

doi: 10.7541/2022.2021.0382

基于Cytb和ITS1基因的两种不同体型湘华鲮遗传差异研究

符文^{1,2} 楚贤斌^{1,2} 刘文彬^{1,2} 彭亮跃^{1,2} 梁志强³ 李传武^{3*} 肖亚梅^{1,2*}

(1. 省部共建淡水鱼类发育生物学国家重点实验室, 长沙 410081; 2. 湖南师范大学生命科学学院, 长沙 410081;
3. 湖南省水产科学研究所, 长沙 410153)

摘要: 研究采用Cytb和ITS1基因序列作为分子标记对平背型和高背型湘华鲮的遗传差异进行分析。研究结果表明, 基于Cytb与ITS1基因序列, 高背型和平背型湘华鲮在碱基组成上均表现出偏向性, 且呈现出高单倍型多样性和低核苷酸多样性的特征。遗传距离分析和NJ系统树构建的结果表明, 两种不同体型湘华鲮遗传分化程度低, 未达到种群分化的水平。综上所述, 高背型和平背型属于同一个种群。研究结果丰富了湘华鲮分子生物学数据, 为湘华鲮种质资源保护及产业发展提供了理论依据。

关键词: Cytb基因; ITS1基因; 高背型; 遗传多样性; 湘华鲮

中图分类号: Q346+.5 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-3207(2023)05-0803-06



湘华鲮*Sinilabeo decorus tungting* (Nichols)隶属于鲤形目, 鲤科, 华鲮属。湘华鲮个体大、肉质细嫩、营养价值高, 是湖南特有的一种大型野生经济鱼类^[1]。然而由于过度捕捞, 水域污染和环境破坏, 湘华鲮种群数量急剧减少, 野生资源现状已为濒危等级。为了有效地保护和开发利用湘华鲮种质资源, 在湘华鲮肌肉营养、血液生理生化状态、消化系统和性腺发育等方面开展了大量工作^[1-5], 并成功突破湘华鲮人工繁育技术^[6]。在湘华鲮驯养和亲本培育实践中, 发现野生湘华鲮群体中除平背体型外, 还观察到存在体型差异较大的高背类型。目前尚未见高背型湘华鲮相关的研究报道。

分子标记对于研究物种内的遗传多样性及近缘种间亲缘关系起着关键性的作用^[7]。Cytb是线粒体上编码细胞色素b的基因, 是一种遗传结构和遗传多样性分析的良好遗传标记。在线粒体编码基因中Cytb基因在结构和功能上被了解得最为清晰, Cytb基因进化速率适中, 包含着从种内到种间的较强进化信号, 且具有一定保守性, 能通过一些通用引物扩增和验证^[8-10]。ITS1是分布于18S和5.8S之间的基因内转录间隔区域, 是基因组中变异性较大的序列之一, 在遗传结构及近缘种间亲缘关系研究

中表现出较高的趋异性^[11-13]。因此, Cytb和ITS1基因序列是被广泛应用于近缘种间的亲缘关系和物种内的遗传多样性研究的两个重要的分子标记。为探究湘华鲮种群遗传特征, 本研究采用Cytb和ITS1基因序列作为分子标记, 对两种不同体型湘华鲮的遗传差异进行分析, 丰富湘华鲮分子生物学数据, 为进一步推进湘华鲮产业发展奠定理论基础。

1 材料与方法

1.1 样本采集

研究所用样本采自湖南省怀化市洪江区横岩库区湘华鲮保育点, 其中高背型8尾, 平背型16尾。剪取尾鳍, 液氮冷冻后带回实验室-80℃保存。

1.2 形态特征分析

对取材的24尾野生湘华鲮的可量性状和可数性状进行分析。可量性状包括对体重、全长的测量, 可数性状包括对背鳍、腹鳍和臀鳍数量及侧线上鳞和侧线下鳞数量的测定。

1.3 基因组DNA提取和目的片段的扩增、纯化和测序

采用DNA提取试剂盒(OMEGA)提取总基因组DNA, 并使用酶标仪(SYNERGY2)以检测OD值

收稿日期: 2021-12-11; 修订日期: 2022-09-09

基金项目: 湖南省科技重点计划项目 (2016NK2177)资助 [Supported by the Key Science and Technology Project of Hunan Province (2016NK2177)]

作者简介: 符文(1991—), 男, 博士; 研究方向为鱼类繁殖生物学和种质改良。E-mail: fuwen@hunnu.edu.cn

通信作者: 李传武, 研究员; E-mail: lichuanwu1219@126.com 肖亚梅, 教授; E-mail: yameix@hunnu.edu.cn *共同通信作者

(260/280)评估DNA质量, DNA置于-20℃冰箱保存备用。通过Oligo 7.0软件设计扩增引物: *Cytb*-primers (F: 5'-ATGGCAAGCCTACGAAAAAC-3', R: 5'-AAGCTCATTCTAGTGCTTT-3'), *ITS1*-primers (F: 5'-CGTAACAAGGTTTCCGTAGGT-3', R: 5'-AGTGATCCACCGCTAAGAGTT-3'); PCR扩增反应体系为: 10 μL LA *Taq*聚合酶(TaKaRa), 2 μL DNA模板(100 ng/μL), 正反引物各1 μL(10 μmol/L), 然后加DEPC水至终体积20 μL。PCR反应程序如下: 94℃预变性min; 94℃变性3s, 退火30s(*Cytb*与*ITS1*片段的退火温度分别为52℃和60℃), 72℃延伸40s, 共35个循环; 最后72℃延伸7min。PCR产物用1.5%琼脂糖凝胶电泳检测, 再使用凝胶纯化试剂盒(OMEGA)进行纯化回收, 目的片段进行测序分析。

1.4 数据分析

使用MEGA-X软件中的ClustalW程序将测序结果进行对位排序, 并用Kimura双参数法计算不同体型湘华鲮间的遗传距离, 同时计算湘华鲮中*ITS1*序列和*Cytb*基因序列碱基的转换颠换比。使用邻近距离法(NJ)构建系统进化树, 同时用自举检验估计系统树中节点的置信度。用Dnasp 5软件计算各体型湘华鲮的核苷酸多样性和单倍型多样性。单倍型网络图使用PopART绘制, 适用于分析种内数据的Median joining network方法。

2 结果

2.1 两种不同体型湘华鲮形态特征分析

如图1所示, 平背型湘华鲮躯干部较均匀, 体长约为体高的4.0倍; 高背型湘华鲮体长仅为体高的2.3倍, 显著低于平背型($P<0.05$)。在相近体重下, 高背型湘华鲮的全长显著($P<0.05$)短于平背型(表1)。对两种不同体型湘华鲮的可数性状分析结果显示, 高背型与平背型湘华鲮具有一致的鱼鳍鳍式, 在侧线鳞数量上也不存在差异(表1)。

2.2 *Cytb*和*ITS1*基因序列碱基组成分析

分别对8尾高背型和16尾平背型的湘华鲮进行

*Cytb*和*ITS1*基因序列克隆。共获得24条1100 bp的*Cytb*基因序列, 其中变异位点27个, 插入或缺失位点6个。4种碱基平均含量分别为T(28.7%)、C(27.8%)、A(29.9%)和G(13.6%), 表现为A含量最高, G的含量最低。获得的24条310 bp的*ITS1*基因序列, 其中变异位点22个, 插入或缺失位点1个。4种碱基平均含量分别为T(11.4%)、C(28.7%)、A(33.7%)和G(26.3%), 表现为A含量最高, T含量最低。在高背型和平背型之间*Cytb*基因和*ITS1*基因序列的4种碱基含量无明显差异(表2), 但均表现出碱基组成偏向性。

2.3 遗传多样性分析

基于*Cytb*基因序列, 高背型中存在4种单倍型, 平背型中存在4种单倍型, 24条序列共定义7种单倍型(Hc1—Hc7)。高背型单倍型多样性为 0.643 ± 0.184 , 核苷酸多样性为 0.00667 ± 0.00185 , 平均碱基差异数7.107; 平背型单倍型多样性为 0.715 ± 0.084 , 核苷酸多样性为 0.00254 ± 0.00102 , 平均碱基差异数2.393。

基于*ITS1*基因序列, 高背型中存在6种单倍型, 平背型中存在4种单倍型, 24条序列共定义9种单倍型(Hi1—Hi9)。高背型单倍型多样性为 0.893 ± 0.111 , 核苷酸多样性为 0.01923 ± 0.00494 , 平均碱基差异数



图1 高背型(A)和平背型(B)湘华鲮外形图

Fig. 1 Appearance of high-back type (A) and flatback type (B) of *S. decorus tungting*

表1 两种不同体型湘华鲮形态特征

Tab. 1 Morphological characteristic of two different somatotypes on *S. decorus tungting*

体型 Somatotype	背鳍 Dorsal fins	腹鳍 Abdominal fins	臀鳍 Anal fins	侧线上鳞 Upper lateral scales	侧线下鳞 Lower lateral scales	侧线鳞 Lateral scales	体重 Weight (g)	全长 Whole length (cm)	体长/体高 Body length/ Body height	体长/头长 Body length/ Head length
平背型 Flatback	III+11-12	I +9	III+7-8	7	7	43—44	674.6±20.9	42.8±1.1	4.0±0.4	4.1±0.3
高背型 High-back	III+11-12	I +9	III+7-8	7	7	43—44	662.2±12.0	38.3±0.7	2.3±0.1	3.9±0.2

注: 表中数据为所有取材样品的平均值; 下同

Note: The data in the table are the average values of all samples. The same applies below

6.000; 平背型单倍型多样性为 0.821 ± 0.101 , 核苷酸多样性为 0.01826 ± 0.00477 , 平均碱基差异数5.714。综合Cytb基因和ITS1基因序列分析结果, 两种体型湘华鲮遗传结构均呈现出高单倍型多样性和低核苷酸多样性的特征(表 3)。

2.4 单倍型系统进化树分析

Cytb基因以华鲮(*Sinilabeo rendahli*, GenBank

表 2 Cyt和ITS1基因序列碱基组成

Tab. 2 Base composition of Cyt and ITS1 gene sequence

基因 Gene	体型 Somatotype	碱基组成Base composition					
		A	T(U)	C	G	(A+T)	(C+G)
Cytb	平背型 Flatback	29.7	28.7	27.9	13.7	58.4	41.6
	高背型 High-back	30.1	28.6	27.7	13.6	58.7	41.3
	平均 Average	29.9	28.7	27.8	13.6	58.6	41.4
ITS1	平背型 Flatback	33.5	11.4	29.1	26.0	44.9	55.1
	高背型 High-back	33.9	11.3	28.3	26.5	45.2	54.8
	平均 Average	33.7	11.4	28.7	26.3	45.1	55.0

登录号: KT336714.1)作外群, ITS1基因以鲤(*Cyprinus carpio*, GenBank登录号: JN628435.1)作外群, 采用NJ法构建单倍型系统进化树(图 2), 结果表明, 7个Cytb基因的单倍型被分成两个分支, Hc1、Hc2、Hc4、Hc6和Hc7为一分支, Hc3和Hc5为另一分支。9个ITS1基因的单倍型同样也被分成两个分支, Hi1-Hi6和Hi8为一分支、Hi7和Hi9为另一分支。分支内单倍型间遗传距离较小, 而分支间单倍型遗传距离相对较大。

在单倍型网络图(图 3)可见, 基于Cytb基因序列, 单倍型Hc2和Hc3为高背型和平背型所共享, 其中Hc2为这7种单倍型中的优势单倍型, Hc1和Hc4仅存于高背型, Hc5、Hc6和Hc7仅存于平背型, 其中Hc1、Hc4和Hc5的数量仅有1个。基于ITS1基因序列, 其中单倍型Hi2为高背型和平背型所共享, 是这9种单倍型中的优势单倍型, Hi5—Hi9仅存于高背型, Hi1、Hi3和Hi4仅存于平背型。

使用Kimura双参数法计算遗传距离, 结果表明, Cytb基因不同单倍型之间的遗传距离在0.001—

表 3 湘华鲮遗传多样性参数

Tab. 3 Genetic diversity parameters of *S. decorus tungting*

基因 Gene	体型 Somatotype	个数 Number	单倍型数 Haploid number	单倍型多样性 Haplotype diversity	核苷酸多样性 Nucleotide diversity	平均碱基差异数 Mean number of base differences
Cytb	平背型 Flatback	16	4	0.715 ± 0.084	0.00254 ± 0.00102	2.393
	高背型 High-back	8	4	0.643 ± 0.184	0.00667 ± 0.00185	7.107
	总计 Total	24	7	0.663 ± 0.087	0.00259 ± 0.00129	2.743
ITS1	平背型 Flatback	16	4	0.821 ± 0.101	0.01826 ± 0.00477	5.714
	高背型 High-back	8	6	0.893 ± 0.111	0.01923 ± 0.00494	6.000
	总计 Total	24	9	0.908 ± 0.048	0.02201 ± 0.00453	6.867

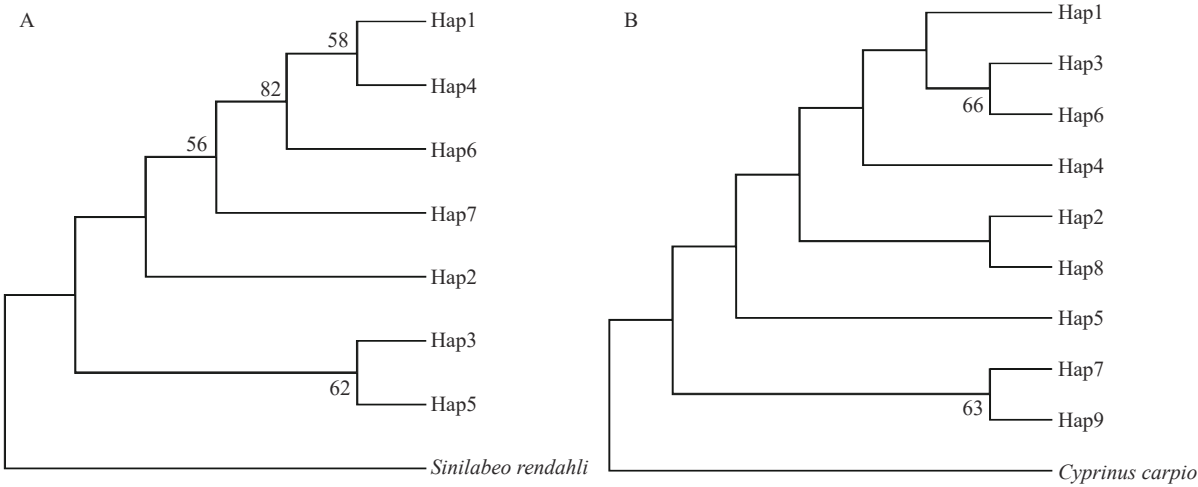


图 2 湘华鲮Cytb基因(A)和ITS1基因(B)序列单倍型NJ系统进化树

Fig. 2 NJ phylogenetic tree of haplotypes of Cytb gene (A) and ITS1 gene (B) in *S. decorus tungting*

0.01, 高背型与平背型湘华鲮之间的平均遗传距离为0.00425。 *ITS1* 基因单倍型之间的遗传距离在0.005—0.05, 高背型与平背型湘华鲮之间的平均遗传距离为0.02543。根据Shaklee等^[14]提出的属、种和种群三级水平上的遗传距离分别为0.90、0.30及0.05的分类依据, 两种体型湘华鲮遗传分化程度低, 未达到种群分化水平。

3 讨论

遗传多样性一般所指的是种内的遗传多样性, 是种内不同群体间或一个群体内不同个体的遗传变异的总和。它不仅是物种以上各水平多样性的最重要来源, 也是生命进化和物种进化的基础^[15]。同时, 物种遗传多样性与其生存能力和适应能力等密切相关, 遗传多样性越高, 适应环境的能力越强^[16-18]。而衡量物种遗传多样性常用单倍型多样性和核苷酸多样性这两个参数。湘华鲮存在两种不同体型的野生群体, 采用线粒体 *Cytb* 基因和 *ITS1* 基因序列作为分子标记进行分析。结果表明, 两种不同体型的湘华鲮群体遗传结构均呈现出高单倍型多样性和低核苷酸多样性的特征。根据Grant等^[19]对鱼类进化情景分类, 湘华鲮的遗传多样性现状被认为可能是由小的有效种群经过一段时间的稳定后发生了扩张, 种群快速增长有利于提高对新突变的保持力从而导致核苷酸多样性降低。

从基因单倍型类型来看, 24条 *Cytb* 基因序列共定义7种单倍型, 24条 *ITS1* 基因序列共定义9种单倍型。在 *Cytb* 基因序列的7种单倍型中, Hc2 占总数的37.5%, Hc1、Hc4和Hc5的数量仅有1个; 在 *ITS1* 基因的9种单倍型中, Hi2 占总数的29.2%, Hi5、Hi6、Hi8和Hi9的数量仅有1个。这表明湘华鲮单倍型组成具有不均匀性。优势单倍型个体可能因适应和繁殖能力更强, 拥有更大的群体, 而低频率单倍型个

体因环境适应和繁殖能力差, 而导致群体较小^[20-22]。因此, 须要持续加强对湘华鲮种质资源的保护, 通过改善水体生态环境, 加强资源监测和增殖放流等措施, 增加湘华鲮资源量, 改善种群遗传结构, 从而有利于湘华鲮资源的可持续发展。

遗传距离是衡量种群多态程度的一个重要指标, 值越大多态性程度就越高。分别以华鲮 *Cytb* 基因和鲤 *ITS1* 基因作外群, 采用NJ法构建单倍型系统进化树, 结果表明 *Cytb* 基因和 *ITS1* 基因序列单倍型均聚类为两个分支, 分支内单倍型间遗传距离较小, 而分支间单倍型遗传距离相对较大。使用Kimura双参数法计算遗传距离, 结果表明基于 *Cytb* 基因序列高背型与平背型湘华鲮之间的平均遗传距离为0.00425, 基于 *ITS1* 基因序列高背型与平背型湘华鲮之间的平均遗传距离为0.02543。并且从整体来看 *Cytb* 基因和 *ITS1* 基因序列的不同单倍型之间遗传距离较小, 均在0.001—0.05, 根据Shaklee等^[14]提出的属、种和种群三级水平上的遗传距离的分类标准, 两种体型湘华鲮遗传分化程度低, 未达到种群分化的水平, 不同体型湘华鲮个体之间的基因交流不会受到限制。因此, 遗传变异主要来自群体个体内, 群体间的遗传分化较小, 在野生湘华鲮资源保护过程中, 可将两种不同体型的湘华鲮作为一个整体进行管理和保护。

本研究基于 *Cytb* 基因和 *ITS1* 基因, 对两种不同体型的野生湘华鲮进行遗传多样性分析, 结果表明平背型和高背型湘华鲮之间的遗传距离较小, 属于同一个种群。可数性状分析表明高背型与平背型湘华鲮在鳍式和鳞式上不存在明显差异。肌肉品质分析也表明这两种体型的湘华鲮在肌肉营养成分上也无明显差异(结果待发表)。在脊椎动物中, 骨骼是维持正常体型的重要因素, 在湘华鲮野生群体中可能由于群体内个体发生遗传变异, 导致骨骼

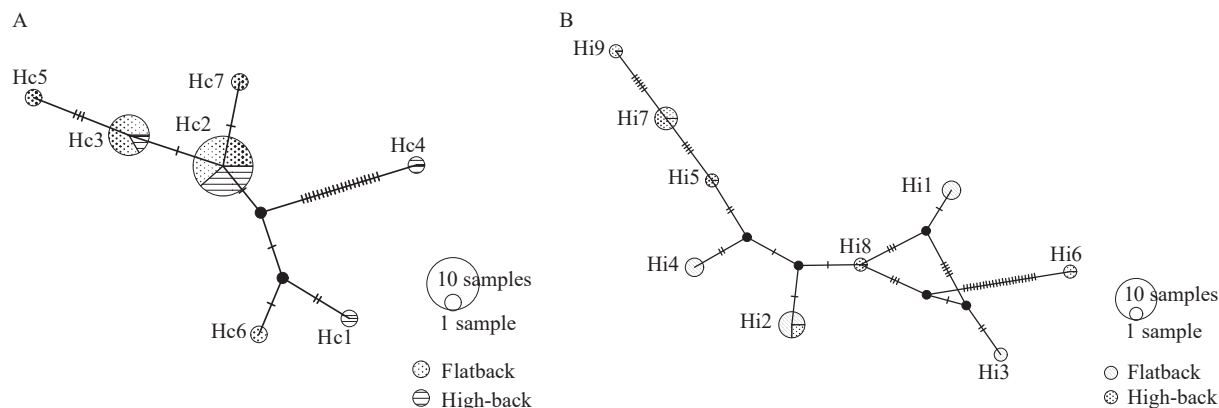


图3 湘华鲮 *Cytb* 基因(A)和 *ITS1* 基因(B)序列单倍型网络图

Fig. 3 Haplotype network diagram of *Cytb* gene (A) and *ITS1* gene (B) in *S. decorus tungting*

发育调控发生变化, 从而形成高背体型, 但其具体原因还未可知, 有待进一步研究。在后续工作中我们将对两种不同体型湘华鲮分别进行自交, 从幼鱼开始对这两种不同体型的湘华鲮展开研究, 比较两种不同体型湘华鲮在生长、发育和繁殖等生物学特性方面的差异, 并且探究高背型湘华鲮在骨骼发育过程中的调控机制。同时, 由于野外已经难以获得湘华鲮, 本研究只在湘华鲮保育点取到少量野生湘华鲮样本, 样本数量较少可能导致结果反应出的实际情况不够全面, 适用范围存在局限。因此, 后续需要不断收集样本, 扩大研究样本量, 进一步完善研究结果。

参考文献:

- [1] Liang Z Q, Li C W, Ou L Y, *et al.* Analysis and evaluation of the nutrients compositions of the muscle of *Sinilabeo decorus tungting* (Nichols) [J]. *Acta Nutrimenta Sinica*, 2009, **31**(4): 411-413. [梁志强, 李传武, 欧燎原, 等. 湘华鲮肌肉营养成分分析与评价 [J]. *营养学报*, 2009, **31**(4): 411-413.]
- [2] Bian W, Li C W, Liang Z Q, *et al.* Biological characteristic and resource dynamic of *Sinilabeo decorus tungting* [J]. *Journal of Hydroecology*, 2011, **32**(4): 67-73. [卞伟, 李传武, 梁志强, 等. 湘华鲮的生物学特征及资源动态研究 [J]. *水生态学杂志*, 2011, **32**(4): 67-73.]
- [3] Wang Y N, Xu B H, Ge X K, *et al.* Preliminary study on blood physiological and biochemical traits of *Sinilabeo decorus tungting* [J]. *Inland Fisheries*, 2008, **33**(4): 41-43. [王亚楠, 许宝红, 葛熹凯, 等. 湘华鲮血液生理生化性状的初步研究 [J]. *内陆水产*, 2008, **33**(4): 41-43.]
- [4] Liang Z Q, Li C W, Liu M Q, *et al.* Morphological and histological observation of the digestive system in *Sinilabeo decorus tungting* (Nichols) [J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2011, **18**(5): 1051-1060. [梁志强, 李传武, 刘明求, 等. 湘华鲮消化系统的形态学与组织学研究 [J]. *中国水产科学*, 2011, **18**(5): 1051-1060.]
- [5] Zou L, Li C W, Jiang G M, *et al.* Histological observation of gonad development of *Sinilabeo decorus tungting* (Nichols) in pond culture [J]. *Chinese Journal of Fisheries*, 2021, **34**(2): 38-44. [邹利, 李传武, 蒋国民, 等. 人工繁养湘华鲮性腺发育的组织学研究 [J]. *水产学杂志*, 2021, **34**(2): 38-44.]
- [6] Bian W, Li C W, Liang Z Q, *et al.* Studies on introduction, domestication and propagation of *Sinilabeo tungting* [J]. *Journal of Hydroecology*, 2010, **31**(5): 131-135. [卞伟, 李传武, 梁志强, 等. 湘华鲮引种驯养及繁育技术研究 [J]. *水生态学杂志*, 2010, **31**(5): 131-135.]
- [7] Huang X, Yu H J, Wang Q. Common gene sequences in the phylogenetic studies of fish [J]. *Journal of Tianjin Agricultural University*, 2021, **28**(2): 89-93. [黄鑫, 余海军, 王茜. 常见基因序列在鱼类系统发育研究中的应用 [J]. *天津农学院学报*, 2021, **28**(2): 89-93.]
- [8] Ekerette E E, Ikpeme E V, Udensi O U, *et al.* Phylogenetics and molecular divergence of tilapia fish (*Oreochromis species*) using mitochondrial D-loop and cytochrome b regions [J]. *American Journal of Molecular Biology*, 2018, **8**(1): 39-57.
- [9] Ha T T T, Nga T T, Hang T N A, *et al.* Genetic diversity in *Pangasius* spp. collected in Bangladesh based on mitochondrial cytochrome b gene sequence analysis [J]. *Aquaculture Reports*, 2020, **17**: 100351.
- [10] Hu J, Hou X Y, Yin S W, *et al.* Genetic diversity and divergence of *Cheilinus undulatus* of different geographic populations of the South China Sea revealed by CO I and Cyt b gene analyses [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2014, **38**(6): 1008-1016. [胡静, 侯新远, 尹绍武, 等. 基于mtDNA CO I 和Cyt b基因序列对南中国海不同海域波纹唇鱼群体遗传多样性的研究 [J]. *水生生物学报*, 2014, **38**(6): 1008-1016.]
- [11] Baffi M A, Ceron C R. Molecular analysis of the rDNA ITS-1 intergenic spacer in *Drosophila mulleri*, *D. arizonae*, and their hybrids [J]. *Biochemical Genetics*, 2002, **40**(11): 411-421.
- [12] Coleman A W, Vacquier V D. Exploring the phylogenetic utility of ITS sequences for animals: a test case for abalone (*Haliotis*) [J]. *Journal of Molecular Evolution*, 2002, **54**(2): 246-257.
- [13] Panijpan B, Kowasupat C, Laosinchai P, *et al.* Southeast Asian mouth-brooding Betta fighting fish (Teleostei: *Perciformes*) species and their phylogenetic relationships based on mitochondrial COI and nuclear ITS1 DNA sequences and analyses [J]. *Meta Gene*, 2014(2): 862-879.
- [14] Shaklee J B, Tamaru C S, Waples R S. Speciation and evolution of marine fishes studied by the electrophoretic analysis of proteins [J]. *Pacific Science*, 1982, **36**(2): 141-157.
- [15] Ellegren H, Galtier N. Determinants of genetic diversity [J]. *Nature Reviews Genetics*, 2016, **17**(7): 422-433.
- [16] Utter F, Seeb J. A perspective on positive relationships between genetic diversity and abundance in fishes [J]. *Molecular Ecology*, 2010, **19**(22): 4831-4833.
- [17] Blum M J, Bagley M J, Walters D M, *et al.* Genetic diversity and species diversity of stream fishes covary across a land-use gradient [J]. *Oecologia*, 2012, **168**(1): 83-95.
- [18] Booy G, Hendriks R J J, Smulders M J M, *et al.* Genetic diversity and the survival of populations [J]. *Plant Biology*, 2000, **2**(4): 379-395.
- [19] Grant W, Bowen B. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation [J]. *Journal of Heredity*, 1998, **89**(5): 415-426.
- [20] von der Heyden S, Lipinski M R, Matthee C A. Remarkably low mtDNA control region diversity in an abun-

- dant demersal fish [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2010, **55**(3): 1183-1188.
- [21] Billington N, Hebert P D N. Mitochondrial DNA diversity in fishes and its implications for introductions [J]. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 1991, **48**(S1): 80-94.
- [22] Laakkonen H M, Lajus D L, Strelkov P, *et al.* Phylogeography of amphi-boreal fish: tracing the history of the Pacific herring *Clupea pallasii* in North-East European Seas [J]. *BMC Evolutionary Biology*, 2013(13): 67.

GENETIC DIFFERENCES OF TWO DIFFERENT SOMATOTYPES *SINILABEO DECORUS TUNGTING* (NICHOLS) BASED ON *CYTB* AND *ITS1* GENE

FU Wen^{1,2}, CHU Xian-Bin^{1,2}, LIU Wen-Bin^{1,2}, PENG Liang-Yue^{1,2}, LIANG Zhi-Qiang³,
LI Chuan-Wu³ and XIAO Ya-Mei^{1,2}

(1. State Key Laboratory of Developmental Biology of Freshwater Fish, Changsha 410081, China; 2. College of Life Sciences, Hunan Normal University, Changsha 410081, China; 3. Hunan Fisheries Science Institute, Changsha 410153, China)

Abstract: *Sinilabeo decorus tungting* (Nichols) is a wild endemic fish in Hunan Province, however, due to overfishing and environmental damage, the germplasm resources of wild *S. decorus tungting* are scarce. In order to effectively protect germplasm resources of *S. decorus tungting*, artificial breeding research has been carried out. In the process of domestication and parental cultivation, it was found that there were two somatotypes in the wild population: the high-back type and the flatback type. The countable traits analysis showed that there was no significant difference between the two different somatotypes *S. decorus tungting* on fin formula and scales. To explore the genetic differences between the two somatotypes of *S. decorus tungting*, *Cytb* and *ITS1* gene sequences were used as molecular markers to analyze the genetic differences. The results showed that based on the *Cytb* and *ITS1* gene sequences, both the high-back type and the flatback type were showed a bias in base composition. And two somatotypes of *S. decorus tungting* were showed high haplotype diversity and low nucleotide diversity. In addition, the results of genetic distance analysis and NJ tree construction showed that the degree of genetic differentiation of the two somatotypes was low, which did not reach the level of population differentiation. In conclusion, the high-back type and flatback type belongs to the same population. The results of this study enriched the molecular biological data of *S. decorus tungting*, and provided theoretical basis for the protection and industrial development of *S. decorus tungting* germplasm resources. The reasons for the formation of the high back type of *S. decorus Tungting* was unknown and needs further study.

Key words: *Cytb* gene; *ITS1* gene; High-back type; Genetic diversity; *Sinilabeo decorus tungting* (Nichols)