doi:10.3969/j.issn.1001-4616.2025.03.006

骆马湖翘嘴鲌种群生长特征及遗传多样性

李大命[1],杨子萍[1,2],刘燕山[1],唐晟凯[1],杨家新[2]

(1.江苏省淡水水产研究所,江苏省内陆水域渔业资源重点实验室,江苏 南京 210017)
(2.南京师范大学海洋科学与工程学院,江苏 南京 210023)

[**摘要**] 翘嘴鲌是骆马湖重要的渔业资源,为了解其生长规律及遗传资源状况,通过鉴定鳞片年龄掌握翘嘴鲌种群的年龄结构,并构建其生长方程,同时利用线粒体 *Cytb* 和 *D-loop* 基因研究其遗传多样性和遗传结构. 结果显示,翘嘴鲌种群由 1~6 龄个体构成,其中 1 龄个体占比最大. 体长和体质量之间关系式为 $W=0.006\ 5L^{3.1175}$ ($n=102$,$R^2=0.992\ 4$),表明翘嘴鲌为匀速生长模式. 体长生长方程为 $L_t=99.69[1-e^{-0.2121(t-0.1964)}]$,体质量生长方程为 $W_t=11\ 058.84[1-e^{-0.2121(t-0.1964)}]^{3.1175}$. 生长拐点年龄 $t_i=5.56$ 龄,对应的体长和体质量分别为 67.7 cm 和 3 314.4 g. *Cytb* 基因的单倍型多样性(Haplotype diversity,h)和核苷酸多样性(Nucleotide diversity,π)分别为 0.272±0.087 和 0.000 72±0.000 24,相应地,*D-loop* 基因遗传多样性参数为 h:0.497±0.090 和 π:0.001 89±0.000 56. 翘嘴鲌的遗传多样性较低,呈现出低 h 和低 π 模式. 研究结果表明,骆马湖翘嘴鲌种群组成以低龄、小型个体为主,且遗传多样性也较低,必须加强骆马湖渔业资源保护,采取措施恢复翘嘴鲌资源量和遗传多样性.

[**关键词**] 翘嘴鲌,年龄结构,生长特征,遗传多样性,骆马湖
[**中图分类号**]S917.4　[**文献标志码**]A　[**文章编号**]1001-4616(2025)03-0049-07

Growth Characteristics and Genetic Diversity of *Culter alburnus* Population in Luoma Lake

Li Daming[1],Yang Ziping[1,2],Liu Yanshan[1],Tang Shengkai[1],Yang Jiaxin[2]

(1.Key Laboratory of Fisheries Resources in Inland Waters of Jiangsu Province,Freshwater Fisheries Research Institute of Jiangsu Province,Nanjing 210017,China)
(2.College of Marine Science and Engineering,Nanjing Normal University,Nanjing 210023,China)

Abstract:*Culter alburnus* is an important fishery resource in Luoma Lake,with significant ecological and economic values. In order to understand its growth pattern and gentic resource status,a total of 102 individuals of *C. alburnus* were collected from Luoma Lake and analyzed for their age structure and growth characteristics. Meanwhile,its genetic diversity was investigated using mitochondrial DNA *Cytb* and *D-loop* genes. The results showed that the age ranged from 1 to 6 years,and the 1-year individuals were dominant. The power function relationship between body weight and body length was described by equation:$W=0.006\ 5L^{3.117\ 5}$ ($n=102$,$R^2=0.992\ 4$),which exhibited a uniform growth pattern. The growth equation of body length and body weight were $L_t=99.69[1-e^{-0.212\ 1(t-0.196\ 4)}]$ and $W_t=11\ 058.84[1-e^{-0.212\ 1(t-0.196\ 4)}]^{3.117\ 5}$,respectively. The growth inflection age was 5.56 year,and the body length and body weight corresponding to the inflection age were $L_t=67.7$ cm and $W_t=3\ 314.4$ g,respectively. 3 haplotypes were detected from 40 individuals of *C. alburnus* based on *Cytb* gene,and the haplotype diversity and nucleotide diversity were 0.272±0.087 and 0.000 72±0.000 24,respectively. 6 haplotypes were detected from 40 individuals of *C. alburnus* based on *D-loop* gene,and the haplotype diversity and nucleotide diversity were 0.497±0.090 and 0.001 89±0.000 56,respectively. According to the genetic diversity parameters,the population of *C. alburnus* showed low haplotype diversity and low nucleotide diversity pattern,which indicated the genetic diversity of *C. alburnus* was lower. In a word,the results demonstrated that the population composition of *C. alburnus* was dominated by young and small individuals,and its genetic diversity was very low. Therefore,we should strengthen the protection of *C. alburnus* population in Luoma Lake and take more measures to restore its wild resources and genetic diversity.

Key words:*Culter alburnus*,age structure,growth characteristics,genetic diversity,Luoma Lake

收稿日期:2024-01-03.
基金项目:江苏省农业科技自主创新项目(CX(21)3003)、2021 和 2022 年度省级单位项目(2021-SJ-110-03;2022-SJ-061-02).
通讯作者:李大命,博士,研究员,研究方向:渔业资源监测和保护. E-mail:ldm8212@126.com

翘嘴鲌(*Culter alburnus*)是我国四大名鱼之一,隶属于鲤形目(Cypriniformes)鲤科(Cyprinidae)鲌属(*Culter*),广泛分布于我国中东部平原地区的江河、湖泊和水库,是我国内陆天然水域中的重要经济鱼类[1]. 由于其营养丰富、经济价值高,同时具有生长速度快、耐低氧及抗病能力强等特点,翘嘴鲌逐步成为我国的名特淡水养殖品种[2-3]. 在天然水域中,翘嘴鲌作为凶猛肉食性鱼类能够抑制小型鱼类种群数量,不断改善和优化鱼类群落结构,在维持水域生态系统功能中发挥重要作用[4]. 鉴于翘嘴鲌的生态功能及经济价值,众多学者在养殖和营养[5-6]、生长和繁殖[7-8]、资源状况[9-10]、遗传多样性[11-13]等方面对翘嘴鲌进行了广泛研究.

年龄结构和生长特征是鱼类种群的重要参数,也是预测渔业资源变动的主要根据,并可为科学制定合理的捕捞规格提供参考数据[14]. 遗传多样性是物种生存和进化的基础,也是评价物种资源状况的重要参数. 鱼类线粒体 DNA(mitochondrial DNA,mtDNA)是闭合环状的双链 DNA 分子,作为遗传信息的重要载体,具有母系遗传、结构简单、进化速度快、几乎无重组及不同的区域进化速度存在差异等特点,因此 mtDNA 也成为检测鱼类遗传背景的常用分子标记之一[15]. 其中,细胞色素 b 基因(*Cytb*)和控制区序列(*D-loop*)的结构和功能比较清楚,进化速率存在差异且变异速率快,被广泛应用于鱼类群体遗传学和分子系统学的研究[16-17].

骆马湖面积约 260 km^2,平均水深约 3.3 m,是江苏省第四大淡水湖和淮河流域第三大淡水湖,也是国家南水北调东线输水工程的主要调节湖泊之一,具有重要的生态功能和价值[18-19]. 多年来,受过度捕捞、水质污染、栖息地地破等多种因素的影响,骆马湖渔业资源呈现衰退态势,种类数量减少,群落结构小型化趋势加剧[20-23]. 翘嘴鲌作为骆马湖重要的经济物种和生态物种,历史上最高产量达 850 t,之后产量急剧下降[1],因此亟待加强翘嘴鲌资源保护,但目前尚无有关骆马湖翘嘴鲌生长及遗传多样性的报道. 本文拟采集骆马湖翘嘴鲌样本,研究分析翘嘴鲌的年龄结构、生长规律和遗传多样性,以期为骆马湖翘嘴鲌资源的科学管理与保护提供参考依据.

1　材料和方法

1.1　样品采集和测量

于 2021 年和 2022 年在骆马湖开展渔业资源监测调查(图 1),采用三重刺网采集渔获物,通过形态特征鉴别翘嘴鲌. 共采集到 102 尾翘嘴鲌样本,现场测量其体长(cm)和体质量(g).

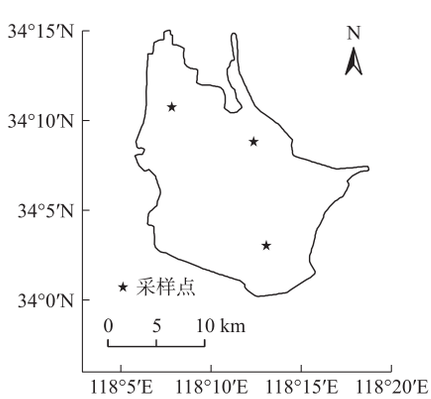


图 1　骆马湖采样点

Fig. 1　Samling sites in Luoma Lake

1.2　鳞片年龄鉴定

从翘嘴鲌新鲜样本取鳞片 5~10 枚,将鳞片装入鳞片袋中带回实验室处理. 将鳞片置于 4%的 NaOH 溶液,浸泡 12 h 后用纯净水将鳞片表面冲洗干净,鳞片晾干后夹在载玻片中间,放置于解剖镜下观察,识别年轮特征及开展年龄鉴定[24-25].

1.3　DNA 提取、PCR 扩增和测序

随机选取 40 尾翘嘴鲌,剪取尾鳍组织置于无水乙醇中保存. 采用 DNA 提取试剂盒提取翘嘴鲌的基因组 DNA,将 DNA 溶液保存于-20 ℃备用.

Cytb 和 *D-loop* 基因的引物序列和扩增条件见表 1.

表 1　引物序列和扩增条件

Table 1　Primer sequence and PCR reaction condition

基因	引物序列	参考文献	PCR 条件
Cytb	L14724:5′-CGTCAGTCCTTTACTTCGCA-3′ H15915:5′-AGGGCATACTCACGGGGTTG-3′	[26]	94 ℃预变性 3 min;94 ℃变性 40 s,55 ℃复性 30 s,72 ℃延伸 50 s,扩增 35 个循环;72 ℃延伸 5 min,4 ℃保存.
D-loop	F:5′-CGTCAGTCCTTTACTTCGCA-3′ R:5′-AG GGCATACTCACGGGGTTG-3′	[27]	

PCR 总体积为 50 μL:2×Premix Taq 25 μL[Taq 1.25 U/25 μL、0.2 mmol/L dNTP、1.5 mmol/L Mg^{2+}],

上下游引物各 2 μL(10 μmol/L),模板 2 μL(40 ng/μL),ddH_2O 33 μL. PCR 产物经检测合格后送上海生工生物工程股份有限公司进行双向测序.

1.4 数据处理和分析

1.4.1 体长和体重关系

体长和体重关系方程式为:$W=aL^b$,W 表示体重(g),L 表示体长(cm),其中 a 为条件因子,b 为生长指数,若 b 与 3 无显著性差异,表明鱼类为等速生长;若 b 与 3 有显著性差异,则为异速生长[28].

1.4.2 生长方程

通过线性回归法获得相关参数并构建翘嘴鲌的 Von Bertalanffy 生长方程[28]. 体长和体质量生长方程分别为 $L_t=L_\infty[1-e^{-k(t-t_0)}]$ 和 $W_t=W_\infty[1-e^{-k(t-t_0)}]^b$;体长和体质量生长速度方程分别为 $dL/dt=L_\infty ke^{-k(t-t_0)}$ 和 $dW/dt=bW_\infty ke^{-k(t-t_0)}[1-e^{-k(t-t_0)}]^{b-1}$;体长和体质量生长加速度方程分别为 $d^2L/dt^2=-L_\infty k^2$ 和 $d^2W/dt^2=bW_\infty k^2e^{-k(t-t_0)}[1-e^{-k(t-t_0)}]^{b-2}[b-1]$,其中 t 为年龄,L_t 和 W_t 分别为 t 龄时的体长(cm)和体质量(g),L_∞ 和 W_∞ 分别为渐近体长(cm)和渐近体质量(g),k 为生长系数,b 为幂指数,t_0 为假设的理论生长起点年龄.

当体重生长加速度为 0 时,其值达到最大,此时对应的即为生长拐点年龄 t_i,计算公式为 $t_i=\ln b/k+t_0$.

1.4.3 遗传多样性

利用 BioEdit7.0 软件对序列进行编辑、拼接及多重比对. 使用 Mega7.0 软件统计碱基组成、突变位点数和突变类型,计算个体间的 Kimura 双参数遗传距离. 采用 DanSP5.0 软件计算单倍型多样性(Haplotype diversity,h)和核苷酸多样性(Nucleotide diversity,π).

2 结果与讨论

2.1 体长和体质量分布

骆马湖翘嘴鲌的体长范围为 18.9~72.4 cm,均值为 34.1 cm,其中体长为 20~30 cm 的个体数量最多,占比为 60.8%(图 2);体质量范围为 70.0~4 070.8 g,均值为 667.1 g,体质量小于 500 g 的个体数量最多,占比为 70.6%(图 3). 可以得出,翘嘴鲌种群中小型个体占据优势.

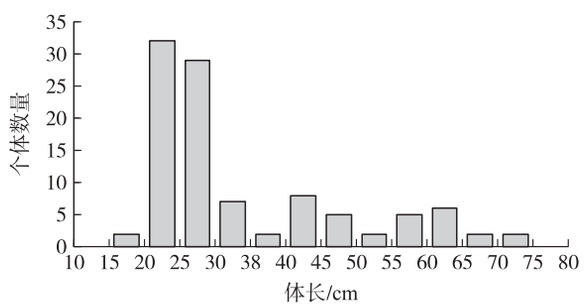


图 2 翘嘴鲌的体长分布

Fig. 2 Body length distribution of *C. alburnus* in Luoma Lake

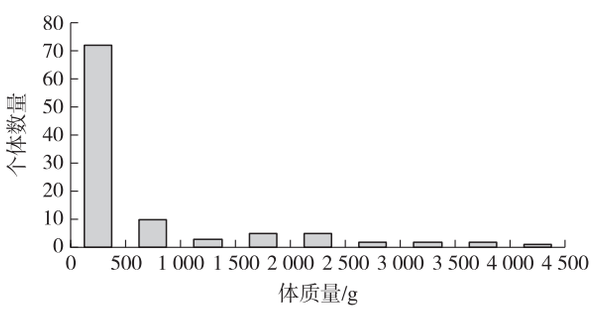


图 3 翘嘴鲌的体质量分布

Fig. 3 Body weight distribution of *C. alburnus* in Luoma Lake

2.2 性比和年龄结构

通过性腺检测判定样本雌性,翘嘴鲌种群雌雄比为 1.62,表明种群中雌性个体多于雄性个体. 种群由 1~6 龄组成,其中 1 龄个体数量最多,占比为 59.8%,2 龄和 3 龄个体合计占比为 21.6%,4 龄、5 龄和 6 龄个体合计占比为 29.6%(图 4). 可以得出,翘嘴鲌年龄组成以低龄个体为主.

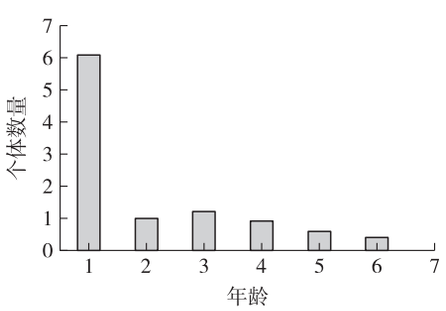


图 4 翘嘴鲌的年龄分布

Fig. 4 Age distribution of *C. alburnus* in Luoma Lake

2.3 生长特征

2.3.1 体长与体质量关系

翘嘴鲌的体长和体质量之间方程式为:$W=0.006\ 5L^{3.1175}$($n=102$,$R^2=0.992\ 4$),两者之间呈幂函数关系. 幂指数 b 值接近“3”,且统计检验没有显著性差异($P>0.05$),表明翘嘴鲌为匀速生长模式(图 5). 协方差分析表明,雌雄个体的体长与

体重关系没有显著性差异($F=1.324$,$P=0.28$),因此将雌雄个体作为一个整体进行分析.

2.3.2　生长方程

本研究获得翘嘴鲌的生长参数为:$L_\infty=99.69$ cm,$W_\infty=11\ 058.84$ g,$k=0.212\ 1$,$t_0=0.196\ 4$. 体长和体质量生长方程分别为:$L_t=99.69[1-e^{-0.212\ 1(t-0.196\ 4)}]$和 $W_t=11\ 058.84[1-e^{-0.212\ 1(t-0.196\ 4)}]^{3.117\ 5}$. 体长生长曲线表明,体长随年龄的增加呈现先快后慢的变化趋势,并逐渐接近极限体长,体长生长曲线没有拐点(图 6);体质量增长曲线为不对称的"S"型,具有 1 个拐点,体质量随年龄的增加呈现出先慢后快再慢的变化趋势,最后逐渐接近极限体质量(图 6).

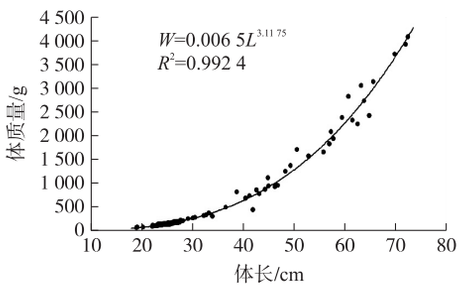


图 5　翘嘴鲌体长和体质量的关系

Fig. 5　The relationship between body length and body weight of *C. alburnus*

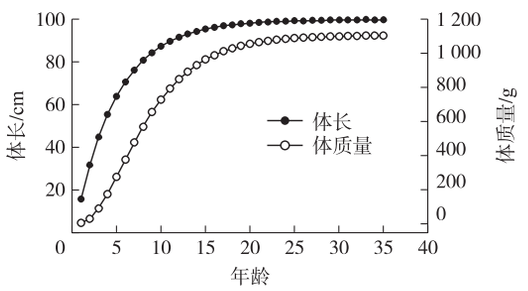


图 6　翘嘴鲌体长、体质量生长曲线

Fig. 6　Growth curve of body length and body weight of *C. alburnus* in Luoma Lake

体长生长速度和加速度方程分别为:$dL/dt=21.14\ e^{-0.212\ 1(t-0.196\ 4)}$和 $d^2L/dt^2=-4.48\ e^{-0.212\ 1(t-0.196\ 4)}$. 结果显示,体长生长速度和加速度曲线均没有拐点,体长生长速度随着年龄增加而递减,递减趋势先快后慢并逐渐接近于 0(图 7);体长生长加速度为负值,其递增趋势先快后慢逐渐趋于平缓,最后趋近于 0(图 7).

体质量生长速度和加速度方程分别为:$dW/dt=7312.35\ e^{-0.212\ 1(t-0.196\ 4)}\times(1-e^{-0.212\ 1(t-0.196\ 4)})^{2.117\ 5}$和 $d^2W/dt^2=1\ 550.95\ e^{-0.212\ 1(t-0.196\ 4)}(1-e^{-0.212\ 1(t-0.196\ 4)})^{1.117\ 5}(3.117\ 5e^{-0.212\ 1(t-0.196\ 4)}-1)$. 体质量生长速度为正值,生长速度曲线呈现出先增加后下降的趋势,在拐点处达到最大值(图 8). 生长速度拐点对应的即为拐点年龄. 经计算,拐点年龄 $t_i=5.56$ 龄,对应的体长为 67.73 cm,体质量为 3 314.35 g. 拐点年龄对应的体质量生长加速度为 0,随着年龄的进一步增加,体质量生长加速度持续下降,约 9 龄时体质量生长加速度降至最低点,随后又呈上升趋势并逐渐接近于 0,此时生长速度也趋于 0,体质量接近极限体质量,翘嘴鲌生长进入衰老阶段(图 8).

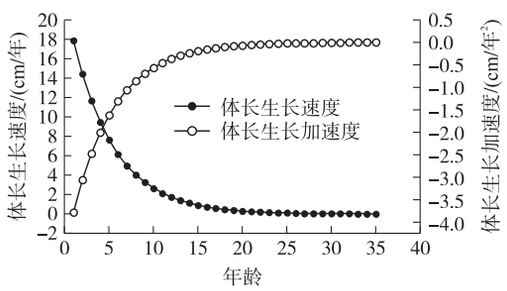


图 7　翘嘴鲌体长生长速度、生长加速度曲线

Fig. 7　The growth rate and growth acceleration curve of body length of *C. alburnus* in Luoma Lake

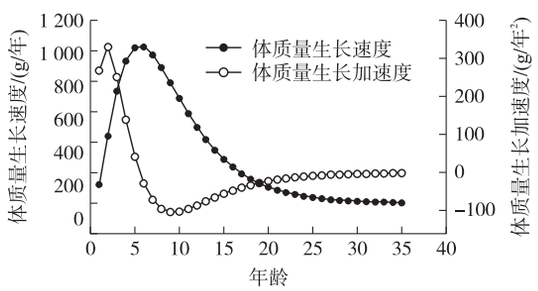


图 8　翘嘴鲌体质量生长速度、生长加速度曲线

Fig. 8　The growth rate and growth acceleration curve of body weight of *C. alburnus* in Luoma Lake

2.4　*Cytb* 和 *D-loop* 序列变异

翘嘴鲌的 *Cytb* 序列长度为 1 141 bp,碱基组成:A(29.4%)、T(26.6%)、C(29.4%)和 G(14.6%). A+T 含量(56.0%)明显高于 G+C 含量(44.0%),碱基组成具有偏倚性. *Cytb* 序列检出 5 个变异位点,且均为简约信息位点;翘嘴鲌的 *D-loop* 序列长度为 934~936 bp,碱基组成:A(34.4%)、T(31.6%)、C(20.7%)和 G(13.3%). 可以看出,碱基 G 的含量最低,A+T 的含量(66.0%)明显高于 G+C 的含量(34.0%),也具有明显的碱基组成偏倚性. *D-loop* 序列检出 16 个多态位点,其中有 6 个简约信息位点和 10 个单一信息位点,2 条序列在第 828 和 829 位点出现碱基缺失或插入.

2.5 遗传多样性和遗传结构

基于 *Cytb* 基因的 40 尾翘嘴鲌定义 3 种单倍型(Hapb1-Hapb3),遗传多样性为 h:0.272±0.087 和 π:0.000 72±0.000 24(表 2). *Cytb* 基因单倍型之间的遗传距离为 0.002 6~0.003 5,均值为 0.002 9. 单倍型 Hapb1 为优势单倍型,其个体数量占比为 85.0%,单倍型 Hapb3 的个体数量最少,占比仅为 5.0%.

基于 *D-loop* 基因的 40 尾翘嘴鲌定义 6 种单倍型(Hapd1-Hapd6),遗传多样性为 h:0.497±0.090 和 π:0.001 89±0.000 56(表 2). *D-loop* 基因单倍型之间的遗传距离为 0.001 1~0.015 2,均值为 0.006 2. 单倍型 Hapd5 占据优势,其个体数量占比为 70.0%,单倍型 Hapd3 和 Hapd6 的个体数量最少,占比均为 5.0%.

表 2 翘嘴鲌种群的遗传多样性

Table 2 Genetic diversity of *C. alburnus* popultion in Luoma Lake

基因	多态位点	单倍型多样性 h	核苷酸多样性 π	单倍型组成(数量)	Tajima's D	Fu's F_s
Cytb	6	0.272±0.087	0.000 72±0.000 24	Hapb1(34),Hapb2(4),Hapb3(2)	−0.757 33	0.636 39
D-loop	16	0.497±0.090	0.001 89±0.000 56	Hapd1(2),Hapd2(5),Hapd3(1),Hapd4(3),Hapd5(28),Hapd6(1)	−1.705 74	0.425 00

2.6 讨论

体长和体重关系是鱼类的基本特征,通过幂指数 b 可以判定鱼类的生长模式. 当 b 值与 3 没有显著性差异,表示鱼类为匀速生长;当 b 值与 3 有显著性差异,表示鱼类为异速生长[28]. 生长方程显示,翘嘴鲌体长和体重之间的 b 为 3.117 5,统计检验结果表明与"3"无显著差异,说明翘嘴鲌生长为匀速模式,这与四明湖水库、淀山湖、长荡湖的翘嘴鲌生长特点一致[24,29-30].

鱼类生长方程描述了鱼类种群的生长方式,也可以用于比较不同地理种群的生长性能. 从表 3 看出,不同水域的翘嘴鲌种群生长存在较大差异[8,24-25,29-40]. 研究认为,鱼类的生长受遗传、环境、饵料等多重因素的影响,地理种群的生长具有明显差异性[28]. 生长系数 k 表示鱼类的生长速率,可将鱼类分为:缓慢生长类型($0.05 \leqslant k < 0.1$)、中等速率生长类型($0.1 \leqslant k < 0.2$)和快速生长类型($0.2 \leqslant k < 0.5$)[41]. 骆马湖种群的生长方程显示,k 值为 0.212 1,表明骆马湖翘嘴鲌属于快速生长类型,暗示其生长速率较快. 通过生长方程获得了翘嘴鲌的生长拐点年龄为 5.56 龄,该年龄大于江苏地区的翘嘴鲌性成熟年龄(雌性 3 龄,雄性 2 龄),这说明翘嘴鲌的快速生长时间可以维持到性成熟后的 2~3 年. 另外,生长拐点对应体长和体质量分别为 67.7 cm 和 3 314.4 g,而现有种群中的大多数个体小于生长拐点对应的体长和体质量,说明骆马湖翘嘴鲌资源开发利用强度过大.

表 3 不同水域的翘嘴鲌种群生长参数

Table 3 Growth parameters of *C. alburnus* popultion from different freshwaters

地理种群	生长参数					参考文献
	b	k	L_∞/cm	W_∞/g	t_i	
四明湖水库	3.033 0	0.101 0	139.82	31 490.00	10.280 0	[24]
淀山湖	2.921 1	0.135 7	99.65	11 874.27	7.271 1	[29]
长荡湖	2.992 8	0.123 2	109.28	12 993.47	8.250 0	[30]
八汊水库	2.843 8	0.296 5	51.60	1 211.50	3.670 0	[25]
老江河	2.702 7	0.270 0	82.40	4 325.80	3.510 0	[31]
丹江口水库	3.028 1	0.180 7	100.38	10 284.20	5.655 0	[32]
武湖	3.258 5	0.100 0	140.59	37 010.00	11.000 0	[8]
南湾水库	2.727 4	0.103 8	98.80	7 140.90	5.300 0	[33]
松花江水系	2.876 8	0.086 2	101.73	7 982.03	12.740 0	[34]
兴凯湖	3.100 0	0.060 0	153.20	42 000.30	17.600 0	[35]
兴凯湖	3.042 7	0.111 7	98.05	10 209.32	10.420 0	[36]
澄湖	3.090 0	0.155 6	109.14	31 274.00	7.800 0	[37]
鲇鱼山水库	2.994 7	0.708 9	108.38	8 548.32	3.040 0	[38]
徐家河水库	2.947 7	0.089 9	126.72	14 004.50	11.000 0	[39]
锦江	2.916 1	0.167 1	77.15	4 206.13	6.130 0	[40]
骆马湖	3.117 5	0.212 1	99.69	11 058.84	5.560 0	本研究

遗传多样性是评价物种遗传资源的重要依据,单倍型多样性指数(h)和核苷酸多样性指数(π)是衡

量群体遗传多样性的常用参数,h 和 π 值越大,说明群体的遗传资源越丰富,反之,则表明群体的遗传资源较贫乏[42-43]. 本研究显示,基于 *Cytb* 和 *D-loop* 基因序列分别获得 3 个和 6 个单倍型,骆马湖翘嘴鲌的 h 分别为 0.272±0.087 和 0.497±0.090,π 分别为 0.000 72±0.000 24 和 0.001 89±0.000 56. 根据 GRANT 等提出的遗传多样性大小标准,骆马湖翘嘴鲌的遗传多样性属于 h 和 π 模式,暗示翘嘴鲌的遗传资源较为贫乏[42]. 与已报导的翘嘴鲌地理种群相比[11-13,44-47],骆马湖种群遗传多样性也较低. 从骆马湖翘嘴鲌大小组成及年龄结构得出,其资源开发利用强度较高. 加之骆马湖富营养化及水质污染、非法采砂、南水北调等因素造成翘嘴鲌栖息生境破坏、资源衰退及遗传多样性丧失. 另外,单倍型遗传距离及组成表明,骆马翘嘴鲌的遗传结构趋于单一化、均质化,需要采取优化和改善骆马湖翘嘴鲌的遗传结构.

3　结论

本文研究了骆马湖翘嘴鲌的年龄组成和生长规律,并通过线粒体 *Cytb* 和 *D-loop* 基因序列评价了翘嘴鲌遗传多样性状况. 结果显示,骆马湖翘嘴鲌种群组成呈现出低龄化、小型化,遗传多样性较低,遗传结构也呈现出单一化、均质化. 亟待采取措施加强翘嘴鲌种质资源保护,恢复翘嘴鲌资源及遗传多样性:(1)制定捕捞标准,控制捕捞强度. 根据研究结果,翘嘴鲌的起捕年龄最小应为 6 龄,体重最小为 3 768.4 g. 开展渔业资源评估,禁止过度捕捞;(2)严格渔政执法,打击非法捕捞. 渔政执法部门严格限定捕捞渔具的尺寸,禁止使用渔具捕捞,多部门联动打击电毒炸等违法捕捞方式,规范垂钓行为;(3)建立保护区,修复栖息生境. 在骆马湖建立翘嘴鲌种质资源保护区,保护翘嘴鲌产卵场. 通过建设生态浮床、人工鱼巢、水草移植等方式,修复栖息生境;(4)科学规范地开展增殖放流,恢复翘嘴鲌资源量. 在骆马湖建设翘嘴鲌增殖站,培育优质苗种,提高放流对象成活率. 加强资源监测,开展种质鉴定评价,强化增殖放流管理.

[参考文献]

[1] 倪勇,伍汉霖. 江苏鱼类志[M]. 北京:中国农业出版社,2006.

[2] 梁光明,梁先友,杜玉斌,等. 池塘主养翘嘴鲌成鱼效益高[J]. 科学养鱼,2016(9):39-40.

[3] 类延菊,员文霞,杨品红,等. 野生与养殖翘嘴鲌品质的比较研究[J]. 淡水渔业,2021,51(3):74-81.

[4] 陆伟民,童合一. 翘嘴红鲌和蒙古红鲌在太湖渔业中的作用[J]. 上海水产大学学报,1995,4(3):231-237.

[5] 张小谷,熊邦喜. 翘嘴鲌的生物学特性及养殖前景[J]. 河北渔业,2005(1):27,36.

[6] 丁德明,陈杏华,伍远安,等. 不同养殖模式翘嘴鲌肌肉营养品质比较[J]. 中国饲料,2021(1):89-93.

[7] 彭步旭,王冰. 翘嘴鲌人工繁殖技术[J]. 渔业致富指南,2018(19):50-52.

[8] 胡秋元,陶仁勇,龚世园,等. 武湖翘嘴红纳年龄和生长的研究[J]. 水利渔业,2000,20(2):46-47.

[9] 周彦锋,吕大伟,葛优,等. 淀山湖河蚬翘嘴红鲌国家级水产种质资源保护区翘嘴鲌产卵场现状[J]. 长江流域资源与环境,2018,27(12):2733-2739.

[10] 黄艳飞,段国旗,彭林平. 翘嘴鲌的资源现状和生物学特征[J]. 安徽农业科学,2019,47(19):10-13.

[11] 王伟,陈立桥,禹娜,等. 应用 *COII* 基因部分序列分析翘嘴鲌群体的遗传多样性[J]. 大连水产学院学报,2008,23(5):403-408.

[12] 黄小彧. 长江水系翘嘴鲌遗传多样性研究[D]. 广州:暨南大学,2012.

[13] QI P Z,GUO B Y,XIE C X,et al. Assessing the genetic diversity and population structure of *Culter alburnus* in China based on mitochondrial 16S rRNA and *COI* gene sequences[J]. Biochemical systematics and ecology,2013(50):390-396.

[14] 翟东东 田辉伍 郭祺,等. 三峡库区鲢年龄结构与生长特征[J]. 淡水渔业,2023,53(3):15-22.

[15] 郭新红,刘少军,刘巧,等. 鱼类线粒体 DNA 研究新进展[J]. 遗传学报,2004,31(9):983-1000.

[16] 李大命,唐晟凯,刘燕山. 基于 *Cytb* 基因的江苏省大银鱼种群遗传多样性和遗传结构分析[J]. 上海海洋大学学报,2021,30(3):416-425.

[17] 李大命,唐晟凯,刘燕山. 基于线粒体控制区的江苏湖鲚群体遗传多样性和遗传结构分析[J]. 海洋渔业,2021,43(2):149-159.

[18] 穆新武,王苗苗,尹飞,等. 骆马湖渔民生产现状及转产专业问题研究[J]. 中国水产,2020(12):62-65.

[19] 陈睿哲,马俊. 骆马湖湿地生态服务功能价值研究[J]. 水利经济,2018,36(6):62-65.

[20] 周化民,白延明. 骆马湖鱼类的初步研究[J]. 徐州师范学院学报(自然科学版),1994,12(2):53-58.

[21] 冯照军,王光标,赵彦禹,等. 江苏骆马湖湿地鱼类资源及其保护[J]. 四川动物,2007,26(1):126-129.
[22] 唐晟凯,张彤晴,李大命,等. 骆马湖夏季鱼类群落结构及其空间分布[J]. 江苏农业科学,2018,46(1):107-111.
[23] 朱滨清,唐晟凯,李鹏,等. 骆马湖秋冬季鱼类资源的空间分布[J]. 江苏农业科学,2019,47(24):158-162.
[24] 邵力,郑国生,卢建伟,等. 四明湖水库翘嘴红鲌年龄和生长的研究[J]. 浙江水产学院学报,1990,9(2):95-102.
[25] 龚世园,陈远富,陈辰. 八汊水库翘嘴红鲌的生长及种群控制研究[J]. 水利渔业,1990(1):23-26,33.
[26] XIAO W,ZHANG Y,LIU H. Molecular systematics of Xenocyprinae (Teleostei:Cyprinidae):taxonomy,biogeography,and coevolution of a special group restricted in East Asia[J]. Molecular phylogenetics and evolution,2001,18(2):163-173.
[27] QI P Z,QIN J H,XIE C X. Determination of genetic diversity of wild and cultured topmouth culter(*Culter alburnus*) inhabiting China using mitochondrial DNA and microsatellites[J]. Biochemical systematics and ecology,2015,61:232-239.
[28] 詹秉义. 渔业资源评估[M]. 北京:中国农业出版社,1995.
[29] 吕大伟,周彦锋,葛优,等. 淀山湖翘嘴鲌的年龄结构与生长特性[J]. 水生生物学报,2018,42(4):762-769.
[30] 李大命,杨子萍,刘燕山,等. 长荡湖翘嘴鲌的年龄结构和生长特征初步研究[J]. 水产养殖,2023(8):36-41.
[31] 路福泉. 老江河蒙古红鱼白和翘嘴红鱼白的生长[J]. 水利渔业,1995(1):29-33.
[32] 张家波. 丹江口水凶猛鱼集团生长特性组型的聚类分析[J]. 水生生物学报,1999,23(6):689-695.
[33] 冯建新,常东州,惠筠,等. 南湾水库翘嘴红鱼白的生长及种群控制的研究[J]. 水利渔业,2003,23(6):26-27.
[34] 黄权,刘春力,赵静,等. 松花江水系翘嘴红鱼白生长模型的研究[J]. 吉林农业大学学报,2003,25(1):105-106.
[35] 战培荣,赵吉伟,董崇智,等. 兴凯湖翘嘴(*Culter albarnus*)的生长特性[J]. 海洋与湖沼,2005,36(2):146-151.
[36] 韩英,王昕阳,尹海富. 兴凯湖翘嘴红鲌生长式型的研究[J]. 大连水产学院学报,2005,20(3):218-221.
[37] 凌去非,谭夕东,许爱国. 澄湖翘嘴鱼白的生长与资源保护[J]. 水利渔业,2006,26(4):30-32.
[38] 胡正友 鲇鱼山水库翘嘴鲌生长特征与种群控制研究[D]. 武汉:华中农业大学,2007.
[39] 覃亮. 徐家河水库翘嘴如年龄与生长和繁殖生物学研究[D]. 武汉:华中农业大学,2009.
[40] 李忠利,梁正其,杨军,等. 贵州锦江翘嘴鲌的年龄、生长和资源利用研究[J]. 淡水渔业,2017,47(1):42-48.
[41] BRANSTETTER S. Age and growth estimates for blacktip,*Carcharhinus limbatus*,and spinner,*C. brevipinna*,sharks from the northwestern Gulf of Mexico[J]. Copeia,1987,4(9):964-974.
[42] GRANT W A S,BOWEN B W. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes:insights from sardines and anchovies and lessons for conservation[J]. Journal of heredity,1998,89(5):415-426.
[43] 杨子萍,李大命,刘燕山,等. 基于线粒体控制区 *D-loop* 序列的洪泽湖翘嘴鲌遗传多样性分析[J]. 南京师大学报(自然科学版),2023,46(2):70-76.
[44] 伊西庆. 中国东部 6 个大型湖泊翘嘴鲌遗传多样性的线粒体 ND2 基因序列分析[D]. 广州:暨南大学,2009.
[45] 杨子拓,孙际佳,李桂峰,等. 基于线粒体 *D-loop* 基因的珠江翘嘴鲌遗传多样性与遗传分化研究[J]. 中山大学学报(自然科学版),2016,55(2):89-96.
[46] 张桂宁,方弟安,薛向平. 基于细胞色素 B(*Cytb*)基因对翘嘴鲌不同群体遗传多样性的分析[J]. 中国农学通报,2021,37(23):118-124.
[47] 李大命,刘洋,唐晟凯,等. 基于 *Cytb* 基因的滆湖鲌类国家级水产种质资源保护区 3 种鲌鱼的遗传多样性分析[J]. 水产科技情报,2022,49(1):1-7.

[责任编辑:黄　敏]