

基于 *Cyt b* 基因序列的黄斑蓝子鱼群体遗传多样性分析

郑 鹏^{1,2}, 李文俊^{1,3}, 陈锭娴², 黄小林^{1,4}, 王凯丰², 刘兰苑², 韩 崇², 李 强²,
杨育凯^{1,4}, 黄 忠^{1,4}

1. 中国水产科学研究院南海水产研究所深圳试验基地/国家渔业资源环境大鹏观测实验站, 广东 深圳 518121
2. 广州大学 生命科学学院, 广东 广州 510006
3. 珠江水利委员会珠江水利科学研究院, 广东 广州 510611
4. 三亚热带水产研究院/海南省深远海渔业资源高效利用与加工重点实验室, 海南 三亚 572018

摘要: 黄斑蓝子鱼 (*Siganus oramin*) 养殖群体已出现经济性状衰退和遗传多样性下降问题。为保护野生种质资源, 对采自中国东南沿海 7 个地理群体 (湛江北部湾 BB、海南文昌 WC、阳江沙扒湾 SB、深圳大鹏湾 DP、深圳大亚湾 DY、漳州东山湾 DS 和宁德三沙湾 SS) 的 197 尾样本进行线粒体 *Cyt b* 基因测序分析, 旨在评估野生群体的遗传多样性状况。结果显示, 黄斑蓝子鱼的线粒体 *Cyt b* 基因全序列长度为 1 141 bp, 包含 140 个变异位点, 81 个单倍型, 表现出高单倍型多样性 ($H_d=0.921\pm0.014$) 和低核苷酸多样性 ($P_i=0.0064\pm0.0010$) 的特点。遗传距离和遗传分化结果均显示黄斑蓝子鱼群体间未发生明显分化, 各地理群体亲缘关系较近。基于 *Cyt b* 基因序列构建的 NJ 树显示, 81 个单倍型散落分布在一个支系, 各群体均未形成明显单系群。单倍型网络分析结果亦表明不同地理区的黄斑蓝子鱼群体间未发生明显分化。AMOVA 分析表明, 黄斑蓝子鱼遗传分化主要来自群体内部 (99.83%)。中性检验结果显示, Fu's F_s 值为显著的负值 ($-24.605, p<0.05$); 贝叶斯天际线图表明黄斑蓝子鱼短时间内经历了瓶颈效应以及种群扩张事件, 推测其扩张时间约为 1.577 万年前。

关键词: 线粒体 *Cyt b* 基因; 黄斑蓝子鱼; 遗传多样性; 种群扩张

中图分类号: S 917.4

文献标志码: A

开放科学 (资源服务) 标识码 (OSID):



Genetic diversity analysis among *Siganus oramin* populations from coastal sea of southeast China based on mitochondrial genome *Cyt b* gene sequence

ZHENG Peng^{1,2}, LI Wenjun^{1,3}, CHEN Dingxian², HUANG Xiaolin^{1,4}, WANG Kaifeng², LIU Lanyuan², HAN Chong²,
LI Qiang², YANG Yukai^{1,4}, HUANG Zhong^{1,4}

1. Shenzhen Base of South China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences/National Fishery Resources and Environment Dapeng Observation and Experimental Station, Shenzhen 518121, China
2. School of Life Sciences, Guangzhou University, Guangzhou 510006, China
3. Pearl River Water Resources Research Institute, Pearl River Water Resources Commission, Guangzhou 510611, China
4. Sanya Tropical Fisheries Research Institute/Processing of Marine Fishery Resources of Hainan Province, Sanya 572018, China

Abstract: The cultured populations of *Siganus oramin* have shown declining economic traits and reduced genetic diversity. To conserve wild germplasm resources, we analyzed mitochondrial *Cyt b* gene sequences from 197 specimens collected from seven geographic populations along China's southeastern coast (Beibu Gulf-Zhanjiang BB, Wenchang-Hainan WC, Shaba Bay-Yang-

收稿日期: 2024-12-19; 修回日期: 2025-03-31

基金项目: 海南省自然科学基金项目 (321QN0942); 中国水产科学研究院中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金资助 (2023TD21)

作者简介: 郑 鹏 (2003—), 男, 本科生, 研究方向为鱼类繁育与亲缘地理。E-mail: Zp3209195542@163.com

通信作者: 黄小林 (1987—), 男, 高级工程师, 硕士, 研究方向为海水鱼类繁育与种质资源。E-mail: 499324782@qq.com

jiang SB, Dapeng Bay-Shenzhen DP, Daya Bay-Shenzhen DY, Dongshan Bay-Zhangzhou DS, and Sansha Bay-Ningde SS), aiming to assess the genetic diversity status of wild populations. The *Cyt b* gene sequence was 1 141 base pairs in length, containing 140 variable sites and defining 81 haplotypes. The overall haplotype diversity was 0.921 ± 0.014 , and the nucleotide diversity was 0.0064 ± 0.0010 . The genetic distance and differentiation indexes showed no significant genetic differentiation among the seven populations, and both the neighbor-joining tree and haplotype network structure suggest little genetic differentiation. AMOVA analysis reveals that most variation (99.83%) was found within populations. The results of the neutral test show that the Fu's F_s value was significantly negative (-24.605 , $p < 0.05$) and the Bayesian skyline plot analysis reveals that the *S. oramin* population underwent a demographic bottleneck followed by a rapid population expansion over a short evolutionary time span, which suggests that *S. oramin* might have experienced a bottleneck effect and population expansion within a short period of time, with the estimated expansion time being about 15.77 thousand years ago.

Keywords: Mitochondrial *Cyt b* gene; *Siganus oramin*; Genetic diversity; Population expansion

黄斑蓝子鱼 (*Siganus oramin*) 隶属于鲈形目、蓝子鱼科、蓝子鱼属, 俗称泥猛、网纹臭肚鱼等。为暖水性近海鱼类, 广泛分布于印度洋、太平洋以及地中海东部等热带亚热带沿海水域^[1]; 在中国主要分布于东海、南海等海域以及台湾省^[2]。近年来, 黄斑蓝子鱼凭借肉质鲜美、蛋白质含量高、养殖成本低等优点, 迅速成为浅海网箱和池塘养殖的新对象, 人工养殖趋于规模化^[3-4]。然而, 随着养殖规模的扩大和养殖时间的延长, 黄斑蓝子鱼养殖群体已出现优良经济性性状衰退和遗传多样性下降的趋势。因此, 保护野生种质资源至关重要, 而实现这一目标需首先厘清黄斑蓝子鱼现有野生种群的遗传结构及遗传多样性特征。

对海洋野生种质资源的保护与利用, 离不开对海洋生物的种群遗传多样性的了解^[5], 因此海洋生物的遗传多样性研究越来越受到重视。鱼类群体遗传学研究需要合适的分子标记, 而线粒体 DNA (mtDNA) 因基因组结构紧凑、严格遵循母系遗传模式、具有较快的进化速率以及在线粒体中具有较高的拷贝数等特点, 成为分子生物学研究的理想标记工具^[6]。细胞色素 *b* 基因 (*Cyt b*) 作为线粒体基因组的关键基因之一, 因进化速率在保守性与变异性之间保持平衡的特点, 被广泛应用于鱼类种群遗传多样性及遗传结构相关研究^[7-8]。

近 5 年来, 国内外关于黄斑蓝子鱼的研究报道主要集中于繁殖与发育^[9-10]、营养与生长^[11-12]、生理生化^[13-14]、免疫与生态毒理研究^[15-16]等方面, 而对其种群遗传多样性及遗传结构的研究较少^[17]。综上, 本研究基于 mtDNA 的 *Cyt b* 基因序列, 对中国 7 个沿海水域的黄斑蓝子鱼地理群体进行遗传多样性及遗传分化研究, 分析其种群地理结构, 旨

在为黄斑蓝子鱼野生种质资源的保护与开发利用提供理论基础。

1 材料与方法

1.1 样品采集

野生黄斑蓝子鱼全鱼样本于 2023 年 4 月—2024 年 4 月采自中国沿海水域 [海南文昌 (WC)、湛江北部湾 (BB)、阳江沙扒湾 (SB)、深圳大鹏湾 (DP)、深圳大亚湾 (DY)、漳州东山湾 (DS) 和宁德三沙湾 (SS), 图 1]。使用 95% (φ) 乙醇对采集的样本进行固定, $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 保存。物种鉴定主要依据《南海鱼类志》^[18]。

1.2 DNA 的提取与扩增

本研究采用动物基因组 DNA 提取试剂盒 (上海生工生物工程有限公司) 及配套操作方法, 对黄斑蓝子鱼鳍条样本进行总 DNA 提取。以提取的 DNA 为模板, 利用自行设计的引物进行 PCR 扩增, 扩增产物长度约为 1 250 bp。

PCR 反应体系为: $2\times\text{Taq PCR Master Mix}$ 12.5 μL , 上、下游引物各 1 μL , DNA 模板 3 μL , ddH₂O 7.5 μL ; 扩增程序为: $94\text{ }^{\circ}\text{C}$ 4 min; $94\text{ }^{\circ}\text{C}$ 30 s, $52\text{ }^{\circ}\text{C}$ 30 s, $72\text{ }^{\circ}\text{C}$ 90 s, 35 个循环; $72\text{ }^{\circ}\text{C}$ 10 min。引物序列分别为: L-CY2-F (5'-AACAT AAGTCATAATTCCTGCCAG-3') 和 L-CY2-R (5'-CCTGATTACCCCTATGTATGGTTAA-3')。扩增完成后, 取适量 PCR 产物进行 1% (w) 琼脂糖凝胶电泳检测, 筛选出呈现清晰明亮条带的产物, 并将其送至上海生工生物工程有限公司进行双向测序分析。

1.3 *Cyt b* 基因序列数据处理

采用 Dnastar 5.0 软件包对黄斑蓝子鱼线粒体

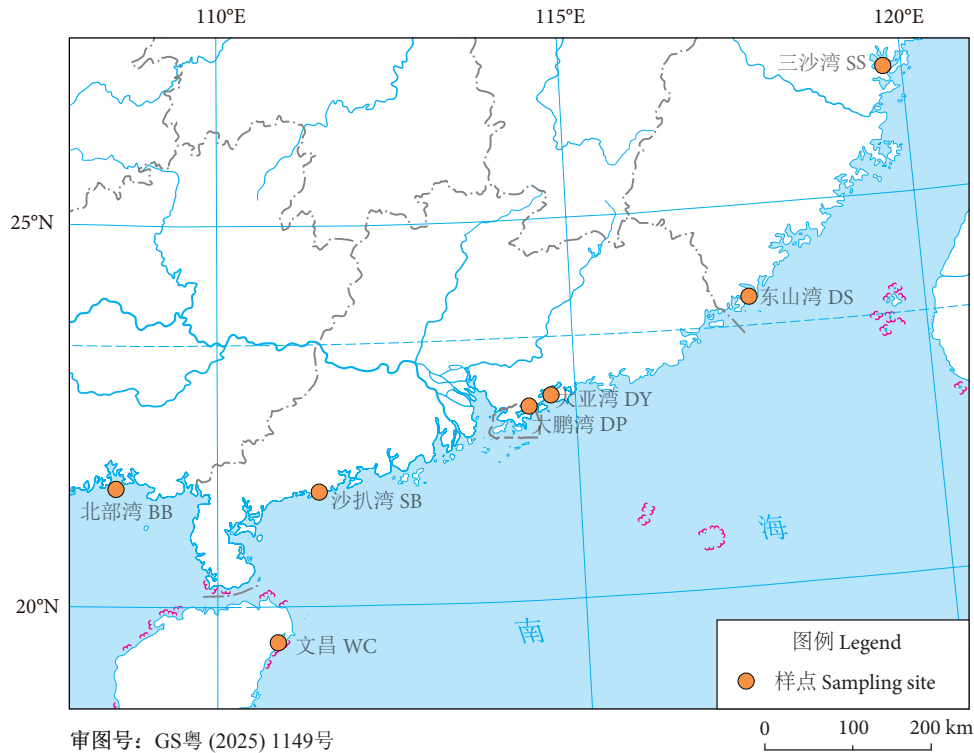


图1 黄斑蓝子鱼采集地点

Fig. 1 Sampling sites of *S. oramin*

Cyt b 基因序列进行拼接处理。利用 MEGA 11.0 软件进行序列比对,并结合人工校对操作,删除测序序列两端的非 *Cyt b* 基因序列片段,进而获得黄斑蓝子鱼完整的 *Cyt b* 基因序列。运用 MEGA 11.0 软件计算黄斑蓝子鱼 *Cyt b* 基因序列的碱基构成、转换与颠换比例,基于 Kimura's-2-parameter 模型 (K2P) 计算遗传距离并构建单倍型邻接 (NJ) 树 (设定自展值为 1000); 通过中位连接算法 (Median-joining) 绘制单倍型网络关系图,探讨单倍型群体的系统发育关系及进化动态;借助 DNAsp 5.0 软件分析各群体的核苷酸多样性 (P_i) 及单倍型多样性 (H_d); 使用 Beast 2.3.2 及 Rstudio 软件绘制贝叶斯天际线图 (EBSP), 检测有效种群的变动情况,印证群体扩张事件;利用 Arlequin 3.5 软件针对各群体进行 Tajima's D 检验和 Fu's F_s 检验,并对各个地理群体以及所有群体展开核苷酸不配对分布分析;根据种群扩张公式 $\tau=2ut$, 计算得出扩张参数 τ 值,式中: $u=\mu k$, k 为序列长度, μ 为序列的突变速率, t 为种群扩张时间 (单位: Ma)^[19]。

2 结果

2.1 *Cyt b* 基因序列

本研究对 7 个黄斑蓝子鱼地理群体共 197 尾样

本的 mtDNA 进行特异性扩增,并获得 197 条 *Cyt b* 基因序列。所获得的序列通过 BLAST 比对,证实全部序列均为本研究所需的目标序列。197 尾黄斑蓝子鱼样本的线粒体 *Cyt b* 基因序列长度均为 1 141 bp, 7 个黄斑蓝子鱼地理群体间的碱基组成差异较小, T、C、A、G 的平均含量依次为 25.75%、33.81%、25.39%、15.05%, A+T (51.14%) 含量高于 C+G 含量 (48.86%)。197 尾黄斑蓝子鱼样本的 *Cyt b* 基因序列的碱基转换与颠换比率为 7.49, 无碱基的插入或缺失; 存在 140 个变异位点, 约占全序列的 12.27%, 其中单突变位点 39 个, 简约信息位点 101 个。

2.2 遗传多样性与遗传结构

本研究基于 197 尾黄斑蓝子鱼样本的线粒体 *Cyt b* 基因序列, 共定义了 81 个单倍型 (表 1)。其中, 25 个单倍型由 2 个或 2 个以上的群体所共享; 75 个单倍型为单个群体所特有, 包含 2 个相同群体内多个个体共享的单倍型以及 73 个单个体独享单倍型。7 个地理群体的单倍型多样性介于 0.881~0.972, 其中沙扒湾群体的单倍型多样性最高, 大鹏湾群体次之, 而东山湾群体最低; 核苷酸多样性介于 0.003 2~0.010 9, 其中北部湾群体的核苷酸多样性最高, 三沙湾群体最低。总的来说, 北

表1 7 个黄斑蓝子鱼地理群体 *Cyt b* 基因序列的遗传多样性指数和中性检验
Table 1 Genetic diversity parameters and neutral test in seven *S. oramin* populations

群体 Population	样品数 Number of samples	单倍型 Haplotype	单倍型多样性 Haplotype diversity	核苷酸多样性 Nucleotide diversity	Tajima's <i>D</i>		Fu's <i>F_s</i>	
					<i>D</i>	<i>p</i>	<i>F_s</i>	<i>p</i>
深圳大鹏湾 DP	31	17	0.938±0.025	0.005 7±0.001 6	−1.858	0.018	−3.499	0.102
深圳大亚湾 DY	27	16	0.920±0.035	0.004 1±0.000 6	−1.325	0.079	−5.628	0.015
阳江沙扒湾 SB	30	21	0.972±0.016	0.007 4±0.002 0	−1.513	0.047	−6.374	0.021
漳州东山湾 DS	28	19	0.881±0.060	0.005 2±0.001 9	−2.247	0.003	−7.380	0.003
海南岛文昌 WC	28	17	0.894±0.051	0.008 7±0.004 2	−2.289	0.001	−1.968	0.232
湛江北部湾 BB	24	15	0.924±0.037	0.010 9±0.004 7	−2.022	0.008	−0.557	0.446
宁德三沙湾 SS	29	17	0.909±0.038	0.003 2±0.000 5	−1.782	0.026	−8.369	0.000
合计 Total	197	81	0.921±0.014	0.006 4±0.001 0	−2.185	0.001	−24.605	0.000

部湾群体的遗传多样性最高，三沙湾群体的最低。整体的单倍型多样性和核苷酸多样性分别为 0.921 和 0.006 4，表现出高单倍型多样性和低核苷酸多样性的特点。

基于双参数模型 (K2P) 计算的黄斑蓝子鱼群体间遗传距离结果显示，7 个群体间的遗传距离介于 0.003 59~0.009 59，其中文昌群体与北部湾群体间的遗传距离最远，同时各个群体间的遗传距离均小于 0.02，亲缘关系较近 (表 2)。7 个地理群体间遗

传分化指数 F_{st} 值介于 −0.023 42~0.034 49，并且除三沙湾与沙扒湾群体间的 F_{st} 值差异显著外，其他群体间的差异均不显著，表明 7 个黄斑蓝子鱼群体之间未发生明显的遗传分化。为检验黄斑蓝子鱼群体间遗传分化的显著性，将其 7 个地理群体设为同一组群进行分子方差分析 (AMOVA)，结果显示，群体内的分子变异高达 99.83% (表 3)，表明本研究中黄斑蓝子鱼遗传分化的主要成因是群体内部的遗传差异。

表2 7 个黄斑蓝子鱼群体间的遗传距离 (对角线下) 和 F_{st} 值 (对角线上)
Table 2 Genetic distance (Below diagonal) and F_{st} value (Above diagonal) among seven *S. oramin* populations

群体 Population	深圳大鹏湾 DP	漳州东山湾 DS	深圳大亚湾 DY	湛江北部湾 BB	宁德三沙湾 SS	阳江沙扒湾 SB	海南岛文昌 WC
深圳大鹏湾 DP		−0.001 40	0.010 18	−0.014 22	0.024 34	−0.008 86	0.005 43
漳州东山湾 DS	0.005 46		0.009 87	−0.002 06	0.000 00	0.016 99	−0.004 78
深圳大亚湾 DY	0.004 94	0.004 70		0.010 71	−0.007 01	0.013 68	−0.002 88
湛江北部湾 BB	0.008 17	0.008 04	0.007 55		0.017 34	−0.010 58	−0.022 92
宁德三沙湾 SS	0.004 55	0.004 20	0.003 59	0.007 13		0.033 83*	−0.001 82
阳江沙扒湾 SB	0.006 48	0.006 42	0.005 81	0.009 04	0.005 47		−0.007 24
海南岛文昌 WC	0.007 24	0.006 94	0.006 37	0.009 59	0.005 92	0.007 99	

注：*. $p<0.05$ 。
Note: *. $p<0.05$.

基于本研究的 81 个 *Cyt b* 基因单倍型，以褐蓝子鱼 (*S. fuscenssens*) 作为外类群构建邻接树 (NJ 树)。整体来看，主要分为 2 大支系，黄斑蓝子鱼的 81 个单倍型均分布于一个支系，且大部分节点的支持率均小于 50%；来自 7 个不同地理群体的单

倍型分散在分支中，未形成独立的单系分支 (图 2)。表明 7 个黄斑蓝子鱼群体相互之间不存在显著的谱系地理结构特征，即它们在遗传进化的谱系地理分布上并未呈现出明显的分化和隔离情况^[20]。基于 Median-joining 法构建的单倍型网络关系图亦显

表3 基于 *Cyt b* 基因序列的分子变异分析
Table 3 AMOVA analysis for *S. oramin* based on *Cyt b* gene sequence

变异来源 Source of variation	自由度 Degree of freedom	平方和 Sum of squares	变异组成 Variance components	变异百分比 Percentage of variation/%
群体间 Among populations	6	22.79	0.006 20Va	0.17
群体内 Within populations	190	688.63	3.624 37Vb	99.83
合计 Total	196	711.42	13.81	100.00

示, 不同群体的单倍型无规则地散布在网络图中, 且绝大部分单倍型之间的变步步数仅为 1~2 步 (图 3), 表明黄斑蓝子鱼不同群体间个体的遗传距离较小, 未形成明显的谱系地理结构。

2.3 种群历史动态

本研究的 7 个黄斑蓝子鱼群体之间的遗传分化程度较小, 可将其全部地理群体看作一个大群体进行历史动态分析。基于群体大小恒定 (Constant population size) 的假定模型对黄斑蓝子鱼进行错配

分布分析, 结果显示, 实际观测值未偏离期望值的假定模型, 核苷酸不配对分布呈多峰形, 提示观测的核苷酸不配对分布为群体稳定模型; 同时对 7 个群体依次进行错配分布分析, 结果亦为多峰形 (图 4)。然而, 中性检验结果显示, 黄斑蓝子鱼整体的 Tajima's *D* 值为负值 ($-2.185, p<0.05$), 差异性检验显著; Fu's *F_s* 值为显著的负值 (Fu's *F_s*= $-24.605, p<0.05$), 显著偏离中性突变。通过最小方差法对核苷酸不配对的观测值 (Observed value) 与群体大

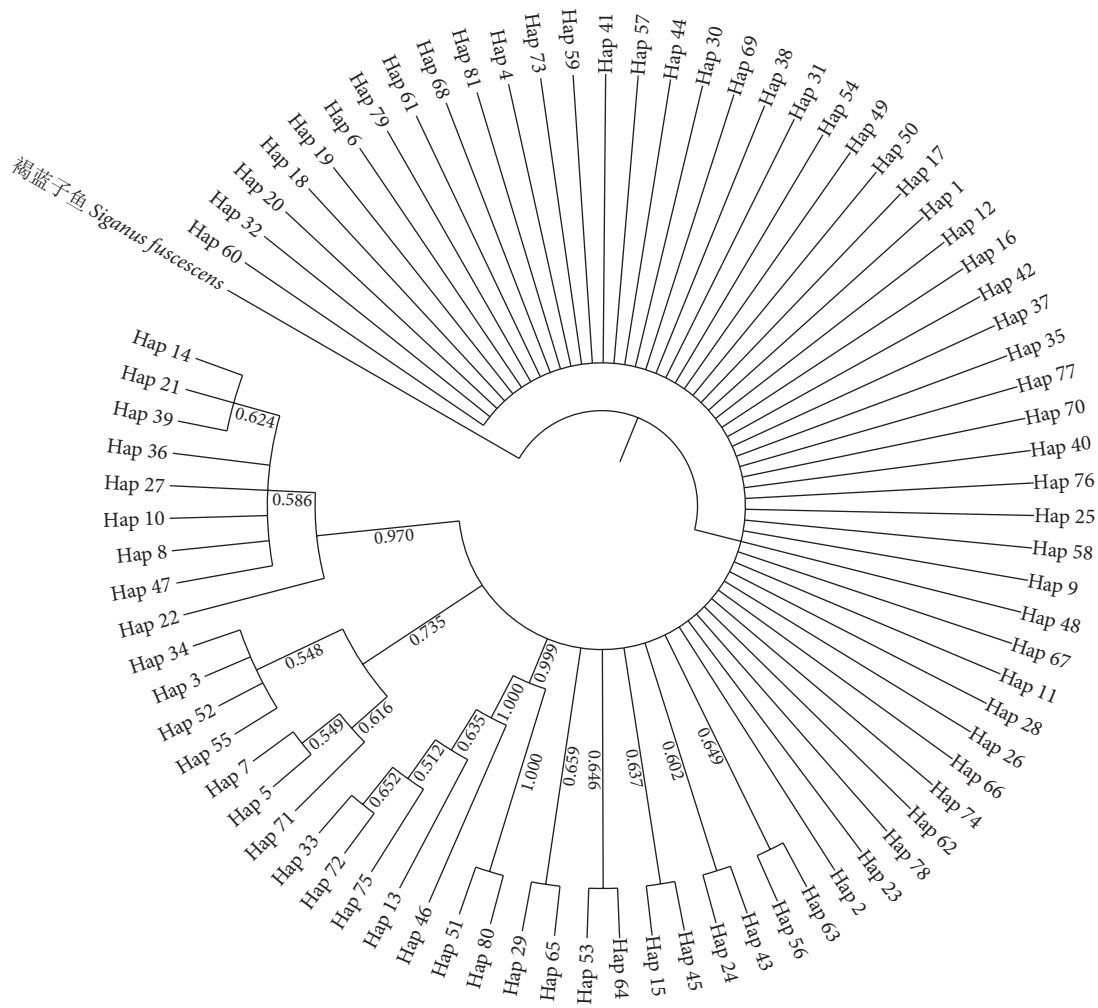


图2 81 个 *Cyt b* 基因单倍型构建的邻接树
Fig. 2 Neighbor-joining tree constructed from 81 *Cyt b* gene haplotypes of *S. oramin*

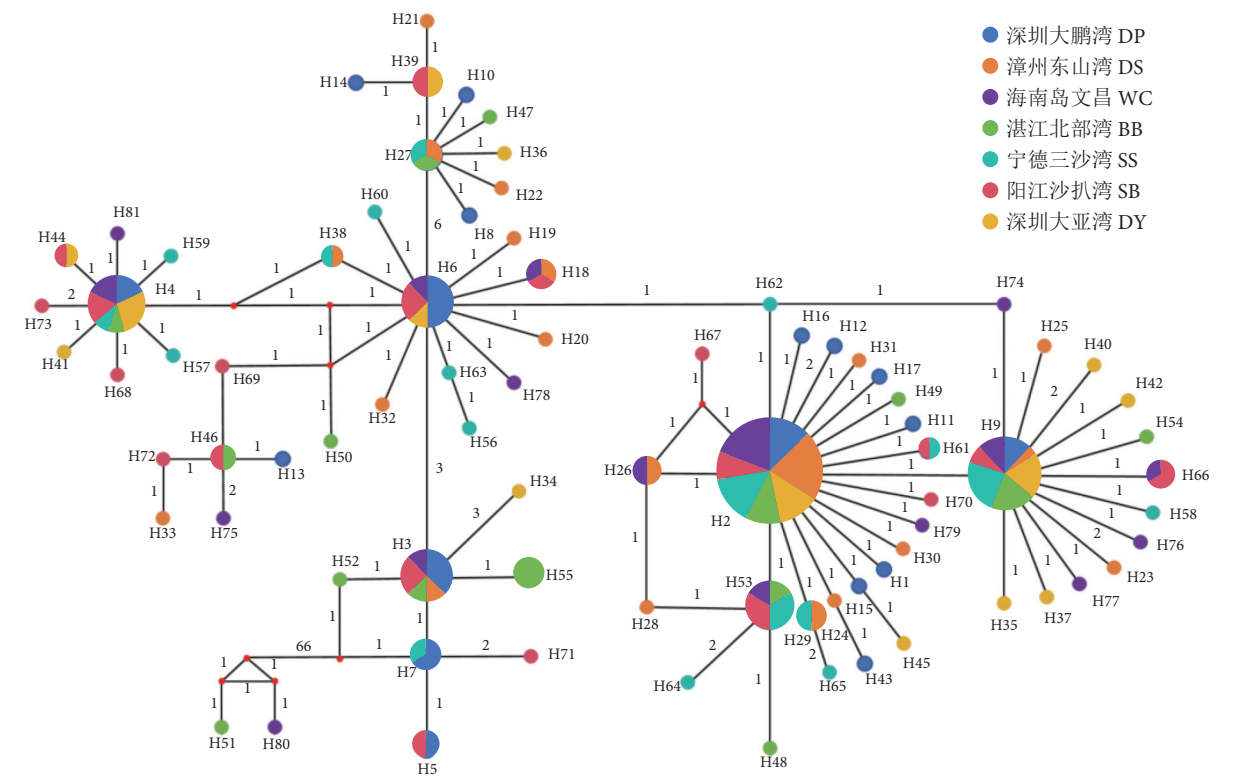


图3 基于 *Cyt b* 基因序列构建的黄斑蓝子鱼单倍型网络图
注：单倍型间数字表示单倍型间的核苷酸变异数。

Fig. 3 Haplotype network sequences of seven *S. oramin* populations based on mtDNA *Cyt b* gene
Note: Numbers between haplotypes represent the number of nucleotide variations between haplotypes.

小恒定假定模型下的期望值 (Simulated value) 展开拟合优度检验, 差平方和 (SSD) 与粗糙指数 (*R*) 均处于较低水平, 且相应的统计检验结果均不显著 ($p>0.05$, 表 4)。表明无法拒绝群体扩张这一假设, 即观测到的核苷酸不配对分布与群体扩张模型相契合。贝叶斯天际线图分析结果显示, 黄斑蓝子

鱼种群在大约 0.01 Ma 前处于一个相对稳定的水平, 随后种群数量迅速减少后又突然增加 (图 5)。

3 讨论

3.1 黄斑蓝子鱼的遗传分析

本研究中, 197 尾黄斑蓝子鱼 *Cyt b* 基因的碱

表4 核苷酸不配对分布分析参数估计值
Table 4 Mismatch distribution parameters of *S. oramin*

群体 Population	核苷酸不配对分布 Nucleotide mismatch distribution			拟合优度检验 Goodness-of-fit test			
	扩张参数 τ	初始值 θ	最终值 θ_1	差平方和 SSD	p (SSD)	粗糙指数 R	p (R)
深圳大鹏湾 DP	0.969	4.795	4 141.789	0.012 74	0.560	0.028 32	0.230
深圳大亚湾 DY	0.625	5.231	7 158.775	0.006 13	0.840	0.010 50	0.960
阳江沙扒湾 SB	2.795	3.556	26.797	0.008 03	0.440	0.009 42	0.830
漳州东山湾 DS	35.306	0	5.097	0.009 07	0.720	0.018 20	0.860
海南岛文昌 WC	0.750	2.912	6 844.115	0.008 77	0.600	0.020 14	0.830
湛江北部湾 BB	8.066	0	7.979	0.023 87	0.660	0.031 10	0.650
宁德三沙湾 SS	0.750	3.512	2 450.040	0.008 64	0.700	0.028 79	0.620
合计 Total	0.720	4.584	3 599.395	0.004 24	0.760	0.009 46	0.850

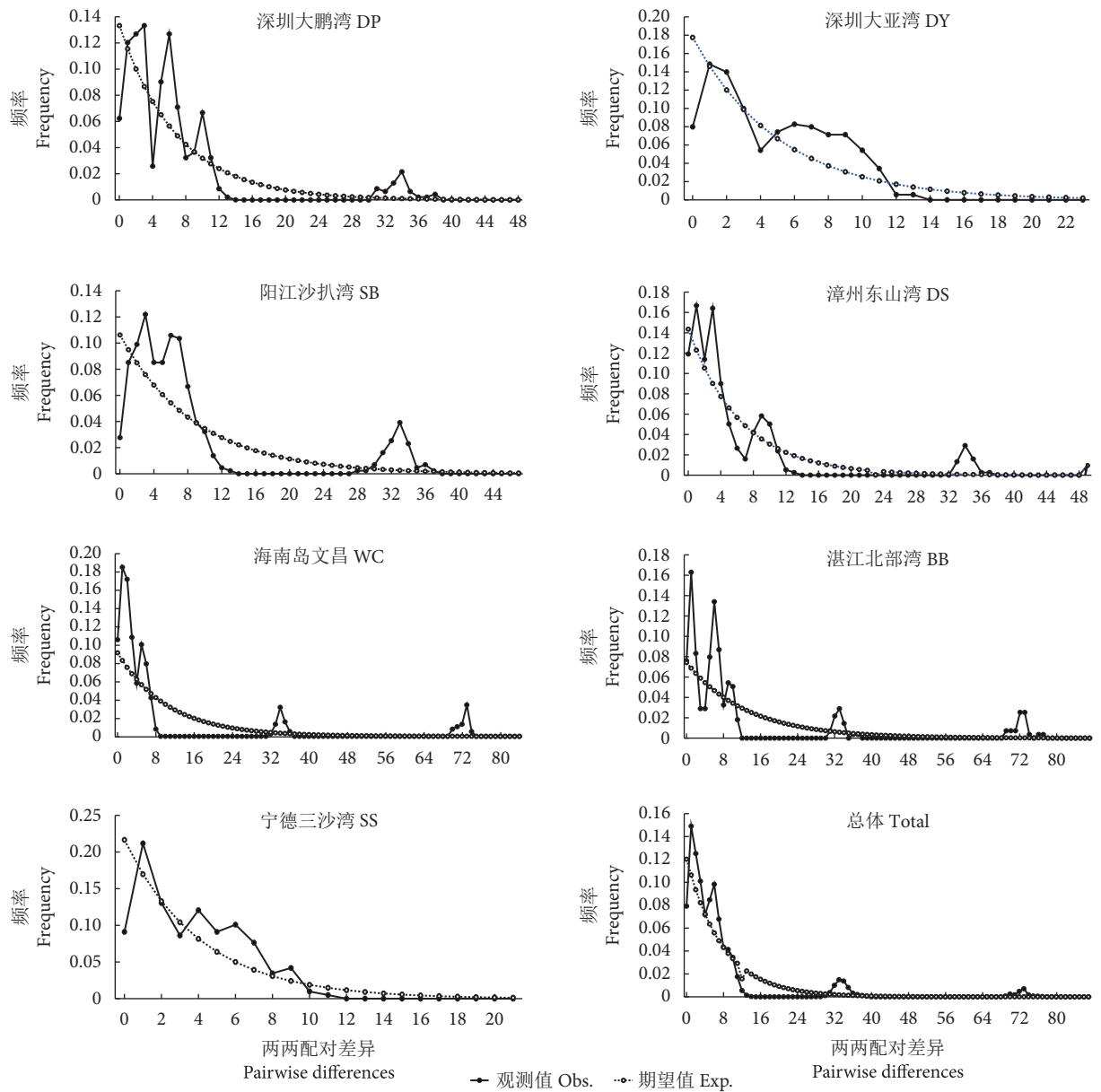


图4 核苷酸不配对分析图

Fig. 4 Mismatch-distribution analysis of *S. oramin*

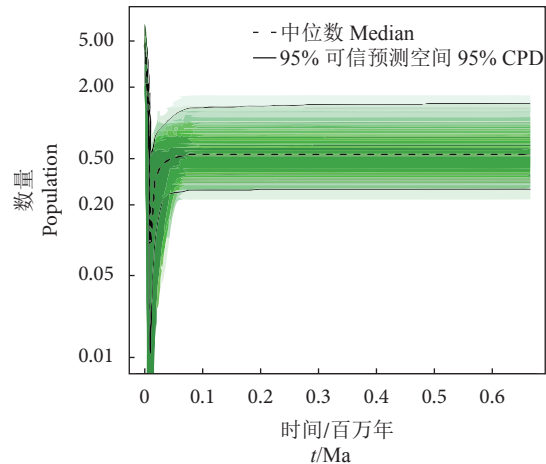


图5 贝叶斯天际线图

Fig. 5 Bayesian Skyline plot of *S. oramin*

基组成表现出一定的 AT 偏好性，同时 G 含量 (15.05%) 显著低于其他碱基的含量，表现出明显的反 G 偏倚，符合脊椎动物线粒体基因的核苷酸组成特性^[21]。基因序列中存在 140 个变异位点，约占全序列的 12.27%，其中单突变位点 39 个，简约信息位点 101 个，该现象与其他海洋鱼类线粒体 *Cyt b* 基因序列的进化特点相一致^[22]。

遗传多样性是生态系统多样性和物种多样性的基础，也是物种生存与进化的重要保障。种内遗传多样性的保持有助于保持物种和整个生态系统的多样性，亦可减缓物种由于适应或进化所导致的灭绝过程^[23]。因此，遗传多样性监测成为渔业资源保

护与利用工作中的一项重要环节。在种群遗传学研究中, 单倍型多样性 (H_d) 和核苷酸多样性 (P_i) 是衡量群体遗传多样性的重要指标, 其数值大小与遗传多样性呈正相关^[24-26]。本研究发现黄斑蓝子鱼具有高单倍型多样性 (0.881~0.972) 和低核苷酸多样性 (0.003 2~0.010 9), 与小黄鱼 (*Larimichthys polyactis*, $H_d=0.857\sim0.993$, $P_i=0.004\ 29\sim0.005\ 53$)、角木叶鲷 (*Pleuronichthys cornutus*, $H_d=0.969\ 9$, $P_i=0.006\ 1$)、黄鳍棘鲷 (*Acanthopagrus latus*, $H_d=0.572\sim0.837$, $P_i=0.000\ 89\sim0.001\ 62$) 等海洋鱼类相似^[27-29], 推测黄斑蓝子鱼群体过去经历了瓶颈效应, 而后发生过快速扩张事件, 在短时间内积累了变异^[30]。

遗传距离是衡量不同物种间或同物种不同群体间遗传分化的标尺。Shaklee^[31] 认为, 区分鱼类属、种、亚种 (或种群) 水平的遗传距离临界值分别为 0.9、0.3、0.05。本研究中, 基于 *Cyt b* 基因计算的黄斑蓝子鱼群体间遗传距离介于 0.003 59~0.009 59, 其数值均小于 0.05, 表明 7 个黄斑蓝子鱼群体可以看作一个大群体, 属于一个随机交配种群。这与许多海洋鱼类如日本鳀 (*Engraulis japonicus*)^[32]、银鲳 (*Pampus argenteus*)^[33]、黄鳍马面鲀 (*Thamnaconus hypargyreus*)^[34] 和加洲鳀 (*Engraulis mordax*)^[35] 等的不同地理群体间的遗传分化结果类似。

F_{st} 值是衡量同物种不同群体间遗传分化的重要参数^[36]。本研究中, 7 个黄斑蓝子鱼群体间的 F_{st} 值介于 -0.023 42~0.034 49, 均小于 0.15^[31], 且绝大多数 F_{st} 值的统计差异性不显著, 同样表明 7 个黄斑蓝子鱼群体间的分化程度不显著。Ravago-Gotanco 等^[37] 在研究中国南海和菲律宾北部海区褐蓝子鱼的遗传多样性时发现, 其存在核质不一致和线粒体基因渗入现象, 导致褐蓝子鱼存在 2 个隐性物种。本研究中宁德三沙湾和阳江沙扒湾群体的 F_{st} 值达显著性水平, 推测黄斑蓝子鱼群体可能也存在此类现象, 有待进一步的研究讨论。基于黄斑蓝子鱼线粒体 *Cyt b* 基因单倍型构建的系统发育树和网络关系图未检测出明显的谱系地理结构; 此外, 7 个地理群体的 AMOVA 结果亦表明黄斑蓝子鱼各群体间不存在明显的谱系地理结构, 其遗传分化主要是群体内个体间的遗传变异。

据已有研究^[19,38], 在群体样本量较大的条件下, Fu's F_s 检验对群体近期扩张事件表现出较高的敏感性。本研究中, Fu's F_s 值显著为负 (Fu's $F_s=-$

-24.605, $p<0.05$), 显著偏离中性突变预期, 表明黄斑蓝子鱼群体可能经历过近期的种群扩张事件。然而, 核苷酸不配对分析图呈多峰形态, 暗示黄斑蓝子鱼群体可能受到多个历史事件的综合影响。贝叶斯天际线图进一步显示, 该群体在约 0.01 Ma 前经历了短时间内的种群迅速减少, 随后又快速扩张。因此, 推测黄斑蓝子鱼群体在经历瓶颈效应后迅速扩张, 这种动态变化可能导致群体在短时间内积累了大量变异。

根据 τ 的观测值 ($\tau=0.720$) 及海洋硬骨鱼类线粒体 *Cyt b* 基因序列的突变速率 (约 $2\%\cdot\text{Ma}^{-1}$)^[39], 估算黄斑蓝子鱼的种群扩张事件约发生在 1.577 万年前, 与上述贝叶斯天际线图推断的时间接近, 处于更新世晚期。这一结果与黄小林等^[40] 的研究结论相似。

3.2 黄斑蓝子鱼的种群历史动态

大量研究认为, 开放性的海洋水环境是导致较大范围内海洋物种不同群体间的遗传分化极低的主要原因^[41]。海洋环境由于缺乏山脉、高原等一般地理屏障, 导致其中的许多扩散能力较强的物种个体或其浮性卵能够借助洋流作用进行长距离扩散, 这为实现远距离群体间的基因交流提供了途径。黄斑蓝子鱼虽然不产浮性卵, 但其个体具有较强的运动能力^[42], 能够通过所处海域的洋流进行扩散。潮汐的流动方向和模式会影响黄斑蓝子鱼幼鱼在海草栖息地之间的扩散^[17]。当潮汐将幼鱼从一个海草栖息地带到另一个栖息地时, 它就成为空间分布和连通性的“连接”, 有助于基因在不同种群间交流, 减少遗传分化; 若潮汐的某些特性 (如流速、流向的季节性变化或特定区域的涡流现象) 限制了幼鱼在栖息地之间的移动, 那么它就成为“屏障”, 导致不同栖息地的黄斑蓝子鱼种群相对隔离, 各自积累独特的遗传变异, 增加遗传分化。因此本研究认为, 黑潮主流、浙闽沿岸流和黑潮南海分支流等洋流^[43] 促进了东海海域的黄斑蓝子鱼群体 (宁德三沙湾) 和南海海域群体之间的相互扩散, 有利于发生基因交流; 由季风主导的海洋环流、夏季季风漂流形成的水平环流以及广东沿岸流^[44], 导致南海海域各群体间容易发生基因交流, 成为一个随机交配的种群^[29]。北部湾是一个半封闭的海湾, 通过琼州海峡与南海连接, 由于受湾内环流影响^[45], 湾内黄斑蓝子鱼群体与其他群体间基因交流有所减

少,遗传分化相对较大。这与本研究中北部湾群体与其他群体间的遗传距离(0.007 13~0.009 59)均大于其余群体间的遗传距离的结果相一致。

在晚更新世的大部分时期,冰川成为大部分区域的主体,海平面大幅下降。在末次冰期期间,由于晚更新世骤冷气候和冰川活跃作用,南海和东海大陆架盆地由海陆交替沉积变为陆地型湖泊沉积^[46-47],成为海洋生物的冰期避难所。在海平面大幅下降及冰期极寒气候条件的影响下,大部分海洋生物的分布范围和种群大小发生了较大程度的衰减。在末次冰期与冰后期的过渡阶段,伴随海平面的上升,中国东南沿海区经历了多次大规模的海侵事件^[48-49],重新形成海洋沉积。中国近海的部分海洋生物可能在这一时期内发生过种群扩张事件^[50-51]。本研究根据黄斑篮子鱼线粒体 *Cyt b* 基因序列,推断其种群扩张时间约在 1.577 万年前,与上述时期重叠。

参考文献:

- [1] 马强. 中国海蓝子鱼科 Family Siganidae 分类和动物地理学特点[D]. 青岛: 中国科学院研究生院(海洋研究所), 2006: 1-8.
- [2] 孟庆闻, 苏锦祥, 缪学祖. 鱼类分类学[M]. 北京: 中国农业出版社, 1995: 898-900.
- [3] 冯广朋, 章龙珍, 庄平, 等. 海水网箱养殖长鳍篮子鱼的摄食与生长特性[J]. 海洋渔业, 2008, 30(1): 37-42.
- [4] 郑有慧, 张振豪, 韦慕兰, 等. 光伏池塘养殖篮子鱼技术[J]. 科学养鱼, 2023(12): 66-67.
- [5] SHUI B N, HAN Z Q, GAO T X, et al. Mitochondrial DNA variation in the East China Sea and Yellow Sea populations of Japanese Spanish mackerel *Scomberomorus niphonius*[J]. *Fish Sci*, 2009, 75(3): 593-600.
- [6] 刘云国. 水产生物 DNA 分子标记技术[M]. 北京: 科学出版社, 2009: 59-62.
- [7] LEE W J, KOCHER T D. Complete sequence of a sea lamprey (*Petromyzon marinus*) mitochondrial genome: early establishment of the vertebrate genome organization[J]. *Genetics*, 1995, 139(2): 873-887.
- [8] 肖武汉, 张亚平. 鱼类线粒体 DNA 的遗传与进化[J]. 水生生物学报, 2000, 24(4): 384-391.
- [9] HUANG X L, HUANG Z, LI Q, et al. De novo assembly, characterization, and comparative transcriptome analysis of mature male and female gonads of rabbitfish (*Siganus oramin*) (Bloch & Schneider, 1801)[J]. *Animals*, 2024, 14(9): 1346.
- [10] 黄小林, 劳智鸿, 杨育凯, 等. 黄斑篮子鱼幼鱼对水温、盐度和溶解氧的耐受研究[J]. 南方水产科学, 2024, 20(2): 48-55.
- [11] 李文楷. 黄斑篮子鱼饲料中三种功能性糖在缓解高淀粉引起的生长减缓、脂肪蓄积中的作用机制[D]. 汕头: 汕头大学, 2022: 11-12.
- [12] 杨育凯, 黄小林, 舒晓, 等. 不同生境下黄斑篮子鱼肌肉营养成分比较分析[J]. 南方水产科学, 2023, 19(1): 128-135.
- [13] 陈翠英, 程宇, 王懿, 等. 黄斑篮子鱼 $\Delta 6\Delta 5$ Fads2 蛋白重组表达和多克隆抗体的制备[J]. 汕头大学学报(自然科学版), 2022, 37(3): 50-57.
- [14] 刘丽杰. 胰岛素及其信号通路在黄斑篮子鱼 LC-PUFA 合成调控中的作用及机制研究[D]. 汕头: 汕头大学, 2022: 56-58.
- [15] LUO H T, YANG Y F, WANG Q, et al. Protection of *Siganus oramin*, rabbitfish, from heavy metal toxicity by the selenium-enriched seaweed *Gracilaria lemaneiformis*[J]. *Ecotoxicol Environ Saf*, 2020, 206: 111183.
- [16] SUN J L, JIANG T, GU Y, et al. Differential immune and metabolic responses underlie differences in the resistance of *Siganus oramin* and *Trachinotus blochii* to *Cryptocaryon irritans* infection[J]. *Fish Shellfish Immunol*, 2022, 120: 166-179.
- [17] LATUCONSINA H, BUTET N A, AFFANDI R, et al. Genetic diversity of white-spotted rabbitfish (*Siganus canaliculatus*) on different seagrass habitats in Inner Ambon Bay, Indonesia based on mitochondrial COI sequences[J]. *Trop Life Sci Res*, 2024, 35(1): 277.
- [18] 中国科学院动物研究所, 中国科学院海洋研究所, 上海水产学院. 南海鱼类志[M]. 北京: 科学出版社, 1962: 733.
- [19] 彭敏, 韩耀全, 王大鹏, 等. 基于线粒体 *Cytb* 基因序列的西江流域广西境内卷口鱼遗传多样性分析[J]. 南方水产科学, 2020, 16(5): 10-18.
- [20] 李文静, 王环珊, 刘焕章, 等. 赤水河半鲮的遗传多样性和种群历史动态分析[J]. 水生生物学报, 2018, 42(1): 106-113.
- [21] SCHNEIDER S, EXCOFFIER L. Estimation of past demographic parameters from the distribution of pairwise differences when the mutation rates vary among sites: application to human mitochondrial DNA[J]. *Genetics*, 1999, 152(3): 1079-1089.
- [22] 张帅, 李敏, 闫帅, 等. 基于线粒体 *Cyt b* 基因序列的棘头梅童鱼种群遗传结构[J]. 中国水产科学, 2021, 28(1): 90-99.
- [23] 周伟, 高天翔, 王俊, 等. 乌鳢群体遗传多样性和遗传结构分析[J]. 水产学报, 2017, 41(10): 1521-1532.
- [24] GOODALL-COPESTAKE W P, TARLING G A, MURPHY E J. On the comparison of population-level estimates of haplotype and nucleotide diversity: a case study using the gene *cox1* in animals[J]. *Heredity*, 2012, 109(1): 50-56.
- [25] NEI M, LI W H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases[J]. *Proc Natl Acad Sci*, 1979, 76(10): 5269-5273.
- [26] SOLTIS P S, SOLTIS D E. Genetic variation in endemic and widespread plant species examples from Saxifragaceae and Polystichum (Dryopteridaceae)[J]. *Aliso*, 1991, 13(1): 215-223.
- [27] 郭丹丹, 刘峰, 牛宝龙, 等. 基于线粒体 *Cytb* 基因和 D-loop 区的野生与养殖小黄鱼群体遗传多样性[J]. 浙江农业学报, 2022, 34(9): 1856-1865.

- [28] 崔静, 徐明芳, 章群, 等. 基于 3 种线粒体标记探讨中日沿海角木叶鲷遗传多样性差异[J]. *生物多样性*, 2022, 30(5): 90-102.
- [29] 朱威霖, 肖珊, 杨春玲, 等. 基于线粒体 *Cytb* 基因序列的华南沿海黄鳍棘鲷种群遗传结构分析[J]. *西南农业学报*, 2021, 34(2): 446-454.
- [30] GRANT W A S, BOWEN B W. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation[J]. *J Hered*, 1998, 89(5): 415-426.
- [31] SHAKLEE J B. Speciation and evolution of marine fishes studied by the electrophoretic analysis of proteins[J]. *Pac Sci*, 1982, 36(2): 141-157.
- [32] YU Z N, KONG X Y, GUO T H, et al. Mitochondrial DNA sequence variation of Japanese anchovy *Engraulis japonicus* from the Yellow Sea and East China Sea[J]. *Fish Sci*, 2005, 71: 299-307.
- [33] 吴仁协, 梁秀何, 庄志猛, 等. 中国近海银鲳线粒体 *COI* 基因序列变异分析[J]. *动物分类学报*, 2012, 37(3): 480-488.
- [34] WANG Z Y, ZHANG Y, ZHAO L L, et al. Shallow mitochondrial phylogeographical pattern and high levels of genetic connectivity of *Thamnaconus hypargyreus* in South China Sea and the East China Sea[J]. *Biochem Syst Ecol*, 2016, 67: 110-118.
- [35] LECOMTE F, GRANT W S, DODSON J J, et al. Living with uncertainty: genetic imprints of climate shifts in East Pacific anchovy (*Engraulis mordax*) and sardine (*Sardinops sagax*)[J]. *Mol Ecol*, 2004, 13(8): 2169-2182.
- [36] WRIGHT S. Evolution and the genetics of populations[M]. Chicago: University of Chicago Press, 1978: 388-392.
- [37] RAVAGO-GOTANCO R, de la CRUZ T L, PANTE M J, et al. Cryptic genetic diversity in the mottled rabbitfish *Siganus fuscescens* with mitochondrial introgression at a contact zone in the South China Sea[J]. *PLoS One*, 2018, 13(2): e0193220.
- [38] FU Y X. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection[J]. *Genetics*, 1997, 147(2): 915-925.
- [39] ZHU Y X, CHENG Q Q, ROGERS S M. Genetic structure of *Scomber japonicus* (Perciformes: Scombridae) along the coast of China revealed by complete mitochondrial cytochrome *b* sequences[J]. *Mitochondr DNA A*, 2016, 27(6): 3828-3836.
- [40] 黄小林, 李文俊, 林黑着, 等. 基于线粒体 DNA D-loop 序列的黄斑篮子鱼群体遗传多样性分析[J]. *热带海洋学报*, 2018, 37(4): 45-51.
- [41] 卢丽锋, 章群, 杨喜书, 等. 基于线粒体控制区的中国近海绿鳍鱼遗传多样性分析[J]. *海洋渔业*, 2018, 40(3): 257-264.
- [42] 黄小林, 杨育凯, 李涛, 等. 黄斑篮子鱼仔、稚、幼鱼形态观察与生长研究[J]. *南方水产科学*, 2018, 14(5): 88-94.
- [43] 乔方利. 中国区域海洋学: 物理海洋学[M]. 北京: 海洋出版社, 2012: 379-389.
- [44] 葛倩. 晚末次冰期以来南海古环境和古气候记录[D]. 北京: 中国地质大学, 2010: 10-11.
- [45] 高劲松. 南海北部中尺度涡及北部湾环流结构与生成机制研究[D]. 青岛: 中国海洋大学, 2013: 64-68.
- [46] 陈欣树, 刘以宣. 华南沿海海滩岩与第四纪环境研讨会在汕头召开[J]. *热带海洋*, 1988, 2: 27.
- [47] 蓝先洪, 张志珣, 王中波, 等. 东海陆架晚更新世以来沉积物常量元素的分布及其地质意义[J]. *吉林大学学报 (地球科学版)*, 2014(6): 1883-1891.
- [48] 王珏. 闽江河口区晚更新世以来的气候变迁[J]. *地理科学*, 1989, 9(3): 289-290.
- [49] 赵焕庭. 珠江河口演变[M]. 北京: 海洋出版社, 1990: 80-83.
- [50] 黄镇宇, 章群, 卢丽锋, 等. 基于线粒体 *COI* 序列的中国前鳞鲛遗传多样性分析[J]. *渔业科学进展*, 2019, 40(1): 46-52.
- [51] 钟声平, 蒋艳, 陈秀荔, 等. 基于线粒体 *Cytb* 基因序列的褐石斑鱼种群遗传多样性分析[J]. *广西科学*, 2023, 30(4): 719-726.