

## 南海北部海域多齿蛇鲻的种群分析

孙冬芳<sup>1,2</sup>, 董丽娜<sup>1,2</sup>, 李永振<sup>1\*</sup>, 卢伟华<sup>3</sup>, 李希国<sup>3</sup>, 于杰<sup>1</sup>,  
黄梓荣<sup>1</sup>, 艾红<sup>1</sup>, 朱文聪<sup>1</sup>, 崔科<sup>2</sup>, 李娜娜<sup>4</sup>

(1. 中国水产科学研究院南海水产研究所, 广东 广州 510300;

2. 上海海洋大学水产与生命学院, 上海 201306;

3. 东莞市海洋与渔业环境监测站, 广东 东莞 523079;

4. 大连海洋大学, 辽宁 大连 116023)

**摘要:** 对南海北部海域5个多齿蛇鲻地理群体(北海、湛江、茂名、东莞、汕尾)共78个个体的线粒体控制区基因序列进行了扩增测序。在78个个体的568 bp序列中共检测到48个单倍型, 39个变异位点。经分子变异等级分析(AMOVA)得出5个地理群体内遗传变异度为98.82%, 群体间遗传变异度仅为1.18%, 各群体间成对遗传变异固定指数 $F_{ST}$ 值在0.00024~0.03008; 78个个体间的遗传距离在0~0.025。通过对基于序列片段构建的NJ树和基于序列单倍型利用中介网络法构建的群体间关系网的分析发现, 5个群体间有明显的基因交流, 遗传分化差异不大; 再结合种群、种及属的界定标准, 判定5个多齿蛇鲻群体归属于同一种群; 而且, 在经历快速增长、变异和瓶颈期之后, 多齿蛇鲻种群就以小群体模式继续快速增长, 形成地理群体。

**关键词:** 多齿蛇鲻; 种群分析; 遗传结构; 南海

**中图分类号:** S 931.5

**文献标识码:** A

多齿蛇鲻(*Saurida tumbil*)是南海区的主要经济鱼类之一<sup>[1]</sup>, 隶属于灯笼鱼目(Myctophiformes)、狗母鱼科(Synodidae)、蛇鲻属(*Saurida*)。世界分布区有澳洲东北、印度尼西亚、菲律宾、马来半岛、中南半岛、中国、日本、朝鲜、红海和非洲东岸, 在我国分布在南海和东海, 主要生活于近岸至陆架边缘海域。很多学者都对多齿蛇鲻进行过研究, 但主要集中在渔获量分布、生物学分析和渔具选择性等方面<sup>[2-8]</sup>, 还未见到对其种群分析研究方面的报道。

鱼类种群是渔业资源研究和管理的基本单位, 鱼类种群分析是渔业生物学中的一项基础性工作, 是合理利用鱼类资源首先要解决的基本问题<sup>[9]</sup>。种群的研究方法经历了形态学, 同工酶以及分子标记几个主要阶段<sup>[10]</sup>。由于线粒体DNA

(mitochondrial DNA, mtDNA)进化速度快, 能够比其他的很多分子标记更容易地揭示种群间的差异, 所以在种群遗传学分析中得到普遍应用<sup>[11-12]</sup>。本研究通过对南海北部海域多齿蛇鲻不同地理群体线粒体DNA控制区的序列分析, 对其种群归属做出判定, 为南海多齿蛇鲻渔业资源的合理利用提供科学依据。

### 1 材料与方 法

#### 1.1 实验材料

实验用5个多齿蛇鲻地理群体分别于2009年5月至2009年9月采集于南海沿海码头, 共78尾, 采集时间、地点见图1, 样品数量情况见表1。北海(BH)代表北部湾群体, 湛江(ZJ)代表雷州半岛东部群体, 茂名(MM)代表茂名群体, 东莞

收稿日期:2010-05-21 修回日期:2010-06-20

资助项目:科技部社会公益研究专项资金项目(2004DIB3J098);广东省科技计划项目(2005B31001005);国家科技基础性工作重点项目(2003DEA6N042);国家农业财政项目(2009-2011)

通讯作者:李永振, E-mail: Y. Z. Li@qq.com

(DG)代表珠江口群体,汕尾(SW)代表粤东群体。

每个个体分别剪取尾部肌肉或尾鳍末端作为样品浸入95%的酒精中固定和保存,运回实验室后于-20℃冰箱中保存备用。

## 1.2 实验方法

**DNA的提取与检测** 从每个样品中取100 mg左右肌肉或尾鳍,置于1.5 mL离心管内剪碎,室温放置至酒精挥发完全。使用上海生工通用基因组DNA提取试剂盒(SK1252)进行DNA的提取,提取步骤参照试剂盒说明,并略有改动。DNA经冰冻无水乙醇沉淀,70% (体积分数)乙醇洗涤并干燥后,用100 μL超纯水溶解,从每个样品DNA溶液中取出3 μL在1% TBE琼脂糖凝胶中进行电泳分离,经EB染色后用凝

胶成像系统扫描观察并拍照保存,根据DNA条带的位置检测其DNA片断完整性。并用紫外分光光度计检测样品OD值以计算DNA浓度。剩余样品置于-20℃冰箱内保存备用。

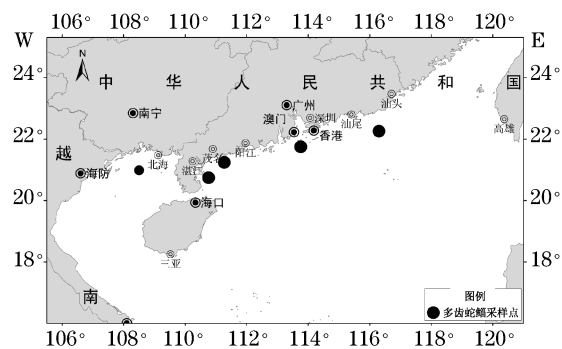


图1 多齿蛇鲻样本采集点示意图

Fig. 1 A sketch map of sampling sites of *S. tumbil*

表1 多齿蛇鲻样本采集信息

Tab. 1 Sampling data of *S. tumbil* collected in different sea areas

群体名称(缩写) group names (Ab.)	采样地点 sampling sites	采样年月 sampling time	采样数量 number of the samples
北海(BH)	北部湾中西部海域	2009-06	20
湛江(ZJ)	雷州半岛东部海域	2009-07	18
茂名(MM)	粤西茂名海域	2009-09	16
东莞(DG)	珠江口海域	2009-06	11
汕尾(SW)	粤东汕尾海域	2009-08	13
总计 total			78

**PCR扩增与测序** 利用引物 L-thr (AGC TCA GCG CCA AGA CGCCGG TCT TGT AAA) 和 H16484 (GGA ACC AGA TAC CAG GAA TAG TTC A) 扩增78个个体的线粒体控制区序列。反应体积为25 μL,其中模板DNA 1 μL, 10 × EX Taq 反应缓冲液(with Mg<sup>+</sup>) 2.5 μL, dNTP (2.5 μmmol/L each) 0.5 μL, 引物(20 μmmol/L) 0.3 μL, EX Taq DNA聚合酶(5 U/μL) 0.2 μL, 灭菌超纯水补齐总体积,上述所有用品均购自大连宝生物有限公司。反应程序为94℃预变性3 min, 94℃变性30 s, 55℃复性40 s, 72℃延伸45 s, 进行35个循环,最后72℃延伸5 min。每次反应设立不含DNA模板的空白对照。PCR产物用1.2% TBE琼脂糖凝胶电泳分离,EB染色,凝胶成像系统观察得到唯一目的条带。将PCR产物送往上海生工生物公司进行双向测序。

**数据处理及分析** 测序后的序列,对比GenBank中其他灯笼鱼目鱼类的线粒体DNA全

序列,使用Clustal X软件<sup>[13]</sup>进行对位排列,并在SEAVIEW程序<sup>[14]</sup>中对序列辅以手工校正。用MEGA(ver. 4.0)<sup>[15]</sup>计算碱基组成及应用Kimura双参数法计算遗传距离<sup>[16]</sup>。利用DnaSP(ver. 5.0)<sup>[17]</sup>软件统计单倍型及多态位点(*S*)、计算单倍型多样性(*h*)平均核苷酸差异数(*k*)及核苷酸多样性( $\pi$ )和群体间的基因流( $N_m$ )。应用Arlequin 3.0<sup>[18]</sup>软件中的分子变异分析(AMOVA)方法估算群体间的遗传分化指数( $F_{ST}$ )。应用MEGA 4.0的邻近距离法(NJ)构建亲缘关系树,自引导(Bootstrap)检验估计系统树中结点的置信度(重复次数为1 000次)。TCS1.21软件<sup>[19]</sup>对单倍型作最小拓展网络(minimum spanning network)分析。

## 2 结果

### 2.1 不同地理群体控制区基因序列特征

对多齿蛇鲻各地理群体的mtDNA控制区序

列片断进行比对,除去端部部分模糊序列后,获得长度 568 bp 的同源序列,控制区中 A、T、G、C 4 种碱基的平均组成分别为 34.2%、24.5%、15.0%、26.2%,A+T 含量明显高于 G+C 含量,这与刘焕章等<sup>[20]</sup>关于鱼类控制区的研究结果基本一致。序列中共检测到变异位点 39 个,占全部序列的 6.87%,无插入/缺失位点。转换/颠换比  $R = 16.19$ ,转换明显大于颠换。

各群体的核苷酸多样性( $\pi$ )和平均核苷酸差异( $K$ )如下表(表 3)所示,多齿蛇鲻各群体的核苷酸多样性均较低,其中核苷酸多样性最高的为茂名群体,为 0.009 272,湛江群体最低,仅为 0.006 559。

各群体的平均核苷酸差异相近,最高的为茂名群体,为 5.267,最低为湛江群体,为 3.725。

表 2 5 个多齿蛇鲻地理群体 D-loop 区碱基频率  
Tab. 2 Base frequencies of five *S. tumbil* groups

群体 groups	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)
北海(BH)	24.6	26.1	34.3	15.0
茂名(MM)	24.6	26.2	34.2	15.0
湛江(ZJ)	24.5	26.2	34.2	15.1
东莞(DG)	24.6	26.1	34.2	15.1
汕尾(SW)	24.5	26.2	34.2	15.0
平均 mean	24.5	26.2	34.2	15.0

表 3 5 个多齿蛇鲻群体 D-loop 区变异位点数、核苷酸多样性及平均核苷酸差异

Tab. 3 Variable sites, nucleotide diversity and average number of nucleotide differences of five *S. tumbil* groups

群体 groups	样本数 number of samples	变异位点数 number of variation loci	核苷酸多样性( $\pi$ ) nucleotide diversity	平均核苷酸差异(K) average number of nucleotide differences
北海(BH)	20	20	0.007 459	4.237
湛江(ZJ)	18	16	0.006 559	3.725
茂名(MM)	16	22	0.009 272	5.267
东莞(DG)	11	16	0.006 850	3.891
汕尾(SW)	16	15	0.007 042	4.000
总计 total	78	39	0.007 408	

## 2.2 群体间单倍型数量分布

多齿蛇鲻 5 个地理群体 78 个个体中共检测到 48 种单倍型,单倍型在各个群体内的分布情况如下表 4 所示。其中只有一个单倍型为所有群体共享单倍型,其余单倍型多只在某一群体中出现且出现频率很低,群体间共享单倍型较少,共享单

倍型多出现在湛江群体和北海群体之间。

多齿蛇鲻 5 个群体单倍型多样性均较高( $h = 0.962 \sim 0.975$ ),其中汕尾群体最低( $0.962 \pm 0.050$ ),茂名群体最高( $0.975 \pm 0.035$ )。

对 5 个地理群体进行中性检验,各群体的 Tajima's  $D$  值均为负。

表 4 48 个单倍型在多齿蛇鲻群体中的分布  
Tab. 4 Distribution of 48 haplotypes in *S. tumbil* groups

群体 groups	样本数 number of samples	单倍型数 number of haplotypes	单倍型多样性( $h \pm SD$ ) haplotypes diversity	Tajima's $D$ 值 Tajima's $D$
北海(BH)	20	16	$0.963 \pm 0.033$	$-1.084 68 (P > 0.10)$
湛江(ZJ)	18	13	$0.954 \pm 0.025$	$-0.760 25 (P > 0.10)$
茂名(MM)	16	14	$0.975 \pm 0.035$	$-0.833 39 (P > 0.10)$
东莞(DG)	11	9	$0.964 \pm 0.051$	$-1.282 47 (P > 0.10)$
汕尾(SW)	16	11	$0.962 \pm 0.050$	$-0.720 41 (P > 0.10)$
总计 total	78	48	$0.957 \pm 0.016$	

## 2.3 分子方差分析(AMOVA)

对多齿蛇鲻 5 个地理群体进行分子方差分析(AMOVA),10 000 次单倍型重复随机抽样进行

显著性检验显示,群体内存在很高的遗传变异,群体间的遗传分化很小,遗传变异主要来自于群体内部。

表 5 不同多齿蛇鲻群体的 AMOVA 分析  
 Tab. 5 Hierarchical analysis of molecular variance (AMOVA) of mtDNA control region haplotypes for different groups of *S. tumbil*

变异来源 sources of variation	自由度 $d_f$	平方和 sum of squares	变异组成 variance component	变异百分比 (%) percentage of variation
群体间 among groups	4	7.129	-0.021 99 $V_a$	-1.05
群体内 within groupss	73	154.871	2.121 52 $V_b$	101.05
合计 total	77	162.000	2.099 53	100.00

Notes:  $F_{ST} = 0.010 47$  ( $P > 0.05$ )。

## 2.4 群体间遗传分化

各群体间成对遗传变异固定指数  $F_{ST}$  值见表 6。其中东莞与茂名间的遗传变异指数最高,为 0.030 08,其次为湛江与东莞、汕尾群体之间;湛

江与北海之间的遗传变异固定指数最低,仅为 0.000 24,这与湛江与北海在地理上距离最近,而与东莞相距最远相一致。

表 6 不同多齿蛇鲻群体的群体分化指数  $F_{ST}$   
 Tab. 6 Pairwise  $F_{ST}$  values for the different groups of *S. tumbil*

群体 groups	北海 (BH)	茂名 (MM)	湛江 (ZJ)	东莞 (DG)	汕尾 (SW)
北海 (BH)					
茂名 (MM)	0.008 41				
湛江 (ZJ)	0.000 24	0.023 44			
东莞 (DG)	-0.013 67	-0.030 08	0.025 24		
汕尾 (SW)	-0.022 72	-0.001 77	-0.023 40	0.025 82	

## 2.5 分子系统树

根据控制区基因序列构建了多齿蛇鲻 5 个地理群体的邻接关系树 (图 2)。5 个群体分为 4 支,其中个体较多的有两支,一支主要由北海、湛江和茂名个体组成,另一支则主要由东莞、汕尾及茂名群体中的个体组成。4 个分支中,只有一个小分支是由湛江的两个个体单独聚类组成。

利用 TCS 1.21 中介网络法构建了多齿蛇鲻各群体间单倍型的关系网。如图 3 所示, B5 个体为较原始的单倍型,其他单倍型多由该单倍型经过一次或数次变异产生。

## 2.6 种群归属判定

Shaklee 等<sup>[21]</sup>综合已发表的资料,提出鱼类在属、种和种群三级水平上的遗传距离  $D$  分别为 0.9, 0.30 及 0.05 的分类判据;而 Theorpe<sup>[22]</sup>认为遗传相似度  $S < 0.85$ , 遗传距离  $D > 0.15$  的 2 个种群不可能是同一个物种,同属种间的  $S$  为 0.2 ~ 0.8,  $D$  为 0.2 ~ 0.8, 同种种间的  $S$  为 0.8 ~ 0.97,  $D$  为 0.03 ~ 0.2。本研究得到的 5 个地理群体 78 个个体间的遗传距离在 0 ~ 0.025, 平均遗传距离仅为 0.007, 根据上述标准判断,这 5 个地理群体远未达到种群间的差别,应划归同一个种群。

## 3 讨论

线粒体基因由于其进化速率快,呈母系遗传,种群之间的遗传差异易于被检出<sup>[23]</sup>,被认为是评估群体遗传变异以及区别不同自然种群之间有效的遗传标记,在物种进化、亲缘关系判断、种群分析等研究中得到广泛应用<sup>[24-25]</sup>。由于 mtDNA 基因组内不同的区域进化速度不同,因此可以根据需要选择区域来进行不同水平的进化研究。因为控制区为非编码区,不受选择压力的影响,基因进化速度快,非常适合于种群水平差异的检测<sup>[26-27]</sup>。

研究中发现,5 个多齿蛇鲻地理群体的单倍型的多样性较高,核苷酸多样性低,在其他一些鱼类的研究中也类似情况<sup>[28]</sup>。单倍型多样性较高可能是由于多齿蛇鲻的种群数量大及种群快速增长的生活习性的原因<sup>[29-30]</sup>。而核苷酸多样性低则可能是由于群体增长速度快,变异时间较短,所以未能积累到足够大的核苷酸多样性<sup>[31]</sup>。Tajima's  $D$  均为负表明多齿蛇鲻种群可能在历史上经历过一次瓶颈效应<sup>[32]</sup>。在经历快速增长、变异和瓶颈期后多齿蛇鲻的种群就以小群体模式继续快速增长。

从中介网络法构建的多齿蛇鲻地理群体间的关系网也可看出,北部湾群体 B5 为较为原始的单倍型,其他单倍型多由该单倍型经过变异而来,并各自以自己的小群体为中心繁殖后代,这在一定程度上与对南海渔业资源特征“多数种类的种群属于地方性种群,不做长距离洄游”的传统认识相符合,可作为分子生物学佐证。

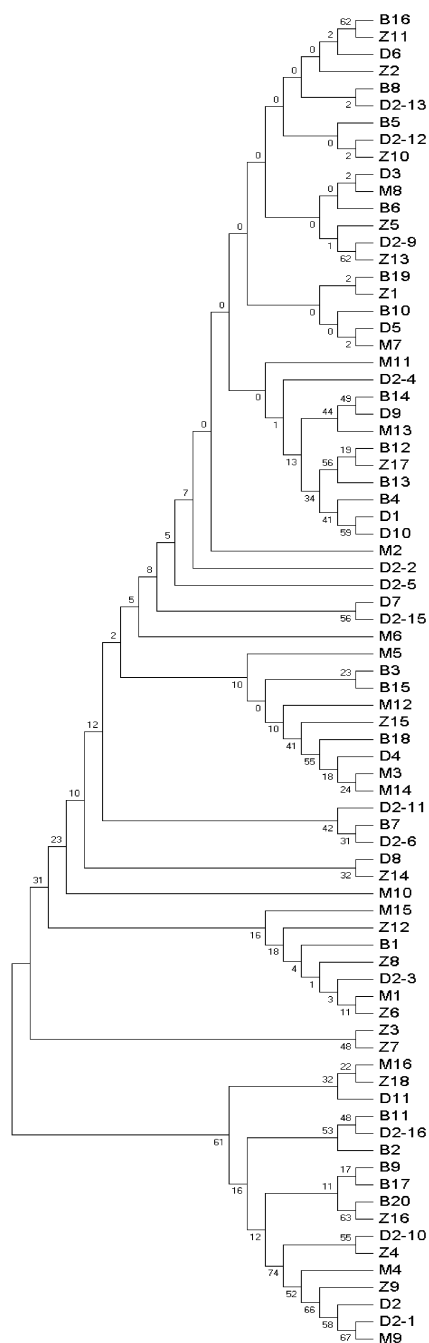


图 2 多齿蛇鲻群体邻接关系树

Fig. 2 Neighbor-Joining tree of *S. tumbil* groups

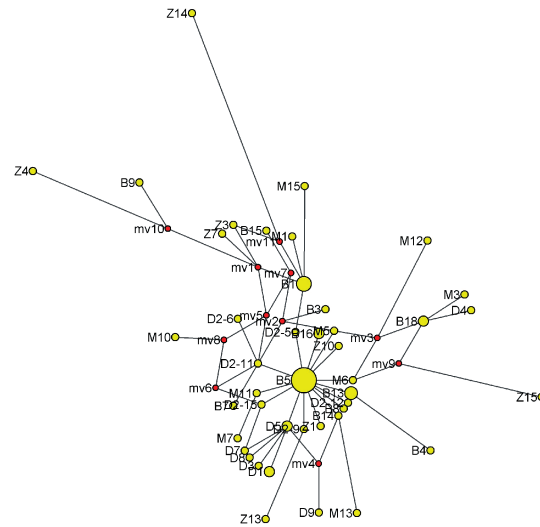


图 3 多齿蛇鲻群体单倍型间网络关系图

Fig. 3 Haplotypes network of *S. tumbil* groups

有研究表明,许多海洋鱼类不同地理群体间在遗传上保持一定的一致性<sup>[33]</sup>,在遗传结构上不存在较大差异<sup>[34-39]</sup>。本研究结果将 5 个地理群体的多齿蛇鲻群体归为一个种群也证实了这一点。一般认为鱼类不同地理群体间遗传结构差异小的现象,与海面洋流有关<sup>[40]</sup>,很多海洋鱼类生活史中均具有一个浮游幼体期,人们普遍认为这些鱼类种群间的迁移主要是在这一时期进行的。当卵或仔稚鱼被动地随着洋流漂移时,群体间基因交流便有可能在或大或小的地理范围内发生<sup>[41]</sup>。由于多齿蛇鲻的 I 龄鱼就能繁殖,3-8 月为盛期,这时的多齿蛇鲻繁殖群体会从深水向浅水区迁移,而每年这个时候也正是南海台风比较密集的时段,南海北部海域缺少天然的洋流屏障,多齿蛇鲻鱼卵和幼鱼等随台风吹动的洋流散布到较远的海域,加之多齿蛇鲻没有明显的洄游习性,这可能是各地理群体间无明显遗传分化,同一种群小面积分割现象的原因。

目前,南沙群岛西南陆架海域多齿蛇鲻资源已严重衰退,虽然南海北部多齿蛇鲻资源还比较丰富,但已有研究显示资源量已出现下降的趋势<sup>[42]</sup>。因此,运用多种方法对多齿蛇鲻的种群进行研究,有利于掌握南海多齿蛇鲻资源的种群情况,对于今后更加合理地开发利用其资源具有重要的现实意义。

#### 参考文献:

[1] 陈再超,刘继兴.南海经济鱼类[M].广州:广东科

- 技出版社,1982;56-59.
- [2] 舒黎明,邱永松.南海北部多齿蛇鲭生物学分析[J].中国水产科学,2004,11(2):154-158.
- [3] 刘金殿,卢伙胜,朱立新,等.北部湾多齿蛇鲭雌雄群体组成、生长、死亡特征的差异[J].海洋渔业,2009,3(3):243-253.
- [4] 张其永,徐旭才.闽南-台湾浅滩渔场多齿蛇鲭种群年龄和生长特性[J].台湾海峡,1988,7(3):256-263.
- [5] 徐旭才,张其永.多齿蛇鲭鳞片年轮形成的研究[J].厦门大学学报(自然科学版),1989,28(2):208-210.
- [6] 黄梓荣.休渔对南海北部多齿蛇鲭资源的影响[J].湛江海洋大学学报,2002,22(6):26-31.
- [7] 张鹏,杨齐,张旭丰.放大网囊网目尺寸对南海多齿蛇鲭的影响[J].中国水产科学,2004,11(5):478-481.
- [8] 张旭丰,张鹏,谭永光,等.方目网囊对多齿蛇鲭的选择性分析[J].上海水产大学学报,2004,13(4):363-366.
- [9] 刘子藩,熊国强,黄克勤,等.东海带鱼种群鉴别研究[J].水产学报,1997,21(3):282-287.
- [10] 孙冬芳,李永振,董丽娜.AFLP技术在鱼类种群分析中的应用[J].南方水产,2009,5(6):71-75.
- [11] 郭新红,刘少军,刘巧,等.鱼类线粒体DNA研究新进展[J].遗传学报,2004,31(9):983-1000.
- [12] 朱彩艳,江世贵,张殿昌,等.鲛原种群体的D-loop序列分析[J].南方水产,2008,4(1):32-35.
- [13] 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 (24): 4876-4882.
- [14] Galtier N, Gouy M, Gautier C, *et al.* Two graphic tools for sequence alignment and molecular phylogeny[J]. Comput Applic Biosci, 1996, 12(6): 543-548.
- [15] 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(8): 1596-1599.
- [16] Kumar S, Tamura K, Nei M. MEGA: molecular evolutionary genetic analysis software for microcomputers [J]. Cabios, 1994, 10 (2): 189-191.
- [17] Rozas J, Sanchez-Delbarrio C J, Messeguer X, *et al.* DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods [J]. Bioinformatics, 2003, 19(18): 2496-2497.
- [18] Xcoffier L, Laval G, Schneider S. Arlequin (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis [J]. Evolutionary Bioinformatics Online, 2005, 1: 47-50.
- [19] Clement M, Posada D, Crandall K A. TCS: a computer program to estimate gene genealogies [J]. Molecular Ecology, 2000, 9(10): 1657.
- [20] 刘焕章. 鱼类线粒体DNA控制区的结构与进化: 以鲚鱼类为例 [J]. 自然科学进展, 2002, 12(3): 266-270.
- [21] Shaklee J B. Speciation and evolution of marine fishes studied by electrophoresis analysis of proteins [J]. Pac Sci, 1982, 36(2): 141-157.
- [22] Theorpe J P. The molecular clock hypothesis: biochemical evaluation, genetic differentiation, and systematize [J]. Am Res Ecol Syst, 1982, 13(1): 139-168.
- [23] Avise J C, Saunders N C. Hybridization and introgression among species of sunfish *Lepomis* analysis by mitochondrial DNA and allozyme markers [J]. Genetics, 1984, 108(1): 237-255.
- [24] Burrige C P. Molecular phylogeny of *Nemadactylus* and *Acantholatris* (Perciformes: Cirrhitidae: Cheilodaetylidae), with implications for taxonomy and biogeography [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 1999, 13(1): 93-109.
- [25] Xiao W H, Zhang Y P, Liu H Z. Molecular systematics of *Xenocyprinae* (Teleostei: Cyprinidae): Taxonomy, biogeography, and coevolution of a special group restricted in East Asia [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2001, 18 (2): 163-173.
- [26] Rosel P E, Dizon A E, Haygood M G. Variability of the mitochondrial control region in populations of the harbour porpoise, *Phocoena phocoena*, on interoceanic and regional scales [J]. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 1995, 52(6): 1210-1219.
- [27] Kochzius M, Dietmar B. Genetic population structure of the lionfish *Pterois miles* (Scorpaenidae, Pteroinae) in the Gulf of Aqaba and northern Red Sea [J]. Gene, 2005, 347(2): 295-301.
- [28] Ramírez-Macías Vázquez-Juárez R, Galván-Magaña F, *et al.* Variations of the mitochondrial control region sequence in whale sharks (*Rhincodon typus*) from the Gulf of California, Mexico [J]. Fisheries Research, 2007, 84(1): 87-95.

- [29] 彭士明,施兆鸿,侯俊利,等. 银鲳 3 个野生群体线粒体 CO I 基因的序列差异分析[J]. 上海海洋大学学报,2009,18(4):398-402.
- [30] Grant W S, Bowen B W. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation [J]. J Heredity, 1998, 89(5):415-426.
- [31] Avise J C. Phylogeography: the history and formation of species [M]. Cambridge: Harvard University Press,2000.
- [32] 张四明,汪登强,邓怀. 长江中游水系鲢和草鱼群体 mt DNA 遗传变异的研究[J]. 水生生物学报, 2002,26(2):142-147.
- [33] Bowen W, Bass A L, Rocha L A, et al. Phylogeography of the Trumpetfishes( Aulostomus ): ring species complex on a global scale[J]. Evolution Int J Org Evolution,2001,55(5):1029-1039.
- [34] Pauly D, Martosubroto P, Saeger J. The MUTIARA4 surveys in the Java and southern South China Sea, November 1974 to July 1976 [M] // Pauly D, Martosubroto P, ( eds. ). Baseline studies in biodiversity: The fish resources of Western Indonesia. Manila, Philippines: International center for living aquatic resources management, 1996: 47-54.
- [35] Rivera M A J, Kelley C D, Roderick G K. Subtle population genetic structure in the Hawaiian grouper, *Epinephelus quernus* ( Serranidae ) as revealed by mitochondrial DNA analysis [J]. Biological Journal of the Linnean Society,2004,81(3):449-468.
- [36] Read C I, Bellwood D R, van Herwerden L, et al. Ancient origins of Indo-Pacific coral reef fish biodiversity: A case study of the leopard wrasses ( Labridae: Macropharyngodon ) [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2006, 38(3): 808-819.
- [37] Shui B N, Han Z Q, Gao T X, et al. Mitochondrial DNA variation in the East China Sea and Yellow Sea populations of Japanese Spanish mackerel *Scomberomorus niphonius* [J]. Fisheries Science, 2009,75(3):593-600.
- [38] Xiao Y T, Gao T, Zhang Y, et al. Demographic history and population structure of blackfin flounder ( *Glyptocephalus stelleri* ) in Japan revealed by mitochondrial control region sequences [J]. Biochem Genet,2010,48(5-6):402-417.
- [39] Han Z Q, Gao T X, Yanagimoto T, et al. Genetic population structure of *Nibea albiflora* in Yellow Sea and East China Sea [J]. Fisheries Science, 2008, 74(3):544-552.
- [40] Roberts C M. Connectivity and management of Caribbean coral reefs [J]. Science, 1997, 278(5342):1454-1457.
- [41] Warner R R. Evolutionary ecology: how to reconcile pelagic dispersal with local adaptation [J]. Coral Reefs, 1997, 16(5):115-120.
- [42] 黄梓荣,陈作志. 南沙群岛西南陆架区多齿蛇鲻的资源变动[J]. 海洋湖沼通报,2005(3):50-56.

## Population analysis of *Saurida tumbil* in the Northern South China Sea

SUN Dong-fang<sup>1,2</sup>, DONG Li-na<sup>1,2</sup>, LI Yong-zhen<sup>1\*</sup>, LU Wei-hua<sup>3</sup>, LI Xi-guo<sup>3</sup>,  
YU Jie<sup>1</sup>, HUANG Zi-rong<sup>1</sup>, AI Hong<sup>1</sup>, ZHU Wen-cong<sup>1</sup>, CUI Ke<sup>2</sup>, LI Na-na<sup>4</sup>

(1. South China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Guangzhou 510300, China;

2. College of Fisheries and Life, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China;

3. Dongguan Sea and Fishery Environmental Monitoring Station, Dongguan 523079, China;

4. Dalian Ocean University, Dalian 116023, China)

**Abstract:** Since fish population is a basic unit of study and management of fishery resources, analysis of fish population is a foundation for biological and ecological study on fish reproduction, distribution and migration. Using molecular biology method, the paper analyzed population of *Saurida tumbil*, an important commercial species from northern continental shelf waters of South China Sea. A total of 78 samples of *Saurida tumbil* were collected from Beihai, Zhanjiang, Maoming, Dongguan, and Shanwei of northern South China Sea. We found there are 48 haplotypes and 39 variation sites in 568 bp gene fragments of 78 sequences obtained by sequencing the mitochondrial D-loop of the samples. Analysis of molecular variance (AMOVA) indicates that the genetic variability within groups is 98.82% and that among groups is only 1.18%. The genetic differential index ( $F_{st}$ ) and the genetic distance between every two groups are 0.000 24–0.030 08 and 0–0.025, respectively. Molecular tree constructed by NJ method and the network constructed by TCS1.21 show that the individuals of different groups are not clustered as one independent group and intermixed together, which indicates that there clearly exists a great gene flow among groups, and the genetic diversities among groups are at quite lower levels. According to the criteria distinguishing different populations, species and genera given by scholars Theorpe and Shakkle, the five groups should be merged to the same population. However, *Saurida tumbil* population built its geological groups by means of continuously rapid growth in small ones after undergoing fast expansion, differentiation and bottleneck phase, which not only accords with the traditional viewpoint of basic characteristics of fishery resources of South China Sea to a certain extent—“The populations of most species belong to local population without a long-distance migration”, but also is regarded as an evidence of molecular biology.

**Key words:** *Saurida tumbil*; population analysis; genetic structure; the South China Sea

**Corresponding author:** LI Yong-zhen. E-mail: Y. Z. Li@qq.com