

文章编号: 1674-5566(2017)03-0358-08

DOI:10.12024/jsou.20160501770

中国小黄黝鱼种群遗传结构和分化研究

郑 新, 李晨虹

(上海海洋大学 水产与生命学院, 上海 201306)

摘 要: 小黄黝鱼(*Micropercops swinhonis*)是广布于中国长江及北方各水系的一种小型淡水虾虎鱼类。本研究采集了来自松花江(哈尔滨)、辽河(沈阳)、海河(北京)、黄河下游(濮阳)、高邮湖、长江水系(邵阳资水、洪湖、荆州、靖江市、巢湖、太湖、郎溪、洞庭湖)和云南腾冲的 88 个样品。通过分析线粒体细胞色素 *b* (*Cyt b*) 和控制区 *D-loop* 基因序列的变异研究小黄黝鱼不同地理种群的相互关系,并探讨其遗传结构和物种分化。*Cyt b* 和 *D-loop* 的序列串联共得到 63 个单倍型,133 个变异位点。AMOVA、SAMOVA、网络图以及贝叶斯建树分析结果都支持将其分为邵阳资水种群(A 种群)、太湖种群(B 种群)、其他地区种群(C 种群)3 个差异较大的分支,其中 C 种群又大致可以分 3 个子种群。错配分布分析表明靖江($Fu's FS: -4.119, P=0.009$)和洪湖($Fu's FS: -2.814, P=0.016$)两地的种群历史上发生过种群扩张。

关键词: 小黄黝鱼; 线粒体细胞色素; *D-loop*; 种群结构; 单倍型网络图

中图分类号: S 917 **文献标志码:** A

小黄黝鱼(*Micropercops swinhonis*)隶属于鲈形目(Perciformes)虾虎鱼亚目(Gobioidei)沙塘鳢科(Eleotridae)小黄黝鱼属(*Micropercops*),是一种小型底栖淡水鱼类,为中国特有种,分布于长江水系及其以北各大河流中,直至黑龙江。动物志^[1]记载小黄黝鱼广泛分布于中国各大水系,但经过野外采样调查和询问当地鱼类爱好者发现闽江、珠江水系均未发现小黄黝鱼,只发现萨氏华黝鱼(*Sineleotris saccharae*),这两种鱼形态和遗传都有很大差别,动物志可能根据以前资料^[2],把侧扁黄黝鱼(*Hypseleotris compressocephalus*)误当作小黄黝鱼,侧扁黄黝鱼是萨氏华黝鱼的同物异名^[1]。目前还没有关于小黄黝鱼种群遗传的分子方面研究,其种群结构以及遗传多样性情况不明,比如小黄黝鱼分为几个地理种群、有效种群的大小及种群遗传多样性情况等有待研究。另外根据伍汉霖教授口述,他与易伯鲁教授曾经探讨中国西南地区小黄黝鱼与其它地区种群存在的形态差异,可能有隐秘种存在,但也未有文章报道(伍汉霖,个人通讯)。

线粒体 DNA 具有进化速率快、严格按照母系遗传等特点^[3-4],本文使用线粒体 *Cyt b* 和 *D-loop* 基因位点分析不同水系小黄黝鱼的种群结构和遗传分化等方面问题。探讨小黄黝鱼种群可以分为几支,各支之间差异情况以及探讨小黄黝鱼遗传多样性及种群历史动态。

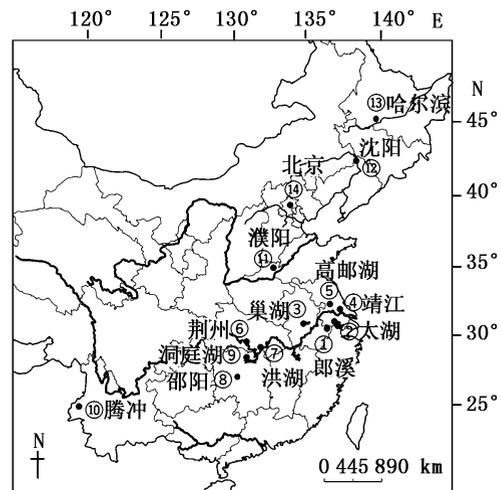


图 1 小黄黝鱼样本采集地点
Fig.1 Sampling sites of *M. swinhonis*

收稿日期: 2016-05-10 修回日期: 2016-07-31

基金项目: 上海市教育委员会科研创新项目(B2-5308-13-0455)

作者简介: 郑 新(1989—),男,硕士研究生,研究方向为分子系统发育。E-mail:919178663@qq.com

通信作者: 李晨虹, E-mail:chli@shou.edu.cn

1 材料与方法

1.1 样本采集

小黄鲮鱼样本采自 14 个地区共 88 尾(表 1, 图 1), 分别采自松花江(SHJ)-哈尔滨、辽河(LH)-沈阳、海河(HHe)-北京、黄河下游-濮阳(PY)、高邮湖(GYH)、长江水系[邵阳资水(SY)、洞庭湖(DTH)、洪湖(HH)、荆州(JZ)、靖

江市(JJ)、巢湖(CH)、太湖(TH)、郎溪(LX)]、云南腾冲(TC)。本文每个采样点使用样品数量较少,但是如洞庭湖、洪湖、荆州的采样点相距较近,都属于洞庭湖周边水系,因此同一水系的样本数量充足。样本经鉴定后,取新鲜肌肉保存于 95% 的乙醇中。标本现存于上海海洋大学标本室。

表 1 小黄鲮鱼的样本信息及种群遗传多样性

Tab.1 Sampling information and genetic diversity of *M. swinhonis*

采样点 Sample site	坐标 Coordinates	水系 Drainage	样本数 Samples	单倍型数 Haplotypes	单倍型 Haplo-type (H)	单倍型多样性 Haplo-types diversity (h)	核苷酸多样性 Nucleotide diversity (π)
1 安徽郎溪(LX)	E119°02' N31°11'	长江水系	6	4	10, 49, 50, 51	0.8000 ± 0.1721	0.008708 ± 0.005211
2 浙江湖州太湖(TH)	E119°94' N31°21'	长江水系	6	5	06, 07, 08, 09, 10	0.9333 ± 0.1217	0.001946 ± 0.001297
3 安徽巢湖(CH)	E117°73' N31°59'	长江水系	7	6	11, 12, 13, 14, 15, 16	0.9524 ± 0.0955	0.005293 ± 0.003136
4 江苏靖江市(JJ)	E120°18' N31°93'	长江水系	9	9	23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31	1.0000 ± 0.0524	0.002908 ± 0.001729
5 江苏高邮湖(GYH)	E119°38' N32°84'	淮河水系	6	6	17, 18, 19, 20, 21, 22	1.0000 ± 0.0962	0.009356 ± 0.005586
6 湖北荆州市(JZ)	E112°24' N30°31'	长江水系	7	6	32, 33, 34, 35, 36, 37	0.9524 ± 0.0955	0.003441 ± 0.002099
7 湖南岳阳市洪湖(HH)	E113°39' N29°86'	长江水系	6	6	32, 38, 39, 40, 41, 42	1.0000 ± 0.0962	0.001698 ± 0.001153
8 湖南邵阳(SY)	E111°44' N27°24'	长江水系	11	1	52	0.0000 ± 0.0000	0.000000 ± 0.000000
9 湖南洞庭湖(DTH)	E113°01' N29°27'	长江水系	2	2	52, 54	1.0000 ± 0.5000	0.001854 ± 0.002072
10 云南腾冲(TC)	E98°48' N25°03'	盈江水系	6	2	43, 44	0.3333 ± 0.2152	0.001236 ± 0.000881
11 河南濮阳(PY)	E115°05' N35°71'	黄河水系	5	5	04, 55, 56, 57, 58	1.0000 ± 0.1265	0.004724 ± 0.003046
12 辽宁沈阳辽河(LH)	E123°43' N41°74'	辽河水系	6	5	01, 02, 03, 04, 05	0.9333 ± 0.1217	0.006237 ± 0.003784
13 哈尔滨松花江(SH)	E126°57' N45°80'	松花江水系	4	4	45, 46, 47, 48	1.0000 ± 0.1768	0.005231 ± 0.003081
14 北京海河(HHe)	E116°91' N40°45'	海河水系	7	5	59, 60, 61, 62, 63	0.8571 ± 0.1371	0.002691 ± 0.001678
总体 Total				-		0.9791 ± 0.0084	0.009600 ± 0.004743

1.2 实验方法

用上海生工生物工程公司 DNA 抽提试剂盒提取 DNA。线粒体 *Cyt b* 和 *D-loop* 基因扩增引物为自己设计 CytbL:CTAAAACACCGCAACCCACA, CytbR:CAGTGGTGGGAGTTAAAATCTCC; DLoopL:CAAGTAACMTGCAATAGTAGCTCAGCG, DLoopR:TTAAA GTCAGGACCAAGCTTTTGTGC。25 μ L 的 PCR 反应体系包括 PCR Master Mix 12.5 μ L(含 $MgCl_2$ 、dNTPMix 和 *Taq* 酶)、上下游引物各 1.0 μ L (55 ng/ μ L)、DNA 样品 1.0 μ L, 用 ddH₂O 补足 25 μ L。反应程序:94 $^{\circ}C$ 预变性 4 min, 扩增 35 个循环(94 $^{\circ}C$ 变性 30 s, 60 $^{\circ}C$ 退火 45 s, 72 $^{\circ}C$ 延伸 1 min), 最后 72 $^{\circ}C$ 延伸 8 min, 4 $^{\circ}C$ 保存。PCR 产物用 1% 琼脂糖电泳检测样品扩增情况, 送至上海生工生物工程公司纯化和测序。

1.3 数据处理

用 MEGA 5.0^[5] 对校对后的序列进行比对剪切; 用 DnaSP 5.10^[6] 软件计算群体单倍型多样性 (h) 核苷酸多态性 (π); 用 Arlequin ver 3.0^[7] 软件包进行分子方差分析 (AMOVA) (重复 10 000

次抽样检测显著性程度) 和种群间遗传分化指数 (F_{st}) 的计算; 用 Arlequin 3.0^[7] 里的模块 *Tajima's D*^[8] 和 *Fu's FS*^[9] 中性检验及核苷酸不配对分布 (Mismatch distribution) 推断种群的历史动态。通过 Network 4.6.1.0^[10] 构建单倍型网络图。利用 jModeltest 0.1^[11-12] 以 BIC (Bayesian Information Criterion) 为标准确定最佳模型为 HKY + G, 采用贝叶斯^[13] 方法建立 BI 树, 运算 1 000 万代, 每 1 000 次取样一次, 去掉运算开始 25% 的不可信区域, 直到链的收敛分离频率平均标准方差小于 0.01 停止运算, 用 FigTree 1.4.0^[14] 查看并编辑贝叶斯树。利用 SAMOVA^[15] 分析做 10 000 次交换运算, SAMOVA 分析共重复 100 次以上, 清除不同起始条件对结果的影响^[16]。

2 结果

2.1 遗传多样性

对所测得的线粒体 *Cyt b* (1 320 bp) 和 *D-loop* (839 bp) 序列进行拼接和人工校对, 拼接后长度为 2 159 bp, 检测到 133 个变异位点, 占

6.16%,共发现63个单倍型。整个群体单倍型多样性 $h = 0.979 1$,核苷酸多样性 $\pi = 0.009 6$ (表1)。样本碱基含量为 T(32.24%)、C(24.43%)、A(27.91%)、G(15.42%)具有明显的反 G 偏向性。结果显示小黄鲈鱼具有较高的单倍型多样性(除云南为引种和邵阳只有一个单倍型),都大于 $0.800 0 \pm 0.172 1$;具有较低的核苷酸多样性,都小于 0.01。

2.2 单倍型网络图和谱系分析

88条小黄鲈鱼 *Cyt b* 和 *D-loop* 串联序列共检测到63个单倍型(表1),Hap04、Hap10、Hap32存在共享情况:Hap04为辽河与黄河(濮阳)样本所共享;Hap10为太湖和郎溪所共享;Hap32为洪湖和长江(荆州)所共享。构建的群体单倍型网络图(图2)显示,研究小黄鲈鱼群体大致可分为A、B、C三个谱系:A谱系为邵阳群体,所有样本

共享单倍型 H52(11个样本);B谱系包括 H51(长江水系郎溪)和太湖所有样本;C谱系包括除太湖、长江水系资水(邵阳群体)和 H51 外所有群体,C谱系又可分为 C1、C2、C3 三个亚谱系:C1 主要以长江水系样本为主包括长江水系(洞庭湖、荆州、洪湖、靖江、巢湖、郎溪)和松花江(哈尔滨)、辽河水系(沈阳)、黄河水系(濮阳)、高邮湖、云南腾冲这些地区的少数样本;C2 主要包括北方水系(松花江-哈尔滨、辽河-沈阳、海河-北京、黄河-濮阳、高邮湖)样本和少数长江水系(巢湖、荆州)样本;C3 主要包括长江水系(靖江样本)和松花江(哈尔滨)、辽河(沈阳)、高邮湖个别样本。贝叶斯(BI)系统发育树(图3)与单倍型网络图基本一致(图2),也可分为 A、B、C 三支。

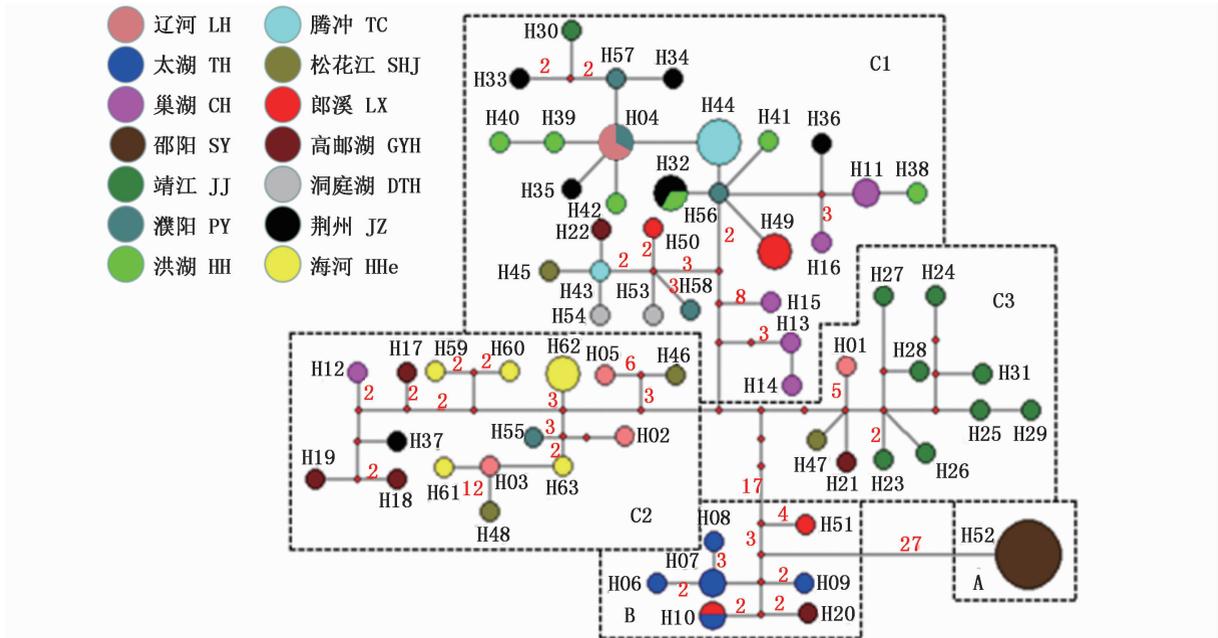


图2 小黄鲈鱼种群的单倍型网络图
Fig.2 Haplotype network of *M. swinhonis*

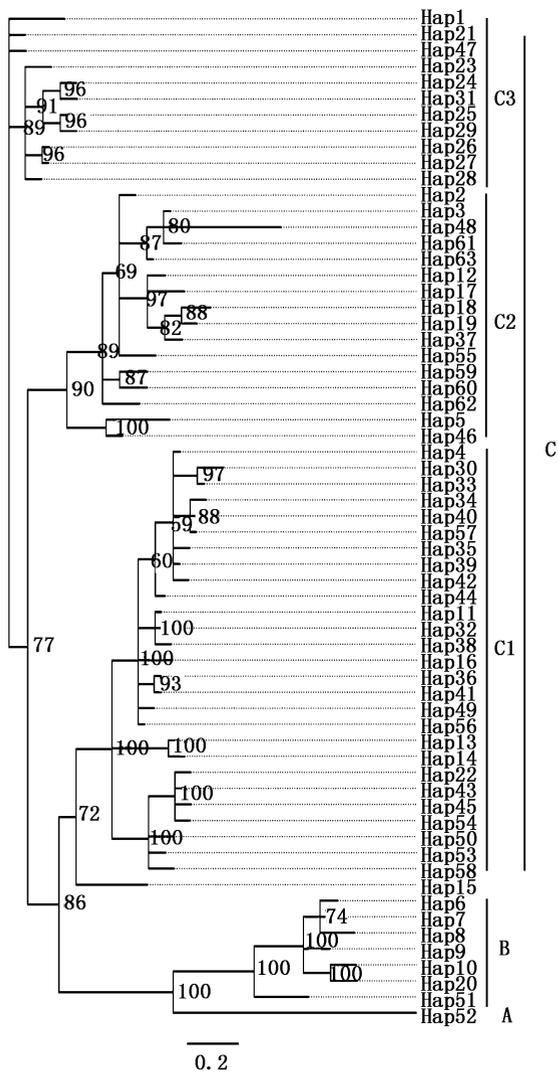


图 3 小黄鲮鱼 63 个单倍型的贝叶斯无根树
Fig.3 Bayesian tree of the 63 haplotype of *M. swinhonis*

2.3 种群结构与遗传分化分析

以地理结构为依据分类的 AMOVA 分析将所有地理种群分为邵阳资水、太湖、其他 3 组,结果表明大部分变异来自种群间(79%),种群内只有(21.3%,表 2)。遗传分化指数(F_{ST})是评估种群遗传结构变异的一个重要指数,暗示种群间有明显遗传差异($P \leq 0.01$)。

SAMOVA 结果显示当分组 K 值等于 3, $F_{CT} = 0.52487$ 的时候是最佳种群分组结果(图 4)。当 $K=3$ 时,分为邵阳、太湖和其他 3 个地理空间种群。遗传分化指数体现了各种群间的分化差异情况(表 3),从表中可以看出种群 A、B 与 C1、C2、C3 三亚支的的遗传分化程度较高(F_{ST} 均大于 0.65930);其中 A 与 C3 种群的分化程度最大($F_{ST} = 0.89600$),A 与 C1、C2 也存在显著分化($F_{ST} = 0.88410, 0.84368$);C 种群内的各亚支间分化程度略小(F_{ST} 均小于 0.59117)。

2.4 种群历史分析

对 14 个种群的错配分布(Mismatch distribution)分析(图 5)表明:只有太湖(TH)、靖江(JJ)、荆州(JZ)、洪湖(HH)具有较明显的单峰;而郎溪(LX)、巢湖(CH)、高邮湖(GYH)、濮阳(PY)、海河(HHe)、辽河(LH)、松花江(SHJ)都具有超过 2 个峰的多峰错配分布,邵阳(SY)、腾冲(TC)、洞庭湖(DTH)分别由于仅有一个单倍型、2 个单倍型样本太少,而无法进行错配分析。相对于 *Tajima's D*, *Fu's FS* 检测更适合种群的研究^[9],结合 *Tajima's D* 和 *Fu's FS* 检测,只有靖江(JJ, *Fu's FS*: -4.119, $P = 0.009$)、洪湖(HH, *Fu's FS*: -2.814, $P = 0.016$)群体为负值且 $P \leq 0.05$,暗示这两个种群历史上发生过种

表 2 小黄鲮鱼种群的 AMOVA 分析

Tab.2 Analysis of molecular variance (AMOVA) among the populations of *M. swinhonis*

变异来源 Source of variation	自由度 Degree of freedom	平方和 Sum of squares	变异组成 Variance components	百分比/ Percent of variation	固定指数 Fixation Indices
组间 Among groups	2	422.724	13.18154 Va	68.28	$F_{CT} = 0.68282^{**}$
种群间群体内 Among populations within groups	11	175.390	2.01486 Vb	10.44	$F_{SC} = 0.32906^{**}$
种群内 Within populations	74	304.011	4.10826 Vc	21.28	
总共 Total	87	902.125	19.30465		$F_{ST} = 0.78719^{**}$

注: $** P \leq 0.01$; F_{ST} 为种群总变异; F_{SC} 为组内变异; F_{CT} 为组间变异; P 值小于 0.01 说明差异性显著
Note: F_{ST} is the total variation of population; F_{SC} is the variation among groups; F_{CT} is the variation among populations; P value < 0.01 represents that there was a significant difference

表 3 小黄黝鱼种群的遗传分化指数 F_{ST} (对角线下方) 和遗传距离 P-distance (对角线上方)
 Tab. 3 Fixation index (F_{ST}) (under diagonal) and P-distance (above diagonal) of *M. swinhonis*

	A	B	C1	C2	C3
A		0.016	0.018	0.020	0.017
B	0.693 64 *		0.014	0.015	0.013
C1	0.884 10 **	0.684 50 *		0.008	0.006
C2	0.843 68 **	0.659 30 *	0.547 05 *		0.006
C3	0.896 00 **	0.674 76 *	0.591 17 *	0.444 02 *	

注: * 表示显著分化, $0.01 < P < 0.05$; ** 表示极显著, $P \leq 0.01$
 Note: * significant, $0.01 < P < 0.05$; ** very significant, $P \leq 0.01$

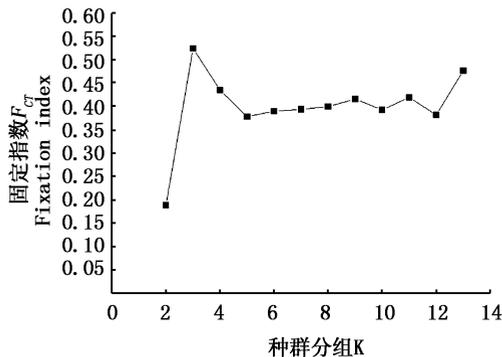


图 4 小黄黝鱼种群结构的 SAMOVA 结果

Fig. 4 SAMOVA of *M. swinhonis*

当 $K=3$ 时, F_{cr} 最大

When $K=3$, F_{cr} has maximum value

群扩张。太湖和荆州群体虽然 $Fu's FS$ 也为负值 ($Fu's FS = -0.658 09$ 、 $-0.377 08$), 但 P 值不显著 ($P=0.266 00$ 、 $0.331 00$)。而其他种群均具有多峰且 $Fu's FS$ 多为正值。

3.1 单倍型网络图与谱系分析

A 谱系的种群比较独特, 采集样本 30 尾, 测序 11 尾只有一个单倍型, 同时和其他地区遗传差距较远独立成为一个种群。贝叶斯树 (BI) 与网络图结果基本一致。推测该群体历史上可能发生过严重的瓶颈效应。B 谱系主要包括太湖种群, 其中 H10、H51 (郎溪)、H20 (高邮湖) 可能也是由于引种造成的, 也可能是自然扩散而来。

3 讨论

单倍型网络图 (图 2) 结果显示 C 谱系可分为 3 个亚谱系 C1、C2、C3, 这 3 个亚谱系间的差异较小, 其中 C1 谱系包括长江水系样本 (包括巢湖、郎溪、洪湖、荆州的个体) 及云南腾冲的样本 (H43、H44)。有文献记载云南种群为引种^[17-18],

结合本文分析我们推断云南种群可能是由长江水系安徽巢湖或者湖南洞庭湖引入, 具体的引入源则需要做进一步调查与分析。C1 谱系内包括黄河水系濮阳样本 (H04、H56、H57、H58)、辽河水系样本 (H04)、高邮湖的一个单倍型 (H22) 和靖江的一个单倍型 (H30), 这些地区的单倍型 (除 H22 和 H30) 和云南样本在网络图中有着十分相似的情况, 推测可能是由于经济物种引种而带入这些地区。因为这些地区原来就存在小黄黝鱼, 且目前为止少有分子方面的研究, 鱼类资源调查较难发现这种情况, 也可能是分子标记不够, 导致结果不够准确。错配分布分析结果同时显示郎溪 (LX)、巢湖 (CH)、高邮湖 (GYH)、濮阳 (PY)、海河 (HHe)、辽河 (LH)、松花江 (SHJ) 都具有超过 2 个峰的多峰错配分布, 说明这些种群内样本具有不同的来源。其中靖江 (H30) 可能是一个古老单倍型, 而其他靖江样本都聚在 C3 谱系内。高邮湖的样本 (H22) 可能是由长江下游扩散过去, 因为前者在扬州市与长江连通。

C2 亚谱系种群样本以长江以北水系为主, 包括松花江、辽河、海河、黄河和高邮的个体。其中有两个与高邮湖相连的单倍型 H12 (巢湖)、H37 (荆州) 可能是由高邮湖扩散而来, 也可能是由于引种造成的, 因为在湖北荆州到高邮湖中间这些地区没有检测到连续的遗传信号, 也可能是由于样本采集不够, 信息不足, 所以暂不能确定。

对 C3 亚谱系分析, C3 谱系主要包括靖江群体, 此种群既有样本聚于 C1 (H30), 也有属于松花江 (H47)、辽河 (H01) 和高邮湖 (H21) 种群聚在该亚谱系, 且靖江市属于长江水系靠近与高邮湖连接处, 暗示靖江群体可能是一个连接北方种群和长江水系种群的枢纽。

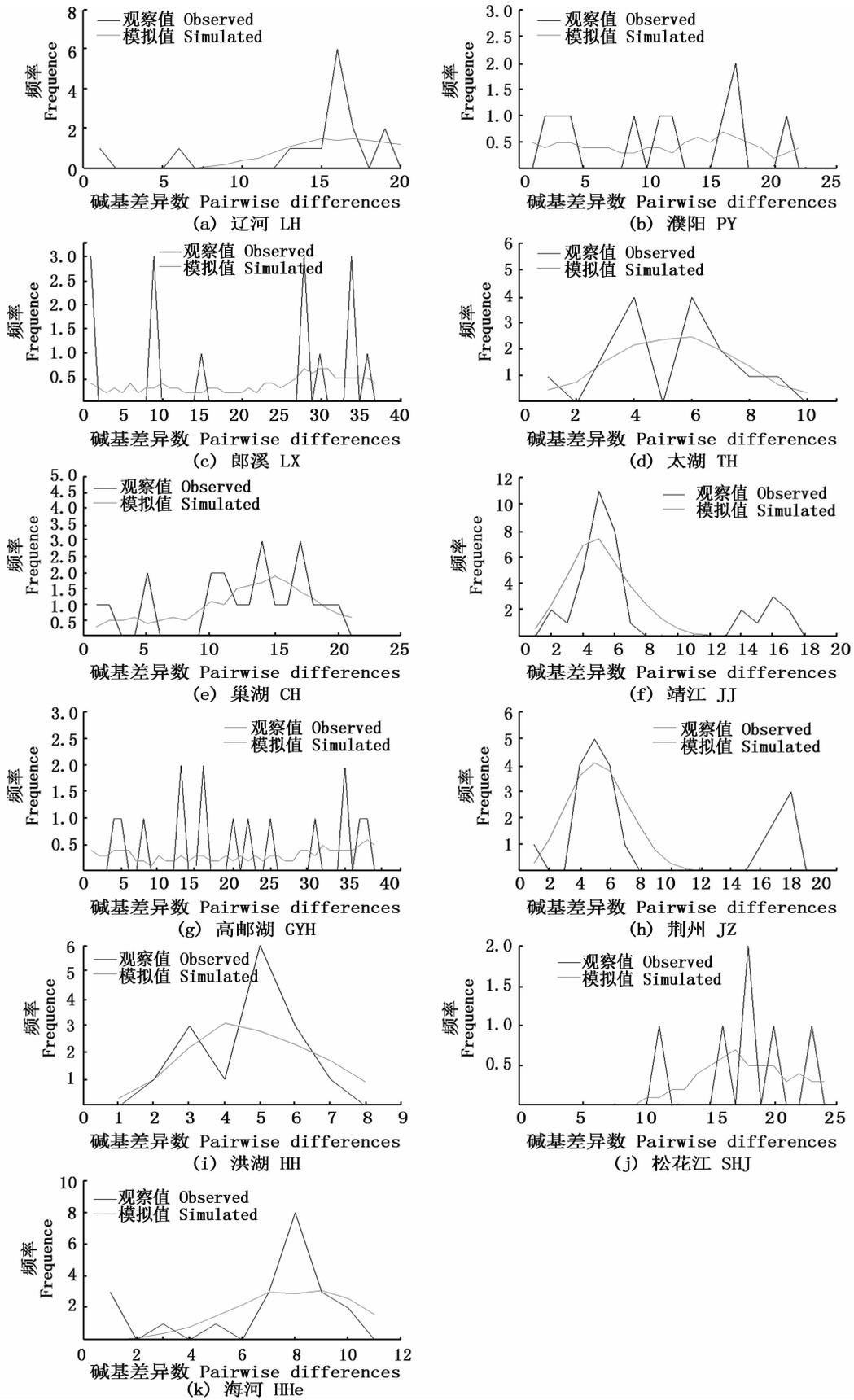


图 5 小黄鲂鱼单倍型核苷酸错配分布分析

Fig. 5 Mismatch distribution analysis of *M. swinhonis* sampled from different localities

3.2 小黄黝鱼种群结构及历史动态分析

AMOVA 分析结果显示 79% 的变异来自种群间, 只有 28.3% 的变异来自种群内, 可以确切地表明小黄黝鱼存在系统地理学结构。SAMOVA 结果进一步确定存在地理结构, 很明显当 $K=3$ 时, 有最大的 F_{CT} 值(0.524 87), 分为邵阳、太湖和其他地区 3 组。

结合固定指数 F_{st} 和遗传距离 P-distance (表 3), A 与 B 的遗传距离为 0.016; A 与 C 的遗传距离为 0.018; B 与 C 的遗传距离为 0.014; C 支内部(C1、C2、C3)的遗传距离最大值为 0.008, 遗传变异很小。说明 A、B、C 三支之间已经出现明显的种群分化, 其中 A 支分布于西南地区, 与其它群体遗传差异最大, 可能是一个古老的种群经过严重的瓶颈效应形成的独特种群; B 支太湖种群也表现出特异性单独成为一个种群, 原因暂不清楚; C 内的 3 支遗传分化不明显, 又同时包含从松花江到长江所有水系所有样本, 此种情况文献中也较为少见, 其他鱼类种群研究往往可明显根据水系划分不同地理种群。比如 PERDICES^[19] 对宽鳍鱮的研究, 将其分为 6 个支, 北方 1 支, 长江 4 支, 珠江和长江混合 1 支; 但可明显分为 3 个亚支。对似鲟的研究^[20] 通过分析线粒体细胞色素 *b* (*Cyt b*) 基因序列变异, 认为分支结构与地理分布基本一致。而对黄颡鱼^[21] 群体的遗传多样性和种群结构初步分析表明约在 10.1 ~ 14.1 万年前, 黄颡鱼在其分布范围内经历过群体扩张, 黄颡鱼群体缺乏明显的地理结构, 推测原因可能是历史上水系的连通促进了不同地理群体之间的基因交流。ZHAO^[22] 等对太湖新银鱼 (*Neosalanx taihuensis*) 的研究具有相似的结果, 长江水系与淮河水系的样本没有明显地理结构, 聚为一支。总的来说 C 支内的长江水系、淮河水系、黄河水系、海河水系、辽河水系和松花江的样本没有严格形成与地理水文特征相符合的种群地理结构, 一种可能是引种导致原群体分化关系模糊, 另一种可能是小黄黝鱼有效群体很大、扩散能力较强。但目前的分子证据还不够充分作出有效的推断, 有待今后收集更多地方的样本和更多位点的数据作进一步研究。

4 结论

小黄黝鱼种群明显分为 3 个大的种群: 邵阳

(SY) 种群、太湖 (TH) 种群和其他地区组成的复合种群。小黄黝鱼具有较高的单倍型多样性和较低的核苷酸多样性, 结合错配分析暗示此物种历史上发生过种群扩张。另外发现小黄黝鱼引种现状可能较严重, 破坏了小黄黝鱼的自然地理种群分布, 建议在经济鱼类引种的同时, 加强鱼类自然资源的保护。

参考文献:

- [1] 中国科学院中国动物志编辑委员会. 中国动物志-五: 硬骨鱼纲 鲈形目 虾虎鱼亚目 [M]. 北京: 科学出版社, 2008.
Chinese Academy of Sciences, China Fauna of Editorial Board. Fauna Sinica: Ostichthyes Perciformes Gobioidae [M]. Beijing: Science Press, 2008.
- [2] 中国水产科学研究院珠江水产研究所. 广东淡水鱼类志 [M]. 广州: 广东科技出版社, 1991(78).
Pearl River Fishers Research Institute. The Freshwater Fishes of Guangdong Province [M]. Guangdong: Guangdong Science and Technology Press, 1991.
- [3] BROWN J R, BECKENBACH A T, SMITH M J. Mitochondrial DNA length variation and heteroplasmy in populations of white sturgeon (*Acipenser transmontanus*) [J]. Genetics, 1992, 132(1): 221-228.
- [4] 肖武汉, 张亚平. 鱼类线粒体 DNA 的遗传与进化 [J]. 水生生物学报, 2000, 24(4): 384-391.
XIAO W H, ZHANG Y P. Genetics and evolution of mitochondrial DNA in fish [J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2000, 24(4): 384-391.
- [5] TAMURA K, PETERSON D, PETERSON N, et al. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods [J]. Molecular Biology and Evolution, 2011, 28(10): 2731-2739.
- [6] LIBRADO P, ROZAS J. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data [J]. Bioinformatics, 2009, 25(11): 1451-1452.
- [7] EXCOFFIER 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.
- [8] TAJIMA F. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism [J]. Genetics, 1989, 123(3): 585-595.
- [9] FU Y X. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection [J]. Genetics, 1997, 147(2): 915-925.
- [10] BANDEL T H J, FORSTER P, RÖHL A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies [J]. Molecular Biology and Evolution, 1999, 16(1): 37-48.

- [11] POSADA D. jModelTest: Phylogenetic model averaging[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2008, 25(7): 1253-1256.
- [12] GUINDON S, GASCUEL O. A simple, fast, and accurate Algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood[J]. *Systematic Biology*, 2003, 52(5): 696-704.
- [13] HUELSENBECK J P, RONQUIST F. MRBAYES: Bayesian inference of phylogenetic trees[J]. *Bioinformatics*, 2001, 17(8): 754-755.
- [14] DRUMMOND A J, RAMBAUT A J. BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees [J]. *BMC Evolutionary Biology*, 2007, 7(1): 214.
- [15] DUPANLOUP I, SCHNEIDER S, EXCOFFIER L. A simulated annealing approach to define the genetic structure of populations[J]. *Molecular Ecology*, 2002, 11(12): 2571-2581.
- [16] KUHNER M K. LAMARC 2.0: maximum likelihood and Bayesian estimation of population parameters [J]. *Bioinformatics*, 2006, 22(6): 768-770.
- [17] 丁慧萍, 谭剑晖, 林少卿, 等. 拉萨市茶巴朗湿地的外来鱼类[J]. *水生生态学杂志*, 2014, 35(2): 49-55.
DING H P, TAN J H, LIN S Q, et al. Exotic fishes in Chabalong wetland of Lhasa[J]. *Journal of Hydroecology*, 2014, 35(2): 49-55.
- [18] 唐文家, 何德奎. 青海省外来鱼类调查(2001-2014 年)[J]. *湖泊科学*, 2015, 27(3): 502-510.
- TANG J W, HE D K. Investigation on alien fishes in Qinghai Province, China (2001-2014)[J]. *Journal of Lake Science*, 2015, 27(3): 502-510.
- [19] PERDICES A, COELHO M M. Comparative phylogeography of *Zacco platypus* and *Opsariichthys bidens* (Teleostei, Cyprinidae) in China based on cytochrome b sequences[J]. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 2006, 44(4): 330-338.
- [20] 夏曦中, 张训蒲, 刘焕章. 似鲈(*Pseudogobio vaillanti*)的分子生物地理学分析[J]. *自然科学进展*, 2005, 15(9): 1064-1069.
XIA X Z, ZHANG X P, LIU H Z. Molecule biogeography analysis of *Pseudogobio vaillanti* [J]. *Progress in Natural Science*, 2005, 15(9): 1064-1069.
- [21] 库喜英, 周传江, 何舜平. 中国黄颡鱼的线粒体 DNA 多样性及其分子系统学[J]. *生物多样性*, 2010, 18(3): 262-274.
KU X Y, ZHOU C J, HE S P. Validity of *Pseudobagrus sinensis* and mitochondrial DNA diversity of *Pseudobagrus fulvidraco* populations in China [J]. *Biodiversity Science*, 2010, 18(3): 262-274.
- [22] ZHAO L, ZHANG J, LIU Z J, et al. Complex population genetic and demographic history of the Salangid, *Neosalanx taihuensis*, based on cytochrome b sequences [J]. *BMC Evolutionary Biology*, 2008, 8(1): 201.

Population structure and genetic divergence of *Micropercops swinhonis*

ZHENG Xin, LI Chenhong

(College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China)

Abstract: *Micropercops swinhonis* is a freshwater sleeper widely distributed in the Yangtze River drainage and other main drainages in northern China. We collected individuals from Songhua Jiang, Liao He, Hai He, the lower drainage of Yellow River (Puyang), Gaoyou Hu and the Yangtze River drainage (Shaoyang Zishui, Honghu, Jingzhou, Jiangjiang, Chaohu, Taihu, Langxi and Dongting Hu). Population genetic structure and divergence of *M. swinhonis* among different areas were investigated by analysing the sequences of mitochondrion cytochrome b (*cyt b*) and control region (*D-loop*). Concatenating sequences of *cyt b* and *D-loop* of 88 individuals resulted in 63 haplotypes and 133 variable sites. AMOVA, SAMOVA, analysis of haplotype network and phylogenetic reconstruction all supported splitting *M. swinhonis* into three groups: Shaoyang (Zishui; clade A), Taihu (clade B) and the population of other areas (clade C), which could be further divided into three subclades. Mismatch distribution revealed that populations from Jiangjiang ($Fu's FS: -4.119, P = 0.009$) and Honghu ($Fu's FS: -2.814, P = 0.016$) probably experienced a recent expansion.

Key words: *Micropercops swinhonis*; *Cyt b*; *D-loop*; population structure; haplotype network