# 中国和匈牙利白斑狗鱼群体遗传变异的微卫星标记分析

王军<sup>1</sup>,吴惠仙<sup>1</sup>,杨新鑫<sup>1</sup>,马玉清<sup>1</sup>,钱龙<sup>2</sup>,李思发<sup>1</sup>,王成辉<sup>1</sup>

1. 上海海洋大学 农业部水产动物种质资源与利用重点开放实验室, 上海 201306;

2. 新疆生产建设兵团水产技术推广站, 新疆 乌鲁木齐 830002

摘要:本研究应用 18 个微卫星分子标记,对白斑狗鱼(*Esox lucius* L.)3 个中国新疆群体(乌伦古湖、吉力湖和 6 号 湖)和 1 个匈牙利巴拉顿湖群体的遗传结构进行了分析。结果表明,3 个中国白斑狗鱼群体的平均等位基因丰富度 (*A*<sub>R</sub>)、平均观测杂合度(*H*<sub>0</sub>)和平均期望杂合度(*H*<sub>E</sub>)均显著低于匈牙利巴拉顿湖群体(*P*<0.05),而匈牙利群体的平均 近交系数(*F*<sub>IS</sub>)高于中国群体;经SMM和TPM模型检测,匈牙利白斑狗鱼群体存在显著的遗传瓶颈信号(*P*<0.001); AMOVA和群体两两比较的*F*<sub>ST</sub>值表明,中国与匈牙利白斑狗鱼的遗传分化十分显著(*P*<0.01);NJ树、主成分分析 (PCA)进一步证实中国白斑狗鱼与匈牙利白斑狗鱼群体间存在显著的遗传差异和分化。此外,贝叶斯遗传聚类结果 表明,中国新疆 6 号湖白斑狗鱼群体极可能来源于乌伦古湖,而非吉力湖。

关键词: 白斑狗鱼; 微卫星; 遗传结构; 瓶颈效应 中图分类号: S917; Q959.46 文献标志码: A

白斑狗鱼(*Esox lucius* L.)属鲑形目,狗鱼亚目, 狗鱼科,狗鱼属,是一种冷水性凶猛性经济鱼 类,广泛分布于北纬 45°以北的欧亚大陆与北美地 区<sup>[1-2]</sup>。在中国,白斑狗鱼仅分布于新疆的额尔齐 斯河流域,其中乌伦古湖和吉力湖是白斑狗鱼的 两大主要栖息区<sup>[3]</sup>。在 20 世纪 60 年代初,中国白 斑狗鱼的年产量高达 120 t<sup>[3]</sup>。但自 20 世纪 60 年 代末以来,由于过度捕捞和生态环境破坏等原因, 白斑狗鱼的天然捕捞量急剧下降,至 1999 年为 15 t<sup>[3]</sup>,2006 年下降至 7.5 t<sup>[4]</sup>。与此同时,其他国家 也报道了白斑狗鱼群体数量急剧下降的情况<sup>[5-6]</sup>。 为保护白斑狗鱼的遗传资源,急需开展其群体的 遗传结构研究。

有关研究表明,在欧洲和北美地区的白斑狗 鱼存在较低的遗传多样性<sup>[1-2, 7-12]</sup>。而在中国,仅 李思发等<sup>[13]</sup>对白斑狗鱼与黑斑狗鱼(*Esox reicherti*) 的分子遗传结构进行了初步研究。因此调查和研 文章编号:1005-8737-(2011)03-0531-06

究中国白斑狗鱼群体的遗传变异,对于其资源保 护与利用有着十分重要的意义。

本研究采用微卫星分子标记,对 3 个中国新 疆额尔齐斯河流域白斑狗鱼群体与 1 个匈牙利巴 拉顿湖白斑狗鱼群体的遗传变异与亲缘关系进行 分析,以期了解中国白斑狗鱼代表性群体的遗传 多样性,并初步探讨它们与欧洲群体的遗传差异, 为中国白斑狗鱼的遗传资源保护与利用提供资料。

1 材料与方法

# 1.1 样本采集和 DNA 提取

3 个中国白斑狗鱼群体样本于 2004 年分别采 自新疆福海县的乌伦古湖(26 尾)、吉力湖(21 尾) 和新疆生产建设兵团农十师 183 团的 6 号湖(21 尾)。乌伦古湖和吉力湖是中国白斑狗鱼的 2 个主 要栖息地,而 183 团的 6 号湖是 1 个新的养殖区, 其白斑狗鱼的来源情况尚不清楚。欧洲白斑狗鱼

收稿日期: 2010-07-23; 修订日期: 2010-09-20.

基金项目:新疆生产建设兵团项目(2006GG18);上海市科委支援西部项目(09325800700).

作者简介:王军(1984-),男,硕士研究生,主要从事水产动物种质资源与遗传育种研究.

通信作者: 王成辉, 博士, 教授. E-mail: wangch@shou.edu.cn

群体样本于 2003 年采自匈牙利的巴拉顿湖(25 尾)。每尾鱼剪取部分尾鳍保存在 95%的酒精中, DNA的提取采用传统的酚-氯仿抽提法<sup>[14]</sup>。

# 1.2 微卫星标记的 PCR 扩增

实验所用的 18 对微卫星引物由本实验室自 行开发(NCBI序列号: GQ358204-GQ358222)。 PCR反应体系为: DNA模板(20 ng/µL)1µL, PCR buffer (0.2 µmol/L dNTPs, 1.5 µmol/L MgCl<sub>2</sub>, 0.5 µmol/L *Taq* DNA聚合酶) 5 µL, 引物(0.5 µmol/L) 1 µL, 去离子水 3 µL。PCR反应程序为: 94 ℃变性 5 min; 94 ℃ 30 s, (56~62) ℃退火 30 s, 72 ℃延伸 30 s, 35 个循环; 最后 72 ℃延伸 10 min。PCR产物利用德 国Qiagen公司生产的遗传分析系统进行检测。

#### 1.3 数据分析

首先用CREATE<sup>[15]</sup> 软件将微卫星基因型数 据转换成FSTAT2.9.4<sup>[16]</sup>, GENEPOP3.4<sup>[17]</sup>, Arlequin3.1<sup>[18]</sup>, Bottleneck<sup>[19]</sup>软件所要求的数据格式。

利用FSTAT2.9.4 软件计算群体观测杂合度 ( $H_0$ )、期望杂合度( $H_E$ )、等位基因丰富度( $A_R$ )和近 交系数( $F_{IS}$ )。用GENEPOP软件进行每个群体每个 位点的哈迪-温伯格平衡检验。用Arlequin软件进 行群体间的遗传分化指数( $F_{ST}$ )和分子方差分析 (AMOVA)。利用POPULATIONS软件(http:// bioinformatics.org/~tryphon/populations/)计算群体间的 遗传距离并构建NJ系统聚类树。用Bottleneck软件 中的 2 种模型——Two-phase Mutation模型 (SMM)和Stepwise Mutation模型(TPM)检测群体 的瓶颈效应。用GENALEX 6.1<sup>[20]</sup>软件进行各群体 遗传差异的主成分分析。用STRUCTURE 2.2<sup>[21]</sup>软 件进行群体中各个体的遗传聚类分析, 推断各样本 分属某个群体的最大概率。

# 2 结果与分析

#### 2.1 群体内遗传变异

18 对微卫星引物在 4 个群体中共扩增出 138 个等位基因,平均每个位点的等位基因数为 7.67。在国内 3 个群体中,乌伦古湖群体的平均等 位基因丰富度( $A_{\rm R}$ )、平均观测杂合度( $H_{\rm O}$ )和平均期 望杂合度( $H_{\rm E}$ )最高,平均近交系数( $F_{\rm IS}$ )最低(表 1), 但这些指标在 3 个群体中均不存在显著差异 (P>0.05)。匈牙利巴拉顿湖群体的平均等位基因丰 富度( $A_{\rm R}$ )、平均观测杂合度( $H_{\rm O}$ )和平均期望杂合度 ( $H_{\rm E}$ )均显著高于中国群体(P<0.05),但中国群体 和匈牙利群体的平均近交系数( $F_{\rm IS}$ )不存在显著差 异(P>0.05)。

利用 Bottleneck 软件中的 TPM 和 SMM 2 种 模型进行的瓶颈效应检测表明,中国群体中仅新 疆6号湖群体在 TPM 模型下检测到显著的瓶颈效 应(*P*<0.05),而匈牙利群体在 2 种模型下均检测 到显著的瓶颈效应(表 1)。

#### 2.2 群体间遗传变异

AMOVA 分析表明, 4 个群体的遗传变异主要存在个体内, 而群体间的遗传变异只占总变异量的 17.86%(表 2)。中国群体与匈牙利群体间的遗传变异虽达到总变异量的 22.21%, 但不存在显著的组间差异(*P*>0.05), 进一步表明白斑狗鱼的遗

群体 population	遗传变异参数 genetic variation parameter						
	A <sub>R</sub>	$H_{\rm O}$	$H_{ m E}$	$F_{\rm IS}$	$P_{\rm B(TPM)}$	$P_{\rm B(SMM)}$	
吉力湖 Jili Lake	4.111	0.437	0.563	0.229	0.932	0.393	
6 号湖 No.6 Lake	4.000	0.402	0.566	0.295	0.040	0.284	
乌伦古湖 Ulungur Lake	4.226	0.462	0.594	0.226	0.324	0.865	
巴拉顿湖 Balaton Lake	5.845	0.513	0.712	0.283	0.000	0.003	

表 1 4 个白斑狗鱼群体的遗传变异参数 Tab.1 Genetic variation parameters in the four *Esox lucius* populations

注:  $A_{\text{R}}$ 为平均等位基因丰富度;  $H_{0}$ 为平均观测杂合度;  $H_{\text{E}}$ 为平均期望杂合度;  $F_{\text{IS}}$ 为近交系数;  $P_{\text{B(TPM)}}$ 为TPM模型检测瓶颈效应的P值;  $P_{\text{B(SMM)}}$ 为SMM模型检测瓶颈效应的P值.

Note:  $A_R$  means allelic richness;  $H_O$  means observed heterozygosity;  $H_E$  means expected heterozygosity;  $F_{1S}$  means inbreeding coefficient;  $P_{B(TPM)}$  means P value of bottleneck effect under two-phase mutation model;  $P_{B(SMM)}$  means P value of bottleneck effect under stepwise mutation model.

传变异主要来自于群体内不同个体间的差异。

群体间两两比较的遗传分化指数(*F*<sub>ST</sub>)均存在 显著差异,尤其是中国群体与匈牙利群体的遗传 分化更为明显(表 3)。群体间的Nei氏遗传距离也 表明了中国白斑狗鱼群体与匈牙利白斑狗鱼群体 的显著遗传分化。利用POPULATIONS软件构建 的群体间NJ树表明,乌伦古湖和 6 号湖群体的亲 缘关系最近,匈牙利群体与中国群体的遗传关系 较远(图 1)。

## 2.3 群体间遗传关系与差异

用 GENALEX 6.1 软件进行主成分分析表明 (图 2),中国的 3 个白斑狗鱼群体与匈牙利群体存 在明显的遗传差异。主成分 1(PC1)和主成分 2(PC2) 解释了总遗传变异的 67.03%,主成分 2(PC2)和主 成分 3(PC3)解释了总遗传变异的 58.17%。主成分 分析结果还进一步显示了 6 号湖与乌伦古湖群体 存在较大重叠区,表明它们的遗传关系最近。

利用 Structure 软件中的贝叶斯聚类法分析不 同群体个体间的遗传聚类关系,聚类数值(K)设定 为从 2 至 4 进行分析。结果表明在 K = 2 和 K = 3时,匈牙利群体的全部个体聚类于匈牙利群体内, 与中国 3 个群体存在明显差异;当 K = 4 时,吉力 湖群体、乌伦古湖和 6 号湖群体、匈牙利群体分 别聚为明显的 3 类(图 3),。此结果进一步证明 6 号湖群体来源于乌伦古湖群体,而非吉力湖群体。

# 3 讨论

在中国, 白斑狗鱼仅分布于新疆的额尔齐斯 河流域<sup>[3]</sup>, 是一种经济价值较高的冷水性鱼类, 具有较为重要的学术研究价值(如生物演化和种 群扩张研究等)。近年来由于过度捕捞以及生存环 境破坏等原因, 造成其自然资源的急剧下降, 年

Tudi2 Multipli of molecular variance for the four 2500 actions populations						
分组方式	变异来源	自由度	占总变异的百分比/%	固定指数	P 值	
group mode	source of variation	df	percentage of variation	fixation index	P value	
按群体 in term of population	不同群体间	3	17.86	$F_{\rm ST} = 0.1786$	< 0.001	
	among populations 群体内不同个体间			51	<0.001	
	among individuals within populations	89	21.28	$F_{\rm IS} = 0.2591$		
	个体内 within individuals	93	60.86	$F_{\rm IT} = 0.3914$	< 0.001	
	两国家间					
	between countries	1	22.21	$F_{\rm CT} = 0.2222$	=0.260	
	国家内不同群体间	2	4.52	E _0.0592	< 0.001	
按国家	among populations within countries	3	4.55	$F_{\rm SC} = 0.0585$		
in term of country	群体内不同个体间		20.95			
	among individuals	89		$F_{\rm IS} = 0.2860$	< 0.001	
	within populations 个体内	02	52.20		<0.001	
	within individuals	93	52.30	$F_{\rm IT} = 0.4770$	<0.001	

表 2 4 个白斑狗鱼群体的分子方差分析 Tab.2 Analysis of molecular variance for the four *Esox lucius* populations

表 3 4 个白斑狗鱼群体间的遗传分化指数F<sub>ST</sub>(左下角)和Nei氏无偏遗传距离(右上角)

Tab.3	Pairwise F <sub>ST</sub> values (below diagonal) and Nei's unbiased genetic distances (above diagonal) between the four Esox
	<i>lucius</i> populations

		1 1		
群体	吉力湖	6号湖	乌伦古湖	巴拉顿湖
group	Jili Lake	No.6 Lake	Ulungur Lake	Balaton Lake
吉力湖 Jili Lake		0.1291	0.0886	0.5176
6 号湖 No.6 Lake	0.0999**		0.0736	0.5207
乌伦古湖 Ulungur Lake	0.0682**	0.0426**		0.4900
巴拉顿湖 Balaton Lake	0.2727**	0.2552**	0.2438**	

注:\*\*表示两群体间的遗传分化极显著(P<0.01).

Note: \*\* represents extremely significant genetic differentiation between populations (P<0.01).













产量由 20 世纪 60 年代的 120 t下降至 2006 年的 7.5 t<sup>[3-4]</sup>。因此, 迫切需要对白斑狗鱼遗传资源进 行评估, 了解其种群的遗传多样性状况, 从而为 白斑狗鱼资源的保护、恢复和可持续利用提供理 论依据和基础资料。

基因杂合度表示群体中某座位为杂合子的比 例,是度量群体遗传变异的最适参数<sup>[22]</sup>。位点平 均杂合度近似反映遗传结构变异程度的高低,杂 合度越大, 变异越大, 遗传多样性越高, 对环境 适应能力越强<sup>[23]</sup>。目前,国外许多作者利用不同 的分子标记均报道了白斑狗鱼群体具有较低的遗 传多样性<sup>[1-2, 7-8, 10-12, 24]</sup>。本研究的结果与之相符、 即 4 个白斑狗鱼群体都呈现出较低的杂合度, 如 3个中国群体的平均观测杂合度均低于 0.5、匈牙 利群体的平均观测杂合度也仅为 0.513(表 1)。中 国白斑狗鱼较低的遗传多样性可能与其在中国分 布区较小有关(仅自然分布于新疆北部的额尔齐 斯河流域)。从白斑狗鱼在欧亚大陆的分布区看, 中国额尔齐斯河流域是白斑狗鱼在欧亚大陆向东 分布的边缘区,中国白斑狗鱼群体的遗传多样性 低于匈牙利群体可能是受到了其种群扩张历史的 影响。中国 3 个白斑狗鱼群体的平均观测杂合度 均低于其平均期望杂合度、表明 3 个群体中纯合 子个体所占的比例较大,本研究中观测到中国新 疆群体间遗传近交系数为 0.226~0.295, 表明存在







着一定程度的近交现象<sup>[25]</sup>。这可能是由于 20 世纪 60 年代以来白斑狗鱼的资源量急剧下降造成的,并且近交进一步造成其遗传多样性的降低。

遗传分化指数(F<sub>ST</sub>)是反映群体间遗传差异大 小的一项指标。Weight<sup>[26]</sup>指出: F<sub>ST</sub>在 0~0.05 说明 群体间的遗传差异很小; Fst在 0.05~0.15 说明群 体间存在中等程度的遗传差异; F<sub>ST</sub>在 0.15~0.25 说明群体间的遗传差异较大; F<sub>ST</sub>>0.25 说明群体 间的遗传差异很大。本研究的结果表明,中国白 斑狗鱼群体与匈牙利群体间遗传差异很大(Fst= 0.243 8~0.2727, 表 3), 而中国新疆 6 号湖群体与 乌伦古湖群体的遗传差异很小( $F_{ST}$ =0.0426,表 3), 吉力湖群体与乌伦古湖、6 号湖群体具有中等程 度的遗传差异(F<sub>ST</sub>=0.0682~0.0999、表3)。中国白 斑狗鱼群体与匈牙利群体间存在较大的遗传距离 (表3)。构建的NJ系统聚类树(图1)、主成分分析(图 2)和遗传聚类分析(图 3)的结果均表明中国的白 斑狗鱼群体与匈牙利群体间存在显著的遗传分化, 而 3 个中国白斑狗鱼群体间的遗传分化要相对小 得多。匈牙利群体表现出较高的近交系数和显著 的瓶颈效应、可以推测匈牙利巴拉顿湖群体可能 来源于一个由较少个体组成的奠基群体、然而关 于匈牙利巴拉顿湖白斑狗鱼群体的来源及种群历 史仍需作进一步的深入研究。令人感兴趣的是, 中国白斑狗鱼群体虽然表现了更低的遗传多样性、 然而除新疆 6 号湖外,均未检测到显著的遗传瓶 颈信号、结合AMOVA分析显示的个体间存在较 大的遗传变异、推测中国白斑狗鱼群体可能存在 较为广泛的遗传背景和多样的遗传组成。因而尚 需对中国白斑狗鱼群体的遗传来源和构成作进一 步的分析。

新疆 6 号湖是中国白斑狗鱼一个新的栖息地, 而关于 6 号湖白斑狗鱼群体的来源未有任何研 究。本研究的 NJ 系统聚类树(图 1)、主成分分析(图 2)和遗传聚类分析(*K*=4, 图 3)结果,均表明 6 号 湖群体和乌伦古湖群体的亲缘关系最近,两群体 间的遗传差异和分化很小,由此推测 6 号湖白斑 狗鱼的原始奠基群体可能来源于乌伦古湖而非吉 力湖。该群体与乌伦古湖、吉力湖群体相比,遗 传变异更低,这可能是由引入时个体数量少,存 在奠基者效应以及遗传漂变等原因造成的。

本研究利用微卫星标记分析了中国白斑狗鱼 群体的遗传结构并与匈牙利白斑狗鱼群体进行了 比较,该研究结果在一定程度上反映了中国白斑 狗鱼的遗传资源现状。但关于中国白斑狗鱼群体 的遗传组成、群体扩张等仍需要进行更深层次的 研究分析(如更广泛的采样,更多分析方法和手段 等),从而为中国白斑狗鱼的种质资源保护提供更 坚实的理论依据。

#### 参考文献:

- Jacobsen B H, Hansen M M, Loeschcke V. Microsatellite DNA analysis of northern pike (*Esox lucius* L.) populations: insights into the genetic structure and demographic history of a genetically depauperate species[J]. Biol J Linn Soc, 2005, 84(1): 91–101.
- [2] Lucentini L, Palomba A, Lancioni H, et al. Microsatellite polymorphism in Italian populations of northern pike (*Esox lucius* L.) [J]. Fish Res (Amsterdam), 2006, 80(2-3): 251–262.
- [3] 任慕莲, 郭焱, 张人铭, 等. 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: 80–87.
- [4] 霍堂斌,马波,唐富江,等.额尔齐斯河白斑狗鱼的生长 模型和生活史类型[J].中国水产科学,2009,16(3): 316–322.
- [5] Lorenzoni M, Corboli M, Dörr A J M, et al. The growth of pike (*Esox lucius* Linnaeus, 1798) in Lake Trasimeno (Umbria, Italy) [J]. Fish Res, 2002, 59: 239–246.
- [6] Launey S, Krieg F, Morin J, et al. Five new microsatellite markers for Northern pike (*Esox lucius*) [J]. Mol Ecol Notes, 2003, 3(3): 366–368.
- [7] Lucentini L, Palomba A, Gigliarelli L, et al. Temporal changes and effective population size of an Italian isolated and supportive-breeding managed northern pike (*Esox lucius*) population [J]. Fish Res, 2009, 96: 139–147.
- [8] Laikre L, Miller L M, Palme A, et al. Spatial genetic structure of northern pike (*Esox lucius*) in the Baltic Sea [J]. Mol Ecol, 2005, 14(7): 1955–1964.
- [9] Nicod J C, Wang Y Z, Excoffier L. Low levels of mitochondrial DNA variation among central and southern European *Esox lucius* populations [J]. J Fish Biol, 2004, 64: 1442–1449.
- [10] Senanan W, Kapuscinski A R. Genetic relationships among populations of northern pike (*Esox lucius*) [J]. Can J Fish Aquat Sci, 2000, 57(2): 391–404.

- [11] Hansen M M, Taggart J B, Meldrup D. Development of new VNTR markers for pike and assessment of variability at diand tetranucleotide repeat microsatellite loci [J]. J Fish Biol, 1999, 55: 183–185.
- [12] Miller L M, Kapuscinski A R. Historical analysis of genetic variation reveals low effective population size in a northern pike (*Esox lucius*) population [J]. Genetics, 1997, 147(3): 1249–1258.
- [13] 李思发,乔德亮,凌去非,等.白斑狗鱼和黑斑狗鱼遗传 关系初步研究[J].上海水产大学学报,2004,13(2):97– 102.
- [14] 萨姆布鲁克 J, 拉塞尔 D W. 分子克隆实验指南 [M]. 第 3 版. 黄培堂, 等译. 北京: 科学出版社, 2002.
- [15] Coombs J A, Letcher B H, Nislow K H. CREATE 1.0 -Software to create and convert codominant molecular data[CP/OL]. 2007. http://www.lsc.usgs.gov/CAFL/Ecology/ Ecology/html
- [16] Goudet J. FSTAT (version 1.2): a computer program to calculate F-statistics [J]. J Hered, 1995, 86(6): 485–486.
- [17] Raymond M, Rousset F. GENEPOP (version 1.2): Population genetics software for exact tests and ecumenicism [J]. J Hered, 1995, 86: 248–249.
- [18] Schneider S, Roessli D, Excoffier L. Arlequin(version 3.0): a software for population genetics data analysis[J]. Evol

Bioinform Online, 2005,1 47-50.

- [19] Cornuet J, Luikart G. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data [J]. Genetics, 1996, 144: 2001–2014.
- [20] Peakall R, Smouse P E. genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research [J]. Mol Ecol Notes, 2006, 6(1): 288–295.
- [21] Pritchard J K, Stephens M, Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data[J]. Genetics, 2000, 155: 945–959.
- [22] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individual [J]. Genetics, 1978, 89: 583–590.
- [23] 王长忠,梁宏伟,邹桂伟,等.长江中上游两个鲢群体遗 传变异的微卫星分析[J].遗传,2008,30(10):1341–1348.
- [24] Brzuzan P, Luczynski M, Kuzniar P A. Mitochondrial DNA variation in two samples of northern pike, *Esox lucius* L. [J]. Aquac Res, 1998, 29: 521–526.
- [25] 朱晓东, 耿波, 李娇, 等. 利用30 个微卫星标记分析长江 中下游鲢群体的遗传多样性[J]. 遗传, 2007, 29(6): 705–713.
- [26] Weight S. Evolution and the genetics of population variability within and among natural population[M]. Chicago: University of Chicago Press, 1978: 4.

# Genetic variability analysis of Chinese and Hungarian northern pike (*Esox lucius* L.) based on microsatellite markers

WANG Jun<sup>1</sup>, WU Huixian<sup>1</sup>, YANG Xinxin<sup>1</sup>, MA Yuqing<sup>1</sup>, QIAN Long<sup>2</sup>, LI Sifa<sup>1</sup>, WANG Chenghui<sup>1</sup>

- 1. Key Laboratory of Aquatic Genetic Resources and Utilization, Ministry of Agriculture; Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China;
- 2. Fisheries Technology Extension Station, Xinjiang Production and Construction Corps, Urumqi 830002, China

**Abstract:** Genetic variability of northern pike (*Esox lucius* L.) was investigated in three populations (Ulungur Lake, Jili Lake and No.6 Lake) in Xingjiang, China and one population (Balaton Lake) in Hungary by using 18 microsatellite markers. The results indicated that the mean allele richness ( $A_R$ ), mean observed heterozygosity ( $H_O$ ) and expected heterozygosity ( $H_E$ ) of the Chinese populations were significantly lower than those of the Hungarian population (P<0.05), whereas the mean inbreeding coefficient ( $F_{IS}$ ) of the Hungarian population was higher than that of the Chinese populations. Significant bottleneck signal was detected from Hungarian population by using SMM and TPM model (P<0.001). Analysis of molecular variance and pairwise  $F_{ST}$  values indicated that there was distinct genetic difference between Chinese and Hungarian populations (P<0.01). The results of Neighbour-joining tree, Principal Coordinate Analysis (PCA) further confirmed that there was obvious genetic difference between Chinese introduced from the Ulungur Lake rather than from the Jili Lake.

Key words: Esox lucius L.; microsatellite; genetic structure; bottleneck effect