

中部太平洋大眼金枪鱼(*Thunnus obesus*) 种群遗传结构的初步研究*

吴智超¹ 许强华^{1, 2, 3, 4} 许柳雄^{1, 2, 3, 4} 戴小杰^{1, 2, 3, 4} 朱江峰^{1, 2, 3, 4}

(1. 上海海洋大学海洋科学学院 上海 201306; 2. 大洋渔业资源可持续开发省部共建教育部重点实验室
上海 201306; 3. 农业部大洋渔业资源环境科学观测实验站 上海 201306;
4. 国家远洋渔业工程技术研究中心 上海 201306)

提要 大眼金枪鱼(*Thunnus obesus*)是世界最重要的渔业资源之一,经济价值较高,捕捞压力的加大使中部太平洋大眼金枪鱼过度捕捞程度愈发严重。开展种群遗传结构研究将为大眼金枪鱼资源的可持续利用与开发提供科学依据。本文以取自中西太平洋和中东太平洋共 182 尾大眼金枪鱼个体为研究对象,分析研究其线粒体 DNA 控制区第一个高变区(the first hypervariable region, HVR-1)457bp 的序列,共发现 115 个变异位点,定义了 178 种单倍型。序列多样性分析结果显示:8 个采样点核苷酸多样性在 0.03074—0.04362 之间,单倍型多样性在各个采样点都较高,变动范围在 0.996—1.000 之间;分子方差分析显示 99.97%的遗传变异性来自于种群内;群体间的高基因交流值 N_m 和低分化指数 F_{st} 揭示中东太平洋与中西太平洋群体间基因交流频繁,不存在显著的遗传分化。

关键词 大眼金枪鱼(*Thunnus obesus*); 种群遗传结构; 线粒体 DNA; 控制区

中图分类号 Q75 doi: 10.11693/hyh20121021001

大眼金枪鱼(*Thunnus obesus*)隶属于鲈形目(Perciformes)、鲭亚目(Scombroidei)、鲭科(Scombridae)、金枪鱼属(*Thunnus*),是世界最重要的渔业资源之一,经济价值较高,分布在太平洋、大西洋、印度洋的热带、亚热带和温带广阔水域(赵传纲等, 1983; 苗振清等, 2003),在我国主要分布在东海和南海(苗振清等, 2002)。WCPFC(中西太平洋渔业委员会)的评估报告指出,2008 年中西太平洋大眼金枪鱼的渔获量虽然从 2007 年的 14.3 万吨增至 15.7 万吨,但其捕捞压力已超越可持续生产的水平,资源正在进一步恶化(Fonteneau *et al.*, 2005)。另外,在海洋渔业中,渔获物经常由多个原始群组成,尽管这些原始群在种群形态上十分相似,但是在种群遗传结构上还可能进行种群再分。不加区别的捕捞,将会导致一些微弱原始群的衰退或灭绝。弄清大眼金枪鱼的种群遗传结构将有助于掌握其生活史、估算种群数量及资源变动,从

而为大眼金枪鱼资源的可持续利用和开发提供科学依据(Excoffier *et al.*, 1992)。

对大眼金枪鱼种群的分子遗传分析始于 1962 年 Suzuki(1962)的工作,之后利用分子标记对大眼金枪鱼种群遗传结构的研究层出不穷。Grewe 和 Hampton(1998)同时利用线粒体 DNA 标记和微卫星标记对太平洋内的大眼金枪鱼进行了系统研究,两种标记的分析结果都认为太平洋内大眼金枪鱼不存在遗传分化。Alvarado-Bremer 等(1998)和 Chow 等(1993, 2000)在利用 PCR-RFLP 技术研究大洋间大眼金枪鱼遗传结构时,也证明了太平洋大眼金枪鱼呈现单一的遗传结构。因此,这之后的几年间,学界都公推这一结论。由于线粒体 DNA 的控制区进化速率最快(Brown, 1983),且能够有效地检测出传统生物学方法无法识别的种群分化,线粒体 DNA 控制区已成为群体遗传学中最有效的分子标记(Ravaoarimanana

* 上海市捕捞学重点学科专项基金项目, S30702 号; 国家 863 计划, 2012AA092303 号。吴智超, E-mail: wuzhichao1988@126.com

通讯作者: 许强华, 教授, E-mail: qhxu@shou.edu.cn

收稿日期: 2012-10-21, 收修改稿日期: 2013-01-18

et al, 2004)。而在这其中, 线粒体 DNA 控制区第一个高变区(the first hypervariable region, HVR-1)标记越来越多地成为研究鱼类种群遗传结构的首选(Falk et al, 2003)。Martinez 等(2006)和 Chiang 等(2006)先后将 HVR-1 分子标记应用到大眼金枪鱼种群遗传结构的研究中。Chiang 等(2006)以西太平洋大眼金枪鱼为研究对象, 证实西太平洋大眼金枪鱼是一个随机交配的种群, 但邻接树和最小跨度网络揭示了两种线粒体世系的存在。同样, 王中锋等(2012)利用线粒体控制区标记分析认为, 南海大眼金枪鱼群体与东太平洋群体间存在较显著的分化, 而与西太平洋群体分化不显著。

作为连接东太平洋与西太平洋的海体, 中部太平洋的大眼金枪鱼群体遗传结构如何呢? 鉴于中部太平洋拥有非常重要的金枪鱼渔场, 且目前还没有关于该海域大眼金枪鱼群体遗传结构的研究, 本研究将利用线粒体 DNA 控制区 HVR-1 分子标记, 对中部太平洋大眼金枪鱼野生群体进行种群分析, 以期为大眼金枪鱼的资源保护与合理利用提供重要的理论依据。

1 材料与方法

1.1 样本采集

2009 年 10 月至 2011 年 2 月分别由 3 艘商业渔船作业采集到大眼金枪鱼 182 尾(表 1), 其中中西太平洋 5 个采样点, 分别命名为 WP1—WP5, 中东太平洋 3 个采样点, 分别命名为 EP1—EP3(图 1)。剪取大眼金枪鱼的肌肉组织样本, 将其固定在装有 95%酒精的离心管并冻存于 -20°C 冰箱, 备用。

1.2 DNA 提取、PCR 扩增和测序

大眼金枪鱼肌肉样本 DNA 的提取采用标准的苯

酚-氯仿抽提法。电泳后用紫外分光光度计检测 DNA 浓度和纯度。

用于扩增线粒体控制区的引物(Alvarado-Bremer et al, 1998)为 L15998-PRO(5'-TACCCCAAACCTCCC-AAAGCTA-3')以及 CSBDH(5'-TGAATTAGGAACC-AGATGCCAG-3')。PCR 扩增反应体系为 $20\mu\text{L}$: $1.0\times$ PCR 反应缓冲液 $2\mu\text{L}$; 基因组模板 DNA($10\mu\text{g}/\text{mL}$) $1\mu\text{L}$; Taq 酶($5\text{U}/\mu\text{L}$) $0.12\mu\text{L}$; dNTP($2.5\text{mmol}/\text{L}$) $1.6\mu\text{L}$; 引物($10\mu\text{mol}/\text{L}$)各 $0.5\mu\text{L}$; 剩余用 ddH₂O 补足。PCR 反应在 Eppendorf 热循环仪上进行, 反应条件为: 95°C 预变性 3min; 95°C 30s, 55°C 30s, 72°C 1min, 共 30 个循环; 72°C 延伸 10min; 4°C 保存。PCR 产物纯化后由上海生工生物工程技术有限公司进行测序。

1.3 数据分析

利用 ClustalX1.83 软件对控制区序列进行多重比对, 并辅以手工校正。采用 MEGA4.0 软件统计 DNA 序列的碱基组成, 通过邻接法基于 Kimura 双参数模型构建系统发育树, 并用 bootstrap 的方法重复 1000 次进行检验。利用 TCS1.21 软件构建单倍型间的系谱关系, 简约上限为默认值 95%。单倍型多样性指数(h)与核苷酸多样性指数(π)由软件 DnaSP version 4.00 来进行计算。采用 ARLEQUIN version3.0 软件分析种群间分化指数 F_{st} , 通过 1000 次重抽样来检验群体间 F_{st} 值的显著性。另外, 对大眼金枪鱼遗传结构进行的分子方差分析也在 ARLEQUIN version3.0 中完成。基因流 N_m 根据公式 $M=1/4(1/F_{st}-1)$ 得出。

2 结果

2.1 基因序列多样性

经 PCR 扩增后, 获得 182 个长为 457bp 的线粒体控制区 HVR-1 序列, 发现 115 个变异位点, 变异率为

表 1 大眼金枪鱼采样位点, 采样时间及采样数目
Tab.1 The sampling locations, date and number of *Thunnus obesus*

群体	区域代码	采样地点		采样数目	采样时间
		纬度	经度		
中西太平洋	WP1	$3^{\circ}-6^{\circ}\text{N}$	$167^{\circ}-170^{\circ}\text{E}$	24	2009.10—2009.12
	WP2	$2.2^{\circ}-3.7^{\circ}\text{S}$	$153^{\circ}-163.3^{\circ}\text{W}$	28	2010.10—2010.12
	WP3	$4.3^{\circ}-5.1^{\circ}\text{S}$	$155^{\circ}-163^{\circ}\text{W}$	29	2010.9
	WP4	$5.1^{\circ}-5.8^{\circ}\text{S}$	$154^{\circ}-163^{\circ}\text{W}$	22	2010.9—2010.11
	WP5	$6^{\circ}-7^{\circ}\text{S}$	$152^{\circ}-166^{\circ}\text{W}$	29	2010.9—2010.11
中东太平洋	EP1	$7.5^{\circ}-9.9^{\circ}\text{S}$	$130^{\circ}-135^{\circ}\text{W}$	24	2010.12
	EP2	$10^{\circ}-11.5^{\circ}\text{S}$	$130^{\circ}-134.5^{\circ}\text{W}$	14	2010.11—2011.2
	EP3	$12^{\circ}-14.5^{\circ}\text{S}$	$128^{\circ}-135^{\circ}\text{W}$	12	2010.11—2011.2

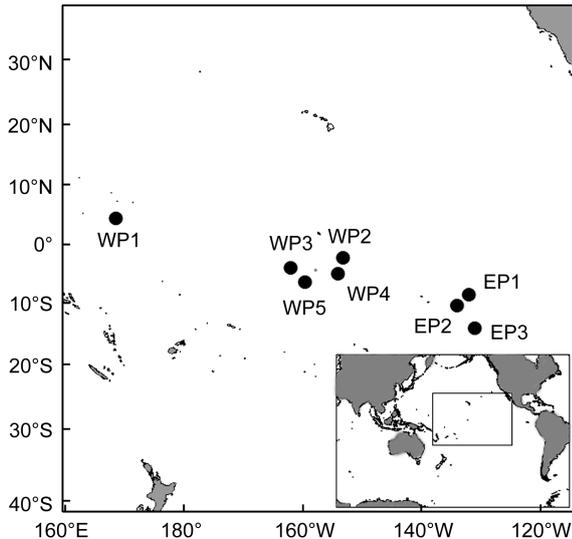


图1 大眼金枪鱼采样位点

Fig.1 The sampling locations of *Thunnus obesus*

25.16%，定义了 178 个单倍型。序列中各碱基在 DNA 双链中平均所占的比例为：A(腺嘌呤)=35.4%，T(胸腺嘧啶)=28.9%，C(胞嘧啶)=22.0%，G(鸟嘌呤)=13.7%，A/T 碱基对含量 64.3%明显高于 C/G 碱基对含量 35.7%。群体内线粒体 DNA 控制区 HVR-1 单倍型多样性指数(h)和核苷酸多样性指数(π)见表 2。单倍型多样性指数在 8 个采样点都很高，平均值达 0.9998，核苷酸多样性介于 0.03074—0.04362 之间，最高值出现在 EP3 采样点，最低值出现在 WP5 采样点。

182 尾大眼金枪鱼个体中共检测到 178 种单倍型。除了单倍型 49 在采样点 EP2 和 EP3 同时出现外，其他单倍型均为对应各采样点特有。另外，还有其他 3 种单倍型也都不是为一个个体所独有，分别是单倍型 39、62 以及 131，对应的取样点为 EP2、EP1、WP5(表 3)。

表 2 大眼金枪鱼线粒体 DNA 控制区 HVR-1 的遗传多样性参数

Tab.2 Parameters of genetic diversity *Thunnus obesus* based on HVR-1 in mitochondrial control region

群体	数量	单倍型数	单倍型多样性	核苷酸多样性
WP1	24	24	1.000±0.012	0.03395±0.00328
WP2	28	28	1.000±0.010	0.03422±0.00348
WP3	29	29	1.000±0.009	0.03304±0.00404
WP4	22	22	1.000±0.014	0.03839±0.00362
WP5	29	28	0.998±0.010	0.03074±0.00237
EP1	24	23	0.996±0.013	0.03416±0.00280
EP2	14	13	1.000±0.027	0.03756±0.00483
EP3	12	12	1.000±0.034	0.04362±0.00320
总计	182	178	0.9998±0.0006	0.03461±0.01038

表 3 各采样位点的大眼金枪鱼单倍型分布

Tab.3 Haplotype distribution of *Thunnus obesus* in different localities

群体	各采样位点单倍型分布
WP1	101—124
WP2	4—8, 88, 97—100, 149—152, 165—178
WP3	1, 2, 3, 9, 10, 73, 74, 75, 78—86, 132—135, 139—146
WP4	11—24, 76, 77, 87, 136, 137, 138, 147, 148
WP5	65—72, 92—96, 125—131, 157—164
EP1	25—28, 37, 54—64, 89, 90, 91, 153—156
EP2	38—49, 53
EP3	29—36, 49—52

2.2 系统发育树和单倍型网络的构建

基于 178 种线粒体 DNA 控制区 HVR-1 单倍型构建的 NJ 系统发育树结果显示：各单倍型广泛分布在单倍型邻接树上，未形成明显的分支，不存在显著的

谱系结构。基于 HVR-1 构建的单倍型间系谱关系显示：178 种单倍型只形成单一的一个网络，各单倍型间呈现高水平的平行演化(图略)。

2.3 群体遗传结构分析

采用 AMOVA 分析评估大眼金枪鱼的群体遗传结构，分析结果表明 99.97%的变异组分来自种群内；而只有 0.03%的变异组分出现在种群间(表 4)。利用 F_{st} 进一步检验大眼金枪鱼群体的群体遗传结构。根据两两群体间的 F_{st} 值大小可以发现：所有的 F_{st} 值都较小，并且除了 WP3 群体与 EP3 群体间统计检验极其显著($P=0.00901$)外，其他任何两个群体间的统计检验都不显著。结果暗示采样区域内大眼金枪鱼不存在显著的遗传结构(表 5)。除此之外，8 个采样点间大眼金枪鱼的基因交流 N_m 也非常频繁，WP3 群体与 EP3 群体间基因流最小，为 6.75(表 5)。

表 4 大眼金枪鱼种群的分子方差分析

Tab.4 AMOVA analysis on *Thunnus obesus* populations

变异来源	df	方差	变异组分	变异比例	固定指数
种群间	7	57.418	0.00249Va	0.03	0.00031
种群内	74	1417.511	8.14661Vb	99.97	
总计	181	1474.929	8.1491		

表 5 采样区域间大眼金枪鱼种群的 F_{st} 分析及基因流 N_m Tab.5 F_{st} analysis and N_m values of *Thunnus obesus* populations between sampling regions

群体	WP1	WP2	WP3	WP4	WP5	EP1	EP2	EP3
WP1	—	-38.59	-33.45	-81.68	237.85	237.85	-24.31	26.40
WP2	-0.00652	—	1562.25	-115.99	-23.14	31.60	-17.91	26.60
WP3	-0.00753	0.00016	—	25.50	62.72	120.52	-242.97	6.75
WP4	-0.00307	-0.00216	0.00971	—	19.99	-59.77	-23.46	-13.20
WP5	0.00105	-0.01092	0.00397	0.01235	—	-494.96	-139.14	9.30
EP1	0.00105	0.00785	0.00207	-0.00420	-0.00091	—	-54.36	-126.51
EP2	-0.01039	-0.01416	-0.00103	-0.01077	-0.00180	-0.00462	—	-10.08
EP3	0.00938	0.00928	0.03571**	-0.01930	0.02618	-0.00198	-0.02542	—

F_{st} 值位于斜线下方; N_m 值位于斜线上方; *差异显著($P<0.05$); **差异极其显著($P<0.01$)。P 值采用 1000 次重复来进行估计。

3 讨论

Fonteneau 等(2005)指出,除了西太平洋大眼金枪鱼过度开发程度较小外,东太平洋、印度洋以及大西洋大眼金枪鱼都处于严重过度捕捞的程度。为了更好地进行大眼金枪鱼的管理和保护工作,业内将大西洋、太平洋和印度洋大眼金枪鱼分别作为各自单一的群体,并由四大国际性委员会:ICCAT(大西洋金枪鱼类保护委员会)、IATTC(美洲热带金枪鱼委员会)、WCPFC(中西太平洋金枪鱼养护委员会)以及IOTC(印度洋金枪鱼委员会)来进行管理。中西太平洋拥有太平洋最大的金枪鱼渔场,对该范围及附近海域大眼金枪鱼的群体遗传学研究将为合理保护与利用该渔业资源提供理论依据。

本研究 182 尾大眼金枪鱼样本中,132 尾取自中西太平洋,50 尾取自中东太平洋。利用线粒体 DNA 控制区 HVR-1 标记,本研究共鉴定出 178 种单倍型,中西太平洋和中东太平洋分别具有 131 和 48 种单倍型,与样本数量也基本相同。此项结果表明中部太平洋海域大眼金枪鱼拥有极高的单倍型多样性指数,这与许多学者对其他大洋性洄游鱼类线粒体控制区片段特征的描述相吻合(Grant *et al*, 1998; Carlsson *et al*, 2004)。另外,对样本线粒体 DNA 控制区 HVR-1 片段的序列分析显示 A+T 含量远远高于 C+G 含量,这与之前学者关于线粒体 DNA 控制区碱基组成的研究也相一致(Brown *et al*, 1986)。

分子方差分析显示 99.97%的变异组分来自种群内;而只有 0.03%的变异组分出现在种群间,种群内差异远远大于种群间差异。对两两群体间进行 F_{st} 分析显示除了 WP3 群体与 EP3 群体间统计检验极其显著($P=0.00901$)外,其他任何两个群体间的统计检验都不显著。而基于线粒体 DNA 控制区 HVR-1 单倍型构建的 NJ 系统发育树和单倍型间系谱关系网络图均显示不存在显著的谱系结构,这些分析结果暗示大眼金枪鱼在中部太平洋不存在显著的遗传结构。根据 Liu 等(2006)对鳀鱼的研究发现,由于海洋作为一个大的水体,鱼类在其内能相对自由的运动并且海洋环流能够帮助输送海洋鱼类的卵和幼体,因此海洋鱼类群体的遗传分化一般都比较低,不易形成显著的遗传结构。所以我们可以推测:本研究中所采集的中西太平洋和中东太平洋样本间较小的遗传分化可以归因于个体间频繁的基因交流。

而事实上,在赤道附近盛行东北信风和东南信风,两种方向不同的信风驱使海水向两侧分流,使得在东太平洋的赤道地区的冷水上翻来补充被分流的海水,此为东太平洋的冷水区。相反,赤道太平洋表层暖的海水也被输送至西太平洋,海平面上升,热量不断积累,此为西太平洋的暖池区(陈雪冬等,2006)。一般冷暖水团的相遇区由于生产力较高,常形成天然的渔场。中部太平洋集合了这一特点(周魁芳等,2004),其两侧的水团驱使中西太平洋和中东太平洋

大眼金枪鱼群体在产卵季节不断涌入该区域进行繁殖,使得两个群体间的基因交流较高。在 Chiang 等(2006)的研究中,根据 HVR-1 区域单倍型构建的邻接树和最小跨度网络揭示了西太平洋两种线粒体世系的存在。而本研究基于 HVR-1 单倍型构建的 NJ 系统发育树和单倍型间系谱关系图均未表现出遗传分化的迹象,猜测这可能与西太平洋和中部太平洋分别具有独立的大眼金枪鱼渔场,其间的基因交流相对较少有关。另外,由于本研究中,中东太平洋海域拥有的样本总量较少,甚至个别采样点采样数目较低(EP2=14, EP3=12),这可能影响了中东太平洋内的遗传分化结果。但总的来看,我们可以认为,中部太平洋只存在一种随机交配的大眼金枪鱼群体,种群内部不存在显著的遗传分化。

作为太平洋金枪鱼渔场最大的集中地,中部太平洋大眼金枪鱼的管理和保护工作由两个金枪鱼管理组织(IATTC 和 WCPFC)共同进行。本研究初步确定中西太平洋与中东太平洋大眼金枪鱼无明显遗传分化,这一结果支持将中部太平洋大眼金枪鱼作为单一管理单元进行管理;它同时也提示管理中太平洋大眼金枪鱼的两个金枪鱼管理组织(IATTC 和 WCPFC)应该彼此协调,制订相对比较统一的管理策略。值得一提的是:本研究中的中东太平洋海域采样样本数量相对不足(表 1),需要在今后的研究中进一步增加采样点和样本数,以期获得更可靠的实验结果。

参 考 文 献

- 王中铎, 郭昱嵩, 颜云榕等, 2012. 南海大眼金枪鱼和黄鳍金枪鱼的群体遗传结构. 水产学报, 36(2): 191—201
- 陈雪冬, 崔雪森, 2006. 卫星遥感在中东太平洋大眼金枪鱼渔场与环境关系的应用研究. 遥感信息, (1): 25—28
- 苗振清, 黄锡昌, 2002. 世界金枪鱼渔业现状分析. 浙江海洋学院学报(自然科学版), (4): 307—313
- 苗振清, 黄锡昌, 2003. 远洋金枪鱼渔业. 上海: 上海科学技术文献出版社, 2—30
- 周甦芳, 沈建华, 樊伟, 2004. ENSO 现象对中西太平洋鲷鱼围网渔场的影响分析. 海洋渔业, 26(3): 167—172
- 赵传纲, 陈思行, 1983. 金枪鱼类和金枪鱼渔业. 北京: 海洋出版社, 1—25
- Alvarado-Bremer J R, Stequert B, Robertson N W *et al*, 1998. Genetic evidence for inter-oceanic subdivision of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) populations. Marine Biology, 132: 547—557
- Brown G G, Gadaleta G, Pepe G *et al*, 1986. Structural conservation and variation in the D-loop-containing region of vertebrate mitochondrial DNA. Molecular Biology, 192: 503—511
- Brown W M, 1983. Evolution of animal mitochondrial DNAs. In: Nei M, Koehn R K eds. Evolution of Genes and Proteins. Sunderland, M A. Sinauer Associates, UK: 62—88
- Carlsson J, McDowell J R, Diaz-Jaimes P *et al*, 2004. Microsatellite and mitochondrial DNA analyses of Atlantic bluefin tuna (*Thunnus thynnus thynnus*) population structure in the Mediterranean Sea. Molecular Ecology, 13: 3345—3356
- Chiang H C, Hsu C C, Lin H D *et al*, 2006. Population structure of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) in the South China Sea, Philippine Sea and western Pacific Ocean inferred from mitochondrial DNA. Fisheries Research, 79: 219—225
- Chow S, Inoue S, 1993. Intra-and inter-specific restriction fragment length polymorphism in mitochondrial genes of *Thunnus* tuna species. Bulletin of the National Research Institute of Far Seas Fisheries, 30: 207—224
- Chow S, Okamoto H, Miyabe N *et al*, 2000. Genetic divergence between Atlantic and Indo-Pacific stocks of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) and admixture around South Africa. Molecular Ecology, 9: 221—227
- Excoffier L, Smouse P E, Quattro J M, 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. Genetics, 131: 479—491
- Falk T M, Teugels G G, Abban E K, 2003. Phylogeographic patterns in populations of the black chinned tilapia complex (*Teleostei, Cichlidae*) from coastal areas in West Africa: Support for the refuge zone theory. Molecular Phylogenetics and Evolution, 27: 81—92
- Fonteneau A, Ariz J, Delgado A *et al*, 2005. A comparison of bigeye (*Thunnus obesus*) stocks and fisheries in the Atlantic, Indian and Pacific oceans. ICCAT, 57(2): 41—66
- Grant W S, Bowen B W, 1998. Population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: Insights from sardines and anchovies and lessons for conservation. Heredity, 89: 415—426
- Grewe P M, Hampton J, 1997. An assessment of bigeye (*Thunnus obesus*) population structure in the Pacific Ocean based on mitochondrial DNA and DNA microsatellite analysis. The 7th meeting of the western yellowfin tuna research group, Fuji, Nadi: 98—320
- Liu J X, Gao T X, Zhuang Z M *et al*, 2006. Late Pleistocene divergence and subsequent population expansion of two closely related fish species, Japanese anchovy (*Engraulis japonicus*) and Australian anchovy (*Engraulis australis*). Molecular Phylogenetics and Evolution, 40: 712—723
- Martinez P, Gonzalez E G, Castilho R *et al*, 2006. Genetic diversity and historical demography of Atlantic bigeye tuna (*Thunnus obesus*). Molecular Phylogenetic Evolution, (39): 404—416
- Ravaoarimanana I B, Tiedemann R, Montagnon R *et al*, 2004.

Molecular and cytogenetic evidence for cryptic speciation within a rare endemic Malagasy lemur, the Northern Sportive Lemur (*Lepilemur septentrionalis*). *Molecular*

Phylogenetics and Evolution, 31: 440—448
Suzuki A, 1962. On the blood types of yellowfin and bigeye tuna. *American Naturalist*, 96: 239—246

POPULATION GENETIC STRUCTURE OF *THUNNUS OBESUS* IN CENTRAL PACIFIC OCEAN

WU Zhi-Chao¹, XU Qiang-Hua^{1, 2, 3, 4}, XU Liu-Xiong^{1, 2, 3, 4},
DAI Xiao-Jie^{1, 2, 3, 4}, ZHU Jiang-Feng^{1, 2, 3, 4}

(1. *College of Marine Sciences, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China*; 2. *Key Laboratory of Sustainable Exploitation of Oceanic Fisheries Resources, Ministry of Education, Shanghai 201306, China*; 3. *Scientific Observing and Experimental Station of Oceanic Fishery Resources, Ministry of Agriculture, Shanghai 201306, China*; 4. *National Distant-water Fisheries Engineering Research Center, Shanghai 201306, China*)

Abstract Overexploitation of bigeye tuna in the Central Pacific Ocean has become a serious concern. We investigated the population genetic structure aiming at providing scientific references for the sustainable development of the resources. In this study, 182 bigeye tuna specimens were sampled from the Central Pacific Ocean. Population genetic diversity was evaluated by using the sequence data of the first HVR-1 (hypervariable region, HVR-1) of mitochondrial control region. In total, 115 variable sites were observed and 178 haplotypes were identified. Analysis of mtDNA HVR-1 sequences of bigeye tuna from eight localities with the nucleotide diversities ranged 0.03074-0.04362 and high haplotype diversities ranged 0.996-1.000. AMOVA test of bigeye tuna revealed that 99.97% of the genetic variation occurred within populations. Low F_{st} (fixation index) values and high gene flow (N_m) values revealed in this investigation indicate no significant genetic differentiation and high rates of gene flow between the Central Western Pacific bigeye tuna populations and the Central Eastern Pacific bigeye tuna populations.

Key words bigeye tuna; population genetic structure; mitochondrial DNA; control region