

基于线粒体 D-loop 区分析黄颡鱼(*Pelteobagrus fulvidraco*)五个淡水湖泊群体的遗传多样性*

刘朋朋^{1,2} 钟立强² 潘建林² 陈校辉² 陈友明²
王明华² 杨家新¹

(1. 南京师范大学生命科学学院 南京 210046; 2. 江苏省淡水水产研究所 南京 210017)

摘要 采用线粒体 D-loop 区测序技术,对巢湖、漭湖、洪泽湖、鄱阳湖和太湖 5 个地理群体的黄颡鱼(*Pelteobagrus fulvidraco*)遗传多样性及种群遗传结构进行了研究。结果表明,890 个位点中变异位点有 151 个,简约信息位点 24 个。143 个个体共检测到 72 个单倍型,平均单倍型多样性指数为 0.951 ± 0.011 ,核苷酸多样性指数为 0.00614 ± 0.00087 。鄱阳湖群体和其它 4 个湖泊群体的遗传距离相对比较大,漭湖和巢湖的遗传距离最小,总体遗传分化指数 F_{st} 为 $0.0896 (P < 0.01)$ 。群体间基因流系数 $Nm = 2.22$,表明 5 个黄颡鱼种群间存在着一定的基因流动。

关键词 黄颡鱼; 线粒体控制区; 遗传多样性
中图分类号 Q959.499

黄颡鱼 (*Pelteobagrus fulvidraco*), 属鲇形目 (Siluriformes)、鲿科 (Bagridae)、黄颡鱼属 (*Pelteobagrus*), 是我国一种重要的淡水名优经济鱼类, 广泛分布于黑龙江、黄河、长江及珠江各水域 (褚新洛等, 1999)。很多学者对不同水系的黄颡鱼种群的遗传结构以及系统进化进行了分析。如李大宇等 (2009)、吴勤超等 (2010) 利用微卫星为分子标记技术对东北、长江中上游地区和山东地区的水域的黄颡鱼进行了遗传多样性进行了研究, Watanabe 等 (2003)、库喜英等 (2010)、方耀林等 (2005) 分别以线粒体 D-loop 区、Cyt *b* 基因和 ND1/2 基因为分子标记分别对我国多个水系以及湖泊的黄颡鱼的遗传多样性和种群进化关系进行了研究。但对于长江中下游水系的不同湖泊黄颡鱼的遗传结构的研究目前未见报道。

线粒体 D-loop 区为非编码区, 发生突变被保留下来的可能性大, 所以要比线粒体其它基因进化快 (Sbisa *et al.*, 1997), 在研究种内遗传分化中应用较多 (Yang *et al.*, 2001; 彭士明等, 2010; 毛勇等, 2010; 秦

钦等, 2011)。本次研究通过对五个不同湖泊 (巢湖、漭湖、洪泽湖、鄱阳湖、太湖) 黄颡鱼的线粒体 D-loop 区全序列测序并对黄颡鱼群体遗传多样性和种群结构进行了分析, 在分子水平上了解五个湖泊黄颡鱼群体的遗传背景, 为黄颡鱼育种研究积累更多的基础数据。

1 材料与方法

1.1 材料

在巢湖、漭湖、洪泽湖、鄱阳湖和太湖共收集了 143 尾黄颡鱼个体, 每个湖泊样本采集情况见表 1。到人工繁殖时剪取活体尾鳍放入无水乙醇中固定, -20°C 冷冻保存备用。

1.2 方法

1.2.1 DNA 模板制备 采用常规的酚-氯仿法提取尾鳍基因组 DNA, 提取的基因组 DNA 用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测, 并用紫外分光光度计检测样品 DNA 浓度及纯度。然后根据测定的浓度取 3—5 μL

* 江苏省科技支撑计划项目, BE2010376 号; 江苏省农业科技自主创新基金项目, CX(11)1036 号。刘朋朋, 硕士研究生, E-mail: liupengpeng198931@126.com

通讯作者: 杨家新, 教授, E-mail: yangjx@njnu.edu.cn

收稿日期: 2012-02-28, 收修改稿日期: 2012-05-21

表 1 5 个黄颡鱼种群单倍型及遗传多样性参数

Tab.1 Parameter summary of haplotypes and genetic diversity of 5 populations of yellow catfish

群体	样本量	单倍型数	单倍型多样性(H_d)	多态位点数	核苷酸多态性(π)
巢湖(CH)	28	19	0.947±0.030	6	0.00431±0.00060
溧湖(GH)	30	17	0.903±0.044	10	0.00378±0.00056
洪泽湖(HZ)	30	20	0.956±0.023	9	0.00554±0.00067
鄱阳湖(PY)	26	18	0.935±0.036	12	0.00970±0.00120
太湖(TH)	29	18	0.953±0.021	9	0.00520±0.00065
总体	143	72	0.951±0.011	28	0.00614±0.00087

稀释至 50ng/ μ L 用于 PCR, 放置在 -20°C 中可长期保存。

1.2.2 PCR 扩增及序列测定 应用 Primer 5(张新宇等, 2004)设计上下游引物来扩增线粒体 D-loop 区序列并由上海捷瑞生物公司合成, 黄颡鱼线粒体全序列来自于 GenBank (No.NC_015888.1), 最后确定正向引物为 D-loop F: 5'-CTAAAGCGCCGGTCTTGTAA-3'和反向引物为 D-loop R: 5'-TTTGTGCCCGTGGAATCTTTC-3', 退火温度 55°C 。PCR 反应体系为 50 μ L, 其中包括 2 \times PCR MIX 25 μ L (含 1.25U *Taq* 酶)、正反向引物各 2 μ L (10 μ mol/L)、DNA 模板 2 μ L (100ng/ μ L)、ddH₂O 14 μ L。PCR 反应程序为: 94°C 预变性 5min; 94°C 变性 45s, 55°C 退火 60s, 72°C 延伸 60s, 35 个循环; 再 72°C 延伸 10min。PCR 产物用 1%的琼脂糖凝胶电泳检测, 以标准 DL2000 作为 Marker 估计 PCR 产物大小。得到的 PCR 产物的电泳条带单一, 将 PCR 产物送去上海捷瑞生物公司进行双向测序, 测序引物为 PCR 反应的引物。

1.2.3 数据统计与分析 用 Lynnon Biosoft (<http://www.lynnon.com/>)公司开发的 DNAMAN 软件将双向得到的序列进行人工拼接, 用 Clustal W 进行比对并删除序列两端多余碱基, 利用 Mega3.1 (Kumar *et al*, 2004)计算碱基含量, 计算种群间的 K 2-P (Kimura, 1980)遗传距离并构建 UPGMA 进化树。通过 DnaSP 4.10.9 (Rozas *et al*, 2003)计算多态性位点、单倍型数目、单倍型多样性指数(Haplotype diversity, H_d)、核苷酸多样性指数(Nucleotide diversity, π)、基因流指数, 分析错配碱基分布和种群扩张。通过 Arlequin 3.01 (Excoffier *et al*, 2006)软件中的分子方差分析 (AMOVA)计算遗传分化指数(F_{st})。

2 结果与分析

2.1 序列特征

通过 DNAMAN 比对并手动拼接, 获得了 5 个种

群共 143 尾黄颡鱼的线粒体 D-loop 区全序列, 通过 MEGA 分析显示线粒体 D-loop 区的平均 A、T、G、C 碱基含量分别为 30.0%、31.3%、14.5%和 24.2%, 其中 G+C(%)含量较低, 表现出明显的碱基组成偏倚性。DnaSP 4.10.9 分析显示: 比对长度包括 890 个位点, 共有变异位点(Variable sites)151 个, 单态突变位点(Singleton variable sites)127 个, 简约信息位点(Parsimony informative sites)24 个; 此外, 还检测到 26 个插入或缺失位点。不计插入或缺失位点, 143 个样本共定义了 72 个单倍型, 种群之间共享的单倍型有 10 个(表 2)。5 个种群的平均单倍型多样性指数为 0.951 ± 0.011 , 核苷酸多样性指数为 0.00614 ± 0.00087 。各个群体的遗传多样性见表 1, 其中洪泽湖群体单倍型多样性指数最高, 鄱阳湖群体核苷酸多态性指数最高, 溧湖群体的单倍型多样性指数和核苷酸多态性指数均最低。

D-loop 测序得到了 890bp 的序列, 与 NCBI 已上传的序列(888bp)比对结果显示: 在已发表的 D-loop 区序列(No.NC_015888.1)的第 733 位和第 734 位点之间插入了 1bp 或者 2bp 的片段, 为 CT/C/T。不同类型插入片段在 5 个种群中的分布见表 3。

2.2 群体遗传结构

5 个黄颡鱼种群内部遗传距离从大到小依次为鄱阳湖(0.01035)>洪泽湖(0.00555)>太湖(0.00521)>巢湖(0.00438)>溧湖(0.00420)。5 个群体间的 K 2-P 遗传距离为 0.00427—0.00989 之间(表 4), 其中鄱阳湖群体和其它四个湖泊群体的遗传距离相对比较大为 0.00758—0.00989, 溧湖和巢湖的遗传距离最小为 0.00427。通过群体间遗传距离对 5 个黄颡鱼群体进行聚类分析得到的 UPGMA 进化树如图 1 所示, 巢湖和溧湖首先聚合, 然后与太湖、洪泽湖聚合, 最后与鄱阳湖聚在一起。

2.3 群体变异

利用 Arlequin 中 AMOVA 分子方差分析法分析

表 2 黄颡鱼 mtDNA D-loop 序列 72 种单倍型在 5 个种群中的分布
Tab.2 72 haplotypes of mtDNA D-loop of yellow catfish and their distribution in 5 populations

单倍型	登录号	种群分布					单倍型	登录号	种群分布				
		巢湖	淠湖	洪泽湖	鄱阳湖	太湖			巢湖	淠湖	洪泽湖	鄱阳湖	太湖
H1	JX262291	1					H37	JX262327					1
H2	JX262292				1		H38	JX262328	1				
H3	JX262293	6	9		6	4	H39	JX262329			1		
H4	JX262294				1		H40	JX262330	1				
H5	JX262295	3		1			H41	JX262331	1				
H6	JX262296				1		H42	JX262332				1	
H7	JX262297	1					H43	JX262333		1			
H8	JX262298			2			H44	JX262334				1	
H9	JX262299			1			H45	JX262335			2		
H10	JX262300		3	5		3	H46	JX262336	2	3		4	4
H11	JX262301			2	1		H47	JX262337					1
H12	JX262302			1			H48	JX262338	1				
H13	JX262303		1				H49	JX262339				1	
H14	JX262304			1			H50	JX262340					2
H15	JX262305			1			H51	JX262341				1	
H16	JX262306	1	1	1		1	H52	JX262342				1	
H17	JX262307					1	H53	JX262343		1			
H18	JX262308			4		1	H54	JX262344			1		
H19	JX262309			1			H55	JX262345				1	
H20	JX262310			1			H56	JX262346		2			
H21	JX262311					1	H57	JX262347		1			
H22	JX262312	1					H58	JX262348		2	1		3
H23	JX262313					1	H59	JX262349					1
H24	JX262314		1				H60	JX262350					1
H25	JX262315					1	H61	JX262351	1				
H26	JX262316	1	1				H62	JX262352		1			
H27	JX262317	2					H63	JX262353		1			
H28	JX262318	1					H64	JX262354					1
H29	JX262319		1				H65	JX262355	1				
H30	JX262320		1				H66	JX262356					1
H31	JX262321	1		1			H67	JX262357				1	
H32	JX262322			1			H68	JX262358				1	
H33	JX262323			1			H69	JX262359				1	
H34	JX262324					1	H70	JX262360	1				
H35	JX262325			1			H71	JX262361	1				
H36	JX262326				1		H72	JX262362				1	

黄颡鱼群体的变异来源, 得到群体总遗传分化指数 F_{st} 为 0.0896 ($P < 0.01$) (表 5), 可以看出来自于群体内部变异是来占 91.04%, 来自于群体间的遗传变异占 8.96%。对 5 个黄颡鱼种群进行基因流的分析, 结果显示: 种群间基因流分化指数为 Nm 为 2.22。

2.4 种群扩张

用 $Fu'F_s$ 中性检验 5 个黄颡鱼群体的显著偏离中性突变, $F_s > 0$, 表示种群趋于稳定, $F_s < 0$, 表示种群有扩张趋势(Fu, 1997)。检验结果显示: 种群整体的 $F_s = -9.71$ ($P < 0.05$), 各个群体的 F_s 都小于 0。用 143 个

个体的 D-loop 序列构建进行碱基歧点分布分析(图 2), 曲线呈现出一个明显的峰形, 表明黄颡鱼种群曾出现过一次较大的种群扩张。

表 3 不同类型插入片段在 5 个黄颡鱼种群的分布
Tab.3 The distributions of different insertion sequences of 5 populations of yellow catfish

插入序列类型	巢湖	涠湖	洪泽湖	鄱阳湖	太湖
CT	1	5	15	0	9
-T	3	2	6	0	1
C-	1	1	0	0	1
—	24	22	9	26	18

注: “—” 为无片段插入

表 4 5 个黄颡鱼种群间 K 2-P 遗传距离及遗传分化系数
Tab.4 Average pairwise difference and F_{st} between 5 yellow catfish populations

群体	巢湖	涠湖	洪泽湖	鄱阳湖	太湖
巢湖(CH)	—	0.0063	0.1530	0.0315	0.0211
涠湖(GH)	0.00427	—	0.1752	0.0295	0.0113
洪泽湖(HZ)	0.00576	0.00559	—	0.2095	0.0985
鄱阳湖(PY)	0.00759	0.00758	0.00989	—	0.0776
太湖(TH)	0.00490	0.00472	0.00590	0.00842	—

注: 对角线左下数值表示群体间遗传距离, 对角线右上数值表示遗传分化系数

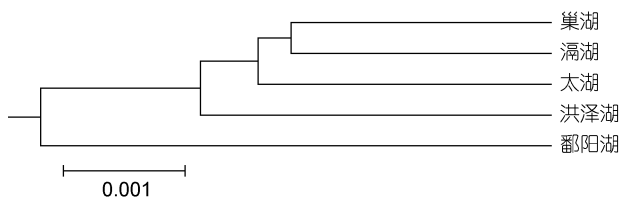


图 1 5 个黄颡鱼地理种群的 UPGMA 聚类树

Fig.1 Dendrogram of 5 yellow catfish populations by UPGMA method based genetic distance

3 讨论

3.1 遗传多样性水平

黄颡鱼线粒体 D-loop 序列的 A、T、G、C 碱基

含量分别为 30.0%、31.3%、14.5%、24.2%, 表现出较为明显的碱基偏倚性。鱼类线粒体 D-loop 的已有结果显示: 斑点叉尾鲷(秦钦等, 2011)D-loop 的 G+C(%)含量为 37.2%, 银鲳(彭士明等, 2010)D-loop 的 G+C(%)含量为 29.8%, 大黄鱼(毛勇等, 2010) D-loop 的 G+C(%)含量为 38.8。黄颡鱼 D-loop 的 G+C(%)含量为 38.7%, 符合鱼类线粒体 D-loop 序列的碱基组成特点。

本次研究测定了 143 个黄颡鱼样本获得了 72 个单倍型, 占 50.3%, 平均单倍型多样性指数(H)为 0.951 ± 0.011 , 核苷酸多样性指数(π)为 0.00614 ± 0.00087 。这比库喜英等(2010)利用 *Cyt b* 基因分析中国黄颡鱼线粒体 DNA 多样性所得到的单倍型多样性指数(0.857 ± 0.0014)和核苷酸多样性指数($\pi = 0.0023 \pm 0.0003$)要高。这主要是由于线粒体控制区序列的变异速率要比 *Cyt b* 序列的变异速率快。丁言伟(2005)¹⁾利用线粒体 ND4 序列从 60 个黄颡鱼样本中获得 23 个单倍型; 方耀林等(2005)利用运用 mtDNA PCR-RFLP 技术对位于长江中游的洞庭湖、涨渡湖、长湖自然群体共 42 尾黄颡鱼进行了分析, 得到了 15 个单倍型。与其它鱼类的遗传多样性相比较表明: 单倍型多样性比大黄鱼(毛勇等, 2010) (0.470)、鲤鱼(钟立强等, 2011) (0.637)的都要高, 但是核苷酸多样性却比大黄鱼(0.00650)、鲤鱼(0.00857)低。黄颡鱼线粒体 *Cyt b* 基因的单倍型多样性指数高而核苷酸多样性指数低, 这可能是黄颡鱼在其分布范围内经历过群体扩张造成的(库喜英等, 2010), 本次试验用线粒体 D-loop 序列也得到相同的结果。Grant 和 Bowen 依据单倍型多样性 h 和核苷酸多样性 π 推测了鱼类群体的 4 种进化情景(高 h , 高 π ; 高 h , 低 π ; 低 h , 高 π ; 低 h , 低 π) (Grant *et al.*, 1998), 黄颡鱼群体的状况被认为可能是小的有效种群经过一段时间的稳定后发生了扩张, 快速的种群增长有利于提高对新突变的保持力而导致核苷酸多样性降低(库喜英等, 2010)。

表 5 黄颡鱼 5 个种群间遗传差异的分子方差分析表(AMOVA)
Tab.5 Analysis of molecular variance (AMOVA) of 5 populations of yellow catfish

变异来源	自由度	平方和	方差组分	方差比率	总遗传分化
群体间	4	57.352	0.37009	8.96	8.96%($P < 0.01$)
群体内	138	518.956	3.76055	91.04	
总和	142	576.308	4.13064		

1) 丁言伟, 2005. 黄颡鱼属(硬骨鱼纲, 鲿科)鱼类分子系统发育及种群遗传结构的研究. 武汉: 华中农业大学硕士学位论文, 25—38

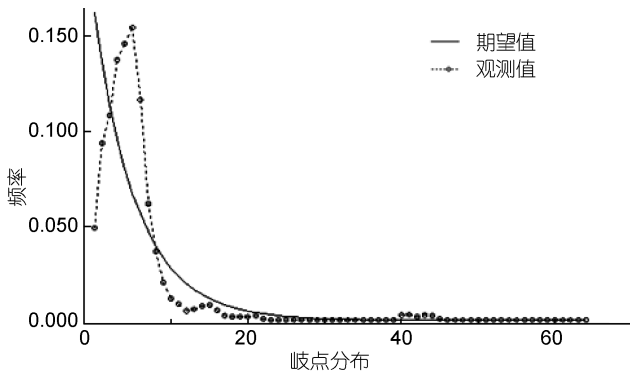


图2 5个黄颡鱼种群线粒体D-loop序列错配碱基分布图
Fig.2 The mismatch distribution of the Mitochondrial DNA D-loop of 5 yellow catfish populations

用143个个体的D-loop序列进行碱基岐点分布分析,曲线呈现出一个明显的峰形,表明黄颡鱼种群出现过一次较大的种群扩张。

漚湖黄颡鱼群体的单倍型多样性(0.903 ± 0.044)和核苷酸多样性(0.00378 ± 0.00056)均是最低的,分析其原因有可能是漚湖流域是河网密集的地区,很多企业都是沿河而建,其污染物排放到河网中,最后又流入漚湖(吴云波等,2010)。漚湖黄颡鱼自然资源的有可能进一步破坏,因此,为了在今后黄颡鱼育种工作中多一份亲本资源,应当立即将漚湖黄颡鱼的原种保护起来。

3.2 种群遗传结构与基因流

遗传分化系数 F_{st} 可以表示群体间的分化程度,一般在0—0.05之间表示分化较弱,0.05—0.15之间表示分化中等。如达到0.15—0.25之间表示遗传分化较大,而超过0.25时表示遗传分化极大。AMOVA分析结果显示:5个黄颡鱼群体总遗传分化指数 F_{st} 为0.0896 ($P < 0.01$),这说明5个地理种群的黄颡鱼的遗传分化处于中等水平。洪泽湖种群与其它4个黄颡鱼种群的平均遗传分化系数为0.1538,显示洪泽湖与其它4个种群之间遗传分化较大。首先要对洪泽湖种群进行原种保护,在育种实践中利用洪泽湖种群的特点,培育出具有优良特性的新品系;其次分析产生这种分化的原因,防止洪泽湖黄颡鱼种群出现种质退化现象。遗传距离分析表明,5个地理种群的黄颡鱼群体之间的遗传距离是与湖泊之间的地理距离有直接的关系。鄱阳湖黄颡鱼群体与其它4个黄颡鱼种群的遗传距离最大为0.00758—0.00989,漚湖和巢湖的遗传距离最小为0.00427。方耀林等(2005)分析洞庭湖、涨渡湖、长湖自然群体遗传结构单倍型间的平均

遗传距离为0.00813;Watanabe等(2003)分析各大水系黄颡鱼的平均遗传距离为0.006。黄颡鱼遗传距离比较小,这与水系之间有相互连接的河流存在有关。基因流系数 Nm 反应种群之间的交流情况,当 $Nm < 1$ 时,种群之间处于隔离状态;当 $Nm > 1$ 时,表明种群之间存在着一定的基因流动; $Nm > 4$ 时,表明各群体为一个大的随机单元(Masatoshi *et al.*, 2000)。本次研究得到的种群间基因流系数 Nm 为2.22,表示种群之间有一定的基因流动。鄱阳湖与其它4个黄颡鱼种群的遗传距离较大,主要是由于位置与其它4个黄颡鱼种群的地理距离较远。另外,本次研究得到的黄颡鱼线粒体D-loop序列比GENEBANK发表的序列(No.NC_015888.1)多了CT/C/T/序列,CT/C/T/序列在不同种群的分布(表3)显示,CT/C/T/序列存在于巢湖、漚湖、洪泽湖、太湖黄颡鱼种群,但不存在鄱阳湖黄颡鱼种群之间。基于这种现象,也可以得出巢湖、漚湖、洪泽湖、太湖黄颡鱼有着密切的交流,而与鄱阳湖种群有很少交流或者是单向的交流——黄颡鱼只能从鄱阳湖进入到下游湖泊,而下游湖泊黄颡鱼无法到达鄱阳湖,这也可能是鄱阳湖种群与其它4个种群遗传距离较大的原因之一。

黄颡鱼是我国重要的淡水经济鱼类之一,广泛分布于从北到南的各大水系中。近几年来,直接捕捞野生黄颡鱼做为亲本进行繁殖制种的方式导致了野生种质资源的破坏。本研究分析了长江中下游5个湖泊黄颡鱼自然种群的遗传多样性和分化程度,为黄颡鱼育种提供了一些基础数据。黄颡鱼的遗传多样性尚属于高等水平,但是随着生态环境的破坏以及人工繁殖的黄颡鱼对野生资源冲击,黄颡鱼的种质资源必将遭到破坏。因此,科研单位在育种的同时应加强对野生资源的保护,有必要时建立规范的原种保护基地,使黄颡鱼产业达到可持续的发展,满足市场需求。同时,这也对以后生产优质黄颡鱼品系有着重要的意义。

参 考 文 献

- 毛 勇, 蒋秋芬, 曾华嵩等, 2010. 大黄鱼线粒体DNA控制区遗传多样性分析. 厦门大学学报, 49(3): 440—444
方耀林, 汪登强, 刘绍平等, 2005. 长江中游湖泊中黄颡鱼线粒体DNA的遗传变异. 中国水产科学, 12(1): 56—61
李大宇, 殷倩茜, 侯 宁等, 2009. 黄颡鱼(*Pelteobagrus eupogon*)不同生态地理分布群体遗传多样性的微卫星. 海洋与湖沼, 40(4): 460—469
吴云波, 郑建平, 2010. 漚湖入湖污染物控制对策研究. 环境

- 科技, 23(1): 12—14
- 吴勤超, 梁宏伟, 李 忠等, 2010. 黄颡鱼微卫星标记的筛选及三个野生群体的遗传结构分析. 生物技术通报, 3: 154—159
- 库喜英, 周传江, 何舜平, 2010. 中国黄颡鱼的线粒体 DNA 多样性及其分子系统学. 生物多样性, 18(3): 262—274
- 张新宇, 高燕宁, 2004. PCR 引物设计及软件使用技巧. 生物信息学, 2: 15—18
- 钟立强, 张成锋, 周 凯等, 2011. 四个鲤鱼种群 ITS-1 序列的遗传变异分析. 湖泊科学, 23(2): 271—276
- 秦 钦, 许志强, 边文翼等, 2011. 斑点叉尾鮰线粒体 DNA 控制区结构和群体遗传多样性分析. 淡水渔业, 41(4): 50—54
- 彭士明, 施兆鸿, 侯俊利等, 2010. 基于线粒体 D-loop 区与 COI 基因序列比较分析养殖与野生银鲌群体遗传多样性. 水产学报, 34(1): 19—25
- 褚新洛, 莫天培主编, 1999. 中国动物志. 北京: 科学出版社, 152—156
- Masatoshi N, Sudhir K, 2000. 吕宝忠, 钟 扬, 高莉萍等译, 2002. 分子进化与系统发育. 北京: 高等教育出版社, 76—98
- Excoffier L, Laval G, Schneider S, 2006. Arlequin ver 3.01: An integrated software package for population genetics data analysis. Berne: Computational and Molecular Population Genetics Laboratory (CMPG), University of Berne, Switzerland, 1: 47—50
- Fu Y X, 1997. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. Genetics, 147(2): 915—925
- Grant W S, Bowen B W, 1998. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation. Journal of Heredity, 89: 415—426
- Kimura M A, 1980. Simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. Journal of Molecular Evolution, 16: 111—120
- Kumar S, Tamura K, Nei M *et al*, 2004. MEGA3: integrated software formolecula revolutionary genetics analysis and Sequence alignment. Brief Bioinform, 5: 150—163
- Rozas J, Anchez-DelBarrio J C, Esseguer X M *et al*, 2003. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. Bioinformatics, 19(18): 2496—2497
- Sbisa E, Tanzariello F, Reyes A *et al*, 1997. Mammalian mitochondrial D-loop region structural analysis: identification of new conserved sequences and their functional and evolutionary implications. Gene, 205: 125—140
- Watanabe K, Nishida M, 2003. Genetic population structure of Japanese bagrid catfishes. Ichthyological Research, 50(2): 140—148
- Yang Y, Kim K, Cothran E *et al*, 2001. Genetic Diversity of Cheju Horses (*Equuscaballus*) Determined by using Mitochondrial DNA D-loop Polymorphism. Biochemical Genetics, 40: 175—186

POPULATION GENETICS IN MITOCHONDRIAL DNA CONTROL REGION FOR FIVE FRESH-WATER YELLOW CATFISH *PELTEOBAGRUS FULVIDRACO*

LIU Peng-Peng^{1,2}, ZHONG Li-Qiang², PAN Jian-Lin², CHEN Xiao-Hui²,
CHEN You-Ming², WANG Ming-Hua², YANG Jia-Xin¹

(1. School of Life Science, Nanjing Normal University, Nanjing, 210046; 2. Freshwater Fisheries Research Institute of Jiangsu Province, Nanjing, 210017)

Abstract The total mitochondrial D-loop of yellow catfish from 5 fresh-water populations were sequenced. The result show that among 890 sites in total 151 were variable and 24 were parsimony-informative sites. 72 haplotypes were detected from 143 individual. The average haplotype diversity index and nucleotide polymorphism index was 0.951 ± 0.011 and 0.00614 ± 0.00087 , respectively. The analysis of genetic distance between 5 populations showed that genetic distance among 5 populations are small ranging 0.00427—0.00989. The genetic distance between Poyang Lake population and others were relatively larger for 0.00758—0.00989, while it was small between those of Guhu Lake and Chaohu Lake for 0.00427. The overall genetic differentiation index (F_{st}) of 5 populations was 0.0896 ($P < 0.01$), indicating that the intra-group variation was 91.04% and intergroup was 8.96%. The gene flow coefficient (Nm) among 5 populations was 2.22, showing certain gene flow among 5 populations.

Key words *Pelteobagrus fulvidraco*; mitochondrial DNA control region; genetic diversity