

# 微卫星标记分析白斑狗鱼遗传多样性

海萨 杜劲松 孟玮 杨天燕

(新疆水产科学研究所 830000)

**摘要:**为了解我国境内白斑狗鱼(*Esox lucius*)野生群体的遗传多样性现状,利用8对微卫星引物对额尔齐斯河流域185河段、635河段、乌伦古湖及吉力湖4个地理群体的遗传多样性进行了研究。结果显示,8个微卫星位点的平均等位基因数为6.6250,多态信息含量为0.6036~0.6565,可有效用于白斑狗鱼遗传多样性和遗传结构分析。4个群体的平均期望杂合度为0.7126~0.6600,表明我国境内野生白斑狗鱼群体有较高的遗传多样性水平。整个群体的总近交系数为0.2666,少数个体存在近交现象,白斑狗鱼群体有近交倾向。平均分化系数为0.0622,群体间的遗传变异占总群体变异的6.22%,白斑狗鱼各群体间的分化程度不大。群体间的基因流值变化范围为10.0775~3.3606,说明白斑狗鱼不同群体间存在较为广泛的基因交流。

**关键词:**白斑狗鱼;微卫星;遗传多样性

中图分类号:Q953 文献标识码:A 文章编号:0250-3263(2010)06-106-07

## Analysis of Genetic Diversity by Microsatellite Markers in Northern Pike (*Esox lucius*)

HAI Sa DU Jin-Song MENG Wei YANG Tian-Yan

(Institute of Fisheries Science, Xinjiang Uygur Autonomous Region, Urumqi 830000, China)

**Abstract:** To investigate the genetic diversity of *Esox lucius* in China, 8 pairs of microsatellite primers were used to analyze 4 geographical populations (185 reach of Eerqisi River, 635 reach of Eerqisi River, Wulungu Lake and Jili Lake) of *E. lucius*. The results show that the average number of allele is 6.6250 and the polymorphic information content varies between 0.6036 and 0.6565, which can be used for the analysis of genetic diversity and genetic structure effectively. The average expected heterozygosity values of four populations range from 0.7126 to 0.6600, which indicates a higher level of genetic diversity in wild populations. The total inbreeding coefficient of entire populations is 0.2666 and the inbreeding phenomenon exists in a small number of individuals, indicating that there is a tendency toward inbreeding in *E. lucius* populations. The average differentiation coefficient is 0.0622, the genetic variation among populations accounts for 6.22% of the total variation, the differentiation among populations is in a low degree and the values of gene flow among populations range from 10.0775 to 3.3606, indicating a wide gene exchange among *E. lucius* populations.

**Key words:** *Esox lucius*; Microsatellite; Genetic diversity

白斑狗鱼(*Esox lucius*)分布于亚洲、欧洲和北美洲的北极圈的周边地区,约在北纬46°以北<sup>[1]</sup>。20世纪70年代前,我国境内的白斑狗鱼仅分布于额尔齐斯河流域<sup>[2]</sup>,20世纪70年代后,随着“引额齐海”引水渠竣工,白斑狗

基金项目 新疆少数民族特培项目(No. 200923110),国家农业成果转化基金项目(No. 200654118-45-4);

第一作者介绍 海萨,男,高级工程师;研究方向:渔业资源与鱼类养殖;E-mail: bahjan2000@sina.com。

收稿日期:2010-04-30,修回日期:2010-07-07

鱼扩散到乌伦古湖及吉力湖,并形成一定的种群数量。白斑狗鱼是额尔齐斯河流域主要经济鱼类之一,20世纪60年代前白斑狗鱼在额尔齐斯河水系的产量占该河渔获物重量的20%左右,年产量可达120 t,1999年白斑狗鱼产量下降至15 t<sup>[2-3]</sup>,2006年仅为7.5 t左右<sup>[4]</sup>。

微卫星标记(microsatellite)是近几年来发展迅速、应用广泛的分子标记之一<sup>[5]</sup>。在国外白斑狗鱼群体遗传学研究方面已有相关报道,如Miller等<sup>[6]</sup>利用7个微卫星位点分析了Escanaba湖32年间白斑狗鱼有效群体大小的变化,Launey等<sup>[7]</sup>开发5个微卫星标记并分析了法国Molay群体遗传多样性,Jacobsen等<sup>[8]</sup>利用6个微卫星位点分析了欧洲、北美的10个群体的遗传结构与种群历史,Lucentini等<sup>[9]</sup>利用7个微卫星位点分析了意大利境内白斑狗鱼群体的遗传变异。在国内处于空白。

额尔齐斯河流域白斑狗鱼野生群体是我国境内惟一的种质资源库,是开发利用的宝贵原

始材料。野生群体资源量下降,拦河水坝使生境片段化、繁殖条件恶化等问题必定会影响白斑狗鱼遗传群体结构。而我国境内尚未见白斑狗鱼群体遗传学研究相关报道。为了了解我国境内白斑狗鱼群体的遗传多样性和遗传结构,为合理的开发利用和种质资源保护提供科学依据,作者利用第二代分子标记微卫星为手段,对我国境内4个白斑狗鱼群体的遗传多样性和遗传结构进行了研究。

### 1 材料与方法

**1.1 材料及引物** 白斑狗鱼样本2009年9月分别采集于额尔齐斯河185河段(东经48°01',北纬85°32',海拔525 m)、635河段(东经47°14',北纬88°25',海拔415 m),吉力湖(东经46°50',北纬87°26',海拔525 m),乌伦古湖(东经47°17',北纬87°27',海拔530 m)(图1)。每个群体随机采集23尾,活体剪取尾鳍,于95%乙醇保存。

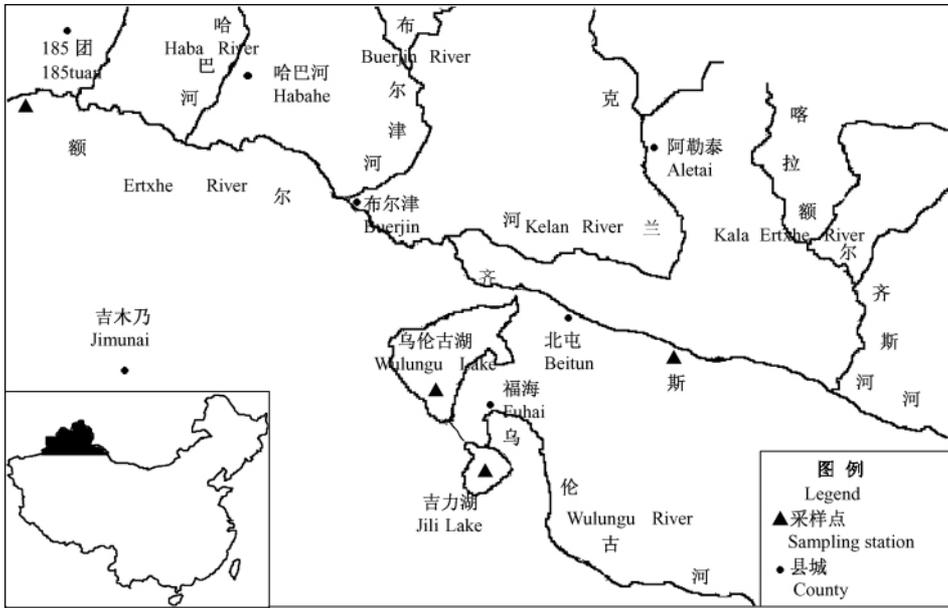


图1 白斑狗鱼采样点示意图

Fig.1 Sampling stations of *Esox lucius*

**1.2 实验方法** 总DNA提取参照梁利群等<sup>[10]</sup>的方法从鳍条中提取。从GenBank中下载白斑狗鱼微卫星序列,Primer Premier 5.0设

计引物,上海生工生物工程公司合成引物,引物序列及退火温度见表1。PCR反应体系为10×PCR buffer 2.0 μl,1.0 mmol/L dNTPs 1.6 μl,

表 1 8 对微卫星位点引物序列及退火温度

Table 1 Primer sequence and annealing temperature for 8 microsatellite loci

座位 Locus	引物序列 (5'-3') Primer sequence	退火温度 (°C) Annealing temperature	重复类型 SSR motif	片段大小 Allele size (bp)
BBGY2	F: TGACCGACATACCGTAAC R: GAGGCTGGATGAAGTGATA	57	(TATC) <sub>8</sub> TAC(CTAC) <sub>9</sub>	279
BBGY3	F: TTCCTAGCCTTCGTACACAG R: AGTAATCTGCTGCTTCTGC	55	(ACAG) <sub>5</sub> AT(AGAT) <sub>9</sub>	233
BBGY4	F: AGGCATCCAGTCCGTATC R: AGGCAGGACAGACCATCA	57	(CTAT) <sub>8</sub>	225
BBGY5	F: ATTCCTCCATTTTGTGTTTGT R: TCATTGCATTCTGTTTCAC	56	(TATC) <sub>8</sub>	170
BBGY6	F: TGTCAGTGTGACTTGCTCC R: GTATTGTCAGCATTTTCAGCTC	59	(TG) <sub>11</sub>	180
BBGY7	F: TCATCAGAAACATGACTGCTTG R: GCACACGGCGATATTATCC	58	(TG) <sub>19</sub>	150
BBGY8	F: TGAAGTCATAGCCACCTGAC R: ATTGAAGCTGCTAATCATCG	55	(TG) <sub>12</sub>	170
BBGY9	F: CTCTATTCCTCTTTGTCTCCATC R: AGAGAGAGGGAGAGGCTGAG	57	(ATCT) <sub>18</sub>	193

10 μmol/L 上下引物各 0.2 μl, DNA 模板 0.8 μl, 2.5 U *Taq* DNA 聚合酶(0.2 μl), 加 ddH<sub>2</sub>O 至 20 μl。PCR 反应条件为 94℃ 预变性 4 min; 29 个循环包括 94℃ 变性 30 s, 退火 30 s, 72℃ 延伸 30 s; 最后 72℃ 延伸 5 min, 4℃ 保存。PCR 产物用 1.5% 琼脂糖凝胶电泳检测, 采用 8% 的非变性聚丙烯酰胺凝胶, 100 V 电压电泳 14 h, 50 bp DNA Ladder marker 为对照, 0.1% 的硝酸银染色, 扫描仪记录结果。

1.3 数据处理 利用 POPGEN 3.2 软件计算等位基因数 (observed alleles number,  $N_a$ )、有效等位基因数 (effective alleles number,  $N_e$ )、等位基因频率 (allele frequency)、观测杂合度 (observed heterozygosity,  $H_o$ )、期望杂合度 (expected heterozygosity,  $H_e$ )、群体内的近交系数 (within population inbreeding coefficient,  $F_{IS}$ )、总近交系数 (total inbreeding coefficient,  $F_{IT}$ )、群体分化系数 (population differentiation coefficient,  $F_{ST}$ ) 和基因流 (gene flow)。根据 Botstein 等<sup>[11]</sup> 的公式借助 Excel 2003 计算多态信息含量 (polymorphism information content, PIC),  $PIC =$

$1 - \sum_{i=1}^n P_i^2 - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n 2 P_i^2 P_j^2$ , 式中  $P_i$ 、 $P_j$  分别表示某一位点上的第  $i$  和  $j$  个等位基因的频率,  $n$  表示某一位点上的等位基因数。

## 2 结果与分析

2.1 遗传多样性分析 微卫星标记分析中有两种多样性指标, 包括等位基因数的丰富度和基于等位基因频率分布的杂合度。基因杂合度、位点的有效等位基因数和多态信息含量之间呈一定的正相关。

Barker<sup>[12]</sup> 研究指出, 在利用微卫星标记进行遗传距离分析时, 要求微卫星标记的等位基因数不少于 4 个, 少于 4 个或没有扩增条带的微卫星标记应该排除。本研究中, 8 个微卫星标记在 4 个群体中单个位点上的等位基因数在 4 到 8 不等, 平均为 6.625 0 (表 2), 这些标记在白斑狗鱼的群体遗传学研究中能提供确切的遗传信息, 可利用这些位点来进行群体间遗传距离分析。引物 BBGY2 在 4 个群体中的微卫星凝胶电泳图谱见图 2。

表 2 白斑狗鱼群体遗传多样性信息表

Table 2 The information of genetic diversity in populations of the *Esox lucius*

微卫星位点 Microsatellite Locus	观测等位基因数 Observed alleles number ( $N_a$ )	有效等位基因数 Effective alleles number ( $N_e$ )	观测杂合度 Observed heterozygosity ( $H_o$ )	期望杂合度 Expected heterozygosity ( $H_E$ )	群体内的近交系数 Within population inbreeding coefficient ( $F_{IS}$ )	群体分化系数 Population differentiation coefficient ( $F_{ST}$ )	总近交系数 Total inbreeding coefficient ( $F_{IT}$ )
BBGY2	6	2.590 4	0.358 7	0.617 3	0.397 9	0.029 7	0.415 8
BBGY3	9	6.144 5	0.413 0	0.841 8	0.449 3	0.104 2	0.506 7
BBGY4	4	3.191 6	0.543 5	0.690 4	0.191 3	0.021 3	0.208 5
BBGY5	7	3.781 9	0.576 1	0.739 6	0.169 1	0.057 5	0.216 8
BBGY6	7	4.157 2	0.391 3	0.763 6	0.391 4	0.153 4	0.484 8
BBGY7	5	2.591 2	0.554 3	0.617 4	0.039 7	0.059 9	0.097 3
BBGY8	9	4.682 7	0.369 6	0.790 7	0.508 2	0.044 5	0.530 1
BBGY9	6	3.199 4	0.989 1	0.691 2	-0.448 9	0.007 0	-0.438 9
平均 Mean	6.625 0	3.792 3	0.524 5	0.719 0	0.218 0	0.062 2	0.266 6

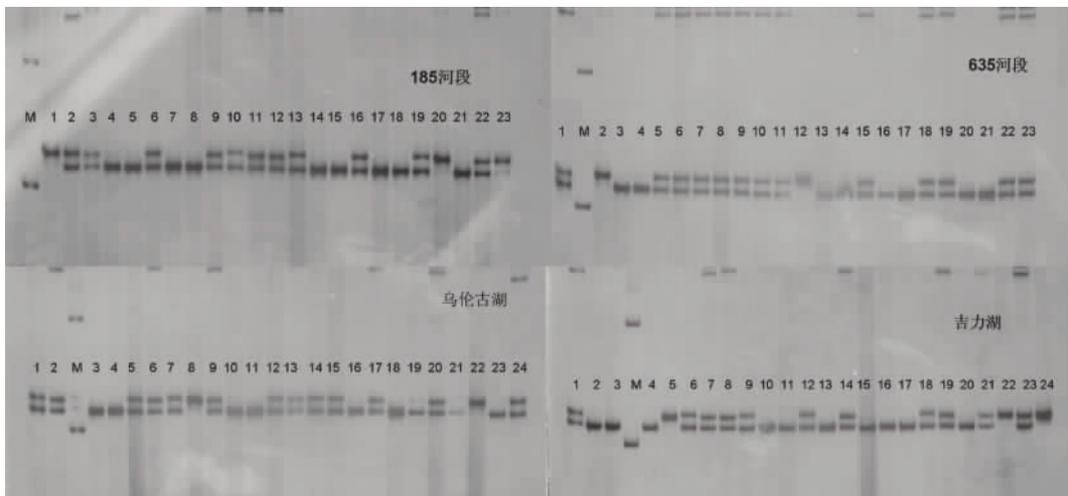


图 2 BBGY2 引物在白斑狗鱼 4 个群体中的扩增结果

Fig. 2 Amplification results of primer BBGY2 in four *Esox lucius* populations

M. 50 bp DNA ladder 分子量标准; 1~24. 白斑狗鱼。M. 50 bp DNA ladder marker; 1~24. *Esox lucius*.

Botstein 等<sup>[11]</sup>提出的衡量基因变异程度高低的多态信息含量指标: 当  $PIC > 0.5$  时, 该基因座为高度多态基因座; 当  $0.25 < PIC < 0.5$  时, 为中度多态基因座; 当  $PIC < 0.25$  时, 则为低度多态基因座。由表 3 可知, 在 4 个白斑狗鱼群体中 8 个微卫星标记显示出高度的多态性 (0.603 6 ~ 0.656 5), 充分说明本研究利用的微卫星标记能够有效地检测白斑狗鱼野生群体遗传多样性变异情况。

杂合度是一个最适合于度量群体变异的参数<sup>[13]</sup>。平均杂合度的大小近似反映出群体遗

传结构变异程度的高低。杂合度越高, 表明该群体的遗传多样性越高; 反之, 说明群体的遗传一致性越高<sup>[14]</sup>。本文 8 个微卫星位点的预期杂合度与 Takezaki 等<sup>[15]</sup>认为微卫星标记计算出的杂合度范围为 0.3 ~ 0.8 相吻合。我国境内白斑狗鱼野生群体在 8 个微卫星位点的期望杂合度的平均值为 0.719 0, 表明有较高的遗传多样性水平。而不同群体的期望杂合度平均值在 0.712 6 ~ 0.660 0, 185 河段群体为最高, 乌兰古湖群体最低 (表 3)。

表 3 4 个白斑狗鱼群体在 8 个微卫星位点上的多态信息含量 (PIC)、观测杂合度 ( $H_o$ ) 和期望杂合度 ( $H_e$ )  
**Table 3 Polymorphism information content (PIC), observed heterozygosity ( $H_o$ ) and expected heterozygosity ( $H_e$ ) of 8 microsatellite loci in four *Esox lucius* populations**

微卫星位点 Microsatellite locus	185 群体 185 Population			635 群体 635 Population			吉力湖群体 Jili Lake population			乌伦古湖群体 Wulungu Lake population		
	PIC	$H_o$	$H_e$	PIC	$H_o$	$H_e$	PIC	$H_o$	$H_e$	PIC	$H_o$	$H_e$
BBGY2	0.547 4	0.260 9	0.596 1	0.597 0	0.434 8	0.644 4	0.563 6	0.521 7	0.649 3	0.498 3	0.217 4	0.545 9
BBGY3	0.816 3	0.521 7	0.854 1	0.801 9	0.521 7	0.842 5	0.679 7	0.391 3	0.725 6	0.560 8	0.217 4	0.644 4
BBGY4	0.586 4	0.478 3	0.646 4	0.656 1	0.565 2	0.727 5	0.645 2	0.652 2	0.708 2	0.605 7	0.478 3	0.665 7
BBGY5	0.718 1	0.739 1	0.775 8	0.689 0	0.695 7	0.747 8	0.736 3	0.478 3	0.790 3	0.475 6	0.391 3	0.520 8
BBGY6	0.797 9	0.521 7	0.840 6	0.689 0	0.260 9	0.502 4	0.420 6	0.173 9	0.463 8	0.777 9	0.608 7	0.822 2
BBGY7	0.415 1	0.608 7	0.517 9	0.415 1	0.608 7	0.517 9	0.665 3	0.565 2	0.729 5	0.529 8	0.434 8	0.595 2
BBGY8	0.732 8	0.434 8	0.776 8	0.746 2	0.391 3	0.795 2	0.675 2	0.347 8	0.730 4	0.716 3	0.304 3	0.770 0
BBGY9	0.638 2	1.000 0	0.692 8	0.648 5	1.000 0	0.699 5	0.633 3	0.956 5	0.683 1	0.664 7	1.000 0	0.715 9
平均 Mean	0.656 5	0.570 7	0.712 6	0.655 4	0.559 8	0.684 7	0.627 4	0.510 9	0.685 0	0.603 6	0.456 5	0.660 0

2.2 遗传结构分析 种群结构分析源于 Wright<sup>[16]</sup>建立的  $F$ -统计方法 ( $F$ -statistica), 用  $F_{IT}$ 、 $F_{ST}$ 、 $F_{IS}$  3 个参数来描述群体内的分化程度, 其中  $F_{ST}$  是检测群体分化程度的重要参数, 目前广泛用于群体遗传结构的研究。根据 Wright<sup>[17]</sup>的意见, 遗传分化指数  $F_{ST}$  若在 0 ~ 0.05 间表示群体间无分化, 0.15 ~ 0.25 间为中度分化, 大于 0.25 表示分化程度非常高。表 2 结果显示, 所有位点的  $F_{ST}$  值范围在 0.007 0 ~ 0.153 4, 平均分化系数为 0.062 2, 群体间的遗传变异占总群体变异的 6.22%, 各群体间的分化程度不大。

近交是指具有亲缘关系个体之间的交配, 近交会增加群体中纯合体的数量, 并使有害等位基因表现出来<sup>[18]</sup>。 $F_{IS}$ 、 $F_{IT}$  分别指亚群内个体之间的近交系数和总群内亚群间近交系数,

它们的取值范围均为 -1 ~ 1。当  $F_{IS}$  和  $F_{IT}$  的值为极显著的正值时, 则表示群体内近交程度较严重, 如果极显著的负值时, 群体内观测杂合度大于期望杂合度, 则表示群体内存在远交<sup>[19-20]</sup>。8 个位点分析白斑狗鱼群体近交系数显示, 群体内的平均近交系数为 0.218 0 (表 2), 白斑狗鱼整个群体的总近交系数为 0.266 6 (表 2), 表明白斑狗鱼群体内发生近交, 表现纯合子出现现象。

基因流是影响群体内部和群体间遗传变异程度的重要因素。Wright<sup>[17]</sup>认为群体间的基因流值若小于 1 ( $N_m < 1$ ), 有限的基因流是促使群体发生遗传分化的主要原因。白斑狗鱼 4 个群体间的基因流值变化范围为 10.077 5 ~ 3.360 6 之间 (表 4), 说明白斑狗鱼不同群体间存在着较为广泛的基因交流。

表 4 不同群体间的基因流值 (上三角) 和  $F_{ST}$  值 (下三角)

Table 4 Gene flow value (upper triangle) and  $F_{st}$  value (lower triangle) among different populations

群体 Population	185 群体 185 Population	635 群体 635 Population	乌伦古湖群体 Wulungu Lake population	吉力湖群体 Jili Lake population
185 群体 185 population		10.077 5	5.500 0	8.865 1
635 群体 635 population	0.024 2		6.974 8	4.342 4
乌伦古湖群体 Wulungu Lake population	0.043 5	0.034 6		3.360 6
吉力湖群体 Jili Lake population	0.027 4	0.054 4	0.069 2	

### 3 讨论

物种面临着不断变化的环境有两种选择,

一是通过进化适应环境, 二是灭绝。物种必须具备一定的遗传多样性才能适应环境变化并进化, 物种遗传多样性的丰富程度受许多因素的

制约,其中进化历史的长短是最重要的因素之一<sup>[21]</sup>。我国境内的白斑狗鱼群体有较高的遗传多样性水平。在西西伯利亚地区和中亚地区曾发现渐新世的狗鱼化石<sup>[22]</sup>,说明白斑狗鱼或祖先物种2 500万年前在西西伯利亚和中亚地区的淡水中就有分布。额尔齐斯河最终汇入位于西西伯利亚的鄂毕河,由此推断,白斑狗鱼在额尔齐斯河有悠久的历史。据 Soulé<sup>[23]</sup>估计,杂合度增加百分之一需要一百万年的时间。白斑狗鱼较高的平均杂合度(0.719 0)也证明了物种在额尔齐斯河流域长期适应进化的结果。同时,物种的迁徙能力和生境的连续性是影响物种遗传多样性水平的另一个主要因素。物种的迁徙降低群体间的遗传分化,并恢复丧失的遗传多样性<sup>[18]</sup>。白斑狗鱼广泛分布于5 410 km长的鄂毕河(自最大支流额尔齐斯河源起算)及大部分支流,历史上鄂毕河流域白斑狗鱼的生境是连续的。虽然20世纪60年代后拦河建坝等人类活动使斋桑泊以上的群体与下游群体隔离开来,但是上游白斑狗鱼群体可能保持了较大的种群数量,从而保留了祖先种群基因库中的遗传多样性水平。本研究结果显示,距离约400 km的185群体和635群体间存在广泛的基因交流( $N_m = 10.0775$ ),证明了白斑狗鱼具有一定的迁徙能力。

群体配对间  $F_{ST}$  表明我国境内白斑狗鱼群体间的遗传分化较小。这主要归因于额尔齐斯河白斑狗鱼群体20世纪70年代后扩散至乌伦古湖和吉力湖,各群体间生境一定程度上是连续的,空间及时间间隔小,各群体间存在着一定的基因流( $N_m \geq 3.3606$ ),可能限制了我国境内的白斑狗鱼群体的分化。

虽然我国境内白斑狗鱼遗传多样性较高,群体间分化指数小,但是群体的近交相关系数  $F_{IS}$  和  $F_{IT}$  值显示,我国境内的白斑狗鱼群体内存在近交现象。这可能与以下几个问题相关。首先,近年来由于额尔齐斯河水位下降,以及不利的繁殖条件和人为过度捕捞,导致白斑狗鱼在额尔齐斯河的年产量下降到历史最低点(7.5 t)<sup>[4]</sup>,种群数量锐减,导致群体内少数个

体出现近交现象。其次,虽然本研究结果显示我国境内白斑狗鱼群体间存在一定的基因流,这可能因为选择压力很大,即使  $N_m$  值大于1也不能代表群体间发生了基因流<sup>[17,24]</sup>。 $N_m$  值大于1可能是过去的基因流,并不能反映现在的实际基因交换情况,除非  $N_m \gg 1$  说明地理距离可能很近或群体间有某种渠道可以发生基因流<sup>[24]</sup>。再次,远交自然群体中存在低速率的近交,这种近交可以除去遗传上有缺陷的个体。近交降低群体的繁殖和生存能力,即使是低速率的近交同样会增加群体灭绝的风险<sup>[13]</sup>。但低速率近交的危害与群体的大小和积累的时间相关。

据 Soulé<sup>[23]</sup>估计,杂合度增加百分之一需要一百万年的时间。但 Miller 等<sup>[6]</sup>的研究结果显示,美国 Escanaba 湖白斑狗鱼群体在32年间丢失了8%的杂合度。Groombridge 等<sup>[25]</sup>的研究结果证明,毛里求斯茶隼(*Falco tinnunculus*)经历单一的瓶颈效应后,在23年间失去了57%杂合度。这些研究结果证明,群体杂合度是物种漫长的进化历史中积累的结果,但群体经历瓶颈效应后,在较短的时间内失去杂合度。种内遗传多样性与群体大小呈正相关<sup>[26]</sup>,而遗传多样性常用多个位点的平均杂合度来表示<sup>[18]</sup>。虽然我国境内白斑狗鱼群体的平均杂合度处于较高的水平,但1967年波赫坦尔明斯柯水库建成后,该水库及上游(哈萨克斯坦境内)白斑狗鱼种群数量锐减,逐渐失去了捕捞意义<sup>[3]</sup>。我国境内额尔齐斯河流域白斑狗鱼产量在1999~2006年短短7年间减产50%。因此,白斑狗鱼种群数量的减少、不利的生存环境等问题必定会影响我国境内白斑狗鱼群体的遗传多样性水平。

## 参 考 文 献

- [1] Берг Л С. Рыбы пресных вод СССР и сопредельных стран. Москва, 1948, ч. 1:1 - 466.
- [2] 任慕莲,郭炎,张人铭,等. 中国额尔齐斯河鱼类资源及渔业. 乌鲁木齐:新疆科技卫生出版社,2002,80 - 87.
- [3] Митрофанов В П. Рыбый Казакстана. Том1: Алма-

- Ата, 1986, 219 - 241.
- [ 4 ] 霍堂斌, 马波, 唐富江, 等. 额尔齐斯河白斑狗鱼的生长模型和生活史类型. *中国水产科学*, 2009, 16(3): 316 - 323.
- [ 5 ] 蒋鹏, 史健全, 张妍, 等. 应用微卫星多态性分析青海湖裸鲤六个野生群体的遗传多样性. *生态学报*, 2009, 29(2): 939 - 945.
- [ 6 ] Miller L M, Kapuscinski A R. Historical analysis of genetic variation reveals low effective population size in a northern pike (*Esox lucius*) population. *Genetics*, 1997, 147: 1249 - 1258.
- [ 7 ] Launey S, Krieg F, Morin J, et al. Five new microsatellite markers for Northern pike (*Esox lucius*). *Molecular Ecology Notes* 2003, 3: 366 - 368.
- [ 8 ] Jacobsen B J, Hansen M M, Loeschke V. Microsatellite DNA analysis of northern pike (*Esox lucius* L.) populations: insights into the genetic structure and demographic history of a genetically depauperate species. *Biological Journal of the Linnean Society*, 2005, 84: 91 - 101.
- [ 9 ] Lucentini L, Palomba A, Lancioni H, et al. Microsatellite polymorphism in Italian populations of northern pike (*Esox lucius* L.). *Fisheries Research*, 2006, 80: 251 - 262.
- [ 10 ] 梁利群, 孙效文, 王鹏, 等. 利用鳍条提取样品总 DNA 初探. *生物技术*, 1994, 4(1): 45 - 46.
- [ 11 ] Botstein D, White R L, Skolnick M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*, 1980, 32(3): 314 - 331.
- [ 12 ] Barker J S F. A global protocol for determining genetic distances among domestic livestock breeds. *Proceeding of the 5<sup>th</sup> World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Ontario: University of Guelph, 1994, 501 - 508.
- [ 13 ] Nei M, Maruyama T, Chakrorty R. The bottleneck effect and genetic variability in populations. *Evolution*, 1975, 29: 1 - 10.
- [ 14 ] 李莉, 孙振兴, 杨树德, 等. 用微卫星标记分析皱纹盘鲍群体的遗传变异. *遗传*, 2006, 28(12): 1549 - 1554.
- [ 15 ] Takezakin N, Nei M. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics*, 1996, 144(1): 389 - 399.
- [ 16 ] Wright S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 1965, 19: 395 - 420.
- [ 17 ] Wright S. *Evolution and the Genetics of Populations*. Chicago: University of Chicago Press, 1977.
- [ 18 ] Frankham R, Briscoe D A. *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge: Cambridge University Press, 2002.
- [ 19 ] 杨泽宇, 苗永旺, 李大林, 等. 德宏水牛微卫星标记分析的群体遗传变异. *动物学研究*, 2007, 28(6): 659 - 663.
- [ 20 ] Weir B S, Cockerham C C. Estimation F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 1984, 38: 1358 - 1370.
- [ 21 ] 薛建华, 卓丽环, 周世良. 黑龙江野生莲遗传多样性及其地理式样. *科学通报*, 2006, 51(3): 299 - 308.
- [ 22 ] Syhevskaya E K. The Genus *Esox* in the Tertiary Deposits of the USSR and Mongolia. Moscow: Nauka, 1974, 221 - 234.
- [ 23 ] Soulé M. Allozyme variation: its determination in space and time// Ayala F J. *Molecular Evolution*. Sunderland: Sinaur Assoc, 1976, 60 - 77.
- [ 24 ] 曲若竹, 侯林, 吕红丽, 等. 群体遗传结构中的基因流. *遗传*, 2004, 26(3): 377 - 382.
- [ 25 ] Groombridge J J, Jones C G, Bruford M W, et al. 'Ghost' alleles of the Mauritius kestrel. *Nature*, 2000, 403: 616.
- [ 26 ] Frankham R. Relationship of genetic variation to population size in wildlife. *Conserv Biol*, 1996, 10: 1500 - 1508.