

长江中下游通江湖泊褶纹冠蚌遗传多样性*

谢玲莉¹, 姜敏¹, 王生², 刘湘蓉³, 问露洁¹, 尹登花¹, 刘滕滕¹, 姜潮^{1,4}, 刘凯^{1,4**}

(1: 中国水产科学研究院淡水渔业研究中心, 农业农村部淡水渔业和种质资源利用重点实验室, 无锡 214081)

(2: 江西省水生生物保护救助中心, 南昌 330096)

(3: 湖南省水产研究所(湖南省水产原种场), 长沙 410153)

(4: 南京农业大学, 无锡渔业学院, 无锡 214081)

摘要: 为探究长江中下游通江湖泊褶纹冠蚌遗传多样性特征, 本研究利用线粒体 *Cytb* 和 *cox1* 基因序列, 解析了石臼湖(SJ)、七里湖(QL)、鄱阳湖(PY)和洞庭湖(DT)4个通江湖泊褶纹冠蚌群体的遗传多样性及遗传结构。结果显示, 在4个群体共鉴定出90个 *cox1* 和42个 *Cytb* 单倍型; 单倍型和核苷酸多样性分别为: *cox1*(0.951, 0.03310)和 *Cytb*(0.855, 0.02118), 其中褶纹冠蚌DT群体单倍型和核苷酸多样性最高; 遗传分化指数和基因流分析显示SJ与DT、PY群体间存在显著的遗传分化($P < 0.01$), 与QL群体间无显著遗传分化, 且群体分子方差分析显示遗传变异主要源于群体内(*cox1*: 78.01%; *Cytb*: 83.23%)。中性检测和核苷酸错配分析表明, SJ和QL的褶纹冠蚌种群在近代历史上经历种群扩张事件, PY和DT群体未检测到扩张信号; 单倍型网络与进化树皆显示群体间存在基因交流。结果表明, 4个通江湖泊褶纹冠蚌群体总体遗传多样性丰富, 群体间存在广泛的基因交流和显著的遗传分化, 且遗传变异主要源于群体内, 遗传结构特征主要受到湖泊体量差异、支流水系规模、地理距离等区域性因素影响。研究结果为理解长江中下游淡水贝类遗传多样性形成机制及制定湖泊生态系统层面的保护管理策略提供了科学依据。

关键词: 褶纹冠蚌; 通江湖泊; 遗传多样性; *Cytb* 基因; *cox1* 基因¹

Genetic diversity of the *Cristaria plicata* in the river-connected lakes along the middle and lower reaches of the Yangtze River*

Xie Lingli¹, Jiang Min¹, Wang Sheng², Wen Lujie¹, Yin Denghua¹, Liu Xiangrong³, Liu Tengting¹, Jiang Chao^{1,4}, Liu Kai^{1,4**}

(1: Key Laboratory of Freshwater Fisheries and Germplasm Resources Utilization, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Freshwater Fisheries Research Center, Chinese Academy of Fishery Sciences, Jiangsu Wuxi 214081, P.R.China)

(2: Aquatic Conservation and Rescue Center of Jiangxi Province, Jiangxi Nanchang 330096, P.R.China)

(3: Hunan Fisheries Research Institute and Aquatic Products Seed Stock Station, Hunan Changsha 410153, P.R.China)

(4: Department of Wuxi Fisheries, Nanjing Agricultural University, Jiangsu Wuxi 214081, P.R.China)

Abstract:

* 2025-8-29 收稿日期; 2025-11-17 收稿修稿。

安徽省重点水域水生生物资源监测(2023AHNYC016XQ)、中国水产科学研究院中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金(2023TD11)和鄱阳湖水生生物资源监测联合资助。

**通信作者; E-mail: liuk@ffrc.cn。

Freshwater mussels play a vital role in maintaining aquatic ecosystem stability and are effective bioindicators of environmental change. In the Yangtze River Basin, mussel populations have experienced significant declines due to habitat degradation, hydrological alterations, and human disturbances. Understanding the genetic diversity and population structure of dominant species such as *Cristaria plicata* is crucial for evaluating their adaptive potential and guiding conservation strategies. In this study, mitochondrial *cox1* and *Cytb* genes were used to assess the genetic diversity and population structure of *C. plicata* from four representative river-connected lakes in the middle and lower Yangtze River Basin: Shijiu Lake (SJ), Qili Lake (QL), Poyang Lake (PY), and Dongting Lake (DT). A total of 120 individuals were collected across hydrologically connected sites, and 90 *cox1* and 42 *Cytb* haplotypes were identified. Haplotype diversity (H_d) and nucleotide diversity (π) were high (*cox1*: $H_d = 0.951$, $\pi = 0.03310$; *Cytb*: $H_d = 0.855$, $\pi = 0.02118$), with the DT population showing the highest diversity. Pairwise F_{st} and AMOVA analyses revealed significant genetic differentiation between SJ and the DT and PY populations ($P < 0.01$), but not between SJ and QL, and most genetic variation occurred within populations (*cox1*: 78.01%; *Cytb*: 83.23%). Neutrality and mismatch distribution tests indicated recent population expansion in SJ and QL, while PY and DT populations appeared relatively stable. The haplotype network and phylogenetic tree suggested partial gene exchange among lakes but also revealed region-specific lineages shaped by limited connectivity. Overall, *C. plicata* populations in the four lakes exhibited a characteristic “high H_d –low π ” pattern, implying historical bottlenecks followed by expansion. Interestingly, smaller lakes (SJ and QL) contained more haplotypes than larger lakes (PY and DT). This pattern likely results from stochastic genetic drift, bottleneck recovery, and microhabitat heterogeneity in small, semi-isolated systems, where periodic hydrological isolation and reconnection alter gene frequencies. In contrast, large lakes with greater hydrological connectivity, habitat diversity, and abundant host fish resources maintain higher overall genetic variation through continuous gene flow. The observed spatial differences demonstrate that lake size, water connectivity, and ecological heterogeneity are the principal drivers of genetic diversity and population structure in *C. plicata*. Anthropogenic disturbances and hydrological fragmentation further exacerbate local genetic differentiation, particularly in smaller lakes. In conclusion, this study provides comprehensive evidence that *C. plicata* populations in the Yangtze River lake–river system maintain high genetic diversity but exhibit spatially structured genetic patterns shaped by hydrological connectivity and lake characteristics. Preserving ecological connectivity, protecting host fish resources, and reducing habitat fragmentation are essential for maintaining genetic variation and ensuring the long-term stability of freshwater mussel populations in the Yangtze Basin.

Keywords: *Cristaria plicata*; Yangtze-connected lakes; genetic diversity; *Cytb*; *cox1*

褶纹冠蚌(*Cristaria plicata*), 隶属于软体动物门(Mollusca)、双壳纲(Bivalvia)、蚌科(Unionidae), 是中国淡水生态系统中的重要物种之一。作为一种广泛分布于中国长江、珠江流域以及东南亚等地区的大型淡水双壳类, 其具有重要的生态、经济和文化价值^[1-2]。褶纹冠蚌不仅在水体净化、底栖生态系统稳定性维持等方面发挥关键作用^[3], 同时在珍珠养殖业中也占据重要地位, 是我国的重要种质资源。然而, 受水环境污染、极端气候频发、涉渔工程建设和过度捕捞等多重压力影响, 其野生种群资源已呈现衰退趋势。通江湖泊是淡水生态系统中的重要组成部分, 凭借其独特的生态水文特征, 为水生生物提供了重要栖息地^[4]。自 2021 年 1 月 1 日起, 长江干流、鄱阳湖与洞庭湖等大型通江湖泊实行全面禁止生产性捕捞政策。该政策不仅有效降低水生动物的捕捞压力, 也可能通过恢复鱼类资源、提升蚌类宿主密度等途径, 间接影响双壳贝类的种群动态和遗传结构^[5]。因此, 研究长江通江湖泊群体的遗传多样性及其遗传分化, 有助于理解该区域的种群动态, 也为制定有效的保护策略提供科学依据。

遗传多样性是评估物种适应能力、生态功能及长期存续的重要指标^[6]。通过分析种群遗传结构, 可以揭示遗传资源现状及种群动态, 为制定保护和可持续利用策略提供科学依据。近年来, 线粒体 DNA 由于其遗传结构相对简单、变异率高、母系遗传的特点, 广泛应用于双壳类的遗传多样性和种群结构研究。其中, 线粒体 *Cytb* 和 *cox1* 基因因其较高的变异性和进化稳定性, 被认为是理想的分子标记。这些基因不仅在揭示物种间和种群间的遗传分化方面表现出显著优势^[7], 同时也广泛用于系统发育^[8]、物种鉴定^[9]和历史群体动态分析^[10]。如钉螺(*Oncomelania hupensis*)的遗传变异程度及分布^[11]、中国养殖区与日本原产地虾夷扇贝(*Patinopekten yessoensis*)群体的种质状况评估^[12]、闽江不同河段河蚬的形态学及遗传多样性比较分析^[13]、倒刺鲃属鱼类的系统分类研究^[14]。

近年来, 关于褶纹冠蚌的种质资源研究相对较少, 目前仅有 2010 年报道了其线粒体基因组序列^[15], 以及 2009 年基于单一线粒体标记(*cox1*)对其在长江中下游区域(包括鄱阳湖、洞庭湖、巢湖等 10 个群体)的种群遗传结构进行了初步分析^[16]。遗传多样性作为种群适应环境变化和维持生态功能的基石, 其空间格局与动态历史直接关乎物种的长期存续能力, 厘清褶纹冠蚌种群的遗传资源现状, 对评估其近交风险、基因流阻断效应及适应性潜力具有紧迫意义。本研究通过整合长江流域 4 个通江湖泊的褶纹冠蚌样本, 结合线粒体 *Cytb* 和 *cox1* 基因, 旨在分析褶纹冠蚌种群在不同地理区域的遗传多样性水平, 探究种群之

间的遗传分化和基因流动状况,评估其种群动态历史。研究成果不仅可补充该物种线粒体遗传资源研究,也为制定长江流域蚌类遗传多样性保护策略的制定提供理论支撑,对区域水生生物资源的可持续发展具有重要指导意义。

1 材料与方法

1.1 实验动物

褶纹冠蚌采自4个通江湖泊:七里湖(QL,安徽安庆)、石白湖(SJ,安徽当涂)、鄱阳湖(PY,江西九江)、洞庭湖(DT,湖南岳阳),共计120只,样本采集信息见图1,群体具体表型信息详见表1。采样点位均设置在湖区通江口,七里湖 116°56'23.28"-116°57'25.01"E, 30°30'15.32"-30°30'26.38"N, 石白湖 118°44'26.54"-118°48'22.90"E, 31°29'51.08"-31°28'19.65"N, 鄱阳湖 116°08'0.97"-116°11'51.05"E, 29°42'56.18"-29°40'58.30"N, 洞庭湖 112°57'48.51"-112°59'29.87", 29°24'49.38"-29°20'49.19", 各湖泊样本通过现场随机采集获得,覆盖不同体型个体,避免选择性偏差。活体褶纹冠蚌个体于现场完成形态学指标测量后,转移至实验室。采集闭壳肌组织,分装于预冷冻存管,并立即置于干冰中进行速冻保存。动物福利和取样程序按照国家标准化管理委员会实验动物科学技术委员会(SAC/TC281)发布的《实验动物福利伦理审查指南》(GB/T35892-2018)的指导原则进行。

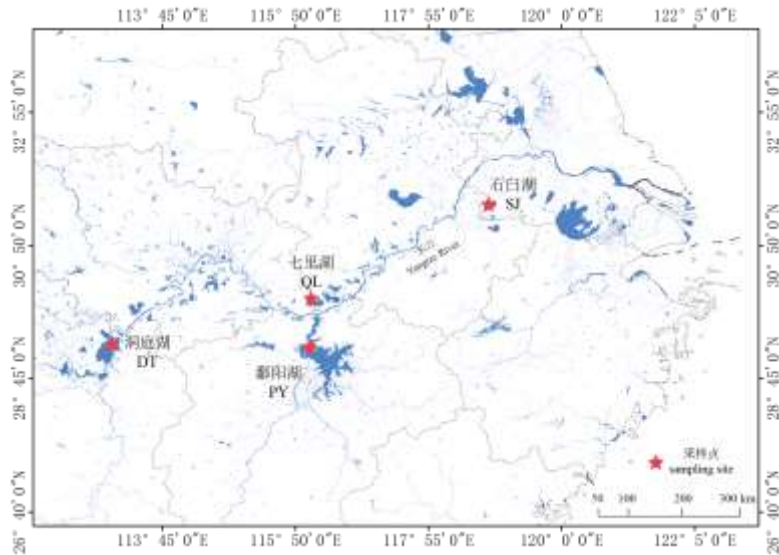


图1 褶纹冠蚌采样点位图

Fig. 1 The sampling sites of *C. plicata*

表1 褶纹冠蚌群体表型数据

Tab. 1 Phenotypic data for *C. plicata* populations

群体	样本 个数	采样时间	壳长/mm		壳宽/mm		壳高/mm		体重/g	
			范围	均值±标准 偏差	范围	均值±标准 偏差	范围	均值±标准 偏差	范围	均值±标准 偏差
七里湖 QL	30	2024.10	60.85~209 .78	111.63±33.47	13.05~58.19	28.15±8.44	23.59~104.96	61.81±15.33	16.76~865.1 4	152.62±197.03
石白湖 SJ	30	2024.11	133.76~25 5.14	191.84±32.38	34.22~70.16	54.11±10.06	75.63~136.99	109.32±17.45	140.3~1122. 31	617.66±345.89
鄱阳湖 PY	30	2024.11	63.21~179 .68	121.19±33.16	14.23~47.17	33.21±9.26	35.28~91.51	68.52±17.56	18.49~429.1	179.88±109.00
洞庭湖 DT	30	2025.1	95.91~219 .76	160.52±34.45	13~56.29	38.86±10.01	54.58~112.18	86.64±17.75	57.94~791.8 7	353.80±208.40

1.2 实验方法

1.2.1 DNA 提取 取褶纹冠蚌闭壳肌 50 mg, 使用 TSINGKE 动物 DNA 提取试剂盒按操作说明提取样品总基因组 DNA, 1 % 琼脂糖凝胶检测完整性, 使用超微量分光光度计, 检测 DNA 提取的品质和浓度, 并稀释为 100 ng/μL, -20 °C 保存备用。

1.2.2 引物合成及 PCR 扩增 根据 NCBI 数据库(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)中褶纹冠蚌 mtDNA 全序列查找 *Cytb*(NC_012716.1:1-1149)和 *coxI*(NC_012716.1:c10126-8585)序列, 使用 Primer 功能设计 *Cytb* 和 *coxI* 序列引物, 由北京擎科生物有限公司进行合成引物(表 2)。PCR 反应体系为 50 μL, 包括 2×Accurate Taq Master Mix 25 μL、基因组 DNA 1 μL、上下游引物(10 mmol/L)各 1 μL、RNase free water 补齐。PCR 反应条件为: 98 °C 预变性 2 min, 98 °C 变性 10 s, 引物退火温度退火 30 s, 72 °C 延伸 10 s, 30 个循环, 72 °C 最终延伸 2 min。PCR 产物用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测, 挑选效果好的 PCR 产物送往北京擎科生物有限公司进行纯化回收, 进行双向测序。

表 2 引物信息
Tab. 2 Primer information

引物名 primer	序列 sequence (5'-3')	退火温度 annealing temperature
CYTB-F	TCCTTTACGAAAAAACACCC	55 °C
CYTB-R	TTCAGTGTTATGTTTTACAGCGG	58 °C
COX1-F	CCGTGAAACCACTAATAACCC	59 °C
COX1-R	GTCGGGTGTGATGTTTGGTC	59 °C

1.2.3 数据分析 用 Vector NTI 11.0 软件中的 Contig-Express 模块对所测序列进行拼接, 采用 Bioedit 7.0 软件对拼接序列进行校正, 通过 Blast 比对分析所获得序列为褶纹冠蚌的目的片段。基于 *Cytb* 和 *coxI* 序列, 使用 DNAsp 5.0 软件^[17]按群体计算单倍型数量(number of haplotypes, *h*)、单倍型多样性(haplotype diversity, *H_d*)、多态位点数(numbers of polymorphic sites, *S*)、核苷酸多样性(nucleotide diversity, *Pi*)并进行群体错配分布分析。利用 Arlequin 3.5^[18]软件计算群体间的成对遗传分化指数(*F_{st}*)并进行分子方差分析(AMOVA), 以及 Tajima's *D* 和 Fu's *F_s* 中性检测。使用 MEGA 11^[19]软件进行各群体 *Cytb* 和 *coxI* 序列碱基组成统计, 以圆顶结节蚌(*Nodularia douglasiae*)为外群构建 ML 树。应用 DNAsp 5.0 软件与 PopART 1.7^[20]软件构建单倍型中介网络图。

2 结果

2.1 褶纹冠蚌 *coxI* 和 *Cytb* 基因序列分析

本研究成功扩增了褶纹冠蚌 120 条 *coxI* 与 112 条 *Cytb* 基因序列, 经质控、纠错与比对后, 分别获得 *coxI* 1 670 bp 和 *Cytb* 885 bp 的高质量序列。在褶纹冠蚌 120 条 *coxI* 基因序列中 T、C、A 和 G 碱基的平均含量分别为 20.9%、23.2%、40.4%、15.5%, 其中 A+T 含量(61.4%)明显高于 C+G 含量(38.6%)。在 112 条 *Cytb* 基因序列中 T、C、A、G 碱基的平均含量分别为 35.9%、23.2%、26.2%、14.8%, 其中 A+T 含量(62.0%)明显高于 C+G 含量(38.0%), 碱基组成具有明显的 AT 偏向性(表 3)。观察 *coxI* 和 *Cytb* 基因序列的变异位点, 发现两者皆无单一多态位点, *coxI* 基因序列中共 255 个简约信息变异位点, 占全序列的 15.27%; *Cytb* 基因序列中共发现 131 个简约信息变异位点, 占全序列的 14.80%。

表 3 褶纹冠蚌 4 个群体 *coxI* 和 *Cytb* 序列碱基组成百分比
Tab. 3 Nucleotide composition of mtDNA *coxI* gene and *Cytb* gene sequences of *C. plicata*

群体 population	<i>coxI</i>						<i>Cytb</i>					
	A	T	C	G	A+T	C+G	A	T	C	G	A+T	C+G
石白湖 SJ	40.5	20.9	23.1	15.4	61.5	38.5	26.3	35.9	23.0	14.7	62.3	37.7
鄱阳湖 PY	40.4	21.0	23.1	15.5	61.4	38.6	26.0	35.8	23.3	14.9	61.8	38.2
七里湖 QL	40.6	20.9	23.1	15.4	61.5	38.5	26.3	36.0	23.0	14.7	62.3	37.7
洞庭湖 DT	40.2	20.9	23.3	15.6	61.1	38.9	26.0	35.7	23.4	15.0	61.7	38.3
平均 Avg.	40.4	20.9	23.2	15.5	61.4	38.6	26.2	35.9	23.2	14.8	62.0	38.0

2.2 褶纹冠蚌群体 *cox1* 和 *Cytb* 遗传多样性分析

基于 mtDNA 的 *cox1*(n=120)与 *Cytb*(n=112)两标记,显示 4 个褶纹冠蚌群体整体具有较高的单倍型与核苷酸多样性。两基因分别鉴定出 90 与 42 个单倍型,其中跨群体共享单倍型分别为 6 与 5;均存在被 4 群体共享的核心单倍型(*cox1*: Hap10、Hap28; *Cytb*: Hap2、Hap3),提示区域性连通与基因交流(表 4)。多样性水平在两基因间给出一致的整体格局:DT 最高、QL 最低,中间位次略有差异。平均多样性指数为 $H_d = 0.951$ 、 $\pi = 0.033$ 10(*cox1*)与 $H_d = 0.855$ 、 $\pi = 0.021$ 18(*Cytb*)(表 5)。总体上, *cox1* 信息位点更丰富、单倍型数更高,群体多样性排序为 DT>PY>SJ>QL。

表 4 基于线粒体 *cox1* 和 *Cytb* 序列的褶纹冠蚌 4 个群体的单倍型分布

Tab. 4 Haplotype distribution in four *C. plicata* populations based on mtDNA *cox1* gene and *Cytb* gene

基因 gene	群体 population	单倍型分布 haplotype distribution
<i>cox1</i>	洞庭湖 DT	Hap1(1),Hap2(1),Hap3(1),Hap4(1),Hap5(1),Hap6(1),Hap7(1),Hap8(1),Hap9(1),Hap10(2),Hap11(1),Hap12(1),Hap13(1),Hap14(1),Hap15(1),Hap16(1),Hap17(1),Hap18(1),Hap19(1),Hap20(1),Hap21(1),Hap22(1),Hap23(2),Hap24(1),Hap25(1),Hap26(1),Hap27(1),Hap28(1)
	鄱阳湖 PY	Hap10(2),Hap28(6),Hap29(1),Hap30(1),Hap31(1),Hap32(1),Hap33(1),Hap34(1),Hap35(1),Hap36(1),Hap37(1),Hap38(1),Hap39(1),Hap40(1),Hap41(1),Hap42(1),Hap43(1),Hap44(1),Hap45(1),Hap46(1),Hap47(1),Hap48(1),Hap49(1),Hap50(1)
	七里湖 QL	Hap6(1),Hap10(4),Hap28(9),Hap51(1),Hap52(1),Hap53(2),Hap54(1),Hap55(1),Hap56(1),Hap57(1),Hap58(1),Hap59(1),Hap60(1),Hap61(1),Hap62(1),Hap63(1),Hap64(1),Hap65(1)
	石白湖 SJ	Hap10(1),Hap28(2),Hap66(1),Hap67(1),Hap68(1),Hap69(1),Hap70(1),Hap71(1),Hap72(1),Hap73(1),Hap74(1),Hap75(1),Hap76(3),Hap77(1),Hap78(1),Hap79(1),Hap80(1),Hap81(1),Hap82(1),Hap83(1),Hap84(1),Hap85(1),Hap86(1),Hap87(1),Hap88(1),Hap89(1),Hap90(1)
<i>Cytb</i>	洞庭湖 DT	Hap1(4),Hap2(5),Hap3(5),Hap4(1),Hap5(1),Hap6(1),Hap7(1),Hap8(2),Hap9(1),Hap10(1),Hap11(1),Hap12(1)
	鄱阳湖 PY	Hap2(9),Hap3(6),Hap13(1),Hap14(1),Hap15(1),Hap16(1),Hap17(1),Hap18(1),Hap19(1),Hap20(1),Hap21(1),Hap22(1),Hap23(1),Hap24(1),Hap25(1),Hap26(1),Hap27(1)
	七里湖 QL	Hap2(11),Hap3(8),Hap26(1),Hap28(1),Hap29(2),Hap30(1),Hap31(1),Hap32(1),Hap33(2),Hap34(1)
	石白湖 SJ	Hap2(11),Hap3(2),Hap4(2),Hap26(1),Hap29(5),Hap35(1),Hap36(1),Hap37(1),Hap38(1),Hap39(1),Hap40(1),Hap41(1),Hap42(1)

注: 括号内为该单倍型个体数量。

表 5 基于 *cox1* 和 *Cytb* 序列的褶纹冠蚌 4 个群体的遗传多样性指数

Tab. 5 Genetic diversity of *C. plicata* based on the sequences of mtDNA *cox1* gene and *Cytb* gene sequences

基因 gene	群体 population	样品数量 sample size	单倍型数量 h	单倍型多样性 H_d	多态位点数 S	核苷酸多样性 P_i
<i>cox1</i>	石白湖 SJ	30	26	0.960	181	0.009 72
	鄱阳湖 PY	30	23	0.933	175	0.039 36
	七里湖 QL	30	17	0.866	181	0.013 76
	洞庭湖 DT	30	28	0.979	188	0.048 81
<i>Cytb</i>	石白湖 SJ	29	13	0.820	17	0.002 03
	鄱阳湖 PY	30	17	0.868	101	0.032 07
	七里湖 QL	29	10	0.777	14	0.001 98
	洞庭湖 DT	24	12	0.883	95	0.040 99

2.3 褶纹冠蚌群体的遗传结构分析

基于中介法(medium-join, MJ)构建褶纹冠蚌 *cox1* 和 *Cytb* 基因单倍型网络结构图。针对 *cox1* 基因 90 个单倍型,4 个地理群体的 *cox1* 单倍型明显聚为 2 个聚类簇,左侧聚类簇主要包含了 9 个 DT 的单倍型,11 个 PY 的单倍型,10 个 QL 的单倍型,20 个 SJ 的单倍型和 6 个共享单倍型,右侧聚类簇主要包含了 14 个 DT 的单倍型,9 个 PY 的单倍型,2 个 QL 的单倍型和 1 个 SJ 的单倍型(图 2a);针对 *Cytb* 基因 42 个单倍型,4 个地理群体的 *Cytb* 基因序列明显聚为 2 个聚类簇,左侧聚类簇主要包含了 6 个 DT 的单倍型,7 个 PY 的单倍型,6 个 QL 的单倍型,8 个 SJ 的单倍型和 5 个共享单倍型,右侧聚类簇主要包含了 4 个 DT 的单倍型和 6 个 PY 的单倍型(图 2b)。同时,单倍型进化树的分支拓扑与网络图的聚类格局基本一致,两者单倍型中介图与单倍型进化树皆显示这 4 个群体间存在着一定的基因交流(图 3, 图 4)。

2.4 褶纹冠蚌群体间遗传分化分析

基于 *cox1*、*Cytb* 序列计算褶纹冠蚌 4 个群体之间的遗传分化指数 F_{st} 和基因流 N_m ,结果可以看出 DT 和 SJ 间的 F_{st} 值最大(0.366 4、0.286 4),4 个地理群体之间的基因流大于 0.15(表 6, 表 7)。提示 4 个群体间的基因交流频繁。AMOVA 的分析结果显示,群体内的遗传变异占比远大于群体间占比,表明变异遗传主要来自于群体内(表 8)。

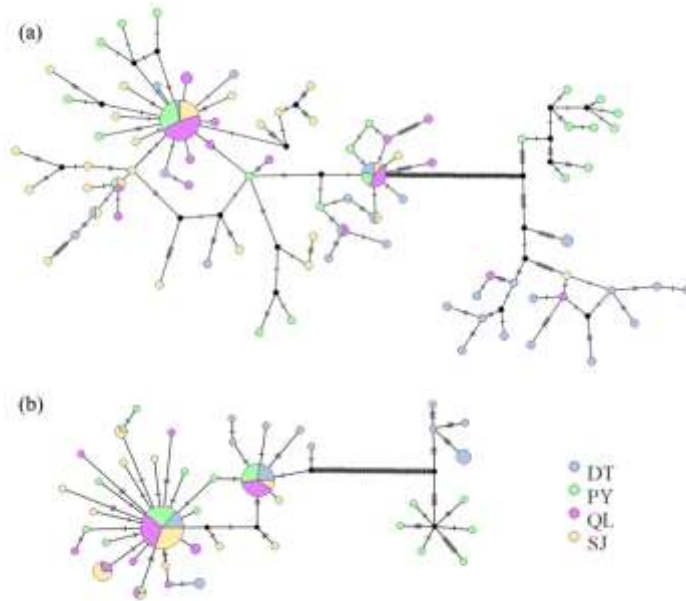


图 2 褶皱冠蚌 4 个群体 *cox1*(a)和 *Cytb*(b)单倍型网络中介图
注: 连线上的短线表示从一个单倍型变为另一个单倍型需要经历的碱基替换个数, 圆的大小表示该单倍型包含的样本数。

Fig. 2 The haplotype network based on *cox1* (a) and *Cytb* (b) gene in *C. plicata*
Note: Short ticks on the connecting lines indicate the number of nucleotide substitutions separating haplotypes; circle size represents the number of individuals for each haplotype.

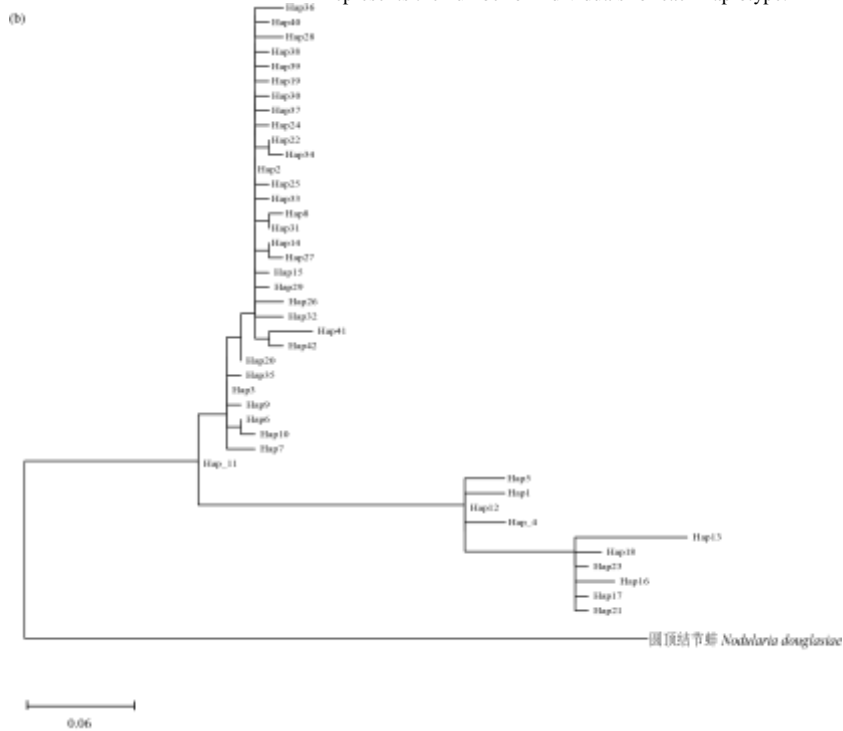


图 3 褶皱冠蚌 4 个群体 *Cytb* 单倍型系统发育树
Fig. 3 The phylogenetic tree based on haplotypes of *Cytb* in *C. plicata*

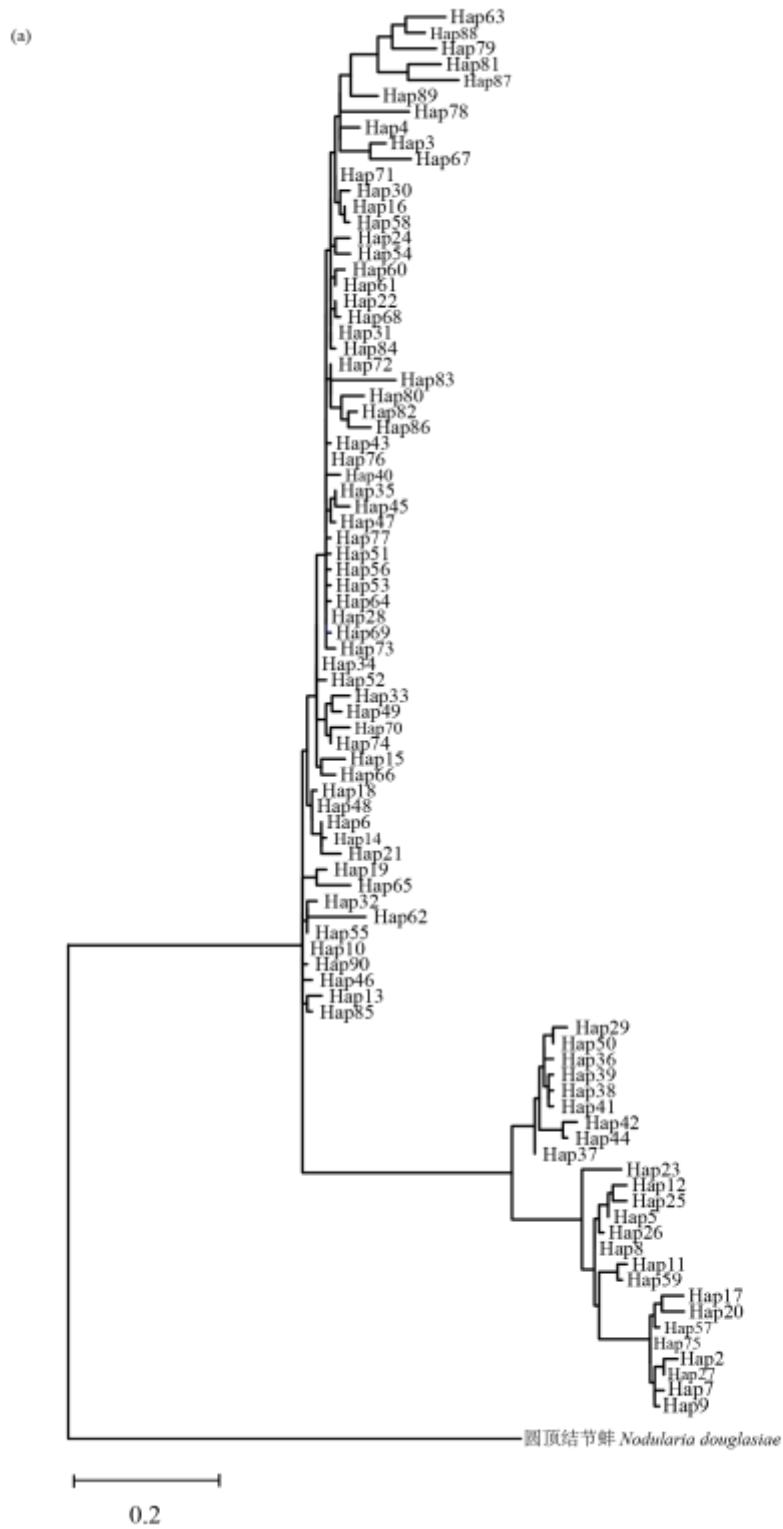


图4 褶纹冠蚌4个群体 *cox1* 单倍型系统发育树
 Fig. 4 The phylogenetic tree based on haplotypes of *cox1* gene in *C. plicata*

表 6 基于 *cox1* 序列的褶纹冠蚌 4 个群体间 *Fst*(对角线下)和 *N_m* 值(对角线上)

Tab. 6 *Fst* values (below the diagonal) and *N_m* values (above the diagonal) among *C. plicata* populations based on mtDNA *cox1* gene

群体	洞庭湖 DT	鄱阳湖 PY	七里湖 QL	石白湖 SJ
洞庭湖 DT	-	2.149 7	0.522 9	0.432 3
鄱阳湖 PY	0.104 2*	-	1.544 6	1.092 1
七里湖 QL	0.323 5*	0.139 3*	-	14.310 3
石白湖 SJ	0.366 4*	0.186 3*	0.017 2	-

注: *代表 *P* 小于 0.01。

表 7 基于 *Cytb* 序列的褶纹冠蚌 4 个群体间 *Fst*(对角线下)和 *N_m* 值(对角线上)

Tab. 7 *Fst* values (below the diagonal) and *N_m* values (above the diagonal) among *C. plicata* populations based on mtDNA *Cytb* gene

群体	洞庭湖 DT	鄱阳湖 PY	七里湖 QL	石白湖 SJ
洞庭湖 DT	-	9.810 4	0.644 7	0.623 0
鄱阳湖 PY	0.024 9	-	1.293 0	1.257 2
七里湖 QL	0.279 4*	0.162 0*	-	6.870 5
石白湖 SJ	0.286 4*	0.165 9*	0.035 1	-

注: *代表 *P* 小于 0.01。

表 8 基于 *cox1* 和 *Cytb* 序列的褶纹冠蚌群体分子方差分析

Tab. 8 Analysis of molecular variance (AMOVA) of *C. plicata*

基因	变异来源	自由度	平方和	方差组分	变异百分比/%	固定指数
<i>cox1</i>	群体间	3	1 395.217	7.319	21.99	
	群体内	236	6 126.267	25.959	78.01	0.220**
	总计	239	7 521.483	33.277		
<i>Cytb</i>	群体间	3	299.416	1.641	16.77	
	群体内	220	1 790.870	8.140	83.23	0.168**
	总计	223	2 090.286	9.781		

注: **代表 *P* 小于 0.001。

2.5 褶纹冠蚌群体历史动态分析

基于 Tajima's D 与 Fu's *F_s* 中性检测值, 不同群体的信号不一致。SJ 与 QL 群体呈现相似的近期扩张迹象: 两个基因的 Tajima's D 皆为负值, 且 *Cytb* 的 Fu's *F_s* 亦为负, 与基于 *Cytb* 序列的错配分布图的单峰形态一致(图 6c, 65d)。相对地, DT 与 PY 群体的中性检测结果皆为正值, 错配分布图呈多峰(图 5a, 5b, 6a, 6b), 整体不支持近期快速扩张。

表 9 褶纹冠蚌 4 个群体的 Tajima's D 和 Fu's *F_s* 中性检测结果

Tab. 9 Neutrality test values in *C. plicata* population

基因	参数	洞庭湖 DT	鄱阳湖 PY	七里湖 QL	石白湖 SJ
<i>cox1</i>	Tajima's D	3.387	2.431	-1.499	-2.048
	Tajima's D P	0.999	0.998	0.035	0.001
	<i>F_s</i>	17.386	18.885	10.725	1.934
	<i>F_s</i> P	1.000	1.000	0.992	0.778
<i>Cytb</i>	Tajima's D	2.478	1.080	-1.246	-1.560
	Tajima's D P	0.979	0.877	0.089	0.047
	<i>F_s</i>	21.884	13.010	-2.232	-4.968
	<i>F_s</i> P	1.000	1.000	0.135	0.017

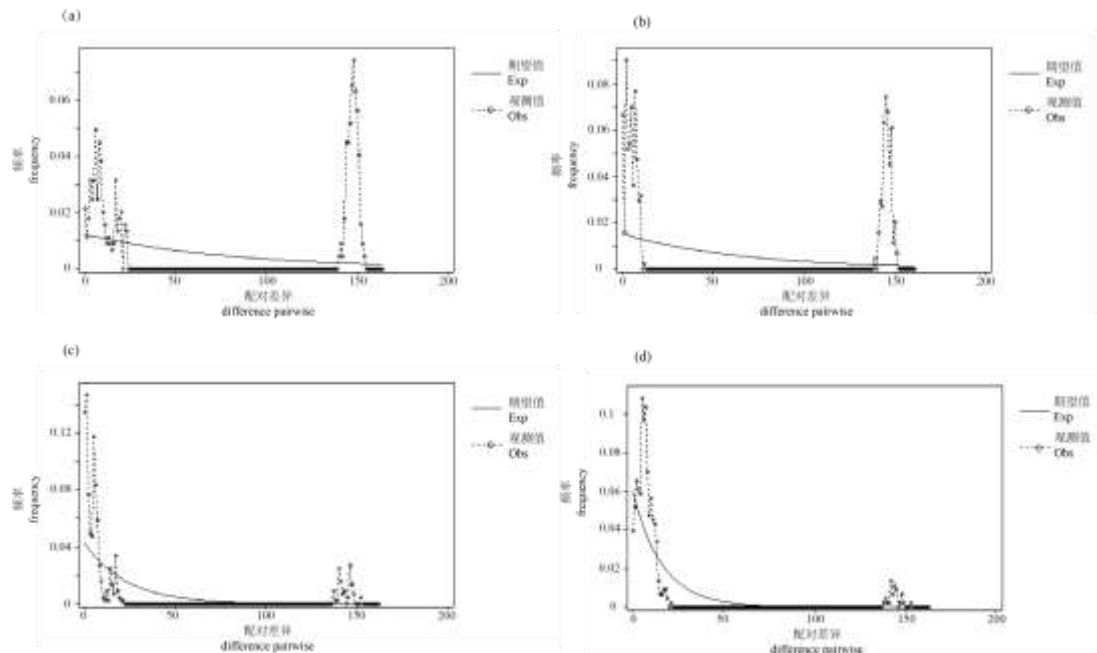


图5 基于 *cox1* 序列的褶纹冠蚌 4 个群体的错配分布图(a)洞庭湖, (b)鄱阳湖, (c)七里湖, (d)石臼湖
 Fig. 5 Mismatch distribution of *C. plicata* based on mtDNA *cox1* gene sequences (a)DT, (b)PY, (c)QL, (d)QL

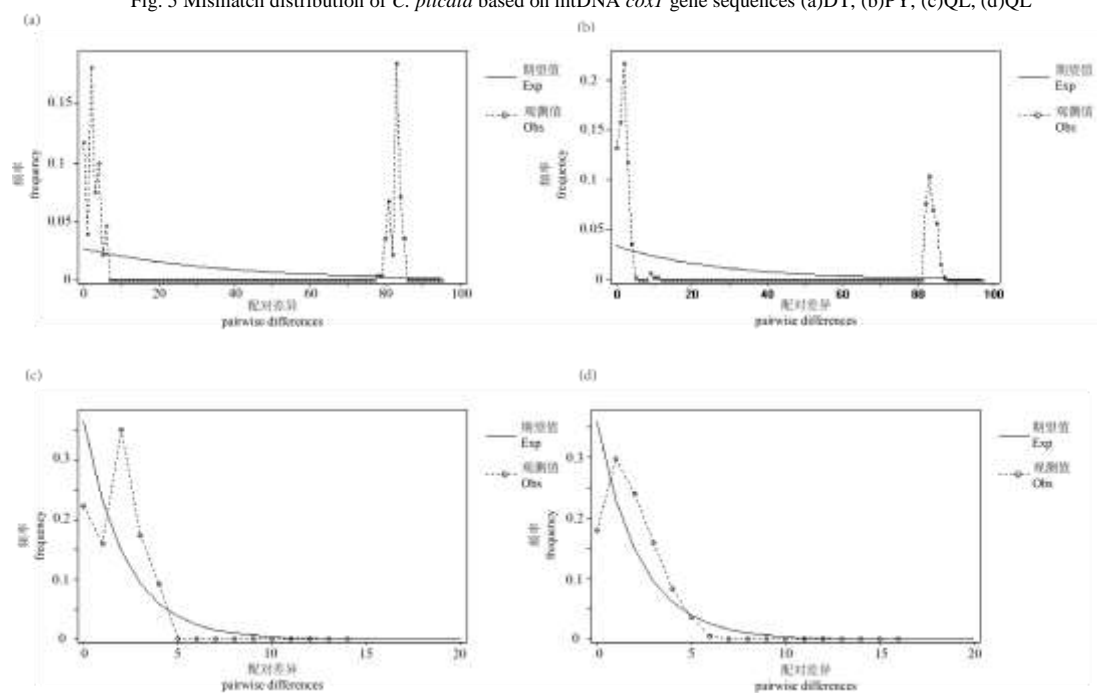


图6 基于 *Cytb* 序列的褶纹冠蚌 4 个群体的错配分布图 (a)洞庭湖, (b)鄱阳湖, (c)七里湖, (d)石臼湖
 Fig. 6 Mismatch distribution of *C. plicata* based on mtDNA *Cytb* gene sequences (a)DT, (b)PY, (c)QL, (d)QL

3 讨论

3.1 褶纹冠蚌群体遗传多样性现状

根据 Grant 的分类标准^[21]($Hd = 0.5$, $\pi = 0.005$), 本研究中褶纹冠蚌群体整体呈现较高的单倍型多样性($Hd = 0.855\sim 0.951$)和较低的核苷酸多样性($\pi = 0.001\ 98\sim 0.048\ 81$), 其“高 Hd 低 π ”的特征, 与李天命^[22]等对太湖河蚬(*Corbicula fluminea*)的群体遗传结构分析研究结果相似。由于新单倍型通过突变或迁移进入

种群并达到可检测频率所需的时间,通常远短于核苷酸位点上积累足够多新突变所需的时间^[23-24],这一模式可能反映出历史上褶纹冠蚌群体曾经历过种群瓶颈并迅速扩张的动态过程。通过对长江中下游4个通江湖泊(石臼湖 SJ、鄱阳湖 PY、洞庭湖 DT、七里湖 QL)褶纹冠蚌群体的 *cox1* 和 *Cytb* 基因分析,揭示了其遗传多样性特征现状。结果显示,不同湖泊间的单倍型组成差异较大,且小型湖泊的单倍型数量大于通江湖泊,这种现象在其他水生无脊椎动物中亦有报道^[25]。这可能源于遗传漂变和瓶颈效应后短期恢复的结果,小型湖泊群体规模有限,更易受到随机遗传漂变和瓶颈效应的影响^[26]。当群体数量骤减后再恢复时,遗传重组与突变事件可能短期内增加单倍型数量,但由于积累突变位点较少,核苷酸多样性依然偏低^[27]。这一现象反映了中小湖泊在遗传结构上的特殊性,也提示其更易受到外部环境波动的影响。小型湖泊受外界环境波动(如温度、营养盐输入、水位变化)影响更为显著,不同采样点或年份间可能存在较强的微生境差异,增加了个体间的遗传分化,从而提升了单倍型多样性。第三,小湖泊在枯水期常与长江干流或支流断开,但在洪水期又重新连通,周期性隔离与连通的交替可促进基因频率的动态变化^[28],使群体内部形成一定的遗传结构复杂性。综上,小型湖泊单倍型数高于大型湖泊的现象,反映了局部种群在环境扰动下的遗传漂变、恢复的综合效应,而非真实意义上的遗传多样性更高。

分析4个褶纹冠蚌群体间遗传多样性差异,核苷酸多样性表现为 DT>PY>QL>SJ,这与贾名静^[16]基于线粒体 *cox1* 基因的研究结论一致。进一步分析显示, PY 群体表现出最多的变异位点和较高的核苷酸多样性,DT 群体次之。鄱阳湖和洞庭湖作为长江中下游大型通江湖泊^[29],广阔的水域面积与复杂的支流水系构建的高效水文连通网络促进了群体间基因交流^[30],多样的生境异质性则形成了多层次生态位,使得两湖群体能够维持较高的遗传多样性;相比之下,石臼湖与七里湖水体规模较小、支流水系简单,限制了种群交流和规模扩张,使种群更易受到遗传漂变的影响,从而表现出相对较低的遗传多样性水平^[31]。褶纹冠蚌为典型的滤食性双壳类,其幼体需依附宿主鱼完成发育,基因交流过程在很大程度上依赖宿主鱼的迁移能力和水系连通性。因此,水文条件和湖泊连通性是影响其遗传格局的关键因素。鄱阳湖与洞庭湖地处长江中下游干流两侧,水系发育完善、支流众多,且通江口面积广、连通期长,宿主鱼类资源丰富^[29],为褶纹冠蚌提供了更稳定的基因交流通道,促进其维持较高的遗传多样性。而七里湖与石臼湖为相对独立的中小型通江湖泊,受限于湖泊体量和季节性水文波动,其与长江干流的连通性相对较弱,宿主鱼类迁移范围有限,导致群体遗传交流受阻,多样性水平较低^[32]。此外,湖泊水质条件、底质类型及人类干扰程度也可能对群体多样性产生影响。七里湖和石臼湖周边渔业活动频繁、岸线开发强度较高,生态系统稳定性较差,而洞庭湖和鄱阳湖生态系统较完整,这种环境差异亦可能强化了群体间的遗传差异。总体来看,褶纹冠蚌遗传多样性格局的形成是湖泊环境异质性、物种生活史特征和样本地理分布共同作用的结果,体现出显著的地理生态依赖性。总体来看,褶纹冠蚌遗传多样性格局的形成是湖泊环境异质性、物种生活史特征及样本地理分布综合作用的结果,体现出显著的地理生态依赖性。这种空间差异不仅反映了湖泊生态系统特征和连通性的差异,也为理解长江中下游淡水贝类的遗传动态与保护策略提供了重要参考。

3.2 群体遗传分化格局与基因流

种群遗传结构和分化受生境适应、自然选择、随机遗传漂变、基因流等诸多因素的影响。根据 Wright 的分类标准^[33],DT 和 SJ 群体间遗传分化最为显著,其次为 QL 和 DT 群体,这种分化格局主要反映了地理距离的隔离效应以及不同湖泊生态系统的独立性。洞庭湖作为大型通江湖泊,拥有复杂水文环境和丰富的生态位分化有关,大型湖泊通常具备更高的环境异质性和支流水系网络,使群体呈现更独立的遗传格局^[30],而 SJ 和 QL 作为小湖泊,其群体更易受局部限制和遗传漂变影响,缺乏大尺度连通性。SJ 和 QL 群体间遗传差异最小,表明二者间存在紧密的遗传联系和频繁的基因交流。然而从地理距离上看,相较于七里湖与石臼湖,七里湖与鄱阳湖地理距离更近,分析可能有以下几点原因:首先是鄱阳湖体量、生态系统复杂,自成遗传单位^[34],限制了其与七里湖之间的基因交流;其次,七里湖水域是鱼类重要的产卵索饵区域,与长江自然连通,水文节律受长江水文条件的显著影响,因此七里湖的鱼类在长江水位较低时会批量进入长江^[35],有可能顺流向下游迁移,进而促进蚌类的跨区域交流;再次,皖河口及邻近水域是长江安徽段重要的鱼类产卵场^[36],对于维持长江安徽段鱼类繁殖及种群补充发挥着重要作用,尤其对于产漂流性卵鱼类更为突出^[37],且江湖系统中的鱼类通常具有向上游洄游产卵的行为倾向^[38],因此皖河口以下水域产漂流性卵的鱼类可能在繁殖季节溯流而上选择适宜产卵场进行繁殖活动,这也可能促进贝类通过宿主鱼类的迁移而实现跨区域交流。上述情况均可能促使七里湖与石臼湖褶纹冠蚌群体发生相对更为密切的基因交流。

此外,基因流(*Nm*)作为遗传分化的另一反向指标,在本研究中亦体现出一致性,结合 AMOVA 分析显示的遗传变异主要来源于群体内,出现该遗传结构特征一方面反映了各群体内部维持了较大的有效种群规模,有效缓冲了遗传漂变^[39];另一方面也暗示了地理间隔和鱼类资源丰度及群落结构的变化对褶纹冠蚌有效迁移具有一定影响。同时,本研究结果表明鄱阳湖、洞庭湖两湖泊群体间存在较明显的遗传差

异, 由于所采用的基因标记和样本设计不同, 尽管此前研究结果显示两者之间分化较低^[16], 直接对比的意义有限, 因此本文仅提示两湖泊间的遗传格局可能正在发生变化, 群体间的正在增强。由于缺少长期对比数据, 目前结果仅提供了初步迹象, 仍需结合更多时序数据和多基因证据进一步验证。分化趋势可能与近年鄱阳湖持续遭受低枯水位有关。自 2019 年以来, 鄱阳湖枯水期呈现水位持续降低、枯水历时延长、退水速率加快的常态化特征^[40], 其中 2022 年星子站水位创 1951 年有记录以来同期最低值。极端水文过程导致蚌类的栖息环境急剧恶化, 且受限于缓慢的迁移能力^[41], 蚌类在急剧退水过程中难以有效逃逸至深水区, 资源受到严重损失, 种群生存压力剧增。总体上, 两湖间水文连通性持续衰减, 致使鱼类等水生生物基因交流被削弱, 进而促使遗传分化程度上升, 这一现象也揭示极端水文胁迫对蚌类种群遗传结构的深远影响。

3.3 褶纹冠蚌历史动态与保护策略

中性检测与核苷酸不配对分布图分析揭示了不同群体的动态历史, 本研究 PY 和 DT 群体中性检测皆为正值, 核苷酸不配对分布图呈现多峰, 提示其未发生过扩张现象且展现出稳定的历史动态, 反映了其生态系统的长期稳定性^[42], 这可能与其作为大型湖泊的优势特征有关。反之 QL 和 SJ 群体展现近期扩张的遗传信号, 这可能归因于历史上经历的种群瓶颈事件后的恢复或对环境变化的适应性响应^[43]。对于体量、支网网络规模较小等对种群扩散和基因交流相对受限的湖泊群体, 其种群恢复仍面临基础生态承载力的限制。因此, 未来在进一步巩固禁捕成果的同时, 需重点关注中小型湖泊的生境质量提升和资源养护管理; 持续开展长期遗传动态监测, 并结合基因组学手段深入解析人类活动对种群遗传结构的长期影响, 将为制定针对化保护策略提供关键数据支撑。

4 结论

综上所述, 本研究结果显示 4 个通江湖泊褶纹冠蚌群体整体遗传多样性丰富, 群体间存在广泛的基因交流和显著的遗传分化, 且遗传变异主要源于群体内, 这一遗传结构特征主要受到湖泊体量差异、支流水系规模、地理距离等区域性因素。本研究为通江湖泊褶纹冠蚌的遗传资源评估与保护策略制定提供了科学依据, 为蚌类资源的精准保护与流域生态系统功能的维系提供了重要支撑。然而, 考虑到淡水贝类活动能力较弱, 分布区域性较强, 各湖泊内部水动力条件与底形底质等差异可能导致群体内存在一定程度的遗传分化, 进而可能干扰各群体遗传多样性解析。因此, 未来研究应在各湖泊的不同湖区和微生境采集更多样本, 更精确地揭示各群体的遗传结构及适应性分化。

5 参考文献

- [1] Wang Q G, Xie S H, Liang F L, et al. Progress on the culture of pearl mussel *Cristaria plicata*. *Journal of Aquaculture*, 2016, 37(7): 51-54. [王钦贵, 谢绍河, 梁飞龙, 等. 褶纹冠蚌研究概况. 水产养殖, 2016, 37(7): 51-54.]
- [2] Cao X, Lu W, Gang Y, et al. Prx5 of *Cristaria plicata* has antioxidant function and is regulated by Nrf2/ARE signaling pathway. *Fish & shellfish immunology*, 2023, 134: 108548.
- [3] Li D, Pan B, Chen L, et al. Bioaccumulation and human health risk assessment of trace metals in the freshwater mussel *Cristaria plicata* in Dongting Lake, China. *Journal of Environmental Sciences*, 2021, 104: 335-350.
- [4] Zhao X X, Lu W X, Liang Y Y, et al. Community structure of phytoplankton and affecting factors in autumn in three Yangtze River-connected lakes, Anhui, China. *Chinese Journal of Ecology*, 2021, 40(1): 67-75. [赵秀侠, 卢文轩, 梁阳阳, 等. 安徽三座通江湖泊秋季浮游植物群落结构特征及其影响因子. 生态学杂志, 2021, 40(1): 67-75.]
- [5] Liu X, Yang X, Zanatta D T, et al. Conservation status assessment and a new method for establishing conservation priorities for freshwater mussels (Bivalvia: Unionida) in the middle and lower reaches of the Yangtze River drainage. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 2020, 30(5): 1000-1011.
- [6] DeWoody J A, Harder A M, Mathur S, et al. The long-standing significance of genetic diversity in conservation. *Molecular ecology*, 2021, 30(17): 4147-4154.
- [7] Cui X, Yang M, Li C, et al. Assessment of genetic diversity and population structure of *Neocaridina denticulata sinensis* in the Baiyangdian drainage area, China, using microsatellite markers and mitochondrial cox1 gene sequences. *Gene*, 2023, 877: 147534.
- [8] Neves A, Vieira A R, Sequeira V, et al. Highly regional population structure of *Spondylisoma cantharus* depicted by nuclear and mitochondrial DNA data. *Scientific Reports*, 2020, 10: 4063.

- [9] Cui Z W, Yu S Q, Miao X P, et al. A method for rapid identification of four *Crassostrea* oyster species based on the PCR-RFLP analysis of single digestion of mitochondrial COI. *Marine Sciences*, 2024, **48**(8): 68-73. [崔中望, 于诗奇, 缪雄平, 等. 一种基于线粒体 COI PCR-RFLP 单酶切快速鉴定 4 种巨蛎属牡蛎的方法. *海洋科学*, 2024, **48**(8): 68-73.]
- [10] Li M, Zhang T, Liu Y, et al. Revisiting the genetic diversity and population structure of the endangered green sea turtle (*Chelonia mydas*) breeding populations in the Xisha (Paracel) Islands, South China Sea. *PeerJ*, 2023, **11**: e15115.
- [11] 邹惠莹. 基于微卫星位点和线粒体 COX1 基因对江苏省苏州市部分地区湖北钉螺遗传多样性的研究[学位论文]. 江苏: 苏州大学, 2021.
- [12] Yongbin Y, Yushuang G, Qiqun C, et al. Genetic diversity of four shellfishes in sea area of Qidong, Jiangsu Province based on mitochondrial 16S rRNA and COI sequences. *Marine Fisheries*, 2022, **44**(2): 201-208. [闫永斌, 葛玉双, 程起群, 等. 基于线粒体 16S rRNA 和 COI 序列的江苏启东海域 4 种贝类遗传多样性分析. *海洋渔业*, 2022, **44**(2): 201-208.]
- [13] Liao M X. Comparative analysis of morphological and genetic diversity of *Corbicula fluminea* in different reaches of Minjiang River. *Journal of Fisheries Research*, 2023, **45**(3): 233-245. [廖梦香. 闽江不同河段河蚬的形态学及遗传多样性比较分析. *渔业研究*, 2023, **45**(3): 233-245.]
- [14] 赖洁, 叶树政, 黄文炜, 等. 基于 COI 基因的倒刺鲃属鱼类系统分类研究. *湖南农业科学*, 2025, (4): 100-104.
- [15] Jiang W P, Li J L, Zheng R L, et al. Analysis of complete mitochondrial genome of *Cristaria plicata*. *Hereditas(Beijing)*, 2010, **32**(2): 153-162. [蒋文彬, 李家乐, 郑润玲, 等. 褶皱纹蚌线粒体基因组全序列分析. *遗传*, 2010, **32**(2): 153-162.]
- [16] Jlia M J, Li J L, Niu D H, et al. Sequence Variation of COI Gene in Ten Populations of *Cristaria plicata* from the Middle and Lower Yangtze River. *Chinese Journal of Zoology*, 2009, **44**(1): 1-8. [贾名静, 李家乐, 牛东红, 等. 长江中下游褶皱纹蚌 10 个群体 COI 基因序列变异分析. *动物学杂志*, 2009, **44**(1): 1-8.]
- [17] Librado P, Rozas J. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 2009, **25**(11): 1451-1452.
- [18] Excoffier L, Lischer H E. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 2010, **10**(3): 564-567.
- [19] Tamura K, Stecher G, Kumar S. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular biology and evolution*, 2021, **38**(7): 3022-3027.
- [20] Bandelt H J, Forster P, Röhl A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular biology and evolution*, 1999, **16**(1): 37-48.
- [21] Grant W, Bowen B. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation. *Journal of Heredity*, 1998, **89**(5): 415-426.
- [22] Li D M, Liu Y, Liu Y S, et al. Genetic diversity analysis of *Corbicula fluminea* in the Tai Lake based on mitochondrial COI and Cytb gene sequences. *Journal of Biology*, 2023, **40**(1): 69-73. [李大命, 刘洋, 刘燕山, 等. 基于 COI 和 Cytb 基因序列的太湖河蚬遗传多样性分析. *生物学杂志*, 2023, **40**(1): 69-73.]
- [23] Wang C W, Mu A, Wang J X, et al. Genetic diversity and phylogenetic relationship of *Rhinogobio nasutus* in the upper reaches of the Yellow River based on mitochondrial Cytb and COI Genes. *Genomics and Applied Biology*, 2024, **43**(Z2): 1826-1835. [王彩雯, 穆爱娟, 王吉祥, 等. 基于线粒体 Cytb 及 COI 基因的黄河上游大鼻吻鲷(*Rhinogobio nasutus*)遗传多样性与系统发育关系分析. *基因组学与应用生物学*, 2024, **43**(Z2): 1826-1835.]
- [24] Yang L P, Hu J Y, Qin C B, et al. Genetic structure analysis of *Pseudorasbora parva* in the four major river systems in Yunnan based on mitochondrial Cytb. *Journal of Fisheries of China*, 2020, **44**(3): 339-350. [杨丽萍, 胡俊仪, 秦超彬, 等. 基于线粒体 Cytb 分析入侵云南四大水系的麦穗鱼群体遗传结构. *水产学报*, 2020, **44**(3): 339-350.]
- [25] Oreha J, Morozova A, Garkajs A, et al. Genetic Diversity and Distribution of Haplotypes of Freshwater Eel in Baltic Lakeland Based on Mitochondrial DNA D-Loop and Cytochrome b Sequence Variation. 2024, **16**(9): 522.
- [26] Leblanc C A, Räsänen K, Morrissey M, et al. Fine scale diversity in the lava: genetic and phenotypic diversity in small populations of Arctic charr *Salvelinus alpinus*. *BMC Ecology and Evolution*, 2024, **24**(1): 45.

- [27] Lv X M, Han Y P. Genetic and Ecological Factors Contributing to the Endangerment of Rare Aquatic Species . *International Journal of Aquaculture*, 2024, **14**.
- [28] Alcalá N, Vuilleumier S. Turnover and accumulation of genetic diversity across large time-scale cycles of isolation and connection of populations . *Proceedings of the Royal Society B*, 2014, **281**(1794): 20141369.
- [29] Li B, Yang G, Wan R, et al. Impacts of hydrological alteration on ecosystem services changes of a large river-connected lake (Poyang Lake), China . *Journal of Environmental Management*, 2022, **310**: 114750.
- [30] Moccetti P, Dodd J R, Joyce D A, et al. Genetic consequences of improved river connectivity in brown trout (*Salmo trutta L.*) . *Evolutionary Applications*, 2024, **17**(4): e13660.
- [31] Miller T E X, Angert A L, Brown C D, et al. Eco-evolutionary dynamics of range expansion . *Ecology*, 2020, **101**(10): e03139.
- [32] Huang Y, Chen X-s, Zhu L. Differential responses of ecosystem stability to climatic and anthropogenic factors in connected and isolated lake basins on the Yangtze River . *Journal of Environmental Management*, 2024, **359**: 121014.
- [33] Wright S. Evolution in Mendelian Populations . *Genetics*, 1931, **16**(2): 97-159.
- [34] Andres K J, Lodge D M, Andrés J. Environmental DNA reveals the genetic diversity and population structure of an invasive species in the Laurentian Great Lakes . *PNAS*, 2023, **120**(37): e2307345120.
- [35] 胡敏琦. 安庆七里湖中上层鱼类摄食生态研究[学位论文]. 上海海洋大学, 2021.
- [36] K Z X, P Y D, L W H, et al. Fish community structure in main habitat of the finless porpoise, the Anqing section of Yangtze River . *Acta Ecologica Sinica*, 2016, 36(7): 1832-1839. [张晓可, 于道平, 王慧丽, 等. 长江安庆段江豚主要栖息地鱼类群落结构. 生态学报, 2016, 36(7): 1832-1839.]
- [37] Jia H Z, Li T J, Ping W Y, et al. The community characteristics of larval and juvenile fish in Anqing section of the Yangtze River during the first year of fishing ban . *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2024, 48(4): 537-545. [黄中家, 田佳丽, 王银平, 等. 禁捕首年长江安庆段稚鱼群聚特征. 水生生物学报, 2024, 48(4): 537-545.]
- [38] Huang Z. Migration dynamics simulation of migratory fish in rivers . *Ecological Indicators*, 2024, **158**: 111293.
- [39] Hoffmann A A, Miller A D, Weeks A R. Genetic mixing for population management: From genetic rescue to provenancing . *Evolutionary Applications*, 2021, **14**(3): 634-652.
- [40] Li X, Ye X, Li Z, et al. Hydrological drought in two largest river-connecting lakes in the middle reaches of the Yangtze River, China . *Hydrology Research*, 2023, **54**(1): 82-98.
- [41] Sullivan K T, Woolnough D A. Water depth, flow variability, and size class influence the movement behavior of freshwater mussels (Unionida) in Great Lakes river drainages . *Freshwater Science*, 2021, **40**(2): 328-339.
- [42] Lamka G F, Willoughby J R. Habitat remediation followed by managed connectivity reduces unwanted changes in evolutionary trajectory of high extirpation risk populations . *PloS one*, 2024, **19**(5): e0304276.
- [43] Ping X X, ZhaoHui S, Xia L, et al. Genetic structure analysis of carp populations in the Henan-Shandong section of the Yellow River based on the COI gene . *Freshwater Fisheries*, 2025, 55(2): 43-52. [薛向平, 孙朝徽, 刘霞, 等. 基于 COI 基因的黄河河南-山东段鲤群体遗传结构分析. 淡水渔业, 2025, 55(2): 43-52.]