

棘头梅童鱼线粒体控制区的序列变异与群体遗传结构

郑德锋¹ 赵金良^{1*} 周文玉²

(¹农业部水产种质资源与利用重点开放实验室 上海海洋大学, 201306)

(²上海市水产研究所, 200433)

摘 要 采用 PCR 扩增测序法获得了棘头梅童鱼 *Collichthys iucidus* 南通、启东、芦潮港、温州、瑞安、福州、番禺 7 个地理群体 53 尾鱼的 mtDNA 控制区全序列。棘头梅童鱼控制区序列长度为 778~782 bp, 序列长度变异主要是由位点的插入或缺失造成, 识别了终止序列区 TAS 和保守序列区 CSB1、CSB2、CSB3 序列。共检测到多态位点 66 个, 占全部序列的 8.44%, 检测到单倍型 33 种, 平均单倍型多样性 (H_d) 为 0.9347 ± 0.0175 , 平均核苷酸多样性 (π) 为 0.0175 ± 0.0023 。棘头梅童鱼群体内的遗传距离 (K 2-P) 为 0.0017~0.0228, 群体间的遗传距离为 0.0023~0.0433, 群体间的分化指数 F_{ST} 为 $-0.0584 \sim 0.8458$, 基因流为 0.05~19.62。AMOVA 分析结果显示, 群体间的变异为 74.21%, 群体内的变异为 25.79% ($P < 0.05$), 表明群体间发生了显著的遗传分化。以 NJ 法构建的亲缘关系树显示, 棘头梅童鱼 7 个群体分为两个大支, 一支以北方类群(南通、启东、芦潮港、温州群体)个体为主, 另一支以南方类群(福州和番禺群体)个体为主, 而位于南、北方类群中间位置的瑞安群体则与两大类群均有交叉。

关键词 棘头梅童鱼 群体遗传结构 线粒体控制区 序列

中图分类号 S931.5 **文献标识码** A **文章编号** 1000-7075(2011)02-0034-07

mtDNA control region sequence variation and genetic structure of *Collichthys iucidus* populations

ZHENG De-feng¹ ZHAO Jin-liang^{1*} ZHOU Wen-yu²

(¹ Key Laboratory of Aquatic Genetic Resources and Utilization, Ministry of Agriculture, Shanghai Ocean University, 201306)

(² Shanghai Fisheries Research Institute, 200433)

ABSTRACT The complete sequences of mitochondrial control region of 53 individuals of *Collichthys iucidus* from seven populations, Nantong (NT), Qidong (QD), Luchaogang (LC), Wenzhou (WZ), Ruian (RA), Fuzhou (FZ), and Panyu (PY) were obtained by PCR cloning. Sequence lengths of the control region of *C. iucidus* varied in the range of 778-782 bp, which was mainly caused by the insertion or deletion. The conserved regions, such as TAS and CSB-1, -2, and -3 were identifiable in the control regions of *C. iucidus*. There were 66 polymorphic sites, which accounted for 8.44% in all sequences, and 33 haplotypes were found in all individuals. The average value of haplotype diversity

上海市科技兴农重点攻关项目[沪农科攻字(2007)第 4-2 号]和上海市重点学科建设项目(Y1101)共同资助

* 通讯作者。E-mail: jlzhao@shou.edu.cn, Tel: (021)61900435

收稿日期:2010-05-26;接受日期:2010-08-18

作者简介:郑德锋(1984-),男,硕士研究生,主要从事鱼类遗传育种研究。E-mail: donaldzdf@163.com, Tel: (021)61900435

(H_d) was 0.9347 ± 0.0175 and the average value of nucleotide diversity (π) was 0.0175 ± 0.0023 for seven populations. The K2-P distance within and among seven populations were $0.0017 \sim 0.0228$ and $0.0023 \sim 0.0433$, respectively. The difference index (F_{ST}) ranged between $-0.0584 \sim 0.8458$ and the gene flow values were within the range of $0.05 \sim 19.62$ for the seven populations. AMOVA analysis revealed that the inter-population variance was 74.21% and the intra-population variance was 25.79% ($P < 0.05$). The phylogenetic tree estimated by NJ methods indicated that the *C. lucidus* individuals from seven populations could be clustered as two clades: the northern clade was formed by Nantong, Qidong, Luchaogang, and Wenzhou populations, while Fuzhou and Panyu populations formed the southern clade, and Ruian population was mixed with the above two clades.

KEY WORDS *Collichthys lucidus* Population genetic structure mtDNA control region Sequence

棘头梅童鱼 *Collichthys lucidus* (Richardson) 属鲈形目 Perciformes、石首鱼科 Sciaenidae、梅童鱼属 *Collichthys*, 为温水性、近底层小型海水经济鱼类, 栖息于近海、河口和港湾的低盐度水域, 自然分布于中国沿海、朝鲜西海岸、日本和菲律宾(朱元鼎等 1963)。

有关棘头梅童鱼的研究报道, 主要集中在生物学特性的描述、资源调查、人工繁殖和生化组成等方面(吴常文等 1991; 谢起浪等 2006; 吴振兴等 1990; 单乐州等 2006、2007; 张波等 2008)。蒙子宁等(2004)利用线粒体 16S rRNA 基因序列变异分析了梅童鱼在石首鱼类分子系统进化中的地位, 马国强等(2010)利用 16S rRNA 和 Cyt b 基因序列比较了棘头梅童鱼和黑鳃梅童鱼 *C. niveatus* 间遗传分化。在沿海大中型经济鱼类渔业资源严重衰退的背景下(凌建忠等 2006), 棘头梅童鱼已成为我国近海渔业的主要捕捞对象之一(章守宇等 2007)。另一方面, 由于其分布范围广、近海集中分布特点, 成为我国近海生态环境状况评估的重要生物指标之一。因此, 开展棘头梅童鱼不同海域群体的遗传特征和遗传结构分析对其资源变动与利用具有重要意义。

控制区为 mtDNA 的非编码区, 也称 D-loop 区, 由于缺乏编码的选择压力而比线粒体其他基因的进化速率更快, 在鱼类群体遗传学中得到了广泛的应用(郭新红等 2004)。本研究通过测定我国沿海棘头梅童鱼不同地理群体 mtDNA 控制区全序列, 初步分析棘头梅童鱼的遗传特征和遗传分化, 为监测其资源状况和群体遗传结构变化提供依据。

1 材料与方法

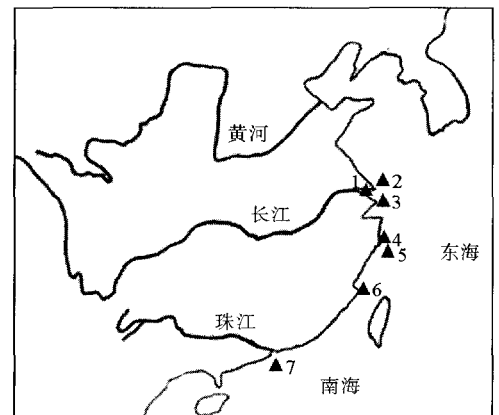
1.1 实验材料

实验用鱼于 2009 年 4~5 月分别采集于江苏启东、江苏南通、上海芦潮港、浙江瑞安、浙江温州、福建福州、广州番禺海域(图 1), 实验样品的数量及来源见表 3, 取背部肌肉、尾鳍等组织, 酒精固定保存。

1.2 控制区的 PCR 扩增

取 20~30 mg 尾鳍, 剪碎, 待酒精完全挥发后, 采用蛋白酶 K 和盐析法提取基因组 DNA(Peng *et al.* 2002), 用 1.2% 琼脂糖凝胶进行电泳检测。

扩增棘头梅童鱼 mtDNA 控制区序列的引物参照 Cui 等(2009), 引物序列为: DLF 5'-CCA AAC AAA CTA GGC GGA GTC CT-3', DLR 5'-GGC TAT GGT TGG TTG TGC CTG



1. 南通 NT; 2. 启东 QD; 3. 芦潮港 LC; 4. 温州 WZ;
5. 瑞安 RA; 6. 福州 FZ; 7. 番禺 PY
1. Nantong (NT); 2. Qidong (QD); 3. Luchaogang (LC);
4. Wenzhou (WZ); 5. Ruian (RA); 6. Fuzhou (FZ); 7. Panyu (PY)
图 1 棘头梅童鱼采集地点(▲)

Fig. 1 Map of the *C. lucidus* sampling locations (▲)

ATA-3',由上海捷瑞生物工程有限公司合成。

PCR 反应体系为 50 μl:模板 DNA 2μl(约 100 ng)、10×buffer 5 μl、dNTPs 1 μl(10 mmol/μl)、引物各 1 μl (10 pmol/μl)、Taq DNA 聚合酶 0.5 μl(2.5U/μl),加灭菌双蒸水至 50 μl。PCR 反应条件为:94 °C 预变性 3 min;4 °C 变性 20 s,58 °C 退火 50 s,72 °C 延伸 90 s,共 30 个循环;72 °C 延伸 10 min;4 °C 保存。PCR 扩增产物经 1.2% 琼脂糖凝胶电泳检测后,送上海生工生物工程有限公司双向测序。

1.3 数据分析

测定的序列通过 DNASTar 软件、Clustalx(Thompson 1997)进行正、反向排序,并辅以手工校正。利用 Mega 4.1 软件包(Tamura et al. 2007)分析序列特征、统计碱基组成、转换与颠换值、遗传距离;通过 DnaSP Ver. 4.10 软件(http://www.ub.es/dnasp/)(Rozas et al. 2003)计算种群单倍型多样性(Hd)、核苷酸多样性(π)、群体间分化指数(FST)、基因交流值(Nm)(Nei 1987)。利用 Arlequin Ver. 3.01 软件(Excoffier et al. 2005)估计群体遗传变异的分布。

群体间亲缘关系重建采用邻接法(NJ),以同科的大黄鱼(Larimichthys crocea EU366949)和小黄鱼(L. polyactis EU935843)控制区序列为外群,双参数法(Kimura 2-parameter)为替代模型(Kimura 1980),采用 Mega 4.1 软件进行分析,系统树分支的置信度采用自引导法(BP)重复检测,1 000 次重复。

2 结果

2.1 mtDNA 控制区序列组成与变异

共获得了棘头梅童鱼 7 个地理群体 53 尾鱼的 mtDNA 控制区序列,控制区序列全长为 778~782 bp,长度变异主要是由 5 个位点发生插入或缺失造成(表 1)。在长度 782 bp 的同源序列中,各碱基组成基本一致。其中,G 含量(13.8%±0.52%)最低,A+T(平均为 62.2%±1.00%)高于 C+G(平均为 37.8%±0.99%)的含量,表现出明显的碱基组成偏向性。共检测到 66 个变异位点,占位点总数的 8.44%,其中,21 个是单变异位点,45 个为简约信息位点。碱基转换与颠换比(Ti/Tv 值)为 2.0。

表 1 棘头梅童鱼线粒体 DNA 控制区的变异位点

Table 1 Variable sites of the mtDNA control region of C. lucidus

Table with 2 columns: 样本 (Populations) and 变异位点位置 Position of variable site. The table lists various population samples and their corresponding nucleotide sequences at specific positions, with symbols like dots and dashes indicating variations from the QD4 (Hap2) reference.

注:圆点(.)表示与 QD4(Hap2)有相同的碱基组成,横线(-)表示缺失 Note:dot (.); same basic composition with QD4 (Hap2),dash(-); missing

对比已知其他鱼类控制区结构特征,识别了棘头梅童鱼终止序列区(TAS)与保守序列区(CSB)。TAS 区的基序为 TACATATATGTA, CSB1、CSB2、CSB3 基序分别为: ATTTACTGTATTCTAGTGCATAA, TAGACCCCCCTACCCCCC, TAAAACCCCTAAAAACA。但未能识别中央保守区的 CSB-D、-E、-F 区基序。

2.2 群体遗传结构分析

棘头梅童鱼 53 个个体中共检测出 33 个单倍型(表 1、表 2)。其中, *Hap2* 为优势类型, 出现频率最高(24.5%); 其次为 *Hap10*, 出现频率为 7.55%。除番禺群体每个个体独享一个单倍型外, 其余群体内个体间均有共享单倍型出现。每个群体均检测有特有单倍型, 出现的个数分别为南通 6 个、启东 5 个、芦潮港 6 个、温州 4 个、瑞安 2 个、福州 3 个、番禺 5 个。

表 2 棘头梅童鱼 33 个单倍型的分布
Table 2 Distribution of 33 haplotypes in seven populations of *C. lucidus*

群体 Population	单倍型分布 Distribution of haplotypes																																			
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33			
南通 NT		2												2	1	1	1	1	1	1																
启东 QD		4		1																	1	1	1	1	1											
芦潮港 LC	1	4	1	1	1	1	1	1																												
温州 WZ		2																1									1	1	1							
瑞安 RA		1					3	1																												
福州 FZ										3	1	1	1																							
番禺 FY											1																			1	1	1	1	1	1	
总计 Total	1	13	1	2	1	1	1	3	1	4	1	1	1	2	1	1	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	

棘头梅童鱼 7 个群体的平均单倍型多样性为 0.9347 ± 0.0175 , 平均核苷酸多样性为 0.0175 ± 0.0023 。其中, 番禺、瑞安群体分别呈现出最高与最低的单倍型多样性(1.0000、0.7000), 瑞安与温州群体分别呈现出最高与最低的核苷酸多样性(0.0258、0.0017)(表 3)。

表 3 棘头梅童鱼 7 个群体的单倍型数(*H*)、单倍型多样性(H_d)和核苷酸多样性(π)
Table 3 Number of haplotypes (*H*), haplotype diversity (H_d), and nucleotide diversity (π) of seven *C. lucidus* populations

群体 Population	样本数 Sample size	单倍型数 No. of haplotypes(<i>H</i>)	单倍型多样性(Mean \pm SD) Haplotype diversity (H_d)	核苷酸多样性(Mean \pm SD) Nucleotide diversity (π)
南通 NT	10	8	0.9556 ± 0.0045	0.0050 ± 0.0031
启东 QD	10	7	0.8667 ± 0.0032	0.0032 ± 0.0021
芦潮港 LC	10	7	0.8667 ± 0.0028	0.0028 ± 0.0019
温州 WZ	6	5	0.9333 ± 0.0017	0.0017 ± 0.0014
瑞安 RA	5	3	0.7000 ± 0.0221	0.0258 ± 0.0162
福州 FZ	6	4	0.8000 ± 0.0110	0.0121 ± 0.0075
番禺 PY	6	6	1.0000 ± 0.0167	0.0194 ± 0.0117
总计 Total	53	33	0.9347 ± 0.0175	0.0175 ± 0.0023

7 个群体内的 K 2-P 遗传距离为 0.0017~0.0228, 群体间的 K 2-P 遗传距离为 0.0023~0.0433。启东与福州群体之间遗传距离最大, 为 0.0433, 温州与芦潮港群体之间遗传距离最小, 为 0.0023(表 4)。

表4 棘头梅童鱼群体内与群体间的平均K2-P遗传距离

Table 4 The average K2-P distances among and within seven *C. lucidus* populations

群体 Population	南通 NT	启东 QD	芦潮港 LC	温州 WZ	瑞安 RA	福州 FZ	番禺 PY
南通 NT	0.004 5 *						
启东 QD	0.004 0	0.003 2 *					
芦潮港 LC	0.003 7	0.002 9	0.002 8 *				
温州 WZ	0.003 1	0.002 5	0.002 3	0.001 7 *			
瑞安 RA	0.024 1	0.023 9	0.023 6	0.023 1	0.022 8 *		
福州 FZ	0.043 0	0.043 3	0.043 0	0.042 6	0.021 7	0.011 1 *	
番禺 PY	0.032 0	0.032 0	0.031 7	0.031 2	0.018 8	0.014 5	0.017 0 *

* 指群体内的平均K2-P遗传距离 * Indicates the average K2-P distance within populations

AMOVA 分析结果显示,群体间的变异为 74.21%,群体内的变异为 25.79% ($P < 0.05$),表明群体间发生了一定的遗传分化。各个群体间的分化指数 (F_{ST}) 和基因交流值 (N_m) 如表 5 所示。南通、启东、芦潮港和温州群体之间分化不显著;瑞安群体与其他群体之间分化显著或极显著;福州和番禺群体与南通、启东和芦潮港群体间分化极显著。

表5 棘头梅童鱼群体分化指数 F_{ST} (对角线下方) 与基因交流值 N_m (对角线上方)Table 5 Pairwise F_{ST} (below diagonal) and N_m (above diagonal) among seven *C. lucidus* populations

群体 Population	南通 NT	启东 QD	芦潮港 LC	温州 WZ	瑞安 RZ	福州 FZ	番禺 PY
南通 NT		6.54	10.20	4.44	0.33	0.06	0.13
启东 QD	0.036 8		8.12	7.13	0.30	0.05	0.12
芦潮港 LC	0.023 9	-0.031 8		19.62	0.30	0.05	0.12
温州 WZ	0.000 0	0.033 9	0.012 6		0.28	0.05	0.11
瑞安 RA	0.432 2 *	0.455 5 *	0.456 3 *	0.469 5 *		0.91	4.53
福州 FZ	0.814 4 ***	0.831 1 ***	0.834 7 ***	0.845 8 *	0.215 5 *		9.46
番禺 PY	0.658 8 ***	0.679 6 ***	0.683 2 ***	0.695 8 *	-0.058 4	0.026 1	

Note: *, $0.01 < P < 0.05$; ***, $P < 0.001$

2.3 群体亲缘关系树

棘头梅童鱼 7 个群体间的亲缘关系树明显分为两大支,福州群体所有个体 (FZ1-FZ6) 与番禺群体所有个体 (PY1-PY6) 及瑞安群体 3 个个体 (RA2, RA4, RA5) 聚成一支;其余个体聚成另一大支,包括南通、启东、芦潮港、温州群体全部个体以及瑞安群体两个个体 (RA1, RA3) (图 2)。

3 讨论

3.1 棘头梅童鱼群体遗传多样性

根据本研究测定的 53 尾棘头梅童鱼样本, mtDNA D-Loop 全长为 778~782 bp, 检测到 66 个多态性位点、33 种单倍型, 平均单倍型多样性为 $0.934 7 \pm 0.017 5$ 、平均核苷酸多样性为 $0.017 5 \pm 0.002 3$ 。与同一海域的凤鲚 ($H_d = 0.943 3 \pm 0.016 8$, $\pi = 0.031 7 \pm 0.015 8$) (阎雪岚等 2009)、刀鲚 ($H_d = 0.998 3 \pm 0.007 4$, $\pi = 0.026 2 \pm 0.013 0$) (杨金权等 2008) 和小黄鱼 ($H_d = 0.98 \pm 0.008 7$, $\pi = 0.015 \pm 0.007 9$) (Xiao *et al.* 2009) 相比, 棘头梅童鱼遗传多样性水平较低。

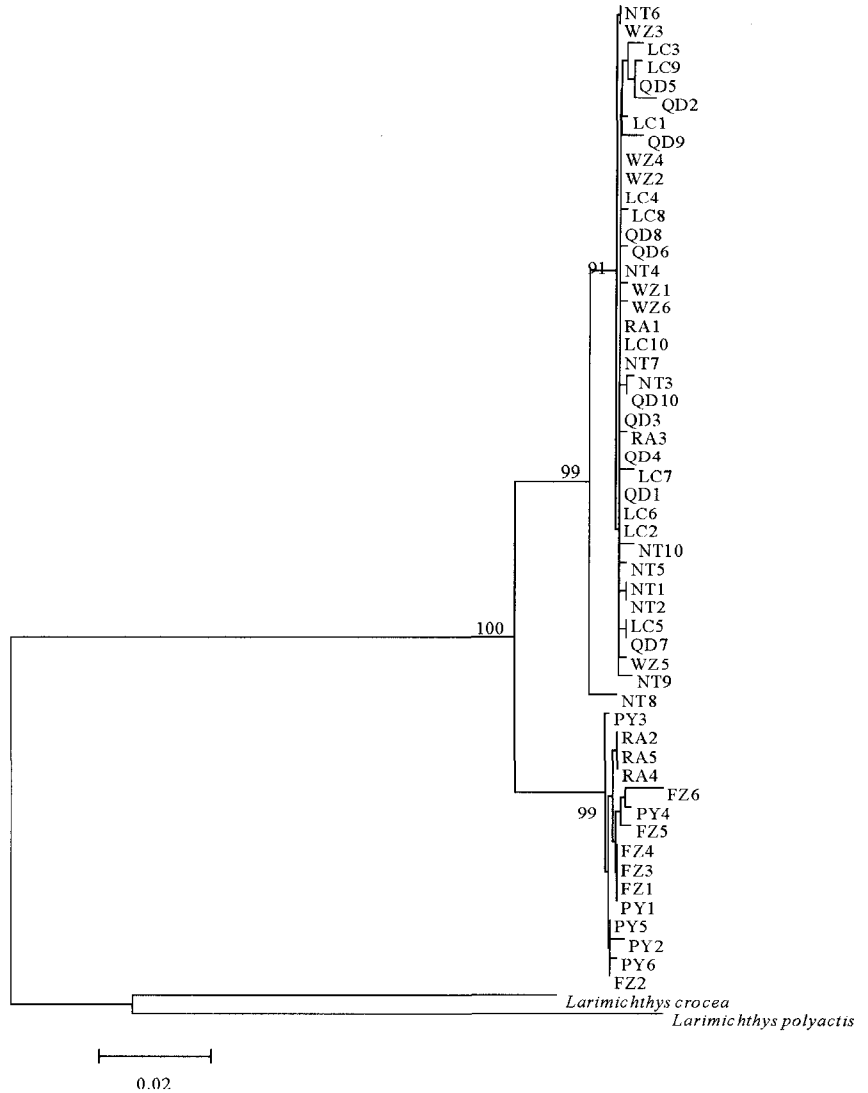
番禺群体表现出最高的单倍型多样性, 这可能与珠江口地处热带、亚热带气候, 附近岛屿众多, 生态系统多样性丰富、生境复杂, 棘头梅童鱼资源丰富有关 (李纯厚等 2005; 何宝全等 1988)。而瑞安群体单倍型多样性最低, 与浙江飞云江口附近海域渔业捕捞强度过大、资源量锐减明显有关 (谢起浪等 2006)。棘头梅童鱼属

于石首鱼科中生命周期短的鱼
类,瑞安群体数量急剧减少,由于
瓶颈效应和遗传漂变,小群体引
发的基因丢失和遗传改变可能在
某种程度上导致该群体遗传多样
性的降低。

3.2 棘头梅童鱼群体的遗传分化

7 个群体内的遗传距离为
0.001 7~0.022 8,群体间的遗
传距离为0.002 3~0.043 3,不
同地理群体间的分化程度不一,
这与基因流值 N_m 所得结果一
致。遗传距离和分化指数变化一
致,表现为地理临近群体之间遗
传距离小、分化指数低,如福州群
体与番禺群体、南通群体与启动
群体之间;但也有例外,如温州与
瑞安群体之间地理临近,遗传距
离较大(0.023 1),分化指数较高
(0.469 5)。AMOVA 分析结果
显示,群体间的变异为 74.21%,
群体内的变异为 25.79% ($P <$
0.05),表明群体间发生了一定的
遗传分化。群体间 NJ 亲缘关系
树表明,棘头梅童鱼群体可分为
两个类群,南通、启东、芦潮港、温
州群体以及部分瑞安群体构成北
方类群,福州和番禺群体及部分
瑞安群体构成南方类群,不同地
理棘头梅童鱼群体已经初步呈现
出南北分化格局。

棘头梅童鱼是近海底栖性鱼
类,对温度、盐度的适应能力较
强。该鱼为短距离洄游性鱼类,冬
季群体主要栖息在外侧海区及分
散在各岛屿附近,春季进入沿岸
海域繁殖、栖息,秋后再返回原
处索饵越冬,主动扩散能力不强
(吴常文等 1991;单乐州等 2007);
此外,我国沿海不同海域(南海、
东海)的生境(温度、盐度、饵料、
捕食者等)差异可能是棘头梅童
鱼南北地理群体间遗传分异产生
和保持的重要原因。另一方面,由
于我国近海受到中国沿岸流、东
海暖流、南海暖流、台湾暖流、
黄海暖流等不同洋流的交互影响,
一定程度上造成了棘头梅童鱼群
体随洋流运动而被动扩散,致使
同一类群内地理临近群体间基
因流较大($N_m > 4$),遗传分化不
显著。瑞安群体由于原产地资源
破坏严重,受海潮南北运动影响,
部分可能由邻近群体被动迁移所
致,表现为与两大类群有交叉。



注:节点处的数值为 1 000 次 bootstrap 检验的支持率(仅显示支持率大于 70 % 的数据)

Note: Numbers at the nodes indicate bootstrap values with 1 000 replicates
(bootstrap values greater than 70 %)

图 2 基于线粒体 DNA 控制区序列构建的棘头梅童鱼群体间的 NJ 树

Fig. 2 NJ tree based on the mtDNA control region sequence of *C. lucidus* populations

参 考 文 献

- 马国强, 高天翔, 孙典荣. 2010. 基于 16S rRNA 和 Cyt b 基因序列探讨 2 种梅童鱼的遗传分化. 南方水产, 6(2): 13~20
- 朱元鼎, 罗云林, 伍汉霖. 1963. 中国石首鱼类分类系统的研究和新属新种的叙述. 上海: 上海科学技术出版社, 70~73
- 何宝全, 李辉权. 1988. 珠江口棘头梅童鱼的资源评估. 水产学报, 12(1): 125~134
- 吴振兴, 吴常文. 1990. 浙江近海棘头梅童鱼生长规律与群体组成的研究. 水产科技情报, 17(6): 170~174
- 吴常文, 王伟宏. 1991. 浙江近海棘头梅童鱼的分布生物学与资源变动. 海洋渔业, 13(1): 6~10
- 张波, 张敏, 戴芳群, 金显仕. 2008. 黄海中南部 16 种重要生物资源种类的生化组成及能量含量. 海洋水产研究, 29(5): 11~18
- 李纯厚, 贾晓平, 杜飞雁, 蔡文贵, 张汉华. 2005. 南海北部生物多样性保护现状与研究进展. 海洋水产研究, 26(3): 73~79
- 杨金权, 胡雪莲, 唐文乔, 林弘都. 2008. 长江口邻近水域刀鲚的线粒体控制区序列变异与遗传多样性. 动物学杂志, 43(1): 8~15
- 单乐州, 邵鑫斌, 闫茂仓. 2007. 棘头梅童鱼幼鱼生物学特性的初步观察. 水产养殖, 28(6): 3~5
- 单乐州, 邵鑫斌, 谢起浪, 张维前, 王铁杆, 吴洪喜. 2006. 棘头梅童鱼人工繁殖及育苗技术研究. 浙江海洋学院学报(自然科学版), 25(3): 266~271
- 凌建忠, 李圣法, 严利平. 2006. 东海区主要渔业资源利用状况的分析. 海洋渔业, 28(2): 111~118
- 郭新红, 刘少军, 刘巧, 刘筠. 2004. 鱼类线粒体 DNA 研究新进展. 遗传学报, 31(9): 983~1000
- 章守宇, 汪振华, 林军, 王伟定. 2007. 枸杞岛海藻场夏、秋季的渔业资源变化. 海洋水产研究, 28(1): 45~52
- 阎雪岚, 唐文乔, 杨金权. 2009. 基于线粒体控制区的序列变异分析中国东南部沿海凤鲆种群遗传结构. 生物多样性, 2(17): 143~150
- 谢起浪, 单乐州, 王铁杆, 吴洪喜, 邵鑫斌, 张维前. 2006. 浙南飞云江口棘头梅童鱼的资源调查和研究. 渔业现代化, (1): 35~36
- 蒙子宁, 庄志猛, 丁少雄, 金显仕, 苏永全, 唐启升. 2004. 中国近海 8 种石首鱼类的线粒体 16S rRNA 基因序列变异及其分子系统进化. 自然科学进展, 14(5): 514~522
- Cui, Z. X., Liu, Y., Li, C. P., You, F., and Chu, K. H. 2009. The complete mitochondrial genome of the large yellow croaker, *Larimichthys crocea* (Perciformes, Sciaenidae); Unusual features of its control region and the phylogenetic position of the Sciaenidae. *Gene*, 432: 33~43
- Excoffier, L., Laval, G., and Schneider, S. 2005. Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 1: 47~50
- Kimura, M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitution through comparative studies of nucleotide sequences. *Molecular Evolution*, 16: 111~120
- Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York
- Peng, Z. G., He, S. P., and Zhang, Y. G. 2002. Mitochondrial cytochrome b sequence variation and phylogeny of the East Asian bagrid catfishes. *Progress in Natural Science*, 12(6): 37~41
- Rozas, J., Sánchez-DelBarrio, J. C., Messeguer, X., and Rozas, R. 2003. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics*, 19: 2496~2497
- Tamura, K., Dudley, J., Nei, M., and Kumar, S. 2007. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution*, 24: 1596~1599
- Thompson, J. D. 1997. The Clustal X windows interface: Flexible strategies for multiple sequences alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Research*, 25(24): 48~76
- Xiao, Y. S., Zhang, Y., Gao, T. X., Yanagimoto, T., Yabe, M., and Sakurai, Y. 2009. Genetic diversity in the mtDNA control region and population structure in the small yellow croaker *Larimichthys polyactis*. *Environmental Biology of Fishes*, 85: 303~314