

DOI: 10.3724/SP.J.1118.2015.150011

## 基于线粒体控制区序列的南海北部近岸鰺的遗传多样性

薛丹, 章群, 郜星晨, 官亚运, 曹艳

暨南大学 水生生物研究中心, 广东 广州 510632

**摘要:** 80尾鰺(*Therapon theraps*)样本来自广东碣石、阳江, 广西东兴, 海南临高、陵水, 测定其线粒体控制区 951 bp 序列, 发现 42 个变异位点, 60 个单倍型。南海北部近岸鰺总体的单倍型多样性( $0.986 \pm 0.007$ )和核苷酸多样性相对较低( $0.009 \pm 0.000$ ), 其中陵水群体核苷酸多样性最高(0.010), 碣石、阳江、东兴群体最低(0.008)。单倍型网络图与邻接树没有形成明显不同的谱系分支和地理聚群, 表明不存在谱系结构和地理结构。大陆沿岸碣石、阳江和东兴群体间的遗传分化系数( $F_{st}$ )为 $-0.0175 \sim -0.0089$  ( $P > 0.05$ ), 基因流 ( $N_m$ )值为 $-14.54 \sim 27.84$ ; 海南岛临高和陵水群体间  $F_{st}$  为 $-0.0460$  ( $P > 0.05$ ),  $N_m$  为 $-5.68$ , 表明大陆沿岸群体内部和海南岛群体内部都无明显分化; 但海南岛与大陆群体间的  $F_{st}$  为  $0.0616 \sim 0.1353$  ( $P < 0.05$ ),  $N_m$  为  $1.87 \sim 3.81$ 。分子方差分析显示, 大陆沿岸群体和海南岛群体间分化极显著 ( $F_{CT} = 0.1007$ ,  $P = 0.0000$ ), 可能是受大陆与海南岛分离形成的琼州海峡, 全年余流方向总趋势是由东向西, 且强度较高的影响。南海北部近岸鰺可作为 2 个管理单位进行保护, 建议优先保护陵水群体。单倍型简约性网络图呈非典型的星状分布, 中性检验 Fu's  $F_s$  为显著负值且核苷酸不配对分析为单峰分布, 表明历史上经历过种群扩张事件, 推测扩张年代为晚更新世(3.62 万年前), 扩张后的有效群体大小约为扩张前的  $8.7 \times 10^6$  倍, 可能是受到海退缩减和海侵扩张的影响。

**关键词:** 中国南海北部近岸; 鰺; 线粒体控制区; 遗传变异

中图分类号: Q785; S 917

文献标志码: A

文章编号: 1005-8737-(2015)04-0749-08

鰺(*Therapon theraps*)俗称鸡鱼, 分布于印度-西太平洋海域, 为热带和亚热带底层广盐性鱼类, 在中国南海和东海也有分布。鰺是鲈形目鰺科(Teraponidae)鱼类中最具代表性的经济鱼类, 产量最高, 也是南海海域底拖网、底层刺网和海钓的重要捕捞对象<sup>[1]</sup>。鰺多生活于泥沙底质或岩礁附近的浅水区, 栖息水深为 16~100 m, 中国在水深 40 m 以下的北部湾海区 and 60 m 以下的广东沿海分布最多<sup>[1]</sup>。鰺游泳能力强, 非产卵期鱼群较分散, 无明显渔场; 产卵时期鱼群集结形成渔场, 4-5 月雷州半岛东部沿海渔场渔获最丰, 12 月至翌年 2 月海南岛东部沿海渔场渔获最多, 2-5 月北部湾东部沿海渔场和海南岛西部沿海渔场渔获最

丰, 且幼鱼常侵入河口<sup>[1]</sup>。鰺肉质鲜美, 质地坚实丰厚, 素有“海鸡肉”之称, 且适应性广, 生命力强, 鱼体离水后仍能短时间存活, 在下层鱼类中较为罕见<sup>[1]</sup>。南海是鰺的主要产区, 但近年来对渔业资源过度开发使鰺面临着过度捕捞和渔获量降低等问题, 野生资源数量明显衰退<sup>[2]</sup>。

遗传多样性体现了物种对不同环境的适应能力和所具备的开发利用潜力, 是物种保护和开发利用的物质基础<sup>[3]</sup>, 而探明其种群遗传多样性是实施保护的前提。目前国内外对鰺的报道仅限于鱼类志<sup>[1]</sup>、鱼类自然资源调查<sup>[2]</sup>和染色体组型<sup>[4-5]</sup>以及运用 *CO I* 基因和 16S RNA 序列进行的鰺科鱼类系统进化研究<sup>[6-7]</sup>, 未见遗传多样性研究的

收稿日期: 2015-01-08; 修订日期: 2015-03-04.

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(41071034); 中央高校基本科研业务费专项资金资助项目(21613105).

作者简介: 薛丹(1989-), 女, 硕士研究生, 从事分子生态学研究. E-mail: gdsxyuedan@126.com

通信作者: 章群, 副研究员. E-mail: tqzhang@jnu.edu.cn

报道。线粒体 DNA 具有结构简单、遵循母系遗传、无基因重组、进化速度比核基因快的特点,是研究鱼类系统发育和遗传多样性的理想分子标记<sup>[8]</sup>。其中线粒体控制区遗传变异位点多、进化速率高,特别适合种群遗传多样性分析<sup>[9]</sup>。本研究通过测定与分析南海北部近岸鰺控制区序列,旨在了解南海北部鰺的遗传多样性、遗传结构和种群历史动态,为其种质资源的保护和开发利用提供科学依据。

## 1 材料与方 法

### 1.1 实验材料与基因组 DNA 的提取

实验材料 80 尾,均为从各采样点海域就近作业的渔船上直接购买的野生鲜活鱼类,其中广东碣石 11 尾、阳江 21 尾,广西东兴 20 尾,海南临高 8 尾和陵水 20 尾。样品采集后置于 95%乙醇中固定保存。取鰺肌肉组织约 100 mg,采用标准的酚-氯仿方法提取基因组 DNA,将乙醇沉淀后的基因组 DNA 于 40  $\mu$ L TE 溶液溶解,-20 $^{\circ}$ C 保存备用。PCR 反应体系与反应条件及检测条件参照乐小亮的方法<sup>[10]</sup>,PCR 产物由华大基因有限公司切胶纯化,在 ABI3730DNA 自动测序仪上测序。

### 1.2 数据处理

在 MEGA6<sup>[11]</sup>软件中人工校对序列,计算碱基组成、转换、颠转数,并以 Kimura2-Parameter (K2-P)模型构建单倍型邻接树,用 1 000 次 bootstrap

计算分支支持率。通过 DnaSP5.10<sup>[12]</sup>计算单倍型数、核苷酸多样性( $\pi$ )、单倍型多样性( $H_d$ )。以 NETWORK<sup>[13]</sup>软件构建单倍型网络图。根据 Arlequin3.5.1.3<sup>[14]</sup>计算遗传分化系数( $F_{st}$ )和基因流( $N_m$ )值,进行 Tajima's  $D$  和 Fu's  $F_s$  中性检验,以及核苷酸不配对分析<sup>[15]</sup>,获得  $\tau$  值、 $\theta_1$ 、 $\theta_0$ 、SSD 值和 Raggedness 值。利用公式  $\tau=2ut$  估算种群扩张时间,其中  $\tau$  是扩张时间参数, $u$  是所研究的序列的突变速率( $u=\mu k$ ,  $\mu$  为线粒体控制区的变异速率, $k$  表示序列长度; $t$  表示自扩张以来所经历的时间)。

## 2 结果与分析

### 2.1 线粒体 DNA 控制区序列特征和遗传多样性

在 951 bp 序列中,A、T、C、G 含量分别为 32.93%、34.41%、14.55%、18.10%,G 的含量较低;多态位点 42 个,简约信息位点 5 个,转换与颠换比为 9.39,表明该序列没有饱和,适合遗传分析<sup>[11]</sup>。将鰺作为一个整体时,单倍型多样性高( $H_d=0.986\pm 0.007$ ),而核苷酸多样性低( $\pi=0.009\pm 0.000$ ) (表 1)。遗传多样性有从低纬度到高纬度逐渐下降的趋势,如陵水群体单倍型多样性(0.995)和核苷酸多样性(0.010)均为最高,临高群体单倍型多样性最低(0.964),碣石、阳江、东兴群体核苷酸多样性较低为 0.008。

表 1 鰺的遗传多样性指数

Tab. 1 Genetic diversity parameters of the *T. theraps* populations in South China Sea coastal

群体 population	经纬度 longitude and latitude	数量 $n$	单倍型数 $N$	单倍型多样性 $H_d$	核苷酸多样性 $\pi$	变异位点数 variable sites
LS	110.06 $^{\circ}$ E, 18.38 $^{\circ}$ N	20	19	0.995 $\pm$ 0.018	0.0100 $\pm$ 0.0093	37
LG	109.52 $^{\circ}$ E, 19.90 $^{\circ}$ N	8	7	0.964 $\pm$ 0.077	0.0093 $\pm$ 0.0016	21
DX	107.97 $^{\circ}$ E, 21.42 $^{\circ}$ N	20	18	0.989 $\pm$ 0.019	0.0079 $\pm$ 0.0008	27
YJ	112.05 $^{\circ}$ E, 21.73 $^{\circ}$ N	21	18	0.971 $\pm$ 0.030	0.0080 $\pm$ 0.0007	30
JS	115.81 $^{\circ}$ E, 22.69 $^{\circ}$ N	11	10	0.982 $\pm$ 0.046	0.0077 $\pm$ 0.0012	24
总体 total		80	60	0.986 $\pm$ 0.007	0.0089 $\pm$ 0.0000	45

注: DX-东兴, YJ-阳江, LG-临高, LS-陵水, JS-碣石。

Note: LS-Lingshui, Hainan; LG-Lingao, Hainan; DX-Dongxing, Guangxi; YJ-Yangjiang, Guangdong; JS-Jieshi, Guangdong.

### 2.2 鰺的遗传分化

在 80 个个体中共发现 60 个单倍型,其中 Hap4 由东兴、陵水、碣石和阳江群体的 8 个体

共享, Hap10 由东兴和阳江群体的 2 个体共享, Hap12 和 Hap14 由东兴和碣石群体的 3 个体共享, Hap26 由陵水和碣石群体的 2 个体共享, Hap33 由

陵水、临高和阳江群体的 4 个体共享, Hap35 由阳江和陵水群体的 2 个体共享, Hap42 由阳江和临高群体的 2 个体共享, 其他单倍型为各个地理群体特有。在 K2-P 模型构建的邻接关系树上(图 2), 不同地理来源的单倍型混杂分布在一起, 不呈现明显的地理聚群, 没有形成明显的地理结构; 大部分分支的 Bootstrap(1 000 次)支持率小于 80%, 没有明显的谱系结构。

在邻接树(图2)与单倍型网络图(图3)上, 单倍型并没有依采样地聚类成支。大陆沿岸碣石、

阳江和东兴群体间的  $F_{st}$  值为 $-0.0175 \sim 0.0089$  ( $P > 0.05$ ),  $N_m$  值为 $-14.54 \sim 27.84$ 。海南岛临高和陵水群体间  $F_{st}$  值为 $-0.0460$  ( $P > 0.05$ ),  $N_m$  值为 $-5.68$ 。表明大陆沿岸群体内部和海南岛群体内部不存在遗传分化。但海南岛群体与大陆沿岸群体间的  $F_{st}$  为 $0.0616 \sim 0.1353$  ( $P < 0.05$ ),  $N_m$  值为 $1.87 \sim 3.80$ , 表明存在一定的遗传分化。分子方差分析显示, 大陆沿岸和海南岛组群间分化极显著( $F_{CT} = 0.1007$ ,  $P = 0.0000$ ), 群体内分化微弱 ( $F_{ST} = 0.0862$ ,  $P = 0.0049$ ), 表明大陆沿岸和海南岛群体间的分化显著。

### 2.3 鲷的种群历史动态

单倍型网络图为非典型星状(图 3); 单倍型错配分析图虽不完全平滑但只有一个明显顶峰的单峰型曲线(图 4), 说明历史上发生过种群扩张。鲷整体和 5 个群体的中性检测 Tajima's  $D$  值无显著差异, 但  $Fu$ 's  $F_s$  值呈显著负值, 在相同环境条件下,  $Fu$ 's  $F_s$  检验对群体近期扩张比较敏感<sup>[16]</sup>; 且核苷酸不配对分析的 SSD 和 Raggedness 值较小且不存在显著差异(表 4), 表明所观测的核苷酸不配对分布并未显著偏离种群扩张模型, 故可认为鲷可能经历过相对近期的种群扩张<sup>[15]</sup>。根据核苷酸不配对分析所得扩张参数 值为 6.884, 以线粒体控制区变异速率为(3%~10%)/百万年<sup>[17]</sup>, 估算出种群扩张发生在晚更新世(12.06 万~3.62 万年前), 扩张后的有效群体大小约是扩张前的  $8.7 \times 10^6$  倍。

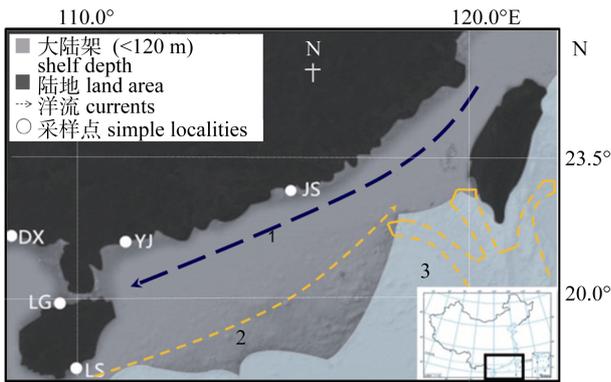


图 1 南海北部近岸鲷采样点示意图

DX-东兴, YJ-阳江, LG-临高, LS-陵水, JS-碣石。1: 中国沿岸流; 2: 南海暖流; 3: 黑潮。

Fig. 1 The sampling locations of *Therapon theraps* in Northern South China Sea coastal

LS-Lingshui, Hainan; LG-Lingao, Hainan; DX-Dongxing, Guangxi; YJ-Yangjiang, Guangdong; JS-Jieshi, Guangdong. 1: the coastal current of China; 2: Nanhai warm current; 3: Kuroshio current.

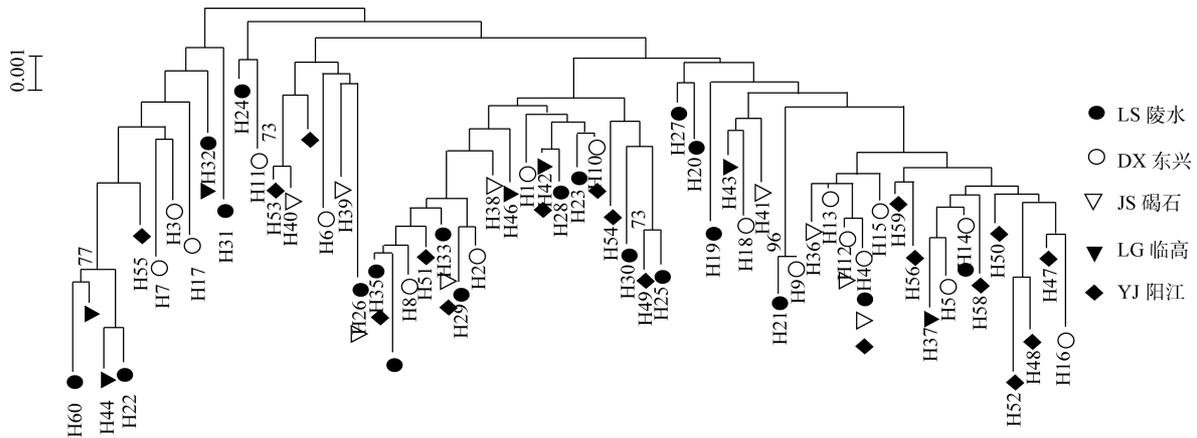


图 2 基于控制区序列建立的 60 个鲷单倍型邻接树

分支上数字只显示 1 000 次重抽样分析中大于 70% 的支持率。标尺代表单倍型间的遗传距离单位为 0.001/百万年。

Fig. 2 NJ trees based on control region gene sequences of 60 haplotypes of *T. theraps*. Just >70% bootstrap supports in 1 000 replicates are shown on branches. Scale represents the genetic distance of 0.001/million years between haplotypes.

表 2 南海北部近岸鳊遗传分化的分子方差分析

Tab. 2 Genetic variation AMOVA analysis of *T. theraps* populations in Northern South China Sea coastal

分组 group	项目 item	组群间 among groups	组群内群体间 among populations within groups	群体内 within popu- lations	总计 total
I Group(总体 total)	平方和 sum of squares	28.535	—	304.515	333.050
	变异组成 variance components	0.1977	—	4.0602	4.2579
	变异比例 percentage of variation	4.6438	—	95.3562	—
II Group 1 (大陆沿岸 coastal)	平方和 sum of squares	19.237	9.298	304.515	333.050
	变异组成 variance components	0.4473	-0.0642	4.0602	4.4434
	变异比例 percentage of variation	10.07	-1.44	91.38	—
III Group 1(JS, YJ) Group 2(DX) Group 3 (海南岛 Hainan)	平方和 sum of squares	23.409	5.126	304.515	333.050
	变异组成 variance components	0.3720	-0.1158	4.0602	4.3164
	变异比例 percentage of variation	8.62	-2.68	94.06	—

注: I 表示将南海北部近岸鳊采集的鳊作为一组进行分析; II 表示将大陆沿岸的碣石、阳江、东兴群体和海南岛的临高和陵水分别作为一组进行分析; III 表示碣石、阳江为一组, 东兴为一组, 临高和陵水为一组进行分析。

Note: I indicates South China Sea as a group; II indicates populations from mainland and Hainan island as 2 groups; III indicates JS and YJ populations, DX populations, and Hainan populations as 3 groups.

表 3 南海北部近岸鳊的遗传分化指数和基因流值

Tab. 3 Fixation index ( $F_{st}$ ) and gene flow ( $N_m$ ) of *T. theraps* populations in Northern South China Sea coastal

	JS	YJ	DX	LG	LS
JS		-14.5357	-15.875	1.5977	3.3890
YJ	-0.0175		27.8399	2.0670	3.8084
DX	-0.0160	0.0089		1.8686	3.2416
LG	0.1353*	0.1079**	0.1180*		-5.6848
LS	0.0687*	0.0616**	0.0716**	-0.0460	

注: \*表示存在显著差异( $P<0.05$ ), \*\*表示存在极显著差异( $P<0.01$ ). DX-东兴, YJ-阳江, LG-临高, LS-陵水, JS-碣石. 对角线以下表示  $F_{st}$  值, 对角线以上表示  $N_m$  值。

Note: \* means significant differences ( $P<0.05$ ); \*\* means extremely significant differences ( $P<0.01$ ). LS-Lingshui, Hainan; LG-Lingao, Hainan; DX-Dongxing, Guangxi; YJ-Yangjiang, Guangdong; JS-Jieshi, Guangdong. Values above diagonal are  $N_m$ , and below are  $F_{st}$ .

表 4 南海北部近岸鳊遗传分化的中性检验、不配对分布

Tab. 4 Neutrality tests and mismatch distribution of *T. theraps*

群体 population	中性检验 neutrality tests				SSD	$P$	raggedness	$P$
	Tajima's $D$	$P$	Fu's $F_s$	$P$				
LG	0.80	0.82	-0.68	0.26	0.04	0.37	0.09	0.39
LS	-0.29	0.40	-9.90	0.00	0.00	0.63	0.01	0.65
DX	0.10	0.59	-9.27	0.00	0.01	0.45	0.01	0.81
YJ	-0.33	0.40	-8.12	0.00	0.01	0.22	0.03	0.38
JS	-0.33	0.39	-3.17	0.04	0.03	0.26	0.05	0.45
总体 total	-0.01	0.52	-6.22	0.05	0.02	0.39	0.04	0.54

注: DX-东兴, YJ-阳江, LG-临高, LS-陵水, JS-碣石。

Note: LS-Lingshui, Hainan; LG-Lingao, Hainan; DX-Dongxing, Guangxi; YJ-Yangjiang, Guangdong; JS-Jieshi, Guangdong.

### 3 讨论

#### 3.1 鳊的遗传多样性

中国南海北部近岸鳊控制区单倍型多样性为 0.986, 核苷酸多样性为 0.009, 具有与西北太平

洋分布的大多数鱼类, 如花鲈(*Lateolabrax japonicus*)<sup>[18]</sup>、黄鳍鲷(*Acanthopagrus latus*)<sup>[19]</sup>和真鲷(*Pagrus major*)<sup>[10]</sup>等相似的高单倍型多样性和低核苷酸多样性分布模式, 原因是种群可在较短的时间内积累大量变异以提高单倍型多样性, 但

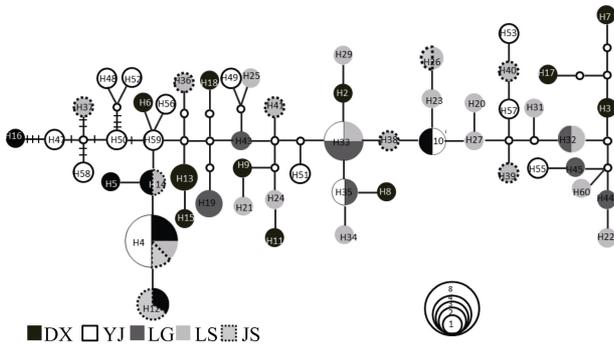


图 3 基于 NetWork 软件构建的鳎群体单倍型网络图  
DX-东兴, YJ-阳江, LG-临高, LS-陵水, JS-碣石。空心圆圈表示可能存在的单倍型。

Fig. 3 Parsimony network of Haplotypes of *T. theraps*  
Note: LS-Lingshui; LG-Lingao; DX-Dongxing; YJ-Yangjiang; JS-Jieshi. Hollow circle indicates the possible haplotypes.

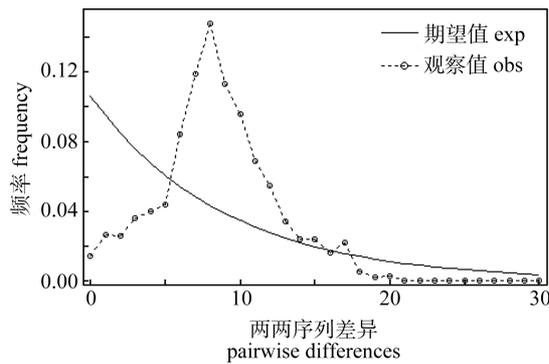


图 4 南海北部近岸鳎群体的核苷酸不配对分析图  
Fig. 4 Nucleotide mismatch distribution of *T. theraps* of Clade A

核苷酸多样性无法在短时间内积累<sup>[20]</sup>。南海鳎遗传多样性高于西北太平洋分布的花鲈( $H_d: 0.96, \pi: 0.003$ )<sup>[18]</sup>、黑鲷(*Acanthopagrus schlegel*) ( $H_d: 0.978 7, \pi: 0.008 86$ )<sup>[21]</sup>, 但低于黄鳍鲷( $H_d: 0.884 \sim 0.951, \pi: 0.013 \sim 0.026$ )<sup>[19]</sup>, 红鳍笛鲷 (*Lutjanus erythropterus*) ( $H_d: 0.947 \sim 0.978, \pi: 0.031 \sim 0.035$ )<sup>[22]</sup>, 表明其遗传多样性相对较低, 且有从低纬度到高纬度逐渐下降趋势, 如陵水群体单倍型多样性最高(0.995), 临高群体最低(0.964); 陵水群体核苷酸多样性最高(0.010), 碣石、阳江、东兴群体最低(0.008); 原因可能是历史上南海南部较北部更接近热带海域, 受晚更新世冰期的影响相对较小, 南部群体能保持更高的遗传多样性。

### 3.2 鳎的种群结构

邻接树(图 2)以及单倍型网络图(图 3)显示群体间无明显地理结构和谱系结构, 可能的原因是南海内不存在明显阻碍扩散的地理障碍, 而且鳎主要生活在浅层海水中, 游泳能力较强, 稚鱼常常依附在漂浮的杂草上<sup>[1]</sup>, 受到向北的南海暖流和向南的黑潮、中国沿岸流的影响, 成鱼和幼鱼可随海流进行扩散, 在不同的地理群体间进行交流。大陆沿岸碣石、阳江和东兴 3 个群体间的  $F_{st}$  值为  $-0.017 5 \sim 0.008 9 (P > 0.05)$ ,  $N_m$  值为  $-14.536 \sim 27.840$ 。海南岛临高和陵水 2 个群体间  $F_{st}$  值为  $-0.046 0 (P > 0.05)$ ,  $N_m$  值为  $-5.685$ 。表明大陆沿岸群体内部和海南岛群体内部不存在明显遗传分化。海南岛临高和陵水群体与大陆沿岸碣石、阳江和东兴群体间的  $F_{st}$  为  $0.061 6 \sim 0.135 3 < 0.15$ <sup>[23]</sup>,  $N_m$  值为  $1 < 1.869 \sim 3.808 < 4$ <sup>[23]</sup>, 分子方差分析显示大陆沿岸群体和海南岛群体间  $F_{CT} = 0.100 7 (P = 0.000 0)$ , 均表明大陆沿岸群体和海南岛群体间存在一定的遗传分化。在邻接树上临高和陵水群体的单倍型位于底部, 表明海南岛的鳎群体比较原始, 可能的原因是历史上的地质变化使海南岛与大陆分离, 断裂形成琼州海峡, 海峡两边的鳎各自适应当地的地理环境出现变异, 不同地区的产卵场形成时间不同。琼州海峡海流实测数据显示全年余流方向总趋势是由东向西, 且强度较高<sup>[24]</sup>, 在一定程度上阻碍了大陆群体和海南岛群体的基因交流, 而大陆群体间可以顺着沿岸流进行交流。

### 3.3 鳎的种群动态

鳎线粒体序列的高单倍型多样性和低核苷酸多样性, 单倍型网络图(图2)呈现星形发散状、核苷酸不配对分析呈现单峰分布和中性检测为显著负值( $Fu's F_s = -6.22$ )均提示鳎可能经历过种群扩张<sup>[16]</sup>, 并推算出扩张时间为距今12.06万~3.62万年, 处于晚更新世。与同一海域分布的鱼类种群扩张时间相近<sup>[17-18, 20-21]</sup>。推测引起鳎扩张的原因是在晚更新世早和中期(2万年前), 中国沿海发生多次海浸, 海水向陆地侵入; 在晚更新世晚期(2.8万年前)出现海退, 海水近岸地带退出本区域, 导致海平面的大幅度升降波动<sup>[25]</sup>。鳎主要生活在

泥沙底质或岩礁附近的浅层海水中, 幼鱼常侵入河口<sup>[1]</sup>, 在海侵时海平面上升淹没低海拔地区, 在海退时中国沿海大陆架大面积露出, 导致鳎群体经历了海侵的扩张和海退的缩减。

### 3.4 鳎种群资源的保护

研究物种的遗传结构和历史动态, 有助于预测生物物种进化潜能<sup>[26]</sup>, 为制定合理的保护措施提供依据。南海北部近岸鳎遗传多样性相对较低, 资源状况并不乐观。过度捕捞可能导致渔获物组成的低龄化, 在幼鱼被大量捕捞的情况下, 整个鳎的资源量长时间得不到持续有效补充, 最终会导致资源的衰退<sup>[2]</sup>, 降低物种对复杂环境的适应能力, 不利于物种的生存, 亟需采取有效的保护措施保护野生资源。南海北部近岸鳎不存在谱系结构, 可作为一个进化显著单位, 但存在一定的遗传分化, 在资源保护上可以作为大陆沿岸和海南岛 2 个管理单位进行保护, 海南岛陵水群体的核苷酸多样性较高(0.010), 建议优先保护。

### 参考文献:

- [1] Chen Z C, Liu J X. South China Sea economic fish[M]. Guangzhou: Guangdong Science and Technology Press, 1982: 194–197. [陈再超, 刘继兴. 南海经济鱼类[M]. 广州: 广东科技出版社, 1982: 194–197.]
- [2] Li Z L. Preliminary study on fishery biology and exploitation protection strategies of *Therapon jarbua* in the mouth of Beibu Gulf[D]. Zhanjiang: Guangdong Ocean University, 2008. [李忠炉. 北部湾口海域细鳞鳎渔业生物学特性及开发保护策略初步研究[D]. 湛江: 广东海洋大学, 2008.]
- [3] Avise J C. Phylogeography: The History and Formation of Species [M]. London: London Harvard University Press, 2000: 9–32.
- [4] Zhang Y P, Ge S. Molecular evolution study in China: progress and future promise[J]. Philos Trans R Soc B: Biol Sci, 2007, 362(1482): 973–986.
- [5] Shu C, Liu F, Cai X Y, et al. Karyotype study of 11 kinds of economic Guangdong coastal fish[C]//Hubei Provincial Science and Technology Association. The Fifth Zoology Symposium Digest of Four Provinces of Guangdong, Hunan, Jiangxi, and Hubei. Guangzhou: The Zoological Society, Guangdong Province, 2008: 14. [舒城, 刘锋, 蔡晓阅, 等. 广东近海 11 种经济鱼类的染色体组型研究[C]//湖北省科学技术协会. 第五届广东、湖南、江西、湖北四省动物学学术研讨会论文集摘要汇编. 广州: 广东省动物学会, 2008: 14.]
- [6] Liang R S, Zou J X. Molecular phylogenetic relationship of *Teraponidae* fishes from China sea based on *CO I* gene sequences[C]//China Society of Fisheries. 2011 Annual Meeting of Chinese Society of Fisheries Academic Abstracts. Xiamen: China Society of Fisheries, 2011: 57. [梁日深, 邹记兴. 基于 *CO I* 基因序列我国近海鳎科鱼类系统进化关系[C]//中国水产学会. 2011 年中国水产学会学术年会论文摘要集. 北京: 中国水产学会, 2011: 57.]
- [7] Zhou J Y, Zhang Q, Tang Y L, et al. On phylogenetic relationships of *Teraponidae* in coastal waters of China[J]. Marine Fisheries, 2010, 32(4): 351–355. [周佳怡, 章群, 唐优良, 等. 中国近海鳎科鱼类系统发育初探[J]. 海洋渔业, 2010, 32(4): 351–355.]
- [8] Mulvey M, Liu H P, Kandler K. Application of molecular genetic markers to conservation of freshwater bivalves[J]. J Shell Res, 1998, 17(5): 1395–1405.
- [9] Aquaro C F, Greenberg B D. Human mitochondrial DNA variation and evolution: analysis of nucleotide sequences from seven individuals[J]. Genetics, 1983, 103(2): 287–312.
- [10] Yue X L, Zhang Q, Zhao S, et al. Genetic variation of red seabream (*Pagrus major*) in coastal waters of China inferred from mitochondrial DNA control region sequence analysis[J]. Guangdong Agricultural Sciences, 2010, 37(2): 136–139. [乐小亮, 章群, 赵爽, 等. 中国近海真鲷遗传变异的线粒体控制区序列分析[J]. 广东农业科学, 2010, 37(2): 136–139.]
- [11] Tamura K, Stecher G, Peterson D, et al. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0[J]. Molec Biol Evol, 2013, 30: 2725–2729.
- [12] Librado P, Rozas J. DNASP v5: a software for comprehensive analysis of DNA Polymorphism data[J]. Bioinformatics, 2009, 25: 1451–1452.
- [13] Polzin T, Daneschmand S V. On steiner trees and minimum spanning trees in hypergraphs[J]. Oper Res Lett, 2003, 31(1): 12–20.
- [14] Excoffier L, Laval G, Schneider S. Arlequin version 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis[J]. Evol Bioinform, 2005, 1: 47–50.
- [15] Rogers A R, Harpending H. Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences[J]. Mol Biol Evol, 1992, 9(3): 552–569.
- [16] Fu Y X. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection[J]. Genetics, 1997, 147(2): 915–925.
- [17] Hochachka P W, Mommsen T. Biochemistry and molecular biology of fishes: environmental and ecological biochemistry[J]. Science, 1993(2): 1–38.

- [18] Wu R X, Liu S, Zhuang Z M. Population genetic structure of *Larimichthys polyactis* in the Yellow and East China Seas based on Cyt *b* sequences[J]. Prog Nat Sci, 2009, 19(9): 924–930 .
- [19] Xia J H, Huang J H, Gong J B, et al. Significant population genetic structure of yellowfin seabream *Acanthopagrus latus* in China[J]. J Fish Biol, 2008, 73: 1979–1992.
- [20] Bowen B W, Bass A L, Rocha L A, et al. Phylogeography of the trumpetfishes (*Aulostomus*): ring species complex on a global scale[J]. Evolution, 2001, 55(5): 1029–1039.
- [21] Zhao S, Zhang Q, Yue X, et al. Genetic variation among 5 stocks of *Acanthopagrus schlegeli* in China's coastal waters[J]. Marine Sciences, 2010, 34(2): 75–79.[赵爽, 章群, 乐小亮, 等. 中国近海 5 个黑鲷地理群体的遗传变异[J]. 海洋科学, 2010, 34 (2): 75–79.]
- [22] Zhang J B, Cai Z P, Huang L M. Population genetic structure of crimson snapper *Lutjanus erythropterus* in East Asia, revealed by analysis of the mitochondrial control region[J]. ICES J Mar Sci, 2006, 63(4): 693–704.
- [23] Wright S. Evolution and the genetics of population: variability within and among natural population[M]. Chicago: University of Chicago Press, 1978: 79–103.
- [24] Chen D S, Chen B, Yan J H, et al. The seasonal variation characteristics of residual currents in the Qiongzhou Strait[J]. Transactions of Oceanology and Limnology, 2006(2): 12–17.[陈达森, 陈波, 严金辉, 等. 琼州海峡余流场季节性变化特征[J]. 海洋湖沼通报, 2006(2): 12–17.]
- [25] Chen H J, Li W C, Chen H, et al. Ancient coastline transfer since late middle-Pleistocene in northern South China Sea and its geological significance[J]. South China Sea Geological Research, 2005: 57–66.[陈泓君, 李文成, 陈弘, 等. 南海北部中更新世晚期以来古海岸变迁及其地质意义[J]. 南海地质研究, 2005: 57–66.]
- [26] Loeschke V, Tomiuk J, Jian S K, et al. Conservation Genetics[M]. Basel: Birkhauser Veriag, 1994: 37–53.

## Genetic variation of *Therapon theraps* in coastal waters of northern South China Sea based on mtDNA control region sequences

XUE Dan, ZHANG Qun, GAO Xingchen, GONG Yayun, CAO Yan

Institute of Hydrobiology, Jinan University, Guangzhou 510632, China

**Abstract:** *Therapon theraps* is widely distributed in the Indo-western Pacific coastal waters, and South China Sea is its' main producing areas. It is the most representative terapontid fish, and used to be an important object for bottom trawl, bottom gillnet fishing in South China Sea. Due to the degradation of habitats and overfishing, the quantity of this fish has been decreased greatly in recent years. The recent studies on *T. theraps* mainly focused on the chromosome, fisheries resources survey as well as phylogenetic relationship for terapontid fish based on *CO I* gene and 16S RNA, there is no genetic investigation reported. In the present study, the control region of mtDNA of 80 individuals of 5 populations collected from Jieshi, Yangjiang in Guangdong Province, Dongxing in Guangxi Province, Linggao and Lingshui in Hainan province, were sequenced to analyze genetic variation in South China Sea, of which 42 mutations and 60 haplotypes were detected in the 951bp sequences. Overall haplotype diversity and nucleotide diversity were relatively low ( $H_d=0.986\pm 0.007$ ,  $\pi=0.009\pm 0.000$ ), of which the nucleotide diversity ( $\pi$ ) of Lingshui population is the highest (0.010), and Dongxing population is the lowest (0.008). Apart from 8 haplotypes shared by various populations, the remaining ones were endemic to each population. In the Kimura 2-parameter based neighbor-joining tree and parsimony network, haplotypes from various locations were intertwined together, and no deep lineage branches found, suggesting no obvious phylogenetic and geographical structure. Pairwise fixation indexes  $F_{st}$  among 3 populations from mainland China coastal waters ranged from  $-0.0175$  to  $0.0089$  ( $P>0.05$ ), and gene flow from 14.54 to 27.84.  $F_{st}$  values between 2 populations from Hainan Island was  $-0.0460$  ( $P>0.05$ ), and gene flow was 5.68. However  $F_{st}$  among the mainland coastal populations and Hainan Island populations ranged from 0.0616 to 0.1353 ( $P<0.05$ ), gene flow were 1.8686—3.8084, indicating that there were no obvious genetic differentiation within the mainland coastal groups and within Hainan Island groups, but there were medium but statistically significant genetic differentiation between the mainland coastal populations and Hainan Island populations ( $F_{st}=0.0616-0.1353$ ,  $P<0.05$ ;  $F_{CT}=0.1007$ ,  $P=0.0000$ ). Because *T. theraps* mainly lives in shallow waters, and juveniles often attach to floating weeds, which may be drifted away along currents. The high dispersal potential and the absence of obvious geographic barriers may cause genetic homogeneity within mainland group and within Hainan island group. However Qiongzhou Strait formed after the separation between the mainland and Hainan Island causes the general trend direction of the annual current from east to west in high strength, promoting the differentiated between the mainland group and Hainan island group, as such there are two management of protected units, Lingshui population were recommended to be protected in priority owing to its highest nucleotide diversity. The significant negative values of neutral test (Fu's  $F_s=-6.22$ ,  $P<0.05$ ), the unimodal mismatch distribution and atypical star-shaped distribution of haplotypes in the parsimony network all suggested a recent population expansion, and the deduced expansion time was 120.6–36.2 ka BP (i.e., during the late Pleistocene), effective population size after the expansion was about  $8.7\times 10^6$  times larger than before, which probably related to fluctuated sea levels and temperature during the late Pleistocene epochs.

**Key words:** coastal waters of northern South China Sea; *Therapon theraps*; mtDNA control region; genetic variation

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