

泰山螭霖鱼线粒体 COI 基因序列的遗传多样性分析

杨玲, 巩俊霞, 付佩胜, 李娟, 张金路*

(山东省淡水水产遗传育种重点实验室, 农业部黄河下游渔业资源环境科学观测实验站, 山东省淡水渔业研究院, 山东济南 250117)

摘要 [目的]通过克隆泰山螭霖鱼的 COI 基因序列, 研究其与鲤科几属鱼类的进化关系, 确定泰山螭霖鱼的分类地位。[方法]以泰山螭霖鱼 30 个个体为材料, 对其线粒体细胞色素氧化酶亚基 I (COI) 的部分序列进行 PCR 扩增和序列对比, 检测泰山螭霖鱼的遗传多样性; 计算泰山螭霖鱼不同单倍型与 GenBank 中鲤科 5 个属鱼类的遗传距离, 采用聚类分析方法, 构建 NJ 和 UPGMA 系统进化树。[结果] 30 个个体泰山螭霖鱼线粒体 COI 基因片段长度约 1 600 bp, 无碱基的插入和缺失, 纯化并去除引物序列后获得约 1 493 bp 的核苷酸序列, 存在 6 种单倍型, 共检测到 6 个多态位点, 包括 4 个转化、2 个颠换, 其单倍型多样性 (Hd) 为 0.460, 核苷酸多样性 (Pi) 为 0.000 78, 平均核苷酸差异数 (K) 1.163。遗传距离和 NJ 和 UPGMA 系统进化树表明, 泰山螭霖鱼与多鳞白甲鱼的 COI 序列一致, 泰山螭霖鱼所在的突吻鱼属与光唇鱼属的亲缘关系最近, 与金线鲃属、倒刺鲃属、华鲮属的亲缘关系较远。[结论] 该研究为其种质资源的管理与保护及遗传育种提供分子生物学依据。

关键词 泰山螭霖鱼; COI; 遗传多样性

中图分类号 S917; Q958.1 文献标识码 A 文章编号 0517-6611(2016)27-0127-04

Study on Genetic Diversity of *Varicorhinus macrolepis* Based on COI Gene Sequences

YANG Ling, GONG Jun-xia, FU Pei-sheng, ZHANG Jin-lu* (Key Laboratory of Genetic and Breeding of Freshwater Aquaculture in Shandong Province, The Yellow River Downstream Fishery Resources and Environmental Scientific Observing Station of Ministry of Agriculture, Freshwater Fishery Research Institute of Shandong Province, Jinan, Shandong 250117)

Abstract [Objective] Through cloning COI gene sequence of *Varicorhinus macrolepis*, its evolutionary relationship with other genus fish in Cyprinidae was studied, the classification status of *V. macrolepis* was determined. [Method] 30 *V. macrolepis* were used as experimental materials, mitochondrial cytochrome oxidase subunit I (COI) gene fragment was amplified using PCR technique and aligned of sequence, genetic diversity of *V. macrolepis* was detected, and genetic distance between different haplotypes of *V. macrolepis* and 5 genus of Cyprinidae in GenBank was calculated. Clustering analysis was used to build NJ and UPGMA phylogenetic tree. [Result] The results showed that the COI gene fragment PCR products of 30 *V. macrolepis* were about 1 600 bp, and no insertion/deletion was observed, 1 493 bp nucleotide sequences were determined after being purified and excluded the primer sequence. There were 6 haplotypes, and 6 polymorphic sites were detected, including 4 transition sites and 2 transversion sites. Haplotype diversity (Hd) of *V. macrolepis* was 0.460, nucleotide diversity (Pi) was 0.000 78, average number of nucleotide differences (K) was 1.163. Genetic distance and NJ UPGMA phylogenetic trees showed that the sequences of *V. macrolepis* and *O. macrolepis* are the same. The genetic relationship between *Varicorhinus* and *Acrossocheilus* was the closest, while the genetic relationship between *Varicorhinus* and *Spinibarbus*, *Sinilabeo*, *Sinocyclocheilus* were far. [Conclusion] The study can provide molecular biology basis for management, protection and genetic breeding of germplasm resources.

Key words *Varicorhinus macrolepis*; COI Gene; Genetic diversity

泰山螭霖鱼 (*Varicorhinus* sp.) 属鲤科鲃亚科突吻鱼属, 是生活在泰山海拔 270~800 m 山涧溪流中的一种小型野生鱼类, 其肉嫩味美、营养丰富, 具有独特的药用保健价值^[1], 是泰山特有的珍贵生物, 也是我国“五大贡鱼”之一^[2]。对于泰山螭霖鱼的研究, 自 20 世纪 90 年代起, 鱼类学者们对其生态习性和生物学特点、人工驯化和繁殖、解剖学、生长性能、染色体核型、同工酶^[2-7]进行了研究, 近年来, 利用分子标记技术对泰山螭霖鱼的遗传多样性和部分功能基因进行了研究^[8-12], 在线粒体 DNA 的研究方面, 陈红菊^[11]对其线粒体 Cytb 和 D-loop 进行研究, 有关泰山螭霖鱼线粒体 COI 基因的研究鲜见报道。笔者通过克隆泰山螭霖鱼的 COI 基因序列, 研究其与 GenBank 中同源性较高的鲤科几属鱼类的进化关系, 确定泰山螭霖鱼的分类地位, 以期为其种质资源的管理与保护及遗传育种提供分子生物学依据。

1 材料与方**1.1 材料** 泰山螭霖鱼取自泰安市泰山螭霖鱼原种场, 样

本数量为 30 个; PCR 引物由上海生工生物技术有限公司合成; DNA 提取试剂盒 (SK) 购自上海生工生物技术有限公司; Taq DNA 聚合酶、dNTP、MgCl₂、Marker 等为大连宝生物工程有限公司生产; PCR 仪为 TaKaRa TP650 型。

1.2 方法

1.2.1 基因组 DNA 的提取。取泰山螭霖鱼背部肌肉约 20 mg, 用 DNA 提取试剂盒 (上海生工) 提取样品的基因组 DNA, 经 OD₂₆₀/OD₂₈₀ 和琼脂糖凝胶电泳来检测所提取 DNA 的浓度和纯度。

1.2.2 引物设计及 PCR 扩增。根据 GenBank (NC_NC_023799.1) 中的相应序列设计引物, 用于 COI 基因序列的扩增, 引物序列为 CO-S: ACTCGGCTACCTTACCTGTGGC, CO-A: CTCGTTAGTTTGATTGAACT。

PCR 扩增体系 50 μL, 其中, 10× Buffer (TaKaRa) 5 μL, MgCl₂ (25 mmol/L) 4 μL, dNTP (各 2.5 mmol/L) 4 μL, Taq 酶 (TaKaRa, 5 U/μL) 0.5 μL, 上、下游引物 (10 μmol/L) 各 2 μL, 模板 DNA 2 μL, 补足灭菌双蒸水至 50 μL。扩增条件: 94℃ 预变性 5 min, 94℃ 50 s, 53℃ 50 s, 72℃ 1 min, 35 个循环; 72℃ 延伸 10 min。PCR 扩增产物经 1.5% 的琼脂糖凝胶电泳检测后, 送上海生工生物技术有限公司, 纯化后采用上述引物进行双向测序。

基金项目 山东省农业良种工程项目“水产经济生物种质资源收集保护与评价”子课题三“淡水水产经济生物种质资源收集、保护与评价”; 山东省现代农业产业体系鱼类创新团队项目 (SDAIT-12-04)。

作者简介 杨玲 (1967-), 女, 山东济南人, 研究员, 从事鱼类遗传育种研究。* 通讯作者, 高级工程师, 从事生态渔业研究。

收稿日期 2016-07-15

1.2.3 序列分析。测序结果经 DNASTAR 软件拼接并辅以人工校对,利用 MEGA 6.06 软件,与从 GenBank 中查到的多鳞铲颌鱼相应序列(NC_NC_023799.1)用 Clustal W 进行比对分析,统计序列的碱基组成和转换/颠换比率(Ts/Tv ratios)、变异位点,采用 Kimura 2-parameter 模型计算个体间的遗传距离,邻接法(Neighbor-Joining, NJ)构建单倍型分子系统树,自举检测(bootstrap)1 000 次计算各分支置信度;采用 DNASP v5.10 软件计算单倍型多样性(Hd)、核苷酸多样性

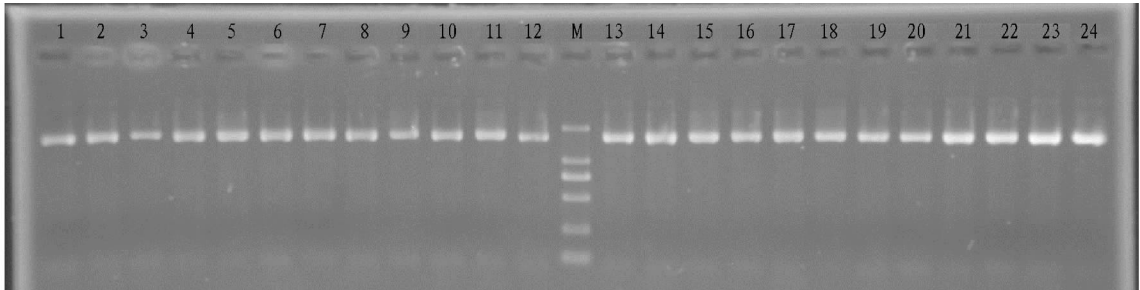
(Pi)和平均核苷酸差异数(K)。

2 结果与分析

2.1 PCR 扩增结果 采用引物 CO-S 和 CO-A 对 30 尾泰山螭霖鱼的基因组 DNA 进行 PCR 扩增,结果均扩增出一条约 1 600 bp 的条带(图 1)。

2.2 COI 基因片段的序列分析

2.2.1 序列分析。泰山螭霖鱼 30 个样本线粒体 COI 基因的测序结果经 DNASTAR 软件拼接并辅以人工校对,去除部分



注:1~24 为泰山螭霖鱼个体;M 为 DL2000 Marker。

Note:1-24. *V. macrolepis* individuals, M. DL2000 Marker.

图 1 COI 基因 PCR 产物电泳结果

Fig. 1 Electrophoresis map of COI gene PCR products of *V. macrolepis*

端序列后,获得 1 493 bp 的片段。采用 MEGA 6.06 软件经 BLAST 分析,该片段与 GenBank 中多鳞白甲鱼(KF999680.1)的 COI 基因片段同源性高达 100%,确定该产物为泰山螭霖鱼 COI 基因的部分序列。

用 MGEA 6.06 软件对测得序列进行比对分析,在测定的 1 493 bp 片段中,无碱基的插入与缺失,其中,保守位点

1 487 个,变异位点 6 个,占整个序列的 0.4%,简约信息位点 4 个,占整个序列的 0.27%。变异位点包括 4 个转换(transition)、2 个颠换(transversion),转换颠换比(Ts/Tv)为 2:1,碱基替换均发生在第 3 位密码子上,所编码的氨基酸无变化。

用 DNASP v5.10 软件分析 30 个样本 COI 序列,共检测到 6 种单倍型(表 1),绝大多数个体为单倍型 Hap-1,其余

表 1 泰山螭霖鱼 COI 序列的核苷酸变异位点及各单倍型的分布

Table 1 Distribution of nucleotide variation sites and haplotypes in COI sequences of *V. macrolepis*

单倍型 Haplotypes	变异位点 Variation sites						群体中数量 Quantity
	366	477	1 131	1 152	1 155	1 464	
Hap-1	G	A	C	C	C	C	22
Hap-2	A	G	.	.	.	T	3
Hap-3	A	G	2
Hap-4	T	.	1
Hap-5	.	.	.	G	.	.	1
Hap-6	A	G	G	G	.	T	1

5 种单倍型出现的频率较低,分别为 1~3 个样本。

2.2.2 碱基组成和遗传距离。采用 MGEA 6.06 软件统计泰山螭霖鱼 COI 基因片段的碱基含量,其平均为 T 28.5%、C 26.9%、A 26.8%、G 17.8%。G+C 含量(44.7%)略低于 A+T 含量(55.3%),其中,碱基 G 在 1、2、3 位的含量变化很大,分别为 30.3%、14.9%和 8.3%。基于 Kimura 2-parameter 计算遗传距离,自举检测(bootstrap)1 000 次计算各分支置信度,30 个样品的相对遗传距离为 0~0.403。

泰山螭霖鱼 COI 基因 6 种单倍型与 GenBank 中的鲤科部分鱼类的遗传距离见表 2。由表 2 可知,泰山螭霖鱼 6 个单倍型间的遗传距离在 0.07~0.41,泰山螭霖鱼单倍型(Hap-1)与多鳞白甲鱼(*O. macrolepis*)的遗传距离为 0,与铲颌鱼属的遗传距离也较近,为 10.37,其次是光唇鱼属,再次是倒

刺鲃属,与华鲮属和金线鲃属的遗传距离最远。

2.2.3 遗传多样性分析。利用 DNASP v5.10 软件分析 30 个泰山螭霖鱼样品 COI 基因的遗传多样性,结果表明,其单倍型数为 6,单倍型多样性(Hd)为 0.460,核苷酸多样性(Pi)为 0.000 78,平均核苷酸差异数(K)为 1.163,遗传多样性处于较低水平。

2.2.4 聚类分析及系统发育分析。利用 MGEA 6.06 构建了泰山螭霖鱼 30 个样品的 UPGMA 系统树(图 2)。由图 2 可知,30 个样品可聚为 2 个主要分支。将泰山螭霖鱼 COI 基因 6 个单倍型序列与 GenBank 中同源性较高的鲤科突吻鱼属(白甲鱼属)(*Varicorhinus*、*Onychostoma*)、光唇鱼属(*Acrossocheilus*)、倒刺鲃属(*Spinibarbus*)、华鲮属(*Sinilabeo*)、金线鲃属(*Sinocyclocheilus*)的几种鱼类同源序列进行聚类分析,采

用双参数模型(Kimura 2-parameter)作为距离参数,分别以邻接法(neighbor-joining, NJ)和UPGMA法构建分子系统树,自举检测(bootstrap)1 000次计算各分支置信度(图3、4)。由图3、4可知,5个属的鱼类可分为2个大的分支,突吻鱼属与光唇鱼属聚为一大类,倒刺鲃属、金线鲃属、华鲮属鱼

类聚为一大类。泰山螭霖鱼的6个单倍型先与多鳞白甲鱼聚在一起,再与粗须白甲鱼、小口白甲鱼聚在一起,然后与台湾铲颌鱼聚在一起;与稀有白甲鱼、高体白甲鱼及光唇鱼属几种鱼类的亲缘关系次之,与倒刺鲃属、金线鲃属、华鲮属的亲缘关系较远。

表2 泰山螭霖鱼6种单倍型与鲤科鱼类的遗传距离

Table 2 Genetic distance between 6 haplotypes in COI sequences of *V. macrolepis* Cyprinidae

类型 Types	Hap1	Hap2	Hap3	Hap4	Hap5	Hap6	多鳞白甲鱼 <i>O. macrolepis</i>
Hap-1		0.12	0.09	0.07	0.07	0.16	0
Hap-2	0.20		0.07	0.13	0.14	0.10	0.12
Hap-3	0.14	0.07		0.11	0.12	0.12	0.09
Hap-4	0.07	0.27	0.02		0.10	0.17	0.07
Hap-5	0.07	0.27	0.20	0.14		0.13	0.07
Hap-6	0.34	0.14	0.20	0.41	0.27		0.16
多鳞白甲鱼 <i>O. macrolepis</i>	0	0.02	0.14	0.07	0.07	0.34	
稀有白甲鱼 <i>O. rara</i>	10.13	10.38	10.30	10.22	10.21	10.53	10.13
光唇鱼 <i>A. barbodon</i>	11.43	11.51	11.43	11.34	11.51	11.58	11.43
洞庭华鲮 <i>Bangana tungting</i>	12.96	12.96	13.05	12.88	13.04	13.12	12.96
中华倒刺鲃 <i>S. sinensis</i>	12.47	12.56	12.47	12.38	12.46	12.54	12.47
犀角金线鲃 <i>S. rhinoceros</i>	13.09	13.36	13.27	13.18	13.17	13.43	13.09
台湾铲颌鱼 <i>V. barbatulus</i>	10.37	10.62	10.53	10.29	10.45	10.77	10.37

类型 Types	稀有白甲鱼 <i>O. rara</i>	光唇鱼 <i>A. barbodon</i>	洞庭华鲮 <i>Bangana tungting</i>	中华倒刺鲃 <i>S. sinensis</i>	犀角金线鲃 <i>S. rhinoceros</i>	台湾铲颌鱼 <i>V. barbatulus</i>
Hap-1	0.87	0.96	1.04	1.00	0.97	0.94
Hap-2	0.87	0.97	1.05	1.00	0.97	0.94
Hap-3	0.87	0.97	1.05	1.00	0.98	0.94
Hap-4	0.89	0.96	1.04	0.99	0.98	0.94
Hap-5	0.89	0.96	1.05	1.00	0.98	0.94
Hap-6	0.89	0.98	1.05	1.00	0.98	0.94
多鳞白甲鱼 <i>O. macrolepis</i>	0.87	0.96	1.04	1.00	0.97	0.94
稀有白甲鱼 <i>O. rara</i>		0.98	0.97	0.93	0.89	1.01
光唇鱼 <i>A. barbodon</i>	11.63		1.15	0.94	1.02	0.99
洞庭华鲮 <i>Bangana tungting</i>	13.73	15.50		0.75	0.97	1.17
中华倒刺鲃 <i>S. sinensis</i>	11.32	12.34	9.07		0.93	1.05
犀角金线鲃 <i>S. rhinoceros</i>	12.10	13.16	11.87	10.94		1.10
台湾铲颌鱼 <i>V. barbatulus</i>	12.19	12.07	15.99	13.96	14.50	

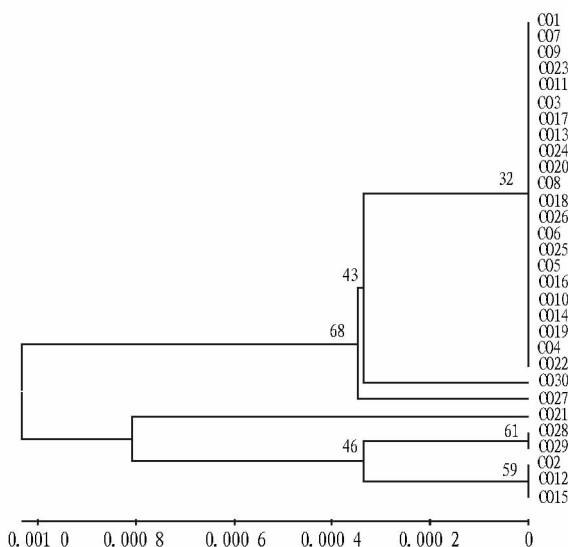


图2 30个泰山螭霖鱼个体的UPGMA系统树

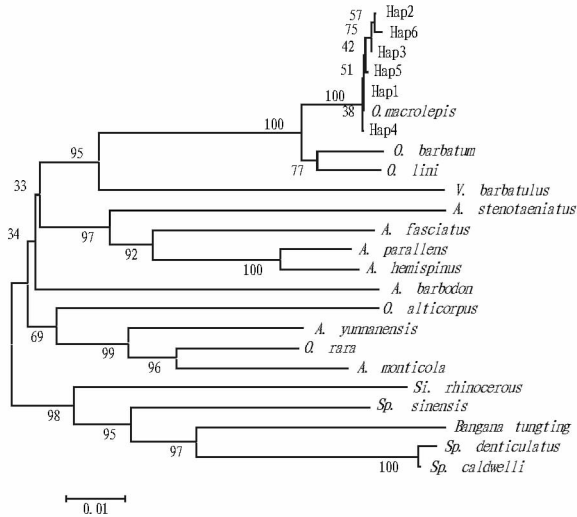
Fig. 2 UPGMA dendrogram of 30 individuals of *V. macrolepis*

3 讨论

(1) 线粒体DNA具有进化速度快、变异性大、母系遗传

及易于扩增等优点,是研究种内和种间进化关系和遗传多样性的有效分子标记,而线粒体COI基因进化速度较快,适合种群水平差异的检测,也可用于种间分析。彭士明等^[13]、马凌波等^[14]、姜虎成等^[15]、朱立静等^[16]通过分析银鲴、青蟹、日本沼虾、四角蛤蜊等物种群体的线粒体COI基因序列差异,研究其遗传结构和系统演化。该研究通过分析泰山螭霖鱼COI基因序列的差异及其与鲤科几属鱼类同源序列的进化关系,探讨其遗传结构、遗传分化和系统演化关系。

(2) 种群的遗传多样性水平是反映物种遗传背景的资料,该研究表明,泰山螭霖鱼30个样本扩增的COI基因1 493 bp片段中,有6个突变位点,存在6种单倍型,核苷酸多样性(P_i)为0.000 78,平均核苷酸差异数(K)为1.163,其单倍型多样性(H_d)为0.460,表明泰山螭霖鱼群体具有较低的遗传多样性水平。这与公维华等^[8]及郭金峰^[9]的研究结果相似,他们分别利用微卫星标记研究了泰山螭霖鱼的遗传多样性,结果表明,泰山螭霖鱼野生群体和养殖群体遗传结构无差异,是一个非常纯合的群体。这是由泰山螭霖鱼生存环境和生活习性所决定的,它生存于泰山,分布在海拔270~800 m的山涧中,不与外界水域交流,加之群体数量小,经长



注: *O. macrolepis*. 多鳞白甲鱼; *O. barbatum*. 粗须白甲鱼; *O. lini*. 小口白甲鱼; *V. barbatulus*. 台湾铲颌鱼; *A. barbodon*. 光唇鱼; *O. alticorpus*. 高体白甲鱼; *A. yunnanensis*. 云南光唇鱼; *O. rara*. 稀有白甲鱼; *A. monticola*. 宽口光唇鱼; *A. stenotaeniatus*. 窄条光唇鱼; *A. fasciatus*. 光唇鱼; *A. sparallens*. 侧条光唇鱼; *A. hemispinus*. 半刺光唇鱼; *Si. rhinoceros*. 犀角金线鲃; *Sp. sinensis*. 中华倒刺鲃; *Bangana tungting*. 洞庭华鲮; *S. denticulatus*. 倒刺鲃; *S. caldwelli*. 黑脊倒刺鲃。

图3 基于COI序列构建的NJ系统树

Fig. 3 Molecular phylogenetic tree of *V. macrolepis* based on COI sequence (NJ)

期的近交繁殖和瓶颈效应,多数基因已纯合,另外,环境的选择压力对其影响不大,形成基因突变和重组的概率很小,故出现遗传多样性降低的现象。

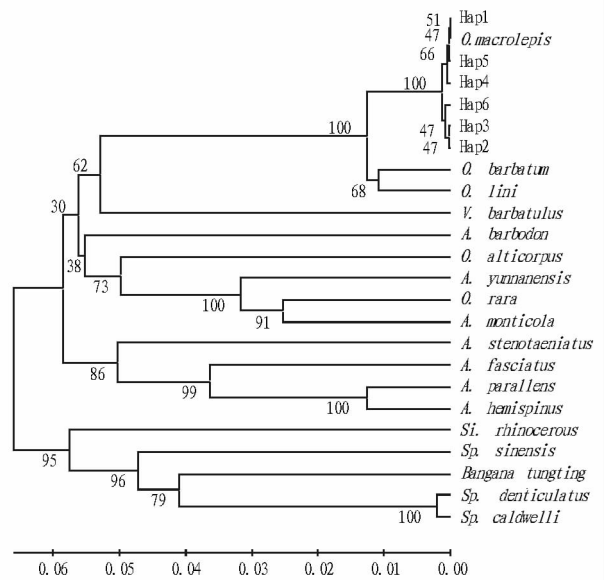
(3)关于突吻鱼属的分类地位,有学者认为突吻鱼属是白甲鱼属的同物异名,伍献文等^[17]研究了我国的标本后,认为白甲鱼亚属(*Onychostoma*)和铲颌鱼亚属(*Scaphesthes*)是突吻鱼属(*Varicorhinus*)的2个亚属。

关于泰山螭霖鱼的分类地位,有学者认为是多鳞铲颌鱼,该研究通过对泰山螭霖鱼与同亚科其他属鱼类基于COI基因的聚类 and 系统发育分析,结果表明,泰山螭霖鱼6个单倍型中,绝大多数个体COI序列单倍型为Hap1,与突吻鱼属(白甲鱼属)的多鳞白甲鱼(*O. macrolepis*)的COI序列完全一致,在突吻鱼属内,泰山螭霖鱼先与多鳞白甲鱼聚在一起,然后与粗须白甲鱼、小口白甲鱼聚在一起,再与台湾铲颌鱼聚为一类。泰山螭霖鱼所在的突吻鱼属与鲤科几属鱼类的亲缘关系:与光唇鱼属的关系最近,与金线鲃属、倒刺鲃属、华鲮属的亲缘关系较远。

该研究结果与陈红菊^[11]的研究结果有所不同,陈红菊^[11]通过对泰山螭霖鱼线粒体 *Cyt b* 序列分析,发现泰山螭霖鱼和多鳞铲颌鱼聚在一起,确定泰山螭霖鱼为多鳞铲颌鱼。泰山螭霖鱼与光唇鱼属的关系最近,其次是倒刺鲃属,与四须鲃属和金线鲃属的关系较远。

参考文献

[1] 岳永生. 泰山螭霖鱼的资源保护与小康村建设[J]. 山东农业科学, 2006



注: *O. macrolepis*. 多鳞白甲鱼; *O. barbatum*. 粗须白甲鱼; *O. lini*. 小口白甲鱼; *V. barbatulus*. 台湾铲颌鱼; *A. barbodon*. 光唇鱼; *O. alticorpus*. 高体白甲鱼; *A. yunnanensis*. 云南光唇鱼; *O. rara*. 稀有白甲鱼; *A. monticola*. 宽口光唇鱼; *A. stenotaeniatus*. 窄条光唇鱼; *A. fasciatus*. 光唇鱼; *A. sparallens*. 侧条光唇鱼; *A. hemispinus*. 半刺光唇鱼; *Si. rhinoceros*. 犀角金线鲃; *Sp. sinensis*. 中华倒刺鲃; *Bangana tungting*. 洞庭华鲮; *S. denticulatus*. 倒刺鲃; *S. caldwelli*. 黑脊倒刺鲃。

图4 基于COI序列构建的UPGMA系统树

Fig. 4 Molecular phylogenetic tree of *V. macrolepis* based on COI sequence (UPGMA)

- (S1): 74-75.
- [2] 杨越峰. 泰山赤鳞鱼生物学特性及其人工繁殖技术[J]. 中国水产, 2006, 49(3): 28-29, 51.
 - [3] 张安才. 泰山赤鳞鱼的生物学及人工养殖技术[J]. 齐鲁渔业, 2005, 22(8): 31-32.
 - [4] 张金花, 王树迎. 泰山螭霖鱼肠道的解剖学研究[J]. 山东农业大学学报, 2003, 34(4): 579-581.
 - [5] 刘自杰, 肖顺利, 黄金果, 等. 四种营养素对泰山螭霖鱼生长效果影响的研究[J]. 淡水渔业, 2002, 32(2): 34-37.
 - [6] 张庆朝, 王慧秦, 刘娟泰, 等. 泰山赤鳞鱼同工酶的研究[J]. 动物学研究, 1994, 15(2): 62-67.
 - [7] PANG Q X, ZHAO B S, YAO D F, et al. The karyotype of Chi-lin fish (*Varicorhinus macrolepis*) from Taishan mountain [J]. Animal science, 2012, 13(3): 649-651.
 - [8] 公维华, 宋憬愚, 姜运良, 等. 用微卫星标记分析泰山螭霖鱼的遗传多样性[J]. 山东农业大学学报, 2004, 35(3): 339-342.
 - [9] 郭金峰. 三个黄颡鱼群体遗传多样性的微卫星标记分析[D]. 泰安: 山东农业大学, 2007.
 - [10] 汪艳宏, 李洁, 黄丽波, 等. 赤鳞鱼 GH 全长 cDNA 扩增和生物信息学分析[J]. 畜牧与兽医, 2012, 44(S1): 336-339.
 - [11] 陈红菊. 泰山赤鳞鱼 *BMP11* 基因表达规律及分子进化研究[D]. 泰安: 山东农业大学, 2008.
 - [12] 王慧, 高建刚, 王树迎. 泰山赤鳞鱼全同胞个体甲基化位点的差异研究[C]//中国水产学会学术年会论文集. 昆明: 中国水产学会, 2008.
 - [13] 彭士明, 施兆鸿, 侯俊利, 等. 银鲳3个野生群体线粒体COI基因的序列差异分析[J]. 上海海洋大学学报, 2009, 18(4): 398-402.
 - [14] 马凌波, 张凤英, 乔振国, 等. 中国东南沿海青蟹线粒体COI基因部分序列分析[J]. 水产学报, 2006, 30(4): 463-467.
 - [15] 姜虎成, 冯建彬, 丁怀宇, 等. 淮河水系日本沼虾群体遗传结构和系统演化的线粒体COI序列分析[J]. 动物学杂志, 2012, 47(2): 73-84.
 - [16] 朱立静, 陈淑吟, 许晓凤, 等. 四角蛤蜊江苏群体线粒体COI基因片段序列研究[J]. 江苏农业科学, 2010, 38(4): 33-35, 97.
 - [17] 伍献文, 曹文宣, 易伯鲁, 等. 中国鲤科鱼类志: 下卷[M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1977.