

新疆 3 种雅罗鱼线粒体 DNA 细胞色素 *b* 序列的差异与系统进化

胡文革^① 段子渊^② 王金富^③ 盛金良^③

(^① 石河子大学生物工程学院 新疆 石河子 832003; ^② 中国科学院遗传与发育生物学研究所 北京 100101;

^③ 石河子大学动物科技学院 新疆 石河子 832003)

摘要: 利用鲤科鱼类线粒体 DNA 细胞色素 *b* 通用引物对分布在新疆的准噶尔雅罗鱼 (*Leuciscus merzbacheri*)、贝加尔雅罗鱼 (*L. baicalensis*) 和高体雅罗鱼 (*L. idus*) 3 个鱼种共 15 尾个体的线粒体 DNA Cyt *b* 部分核苷酸序列进行了测定, 获得 15 条长度为 413 bp 的同源基因序列。同源基因序列分析显示, 在 3 种雅罗鱼 15 条 mtDNA Cyt *b* 基因片段中, A、T、C、G 碱基的平均含量分别是 27.4%、26.7%、17.2%、28.7%, 其中 A + T 含量 (54.1%) 高于 G + C 含量 (45.9%); 共检测到 52 个突变位点, 转换比颠换发生频率高, 转换颠换比值 (*R*) 是 3.5。mtDNA Cyt *b* 的进化速率在 3 种雅罗鱼间表现出不一致性, 贝加尔与高体雅罗鱼、贝加尔与准噶尔雅罗鱼种间遗传距离分别是 0.125 1 和 0.126 1, 保守性较低, 高体与准噶尔雅罗鱼种间的遗传距离是 0.000 7, 高度保守。mtDNA Cyt *b* 分子系统树显示, 在 3 种雅罗鱼中贝加尔雅罗鱼独立成一枝, 高体雅罗鱼和准噶尔雅罗鱼聚成一类。提示了, 在 mtDNA Cyt *b* 分子水平上, 高体雅罗鱼和准噶尔雅罗鱼的亲缘关系十分相近, 贝加尔雅罗鱼与准噶尔雅罗鱼的亲缘关系相距较远。我们对准噶尔、贝加尔和高体雅罗鱼 mtDNA Cyt *b* 方面的研究与陈星玉对其骨骼类型的研究结果相吻合。

关键词: 雅罗鱼 线粒体 DNA Cyt *b* 系统进化 亲缘关系

中图分类号: Q953 文献标识码: A 文章编号: 0250-3263(2005)03-06-06

Divergence and Systematical Evolution of Three *Leuciscus* Species in Xinjiang: Mitochondrial DNA Cytochrome *b* Sequences

HU Wen-Ge^① DUAN Zi-Yuan^② WANG Jin-Fu^③ SHENG Jin-Liang^③

(^① Bio-engineering College, Shihezi University, Xinjiang, Shihezi 832003;

^② Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101;

^③ Animal Science Technique College, Shihezi University, Xinjiang, Shihezi 832003, China)

Abstract: Using the general primers in mtDNA cyt *b* of Cyprinidae fish, we examined partial nucleotide sequences of fish mitochondria DNA (mtDNA) cytochrome *b* region from *Leuciscus merzbacheri*, *L. baicalensis* and *L. idus* in Xinjiang, China. We sequenced 413 bp lengths of homological fragments in the cyt *b* from 15 individuals of the three fish species. The homological fragment analysis showed that the average content of A, T, C, G were 27.4%, 26.7%, 17.2%, and 28.7%, respectively, and A + T content (54.1%) was higher than G + C content (45.9%). A total of 52 mutation spots were tested in 413 homological nucleotides. Transition was higher than transversion, and the ratio between transition and transversion was 3.5. The evolution speed of mtDNA cyt *b* manifests non-identity among three

基金项目: 新疆石河子大学自然科学基金 (No. 8070-822532);

第一作者介绍: 胡文革, 女, 博士研究生, 副教授, 研究方向: 分子遗传与动物育种, E-mail: hhwg-t@163.com.

收稿日期: 2004-09-06, 修回日期: 2005-03-10

Leuciscus. Between *L. baicalensis* and *L. idus*, *L. baicalensis* and *L. merzbacheri*, the genetic distances were 0.125 1 and 0.126 1, respectively, and there were low conservation. The genetic distance between *L. idus* and *L. merzbacheri* was 0.000 7, and there was very high conservation. The phylogenetic tree of mtDNA *cyt b* built with MEGA 2.1 showed that *L. baicalensis* was an independent one, and *L. idus* and *L. merzbacheri* were closer. It is suggested that the relationship between *L. idus* and *L. merzbacheri* is close, and that between *L. baicalensis* and *L. merzbacheri* is far.

Key words : *Leuciscus* species ; Mitochondrial DNA *cyt b* ; Systematical evolution ; Genetic distance

雅罗鱼属 (*Leuciscus*) 鱼类在世界上约有 20 余个种和亚种, 中国现知有 6 个种及亚种, 其中新疆分布有 3 个种及亚种: 准噶尔雅罗鱼 (又名新疆雅罗鱼) (*L. merzbacheri*)、贝加尔雅罗鱼 (*L. baicalensis*) 和高体雅罗鱼 (*L. idus*)^[1, 2]。该属鱼类隶属鲤形目 (Cypriniformes) 鲤科 (Cyprinidae) 雅罗鱼亚科 (*Leuciscinae*)^[1]。在世界地理分布区划上, 准噶尔雅罗鱼是新疆特有鱼类, 仅分布于新疆准噶尔盆地各水系; 高体雅罗鱼、贝加尔雅罗鱼分布在新疆额尔齐斯河水系、北欧及西伯利亚、俄罗斯鄂毕河至科累马河水系^[3]。新疆具有独特的水系及盆地地理分布特点, 这是由长期的地球地质变迁形成。不同水系是鱼类天然的地理隔离, 对研究物种的遗传分化、地理隔离对物种形成的影响很有帮助^[4]。线粒体 DNA 是分子生物学研究中的一个热门领域, 已经成为鱼类进化生物学和群体遗传学研究的重要分子遗传标记。当前对鱼类 mtDNA 研究的热点包括 mtDNA 的信息、结构和功能遗传, mtDNA 在系统进化中的应用, mtDNA 在起源进化及群体分化中的应用, 以及不同生物 mtDNA 的进化等^[5~14]。此前, 我们曾用 4 种限制性内切酶对新疆的 3 种雅罗鱼——准噶尔雅罗鱼、贝加尔雅罗鱼和高体雅罗

鱼进行了 mtDNA D-loop 区部分片段的 PCR 限制性片段长度多态 (PCR-RFLP) 分析, 构建了 3 种鱼的分子系统树, 表明贝加尔雅罗鱼与高体雅罗鱼的亲缘关系近, 准噶尔雅罗鱼与前两种雅罗鱼的亲缘关系远^[15]; 同时又选择了 D-loop 区的部分序列进行序列测定, 进一步分析了地理隔离和物种进化间的关系, 初步揭示出准噶尔雅罗鱼是新疆 3 种雅罗鱼中较古老的鱼种^[16]。在对鱼类 mtDNA 序列分析中, *Cyt b* 基因的结构和功能在 mtDNA 的 13 个蛋白质编码基因中是被了解得最为清楚, 进化速率适中, 且能用一些通用引物扩增, 因而被广泛地用来进行系统进化研究。因此, 本研究拟通过对 mtDNA *Cyt b* 基因的部分序列测定, 进一步阐明新疆地区 3 种雅罗鱼物种间的系统进化关系, 证明准噶尔雅罗鱼在新疆地区雅罗鱼属鱼类的进化中的重要地位, 以期引起人们对准噶尔雅罗鱼物种资源存在的高度重视。

1 材料与方法

1.1 实验材料 研究所用材料为生活在新疆的河流、湖泊中的 3 种野生雅罗鱼。样品采集地及数量见表 1。

表 1 三种野生雅罗鱼的学名、采样地点、数量及在文中的代号

Table 1 Scientific name sampling location number and code of three *Leuciscus* species

学名 Scientific name	采样地点 Sampling location	数量 Number	代号 Code
准噶尔雅罗鱼 <i>Leuciscus merzbacheri</i>	新疆塞里木湖 Sailimu lake group in Xinjiang	3	sz
高体雅罗鱼 <i>L. idus</i>	新疆塞里木湖 Sailimu lake group in Xinjiang	2	sg
贝加尔雅罗鱼 <i>L. baicalensis</i>	新疆塞里木湖 Sailimu lake group in Xinjiang	6	sb
	新疆额尔齐斯河北屯河段 E'rqisi river Beitun group in Xinjiang	4	eb

本研究所采集的准噶尔雅罗鱼系 1984 年自精河(准噶尔盆地的一条水系)贝加尔雅罗鱼和高体雅罗鱼系 1981~1985 年自额尔齐斯河分别人工移植至塞里木湖,经近 20 年的生长适应,现已在塞里木湖自然定居繁育^[15,16]。

将采得的每尾鱼样取新鲜肌肉组织 1~3 g 左右,液氮保存运至实验室, -85℃ 冰箱保存备用。

1.2 基因组 DNA 提取 参照汪永庆等^[17]的方法稍加修改。称取 0.2 g 肌肉组织块(用手术剪刀将组织块尽量剪碎)加 2.5 ml DNA 提取缓冲液(0.4 mol/L NaCl, 10 mmol/L Tris-Cl(pH 8.0), 2 mmol/L EDTA(pH 8.0) 40 μg/ml RNase A]玻璃匀浆器冰预匀浆呈糊状。分装 400 μl/管。每管各加 10% SDS 40 μl,使 SDS 终浓度为 1% 颠倒混匀,然后向各管加 10 mg/ml 蛋白酶 K 17 μl,使蛋白酶 K 终浓度为 400 μg/ml 小心混匀。60℃ 水浴 2 h。取出冷却至室温,每管加 5 mol/L NaCl 400 μl 旋涡混合器混合 30 s。12 000 r/min 离心 30 min 取上清液移入另一离心管中。加 1/10 体积的 3 mol/L NaAc 及等体积的异丙醇,混匀,在 -20℃ 下沉淀 1 h。12 000 r/min 离心 15 min 取沉淀。70% 乙醇洗涤沉淀,12 000 r/min 离心 5 min。室温干燥。加入适量 TE 溶解。-20℃ 保存备用。

1.3 聚合酶链式反应 PCR 扩增用引物为鲤科鱼类线粒体 DNA 细胞色素 *b* 通用引物:L14724: 5'-GACTTGAAAACCACCGTTG-'和 H15149 5'-CCTCAGAAGGATATTTGTCC TC-3'^[10]。引物序列由华美生物工程公司合成。

扩增反应总体积为 50 μl,其中含有 50 ng 的模板 DNA,2.5 U 的 *Taq* DNA 聚合酶,1 × buffer,每种引物浓度分别为 0.2 μmol/L,dNTP 浓度为 100 μmol/L,Mg²⁺ 浓度为 1.5 mmol/L。PCR 扩增反应在 PE PTC-100™ 热循环仪上进行。反应条件为 95℃ 2 min 后进行 36 个循环的 94℃ 30 s,49℃ 30 s,72℃ 1 min,之后,反应于 72℃ 延伸 10 min 4℃ 结束。扩增中同时设立空白对照。2 μl PCR 产物 2% 琼脂糖凝胶检测,余下产物纯化用于测序。

1.4 mtDNA Cyt *b* 序列测定 雅罗鱼 mtDNA Cyt *b* PCR 产物纯化后采用 Perkin-Elmer 公司的

BigDye™ Terminate RR Mix 测序试剂盒在 ABI 377 PRISM™ 全自动 DNA 序列分析仪上用正反两个引物(L14724 和 H15149)分别测序核对。

1.5 序列的比对及分子进化树的构建 用 Chromas、DNAMAN 4.0 软件对所有样品的正、反向序列进行重叠区拼接并辅以人工核对,同源排列并剪除非确定序列得到同源基因序列。用 Kimura-2-parameter 模型分析遗传距离。用 DNAMAN(Dr. Wenyuan Shi)软件分析个体和种间的同源性。用 MEGA 软件 1.02 版本[Kumar S, Tamura K, Nei M, 1993]确定所有样品序列的单倍型,用 MEGA 软件 2.1 版本分析其碱基组成、转换及颠换,用 NJ 法构建分子系统进化树,外群选用鲤鱼 *Cyprinus carpio* 的同源 mtDNA Cyt *b* 序列,序列源自 GenBank 数据库(登陆号:AY347277)。用 Bootstrap(Felsenstein, 1985)方法进行 1 000 次重抽样估计系统树中节点的置信值。

2 结果

2.1 mtDNA Cyt *b* 部分序列的 PCR 扩增结果

从提取的基因组 DNA 中 PCR 扩增得到 489 bp 左右的 mtDNA Cyt *b* 部分序列。扩增结果见图 1。

2.2 mtDNA Cyt *b* 部分序列的测序及分析结果 489 bp 长度的 mtDNA Cyt *b* PCR 扩增产物经测序、校对、拼接后,同源排序得到 3 种雅罗鱼 15 尾个体长 413 bp 的 mtDNA Cyt *b* 同源基因序列。用 MEGA 2.1 软件分析同源序列,在 3 种雅罗鱼 15 尾个体的 mtDNA Cyt *b* 同源基因片段中,A、T、C、G 碱基的平均含量分别是:27.4%、26.7%、17.2%、28.7%,其中 A + T 含量(54.1%)高于 G + C 含量(45.9%);18 处发生了转换(*T_s*),5 处发生了颠换(*T_v*)转换颠换比值(*R*)是 3.5。

对序列单倍型分析的结果是,贝加尔雅罗鱼额尔齐斯河群体 4 尾个体存在 4 种单倍型 Cyt *b*1、Cyt *b*2、Cyt *b*3、Cyt *b*4;贝加尔雅罗鱼塞里木湖群体 6 尾个体存在 3 种单倍型,即 sb1、sb2 合为 1 种单倍型 Cyt *b*5, sb3、sb4、sb5 合为 1 种单倍型 Cyt *b*6, sb6 为 1 种单倍型 Cyt *b*7;高体雅罗鱼 2 尾个体 sg1、sg2 与准噶尔雅罗鱼 2

尾个体 *sz2*、*sz3* 合为 1 种单倍型 Cyt *b8* ,准噶尔雅罗鱼 1 尾个体 *sz1* 为 1 种单倍型 Cyt *b9*。即

15 条序列存在 9 种单倍型(表 2)。在 413 个核苷酸中检测到 52 个突变位点。

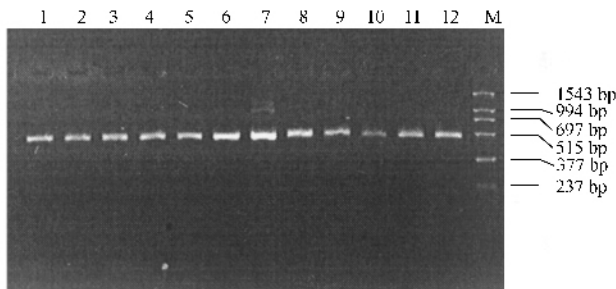


图 1 3 种雅罗鱼 mtDNA Cyt *b* 部分片段的 PCR 产物

Fig. 1 PCR products for mtDNA Cyt *b* of three *Leuciscus* species

1 ~ 12 mtDNA Cyt *b* PCR products ; M PCR marker

表 2 用 3 种雅罗鱼 15 条 mtDNA Cyt *b* 部分序列的序列差异定义的单倍型

Table 2 Haploid-types from part sequences divergence of mtDNA Cyt *b* of fifteen samples of three *Leuciscus* species

	111111	1111222222	2222222223	3333333333	34
	1234444557	8899011234	7789001222	3445678990	0002344557 70
	9813456286	5847925438	2519584369	2146270571	3478069580 10
Cyt <i>b1</i>	AGCTGCTCAA	TCAAACGGAG	TAGACGGCTG	TAAAACCTAT	GCCCTTGAGT CT
Cyt <i>b2</i>	...C...T..	C.....	C.....T...
Cyt <i>b3</i>	...C.....	C.....T...
Cyt <i>b4</i>	...C.....	C.G.....	C.....T...
Cyt <i>b5</i>	...C.....	C.....	C.....T...
Cyt <i>b6</i>	C.....T...
Cyt <i>b7</i>	C.....A	CG.....T...
Cyt <i>b8</i>	GAGCATCTGG	CT.GGA.AG.	GGAGTAATGA	.GGGGTGAGC	ATTGGATGAG TC
Cyt <i>b9</i>	GAGCATCTGG	CT.GGAAAG.	GGAGTAATGA	.GGGGTGAGC	ATTGGATGAG TC

2.3 mtDNA Cyt *b* 部分序列的遗传距离 用 Kimura-2-parameter 模型分析的遗传距离见表 3。遗传距离在 3 种雅罗鱼的不同种间表现差异大,高体雅罗鱼与准噶尔雅罗鱼种间表现最低,仅 0.000 7 而贝加尔雅罗鱼与高体雅罗鱼、贝加尔雅罗鱼与准噶尔雅罗鱼种间分别为 0.125 1、0.126 1。

2.4 基于 mtDNA Cyt *b* 部分序列的系统进化关系 用 MEGA 软件中的 NJ 法构建分子系统树,重抽样估计系统树中结点的置信度(图 2)。3 种雅罗鱼的所有个体被分成两枝,贝加尔雅罗鱼两个群体的所有个体聚成一枝,高体雅罗

表 3 3 种雅罗鱼 mtDNA Cyt *b* 核苷酸序列遗传距离比较

Table 3 Genetic distance of nucleotide in *Leuciscus* mtDNA Cyt *b*

种群 Species groups	遗传距离 Genetic distance
贝加尔雅罗鱼与高体雅罗鱼 <i>L. baicalensis-L. idus</i>	0.125 1
贝加尔雅罗鱼与准噶尔雅罗鱼 <i>L. baicalensis-L. merzbacheri</i>	0.126 1
高体雅罗鱼与准噶尔雅罗鱼 <i>L. idus-L. merzbacheri</i>	0.000 7

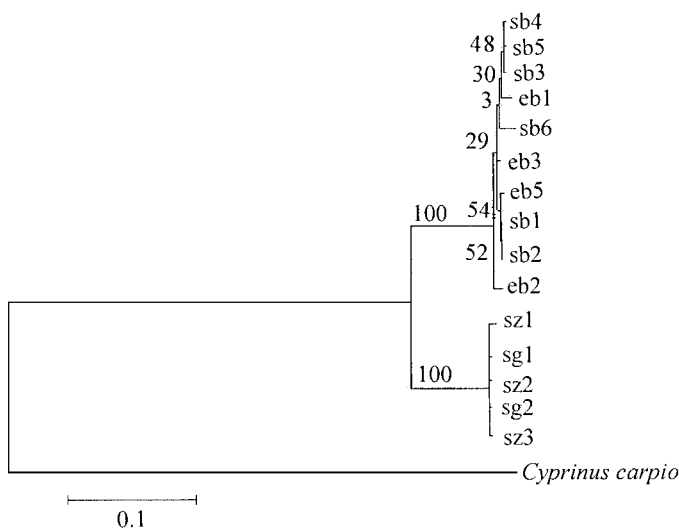


图 2 3 种雅罗鱼 mtDNA Cyt b 的 NJ 分子系统树

Fig.2 mtDNA Cyt b Neighbor-joining phylogenetic tree of three *Leuciscus*

鱼和准噶尔雅罗鱼聚成一枝,在图中看不出高体雅罗鱼与准噶尔雅罗鱼的种间差别。

3 讨论

不同脊椎动物线粒体相应基因序列的比较显示,mtDNA 在种间一般控制区的进化速率最快,是整个线粒体基因组序列和长度变异最大的区域,而细胞色素 *b* 基因序列进化较慢,比较保守^[18]。我们用鲤科鱼类通用引物扩增的 mtDNA Cyt *b* 部分序列在贝加尔雅罗鱼与高体雅罗鱼种间、贝加尔雅罗鱼与准噶尔雅罗鱼种间、高体雅罗鱼与准噶尔雅罗鱼种间的遗传距离分别是 0.125 1、0.126 1、0.000 7,表明 mtDNA Cyt *b* 的部分序列在准噶尔雅罗鱼和高体雅罗鱼两种鱼种间高度保守、进化速率不大,而贝加尔雅罗鱼与高体雅罗鱼种间、贝加尔雅罗鱼与准噶尔雅罗鱼种间的序列差异比较大,进化速率较大,保守性较小。在 mtDNA Cyt *b* 基因水平上 3 种雅罗鱼的保守性和进化速率表现出不一致性,符合文献中提到的脊椎动物 mtDNA Cyt *b* 种间进化速率较慢、且比较保守的仅限于高体雅罗鱼与准噶尔雅罗鱼种间,而在贝加尔雅罗鱼与高体雅罗鱼种间、贝加尔雅罗鱼与准噶尔雅罗鱼种间则不很保守、进化较快。我们曾用线粒体

DNA 控制区部分序列研究分析了这 3 种雅罗鱼的核苷酸序列差异,贝加尔雅罗鱼与高体雅罗鱼种间、贝加尔雅罗鱼与准噶尔雅罗鱼种间、高体雅罗鱼与准噶尔雅罗鱼种间差异分别是 0.063 9、0.098 9、0.096 8,高体雅罗鱼与准噶尔雅罗鱼种间线粒体 DNA 控制区序列差异大、保守性较低,而贝加尔雅罗鱼与高体雅罗鱼种间序列差异最小、保守性相对较大^[16]。因此比较 3 种雅罗鱼 mtDNA Cyt *b* 与 d-loop 区的序列分析结果,3 种雅罗鱼种间在 mtDNA 的 Cyt *b* 基因和 d-loop 基因两个水平上也表现出不一致性,高体雅罗鱼与准噶尔雅罗鱼种间相对于其它两个种间在 Cyt *b* 水平上高度保守,进化慢(遗传距离 0.000 7),在 d-loop 水平上进化快(序列差异为 0.096 8);贝加尔雅罗鱼与高体雅罗鱼种间相对于其它两个种间在 Cyt *b* 水平上进化快而不很保守,在 d-loop 水平上却相对进化慢而保守。因此在这 3 种雅罗鱼中还不能说是控制区进化快还是细胞色素 *b* 进化快,不同种间存在差别。

NJ 法构建的 3 种雅罗鱼的 mtDNA Cyt *b* 分子系统树显示,准噶尔雅罗鱼与高体雅罗鱼有最大的亲缘关系,在树中已经分不出是两个种,它们在 mtDNA Cyt *b* 基因序列结构上有最大的

相似性。贝加尔雅罗鱼独立出一枝,与另两种鱼的亲缘关系远。陈宜瑜等^[1]的研究表明,准噶尔雅罗鱼现仅分布在新疆的准噶尔盆地,为我国新疆特有种;贝加尔雅罗鱼现分布在新疆额尔齐斯河水系,俄罗斯鄂毕河至科累马河水系,高体雅罗鱼分布在我国新疆的额尔齐斯河水系,国外见于北欧及西伯利亚。准噶尔盆地位于世界淡水鱼类地理分区的全北区中亚亚区的准噶尔分区^[3],四周高山阻隔,中央为我国第二大沙漠——古尔班通古特大沙漠。额尔齐斯河位于世界淡水鱼类地理分区全北区围极亚区中的西伯利亚分区,是我国惟一条注入北冰洋水系的国际性外流河,其南缘东西两侧有海拔 3 000 m 以上的北塔山和塔尔巴哈台山,中间为海拔约 1 000 m 的山陵与准噶尔盆地相邻^[3]。鱼类的现代分布一般都经过了相当长的历史发展过程,地壳运动、气候变迁等因素都会影响其分布,分布区的地理隔离是新种产生的重要条件。在 mtDNA Cyt *b* 分子系统树中,贝加尔雅罗鱼分出一枝,这与分布区的地理隔离相一致,而准噶尔雅罗鱼与高体雅罗鱼合并为一枝与现在的地理分布区不一致。我们曾对这 3 种雅罗鱼的 mtDNA d-loop 区部分序列用 NJ 法建树分析了种间的亲缘关系,初步得出结论西伯利亚区中的贝加尔雅罗鱼、高体雅罗鱼没有准噶尔雅罗鱼古老,可能是由准噶尔盆地的准噶尔雅罗鱼进化而来,由于地理屏障隔离演化成了新的物种^[16]。结合 mtDNA Cyt *b* 和 d-loop 区 NJ 分子系统树分析结果,可以得出一个推测,在 3 种鱼中,贝加尔雅罗鱼最先分化出去,高体雅罗鱼可能是在后来的一些事件中晚些时候才从准噶尔雅罗鱼分化出来。

生物的骨骼结构特征是形态解剖特征之一,而形态特征一直是系统发育与进化研究的主要数据来源,也是生物体内遗传特性的表型体现。陈星玉^[19]研究了我国产雅罗鱼亚科 13 属 17 种的脑颅、脊柱及附肢骨骼指出,雅罗鱼属中存在两种骨骼类型,即圆腹雅罗鱼型(*L. idus* pattern)和瓦氏雅罗鱼型(*L. waleckii* pattern)。圆腹雅罗鱼型如圆腹雅罗鱼(即高体雅罗鱼)和准噶尔雅

罗鱼,瓦氏雅罗鱼型如瓦氏雅罗鱼和贝加尔雅罗鱼。在陈星玉的研究中,准噶尔雅罗鱼和高体雅罗鱼的骨骼系统在脑颅、脊柱及附肢骨骼结构上完全相同,贝加尔雅罗鱼则有完全不同的骨骼结构,这也为本文的研究结果提供了一个有利的形态学上的证据。当然,准噶尔雅罗鱼和高体雅罗鱼脑颅、脊柱及附肢骨骼的相同与这两种鱼 mtDNA Cyt *b* 的高度相似之间是否相关,这还需更深入的研究。

参 考 文 献

- [1] 陈宜瑜等著. 中国动物志 硬骨鱼纲 鲤形目(中卷). 北京: 科学出版社, 1998.
- [2] 中国科学院动物研究所, 中国科学院新疆生物土壤沙漠研究所, 新疆维吾尔自治区水产所编著. 新疆鱼类志. 乌鲁木齐: 新疆人民出版社出版, 1979.
- [3] 李思忠著. 中国淡水鱼类的分布区划. 北京: 科学出版社, 1981.
- [4] 肖武汉, 张亚平. 鱼类线粒体 DNA 的遗传与进化. 水生生物学报, 2000, 24(4): 384 ~ 391.
- [5] 郭新红, 刘少军, 刘巧等. 鱼类线粒体 DNA 研究新进展. 遗传学报, 2004, 31(9): 983 ~ 1 000.
- [6] 郑冰蓉, 张亚平, 肖衡等. 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.
- [7] 彭作刚, 何舜平, 张耀光. 细胞色素 *b* 基因序列变异与东亚鲮科鱼类系统发育. 自然科学进展, 2002, 12(6): 596 ~ 600.
- [8] 叶星, 白俊杰, 劳海华等. 草鱼线粒体细胞色素 *b* 基因的克隆与序列分析. 中国水产科学, 2002, 9(3): 193 ~ 197.
- [9] 牛屹东, 李明, 魏辅文等. 线粒体 DNA 用作分子标记的可靠性和研究前景. 遗传, 2001, 23(6): 593 ~ 598.
- [10] 孔庆鹏, 罗静, 黄顺友等. 从线粒体细胞色素 *b* 探讨长臀鲃属三个种分类与进化的关系. 遗传, 2000, 22(6): 379 ~ 384.
- [11] Arnold M L. Natural hybridization as an evolutionary process. *Annu Rev Ecol Syst*, 1992, 23: 237 ~ 261.
- [12] Avise J C. Molecular Markers, Natural History and Evolution. London: Chapman & Hall, New York, 1994: 511.
- [13] Arnold M L. Natural hybridization as an evolutionary process. *Annu Rev Ecol Syst*, 1992, 23: 237 ~ 261.
- [14] Avise J C, Amokl J, Ball R M. Intraspecific phylogeography: the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. *Ann Rev Ecol Syst*, 1987, 18: 489 ~ 522.
- [15] 胡文革, 王金富, 盛金良等. 新疆三种雅罗鱼属鱼类 mtDNA D-loop 多态性及起源分化分析. 遗传, 2003, 25(4): 414 ~ 418.
- [16] 胡文革, 段子渊, 王金富等. 新疆 3 种雅罗鱼线粒体 DNA 控制区序列的差异和系统进化关系. 遗传学报, 2004, 31(9): 970 ~ 975.
- [17] 汪永庆, 王新国, 徐来祥等. 一种动物基因组 DNA 提取方法的改进. 动物学杂志, 2001, 36(1): 27 ~ 29.
- [18] 黄原著. 分子系统学——原理、方法及应用. 北京: 中国农业出版社, 1998.
- [19] 陈星玉. 中国雅罗鱼亚科的骨骼系统及其分类学意义(鲤形目 鲤科). 动物分类学报, 1987, 12(3): 311 ~ 322.