

白梭吻鲈3个群体的遗传结构比较

韩晓飞, 凌去非, 李彩娟, 许郑超, 王国成

(苏州大学基础医学与生物科学学院, 江苏 苏州 215123)

摘要: 为了加强良种选育工作, 切实做好亲本遗传管理, 防止近交衰退的发生, 利用20个微卫星分子标记对白梭吻鲈(*Sander lucioperca*)新疆野生群体及山东和苏州2个养殖群体的遗传结构进行检测。结果表明, 20个微卫星标记中18个有扩增产物, 14个呈现多态性; 每个位点的等位基因数为2~6个, 平均等位基因数为3.6个, 3个群体的平均等位基因数为2.57~3.36, 平均观测杂合度为0.5085~0.5621, 平均多态性信息含量为0.3931~0.4764, 表明3个白梭吻鲈群体的遗传多样性处于中等偏低水平, 遗传多样性大小为: 新疆群体 > 苏州群体 > 山东群体。群体的 F_{st} 为0.1798, 表明群体间有一定的遗传分化。在白梭吻鲈人工繁殖与养殖过程中, 必须加强亲本遗传结构监测并维持一定数量的亲本规模, 以利于其产业的持续发展。

关键词: 白梭吻鲈; 微卫星; 遗传结构

中图分类号: Q503 **文献标志码:** A **文章编号:** 1674-3075(2017)01-0080-06

白梭吻鲈(*Sander lucioperca*) 又称梭鲈, 为鲈形目(Perciformes)、鲈科(Percidae)、梭吻鲈属(*Sander*), 是淡水性和半溯河性鱼类(孟庆闻等, 1995)。原产于欧洲的易北河、咸海、黑海、里海以及波罗的海等水系, 是一种重要的淡水经济鱼类(Deelder et al, 1964; Svardson et al, 1973); 在我国仅分布于新疆伊犁河水系和额尔齐斯河水系。白梭吻鲈具有抗病能力强、生长快、肉质细嫩、肌间刺少、蛋白质高以及5种鲜味氨基酸含量高于虹鳟等优点(廖国礼, 2010)。自1993年新疆福海县水产技术推广站成功捕捞自然水域中的白梭吻鲈成熟亲鱼进行人工繁殖以来(刘军等, 1995), 已有7个省份先后引进了白梭吻鲈, 并进行了养殖和人工繁殖、苗种培育等工作, 但在广东省经过2~3代人工繁殖以后, 发现其生长性能显著降低(刘禹松, 2009)。

微卫星DNA是由1~6个碱基组成且串联重复的DNA序列, 具有保守性好、呈共显性遗传等优点(孙效文, 2010)。随着微卫星开发以及测序技术的进步, 微卫星被越来越多地应用于遗传结构检测、种质鉴定、遗传连锁图谱构建等方面(瞿陆峰等,

2010); 国外学者已利用微卫星标记研究了鲈科的金鲈(*Perca favesens*) (Leclerc et al, 2000; Kapuscinski et al, 2000)、玻璃梭吻鲈(*Stizostedion vitreum*) (Wirth et al, 1999; Zipfel et al, 2006)和白梭吻鲈(Bjorklund et al, 2007; Kohlmann et al, 2008; Poulet et al, 2009)的群体遗传结构, 但迄今尚未见到有关我国新疆白梭吻鲈群体遗传结构的研究报道。

苏州沙家浜东湖现代渔业科技发展有限公司于2014年从新疆、山东等地引进白梭吻鲈, 进行选育、人工繁殖和推广养殖。为了实施良种选育工作, 切实做好亲本遗传管理, 防止近交衰退的发生, 对该基地白梭吻鲈的遗传多样性进行检测显得非常必要。因此, 本研究选用微卫星分子标记对白梭吻鲈新疆野生群体以及山东和苏州2个养殖群体的遗传结构和遗传多样性进行分析, 以期为将来的亲本选育及管理工作提供基础数据。

1 材料和方法

1.1 材料

白梭吻鲈新疆野生群体样本取自新疆乌伦古湖(32尾); 山东群体取自山东临沂市郯城养殖场(32尾); 苏州群体取自苏州沙家浜东湖现代渔业养殖基地(32尾); 分别剪取各样本鱼的鳍条保存于无水乙醇中。

1.2 方法

1.2.1 基因组DNA提取与检测 基因组DNA提取参照标准酚-氯仿抽提程序进行, 采用1%的琼

收稿日期: 2016-01-26

基金项目: 江苏省科技厅项目(BY2015039-10); 常熟市科技计划项目(CN201408)。

作者简介: 韩晓飞, 1989年生, 女, 硕士研究生, 研究方向为水生动物种质资源保护与利用。E-mail: 1185527238@qq.com

通信作者: 凌去非, 1965年生, 男, 副教授, 主要从事保护生物学与水产动物育种研究。E-mail: Lingqf@suda.edu.cn

脂糖凝胶 120V 电泳 40 min 检测 DNA 质量,微量分光光度计检测 DNA 浓度,最后加水稀释至 50 ~ 100 ng/ μ L。

1.2.2 PCR 扩增及电泳条件 微卫星引物中,4 个 (SviL1, SviL6, SviL7, SviL8) 来自 Wirth 等 (1999) 从玻璃梭吻鲈中分离出的微卫星位点;2 个 (PflaL2, PflaL3) 来自 Leclerc 等 (2000) 从黄鲈 (*Perca favesens*) 中分离出的微卫星位点;4 个 (Za113a, Za113b, Za144, Za179) 来自 Dubut 等 (2010) 从大斑金吉鲈 (*Zingel asper*) 中分离出的微卫星位点;6 个 (MSL-1, MSL-2, MSL-3, MSL-4, MSL-5, MSL-6)

来自 Kohlmann 等 (2008) 从白梭吻鲈中分离出的微卫星位点;4 个 (SL57, SL148, SL174, SL195) 来自本课题组通过二代测序平台开发获得的白梭吻鲈微卫星位点。

PCR 扩增采用 20 μ L 体系:2 \times Mix 10 μ L, H₂O 7 μ L, DNA 1 μ L, 上下游引物各 1 μ L (10 μ mol/L)。PCR 扩增程序:预变性 3 min;94 $^{\circ}$ C 变性 30 s, 退火 30 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 30 s, 32 个循环;最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 5 min。各对引物的特异退火温度见表 1。扩增产物用 8% 聚丙烯酰胺凝胶电泳,内外电泳槽中各加入适量的 0.5 \times TBE 电泳缓冲液,160 V 电泳 75 min。

表 1 14 个多态微卫星位点信息

Tab. 1 Information of 14 polymorphic microsatellite loci

SSR 位点	上游引物	下游引物	重复序列	T_m
SL57	ACGTGCTCTCTCAACACCG	ACTTCCTCTCTGGCCAAC	(GT) ₈	51
SL174	CCCAGCTCTGGAAGTACGG	TGAATTGTCAGAGAACGCGG	(GTT) ₅	51
SL195	CTCCCTCCAAGGCATCCTG	AAGGCAAAGCTGCTGAACG	(CCT) ₅	58.5
SviL6	AGAGGAAGAAGAGGTATC	TTAAAGGTAAGTCCAACG	(AC) ₁₇	53
SviL7	GATGTGCATACATTTACTCC	GCTTTAATCTGCTGAGAAC	(TG) ₂₂	53
SviL8	GCTTATACGTCGTTCTTATG	ATGGAGAAGCAAGTTGAG	(TG) ₂₂	50
Za144	GCCCACAATAGCACCGTAAT	TTTGTGAATGTGAGTGAGAGTCAG	(AC) ₈	58.7
PflaL2	GTAAAGGAGAAAGCCTTAAC	TAGCATGACTGGCAAATG	(CA) ₂₃	53
MSL-1	TGTTTTGTCAGCGTCAAGAGG	TTCCGCTCCAACATATCAC	(CA) ₃₉	57
MSL-2	TTTTACACCCGTGCATGACT	ACCCTCAGCCTCTGTGTAGG	(ACGC) ₂ (AC) ₂₀ GC(AC) ₂ (ACGC) ₈ (AC) ₃ GC(AC) ₃	57
MSL-3	CCGGCATCCATACACCTTAC	CACACCTGTGTCTGCCTAACA	(CA) ₁₂	57
MSL-4	TCAAGACCCCAAGCAATC	CAGACAGCTAAGAGAACAACAGG	(CA) ₁₃ (CGCA) ₅ (CA) ₂ (CGCA) ₆ (CA) ₃	57
MSL-5	CAATCGCTCTGAGGATGTCA	AAGGGTGGGAAATTATTTCG	(GCAC) ₃ N ₅ (GCAC) N ₄ (GCAC) ₅ (AC) ₂₈	57
MSL-6	GTCGTCATCGTCAGCACAGT	ACTACACGGGACGCTGGA	(AC) ₃ (GCAC) ₃ (AC) ₂ (GCAC) ₁₁	57

1.2.3 银染方法 染色液为 1 g AgNO₃ 溶于 1 000 mL 双蒸水中溶解即得;显色液为 15 g NaOH, 10.8 mL 37% 甲醛,加双蒸水至 1 000 mL。电泳完毕,使用双蒸水洗涤 1 min, 使用 0.1% 的 AgNO₃ 溶液染色 10 min, 双蒸水洗涤 2 次,显色液显色至所有条带清晰可见为止,最后用双蒸水洗涤后用凝胶成像系统 (BIO-RAD) 拍照并分析带型。

1.3 数据处理

用凝胶成像系统软件 Image lab 分析所有等位基因片段大小,统计转化为基因型后,用 Popgene 32 软件分析各微卫星基因座的等位基因数 (N_a)、有效等位基因数 (N_e)、观测杂合度 (H_o)、期望杂合度 (H_e)、Nei 氏 (1978) 遗传距离 (D_i) 以及遗传相似系数 (I)、遗传分化系数 (F_{st}) 等遗传参数, χ^2 检验估计 Hardy-Weinberg 平衡偏离。多态信息含量 (PIC) 参考 Botstein 等 (1980) 公式计算:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^m P_i^2 - \sum_{i=1}^{m-1} \sum_{j=i+1}^m 2 P_i P_j$$

式中: m 为某一位点上等位基因数; P_i 和 P_j 为第 i 和第 j 个等位基因在群体中的频率 ($j = i + 1$)。

2 结果

2.1 微卫星引物 PCR 扩增

选取的 20 个微卫星位点中,有 14 个在 3 个群体中均表现出多态性,有 2 个位点 (Za113a, Za179) 在新疆群体中未扩增出条带,4 个位点在 1 个群体中表现为单态 (SL148 和 PflaL3 在新疆群体中表现单态, SviL1 在山东群体中表现单态, Za113b 在苏州群体中表现单态), 故舍去这 6 个位点。14 个多态位点扩增的等位基因数在 2 ~ 6, 平均为 3.6 (位点 MSL-1 的电泳结果见图 1)。平均有效等位基因数 (N_e) 为 2.7, 平均观测杂合度 (H_o) 为 0.5940, 平均期望杂合度 (H_e) 为 0.6094, 平均多态信息含量

(PIC)为0.5347(表2)。

2.2 群体遗传结构

14个多态位点在各群体中的检测结果见表3。3个群体的平均等位基因数(N_a)分别为3.36、2.57、3.10;平均观测杂合度(H_o)分别为0.5621、0.5085、0.5190;平均期望杂合度(H_e)分别为0.5467、0.4715、0.5196;平均PIC分别为0.4764、0.3931、0.4440;由此可见,各遗传参数值(N_a 、 N_e 、 H_o 、 H_e 、PIC)均表现为:新疆群体>苏州群体>山东群体。平衡检测结果表明,3个群体均有50%的位点偏离H-W平衡($P<0.05$)。

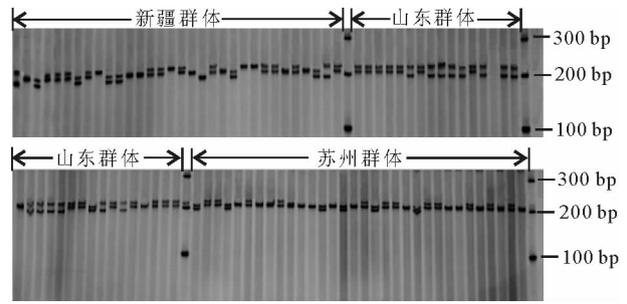


图1 位点MSL-1在3个白梭吻鲈群体中的扩增结果
Fig.1 Amplification results of microsatellite loci MSL-1 in the three pikeperch populations

表2 14个微卫星遗传多样性参数

Tab.2 Genetic diversity parameters of the 14 microsatellites loci

SSR 位点	N_a	N_e	H_o	H_e	Ave_ H_{et}	PIC	N_m	F_{st}	F_{is}
SL57	2	1.8	0.4022	0.4594	0.4308	0.3589	3.6360	0.0643	0.0640
SL174	2	2.0	0.2128	0.4970	0.4439	0.2945	2.1682	0.1034	0.5041
SL195	3	2.7	0.4731	0.6291	0.4330	0.5778	0.5600	0.3086	-0.0958
SviL6	3	2.1	0.6559	0.5339	0.4794	0.3684	2.3400	0.0965	-0.3646
SviL7	4	3.1	0.5914	0.6823	0.5148	0.1808	0.8218	0.2332	-0.1235
SviL8	6	4.1	0.9895	0.7576	0.6937	0.7124	2.9294	0.0786	-0.4260
Za144	5	4.1	0.9684	0.7613	0.6480	0.6060	1.4898	0.1437	-0.4935
PflaL2	5	2.6	0.5579	0.6141	0.5306	0.4768	1.6835	0.1293	-0.0505
MSL-1	4	3.1	0.5053	0.6850	0.6067	0.5600	2.0314	0.1096	0.1670
MSL-2	4	2.7	0.7053	0.6346	0.5984	0.3935	4.4273	0.0534	-0.1827
MSL-3	2	2.0	0.2000	0.5024	0.2792	0.3728	0.3162	0.4415	0.2887
MSL-4	3	2.7	0.2421	0.6342	0.3021	0.2583	0.2312	0.5195	0.2070
MSL-5	3	2.5	0.3789	0.6084	0.5403	0.3728	2.1137	0.1058	0.3035
MSL-6	4	3.0	0.5474	0.6657	0.5616	0.6835	1.4286	0.1489	0.0290
Mean	3.6	2.7	0.5307	0.6189	0.5045	0.4612	1.1405	0.1798	-0.0504

表3 白梭吻鲈3个群体的遗传多样性参数

Tab.3 Genetic diversity parameters of the three pikeperch populations

SSR 位点	新疆群体						山东群体						苏州群体					
	N_a	N_e	H_o	H_e	PIC	P_{H-W}	N_a	N_e	H_o	H_e	PIC	P_{H-W}	N_a	N_e	H_o	H_e	PIC	P_{H-W}
SL57	2	1.48	0.3438	0.3289	0.2713	0.7911	2	2.00	0.4286	0.5091	0.3750	0.3941	2	1.8824	0.4375	0.4762	0.3589	0.6398
SL174	2	2.00	0.0000	0.5079	0.3750	0.0000	2	1.90	0.5667	0.4808	0.3610	0.3187	2	1.5598	0.0938	0.3646	0.2945	0.0000
SL195	2	1.36	0.2500	0.2679	0.2289	0.6929	2	1.62	0.5172	0.3902	0.3099	0.0712	3	2.8724	0.6562	0.6622	0.5778	0.8684
SviL6	3	2.33	0.8065	0.5801	0.4972	0.0062	2	1.68	0.5000	0.4130	0.3236	0.2367	3	1.8568	0.6562	0.4688	0.3684	0.0380
SviL7	4	3.31	0.8438	0.7093	0.6457	0.0000	4	2.91	0.7188	0.6662	0.5884	0.4611	3	1.2349	0.1724	0.1936	0.1808	0.1166
SviL8	5	3.34	1.0000	0.7118	0.6524	0.0001	3	2.69	0.9677	0.6383	0.5552	0.0000	5	4.0394	1.0000	0.7644	0.7124	0.0000
Za144	5	2.96	1.0000	0.6726	0.6041	0.0000	4	2.63	0.9032	0.6298	0.5601	0.0029	5	2.9595	1.0000	0.6726	0.6060	0.0000
PflaL2	4	3.31	0.6250	0.7088	0.6401	0.2277	2	1.62	0.5161	0.3892	0.3096	0.0622	5	2.0460	0.5312	0.5193	0.4768	0.2776
MSL-1	4	2.12	0.5625	0.5372	0.4929	0.2401	3	2.91	0.5161	0.6668	0.5819	0.0004	3	2.7416	0.4375	0.6453	0.5600	0.0006
MSL-2	4	3.11	0.6250	0.6895	0.6237	0.0611	4	3.10	0.9355	0.6880	0.6149	0.0003	3	1.7840	0.5625	0.4464	0.3935	0.2050
MSL-3	2	1.13	0.1250	0.1190	0.1103	0.7458	2	1.29	0.0645	0.2285	0.1995	0.0000	2	1.9826	0.4062	0.5035	0.3728	0.2669
MSL-4	3	1.93	0.5938	0.4886	0.3915	0.0893	2	1.14	0.0000	0.1227	0.1134	0.0000	2	1.4382	0.1250	0.3095	0.2583	0.0005
MSL-5	3	2.86	0.4062	0.6612	0.5759	0.0012	2	1.90	0.1290	0.4823	0.3619	0.0000	2	1.9826	0.5938	0.5035	0.3728	0.3026
MSL-6	4	2.95	0.6875	0.6711	0.5972	0.0148	2	1.41	0.3548	0.2967	0.2493	0.2553	4	3.7372	0.5938	0.744	0.6835	0.0285
Mean	3.36	2.44	0.5621	0.5467	0.4729	0.1549	2.57	2.04	0.5085	0.4715	0.3516	0.2033	3.10	2.2941	0.5190	0.5196	0.4612	0.1535

2.3 群体间遗传分化与遗传距离

每个微卫星位点的固定系数值(F_{is} 、 F_{st})见表 2。群体间的遗传分化指数为 0.1798,表明 3 个白梭吻鲈群体有一定的遗传分化。

3 个群体的无偏 Nei 氏遗传距离与遗传相似系数计算结果表明,新疆群体与山东群体的遗传距离最大(0.4691),相似性最低(0.6256);山东群体与苏州群体的遗传距离最小(0.2936),相似性最高(0.7456)(表 4)。根据遗传距离,运用 UPGMA 对 3 个群体进行了聚类分析(图 2),可见山东群体和苏州群体首先聚为一枝,之后再与新疆群体聚合。

表 4 白梭吻鲈 3 个群体无偏 Nei 氏遗传距离与遗传相似系数

Tab. 4 Nei's (1978) unbiased measures of genetic distance and genetic identity among the three pikeperch populations

群体	新疆群体	山东群体	苏州群体
新疆群体	-	0.6256	0.6414
山东群体	0.4691	-	0.7456
苏州群体	0.4441	0.2936	-

注:对角线以上为群体间遗传相似系数,对角线以下为群体间遗传距离。

Note: Nei's genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal).

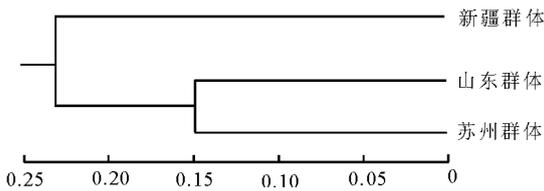


图 2 白梭吻鲈 3 个群体的 UPGMA 聚类分析

Fig. 2 UPGMA cluster analysis of Nei's (1978) unbiased measures of genetic distance and genetic identity among three pikeperch populations

3 讨论

3.1 微卫星标记的通用性与适用性

本研究使用了 14 个多态微卫星,其中 5 个是从鲈科其他物种开发得到的,9 个是从白梭吻鲈中开发得到的,它们在本研究中的扩增结果与在其他鲈科的研究结果基本相似(Wirth et al, 1999; Leclerc et al, 2000; Kohlmann et al, 2008; Dubut et al, 2010),说明这些微卫星标记在同科不同种间有一定的通用性。

Botstein 等(1980)首先提出了衡量基因变异程度高低的多元信息含量指标。PIC > 0.5 时,为高度

多态性座位;0.25 < PIC < 0.5 时,为中度多态性座位;PIC < 0.25 时,为低度多态性座位。本研究中的 14 个多态微卫星位点,1 个位点属于低度多态性位点,5 个位点属于高度多态性位点,8 个属于中度多态性位点,因此所选微卫星标记适合用于白梭吻鲈群体的遗传多样性研究。

3.2 不同区域白梭吻鲈群体的遗传多样性比较

遗传多样性是评价物种资源状况的重要依据之一,决定了物种的生存力和适应性,是优良性状选育的基础(孙效文,2010)。等位基因数、观测杂合度、期望杂合度和多态信息含量等参数均能反应群体遗传多样性水平,其数值越大,则遗传多样性越丰富(侯宁等,2007)。

在本研究中,3 个群体的平均多态信息含量为 0.4286,达到了中度多态水平,平均观测杂合度为 0.5299,平均期望杂合度为 0.5126,略低于 Gharibkhani 等(2014)调查伊朗北部里海沿岸的 4 个白梭吻鲈群体($H_o = 0.5368$, $H_e = 0.5133$),也略低于 Poulet(2009)等利用 6 个微卫星对 4 个地理群体白梭吻鲈的研究结果($H_o = 0.5312$),表明本研究中 3 个白梭吻鲈群体的遗传多样性处于中等偏低的水平;其中,新疆群体各参数值最高,山东群体各参数值最低,这可能与新疆群体为采自乌伦古湖的野生群体有关。山东省自 1995 年开始从新疆引进白梭吻鲈群体,经过多年的养殖与人工繁育,该养殖群体遗传多样性有所降低;苏州群体虽然也是人工繁育群体,由于维持有效亲本群体在 100 组以上,其遗传多样性略高于山东群体。由此可见,在白梭吻鲈繁育工作中,需要有计划地加强亲本的遗传背景检测,同时维持一定规模的亲鱼数量,如此才能保证人工繁殖子代群体遗传多样性和养殖性能,为产业的持续健康发展提供物质基础。

3.3 群体遗传分化与遗传多样性保护

遗传分化指数(F_{st})是反应亚群间遗传分化的重要指标。Wright(1978)认为 $F_{st} = 0 \sim 0.05$ 表示遗传分化很小或没有发生遗传分化, $F_{st} = 0.05 \sim 0.15$ 表示中等程度的遗传分化, $F_{st} = 0.15 \sim 0.25$ 表示发生了较大的遗传分化, $F_{st} > 0.25$ 表示发生了极大的遗传分化。本研究中,白梭吻鲈群体的遗传分化指数为 0.1798,表明 3 个白梭吻鲈群体已有一定的遗传分化。

白梭吻鲈自然群体仅分布于新疆,近年来野生资源量正不断下降。本研究发现其遗传多样性属于中度偏低水平,在广东省经过 2~3 代的人工繁殖,

其生长性能出现下降。因此,为了白梭吻鲈产业的持续发展,一方面应尽快对新疆白梭吻鲈野生群体进行保护,如设立禁捕区和禁期;同时,对于国内进行白梭吻鲈人工繁殖的企业,必须加强亲本的管理,确保有效繁殖群体不小于50,防止近交衰退现象的发生。

志谢:白梭吻鲈野生群体采样工作得到了新疆生产建设兵团农十师水产技术推广站张胜鹰和刘晓辰协助,特此志谢。

参考文献

- 侯宁,张研,鲁翠云,等,2007. 用鲤鱼 EST-SSRs 分子标记分析长江黑龙江鲤种群结构[J]. 农业生物技术学报, 15(6):947-952.
- 瞿陆峰,潘伟荣,曾养志,2010. 微卫星 DNA 标记及其应用[J]. 畜牧与饲料科学, 31(4): 6-8.
- 廖国礼,2010. 吻鲈养殖技术及市场前景浅析[J]. 海洋与渔业, (3): 48-48.
- 刘军,李周永,1995. 梭鲈鱼池塘人工繁殖试验[J]. 水产学杂志, 8(1):76-80.
- 刘禹松,2009. 珠江所梭鲈苗种培育取得新进展[J]. 中国水产, (3): 68.
- 孟庆闻,苏锦祥,缪学祖,1995. 鱼类分类学[M]. 北京:中国农业出版社.
- 孙效文,2010. 鱼类分子育种学[M]. 北京:海洋出版社.
- Bjorklund M, Aho T, Larsson L C, 2007. Genetic differentiation in pike-perch (*Sander lucioperca*): the relative importance of gene flow, drift and common history[J]. Journal of Fish Biology, 71:264-278.
- Botstein D, White R L, Skolnick M, et al, 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms[J]. American Journal of Human Genetics, 32(3): 314-331.
- Deelder C, Willemsen J, 1964. Synopsis of biological data on pike-perch *Sander lucioperca* (Linnaeus 1758) [J]. FAO Fish Synop, 28:1-52.
- Dubut V, Grenier R, Megléz E, et al, 2010. Development of 55 novel polymorphic microsatellite loci for the critically endangered *Zingel asper* L. (Actinopterygii: Perciformes: Percidae) and cross-species amplification in five other percids[J]. European Journal of Wildlife Research, 56(6): 931-938.
- Gharibkhani M, Pourkazemi M, Gilkolai S R, et al, 2014. Genetic analysis of pike-perch, *Sander lucioperca* L., populations revealed by microsatellite DNA markers in Iran[J]. Caspian Journal of Environmental Sciences, 12(1): 99-108.
- Kapuscinski A, Miller L, 2000. DNA Based Markers for the Assessment of Genetic Population Structure in Yellow Perch [R]. Project Completion Report to the Great Lakes Fishery Commission, St. Paul, MN.
- Kohlmann K, Kersten P, 2008. Isolation and characterization of nine microsatellite loci from the pike-perch, *Sander lucioperca* (Linnaeus, 1758) [J]. Molecular Ecology Resources, 8(5): 1085-1087.
- Leclerc D, Wirth T, Bernatchez L, 2000. Isolation and characterization of microsatellites in yellow perch (*Perca flavescens*), and cross-species amplification within the family Percidae[J]. Molecular Ecology Notes, (9): 995-997.
- Nei M, 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals[J]. Genetics, 89(3): 583-590.
- Poulet N, Balaesque P, Aho T, et al, 2009. Genetic structure and dynamics of a small introduced population: the pike-perch, *Sander lucioperca*, in the Rhone delta[J]. Genetics, 135(1): 77-86.
- Svardson G, Molin G, 1973. The impact of climate on Scandinavian populations of the zander (*Stizostedion lucioperca* L.) [J]. Inst Freshw Res Drottningholm Rep, 53:112-139.
- Wirth T, Saint-Laurent R, Bernatchez L, 1999. Isolation and characterization of microsatellites in walleye (*Stizostedion vitreum*), and cross-species amplification within the family Percidae[J]. Molecular Ecology, (8): 1960-1962.
- Wright S, 1978. Evolution and the genetics of populations. Variability within and among natural populations[M]. University of Chicago Press, Chicago, Vol. 4.
- Zipfel K J, 2006. The distribution and status of native walleye (*Sander vitreus*) stocks in the west Virginia[D]. Ohio University USA.

(责任编辑 万月华)

Genetic Structure Analysis of Three Pikeperch (*Sander lucioperca*) Populations by Microsatellite Markers

HAN Xiao-fei, LING Qu-fei, LI Cai-juan, XU Zheng-chao, WANG Guo-cheng

(School of Preclinical Medicine and Life Science, Soochow University, Suzhou 215123, P. R. China)

Abstract: The pikeperch (*Sander lucioperca*) is an economically important fresh water fish with desirable characteristics: strong disease-resistance, fast growth, good taste and high protein content. Currently, artificial breeding, seed breeding and culturing of *Sander lucioperca* is carried out in seven Chinese provinces since artificial breeding was first accomplished in 1993. To prevent inbreeding and lay the foundation for genetic breeding of this species, 20 microsatellite markers were used to investigate the genetic structure of three pikeperch populations: a wild population from Xinjiang and two cultured populations from Shandong and Jiangsu. The wild *Sander lucioperca* were obtained from Ulungur Lake in Fuhai County, Xinjiang, and the two cultured populations were obtained from aquaculture farms in Linyi, Shandong and Suzhou, Jiangsu, with 32 specimens from each population. From among the 20 microsatellite primers, 18 loci were successfully amplified with 14 polymorphic loci for the three populations. Genetic diversity in the three populations was in the medium to low range, based on the following criteria: number of alleles per locus (2–6, avg = 3.6), average number of alleles (2.57–3.36), average observed heterozygosity (H_o , 0.5085–0.5621), average expected heterozygosity (H_e , 0.4715–0.5467) and average polymorphic information content (PIC, 0.3931–0.4764). The order of genetic diversity in the three populations is Xinjiang > Suzhou > Shandong. The genetic differentiation coefficient (F_{st}) of the three populations was 0.1798. The largest genetic distance was between Xinjiang population and Shandong population with the genetic distance of 0.4691, with a smaller difference, 0.2936, between the Shandong and Suzhou populations. UPGMA cluster analysis of the three pikeperch populations shows that the Shandong and Suzhou populations first clustered into one group and then clustered with the Xinjiang population. Our research suggests that monitoring the genetic background and maintaining large parent populations are necessary to ensure genetic diversity in artificial *Sander lucioperca* populations and promote the sustainable development of *Sander lucioperca* aquaculture.

Key words: *Sander lucioperca*; microsatellite markers; genetic structure