

基于 *CO I* 基因分析我国西太公鱼移植群体的遗传多样性*

邓国平¹, 方第安^{3**}, 丁玉婷³, 袁佳², 张希昭³, 周彦锋², 徐东坡², 唐富江¹, 尤洋^{1,2**}
(1: 大连海洋大学水产与生命学院, 大连 116023)
(2: 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)
(3: 南京农业大学无锡渔业学院, 无锡 214081)

摘要: 上世纪八十年代, 以鸭绿江水系西太公鱼(*Hypomesus nipponensis*)为种源群体, 在全国范围内开展的渔业移植, 获得了显著经济效益。然而移植所建立的初始小群体, 在后续不同移植行为(重复引种、不同种源混入和无意移植)和对栖息生境适应的影响下, 所形成的遗传多样性状况一直未获得应有重视。本文采集了我国主产地区(东北、华北、西北和西南) 15 个移植群体的 439 尾样本, 基于线粒体细胞色素 c 氧化酶 I(cytochrome c oxidase I, *CO I*) 基因序列进行了遗传多样性及分化的分析。分析结果显示: 15 个群体共检出 47 个单倍型, 总体单倍型多样性(Hd = 0.690), 核苷酸多样性(Pi = 0.00290), 整体上呈现高单倍型多样性(Hd), 低核苷酸多样性(Pi)的遗传特征。群体进化树、单倍型网络及 AMOVA 分析结果中, 分子变异主要发生在群体内(群体内=65.06%, 群体间遗传变异=34.94%)。华北地区的密云 (MY) 和潘家口水库(PJK) 群体形成了独立进化支系, 并与其他群体间遗传分化显著(Fst > 0.5), 可能与源自日本群体的再次引入有关。打虎石水库(DHS) 群体多样性极低, 可能与无意移植所形成的极小奠基群体相关。与种源地水系有所连通的东北地区 4 群体多样性水平相对均衡。向内陆扩散的西北和西南地区群体呈现了中等至偏高多样性的水平, 显示出物种对新栖息生境适应的潜力。中性检验、错配分布图及贝叶斯天际线图(Bayesian Skyline Plot, BSP) 的分析结果显示, 所调查群体均出现过群体扩张。基于上述研究结果现状, 建议尽早确定我国西太公鱼种质资源的生物管理单元和核心群体, 及时实施必要的遗传监测, 进而开展有序的种质使用与区块化资源管理措施, 以促进其产业的可持续性健康发展。

关键词: 西太公鱼; 遗传多样性; 遗传分化; 种质资源

Genetic diversity analysis on the introduced population of *Hypomesus nipponensis* in China basing on *CO I* gene sequence

Deng Guoping¹, Fang Di'an^{3*}, Ding Yuting³, Yuan Jia², Zhang Xizhao³, Zhou Yanfeng², Xu Dongpo², Tang Fujiang¹ & You Yang^{1, 2*}

(1: College of Fish and Life Science, Dalian Ocean University, Dalian 116023, P.R.China)

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

(3: Nanjing Agricultural University Wuxi Fisheries College, Wuxi 214081, P.R.China)

Abstract: In the 1980s, a nationwide fishery transplantation program was implemented using *H. nipponensis* originating from the Yalu River system as the source population, which yielded substantial economic benefits. Nevertheless, the genetic diversity of the initial small populations established via transplantation has long been overlooked, owing to the combined effects of diverse transplantation practices (including repeated introduction, exogenous population mixing, and unintentional transplantation) and subsequent habitat adaptation. In this study, 439 individuals were sampled from 15 transplanted populations in major production regions across Northeast, North, Northwest, and Southwest China. Mitochondrial cytochrome c oxidase I (*CO I*) sequences were applied to evaluate the genetic diversity and genetic differentiation of these populations. The results revealed a total of 47 haplotypes across the 15 populations, with overall haplotype diversity (Hd=0.690) and nucleotide diversity (Pi=0.00290) reflecting the typical species characteristics of high haplotype diversity (Hd) and low nucleotide diversity (Pi). The phylogenetic tree, haplotype network analysis, and analysis of molecular variance (AMOVA) consistently indicated that most molecular variation was distributed within populations (65.06%), while among-population variation accounted for only 34.94%. Specifically, populations from the Miyun Reservoir (MY) and Panjiakou Reservoir (PJK) in North China formed an independent clade and exhibited strong genetic differentiation from all other populations (Fst > 0.5), which was likely attributed to repeated introductions of native Japanese conspecifics. The Dahushi Reservoir (DHS) population presented a significant loss of genetic diversity, probably resulting from the establishment of its founder population via accidental transplantation with an extremely small effective population size. Four populations in Northeast China, which are hydrologically connected to the source water system, maintained relatively balanced genetic diversity levels. Populations in Northwest and Southwest China exhibited

* 2025-10-2323 收稿; 2026-03-26 收修改稿。

国家重点研发计划资助(2023YFD2400900)和国家现代农业产业技术体系资助项目(CARS-46)联合资助。

通讯作者: E-mail: fangda@ffrc.cn, youy@ffrc.cn.

moderate to high genetic diversity, demonstrating the adaptive potential of this fish species to novel habitats. Neutrality tests, mismatch distribution analysis, and Bayesian skyline plots collectively indicated historical population expansion events. Based on the above findings, we propose that urgent efforts should be made to delineate biological management units and core germplasm resources of *H. nipponensis* in China. Timely and regular genetic monitoring should be implemented to support the formulation of systematic germplasm utilization strategies, watershed-based resource management schemes, and targeted fishery production regulations, thereby facilitating the sustainable and healthy development of the fishery industry.

Key words: *Hypomesus nipponensis*; Genetic diversity; Genetic differentiation; germplasm resources

公鱼是一种冷水性小型洄游鱼类,广泛分布于太平洋沿岸及通海河流^[1-2]。以其广适应性、早繁策略及具独特“黄瓜香”品质^[3],被大水面渔业开发所青睐。其渔业利用始于1909年日本茨城县洄沼湖群体的移植扩散^[4]。20世纪初,日本向朝鲜进行了大量的移植^[5]。30~40年代,从北朝鲜采集的公鱼卵被引入了我国东北。70~80年代,再次扩散至华北、西北及西南的110余座湖泊和水库^[6-8]。我国公鱼产能的迅速提升及对国际市场的占领,使其成为我国大水面渔业中具代表性的经济物种之一。2005年被列入了《中国渔业统计年鉴》之中。

关于我国公鱼移植的物种名描述存在着一定的争议,至今在文献记载中仍存在“西太公鱼、亚洲公鱼和池沼公鱼”的同用^[3,6,8-10]。李赫在最新的文献综述^[6]中也详细记述了该问题的由来,认为池沼公鱼是亚洲公鱼的误记,但究竟是西太公鱼还是亚洲公鱼还需进一步求实。因此在开展遗传多样性评价前,需先明确研究对象的物种身份信息,对此龚小玲^[11]已成功提供了基于线粒体 *COI* 基因的鉴定方法。我国20世纪70~80年代的再移植活动,已涉及了不同地质类型(如,青藏高原的龙羊峡水库)和气候带(如,云南洱海)的广袤地区。渔业移植方式是基于优质种源进而扩大适宜水面资源使用的一项人类活动,其种业的核心群体及移植群体的遗传监测,是产业技术管理的核心内容。我国的移植引种基本以鸭绿江水系群体(如鸭绿江上的水丰和云丰水库等)作为“种源地”^[3]。反复、批量地向内陆的水体移植,而各接收水体之间又长期存在无序的“二次调种”。这种引种模式虽有助于促进渔业效应的形成及产量维持,却并不能避免在引入后常经历的奠基者效应,所引发的遗传多样性损失、适应性降低及性状的退化(如小型化^[6])等问题。关于迁移路线上普遍缺乏完整清晰的记录参考,北京密云水库是目前国内有记载的唯一自原产地补充引种的案例。密云水库^[12]首次引种于鸭绿江水系群体,1985年又自原产地(日本)进行了二次补充引种,由于其移植较早,对华北地区的移植推广也具一定的辐射枢纽作用。国内一些水体,还存在无意移植(鲢鳙放流时的夹杂带入)等情况(如文中的打虎石水库)。关于国内西太公鱼(*Hypomesus nipponensis*)群体遗传的研究,仅见龚小玲^[11]用线粒体 *COI* 基因鉴定了我国3个地区共7个群体的物种身份及其多样性特征;曹晓霞^[13]评价了华北地区的密云水库、于桥水库和日本青森、北海道共4个群体的群体遗传特征及多样性水平。鉴于我国西太公鱼移植历史复杂和群体资源混杂现象犹存,种质遗传现状的系统调查和相关的多样性评估工作显得十分必要。

因其母系遗传、几乎不发生重组且突变速率适中等特点,线粒体 *COI* 基因已成为鱼类物种鉴定与群体遗传结构研究的核心分子标记^[14,15],且可适用于西太公鱼的鉴定及多样性评价^[16]。因此,本研究采集了公鱼现有的主产区域(东北、华北、西北及西南)的15个群体共439尾样品,经 *COI* 基因技术鉴定后,探讨了群体遗传多样性水平和遗传分化的状况。旨在为我国西太公鱼种质资源的可持续利用及渔业管理,提供更为详实的科学依据。

1 材料和方法

1.1 实验材料

我国15个西太公鱼群体采集与引用信息(龚小玲^[11]在NCBI中上传的数据)见图1。实采样品中,在每个群体中随机抽取35尾鱼,取其鳍条组织保存于无水乙醇中,放入-20℃冷冻室保存备用。

1.2 DNA的提取及PCR扩增

对无水乙醇保存的样品,使用试剂盒(天根生化有限公司,海洋动物组织基因组DNA提取试剂盒)提取DNA,并用浓度1%琼脂糖凝胶电泳检测DNA的浓度和纯度,符合后续扩增要求的DNA样品置于-20℃保存备用。PCR扩增目的片段是 *COI* 基因靠近5'末端的长度为750 bp左右的序列,扩增和测序引物均为 VF2(5'-TCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC-3') 和 VR1(5'-TAGACTTCTGGG TGGCAAAGAATCA-3')^[16]。PCR反应体系总体积为50 μL,其中2×Taq PCR MasterMix 25 μL,引物各1.25 μL(5 μmol/L),DNA模板100 μL。PCR反应程序为94℃预变性5 min,94℃30 s,60℃30 s,72℃1 min,35个循环,最后72℃延伸1 min。

1.3 数据分析

使用MEGA11^[17]计算 *COI* 基因序列碱基组成,同时计算群体遗传距离,构建单倍型分子发育树,邻接法(neighbor-joining, NJ)构建系统发育树。利用DNAsp6.0^[18]软件计算各群体遗传多样性参数以及进行遗传分化分析,同时进行错配分布分析群体历史动态。使用Network4.6软件构建各单倍型之间的系统关系

2.2 西太公鱼群体的遗传特征与演化动态分析

2.2.1 种群遗传多样性参数 西太公鱼遗传多样性参数见(表 3)。15 个群体单倍型多样性(Hd)范围在 0.067~0.889, 核苷酸多样性(Pi)范围在 0.00011~0.00323。其中潘家口水库(PJK)单倍型多样性(Hd)和核苷酸多样性(Pi)最高, 打虎石水库(DHS)单倍型多样性(Hd)和核苷酸多样性(Pi)最低。群体的单倍型多样性(Hd)为 0.690, 核苷酸多样性(Pi)为 0.00290。总体上, 我国西太公鱼移植群体单倍型多样性(Hd)偏高, 核苷酸多样性(Pi)偏低。

表 3 西太公鱼 15 个群体遗传多样性分析及中性检验结果
Tab. 3 Genetic Diversity Analysis and Neutrality Test Results of 15 Populations of *H. nipponensis*

群体	样本数	变异位点	单倍型数量	单倍型多样性 (Hd)	核苷酸多样性 (Pi)	Tajima's D	p-值	Fu's FS	p-值
XQY	29	4	6	0.562	0.00115	-0.81166	0.24100	-2.82164	0.01100
SFS	30	7	8	0.467	0.00125	-1.68607	0.02400	-3.79192	0.00000
SHH	30	4	5	0.359	0.00064	-1.58549	0.02000	-3.25494	0.00300
SF	30	7	8	0.706	0.00172	-1.21326	0.11300	-3.79192	0.00700
MY	35	9	11	0.852	0.00274	-0.72158	0.26000	-4.76725	0.00900
PJK	35	11	13	0.889	0.00323	-0.82591	0.22300	-6.26474	0.00400
DHS	30	1	2	0.067	0.00011	-1.14700	0.12400	-1.21145	0.05900
XS	22	13	9	0.606	0.00208	-2.28645	0.00200	-5.11524	0.00000
BLG	19	9	6	0.538	0.00212	-1.74567	0.02900	-1.59902	0.11800
WSH	29	9	9	0.702	0.00179	-1.64405	0.03300	-5.01111	0.00000
LYX	30	8	9	0.720	0.00201	-1.19802	0.10100	-4.33482	0.00700
LJX	30	7	8	0.554	0.00117	-1.76680	0.00900	-5.57274	0.00000
BSTH	30	7	8	0.660	0.00152	-1.41315	0.07800	-4.33311	0.00500
FH	30	7	8	0.634	0.00158	-1.38239	0.07400	-4.24373	0.00300
EH	30	5	6	0.724	0.00164	-0.57153	0.32200	-1.65489	0.11900
总体 1	439	40	47	0.690	0.00290	-1.33327	0.10967	-3.94841	0.02300

2.2.2 单倍型网络结构图 利用 Network4.6.1.6 软件绘制单倍型网络图(图 3)。结果显示, 439 尾西太公鱼有 47 个单倍型, 潘家口水库(PJK)单倍型最多(13 个), 打虎石水库(DHS)单倍型最少(2 个)。其中 Hap1 被 15 个群体所共享, 分布于 239 个样本中, 占总样本数的 54.44%, Hap1 可能为西太公鱼的原始单倍型。15 个移植群体的单倍型主要分为两支。其中一支包含所有群体, 另外一支包含响水水库(XS)、宝力格水库(BLG)、密云水库(MY)和潘家口水库(PJK)群体。四丰山水库(SFS), 水丰水库(SF), 响水水库(XS), 宝力格水库(BLG), 微山湖(WSH), 潘家口水库(PJK), 密云水库(MY), 刘家峡水库(LJX), 龙羊峡水库(LYX), 福海(FH), 博斯腾湖(BSTH)均有独特的单倍型。15 个群体以共享单倍型 Hap 1 为中心, 呈发散状结构。

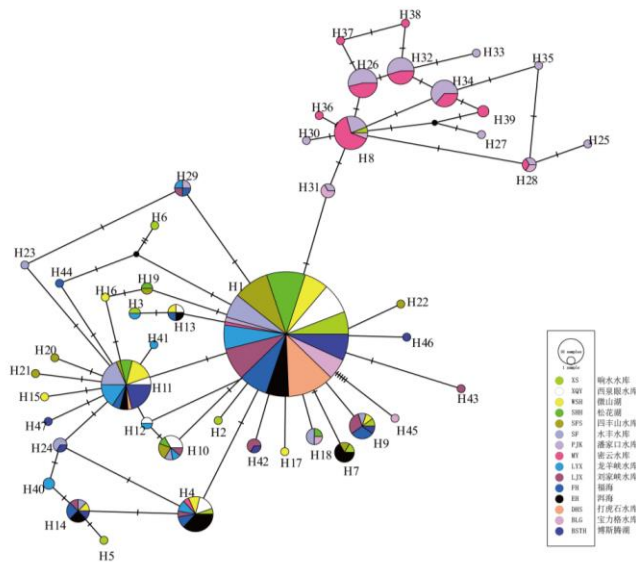


图 3 基于线粒体 *COI* 基因西太公鱼 15 个群体单倍型网络图
Fig.3 The haplotype network 15 populations of *H. nipponensis* based on *COI* gene

2.2.3 遗传距离和遗传结构 AMOVA 分子方差分析结果(表 4)显示, 15 个群体的分子变异主要发生在群体内(群体内=65.06%, 群体间遗传变异=34.94%。遗传距离分析显示(图 4B), 群体内遗传距离范围在 0.00011 ~0.00323 之间, 群体内最大遗传距离发生在潘家口水库(PJK), 最小的为打虎石水库(DHS); 群体间的遗传距离范围在 0.00037 ~0.00544 之间, 潘家口水库(PJK)和响水(XS)群体的遗传距离最大, 打虎石水库(DHS)和松花湖(SHH)的遗传距离最小, 西太公鱼和本研究 15 个采样群体内和群体间的遗传距离为 0.1%~0.5%, 而西太公鱼与公鱼属的池沼公鱼、日本公鱼、海公鱼的遗传距离均在 10%^[11]。进一步比较两两群体间的遗传分化系数(图 4B), 结果显示, 各群体间的遗传分化指数为-0.04742~0.68538, 潘家口水库(PJK)和密云水库(MY)与其他群体的遗传分化指数较高, 密云水库(MY)与打虎石水库(DHS)群体的遗传分化指数最大, 微山湖(WSH)和福海(FH)群体的遗传分化指数最小。通过 15 个西太公鱼群体 NJ 系统树、遗传距离及遗传分化系数(图 4)可以看出, 潘家口水库(PJK)和密云水库(MY)形成明显分化, 进化树与网络图的结果基本保持了一致。

表 4 西太公鱼 15 个群体分子方差分析结果
Tab. 4 Results on analysis of molecular variances (AMOVA)15 populations for *H. nipponensis*

变异来源	自由度 df	方差和	变异组成	变异比例
群体间	14	117.782	0.27059 Va	34.94
群体内	424	213.653	0.50390 Vb	65.06
总计	438	331.435	0.77449	

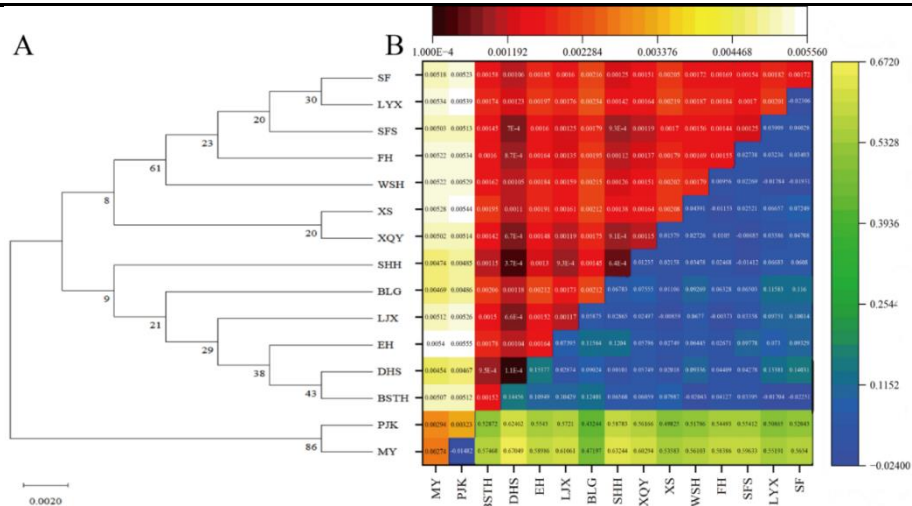


图 4 基于 *COI* 基因序列构建的西太公鱼 15 个群体 NJ 系统树, 群体遗传距离及遗传分化系数

A: NJ 系统树; B: 群体内遗传距离(对角线)、群体间遗传距离(对角线以上)和遗传分化系数(对角线以下)

Fig.4 Construction of NJ phylogenetic tree of 15 populations for *H. nipponensis* by *COI* gene sequence, population genetic distance and genetic differentiation coefficient

A for NJ phylogenetic tree; B for Intra-population genetic distance (diagonal) and inter-population distance (above diagonal) and genetic differentiation coefficient (below diagonal)

2.2.4 种群历史动态 采用中性检验、核苷酸错配分布图及贝叶斯天际线图(Bayesian Skyline Plot, BSP)三种方法相结合评估 15 个群体西太公鱼历史动态。中性检验结果显示(表 3), 西太公鱼群体的中性检验结果都为负, 表明西太公鱼群体进化过程有所偏离中性演化。错配分布图(图 5)结果显示西太公鱼群体呈现单峰型, 同时用 BEAST 软件对其整体进行 BSP 分析显示(图 6), 西太公鱼种群大致呈平缓上升趋势(图 6)。结合中性检验和错配分布图的结果表明, 所有群体在历史上均经历过种群扩张。

3 讨论

3.1 西太公鱼种群遗传多样性的特征

遗传多样性作为种群进化的根基, 其丰度直接决定物种的长期生存与适应性潜力, 较高的遗传多样性不仅能增强抵御不良环境的能力, 还有利于物种演化与保护^[23,24]。本研究结果表明, 我国西太公鱼总体的单倍型多样性(Hd)和核苷酸多样性(Pi)呈“高 Hd-低 Pi”或“双低”特征, 其原因可能是经历过奠基者效应后迅速扩张的进化历史, 因核苷酸多样性的积累时间比单倍型多样性更漫长, 从而形成高 Hd-低 Pi 格局^[25]。

我国西太公鱼移植群体整体上遗传多样性偏低，这与曹晓霞和龚小玲的研究结论相符^[13,16]。打虎石水库(DHS)单倍型多样性(Hd)与核苷酸多样性(Pi)均显著低于 Grant 等提出的标准值($Hd \geq 0.5$, $Pi \geq 0.005$)^[25]。据了解(赤峰市农牧局水产站)，打虎石水库(DHS)群体属无意移植(鲢鳙放流时的夹杂带入)，极少数数量奠基群体的长期近交，导致了群体遗传多样性的同质化^[26,27]。密云水库(MY)群体的遗传多样性较高，曹晓霞^[13]的研究表明，我国密云水库和于桥水库的西太公鱼遗传多样性与日本原产地北海道、青森群体相当，可能得益于在建群历史中的多次引入。相关文献表明^[12]，密云水库的引种来自我国辽宁和日本，不同种源在此发生了二次混合，汇集了双方已有的遗传变异，从而提高了群体的遗传多样性。同时，由此增大的有效种群为未来新突变的保留和积累奠定了基础。而密云水库(MY)的西太公鱼部分也是由潘家口水库(PJK)^[28,29]所提供。这两个水库的多样性结果极可能与从日本重新引种事件相关，是多源引入移植方式对群体遗传状况影响的一个例证。

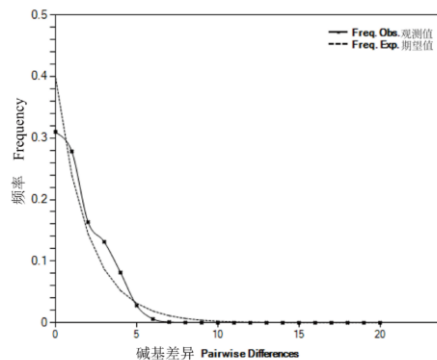


图5 西太公鱼 15 个群体错配分布图

Fig.5 Mismatch distribution graph of *H. nipponensis* in 15 populations

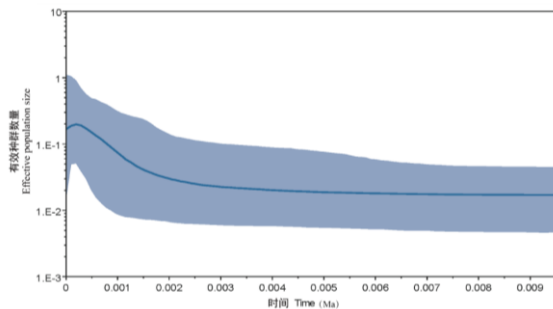


图6 西太公鱼 15 个群体的贝叶斯天际线图

Fig.6 Bayesian skyline diagram of *H. nipponensis* in the 15 populations

3.2 遗传多样性分布格局

西太公鱼属于海淡水洄游型鱼类，具对环境具较强的适应能力，也是其能开展广域移植的基础。根据水体所在地理位置，可大致将 15 个群体划分为 4 个区域：东北地区湖泊/水库(XQY、SFS、SHH、SF)，华北地区水库(MY、PJK、DHS、XS、BLG)，西北地区湖泊/水库(LYX、LJX、BSTH、FH)和西南地区湖泊(EH)。结果中华北群体维持了较高的多样性水平，其中潘家口水库(PJK: $Hd = 0.889$, $Pi = 0.00323$)与密云水库(MY: $Hd = 0.852$, $Pi = 0.00274$)在所有群体中最高，可能与多源引入混合和适宜生长期较长等有关。西北地区与西南地区群体则呈现中等至偏高多样性，可能与区域气候特征及较低的捕捞压力有关，这些因素有利于遗传多样性的维持^[30]。其中，盐碱水体(新疆博斯腾湖和福海)中西太公鱼的遗传多样性($Hd = 0.647$, $Pi = 0.00155$)高于同纬度的东北地区($Hd = 0.524$, $Pi = 0.00119$)，可能是盐碱环境促使生成了独有单倍型，也可能是通过地理隔离促进了种群间遗传结构的分化^[31]。东北地区群体($Hd = 0.524$, $Pi = 0.00119$)遗传多样性最低，可能与高纬度区域适宜生长期较短限制了其有效种群大小有关，加之可能的奠基者效应，导致遗传多样性有所丢失^[32]。移植引种往往仅使用了种源群体中的少数个体，而我国西太公鱼的扩散基本上又是“单一来源-多点复制”的过程，这种渔业方式本身容易限制有效群体的规模。还由于现存群体已远离其自然分布区，缺乏外部基因流的有效补充，会进一步缩减有效种群的规模。生产中长期依赖封闭的“自繁自育”模式进行增殖放流，加速了稀有等位基因的丢失^[33]，促使了核苷酸多样性(Pi)的降低。因此尽管西太

公鱼在我国分布广泛，但其整体遗传多样性水平仍然偏低。

3.3 种群遗传分化和结构

探究水产经济动物群体间的遗传分化水平和遗传结构，对其繁育及种质资源的保护、开发和利用具有重要意义。本文使用 439 个西太公鱼采集样品的序列样本，基于邻接法构建了个体进化树；同时，为进一步验证进化树结果的可靠性，又下载合并了龚小玲^[11]的历史数据，再次构建了基于同方法的个体进化树。其结果均显示出，密云水库(MY)和潘家口水库(PJK)与其他 13 个群体，表现出遗传分化。遗传分化系数(F_{st})是衡量群体间遗传结构分化程度的重要指标，其数值反映了等位基因频率在群体间的差异大小。遗传分化系数越低，表明群体间的等位基因频率分布越相似，遗传分化程度越弱；反之，则表明群体间等位基因频率差异越大，遗传分化程度越强^[34,35]。在单倍型网络图(图 2)中密云水库(MY)和潘家口水库(PJK)的单倍型聚为一支，遗传分化系数(F_{st}) (图 4)中 2 个群体与其余群体的遗传分化系数(F_{st})都较高(0.43244~0.67049)，说明它们之间存在显著遗传分化。因此，在制定西太公鱼的增殖放流与资源管理策略时，应考虑将密云水库和潘家口水库视为独立的生物管理单元。

4 小结与展望

我国西太公鱼的种源群体相对单一，遗传多样性现状与其错综复杂的引种历史和方式密切相关。移植群体目前的遗传多样性整体偏低，种质质量呈现退化趋势。因此，在种源追溯层面，补充我国境内与东亚地区公鱼自然分布核心地区（日本海）相连通水域的遗传多样性系统调查，明确我国西太公鱼资源的真实状况，将有益于从根本上改善移植群体的遗传现状。在目前的生产层面，有必要加强移植群体的遗传评估及动态监测，以预警种群遗传波动风险，并及时采取多样性修复措施，例如从原种源地重新引种。种群保护与管理层面上，应进一步加强不同生态型的遗传评估，开展核心种质群体的生境优化与保护技术研究，例如在潘家口水库、密云水库等地建立核心保护区。同时，应基于现有遗传多样性特征，优化移植与引种策略，以实现该种质的长期可持续利用。

5 参考文献

- [1] 解玉浩. 我国的公鱼. 大自然, 1992(4): 40.
- [2] 相远辉. 水库池沼公鱼产量变化的原因. 北京农业, 2015, (02): 86-87.
- [3] Xie YH. An Emerging Fishery in China—*Hypomesus* Fishery. Journal of Hydroecology, 1986, (02): 33-34. [解玉浩. 我国的一种新兴渔业——公鱼渔业. 水利渔业, 1986, (02): 33-34.]
- [4] Lu X. Propagation of *Hypomesus olidus*. Journal of Hydroecology, 1987, (01): 27-30. DOI: 10.15928/j.1674-3075.1987.01.011.[吕迅. 池沼公鱼的增殖. 水利渔业, 1987, (01): 27-30.]
- [5] Cheng JY, Yu SC, Long GG, et al. Fish Assemblage Shift after Japanese Smelt (*Hypomesus nipponensis* McAllister, 1963) Invasion in Lake Erhai, a Subtropical Plateau Lake in China. Water, 2021, 13(13): 1800-1800. DOI: 10.3390/W13131800.
- [6] 李赫, 王兴兵, 张健等. 亚洲公鱼的研究现状与进展. 江西水产科技, 2024, (06): 53-57.
- [7] 解玉浩, 李勃. 北方地区水库移植池沼公鱼的效果和前景. 黑龙江水产, 1988, (01): 15-19.
- [8] Zhang YL. A new record of chinese fish from the lower yalu rive. Zoological Systematics, 1982, (03): 328. [张玉玲. 中国鱼类一新纪录. 动物分类学报, 1982, (03): 328.]
- [9] Shi WL, Wu QF, Quan SF. Origin and comparison of *Hypomesus olidus* and *Hypomesus nipponensis* in China. Reservoir Fisheries, 1987, (2): 5-9+42. [史为良, 毋全富, 全胜攀. 我国池沼公鱼(*Hypomesus olidus*)和西太公鱼(*Hypomesus nipponensis*)的来源和比较. 水利渔业, 1987, (2): 5-9+42.]
- [10] 曹晓霞, 董仕, 杨正玲等. 关于移植公鱼的种类问题. 河北渔业, 2009, (06): 10-12.
- [11] Gong XL, Wu Y, Cui ZK, et al. Molecular identification of introduced *Hypomesus* species in seven places. Journal of Fisheries of China, 2012, 36(12): 1802-1808. DOI: 10.3724/SP.J.1231.2012.28159. [龚小玲, 吴颖, 崔忠凯等. 7 处移植公鱼种类的分子鉴定. 水产学报, 2012, 36(12): 1802-1808.]
- [12] 徐文耀. 池沼公鱼已定居首都. 现代渔业信息, 1991, (07): 25-26.
- [13] 曹晓霞. 移植公鱼种类及西太公鱼遗传多样性分析[学位论文]. 天津师范大学, 2010.
- [14] Hebert PDN, Cywinka A, Ball SL, et al. Biological identifications through DNA barcodes. Proc R Soc Lond Ser B Biol Sci. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 2003, 270(1512): 313-321. DOI: 10.1098/rspb.2002.2218.
- [15] Fang DA, He M, Ren YF, et al. Assessment of Genetic Diversity of the *Salangid*, *Neosalanx taihuensis*, Based on the Mitochondrial *COI* Gene in Different Chinese River Basins. Biology, 2022, 11(7): 968-968. <https://doi.org/10.3390/biology11070968>
- [16] 吴颖. 我国七处移植公鱼线粒体 *COI* 条形码的物种鉴定、遗传结构分析及西太公鱼微卫星开发[学位论文]. 上海海洋大学, 2012.
- [17] Koichiro T, Glen S, Sudhir K. MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. Molecular Biology and Evolution, 2021(7): 7. DOI: 10.1093/molbev/msab120.
- [18] Julio R, Albert F, Carlos JS, et al. DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Data Sets. Molecular biology and evolution, 2017, 34(12): 3299-3302. DOI: 10.1093/molbev/msx248.
- [19] Bandelt HJ, Forster P, Rohl A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. Molecular Biology & Evolution, 1999, 16(1): 37-48. DOI: 10.1093/OXFORDJOURNALS.MOLBEV.A026036
- [20] Excoffier L, Lischer HEL. 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. DOI: 10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x.
- [21] Joseph H, Drummond AJ. Bayesian Inference of Species Trees from Multilocus Data. Molecular Biology & Evolution, 2010(3): 570-

580. DOI: 10. 1093/molbev/msp274.
- [22] He M; Fang DA; Chen YJ; Sun HB; Luo H; Ren YF; Li TY. Genetic Diversity Evaluation and Conservation of Topmouth Culter (*Culter alburnus*) Germplasm in Five River Basins in China. *Biology* 2023, 12, 12. <https://doi.org/10.3390/biology12010012>.
- [23] Schindler DE, Hilborn R, Chasco B, et al. Population Diversity and the Portfolio Effect in An Exploited Species. *Nature*, 2010, 465(7298): 609-612. DOI: 10. 1038/nature09060.
- [24] Ellegren H, Galtier N. Determinants of genetic diversity. *Nature Reviews Genetics*. 2016. 58. DOI: 10. 1038/nrg. 2016.58.
- [25] Grant W, Bowen BW. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation. *J Hered*, 1998. DOI: 10. 1093/jhered/89. 5. 415.
- [26] Foote AD, Martin MD, Louis M, et al. Killer whale genomes reveal a complex history of recurrent admixture and vicariance: Supplementary Materials. Cold Spring Harbor Laboratory, 2019(14). DOI: 10. 1101/520718.
- [27] Wu Z, Zhou LQ, Chi CF, et al. Effects of southern culture pattern on population genetic structure of *Haliotis discus hannai* based on mitochondrial *COI* and *Cytb* gene sequences. *Journal of Fisheries of China*, 2024, 48(01): 112-122. DOI: 10. 11964/jfc. 20210812991. [吴宙, 周丽青, 迟长凤, 等. 基于线粒体 *COI* 和 *Cytb* 基因探讨北鲍南养对皱纹盘鲍群体遗传结构的影响. *水产学报*, 2024, 48(01): 112-122.]
- [28] Xin BZ. Summary of artificial introduction techniques for *Hypomesus olidus*. *Journal of Hydroecology*, 1989, (06): 14-17+20. [辛宝忠. 池沼公鱼人工移植技术总结. *水利渔业*, 1989, (06): 14-17+20.]
- [29] 万紫锦. 承德市圆满完成池沼公鱼增殖放流任务. *河北渔业*, 2013, (5): 70.
- [30] Zlateva I, Ivanova P, Dzhembekova N, et al. Spatial Distribution and Genetic Diversity of Turbot (*Scophthalmus maximus*, Linnaeus, 1758) in Bulgarian Black Sea Waters Relative to Fishing Pressure and Their Abiotic Environment. *Journal of Marine Science & Engineering*, 2023, 11(10). DOI: 10. 3390/jmse11101982.
- [31] Wang SY, Liang LQ, Chang YM, et al. Mining and analysis of InDels in response to alkali-saline stress in Amur ide (*Leuciscus waleckii*). *Journal of Fishery Sciences of China*, 2022, 29(02): 184-199. DOI: CNKI: SUN: ZSCK. 0. 2022-02-002. [王双毅, 梁利群, 常玉梅, 等. 瓦氏雅罗鱼盐碱适应相关 InDels 位点的挖掘与分析. *中国水产科学*, 2022, 29(02): 184-199.]
- [32] Hutchings JA. *Life Histories of Fish*[M]. Blackwell Publishing Ltd, 2002.
- [33] Ong HG, Jung EK, Kim YI, et al. Population connectivity and size reductions in the Anthropocene: the consequence of landscapes and historical bottlenecks in white forsythia fragmented habitats. *BMC Ecology and Evolution*, 2024, 24(1): 1-21. DOI: 10. 1186/s12862-024-02308-0.
- [34] Wright SW. The Interpretation of Population Structure by F-Statistics with Special Regard to Systems of Mating. *Evolution*, 1965, 19(3): 395-420. DOI: 10. 1111/j. 1558-5646. 1965. tb01731. x.
- [35] A. Márcia Barbosa, Real R, A.-Román Muñoz, et al. New measures for assessing model equilibrium and prediction mismatch in species distribution models. *Diversity and Distributions*, 2013, 19(10): 1333-1338. DOI: 10. 1111/ddi. 12100.