

# 基于 D-loop 和 Cyt b 序列的大海马遗传变异分析

袁吉贵<sup>1</sup>, 罗杰<sup>1\*</sup>, 刘丽<sup>1</sup>, 张艳苹<sup>1</sup>, 梁万宁<sup>2</sup>

(1. 广东海洋大学水产学院, 广东湛江 524088; 2. 湛江溢鑫源水产科技有限公司, 广东湛江 524088)

**摘要** [目的]对大海马 D-loop 和 Cyt b 序列进行遗传变异分析。[方法]基于 D-loop 和 Cyt b 部分序列对东山岛(20尾)和泉州市(20尾)养殖场大海马进行遗传变异分析。[结果]获得的 D-loop 和 Cyt b 序列分别为 707~709 bp 和 404 bp, 且 2 种序列在 2 个大海马群体之间极其保守。D-loop 和 Cyt b 序列 G+C 含量明显低于 A+T 含量, C 含量也低于 G 含量, Cyt b 序列第 3 位密码子 G 含量最少。东山岛和泉州市的大海马(各 20 条)D-loop 序列的平均核苷酸差异数分别为 0.489 和 0.958, 且分别定义了 3 种和 6 种单倍型, 东山岛和泉州市的大海马(各 20 条)Cyt b 序列在 2 个群体之间相似度为 100%, 只定义了 1 种单倍型。[结论]研究表明 D-loop 和 Cyt b 序列在 2 个大海马群体中变异较小。

**关键词** 遗传变异; 大海马; D-loop; Cyt b

中图分类号 S917.4 文献标识码 A 文章编号 0517-6611(2017)36-0140-03

## Analysis of Genetic Variation of *Hippocampus kuda* Base on D-loop and Cyt b Sequences

YUAN Ji-gui, LUO Jie\*, LIU Li et al (Fisheries College, Guangdong Ocean University, Zhanjiang, Guangdong 524088)

**Abstract** [Objective] To study the genetic variation of *Hippocampus kuda* base on D-loop and Cyt b sequences. [Method] In this paper, the genetic variations of *H. kuda* between Dongshan island (20 individuals) and Quanzhou City (20 individuals) were analyzed base on part of D-loop and Cyt b sequences. [Result] D-loop and Cyt b sequences were 707-709 bp and 404 bp, respectively, and the two sequences were highly conserved between the two populations. G+C content of D-loop and Cyt b sequences were significantly lower than A+T, however, the C content was lower than G, and G content of Cyt b sequences were the least in the third codon. The average number of nucleotide differences of 20 D-loop sequences of *H. kuda* from Dongshan island and Quanzhou City were 0.489 and 0.958, and 3 and 6 kinds of haplotypes were defined respectively, meanwhile, the similarity of Cyt b sequences were 100% with a total of 1 haplotype between the two groups. [Conclusion] All the results showed that the variation of D-loop and Cyt b sequences were relatively little in the two population of *H. kuda*.

**Key words** Genetic variation; *Hippocampus kuda*; D-loop; Cyt b

大海马(*Hippocampus kuda* Bleeker)隶属于海龙科(Synbranchiidae),是一种小型海洋脊椎动物,因其头部像马头而且与身体形成一个角得名,以挠足类、蔓足类、虾类等小型无脊椎动物为食,主要分布于温带、热带及亚热带沿岸浅水海域<sup>[1-2]</sup>。海马具有抗血栓、抗衰老等多种药用功能<sup>[3-4]</sup>,是一种经济价值较高的名贵海产中药材<sup>[5]</sup>。南海以其独特的地理条件和水温水质而成为我国海马的主要捕捞海域<sup>[1]</sup>,但野生海马数量有限,而且一般是兼捕获得。我国海马养殖产业发展较慢,养殖技术需要改善和创新,而且鱼类养殖过程中容易出现互相混杂<sup>[6]</sup>和近交衰退<sup>[7]</sup>等现象,因此,利用可靠的分子标记对大海马养殖群体进行种质评价有重要意义。

分子标记技术可以检测 DNA 碱基替换、插入和缺失,获得丰富的遗传变异信息,进而分析其遗传变异和多态性<sup>[8-10]</sup>。线粒体控制区 D-loop 序列位于线粒体的非编码区,具有较高的突变率,受自然选择压力极小,能积累的变异较多<sup>[11-14]</sup>,另外, Cyt b 为线粒体功能区,且序列变异率相对较高,种间差异较大<sup>[15-18]</sup>,因此, D-loop 和 Cyt b 序列被广泛应用于群体遗传多样性、种质鉴定和遗传进化分析,其中涉及的物种包括哺乳类、两栖类、鸟类、鱼类以及无脊椎动物等<sup>[19-25]</sup>。目前,关于海马的研究主要集中在个体生长、繁殖、遗传进化及保护生物学等方面<sup>[26-30]</sup>,为了保护海马资源,国内外研究者在分子遗传学方面做了许多研究,例如,

Teske 等<sup>[31]</sup>利用 D-loop 序列对南非海马(*Hippocampus capensis*)进行了遗传分析; Lourie<sup>[32]</sup>利用 Cyt b 序列对三斑海马(*Hippocampus trimaculatus*)进行了遗传进化分析; 李玉龙等<sup>[33]</sup>也利用 D-loop 序列对日本海马(*Hippocampus japonicus*)进行了遗传多样性研究。该研究扩增了大海马 D-loop 和 Cyt b 部分序列,对其进行了遗传变异分析,为寻找合适的分子标记研究大海马遗传多样性提供参考,同时也为大海马选育提供科学依据。

## 1 材料与方法

**1.1 材料** 供试大海马于 2016 年 12 月采集于福建省漳州市东山岛海马养殖场(20 尾)和泉州市海马养殖场(20 尾), 2 个群体的大海马体重和体长比较接近(表 1), 采集后于无水乙醇中 -20℃ 保存。

**1.2 基因组 DNA 提取** 取大海马成体尾部组织约 0.1 g, 利用海洋动物组织基因组 DNA 提取试剂盒(TIANGEN)提取海马基因组, 通过 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 质量, 于 4℃ 保存备用。

**1.3 引物设计及 PCR 扩增** 从 NCBI 数据库中下载大海马线粒体 D-loop 序列, 进而设计 D-loop 序列扩增引物 F: AAGGAGAATCGAACTCCCACC/R: GGTTACCTGATAATCACGGGG。PCR 反应体系: 10 × Easy Taq Buffer 2.5 μL, dNTP Mixture 2 μL, DNA 模板 1 μL, F/R 引物各 1 μL, 5 U/μL Taq DNA polymerase 0.2 μL, 用双蒸水补足至 25 μL。扩增程序: 95℃ 预变性 4 min; 95℃ 变性 30 s, 59℃ 退火 45 s, 72℃ 延伸 1 min, 40 个循环; 最后 72℃ 延伸 5 min。此外, 参考高天翔等<sup>[21]</sup>研究扩增 Cyt b 序列, PCR 扩增产物送至广州金唯智公

**基金项目** 广东省科技计划项目(2014A020208124)。

**作者简介** 袁吉贵(1992—), 男, 广东肇庆人, 硕士研究生, 研究方向: 海洋经济动物发育生物学。\* 通讯作者, 高级工程师, 从事水产经济动物增养殖研究。

**收稿日期** 2017-10-11

司完成测序。

表 1 东山岛和泉州市养殖场大海马的体重和体长

Table 1 The weight and length of *Hippocampus kuda* from the farms of Dongshan island and Quanzhou City

序号 No.	体长 Length//cm		体重 Weight//g	
	东山 Dongshan	泉州 Quanzhou	东山 Dongshan	泉州 Quanzhou
1	7.28	7.40	0.84	0.81
2	7.15	8.70	0.96	1.80
3	7.05	8.85	0.90	1.13
4	7.51	8.36	0.95	1.33
5	9.15	6.75	1.75	0.56
6	6.95	7.80	0.70	0.99
7	7.60	6.90	0.88	0.61
8	6.80	7.90	0.65	0.98
9	5.90	7.60	0.42	0.91
10	8.20	6.70	1.12	0.58
11	7.80	6.50	1.12	0.56
12	7.75	7.10	0.90	0.81
13	7.42	7.45	0.84	0.85
14	7.20	7.10	0.74	0.74
15	7.20	6.85	0.75	0.65
16	6.00	6.80	0.86	0.72
17	7.80	7.00	1.05	0.65
18	7.30	7.10	1.25	0.69
19	7.00	5.90	1.20	0.76
20	7.00	6.10	1.11	0.92

1.4 数据处理 使用 MEGA 5.1 软件对测序结果进行拼接、校正后,分析 2 个群体各自的碱基组成;使用 DNASP 软件计算 2 代群体的多态性位点,变异位点(variable sites),单倍型(haplotypes,  $h$ ),单倍型多样性(haplotype diversity,  $Hd$ ),核苷酸多样性(nucleotide diversity,  $Nd$ ),平均核苷酸差异数(average number nucleotide differences,  $k$ )。

## 2 结果与分析

2.1 序列组成 所得 D-loop (MF973238 ~ MF973277) 和 Cyt b (MG018259 ~ MG018298) 序列各 40 条,经校正后长度分别为 707 ~ 709 bp 和 404 bp,与 NCBI 数据库比对一致性均 > 98%,确认为大海马序列。东山岛和泉州市大海马(各 20 条)

Cyt b 序列 T、C、A、G 含量一致,分别为 30.4%、14.6%、30.4%、24.5%,2 个群体 Cyt b 序列的第 3 位密码子 G 含量最少,第 2 位密码子 G 含量次之(表 2)。20 条东山岛大海马 D-loop 序列 T、C、A、G 含量分别为 33.2%、13.9%、32.0%、20.9%,20 条泉州市大海马 D-loop 序列 T、C、A、G 含量分别为 33.3%、13.9%、31.9%、20.9%。D-loop 和 Cyt b 序列中 G + C 含量明显低于 A + T 含量,C 含量均低于 G 含量。

表 2 大海马 Cyt b 序列编码区的碱基组成

Table 2 Cyt b sequence bases composition of *Hippocampus kuda*

来源 Source	密码子位置 Codon position	碱基组成 Bases composition // %			
		T	C	A	G
东山 Dongshan	1	26.0	21.3	26.8	26.0
	2	37.8	24.4	22.8	15.0
	3	27.6	28.3	39.4	4.7
泉州 Quanzhou	1	26.0	21.3	26.8	26.0
	2	37.8	24.4	22.8	15.0
	3	27.6	28.3	39.4	4.7

2.2 遗传变异 由表 3 可知,20 条东山岛大海马 D-loop 序列存在变异位点 4 个,共定义了 3 种单倍型,其中有 18 个个体属于同种单倍型,单倍型多样性为  $0.195 \pm 0.115$ ,核苷酸多样性为 0.000 69,核苷酸差异数为 0.489,20 条泉州市大海马 D-loop 序列变异位点 7 个,6 种单倍型,有 13 个个体属于同种单倍型,单倍型多样性为  $0.579 \pm 0.124$ ,核苷酸多样性为 0.001 36,核苷酸差异数为 0.958;东山岛和泉州市的 Cyt b 序列相似度为 100%,单倍型只有 1 个,序列变异位点、单倍型多样性、核苷酸多样性、核苷酸差异数均为 0。2 种序列分析结果显示 2 个养殖场的大海马群体属于低单倍型( $h < 0.5$ )且低核苷酸多样性( $Nd < 0.5\%$ )的群体,与 D-loop 序列分析结果相比,基于 Cyt b 序列分析东山岛和泉州市 2 个养殖场的大海马群体遗传变异水平更低。

表 3 大海马群体遗传变异信息

Table 3 The information of genetic variation of *Hippocampus kuda*

来源 Source	序列 Sequence	样本量 Number of sample	变异位点 Variable site	单倍型数 Number of haplotype	单倍型多样性 Haplotype diversity	核苷酸多样性 Nucleotide diversity	平均核苷酸差异数 Average number of nucleotide differences
东山 Dongshan	Cyt b	20	0	1	0	0	0
	D-loop	20	4	3	$0.195 \pm 0.115$	0.000 69	0.489
泉州 Quanzhou	Cyt b	20	0	1	0	0	0
	D-loop	20	7	6	$0.579 \pm 0.124$	0.001 36	0.958

## 3 结论与讨论

该试验大海马 D-loop 和 Cyt b 序列存在明显的碱基偏倚性,与其他鱼类的研究结果相似,如贺亮等<sup>[19]</sup>研究发现 2 种虾虎鱼 A + T 含量均高于 C + G 含量,邓朝阳<sup>[34]</sup>研究中鲫鱼 Cyt b 和 D-loop 序列 A + T 含量也高于 G + C 含量,这种偏倚性是大多数脊椎动物线粒体基因的共同特征,有研究者认为这种偏倚性是由于序列中的碱基置换具有倾向性<sup>[35]</sup>,编码基因的变异是由于密码子的简并性变异积累而成<sup>[36]</sup>。该试验大海马 D-loop 和 Cyt b 序列十分保守,2 个群体之间

序列差异很小,变异位点数均为 1% 以下,与其他物种研究结果存在很大差异<sup>[12,16,18]</sup>,同样,Lourie 等<sup>[32,37]</sup>也发现华莱士线以西的三斑海马(*Hippocampus trimaculatus*)和亚洲东南部的大海马 Cyt b 序列变异较小的现象;Sanders 等<sup>[38]</sup>也发现美国加利福尼亚海马 D-loop 和 Cyt b 序列进化速率都很低,表明海马 D-loop 和 Cyt b 序列与其他物种进化速率不一致。东山岛和泉州市 2 个大海马群体的 D-loop 和 Cyt b 序列保守性与大海马繁殖方式和生活习性有关,大海马的繁殖方式非常独特,因为雌海马把卵产在雄海马的育儿袋内,雄海马

孵化出幼海马后没有精力照料和保护幼海马,造成小海马的成活率极低,这种低存活率会造成遗传漂变,进而影响线粒体进化速率。

群体遗传多样性的分子标记很多,但不同的分子标记适用性存在差异。变异位点、核苷酸多样性等参数在一定程度上可以判断一个群体的遗传多样性水平<sup>[39]</sup>。该研究结合 Cyt *b* 和 D-loop 序列对东山岛和泉州市的大海马群体进行分析发现单倍型多样性 ( $Hd < 0.5$ ) 和核苷酸多样性 ( $Nd < 0.5\%$ ) 很低,变异位点数为 0~7,说明大海马群体遗传变异较小。同样,在很多其他海马的研究中也发现类似的情况,例如太平洋海马 (*Hippocampus ingens*)<sup>[30]</sup>、日本海马 (*Hippocampus japonicus*)<sup>[33]</sup>、短吻海马 (*Hippocampus guttulatus*)<sup>[40]</sup>、南非海马 (*Hippocampus capensis*)<sup>[31]</sup> 等其他几种海马的遗传多样性也处于低水平,但与该试验结果相比其遗传变异较大,而且其高单倍型多样性且低核苷酸多样性的遗传多样性模式与该试验模式不一样。一般认为,低单倍型多样性且低核苷酸多样性的遗传多样性模式是因为群体在近期养殖过程中产生了种群瓶颈效应或者奠基者效应。该试验大海马属于养殖品种,遗传变异较小可能是受到人工养殖影响<sup>[41-42]</sup>,要确定遗传变异较小是否与养殖有关,必须与养殖前的群体进行比较,此外,不同的物种类别遗传多样性必然有差异,海马的特殊繁殖方式在遗传变异中有限制进化速率的作用。结合其他人研究结果推测,海马线粒体序列比较保守,D-loop 和 Cyt *b* 序列检测到的变异位点有限,检测其遗传多样性需要结合 SNP 和微卫星等技术。遗传物质变异积累的遗传多样性不仅决定物种的环境适应能力,而且对群体的种质变化有决定性意义,遗传变异越大,一个群体遗传多样性越丰富,该群体的生存能力就越强,群体数量也越多,反之群体数量越少。因此,基于该试验获取的 D-loop 和 Cyt *b* 序列分析显示福建东山岛和泉州市 2 地的大海马群体遗传变异较小,在一定程度上也反映了该地区海马种质稀缺的现象。在养殖过程中,应在优质的基础群体条件下,尽可能加大养殖基础群体和避免近亲繁殖才能维持较高的群体遗传多样性。

## 参考文献

- [1] 韩松霖. 中国海马的分类、资源、利用与保护[D]. 桂林:广西师范大学, 2013.
- [2] 刘瑞玉. 中国海洋生物名录[M]. 北京:科学出版社, 2008:887-1066.
- [3] 许东晖,梅雪婷,李秉记,等. 海马胶囊提高大鼠性功能的药理作用[J]. 中药材, 2003, 26(11): 807-808.
- [4] 许东晖,许实波. 斑海马提取物抗血栓药理研究[J]. 中药材, 1995(11): 573-575.
- [5] 温琬莲,李军德,万德光,等. 海马市场调查与基原动物鉴定研究[J]. 中国中药杂志, 2013, 38(7): 969-972.
- [6] 唐国盘,曾春芳,齐子鑫,等. 福寿鱼的生物学特性及养殖前景[J]. 水生态学杂志, 2006, 26(6): 70-71, 81.
- [7] 肖俊,甘西,罗永巨. 罗非鱼育种研究进展[J]. 湖南科技大学学报(自然科学版), 2014, 29(1): 106-112.
- [8] 邱芳,伏健民,金德敏,等. 遗传多样性的分子检测[J]. 生物多样性, 1998, 6(2): 143-150.
- [9] 陈琳琳,孔晓瑜,周立石,等. 魁蚶核糖体 DNA 基因转录间隔区的序列特征[J]. 中国水产科学, 2005, 12(1): 104-108.
- [10] 黄磊,唐光绪,田东,等. 新型分子标记的开发和利用[J]. 安徽农学通报, 2010, 16(23): 43-45, 61.

- [11] 张博. 黄鲫分子标记开发及遗传多样性分析[D]. 舟山:浙江海洋学院, 2013.
- [12] 丁旭,齐鑫,尹绍武. 基于线粒体 D-loop 基因探讨花鰻的群体遗传多样性及其种群进化历史[J]. 海洋科学, 2012, 36(5): 117-123.
- [13] STONEKING M, HEDGECOCK D, HIGUCHI R G, et al. Population variation of human mtDNA control region sequences detected by enzymatic amplification and sequence-specific oligonucleotide probes[J]. American journal of human genetics, 1991, 48(2): 370-382.
- [14] 张静,白俊杰,叶星,等. 用线粒体 DNA D-loop 区序列探讨盘丽鱼属鱼类系统分类[J]. 上海海洋大学学报, 2006, 15(1): 17-20.
- [15] BLAXTER M. Molecular systematics: Counting angels with DNA[J]. Nature, 2003, 421(6919): 122-124.
- [16] 赵亮,谢本贵,刘志瑾,等. 太湖新银鱼线粒体 D-loop 和 Cyt *b* 片段序列结构与进化速率比较[J]. 动物学杂志, 2010, 45(2): 27-38.
- [17] 王瑾璋. 狭义鮟亚科及其相关类群系统发育关系研究及厚颌鲂遗传多样性分析[D]. 重庆:西南大学, 2013.
- [18] 胡晓勇,李思发. 罗非鱼选育群体 Cyt *b* 与 D-loop 序列变异信息对比分析[J]. 基因组学与应用生物学, 2014, 33(5): 982-985.
- [19] 贺亮,林斌全,刘丽,等. 海陵岛近岸 2 种虾虎鱼线粒体 COI 基因和 D-loop 区序列变异及遗传分析[J]. 基因组学与应用生物学, 2017, 36(1): 81-89.
- [20] 彭士明,施兆鸿,侯俊利. 基于线粒体 D-loop 区与 COI 基因序列比较分析养殖与野生银鲳群体遗传多样性[J]. 水产学报, 2010, 34(1): 19-25.
- [21] 高天翔,毕潇潇,赵林林,等. 基于线粒体 Cyt *b* 基因全序列的松江鲈群体遗传结构分析[J]. 水生生物学报, 2013, 37(2): 199-207.
- [22] 陈士林,姚辉,韩建萍,等. 中药材 DNA 条形码分子鉴定指导原则[J]. 中国中药杂志, 2013, 38(2): 141-148.
- [23] 王继英,郭建凤,赵德云,等. 山东省猪种 mtDNA Cyt *b* 基因遗传多样性及系统进化研究[J]. 中国农业科学, 2009, 42(5): 1761-1767.
- [24] 张际峰,聂刘旺,王洋,等. 大头蛙和脆皮大头蛙线粒体 3 个基因的测定及两栖类亲缘关系研究[J]. 水生生物学报, 2007, 31(6): 822-828.
- [25] 杨帆. 隼形目 13 种鸟类 12S rRNA、COI 和 Cyt *b* 基因分析及亲缘关系研究[D]. 呼和浩特:内蒙古大学, 2011.
- [26] 戴广谱. 环境因素对大海马的繁殖行为及其幼体生长的影响[D]. 宁波:宁波大学, 2012.
- [27] 戴广谱,徐永健,孙彬. 大海马幼苗人工养殖条件的研究[J]. 渔业科学进展, 2011, 32(4): 62-66.
- [28] LÓPEZ A, VERA M, OTERO-FERRER F, et al. Species identification and genetic structure of threatened seahorses in Gran Canaria Island (Spain) using mitochondrial and microsatellite markers[J]. Conservation genetics, 2010, 11(6): 2431-2436.
- [30] SAARMAN N P, LOUIE K D, HAMILTON H. Genetic differentiation across eastern Pacific oceanographic barriers in the threatened seahorse *Hippocampus ingens*[J]. Conservation genetics, 2010, 11(5): 1989-2000.
- [31] TESKE P R, CHERRY M I, MATTHEE C A. Population genetics of the endangered Knysna seahorse, *Hippocampus capensis*[J]. Molecular ecology, 2003, 12(7): 1703-1715.
- [32] LOUIE S A. A marine fish follows Wallace's Line: The phylogeography of the Three-Spot seahorse (*Hippocampus trimaculatus*, Syngnathidae, Teleostei) in Southeast Asia[J]. Journal of biogeography, 2004, 31(12): 1975-1985.
- [33] 李玉龙,王彬,王爱勇,等. 辽宁沿海日本海马线粒体控制区序列变异及其在海龙科鱼类系统分析中的应用[J]. 水产学报, 2017, 41(7): 1073-1082.
- [34] 邓朝阳. 鲫 4 个群体线粒体 Cyt *b* 序列和 D-loop 区的比较分析[J]. 现代农业科技, 2015(9): 277-279.
- [35] 张文驹,瞿礼嘉,高巍,等. 普通小麦基因组最可能的 4 个供体的 ITS1 和 ITS2 序列及其亲缘关系[J]. 植物学报, 1998, 40(11): 994-1000.
- [36] 肖敬平. 简并性还是多态性?: 遗传密码子设定的进化特点的剖析[J]. 中国生物化学与分子生物学报, 2002, 18(6): 669-673.
- [37] LOUIE S A, GREEN D M, VINCENT A C. Dispersal, habitat differences, and comparative phylogeography of Southeast Asian seahorses (*Syngnathidae: Hippocampus*) [J]. Molecular ecology, 2005, 14(4): 1073-1094.
- [38] SANDERS J G, CRIBBS J E, FIENBERG H G, et al. The tip of the tail: Molecular identification of seahorses for sale in apothecary shops and curio stores in California[J]. Conservation genetics, 2008, 9(1): 65-71.

分别有 10 个、4 个和 1 个。建议省政府进一步加大对全省落后县(市)财政转移支付力度,逐步缩小全省落后县(市)人均公

共财政预算支出与全省平均水平差距,提高全省落后县(市)基本公共服务水平,推进全省区域基本公共服务均等化。

表 3 2015 年江苏各县(市)人均公共财政预算支出

Table 3 The per capita public budget expenditure of all Jiangsu counties (city) in 2015

地区 Region	地名 Place name	人均公共财政预算收入 Public budget revenue per capita//元	地区 Region	地名 Place name	人均公共财政预算收入 Public budget revenue per capita//元
苏南与苏中县(市) South of Jiangsu and Su Zhong county (City)	江阴市	12 546	苏北县(市) Subei County (City)	丰县	7 889
	宜兴市	8 706		沛县	8 285
	常熟市	10 281		睢宁县	7 713
	张家港市	13 673		新沂市	9 075
	昆山市	15 465		邳州市	7 206
	太仓市	15 373		东海县	7 132
	溧阳市	8 067		灌云县	7 715
	丹阳市	8 169		灌南县	9 639
	扬中市	11 263		涟水县	7 422
	句容市	7 918		洪泽县	14 153
	海安县	9 743		盱眙县	8 815
	如东县	9 554		金湖县	12 429
	启东市	9 040		响水县	10 126
	如皋市	8 062		滨海县	7 380
	海门市	9 460		阜宁县	8 531
	宝应县	7 019		射阳县	6 664
	仪征市	8 293		建湖县	11 347
高邮市	7 245	东台市	10 305		
兴化市	6 574	沭阳县	7 303		
靖江市	10 183	泗阳县	8 299		
泰兴市	6 262	泗洪县	7 532		

注:资料来源于 2016 江苏统计年鉴

Note: The data came from the 2016 Jiangsu statistical yearbook

**2.10 把建立健全农民工市民化考核机制作为推进农民工市民化的重要动力** 农民工市民化需要依靠地方政府来推动,但是地方政府对农民工市民化的积极性普遍不高,因为农民工市民化需要政府投入大量财力,而政府财力有限,更愿意将有限财力投入经济领域,而不是农民工市民化。原因很简单,因为前者可以刺激经济增长,提高 GDP 总量,满足政府政绩的需要;而后者对经济增长的促进作用不明显。江苏省要尽快将城乡区域常住人口基本公共服务均等化作为约束性指标纳入苏北各级政府政绩考核体系,加大工作目标考核和督查力度,增强地方政府推进农民工市民化动力。

### 3 结语

苏北农民工是一个数量巨大的群体,农民工市民化有可能是一项提升农民工幸福指数的民生工程,也有可能成为社会不安定的隐患,关键在于农民工市民化政策是否科学。要科学制定农民工市民化政策,关键在于科学评估农民工、企业和政府市民化的成本和能力,并且依据它们各自的市民化能力大小制定相应的市民化政策。要推进苏北农民工市民化,关键在于建立地方公共财政支出与常住人口挂钩机制、省级财政转移支付与常住人口挂钩机制和农民工市民化考核机制。

### 参考文献

- [1] 国务院发展研究中心课题组. 农民工市民化: 制度创新与顶层政策设计[M]. 北京: 中国发展出版社, 2011.
- [2] 国务院发展研究中心课题组. “十二五”时期推进农民工市民化的政策要点[J]. 发展研究, 2011(6): 4-12.
- [3] 冷向明, 赵德兴. 中国农民工市民化的阶段特性与政策转型研究[J]. 政治学研究, 2013(1): 17-25.
- [4] 浙江省发展规划研究院课题组. 有序推进农业转移人口市民化: 浙江有序推进农业转移人口市民化的思路与对策[J]. 浙江经济, 2014(11): 36-38.
- [5] 刘俊贵, 王鑫鑫. 农民工随迁子女义务教育经费保障问题及对策研究[J]. 教育研究, 2013(9): 72-77.
- [6] 王春光. 农村流动人口的“半城市化”问题研究[J]. 社会学研究, 2006(5): 107-122.
- [7] 刘爱玉. 城市化过程中的农民工市民化问题[J]. 中国行政管理, 2012(1): 112-118.
- [8] 辽宁省人民政府发展研究中心课题组. 推进辽宁省农业转移人口市民化的政策设想[J]. 辽宁经济, 2013(4): 4-6.
- [9] 蒋昊. 解决农民工城市居住问题的思路与模式: 基于城市规划的视角[J]. 城市规划, 2011(3): 84-88.
- [10] 譙薇, 云霞, 宋金兰. 农业转移人口市民化的国际经验与我国的政策选择[J]. 农村经济, 2014(12): 126-129.
- [11] 张国胜, 陈瑛. 社会成本、分摊机制与我国农民工市民化: 基于政治经济学的分析框架[J]. 经济学家, 2013(1): 77-84.
- [12] 任义科, 张生太, 杜巍. 农民工生计脆弱性的制度分析及其政策建议[J]. 中国行政管理, 2011(2): 39-42.
- [13] 吕炜, 王伟同. 从均等化、一体化到市民化: 市民化改革的逻辑梳理与政策解读[J]. 经济学动态, 2013(1): 40-45.
- [14] 傅晨, 任辉. 农业转移人口市民化背景下农村土地制度创新的机理: 一个分析框架[J]. 经济学家, 2014(3): 74-83.

(上接第 142 页)

- [39] 安丽萍. 东亚部分马群体线粒体 Cyt b 基因序列及分子系统学研究[D]. 兰州: 甘肃农业大学, 2006.
- [40] WOODALL L C, KOLDEWEY H J, BOEHM J T, et al. Past and present drivers of population structure in a small coastal fish, the European long snouted seahorse *Hippocampus guttulatus* [J]. Conservation genetics,

2015, 16(5): 1139-1153.

- [41] 韩晓磊, 徐建荣, 李小蕊, 等. 鳊鱼群体遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 南京师大学报(自然科学版), 2009, 32(1): 110-114.
- [42] 袁吉贵, 刘丽, 陈增祥, 等. 吉富罗非鱼第二十一代选育群体微卫星标记研究[J]. 基因组学与应用生物学, 2016, 36(7): 1498-1504.