

DNA 条形码在长江口鱼类浮游生物生态学研究中的意义

The importance of DNA barcoding on the ichthyoplankton ecological study in the Yangtze estuary

张 辉, 线薇薇

(中国科学院 海洋研究所, 山东 青岛 266071)

中图分类号: P734.2 文献标识码: A 文章编号: 1000-3096(2015)04-0135-03

doi: 10.11759/hyhx20141107001

长江口内接长江, 外连东海, 是一个相对独立的半咸水水系, 其复杂多变的非生物环境, 与生物群落构成了一个结构复杂、功能独特的河口区生态系统^[1]。长江口及其邻近水域生产力高, 饵料丰富, 是小黄鱼、带鱼和银鲳等经济种类的重要产卵场和育幼场, 也是夏、秋季银鲳、刀鲚、凤鲚、带鱼等鱼类的重要索饵场, 又是鲟、松江鲈、中华鲟等珍稀鱼类溯河或降海洄游的必经水道^[2]。由此可见, 长江口及其邻近水域的鱼类及其补充群体组成具有复杂性和多样性, 这些奠定了长江口及其邻近水域在渔业资源和鱼类浮游生物生态学研究中的重要地位。

1 长江口鱼类浮游生物生态学研究

鱼类浮游生物包含鱼卵和仔稚鱼, 是鱼类生命周期中最为脆弱的时期。这一阶段鱼类浮游生物成活率的高低、剩存量的多寡将直接影响到鱼类补充群体资源量的丰歉。鱼类资源的动态变化取决于世代强弱, 而世代强弱很大程度上取决于它们早期生活史阶段即鱼类浮游生物阶段的补充状态^[3]。因此, 鱼类浮游生物的群落生态学研究早已成为渔业资源可持续利用必不可少的研究内容。通过鱼类浮游生物调查方法进行的资源评估能够为合理解释渔业资源现状、确定鱼类产卵场和产卵期、阐明鱼类补充机制奠定基础。而长江口及其邻近水域是鱼类重要的产卵、育幼场, 通过对该水域鱼类浮游生物的调查, 不仅能了解河口海区鱼类资源种类组成的季节性时间序列动态, 又能阐明当前渔业资源和鱼类群落结构的变化趋势, 对我国渔业资源的保护和利用具有重要意义。

关于长江口及其邻近水域鱼类浮游生物的研究

主要集中在物种组成、丰度及其影响因素。长江口水域鱼类浮游生物种类组成记录最多的是罗秉征和沈焕庭^[2]于 1985~1986 年的调查, 共捕获鱼卵 90 万个, 仔稚鱼 7 万尾, 约 100 种。此后, 有其他学者也相继调查和分析了长江口及其邻近水域的鱼类浮游生物组成。如朱鑫华等^[4]记录了春季长江口仔稚幼鱼 20 种; 蒋玫等^[5]记录了长江口及杭州湾附近水域鱼类浮游生物 45 种; 钟俊生等^[6]记录了长江口碎波带的仔稚鱼组成 50 种; 刘淑德等^[7]记录了长江口及其邻近水域的 17 种鱼类浮游生物。随着对长江口及其邻近水域重要性的不断认识, 国内学者对该水域的鱼类浮游生物群落结构特征及其与环境因子的关系、长江口及其邻近水域鱼类浮游生物群落种类组成和多样性的季节变化进行了相关探讨^[7-8]。上述研究者在研究物种组成的同时也对鱼类浮游生物出现的季节和分布区域进行了详细的报道。从已有的研究成果来看: 长江口及其邻近水域全年皆有鱼类浮游生物出现; 鱼类浮游生物主要出现在春夏季, 秋冬季鱼类浮游生物相对较少; 鱼类浮游生物群落结构变化存在一定的规律。

与此同时, 部分学者开始将研究的焦点转向了长江口及其邻近水域鱼类浮游生物的分布格局及其影响因素。例如, 蒋玫等^[5]在研究长江口水域鱼类浮游生物时指出盐度对鱼卵产生的间接效应更为明显,

收稿日期: 2014-11-07; 修回日期: 2014-12-03

基金项目: 国家自然科学基金项目(41406136, 41176138, 31272663, U1406403)

作者简介: 张辉(1986-), 男, 山东安丘人, 汉族, 助理研究员, 博士, 研究方向为渔业生态学和海洋鱼类遗传学, 电话: 0532-82891860, E-mail: zhanghui@qdio.ac.cn; 线薇薇, 通信作者, 研究员, 主要从事渔业生态学研究, 电话: 0532-82898594, E-mail: wwxxian@qdio.ac.cn

仔鱼对温度变化的敏感性较盐度高, 长江径流、台湾暖流等水系的消长作用对鱼卵仔鱼的分布有显著影响。刘淑德等^[9]利用 TWINSpan 分类方法将春季长江口及其邻近水域鱼类浮游生物群落划分为 3 个类群, 并用典范对应分析(CCA)排序给出了各类群与环境因子的相互关系, 结果表明影响这一海域鱼类浮游生物分布的主要环境因子为盐度、水深、溶解氧和悬浮物。

2 鱼类浮游生物的传统鉴定方法存在瓶颈

尽管鱼类浮游生物具有非常重要的生态地位和研究价值, 但不可否认的是鱼类浮游生物的鉴定仍存在较大难度。目前已鉴别的成鱼种类超过 28 700 余种^[10], 但能够鉴别的仔稚鱼种类仅占成鱼种类的 1/10, 而能够鉴别的鱼卵种类则不到成鱼种类的 1/10^[11]。即使已经鉴定到种类的鱼类浮游生物, 其准确度也存在较大偏差。例如中国台湾学者对台湾沿海的 100 种仔稚鱼同时运用形态学和 DNA 条形码进行鉴定, 结果发现根据形态学结果鉴定到科的准确率为 80.1%, 鉴定到属的准确率为 41.1%, 而鉴定到种的准确率仅为 13.5%^[12]。由于缺乏足够的可用于形态分类的特征, 鱼类浮游生物形态分类研究工作开展较少。通常在资源调查及环境评估中将不同种类的鱼卵通常全部称为鱼卵, 导致相关的资源评估、种群动力学研究、产卵场调查等研究工作不能准确开展^[13]。由此可见鱼类浮游生物能否准确鉴定已成为渔业资源评估与海洋生态系统科学研究的瓶颈。因此, 寻找鱼类浮游生物准确鉴定的有效方法是开展上述研究的基本前提和根本保障。

3 DNA 条形码在鱼类浮游生物鉴定中的适用性

DNA 条形码(DNA Barcoding)是一种基于分子生物学技术进行物种鉴定的新方法。随着分子生物学技术的不断发展以及 DNA 序列的大量积累, Tautz^[14]最早提出可以运用 DNA 序列进行物种鉴定或者分类。Hebert^[15]研究表明线粒体 DNA cytochrome c oxidase I(COI)基因中的一个片段可以作为物种鉴别的有效工具, 并认为地球上的所有物种均可以像商品一样进行条形码编码。这主要是基于两方面原因: 一方面该片段足够保守, 能够利用通用引物进行大范围的扩增; 另一方面该片段有足够的变

异来区分不同物种 DNA 序列, 从而进行物种的准确鉴定。在随后的研究中, Hebert^[16]证明除了刺胞动物门, COI 基因序列的分化程度能够对其他所有动物的亲缘种进行鉴别。尽管 DNA 条形码的构想和实施一直存在争议^[17], 然而因为它便捷可行, 且对基础和应用研究均可带来深远的影响, 所以受到国际学术界的广泛重视。大量的研究表明, 运用 COI 基因可以对超过 95% 的物种进行准确鉴定^[18-20]。目前国际上已经提出或形成了众多的 DNA 条形码研究计划, 分别对鸟类、鱼类、鳞翅类等重要生物类群展开 DNA 条形码研究。尽管目前国内外对于鱼类浮游生物的 DNA 条形码研究较少, 仍有理由相信 DNA 条形码的广泛使用将为鱼类浮游生物的准确鉴定提供有效的解决途径。

4 结语

综上所述, DNA 条形码技术的发展将成为鱼类浮游生物传统分类学强有力的补充, 给该领域系统分类学发展提供新的机遇。DNA 条形码技术在鱼类浮游生物中的应用将突破传统形态学分类的局限, 成为传统物种鉴定强有力的补充。由于 DNA 条形码采用数字化形式, 使样本鉴定过程能够实现自动化和标准化, 突破了对经验的过度依赖, 能够在较短时间内建立易于利用的数据库。分类学家和非专业人士均可以根据国际数据库及时查找长江口及其邻近水域鱼类浮游生物的物种信息, 鉴别潜在的隐存种或新种。DNA 条形码技术的发展将极大的缓解目前鱼类浮游生物形态学鉴定的局限性和传统分类学家队伍日益缩减的局面。

参考文献:

- [1] 卢继武, 罗秉征, 薛频, 等. 长江口鱼类群落结构、丰盛度及其季节性变化研究[C]//中国科学院海洋研究所. 海洋科学集刊: 第 33 卷. 北京: 科学出版社, 1992: 303-340.
- [2] 罗秉征, 沈焕庭. 三峡工程与河口生态环境[M]. 北京: 科学出版社, 1994.
- [3] Hjort J. Fluctuations in the great fisheries of northern Europe[M]. Copenhagen: Andr. Fred. Høst & Fils, 1914.
- [4] 朱鑫华, 刘栋, 沙学坤. 长江口春季鱼类浮游生物群落结构与环境因子的关系[J]. 海洋科学集刊, 2002, 5: 169-179.

- [5] 蒋玫, 沈新强, 王云龙, 等. 长江口及其邻近水域鱼卵、仔鱼的种项组成与分布特征[J]. 海洋学报, 2006, 28(2): 171-174.
- [6] 钟俊生, 吴美琴, 练青平. 春、夏季长江口沿岸碎波带仔稚鱼的种类组成[J]. 中国水产科学, 2007, 14(3): 436-443.
- [7] 刘淑德, 线薇薇. 长江口及其邻近水域鱼类浮游生物群落的时空格局[J]. 生物多样性, 2009, 17(2): 151-159.
- [8] 单秀娟, 金显仕. 长江口近海春季鱼类群落结构的多样性研究[J]. 海洋与湖沼, 2011, 42(1): 32-42.
- [9] 刘淑德, 线薇薇, 刘栋. 春季长江口及其邻近海域鱼类浮游生物群落特征[J]. 生态学报, 2008, 19(10): 2284-2292.
- [10] Jalabert B. Particularities of reproduction and oogenesis in teleost fish compared to mammals[J]. Reprod Nutr Dev, 2005, 45: 261-279.
- [11] Shao K, Yang J, Chen K, et al. An identification guide of marine fish eggs from Taiwan [M]. Taipei : Academia Sinica, Institute of Zoology, 2001: 1-24.
- [12] Ko H, Wang Y, Chiu T, et al. Evaluating the accuracy of morphological identification of larval fishes by applying DNA barcoding[J]. PLoS ONE, 2013, 8: e53451.
- [13] Shao K, Chen K, Wu J. Identification of marine fish eggs in Taiwan using light microscope, scanning electric microscope and mtDNA sequencing[J]. Mar Fresh Res, 2002, 53: 355-365.
- [14] Tautz D, Arctander P, Minelli A, et al. DNA points the way ahead in taxonomy[J]. Nature, 2002, 418: 479.
- [15] Hebert P D N, Cywinska A, Ball S, et al. Biological identifications through DNA barcodes[J]. Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci, 2003a, 270: 313-321.
- [16] Hebert P D N, Ratnasingham S, deWaard J R. Barcode animal life, cytochrome c oxidase subunit I divergences among closely related species[J]. Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci (Suppl), 2003b, 270: S96-S99.
- [17] Moritz C, Cicero C. DNA Barcoding: promise and pitfalls[J]. Plo S Biol, 2004, 2: e354.
- [18] Hebert P D N, Penton E, Burns J, et al. Ten species in one, DNA barcode reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator*[J]. Proc Natl Acad Sci, 2004, 101: 14812-14817.
- [19] Ward R, Zemlak T, Innes B, et al. DNA barcode Australia's fish species[J]. Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci, 2005, 360: 1847-1857.
- [20] Hajibabaeia M, Alexsmith M, Janzen D, et al. A minimalist barcode can identify a specimen whose DNA is degraded[J]. Mol Ecol Notes, 2006, 6: 959-964.

(本文编辑: 李晓燕)