

# 基于线粒体 Cyt b 基因序列的洞庭湖河蚬遗传多样性分析

王剑平, 朱鹏飞, 王健, 桂雨婷, 李德亮

(湖南农业大学动物科学技术学院, 水产高效健康生产湖南省协同创新中心,  
湖南省特色水产资源利用工程技术研究中心, 湖南长沙 410128)

**摘要:**研究洞庭湖不同地理群体河蚬的遗传多样性和遗传结构,为其资源合理开发和有效保护提供参考。在6个样点共采集河蚬126只,以线粒体细胞色素b基因部分序列为分子标记,分析扩增与测序后基因序列的单倍型及多样性、核苷酸多样性,计算群体间遗传分化指数等。获得长531 bp的序列片段,共检出5种单倍型,变异位点10个;平均单倍型多样性和核苷酸多样性分别为0.559和0.006。6个河蚬群体间的遗传距离为0.006~0.007;遗传分化指数和AMOVA分析显示,河蚬群体间遗传分化低,遗传变异主要来自群体个体内。最大似然法构建的系统进化树中,单倍型DTH1和DTH5聚为一支,DTH2、DTH3、DTH4聚为另一支。中性检验结果显示洞庭湖河蚬群体相对稳定,没有经历过瓶颈效应和突然的群体萎缩等历史事件。洞庭湖6个河蚬群体间不存在显著的遗传差异,可将其作为一个整体进行管理和保护。

**关键词:**河蚬;线粒体细胞色素b;遗传多样性;遗传结构;洞庭湖

**中图分类号:**Q347   **文献标志码:**A   **文章编号:**1674-3075(2018)05-0089-06

河蚬(*Corbicula fluminea*)属瓣鳃纲(Lamellibranchia)、真瓣鳃目(Eulamellibranchia)、异齿亚目(Heterodonta)、蚬科(Corbiculidae)、蚬属(*Corbicula*),喜在底质为砂、泥砂或砂泥的江河、湖泊、池沼、沟渠等中营底栖生活(刘月英等,1979)。河蚬具有丰富的营养价值和药用价值,是禽畜类及鱼类的天然饵料,亦是人类重要的副食品和中药材(蔡如星等,1991),长期以来深受我国东南沿海、日本和韩国民众的喜爱(Liao et al., 2013)。近年来河蚬因其在国内外市场的需求量逐渐增长,经济价值逐渐上升,故而被大量的捕捞(周会等,2011; Zhu et al., 2017)。过度捕捞加上栖息环境破坏导致河蚬的天然资源量逐渐减少(刘燕山等,2017),严重制约了该产业的可持续发展,亟待加强对河蚬资源的有效保护。

洞庭湖位于湖南省北部,长江荆江河段以南,是我国第2大淡水湖,湖中蕴藏着丰富的河蚬资源(舒凤月等,2014; 王丑明等,2016)。目前,国内有

关河蚬的研究大多集中在其时空分布、营养价值评定及重金属富集等方面(刘敏等,2008; 李德亮等,2013; 皮杰等,2013),关于其遗传多样性的研究相对较少,仅见于洪泽湖。已有的研究分别采用微卫星、细胞色素氧化酶亚基(CO I)和细胞色素b(Cyt b)分子标记分析了洪泽湖河蚬的遗传多样性和群体遗传结构(丁怀宇等,2011; 李大命等,2015, 2017; Zhu et al., 2017),而有关洞庭湖河蚬的遗传多样性尚未见报道。

线粒体DNA(Mitochondrial DNA, mtDNA)具有结构简单、遵循母系遗传、不易发生基因重组且进化速度比核基因快等特点,是研究动物遗传学和系统发育的理想分子标记,已广泛应用于水生动物的种群分析研究(Gomes et al., 2016; Liu et al., 2016)。其中,线粒体细胞色素b基因进化速度适中,容易使用通用引物扩增和测序,被认为是研究物种资源状况和遗传结构的理想分子标记之一(孙鹏等,2011; 董丽娜等,2012)。本研究以线粒体Cyt b基因为分子标记,分析比较洞庭湖6个不同地理群体河蚬的遗传多样性和遗传结构,为其资源合理开发和有效保护提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 河蚬

河蚬于2016年12月采自西洞庭湖和南洞庭湖6个样点,共126只,采集地点见图1。

收稿日期:2017-08-23 修回日期:2018-05-25

基金项目:国家自然科学基金项目(31772832);国家公益性行业(农业)科研专项(201503108)。

作者简介:王剑平,1993年生,男,硕士研究生,研究方向为水生生物资源与环境。E-mail:853090078@qq.com

通信作者:李德亮,男,博士,教授,研究方向为渔业资源与环境。E-mail:lideliang80@aliyun.com

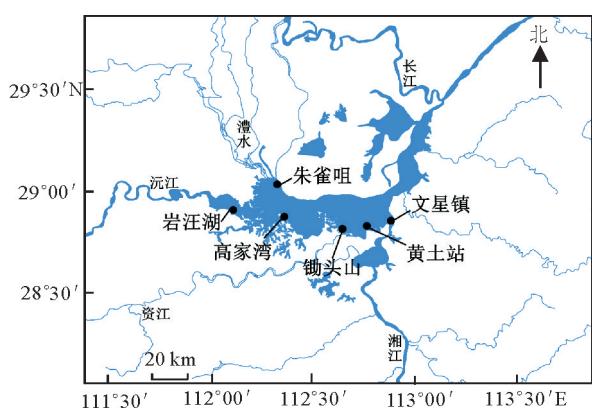


图1 洞庭湖河蚬采集地点

Fig.1 *Corbicula fluminea* sampling sites  
in Dongting Lake

## 1.2 DNA的提取与检测

采用海洋动物组织基因组DNA提取试剂盒(TIANamp Marine Animals DNA Kit)提取河蚬外套膜组织基因组DNA后,使用核酸蛋白仪(Eppendorf, 德国)测定DNA的OD值,确定DNA浓度,再用1%琼脂糖凝胶电泳检测DNA质量,剩余样品DNA于-20℃保存备用。

## 1.3 PCR扩增与测序

序列扩增通用引物为CBF6(5'-CAAGCTTTGATTCTGTTCACATT-3')和CBR6(5'-TAGGAATCCTACGCAAAAT-AGAATAAGC-3')(Yamada et al, 2010)。PCR反应体积共50 μL,其中,ddH<sub>2</sub>O 36.5 μL、10×Taq Buffer 5 μL、引物(10 μmoL/L)各1 μL、DNA模板2 μL、dNTP 4 μL、E×Taq DNA聚合酶0.5 μL。PCR反应条件为94℃预变性2 min, 94℃变性1 min, 54℃退火45 s, 72℃延伸2 min, 35个循环

后,72℃延伸5 min。目标扩增产物经1%琼脂糖凝胶电泳检测、琼脂糖凝胶DNA回收试剂盒(TIANgel Midi Purification Kit)纯化后,送武汉奥科鼎盛生物科技有限公司测序。

## 1.4 数据处理及分析

测序所得线粒体Cyt b基因序列经由Geneious 11.0软件编辑、排序和手动校对。采用MEGA 6.0软件计算序列碱基的组成、变异位点数及群体间遗传距离。利用DnaSP 5.0软件计算序列的单倍型、群体的单倍型多样性( $H_d$ )和核苷酸多样性( $\pi$ )。应用Arlequin 3.5软件计算群体间遗传分化指数( $F_{st}$ ),并进行分子方差分析(AMOVA)和中性检验。以三角帆蚌Cyt b序列(GenBank登录号:HM347668)为外类群,采用MEGA 6.0软件构建单倍型的最大似然树(ML)(1 000次重复抽样)。

## 2 结果

### 2.1 河蚬群体遗传多样性

6个群体126只河蚬线粒体Cyt b基因序列排序、校对和剪辑后,获得长531 bp的序列片段。126条序列中共检出5种单倍型,即DTH1、DTH2、DTH3、DTH4、DTH5(GenBank登录号:MG546299、MG546300、MG546301、MG546302、MG546303),其中DTH4为黄土站群体独享单倍型,DTH1、DTH2、DTH3、DTH5均为共享型单倍型(图2)。单倍型DTH1和DTH2在6个群体中均有分布,在所有样本中占比分别为55.50%(70/126)和36.50%(46/126)。

6个河蚬群体的遗传多样性见表1。

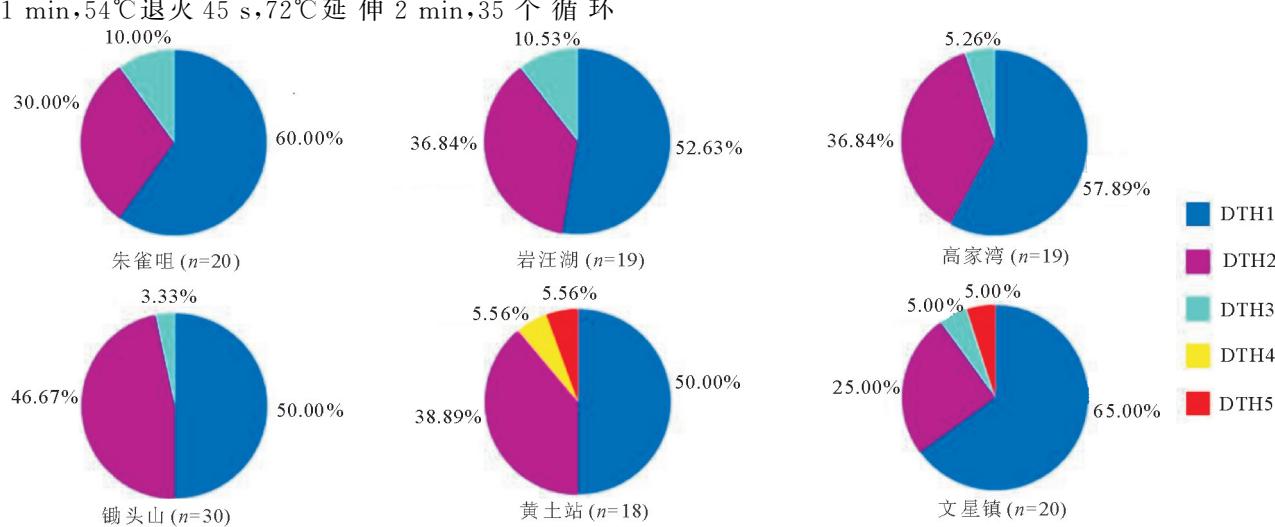


图2 5种单倍型在6个河蚬群体中分布

Fig.2 Distribution of the five haplotypes in six *Corbicula fluminea* populations

表 1 洞庭湖 6 个河蚬群体的遗传多样性

Tab.1 Genetic diversity of the six *Corbicula fluminea* populations in Dongting Lake

群体	T/ %	C/ %	A/ %	G/ %	变异位点/ 个	单倍型 多样性 $H_d$	核苷酸 多样性 $\pi$	平均核苷 酸差异数
岩汪湖	24.40	18.80	46.10	10.70	8	0.608±0.070	0.007±0.000	3.883
高家湾	24.40	18.80	46.00	10.80	8	0.556±0.073	0.006±0.000	3.707
朱雀咀	24.30	18.80	46.10	10.80	8	0.568±0.086	0.007±0.000	3.726
文星镇	24.30	18.80	46.10	10.80	9	0.537±0.104	0.006±0.001	3.294
锄头山	24.40	18.70	46.10	10.80	8	0.549±0.038	0.006±0.000	3.687
黄土站	24.40	18.70	46.10	10.80	9	0.627±0.073	0.007±0.000	3.882
总计	24.40	18.80	46.00	10.80	10	0.559±0.027	0.006±0.000	3.609

所有序列中, T、C、A 和 G 4 种碱基平均含量分别为 24.40%、18.80%、46.00% 和 10.80%; 变异位点 10 个, 约占全序列片段的 1.88%, 其中文星镇和黄土站群体变异位点均为 9 个, 其他 3 个群体均为 8 个。所有河蚬的平均单倍型多样性、核苷酸多样性和核苷酸差异数分别为 (0.559±0.027)、(0.006±0.000) 和 3.609(表 1)。黄土站群体的单倍型多样性最高 ( $0.627 \pm 0.073$ ), 文星镇群体最低 ( $0.537 \pm 0.104$ ); 岩汪湖、朱雀咀和黄土站群体的平均核苷酸多样性均为 0.007, 其他 3 个群体为 0.006; 岩汪湖群体平均核苷酸差异数最高 (3.883), 文星镇群体最低 (3.294)。

## 2.2 河蚬群体遗传结构

洞庭湖 6 个河蚬群体间的遗传距离和遗传分化系数分别为  $0.006 \sim 0.007$  和  $-0.053 \sim 0.036$  ( $P > 0.05$ ) (表 2)。AMOVA 分析结果显示, 6 个河蚬群体内遗传变异为 102.745%, 而群体间遗传变异为 -2.745% (表 3)。

表 2 洞庭湖 6 个河蚬群体间的遗传距离和遗传分化系数

Tab.2 Estimates of pairwise genetic distance and the fixation index among the six *Corbicula fluminea* populations in Dongting Lake

群体	岩汪湖	高家湾	朱雀咀	文星镇	锄头山	黄土站
岩汪湖	-0.038	-0.010	-0.046	-0.053	-0.050	
高家湾	0.006		0.036	-0.022	-0.032	-0.042
朱雀咀	0.007	0.007		-0.029	-0.021	0.009
文星镇	0.006	0.006	0.006		-0.052	-0.043
锄头山	0.007	0.007	0.006	0.006		-0.049
黄土站	0.006	0.007	0.006	0.006	0.006	

注: 显著水平均为  $P < 0.05$ 。对角线下为遗传距离, 对角线上为遗传分化系数。

Note: All the significances are  $P < 0.05$ , data below the diagonal are genetic distances, above fixation index.

以三角帆蚌 Cyt b 作为外类群构建的 ML 树中, 5 种单倍型聚为 2 支: 单倍型 DTH2、DTH3、DTH4 聚为一支, DTH1 和 DTH5 聚为另一支 (图 3)。

表 3 洞庭湖 6 个河蚬群体的 AMOVA 分析

Tab.3 ANOVA for the six *Corbicula fluminea* populations in Dongting Lake

变异来源	自由度	平方和	方差组成	变异比/%
种群间	5	4.089	-0.049	-2.745
种群内	120	221.482	1.845	102.745
总体	125	225.571	1.796	

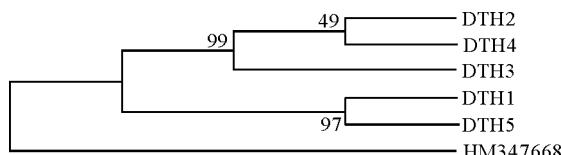


图 3 洞庭湖河蚬 5 种单倍型的 ML 系统进化树

Fig.3 ML phylogenetic tree for the five *Corbicula fluminea* haplotypes in Dongting Lake

## 2.3 河蚬群体历史动态

6 个河蚬群体中性检验 Tijima's  $D$  值在  $1.027 \sim 2.509$ , Fu's  $F_s$  值在  $3.567 \sim 7.234$ , 差异均不显著 ( $P > 0.05$ )。将 6 个群体作为一个整体进行中性检验, 其 Tijima's  $D$  值和 Fu's  $F_s$  值分别为 2.356 ( $P > 0.05$ ) 和 7.752 ( $P > 0.05$ ) (表 4)。

表 4 洞庭湖 6 个河蚬群体的中性检验结果

Tab.4 Neutral tests of the six *Corbicula fluminea* populations in Dongting Lake

群体	Tijima's $D$		Fu's $F_s$	
	$D$	$P$	$D$	$P$
岩汪湖	2.382	0.995	6.027	0.989
高家湾	2.119	0.985	5.781	0.985
朱雀咀	2.199	0.994	5.973	0.980
文星镇	1.027	0.829	3.567	0.948
锄头山	2.509	0.993	7.234	0.991
黄土站	1.714	0.963	3.976	0.958
总计	2.356	0.988	7.752	0.976

## 3 讨论

本研究综合分析了洞庭湖 6 个不同地理群体河蚬 Cyt b 基因部分序列 (531 bp), 其中 T、C、A 和 G 4 种碱基平均含量分别为 24.40%、18.80%、46.00% 和 10.80%, A+T 的含量 (70.40%) 高于 C+G 的含

量(29.60%)。洪泽湖河蚬线粒体 CO I 序列中 A+T 含量(65.00%)也高于 C+G 含量(35.00%)(李大命等, 2015)。因此, 本研究结果再次证明河蚬线粒体 DNA 序列碱基组成不均一, 具有很强的偏倚性(Avise et al, 2000; 李大命等, 2015)。

物种的遗传多样性是生物长期进化的产物, 是其生存适应和发展进化前提, 遗传多样性的高低与物种的生存能力和进化潜力密切相关。遗传多样性越高或遗传变异越丰富, 物种对环境变化的适应能力就越强, 越容易扩展其分布范围和开拓新的环境, 反之则会引发物种适应能力降低、有害隐性基因表达增加等现象, 最终导致该物种退化(Grant et al, 1998; 宋娜等, 2011)。单倍型多样性和核苷酸多样性是衡量物种遗传多样性的两个重要指标(Houki et al, 2011)。本研究在 126 只洞庭湖河蚬的 Cyt b 基因序列中共发现 5 个单倍型和 10 个变异位点, 平均单倍型多样性和核苷酸多样性分别为 0.559 和 0.006, 呈现较低的群体遗传多样性水平。此外, 本研究结果与以 Cyt b 为分子标记所计算的洪泽湖河蚬种群(Zhu et al, 2017)的平均单倍型多样性(0.569)相似, 高于其核苷酸多样性(0.002); 但均低于以 CO I 为分子标记所计算的洪泽湖河蚬(李大命等, 2015)的单倍型多样性(0.889)和核苷酸多样性(0.044)。这种差异或许是由于分子标记和/或环境条件不同所造成的。

遗传距离是衡量种群多态程度的一个重要指标, 值越大多态程度就越高(陈大庆等, 2006)。本研究洞庭湖 6 个河蚬群体间遗传距离为 0.006~0.007, 处于 Kartavtsev 等(2011)提出的 Cyt b 基因在种群间的基因遗传距离水平范围(0.005~0.015)内。AMOVA 分析结果显示, 洞庭湖河蚬群体间遗传分化系数较小, 为 -0.053~0.036, 且差异均不显著( $P>0.05$ ), 群体内遗传变异较高(102.745%), 而群体间遗传变异较低(-2.745%)。该研究结果说明洞庭湖 6 个河蚬群体间的多态性较低, 遗传变异主要来自群体个体内, 群体间的遗传分化较小, 可将其作为一个整体进行管理和保护。地理隔离或同一水域中存在限制基因交流的栖息环境是造成物种种群分化的重要原因。洞庭湖是典型的过水性吞吐湖泊, 南蓄湘、资、沅、澧四水, 北纳长江松滋、太平和藕池三口入水, 经岳阳城陵矶流入长江, 湖水更新、交换十分频繁, 而河蚬幼体又具备被动地随水流长距离迁徙的能力(Sousa et al, 2008), 因此, 推测开放的水域特征是造成湖区河蚬群体间基因交流频繁、

群体遗传分化较低的重要原因之一。

单倍型 ML 系统进化树中, 5 种单倍型聚为 2 支, 表明本研究所分析的河蚬可能存在 2 个种。尽管如此, 将具有单倍型 DTH2、DTH3、DTH4(进化树上支)的河蚬( $n=54$ )和具有单倍型 DTH1 和 DTH5(进化树下支)的河蚬( $n=72$ )作为 2 个群体进行群体间形态参数的一元方差分析, 显示壳长、壳高、壳宽、壳高/壳长、壳宽/壳长和壳宽/壳高之间均无显著性差异( $P>0.05$ ), 这与 Wang 等(2014)在大通湖河蚬中的研究结果一致, 同样也说明即使分析所用河蚬存在 2 个种, 两者之间也无法仅仅依据形态特征容易地进行区分。此外, 大量研究也证实, 蚬属贝类形态的高度可塑性(Park et al, 2003)导致基于传统形态特征的蚬属分类体系存在问题, 而生殖特征的复杂多样性(Pignuer et al, 2014)尤其专性雄性生殖易造成的子代细胞质与细胞核基因组错配(Houki et al, 2011), 使得联合采用基于线粒体和细胞核基因条形码的系统分类方法、结合形态特征分析被认为是厘定蚬属分类的最有效方法(Gomes et al, 2016; Penarrubia et al, 2017)。因此, 洞庭湖蚬属贝类的系统分类问题还有待于进一步研究。

洞庭湖 6 个河蚬群体的 Tijima's *D* 和 Fu's *Fs* 中性检验结果均为非显著性正值(2.356 和 7.752)( $P>0.05$ ), 说明洞庭湖河蚬群体可能相对稳定, 没有经历过瓶颈效应和突然的群体萎缩等历史事件。

**志谢:**感谢湖南农业大学曾聪博士在数据分析方面提供的指导和帮助。

## 参考文献

- 蔡如星, 黄惟灏, 刘月英, 等, 1991. 浙江动物志: 软体动物 [M]. 杭州: 浙江科学技术出版社: 235.
- 陈大庆, 张春霖, 鲁成, 等, 2006. 青海湖裸鲤繁殖种群线粒体 D-loop 基因组区序列多态性[J]. 中国水产科学, 13(5): 800~806.
- 丁怀宇, 姜虎成, 冯建彬, 等, 2011. 河蚬微卫星引物筛选及洪泽湖野生群体遗传结构分析[J]. 水产学报, 35(11): 1624~1632.
- 董丽娜, 黄梓荣, 李永振, 等, 2012. 南海金线鱼属 *Nemipterus* 鱼类 CO I 和 Cyt b 基因片段的比较分析 [J]. 中国水产科学, 19(2): 355~363.
- 李大命, 张彤晴, 唐晟凯, 等, 2015. 基于线粒体 CO I 序列的洪泽湖河蚬(*Corbicula fluminea*)遗传多样性和种群结构分析[J]. 海洋与湖沼, 46(6): 1339~1346.

- 李大命, 张彤晴, 唐晟凯, 等, 2017. 洪泽湖河蚬(*Corbicula fluminea*)2种表型群体的遗传变异分析[J]. 渔业科学进展, 38(4):111–117.
- 李德亮, 张婷, 肖调义, 等, 2013. 湖南省大通湖河蚬(*Corbicula fluminea*)现存量及其时空分布[J]. 湖泊科学, 25(5):743–748.
- 刘敏, 熊邦喜, 2008. 河蚬的生态习性及其对重金属的富集作用[J]. 安徽农业科学, 36(1):221–224.
- 刘燕山, 张彤晴, 唐晟凯, 等, 2017. 洪泽湖河蚬种群生长方程估算及其应用[J]. 水生态学杂志, 38(4):82–89.
- 刘月英, 张文珍, 王跃先, 1979. 中国经济动物志: 淡水软体动物[M]. 北京: 科学出版社: 119–123.
- 皮杰, 王桂萍, 吕子君, 等, 2013. 大通湖河蚬软体部分营养成分分析与评价[J]. 水生态学杂志, 34(5):87–90.
- 舒凤月, 王海军, 崔永德, 等, 2014. 长江流域淡水软体动物物种多样性及其分布格局[J]. 水生生物学报, 38(1):19–26.
- 宋娜, 宋林, 高天翔, 等, 2011. 斑尾复虾虎鱼群体遗传多样性比较分析[J]. 水产学报, 35(3):322–324.
- 孙鹏, 尹飞, 彭士明, 等, 2011. 条石鲷线粒体 CO I 和 Cyt b 序列的遗传变异分析[J]. 水产学报, 35(3):327–333.
- 王丑明, 张屹, 石慧华, 等, 2016. 洞庭湖大型底栖动物群落结构和水质评价[J]. 湖泊科学, 28(2):395–404.
- 周会, 刘丛强, 同慧, 等, 2011. 中国主要流域河蚬 [*Corbicula fluminea* (Müller, 1774)] 形态及其对环境的适应性[J]. 生态学杂志, 30(7):1497–1503.
- Avise, JohnC, 2000. Phylogeography: the history and formation of species[J]. Harvard University Press, 41(4): 134–135.
- Gomes C, Sousa R, Mendes T, et al, 2016. Low genetic diversity and high invasion success of *Corbicula fluminea* (Bivalvia: Corbiculidae) (Müller, 1774) in Portugal[J]. Plos One, 11(7):e0158108.
- Grant W, Bowen B, 1998. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation[J]. Journal of Heredity, 89(5):415–426.
- Houki S, Yamada M, Honda T, et al, 2011. Origin and possible role of males in hermaphroditic androgenetic *Corbicula* clams[J]. Zoological Science, 28(7):526–531.
- Kartavtsev Y, 2011. Divergence at Cyt b and CO I mtDNA genes on different taxonomic levels and genetics of spe- ciation in animals[J]. Mitochondrial DNA, 22(3):55.
- Liao N, Chen S, Ye X, et al, 2013. Antioxidant and anti-tumor activity of a polysaccharide from freshwater clam, *Corbicula fluminea*[J]. Food & Function, 4(4): 539–548.
- Liu G, Zhou L, 2016. Population genetic structure and molecular diversity of the red swamp crayfish in China based on mtDNA CO I gene sequences[J]. Mitochondrial DNA Part A DNA Mapping Sequencing & Analysis, 28(6):1–7.
- Park J, Kim W, 2003. Two *Corbicula* (Corbiculidae: Bivalvia) mitochondrial lineages are widely distributed in Asian freshwater environment[J]. Molecular Phylogenetics & Evolution, 29(3):529–539.
- Penarrubia L, Araguas R, Vidal O, et al, 2017. Genetic characterization of the Asian clam species complex (*Corbicula*) invasion in the Iberian Peninsula [J]. Hydrobiologia, 784(1):1–17.
- Pigneur L, Etoundi E, Aldridge D, et al, 2014. Genetic uniformity and long-distance clonal dispersal in the invasive androgenetic *Corbicula* clams[J]. Molecular Ecology, 23(20):5102–5116.
- Sousa R, Antunes C, Guilhermina L, 2008. Ecology of the invasive Asian clam *Corbicula fluminea* (Müller, 1774) in aquatic ecosystems: an overview[J]. Annales de Limnologie—International Journal of Limnology, 44(2):85–94.
- Wang G, Zhang T, Zhang J, et al, 2014. Morphological and molecular differentiation of genus *Corbicula* suggests that two species are sympatrically distributed in Datong Lake in the Central Yangtze River Basin[J]. Zoological Studies, 53(1):64.
- Yamada M, Ishibashi R, Kawamura K, et al, 2010. Interrelationships of the freshwater clams *Corbicula leana* Prime, 1864 and *Corbicula fluminea* (Müller, 1774) distributed in Japan inferred from shell type and 11 mitochondrial DNA Cyt b region[J]. Nippon Suisan Gakkaishi, 76(5):926–932.
- Zhu C, Jin L, Xie S, et al, 2017. Genetic diversity analysis of Asian clam *Corbicula fluminea* in the Hongze Lake based on mitochondrial cytochrome b gene[J]. Mitochondrial DNA Part A DNA Mapping Sequencing & Analysis, 29(3):1–8.

(责任编辑 张俊友)

## Genetic Diversity Analysis of *Corbicula fluminea* in Dongting Lake Based on the Mitochondrial Cyt b Gene

WANG Jian-ping, ZHU Peng-fei, WANG Jian, GUI Yu-ting, LI De-liang

(Collaborative Innovation Center for Efficient and Health Production of Fisheries in Hunan Province, Hunan Engineering Technology Research Center of Featured Aquatic Resources Utilization, College of Animal Science and Technology, Hunan Agricultural University, Changsha 410128, P.R.China)

**Abstract:** In order to better utilize and preserve the *Corbicula fluminea* reserves in Dongting Lake, the genetic diversity and structure of *C. fluminea* from six geographical locations were examined using the partial mitochondrial cytochrome b (Cyt b) sequence (531 bp) as the genetic marker. Ten mutations and 521 conservative loci were detected in the Cyt b gene fragments from 126 *C. fluminea* and five haplotypes were identified (DTH1-5). The mean haplotype diversity and nucleotide diversity were 0.559 and 0.006, respectively. The genetic distance among the six *C. fluminea* populations ranged from 0.006 to 0.007. Analysis of the fixation index and molecular variance (AMOVA) showed that the genetic variance was primarily from variation among individuals within populations and there was no significant genetic difference among populations. In the ML phylogenetic tree, the five haplotypes were classified into two clades; the combination of DTH1 and DTH5 form one clade and DTH2-4 the other. The neutral test indicates that the *C. fluminea* population in the Dongting Lake is relatively stable and has not experienced events such as the bottleneck effect or sudden group atrophy. The results, taken together, show that genetic differences among the six populations are insignificant and *C. fluminea* in the Dongting Lake should be managed and protected as a whole.

**Key words:** *Corbicula fluminea*; Cyt b; genetic diversity; genetic structure; Dongting Lake