

中国近海条石鲷(*Oplegnathus fasciatus*)群体遗传多样性线粒体 DNA 序列分析

肖永双^{1,3} 程起群² 任桂静² 李 军³ 马道远³
徐世宏³ 刘清华³ 肖志忠³ 韩志强¹

(1. 浙江海洋学院 舟山 316004; 2. 中国水产科学研究院东海水产研究所 上海 200090;
3. 中国科学院海洋研究所 青岛 266071)

提要 采用线粒体(mtDNA)DNA COI 和 Cyt *b* 基因片段序列分析方法,进行了中国近海条石鲷(*Oplegnathus fasciatus*)舟山和胶南群体遗传多样性及其遗传结构现状研究。结果表明,基于 mtDNA COI 分子标记揭示条石鲷舟山群体遗传多样性水平($h = 0.814 \pm 0.060$, $\pi = 0.009 \pm 0.005$, $k = 5.653 \pm 2.789$)显著高于胶南群体($h = 0.742 \pm 0.116$, $\pi = 0.003 \pm 0.002$, $k = 1.970 \pm 1.196$); MST 分析、NJ 系统分析和核苷酸不配对分布分析结果皆显示两群体内存在三个显著分化的单倍型类群,支系间的遗传距离为 0.018—0.025; 遗传分化指数结果($F_{st} = 0.331$, $P = 0.000$)和确切 P 检验结果显示($P = 0.000$)两群体间存在显著遗传分化。基于 mtDNA Cyt *b* 分子标记显示条石鲷群体遗传多样性总体上呈现较低水平($h = 0.874 \pm 0.023$, $\pi = 0.006 \pm 0.003$, $k = 2.761 \pm 1.492$), 舟山群体核苷酸多样性水平显著高于胶南群体; NJ 系统发育和群体遗传分化研究结果显示,条石鲷群体间未检测到显著的遗传分化。

关键词 条石鲷, 群体, 遗传多样性, mtDNA COI 和 Cyt *b* 基因, 遗传分化

中图分类号 Q953+.3

物种遗传多样性是生物多样性的的重要组成部分,遗传多样性不仅是形成生物多样性的基础,也是物种进化潜能的保证(李延梅等, 2009)。鱼类野生种群遗传多样性水平的减少可能导致鱼类成活率、生长和繁殖效率的降低,使种群个体对环境变化的适应能力降低(李延梅等, 2009)。鱼类遗传多样性的研究无论是对鱼类物种多样性的保护,还是对鱼类生物资源的可持续利用,以及未来的食物供应,都具有重要的意义。

条石鲷(*Oplegnathus fasciatus*)隶属于鲈形目(Perciformes)、石鲷科(Oplegnathidae)、石鲷属(*Oplegnathus*),主要分布于太平洋和印度洋地区,是

一种暖温性底层鱼类(孟庆闻等, 1995; 肖志忠等, 2008)。条石鲷属于岩礁性鱼类,具有肉质鲜美、生长速度快等优点,是一种具有较高食用价值和观赏价值的重要海产鱼类,极具增殖潜力(全汉锋等, 2007; 肖志忠等, 2008)。近年来,条石鲷已经成为我国海水鱼类人工繁育与养殖的重要对象,初步开展了其工厂化养殖和海水深水网箱养殖模式研究(全汉锋等, 2007; 柳学周等, 2008)。目前,国内关于对条石鲷的研究较少,主要集中于生态学、发育生物学及人工繁殖等方面的研究(全汉锋等, 2007; 柳学周等, 2008),而关于条石鲷不同地理群体遗传多样性和种群遗传结构监测研究则鲜有报道。

* “十二五”农村领域国家科技计划课题, 2012AA10A413-1 号; 中国科学院创新前沿项目, KSCX2-YW-N-47-08 号; 农业部东海与远洋渔业资源开发利用重点实验室开放课题, K201204 号; 海洋渔业科学与技术浙江省重中之重学科开放课题, 20110208 号; 山东省优秀中青年科学家科研奖励基金课题, BS2012HZ025 号; 2012 年留学回国人员科技择优资助经费项目, 2013.01—2014.12。肖永双, 助理研究员, 博士生, E-mail: dahaishuang1982@163.com

通讯作者: 肖志忠, E-mail: xzz@qdio.ac.cn

收稿日期: 2012-08-31, 收修改稿日期: 2012-12-28

分子标记是一种有效的检测物种遗传多样性和遗传结构的手段(Englbrecht *et al*, 2000; Whitehead *et al*, 2003)。针对不同的研究目的选择合适的分子标记方法将有助于更有效地揭示问题本质。线粒体 DNA (mtDNA)因其具有严格遵守母系遗传、几乎不发生重组、进化速度快等特征,已被广泛应用近缘种间系统发育关系和种内种群遗传多样性及其遗传结构差异研究(Meyer, 1993)。mtDNA COI 基因片段具有长度适宜、进化速率快、富含系统发育遗传信息等特点,被作为物种识别的 DNA 条形码广泛应用于探讨物种分类及近缘种和种群遗传结构和系统进化关系(Vences *et al*, 2005)。mtDNA Cyt *b* 基因片段在基因结构和功能上被了解得最为清楚,其进化速率适中,是探讨种间和种内遗传分化程度及系统演化研究的良好标记(代金霞等, 2005)。本研究以期从种下水平探讨 mtDNA COI 和 Cyt *b* 分子标记在条石鲷种群遗传学中的可行性,初步揭示条石鲷种群遗传多样性水平和种群遗传结构现状,为条石鲷种质资源的保护及遗传选育提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

于 2011 年 4 月在浙江舟山近海海域采集条石鲷野生群体 30 尾,于 2009 年 5 月在青岛胶南海域采集条石鲷野生样本 12 尾。经过形态鉴定以后,取样品背部肌肉于 95% 的酒精中保存,保存备用。

1.2 实验方法

1.2.1 基因组 DNA 提取 取条石鲷样本肌肉组织约 100mg,采用标准的酚-氯仿方法提取基因组 DNA,将提取的基因组 DNA 溶解于 100 μ l 双蒸水,4 $^{\circ}$ C 保存备用。用于扩增 mtDNA COI 的引物分别为: PC-up 5'-ATCACCATGCTCCTAACAGACCG-3'和 PC-down 5'-GCATCTGGGTAGTCTGAATACCG-3'; mtDNA Cyt *b* 的引物分别为: PB-up 5'-ATGACAAGCCTACGAAA AAC-3'和 PB-down 5'-GCCCCCTCAGATTCAGTGA-3'。PCR 反应体系总体积为 50 μ l,其中: 10 \times PCR 缓冲液 5 μ l, dNTPs 4 μ l (2.5mmol/L), 引物各 2 μ l, Taq 酶 2U, 模板 DNA 2 μ l, 加双蒸水至 50 μ l。PCR 反应条件为: 94 $^{\circ}$ C 预变性 4min, 然后 30 个循环包括: 94 $^{\circ}$ C 变性 1min, 49 $^{\circ}$ C 退火 1min, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1min; 最后在 72 $^{\circ}$ C 延伸 10min。取 2 μ l PCR 扩增产物进行 1.5% 琼脂糖凝胶电泳检测($U = 5V/cm$)。

1.2.2 目的片段的序列测定 用 UNIQ-10 柱式

DNA 胶回收试剂盒(上海华舜)进行目的片段的回收纯化。用 ABI 公司 3700 型全自动 DNA 序列分析仪进行双向测序,测序反应采用与 PCR 反应一致的引物。

1.3 数据分析

运用 Dnastar 软件包(DNASTAR, Inc., Madison, USA)进行序列比对并辅以人工矫正。运用 MEGA 计算序列的碱基组成、多态性、序列间的转换颠换比率(Tamura *et al*, 2007)。联合采用 DNASP5.0 和 BioEditor 对联配信息进行数据格式转换(Hall, 1999; Librado *et al*, 2009),基于 PAUP* 4.0b10 和 Modeltest 3.7 软件对转换后的同源序列进行核苷酸替代模型筛选,得到两个目的片段碱基替代最适模型及其相关参数。基于核苷酸最适模型,采用 MEGA 软件,构建条石鲷邻近关系树,计算系统分支遗传差异程度。使用软件 ARLEQUIN (ver.3.000)(Excoffier *et al*, 2005)计算群体遗传学参数:多态位点数目(S)、单倍型多样性(h)、核苷酸多样性(π)和两两序列比对平均核苷酸差异数(k);进行确切 P 检验,并计算两两群体间的 F_{st} 值检验群体遗传分化。

2 结果

2.1 条石鲷种群遗传多样性

通过对条石鲷 mtDNA 基因组进行 PCR 扩增、序列测定和比对,分别得到长度为 642bp 和 501bp 的 COI 和 Cyt *b* 基因同源片段序列。在 mtDNA COI 基因同源片段上共检测到 25 个多态位点,定义了 16 个单倍型。在 mtDNA Cyt *b* 基因同源片段上共检测到 22 个多态位点,定义了 11 个单倍型(表 1)。在两个 mtDNA 基因片段中 A+T 含量(COI = 54.9%, Cyt *b* = 51.7%)明显大于 C+G 含量(COI = 45.1%, Cyt *b* = 48.3%),两群体间无显著差异。条石鲷基于 mtDNA COI 基因同源片段检测到的群体期望杂合度(0.224)显著高于基于 mtDNA Cyt *b* 基因同源片段检测到的群体期望杂合度(0.126),揭示条石鲷 mtDNA COI 基因较 Cyt *b* 基因片段具有更丰富的遗传信息量。

基于 mtDNA COI 基因片段获得的种群遗传多样性结果显示,在 16 个单倍型中舟山群体和胶南群体间无共享单倍型。舟山群体的单倍型多样性、核苷酸多样性以及两两序列比较的平均碱基差异数($h = 0.814 \pm 0.060$; $\pi = 0.009 \pm 0.005$; $k = 5.653 \pm 2.789$)显著高于胶南群体($h = 0.742 \pm 0.116$; $\pi = 0.003 \pm 0.002$; $k = 1.970 \pm 1.196$)。在基于 mtDNA Cyt *b* 基因片段研究结果显示, Hap1_(a)、Hap2_(a)、Hap3_(a)、Hap4_(a) 为舟山群体

表 1 本研究条石鲷的遗传多样性参数
Tab.1 Molecular diversity indices for *O. fasciatus* in this study

遗传多样性参数	COI			Cyt <i>b</i>		
	舟山	胶南	总计	舟山	胶南	总计
个体数	30	12	42	30	11	41
序列长度	642	642	642	501	501	501
变异位点	21	5	25	18	7	22
转换/颠换	9/12	4/1	12/13	11/7	5/1	14/7
单倍型数	11	5	16	8	7	11
单倍型多样性(<i>h</i>)	0.814±0.060	0.742±0.116	0.886±0.034	0.851±0.034	0.927±0.054	0.874±0.023
核苷酸多样性(π)	0.009±0.005	0.003±0.002	0.009±0.005	0.006±0.004	0.003±0.002	0.006±0.003
两两序列比较的碱基差异数(<i>k</i>)	5.653±2.789	1.970±1.196	5.606±2.745	3.047±1.632	1.649±1.049	2.761±1.492

表 2 条石鲷两个群体的单倍型频率分布
Tab.2 Distribution of haplotypes in *O. fasciatus* populations

单倍型	COI			Cyt <i>b</i>		
	舟山	胶南	总数	舟山	胶南	总数
Hap1 _(a)	1		1	4	2	6
Hap2 _(a)	2		2	4	2	6
Hap3 _(a)	3		3	7	2	9
Hap4 _(a)	5		5	2	2	4
Hap5 _(a)	12		12		1	1
Hap6 _(a)	2		2		1	1
Hap7 _(a)	1		1		1	1
Hap8 _(a)	1		1	1		1
Hap9 _(a)	1		1	8		8
Hap10 _(a)	1		1	3		3
Hap11				1		1
Hap12		6	6	/	/	/
Hap13		2	2	/	/	/
Hap14		1	1	/	/	/
Hap15		2	2	/	/	/
Hap16		1	1	/	/	/
总数	30	12	42	30	11	41

注: (Hap+数字)代表 COI 单倍型, (Hap+数字_(a))代表 Cyt *b* 单倍型

[4Hap1_(a)、4Hap2_(a)、7Hap3_(a)、2Hap4_(a)]和胶南群体[2Hap1_(a)、2Hap2_(a)、2Hap3_(a)、2Hap4_(a)]共享单倍型, 单倍型共享率达 36.4%。舟山群体的核苷酸多样性和两两序列比较的平均碱基差异数($\pi = 0.006 \pm 0.0004$; $k = 3.047 \pm 1.632$)显著高于胶南群体($\pi = 0.003 \pm 0.002$; $k = 1.649 \pm 1.049$), 但舟山群体的单倍型多样性($h = 0.851 \pm 0.034$)却小于胶南群体(0.927 ± 0.054)。

2.2 系统发育分析

通过 PAUP 和 Modeltest 软件计算得到适合条石鲷 mtDNA COI 和 Cyt *b* 基因片段序列的核苷酸最佳

替换模型分别为 Hky + G ($G = 0.68$)和 TrN ($I = 0$), 基于核苷酸最合替代模型分别构建了 COI 和 Cyt *b* 基因的单倍型邻近关系(NJ)树。系统发育结果显示, 基于 COI 序列单倍型最小跨度树分析和 NJ 系统分析结果显示, 两群体内存在三个显著分化的单倍型类群 A、B 和 C, 支系间的遗传距离为 0.018—0.025 ($A/B = 0.018$, $A/C = 0.025$, $B/C = 0.022$)(图 1)。单倍型最小跨度树(MST)分析结果与 NJ 树结果一致, 在条石鲷群体中存在三个显著分化的世系类群(图 2)。基于 mtDNA Cyt *b* 标记的系统发育结果和最小跨度树结果显示, 条石鲷群体间未检测到显著的世系分化。

基于条石鲷 mtDNA COI 基因进化速率(1.98%—2.73%/百万年)计算三个支系的分化时间(肖志忠等,

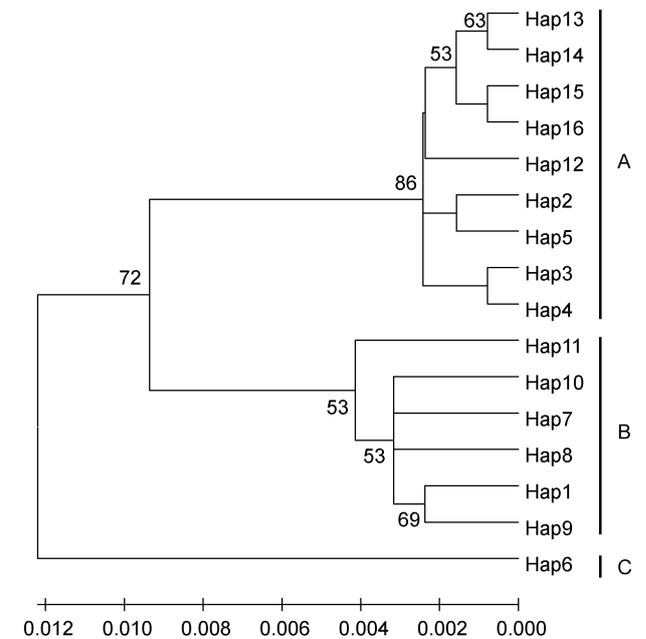


图 1 基于条石鲷 mtDNA COI 基因序列构建的 NJ 系统树
Fig.1 Neighbor-joining tree of *O. fasciatus* resulted from mtDNA COI gene

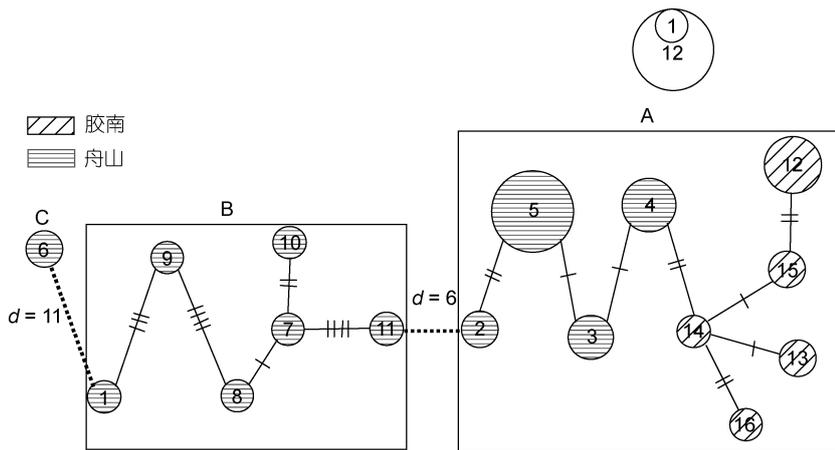


图2 条石鲷单倍型中介连接网络关系

Fig.2 The median joining network of haplotypes for *O. fasciatus*

2011)。支系 A/B 间的净遗传距离为 0.012, 支系 B/C 间的净遗传距离为 0.018, 支系 A/C 间的净遗传距离为 0.022。世系 A/B 的分化事件发生于 43.96—60.61 万年, 世系 B/C 的分化事件发生于 65.93—90.91 万年, 世系 A/C 的分化事件发生于 80.59—111.11 万年, 上述分化事件的发生主要集中在更新世晚中期。

2.3 种群遗传分化分析

采用两两群体相比较的 F_{st} 分析方法检测条石鲷群体间的遗传分化程度, 基于 mtDNA COI 基因片段统计结果显示, 条石鲷舟山群体和胶南群体间的遗传分化达到了 0.331, 并且统计检验极显著 ($P < 0.01$); 基于 mtDNA Cyt *b* 基因片段统计结果显示, 条石鲷舟山群体和胶南群体间的遗传分化系数仅为 0.048, 并且统计检验是不显著的 ($P = 0.01$)。运用确切 P 检验检

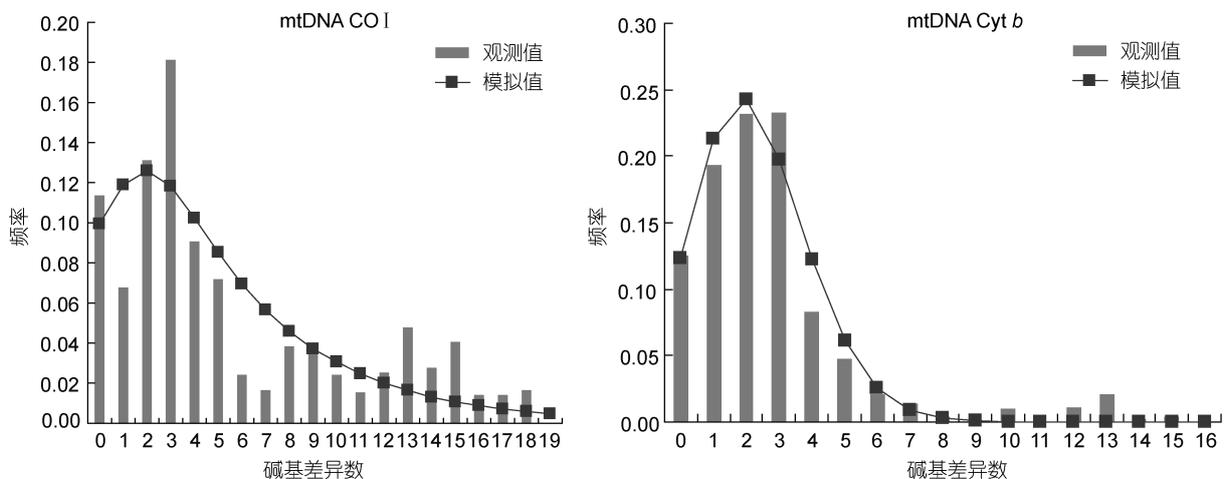
测条石鲷两群体中个体间的随机交配情况, 统计结果显示, 在基于 mtDNA COI 标记下, 条石鲷群体遗传分化的确切检验 P 值为 0.00, 统计检验显著; 基于 mtDNA Cyt *b* 分子标记获得的确切检验 P 值为 0.11, 统计检验不显著。

核苷酸不配对分布 (Mismatch distribution, MD) 结果表明, 基于 mtDNA COI 获得的条石鲷 MD 结果呈现三个峰值, 其中一个峰对应各单倍型类群内序列差异, 另外两个峰分别对应两两单倍型类群间序列差异, 与 MST 和 NJ 树结果一致; 基于 mtDNA Cyt *b* 基因片段获得的条石鲷

MD 结果呈现单峰型。中性检验结果显示, 基于 mtDNA COI 基因片段得到的条石鲷群体的 Tajima's $D = -0.12$ ($P = 0.10$), $F_s = -1.95$ ($P = 0.25$), 没有显著偏离中性; 基于 mtDNA Cyt *b* 基因片段得到的条石鲷 Tajima's $D = -1.48$ ($P = 0.04$), $F_s = -1.78$ ($P = 0.02$), 显著偏离中性(图 3)。

3 讨论

物种遗传多样性水平的高低与其适应能力、生存能力和进化潜力存在密切的相关性, 遗传多样性的降低必将给物种种质资源保护和利用带来不利的影响(李延梅等, 2009)。目前, 对大量海洋鱼类的种群遗传学研究表明, 海洋鱼类种群遗传多样性水平的高低受多种因素(如有效种群大小、世系分化、群体扩张

图3 条石鲷群体 mtDNA COI 和 Cyt *b* 基因片段核苷酸不配对分布分析Fig.3 Mismatch distributions analyses of nucleotide of mtDNA COI and Cyt *b* genes for *O. fasciatus* populations

等)的影响,近年来的研究也表明,海洋大环境如栖息地的差异、海流、温度以及古气候历史因素对于海洋鱼类种群遗传多样性的分布格局也存在着显著的影响(Liu *et al.*, 2007; Xiao *et al.*, 2011)。除此之外,海洋鱼类自身的生活史特征也是影响其种群遗传多样性的重要因素(Liu *et al.*, 2007; Xiao *et al.*, 2011),因此,加大对海洋鱼类种群遗传多样性的监测及遗传多样性分布格局的分析,揭示海洋鱼类种群遗传多样性的形成和维持机制,对于海洋鱼类遗传多样性的保护和资源的合理利用具有重要的意义。

3.1 条石鲷种群遗传多样性

本研究结果显示,在长度分别为 642bp 和 501bp 的 COI 和 Cyt *b* 基因同源片段序列中,两个基因片段的碱基组成在分布上呈现一致性,A+T 含量(COI = 54.9%, Cyt *b* = 51.7%)与 G+C 含量(COI = 45.1%, Cyt *b* = 48.3%)差异显著。与以往的研究结果一致,本研究多态位点数目和预期杂合度统计显示,条石鲷 mtDNA COI 基因片段较 Cyt *b* 基因片段具有更丰富的遗传变异(肖志忠等, 2011)。单倍型多样性(h)、核苷酸多样性(π)和两两序列相比较的碱基差异数(k)是衡量种群遗传多样性水平的重要参数,本研究结果显示基于 mtDNA COI 基因片段检测到条石鲷种群呈现较高水平的遗传多样性($h = 0.886 \pm 0.034$; $\pi = 0.009 \pm 0.005$; $k = 5.606 \pm 2.745$),舟山群体的遗传多样性水平显著高于胶南群体,呈高单倍型多样性和高核苷酸多样性的分布模式;基于 mtDNA Cyt *b* 基因片段结果显示,条石鲷遗传多样性水平($h = 0.874 \pm 0.023$; $\pi = 0.006 \pm 0.003$; $k = 2.761 \pm 1.492$)显著低于基于 mtDNA COI 基因片段得到的遗传多样性水平,条石鲷舟山群体的 π 值和 k 值高于胶南群体,遗传多样性参数增长长度显著小于 mtDNA COI 基因片段,舟山群体 h 值略低于胶南群体,这可能与胶南群体样本量小有关。目前,关于条石鲷不同地理群体遗传多样性及遗传分化的研究尚未见报道。

3.2 条石鲷种群系统发育

基于 mtDNA COI 基因系统发育、最小跨度树和核苷酸不配对分布结果显示,在条石鲷种群中检测到三个显著分化的单倍型类群 A、B 和 C,三个类群间的净遗传距离 0.012—0.018,采用 1.98%—2.73%/百万年分子钟获得三个类群间的分化事件发生于更新世晚中期(距今约一百万年)。更新世晚中期全球气候经历了一系列的冰期-间冰期的变化(Imbrie *et al.*, 1992),冰期导致海平面发生剧烈的变化,在冰盛期,

海平面下降了 120—140m (Lambeck *et al.*, 2002),使边缘海的面积和结构发生了巨大的变化,从而导致了許多海洋生物的分布范围经历了收缩和扩张,并在遗传信息上留下明显的印迹(Hewitt, 2000)。条石鲷作为西北太平洋一种岩礁性底栖鱼类,其遗传多样性应该受到了更新世冰期强烈的影响。本研究结果显示,条石鲷舟山群体包含了三个世系分支,胶南群体为世系分支 A 的延伸群体,表明条石鲷种群经历了更新世冰期隔离分化后重新扩张混合事件,相似的研究结果在梭鱼(*Chelon haematocheilus*)、铜藻(*Sargassum horneri*)、青鳞小沙丁鱼(*Sardinella zunasi*)等海洋物种中均有报道(Liu *et al.*, 2007; Wang *et al.*, 2008; Hu *et al.*, 2011)。在基于 mtDNA Cyt *b* 基因片段研究结果中未检测到条石鲷群体间存在显著的遗传分化,揭示条石鲷 mtDNA COI 基因片段较 Cyt *b* 基因片段更适合用于群体遗传分化研究。

3.3 条石鲷种群遗传分化

两两群体相比较的 F_{st} 结果和确切 P 检验显示,基于 mtDNA COI 基因片段检测到条石鲷舟山群体与胶南群体存在显著地遗传分化,群体分化指数达到 0.331,整体确切检验 P 值(0.00)显示条石鲷两群体间为非随机交配群体。而基于 mtDNA Cyt *b* 基因片段在条石鲷两群体间未检测到显著地遗传分化,这也充分显示 mtDNA Cyt *b* 基因序列变异不适合条石鲷种群遗传分化分析研究。

综上所述,从本研究条石鲷种群遗传多样性和系统发育分析结果显示,条石鲷种群高水平的遗传多样性与其存在显著的谱系结构密切相关,因此,有必要从更大采样范围尺度对条石鲷种群遗传多样性展开研究,从而更加准确地评估其有效种群大小,制订和采取相应的渔业管理措施,合理的保护和利用该种质资源。

参 考 文 献

- 代金霞, 郑哲民, 2005. 基于 Cyt *b* 基因序列探讨蜻蛉科 11 种昆虫的系统发育关系. 昆虫知识, 42(4): 395—399
- 全汉锋, 肖志忠, 2007. 条石鲷人工繁育技术研究. 台湾海峡, 26(2): 295—300
- 李延梅, 牛 栋, 张志强等, 2009. 国际生物多样性研究科学计划与热点述评. 生态学报, 29(4): 2115—2122
- 肖志忠, 郑 炯, 于道德等, 2008. 条石鲷早期发育的形态特征. 海洋科学, 32(3): 25—30
- 肖志忠, 肖永双, 马道远等, 2011. 基于线粒体 DNA 部分片段探讨条石鲷与斑石鲷的亲缘关系. 海洋学报(中文版),

- 33(5): 115—123
- 孟庆闻, 苏锦祥, 缪学祖, 1995. 鱼类分类学. 北京: 中国农业出版社, 734—756
- 柳学周, 徐永江, 王妍妍等, 2008. 条石鲷的早期生长发育特征. 动物学报, 54(2): 332—341
- Englbrecht C C, Freyhof J, Nolte A *et al*, 2000. Phylogeography of the bullhead *Cottus gobio* (Pisces: Teleostei: Cottidae) suggests a pre-Pleistocene origin of the major central European populations. *Molecular Ecology*, 9: 709—722
- Excoffier L, Laval G, Schneider S, 2005. Arlequin (version 3.0): An integrated software package for population genetics data analysis. *Evol Bioinform Online*, 1: 47—50
- Hall T A, 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, 41: 95—98
- Hewitt G M, 2000. The genetic legacy of the Quaternary ice ages. *Nature*, 405: 907—913
- Hu Z M, Uwai S, Yu S H *et al*, 2011. Phylogeographic heterogeneity of the brown macroalga *Sargassum horneri* (Fucaceae) in the northwestern Pacific in relation to late Pleistocene glaciation and tectonic configurations. *Molecular Ecology*, 20(18): 3894—3909
- Imbrie J, Boyle E A, Clemens S C, 1992. On the structure and origin of major glaciation cycles, 1. Linear responses to Milankovitch forcing. *Paleoceanography*, 7: 701—738
- Lambeck K, Esat T M, Potter E K, 2002. Links between climate and sea levels for the past three million years. *Nature*, 419: 199—206
- Librado P, Rozas J, 2009. DnaSP5.0: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, doi:10.1093/bioinformatics/btp187
- Liu J X, Gao T X, Wu S F *et al*, 2007. Pleistocene isolation in the Northwestern Pacific marginal seas and limited dispersal in a marine fish, *Chelon haematocheilus* (Temminck & Schlegel, 1845). *Molecular Ecology*, 16(2): 275—288
- Meyer A, 1993. Evolution of Mitochondrial DNA in Fishes. In: Hochachka P W, Mommsen T P ed. *Biochemistry and Molecular Biology of Fishes*, Amsterdam: Elsevier, 1—38
- Tamura K, Dudley J, Nei M *et al*, 2007. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution*, 24: 1596—1599
- Vences M, Thomas M, Bonett R M *et al*, 2005. Deciphering amphibian diversity through DNA barcoding: chances and challenges. *Philosophical Transactions: Biological Sciences*, 360(1462): 1859—1868
- Wang M L, Zhang X M, Yang T Y *et al*, 2008. Genetic diversity in the mtDNA control region and population structure in the *Sardinella zunasi* Bleeker. *African Journal of Biotechnology*, 7(24): 4384—4392
- Whitehead A, Anderson S L, Kuivila K M *et al*, 2003. Genetic variation among interconnected populations of *Catostomus occidentalis*: implications for distinguishing impacts of contaminants from biogeographical structuring. *Molecular Ecology*, 12: 2817—2833
- Xiao Y S, Zhang Yan, Yanagimoto T *et al*, 2011. Population genetic structure of the point-head flounder, *Cleisthenes herzensteini*, in the Northwestern Pacific. *Genetica*, 139(2): 187—198

POPULATION GENETIC DIVERSITY OF ROCK BREAM *OPLEGNATHUS FASCIATUS* BASED ON mtDNA GENOME SEQUENCE IN CHINESE COAST

XIAO Yong-Shuang^{1,3}, CHENG Qi-Qun², REN Gui-Jing², LI Jun³, MA Dao-Yuan³,
XU Shi-Hong³, LIU Qing-Hua³, XIAO Zhi-Zhong³, HAN Zhi-Qiang¹

(1. Zhejiang Ocean University, Zhoushan, 316004; 2. East China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Shanghai, 200090; 3. Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, Qingdao, 266071)

Abstract Partial nucleotide sequences of mitochondrial DNA COI and Cyt *b* genes were sequenced and analyzed to estimate population genetic diversity and genetic structure of rock bream (*Oplegnathus fasciatus*) in Zhoushan and Jiaonan populations. The results show that the haplotype diversity and nucleotide diversity of Zhoushan population ($h = 0.814 \pm 0.060$, $\pi = 0.009 \pm 0.005$) were significantly higher than those of Jiaonan population ($h = 0.742 \pm 0.116$, $\pi = 0.003 \pm 0.002$) in mtDNA COI molecular marker. Three genealogical clades were checked in the *O. fasciatus* populations in NJ, MST and Mismatch distribution analyses of mtDNA COI gene sequence, and the genetic distances among the clades ranged from 0.018—0.025. No significant genetic differentiations existed between Zhoushan and Jiaonan populations in the species based on the analyses of NJ and the pairwise fixation index F_{st} of mtDNA Cyt *b* gene.

Key words *Oplegnathus fasciatus*; populations; genetic diversity; mitochondrial DNA COI and Cyt *b* genes; genetic differentiation