



## 基于线粒体 *CO I* 基因序列的梭鲈野生群体遗传结构

鲁翠云, 孙志鹏, 曹顶臣, 耿龙武, 那荣滨, 吴学工, 郑先虎\*

(中国水产科学研究院黑龙江水产研究所, 淡水鱼类育种国家地方联合工程实验室,  
农业农村部淡水水产生物技术与遗传育种重点实验室, 黑龙江 哈尔滨 150070)

**摘要:** 为了解梭鲈种群的遗传结构, 实验利用线粒体细胞色素 c 氧化酶 I 亚基 (*CO I*) 基因部分序列分析了中国 6 个和中亚 2 个群体的遗传差异, 并与欧洲群体的单倍型序列进行了比较。结果在 640 bp 的 *CO I* 基因序列中检测到 5 个变异位点, 定义了 7 种单倍型, 发现 Hap1 为 8 个梭鲈群体的共享单倍型, 且与欧洲群体的 HapA 相同, 在中国群体所占比例 (93.36%) 高于中亚群体 (72.58%) 和欧洲群体 (53.85%); Hap2 和 Hap3 是中国群体的特异单倍型, 而 Hap4~Hap7 为中亚群体的特异单倍型。单倍型序列的聚类图和网络图均显示 Hap1/A 为梭鲈群体的原始单倍型, 中国和中亚群体的特异单倍型相对于原始单倍型仅有 1~2 个位点的变异, 属于 Hap1/A 的亚型, 与欧洲群体的特异单倍型具有较大的差异。每个群体检测到 1~4 种单倍型, 斋桑湖 (ZS) 群体单倍型最多, 而中国的腾格里湖 (NX)、兴凯湖 (XK) 和鸭绿江 (YJ) 群体仅有 1 个单倍型 (Hap1); 塔什干 (TS) 群体的单倍型多样性 ( $H_d$ ) 和核苷酸多样性 ( $\pi$ ) 最高 ( $H_d=0.514\pm 0.069$ ;  $\pi=0.000\ 79\pm 0.000\ 11$ ), 其次是 ZS 群体, 而中国梭鲈群体的多样性参数较低。AMOVA 分析结果显示, 梭鲈群体间遗传变异占 20.74%, 群体间遗传分化程度较高 ( $0.15\leq F_{st}=0.207\ 36<0.25$ ), TS 群体与 ZS 群体和中国群体间的遗传分化极大 ( $F_{st}>0.25$ ), 中国群体中仅黑河 (HH) 群体与其他群体的遗传分化较大, 而中国其他 5 个群体间无遗传分化。基于群体间遗传距离的系统进化树显示, 来自中国的 6 个梭鲈群体与哈萨克斯坦的 ZS 群体聚为一支, 而乌兹别克斯坦的 TS 群体独立为一支。研究结果为梭鲈群体的繁殖及放流管理提供了参考。

**关键词:** 梭鲈; 线粒体 *CO I* 基因; 野生群体; 遗传结构

**中图分类号:** Q 347; S 917.4

**文献标志码:** A

梭鲈 (*Sander lucioperca*) 属于鲈形目 (Perciformes) 鲈科 (Percidae) 梭鲈属。其味道鲜美、营养丰富, 蛋白质含量为 19.94%, 氨基酸总量为 19.40%, 高于加州鲈 (*Micropterus salmoides*) 和鳊 (*Siniperca chuatsi*)<sup>[1]</sup>, 有“淡水鱼王”之称。梭鲈原分布于北海、波罗的海、黑海、里海和咸海流域的江河、湖泊和水库, 近海海域也有分布<sup>[2]</sup>。由

于自然扩散和人为移植, 目前在欧洲大部、中亚、北非以及我国新疆额尔齐斯河水系、伊犁河水系和黑龙江水系均有分布, 已成为欧洲和中亚国家重要的淡水增养殖对象<sup>[3]</sup>。梭鲈自引入我国后, 已成功进行了人工繁殖<sup>[4]</sup>, 并对其养殖生物学<sup>[5-6]</sup>、繁殖生物学<sup>[7-8]</sup> 以及抗逆性<sup>[9]</sup> 进行了研究, 多个省市也将梭鲈作为重要的名特优鱼种进行引进养殖,

收稿日期: 2021-06-07 修回日期: 2021-10-24

资助项目: 国家重点研发计划 (2019YFD0900405); 农业农村部财政专项“西北地区重点水域渔业资源与环境调查”; 中央级公益性科研院所基本业务费专项 (2020TD56, HSY202009Q); 国家水产种质资源平台 (2020DKA30470)

第一作者: 鲁翠云 (照片), 从事水产动物种质资源与遗传育种研究, E-mail: lucuiyun@hrfi.ac.cn

通信作者: 郑先虎, 从事水产动物基因组与遗传育种研究, E-mail: zhengxianhu@hrfi.ac.cn



研究表明, 养殖梭鲈与野生个体营养成分相似<sup>[10]</sup>。在遗传学方面, 黄金善等<sup>[11]</sup>分析了梭鲈的染色体核型公式为  $2m+10sm+12st+24t$ ,  $2n=48$ 。Kohlmann 等<sup>[12]</sup>筛选了 9 个种的特异性微卫星标记, 分析了乌兹别克斯坦的梭鲈群体, 结果表明其与德国的梭鲈样本分化显著<sup>[13]</sup>, 提示亚洲与欧洲群体的种源差异较大。近期, 有研究公布了梭鲈基因组测序结果<sup>[14]</sup>, 为进行其遗传学研究提供了依据。

线粒体 DNA (mtDNA) 具有分子量小、突变速率较快、单倍型随机缺失、不发生重组和较稳定的母系遗传等特点, 被广泛应用于研究群体遗传变异和构建种间亲缘关系等<sup>[15-16]</sup>。其中, 细胞色素 c 氧化酶 I 亚基 (cytochrome c oxidase subunit I, *CO I*) 基因由于片段较保守、长度适宜 (约 650 bp)、易于扩增、进化速率适中和进化信息量大等优点<sup>[17]</sup>, 被国内外学者关注和研究, 并应用于鱼类的鉴定及群体遗传分析<sup>[18-21]</sup>。梭鲈源于欧亚大陆的多个水系, 用微卫星标记及线粒体序列分析欧亚大陆的梭鲈群体的遗传多样性已有少量报道<sup>[22-24]</sup>, 但我国现存主要水系梭鲈群体的遗传现状尚缺乏数据, 对引种管理和增殖放流极为不利。中国水产科学研究院黑龙江水产研究所从乌苏里江抚远江段、新疆乌伦古湖和宁夏腾格里湖陆续采集梭鲈, 通过驯养和培育获得亲鱼 1 000 余尾, 优化和完善了梭鲈人工繁殖和苗种培育的关键技术, 选育后备亲鱼 3 000 余尾。分析群体遗传多样性对开展遗传选育及规模化繁育具有十分重要的意义。本研究基于 *CO I* 基因序列分析了我国主要水系、中亚的哈萨克斯坦和乌兹别克斯坦梭鲈群体的遗传结构及遗传差异, 并与欧洲梭鲈群体进行比较, 以期对梭鲈的引种管理以及养殖选育提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 实验材料

梭鲈 273 尾野生样本分别来自以下 8 个群体: 新疆乌伦古湖 (XJ, 48 尾)、宁夏腾格里湖 (NX, 31 尾) 和乌苏里江抚远段 (FS, 37 尾) 群体样本, 是构成梭鲈选育基础群的部分个体。黑龙江黑河段 (HH, 48 尾)、黑龙江兴凯湖 (XK, 32 尾) 和鸭绿江丹东段 (YL, 15 尾), 以及哈萨克斯坦斋桑湖 (ZS, 47 尾) 和乌兹别克斯坦塔什干 (TS, 15 尾) 群体样本, 是野外采集的鳍条样本。实验过程中

操作人员严格遵守实验动物福利伦理规范, 并按照中国水产科学研究院黑龙江水产研究所实验动物福利伦理委员会制定的规章制度执行。

### 1.2 基因组 DNA 提取

使用天根生化科技 (北京) 有限公司基因组提取试剂盒从梭鲈鳍条组织中提取基因组 DNA, 用 NanoDrop™ 8000 分光光度计检测所提取 DNA 的浓度及纯度, 稀释至 50 ng/μL, 4 °C 保存备用。

### 1.3 PCR 扩增与测序

使用 Ward 等<sup>[25]</sup>设计的引物 Fish F1 和 Fish R1 扩增梭鲈 *CO I* 基因序列, Fish F1: 5'-TCAAC-CAACCACAAAGACATTGGCAC-3'; Fish R1: 5'-TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGAATCA-3'。PCR 反应体系为 25 μL, 其中模板 DNA 2 μL、混合溶液 18 μL [10 mmol/L Tris-Cl (pH 8.0)、50 mmol/L KCl、1.5 mmol/L MgCl<sub>2</sub>、200 μmol/L dNTP]、上下游引物 (10 μmol/L) 各 0.5 μL、*Taq* DNA 聚合酶 1.5 U, 其余体积用去离子水补充。用 ABI 9700 型 PCR 仪进行反应: 94 °C 预变性 5 min; 94 °C 变性 30 s, 56 °C 退火 45 s, 72 °C 延伸 1 min, 30 个循环; 最后 72 °C 延伸 7 min。PCR 反应结束后, 取 1 μL PCR 产物, 经 8% 聚丙烯酰胺凝胶电泳检测合格后, 由上海生工生物工程股份有限公司纯化后进行正向测序。

### 1.4 序列分析

测序后, 将序列输入 Clustal X 软件<sup>[26]</sup>进行对齐排列, 并加以人工校对, 截取相同长度的序列用于群体遗传分析。用 DnaSP v 5 软件<sup>[27]</sup>统计变异位点类型和数目, 计算单倍型数 ( $h$ )、单倍型多样性 ( $H_d$ ) 和核苷酸多样性 ( $\pi$ ), 识别每个群体的单倍型组成。用 Tajima's  $D$  和 Fu's  $F_s$  进行中性检验, 评估群体是否发生过种群扩张。用 MEGA 7.0 软件<sup>[28]</sup>分析序列的碱基组成、差异百分比和转换/颠换值, 用 Kimura 2-Parameters 方法计算群体间遗传距离, 并构建基于邻接法 (Neighbor-Joining, NJ)<sup>[29]</sup>和非加权组平均法 (UPGMA) 的群体间发生关系聚类树; 同时以梭鲈 (KP125333) 作为参考序列, 以近缘种俄罗斯梭鲈 (*S. volgensis*) (HM392121) 为外群绘制单倍型发生关系图, 采用 Bootstrap (1 000) 检验分子系统树各分支的置信度。用 Arlequin 3.11 软件<sup>[30]</sup>中的分子方差分析 (AMOVA) 计算群体间及群体内的遗传变异组成, 以及群体间

成对的遗传分化系数 ( $F_{st}$ )。用 PopART 软件绘制基于 TCS 算法的单倍型网络图。从 GenBank 数据库中下载欧洲梭鲈群体 (EU) 序列 52 条 (表 1), 主

要来自土耳其、捷克、瑞典、德国、俄罗斯等, 截取相同位置的序列后, 与本研究的序列进行变异位点和单倍型的比较分析。

表 1 来源于 GenBank 数据库的梭鲈 COI 序列信息

Tab. 1 COI sequences information obtained from GenBank database

国家 country	数量/尾 number	NCBI 登录号 NCBI accession number
土耳其 Turkey	21	JQ623977, KC501173~KC501192
捷克 Czech Republic	16	HQ557302, HQ960460, HQ960536, HQ960621, HQ960622, HQ960646, HQ960647, HQ960652, HQ960672~HQ960674, HQ960758, HQ960867, HQ960887, HQ960991, HQ960992
瑞典 Sweden	5	KC819875~KC819877, KJ128609, KJ128610
德国 Germany	4	KJ554795, KM287126~KM287128
俄罗斯 Russia	4	MF805676~MF805679
意大利 Italy	1	KJ554720
匈牙利 Hungary	1	KM410087

## 2 结果

### 2.1 梭鲈 COI 基因序列特征

将测序获得的序列与 GenBank 数据库中梭鲈线粒体参考基因组序列 (KP125333) 进行比对<sup>[31]</sup>, 去除引物序列及低质量序列, 截取 640 bp 用于群体遗传分析。结果共检测到保守位点 635 个, 变

异位点 5 个, 其中单变异位点 2 个, 简约信息位点 3 个, 定义了 7 种单倍型 (Hap1~Hap7, 表 2)。测得的序列中 A、T、C、G 的碱基组成分别为 24.53%、30.31%、27.20% 和 17.96%, 其中 A+T 含量 (54.84%) 高于 C+G 含量 (45.16%), 表现出 AT 的偏好性, 转换/颠换值为 9.393。

表 2 梭鲈群体 COI 基因序列变异位点

Tab. 2 Variable sites of COI sequences in *S. lucioperca*

单倍型 haplotype	4	17*	19	84	85	112*	335*	379	395*	401	472*
Hap1/A	T	G	A	G	A	T	G	T	G	A	G
Hap2	—	—	—	—	—	C	—	—	—	—	—
Hap3	—	—	—	—	—	—	C	—	—	—	—
Hap4	—	A	—	—	—	—	—	—	—	—	—
Hap5	—	A	—	—	—	—	—	—	—	—	T
Hap6	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	C
Hap7	—	—	—	—	—	—	—	—	A	—	—
HapB	G	—	G	C	C	—	—	—	—	—	—
HapC	—	—	—	—	G	—	—	—	—	G	—
HapD	—	—	—	—	G	—	—	C	—	G	—

注: “\*” 本研究中检测到的变异位点; “—” 未变异的位点。

Notes: “\*” the variable sites detected from eight populations in this study; “—” the invariable sites.

从 GenBank 数据库中获取的欧洲 (EU) 群体的 COI 同源序列中检测到 6 个变异位点, 定义了 4 种单倍型 (HapA~HapD)。将本研究测得的序列与欧洲群体的主要单倍型序列进行同源比对, 结果 Hap1 与 HapA 相同, 而欧洲群体的 6 个变异

位点及其他单倍型在本研究中未检出 (表 2)。

### 2.2 单倍型在群体中的分布

8 个梭鲈群体 273 个样本中共检测到 7 个 COI 基因序列的单倍型。单倍型 Hap1 为 8 个群体的共享单倍型, 中国 6 个群体 Hap1 所占比例

为 93.36%, 高于中亚 2 个群体 (72.58%)。单倍型 Hap2 和 Hap3 为中国梭鲈群体的特异单倍型, Hap2 分布于 XJ 和 HH 群体, Hap3 仅见于 FS 群体; Hap4~Hap7 为中亚群体的特异单倍型。欧洲群体检测到 4 种单倍型, HapA 个体数最多 (28 个, 53.85%) 且来源最广 (捷克、德国、俄罗斯、瑞典、意大利

和匈牙利); 其次是 HapB (21 个), 均来自土耳其; HapD (2 个) 来自瑞典和匈牙利; HapC 仅有 1 条序列来自瑞典。序列分析结果显示, HapA 与本研究检测的 Hap1 序列相同, 可能为梭鲈 CO I 序列的原始单倍型 (表 3)。

表 3 梭鲈群体 CO I 基因的单倍型分布

Tab. 3 Haplotypes of CO I gene and distribution among populations in *S. lucioperca*

单倍型 haplotype	合计 total	中国群体 Chinese population						中亚群体 Central Asian population		欧洲群体 European population
		XJ	NX	HH	FS	XK	YJ	ZS	TS	EU
Hap1/HapA	270	47	31	36	36	32	15	36	9	28
Hap2	13	1		12						
Hap3	1				1					
Hap4	9							9		
Hap5	1							1		
Hap6	1							1		
Hap7	6								6	
HapB	21									21
HapC	1									1
HapD	2									2
合计 total	325	48	31	48	37	32	15	47	15	52

注: XJ. 新疆乌伦古湖群体, NX. 宁夏腾格里湖群体, HH. 黑龙江黑河段群体, FS. 乌苏里江抚远段群体, XK. 黑龙江兴凯湖群体, YJ. 鸭绿江丹东段群体, ZS. 哈萨克斯坦斋桑湖群体, TS. 乌兹别克斯坦塔什干群体, EU. 欧洲群体, 下同。  
Notes: XJ. Ulungur Lake in the upper reaches of the Irtysh River placed on Xinjiang Uygur Autonomous Region in China; NX. Tengger Lake placed the Ningxia Hui Autonomous Region in China; HH. Heihe section located on the middle reaches of the Heilongjiang River; FS. Fuyuan section located on the lower reaches of the Wusuli River; XK. Khanka Lake in the upper reaches of Wusuli River placed on Heilongjiang Province; YJ. Dandong section located on the lower reaches of the Yalu River; ZS. Zaysan Lake in the upper reaches of the Irtysh River placed on the eastern of Kazakhstan; TS. the lake in Tashkent City placed on the Northeast of Uzbekistan; EU. European population sequences download from GenBank database, the same below.

单倍型序列聚类图显示, 来自亚洲的 6 个特异单倍型与 Hap1/A 首先聚类, 推测为原始单倍型的亚型, 然后与 HapB 聚在一起, HapC 和 HapD 独立聚为一支 (图 1-a)。单倍型网络图呈现出以单倍型 Hap1/A 为中心的放射状, Hap2、Hap3、Hap4、Hap6 和 Hap7 与 Hap1/A 相比只有 1 个变异位点, Hap5 在 Hap4 基础上增加 1 个变异位点, 欧洲群体 HapC 与 Hap1/A 有 2 个变异位点, 同时 HapD 以 HapC 为基础增加 1 个变异位点, HapB 与 Hap1/A 差异最大, 有 4 个变异位点 (图 1-b)。

### 2.3 梭鲈群体遗传结构

8 个梭鲈群体 CO I 基因序列的  $H_d$  为 (0.211±0.033),  $\pi$  为 (0.000 35±0.000 06)。每个群体的  $h$  为 1~4 个, 单倍型最多的是 ZS 群体, 有 4 个单倍型 (Hap1、Hap4、Hap5 和 Hap6), 且 Hap4、Hap5 和 Hap6 为 ZS 特有的单倍型。单倍型最少的是 NX、XK 和 YJ 群体, 仅有 1 个单倍型 (Hap1);

XJ 和 HH 群体的 2 个单倍型共享。TS 群体的  $H_d$  (0.514±0.069) 和  $\pi$  (0.000 79±0.000 11) 最高 (表 4), 其次是 ZS 群体, 而中国梭鲈群体整体遗传多样性较低, 仅 HH 群体的遗传多样性与 ZS 相近。

Tajima's  $D$  中性检验结果显示本次检测的亚洲梭鲈群体整体差异不显著, 符合中性突变, 表明群体保持稳定。Fu's  $F_s$  检验结果显示 5 个多态梭鲈群体符合中性突变, 而整体极显著偏离中性突变, Fu's  $F_s$  为负值, 表明群体经历过扩张 (表 4)。

### 2.4 梭鲈群体间遗传分化

分子方差分析 (AMOVA) 结果显示, 梭鲈群体间遗传变异占 20.74%, 群体内遗传变异占 79.26%, 表明群体内遗传变异是群体变异的主要来源 (表 5)。群体间  $F_{st}$  为 0.207 36, 按照 Wright<sup>[32]</sup> 的划分标准, 梭鲈群体间遗传分化较大 ( $0.15 \leq F_{st} < 0.25$ )。进一步统计各群体间成对  $F_{st}$ , 为 -0.031 17~0.506 13, 两两群体间 17 对分化显著,



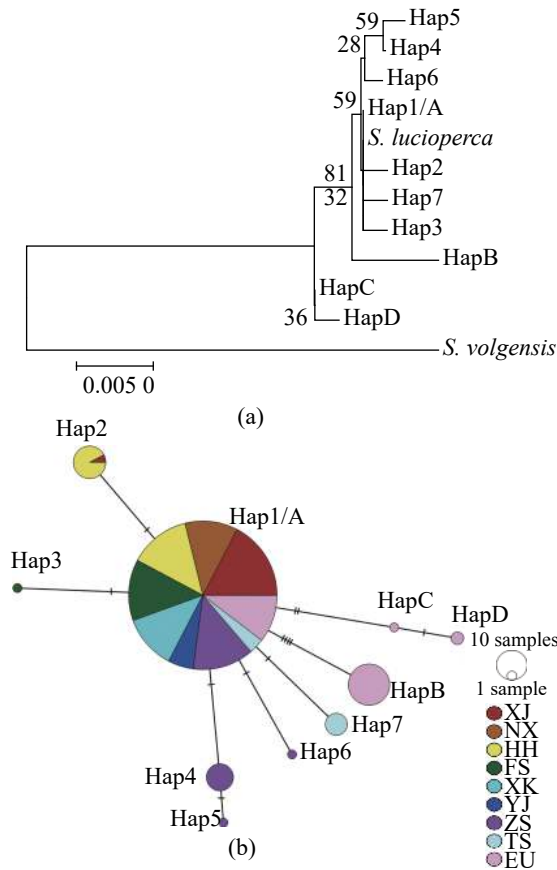


图 1 梭鲈基于 CO I 基因的单倍型 NJ 聚类图 (a) 和网络图 (b)

Fig. 1 NJ dendrogram (a) and network (b) based on CO I gene haplotypes of mtDNA in *S. lucioperca*

12 对分化不显著, TS 群体与 ZS 群体和中国群体间的遗传分化极大 ( $F_{st}=0.279\ 45\sim 0.506\ 13>0.25$ ), ZS 群体与中国群体间具有中度遗传分化 ( $0.05\leq$

$F_{st}<0.15$ ); 中国梭鲈群体仅 HH 群体与其他群体间具有中度或较大的遗传分化 ( $0.05\leq F_{st}=0.143\ 88\sim 0.196\ 65<0.25$ ), 而 XJ、NX、FS、XK 和 YJ 这 5 个群体间  $F_{st}$  较小甚至为负值 ( $F_{st}<0.05$ ), 表明群体间无遗传分化 (表 6)。

### 2.5 群体间遗传距离及系统进化树

基于 Kimura 2-Parameters 方法计算群体内及群体间遗传距离, 发现群体内遗传距离最大的是 TS 群体, 其次是 ZS 和 HH 群体; TS 和 ZS 群体间的遗传距离最大 (0.001 04), 而 NX、XK 和 YJ 这 3 个群体间的遗传距离最小 (0), 其次以上 3 个群体与 XJ 群体遗传距离最小 (0.000 03)。根据各群体之间的遗传距离构建的系统进化树显示, 8 个梭鲈群体分为 2 支, 来自中国的 6 个群体与哈萨克斯坦的 ZS 群体聚为 1 支, 来自乌兹别克斯坦的 TS 群体独立为 1 支 (图 2)。

## 3 讨论

### 3.1 中国梭鲈群体 CO I 基因的单倍型及遗传结构特征

中国梭鲈野生群体大多分布于界江、界湖, 而邻国哈萨克斯坦和俄罗斯为世界梭鲈捕捞量最大的国家<sup>[2]</sup>, 从侧面证明了这两个国家梭鲈的广泛引种和放流。我国梭鲈种源主要来自这两个国家, 其中哈萨克斯坦的斋桑湖和中国新疆的乌伦古湖同属于额尔齐斯河流域的大型湖泊。据文献记载, 20 世纪 60 年代初, 梭鲈由中亚扩散分布到中国新疆额尔齐斯河水系和伊犁河水系, 也引

表 4 梭鲈群体基于线粒体 CO I 基因的遗传多样性

Tab. 4 Genetic diversity estimated based on CO I gene of mtDNA in *S. lucioperca*

群体 population	单倍型数( <i>h</i> ) haplotype number	单倍型多样性( $H_d\pm SD$ ) haplotype diversity	核苷酸多样性( $\pi\pm SD$ ) nucleotide diversity	中性检验 neutrality test	
				Tajima's <i>D</i>	Fu's <i>F<sub>s</sub></i>
XJ	2	0.042±0.040	0.000 07±0.000 06	-1.106 86	-1.602
NX	1	0	0	/	/
HH	2	0.383±0.063	0.000 60±0.000 10	0.950 10	1.373
FS	2	0.054±0.050	0.000 08±0.000 08	-1.130 92	-1.385
XK	1	0	0	/	/
YJ	1	0	0	/	/
ZS	4	0.384±0.076	0.000 67±0.000 15	-0.780 10	-1.241
TS	2	0.514±0.069	0.000 80±0.000 11	1.375 95	1.253
总体	7	0.211±0.033	0.000 35±0.000 06	-1.495 19	-6.302**

注: “/”. 群体无多态而不能计算中性检验值; “\*\*\*”. 极显著偏离中性检验 ( $P<0.01$ )。

Notes: “/”. the neutrality test can't computed because of no polymorphisms in the population; “\*\*\*”. extremely significant deviation from neutral test ( $P<0.01$ ).

表 5 基于线粒体 CO I 基因的 AMOVA 分析结果

Tab. 5 Result of AMOVA based on CO I gene of mtDNA

变异来源 source of variation	自由度 df	平方和 sum of squares	方差分量 variance components	总变异百分比/% percentage of variation
群体间 among populations	7	6.525	0.025 01	20.74
群体内 within populations	265	25.339	0.095 62	79.26
总数 total	272	31.864	0.120 63	

表 6 基于 CO I 基因的梭鲈群体间成对遗传分化系数 ( $F_{st}$ ) 和遗传距离

Tab. 6 Pairwise  $F_{st}$  and genetic distance between populations based on CO I gene

群体 population	XJ	NX	HH	FS	XK	YJ	ZS	TS
XJ	<b>0.000 07</b>	0.000 03	0.000 40	0.000 07	0.000 03	0.000 03	0.000 46	0.000 65
NX	-0.009 57	<b>0</b>	0.000 38	0.000 04	0	0	0.000 42	0.000 61
HH	0.184 68*	0.194 08*	<b>0.000 60</b>	0.000 43	0.000 38	0.000 38	0.000 81	0.001 00
FS	0.000 82	-0.004 89	0.193 02*	<b>0.000 08</b>	0.000 04	0.000 04	0.000 47	0.000 66
XK	-0.008 83	0	0.196 65*	-0.004 00	<b>0</b>	0	0.000 42	0.000 61
YJ	-0.031 17	0	0.143 88*	-0.028 89	0	<b>0</b>	0.000 42	0.000 61
ZS	0.142 89*	0.122 10*	0.191 24*	0.124 75*	0.124 16*	0.080 00	<b>0.000 67</b>	0.001 04
TS	0.506 13*	0.481 41*	0.331 03*	0.454 10*	0.487 45*	0.357 14*	0.279 45*	<b>0.000 80</b>

注: 对角线为群体内遗传距离, 对角线以上为群体间遗传距离, 对角线以下为遗传分化系数  $F_{st}$  值, “\*”表示群体间遗传分化极显著 ( $P < 0.01$ )。  
Notes: The value of diagonal is genetic distance between individuals in population, above the diagonal is genetic distance between populations, below the diagonal is  $F_{st}$ , “\*” indicated extremely significant genetic differentiation between populations ( $P < 0.01$ ).

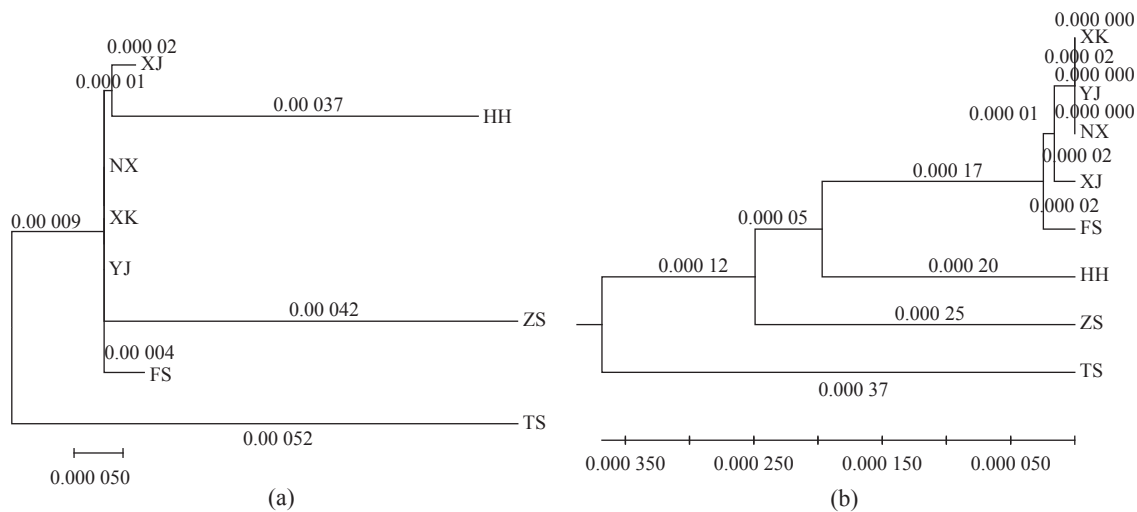


图 2 梭鲈群体基于群体间遗传距离的 NJ (a) 和 UPGMA (b) 聚类图

Fig. 2 NJ (a) and UPGMA (b) cluster tree based on genetic distance between populations in *S. lucioperca*

进黑龙江水系放流, 从而定居在黑龙江下游、乌苏里江和兴凯湖<sup>[33]</sup>, 也有报道认为中国黑龙江发现的梭鲈由兴凯湖进入<sup>[34]</sup>。然而对于我国梭鲈种群的遗传资源现状尚缺乏数据。本研究利用线粒体 CO I 序列对中国主要梭鲈自然种群和中亚 2 个群体进行了比较, 共检测到 5 个变异位点, 定义了 7 种单倍型, 其中 Hap1 与欧洲群体的主要单倍

型 (HapA) 相同, 推测为原始单倍型, 在中国群体所占比例 (93.36%) 高于中亚 (72.58%) 和欧洲群体 (53.85%), 表明中国梭鲈群体来源于较为稳定的遗传系。中国群体仅检测到 2 种特异单倍型, 且相对于原始单倍型仅有 1 个位点的变异, 特异单倍型数量及多态程度均低于中亚群体 (4 种) 和欧洲群体 (3 种)。单倍型聚类和网络图也显示, 来自

中国和中亚群体的 6 个特异单倍型属于原始单倍型 Hap1/A 的变异单倍型, 二者差异不大, 而与欧洲群体的特异单倍型差异较大。Kohlmann 等<sup>[23]</sup>用 PCR-RFLP 技术分析梭鲈 *Cyrb* 基因, 以 333 bp 位点作为差异识别位点, 将梭鲈欧洲群体划分为 HapA 和 HapB 两个单倍型系谱。本研究利用 *CO I* 序列的分析结果得到了相似的结论, 以 401 bp 作为识别位点, 可将梭鲈划分为两个单倍型系谱(图 1-a), 原始单倍型 Hap1/A 以及来自亚洲的单倍型和来自土耳其的单倍型 HapB 属于一个单倍型系谱; 而 HapC 和 HapD 属于另一个单倍型系谱, 在 401 bp 位点由腺嘌呤 A 转换为鸟嘌呤 G。

单倍型多样性是评价群体遗传分化和多态程度的重要指标, 单倍型多样性越高, 群体的遗传多样性越高。Haponski 等<sup>[24]</sup>在欧亚大陆的梭鲈样本中检测到 5 个 *CO I* 基因的单倍型, 其单倍型多样性为  $0.33 \pm 0.02$ , 低于大眼鲈 (*S. canadensis*) 和俄罗斯梭鲈。本研究中 8 个群体的整体单倍型多样性较低 ( $0.211 \pm 0.033$ ), 但中亚的 2 个群体 TS ( $H_d = 0.514 \pm 0.069$ ) 和 ZS ( $H_d = 0.384 \pm 0.076$ ) 的单倍型多样性较高, 而中国梭鲈群体中, 仅 HH 群体保持了较高的多样性水平 ( $H_d = 0.383 \pm 0.063$ ), 表明黑龙江黑河段的梭鲈种群保持了较高的遗传多样性水平, 多样化的种源(中亚扩散和兴凯湖进入)以及对环境的适应都可能使群体在入侵地保持较高的多样性水平<sup>[35]</sup>。NX、XK 和 YJ 群体只检测到原始单倍型 Hap1, XJ 和 FS 群体的单倍型多样性也较低, 一方面表明梭鲈群体中 *CO I* 基因位点具有较好的保守型和稳定性; 另一方面也表明中国梭鲈群体受建群者效应的影响, 基因多样性较低。20 世纪 90 年代, 新疆科技工作者从乌伦古湖捕捞梭鲈亲鱼人工繁殖成功后<sup>[36]</sup>, 多地进行了引种和养殖, 而乌伦古湖也成为我国梭鲈的种源供给地。在最近的资源调查中发现, 乌伦古湖的鱼类组成比较简单, 梭鲈在资源量上占有绝对优势<sup>[37]</sup>, 然而乌伦古湖只有一个狭小的河道与额尔齐斯河干流相连, 湖中梭鲈群体的基因资源库得不到有效地补充, 较低的遗传多样性不利于种群的发展和持续利用, 需要引起重视。而在东北地区, 黑龙江黑河群体虽然保持了较高的单倍型多样性, 但是单倍型数量并没有增加。值得注意的是我国原始梭鲈群体的来源主要是水体的自然扩散, 国内繁殖育种的种源主要来自乌伦古湖, 没有文献记载从欧洲等其他国家的远距离引种行为,

本研究分析的 6 个中国群体中, 仅有宁夏腾格里湖确定是由乌伦古湖种源放流形成的自然群体<sup>[38]</sup>, 黑龙江、乌苏里江、兴凯湖、鸭绿江没有确切的放流记载, 虽然不排除养殖逃逸、引种弃养、放生等人为因素, 但是作为界江、界河, 种群的自然扩散也是可能的因素; 也有研究将梭鲈引进群体的遗传多样性高于原产地归因于多次引进以及梭鲈较强的扩散性<sup>[39]</sup>。

### 3.2 梭鲈群体的遗传分化问题

群体间遗传分化程度通常用遗传分化系数 ( $F_{st}$ ) 来评估, Wright<sup>[32]</sup>将群体间遗传分化程度划分为 4 个等级,  $F_{st} < 0.05$  为轻度分化,  $0.05 \leq F_{st} < 0.15$  为中度分化,  $0.15 \leq F_{st} < 0.25$  为较大遗传分化,  $F_{st} > 0.25$  为群体间有极大遗传分化。本研究用 *CO I* 基因序列分析了梭鲈群体间遗传分化, AMOVA 结果显示梭鲈群体间遗传变异占 20.74%, 群体间遗传分化程度较高, 来自中亚的 TS 群体与 ZS 群体和 6 个中国群体间的遗传分化极大, ZS 群体与中国群体间也具有中度的遗传分化, 中国 6 个群体中仅黑河群体 (HH) 与其他群体间的遗传分化达到中度或较大水平, 而中国其他 5 个群体间无遗传分化。由于梭鲈种源地多样化以及适应性强的特点, 加之人为无序引种造成梭鲈在不同流域种群间遗传分化较大, Sipos 等<sup>[22]</sup>用微卫星标记将多瑙河流域的梭鲈种群划分为 6 个遗传单元, 群体间遗传分化较大。Khurshut 等<sup>[13]</sup>用微卫星标记的分析结果表明, 亚洲乌兹别克斯坦咸海流域的梭鲈群体与德国梭鲈群体遗传分化显著, 显示其来源于不同的种源。本研究也发现中亚群体尤其是 TS 群体与中国群体间遗传分化极大, 推测其来源于不同的种源, 而 ZS 群体与中国群体仅有中度的遗传分化, 可能源于历史上额尔齐斯河较好的连通性。另外, HH 群体虽然与其他 5 个中国群体间具有中度或较大的遗传分化, 但与乌伦古湖群体相比, 其单倍型数量及类型均没有增加。群体间遗传距离及系统进化树也显示, HH 群体与中国其他 5 个群体及哈萨克斯坦的斋桑湖群体聚为 1 支, 属于同一个遗传系; 而来自乌兹别克斯坦的塔什干群体独立为 1 支。鉴于线粒体序列只能揭示母系遗传结构, 因此, 将来的研究应考虑从核基因标记水平阐明我国梭鲈种质的遗传组成。

### 3.3 梭鲈繁育及放流建议

据 FAO 统计<sup>[2]</sup>, 全球梭鲈捕捞量呈现波动下

降趋势, 而养殖产量和产值均呈现增长趋势。2016年捕捞量为 2.05 万 t, 而养殖产量仅为 1 392.52 t, 养殖产量仅占总产量的 6.35%, 表明梭鲈具有较好的养殖和增殖前景。梭鲈作为广栖性鱼类, 能够适应宽泛的生态环境, 具有适温范围广、盐碱耐受强、生长快、性成熟周期短、抗病力强等特点, 拓宽了其扩散和入侵的水域范围。在梭鲈的原产地, 梭鲈需要适应环境, 面临相似生态位竞争而难以建立群体; 相反的, 由于缺乏竞争者, 梭鲈在入侵地反而容易建立群体, 遗传混合也增强了这种适应性。本研究用线粒体 *CO I* 基因序列对中国主要梭鲈种群进行了遗传分析, 结果表明中国现有的梭鲈种群遗传多样性低于中亚和欧洲种群, 对部分种群的评估、开发和利用也不充分。梭鲈种群的稳定性和高度的扩散能力都需要引起足够的重视, 因此建议: ①加强繁育、养殖管理, 多地理种群的开发和利用有助于保持梭鲈种群的遗传多样性水平; ②谨慎引种、放流到自然水体, 梭鲈作为大型肉食性鱼类, 对土著小型鱼类具有显著的影响, 引种前的生态评估不可缺少; ③加强养殖管理, 防止逃逸、弃养等人为因素将梭鲈带入自然水体。

(作者声明本文无实际或潜在的利益冲突)

### 参考文献 (References):

- [1] 陈佳毅, 叶元土, 郭建林, 等. 梭鲈、河鲈和加州鲈的肌肉营养成分分析[J]. 饲料研究, 2007(9): 52-54.  
Chen J Y, Ye Y T, Guo J L, et al. Analysis of muscle nutrients in *Sander lucioperca*, *Perca fluviatilis*, and *Micropterus salmoides*[J]. Feed Research, 2007(9): 52-54 (in Chinese).
- [2] FAO. Fisheries and aquaculture aquatic species *Sander lucioperca* (Linnaeus, 1758) [EB/OL]. [2023-11-22]. <https://www.fao.org/fishery/en/aqspecies/3098/en>.
- [3] 霍堂斌, 姜作发, 阿达克白克·可尔江, 等. 额尔齐斯河流域(中国境内)鱼类分布及物种多样性现状研究[J]. 水生态学杂志, 2010, 3(4): 16-22.  
Huo T B, Jiang Z F, Adakbek-kar J, et al. Status of fishes distribution and species diversity in Ertix River basin in China[J]. Journal of Hydroecology, 2010, 3(4): 16-22 (in Chinese).
- [4] 田永胜, 李胜忠, 姜正炎, 等. 梭鲈人工繁殖及仔幼鱼培育研究[J]. 中国水产, 2000(12): 28-29.  
<https://www.china-fishery.cn>
- Tian Y S, Li S Z, Jiang Z Y, et al. Research on artificial propagation of pikeperch and culture of young pikeperch[J]. China Fisheries, 2000(12): 28-29 (in Chinese).
- [5] 高攀, 韩小丽, 胡建勇, 等. 人工配合饲料驯化梭鲈苗种试验[J]. 科学养鱼, 2015(9): 67-68.  
Gao P, Han X L, Hu J Y, et al. Experiment on domestication of *Sander lucioperca* with artificial compound diet[J]. Scientific Fish Farming, 2015(9): 67-68 (in Chinese).
- [6] 汪月书, 李彩娟, 许郑超, 等. 梭鲈不同月龄性状的主成分分析与判别分析[J]. 水产养殖, 2016, 37(4): 16-22.  
Wang Y S, Li C J, Xu Z C, et al. Principal component and discrimination analysis of *Sander lucioperca* at different ages[J]. Journal of Aquaculture, 2016, 37(4): 16-22 (in Chinese).
- [7] 林治宝, 邢中贤, 李福友, 等. 梭鲈繁殖习性及其苗种培育技术总结[J]. 淡水渔业, 2000, 30(2): 7-8.  
Lin Z B, Xing Z X, Li F Y, et al. Summary of breeding habits and seedling cultivation techniques of *Sander lucioperca*[J]. Freshwater Fisheries, 2000, 30(2): 7-8 (in Chinese).
- [8] 黄金善, 郭家祥, 刘奕, 等. 梭鲈胚胎及仔鱼发育观察[J]. 东北农业大学学报, 2009, 40(2): 65-69.  
Huang J S, Guo J X, Liu Y, et al. Observation on embryonic and larval development of *Lucioperca lucioperca* (Linnaeus)[J]. Journal of Northeast Agricultural University, 2009, 40(2): 65-69 (in Chinese).
- [9] 周志峰. 梭鲈的抗逆性研究和养殖风险评估 [D]. 苏州: 苏州大学, 2006.  
Zhou Z F. Study on the anti-adversity and the risk of extending-culture of *Lucioperca lucioperca*[D]. Suzhou: Soochow University, 2006 (in Chinese).
- [10] 孙志鹏, 曹顶臣, 裴玥, 等. 野生和养殖梭鲈肌肉营养成分分析与评价[J]. 水产学杂志, 2020, 33(4): 15-22.  
Sun Z P, Cao D C, Pei Y, et al. Analysis and evaluation of nutritional composition in muscle of wild and farmed pikeperch *Sander lucioperca*[J]. Chinese Journal of Fisheries, 2020, 33(4): 15-22 (in Chinese).
- [11] 黄金善, 范兆廷. 梭鲈的淋巴细胞培养及其核型研究[J]. 东北农业大学学报, 2012, 43(3): 104-109.  
Huang J S, Fan Z T. Study of peripheral blood cell cultivation and karyotype of *Sander lucioperca* Linnaeus[J]. Journal of Northeast Agricultural University, 2012, 43(3): 104-109 (in Chinese).



- [12] Kohlmann K, Kersten P. Isolation and characterization of nine microsatellite loci from the pike-perch, *Sander lucioperca* (Linnaeus, 1758)[J]. *Molecular Ecology Resources*, 2008, 8(5): 1085-1087.
- [13] Khurshut E, Kohlmann K. Application of nine species-specific microsatellite loci to characterize three pike-perch (*Sander lucioperca*) populations from the Aral Sea basin in Uzbekistan[J]. *Environmental Biotechnology*, 2009, 5(1): 3-10.
- [14] Nguinkal J A, Brunner R M, Verleih M, *et al.* The first highly contiguous genome assembly of pikeperch (*Sander lucioperca*), an emerging aquaculture species in Europe[J]. *Genes*, 2019, 10(9): 708.
- [15] Imsiridou A, Triantafyllidis A, Baxevasis A D, *et al.* Genetic characterization of common carp (*Cyprinus carpio*) populations from Greece using mitochondrial DNA sequences[J]. *Biologia*, 2009, 64(4): 781-785.
- [16] 鲁翠云, 陈昕, 那荣滨, 等. 用 *Cyt b* 基因分析松嫩平原区湖泊水库大银鱼的遗传多样性[J]. *水产学杂志*, 2020, 33(5): 1-6.
- Lu C Y, Chen X, Na R B, *et al.* Genetic diversity of clearhead icefish (*Protosalanx hyalocranius*) in lakes and reservoirs of Songnen plain by *Cyt b* gene[J]. *Chinese Journal of Fisheries*, 2020, 33(5): 1-6 (in Chinese).
- [17] Hebert P D N, Ratnasingham S, de Waard J R. Barcoding animal life: cytochrome *c* oxidase subunit 1 divergences among closely related species[J]. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2003, 270(S1): 96-99.
- [18] 王余德, 李登科, 陈科洁, 等. 实验红鲫线粒体DNA条形码特征分析及应用[J]. *水产学报*, 2021, 45(1): 1-9.
- Wang Y D, Li D K, Chen K J, *et al.* Characteristics analysis and application of mitochondrial DNA barcoding in laboratory red crucian carp (*Carassius carassius*, red variety)[J]. *Journal of Fisheries of China*, 2021, 45(1): 1-9 (in Chinese).
- [19] 施文瑞, 王磊, 方冬冬, 等. 基于线粒体 *CO I* 基因序列的大鳞副泥鳅四个群体遗传多样性[J]. *水产学报*, 2020, 44(2): 179-186.
- Shi W R, Wang L, Fang D D, *et al.* Genetic diversity based on the mitochondrial *CO I* gene sequences in four populations of *Paramisgurnus dabryanus*[J]. *Journal of Fisheries of China*, 2020, 44(2): 179-186 (in Chinese).
- [20] 宫亚运, 章群, 曹艳, 等. 基于线粒体 *CO I* 基因的中国近海棱鳊属鱼类DNA条形码[J]. *水产学报*, 2016, 40(10): 1513-1520.
- Gong Y Y, Zhang Q, Cao Y, *et al.* DNA barcoding of *Thryssa* in coastal waters of China based on the mitochondrial cytochrome oxidase subunit I sequence[J]. *Journal of Fisheries of China*, 2016, 40(10): 1513-1520 (in Chinese).
- [21] 田永胜, 齐文山, 田敬云, 等. 四个舌鳎育种群体表型性状及线粒体 *CO I* 和 *Cyt b* 基因比较分析[J]. *水产学报*, 2015, 39(7): 929-941.
- Tian Y S, Qi W S, Tian J Y, *et al.* Comparative analysis of phenotypic characteristics and mtDNA (*CO I* and *Cyt b*) for four tongue sole populations[J]. *Journal of Fisheries of China*, 2015, 39(7): 929-941 (in Chinese).
- [22] Sipos D K, Kovács G, Buza E, *et al.* Comparative genetic analysis of natural and farmed populations of pike-perch (*Sander lucioperca*)[J]. *Aquaculture International*, 2019, 27(4): 991-1007.
- [23] Kohlmann K, Louati M, Kersten P, *et al.* Detection of two major cytochrome *b* lineages in pike-perch, *Sander lucioperca*, and first data on their distribution in European populations[J]. *Environmental Biotechnology*, 2013, 9(1): 1-5.
- [24] Haponski A E, Stepien C A. Phylogenetic and biogeographical relationships of the *Sander* pikeperches (Percidae: Perciformes): patterns across North America and Eurasia[J]. *Biological Journal of the Linnean Society*, 2013, 110(1): 156-179.
- [25] Ward R D, Zemlak T S, Innes B H, *et al.* DNA barcoding Australia's fish species[J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2005, 360(1462): 1847-1857.
- [26] 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.
- [27] Librado P, Rozas J. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data[J]. *Bioinformatics*, 2009, 25(11): 1451-1452.
- [28] Kumar S, Stecher G, Tamura K. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger

- datasets[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2016, 33(7): 1870-1874.
- [29] Saitou N, Nei M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 1987, 4(4): 406-425.
- [30] Excoffier L, Laval G, Schneider S. Arlequin (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis[J]. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 2007, 1: 47-50.
- [31] Zhao G, Xie P, Kanu U C, *et al.* The complete mitochondrial genome of *Lucioperca lucioperca* (Perciformes: Percidae)[J]. *Mitochondrial DNA Part A*, 2016, 27(5): 3159-3160.
- [32] Wright S. *Evolution and the genetics of population: variability within and among natural populations*[M]. Chicago: University of Chicago Press, 1978: 79-103.
- [33] 王安琪, 郭贵良. 水产养殖新品种——梭鲈[J]. *科学种养*, 2017(12): 55-56.
- Wang A Q, Guo G L. A new species of aquaculture: *Sander lucioperca*[J]. *Scientific Fish Farming*, 2017(12): 55-56 (in Chinese).
- [34] 李荣庆. 梭鲈生物学特性及养殖概况[J]. *中国水产*, 1999(3): 21-22.
- Li R Q. Biological characteristics and breeding situation of *Sander lucioperca*[J]. *China Fisheries*, 1999(3): 21-22 (in Chinese).
- [35] Eschbach E, Nolte A W, Kohlmann K, *et al.* Population differentiation of zander (*Sander lucioperca*) across native and newly colonized ranges suggests increasing admixture in the course of an invasion[J]. *Evolutionary Applications*, 2014, 7(5): 555-568.
- [36] 刘军, 李周永. 梭鲈鱼池塘人工繁育试验[J]. *水产学杂志*, 1995, 8(1): 76-80.
- Liu J, Li Z Y. Experiment on artificial breeding in pond of *Sander lucioperca*[J]. *Chinese Journal of Fisheries*, 1995, 8(1): 76-80 (in Chinese).
- [37] 刘春池, 牛建功, 刘鸿, 等. 额尔齐斯河流域鱼类群落结构及外来鱼类分布[J]. *水产学杂志*, 2021, 34(1): 46-53.
- Liu C C, Niu J G, Liu H, *et al.* Fish community structure and alien fish distribution in Ertix River[J]. *Chinese Journal of Fisheries*, 2021, 34(1): 46-53 (in Chinese).
- [38] 汪宏伟, 田永华. 宁夏中卫市腾格里湖生态渔业发展模式简介[J]. *渔业致富指南*, 2021(6): 22-25.
- Wang H W, Tian Y H. Brief introduction of ecological fishery development model of the Tenggeli Lake in Zhongwei City of Ningxia[J]. *Fishery Guide to be Rich*, 2021(6): 22-25 (in Chinese).
- [39] Poulet N, Balaesque P, Aho T, *et al.* Genetic structure and dynamics of a small introduced population: the pikeperch, *Sander lucioperca*, in the Rhône Delta[J]. *Genetica*, 2009, 135(1): 77-86.

## Genetic structure of wild *Sander lucioperca* populations based on *CO I* gene

LU Cuiyun, SUN Zhipeng, CAO Dingchen, GENG Longwu,  
NA Rongbin, WU Xuegong, ZHENG Xianhu\*

(National and Local Joint Engineering Laboratory of Freshwater Fish Breeding,  
Key Laboratory of Freshwater Aquatic Biotechnology and Breeding, Ministry of Agriculture and Rural Affairs,  
Heilongjiang River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Harbin 150070, China)

**Abstract:** The pike-perch (*Sander lucioperca*) is a native fish species in European and Asian river basins. Owing to its fast growth rate, strong adaptability, and high nutritional value, it has become a promising candidate species for aquaculture. In China, artificial reproduction of pike-perch has been realized, and most of its parents are caught from wild populations. However, the genetic background and diversity information of wild populations are still limited, which is not conducive to the establishment of genetic breeding management strategies. In order to investigate the genetic structure of *S. lucioperca* wild populations, we analyzed the genetic differences of six populations in China and two populations in Central Asia using partial mitochondrial *CO I* gene sequences, and compared them with the haplotype sequences of European populations. As a result, 5 variable sites were detected in the 640 bp *CO I* gene sequence, and 7 haplotypes were defined, among which Hap1 was the shared haplotype between eight populations, and was identical to HapA of European groups. The proportion of Hap1 in Chinese populations (93.36%) was higher than that in Central Asian populations (72.58%) and European population (55.56%). Hap2 and Hap3 were specific haplotypes of Chinese populations, while Hap4, Hap5, Hap6, and Hap7 were specific haplotypes of Central Asian populations. The cluster and network analysis of haplotype sequences showed that Hap1/A was the ancestral haplotype in *Sander lucioperca* populations. The specific haplotype of Chinese and Central Asian populations belonged to Hap1/A subtype with only 1-2 loci variation compared with the ancestral haplotype, which was quite different from the specific haplotype of European populations. The number of haplotypes per population ranged from one to four, with the largest number of haplotypes in the Zaysan Lake (ZS) population, while there was only one haplotype (Hap1) in Tengger Lake (NX), Xingkai Lake (XK) and Yalu River (YJ) populations in China. The haplotype diversity ( $H_d$ ) and nucleotide diversity ( $\pi$ ) of TS population were the highest ( $H_d=0.514\pm 0.069$ ;  $P_i=0.00080\pm 0.00011$ ), followed by ZS population, while the diversity parameters of six populations in China were lower. The AMOVA analysis showed that the genetic variation among *S. lucioperca* populations accounted for 20.74%, and the degree of genetic differentiation ( $F_{st}$ ) among populations was relatively high ( $0.15\leq F_{st}=0.20736<0.25$ ). The genetic differentiation of the TS and the ZS, the TS and the six Chinese populations all were great ( $F_{st}>0.25$ ). Among Chinese populations, Heihe (HH) population had great genetic differentiation against other populations, while there was no genetic differentiation between the other five populations. The phylogenetic tree based on genetic distance showed that six populations from China and ZS population from Kazakhstan were clustered into one branch, while TS population from Uzbekistan was a separate branch. The results of this study provide a reference for the breeding and releasing management of *S. lucioperca* populations.

**Key words:** *Sander lucioperca*; mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I (*CO I*) gene; wild population; genetic structure

**Corresponding author:** ZHENG Xianhu. E-mail: zhengxianhu@hrfri.ac.cn

**Funding projects:** National Key R & D Program of China (2019YFD0900405); Ministry of Agriculture Finance Special Project "Investigation on Fishery Resources and Environment in Key Waters of Northwest China"; Central Public-interest Scientific Institution Basal Research Fund, CAFS (2020TD56, HSY202009Q); National Infrastructure of Fishery Germplasm Resource (2020DKA30470)