

不同体色翘嘴鲌(*Siniperca chuatsi*)群体遗传结构研究

吴明林^{1,2}, 崔凯^{1,2}, 李海洋^{1,2}, 蒋阳阳^{1,2}, 季索菲^{1,2}, 钱克林³

(1. 安徽省农业科学院水产研究所, 合肥 230031; 2. 水产增养殖安徽省重点实验室, 合肥 230031;
3. 滁州市南谯区长江水产良种繁育场, 滁州 239000)

摘要: 采用微卫星分子标记技术分析黄色(HS)、黑斑色(HB)、红纹色(HW) 3个不同体色翘嘴鲌群体的遗传多样性及遗传结构。3个不同体色群体平均观测杂合度在0.540~0.687之间;平均期望杂合度在0.562~0.631之间,各群体均具有较高的遗传多样性。遗传距离、相似度、遗传分化系数、聚类树分析均显示HB与HW群体间遗传关系较近。STRUCTURE群体结构分析显示,3群体被分为2个亚群,HS群体集中在亚群I,HB、HW群体集中在亚群II。30个位点中的大多数位点偏离Hardy-Weinberg平衡,应增加选育群体的有效数量,防止种质衰退。符号检验和Wilcoxon符号秩次检验中HW群体显著或极显著偏离突变-漂移平衡,需进一步扩大选育群体。总体来说,3个不同体色翘嘴鲌群体遗传多样性较高,可作为开发新体色翘嘴鲌品系的基础群体。

关键词: 体色; 翘嘴鲌; 微卫星; 遗传结构

中图分类号: S765.127

文献标识码: A

文章编号: 1672-352X(2019)06-0929-07

Study on genetic structure in different body colour populations of *Siniperca chuatsi*

WU Minglin^{1,2}, CUI Kai^{1,2}, LI Haiyang^{1,2}, JIANG Yangyang^{1,2}, JI Suofei^{1,2}, QIAN Kelin³

(1. Fisheries Research Institute, Anhui Academy of Agricultural Sciences, Hefei 230031;

2. Anhui Province Key Laboratory of Aquaculture & Stock Enhancement, Hefei 230031;

3. Changjiang Aquaculture Well-bred Farm of Nanqiao District, Chuzhou city, Chuzhou 239000)

Abstract: In this study, a method of microsatellite marker was used to analyze the genetic diversity and genetic structure of three populations of *Siniperca chuatsi* with three different body colours, yellow (HS), black spot (HB), and red line (HW). The average observed heterozygosity and expected heterozygosity were 0.540-0.687 and 0.562-0.631, respectively. The results indicated that all the three populations had high genetic diversity. The results based on analysis of genetic distance, genetic similarity, genetic differentiation index, and UPGMA cluster tree showed that the relationship between populations HB and HW was closer than those between other populations. The three populations were clustered into two subpopulations (I and II) by STRUCTURE analysis. Population HS was concentrated in subpopulation I. Populations HB and HW were concentrated in subpopulation II. Most of the thirty loci showed significant deviation from Hardy-Weinberg equilibrium. The effective number of breeding populations should be increased to prevent germplasm decay. Significant or extremely significant deviation from mutation-drift equilibrium was observed in population HW through the methods of sign test and Wilcoxon sign-rank test, which indicated that the population HW should to be further expanded. In general, the three populations with high genetic diversity can be used as basic populations for breeding of novel *Siniperca chuatsi* species.

Key words: body colour; *Siniperca chuatsi*; microsatellite; genetic structure

翘嘴鲌 (*Siniperca chuatsi*) 隶属于鲈形目, 真鲈科, 鲌属, 其味道鲜美, 营养丰富, 自古就有“海中梭, 江中鲈, 河中鲌”之说, 且鲌鱼与“贵余”

谐音, 象征“富贵有余”, 深受广大消费者的喜爱。普通的翘嘴鲌体色为黑斑色 (HB), 在生产中一些个体体色发生变异, 出现了黄色 (HS) 及红纹色

收稿日期: 2019-04-10

基金项目: 安徽省自然科学基金 (1808085QC81), 国家现代农业产业技术体系 (CARS-46, CARS-45) 和农业农村部部门预算项目 (171821301354052127) 共同资助。

作者简介: 吴明林, 助理研究员。E-mail: 2493729238@qq.com

(HW)翘嘴鲌群体。HS翘嘴鲌群体通体呈黄色略带黑点；HW翘嘴鲌群体头部及背部纹路呈红色，其他部位颜色以黑色为主。HS及HW翘嘴鲌除具有食用价值外，更具有富贵寓意、观赏价值，可在一定程度上增加其经济价值。

当前，翘嘴鲌人工育种工作正在实施，明晰育种群体的遗传特性是保证选育工作顺利开展的重要基础，有必要对3个体色群体进行遗传多样性评估。微卫星分子标记技术具有片段小、易扩增、多态性高、共显性和数据易处理等特性，在鱼类亲缘关系鉴定等方面广泛应用^[1-3]。目前，对翘嘴鲌遗传关系的研究主要是采用微卫星分子标记技术对不同的地方种群进行遗传结构分析^[4-7]。HS及HW翘嘴鲌群体属于体色变异体，其与普通HB翘嘴鲌的遗传关系了解甚少。本研究以3个不同体色翘嘴鲌群体为实验对象，采用微卫星分子标记技术分析不同体色群体间的遗传多样性及遗传结构，明确其种群间的进化关系，为翘嘴鲌新品系的开发、利用提供基础

数据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

在翘嘴鲌人工选育的过程中，对一些体色变异体进行了定向选育，形成了HS及HW翘嘴鲌基础群体。HS、HB及HW翘嘴鲌群体各随机挑选30尾，剪取鳍条保存备用。

1.2 方法

1.2.1 基因组DNA的提取 采用组织提取试剂盒(TIANGEN, DP304)提取不同体色翘嘴鲌基因组DNA，核酸蛋白测定仪(Eppendorf BioPhotometer D30)测定翘嘴鲌基因组DNA的纯度(260/280)及浓度后，将提取的DNA稀释至相同的浓度 $120\text{ ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$ 。

1.2.2 微卫星引物 该研究从已报道的翘嘴鲌微卫星引物中选取10对微卫星引物(表1)^[8-9]，引物由生工生物工程(上海)股份有限公司合成。

表1 翘嘴鲌微卫星引物序列

Table 1 Sequences of microsatellite primer of *Siniperca chuatsi*

微卫星位点 Microsatellite Loci	引物序列(5'-3') Primer sequences(5'-3')	重复序列 Repeat sequences	片段大小 Size	退火温度 T _m	登录号 Accession number
SC01	F: TTTTAAAGACGGGGCAGCGG R: ACCAACGTTTGGCGTAAAGC	(TCA) ₁₂	211~309	56	JQ686834
SC31	F: AGTTGAGCCAAGAGGAAACG R: TGTGGAGGGGAGTTTCAGTC	(CA) ₃₄	206~292	58	DQ487866
SC78	F: GGGGCAGGTGGGAAACAAAA R: AACCACAGTCAACAGCCTGG	(ACAG) _{3N} (AC) ₁₇	142~182	55	JQ804736
SC90	F: GCTTTATTAGTTACCCTGTG R: CAGCCAACACTCTTCACAT	(TG) ₁₆	75~98	53	JQ804746
SCM19	F: GCAGTTTCCTGGTTACTCCTC R: GCTTTGCTGAGTGGTTAGAGT	(GT) ₁₁	157~179	56	DQ789256
SCM29	F: TCTGTTTTGACCGAGGG R: CACTTCACTTGGTTCACTGC	(AC) ₁₁	95~139	57	DQ789266
SCM54	F: CACTCACGTTGTCAGTTTATCAC R: TCCCCTCGTTTCAGCTTC	(ATCT) ₁₈	123~231	57	DQ789291
SCM58	F: TTACACTCACCAGGCCAATC R: ATGGACTATGGGTCTGAAAA	(ATCA) ₆	171~243	57	DQ789295
SCM60	F: ATAGCGAAACCGCAAGCA R: CTGGGTGAGGAAAGTGGATT	(ATCA) ₁₀	271~341	58	DQ789297
SCM66	F: GCGTCAGCATTCTTTGG R: TTGTTCTTGCCGCTTCA	(GATT) ₈	213~245	55	DQ789303

1.2.3 PCR 扩增程序 PCR反应体系总体积为20 μL ，具体为10 \times PCR Buffer (Mg^{2+}) 2 μL 、 MgCl_2 ($25\text{ mmol}\cdot\text{L}^{-1}$) 1.2 μL 、dNTP ($2.5\text{ mmol}\cdot\text{L}^{-1}$) 1.6 μL 、上下游引物($10\text{ }\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$)各0.2 μL 、5 U $\cdot\mu\text{L}^{-1}$ 的Taq DNA酶0.1 μL 、DNA 1 μL ，补充ddH₂O至20 μL 。采用三步法PCR反应程序：94 $^{\circ}\text{C}$ 变性4 min；随后94 $^{\circ}\text{C}$ 变性30 s、T_m退火30 s、72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸30 s，共30个

循环；最后72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸8 min完成扩增反应。PCR扩增产物经8%非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离后，硝酸银染色，拍照并分析。

1.2.4 数据统计与分析 PopGene^[10]计算等位基因数(*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*)、遗传距离(*D_A*)、遗传相似度(*I*)，并进行Hardy-Weinberg平衡分析；Arlequin^[11]计算

群体间遗传分化系数 (F_{ST}) 及进行 AMOVA 分析; STRUCTURE 2.3^[12] 分析理论群体数; Evanno 等^[13] 的方法计算 ΔK 值; BOTTLENECK 3.4^[14] 进行符号检验 (Sign test) 及 Wilcoxon 符号秩次检验 (Wilcoxon sign rank test) 分析。

2 结果与分析

2.1 不同体色翘嘴鲈群体遗传多样性分析

10 个微卫星位点在 3 个群体中的扩增结果 (表

2)。Na 为 2~10 个, 均值为 4.967; Ne 介于 1.142~4.651 之间, 均值为 2.655; Ho 介于 0.000~1.000 之间, 均值为 0.623; He 介于 0.127~0.798 之间, 均值为 0.589; PIC 介于 0.117~0.757 之间, 均值为 0.522。

HS、HB、HW 3 群体的平均 Na 分别为 4、5.4、5.5; 平均 Ne 分别为 2.456、2.996、2.514; 平均 Ho 分别为 0.687、0.643、0.540; 平均 He 分别为 0.573、0.631、0.562; 平均 PIC 分别为 0.488、0.570、0.509。

表 2 3 个翘嘴鲈群体遗传多样性分析

Table 2 Genetic diversity analysis of three *Siniperca chuatsi* populations

微卫星标记 Microsatellite marker	等位基因数(Na)			有效等位基因数(Ne)		
	HS	HB	HW	HS	HB	HW
SC01	5	5	5	2.375	3.482	2.332
SC31	2	2	3	1.980	2.000	2.062
SC78	2	3	2	1.946	1.575	1.142
SC90	4	4	4	2.055	3.243	2.036
SCM19	4	10	8	2.329	4.651	4.018
SCM29	2	6	8	2.000	2.394	3.000
SCM54	7	7	8	4.206	3.232	3.297
SCM58	3	3	5	1.665	1.665	1.701
SCM60	7	7	7	3.315	3.659	2.675
SCM66	4	7	5	2.687	4.063	2.880
群内均值 Mean within populations	4	5.4	5.5	2.456	2.996	2.514
群间均值 Mean among populations		4.967			2.655	

观测杂合度(Ho)			期望杂合度(He)			多态信息含量(PIC)		
HS	HB	HW	HS	HB	HW	HS	HB	HW
0.333	0.500	0.467	0.589	0.725	0.581	0.505	0.667	0.533
0.833	1.000	0.800	0.503	0.509	0.524	0.372	0.375	0.398
0.833	0.400	0.000	0.494	0.371	0.127	0.368	0.309	0.117
0.400	0.567	0.500	0.522	0.703	0.518	0.475	0.639	0.466
0.700	0.733	0.800	0.580	0.798	0.764	0.508	0.757	0.722
1.000	0.733	0.600	0.509	0.592	0.678	0.375	0.540	0.618
0.933	0.733	0.633	0.775	0.702	0.709	0.729	0.666	0.657
0.467	0.267	0.467	0.406	0.406	0.419	0.332	0.332	0.384
0.700	0.767	0.700	0.710	0.739	0.637	0.658	0.695	0.602
0.667	0.733	0.433	0.638	0.767	0.664	0.552	0.716	0.588
0.687	0.643	0.540	0.573	0.631	0.562	0.488	0.570	0.509
	0.623			0.589			0.522	

2.2 不同体色翘嘴鲈群体遗传结构分析

3 个群体间 D_A 介于 0.046~0.129 之间, I 介于 0.879~0.955 之间(表 3), F_{ST} 介于 0.019~0.073 之间, 基因流 (Nm) 介于 3.185~13.076 之间(表 4)。AMOVA 分析显示, 4.91% 遗传变异来自群体间, 95.09% 遗传变异来自群体内个体间的遗传分化(表 5)。UPGMA 聚类树显示, HS 群体单独聚类, HB、

HW 两个群体聚为一类(图 1)。

运用 STRUCTURE 软件分析 3 个群体的遗传结构, $L(K)$ 随着亚群数 K 的增加而变动, 无法确定适宜的亚群数(图 2A), 而当 $K=2$ 时, ΔK 的值最大(图 2B), 推测 3 个群体可分为 2 个亚群(图 3), 其中 HS 群体中 93.3% 的个体归为亚群 I, 6.7% 的个体归为亚群 II; HB 群体中 20.0% 的个体归为亚群 I,

80%的个体归为亚群 II; HW 群体中 6.7%的个体归为亚群 I, 93.3%的个体归为亚群 II。

表 3 3 个翘嘴鲌群体间 *Nei's* 遗传相似度(*I*, 对角线上)和遗传距离(*D_A*, 对角线下)

Table 3 *Nei's* genetic identity (*I*, above diagonal) and genetic distance (*D_A*, below diagonal) among three *Siniperca chuatsi* populations

Populations	HS	HB	HW
HS		0.892	0.879
HB	0.114		0.955
HW	0.129	0.046	

2.3 不同体色翘嘴鲌群体 Hardy-Weinberg 平衡分析
微卫星位点 Hardy-Weinberg 平衡 χ^2 检验概率值 *P* (表 6)。30 个位点中 (3 群体×10 位点), 符

合 Hardy-Weinberg 平衡 ($P>0.05$) 的位点有 7 个, 占总数的 23.3%; 显著偏离 Hardy-Weinberg 平衡的位点有 2 个 ($P<0.05$), 占总数的 6.7%; 极显著偏离 Hardy-Weinberg 平衡的位点有 21 个 ($P<0.01$), 占总数的 70%。

表 4 3 个翘嘴鲌群体间 *F*-统计值(*F_{ST}*, 对角线下)和基因流 (*Nm*, 对角线上)

Table 4 *F*-statistics (*F_{ST}*, below diagonal) and gene flow (*Nm*, above diagonal) among three *Siniperca chuatsi* populations

Populations	HS	HB	HW
HS		4.265	3.185
HB	0.055		13.076
HW	0.073	0.019	

表 5 3 个翘嘴鲌群体间 AMOVA 分析

Table 5 AMOVA analysis among three *Siniperca chuatsi* populations

变异来源	自由度	平方和	方差组分	百分率
Source of variation	<i>DF</i>	<i>SS</i>	Variance components	Percentage of variation
群体间 Among populations	2	24.178	0.152	4.91
群体内 Within populations	177	522.033	2.949	95.09
总变异 Total	179	546.211	3.101	

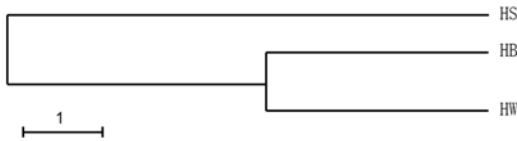


图 1 UPGMA 聚类树

Figure 1 UPGMA clustering tree

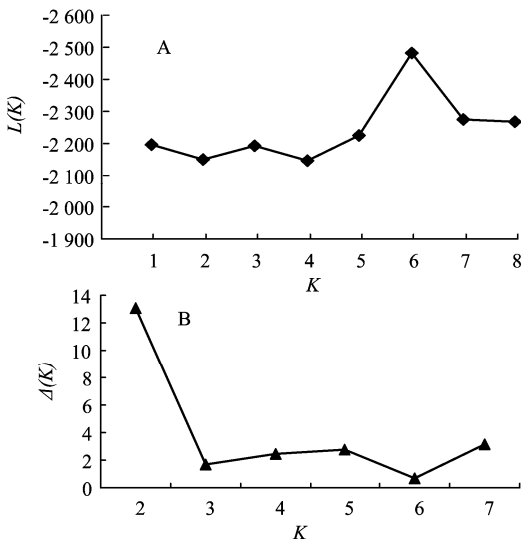
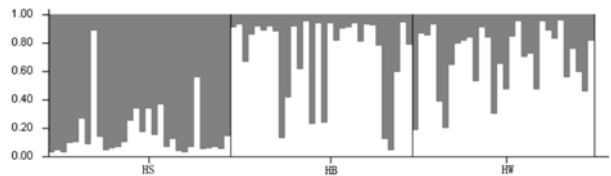


图 2 *L(K)*值(A)和 ΔK 值(B)随 *K* 的变化

Figure 2 Change of *L(K)* and ΔK with the change of *K*

2.4 不同体色翘嘴鲌群体瓶颈效应分析
翘嘴鲌 3 群体 10 个位点在 IAM、TPM 和 SMM

3 种突变模型假设下的遗传参数 (表 7)。在 IAM 假设下, SCM19、SCM29、SCM58 位点 $H_E < H_{EQ}$, 其余位点 $H_E > H_{EQ}$, 各位点差异不显著。在 TPM 假设下, SC01、SC31、SC78、SC90 位点 $H_E > H_{EQ}$, 其余位点 $H_E < H_{EQ}$, 各位点差异不显著。在 SMM 假设下, SC31、SC90 位点 $H_E > H_{EQ}$, 其余位点 $H_E < H_{EQ}$, SCM19、SCM58 位点差异显著 ($P<0.05$), SCM29 位点差异极显著 ($P<0.01$)。



两种颜色代表两个不同的遗传族群。灰色色块为亚群 I; 白色色块为亚群 II

Two colors represented two different genetic clusters. Gray represented cluster I; White represented cluster II

图 3 3 个翘嘴鲌群体在 *K*=2 值下的遗传结构

Figure 3 Genetic structure assumed in *K*=2 for three *Siniperca chuatsi* populations

2.5 不同体色翘嘴鲌群体突变-漂移平衡分析

符号检验和 Wilcoxon 符号秩次检验结果 (表 8)。在 IAM 模式下, HS、HB 群体表现出杂合过度,

HW 群体杂合不足, HW 群体在符号检验中显著偏离突变-漂移平衡。在 TPM 模式下, HS 群体杂合过度, HB、HW 群体显示一定程度的杂合不足, HW 群体在符号检验中显著偏离突变-漂移平衡, 在

Wilcoxon 符号秩次检验中极显著偏离突变-漂移平衡。在 SMM 模式下, 3 群体均表现出杂合不足, HW 群体在符号检验及 Wilcoxon 符号秩次检验中均极显著偏离突变-漂移平衡。

表 6 χ^2 检验概率值(P)
Table 6 Chi-square test for probability value (P)

微卫星标记 Microsatellite marker	P		
	HS	HB	HW
SC01	0.000**	0.000**	0.000**
SC31	0.000**	0.000**	0.013*
SC78	0.000**	0.929	0.000**
SC90	0.000**	0.000**	0.000**
SCM19	0.000**	0.000**	0.000**
SCM29	0.000**	0.249	0.003**
SCM54	0.000**	0.000**	0.000**
SCM58	0.791	0.178	0.577
SCM60	0.000**	0.000**	0.000**
SCM66	0.871	0.012*	0.058

注: *表示显著偏离 Hardy-Weinberg 平衡($P<0.05$); **表示极显著偏离 Hardy-Weinberg 平衡($P<0.01$)

Note: * means significant deviation from Hardy-Weinberg equilibrium ($P<0.05$); ** means extremely significant deviation from Hardy-Weinberg equilibrium ($P<0.01$)

表 7 3 个翘嘴鲈群体微卫星位点瓶颈效应分析

Table 7 Bottleneck test by microsatellite markers in three *Siniperca chuatsi* populations

微卫星标记 Microsatellite marker	H_E	IAM			TPM			SMM		
		H_{EQ}	DH/sd	P	H_{EQ}	DH/sd	P	H_{EQ}	DH/sd	P
SC01	0.643	0.529	0.731	0.272	0.597	0.380	0.435	0.667	-0.276	0.304
SC31	0.510	0.327	1.031	0.198	0.393	0.702	0.320	0.467	0.326	0.445
SC78	0.423	0.324	0.549	0.367	0.398	0.150	0.480	0.472	-0.358	0.282
SC90	0.598	0.444	0.904	0.198	0.514	0.580	0.327	0.591	0.067	0.429
SCM19	0.730	0.737	-0.068	0.361	0.800	-1.282	0.102	0.845	-3.536	0.011*
SCM29	0.659	0.709	-0.469	0.244	0.774	-1.767	0.059	0.825	-4.310	0.006**
SCM54	0.740	0.665	0.602	0.337	0.744	-0.051	0.408	0.801	-1.321	0.097
SCM58	0.413	0.516	-0.644	0.247	0.591	-1.384	0.110	0.669	-3.130	0.011*
SCM60	0.702	0.631	0.556	0.344	0.704	-0.017	0.414	0.773	-1.372	0.095
SCM66	0.700	0.630	0.529	0.371	0.705	-0.056	0.397	0.771	-1.330	0.095

注: DH/sd 表示 H_E 与 H_{EQ} 的差与标准偏差之比; *表示 H_E 与 H_{EQ} 差异显著($P<0.05$); **表示 H_E 与 H_{EQ} 差异极显著($P<0.01$)

Note: DH/sd means ratio of deviation to the standard deviation of H_E and H_{EQ} ; * means significant difference between H_E and H_{EQ} ($P<0.05$); ** means extremely significant difference between H_E and H_{EQ} ($P<0.01$)

表 8 3 个翘嘴鲈群体突变-漂移平衡分析

Table 8 Analysis of mutation-drift equilibrium in three *Siniperca chuatsi* populations

群体 Population	Sign test						Wilcoxon sign-rank		
	IAM		TPM		SMM		IAM	TPM	SMM
	H_E/H_D	P	H_E/H_D	P	H_E/H_D	P	P	P	P
HS	6/4	0.463	6/4	0.525	4/6	0.233	0.084	0.492	0.625
HB	6/4	0.553	4/6	0.200	3/7	0.061	0.492	0.625	0.131
HW	2/8	0.019*	2/8	0.016*	1/9	0.002**	0.084	0.005**	0.002**

注: H_E/H_D 表示杂合过度与不足位点数之比; *表示显著偏离突变-漂移平衡 ($P<0.05$); **表示极显著偏离突变-漂移平衡 ($P<0.01$)

Note: H_E/H_D means ratio of loci number with heterozygosity excess to deficiency; * means significant deviation from mutation-drift equilibrium($P<0.05$); ** means extremely significant deviation from mutation-drift equilibrium($P<0.01$)

3 讨论与结论

动物体色的产生与遗传因素密切相关,亦由环境因素和动物相互影响而发生变化。在生产中,研究人员将不同体色个体挑选出来单独进行人工养殖及扩繁,从而形成一定规模的不同体色的群体,如红罗非鱼^[15]、团头鲂^[16]、紫色三疣梭子蟹^[17]、红壳中华绒螯蟹^[18]和文蛤^[19]。翘嘴鳊不同体色的个体,经过人工的定向增养殖,逐渐形成了具有不同体色的规模化群体。对3个不同体色翘嘴鳊群体间的遗传结构及遗传多样性研究,将有助于人工定向育种工作的开展。

等位基因数(N)、杂合度(H)是评估遗传多样性的主要指标,值越高,说明其受到的选择压力越小,其遗传多样性越丰富。该研究中3个体色翘嘴鳊群体平均 H_o 、平均 H_e 均大于0.5,说明3群体受到的选择强度有限,保持着较高的遗传多样性。定向交配繁殖会导致非目的性状基因位点丢失,有效群体数量逐渐减少,群体遗传变异水平降低,一些鱼类在长时间、大规模定向选繁后其遗传多样性降低^[20-22]。HS及HW翘嘴鳊属于变异体,基础群体数量较少,小群体的累代繁殖而造成遗传多样性降低。3个体色翘嘴鳊群体平均 PIC 在0.488~0.570之间,属于中等以上多态性。体色变异的翘嘴鳊经过不断地筛选、提纯和等位基因重组从而产生新的适应环境的类群,在进化适应过程中也产生了丰富的多态性。人工选育一方面会导致遗传多样性降低,另一方面也有利于选育群体基因的纯化,促使育种性状渐渐趋于稳定^[18]。从整体水平看,3个体色群体遗传多样性较高,具有进一步选育的潜力。

D_A 、 I 、 F_{ST} 、 N_m 是衡量群体间遗传分化程度的重要参数。HS与HW翘嘴鳊群体间 D_A 最大, I 最低,可见翘嘴鳊在人工高强度定向选育下,在体色定向分化的同时,遗传结构也发生较大的差异,2个体色变异群体逐渐向不同的遗传方向发展。HB与HW翘嘴鳊群体间 D_A 最小, I 最大,HW翘嘴鳊群体体色较大部分还与HB群体类似,两群体间遗传结构仍相似。 F_{ST} 分析发现,HS与HB、HS与HW群体间 $F_{ST}>0.05$,属于中等程度的分化,而HB与HW群体间 $F_{ST}<0.05$,分化程度较低。可见,HS翘嘴鳊群体由于人为的筛选,等位基因发生重组,遗传分化程度较高,逐渐发展为相对独立的群体,而HW群体未完全分化出来形成单独的群体。AMOVA分析结果显示,3群体遗传变异主要发生在群体内的个体间,这可能与各群体均依据体色各

自配对繁殖,群体间交流相对隔离有关。UPGMA聚类树显示,HS翘嘴鳊群体位于单独的一个进化分支,HB、HW群体聚为一类。STRUCTURE研究也表明,当 $K=2$ 时, ΔK 值最大,HS翘嘴鳊群体中更多个体属于群体I,遗传结构相对独立;而HB、HW翘嘴鳊群体中更多个体属于群体II,两群体遗传结构相似,该研究结果与UPGMA分析结果相一致。对罗非鱼研究也发现,定向选育后不同体色的群体分别聚类,粉白与红斑红罗非鱼聚为一类,黑斑红罗非鱼单独聚为一类^[15]。

当群体处于Hardy-Weinberg平衡时,各等位基因的分布频率是相对稳定的。该研究中,大部分的位点极显著偏离Hardy-Weinberg平衡,这可能是由于仅依靠体色表型选择亲本及可供选育的亲本有限出现建立者效应。在不同体色翘嘴鳊育种过程中,应增加有效群体数量,从而提高杂合子比例,防止育种群体种质衰退。经历了瓶颈效应的群体,依据等位点频率计算的期望杂合度(H_E)比突变-漂移平衡下根据等位点计算数的期望杂合度(H_{EQ})大^[23]。在IAM、TPM和SMM3种突变模型假设下,微卫星数据更符合TPM模型,可用于群体数量瓶颈效应分析^[24]。在TPM模型假设下,大多数位点 $H_E < H_{EQ}$ 。翘嘴鳊体色变异体的定向选育工作刚刚开展,选育强度有限,3群体尚未经历瓶颈效应。群体处在正常的突变-漂移平衡状态中,微卫星位点杂合不足和过度的概率相近。在IAM、TPM和SMM3种突变模型假设下,HW翘嘴鳊群体均表现出杂合不足,显著或极显著偏离突变-漂移平衡,可能与其种群数量较少,小群体自交有关,需进一步扩大选育群体。

该研究分析了3个不同体色翘嘴鳊群体遗传种质特点及遗传上的差异。研究表明:3个体色翘嘴鳊群体虽然保持着较高的遗传多样性,但也普遍出现了偏离Hardy-Weinberg平衡的现象,应进一步扩大选育群体;HS翘嘴鳊群体经过提纯、扩繁,体色特征明显,与普通HB翘嘴鳊分化程度较高。该研究将会为翘嘴鳊体色的研究与开发提供理论依据及实践指导。

参考文献:

- [1] 李慧慧,王春伶,王剑伟. IHB系稀有鮰鲫遗传结构研究[J]. 水生生态学杂志, 2018, 39(1): 83-90.
- [2] 傅建军,王荣泉,刘峰,等. 草鱼长江和珠江群体及长江♀×珠江♂杂交组合遗传差异的微卫星分析[J]. 上海海洋大学学报, 2010, 19(4): 433-439.
- [3] 成为为,杨凯,高银爱,等. 基于微卫星标记建立翘嘴

- 鳊亲子鉴定技术[J]. 淡水渔业, 2016, 46(1): 29-32.
- [4] 曾庆凯, 孙成飞, 董浚键, 等. 翘嘴鳊 3 个不同群体的遗传多样性分析[J]. 基因组学与应用生物学, 2017, 36(8): 3241-3250.
- [5] SUN C F, YE X, TIAN Y Y, et al. Simple sequence repeat-based analysis of the genetic diversity and population genetic structure of populations of *Siniperca chuatsi*[J]. Genet Mol Res, 2015, 14(3): 9343-9352.
- [6] 袁文成, 叶金明, 黄鹤忠, 等. 翘嘴鳊(*Siniperca chuatsi*)EST-SSR 标记与生长性状相关性及其 4 个选育群体遗传结构研究[J]. 海洋与湖沼, 2018, 49(1): 224-231.
- [7] 颜元杰, 曹哲明, 丁炜东, 等. 江苏省 6 个翘嘴鳊群体的遗传多样性分析[J]. 海洋渔业, 2019, 41(1): 25-33.
- [8] 匡刚桥, 刘臻, 鲁双庆, 等. FIASCO 法筛选鳊鱼微卫星标记[J]. 中国水产科学, 2007, 14(4): 608-614.
- [9] 杨凯, 成为为, 高银爱, 等. 翘嘴鳊 F₂ 家系选育及微卫星亲子鉴定[J]. 水生生物学报, 2015, 39(6): 1231-1235.
- [10] YEH F C, YANG R C, BOYLE T. Popgene version 1.31, Microsoft windows-based freeware for population genetic analysis[M]. Edmonton: University of Alberta, 1999.
- [11] EXCOFFIER L, LISCHER H E L. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows[J]. Mol Ecol Resour, 2010, 10(3): 564.
- [12] PRITCHARD J K, STEPHENS M, DONNELLY P, et al. Inference of population structure using multilocus genotype data[J]. Genetics, 2000, 155(2): 945-959.
- [13] EVANNO G, REGNAUT S, GOUDET J. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study[J]. Mol Ecol, 2005, 14(8): 2611-2620.
- [14] MARUYAMA T, FUERST P A. Population bottlenecks and nonequilibrium models in population genetics. II. Number of alleles in a small population that was formed by a recent bottleneck[J]. Genetics, 1985, 111(3): 675-689.
- [15] 公翠萍. 不同体色红罗非鱼生长性能比较及遗传多样性研究[D]. 南京: 南京农业大学, 2015.
- [16] 黄创新, 陈杰, 李福贵, 等. 团头鲂红体色突变体的发现及其种质遗传分析[J]. 上海海洋大学学报, 2015, 24(3): 326-333.
- [17] 迟大利. 三疣梭子蟹两种体色相关分子标记研究[D]. 苏州: 苏州大学, 2009.
- [18] 王正光, 李晓东, 姜玉声, 等. 红壳色中华绒螯蟹群体遗传特征的微卫星分析[J]. 中国渔业质量与标准, 2018, 8(3): 34-41.
- [19] 朱东丽, 董迎辉, 林志华, 等. 利用微卫星标记对文蛤 4 个壳色花纹品系的遗传分析[J]. 水产学报, 2012, 36(2): 202-209.
- [20] 朱树人, 孟庆磊, 安丽, 等. 雌核发育草鱼群体及两个普通草鱼群体的微卫星遗传分析[J]. 中国水产科学, 2018, 25(6): 1236-1244.
- [21] 董在杰, 刘念, 傅建军, 等. 6 个野生与选育鲤群体的微卫星遗传分析[J]. 南方水产科学, 2018, 14(4): 46-54.
- [22] 郑荷子, 易提林, 梁旭方, 等. 翘嘴鳊连续 4 代选育群体遗传多样性及遗传结构分析[J]. 淡水渔业, 2013, 43(6): 8-12.
- [23] PIRY S, LUIKART G, CORNUET J M. Computer note. BOTTLENECK: a computer program for detecting recent reductions in the effective size using allele frequency data[J]. J Hered, 1999, 90(4): 502-503.
- [24] DI RIENZO A, PETERSON A C, GARZA J C, et al. Mutational processes of simple-sequence repeat loci in human populations[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1994, 91(8): 3166-3170.