

基于线粒体 D-loop 区与 COI 基因序列比较分析 养殖与野生银鲳群体遗传多样性

彭士明, 施兆鸿*, 侯俊利

(中国水产科学研究院东海水产研究所, 上海 200090)

摘要:运用线粒体 D-loop 区与 COI 基因片段序列比较分析了养殖与野生银鲳群体的遗传多样性。研究结果显示,线粒体 D-loop 区片段中,A、T、C 与 G 4 种核苷酸的平均含量分别为 40.00%、30.55%、16.75% 和 12.70%,A+T 的含量为 70.55%,明显高于 G+C 的含量。COI 基因片段中,A、T、C 和 G 的平均含量分别为 25.85%、33.90%、21.30% 和 18.85%,A+T 的含量(59.75%)同样高于 G+C 的含量。基于 D-loop 序列分析所得出的两群体总的变异位点、单倍型数、单倍型多样性、核苷酸多样性及平均核苷酸差异数分别为 19、15、0.895、0.007 和 2.505。基于 COI 基因所得出的两群体总的变异位点、单倍型数、单倍型多样性、核苷酸多样性及平均核苷酸差异数分别为 33、17、0.713、0.004 和 2.239。基于线粒体 D-loop 区与 COI 基因片段序列的研究结果均显示,养殖银鲳群体的遗传多样性低于野生群体的遗传多样性。养殖群体基于线粒体 D-loop 区与 COI 基因片段分析得出的单倍型多样性分别为 0.562 与 0.571,野生群体基于线粒体 D-loop 区与 COI 基因片段分析得出的单倍型多样性分别为 0.891 与 0.801。基于 D-loop 序列的分子方差(AMOVA)分析结果显示,养殖与野生银鲳群体间具有较高的遗传分化,而基于 COI 基因片段 AMOVA 分析结果显示,两群体间并无明显的遗传分化。研究表明,线粒体 D-loop 区与 COI 基因均可作为检测银鲳群体遗传多样性的有效标记,但线粒体 D-loop 区作为反映银鲳群体间遗传多样的敏感度要高于 COI 基因。

关键词:银鲳;线粒体 DNA;养殖;野生;遗传多样性

中图分类号:Q 346; S 917

文献标识码:A

银鲳 (*Pampus argenteus*) 隶属鲳科 (Stromateidae), 鲳属 (*Pampus*), 具有较高的食用价值与市场前景, 是目前一种非常具有潜力的可进行全人工养殖的品种。有关银鲳在繁育生物学方面的研究国内外已有较多的报道, 并取得了一系列的研究成果^[1-4]。目前, 关于人工养殖银鲳方面的研究仅仅在其营养成分^[5-6]、室内越冬^[7]、摄食行为^[8] 以及饲料类型^[9] 这几个方面有一些零星报道, 而在人工养殖银鲳遗传结构方面国内外至今尚未见有相关的研究报道。

由于线粒体基因组 (mtDNA) 具有结构简单、母系遗传、进化速率快、几乎不发生重组等特点, 已成为目前研究种内群体遗传结构、近缘种间亲

缘关系的有效工具之一^[10-13]。因此, 本研究利用线粒体 D-loop 区及 COI 基因, 对人工养殖与野生银鲳群体间的遗传多样性进行了比较分析, 以期为我国人工养殖银鲳的遗传育种提供基础资料。

1 材料与方法

1.1 材料

野生银鲳样品 (24 尾) 采自舟山群岛附近海域, 叉长在 13.5 ~ 15.1 cm, 体重在 101.2 ~ 116.7 g, 其中 24 个样本用于 D-loop 区分析, 22 个样本用于 COI 基因分析。人工养殖样品 (15 尾) 来自本课题组通过捕捞野生亲本采用人工受精所培育

出的银鲳,叉长在 11.2 ~ 13.8 cm,体重在 72.5 ~ 86.2 g,15 个样本均分别用于 D-loop 区与 *COI* 基因分析。分别取背部肌肉组织,置于 95% 乙醇中保存,存放于 -20 °C 中保存待用。

1.2 DNA 的提取、扩增及测序

每个个体分别取 0.1 g 肌肉用于提取 DNA。DNA 的提取采用常规的酚-氯仿方法^[14],DNA 经沉淀、洗涤并干燥后,溶于 50 μ L TE 缓冲液中,于 -20 °C 中保存备用。

D-loop 扩增所用引物为, L15926: 5'-TCAA AGCITACACCAGTCTTGTAACC-3', H16498: 5'-CCTGAAGTAGGAACCAGATG-3'^[15]。每个 PCR 反应总体积为 50 μ L,其中 29.6 μ L 超纯水,5 μ L 10 \times PCR 缓冲液,2 μ L 10 mmol/L dNTPs,5 μ L 25 mmol/L MgCl₂,4 μ L 10 mmol/L 引物(各 2 μ L)、0.4 μ L *Taq* DNA 聚合酶,4 μ L 模板 DNA (100 ng)。在 GeneAmp PCR 仪(9700)上进行 PCR 反应,反应程序为:94 °C 预变性 2 min,然后进行 35 个循环(94 °C 45 s, 52 °C 1 min, 72 °C 1 min),72 °C 延伸 7 min,10 °C 保温。PCR 产物用 1% 琼脂糖凝胶电泳分离,EB 染色,凝胶成像系统观察并拍照。

COI 基因扩增所用引物为, *COIa*: 5'-AGTATAAGCGTCTGGGTAGTC-3', *COIb*: 5'-CCTGCAGGAGGAGGAGAYCC-3' 每个 PCR 反应总体积为 50 μ L,其中 29.6 μ L 超纯水,5 μ L 10 \times PCR 缓冲液,2 μ L 10 mmol/L dNTPs,5 μ L 25 mmol/L MgCl₂,4 μ L 10 mmol/L 引物(各 2 μ L)、0.4 μ L *Taq* DNA 聚合酶,4 μ L 模板 DNA (100 ng)。在 GeneAmp PCR 仪(9700)上进行 PCR 反应,反应程序为:94 °C 预变性 5 min,然后进行 35 个循环(94 °C 30 s, 55 °C 45 s, 72 °C 1 min),72 °C 延伸 10 min,10 °C 保温。PCR 产物用 1.5% 琼脂糖凝胶电泳分离,EB 染色,凝胶成像系统观察。

PCR 产物经纯化后,在全自动基因测序分析仪 CEQ8000 (Beckman Coulter, US) 上进行测序,测序所用引物为扩增引物。

1.3 序列分析

利用 Clustal X^[16] 程序对 DNA 序列进行多重对位排列并辅以手工校正。用 MEGA 4.0 软件^[17] 分析不同序列间的碱基组成、变异位点、简约信息位点等,并计算个体间的遗传距离。用

DNASP4.0^[18] 计算单倍型多态性(*Hd*)和核苷酸多样性(π)等遗传多样性指数。利用 Arlequin 3.0 软件^[19] 对群体内与群体间方差进行分子方差分析 (analysis of molecular variance, AMOVA)。

2 结果

2.1 基于 mtDNA D-loop 区的分析结果

对养殖与野生银鲳群体的 mtDNA D-loop 区序列比对排序后,得到 357 bp 的同源序列,序列组成如表 1 所示。在研究的所有 D-loop 序列中,A、T、C、G 碱基的平均含量分别为 40.00%、30.55%、16.75% 和 12.70%。A + T 的含量为 70.55%,明显高于 G + C 的含量(29.45%)。

养殖银鲳群体所有序列中共发现 8 个变异位点,其中简约信息位点为 2 个;野生银鲳群体中共发现 14 个变异位点,其中简约信息位点为 7 个。表 2 示养殖与野生银鲳群体基于 D-loop 序列所分析得出的遗传多样性参数,由表 2 可以看出,养殖银鲳群体的单倍型数(*h*)、单倍型多样性(*Hd*)、核苷酸多样性(π)及平均核苷酸差异数(*k*)分别为 5、0.562、0.004 和 1.467,均分别低于野生群体的单倍型数(11)、单倍型多样性(0.891)、核苷酸多样性(0.007)及平均核苷酸差异数(2.565)。

基于 mtDNA D-loop 区序列的分析结果显示,养殖群体内单倍型间的遗传距离在 0.006 ~ 0.017 之间,野生群体内单倍型间的遗传距离在 0.003 ~ 0.017,而养殖与野生群体间单倍型间的遗传距离跨度相对较大,为 0.000 ~ 0.020,其遗传距离的最大值均高于养殖与野生群体内单倍型间遗传距离的最大值。

养殖与野生银鲳群体 mtDNA D-loop 序列的分子方差(AMOVA)分析结果如表 3 所示。由表 3 可以看出,群体间遗传分化指数 F_{ST} 为 0.253 8 ($P < 0.05$),表明在整个遗传变异中群体间变异占 25.38%,其余的遗传变异(74.62%)来自群体内,群体间具有较高的遗传分化。

2.2 基于 mtDNA *COI* 基因的分析结果

对银鲳 mtDNA *COI* 基因进行序列测定并通过比对排序后,得到 604 bp 的片段用于分析,序列组成见表 1。养殖与野生群体所有 *COI* 基因序列中,碱基 A、T、C、G 的平均含量分别为

25.85%、33.90%、21.30%与18.85%,A+T的含量(59.75%)高于G+C的含量。

基于COI基因所得出的银鲳群体遗传多样性参数见表4。由表4可知,养殖群体所有序列中共发现变异位点11个,其中简约信息位点为1个;野生群体所有序列中变异位点共有26个,其中简约信息位点有2个。养殖群体单倍型数、单倍型多样性、核苷酸多样性及平均核苷酸差异数分别为6、0.571、0.003和1.581,均分别低于野生群体的单倍型数、单倍型多样性、核苷酸多样性及平均核苷酸差异数,其依次为12、0.801、0.004和2.688。

基于COI基因序列所分析的结果显示,养殖群体内单倍型间遗传距离的跨度较小,在0.002~0.012,野生群体内单倍型间遗传距离的跨度则较大,在0.002~0.020;群体间遗传距离的范围为0.000~0.020,其小于野生群体内单倍型间的遗传距离。

基于COI基因对养殖与野生银鲳群体的分子方差(AMOVA)分析结果见表5。由表5可以看出,遗传分化指数 F_{ST} 为-0.0060($P > 0.05$),群体内变异占了整个遗传变异的100.60%,表明基于COI基因的分析,整个遗传变异几乎全部来源于群体内,群体间没有明显的遗传分化。

表1 银鲳线粒体 D-loop 与 COI 基因片段的序列组成

Tab.1 Nucleotide composition of the fragments of mitochondrial D-loop and COI gene in silver pomfret %

群体 population	A		T		C		G	
	D-loop	COI	D-loop	COI	D-loop	COI	D-loop	COI
养殖 cultured	39.90	25.80	30.50	33.90	16.80	21.30	12.80	18.90
野生 wild	40.10	25.90	30.60	33.90	16.70	21.30	12.60	18.80
平均 mean	40.00	25.85	30.55	33.90	16.75	21.30	12.70	18.85

表2 基于 D-loop 序列所得出的养殖与野生银鲳群体的遗传多样性参数

Tab.2 Parameters of genetic diversity in cultured and wild silver pomfret populations based on D-loop sequence

群体 population	样本数 <i>n</i>	变异位点 variable sites	单倍型 <i>h</i>	单倍型多样性 <i>Hd</i>	核苷酸多样性 π	平均核苷酸差异数 <i>k</i>
养殖 cultured	15	8	5	0.562	0.004	1.467
野生 wild	24	14	11	0.891	0.007	2.565
总计 total	39	19	15	0.895	0.007	2.505

表3 基于 D-loop 序列对养殖与野生银鲳群体的 AMOVA 分析

Tab.3 AMOVA analysis of cultured and wild silver pomfret populations based on D-loop sequence

变异来源 source of variation	自由度 <i>df</i>	方差总和 sum of squares	变异组分 variance components	变异贡献率(%) percentage of variation
群体间 among populations	1	7.823	0.365 53 V_a	25.38
群体内 within populations	37	39.767	1.074 77 V_b	74.62
总计 total	38	47.590	1.440 31	

Notes: $F_{ST} = 0.2538$; $P < 0.05$

表4 基于 COI 序列所得出的养殖与野生银鲳群体的遗传多样性参数

Tab.4 Parameters of genetic diversity in cultured and wild silver pomfret populations based on COI sequence

群体 population	样本数 <i>n</i>	变异位点 variable sites	单倍型 <i>h</i>	单倍型多样性 <i>Hd</i>	核苷酸多样性 π	平均核苷酸差异数 <i>k</i>
养殖 cultured	15	11	6	0.571	0.003	1.581
野生 wild	22	26	12	0.801	0.004	2.688
总计 total	37	33	17	0.713	0.004	2.239

表 5 基于 COI 序列对养殖与野生银鲳群体的 AMOVA 分析

Tab.5 AMOVA analysis of cultured and wild silver pomfret populations based on COI sequence

变异来源 source of variation	自由度 df	方差总和 sum of squares	变异组分 variance components	变异贡献率(%) percentage of variation
群体间 among populations	1	1.003	-0.006 69 V_a	-0.60
群体内 within populations	35	39.294	1.122 68 V_b	100.60
总计 total	36	40.297	1.115 99	

Notes: $F_{ST} = -0.006 0$; $P > 0.05$

3 讨论

DNA 序列分析相对于其它分子标记如同工酶、RAPD 等,在用于群体遗传多样性分析时,其结果更直接、准确和可靠^[20]。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被检出,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。目前,诸如线粒体 COI^[10]、CO II^[11]、Cyt b^[12] 等基因以及 D-loop 区^[13] 等基因已被广泛用于研究分析水生动物群体遗传多样性及其遗传结构。本研究运用 D-loop 区与 COI 基因片段,比较分析了养殖与野生银鲳群体的遗传多样性。

3.1 银鲳 D-loop 区与 COI 基因片段核苷酸的组成

A、T、C 和 G 4 种核苷酸在线粒体基因组中的分布呈不均一性,是动物线粒体基因组的一个共性^[21]。本研究所得的银鲳 D-loop 区中,A + T 的含量为 70.55%,明显高于 G + C 的含量,这与其它脊椎动物线粒体 D-loop 区核苷酸组成的特点相似^[22-23]。在银鲳 COI 基因中,A + T 的含量为 59.75%,同样高于 G + C 的含量,张凤英等^[24] 用与本研究相同的引物扩增黄鳍鲷 (*Sparus latus*) 与黑鲷 (*Sparus macrocephalus*) 线粒体 COI 基因片段,所得 A + T 的含量为 58.4%,与本实验结果 (59.75%) 非常接近,此表明,银鲳与两种鲷属鱼类线粒体 COI 基因片段核苷酸的组成特点非常相似。

3.2 根据 D-loop 区与 COI 基因序列检测银鲳群体遗传多样性的结果比较

线粒体基因组自身的进化特点使其成为研究进化生物学和群体遗传学的重要分子标记之一。目前,研究最多的是 D-loop 区、COI 基因、Cyt b、12S rRNA 和 16S rRNA。已有的研究表明,线粒体不同基因的进化速率存在差异^[25]。D-loop 区由于不编码蛋白,受到的选择压力最小,所以其

进化速度最快。COI 基因是线粒体 13 种编码基因之一,与线粒体 D-loop 区相比,其进化速度相对较慢。本研究结果显示,养殖与野生银鲳群体所有 D-loop 区序列 (357 bp) 共检测到 19 个变异位点,对于 COI 基因片段 (604 bp),两群体共检测到变异位点为 33 个。此表明,线粒体 D-loop 与 COI 基因均可作为检测银鲳群体遗传多样性的有效标记。已有资料表明,群体中线粒体 DNA 的核苷酸多样性 (π) 是衡量群体多态程度和群体遗传分化的重要指标之一, π 值越大表示群体多态程度越高^[26]。由本研究结果可以看出,基于 D-loop 区所检测出的养殖与野生群体总的单倍型多样性、核苷酸多样性 (π) 及平均核苷酸差异数均比以 COI 基因所检测出的要高。这说明线粒体 D-loop 区作为反映银鲳群体间遗传多样的敏感度要高于 COI 基因,同时也印证了 D-loop 区进化速率高于 COI 基因的事实。然而,对于无脊椎动物而言,情况则并不完全相同,Vandewoestijne 等^[27] 在对荨麻蛱蝶 (*Aglais urticae*) 的研究中发现,尽管线粒体 D-loop 区具有较高的遗传变异速率,但其反映的荨麻蛱蝶的遗传变异要低于以 COI 基因所检测出的遗传变异。

分子方差 (AMOVA) 分析的结果显示,基于线粒体 D-loop 区序列,养殖银鲳群体与野生群体间表现出明显的遗传分化现象,而以 COI 基因所分析得出的结果则显示,养殖群体与野生群体间并未有遗传分化现象,这进一步证明了线粒体 D-loop 区作为反映银鲳群体间遗传多样的敏感度要高于 COI 基因。

3.3 银鲳群体的遗传多样性分析

本研究结果显示,基于线粒体 D-loop 区与 COI 基因片段,野生银鲳群体均具有较高的单倍型多样性 (> 0.8),但核苷酸多样性较低 (< 0.007)。已有的研究通过对海水鱼类线粒体 DNA 序列的遗传变异分析,将海水鱼类根据不同单倍型多样性与核苷酸多样性间的组合分成了 4

种类型:第一种类型是较低的单倍型多样性(< 0.5)与较低的核苷酸多样性(< 0.005),第二种类型是高的单倍型多样性与低的核苷酸多样性,第三种类型是低的单倍型多样性与高的核苷酸多样性,第四种类型是高的单倍型多样性与高的核苷酸多样性^[28]。本研究野生银鲳群体的结果属于第二种类型。已有的资料表明,庞大的种群数量、环境的不均一性以及适于种群快速增长的生活习性是维持自然种群内较高单倍型多样性的基础^[29]。由此推测银鲳此种类型的产生机理可能在于:其种群数量相对较大,但群体内各单倍型之间序列差异较小。

本研究结果还显示,利用 D-loop 区与 COI 基因片段所得出的养殖银鲳群体的单倍型多样性、核苷酸多样性及平均核苷酸差异数均明显低于野生群体的单倍型多样性、核苷酸多样性及平均核苷酸差异数。这说明养殖银鲳群体的遗传多样性明显低于野生群体,其原因可能在于:一是本研究所用养殖银鲳是通过捕捞野生亲本利用人工授精的方法获得的,其亲本数量的有限性可能是导致其群体遗传多样性较低的原因之一;二是可能由于养殖环境的单一性所致。

参考文献:

- [1] 施兆鸿,高露姣,谢营梁,等. 渔场银鲳和灰鲳繁殖特性的比较[J]. 水产学报,2006, 30(5): 647-652.
- [2] 施兆鸿,马凌波,高露姣,等. 人工育苗条件下银鲳仔稚幼鱼摄食与生长特性[J]. 海洋水产研究, 2007, 28(4): 33-46.
- [3] Almatar S M, Lone K P, Abu-Rezq T S, et al. Spawning frequency, fecundity, egg weight and spawning type of silver pomfret, *Pampus argenteus* (Euphrasen) (Stromateidae), in Kuwait waters [J]. J Appl Ichthyol, 2004, 20: 176-188.
- [4] James C M, Almatar S M. Potential of silver pomfret (*Pampus argenteus*) as a new candidate species for aquaculture [J]. Marine Finfish Aquaculture Network (Aquaculture Asia Magazine), 2008, (4-6):49-50.
- [5] 彭士明,黄旭雄,赵峰,等. 野生与养殖银鲳幼鱼氨基酸含量的比较[J]. 海洋渔业,2008, 30(1): 26-30.
- [6] 施兆鸿,黄旭雄,李伟微,等. 养殖银鲳幼鱼体脂含量及脂肪酸组成的变化[J]. 上海水产大学学报,2008, 17(4): 435-439.
- [7] Cruz E M, Almatar S, Elah K A, et al. Indoor overwintering of silver pomfret (*Pampus argenteus* Euphrasen) fingerlings in fiberglass tanks [J]. Asian Fisheries Science, 2003, 16(1-2):33-40.
- [8] Cruz E M, Almatar S, Elah K A, et al. Preliminary studies on the performance and feeding behavior of silver pomfret (*Pampus argenteus* Euphrasen) fingerlings fed with commercial feed and reared in fiberglass tanks [J]. Asian Fisheries Science, 2000, 13: 191-199.
- [9] Almatar S M, James C M. Performance of different types of commercial feeds on the growth of juvenile silver pomfret, *Pampus argenteus*, under tank culture conditions [J]. Journal of the World Aquaculture Society, 2007, 38(4): 550-556.
- [10] 冯建彬,孙悦娜,程熙,等. 我国五大淡水湖日本沼虾线粒体 COI 基因部分片段序列比较[J]. 水产学报,2008,32(4): 517-525.
- [11] 王成辉,李思发,刘至治,等. 3种中华绒螯蟹群体线粒体 COII 基因序列测定与进化分析[J]. 水产学报,2008, 32(1): 8-12.
- [12] 程起群,马春艳,庄平,等. 基于线粒体 *cyt b* 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.
- [13] 刘红艳,江世贵,苏天凤,等. 3个水域黄鳍鲷线粒体 DNA D-loop 基因序列多态性研究[J]. 水产学报, 2004, 28(4): 371-374.
- [14] Sambrook J, Fritsch E P, Maniatis T. Molecular cloning: a laboratory manual [M]. Cold Spring Harbor: Cold Spring Harbor Laboratories Press, 1989.
- [15] Kocher T D, Thomas W K, Meyer A, et al. Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with conserved primers [J]. Proc Natl Acad Sci, 1989, 86: 6196-6200.
- [16] Thompson J D, Gibson T J, Plewniak F, et al. The clustal-windows interface: Flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools [J]. Nucleic Acids Research, 1997, 25: 4876-4882.
- [17] 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: 1596-1599.
- [18] Rozas J, Sanchez-Delbarrio C J, Messeguer X, et al. DnaSP, DNA polymorphism analyses by

- coalescent and other methods [J]. *Bioinformatics*, 2003, 19: 2496-2497.
- [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] Buonnacorsi V P, McDowell J R, Graves J E. Reconciling patterns of interocean molecular variance from four classes of molecular markers in blue marlin (*Makaira nigricans*) [J]. *Mol Ecol*, 2001, 10: 1179-1196.
- [21] Brown W M. The Mitochondrial Genome of Animals [M]//MacIntyre R J, ed. *Molecular evolutionary genetics*. New York: Plenum Press, 1985: 95-130.
- [22] 邵爱华, 朱江, 史全良, 等. 暗纹东方鲀线粒体 DNA 控制区结构和系统发育分析[J]. *中国水产科学*, 2007, 14(3): 352-360.
- [23] Brown G G, Gadaleta G, Pepe G, *et al.* Structural conservation and variation in the D-loop containing region of vertebrate mitochondrial DNA [J]. *J Mol Biol*, 1986, 192: 503-511.
- [24] 张凤英, 马凌波, 施兆鸿, 等. 两种鲷属鱼类线粒体 COI 基因片段序列的比较[J]. *上海水产大学学报*, 2006, 15(4): 403-408.
- [25] Meyer A. Evolution of mitochondria DNA in fishes [M]//Ho-chachka P W, Mommsen T P, eds. *Biochemistry and Molecular Biology of Fishes*, New York: Elsevier, 1993: 1-38.
- [26] 刘若余, 夏先林, 雷初朝, 等. 贵州黄牛 mtDNA D-loop 遗传多样性研究[J]. *遗传*, 2006, 28(3): 279-284.
- [27] Vandewoestijne S, Baguette M, Brakefield P M. *et al.* Phylogeography of *Aglais urticae* (Lepidoptera) based on DNA sequences of the mitochondrial COI gene and control region [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2004, 31: 630-646.
- [28] Grant W S, Bowen B W. Population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation [J]. *J Heredity*, 1998, 89: 415-426.
- [29] Nei M. *Molecular evolutionary genetics* [M]. New York: Columbia University Press, 1987.

Comparative analysis on the genetic diversity of cultured and wild silver pomfret populations based on mtD-loop and COI gene

PENG Shi-ming, SHI Zhao-hong*, HOU Jun-li

(East China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Shanghai 200090, China)

Abstract: The genetic diversity of cultured and wild silver pomfret (*Pampus argenteus*) populations was analyzed based on mtD-loop and COI gene. The results showed that the average A, T, C and G contents in D-loop were 40.00%, 30.55%, 16.75% and 12.70%, respectively, and the contents of A + T were 70.55%, higher than those of G + C. In the COI gene, the average A, T, C and G contents in D-loop gene were 25.85%, 33.90%, 21.30% and 18.85%, respectively, and the contents of A + T were 59.75%, also higher than those of G + C. The total variable sites, number of haplotypes (h), haplotype diversity (Hd), nucleotide diversity (π) and mean pairwise nucleotide differences (k) of two populations based on D-loop were 19, 15, 0.895, 0.007 and 2.505, respectively. The same parameters based on COI gene were 33, 17, 0.713, 0.004 and 2.239, respectively. Based on mtD-loop and COI gene, the genetic diversity of cultured population was lower than that of wild population. The Hd of cultured population based on mtD-loop and COI gene were 0.562 and 0.571, respectively. And the Hd of wild population were 0.891 and 0.801, respectively. The AMOVA analysis based on D-loop showed that the significant genetic divergence existed in cultured and wild populations, while there was no significant genetic divergence when it was analyzed based on COI gene. In conclusion, both D-loop and COI gene were effective molecular markers for analyzing the genetic diversity of silver pomfret population, while the sensitivity of D-loop in detecting the genetic diversity among populations was higher than that of COI gene.

Key words: silver pomfret; mtDNA; culture; wild; genetic diversity

Corresponding author: SHI Zhao-hong. E-mail: shizhh@sh163.net