

基于 *COI* 部分序列探讨南海鲷属鱼类系统进化与种群遗传结构

孙 鹏, 尹 飞, 施兆鸿, 彭士明

(中国水产科学研究院 东海水产研究所, 农业部海洋与河口渔业资源及生态重点开放实验室, 上海 200090)

摘要: 利用线粒体细胞色素 *c* 氧化酶 I 亚基(*COI*)部分序列研究了南海区鲷属鱼类(*Pampus*)银鲷(*P. argenteus*)、珍鲷(*P. minor*)和中国鲷(*P. chinensis*)的系统进化与种群遗传结构。通过 PCR 扩增与序列测定获得了长度为 643 bp 的 *COI* 基因片段, 其 A、T、G、C 碱基的平均含量分别为 25.4%、33.6%、18.9% 和 22.1%, A+T 含量高于 G+C 含量。64 条序列共定义了 20 种单倍型, 包含 152 个变异位点, 简约信息位点 148 个, 单变异位点 4 个, 产生 169 个点突变。结果表明, 银鲷与中国鲷的遗传差异最小, 银鲷与珍鲷的其次, 而珍鲷与中国鲷的遗传差异最大, 3 种鲷属鱼类的遗传多样性均呈现较低的水平, 应采取有效的保护措施, 以避免其遗传多样性水平的进一步丧失。本研究结果为鲷属鱼类资源保护和合理开发利用提供必要的参考。

关键词: 鲷属鱼类(*Pampus*); 细胞色素 *c* 氧化酶亚基 I (*COI*); 序列变异; 系统进化

中图分类号: Q347 文献标识码: A 文章编号: 1000-3096(2012)06-0015-07

鲷属(*Pampus*)鱼类属于硬骨鱼纲(Osteichthyes), 鲈形目(Perciformes), 鲷科(Stromateidae), 为近海暖水性中下层鱼类。它广泛地分布于中国沿海、印度洋、太平洋沿岸, 由于其具有很高的营养价值和经济价值, 深受消费者青睐, 是中国沿海重要的经济鱼类^[1]。过去, 中国分类学家曾将中国海区的鲷属鱼类分成 3 类^[2-3], 即银鲷(*P. argenteus*)、灰鲷(*P. cinereus*)和中国鲷(*P. chinensis*)。而刘静等^[4-5]则建议将中国的鲷属鱼类分为 5 类, 即: 银鲷、灰鲷、中国鲷、珍鲷(*P. minor*)和翎鲷(*P. punctatissimus*)。在 5 种鲷鱼中, 灰鲷和翎鲷在中国东海区较多, 而在南海区较为少见; 银鲷广泛地分布于中国各沿海地区; 中国鲷分布于台湾海峡中南部至南海北部沿海, 在中国福建龙江、厦门以南至广东、广西和海南沿海很常见; 珍鲷仅分布于南海北部和台湾海峡南部大陆沿岸, 最北分布到福建厦门一带, 是广东、广西以及海南岛沿海常见的种类^[5]。因此, 银鲷、中国鲷和珍鲷属于中国南海区主要的鲷属鱼类渔获对象。

南海是世界上海洋动物区系最具多样性的海区之一, 中国在南海的渔业活动主要在南海北部大陆架和北部湾。研究表明, 南海北部海域渔业资源均处于过度开发状态, 受捕捞压力和生态环境变化的影

响, 渔业资源的优势种群出现明显的变化^[6-7]。迄今为止, 有关南海区鲷属鱼类资源的种群结构和遗传背景等方面的研究较少。目前, 仅在银鲷中见到种群遗传多样性方面的报道^[8-9], 而有关中国鲷和珍鲷遗传背景与种群动态的研究至今尚未见到。细胞色素 *c* 氧化酶亚基 (cytochrome *c* oxidase subunit, *COI*) 序列进化速度较快, 其不仅适合于种群水平遗传多样性的检测, 也可用于种间分析。目前, 已被广泛应用于物种的分子系统学和种群遗传学研究中。例如, 冯建彬等^[10]利用 *COI* 序列对中国五大淡水湖日本沼虾群体进行了分析, 发现群体间具有较高的遗传分化; 毕潇潇等^[11]利用 *COI* 等基因序列分析了 4 种鳊鱼的系统进化; 彭士明等^[12]利用线粒体控制区与 *COI* 基因序列比较了养殖银鲷与野生银鲷群体的遗传变异情况。本研究通过对南海区鲷属鱼类——银鲷、珍鲷和中国鲷群体的 mtDNA *COI* 序列片段进行

收稿日期: 2011-03-03; 修回日期: 2011-04-11

基金项目: 国家科技支撑项目(2011BAD13B01); 上海市农委重点项目(沪农科攻字 20074-1); 中央级公益性科研院所基本科研业务费项目(东 2009M05, 东 2009M08)

作者简介: 孙鹏(1980-), 男, 山东枣庄人, 助理研究员, 博士; 主要从事海水鱼类繁殖发育与种群遗传学研究, E-mail: sunpeng1128@163.com; 施兆鸿, 通信作者, E-mail: shizhh@hotmail.com

扩增与测序分析,比较了 3 种鲳属鱼类的遗传变异、系统进化、种群遗传结构与遗传多样性水平,以期为中国南海区鲳属鱼类资源的研究、保护及合理开发利用提供科学依据。

1 材料与方 法

1.1 实验材料

实验所用鲳鱼样品共 64 尾,其中包括银鲳个体 20 尾,珍鲳个体 23 尾,中国鲳个体 21 尾,所有样品均采自于海南琼海附近海域,平均叉长分别为 21.8 cm±5.2 cm、17.1 cm±3.7 cm 和 23.6 cm±6.9 cm。取其背部肌肉组织保存于 -20℃ 保存备用。

1.2 基因组 DNA 提取、COI 基因片段扩增与测序

取样品肌肉 100 mg 左右,采用常规的酚-氯仿法提取基因组 DNA^[13],并于 -20℃ 下保存备用。扩增所用引物采用 COI a: AGT ATA AGC GTC TGG GTA GTC 和 COI f: CCT GCA GGA GGA GGA GAY CC^[14]。PCR 总反应体积为 50 μL,反应体系为: 10×PCR buffer 5.0 μL, Mg²⁺终浓度为 2.0 mmol/L, 两条引物(10 μmol/L)各 2 μL, dNTPs (各 2.5 mmol/L) 4μL, Taq 酶(TaKaRa, 5 U/μL)0.4 μL, 模板 2.0 μL, 最后以 ddH₂O 补足体积。反应程序为: 94℃ 预变性 5 min; 94℃ 变性 30 s; 52℃ 退火 30 s; 72℃ 延伸 45 s, 共 30 个循环; 最后 72℃ 延伸 10 min。

PCR 扩增产物经 1.0%琼脂糖凝胶电泳分离后,用 UNIQ-10 柱式 DNA 胶回收试剂盒(上海华舜)纯化,送至上海桑尼生物技术有限公司进行序列测定,测序仪为 ABI 3730 基因分析仪。

1.3 数据分析

测序结果采用 Clustal X 1.81^[15]进行比对,并辅以人工校对。用 DNASP 4.0^[16]计算(haplotype diversity, h)、核苷酸多样性(nucleotide diversity, Pi)、简约信息位点(parsimony informative sites)数。用 MEGA 4.0^[17]分析不同序列的碱基组成、变异位点、核苷酸差异等,计算个体间的遗传距离,并采用邻接法(Neighbor-joining method, NJ)基于 Kimura 双参数模型(Kimura 2-parameter, K2P)构建单倍型系统树,以中间低鳍鲳(*Peprilus medius*)(Genbank 号: AB205449)作为外群,进化树中节点的自举置信度水平由自引导值(Bootstrap value)估计,重复次数为 1 000。

2 结果

2.1 3 种鲳属鱼类 COI 基因片段的序列特征

对 3 种鲳属鱼类 COI 基因片段进行测序,经过人工校正和序列比对,获得 64 条长度为 643 bp 的 3 种鲳属鱼类 COI 基因同源序列(Genbank 号: JF790260~JF790279)。64 条 COI 序列共定义了 20 个单倍型,检测到 152 个核苷酸变异位点(图 1)(占总位点数的 23.6%),产生 169 个点突变。其中,包含简约信息位点 148 个,单一位点 4 个,没有碱基的插入/缺失。序列中共发生 53 个转换(transition)和 15 个颠换(transversion),转换与颠换的比值为 3.64。

3 种鲳属鱼类的 A、T、G 和 C 百分含量依次为 25.4%、33.6%、18.9%和 22.1%,A+T 的含量(59.0%)明显高于 G+C 的含量(41.0%),而 3 种鲳属鱼类的碱基组成相似,物种之间无明显差异(表 1)。碱基使用频率比较发现,密码子中 4 种碱基出现频率具有较大的差别,其中变化最大的是 G,序列第 1、2、3 位点的 G 平均含量在银鲳中分别为 32.1%、16.4%和 8.9%,在珍鲳中分别为 31.2%、16.8%和 7.4%,在中国鲳中分别为 33.0%、16.8%和 7.1%。

2.2 南海区 3 种鲳属鱼类种群遗传结构

3 种鲳属鱼类各单倍型之间的遗传距离见表 2。在 3 种鲳属鱼类中,珍鲳与中国鲳单倍型之间的遗传距离为 0.1904~0.2015,平均为 0.1975±0.0189,遗传差异最大;珍鲳与银鲳的遗传距离为 0.1806~0.1892,平均为 0.1856±0.0185,遗传差异程度次之;银鲳与中国鲳遗传距离为 0.1719~0.1871,平均为 0.1787±0.0176,遗传差异最小。采用邻接法基于双参数模型构建的系统树如图 2 所示,中间低鳍鲳(*Peprilus medius*)作为外群。3 种鲳属鱼类的 20 个单倍型被分为 3 支,其中银鲳与中国鲳两种首先聚为一支,然后再与珍鲳聚在一起。结果表明,银鲳与中国鲳的亲缘关系较近,而与珍鲳的遗传关系较远。在图 2 中,Bootstrap 置信度较高,特别是在 3 种鲳属鱼类的分支上,均达到 100%。

2.3 南海区 3 种鲳属鱼类种群遗传多样性

3 种鲳属鱼类的单倍型多样性(h)与核苷酸多样性(Pi)水平见表 3 所示。20 种单倍型中包括银鲳单倍型 3 个、珍鲳单倍型 7 个和中国鲳单倍型 10 个。其中中国鲳的单倍型多样性和核苷酸多样性水平均为

最高(0.890 和 0.00491), 而银鲳的遗传多样性水平最低(0.195 和 0.00062), 但 3 种鲳属鱼类的遗传多样性水平均处于较低的水平。Fu and Li's D 和 Tajima's D 中性检验由 DNASP 4.0 软件进行, 在银鲳群体中 Fu and Li's D 值为 -2.62685 ($P < 0.05$), 珍鲳中为 $D =$

-1.31246 ($P > 0.05$), 中国鲳中为 $D = -0.19574$ ($P > 0.05$); 银鲳种群的 Tajima's D 中性检验结果为 $D = -1.86788$ ($P < 0.05$), 珍鲳中为 $D = -1.35615$ ($P > 0.05$), 中国鲳中为 $D = 0.86993$ ($P > 0.05$), 表明南海区银鲳群体经历了种群扩张现象。

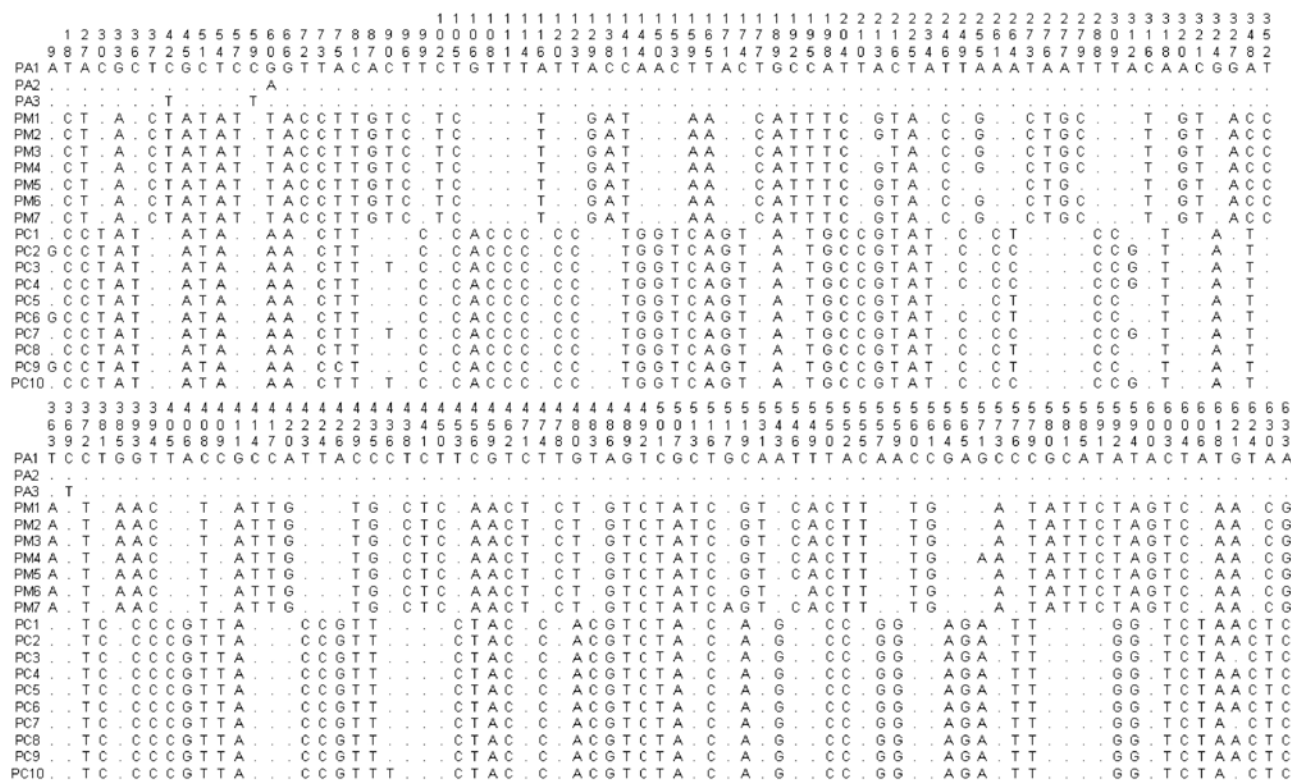


图 1 3 种鲳属鱼类 COI 序列的变异位点分布

Fig. 1 Variable sites of mitochondrial COI sequences in three Pampus species

PA. 银鲳; PC. 中国鲳; PM. 珍鲳

PA. *Pampus argenteus*; PC. *Pampus chinensis*; PM. *Pampus minor*

表 1 3 种鲳属鱼类 COI 基因序列碱基组成

Tab. 1 Nucleotide frequencies of COI sequences in three Pampus species

物种	碱基比例(%)					
	A	T	G	C	A+T	G+C
银鲳(<i>P. argenteus</i>)	25.5	33.6	19.1	21.8	59.1	40.9
珍鲳(<i>P. minor</i>)	26.0	34.9	18.6	20.5	60.9	39.1
中国鲳(<i>P. chinensis</i>)	24.6	32.3	19.0	24.1	56.9	43.1
平均	25.4	33.6	18.9	22.1	59.0	41.0

3 讨论

3.1 鲳属鱼类的系统进化关系

本研究通过线粒体 COI 基因片段研究了中国南海区银鲳、珍鲳和中国鲳等 3 种鲳属鱼类的系统分化与种群遗传结构。其中, 中国鲳与银鲳的遗传差异

较小, 而珍鲳属于较早分化出来的物种, 与中国鲳和银鲳的亲缘关系较远, 3 种鲳属鱼类均达到了种的分化程度。而银鲳、珍鲳和中国鲳的种内遗传距离分别为 0.0042、0.0034 和 0.0056, 远小于 0.10 的种内差异范围^[18], 表明南海区的 3 种鲳属鱼类均未构成亚种的分化。

表 2 3 种鲮属鱼类各单倍型之间的遗传距离

Tab. 2 Genetic distances among haplotypes of three *Pumpus* species based on Kimura 2-parameter method

	PA1	A2	PA3	PM1	PM2	PM3	PM4	PM5	PM6	PM7	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9	PC10
PA1		0.0015	0.0027	0.0191	0.0192	0.0189	0.0190	0.0185	0.0192	0.0191	0.0186	0.0190	0.0186	0.0189	0.0182	0.0187	0.0188	0.0183	0.0187	0.0189
PA2	0.0016		0.0030	0.0191	0.0192	0.0189	0.0190	0.0185	0.0192	0.0191	0.0185	0.0189	0.0185	0.0188	0.0181	0.0186	0.0187	0.0182	0.0186	0.0188
PA3	0.0047	0.0063		0.0193	0.0195	0.0191	0.0192	0.0187	0.0194	0.0194	0.0191	0.0195	0.0191	0.0194	0.0187	0.0192	0.0193	0.0188	0.0192	0.0194
PM1	0.1848	0.1848	0.1870		0.0015	0.0015	0.0015	0.0022	0.0021	0.0015	0.0195	0.0197	0.0196	0.0196	0.0192	0.0197	0.0197	0.0194	0.0198	0.0200
PM2	0.1870	0.1870	0.1892	0.0016		0.0022	0.0021	0.0026	0.0015	0.0022	0.0194	0.0196	0.0197	0.0195	0.0191	0.0195	0.0196	0.0195	0.0197	0.0201
PM3	0.1827	0.1827	0.1848	0.0016	0.0031		0.0021	0.0027	0.0026	0.0022	0.0197	0.0200	0.0198	0.0198	0.0195	0.0199	0.0200	0.0196	0.0200	0.0202
PM4	0.1870	0.1870	0.1892	0.0016	0.0031	0.0031		0.0026	0.0026	0.0022	0.0195	0.0197	0.0196	0.0196	0.0192	0.0197	0.0197	0.0194	0.0198	0.0200
PM5	0.1806	0.1806	0.1827	0.0031	0.0047	0.0047	0.0047		0.0030	0.0025	0.0192	0.0194	0.0192	0.0192	0.0189	0.0193	0.0193	0.0190	0.0195	0.0196
PM6	0.1848	0.1848	0.1870	0.0031	0.0016	0.0047	0.0047	0.0063		0.0026	0.0193	0.0195	0.0196	0.0194	0.0190	0.0194	0.0195	0.0194	0.0195	0.0200
PM7	0.1870	0.1870	0.1892	0.0016	0.0031	0.0031	0.0031	0.0047	0.0047		0.0196	0.0199	0.0197	0.0197	0.0193	0.0198	0.0198	0.0195	0.0199	0.0201
PC1	0.1762	0.1741	0.1827	0.1970	0.1948	0.1992	0.1948	0.1926	0.1926	0.1992		0.0025	0.0034	0.0021	0.0015	0.0016	0.0030	0.0015	0.0021	0.0036
PC2	0.1805	0.1784	0.1871	0.2015	0.1992	0.2037	0.1992	0.1970	0.1970	0.2037	0.0047		0.0031	0.0016	0.0030	0.0021	0.0027	0.0029	0.0025	0.0035
PC3	0.1762	0.1741	0.1827	0.1970	0.1992	0.1992	0.1948	0.1926	0.1970	0.1992	0.0078	0.0063		0.0027	0.0037	0.0036	0.0015	0.0030	0.0038	0.0015
PC4	0.1784	0.1762	0.1849	0.1992	0.1970	0.2015	0.1970	0.1948	0.1948	0.2015	0.0031	0.0016	0.0047		0.0026	0.0025	0.0022	0.0025	0.0028	0.0031
PC5	0.1741	0.1719	0.1805	0.1948	0.1926	0.1970	0.1926	0.1904	0.1904	0.1970	0.0016	0.0063	0.0094	0.0047		0.0022	0.0034	0.0021	0.0026	0.0039
PC6	0.1784	0.1762	0.1849	0.1992	0.1970	0.2015	0.1970	0.1948	0.1948	0.2015	0.0016	0.0031	0.0094	0.0047	0.0031		0.0033	0.0021	0.0015	0.0039
PC7	0.1784	0.1762	0.1849	0.1992	0.1970	0.2015	0.1970	0.1948	0.1948	0.2015	0.0063	0.0047	0.0016	0.0031	0.0078	0.0078		0.0034	0.0035	0.0021
PC8	0.1741	0.1719	0.1805	0.1948	0.1970	0.1970	0.1926	0.1904	0.1948	0.1970	0.0016	0.0063	0.0063	0.0047	0.0031	0.0031	0.0078		0.0026	0.0033
PC9	0.1784	0.1762	0.1849	0.2015	0.1992	0.2037	0.1992	0.1970	0.1970	0.2037	0.0031	0.0047	0.0110	0.0063	0.0047	0.0016	0.0094	0.0047		0.0041
PC10	0.1784	0.1762	0.1849	0.1992	0.2015	0.2015	0.1970	0.1948	0.1992	0.2015	0.0094	0.0078	0.0016	0.0063	0.0110	0.0110	0.0031	0.0078	0.0126	

注: 表格对角线以下为遗传距离, 对角线以上为标准误; PA: 银鲮; PC: 中国鲮; PM: 珍鲮

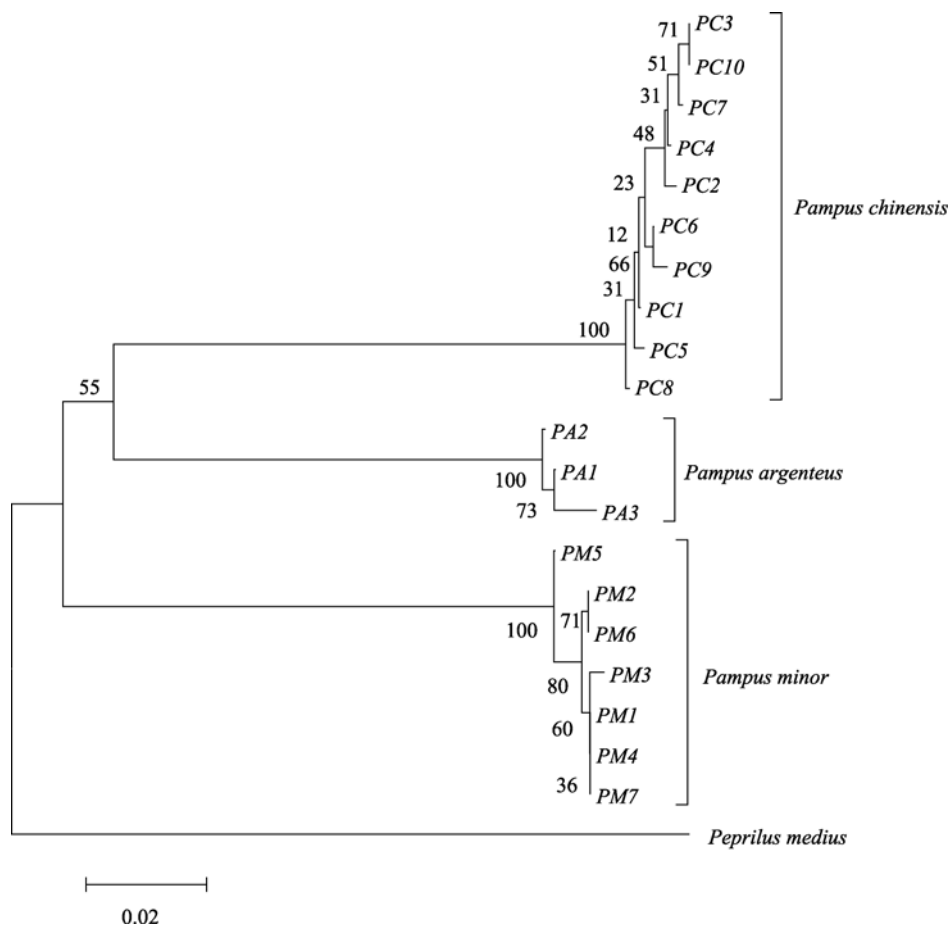


图 2 基于 3 种鲮属鱼类 COI 基因序列单倍型构建的 NJ 系统发生树

Fig. 2 NJ phylogenetic tree based on COI haplotypes of three *Pumpus* species

表 3 3 种鲳属鱼类单倍型多样性和核苷酸多样性

Tab. 3 Nucleotide diversity and nucleotide diversity of three *Pampus* species

物种	样品量	单倍型	单倍型多样性	核苷酸多样性	平均碱基差异
银鲳	20	3	0.195	0.00062	0.400
珍鲳	23	7	0.696	0.00168	1.083
中国鲳	21	10	0.890	0.00491	3.143

长期以来, 鲳属鱼类的分类一直是分类学家争论的焦点。日本学者 Yamada^[19]和 Nakabo^[20]曾将鲳属鱼类分为 3 种, 即银鲳、中国鲳和镰鲳(*P. echinogaster*)。而刘静等^[5,21]根据鲳属鱼类的形态特征的变化规律与差异建议将中国的鲳属鱼类分为 5 类, 即银鲳、灰鲳、中国鲳、珍鲳和翎鲳。对 5 种鲳属鱼类的 18 项特征进行分析所得出的 5 种鲳属鱼类的系统发育关系图表明, 5 种鲳属鱼类的亲缘关系依次为灰鲳、翎鲳、中国鲳、银鲳和珍鲳, 也就是说灰鲳、翎鲳和中国鲳的亲缘关系较近, 其次是与银鲳的关系, 而珍鲳与其余 4 种鲳属鱼类的亲缘关系较远。本研究所取样品按照刘静等^[21]的特征分析并加之分子鉴定, 分别属于其中的银鲳、中国鲳和珍鲳 3 类, 而与其他两种鲳属鱼类(翎鲳和灰鲳)的特征差异较大。序列分析结果也与刘静等^[5]的研究结果相一致, 即中国鲳与银鲳的亲缘关系较近, 与珍鲳的亲缘关系较远, 所构建的系统进化树中各分支的可信度均达到 100%。而 Cui 等^[3]通过对 5 种鲳属鱼类的 *COI* 序列分析, 认为银鲳与珍鲳的亲缘关系稍近, 之后才与其他 3 种鲳属鱼类即翎鲳、中国鲳和灰鲳所组成的 1 支聚在一起。通过与银鲳的 *COI* 基因全序列 (Genbank 号: EU357803.1) 比对发现, 本研究所获得的序列为 *COI* 基因序列 664 bp~1 300 bp 附近区域, 而 Cui 等^[3]所扩增的为 *COI* 基因序列 73 bp~702 bp 附近区域。基因不同区域结构与保守性的差异也许是系统进化关系分析结果不同的原因。由此可见, 利用单一分子标记评估鲳属鱼类的种群遗传多样性差异还不够, 应进一步运用多种分子标记结合起来进行研究, 以得出更全面、客观的结论。

3.2 南海区 3 种鲳属鱼类的种群结构与遗传多样性

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。遗传多样性的降低或者丧失, 将会降低物种对外界环境的适应能力^[22]。核苷酸多样性(P_i)是表示每个群体内各个单倍型的两两配对对差异的平均值, 是一个重要的群体遗传多样性指

标。3 种鲳属鱼类中, 中国鲳的单倍型多样性和核苷酸多样性水平均为最高($h=0.890$, $P_i=0.00491$), 珍鲳中的次之($h=0.696$, $P_i=0.00168$), 银鲳的遗传多样性水平最低($h=0.195$, $P_i=0.00062$), 但总的来说, 3 种鲳属鱼类的遗传多样性水平均处于较低的水平。Grant 等^[23]根据单倍型多样性(h)和核苷酸多样性(P_i)两者的关系将种群事件分为 4 种模式: 第一类为 h 和 P_i 均低($h < 0.5$, $P_i < 0.005$); 第二类为 h 高而 P_i 低; 第三类为 h 低而 P_i 高; 第四类为 h 和 P_i 均高。本研究中银鲳即属于第一类情况, 其单倍型和核苷酸变异的多样性水平均较低, 表明其最近发生了种群瓶颈效应或由单一、少数系群所发生的创立者效应(founder effect)。珍鲳和中国鲳群体属于第二类, 其形成的原因可能为瓶颈效应后伴随着迅速的种群成长与突变的积累。

鲳属鱼类为中国重要的海产鱼类, 但是由于近年来的过度捕捞和环境污染, 中国多个海区的鲳鱼渔业资源都呈现衰减的趋势, 不但鱼类种群的数量急剧下降, 而且渔业资源结构也发生了改变。研究发现, 渤海、黄海和东海区环境的恶化及捕捞强度的增大导致银鲳资源严重衰退, 且资源结构呈现低龄化、小型化^[24-27]。但截至目前, 有关南海区鲳属鱼类资源的种群结构和遗传背景等方面的研究较少, 仅在银鲳中见到过遗传多样性相关的报道。例如, 孟彦羽等^[8]通过 RAPD 分析发现南海海区的银鲳种群遗传多样性水平较其他几个海区低; 彭士明等^[9, 28]通过对银鲳 *COI* 基因和线粒体控制区序列的分析, 也发现南海区银鲳资源的遗传多样性处于较低的水平, 而有关中国鲳和珍鲳种群遗传方面的研究至今尚未见过报道。此外, 研究表明近 30 a 间南海北部大陆架和北部湾底拖网渔获密度的下降程度非常显著, 分别下降 72%和 81%, 南海北部海域底拖网渔业资源均处于过度开发状态, 特别是沿岸和近海过度开发情况最为严重, 受捕捞压力和生态环境变化的影响, 南海渔业资源的优势种群出现明显的变化^[6-7]。可以推测, 南海区鲳属鱼类的状况亦不容乐观。如果持续下去, 必将产生严重的后果, 如成活率、生长与

繁殖效率下降,降低种群个体对变化的环境的适应能力,并最终导致物种的灭绝^[29]。为了恢复和可持续利用渔业资源,自1999年起,农业部开始在南海海域实施伏季休渔制度,并调整海洋捕捞结构和经济增长方式,大力开展人工鱼礁和增殖放流,对改善南海海域生态环境和恢复渔业资源起到了重要的作用。此后的几年间,渔业资源可持续利用水平开始波动上升^[30]。今后,还必须加强对水生生物的养护,保护其产卵场渔业资源和渔业水域环境,以实现鲷属鱼类及其他南海渔业资源的健康可持续性利用。

参考文献:

- [1] 施兆鸿, 彭士明, 孙鹏, 等. 我国鲷属鱼类养殖的发展潜力及前景展望[J]. 现代渔业信息, 2009, 24(10): 3-4, 8.
- [2] 伍汉霖. 鲷科. 福建鱼类志[M]. 福州: 福建科学技术出版社, 1985: 430-436.
- [3] Cui Z X, Liu Y, Liu J, et al. Molecular identification of *Pampus* fishes (Perciformes, Stromateidae)[J]. Ichthyological Research, 2010, 57(1): 32-39.
- [4] 刘静, 尤锋, 李春生. 中国鲷属鱼类同工酶谱分析[J]. 海洋科学, 1999, 5: 31-34.
- [5] 刘静, 李春生, 李显森. 中国鲷属鱼类系统发育和动物地理学研究[J]. 海洋科学集刊, 2002, 44: 235-239.
- [6] 王跃中, 袁蔚文. 南海北部底拖网渔业资源的数量变动[J]. 南方水产, 2008, 4(20): 26-33.
- [7] 江艳娥, 林昭进, 黄梓荣. 南海北部大陆架区渔业生物多样性研究[J]. 南方水产, 2009, 5(5): 32-37.
- [8] 孟彦羽, 章龙珍, 赵峰, 等. 银鲷 4 个地理种群遗传多样性的初步研究[J]. 海洋渔业, 2009, 31(1): 48-52.
- [9] 彭士明, 施兆鸿, 侯俊利, 等. 银鲷 3 个野生群体线粒体 *COI* 基因的序列差异分析[J]. 上海海洋大学学报, 2009, 18(4): 398-402.
- [10] 冯建彬, 孙悦娜, 程熙, 等. 我国五大淡水湖日本沼虾线粒体 *COI* 基因部分片段序列比较[J]. 水产学报, 2008, 32(4): 517-525.
- [11] 毕潇潇, 高天翔, 肖永双, 等. 4 种鲷鱼线粒体 16S rRNA、*COI* 和 *Cytb* 基因片段序列的比较研究[J]. 南方水产, 2009, 5(3): 46-52.
- [12] 彭士明, 施兆鸿, 侯俊利. 基于线粒体 *D-loop* 区与 *COI* 基因序列比较分析养殖与野生银鲷种群遗传多样性[J]. 水产学报, 2010, 34(1): 19-25.
- [13] Sambrook J, Fritsch E P, Maniatis T. Molecular cloning: a laboratory manual[M]. New York: Cold Spring Harbor Laboratories Press, 1989: 463-470.
- [14] Palumbi S R, Kwssing B. Population biology of the Trans-arctic exchange: MtDNA sequence similarity between Pacific and Atlantic sea urchins[J]. Evolution, 1991, 45: 1790-1805.
- [15] Thompson J D, Gibson T J, Plewniak F, et al. The Clustal X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools[J]. Nucleic Acids Research, 1997, 25: 4876-4882.
- [16] Rozas J, Sanche-del Barrio J C, Messenguer X, et al. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods[J]. Bioinformatics, 2003, 19: 2496-2497.
- [17] Tamura K, Dudley J, Nei M, et al. MEGA4: molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0[J]. Molecular Biology and Evolution, 2007, 24: 1596-1597.
- [18] Billington N, Hebert P D N. Mitochondrial DNA diversity in fishes and its implications for introductions[J]. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 1991, 48(supple): 80-94.
- [19] Yamada U. Fishes of the East China Sea and the Yellow Sea[M]. Nagasaki: Seikai National Fisheries Research Laboratory, 1986: 978-1112.
- [20] Nakabo T. Fishes of Japan with pictorial keys to the species[M]. Tokyo: Tokai University Press, 1993: 1-2.
- [21] 刘静, 李春生, 李显森. 中国鲷属鱼类的分类研究[J]. 海洋科学集刊, 2002, 44: 240-252.
- [22] Frankham R, Ballou J D, Briscoe D A. Introduction to conservation genetics[M]. Cambridge: Cambridge University Press, 2002: 423-490.
- [23] Grant W S, Bowen B W. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insight from Sardines and Anchovies and lessons for conservation[J]. The Journal of Heredity, 1998, 89(5): 415-426.
- [24] 许玉甫, 周军, 张国胜, 等. 河北沿海银鲷渔业资源现状分析[J]. 河北渔业, 2009, 6: 4-15.
- [25] 曾玲, 金显仕, 李富国. 黄海南部银鲷的生殖力及其变化[J]. 海洋水产研究, 2005, 26(6): 1-5.
- [26] 汤建华, 吴磊, 高根生, 等. 吕泗渔场灰鲷 *Pampus cinereus* (Bloch)产卵群体生物学及利用状况[J]. 现代渔业信息, 2006, 21(12): 10-13.
- [27] 柳卫海, 詹秉义. 东海区鲷鱼资源利用现状分析[J].

- 湛江海洋大学学报, 1999, 19(1): 30-34.
- [28] Peng S M, Shi Z H, Hou J L, et al. Genetic diversity of silver pomfret (*Pampus argenteus*) populations from the China Sea based on mitochondrial DNA control region sequences[J]. Biochemical Systematics and Ecology, 2009, 37 (5):626-632.
- [29] Yang P, Zhang H, Chen L Q, et al. Genetic structure of the oriental river Prawn (*Macrobrachium nipponense*) from the Yangtze and Lancang Rivers, inferred from *COI* gene sequence[J]. Zoological Research, 2007, 28(2): 113-118.
- [30] 陈作志, 林昭进, 邱永松. 基于 AHP 的南海海域渔业资源可持续利用评价[J]. 自然资源学报, 2010, 25(2): 249-257.

Phylogenetic relationships and population structure of *Pampus* in the South China Sea inferred from *COI* gene segments

SUN Peng, YIN Fei, SHI Zhao-hong, PENG Shi-ming

(Key and Open Laboratory of Marine and Estuarine Fisheries Resources and Ecology, Ministry of Agriculture, East China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Shanghai 200090, China)

Received: Mar., 3, 2011

Key words: *Pampus*; mitochondrial cytochrome *c* oxidase subunit I (*COI*); sequence variation; phylogenetic evolution

Abstract: Sequence variation and population genetic structure of *Pampus argenteus*, *P. minor* and *P. chinensis* in the South China Sea were evaluated using a 643 base pair fragment of mitochondrial cytochrome *c* oxidase subunit I (*COI*) gene. The average contents of A, T, G and C were 25.4%, 33.6%, 18.9%, and 22.1%, respectively. The content of A+T was much higher. In 64 *COI* sequences, a total of 152 polymorphic sites (including 148 parsimony informative sites and 4 singleton variable sites) formed 169 mutations, and defined 20 distinct haplotypes. *P. minor* and *P. chinensis* had the largest genetic divergence, whereas *P. argenteus* and *P. chinensis* had the least genetic divergence. All three pampus populations presented low level of genetic diversity. Therefore, certain efficient measures should be made to avoid further decline of genetic diversity in those species. The present results provide basic information for the conservation and sustainable exploitation of *Pampus* species.

(本文编辑: 谭雪静)