 55, respectively. The overall level of genetic diversity is lower than medium. The genetic diversity of Ningbo population is the highest and Rudong population is the lowest. The genetic differentiation index(FST) and genetic distance showed that there was significant genetic differentiation between Ningbo population and other populations, with relatively far genetic distance. AMOVA analysis showed that the genetic variation within populations was higher than that among

收稿日期: 2021-05-06; 修订日期: 2021-06-28

基金项目: 南通市基础科学研究项目 (JC2019058); 江苏省自然科学基金 (BK20181202); 江苏省农业科技自主创新资金 (CX (17)2021); 江苏省农业重大新品种创制项目 (PZCZ201744)

作者简介: 祝斐 (1987—), 博士, 助理研究员。主要从事海水鱼类种质资源开发利用研究。电子邮箱: ebancool@126.com

通讯作者: 陈心, 副教授。电子邮箱: chenxin790523@ntu.edu.cn。陈淑吟, 研究员。电子邮箱: 13862908366@163.com

populations (81.45% > 18.55%). In terms of the negatively selective neutrality test, the results indicated that Dalian, Lianyungang and Changjiang River might have experienced population expansion in history. This study is helpful as a reference for protection of the genetic diversity and breeding of *S. hasta*.

Keywords: *synechogobius hasta*; genetic diversity; mitochondrion; COI sequence

矛尾复虾虎鱼 (*Synechogobius hasta*) 隶属于鲈形目 (*Perciformes*)、虾虎鱼科 (*Gobiidae*)、复虾虎鱼属 (*Synechogobius*), 其具有广温广盐的特点, 在中国、韩国、日本乃至印度尼西亚等沿海地区的浅海海区均有分布 (陈大刚, 1975)。矛尾复虾虎鱼不仅个体大 (最大可长至 500g 以上), 且无肌间刺、味道极其鲜美 (杨海峰等, 2013)。随着近海开发和过度捕捞的加剧, 矛尾复虾虎鱼栖息产卵场受到破坏, 野生资源量急剧减少。为掌握野生矛尾复虾虎鱼种质资源现状, 亟须开展沿海矛尾复虾虎鱼群体的遗传多样性评估。

线粒体 DNA 因其母系遗传、进化速率快且不易发生重组的特点, 已在水产动物种质资源评价及群体遗传结构研究中发挥了重要作用 (陈星等, 2012)。对矛尾复虾虎鱼的研究主要集中在基础生物学 (张家旭等, 2021; 孟宽宽等, 2017) 和苗种繁育 (黄金田等, 2018; 李莉等, 2012) 等方面, 种质资源分析及遗传多样性评价方面的内容仅在早些年有过报道。Song 等 (2010) 研究表明东营、赣榆等地的核苷酸多样性较低, 无高水平遗传多样性, 矛尾复虾虎鱼的资源状况不容乐观。宋娜等 (2011) 对矛尾复虾虎鱼群体遗传多样性的研究结果显示: 其各群体相互混杂, 丹东与天津群体没有各自特有的单倍型序列分支; 此外, 浙江沿海的 4 个地区中只有舟山有少量群体特有的单倍型序列, 该 6 个群体单倍型多样性处于中等水平, 无法维持高水平遗传多样性。本研究采用线粒体 COI 分子标记对长江口、宁波、南通如东、连云港和大连 5 个矛尾复虾虎鱼群体进行遗传多样性分析并探讨其产生不同地理分布格局的原因, 为保证矛尾复虾虎鱼资源的可持续利用和开发提供理论依据。

1 材料与方 法

1.1 材料

矛尾复虾虎鱼于 2019 年 11 月分别购自宁波

(采样海区: 121.70°E, 30.06°N)、长江入海口 (采样海区: 121.73°E, 31.33°N)、如东 (采样海区: 121.45°E, 32.54°N)、连云港 (连云港海鲜批发市场: 119.14°E, 34.84°N) 和大连 (大连海鲜市场: 121.26°E, 38.81°N), 共 5 个野生群体, 每个群体各 30 尾样品 (图 1)。

1.2 方法

1.2.1 样品的制备 将采集到的样品剪取适量尾鳍装入盛有无水乙醇的塑料离心管中并编号, 在 -20 °C 冰箱中保存备用。

1.2.2 样品 DNA 的提取 使用细胞/组织基因 DNA 提取试剂盒 (GK0122 上海捷瑞生物工程有限公司) 提取总 gDNA, 每个样品 50 μL。样品在 1.0% 的琼脂糖凝胶电泳上进行检测, 验证高分子量 DNA 提取的质量。用紫外分光光度计测定 DNA 浓度后, 于 4 °C 下保存备用。

1.2.3 PCR 扩增与测序 用 Premier 5.0 设计一对引物, 上游引物序列 ZF1COIF (aat acc aga cgc ccc tat), 下游引物序列 ZF1/2COIR (gga aga tga acc cca gtg)。PCR 的反应体系为 25 μL: 2.5 μL 10 × PCR buffer, 0.5 μL dNTP Mix, 1 μL Primer ZF2COIF, 1 μL Primer ZF1/2COIR, 0.5 μL Pfu DNA polymerase, 2 μL DNA 模板, 用 ddH₂O 补足至 25 μL (即加入 17.5 μL ddH₂O)。PCR 反应程序如下: 在 95 °C 下预变性 5 min; 在 95 °C 下变性 45 s, 在 50 °C 下退火 45 s, 在 72 °C 下延伸 1 min, 共进行 35 个循环; 最后在 72 °C 下延伸 5 min, PCR 产物于 4 °C 保存。PCR 产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳检测后, 送至上海生工生物工程有限公司进行测序。

1.3 数据处理

测序完成后, 利用 ClustalW 对测序结果进行校对与校正。用 DnaSP 5 (Librado et al, 2009) 计算各群体单倍型数、单倍型多样性、核苷酸多样性、平均核苷酸差异、Tajima's D 值和 Fu's Fs 值。利用 Arlequin 3.5 软件计算两两群体间的遗传分化指数 (FST) (Excoffier et al, 2005), 遗传变异和地理遗传结构分析采用分子方差分析 (Analysis of

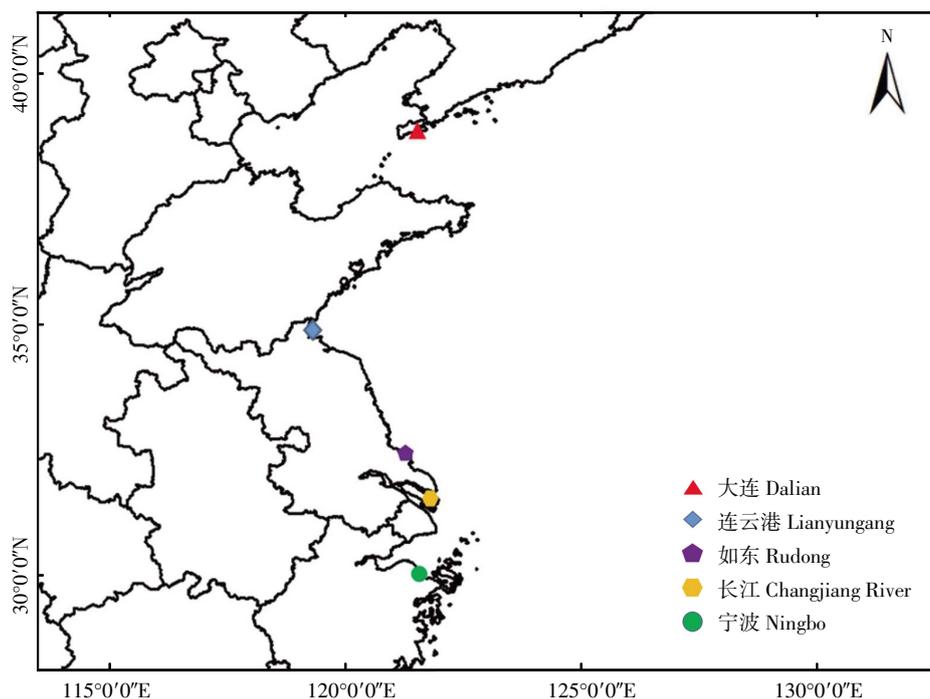


图1 矛尾复虾虎鱼群体的采样地点

molecular variance, AMOVA); 利用 MEGA 5.1 软件 (Tamura et al, 2011) 分析序列的碱基组成, 计算群体内及群体间的遗传距离; 采用邻接法 (Neighbor-Joining, NJ) (Saitou et al, 1987), 并基于 Kimura 2-parameter model 构建矛尾复虾虎鱼单倍型邻接关系进化树 (即绘制 NJ 邻接树), 采用 Bootstrap (重复次数 1000) 检验各分支置信度; 利用 Network 10.2 软件 (Bandelt et al, 1999) 构建单倍型网络及进化关系图。

2 结果

2.1 序列变异分析

利用 NCBI 数据库的 Blast 比对, 确定 COI 的

有效片段为 427bp。这 5 个群体的 427bp COI 片段, 共检测到 15 个变异位点, 占总位点数的 3.51%, 其中简约信息位点 11 个, 单独位点 4 个, 变异均为转换或颠换, 转换明显多于颠换, 没有检测到插入或缺失现象 (表 1)。COI 序列中碱基 A、T、G、C 的平均含量分别为 24.6%、29.6%、20.1%、25.7%, 其中 T 碱基含量最高, G 碱基含量最低。A+T 的平均含量 (54.2%) > C+G 的平均含量 (45.8%), 表明 COI 序列具有 AT 偏好性。

2.2 单倍型在群体中的分布及遗传关系

在 150 尾矛尾复虾虎鱼中共检测出 17 个单倍型, 其中 5 个为共享单倍型, 其余 12 个为独有单倍型。单倍型 Hap2 为 5 个群体的共享单倍型, 出现频次最高, 分布于 86 个样本中, 占总样本数的

表1 矛尾复虾虎鱼线粒体 COI 基因序列变异位点

单倍型	45	54	84	117	144	165	174	210	225	234	252	297	354	381	415	个数
	A	C	G	C	C	G	C	C	A	G	C	T	G	G	C	
Hap1	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	1
Hap2	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	A	*	*	86
Hap3	G	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	A	*	*	4
Hap4	*	*	*	*	*	*	*	T	G	*	*	*	A	*	*	4
Hap5	*	*	A	*	*	*	*	*	*	*	*	*	A	*	*	1
Hap6	*	*	*	*	*	A	*	*	*	*	*	*	A	*	*	1
Hap7	*	*	*	T	*	*	*	*	*	*	*	*	A	*	*	9
Hap8	*	*	*	*	*	*	*	*	*	A	*	*	A	*	*	10
Hap9	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	A	T	*	5

57.33%，这可能是矛尾复虾虎鱼的原始单倍型。5 个群体的单倍型数量：连云港群体有 8 个 (Hap2、Hap7、Hap8、Hap9、Hap10、Hap11、Hap12、Hap13)，数量最多，大连群体有 6 个 (Hap1、Hap2、Hap3、Hap4、Hap5、Hap6)，长江口群体有 6 个 (Hap2、Hap7、Hap8、Hap9、Hap11、Hap14)，宁波群体有 5 个 (Hap2、Hap8、Hap15、Hap16、Hap17)，南通如东群体有 3 个 (Hap2、Hap7、Hap8)，相对最少。利用 Kimura 2-

parameter model 构建 17 个单倍型的 NJ 系统发育树 (图 2)，发现有一明显分支 (由 Hap1、Hap15 构成) 且节点支持率不低。利用 Network 10.2 软件分析单倍型之间的进化关系：5 个群体的单倍型网络分布图呈现一种以 5 个群体的共享单倍型 (Hap2) 为中心的放射状结构；5 个群体中宁波部分群体单倍型和其他四个群体的单倍型基本处于分割状态，表明宁波的部分群体与其他群体存在较大的遗传距离，这与 NJ 系统发育树的结果相一致 (图 3)。

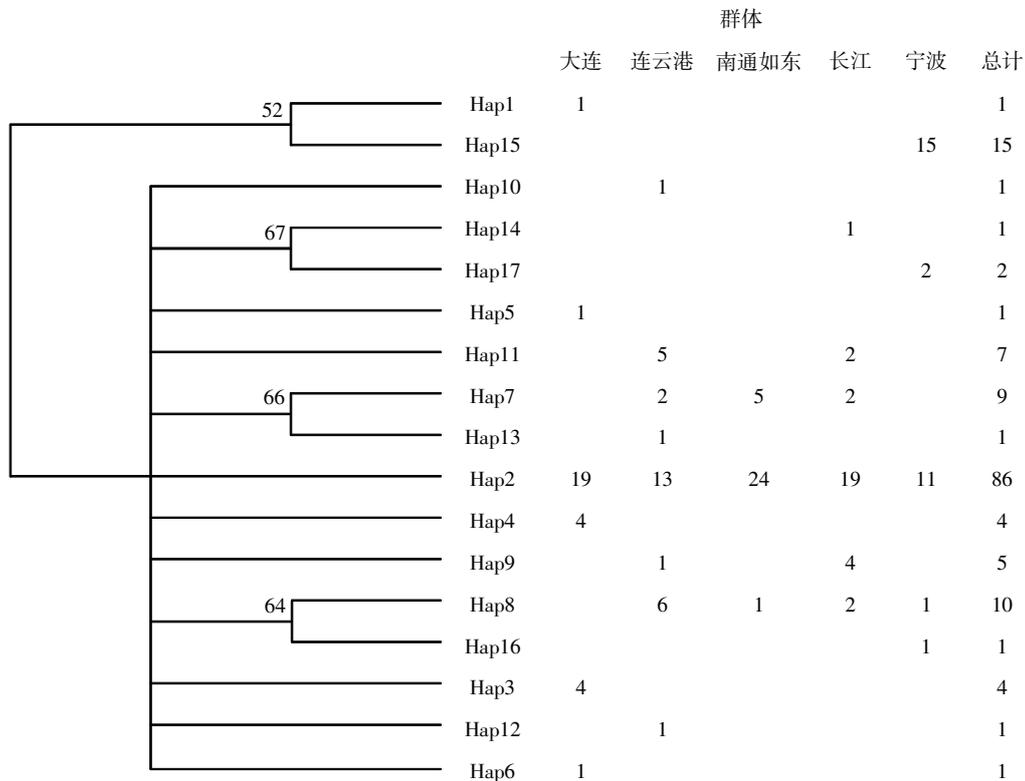


图 2 矛尾复虾虎鱼 17 种单倍型在 5 个群体中的分布及其分子系统树

2.3 群体多样性和遗传结构

各群体的单倍型多样性指数、核苷酸多样性指数等遗传参数指标如表 2 所示。由表可知，各群体的单倍型多样性为 0.343~0.761，各群体核苷酸多样性为 0.000 83~0.003 48，连云港和宁波群体的单倍型多样性较高 (0.761 和 0.630)，长江和大连群体其次 (0.586 和 0.579)，如东群体的单倍型多样性较低 (0.343)；宁波群体的核苷酸多样性指数较高，连云港、大连和长江群体其次，如东群体的核苷酸多样性指数较低。以上结果表明：连云港和宁波群体具有较高的遗传多样性，其次是大连和长江群体，如东群体的遗传多样性较低。

群体间 F_{ST} 分析结果显示，两两群体间的 F_{ST} 值为 0.015 57~0.355 66 (表 3)，宁波群体与其他群体间的遗传分化系数 F_{ST} 相对较大，为 0.278 58~0.355 66，且存在显著差异 ($P < 0.05$)。5 个群体的遗传距离分析显示：群体内遗传距离为 0.000 83~0.003 50，群体内遗传距离最大的为宁波群体 (0.003 50)，遗传距离最小的为如东群体 (0.000 83)；两两群体间的遗传距离为 0.001 27~0.004 17，宁波群体与其他群体间遗传距离均相对较远 (0.003 36~0.004 17)，这与 F_{ST} 分析结果相一致。AMOVA 分析结果表明来自群体内的遗传变异显著高于来自群体间的遗传变异百分比 (表 4)。

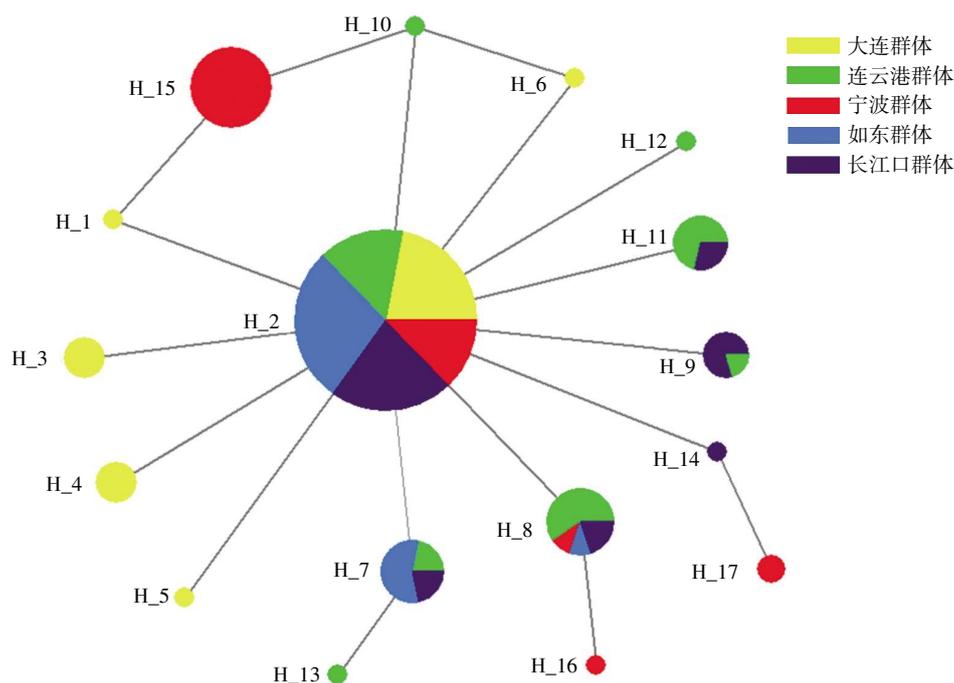


图3 矛尾复虾虎鱼单倍型网络关系图

表2 各群体的单倍型多样性、核苷酸多样性和平均核苷酸差异

群体	单倍型数	单倍型多样性	核苷酸多样性	平均核苷酸差异	Tajima's D	Fu's Fs
大连 DL	6	0.579	0.002 15	0.917	-1.125 37 ^{NS}	-1.911
宁波 NB	5	0.630	0.003 48	1.487	-0.051 18 ^{NS}	0.439
连云港 LYG	8	0.761	0.002 51	1.071	-1.163 28 ^{NS}	-3.670
如东 RD	3	0.343	0.000 83	0.354	-0.611 94 ^{NS}	-0.594
长江 CJ	6	0.586	0.001 62	0.692	-1.232 43 ^{NS}	-2.810
总计	17	0.652	0.002 55	1.088	-1.650 47 ^{NS}	-11.421

注:中性检验显著性分析;NS表示无显著性差异($P < 0.05$)

表3 矛尾复虾虎鱼群体内遗传距离及两两群体间遗传距离和遗传分化系数(FST)

群体	群体间遗传距离及 FST 值					群体内遗传距离
	大连 DL	宁波 NB	连云港 LYG	如东 RD	长江口 CJ	
大连 DL		0.003 96	0.002 58	0.001 65	0.002 04	0.002 16
宁波 NB	0.285 76*		0.004 17	0.003 36	0.003 73	0.003 50
连云港 LYG	0.095 22	0.278 58*		0.001 77	0.002 10	0.002 52
如东 RD	0.091 95	0.355 66*	0.054 01		0.001 27	0.000 83
长江口 CJ	0.071 62	0.313 24*	0.015 57	0.031 5		0.001 62

注:对角线以上为群体间的遗传距离,对角线以下为群体间 FST。“*”表示差异显著($P < 0.05$)

2.4 群体历史动态分析

表2的中性检验结果显示,除宁波群体,其他群体的D值和Fs值均为负,表明检验的结果偏离了中性模式但不显著($P > 0.1$)。总体上说,矛尾复虾虎鱼群体历史上比较稳定,结合核苷酸不配对分析结果与中性检验结果大致吻合,即除了长江和

表4 矛尾复虾虎鱼群体遗传差异的 AMOVA 分析

变异来源	自由度	平方和	方差组分	变异百分比
群体间	4	15.506	0.103 02	18.55%
群体内	145	65.567	0.452 18	81.45%
总数	149	81.073	0.555 2	

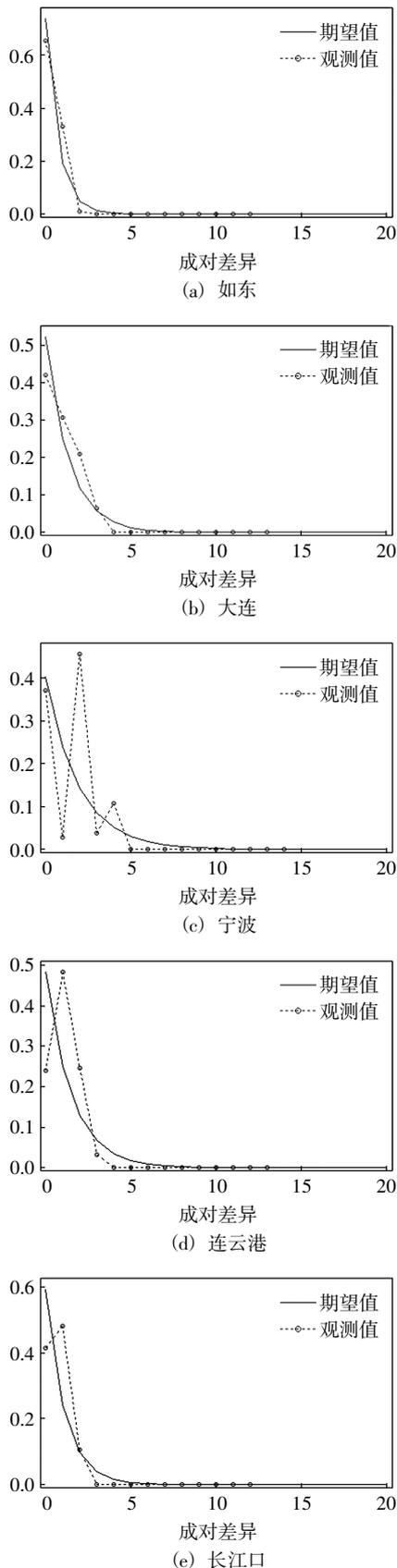


图 5 虾虎鱼核苷酸不配对分布

连云港群体可能有过较小的群体扩张，其他群体均比较稳定。

3 讨论

3.1 群体遗传多样性分析

单倍型多样性和核苷酸多样性作为线粒体标记，是用以衡量遗传多样性的重要指标，单倍型多样性和核苷酸多样性数值与物种的遗传多样性正相关 (Jean-Pierre, 2002)。Grant 等 (1998) 认为单倍型多样性数值高于 0.5、核苷酸多样性大于 0.005 则表明物种的多样性越高，反之越低。本研究中，5 个矛尾复虾虎鱼群体单倍型多样性为 0.343~0.761，各群体核苷酸多样性为 0.000 83~0.003 48，将矛尾复虾虎鱼 5 个群体作为整体，分析结果显示，5 个群体的矛尾复虾虎鱼单倍型多样性平均为 0.652，核苷酸多样性平均为 0.002 55，表明这 5 个群体的遗传多样性处于中等水平，其中宁波群体的遗传多样性略高于其他 4 个群体。宁波沿海属于东海海区，大连海域属于渤海海区，连云港、长江口和如东海域属于黄海海区，Song 等 (2010) 认为东海矛尾复虾虎鱼遗传多样性和遗传分化指数要高于渤海和黄海样本，本研究支持该观点。5 个群体中除了如东群体为低单倍型多样性和低核苷酸多样性类型，其他群体都是高单倍型多样性和低核苷酸多样性类型，核苷酸多样性由于累积时间远大于单倍型多样性，更能反映群体的遗传多样性 (Lan et al, 1993)。这 5 个群体均呈现出核苷酸多样性偏低的情况，其主要原因可能是人类活动使群体扩散以及群体间基因交流受阻导致。如东群体核苷酸多样性结果显示：如东群体近期经历了瓶颈效应，而其他群体的低核苷酸多样性则可能是瓶颈效应后群体迅速扩张的结果。矛尾复虾虎鱼群体这种高单倍型多样性和低核苷酸多样性的现象，在东营、烟台 (孙志成 等, 2020) 和浙江沿海地区 (顾翠平, 2014) 等地虾虎鱼研究中也出现过，且在其他鱼类中也有发现 (李大命 等, 2020; 程清清 等, 2017; 曹洋铭 等, 2020)。研究者们一致认为群体近期可能经历了瓶颈效应，又经历了一个由较小的有效群体快速增长为大群体的过程，也表明了国家对渔业资源的保护政策初见成效。

3.2 虾虎鱼群体遗传分化分析

矛尾复虾虎鱼 5 个群体中, 宁波群体和其他 4 个群体的遗传距离相对较大, 但均小于 0.01。根据 Shaklee 等 (1982) 提出的鱼类在属、种和群体三级水平上遗传距离分别是 0.9、0.30 和 0.05 的分类依据, 虾虎鱼的所有群体均未达到群体的分化标准。宁波群体和其他群体的遗传距离可能和海水中的环境屏障有关。随着鱼类分子系统地理学研究的深入, 发现除了海洋中的物理障碍可以阻止鱼类交流, 温度、海沟等环境屏障也有同样作用 (Liu et al, 2010; Han et al, 2010)。宋娜等 (2011) 对丹东群体和天津群体之间的斑尾复虾虎鱼研究也得出了类似结果, 即某种屏障阻碍了群体间的基因交流, 可以导致群体遗传距离的差异。

遗传分化系数 F_{ST} 是反映群体间遗传分化程度的重要指标 (Allendorf, 1983), F_{ST} 值越高, 遗传分化程度越高。当 F_{ST} 为 0~0.05 时为无分化, 0.05~0.15 为中度分化, 0.15~0.25 为高度分化, 超过 0.25 时则表明存在极大的遗传分化。由表 3 可知宁波群体与其他 4 个群体之间的 F_{ST} 均超过 0.25, 且 $P < 0.05$, 为显著差异, 说明宁波群体与其他 4 个群体间有明显的遗传分化; 其他群体间多为无分化或中度分化且 $P > 0.05$, 差异不显著, 这种现象主要原因与遗传距离差异类似。因宁波与其以北的长江口之间存在某种环境屏障, 而长江口及其以北地区间不存在这种屏障且有洋流的输送作用, 导致长江口群体和宁波群体距离上很近但遗传分化系数偏大、除宁波外的群体距离上不近但遗传分化系数偏小。除如东群体, 其余 4 个群体均存在特有的单倍型, 这表明群体间存在一定的遗传分化, 但总体而言矛尾复虾虎鱼群体间分化程度较低。根据丹东和天津斑尾刺虎鱼遗传多样性研究, 结果显示丹东与天津群体相互混杂, 没有群体特有的单倍型序列分支, 群体分化程度也较低, 与本研究成果相符 (宋娜等, 2011)。

3.3 系统进化分析

在单倍型的 NJ 进化树中, 17 个单倍型被分为 2 个大分支, 宁波的部分群体构成的 Hap15 与只有单个个体的大连的 Hap1 构成一个大分支, 另一个大分支由 5 个群体构成。根据遗传分化系数 F_{ST} , 宁波群体与其他群体间的遗传结构存在高度分化; 宁波群体与其他 4 个群体的遗传距离相对较远, 群

体遗传高度分化且主要的遗传变异来源于群体内, 具有一定的地理差异。

4 结论

本研究通过对矛尾复虾虎鱼的 5 个群体进行遗传多样性分析, 发现只有宁波群体的遗传多样性相对较高, 大连、长江口、连云港这 3 个群体的遗传多样性较低, 如东群体的遗传多样性最低, 矛尾复虾虎鱼的群体资源现状并不乐观, 过度捕捞可能是其遗传多样性偏低的主要原因。整体而言, 我国矛尾复虾虎鱼野生种质资源现状堪忧, 亟须开展相关的保护管理, 鉴于长江口以北沿岸地区的群体未有显著遗传分化, 可在江苏、山东等地开展人工育苗和增殖放流增加虾虎鱼资源量, 修复和改善矛尾复虾虎鱼的栖息环境、严格控制捕捞强度, 从而在不会产生负面遗传效应的前提下提高矛尾复虾虎鱼群体的遗传多样性。

参 考 文 献

- 陈大刚, 1975. 矛尾复虾虎鱼[J]. 水产科技情报, 2: 29-30.
- 陈星, 沈永义, 张亚平, 2012. 线粒体 DNA 在分子进化研究中的应用[J]. 动物学研究, 33(6): 566-573.
- 程清清, 顾钱洪, 方冬冬, 等. 2017. 同域分布两种鲤科鱼类种群遗传结构的比较[J]. 水产学报, 41(8): 1169-1182.
- 曹洋铭, 王丛丛, 徐豪, 等. 2020. 基于线粒体基因标记的中西太平洋鳕群体遗传学分析[J]. 海洋渔业, 42(5): 542-551.
- 顾翠平, 2014. 浙江沿海刺虾虎鱼属 (*Acanthogobius*) 和缟虾虎鱼属 (*Tridentiger*) 分子分类研究[D]. 舟山: 浙江海洋学院.
- 黄金田, 李强, 张明明, 2018. 矛尾复虾虎鱼繁育技术瓶颈浅议[J]. 水产养殖, 39(11): 1-2.
- 李莉, 车升亮, 2012. 矛尾复虾虎鱼室内人工繁育试验[J]. 水产养殖, 33(11): 7-11.
- 李大命, 孙文祥, 2020. 高邮湖大银鱼、太湖新银鱼 *Cytb* 和 *CO I* 基因序列多态性分析[J]. 水产科学, 39(2): 258-264.
- 孟宽宽, 王晶, 张崇良, 等. 2017. 黄河口及其邻近水域矛尾复虾虎鱼渔业生物学特征[J]. 中国水产科学, 24(5): 939-945.
- 宋娜, 宋林, 高天翔, 等. 2011. 斑尾复虾虎鱼群体遗传多样性比较分析[J]. 水产学报, 35(3): 321-326.
- 孙志成, 李亚东, 宋晨雨, 等. 2020. 斑尾刺虾虎鱼和黄鳍刺虾虎鱼的形态学?遗传学比较[J]. 水产学报, 44(8): 1237-1248.
- 杨海峰, 祁宏伟, 罗刚, 2013. 矛尾复虾虎鱼育苗试验[J]. 河北渔业, 5: 31.
- 张家旭, 张云雷, 刘淑德, 等. 2021. 山东近海矛尾复虾虎鱼生物学特征及其季节变化 [J]. 中国海洋大学学报 (自然科学版), 51(7): 122-130.

- ALLENDORF F W, 1983. Isolation, gene flow, and genetic differentiation among populations[J]. *Conservation Genetics*.
- BANDELT H J, 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 16(1):37-48.
- EXCOFFIER L, Laval G, Schneider S, 2005. Arlequin (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis[J]. *Evolutionary bioinformatics online*, 1:47-50.
- WAS G, BOWEN B W, 1998. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation[J]. *Journal of Heredity*, 89(5):415-426.
- HAN Z Q, GAO T X, YANAGIMOTO T, et al. 2010. Deep phylogeographic break among white croaker *Pennahia argentata* (Sciaenidae, Perciformes) populations in North-western Pacific[J]. *Fisheries Science*, 74(4):770-780.
- JEAN-PIERRE F?RAL, 2002. How useful are the genetic markers in attempts to understand and manage marine biodiversity?[J]. *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 268(2):121-145.
- HONG L, SHI L, 1993. The origin and genetic differentiation of native breeds of pigs in southwest China: An approach from mitochondrial DNA polymorphism[J]. *Biochemical Genetics*, 31(1-2):51-60.
- LIBRADO P, ROZAS R, 2009. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. [J]. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 25(11):1451-1452.
- LIU J, GAO T, WU S, et al. 2010. Pleistocene isolation in the Northwestern Pacific marginal seas and limited dispersal in a marine fish, *Chelon haematocheilus* (Temminck & Schlegel, 1845). [J]. *Molecular Ecology*, 16(2):275-288.
- SAITOU N, NEI M, 1987. The Neighbor-Joining Method—a New Method for Reconstructing Phylogenetic Trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4(4):406-425.
- SONG N, ZHANG X M, SUN X F, et al. 2010. Population genetic structure and larval dispersal potential of spottedtail goby *Synechogobius ommaturus* in the north-west Pacific [J]. *Journal of Fish Biology*, 77(2):388-402.
- SHAKLEE J B, TAMARU C S, WAPLES R S, 1982. Speciation and evolution of marine fishes studied by the electrophoretic analysis of protein [J]. *Pacific Science*, 36(2):141-157.
- TAMURA K, PETERSON D, PETERSON N, et al. 2011. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 28(10):2731-2739.

(本文编辑:杨瑞)