

DOI: 10.19663/j.issn2095-9869.20171212001

http://www.yykxjz.cn/

黄镇宇, 章群, 卢丽锋, 周琪, 唐楚林. 基于线粒体 *CO I* 序列的中国前鳞鲷遗传多样性分析. 渔业科学进展, 2019, 40(1): 46-52

Huang ZY, Zhang Q, Lu LF, Zhou Q, Tang CL. Genetic diversity of *Liza affinis* in coastal waters of China deduced from mitochondrial *CO I* sequences. Progress in Fishery Sciences, 2019, 40(1): 46-52

# 基于线粒体 *CO I* 序列的中国前鳞鲷 遗传多样性分析\*

黄镇宇 章群<sup>①</sup> 卢丽锋 周琪 唐楚林

(暨南大学生态学系 广州 510632)

**摘要** 前鳞鲷(*Liza affinis*)是分布于西北太平洋的日本南部及中国台湾海域等的经济鱼类。为了解中国前鳞鲷的遗传背景,该研究分析了来自中国 4 省 82 尾样本 *CO I* 基因 5'端 712 bp 序列,共发现 21 个单倍型,遗传多样性( $H_d=0.4840\pm 0.0700$ ,  $\pi=0.0010\pm 0.0002$ )较低。根据群体所属的地区、海域、海峡进行分组,通过 AMOVA 分析,得出组间的  $F_{st}$  值皆小于 0.05,  $P$  值皆大于 0.05,组间变异的比极低(-0.6%~0.46%),表明中国前鳞鲷群体间无明显分化,其原因可能是:1)频繁的基因交流。前鳞鲷的洄游范围较大,且受海流影响,导致不同地区的群体间有着密切的基因交流;2)近期种群扩张事件。中国前鳞鲷整体的 Fu's  $F_s$  值为显著性负值( $F_s=-20.3900$ ,  $P=0$ ),核苷酸错配峰图为明显单峰,单倍型网络图呈星状结构,均表明中国前鳞鲷群体经历过种群扩张,估算扩张大约发生在 13.4199~1.4911 万年前,可能是冰期和间冰期的交替中海平面的变化所致。此外,洞头群体的遗传多样性( $H_d=0.8080\pm 0.1130$ ,  $\pi=0.0021\pm 0.0006$ )明显高于其他地理群体,建议将其作为优先保护的對象。

**关键词** 前鳞鲷;遗传多样性;*CO I* 基因;中国沿海

中图分类号 Q349 文献标识码 A 文章编号 2095-9869(2019)01-0046-07

遗传多样性是物种生存与进化的物质基础,开展鱼类遗传多样性研究可以为遗传育种和种质资源保护提供重要参考(Ward, 2000)。动物线粒体属于母系遗传,无遗传物质的重组,且其进化速度比核基因快,较少的样本就可较好地反映该种群的遗传结构,是动物遗传多样性研究中理想的分子标记(Xu *et al.*, 2014)。而且,动物线粒体的 *CO I* 序列具有一定的进化变异,可以较好地反映同种生物的不同群体间的遗传差异,除了被广泛应用于 DNA 条形码的研究中,

也适用于遗传多样性的分析研究(柳淑芳等, 2016; Chang *et al.*, 2016; Xu *et al.*, 2012; 李大命等, 2017)。

前鳞鲷(*Liza affinis*)隶属鲷形目(Mugiliformes)、鲷科(Mugilidae),是分布于西北太平洋的日本南部及中国台湾海域等的洄游性鱼类。前鳞鲷为杂食性鱼类,主要以藻类、有机碎屑为食,大多栖息在河口处,具有广盐性且对淡水的耐受性较强(孙典荣等, 2013; Lin *et al.*, 1999)。同时,前鳞鲷的生态位低、生长快、肉味鲜甜,具有可观的渔业价值(Richardson *et al.*,

\* 国家自然科学基金项目(41071034)和中央高校基本科研业务费专项资金项目(21613105)共同资助 [This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (41071034), Fundamental Research Funds for the Central Universities (21613105)]. 黄镇宇, E-mail: 1014700800@qq.com

① 通讯作者: 章群, 副研究员, E-mail: tqzhang@jnu.edu.cn

收稿日期: 2017-12-12, 收修改稿日期: 2017-12-22

2011; 孟玮等, 2007)。目前, 关于中国前鳞鲛的研究主要为集中在物种鉴定方面, 其遗传多样性研究仅涉及浙江沿岸(许则滩, 2015)。为了解中国前鳞鲛的遗传背景, 为其种质资源的可持续开发利用提供科学依据, 该研究测定了采自中国 4 省 5 个地点共计 82 尾样本的 CO I 序列, 并展开相关的遗传分析。

## 1 材料与方法

### 1.1 样本采集、匹配引物、测序

为了研究中国前鳞鲛群体在不同海域(东海与南海)中的遗传多样性, 及海峡(琼州海峡与台湾海峡)隔离对其遗传结构的影响, 结合采样实际情况, 集 82 尾前鳞鲛样本, 分别为广西东兴(26 尾)、广东闸坡(6 尾)、广东吴川(4 尾)、福建平潭(23 尾)、浙江岱山(10 尾)和浙江洞头(13 尾)。参照乐小亮等(2010)方法提取 82 尾样本的 DNA, 使用实验室自行设计的引物 CO I F: 5'-TGTAACGACGGCCAGTCCTGTGGCAATYACDCGCTGAT, CO I R: 5'-CAGGAAACAGC TATGACNACYTCNGGRTGNCCRAAGAA 与其匹配并进行 PCR 扩增, 将条带明亮的 PCR 产物送华大基因公司测序。

### 1.2 数据处理

运用 MEGA 7.0(Kumar *et al.*, 2016)对测序峰图进行人工校对, 并计算碱基组成、颠换率。通过 DnaSP 5.10 计算单倍型数、单倍型多样性( $H_d$ )、核苷酸多样性( $\pi$ ) (Librado *et al.*, 2009)。使用 Network (Bandelt *et al.*, 1999)分析单倍型的分布情况, 通过 Arlequin 3.5 进行 AMOVA 分析、核苷酸错配分析、Tajima's  $D$  和 Fu's  $F_s$  中性检验, 计算群组间的  $F_{st}$  值、SSD 值、 $R_g$  值、 $\tau$  值等参数(Excoffier *et al.*, 2010)。运用 SAMOVA 2.0 进行空间分子变异分析。根据公式 $[T=(\tau/2\mu k) \times \text{代时}]$ 计算种群扩张时间, 其中,  $\tau$ 、 $\mu$ 、 $k$ 、 $T$  依次代表种群扩张时间参数、序列的变异速率[线粒体 CO I 基因进化速率为(1%~3%)/百万年(Wang *et al.*, 2013)]、序列长度以及种群扩张时间(Rogers *et al.*, 1992)。鲛是鲛属的代表性鱼类, 个体较大, 与前鳞鲛的生态习性相近, 其性成熟需要 2~3 年(石琼等, 2015)。大多数鱼类因性成熟而迎来个体生长的停滞(钱国英, 2000), 同属的前鳞鲛个体较小, 故其性成熟所需时间可能短于鲛鱼, 但目前尚没有确切时间的报道, 估算其大概为 1~3 年, 即公式中的代时取值为 1~3。

### 1.3 中国前鳞鲛群体划分

为了方便比较分布在不同地理位置的前鳞鲛群

体间的遗传差异, 该研究将按以下方式对中国前鳞鲛群体进行划分、分析。按采样地点把中国前鳞鲛划分为东兴群体、平潭群体、闸坡群体、吴川群体、岱山群体和洞头群体, 其中, 因闸坡和吴川的地理位置相邻且两地的样本数量较少, 故将在两地所采集的样本合并为 1 个采样群体, 在下文简称为广东群体。根据群体所处海域将中国前鳞鲛划分为东海群体(岱山、洞头和平潭群体)及南海群体(广东和东兴群体)。根据海峡的隔离将中国前鳞鲛划分为东兴群体、广东群体和东海群体。

## 2 结果与分析

### 2.1 前鳞鲛线粒体 CO I 序列特征和遗传多样性

在全长为 712 bp 的序列中, 没有发现碱基的插入和缺失, 碱基 A、T、C 和 G 的含量分别为 23.5%、29.4%、28.8%和 18.3%, A+T 含量(52.9%)略高于 C+G 含量(47.1%), 与其他硬骨鱼类 CO I 序列碱基组成特征基本一致。其中, 共有 18 个多态位点、6 个简约信息位点, 颠换与转换的比值为 4.7, 表明序列的突变尚未达到饱和, 适合进行系统发育分析(Kumar, 2005)。此外, 还发现 21 个单倍型, 总体遗传多样性偏低( $H_d=0.4840 \pm 0.0700$ ,  $\pi=0.0010 \pm 0.0002$ ), 其中, 洞头群体最高, 岱山群体最低, 东海群体的遗传多样性高于南海群体, 具体的遗传多样性情况见表 1。

单倍型最大简约性网络图(图 1)呈现星状结构, 其中, Hap1 的数量最多(59), 由全部群体共享。Hap3 的数量为 3, 由东兴群体与平潭群体共享。Hap11 的数量为 2, 由平潭群体与洞头群体共享, 其余均为各个群体特有的单倍型。也就是说, 不同地理来源的个体相互聚集分布, 不同的地区中存在相同的单倍型, 表明前鳞鲛在中国沿海范围内没有明显的地理聚群。

在 AMOVA 分析(表 2)中, 按照上文的群体划分进行分析: 东兴、平潭、闸坡、广东、洞头等 5 个群体间的  $F_{st}=-0.0221 \sim 0.0141$  ( $P>0.05$ ), 组间的遗传变异比例达 -0.26%。东海群体与南海群体间的  $F_{st}=0.0020$  ( $P>0.05$ ), 组间的遗传变异比例达 0.46%。东兴、广东、东海 3 个群体间的  $F_{st}=-0.0159 \sim 0.0141$  ( $P>0.05$ ), 组间的遗传变异比例为 -0.6%。上述各类划分中, 群体间的  $F_{st}$  值皆小于 0.05, 均表现出不显著水平 ( $P>0.05$ ), 且组间的遗传变异比例均属于极低水平, 表明中国前鳞鲛群体在各个地区、海域、海峡间没有明显的遗传分化, 遗传变异主要集中在群体中的个体间。而 SAMOVA 分析(表 2)中, 82 条序列被软件自动划分为 2 组, 即洞头群体独立归为 1 组, 其余群体

表1 中国沿海前鳞鲷群体的遗传多样性  
Tab.1 Genetic diversity statistics of *Liza affinis* in coastal waters of China

群体所处的地理位置 Region of population	数量 Size	变异位点数 Variable site	单倍型数量 $N_h$	单倍型多样性 $H_d$	核苷酸多样性 $\pi$
岱山 Daishan	10	2	5	0.2000±0.1540	0.0006±0.0004
洞头 Dongtou	13	9	12	0.8080±0.1130	0.0021±0.0006
平潭 Pingtan	23	8	10	0.5850±0.1220	0.0013±0.0004
吴川, 闸坡 Wuchua, Zhapo	10	3	6	0.3780±0.1810	0.0008±0.0005
东兴 Dongxing	26	4	10	0.3510±0.1170	0.0005±0.0002
东海 East China Sea	46	15	23	0.5790±0.0890	0.0014±0.0003
南海 South China Sea	36	6	13	0.3540±0.1020	0.0006±0.0002
总体 Total	82	18	32	0.4840±0.0700	0.0010±0.0002

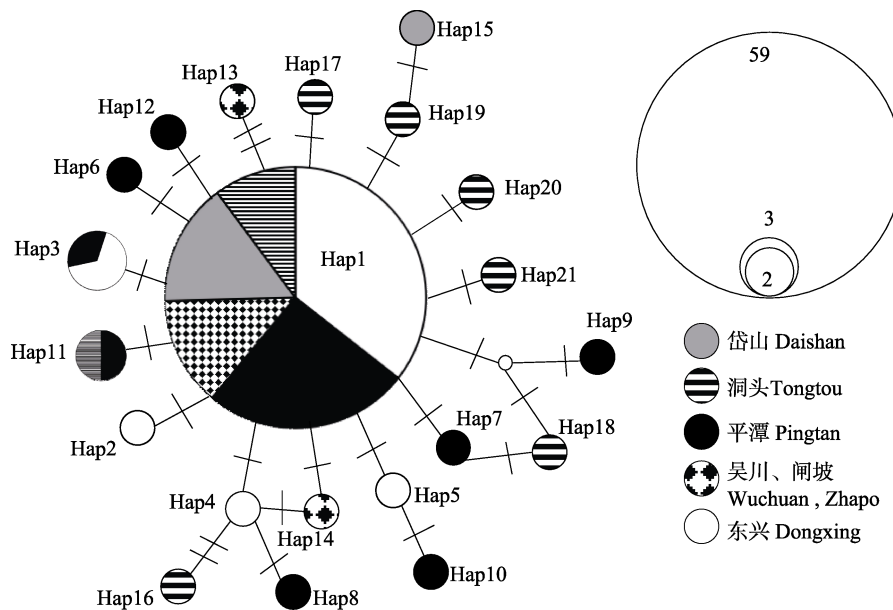


图1 前鳞鲷单倍型网络图

Fig.1 Parsimony network of *Liza affinis* CO I haplotypes

图中每个圆圈分别代表一种单倍型, 枝上短线数量代表突变步骤的数量

Each circle represents a unique haplotype, the number of short lines on the branch represents the number of mutation steps

为1组, 测得组间的变异比例只有2.87%, 同样表明组间分化程度很低, 与 $F_{st}$ 及AMOVA分析的结果相吻合。

## 2.2 前鳞鲷的种群历史动态

中性检验的分析结果(表3)如下: Tajima's  $D$ 方面, 洞头、平潭、广东、东兴4个群体均为显著性负值, 其余为非显著性负值。Fu's  $F_s$ 方面, 洞头、广东、东兴3个群体均呈显著性负值, 总体也是显著性负值( $F_s = -20.3900$ ,  $P=0$ )。Ramos-Onsins & Rozas's  $R^2$ 检验的分析显示(表3):  $R^2$ 的范围是0.1610~0.1620 ( $P<0.05$ ), SSD值(0.0010~0.0220)和 $R_g$ 值(0.0500~0.7200)均较小, 且多数呈不显著性( $P>0.05$ ), 表明中国前鳞鲷群体没有显著偏离扩张模型。此外, 核苷

酸错配图(图2)呈现明显单峰、单倍型网络图(图1)的星状结构与Fu's  $F_s$ 的显著性负值均表明中国前鳞鲷在近期经历过快速扩张, 其扩张时间参数 $\tau$ 为0.6370, 计算出中国前鳞鲷种群扩张大约发生在13.4199~1.4911万年前, 处于晚更新世时期(刘嘉麒等, 1997)。

## 3 讨论

### 3.1 中国前鳞鲷的遗传多样性

某物种的遗传多样性丰富与否和该物种所反映的单倍型多样性( $H_d$ )及核苷酸多样性( $\pi$ )密切相关(Bonin et al, 2010)。该研究中, 中国前鳞鲷的遗传多样性( $H_d=0.4840\pm 0.0700$ ,  $\pi=0.0010\pm 0.0002$ )呈现出以

表 2 前鳞鲃种群结构的分子方差分析及 SAMOVA 分析  
Tab.2 AMOVA and SAMOVA analysis of *Liza affinis*

分析方法 Method of analysis	分组方式 Method of grouping	分析参数 Parameter of analysis	群组间 Among groups	群组中群体间 Among populations within groups	群体内部 Within populations	总体 Total
AMOVA	Group (5 个群体 5 populations)	自由度 df	4.0000		77.0000	81.0000
		平方和 Sum of squares	1.4280		28.6450	30.0730
		变异组成 Variance components	0.0010		0.3720	0.3710
		变异比例 Percentage of variation	-0.2600		100.2600	
	Group1(东海 East China Sea)	自由度 df	1.0000	3.0000	77.0000	81.0000
		平方和 Sum of squares	0.4000	1.0270	28.6450	30.0730
	Group2 (南海 South China Sea)	变异组成 Variance components	0.0017	0.0021	0.3720	0.3717
		变异比例 Percentage of variation	0.4600	-0.5500	100.0900	
	Group1(东兴 Dongxing)	自由度 df	2.0000	2.0000	77.0000	81.0000
		平方和 Sum of squares	0.6640	0.7640	28.6450	30.0730
	Group2(吴川 Wuchua 闸坡 Zhapo) Group3 (东海 East China Sea)	变异组成 Variance components	-0.0022	0.0007	0.3720	0.3704
		变异比例 Percentage of variation	-0.6000	0.1800	100.4100	
SAMOVA	Group1(洞头 Dongtou)	自由度 df	1.0000	3.0000	77.0000	81.0000
		平方和 Sum of squares	0.5430	0.8850	28.6450	30.0730
	Group2(其余 4 个群体 Other 4 populations)	变异组成 Variance components	0.0109	-0.0048	0.3720	0.3781
		变异比例 Percentage of variation	2.8700	-1.2600	98.3800	

表 3 前鳞鲃的中性检验、核苷酸不配对分析  
Tab.3 Neutrality tests and mismatch analysis of *Liza affinis*

分析范围 Range analysis	群体所处的地理位置 Region of population	Tajima's D 值(P 值)	Fu's Fs 值(P 值)	R <sub>2</sub> 值(P 值)	SSD 值(P 值)	R <sub>g</sub> 值(P 值)
东海 East China Sea	岱山 Daishan	-1.4000(0.0880)	0.5860(0.4240)	0.1620(0.0000)	0.0220(0.0180)	0.7200(0.7200)
	洞头 Dongtou	-1.8670(0.0090)	-4.7410(0.0010)	0.1620(0.0000)	0.0070(0.6000)	0.0830(0.5900)
	平潭 Pingtan	-1.8480(0.0110)	-6.5790(0.0000)	0.1620(0.0000)	0.0020(0.7500)	0.0500(0.9000)
南海 South China Sea	吴川, 闸坡 Wuchua, Zhapo	-1.5600(0.0400)	-0.4590(0.1580)	0.1620(0.0000)	0.0040(0.7000)	0.2220(0.7300)
	东兴 Dongxing	-1.7070(0.0220)	-3.4830(0.0000)	0.1610(0.0000)	0.0030(0.3200)	0.1940(0.3800)
	总体 Total	-2.3250(0.0000)	-20.3900(0.0000)	0.1620(0.0000)	0.0010(0.8600)	0.0840(0.8800)

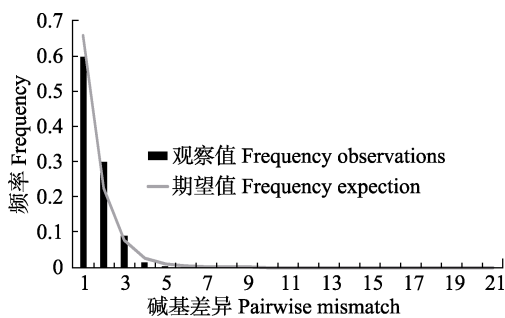


图 2 前鳞鲃核苷酸错配分析图

Fig.2 Nucleotide mismatch distribution of *Liza affinis*

洞头( $H_d=0.8080\pm 0.1130$ ,  $\pi=0.0021\pm 0.0006$ )为中心向南北逐渐减少的趋势, 与许则滩(2015)报道的浙江前鳞鲃遗传多样性由南向北递减的趋势相符。但该研究

中洞头群体和岱山群体的遗传多样性有别于许则滩(2015)的研究结果(温州:  $H_d=0.6170\pm 0.1350$ ,  $\pi=0.0014\pm 0.0004$ ; 岱山:  $H_d=0.3950\pm 0.1280$ ,  $\pi=0.0007\pm 0.0003$ ), 可能是由于二者分析的序列长度及群体中个体数量的不同所致[许则滩(2015)研究所采用的序列长度为 623 bp, 群体数量为温州 16, 岱山 23]。与其他同样分布在日本南部及中国台湾海域等的鱼类基于 CO I 序列的遗传多样性相比, 中国前鳞鲃的遗传多样性处于较低水平: 鲢鱼(*Miichthys miiuy*) ( $H_d=0.7310\pm 0.0470$ ,  $\pi=0.0028\pm 0.0019$ ) (Xu et al, 2014), 黄姑鱼(*Nibea albiflora*) ( $H_d=0.6970\pm 0.0023$ ,  $\pi=0.0017\pm 0.0002$ ) (Chang et al, 2016), 银鲳(*Pampus argenteus*) ( $H_d=0.8010$ ,  $\pi=0.0040$ ) (Xu et al, 2012)。此外, 东海前

鳞鲷群体的遗传多样性( $H_d=0.5790\pm 0.0890$ ,  $\pi=0.0014\pm 0.0003$ )明显高于南海群体( $H_d=0.3540\pm 0.1020$ ,  $\pi=0.0006\pm 0.0002$ ),其原因可能有:1)东海为前鳞鲷的主要产区,有更为丰富的前鳞鲷资源。曹艳等(2015)的研究发现,蓝点马鲛(*Scomberomorus niphonius*)在东海中的遗传多样性较高,推测其与东海为蓝点马鲛的主要产区有关。该研究结果与曹艳(2015)的研究情况相似,故推测东海前鳞鲷群体的较高遗传多样性与东海为前鳞鲷的主要产区有关。2)南海种群属于边缘种群。把中国沿海由南向北分布的各个前鳞鲷种群作为一个整体,东海种群处于中心位置,而南海种群属于边缘区。边缘种群易受瓶颈效应、近交、遗传漂变的影响而导致遗传多样性呈下降趋势(Lesica *et al.*, 1995),该研究情况与杨喜书等(2017)对华南攀鲈(*Anabas testudineus*)群体的研究情况相似。3)南海的鱼类资源衰退。受过度捕捞及环境污染的影响,南海的鱼类资源处于被过度开发的状态(鞠海龙, 2012),该情况可能是导致南海前鳞鲷群体遗传多样性较低的原因之一。

### 3.2 前鳞鲷鱼类的遗传结构和历史动态

该研究中 AMOVA 分析所得的组间变异比例(-0.6%~0.46%)与许则滩(2015)对浙江沿岸前鳞鲷的研究结果(0.25%)相似,均属极低水平。结合单倍型网络图、群体间  $F_{st}$  值及 SAMOVA 的分析结果,可知中国前鳞鲷群体在各个地区、海域、海峡间无明显的遗传分化,推测该现象的形成可能与以下因素有关:1)频繁的基因交流。前鳞鲷属洄游性鱼类,可在湖泊和江河索饵场洄游到海中产卵场进行繁殖(陆忠康, 1985),所产鱼卵主要漂浮在中国沿岸浅海处,随洋流漂流。已知冬季黑潮会把海洋有机物从菲律宾经东海送至中国大陆沿海,再结合中国南海的夏季暖流流向浙江近海,且目前暂无关于东海及南海的前鳞鲷群体间在繁殖习性上存在差异的报道。故中国前鳞鲷可能受到洄游产卵和海洋洋流的共同影响(Nakajima *et al.*, 2014),导致分布在不同地理位置的群体间有着频繁的基因交流,没有足够时间来积累遗传变异。2)近期种群扩张事件。中国前鳞鲷的单倍型网络图、Tajima's  $D$  和 Fu's  $F_s$  中性检验、核苷酸错配分析等结果都表明中国前鳞鲷整体在近期经历过种群的快速扩张,估算出其扩张大约发生在 13.4199~1.4911 万年前,处于晚更新世时期(刘嘉麒等, 1997)。这一时期,冰期中海平面的升降造成大部分近海鱼类都发生过种群的快速扩张(Ni *et al.*, 2014),推测中国前鳞鲷的快速扩张可能也与海平面的变化有关。在距今 13.4199~1.4911

万年的时间跨度中,北半球经历了 2 次冰期及 1 次间冰期(Stirling *et al.*, 1995; Winograd *et al.*, 1997),其交替过程如下:距今约 13.4199~13.2000 万年前,北半球处于冰期,而在 13.2000~11.5000 万年前,北半球处于末次间冰期,至 11.5000~1.5000 万年前,北半球处于末次冰期。冰期中的气温很低,中国大陆出现了大量冰原,中国沿海的海平面出现明显的下降(下降幅度最大可达 150 m),中国沿海大陆骨架大面积露出(Wang, 1999),大大压缩了前鳞鲷的生活空间。而末次间冰期是近 15 万年来全球最暖的时期,大陆的冰川开始消退,海平面逐渐上升,使前鳞鲷的生活空间得以扩大,故前鳞鲷较强的鱼卵扩散能力及活动能力伴随海侵导致种群发生快速扩张。资料显示,冰期中海平面下降时,孑遗的物种会集中于避难所中形成随机交配的祖先群体,故在冰期后经种群扩张至不同地理位置的群体间的遗传分化不明显(李双, 2015)。该研究中中国前鳞鲷的扩张时间与之吻合,满足共同祖先假说。

### 3.3 中国前鳞鲷的种质资源保护

鱼类作为水生生态系统的高级消费者,处于食物链的较高位置,是生态系统中物质循环、能量流动的重要参与者,与水生环境有着密切的联系,故各种水体污染和不适当的人类活动都可能对鱼类的生存产生不利的影响。而正常的生态系统功能的维持,需要制定相关的种质资源保护方案。仅就该研究中,中国前鳞鲷没有形成明显的地理聚群,且各地理群体间的分化程度较低,可以将其视作一个进化显著单位。但各地区群体的遗传多样性差异较大,其中,洞头群体的遗传多样性( $H_d=0.8080\pm 0.1130$ ,  $\pi=0.0021\pm 0.0006$ )明显高于其他地理群体,建议优先对其进行保护。由于采样限制,该研究只涉及中国前鳞鲷部分群体,且线粒体  $COI$  基因的进化速度不及线粒体控制区序列,不一定能如后者那样反映中国前鳞鲷群体间可能存在的细微分化。另外,线粒体仅为母系遗传,也可能没有体现双亲遗传的核基因所能反映的遗传信息。因而在日后的工作中,需要结合测序控制区序列和基于核基因的多样性分析技术,补充更多地理群体,以全面了解中国前鳞鲷的遗传背景及其基因流通道的分布,为种质资源的保护和开发利用提供科学依据。

## 参 考 文 献

Bandelt HJ, Forster P, Rohlf A. Median-joining networks for

- inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 1999, 16(1): 37–48
- Bonin A, Nicole F, Pompanon F, *et al.* Population adaptive index: A new method to help measure intraspecific genetic diversity and prioritize populations for conservation. *Conservation Biology*, 2010, 21(3): 697–708
- Cao Y, Zhang Q, Gong YY, *et al.* Genetic variation of *Scomberomorus niphonius* in the coastal waters of China based on mtDNA CO I sequences. *Marine Fisheries*, 2015, 37(6): 485–493 [曹艳, 章群, 宫亚运, 等. 基于线粒体 CO I 序列的中国沿海蓝点马鲛遗传多样性. *海洋渔业*, 2015, 37(6): 485–493]
- Chang CH, Lin HY, Ren Q, *et al.* DNA barcode identification of fish products in Taiwan: Government-commissioned authentication cases. *Food Control*, 2016, 66: 38–43
- Excoffier L, Lischer H. Arlequin suite Ver 3. 5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 2010, 10(3): 564–567
- Ju HL. Studies on the decrement of fishery resource in the South China Sea. *Southeast Asian Studies*, 2012(6): 51–55 [鞠海龙. 南海渔业资源衰减相关问题研究. *东南亚研究*, 2012(6): 51–55]
- Kumar S, Stecher G, Tamura K. MEGA7: Molecular evolutionary genetics analysis Version 7. 0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 2016, 33(7): 54–58
- Kumar S. Molecular clocks: Four decades of evolution. *Nature Reviews Genetics*, 2005, 6(8): 654–662
- Le XL, Zhang Q, Zhao S, *et al.* A fast and efficient method for isolation of genomic DNA from fish specimens. *Biotechnology Bulletin*, 2010, 20(2): 202–204 [乐小亮, 章群, 赵爽, 等. 一种高效快速的鱼类标本基因组 DNA 提取方法. *生物技术通报*, 2010, 20(2): 202–204]
- Lesica P, Allendorf FW. When are peripheral populations valuable for conservation? *Conservation Biology*, 1995, 9(4): 753–760
- Li DM, Zhang TQ, Tang SK, *et al.* Genetic variation in two phenotypical populations of *Corbicula fluminea* in Hongze Lake. *Progress in Fishery Sciences*, 2017, 38(4): 111–117 [李大命, 张彤晴, 唐晟凯, 等. 洪泽湖河蚬(*Corbicula fluminea*)2 种表型群体的遗传变异分析. *渔业科学进展*, 2017, 38(4): 111–117]
- Li S. Population genetics studies on four species of Crassostrea oysters. Master's Thesis of Ocean University of China, 2015, 1–103 [李双. 四种巨蚶属牡蛎群体遗传学研究. 中国海洋大学硕士研究生学位论文, 2015, 1–103]
- Librado P, Rozas J. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 2009, 25(11): 1451–1452
- Lin HJ, Shao KT, Kuo SR, *et al.* A trophic model of a sandy barrier lagoon at Chiku in Southwestern Taiwan. *Estuarine Coastal and Shelf Science*, 1999, 48(5): 575–588
- Liu JQ, Wang WY. Quaternary geological dating and time scale. *Quaternary Sciences*, 1997, 17(3): 193–202 [刘嘉麒, 王文远. 第四纪地质定年与地质年表. *第四纪研究*, 1997, 17(3): 193–202]
- Liu SF, Li XR, Li D, *et al.* Development of DNA barcode-microarray for identification of Engraulidae fishes. *Progress in Fishery Sciences*, 2016, 37(6): 19–25 [柳淑芳, 李献儒, 李达, 等. 鳀科(Engraulidae)鱼类 DNA 条形码电子芯片研究. *渔业科学进展*, 2016, 37(6): 19–25]
- Lu ZK. Studies on the reproductive ecology of Mugilidae. *Journal of Zhejiang Ocean University*, 1985, 4(1): 67–72 [陆忠康. 关于鲷科鱼类繁殖生态学的研究. *浙江海洋学院学报*, 1985, 4(1): 67–72]
- Meng W, Gao TX, Song L, *et al.* almost periodic solution of ordinary differential equations. *Periodical of Ocean University of China*, 2007, 37(supp): 181–184 [孟玮, 高天翔, 宋林, 等. 三种鲷科鱼的同工酶分析及鉴别研究. *中国海洋大学学报*, 2007, 37(supp): 181–184]
- Nakajima K, Kitada S, Habara Y, *et al.* Genetic effects of marine stock enhancement: A case study based on the highly piscivorous Japanese spanish mackerel. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 2014, 71(71): 301–314
- Ni G, Li QI, Kong L, *et al.* Comparative phylogeography in marginal seas of the northwestern Pacific. *Molecular Ecology*, 2014, 23(3): 534–548
- Qian GY. Sex and artificial control of fish. *Chinese Journal of Zoology*, 2000, 35(1): 47–52 [钱国英. 鱼类的性别及人工控制. *动物学杂志*, 2000, 35(1): 47–52]
- Richardson N, Gordon AK, Muller WJ, *et al.* A weight-of-evidence approach to determine estuarine fish health using indicators from multiple levels of biological organization. *Aquatic Conservation Marine & Freshwater Ecosystems*, 2011, 21(5): 423–432
- Rogers AR, Harpending H. Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences. *Molecular Biology and Evolution*, 1992, 9(3): 52–69
- Shi Q, Fan MJ, Zhang Y. Economically important fishes in China. Wuhan: Huazhong University of Science and Technology Press, 2015: 360–363 [石琼, 范明君, 张勇. *中国经济鱼类志*. 武汉: 华中科技大学出版社, 2015: 360–363]
- Stirling CH, Esat TM, Mcculloch MT, *et al.* High-precision U-series dating of corals from Western Australia and implications for the timing and duration of the last interglacial. *Earth & Planetary Science Letters*, 1995, 135(1): 115–130
- Sun DR, Chen Z. Fish index in the South China Sea(Volume I). Beijing: China Ocean Press, 2013, 375–377 [孙典荣, 陈铮. *南海鱼类检索(上册)*. 北京: 海洋出版社, 2013, 375–377]
- Wang L, Shi X, Su Y, *et al.* Genetic divergence and historical demography in the endangered large yellow croaker revealed by mtDNA. *Biochemical Systematics and Ecology*, 2013, 46(46): 137–144
- Wang P. Response of Western Pacific marginal seas to glacial cycles: Paleooceanographic and sedimentological features 1. *Marine Geology*, 1999, 156(1–4): 5–39
- Ward RD. Genetics in fisheries management. *Hydrobiologia*, 2000, 420(1): 191–201
- Winograd IJ, Landwehr JM, Ludwig KR, *et al.* Duration and structure of the past four interglaciations. *Quaternary Research*, 1997, 48(2): 141–154
- Xu D, Lou B, Shi H, *et al.* Genetic diversity and population

- structure of *Nibea albiflora*, in the China Sea revealed by mitochondrial *CO I* sequences. *Biochemical Systematics and Ecology*, 2012, 45(12): 158–165
- Xu H, Zhang Y, Xu D, *et al.* Genetic population structure of miiuy croaker (*Miichthys miiuy*) in the yellow and east china seas base on mitochondrial *CO I* sequences. *Biochemical Systematics & Ecology*, 2014, 54(1): 240–246
- Xu ZT. Molecular identification and phylogeny of larval mugilids in Zhejiang coastal sea. Master's Thesis of Zhejiang Ocean University, 2015, 1–68 [许则滩. 浙江沿岸海域幼鱼期鲷科鱼类的分子鉴定和系统发育研究. 浙江海洋学院硕士研究生学位论文, 2015, 1–68]
- Yang XS, Zhang Q, Yu FY, *et al.* MtDNA *ND2* sequence-based genetic analysis of *Anabas testudineus* from South China and Lancang/Meko, *South China Fisheries Science*, 2017, 13(3): 43–50 [杨喜书, 章群, 余帆洋, 等. 华南 6 水系与澜沧江–湄公河攀鲈线粒体 *ND2* 基因的遗传多样性分析. 南方水产科学, 2017, 13(3): 43–50]

(编辑 冯小花)

## Genetic Diversity of *Liza affinis* in Coastal Waters of China Deduced from Mitochondrial *CO I* Sequences

HUANG Zhenyu, ZHANG Qun<sup>①</sup>, LU Lifeng, ZHOU Qi, TANG Chulin

(Department of Ecology, Jinan University, Guangzhou 510632)

**Abstract** To assess the genetic background of *Liza affinis* in the coastal waters of China, the sequence variation in 712 bp of the partial mitochondrial DNA *CO I* gene of 84 individuals from 4 provinces was analyzed. In total, 18 polymorphic sites defined 21 haplotypes and low levels of genetic diversity ( $H_d = 0.8230 \pm 0.0400$ ,  $\pi = 0.0023 \pm 0.0002$ ) were detected. Individuals from different sites were intertwined together in the parsimony network, suggesting no geographical clustering. AMOVA analysis of various groupings (sampling sites, seas, division of the Taiwan Strait and Qiongzhou Strait) detected no significant genetic differentiation, as evidenced by pairwise fixation indexes ( $F_{st} = -0.1940 \sim 0.0141$ ,  $P > 0.05$ ), and the percentage of variation ( $-0.6\% \sim 0.46\%$ ) among groups. In the SAMOVA analysis, the Dongtuo population was treated as one group, and the others were treated as another group; the percentage of variation among groups was 2.87%, congruent with the results of  $F_{st}$  and AMOVA analysis. The pattern of no lineage structure and no obvious genetic differentiation in *L. affinis* populations in coastal waters of China might have been caused by: 1) Passive transport of larvae and juveniles by marine currents, or active feeding migration and spawning aggregation of adults. 2) Recent population expansion. Significant negative Fu's  $F_s$  for all populations ( $F_s = -20.3900$ ,  $P = 0$ ), and obvious unimodal nucleotide mismatch distribution suggested that *L. affinis* in coastal waters of China had experienced population expansion and the deduced expansion time was approximately 134.199~14.911 kaBP; i.e., in the late Pleistocene, which might have been caused by the rise and fall of sea-levels with dramatic climatic changes during glacial-interglacial cycles. The Dongtuo population should be given priority protection as it has the highest genetic diversity ( $H_d = 0.8080 \pm 0.1130$ ,  $\pi = 0.0021 \pm 0.0006$ ) among the populations that were studied. Because the study only involved limited *L. affinis* populations in China, *CO I* might be a more conservative molecular marker than evolutionarily faster control region. Furthermore, maternally inherited mtDNA is independent of nuclear inheritance, and may not completely represent the evolutionary history of a species. Thus, future studies should incorporate more sampling sites across the species range using both nuclear and mtDNA markers together. A better understanding of the genetic background of *L. affinis* will provide a sound scientific basis for the preservation and sustainable utilization of its germplasm resources.

**Key words** *Liza affinis*; Genetic diversity; Cytochrome oxidase subunit I gene; Coastal waters of China

① Corresponding author: ZHANG Qun, E-mail: tqzhang@jnu.edu.cn