

DOI: 10.12264/JFSC2021-0396

基于线粒体序列的新疆 4 个河鲈野生群体的遗传现状分析

徐璞^{1,2}, 鲁翠云², 孙志鹏², 霍堂斌², 金洪宇², 吴学工², 郑先虎^{1,2}

1. 上海海洋大学水产与生命学院, 农业农村部淡水水产种质资源重点实验室, 上海 201306;

2. 中国水产科学研究院黑龙江水产研究所, 淡水鱼类育种国家地方联合工程实验室, 黑龙江 哈尔滨 150070

摘要: 为了解我国新疆地区河鲈(*Perca fluviatilis*)的遗传现状, 本研究分析了新疆乌伦古河水系和喀啦额尔齐斯河 4 个河鲈野生群体的线粒体 CO I、Cyt *b* 和 D-loop 3 个区段序列的遗传多样性, 并与欧洲群体进行了比较。结果显示, 新疆 4 个群体的线粒体 CO I、Cyt *b* 基因和 D-loop 区序列分别有 3、10 和 10 个变异位点(分别占序列总长的 0.49%、0.90%和 1.92%), 定义了 4、11 和 11 个单倍型, 单倍型多样性分别为 0.065 ± 0.022 、 0.276 ± 0.049 和 0.186 ± 0.046 , 核苷酸多样性分别为 0.00011 ± 0.00004 、 0.00033 ± 0.00007 和 0.00084 ± 0.00013 , 呈现出低水平遗传多样性。中国新疆河鲈群体和欧洲群体不存在共享的单倍型, 单倍型聚类树和网络图也表现出明显分隔, 两者为不同的遗传系谱。中国新疆乌伦古河水系的乌伦古湖(WL)、吉力湖(JH)和乌伦古河(WR) 3 个群体基于 Cyt *b* 基因和 D-loop 区序列估计群体间变异分别为 -0.005% 和 0.44% , 遗传分化系数(F_{st})为 -0.00045 和 0.00436 , 处于低程度分化($F_{st} < 0.05$), 两两群体间的遗传分化程度较低($F_{st} = -0.01158 \sim 0.01803$), 遗传交流多, 为同一个遗传系谱, 尤其是两湖之间存在共享单倍型, F_{st} 均为负值, 基因交流频繁, 无遗传分化; 喀啦额尔齐斯河(ER)与乌伦古河水系共 4 个群体基于 CO I 基因估计群体间变异为 1.57% , F_{st} 为 0.01568 , 但 ER 群体与 WL 群体处于中度遗传分化($F_{st} = 0.06614 > 0.05$), ER 与 WR 群体处于高度遗传分化($F_{st} = 0.24627 > 0.15$), 可能由于水坝的阻断, 遗传资源得不到补充, 喀啦额尔齐斯河形成了一个独立的遗传系谱。本研究结果可为新疆河鲈种群多样性保护以及种质资源开发利用提供参考。

关键词: 河鲈; 新疆; 线粒体; 遗传结构

中图分类号: S931

文献标志码: A

文章编号: 1005-8737-(2022)07-0980-14

河鲈(*Perca fluviatilis*)隶属于鲈形目(Perciformes), 鲈科(Percidae), 鲈属(*Perca*), 是凶猛的肉食性淡水鱼类^[1]。由于其味美肉佳, 营养价值高, 深受消费者的喜爱, 成为国际重要的经济名优鱼类之一。河鲈分布于欧洲和亚洲北部, 是我国新疆阿勒泰地区额尔齐斯河和乌伦古河水系土著鱼类^[2], 经人为引进养殖和自然扩散, 在东北的鸭绿江流域也有分布^[3]。在额尔齐斯河流域的鱼类中, 河鲈数量上最具优势^[4]。乌伦古湖和吉力湖又是河鲈自然分布的最大湖泊, 经多年生长繁殖和自然选择后, 进一步开展河鲈的遗传资源评估, 了解群体遗传多样性变化, 对于其合理的繁殖利

用和增殖保护具有重要的意义。

分子标记已被广泛应用于物种的遗传变异和种质鉴定。线粒体 DNA (mitochondria DNA, mtDNA) 由于其快速突变率和稳定的母系遗传的特点, 与其他基因分析工具相比具有一定的优势。目前, 线粒体 DNA 已经被广泛用于鲤(*Cyprinus carpio*)^[5]、黄鳍棘鲷(*Acanthopagrus latus*)^[6]、大银鱼(*Protosalanx hyalocranius*)^[7]等鱼类的遗传变异等方面的研究。近年来, 国内外学者对河鲈的遗传多样性进行了一些研究, 对乌伦古河、额尔齐斯河、乌伦古湖、博斯腾湖等野生群体以及部分养殖群体用 mtDNA 控制区序列进

收稿日期: 2021-08-23; 修订日期: 2021-10-14.

基金项目: 农业农村部财政专项“西北地区重点水域渔业资源与环境调查”; 国家淡水水产种质资源库项目(FGRC: 18537).

作者简介: 徐璞(1997-), 硕士研究生, 研究方向为水产遗传育种与生物技术. E-mail: 1006729167@qq.com

通信作者: 郑先虎, 博士, 研究员, 研究方向为水产种质资源与遗传育种. E-mail: zhengxianhu@hrfri.ac.cn

行了遗传多样性分析, 结果表明野生群体和养殖群体的遗传多样性均偏低^[8-9]; 而 Nesbø 等^[10]利用线粒体 DNA 的 D-loop 序列和 RAPD 标记, 对遍布欧洲的 55 个种群和 1 个西伯利亚种群进行了遗传变异评估, 显示出较高的遗传多样性水平; 河鲈作为土著鱼类在中国新疆的主要湖泊有较高产量, 但水利水电工程的建设、外来物种以及捕捞压力等造成多种重要经济鱼类资源受损^[11], 随着遗传资源的开发和积累, 用更丰富的标记或者更多的信息对主要群体进行评估具有重要意义。本研究采集了喀啦额尔齐斯河、乌伦古河、乌伦古湖、吉力湖 4 个相关联水体的河鲈样本, 基于

线粒体 CO I、Cyt *b*、D-loop 序列, 分析新疆河鲈群体的遗传多样性, 并与欧洲河鲈群体相比较, 为新疆河鲈种群保护和种质资源开发利用提供参考。

1 材料与方法

1.1 样品采集

本研究河鲈样本于 2020 年分别采集于新疆阿勒泰地区的乌伦古河(WR)、乌伦古湖(WL)、吉力湖(JH)和喀啦额尔齐斯河(ER) 4 个地区。具体样本数量见表 1。剪取每个样本的尾鳍贴在滤纸上, 风干后保存, 参考李超等^[12]方法。

表 1 河鲈采样地点及数量
Tab. 1 Sampling location and quantity of *Perca fluviatilis*

采样地点 sampling location	地理位置 geographical position	经度 longitude	纬度 latitude	样本数量 number of samples		
				CO I	Cyt <i>b</i>	D-loop
乌伦古河 WR	新疆阿尔泰地区福海县	87°68'E	47°01'N	73	30	36
吉力湖 JH	新疆阿尔泰地区福海县	87°45'E	46°98'N	67	56	47
乌伦古湖 WL	新疆阿尔泰地区福海县	87°49'E	47°24'N	90	52	51
喀啦额尔齐斯河 ER	新疆阿勒泰地区富蕴县	88°93'E	47°16'N	11	0	0
总计 total				241	138	134

1.2 DNA 提取

取 0.5 g 左右的鳍条用酚-氯仿方法提取 DNA^[13]; 用 NanoDrop™ 8000 分光光度计检测 DNA 浓度和纯度, 并使用 1.5%琼脂糖凝胶电泳检测其完整性, 稀释至 50 ng/μL 后放入-20 °C 冰箱保存备用。

1.3 PCR 扩增与测序

使用通用引物 Fish F1 和 Fish R1^[14]扩增线粒体 CO I 基因, Fish F1: 5'-TCAACCAACCACAA-AGACATTGGCAC-3'; Fish R1: 5'-TAGACTTCT-GGGTGGCCAAAGAATCA-3'; 依据河鲈线粒体基因组序列(NCBI: AP005995)设计 Cyt *b* 基因和 D-loop 区的扩增引物, Cyt *b* 基因扩增使用的引物序列: F1: 5'-CTGCAATTAACCCCAACACC-3'; R1: 5'-TGAAGGAAAAGCAGGTGGA-3'; F2: 5'-CGACCGTCATTACCAACCTT-3'; R2: 5'-GATTT-TAACCTCCGGCATC-3'; D-loop 区扩增使用的引物序列: F1: 5'-GCCAAATCGCATCTTTCTT-3'; R1: 5'-AAGGAGAACCCTATGCACGA-3'。引物由金

唯智生物科技有限公司合成。25 μL 的 PCR 反应体系: 浓度为 50 ng/μL 的 DNA 模版 2 μL, 混合 buffer 18 μL [10 mmol/L Tris-Cl (pH 8.0)、50 mmol/L KCl、1.5 mmol/L MgCl₂、200 μmol/L dNTP], 上下游引物(10 μmol/L)各 0.6 μL, *Taq* DNA 聚合酶 0.3 μL (5 U/μL), ddH₂O 3.5 μL。PCR 反应程序: 95 °C 预变性 3 min; 94 °C 变性 30 s, 退火温度 60 °C 45 s, 72 °C 延伸 1 min, 共 30 个循环; 72 °C 恢复延伸 5 min。PCR 产物经聚丙烯酰胺凝胶电泳检测合格后, 送至上海生物工程技术服务有限公司进行测序。

1.4 数据分析

用 Finch TV 和 UGENE 软件对测序结果进行序列比对和人工校对。利用 DNAsp 软件^[15]计算得出 CO I 和 Cyt *b* 基因、D-loop 区的单倍型数量(*h*)、单倍型多样性(*H_d*)、核苷酸多样性(*π*)、变异位点(*I*)等遗传多样性参数; 使用 Arlequin3.5 软件^[16]计算分子方差分析(AMOVA)和群体间的遗

传分化指数(F_{st}); 利用 MEGA7.0 软件^[17]分析碱基组成、转换/颠换值, 计算群体间的遗传距离并基于 Kimura 双参数模型下构建进化关系聚类树; 使用 popart1.7 软件构建单倍型网络图, 分析本研究所得单倍型之间的关系; 从 NCBI 数据库下载欧洲河鲈群体的 CO I 基因序列 68 条, Cyt *b* 基因序列 19 条, D-loop 区序列 2 条(表 2), 和本研究获得的序列截取相同位置及长度后进行比较分析。

表 2 来源于 GenBank 数据库的河鲈 CO I、Cyt *b* 和 D-loop 的序列信息
Tab. 2 CO I, Cyt *b* and D-loop sequence information of *Perca fluviatilis* obtained from GenBank database

	国家 country	数量 count	GenBank 登录号 GenBank accession number
CO I	乌克兰 Ukraine	6	JN027876-871
	希腊 Greece	35	HQ961088-086, HQ960980-979, HQ960944, HQ960925, HQ960866-863, HQ960727-725, HQ960670, HQ960653, HQ960620, HQ960579, HQ960578, HQ960575, HQ960564, HQ960557, HQ960529, HQ960510, HQ960504-503, HQ960464, HQ600752, HQ600751-45,
	德国 Germany	21	KM373677, KM373671, KM373647, KM286794-777
	意大利 Italy	4	LT853904-901
	法国 France	2	MF458586-585
	瑞典 Sweden	1	AY929376
Cyt <i>b</i>	英国 England	1	AY374281
	哈萨克斯坦 Kazakhstan	1	AF546116
	捷克 Czech Republic	16	FJ788411-400, FJ788393-391, FJ788389,
D-loop	丹麦 Denmark	1	AP018422
	波兰 Poland	1	EF118012

2 结果与分析

2.1 序列分析

扩增的产物片段大小与预期目标一致, 经过 Finch TV 和 UGENE 软件分析比对及人工校准后, 拼接并截取 612 bp 的 CO I 基因和 1106 bp 的 Cyt *b* 基因序列以及 522 bp 长度的 D-loop 区序列用于河鲈群体遗传多样性分析, 并与 GenBank 数据库中河鲈线粒体参考序列进行 BLAST 比对, 相似度达到 100%。

分析测序获得的 CO I 基因序列, 碱基组成分别为 23.04% (A)、30.89% (T)、27.93% (C)和 18.14% (G), A+T 含量(53.93%)高于 C+G 含量(46.07%), 转换/颠换值为 2.945, 其中保守位点 609 个, 变异位点 3 个, 简约信息位点 1 个, 定义了 4 个单倍型。分析从 NCBI 数据库下载的欧洲河鲈群体的 CO I 序列, 得到 12 个变异位点, 共 9 个单倍型(hap I -5~hap I -13), 其中只有 139 bp 位点的变异同时存在于河鲈欧洲群体和中国新疆群体中, 其余 11 个变异位点仅存在于欧洲群体内, 在本研究中未检测到。418 bp 位点中国群体和欧洲群体完

全不同(表 3)。

分析测序获得的 Cyt *b* 基因序列, 碱基组成分别为 23.96% (A)、30.92% (T)、29.93% (C)和 15.19% (G), A+T 含量(54.88%)高于 C+G 含量(45.12%), 转换/颠换值为 2.614, 其中保守位点 1096 个, 变异位点 10 个, 简约信息位点 4 个, 定义了 11 个单倍型。分析从 NCBI 数据库下载的欧洲河鲈群体的 Cyt *b* 基因序列, 得到 25 个变异位点, 共 7 个单倍型(hap II -12~hap II -18), 其中只有 593 bp 位点的变异同时存在于河鲈欧洲群体和中国新疆群体中, 其余 24 个变异位点仅存在于欧洲群体内, 在本研究中未检测到(表 4)。

分析测序获得的 D-loop 区序列, 碱基组成分别为 30.07% (A)、31.42% (T)、22.03% (C)和 16.48% (G), 同样 A+T 含量(61.49%)高于 C+G 含量(38.51%), 转换/颠换值为 0.314, 其中保守位点 512 个, 变异位点 10 个, 简约信息位点 2 个, 定义了 11 个单倍型。分析从 NCBI 数据库下载的欧洲河鲈群体的 D-loop 区序列, 得到 2 个变异位点, 1 个单倍型(hapIII-12), 其中 436 bp 变异位点并未在中国新疆群体中检测到(表 5)。

表 3 河鲈群体 CO I 基因序列变异位点
Tab. 3 Variable sites of CO I gene in *Perca fluviatilis* populations

单倍型 haplotype	变异位点/bp variable site													
	8	9	15*	22	70	79	139*	226	304	388	412	418	448	519*
Hap I -1	G	C	G	C	G	C	C	C	G	C	A	T	G	T
Hap I -2	—	—	T	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
Hap I -3	—	—	—	—	—	—	T	—	—	—	—	—	—	—
Hap I -4	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	G
Hap I -5	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	C	—	—
Hap I -6	—	—	—	—	—	T	—	—	—	T	G	C	A	—
Hap I -7	—	—	—	—	—	—	T	T	—	T	—	C	—	—
Hap I -8	—	—	—	—	—	—	—	—	—	T	—	C	—	—
Hap I -9	T	—	—	—	—	—	T	T	—	T	—	C	—	—
Hap I -10	T	G	—	—	—	—	—	—	—	—	—	C	—	—
Hap I -11	—	—	—	—	—	—	—	—	A	T	—	C	—	—
Hap I -12	—	—	—	T	—	—	—	—	—	—	—	C	—	—
Hap I -13	—	—	—	—	A	—	—	—	—	T	—	C	—	—

注: *表示本研究检测出的变异位点;—表示未变异位点。
Note: * indicates the variable site detected in this study; — indicates invariable site.

如表 6 所示, 3 种序列的碱基组成均显示出一致的 AT 偏倚性, 对比 3 种序列变异位点数量与总长的比值, D-loop 最大(1.92%), 变异程度高, 其次是 Cyt *b* (0.90%), 最小的是 CO I (0.49%), 与 *R* 值恰恰相反。

2.2 单倍型分析

在采集的 241 河鲈个样本中, CO I 基因序列共检测发现单倍型 4 个(Hap I -1~Hap I -4)(图 1), 单倍型 Hap I -1 数量最多(233 个, 96.68%), 为新疆 4 个河鲈群体的共享单倍型。单倍型 Hap I -3 为 JH 和 WL 群体的共享单倍型, Hap I -2、Hap I -4 分别为 ER、JH 群体特有单倍型。Hap I -5~Hap I -13 为欧洲群体特有单倍型, Hap I -5 数量最多(39 个, 57.35%)且分布最广(乌克兰、希腊、德国、意大利、法国); 其次是 Hap I -7 (9 个, 13.24%)和 Hap I -8 (7 个, 10.29%), 主要存在于德国和希腊群体; 而 Hap I -6 来自于乌克兰群体; Hap I -9~Hap I -12 来源于希腊群体, Hap I -13 来源于意大利群体。从序列分析及单倍型分布来看, 中国新疆群体和欧洲群体之间不存在共享的单倍型。

从单倍型聚类树和网状图(图 2)来看, 新疆群体的 4 个单倍型聚为一支, 欧洲群体的单倍型聚

为两支, 分隔明显。新疆群体以单倍型 Hap I -1 为中心单倍型, 其他 3 个单倍型均以一位点的变异围绕单倍型 Hap I -1 发散。Hap I -5 是欧洲群体的中心单倍型, 而两种中心单倍型之间仅有一个变异位点, 欧洲群体和新疆群体间没有共享单倍型现象。

在采集的河鲈 138 个样本的 Cyt *b* 基因中共检测到 11 个单倍型(Hap II -1~Hap II -11)(图 3), 单倍型 Hap II -2 数量最多(117 个, 84.78%), 单倍型 Hap II -1、Hap II -2 为所有群体(WL、JH、WR)的共享单倍型, Hap II -5 为 JH 和 WL 群体的共享单倍型, Hap II -3、Hap II -4 为 JH 群体特有单倍型, Hap II -6、Hap II -7、Hap II -8 和 Hap II -11 为 WR 群体特有单倍型, Hap II -9、Hap II -10 为 WL 群体特有单倍型。在欧洲群体中检测到 7 个单倍型(Hap II -12~Hap II -18), 分布在瑞典的单倍型 Hap II -12, 分布在哈萨克斯坦和英国的单倍型 Hap II -13, 捷克群体中发现了 5 个单倍型(Hap II -14~Hap II -18)。通过序列分析及单倍型分布看来, 中国新疆群体和欧洲群体之间不存在共享的单倍型。

从单倍型序列的聚类树和网状图来看(图 4), 新疆和欧洲群体形成了不同的单倍型, 不存在共

表 4 河鲈群体 Cyt b 基因变异位点
Tab. 4 Variable sites of Cyt b gene in *Perca fluviatilis* populations

单倍型		变异位点/bp variable site																																
haplotype	47	104	155	176	*217	221	310	326	341	*342	*432	*448	*457	476	482	488	*489	491	494	*498	*499	533	536	552	*593	599	636	743	746	*845	848	890	998	1057
Hap II-1	C	T	C	C	G	T	A	A	C	C	G	G	T	C	C	A	A	T	C	A	C	C	C	G	T	T	T	C	T	A	G	C	A	C
Hap II-2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Hap II-3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	T	-	-	-	
Hap II-4	-	-	-	-	A	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Hap II-5	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Hap II-6	-	-	-	-	T	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Hap II-7	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	T	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Hap II-8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	-	-	C	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Hap II-9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	C	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Hap II-10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	T	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Hap II-11	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	-	C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Hap II-12	-	C	-	-	-	-	-	G	T	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	C	-	-	-	-	A	T	-	T	
Hap II-13	-	-	T	T	-	C	G	-	T	-	-	-	-	T	T	G	-	C	T	-	-	T	T	C	-	C	-	-	-	-	-	-	T	
Hap II-14	T	-	T	T	-	C	-	-	T	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	T	-	-	C	-	-	-	-	-	-	T	
Hap II-15	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	T	
Hap II-16	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	-	C	-	-	-	-	-	-	T	
Hap II-17	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	A	-	-	-	-	C	-	-	-	T	
Hap II-18	T	-	T	T	-	C	-	-	T	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	T	-	-	C	-	T	-	-	-	-	T	

注: *表示本研究检测出的变异位点; -表示未变异位点。
Note: * indicates the variable site detected in this study; - indicates invariable site.

表 5 河鲈群体 D-loop 区序列变异位点
Tab. 5 Variable sites of D-loop sequence in *Perca fluviatilis* populations

单倍型 haplotype	变异位点/bp variable site										
	10*	21*	244*	319*	436	464*	467*	471*	486*	489*	492*
HapIII-1	T	A	A	T	C	T	T	G	T	C	C
HapIII-2	—	T	—	—	—	—	—	—	—	—	—
HapIII-3	—	—	—	—	—	—	—	A	—	—	—
HapIII-4	—	—	—	—	—	—	—	—	C	—	—
HapIII-5	A	T	—	—	—	—	—	—	—	—	—
HapIII-6	—	T	G	—	—	—	—	—	—	—	—
HapIII-7	—	T	—	—	—	—	—	A	—	—	—
HapIII-8	—	—	—	G	—	—	—	—	—	—	—
HapIII-9	—	—	—	—	—	—	—	—	—	A	A
HapIII-10	—	—	—	—	—	—	G	—	—	—	—
HapIII-11	—	—	—	—	—	G	—	—	—	—	—
HapIII-12	—	—	—	—	T	—	—	A	—	—	—

注: *表示本研究检测出的变异位点;—表示未变异位点.
Note: * indicates the variable site detected in this study; — indicates invariable site.

表 6 CO I、Cyt b 和 D-loop 序列分析对比
Tab. 6 CO I, Cyt b and D-loop sequence analysis and comparison

序列 sequence	长度/bp sequence length	数量 number	占全长比例/% proportion	P_i	S	R	A+T/%	C+G/%
CO I	612	3	0.49	1	2	2.945	53.93	46.07
Cyt b	1106	10	0.90	4	6	2.614	54.88	45.12
D-loop	522	10	1.92	2	8	0.314	61.49	38.51

注: P_i 为简约信息位点; S 为单变异位点; R 为转换/颠换偏倚率; A+T 为 AT 碱基数量和总长的比例; C+G 为 CG 碱基数量占总长的比例.
Note: P_i means parsimony information sites; S means singleton variable sites; R means transition/transversion bias; A+T means the ratio of the number of AT bases to the total length; C+G means the ratio of the number of CG bases to the total length.

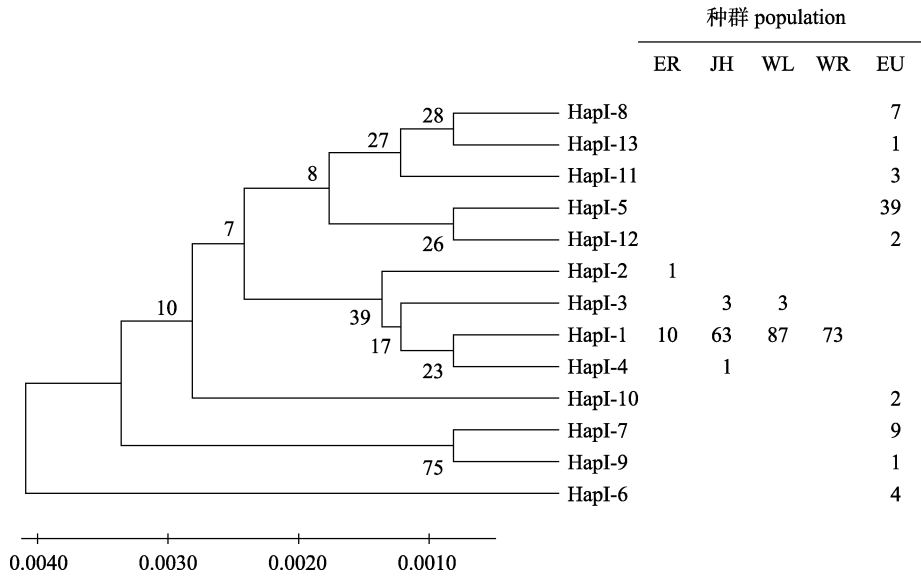


图 1 河鲈群体基于线粒体 CO I 基因的 13 个单倍型分布及其 UPMGA 聚类树
Fig. 1 Distribution of 13 haplotypes based mtDNA CO I gene among *Perca fluviatilis* populations and its UPMGA clustering tree

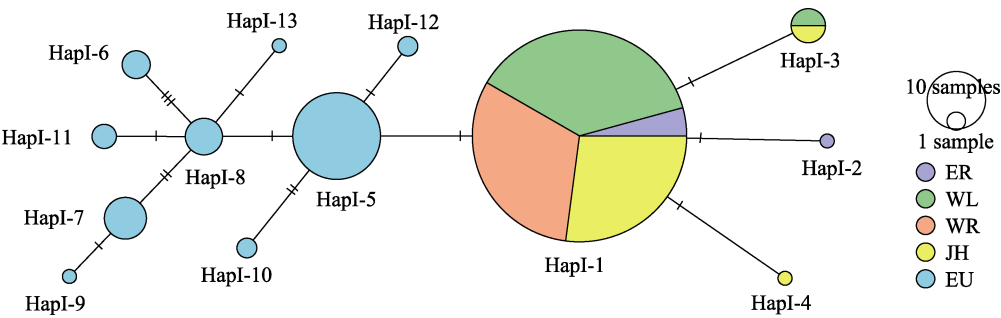


图 2 河鲈基于线粒体 CO I 基因的单倍型网络图
Fig. 2 Haplotypes network based on mtDNA CO I gene in *Perca fluviatilis*

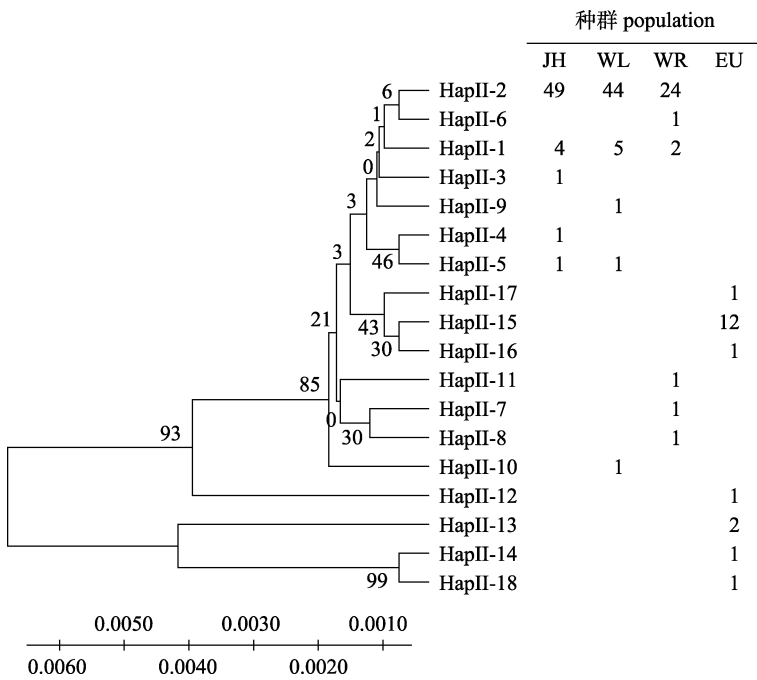


图 3 河鲈群体基于线粒体 Cyt b 基因的 18 个单倍型分布及其 UPMGA 聚类树
Fig. 3 Distribution of 18 haplotypes based mtDNA Cyt b gene among *Perca fluviatilis* populations and its UPMGA clustering tree

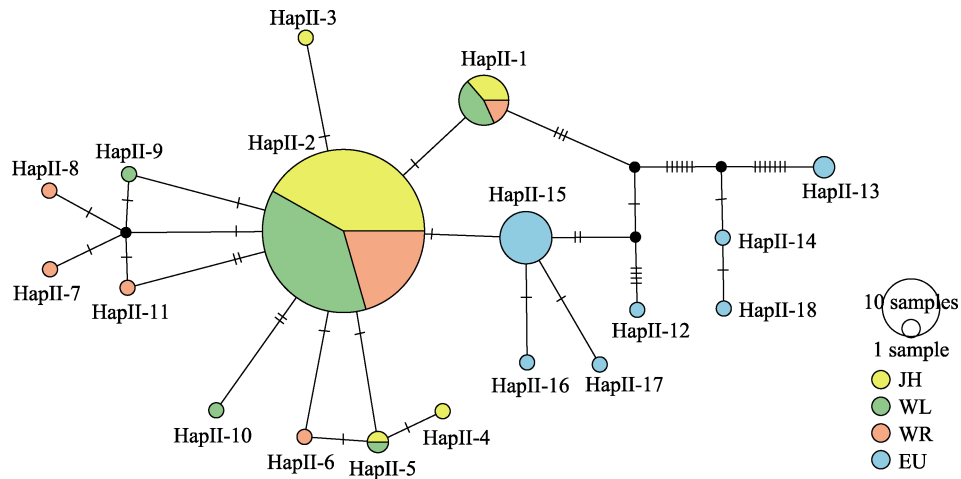


图 4 河鲈基于 Cyt b 基因的单倍型网络图
Fig. 4 Haplotypes network based on the mtDNA Cyt b gene in *Perca fluviatilis*

享现象, 新疆群体的 11 个单倍型聚为两支, 欧洲群体的 7 个单倍型聚为两支, 而 Hap II-2 和 Hap II-15 仅存在 1 个位点变异。

在新疆的 134 个河鲈样本的 D-loop 区序列中共检测发现 11 个单倍型(HapIII-1~Hap II-11) (图 5), 其中单倍型 HapIII-1 是所有群体(WL、JH、WR)的共享单倍型, 数量最多(120 个, 88.24%),

单倍型 HapIII-2 为 JH 和 WL 群体的共享单倍型, HapIII-3、HapIII-4 是 WL 群体的独有单倍型, HapIII-5~Hap II-8 是 JH 群体的独有单倍型, HapIII-9、HapIII-10、HapIII-11 是 WR 群体的独有单倍型。欧洲群体中发现的单倍型 HapIII-12, 来自波兰和丹麦。中国新疆群体和欧洲群体不存在共享单倍型。

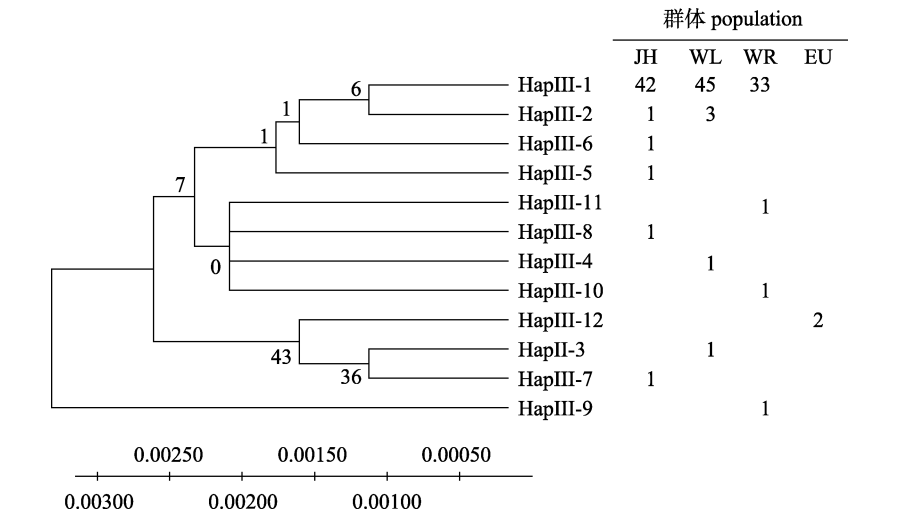


图 5 河鲈群体基于线粒体 D-loop 区序列的 12 个单倍型分布及其 UPMGA 聚类树
Fig. 5 Distribution of 12 haplotypes based mtDNA D-loop sequence among *Perca fluviatilis* populations and its UPMGA clustering tree

从单倍型序列的聚类树和网络图看出(图 6), 单倍型 HapIII-1 为中心单倍型, 推测为原始单倍型, 与在欧洲河鲈 D-loop 区序列中发现的单倍型 HapIII-12 有两个位点的变异。

在新疆群体中, CO I 序列的单倍型数量较少,

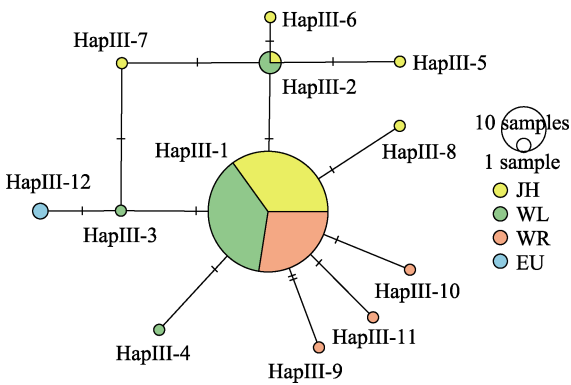


图 6 河鲈基于 D-loop 区序列的单倍型网络图
Fig. 6 Haplotypes network based on mtDNA D-loop sequence in *Perca fluviatilis*

Cyt *b* 和 D-loop 序列的单倍型数量较多, WR 群体基于 CO I 基因只有 1 个单倍型, 但基于 Cyt *b* 基因单倍型数量却最多。基于 3 种序列均未发现中国新疆群体和欧洲群体存在共享单倍型。

2.3 群体遗传多样性分析

新疆河鲈群体基于 CO I、Cyt *b* 和 D-loop 序列的遗传多样性如表 7 所示, 4 个河鲈群体, CO I 基因序列的单倍型(*h*)个数为 1~3 个, 变异位点(*S*)为 0~2 个, 两种参数最低的均是 WR 群体, 最多的均是 JH 群体, 单倍型多样性(H_d)和核苷酸多样性(π)参数最低的均是 WR 群体($H_d=0$, $\pi=0$), 最高的是 ER 群体($H_d=0\sim0.182\pm0.144$, $\pi=0.00030\pm0.0002$)。3 个群体的 Cyt *b* 基因序列的单倍型个数为 11 个, WR 群体的 *h* 为 6 个, H_d 为 0.276 ± 0.049 , π 为 0.00033 ± 0.00007 , *S* 有 6 个, 均为 3 个群体中最高, 而 JH 群体均为最低。3 个群体的 D-loop 区序列的单倍型个数为 11 个, JH 群体的 *h* 为 6 个, H_d 为

0.204±0.079, π 为 0.00063±0.00026, S 有 5 个, 各项遗传参数均为 3 个群体中最高。

JH、WL、WR 3 个群体之间遗传多样性(H_d 和 π)的高低, 基于 3 种序列的分析结果不一致, WR 群体利用 CO I 和 D-loop 序列分析时, 遗传多

样性最低, 但基于 Cyt b 基因分析得到遗传多样性最高; 而 JH 群体利用 CO I 和 D-loop 序列分析时, 遗传多样性最高, 但在 Cyt b 基因中遗传多样性最低。所有个体的遗传多样性, CO I 基因小于 Cyt b 基因和 D-loop 区序列。

表 7 河鲈群体 CO I、Cyt b 基因和 D-loop 区序列的遗传多样性参数
Tab. 7 Genetic diversity indexes of *Perca fluviatilis* populations inferred from CO I, Cyt b gene and D-loop sequence

	群体 population	样本数 n	单倍型 数量 h	单倍型 多样性 H_d	核苷酸 多样性 π	多态位 点数 S	中性检验 neutrality text	
							Tajima's D	Fu's F_s
CO I	ER	11	2	0.182±0.144	0.00030±0.00023	1	-1.12850	-0.410
	WR	73	1	0	0	0	/	/
	WL	90	2	0.065±0.035	0.00011±0.00006	1	-0.78411	-0.949
	JH	67	3	0.115±0.052	0.00019±0.00009	2	-1.29083	-0.213
	总体 total	241	4	0.065±0.022	0.00011±0.00004	3	-1.35402	-4.998
Cyt b	WR	30	6	0.363±0.111	0.00053±0.00019	6	-1.74910	-3.317
	WL	52	5	0.279±0.078	0.00030±0.00010	5	-1.68448	-3.166*
	JH	56	5	0.232±0.073	0.00025±0.00009	4	-1.51097	-3.652
	总体 total	138	11	0.276±0.049	0.00033±0.00007	10	-2.12020*	-11.893**
D-loop	WR	36	4	0.162±0.082	0.00043±0.00024	4	-1.88514*	-2.974*
	WL	50	4	0.189±0.073	0.00037±0.00015	3	-1.46433	-3.058*
	JH	47	6	0.204±0.079	0.00063±0.00026	5	-1.74113	-4.890**
	总体 total	133	11	0.186±0.046	0.00084±0.00013	10	-2.12032*	-15.168**

注: *表示显著偏离中性检验($P<0.05$); **表示极显著偏离中性检验($P<0.01$).
Note: * indicates significant deviation from neutral test ($P<0.05$); ** indicates extremely significant deviation from neutral test ($P<0.01$).

2.4 河鲈群体的遗传分化

河鲈变异方差分析(AMOVA)见表 8, 群体间的变异较小, 远低于群体内的差异, 甚至基于 Cyt b 基因序列检测群体间的变异为负值(-0.05%), 群体内的变异为 100.05% ($F_{st}=-0.00045$); 基于 CO I 基因估计群体间变异占 1.57%, 群体内变异占

98.43% ($F_{st}=0.01568$); 基于 D-loop 区序列检测群体间的变异占 0.44%, 群体内的变异占 99.56%。 ($F_{st}=0.00436$)。

在两两群体间的遗传分化系数(F_{st})和遗传距离结果表明(表 9), ER 群体与其他群体间的分化相对于其他两两群体间比较的值较大, 与遗传距

表 8 基于线粒体 CO I、Cyt b 基因和 D-loop 区序列的 AMOVA 分析结果
Tab. 8 The result of AMOVA based on CO I, Cyt b gene and D-loop sequences of mtDNA

变异来源 source of variation		自由度 degree of freedom, df	平方和 sum of square	方差分量 variance component	总变异百分比/% percentage of variation
CO I	群体间 among populations	3	0.182	0.00051	1.57
	群体内 within population	237	7.660	0.03232	98.43
	总数 total	240	7.842	0.03283	
Cyt b	群体间 among populations	2	0.356	-0.00008	-0.05
	群体内 within population	135	24.549	0.18185	100.05
	总数 total	137	24.906	0.18177	
D-loop	群体间 among populations	2	0.298	0.00055	0.44
	群体内 within population	130	16.243	0.12495	99.56
	总数 total	132	16.541	0.12550	

表 9 基于 CO I、Cyt *b* 基因和 D-loop 区序列河鲈群体的遗传距离(右上方)和 F_{st} 值(左下方)

Tab. 9 The genetic distance (above) and F_{st} value (below) of *Perca fluviatilis* populations based on CO I, Cyt *b* genes and D-loop sequence

序列	sequence	ER	JH	WL	WR
CO I	ER	—	0.00025	0.00020	0.00015
	JH	0.02992	—	0.00015	0.00010
	WL	0.06614	-0.00904	—	0.00005
	WR	0.24267	0.02497	0.01810	—
Cyt <i>b</i>	JH	—	—	0.00027	0.00039
	WL	—	-0.00996	—	0.00042
	WR	—	0.00815	0.00357	—
D-loop	JH	—	—	0.00041	0.00054
	WL	—	-0.01158	—	0.00041
	WR	—	0.01803*	0.01223	—

注: *表示群体间遗传分化显著($P<0.05$).
Note: * indicates significant genetic differentiation between populations ($P<0.05$).

离结果相符合;在 WL、WR、JH 3 个群体间,基于三个线粒体区段的遗传分化指数均表明 WR 和 JH 群体间的遗传分化系数最高, WL 和 JH 群体间遗传分化系数最低。

3 讨论

3.1 河鲈群体单倍型特征

河鲈是我国新疆阿勒泰地区两条主要河流额尔齐斯河和乌伦古河的土著鱼类,因天敌池沼公鱼(*Hypomesus olidus*)的增多导致体型减小、性成熟提前,数量急剧减少。20 世纪 60 年代,博斯腾湖为发展渔业,在繁殖期从乌伦古湖和吉力湖捕捞引进河鲈^[18],使两个湖泊的遗传资源损失,加剧了新疆地区河鲈的种质资源衰退^[19-20]。

新疆河鲈群体 mtDNA 的 CO I、Cyt *b*、D-loop 序列结果显示碱基组成中 G 含量最少,这和鲤^[21-22]、黄鳊(*Monopterus albus*)^[23]等鱼类的研究结果相同,符合鱼类线粒体中基因组成的少 G 偏倚特性;Cyt *b*、D-loop 序列的单倍型多样性和核苷酸多样性高于 CO I 基因,变异程度更大,这和鲤^[24]、柔鱼(*Ommastrephes bartramii*)^[25]的序列多样性趋势一致。

新疆河鲈单倍型间分化程度较低,CO I 基因单倍型均可通过单步突变步骤连接,Cyt *b* 基因 11

个单倍型最多相隔 4 个突变,D-loop 区序列更低,最多只相隔两个突变。分布最广的单倍型被称为原始单倍型^[26],推测 CO I 基因的原始单倍型是 Hap I -1,数量和变异位点都少于欧洲群体(9 种,12 个位点),其中第 418 个位点中国河鲈群体全部为 T 碱基,而欧洲群体为 C 碱基,两个地区完全不同。相比欧洲群体的 Cyt *b* 基因单倍型,中国新疆群体的单倍型虽然数量较多,但是多态程度较低,中国只有 10 个变异位点,欧洲有 24 个变异位点,另外在 1057 bp 位点处,中国和欧洲地域不同,碱基也全部不同,中国河鲈群体全部为 C 碱基,而欧洲群体为 T 碱基。D-loop 区单倍型数量相比 2009 年海萨等^[8]研究结果(13 个)少,说明遗传多样性可能有所降低。

在新疆 4 个群体之间,除所有群体共享单倍型外,吉力湖和乌伦古湖两群体间存在共享单倍型:CO I 基因单倍型 Hap I -3、Cyt *b* 基因单倍型 Hap II -5、D-loop 区单倍型 Hap III -2,而其他两两群体间并未存在任何共享单倍型,并且基于 3 种序列的 F_{st} 值也均为负数,可以看出吉力湖和乌伦古湖之间的亲缘关系较近,具有较频繁的基因交流,不存在遗传分化。

在 3 种序列中都未发现中国和欧洲群体之间共享的单倍型,从单倍型网络图也可以看出,中国群体的单倍型围绕在一起,欧洲的单倍型围绕在一起,无交叉存在的现象。说明我国河鲈群体与欧洲群体处于不同的遗传系谱,两者间没有交流。

单倍型多样性和遗传资源丰富程度成正相关,保持我国野生河鲈的单倍型多样性水平,有利于大规模的人工养殖,避免近亲交配,保护新疆优良的种质资源。

3.2 河鲈群体的遗传多样性

遗传多样性是生物生存和发展的前提,遗传多样性越高,对环境的应变能力和进化潜力就越强,同时遗传多样性也是评估物种资源状况的重要依据^[27]。单倍型多样性(H_d)和核苷酸多样性(π)被用来作为遗传多样性的判断依据,按照 Grant 等^[28]标准, H_d 以 0.5 为临界值, π 以 0.005 为临界值,两者数值大小与群体多样性呈正相关。ER、

WR、WL、JH 4 个群体基于 CO I 基因和 WR、WL、JH 3 个群体 Cyt *b* 基因和 D-loop 区的 H_d 总平均值分别为(0.065±0.022)、(0.276±0.049)、(0.186±0.046), π 总平均值分别为(0.00011±0.00004)、(0.00033±0.00007)、(0.00084±0.00013), 新疆河鲈群体的遗传多样性都呈现较低水平, 和海萨等^[8]结论一致, 说明近年来情况并未得到改善。相比 2013 年武菲^[9]基于 D-loop 区序列分析得到的乌伦古湖河鲈的单倍型多样性(0.711±0.085)和核苷酸多样性(0.0030±0.00167)大幅度降低, 反映出乌伦古湖地区河鲈的遗传丰富度降低, 种质资源在退化。基于 CO I 基因的 H_d (0.9737±0.0250)和 π (0.01467±0.007623)^[29]对比同在乌伦古湖定居的贝加尔雅罗鱼, 河鲈的遗传多样性水平也处于较低水平, 长期来看, 河鲈在该水域的生存发展或将处于劣势。

4 个河鲈群体的 Tajima's *D* 中性检验均为负值, 说明基因序列的进化方式为非平衡选择。WL、WR、JH 群体 Cyt *b* 和 D-loop 的 Tajima's *D* 及 Fu's F_s 检验总体为负值且达到显著水平, 说明种群曾经历过快速扩张。

3.3 河鲈群体的遗传分化

遗传分化指数(F_{st})常用来衡量群体之间分化程度, F_{st} 在 0~0.05 之间遗传分化属于轻度, 0.05~0.15 之间属于中度, 0.15~0.25 属于高度, 大于 0.25 属于极大程度的遗传分化^[30]。根据 CO I、Cyt *b* 和 D-loop 序列的 F_{st} 得知, 乌伦古湖、吉力湖、乌伦古河、喀啦额尔齐斯河之间的遗传分化程度均较低($F_{st}<0.05$)。基于 CO I 基因, 喀啦额尔齐斯河与乌伦古湖群体处于中度遗传分化($F_{st}=0.06614>0.05$), 喀啦额尔齐斯河与乌伦古河群体处于高度遗传分化($F_{st}=0.24627>0.15$), 可能是地理位置的间隔造成的喀啦额尔齐斯河与其他群体的分化程度较高。而其余乌伦古湖、吉力湖、乌伦古河 3 个群体两两之间的 F_{st} 全部小于 0.05, 甚至为负值。AMOVA 方差分析结果表明 4 个河鲈群体 CO I 基因的群体间变异最高, 但也仅有 1.57%; 而除去喀啦额尔齐斯河群体后, 基于 Cyt *b* 和 D-loop 序列群体间的变异百分比小于 0.5%, 甚至为负值, 说明乌伦古湖、吉力湖、乌伦古河群体各自并没

有形成单独的遗传结构, 可能是由于湖与湖之间通过库依尔尕河贯通, 河湖之间虽有水坝, 但随着水流, 河鲈个体彼此之间基因交流频繁, 遗传分化小, 因此乌伦古湖、吉力湖、乌伦古河可以当作一个单元, 喀啦额尔齐斯河与这 3 个群体具有中等程度以上的遗传分化, 可以作为一个单元, 但是由于只基于 CO I 基因分析, 数据量较少, 还需要进一步采集额尔齐斯河干流的资源进行更多的分析。

3.4 河鲈种群保护措施

河鲈现已成为国际名优经济鱼类, 市场需求旺盛, 规模化养殖正逐步开展。本研究调查发现我国河鲈引种地新疆目前的遗传多样性低, 处于逐渐衰退状态。首先, 要对河鲈的种群进行保护和监测, 由于水坝等建设阻碍了河湖之间、河河之间的遗传交流, 遗传资源得不到有效地补充, 可以适当地将额尔齐斯河干流中的河鲈补充到乌伦古河水系中, 或定时监测和评估, 掌握种群遗传多样性动态, 保持其遗传多样性水平不降低, 稳定新疆野生河鲈资源的引种地的地位, 及时掌握遗传现状, 避免近亲繁殖和疾病发生。其次, 进行科学规范的养殖管理, 河鲈作为捕食性鱼类, 会对其他生物产生抑制效应, 在补充其多样性的同时, 注意控制数量的过快增长, 保持捕捞和放养之间平衡, 避免对其他物种造成侵害, 维持环境的稳定。

参考文献:

- [1] Ren M L. Fish Resources and Fisheries in the Irtysh River in China[M]. Wulumuqi: Xinjiang Science and Technology Health Press, 2002: 177-183. [任慕莲. 中国额尔齐斯河鱼类资源及渔业[M]. 乌鲁木齐: 新疆科技卫生出版社, 2002: 177-183.]
- [2] Han X L, Hai S. Biological characteristics of perch and germplasm resources in China[J]. Fisheries of Heilongjiang, 2020, 39(4):26-28. [韩小丽, 海萨·艾也力汗. 鲈属鱼类生物学特征与我国境内种质资源状况[J]. 黑龙江水产, 2020, 39(4): 26-28.]
- [3] Xu H R, Wang X B, Li H, et al. Age structure and growth characteristics of invasive *Perca fluviatilis* in Shuifeng Reservoir[J]. Chinese Journal of Fisheries, 2021, 34(3): 66-71. [徐浩然, 王兴兵, 李赫, 等. 水丰水库入侵鱼类河鲈的年龄结构与生长特性[J]. 水产学杂志, 2021, 34(3):

- 66-71.]
- [4] Liu C C, Niu J G, Liu H, et al. Fish community structure and alien fish distribution in Ertix River[J]. Chinese Journal of Fisheries, 2021, 34(1): 46-53. [刘春池, 牛建功, 刘鸿, 等. 额尔齐斯河流域鱼类群落结构及外来鱼类分布[J]. 水产学杂志, 2021, 34(1): 46-53.]
- [5] Cheng L, He P P, Wei B Y, et al. Analysis of the genetic structure of three populations of Guangxi *Cyprinus carpio* based on mitochondrial D-loop region and Cyt *b* gene[J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2021, 45(1): 54-59. [程磊, 何莘莘, 韦媛媛, 等. 基于线粒体 D-loop 区和 Cyt *b* 基因分析广西禾花鲤三个群体遗传结构[J]. 水生生物学报, 2021, 45(1): 54-59.]
- [6] Zhu W L, Xiao S, Yang C L, et al. Genetic structure analysis of *Acanthopagrus latus* populations along South China coast based on mitochondrial cyt *b* gene sequences[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2021, 34(2): 446-454. [朱威霖, 肖珊, 杨春玲, 等. 基于线粒体 Cyt *b* 基因序列的华南沿海黄鳍棘鲷种群遗传结构分析[J]. 西南农业学报, 2021, 34(2): 446-454.]
- [7] Lu C Y, Chen X, Na R B, et al. Genetic diversity of clearhead icefish (*Protosalanx hyalocranius*) in lakes and reservoirs of Songnen plain by cyt *b* gene[J]. Chinese Journal of Fisheries, 2020, 33(5): 1-6. [鲁翠云, 陈昕, 那荣滨, 等. 用 Cyt *b* 基因分析松嫩平原区湖泊水库大银鱼的遗传多样性[J]. 水产学杂志, 2020, 33(5): 1-6.]
- [8] Hai S, Meng W, Yang T Y, et al. Genetic diversity analysis of *Perca fluviatilis* based on MtDNA control region sequences [J]. Chinese Journal of Fisheries, 2012, 25(1): 38-41, 57. [海萨, 孟玮, 杨天燕, 等. 基于控制区序列分析河鲈遗传多样性[J]. 水产学杂志, 2012, 25(1): 38-41, 57.]
- [9] Wu F. A comparative analysis of genetic diversity between the cultivated and natural *Perca fluviatilis*[D]. Shihezi: Shihezi University, 2015. [武菲. 河鲈野生群体和养殖群体遗传多样性比较研究[D]. 石河子: 石河子大学, 2015.]
- [10] Nesbø C L, Fosshem T, Vollestad L A, et al. Genetic divergence and phylogeographic relationships among European perch (*Perca fluviatilis*) populations reflect glacial refugia and postglacial colonization[J]. Molecular Ecology, 1999, 8(9): 1387-1404.
- [11] Li X J, Jia P Y, Niu C Y, et al. Species diversity of freshwater fish and assessment on watershed health in the Irtysh River and Ulungur River basins in Xinjiang, China[J]. Biodiversity Science, 2020, 28(4): 422-434. [李雪健, 贾佩尧, 牛诚伟, 等. 新疆阿勒泰地区额尔齐斯河和乌伦古河流域鱼类多样性演变和流域健康评价[J]. 生物多样性, 2020, 28(4): 422-434.]
- [12] Li C, Lu C Y, Zheng X H, et al. A simple and efficient method for preserving fish fins[J]. Chinese Journal of Fisheries, 2014, 27(1): 22-24. [李超, 鲁翠云, 郑先虎, 等. 一种保存鱼类鳍条的便捷方法[J]. 水产学杂志, 2014, 27(1): 22-24.]
- [13] Sambrook J. Molecular Cloning: A Laboratory Manual[M]. Huang P T. Third edition. Beijing: Science Press, 2002: 463-470. [萨姆布鲁克. 分子克隆实验指南[M]. 黄培堂译. 第三版, 下册. 北京: 科学出版社, 2002: 463-470.]
- [14] Ward R D, Zemlak T S, Innes B H, et al. DNA barcoding Australia' fish species[J]. Philosophical Transaction of the Royal Society B: Biological Science, 2005, 360(1462): 1847-1857.
- [15] Librado P, Rozas J. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data[J]. Bioinformatics, 2009, 25(11): 1451-1452.
- [16] Excoffier L, Laval G, Schneider S. Arlequin (version 3.0): An integrated software package for population genetics data analysis[J]. Evolutionary Bioinformatics Online, 2007, 1: 47-50.
- [17] Kumar S, Stecher G, Tamura K. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets[J]. Molecular Biology and Evolution, 2016, 33(7): 1870-1874.
- [18] Chen P, Ma Y W, Qi F, et al. Survey on habitat characteristics of key perch in early developmental stage of *Perca fluviatilis* in Bositeng Lake[J]. Freshwater Fisheries, 2016, 46(1): 39-45. [陈朋, 马燕武, 祁峰, 等. 博斯腾湖河鲈早期发育阶段关键生境特征的调查[J]. 淡水渔业, 2016, 46(1): 39-45.]
- [19] Chen P, Ma Y W, Xie C G, et al. Preliminary study on community structure of fishes in Bositeng Lake[J]. Freshwater Fisheries, 2014, 44(2): 36-42. [陈朋, 马燕武, 谢春刚, 等. 博斯腾湖鱼类群落结构的初步研究[J]. 淡水渔业, 2014, 44(2): 36-42.]
- [20] Tang F J, Jiang Z F, Ke E J, et al. Perch (*Perca fluviatilis* Linnaeus) growth variation and inducing reasons of Lake Ulungur, Xinjiang Province in the last two decades[J]. Journal of Lake Science, 2009, 21(1): 117-122. [唐富江, 姜作发, 阿达可白克·可尔江, 等. 新疆乌伦古湖河鲈二十年来种群生长变化及原因[J]. 湖泊科学, 2009, 21(1): 117-122.]
- [21] Pan X H, Zhou K Q, Chen Z, et al. Genetic diversity and phylogenetic relationship among two populations of *Procypris merus* and wild carp based on mtDNA D-loop region and COI gene sequences[J]. Freshwater Fisheries, 2019, 49(6): 33-40. [潘贤辉, 周康奇, 陈忠, 等. 基于线粒体 D-loop 区和 COI 基因序列研究 2 个禾花鲤群体和野生

- 鲤群体的遗传多样性与系统进化关系[J]. 淡水渔业, 2019, 49(6): 33-40.]
- [22] Liu N, Fu J J, Dong Z J, et al. Genetic variation of six *Cyprinus carpio* populations in China based on mtDNA D-loop sequences[J]. Journal of Hydroecology, 2017, 38(3): 75-82. [刘念, 傅建军, 董在杰, 等. 中国 6 个鲤群体的 mtDNA D-loop 序列遗传变异分析[J]. 水生态学杂志, 2017, 38(3): 75-82.]
- [23] Liang H W, Meng Y, Luo X Z, et al. Genetic diversity of six *Monopterus albus* populations based on COI gene sequences[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2018, 25(4): 837-846. [梁宏伟, 孟彦, 罗相忠, 等. 基于线粒体 COI 基因的 6 个黄鳝群体遗传多样性[J]. 中国水产科学, 2018, 25(4): 837-846.]
- [24] Zou H, Wei L J, Huang J, et al. Genetic differences among seven carp populations based on mitochondrial CO I gene and D-Loop region sequences[J]. Journal of Southern Agriculture, 2020, 51(5): 1209-1216. [邹辉, 韦玲静, 黄杰, 等. 基于线粒体 CO I 基因和 D-Loop 区序列的 7 个鲤群体遗传差异分析[J]. 南方农业学报, 2020, 51(5): 1209-1216.]
- [25] Liu L W, Xu Q H, Chen X J. Population genetic structure of *Ommastrephes bartramii* in the North Pacific Ocean based on the CO I and Cyt b gene sequences analysis[J]. Journal of Fisheries of China, 2012, 36(11): 1675-1684. [刘连为, 许强华, 陈新军. 基于线粒体 COI 和 Cyt b 基因序列的北太平洋柔鱼种群遗传结构研究[J]. 水产学报, 2012, 36(11): 1675-1684.]
- [26] Crandall K A, Templeton A R. Empirical tests of some predictions from coalescent theory with applications to intraspecific phylogeny reconstruction[J]. Genetics, 1993, 134(3): 959-969.
- [27] Zhou L X, Xiao Y, Xia W, et al. Analysis of genetic diversity and population structure of oil palm (*Elaeis guineensis*) from China and Malaysia based on species-specific simple sequence repeat markers[J]. Genetics and Molecular Research: GMR, 2015, 14(4): 16247-16254.
- [28] Grant W, Bowen B. 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.
- [29] Yang T Y, Meng W, Hai S, et al. Population genetic structure of Siberian dace(*Leuciscus leuciscus baicalensis*) in Irtysh River China based on the cyt b gene sequences[J]. Chinese Journal of Zoology, 2017, 52(2): 304-313. [杨天燕, 孟玮, 海萨, 等. 基于线粒体 Cyt b 序列对新疆额尔齐斯河贝加尔雅罗鱼遗传结构的分析[J]. 动物学杂志, 2017, 52(2): 304-313.]
- [30] Wright S. Evolution and the Genetics of Population: Variability within and among Natural Populations[M]. Chicago: University of Chicago Press, 1978: 79-103.

Genetic status of 4 populations of *Perca fluviatilis* in Xinjiang based on mitochondrial sequences

XU Pu^{1,2}, LU Cuiyun², SUN Zhipeng², HUO Tangbin², JIN Hongyu², WU Xuegong², ZHENG Xianhu^{1,2}

1. Key Laboratory of Freshwater Aquatic Germplasm Resources, Ministry of Agriculture and Rural Affairs; College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China;
2. National and Local Joint Engineering Laboratory for Freshwater Fish Breeding, Heilongjiang River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Harbin 150070, China

Abstract: *Perca fluviatilis* (Perca), which belongs to the Perciformes order and Percidae family, and commonly known as Eurasian perch, is a precious species of freshwater fish favored for its delicious meat, high nutritional value, short growth period, and strong disease resistance. *Perca fluviatilis* is widely distributed in Europe and North Asia. To determine the genetic status of *Perca fluviatilis* in Xinjiang, the genetic diversity of four *Perca fluviatilis* populations in the Wulungu River and Kalaeerqisi River in Xinjiang was analyzed using mitochondrial CO I, Cyt *b*, and D-loop sequences, and then compared with that of the European populations. The CO I, Cyt *b*, and D-loop sequences of the four populations in Xinjiang had 3, 10, and 10 variable sites, respectively (accounting for 0.49%, 0.90%, and 1.92%, respectively, of the total sequence length), which defined 4, 11, and 11 haplotypes, respectively. Further, the haplotype diversity was 0.065 ± 0.022 , 0.276 ± 0.049 , and 0.186 ± 0.046 , respectively, and the nucleotide diversity was 0.00011 ± 0.00004 , 0.00033 ± 0.00007 , and 0.00084 ± 0.00013 , respectively, indicating low genetic diversity. No shared haplotype was found between the Chinese Xinjiang and European *Perca fluviatilis* populations. Further, the haplotype cluster tree and network diagram revealed obvious separation, thereby indicating different genetic pedigrees. Based on the Cyt *b* and D-loop sequences, the estimated variation among the populations of Wulungu Lake (WL), Jili Lake (JH), and Wulungu River (WR) in the Wulungu River basin in Xinjiang, China, was -0.005% and 0.44% , respectively, and the coefficient of genetic differentiation (F_{st}) was -0.00045 and 0.00436 , indicating a low degree of differentiation ($F_{st} < 0.05$). Of note, the F_{st} between any population was low (F_{st} : -0.01158 – 0.01803), indicating frequent genetic communication and the same genetic pedigree. In particular, shared haplotypes were identified between the two lakes, with a negative F_{st} and frequent gene exchanges with no genetic differentiation. Based on the CO I gene, the four populations of Kalaeerqisi (ER) and WR, WL, and JH were estimated to vary by 1.57% among the populations, with an F_{st} of 0.01568. However, the ER population and WL population had a moderate genetic differentiation ($F_{st} = 0.06614 > 0.05$), while the ER and WR populations had a high genetic differentiation ($F_{st} = 0.24627 > 0.15$). The replenishing of genetic resources may not occur due to the blockage of the dam. Further, the Kalaeerqisi River formed an independent genetic pedigree. Overall, these findings serve as a reference for the diversity of Xinjiang *Perca fluviatilis* populations and the development and utilization of germplasm resources.

Key words: *Perca fluviatilis*; Xinjiang; mitochondria; genetic structure

Corresponding author: ZHENG Xianhu. E-mail: zhengxianhu@hrfri.ac.cn