

文章编号: 1674 - 5566(2014)05 - 0782 - 07

## 基于线粒体控制区的中部太平洋黄鳍金枪鱼种群遗传结构的研究

李伟文<sup>1</sup>, 许强华<sup>1,2,3,4</sup>, 陈新军<sup>1,2,3,4</sup>, 戴小杰<sup>1,2,3,4</sup>, 朱江峰<sup>1,2,3,4</sup>

(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 201306; 3. 农业部大洋渔业资源环境科学观测实验站, 上海 201306; 4. 国家远洋渔业工程技术研究中心, 上海 201306)

**摘要:** 根据 2010 年 9 月 - 2012 年 1 月, 我国远洋捕捞船在太平洋中部(16°S ~ 8°N; 160°W ~ 155°E)的 7 个采样点采集到的 101 个样本, 利用线粒体 DNA 控制区 (mtDNA D-loop) 基因的 585 bp 序列, 分析了它们的遗传多样性和遗传结构。结果显示, 585 bp 片段中发现 23 个变异位点, 80 个单倍型; 序列多样性分析结果显示, 7 个采样群体单倍型多样性指数  $h = 0.994 \pm 0.002$  和核苷酸多样性指数  $\pi = 0.00892 \pm 0.00038$ 。分子方差分析揭示 98.18% 的遗传变异来自种群内, 群体间的  $F_{st}$  分析揭示黄鳍金枪鱼 7 个采样群体内部不存在显著的遗传分化。 $F_u$ 's  $F_s$  呈负值和核苷酸不配对呈单峰, 显示了黄鳍金枪鱼大约在 335 ~ 544 万年前经历了种群扩张; 基因交流与遗传分化分析表明, 该 7 个采样点的黄鳍金枪鱼群体之间存在强烈的基因交流, 种群遗传分化水平较低。黄鳍金枪鱼种群遗传多样性低, 为单一种群, 应采用合理的有效措施进行管理, 确保黄鳍金枪鱼产业的可持续发展。

**研究亮点:** 本文针对黄鳍金枪鱼这种重要的渔业资源物种, 利用线粒体 DNA 控制区分子标记研究获得了中部太平洋海域黄鳍金枪鱼群体的序列多样性和种群遗传结构, 并首次揭示了该海域黄鳍金枪鱼群体扩张的进化历程。这些研究结果为合理利用和保护黄鳍金枪鱼提供了有效参考。

**关键词:** 黄鳍金枪鱼; 中部太平洋; mtDNA 控制区; 遗传结构

**中图分类号:** Q 347; S 932.4

**文献标志码:** A

黄鳍金枪鱼 (*Thunnus albacares*) 广泛分布于太平洋、印度洋和大西洋, 是一种高度洄游的商业性大洋鱼类。黄鳍金枪鱼肉质鲜美, 营养价值较高, 已成为当前世界海洋渔业重要对象之一<sup>[1]</sup>。随着捕捞技术的提高及捕捞强度的加大, 黄鳍金枪鱼的资源量已经处于过度捕捞的状态<sup>[2-3]</sup>。清楚认识黄鳍金枪鱼的种群遗传结构将有助于掌握其生活史、估算种群数量及资源变动, 从而为黄鳍金枪鱼资源的可持续利用和开发提供科学依据<sup>[4]</sup>。为此, 不同的学者采用了标志重捕技术<sup>[5-6]</sup>、形态学手段<sup>[7-8]</sup>和分子标记<sup>[9-13]</sup>等方法对黄鳍金枪鱼种群遗传结构进行了研究, 得出的结论并不一致。

线粒体 DNA (mtDNA) 结构简单、进化速率

快, 尤其是控制区变异最大, 变异积累较高, 被广泛应用于鱼类种群遗传结构和遗传变异的研究<sup>[14-15]</sup>。本文对太平洋中部的 7 个采样群体, 通过分析 mtDNA D-loop 基因序列, 研究其遗传多样性和遗传结构, 并对其系统地理格局进行初步的探讨, 以期对太平洋黄鳍金枪鱼资源的合理开发、管理和保护提供理论依据。

### 1 材料与方法

#### 1.1 样本采集

2010 年 9 月 - 2012 年 1 月我国远洋渔业船队在太平洋采集到的 101 尾黄鳍金枪鱼样本, 其中西部太平洋 3 个采样点, 分别命名为 WPO1-WPO3; 东部太平洋 4 个采样点, 分别命名为

收稿日期: 2013-12-09 修回日期: 2014-05-14

基金项目: 国家高技术研究发展计划(2012AA092303); 上海市教育委员会科研创新项目曙光计划(13SG51)

作者简介: 李伟文(1988—), 男, 硕士研究生, 研究方向为渔业资源和分子生态学。E-mail: liweiwen0207@163.com

通信作者: 许强华, E-mail: qhxu@shou.edu.cn

EPO1-EPO4(表 1、图 1)。剪取黄鳍金枪鱼尾部的肌肉组织样本,将其固定在装有 95% 乙醇的离心管并冻存于  $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$  冰箱,备用。

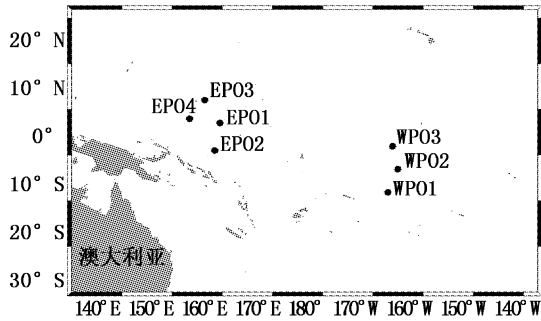


图 1 黄鳍金枪鱼采样位点

Fig. 1 The sampling locations of *T. albacares*

表 1 黄鳍金枪鱼采样位点及采样数目

Tab. 1 The sampling locations and number of *Thunnus albacares*

站点	纬度	经度	采样数目
WPO1	$10^{\circ}\sim 16^{\circ}\text{S}$	$160^{\circ}\sim 165^{\circ}\text{W}$	20
WPO2	$6^{\circ}\sim 10^{\circ}\text{S}$	$160^{\circ}\sim 165^{\circ}\text{W}$	19
WPO3	$0^{\circ}\sim 5^{\circ}\text{S}$	$160^{\circ}\sim 165^{\circ}\text{W}$	17
EPO1	$0^{\circ}\sim 4^{\circ}\text{N}$	$160^{\circ}\sim 165^{\circ}\text{E}$	13
EPO2	$0^{\circ}\sim 6^{\circ}\text{S}$	$160^{\circ}\sim 175^{\circ}\text{E}$	9
EPO3	$5^{\circ}\sim 8^{\circ}\text{N}$	$158^{\circ}\sim 162^{\circ}\text{E}$	12
EPO4	$0^{\circ}\sim 4^{\circ}\text{N}$	$155^{\circ}\sim 160^{\circ}\text{E}$	11
合计			101

## 1.2 DNA 的提取、扩增及测序

采用组织/细胞基因组 DNA 快速提取试剂盒(北京艾德莱生物科技有限公司)提取肌肉组织 DNA,洗脱缓冲液 EB 溶解,1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 质量,紫外分光光度计测定 DNA 浓度, $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$  保存备用。D-loop 基因扩增引物为 TACRF: 5'-AACAACTAAATCGTCTAAGCCATACC AA-3', TACRR: 5'-ATACCCCACTCGAGATTTTCC TGTT-3'。PCR 反应中,1.0 × PCR 反应缓冲液 2  $\mu\text{L}$ ;模板 DNA(50  $\mu\text{g}/\mu\text{L}$ )1  $\mu\text{L}$ ;Taq 酶(5 U/ $\mu\text{L}$ )0.12  $\mu\text{L}$ ;dNTP(2.5 mmol/L)1.6  $\mu\text{L}$ ;引物(10  $\mu\text{mol}/\text{L}$ )各 0.5  $\mu\text{L}$ ;剩余用 ddH<sub>2</sub>O 补足至 20  $\mu\text{L}$ 。PCR 扩增在 Eppendorf 热循环仪上进行,条件为:94  $^{\circ}\text{C}$  预变性 3 min;94  $^{\circ}\text{C}$  30 s,56  $^{\circ}\text{C}$  30 s,72  $^{\circ}\text{C}$  1 min,共 30 个循环;72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 10 min;4  $^{\circ}\text{C}$  保存。PCR 产物由上海生工生物工程技术有限公司进行测序。

## 1.3 数据分析

测序结果使用 Clustal X 1.83<sup>[16]</sup> 软件进行比对并辅以人工校对。利用 Network 软件构建单倍型间的系谱关系,系统进化树采用 PUAP 软件构建,重复计算 1 000 次,从 NCBI 下载北方蓝鳍金枪鱼 (*Thunnus thynnus*),南方蓝鳍金枪鱼 (*Thunnus maccoyii*) 和青干金枪鱼 (*Thunnus tonggol*) 3 个物种线粒体上控制区的部分序列作为外群,对应序列号为 EU562825、GU256523 和 HQ425780。单倍型数、单倍型多样性指数( $h$ )与核苷酸多样性指数( $\pi$ )、碱基不配对分布曲线由软件 DnaSP version 4.00<sup>[17]</sup> 处理。不同群体间遗传分化指数  $F_{st}$ 、AMOVA 分析、Tajima's  $D$  和  $F_u$ 's  $F_s$  检测和基因分化参数由 ARLEQUIN version 3.0<sup>[18]</sup> 计算,其中  $F_{st}$  的显著性检验经过 Bonferroni<sup>[19]</sup> 校正,显著性水平为  $P < 0.05$ ,极其显著水平为  $P < 0.01$ ;种群扩张时间推算公式:

$$T = \tau/2\mu \quad (1)$$

式中: $\tau$  是根据广义非线性最小二乘法所估算的种群扩张参数; $\mu$  是基因序列每一世代的突变率。

基因流( $N_m$ )计算公式为:

$$N_m = (1/F_{st} - 1)/4 \quad (2)$$

式中: $F_{st}$  表示遗传分化指数。

## 2 结果

### 2.1 D-loop 序列多样性

太平洋中部 7 个采样位点获得的 101 个样本,经 PCR 扩增、产物纯化和序列测定,结果显示,101 个样本中共发现 23 个变异位点,定义 80 个单倍型(表 2)。在获得的 80 个单倍型中,定义为 H<sub>1</sub>-H<sub>80</sub>,其中大多数单倍型为某个群体所特有。WPO2 群体拥有 12 个单倍型,而群体 EPO4 具有单倍型数最少,仅为 8 个(表 2)。单倍型进化网络分析显示(图 2),80 个单倍型中并没有显著的单倍型分化格局,NJ 系统树(图 3)同样没有明显的遗传分化拓扑结构。遗传多样性分析结果显示,所有群体单倍型多样性( $h$ )和核苷酸多样性( $\pi$ )分别为  $0.994 \pm 0.002$  和  $0.00892 \pm 0.00038$ (表 2)。

### 2.2 遗传变异分析

7 个采样群体的 AMOVA 检验发现,98.18% 的变异是发生在群体内部(表 3)。7 个采样群体的两两群体间  $F_{st}$  范围在 0.001 05 ~ 0.097 07 之

间(表 4),其中,检验经过 Bonferroni 校正后,所有群体的两两群体间的显著性检验都不显著 ( $P > 0.05$ )。除了 WPO1 与 WPO3 (2.32546),

WOP3 与 EPO2 (2.33398) 外,各群体间的基因流指数都大于 3,表明 7 个采样群体间有着广泛的基因交流。

表 2 黄鳍金枪鱼群体线粒体 D-loop 基因序列的遗传多样性参数

Tab. 2 Genetic diversity parameter of *Thunnus albacares* based on sequences data of mitochondrial D-loop region

	个体数	变异位点数	单倍型数	单倍型多样性 $h$	核苷酸多样性 $\pi$	采样位点单倍型分布
总数	101	23	80	0.994 ± 0.002	0.00892 ± 0.00038	H_1-H_80
WPO1	20	17	17	0.984 ± 0.020	0.00772 ± 0.00070	H_1-H_17
WPO2	19	21	18	0.994 ± 0.019	0.00996 ± 0.00075	H_11, H_18-H_34
WPO3	17	17	14	0.978 ± 0.027	0.00910 ± 0.00091	H_7, H_32, H_35-H_44
EPO1	13	18	12	0.987 ± 0.035	0.00916 ± 0.00136	H_6, H_11, H_65, H_67, H_73-H_80
EPO2	9	13	8	0.972 ± 0.064	0.00779 ± 0.00118	H_14, H_36, H_68-H_73
EPO3	12	15	12	1.000 ± 0.034	0.00847 ± 0.00088	H_56-H_67
EPO4	11	17	11	1.000 ± 0.039	0.00889 ± 0.00072	H_46-H_55

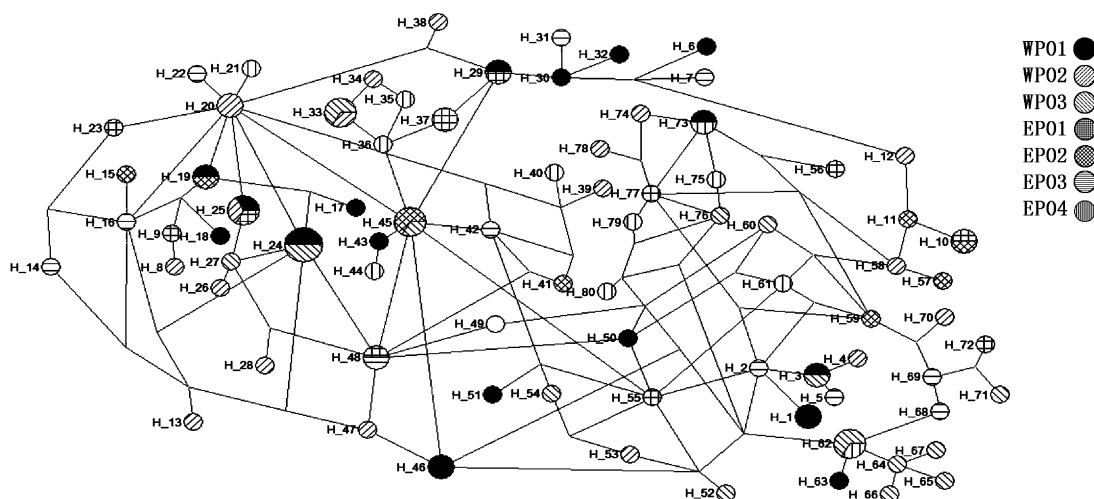


图 2 黄鳍金枪鱼 80 个单倍型进化关系图

Fig. 2 The relationship between 80 haplotypes from *T. albacares* in Pacific Ocean

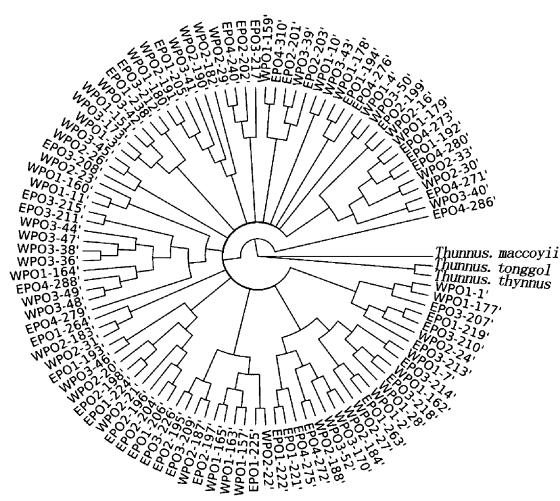


图 3 黄鳍金枪鱼 101 个个体 NJ 进化树

Fig. 3 The NJ tree of 101 individuals from *T. albacares* in Pacific Ocean

### 2.3 研究群体的群体扩张分析

7 个采样群体的中性检验(表 5)结果显示,除了 WOP3 群体的 Tajima's  $D$  为非显著的 ( $P = 0.615$ ) 正值之外,其他的 Tajima's  $D$  均为非显著的 ( $P > 0.05$ ) 负值。而 7 个采样群体的  $Fu's F_s$  均为极显著的 ( $P < 0.01$ ) 的负值。通常情况下,显著的 Tajima's  $D$  和  $Fu's F_s$  负值,表明群体发生过扩张,但是在缺乏背景选择的情况下, Tajima's  $D$  会出现非显著的负值,而  $Fu's F_s$  为显著的负值,表明群体发生过扩张。7 个群体核苷酸不配对分布曲线呈现明显的单峰(图 4),表明群体近期发生过扩张。

### 3 讨论

#### 3.1 黄鳍金枪鱼的遗传分化与遗传变异性

单倍型多样性指数和核苷酸多态性是衡量一个群体 mtDNA 遗传变异的重要指标, $\pi$  反映了各种 mtDNA 单倍型在群体中所占的比例,在揭示群体 mtDNA 遗传多样性方面优越于单纯的单倍型遗传距离( $D$ )<sup>[20]</sup>。本研究结果显示,7 个采样

群体呈现较高的平均单倍型多样性指数( $h = 0.994 \pm 0.002$ )和较低的核苷酸多样性指数( $\pi = 0.00892 \pm 0.00038$ )。根据 GRANT 和 BOWEN 推测的鱼类群体的 4 种进化格局,黄鳍金枪鱼可能是由小的遗传群体经历一段时间的稳定后扩张,群体的快速增长保持了较高的单倍型多样性和降低了核苷酸多样性<sup>[21]</sup>。

表 3 黄鳍金枪鱼鱼种群的分子方差分析  
Tab.3 Analysis of molecular variance (AMOVA) of *Thunnus albacares*

变异来源	自由度 $df$	方差之和	变异组成	变异百分数	F 指数
种群间	6	19.494	0.047 68 Va	1.82	0.018 22
种群内	94	241.353	2.569 53 Vb	98.18	
总计	100	261.030	2.617 21		

注:Va 和 Vb 分别表示种群间和种群内的方差组分。

表 4 采样区域间黄鳍金枪鱼种群的  $F_{st}$  分析及基因流  $N_m$   
Tab.4  $F_{st}$  analysis and  $N_m$  values of *Thunnus albacares* populations between sampling regions

	WPO1	WPO2	WPO3	EPO1	EPO2	EPO3	EPO4
WPO1	-	8.156 19	2.325 46	237.845 24	4.448 36	204.668 03	6.461 41
WPO2	0.029 74	-	4.295 46	-5.840 34	-56.811 09	-10.811 89	-17.575 02
WPO3	0.097 07	0.055 00	-	3.847 69	2.333 98	13.403 74	148.559 25
EPO1	0.001 05	-0.044 72	0.061 01	-	-7.121 91	-6.362 47	-7.233 24
EPO2	0.053 21	-0.004 42	0.096 75	-0.036 38	-	10.076 31	-33.988 19
EPO3	0.001 22	-0.023 67	0.018 31	-0.040 90	0.024 21	-	-7.254 76
EPO4	0.037 05	-0.014 43	0.001 68	-0.035 80	-0.007 41	-0.035 69	-

注: $F_{st}$  值位于斜线下方; $N_m$  值位于斜线上方;\* 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。

表 5 黄鳍金枪鱼 7 个采样群体的中性检验结果  
Tab.5 Neutrality indices calculated for each sampling population of *Thunnus albacares* to test for deviations from neutral molecular evolution

	WPO1	WPO2	WPO3	EPO1	EPO2	EPO3	EPO4	Mean
Tajima's $D$	-0.215 45	-0.118 21	0.228 82	-0.322 95	-0.227 05	-0.010 84	-0.466 12	-0.161 68
$P$ (Tajima's $D$ )	0.365 00	0.421 00	0.615 00	0.406 00	0.436 00	0.529 00	0.351 00	0.463 57
$F_u$ 's $F_s$	-20.607 95	-16.253 50	-14.272 20	-8.979 46	-5.218 90	-8.230 74	-6.828 79	-11.484 51
$P$ ( $F_u$ 's $F_s$ )	0.000 00	0.000 00	0.000 00	0.000 00	0.003 00	0.000 00	0.000 00	0.000 43

种群间和种群内的有效变异,能够保持种群的分布范围,防止突发性的种群灭绝。AMOVA 分析显示,98.18% 的变异是发生在群体内部,只有 1.82% 的变异发生在群体间,表明变异的发生主要在群体内部,对于突发性群体灭绝的抵抗能力较弱。两两群体间的  $F_{st}$  分析显示,所有群体的两两群体间的  $F_{st}$  分析都是非显著的, $N_m$  值都相对较大,基本上都是大于 3,表明了黄鳍金枪鱼 7 个群体之间的基因交流比较频繁,可以认为所研究的群体为同一种群(表 4)。另外,基于 101 个样本定义的 80 个单倍型构建的单倍

型网络进化图(图 2),呈现错综复杂的交叉网络结构,基于 101 个个体构建的 NJ 进化树(图 3)并没有显示出明显的遗传谱系分化。由此推断,研究样本中的 101 个样本分属同一个种群,东部太平洋和西部太平洋之间不存在显著的群体分化。海洋作为一个大的水体,鱼类能够相对自由地运动,鱼卵和幼体鱼随海流运动而运输,因此海洋鱼类群体的遗传分化一般相对较低,不易形成显著的遗传分化<sup>[22]</sup>。为此,本研究的中西太平洋和 中东太平洋黄鳍金枪鱼群体间较小的遗传分化可以归因于个体间频繁的基因交流,这也可以由

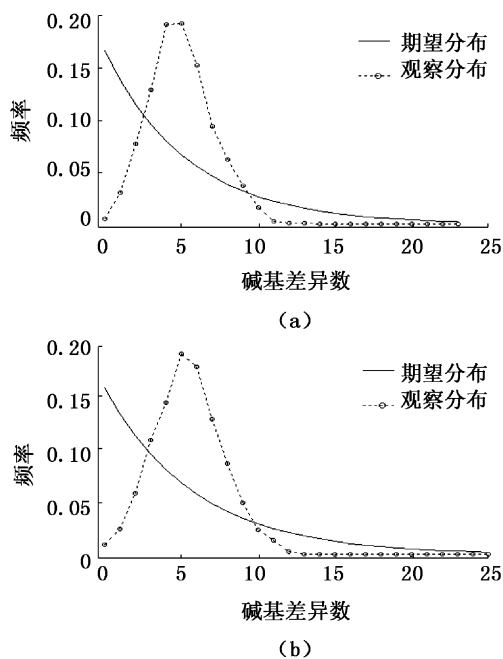


图4 核苷酸不配对分布曲线图

Fig. 4 Mismatch distribution for the sampling populations of *Thunnus albacares*

(a) 表示东部太平洋黄鳍金枪鱼核苷酸不配对曲线; (b) 表示西部太平洋黄鳍金枪鱼核苷酸不配对曲线。

较大的  $N_m$  得到验证(表4)。

赤道  $0^\circ$  线附近有自东向西的冷水舌伸展,  $10^\circ$  线附近有暖水自西向东扩展延伸<sup>[23]</sup>, 冷暖水团交汇形成强烈的辐合区, 容易形成高的浮游生物富集区, 诱使渔场的形成。中部太平洋具备冷暖水团交汇的特点<sup>[24]</sup>, 太平洋中部海域黄鳍金枪鱼在产卵季节进入冷暖水团交汇海域, 并进行繁殖, 使得东部和西部群体间的基因交流较高, 进一步同较大的基因流结果相互验证。

通常, 群体遗传多样性与其适应性、生存和进化潜力密切相关, 遗传变异是有机体适应环境变化的必要条件<sup>[25]</sup>。相关研究认为, 动物群体遗传多样性与个体大小成负相关, 个体越大, 生命周期越长, 繁殖周期就越长, 而遗传变异就越小<sup>[26-27]</sup>。本研究发现黄鳍金枪鱼群体遗传多样性水平偏低, 可能是由于黄鳍金枪鱼属于大体型、长生命周期鱼类, 本身具备小的变异。外界因素上, 巨大的捕捞压力使得补充群体的逐渐减少, 资源量下降, 致使群体遗传多样性下降。

### 3.2 黄鳍金枪鱼种群的扩张

种群的历史性演化通常采用碱基不配对分布曲线、Tajima's  $D$  和  $F_u$ 's  $F_s$  来检测。在本研

究中, Tajima's  $D$  和  $F_u$ 's  $F_s$  都呈现负值, Tajima's  $D$  显著性检验并不显著, 而  $F_u$ 's  $F_s$  显著性检验显著。Tajima's  $D$  反映的是较长时间的种群事件<sup>[28]</sup>,  $F_u$ 's  $F_s$  则是对种群的近期事件相对比较敏感<sup>[29]</sup>。在缺乏背景选择的情况下, 非显著的 Tajima's  $D$  负值和显著的  $F_u$ 's  $F_s$  同样是种群扩张的表现, 所以本研究的中性检测结果表明了研究群体发生过近期的群体扩张, 同朱叶<sup>[30]</sup>的研究结果相似。碱基不配对分布曲线呈明显的单峰则被认为种群经历了历史扩张, 本研究结果显示, 东部群体和西部群体的核苷酸不配对分布曲线都呈现明显的单峰(图3), 表明黄鳍金枪鱼种群经历了历史的扩张。依据碱基突变率<sup>[31]</sup>  $\mu = 1.1 \times 10^{-7}$ ,  $\tau$  取 3.68 ~ 5.98 之间, 依据  $\tau = 2\mu T$ , 得  $T = \tau/2\mu$ , 计算扩张时间大约在 335 ~ 554 万年前。此时期正处于更新世与上新世的边缘, 由更新世的冰期变化向着上新世的稳定气候转化, 表明太平洋黄鳍金枪鱼群体在更新世冰期的影响下, 发生了群体遗传结构的巨大变化; 进入上新世后, 由于气候、温度和地质上的稳定, 使得群体发生迅速的扩张, 同有关学者研究更新世冰期的气候变化对于海洋鱼类的种群遗传结构产生的影响<sup>[32-34]</sup> 结果高度一致。核苷酸不配对分布曲线(图3)和  $F_u$ 's  $F_s$  检测结果(表5)高度一致, 证明了黄鳍金枪鱼群体发生过群体扩张。

### 3.3 黄鳍金枪鱼资源现状和应对策略

渔业资源的下降, 使得渔业管理组织的保护措施进一步得到加强, 黄鳍金枪鱼的捕捞配额得到进一步的控制。近年来, 不同的渔业管理组织对黄鳍金枪鱼资源的养护采取了一序列的措施, 黄鳍金枪鱼渔业管理得到落实, 捕捞配额得到限制, 但是, 有关学者对金枪鱼的研究中, 依旧指出黄鳍金枪鱼处于过度捕捞的状态<sup>[35]</sup>, 整体渔业资源的现状还是不容乐观。

MACKENZIE 等<sup>[36]</sup> 认为, 沿用单一的管理策略管理多种群结构的渔业种群, 将会使地中海地区的黄鳍金枪鱼失去原有的种群结构。由此可见, 种群的遗传结构对渔业管理有着至关重要的作用, 因此必须加大对金枪鱼渔业研究的投入, 通过对黄鳍金枪鱼种群遗传现状的了解和分析, 进一步制定合理有效的措施, 以促进科学管理、保护和可持续利用黄鳍金枪鱼渔业资源。从本研究的结果显示, 太平洋中部海域的黄鳍金枪鱼

群体并没有显著的遗传分化,属同一种群,针对本研究的结果提议,对太平洋中部海域黄鳍金枪鱼的渔业管理可以采用统一的、有效的措施进行合理的管理。

#### 参考文献:

- [1] 罗殷,王锡昌,刘源. 黄鳍金枪鱼食用品质的研究 [J]. 食品科学, 2008, 29(9): 476-480.
- [2] 廖圣赐. WPMFC 向 WCPFC 提出保护中西太平洋大眼、黄鳍金枪鱼资源的要求 [J]. 现代渔业信息, 2006, 21(3): 33-34.
- [3] 黄斌. 世界主要金枪鱼类资源状况与管理 [J]. 现代渔业信息, 2008, 23(1): 22-25.
- [4] EXCOFFIER L, SMOUSE P E, QUATTRO J M. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. [J]. Genetics, 1992, 131(2): 479-491.
- [5] ITANO D G, WILLIAMS P G. Analysis of yellowfin tuna tagging data and related information collected by the Skipjack Survey and Assessment Programme [M]. Nouméa, New Caledonia, South Pacific Commission, 1992: 1-39.
- [6] HAMPTON J, GUNN J. Exploitation and movement of yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) and bigeye tuna (*T. obesus*) tagged in the north-western Coral Sea [J]. Marine and Freshwater Research, 1998, 49(6): 475-489.
- [7] GUNN J S, WARD R D. The discrimination of yellowfin tuna sub-populations within the AFZ. Phase 1: a pilot study to determine the extent of genetic and otolith mitochondrial variability in populations from different parts of the Pacific and Indian Oceans [M]. Final report to Fisheries Research and Development Corporation (FRDC 91/27), CSIRO Division of Fisheries, Hobart, Australia, 1994, 22: 1-19.
- [8] SCHAEFER K M. An evaluation of geographic and annual variation in morphometric characters and gill-raker counts of yellowfin tuna, *Thunnus albacares*, from the Pacific Ocean. [J]. Inter-American Tropical Tuna Commission Bulletin, 1992, 20(3): 133-163.
- [9] WARD R D, ELLIOT N G, INNES B H, et al. Global population structure of yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) inferred from allozyme and mitochondrial DNA variation [J]. Fishery Bulletin, 1997, 95(3): 566-575.
- [10] APPELYARD S, GREW P, INNES B, et al. Population structure of yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) in the western Pacific Ocean, inferred from microsatellite loci [J]. Marine Biology, 2001, 139(2): 383-393.
- [11] SUDATH T D, DAVID A H, PETER B M. Evidence for fine geographical scale heterogeneity in gene frequencies in yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) from the north Indian Ocean around Sri Lanka [J]. Fisheries Research, 2008, 90(1): 147-157.
- [12] ELY B, VINAS J, ALVARADO-BREMER J R, et al. Consequences of the historical demography on the global population structure of two highly migratory cosmopolitan marine fishes: the yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) and the skipjack tuna (*Katsuwonus pelamis*) [J]. BMC Evolutionary Biology, 2005, 5(19): 1471.
- [13] WU G C C, CHIANG H C, CHOU Y W, et al. Phylogeography of yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) in the Western Pacific and the Western Indian Oceans inferred from mitochondrial DNA [J]. Fisheries Research, 2010, 105(3): 248-253.
- [14] 刘云国, 刘贤德, 高焕, 等. 水产生物 DNA 分子标记技术 [M]. 北京: 科学出版社, 2009: 59-62.
- [15] GILLES A, LECOINTRE G, MIQUELIS A, et al. Partial combination applied to phylogeny of European cyprinids using the mitochondrial control region [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2001, 19(1): 22-33.
- [16] THOMPSON J D, GIBSON T J, PLEWNIAC 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.
- [17] ROZAS J, SANCHE-DELBARRIO J C, MESSENGUER X, et al. DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods [J]. Bioinformatics, 2003, 19(18): 2496-2497.
- [18] EXCOFFIER L, LAVAL G, SCHNEIDER S, et al. Arlequin Ver. 3. 01: An integrated software package for population genetics data analysis [J]. Evolutionary Bioinformatics Online, 2007, 1: 47-50.
- [19] RICE W R. Analyzing tables of statistical tests [J]. Evolution, 1989, 43(1): 223-225.
- [20] ZHOU H, LI D Q, ZHANG Y G, et al. Study on mitochondrial DNA genetic diversity of Tibetan antelope [J]. Yi Chuan, 2006, 28(3): 299-305.
- [21] GRANT W A S, BOWEN B W. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation [J]. Journal of Heredity, 1998, 89(5): 415-426.
- [22] LIU J X, GAO T X, ZHUANG Z M, et al. Late Pleistocene divergence and subsequent population expansion of two closely related fish species, Japanese anchovy (*Engraulis japonicus*) and Australian anchovy (*Engraulis australis*) [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2006, 40(3): 712-723.
- [23] 崔雪森, 樊伟, 张晶. 太平洋黄鳍金枪鱼延绳钓渔获分布及渔场水温浅析 [J]. 海洋通报, 2005, 24(5): 54-59.
- [24] 周魁芳, 沈建华, 樊伟. ENSO 现象对中西太平洋鲣鱼围网渔场的影响分析 [J]. 海洋渔业, 2004, 26(3): 167-172.
- [25] 孙鹏, 彭士明, 尹飞, 等. 利用 CO I 和 Cytb 序列探讨东海区 3 种鲷属鱼类的种群遗传结构 [J]. 海洋渔业, 2011, 33(4): 398-404.
- [26] FRANKHAM R. Relationship of genetic variation to population

- size in wildlife [J]. *Conservation Biology*, 1996, 10(6): 1500–1508.
- [27] MARTIN A P. Mitochondrial DNA sequence evolution in sharks: rates, patterns, and phylogenetic inferences [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 1995, 12(6): 1114–1123.
- [28] SU B, FU Y, WANG Y, et al. Genetic diversity and population history of the red panda (*Ailurus fulgens*) as inferred from mitochondrial DNA sequence variations [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2001, 18(6): 1070–1076.
- [29] PEARSE D E, CRANDALL K A. Beyond FST: analysis of population genetic data for conservation [J]. *Conservation Genetics*, 2004, 5(5): 585–602.
- [30] 朱叶. 基于线粒体细胞色素 b 的三江水系草鱼群体遗传多样性分析[D]. 广州: 暨南大学, 2012.
- [31] MARTÍNEZ P, GONZÁLEZ E G, CASTILHO R, et al. Genetic diversity and historical demography of Atlantic bigeye tuna (*Thunnus obesus*) [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2006, 39(2): 404–416.
- [32] LIU J X, GAO T X, YOKOGAWA K, et al. Differential population structuring and demographic history of two closely related fish species, Japanese sea bass (*Lateolabrax japonicus*) and spotted sea bass (*Lateolabrax maculatus*) in Northwestern Pacific [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2006, 39(3): 799–811.
- [33] LIU J X, GAO T X, ZHUANG Z M, et al. Late Pleistocene divergence and subsequent population expansion of two closely related fish species, Japanese anchovy (*Engraulis japonicus*) and Australian anchovy (*Engraulis australis*) [J]. *Molecular Phylogenetic and Evolution*, 2006, 40(3): 712–723.
- [34] LAMBECK K, ESAT T M, POTTER E K. Links between climate and sea levels for the past three million years [J]. *Nature*, 2002, 419(6903): 199–206.
- [35] COLLETTE B B, CARPENTER K E, POLODORO B A, et al. High value and long life-double jeopardy for tunas and billfishes [J]. *Science*, 2011, 333(6040): 291–292.
- [36] MACKENZIE B R, MOSEGAARD H, ROSENBERG A A. Impending collapse of bluefin tuna in the northeast Atlantic and Mediterranean [J]. *Conservation Letters*, 2009, 2(1): 26–35.

## Genetic population analysis of *Thunnus albacares* from central Pacific Ocean based on mitochondrial DNA control region

LI Wei-wen<sup>1</sup>, XU Qiang-hua<sup>1,2,3,4</sup>, CHEN Xin-jun<sup>1,2,3,4</sup>, DAI Xiao-jie<sup>1,2,3,4</sup>, ZHU Jiang-feng<sup>1,2,3,4</sup>

(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. Scientific Observing and Experimental Station of Oceanic Fisheries Resources and Environment, Ministry of Agriculture, Shanghai 201306, China; 4. National Distant-water Fisheries Engineering Research Center, Shanghai 201306, China)

**Abstract:** The samples derived from the Chinese vessels were collected from 7 locations of central Pacific Ocean waters (16° S – 8° N; 160° W – 155° E) from September 2011 to January 2012. By using 585 bp fragments of mtDNA control region, we analyzed the sequence variations and genetic structures of 101 samples collected from 7 locations. In total, 23 variable sites were acquired, and 80 haplotypes were identified. Analysis of mtDNA D-Loop gene sequences from 7 localities revealed that the mean haplotypic diversity and nucleotide diversity was  $0.994 \pm 0.002$  and  $0.00892 \pm 0.00038$ , respectively. The AMOVA tests revealed that 98.18% of the genetic variation occurred within populations.  $F_{st}$  analysis suggested that no significant genetic differentiations were found within the 7 localities. Neutrality test and the mismatch distribution indicated a recent population expansion that occurred about 3 350 000 – 5 440 000 years ago, suggesting a frequency genetic exchange and a poor genetic structure. A single population and a low genetic diversity call for a responsible and effective management to ensure the sustainable development of yellowfin tuna.

**Key words:** yellowfin tuna (*Thunnus albacares*); the central Pacific Ocean; mtDNA control region; genetic population structure