

东太平洋公海茎柔鱼种群遗传结构初步研究

闫杰^{1,2}, 许强华^{1,2,3}, 陈新军^{1,2,3*}, 李纲^{1,2,3}, 刘必林^{1,2,3}

(1. 上海海洋大学海洋科学学院, 上海 201306;

2. 上海海洋大学大洋渔业资源可持续开发省部共建教育部重点实验室, 上海海洋大学, 上海 201306;

3. 上海海洋大学大洋生物资源开发与利用上海市高校重点实验室, 上海海洋大学, 上海 201306)

摘要: 根据2009年7月到10月我国大型鱿钓渔船在东太平洋(81.9°~94.9°W, 8.9°N~11.3°S)秘鲁和哥斯达黎加外海作业期间采集的样本, 利用线粒体DNA细胞色素*b*基因的724 bp部分序列, 分析了采自秘鲁7个采样点和哥斯达黎加3个采样点的155个个体的序列多样性与种群遗传结构。结果显示, 724 bp片段中发现了16个变异位点, 155个个体出现43个单倍型。序列多样性分析结果揭示, 155个个体的平均单倍型多样性指数为0.873, 核苷酸多样性指数为0.003 69。群体间共享6个单倍型, 秘鲁外海茎柔鱼群体享有最多特有单倍型(20个)。分子方差分析揭示, 82.70%的遗传变异性出现在种群内; 群体间的 F_{ST} 分析揭示部分秘鲁群体与哥斯达黎加群体, 部分秘鲁群体间存在着显著的遗传分化; 而哥斯达黎加群体内部不存在显著的遗传分化。

关键词: 茎柔鱼; 细胞色素*b*; 遗传结构; 系统发育树

中图分类号: Q 347; S 917

文献标志码: A

茎柔鱼(*Dosidicus gigas*)为大洋性浅海种, 分布在中部太平洋以东的海域^[1], 即37°~40°N到45°~47°S以东沿着赤道扩展到140°W一带水域, 范围甚广^[2]。茎柔鱼个体大小差异很大, 种群结构也极其复杂^[2]。EHRHARDT等^[3]阐述了1980年1月到9月在加利福尼亚海湾调查的茎柔鱼可分为5个群体。NESIS^[4]认为可将茎柔鱼的成年个体分为3个群体: 小型群(胴长200~230 mm), 中型群(胴长340~450 mm), 大型群(胴长>460 mm)。ARGUELLES等^[5]在对1992年秘鲁水域茎柔鱼进行的种群结构研究中, 将茎柔鱼分为2个群体, 胴长<490 mm的小型群和胴长>520 mm大型群, 其中也指出很少捕获到按NESIS分群方法的小型群, 可能因为小型群仅在赤道分布的缘故。NIGMATALLIN等^[6]将茎柔鱼按胴长的大小分为3个体型群: 小型群(成年雄性胴长130~260 mm, 成年雌性140~340 mm);

中型群(雌雄分别是240~420 mm和280~600 mm); 大型群(雄性>400~500 mm或>550~650 mm, 雌性≥1 000 mm)。

近年来, 一些学者将分子生物学方法引入茎柔鱼种群结构研究中。SANDOVAL-CASTELLANOS等^[7]利用随机扩增多态性DNA(RAPD)分子标记分析了采自东太平洋8个位点的茎柔鱼, 研究其种群遗传结构, 建议将东太平洋茎柔鱼以赤道为界分为南方和北方2个地理群。

线粒体DNA遵守严格的母系遗传, 无遗传重组, 通常能够全面反映种群内和种群间的遗传变异, 被广泛地用于探讨种群遗传结构及遗传多样性研究^[8]。细胞色素*b*(cytochrome *b*, Cyt *b*)基因的结构和功能在mtDNA的13个蛋白质编码基因中被了解得最为清楚^[9], 且进化速度适中, 因此在动物群体与进化遗传学中的应用较为广泛^[10]。本文采用线粒体DNA细胞色素*b*基因

收稿日期: 2011-04-17 修回日期: 2011-06-14

资助项目: 上海市优秀学科带头人计划(10XD1402000); 国家自然科学基金项目(NSFC40876090); 上海市曙光跟踪计划(08GG14); 上海市捕捞学重点学科资助(S30702)

通讯作者: 陈新军, E-mail: xjchen@shou.edu.cn

724 bp 的序列为标记,对分布于秘鲁和哥斯达黎加的茎柔鱼进行了种群遗传结构研究,为更好地理解茎柔鱼种群遗传结构并进一步为该渔业的科学管理提供参考。

1 材料与方法

1.1 基因组 DNA 提取

2009 年 7—10 月我国专业鱿钓渔船自东太平洋秘鲁和哥斯达黎加采集茎柔鱼 155 尾(表 1),按采样位点分为 2 个种群(图 1)。其中秘鲁 7 个随机采样点,命名为 Peru1—Peru7,哥斯达黎加 3 个随机采样点,命名为 Costa1—Costa3。取成熟茎柔鱼套膜的肌肉组织,放入 70% 的酒精中,冻存于 $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ 冰箱中,带回实验室。

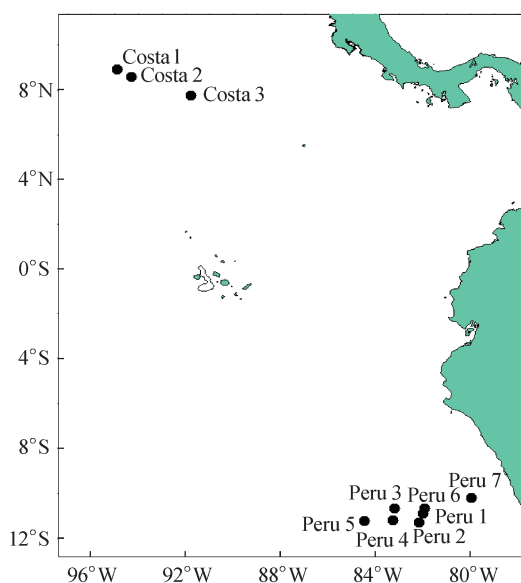


图 1 茎柔鱼样本采集点

Fig. 1 The sampling locations of *D. gigas*

取约 100 mg 肌肉组织剪碎,分别放入 1.5 mL 离心管中,加入 370 μL TNE 缓冲液,10 μL 10% SDS,10 μL 10 mg/mL 蛋白酶 K 和 20 μL 1 mol/L DTT,56 $^{\circ}\text{C}$ 消化至透明,然后依次用苯酚、抽提液 1(酚:氯仿:异戊醇为 25:24:1)、抽提液 2(氯仿:异戊醇为 24:1)抽提,无水乙醇沉淀,70% 乙醇清洗,室温干燥后加入 50 μL TE 溶解。用紫外分光光度计检测提取 DNA 的浓度和纯度。

1.2 mtDNA 序列扩增与测定

使用自行设计的引物 CBF: 5'-ACGCAAAATGGCATAAGCGA-3', CBR: 5'-AGTTGTTTCAGGTTGCTAGGGGA-3' 进行 PCR

扩增。PCR 反应总体积为 25 μL ,其中包括 10 \times PCR 反应缓冲液 2.5 μL (500 mmol/L Tris-Cl(pH 8.4), 100 mmol/L KCl, 15 mmol/L MgCl_2 , 1% tritonx-100);基因组模板 DNA(10 $\mu\text{g}/\text{mL}$)2 μL ;Taq 酶(5 U/ μL)0.2 μL ;dNTP(各 2.5 mmol/L)2 μL ;引物(10 $\mu\text{mol}/\text{L}$)0.6 μL ;ddH₂O 补足体积。样品在 Eppendorf PCR 仪器上进行扩增,94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min;94 $^{\circ}\text{C}$ 30 s,58.5 $^{\circ}\text{C}$ 45 s,72 $^{\circ}\text{C}$ 45 s,35 个循环;72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 min;4 $^{\circ}\text{C}$ 保存。扩增产物在 1.5% 琼脂糖凝胶上进行电泳分离,割胶回收目的片段,连接至 PUC18-T 载体(Takara 公司)并转化至大肠杆菌 DH5 α ,筛选阳性克隆,由上海生物工程技术有限公司测序。

表 1 茎柔鱼采集地点、时间和数目
Tab. 1 The sampling locations, time and number of *D. gigas*

海域 sea area	采样点 sampling locations			采样 数量/尾 sample number	采样 时间 sampling time
	简称 short name	纬度 latitude	经度 longitude		
哥斯达 黎加 Costa	Costa1	8.917°N	94.917°W	12	
	Costa2	8.583°N	94.317°W	13	2009-07-08
	Costa3	7.770°N	91.800°W	12	
秘鲁 Peru	Peru1	10.883°S	82.017°W	34	
	Peru2	11.283°S	82.167°W	19	
	Peru3	10.663°S	83.200°W	19	
	Peru4	11.200°S	83.283°W	11	2009-09-10
	Peru5	11.233°S	84.483°W	3	
	Peru6	10.650°S	81.950°W	4	
	Peru7	10.211°S	79.960°W	28	

1.3 数据分析

控制区序列的对位排列(alignment)使用 Clustal x 软件^[11],并对序列辅以手工校正。遗传变异分析采用 MEGA 4 软件^[12],茎柔鱼各单倍型间系统发生关系的重建采用邻接法(Neighbor-joining, NJ)^[13],序列间的遗传距离以 Kimura 双参数法(Kimura 2-parameter)^[14]进行估计。采用 MEGA 4 软件进行分析^[15],系统发育树分支的置信度采用自引导法(bootstrap analysis, BP)^[16]重复检测,设置为 1 000 次重复。单倍型多样性指数(h)与核苷酸多样性指数(π)应用 DnaSP version 4.00^[17]软件进行计算。分子方差分析(AMOVA)^[18]应用 ARLEQUIN version 3.0 进行计算,其中, F_{ST} 值是采用单倍型频率来计算^[19]。

2 结果

2.1 序列多样性

利用自行设计的引物进行 PCR 扩增,共获得 155 个线粒体细胞色素 *b* 序列,序列长 724 bp,编

码 241 个氨基酸,共得到 43 个单倍型,分别标为 H1—H43。724 bp 的序列共检出 16 个变异位点,均为简约信息位点。43 个单倍型的变异位点及单倍型所享个体数如表 2 所示。

表 2 线粒体细胞色素 *b* 序列各单倍型变异位点
Tab. 2 The variable sites in haplotypes of Cyt *b* sequences

单倍型 haplotype	88	113	137	140	182	187	260	282	301	337	412	418	472	622	642	686	数量 number
H1	G	A	A	A	T	G	T	A	A	T	A	G	G	A	T	T	8
H2	A	A	.	.	G	.	18
H3	.	T	.	.	.	A	A	17
H4	A	A	29
H5	A	8
H6	-	.	6
H7	A	-	.	5
H8	.	T	5
H9	.	T	.	.	.	A	.	.	.	C	4
H10	.	T	.	.	.	A	4
H11	A	A	.	G	G	.	4
H12	.	T	.	.	.	A	A	.	.	-	.	4
H13	A	T	.	.	.	A	A	3
H14	A	.	.	.	C	3
H15	A	T	.	.	.	A	.	G	G	.	.	A	3
H16	.	T	.	.	.	A	.	.	.	C	2
H17	A	T	.	.	.	A	2
H18	A	G	.	T	.	.	.	2
H19	A	A	A	.	.	-	.	2
H20	A	A	.	G	-	.	2
H21	A	A	A	2
H22	A	T	G	G	G	A	1
H23	.	T	G	G	G	A	1
H24	.	T	.	.	.	A	G	.	T	.	.	.	2
H25	.	T	G	.	G	A	G	.	.	.	G	.	T	.	.	.	1
H26	A	T	G	G	.	A	1
H27	A	.	.	.	C	-	.	1
H28	A	A	.	G	.	.	1
H29	A	.	.	.	A	A	.	G	G	A	1
H30	A	A	.	G	G	A	1
H31	.	.	.	G	G	A	A	.	.	G	.	1
H32	G	.	.	1
H33	A	T	.	.	.	A	A	.	.	G	.	1
H34	.	T	.	.	.	A	A	.	.	G	.	1
H35	.	.	G	G	G	A	G	A	1
H36	.	T	.	.	.	A	G	A	1
H37	.	.	G	G	G	A	G	A	.	.	G	.	1
H38	G	.	G	G	.	1
H39	.	T	G	G	.	A	A	1
H40	A	G	.	T	.	-	.	1
H41	.	T	.	.	.	A	-	.	1
H42	A	T	-	.	1
H43	A	A	-	.	1

10 个群体内 mtDNA 细胞色素 *b* 序列变异性用单倍型多样性指数 (*h*) 和核苷酸多样性指数来表示 (表 3)。序列多样性分析结果揭示, 155 个

个体的平均单倍型多样性指数为 0.873, 核苷酸多样性指数为 0.003 69 (表 3)。

表 3 线粒体细胞色素 *b* 序列多样性
Tab. 3 Measures of mitochondrial DNA diversity

种群 population	样本数/尾 number	单倍型数/尾 haplotype number	单倍型多样性指数/ <i>h</i> haplotype diversity index	核苷酸多样性指数/ π nucleotide diversity index
total	155	43	0.873 ± 0.019	0.003 69 ± 0.000 95
Costa1	12	7	0.939 ± 0.048	0.002 85 ± 0.002 74
Costa2	13	5	0.782 ± 0.069	0.003 97 ± 0.003 56
Costa3	12	8	0.936 ± 0.051	0.004 36 ± 0.004 01
Peru1	34	15	0.804 ± 0.057	0.002 27 ± 0.002 37
Peru2	19	8	0.766 ± 0.072	0.001 86 ± 0.001 58
Peru3	19	9	0.696 ± 0.097	0.002 67 ± 0.003 56
Peru4	11	5	0.491 ± 0.175	0.000 96 ± 0.001 42
Peru5	3	3	1.000 ± 0.272	0.006 45 ± 0.006 45
Peru6	4	4	1.000 ± 0.177	0.003 92 ± 0.003 77
Peru7	28	13	0.873 ± 0.019	0.003 06 ± 0.003 69

155 个茎柔鱼样本中共检出 43 个单倍型, 以 Peru1 和 Peru7 采样点存在的单倍型类型最多, 分别为 15 种和 13 种。而 Peru7 的特有单倍型最多达到 6 个, 分别是 H19、H27、H28、H29、H30、H43。H1、H3、H4、H5、H9 和 H13 是秘鲁和哥斯达黎加的共有单倍型, H4 出现的次数最多, 为 29 次, 分别出现在 Peru1、Peru2、Peru3、Peru4、Peru7 和 Costa1 采样点中。H14—H18、H22—H26 是哥斯达黎加特有单倍型。H2、H6、H7、H8、H11、H12、H20、H21、H31—H42 是秘鲁特有单倍型 (表 4)。

表 4 各采样位点的茎柔鱼单倍型分布
Tab. 4 Haplotype distribution for *D. gigas* among localities

种群 population	各采样点单倍型分布 haplotype distribution among localities
Peru1	H1 H2 H3 H4 H5 H6 H7 H8 H11 H12 H13 H20 H31 H32 H33
Peru2	H1 H2 H3 H4 H8 H10 H12 H21
Peru3	H2 H3 H4 H9 H34 H35 H36 H37 H38
Peru4	H3 H4 H7 H12 H13
Peru5	H6 H39 H40
Peru6	H6 H11 H41 H42
Peru7	H1 H2 H4 H6 H7 H11 H19 H20 H27 H28 H29 H30 H43
Costa1	H1 H3 H4 H5 H9 H13 H17
Costa2	H5 H14 H15 H16 H18
Costa3	H5 H9 H10 H22 H23 H24 H25 H26

2.2 系统发育树的构建

茎柔鱼各单倍型间采用邻接法 (Neighbor-Joining, NJ) 构建系统发生树 (bootstrap 值小于 50% 的省略) (图 2), 结果显示, 采样区域内的茎柔鱼群体没有形成明显的种群遗传结构。

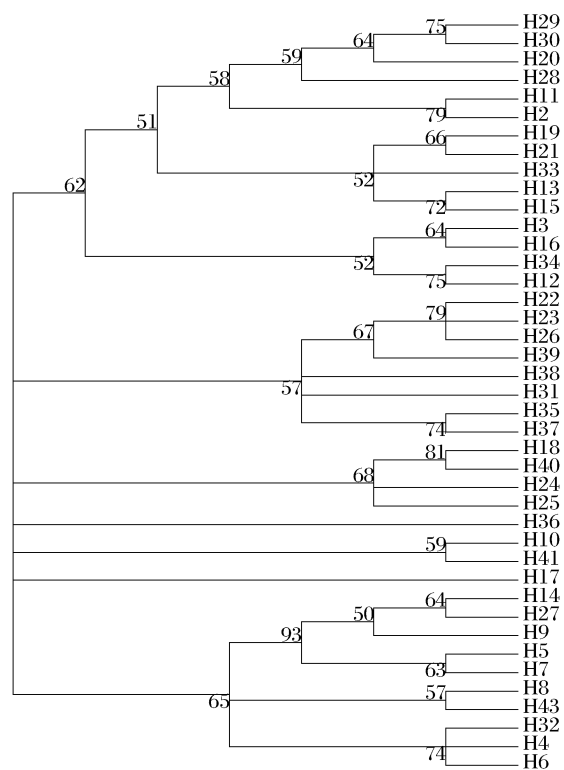


图 2 基于 *Cyt b* 基因序列的邻接
Fig. 2 Neighbor-Joining tree based on *Cyt b* sequences

2.3 群体遗传结构分析

种群间的遗传结构用分子方差分析 (AMOVA)^[18] 来进行。分子方差分析揭示, 82.70% 的遗传变异性出现在种群内; 而 17.30% 的遗传变异性出现在种群间(表 5)。利用 F_{ST} 分

析进一步分析种群遗传结构。两两群体间的 F_{ST} 分析显示, 群体间的 F_{ST} 分析揭示部分秘鲁群体与哥斯达黎加群体, 部分秘鲁群体间存在着显著的遗传分化; 而哥斯达黎加群体内部不存在显著的遗传分化(表 6)。

表 5 茎柔鱼种群的分子方差分析
Tab. 5 Analysis of molecular variance (AMOVA) of *D. gigas*

变异来源 source of variation	d_f	方差之和 sum of squares	变异组成 variance components	变异百分数 percentage of variation	F index 指数 F index
种群间 among populations	9	34.667	0.195 91 Va	17.30	0.173 03
种群内 within populations	145	135.772	0.936 36 Vb	82.70	
总和 total	154	170.439	1.132 27		

表 6 茎柔鱼种群间的 F_{ST} 分析
Tab. 6 F_{ST} analysis among the ten populations of *D. gigas*

两两种群比较 pairwise population comparison	Costal	Costa2	Costa3	Peru1	Peru2	Peru3	Peru4	Peru5	Peru6	Peru7
Costal	—									
Costa2	0.117 60	—								
Costa3	0.189 79	0.159 79	—							
Peru1	0.095 27	0.141 52	0.325 03	—						
Peru2	0.024 52*	0.175 98	0.327 35	0.007 66**	—					
Peru3	0.111 51	0.196 48	0.316 09	0.049 91*	0.021 34*	—				
Peru4	0.054 17	0.333 16	0.363 66	0.260 55	0.113 52	0.165 04	—			
Peru5	-0.026 19*	-0.072 99	-0.081 56	-0.075 40	-0.038 38*	-0.027 32*	0.107 07	—		
Peru6	-0.012 54*	0.043 01*	0.130 35	-0.000 20**	0.049 23*	0.158 14	0.216 84	-0.153 85	—	
Peru7	0.181 68	0.141 10	0.382 96	0.014 21*	0.107 98	0.121 05	0.401 94	-0.026 91*	0.054 00*	—

注: * 差异显著 ($P < 0.05$); ** 差异极其显著 ($P < 0.01$)。P 值采用 1 000 次重复来进行估计。

Notes: * Significant difference ($P < 0.05$); ** Highly significant difference ($P < 0.01$). Probability P was calculated from 1 000 replications.

3 讨论

本研究中, 155 个样本来自 10 个采样点, 其中秘鲁 7 个采样点 (Peru1—Peru7), 哥斯达黎加 3 个采样点 (Costa1—Costa3)。利用 724 bp 的 mtDNA 细胞色素 *b* 基因进行的序列多样性分析结果揭示, 155 个个体具有比较高的单倍型多样性指数 ($h = 0.873$) 和比较低的核苷酸多样性指数 ($\pi = 0.003 69$)。另外, 10 个采样群体单倍型间的遗传距离为 0.001 ~ 0.017。而对于大多数动物 mtDNA 而言, 如单倍型平均遗传距离在 0.01 以上, 被认为遗传变异较大^[20]。本研究中单倍型间遗传距离最大可达 0.017, 也说明该海域茎柔鱼的遗传多样性水平较高。

本研究 155 个茎柔鱼样本中共获得 43 种单倍型, 其中 H4 出现次数最多, 为 29 次, 同时也是

两个种群共有单倍型, 推测 H4 很可能是较原始的单倍型类型^[21]。两个种群其它共享单倍型 H1 出现 8 次, 分别出现在 Peru1、Peru2、Peru7、Costal, H3 出现 17 次, 分别出现在 Peru1、Peru2、Peru3、Peru4、Costal; H5 出现 8 次, 分别出现在 Peru1、Costal、Costa2、Costa3; H9 出现 4 次, 分别出现在 Peru3、Costal、Costa3; H13 出现 3 次, 分别出现在 Peru1、Peru4、Costal。种群共有单倍型出现的次数多, 表明该海域茎柔鱼间基因交流频繁。

群体间的分子方差分析显示, 82.70% 的遗传变异性出现在种群内部; 而两两群体间的 F_{ST} 分析揭示出部分秘鲁群体与哥斯达黎加群体间存在着显著的遗传分化; 且部分秘鲁群体间存在着一定的遗传分化; 而哥斯达黎加群体内部不存在显著的遗传分化。由于本研究中, 秘鲁海域部分采样点拥有的样本数比较低 (如: Peru5 仅有 3 个样

本, Peru6 仅有 4 个样本), 这可能影响了秘鲁种群间遗传分化的分析结果。但总的来看, 种群遗传结构的分析结果也可以大致将东太平洋公海茎柔鱼以赤道为界分为南方和北方 2 个地理群。

按照 ARGUELLES 等^[5]对秘鲁水域茎柔鱼的分群方法, 本研究将 Peru7 采样点的所有个体均划分为大型群(胴长 >490 mm), 其余采样点的个体均是小型群(胴长 <490 mm)。结果显示, Peru7 群体享有的单倍型和特有单倍型都较多, 这可能与 Peru7 位点处于秘鲁寒流的中心, 而秘鲁寒流属于水平补偿流, 使此处栖息的茎柔鱼群体较多地受到了秘鲁寒流的影响有关。

参考文献:

- [1] 王尧耕, 陈新军. 世界大洋性经济柔鱼类资源及其渔业[M]. 北京: 海洋出版社, 2005: 240.
- [2] YAMASHIRO C, MARIATEGUI L, RUBIO J. *et al.* Jumbo flying squid fishery in Peru[C]//Okutani T, (Ed). Large pelagic squids. Tokyo: Japan Marine Fishery Resources Research Center, 1998: 119-125.
- [3] EHRHARDT N M, JACQUEMIN P S, GARC' IA F, *et al.* On the fishery and biology of the giant squid *Dosidicus gigas* in the Gulf of California, Mexico [C]//Caddy J F, (Ed). Advances in assessment of world cephalopod resources. FAO Fisheries Technical Paper, 1983, 231: 306-339.
- [4] NESIS K N. *Dosidicus giga* [M] // Boyle R P, (Ed). Cephalopod Life Cycles. Academic Press, 1983: 215-231.
- [5] ARGUELLES J, RODHOUSE P G, VILLEGAS P, *et al.* Age growth and population structure of the jumbo flying squid *Dosidicus gigas* in Peruvian waters[J]. Fisheries Research, 2001, 54: 51-61.
- [6] NIGMAUTLLIN C M, NESIS K N, ARPHIPKIN A I. A review of the biology of the jumbo squid *Dosidicus gigas* (Cephalopoda: Ommastrephidae) [J]. Fisheries Research, 2001, 54: 9-19.
- [7] SANDOVAL-CASTELLANOS E, URIBE-ALCOCER M, DÍAZ-JAIMES P. Population genetic structure of jumbo squid (*Dosidicus gigas*) evaluated by RAPD analysis[J]. Fisheries Research, 2007, 83: 113-118.
- [8] 方李宏, 薛俊增, 董双林. 甲壳动物线粒体 DNA 的研究[J]. 海洋湖沼通报, 2004(2): 59-65.
- [9] IRWIN D M, KOCHER T D, WILSON A C. Evolution of the cytochrome *b* gene of mammals [J]. Mol Evol, 1991, 32: 128-144.
- [10] 程起群, 马春艳, 庄平, 等. 基于线粒体 Cytb 基因标记探讨凤鲚 3 群体遗传结构和进化特征[J]. 水产学报, 2008, 32(1): 1-7.
- [11] THOMPSON J D, GIBSON T J, PLEWWNIAC F, *et al.* The Clustal X windows interface: flexible strategies for multiple sequences alignment aided by quality analysis tools[J]. Nucl Acids Res, 1997, 25: 4876-4882.
- [12] KUMAR S, TAMURA K, NEI M. MEGA3: an integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment[J]. Brief Bioinform, 2004, 25: 150-163.
- [13] SAITOU N, NEI M. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees [J]. Molecular Biology and Evolution, 1987, 4: 406-425.
- [14] KIMURA M A. simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences [J]. Journal of Molecular Evolution, 1980, 16: 111-120.
- [15] TAMURA K, DUDLEY J, NEI M. *et al.* MEGA 4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4. 0 [J]. Molecular Biology and Evolution, 2007, 10. 1093/molbev/msm092.
- [16] FELSENSTEIN J. Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap [J]. Evolution, 1985, 39: 783-791.
- [17] ROZAS J, SANCHEZ-BELBARRIO X, ROZAS R. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods [J]. Bioinformatics 2003, 19: 2496-2497.
- [18] EXCOFFIER L, SMOUSE P, QUATTRO J. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data [J]. Genetics, 1992, 131: 491-497.
- [19] EXCOFFIER L, LAVAL G, SCHNEIDER S. Arlequin ver. 3. 0: An integrated software package for population genetics data analysis [J]. Evolutionary Bioinformatics Online, 2005, 1: 47-50.
- [20] LAN H, SHI L. The origin and genetic differentiation of native breeds of pigs in southwest China: an approach from mitochondrial DNA polymorphism [J]. Biochemical Genetics, 1993, 31(1-2): 51-60.
- [21] 乐小亮, 赵爽, 刘海林, 等. 基于线粒体细胞色素 *b* 基因全序列的海南长臀鲩南渡江种群遗传变异分析[J]. 生态科学, 2010, 29(3): 247-250.

Primary studies on the population genetic structure of *Dosidicus gigas* in the high seas of eastern Pacific Ocean

YAN Jie^{1,2}, XU Qiang-hua^{1,2,3}, CHEN Xin-jun^{1,2,3*}, LI Gang^{1,2,3}, LIU Bi-lin^{1,2,3}

(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 Ocean University, Shanghai 201306, China;

3. Key Laboratory of Oceanic Fisheries Resources Exploitation of Shanghai Education Commission, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China)

Abstract: The jumbo flying squid (*Dosidicus gigas*) is commercially important fishery species in the world. Assessment of population genetic diversity levels of jumbo flying squid is fundamental to the conservation and management of this species. The samples derived from the Chinese squid jigging vessel were collected from the eastern Pacific waters (81.9°–94.9°W, 8.9°N–11.3°S) from July to October 2009. By using 724 bp fragment of mitochondrial cytochrome *b* gene (Cyt *b*), we analyzed the sequence variations and population genetic structures for 155 samples collected from seven sites of Peru and three sites of Costa Rica. In total, 16 variable sites were acquired, and all of them were parsimony sites. 43 haplotypes were identified from 155 individuals. Analysis of mtDNA Cyt *b* sequences of jumbo flying squids from the ten localities revealed that the mean haplotypic diversity was 0.873, while the nucleotide diversity was 0.00369. 6 haplotypes were shared by all the populations, while Peru population possessed the highest haplotypes ($n = 20$). The AMOVA test of *D. gigas* revealed that 82.70% of the genetic variation occurred within populations. F_{ST} analysis suggested that significant genetic differentiations were found between the partial Peru populations and the Costa Rica populations, and even between partial Peru populations. However, no significant genetic differentiations were detected between Costa Rica populations.

Key words: *Dosidicus gigas*; cytochrome *b*; genetic structure; phylogenetic tree

Corresponding author: CHEN Xin-jun. E-mail: xjchen@shou.edu.cn