

福建近海蓝圆鲹种群遗传多样性的 AFLP 分析

张丽艳, 苏永全, 丁少雄, 牛素芳, 刘东腾, 王 军*
(厦门大学海洋与环境学院, 福建 厦门 361005)

摘要:以往研究表明,福建近海的蓝圆鲹分属 2 个地理种群,即东海西部种群和闽南—粤东近海地方种群。为研究这两个群系的遗传结构,对蓝圆鲹闽东(30 尾)和闽南(32 尾)种群进行了 AFLP 分析,8 对选择性引物在 2 个种群 62 个个体中,共扩增出 563 个位点,其中多态位点 364 个。闽东和闽南种群的多态位点比例、Nei 遗传多样性指数和 Shannon 遗传多样性指数分别为 62.70%、58.97%、0.187 5、0.180 9 和 0.287 8、0.276 3。与其他鱼类对比显示,福建近海蓝圆鲹种群的遗传多样性水平高,说明种群遗传结构尚未遭到明显破坏;基因分化系数 G_{ST} 、Shannon 遗传多样性指数和 AMOVA 分析均显示蓝圆鲹的遗传变异主要来源于种群内,而种群间无明显的遗传分化。 N_m 显示 2 个种群间基因交流频繁。种群的显性基因型频率分布和位点差异数分布显示 2 个种群有基本相同的群体遗传结构。结果表明,蓝圆鲹闽东和闽南种群间无明显的遗传差异,因此可将福建海域的蓝圆鲹划归同一个管理保护单元。较强的扩散能力及海洋环流可能是造成福建近海蓝圆鲹种群间遗传同质性较高的原因。

关键词:蓝圆鲹;遗传多样性;扩增酶切片多态性

中图分类号:Q 346+.5;S 917

文献标识码:A

蓝圆鲹 (*Decapterus maruadsi* Temminck & Schlegel) 隶属鲈形目 (Perciformes)、鲹科 (Carangidae)、圆鲹属 (*Decapterus*), 系近海暖水性中上层鱼类。中国南海、东海、黄海以及日本、朝鲜等海域均有分布^[1]。蓝圆鲹为福建沿海重要经济鱼类,二十世纪七十年代福建省年产量达 2.5~3 万吨,居中上层鱼类产量的首位^[2]。

福建沿海蓝圆鲹的主要作业渔场有闽南—台湾浅滩渔场和闽中—闽东渔场。由于该海域底层和近底层主要经济鱼类处于过度捕捞状态,资源步入衰退,中上层鱼类资源目前正得到重视并加大开发力度,可以说福建近海蓝圆鲹群聚资源承受着相当大的捕捞压力^[3]。已有研究表明,闽东蓝圆鲹资源已经得到较为充分的开发利用,而闽南渔场的蓝圆鲹资源尚有一定的开发利用潜力^[1,3]。为了合理利用和科学管理蓝圆鲹野生资源,必须清楚了解其资源现状及群体遗传特性。

目前有关蓝圆鲹的研究主要集中于生物学

特性及资源状况,年龄结构和生长特性,摄食,资源量评估及种群问题等^[4-8]。戴泉水等^[8]认为福建近海的蓝圆鲹资源分属 2 个种群,即东海西部种群和闽南—粤东近海地方种群,其中闽中—闽东渔场的蓝圆鲹属于东海群系,而闽南—台湾浅滩渔场的蓝圆鲹属于闽南—粤东近海群系。尽管如此,蓝圆鲹闽东种群和闽南种群是否能够成为独立的进化保护单元 (ESU) 和管理单元 (MU) 还没有从群体遗传学上加以印证。

对鱼类种群结构的准确了解,可以为制定长期可持续利用的管理政策和了解生物进化提供重要信息^[9]。通过表型和行为特征无法清楚认识和描述的鱼类种群结构可以使用多种分子遗传技术来呈现。这些技术已经被成功的应用于海洋鱼类的遗传结构研究^[10-12]。其中 AFLP 技术为中性选择 DNA 分子遗传标记技术,具有检测遗传变异灵敏、无需 DNA 序列信息、可追踪基因和重复可靠性高等优点^[13],在水生生物中已被广泛应用于遗传多样性分析^[14]、系统进化和亲缘

收稿日期:2009-12-07

修回日期:2010-02-22

资助项目:福建省科技计划项目(2007J0005)

通讯作者:王 军, Tel: 13606087886, E-mail: junw@xmu.edu.cn

关系的鉴定^[15]、基因定位克隆^[16]、遗传图谱构建^[17]及仔稚鱼鉴定^[18]等诸多领域。

本研究首次对福建海域蓝圆鲈资源进行群体遗传学研究。采用 AFLP 技术对采自闽东渔场和闽南渔场的 2 个蓝圆鲈种群进行遗传多样性分析,为进一步研究福建海域蓝圆鲈 2 个种群之间的遗传特性和遗传分化提供基础数据,为蓝圆鲈遗传资源现状的准确评价与合理开发利用提供理论指导和技术支持。

1 材料与方 法

1.1 材 料

实验选取了 2 个蓝圆鲈地理种群:闽东种群和闽南种群,分别于 2009 年 3 月底和 2009 年 4 月中旬采自福建宁德霞浦近海和厦门近海,体长、叉长范围分别为 145.3 ~ 167.8 mm、158.2 ~ 185.1 mm 和 174.5 ~ 226.4 mm、193.6 ~ 242.3 mm。样品运回实验室进行形态学鉴定和测量后,取背部肌肉保存于 95% 酒精中。分别取闽东

种群 30 尾、闽南种群 32 尾用于 AFLP 分析。

1.2 基因组 DNA 提取和 AFLP 图谱构建

基因组 DNA 的提取参照 Sambrook 等^[19]的方法,取 15 ~ 20 mg 酒精固定的肌肉,剪碎,用超纯水洗涤 2 次,尽可能除去酒精,用蛋白酶 K (20 mg/mL) 55℃ 消化,直至蛋白完全溶解(约 3 h),酚/氯仿法提取总 DNA。参照 Vos 等^[20]和 Wang 等^[21]的方法构建 AFLP 图谱。2 种内切酶分别为 *EcoR* I 和 *Mse* I, 预扩增引物的 3' 末端加 1 个选择性碱基,其序列分别为 *EcoR* I + A (5' - GACTGCGTACCAATTC + A 3') 和 *Mse* I + C (5' - GATGAGTCCTGAGTAA + C 3')。选择性扩增引物的 3' 末端加 3 个选择性碱基,所采用引物序列详见表 1。PCR 扩增产物采用 6% 的变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离。电泳结束后,用 10% 冰醋酸固定,银染技术染色和显色。选取扩增条带清晰、多态性高的 8 对引物组合: E1/M5、E1/M1、E5/M2、E2/M5、E4/M1、E2/M1、E5/M3、E4/M5 进行 AFLP 数据统计分析。

表 1 选择性扩增引物名称及序列

Tab. 1 Selective amplification primers and their sequences used in AFLP analysis

<i>EcoR</i> I 引物 <i>EcoR</i> I primers	序列(5' - 3') sequences	<i>Mse</i> I 引物 <i>Mse</i> I primers	序列(5' - 3') sequences
E1	GACTGCGTACCAATTC + AAC	M1	GATGAGTCCTGAGTAA + CAC
E2	GACTGCGTACCAATTC + AGC	M2	GATGAGTCCTGAGTAA + CTG
E4	GACTGCGTACCAATTC + ATG	M3	GATGAGTCCTGAGTAA + CCA
E5	GACTGCGTACCAATTC + ATC	M5	GATGAGTCCTGAGTAA + CAG

1.3 数据统计分析

对电泳图谱中同一位置上 AFLP 条带的有无进行统计,有条带记为 1,无条带记为 0,得出 0,1 原始数据矩阵。利用 POPGENE 1.31 软件统计位点总数、多态位点数和每个引物组合的多态位点比例,计算显性基因型频率、Shannon 多样性指数、Nei 基因多样性指数、遗传分化系数(G_{ST})、遗传相似性指数和遗传距离^[22];利用 SPSS 13.0 中的 *t* 检验对 Nei 基因多样性指数和 Shannon 多样性指数进行差异显著性检验;利用 Phyltools 1.32 软件计算获得个体间遗传距离矩阵,利用软件 MEGA 3.0 构建基于个体间遗传距离的 UPGMA 系统树;利用 Arlequin 3.1 进行 AMOVA 分析和位点差异数分析。

多态位点比例(%): $P = \text{多态位点数} / \text{位点总数} \times 100$;

显性基因型频率: $P_d = n_i / n$, n_i 为位点 i 上有带的个体数, n 为总个体数;

Shannon 多样性指数 H : $H_0 = - \sum X_i \text{Ln} X_i / N$, X_i 表示位点 i 在某个群体中的出现频率, N 表示该群体中检测到的位点总数;

n 个不同群体内的平均多样性: $H_{pop} = - \sum H_0 / n$, n 为所研究的群体数;

群体多样性: $H_{sp} = - \sum X \text{Ln} X / n$, X 为位点 i 在 n 个群体中的总显性频率;

群体内及群体间遗传多样性所占的比例分别为 H_{pop} / H_{sp} 和 $(H_{sp} - H_{pop}) / H_{sp}$ 。

Nei 遗传多样性指数 h : $h_0 = 1 - \sum P_i^2$, P_i 为单个位点上的等位基因频率;

基因分化系数 G_{ST} : $G_{ST} = 1 - h_s / h_t$, h_s 为总群体平均杂合度; h_t 为各群体内平均杂合度;

种群间基因流动值 $N_m = 0.5(1 - G_{ST}) / G_{ST}$;

遗传相似系数: $S_{ij} = 2 N_{ij} / (N_i + N_j)$, N_{ij} 为个体 i 与 j 共有的条带数量; N_i 、 N_j 分别为个体 i 与 j 各自具有的条带数量;

遗传距离: $D = -\ln S$, S 为相似系数。

2 结果

2.1 2 个种群的 AFLP 扩增结果

利用 8 对选择性引物,在 2 种群 62 尾蓝圆鲈 DNA 中共检出了 563 个不同的扩增片段(100 ~ 450 bp,不清晰的片段不纳入统计)。其中,多态片段为 364 条,多态位点比例为 64.65%。每个引物组合产生的扩增条带数从 54 到 84 不等,扩增出的多态条带范围为 33 ~ 56 条,多态检出率范围

为 45.83% ~ 84.44% (表 2)。

2.2 2 个种群的遗传多样性

8 对选择性引物在闽东和闽南 2 个种群的 563 个扩增位点中,未发现种群间特异性位点。闽东种群和闽南种群平均多态位点比例分别为 62.70% 和 58.97%, Nei 遗传多样性指数和 Shannon 多样性指数在 2 个种群中分别为 0.187 5、0.287 8 和 0.180 9、0.276 3 (表 3),与多态位点比例的结果一致。比较结果表明,闽东种群的遗传多样性稍高于闽南种群,但两者之间的差异并不显著 (Nei 基因多样性指数和 Shannon 多样性指数的 P 值分别为 0.860 和 0.817)。

表 2 不同引物的扩增结果

Tab. 2 Number of bands generated by primer combinations

引物组合 primer combinations	总扩增位 点数 no. of total loci	总多态位点数 no. of total polymorphic loci	闽东 Mindong		闽南 Minnan	
			多态位点数 no. of polymorphic loci	多态位点比例 percentage of polymorphism	多态位点数 no. of polymorphic loci	多态位点比例 percentage of polymorphism
E1/M5	74	53 (78.38)	56	75.68	51	68.92
E1/M1	66	46 (69.70)	47	71.21	46	69.70
E5/M2	54	47 (87.04)	43	79.63	38	70.37
E2/M5	84	52 (61.90)	51	60.71	50	59.52
E4/M1	66	37 (56.06)	37	56.06	37	56.06
E2/M1	73	34 (46.58)	33	45.21	34	46.58
E5/M3	74	37 (50.00)	36	48.65	37	50.00
E4/M5	72	40 (55.56)	38	52.78	39	54.17
total	563	364 (64.65)	353	62.70	332	58.97

表 3 蓝圆鲈 2 个种群的遗传学参数

Tab. 3 Parameters of genetic diversity for two populations of *D. maruadsi*

群体 populations	Nei 遗传多样性 指数 Nei genetic diversity	Shannon 多样 性指数 Shannon diversity index	群体间相似系数/群体间遗传距离 genetic similarity between populations/ genetic distance between populations	基因分化系数 G_{ST} coefficient of gene differentiations	基因流 N_m gene flow
闽东 Mindong	0.187 5	0.287 8	0.981 7/0.018 5	0.046 4	10.267 4
闽南 Minnan	0.180 9	0.276 3			

2.3 2 个种群间的遗传距离和遗传分化

2 个种群间扩增位点的遗传相似度和遗传距离分别为 0.981 7 和 0.018 5; 根据 Shannon 多样性指数、基因分化系数 G_{ST} 、AMOVA 分析估算的蓝圆鲈 2 个种群的遗传变异分别有 95.19%、

95.36%、92.71% 存在于种群内, 4.81%、4.64%、7.29% 存在于种群间; 2 个体种群间基因流 N_m 高达 10.2674 (表 4)。以上分析表明, 蓝圆鲈 2 个种群间不存在明显的遗传分化。

表 4 蓝圆鲷种群的 AMOVA 分析数据

Tab. 4 Data derived from AMOVA of *D. maruadsi*

变异来源 source of variation	自由度 df	方差总和 sum of squares	变异组分 variance components	所占比例 percentage of variation
种群间 between populations	1	192.831	4.4132	7.29
种群内 within populations	60	3369.863	56.1644	92.71
总计 total	61	3562.694	60.5776	100

2.4 2 个种群的遗传结构和聚类分析

将 563 个扩增位点的显性基因型频率以 10% 为单位划分区间,0 和 1 分别设为一个单独的区间,统计显性基因型频率位于各区间内的位点数(图 1)。结果显示,在 1%~9%、80%~89% 和关键点 1 的基因型频率呈现峰值,2 个种群的显性基因型频率分布基本一致,说明 2 个种群的遗传结构非常相近。利用 Arlequin 软件统计了个体间位点差异数频率分布(mismatch distribution),单个种群和所有个体位点差异数分布见图 2。2 个种群位点差异数分布图都呈单峰型,峰值的差异位点数虽有所偏移但相差很小,说明个体间遗传距离频率分布基本相同,2 个种群的遗传结构相似。

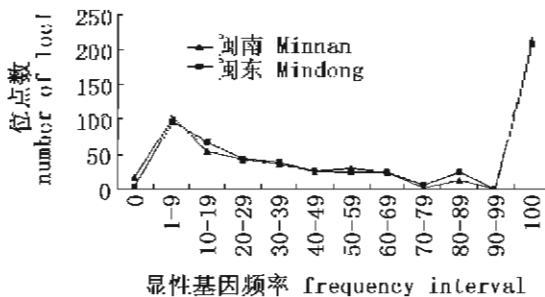


图 1 扩增位点数在不同显性基因频率区间内的分布
Fig. 1 Distributions of amplified loci in different frequency intervals

为进一步分析 2 个种群内个体之间遗传分化程度,利用 MEGA 3.0 软件构建了蓝圆鲷 62 个个体的 UPGMA 系统树(图 3)。系统发生树的分支状况呈现出与分布区域不相关的支状图,同样说明种群间的遗传分化不明显。

3 讨论

3.1 遗传多样性水平

遗传多样性是评价物种资源状况的一个重要指标,它是物种适应周围环境变化、维持生存和进化的遗传基础^[23]。本研究利用 AFLP 技术

分析福建沿海蓝圆鲷种群资源的遗传多样性,结果呈现出丰富的多态性和较高的灵敏度,表明 AFLP 技术适用于蓝圆鲷的群体遗传学分析。

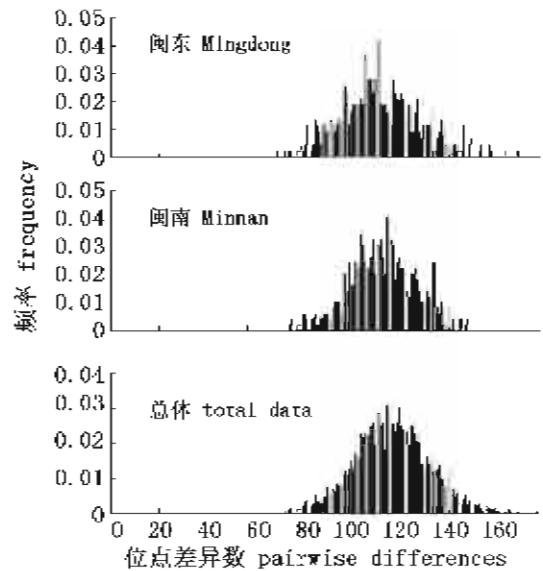


图 2 蓝圆鲷 AFLP 数据观测位点差异数分布图
Fig. 2 The observed pairwise differences of the AFLP data of *D. maruadsi*

比较 2 个种群的多态位点比例、Nei 遗传多样性指数和 Shannon 多样性指数,闽东种群虽略高于闽南种群,但差异并不显著。同已知鱼类 AFLP 数据比较发现,福建海域蓝圆鲷种群的多态位点比例(58.97%~62.70%)明显高于我国沿海赤点石斑鱼(*Epinephelus akaara*) (18.40%~47.70%)^[24]、黄姑鱼(*Nibealalbiflora*) (51.70%~51.99%)^[25]、真鲷(*Pagrus magor*) (58.4%~64.0%)^[26]、银鲳(*Pampus argenteus*) (26.79%~39.29%)^[14]、半滑舌鲷(*Cynoglossus semilaevis*) (40.2%~49.8%)^[27]、牙鲆(*Paralichthys olivaceus*) (46.18%~40.07%)^[28];而与小黄鱼(*Larimichthys polyactis*)相近(55.34%~60.09%)^[29]。可见福建海域蓝圆鲷种群的多样性目前仍处于较高水平。这可能是由于:(1)福

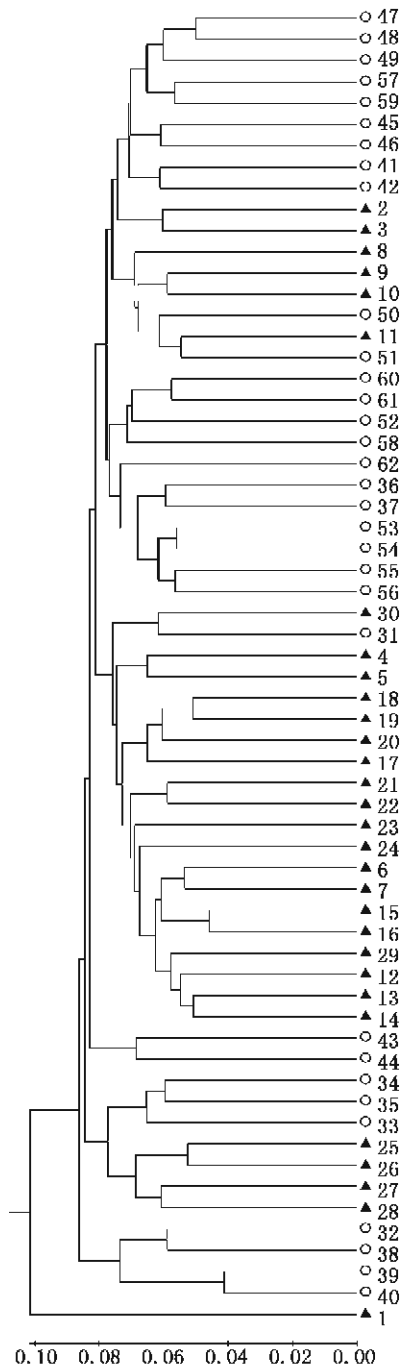


图3 蓝圆鲈 62 个个体的 UPGMA 聚类树

1~30: 闽东; 31~62: 闽南

Fig. 3 UPGMA dendrogram of 62 individuals of

D. maruadsi

1-30: Mindong; 31-62: Minnan

建海域蓝圆鲈具有较广阔的生境范围^[1],使其面临的自然选择压力相对较小,可以积累比较多的遗传变异;(2)根据群体遗传学理论,性别比例的偏倚会缩减有效群体大小,并使遗传漂变增加^[30],从而导致遗传多样性丧失。闽东种群和闽

南种群的性别比例分别为 0.93 和 1.03^[1],基本趋近于 1,有利于遗传多样性的保持;(3)Hewitt^[31]认为当温度大幅度地迅速升降时,由于受种群的收缩和迁移扩散的影响,处于物种分布区南北两边缘的种群的遗传多样性损失最高。蓝圆鲈从中国南海到日本海域均有分布^[1],福建近海相对中部的的位置可能使得该海域蓝圆鲈在第四纪以来的全球性冰期气候波动中受到的影响相对较小,因此可以保留较高的遗传多样性。

当前福建海域的蓝圆鲈资源仍保持有相当丰富的遗传变异水平,在渔业管理过程中,及时有效加强对蓝圆鲈野生资源的管理保护,就能够保证蓝圆鲈资源的可持续利用,避免出现类似牙鲆^[28]等多种经济鱼类由于过度捕捞而出现的种质衰退、遗传性状单一的现象。

3.2 种群遗传分化分析

浮性卵、浮游幼体阶段或成鱼时期有较强的扩散能力及缺乏有效的物理隔离,使得海水鱼类种群间的分化水平远低于陆生动物^[32]。 G_{ST} 、Shannon 遗传多样性指数、AMOVA 分析和个体间 UPGMA 聚类树均表明,蓝圆鲈遗传变异主要存在于种群内,种群间无明显的遗传分化。显性基因频率分布图和位点差异数分布显示 2 个种群遗传结构相似,没有形成各自独立的遗传结构。种群间基因流(N_m)用来表示种群间的基因交流程度,当 $N_m > 4$,则表明群体间是一随机交配的群体^[33]。蓝圆鲈 2 个种群间基因流明显大于 4(10.2674),表明闽东、闽南种群间基因交流频繁,不存在明显的遗传分化。

对于具有高迁移能力的物种来说,越冬场或索饵场的重叠可导致其种群间遗传分化不显著^[34]。分布于闽南—台湾浅滩渔场的蓝圆鲈属地方性种群。该种群移动分布的范围较小,除了在幼鱼阶段部分群体可到达闽中和闽东沿岸、近海外,主要栖息在闽南—台湾浅滩渔场^[1]。分布于闽东渔场的蓝圆鲈属东海西部种群,其洄游分布范围较广。闽东种群的越冬场在台湾海峡中南部,即闽南—台湾浅滩渔场;产卵场位于闽中、闽东近海;索饵场在浙江近海^[1]。此外,据资料显示:闽东渔场蓝圆鲈的产卵期为 3-8 月;闽南—台湾浅滩渔场蓝圆鲈产卵期为 1-9 月^[1]。越冬场及产卵期的重叠为蓝圆鲈闽东种群和闽南种群间的遗传信息交流提供了平台,应该是福建

近海蓝圆鲹缺乏系统地理结构的一个重要原因。

除了越冬场及产卵期的重叠,许多具有浮游幼体阶段的海洋生物可以借助海流扩散,以促进种群间的交流^[35]。福建近海的主要流系包括黑潮、台湾暖流和台湾海峡北上海流^[36],这些交汇的海洋环流同样加强了该海域生物的卵和幼体扩散能力。春末夏初,闽南—台湾浅滩渔场的蓝圆鲹幼鱼在西南季风的影响下可能随台湾海峡北上海流和台湾暖流向北漂流,成为闽东渔场蓝圆鲹的补充群体。台湾海峡附近的蓝圆鲹越冬场可能因为黑潮逆流、台湾海峡北上暖流和台湾暖流的交汇而具有连续性分布,而这种连续性分布同样促进了种群间的基因交流^[37]。据此认为,蓝圆鲹生活史中受精卵及幼体的浮游性和福建近海的海洋环流可能是造成蓝圆鲹闽东种群和闽南种群不存在明显分化的另一个重要原因。

尽管本实验采集的种群数有限,但闽东种群和闽南种群分别来自福建沿海蓝圆鲹的 2 个主要作业渔场,代表了福建沿海蓝圆鲹主要群系,研究结果可以作为福建沿海蓝圆鲹遗传多样性和种群分化的基础信息。Moritz^[38]在 1994 年提出了管理单元(MU)的概念,即:核 DNA 或线粒体 DNA 的等位基因频率显著分化的保护单元。因为福建海域蓝圆鲹 2 个种群间不存在明显分化,闽中—闽东渔场和闽南—台湾浅滩渔场的蓝圆鲹可以合并作为一个管理单元。需要指出的是,由于 AFLP 标记是显性分子标记,不能区分杂合和纯合位点,在群体遗传结构分析方面有一定局限性,有必要运用其他共显性分子标记如微卫星等对福建近海蓝圆鲹种群遗传结构进行更深入地研究。

参考文献:

- [1] 张秋华,程家骅,徐汉祥,等. 东海区渔业资源及其可持续利用[M]. 上海:复旦大学出版社,2007.
- [2] 福建鱼类志编写组. 福建鱼类志[M]. 下卷. 福州:福建科学技术出版社,1985.
- [3] 卢振彬,戴泉水,颜尤明. 台湾海峡及其邻近海域鲈鱼鱼类群聚资源的评估[J]. 中国水产科学, 2000,7(1):41-45.
- [4] 张杰,张其永. 闽南—台湾浅滩渔场蓝圆鲹种群的年龄结构和生长特性[J]. 台湾海峡,1985,4(2):209-218.
- [5] Ohshimo S, Yoda M, Itasaka N, et al. Age, growth and reproductive characteristics of round scad *Decapterus maruadsi* in the waters off west Kyushu, the East China Sea[J]. Fisheries Science, 2006, 72: 855-859.
- [6] 徐旭才,丘书院,卢振彬,等. 闽南—台湾浅滩渔场蓝圆鲹资源的评估[J]. 海洋与湖沼,1992,23(5):511-516.
- [7] 黄美珍. 台湾海峡蓝圆鲹的食性研究[J]. 台湾海峡,1995,14(4):399-406.
- [8] 戴泉水,颜尤明,卢振彬. 台湾海峡及其附近海域蓝圆鲹种群的研究[J]. 动物学杂志,1988,23(4):1-5.
- [9] Tudela S, García-Marín J L, Pla C. Genetic structure of the European anchovy, *Engraulis encrasicolus*, in the north-west Mediterranean [J]. Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 1999, 234: 95-109.
- [10] Han Z Q, Gao T X, Yanagimoto T. Genetic population structure of *Nibea albiflora* in Yellow Sea and East China Sea[J]. Fisheries Science, 2008, 74: 544-552.
- [11] 王伟伟,赵金良,李思发. 斑鳐不同地理群体遗传变异的 AFLP 分析[J]. 水生生物学报,2009,33(2):304-309.
- [12] 刘伟斌,曾志南,王德祥. AFLP 分析 3 个不同体色花尾胡椒鲷养殖群体的遗传变异[J]. 中国水产科学,2008,15(1):38-46.
- [13] Liu Z J, Cordes J F. DNA marker technologies and their applications in aquaculture genetics [J]. Aquaculture, 2004, 238: 1-37.
- [14] 孟彦羽,章龙珍,赵峰. 银鲳 4 个地理种群遗传多样性的初步研究[J]. 海洋渔业, 2009,31(1):48-52.
- [15] David L, Rajasekaran P, Fang J, et al. Polymorphism in ornamental and common carp strains (*Cyprinus carpio* L.) as revealed by AFLP analysis and a new set of microsatellite markers[J]. Molecular genetics and genomics, 2001, 266: 353.
- [16] Rubinstein A L, Lee D, Luo R, et al. Genes dependent on zebrafish cyclops function identified by AFLP differential gene expression screen[J]. Genesis, 2000, 26: 86-97.
- [17] 王伟继,孔杰,董世瑞,等. 中国明对虾 AFLP 分子标记遗传连锁图谱的构建[J]. 动物学报,2006,52(3):575-584.
- [18] 张俊彬,黄良民,陈真然. AFLP 技术在笛鲷的仔鱼鉴定及其分类学上的研究[J]. 海洋学报,2005,27(2):165-171.

- [19] 金东雁,黎孟枫(译).分子克隆试验指南[M].2版.北京:科学出版社,1995.
- [20] Vos P, Hogers R, Bleeker M, *et al.* AFLP: a new technique for DNA fingerprinting [J]. *Nucleic Acids Res*, 1995, 23: 4407-4414.
- [21] Wang Z Y, Tsoi K H, Chu K H. Applications of AFLP technology in genetic and phylogenetic analysis of penaeid shrimp [J]. *Biochemical Systematics and Ecology*, 2004, 32: 399-407.
- [22] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals [J]. *Genetics*, 1978, 89: 583-590.
- [23] 马洪雨,陈松林,田永胜.我国引进条斑星鲷群体遗传多样性的 AFLP 分析[J]. *水产学报*, 2008, 32(3): 321-326.
- [24] Chen S P, Hu X L, Liu T. AFLP analysis of seven geographical populations of *Epinephelus akaara* [J]. *Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Sunyatseni*, 2009, 48: 56-61.
- [25] 韩志强,高天翔,王志勇.黄姑鱼群体遗传多样性的 AFLP 分析[J]. *水产学报*, 2006, 30(5): 640-646.
- [26] 王志勇,王艺磊,林利民.利用 AFLP 指纹技术研究中国沿海真鲷群体的遗传变异和趋异[J]. *水产学报*, 2001, 25(4): 289-294.
- [27] 韩志强,庄志猛,高天翔.半滑舌鳎 DNA 的群体遗传变异[J]. *中国水产科学*, 2007, 14(2): 192-200.
- [28] 张全启,徐晓斐,齐洁.牙鲆野生群体与养殖群体的遗传多样性分析[J]. *中国海洋大学学报*, 2004, 34(5): 816-820.
- [29] Lin L S, Ying Y P, Han Z Q, *et al.* AFLP analysis on genetic diversity and population structure of small yellow croaker *Larimichthys polyactis* [J]. *African Journal of Biotechnology*, 2009, 8: 2700-2706.
- [30] Choquet J, Waples R S, Mariani S. Sex change and the genetic structure of marine fish populations [J]. *Fish and Fisheries*, 2009, 10: 329-343.
- [31] Hewitt G M. Some genetic consequences of ice ages, and their role in divergence and speciation [J]. *Biological Journal of the Linnean Society*, 1996, 58: 247-276.
- [32] Hewitt G M. The genetic legacy of the Quaternary ice ages [J]. *Nature*, 2000, 405: 907-913.
- [33] Hartl D L, Clark A G. *Principle of Population Genetics* [M]. 2nd. Sunderland: Sinauer Press, 1989.
- [34] Wenink P W, Baker A J, Tilanus M G. Hypervariable-control-region sequences reveal global population structuring in a long-distance migrant shorebird, the Dunlin (*Calidris alpina*) [J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1993, 90: 94-98.
- [35] Liu J X, Gao T X, Wu S F, *et al.* Pleistocene isolation in the Northwestern Pacific marginal seas and limited dispersal in a marine fish, *Chelon haematocheilus* (Temminck & Schlegel, 1845) [J]. *Molecular Ecology*, 2007, 16: 275-288.
- [36] 李乃胜,赵松龄,鲍·瓦西里耶夫.西北太平洋边缘海地质[M].哈尔滨:黑龙江教育出版社,2000.
- [37] 吴仁协,柳淑芳,庄志猛,等.基因线粒体 Cyt b 基因的黄海、东海小黄鱼 (*Larimichthys polyactis*) 群体遗传结构[J]. *自然科学进展*, 2009, 19(9): 924-930.
- [38] Moritz C. Defining 'evolutionary significant units' for conservation [J]. *Trends in Ecology and Evolution*, 1994, 9: 373-375.

Analysis of genetic diversity of *Decapterus maruadsi* in the coastal waters of Fujian Province

ZHANG Li-yan, SU Yong-quan, DING Shao-xiong, NIU Su-fang, LIU Dong-teng, WANG Jun*
(College of Oceanography and Environmental Science, Xiamen University, Xiamen 361005, China)

Abstract: *Decapterus maruadsi* in Fujian coastal waters has been facing considerable fishing pressure because the resources of main economic demersal fishes have been exhausted. The information of stock structure of different populations will give us theoretical guidance in planning management and conservation of natural resources and in genetic improvement programs. In this study, amplified fragment length polymorphism (AFLP) was used to analyze the genetic diversity and variation of two populations of *D. maruadsi* from eastern and southern Fujian coastal waters. AFLP bands were scored for presence (1) or absence (0) and transformed into 0/1 binary character matrix. AMOVA and mismatch distribution analysis were performed in Arlequin, Nei genetic diversity and Shannon genetic diversity index were conducted in POPGEN, genetic distance between individuals were computed in Phyltools and the UPGMA tree was generated in MEGA. A total of 563 loci ranging in size from 100 bp to 450 bp were detected from 62 individuals using eight primer combinations, of which 364 were polymorphic. The number of bands per primer combination varied from 54 to 84 and the polymorphic bands per primer combination ranged from 45.83% to 84.44%. The proportion of polymorphic loci, the Nei genetic diversity and Shannon genetic diversity index of these two populations were 62.70% and 58.97%, 0.1875 and 0.1809, 0.2878 and 0.2763, respectively, revealing no significant difference ($P > 0.05$) between the two populations. The results showed that the genetic diversity of these two seemed at the same level. Compared with other fishes, the genetic diversity of *D. maruadsi* in the coastal waters of Fujian Province is above the middle level, with a higher genetic diversity, indicated that the population genetic structure of *D. maruadsi* had not been destroyed. Wide range of habitats, unbiased sex ratio and the characteristics of its distribution could be the causes for the higher genetic diversity. G_{st} value, Shannon genetic diversity index and AMOVA analysis indicated that the genetic variation mainly came from individuals within populations. The UPGMA tree based on genetic distance between individuals exhibited no correlation between clades and geographic distribution. N_m showed that there was frequent gene flow between the two populations. Mismatch distribution analysis and dominant gene frequency revealed that these two populations have the same genetic population structure. The results of AFLP analysis indicated that there is no significant genetic differentiation between two populations. Therefore, it draws a conclusion that *D. maruadsi* in the coastal waters of Fujian Province can be assigned to the same management unit. Annual migrations and larval drift in the ocean currents could be the causes for little genetic structure in the studied area. However, AFLP markers are inherited as dominant markers, further studies utilizing codominant markers are needed for a better understanding of the genetic diversity of this fish.

Key words: *Decapterus maruadsi*; genetic diversity; amplified fragment length polymorphism(AFLP)

Corresponding author: WANG Jun. E-mail: junw@xmu.edu.cn