

基于线粒体 DNA 控制区的黄姑鱼养殖群体与野生群体比较研究*

赵祥¹, 郑建¹, 高天翔², 宋娜^{1**}

(1. 海水养殖教育部重点实验室(中国海洋大学), 山东 青岛 266003; 2. 浙江海洋大学水产学院, 浙江 舟山 316022)

摘要: 黄姑鱼(*Nibea albiflora*)是我国重要的经济鱼类。由于受到过度捕捞和环境污染等因素的影响,野生黄姑鱼资源量急剧下降。为了解黄姑鱼野生群体与养殖群体的种质资源现状,本研究扩增了2个野生群体和2个养殖群体的线粒体DNA控制区高变区部分序列,同时结合NCBI数据库中部分已发表序列进行分析。研究显示:173个黄姑鱼个体共检测到62个单倍型,其中养殖群体仅7个;养殖群体和野生群体之间仅存在1个共享单倍型;养殖群体单倍型多样性(0.416 0~0.712 3)明显低于野生群体(0.913 0~0.992 6)。基于线粒体DNA控制区单倍型构建的网络图未发现明显的谱系结构。群体间遗传分化指数 F_{ST} 显示,黄姑鱼养殖群体间以及养殖群体与野生群体间产生了较大的遗传分化。AMOVA分析结果显示,群体内部遗传变异占绝大部分。黄姑鱼野生群体的历史动态分析结果暗示,其可能经历过近期群体扩张事件。综合上述结果,黄姑鱼养殖群体遗传多样性显著降低,有必要开展黄姑鱼遗传多样性监测工作,并采用科学的人工繁育方法,保护黄姑鱼的优质种质资源。

关键词: 黄姑鱼;线粒体DNA控制区;遗传多样性;野生群体;养殖群体

中图法分类号: S93

文献标志码: A

文章编号: 1672-5174(2021)08-011-09

DOI: 10.16441/j.cnki.hdxh.20200174

引用格式: 赵祥, 郑建, 高天翔, 等. 基于线粒体DNA控制区的黄姑鱼养殖群体与野生群体比较研究[J]. 中国海洋大学学报(自然科学版), 2021, 51(8): 11-19.

Zhao Xiang, Zheng Jian, Gao Tianxiang, et al. Comparative analysis of genetic variation between cultured and wild populations of *Nibea albiflora* based on mitochondrial DNA control region[J]. Periodical of Ocean University of China, 2021, 51(8): 11-19.

黄姑鱼(*Nibea albiflora*)隶属于鲈形目(Perciforms)石首鱼科(Sciaenidae)黄姑鱼属(*Nibea*),别名铜罗鱼、黄婆鸡、春仔(鱼)、黄姑子等。黄姑鱼主要栖息于近海中下层水域,属于暖水性鱼类,主要摄食底栖动物^[1]。黄姑鱼分布较广,在中国、朝鲜半岛和日本南部海区均有分布,是传统捕捞生产中非常重要的捕捞对象,也是我国重要的经济鱼类之一^[2-3]。近年来,由于受到过度捕捞、海洋污染及气候变化等因素的影响,野生黄姑鱼资源量急剧下降^[4]。目前中国多地已经开展黄姑鱼人工育苗与网箱养殖^[5-6],因其不易受到养殖病害的影响^[7],已成为海水养殖经济鱼类中极具潜力的品种。黄姑鱼人工养殖工作的开展极大地缓解了野生资源的枯竭状况。

目前关于黄姑鱼育苗与养殖方面的研究较多^[8-14],而群体遗传学方面研究相对较少。韩志强在2006

年^[15]与2008年^[16]先后利用AFLP和线粒体DNA控制区两种标记方法对黄姑鱼群体遗传多样性进行了分析,结果显示群体间存在着较强的基因交流。徐冬冬在2012年^[17]与2017年^[18]先后利用线粒体DNA COI基因和微卫星标记对4个野生黄姑鱼群体进行比较分析,结果显示野生黄姑鱼群体遗传多样性水平较高,不同群体间遗传差异较小。目前,国内多个省市已经开展黄姑鱼的增殖放流工作^[19-20]。养殖群体的遗传多样性现状不仅涉及到养殖品种的种质资源,结合增殖放流工作的开展更会对野生群体产生一定的影响。因此,养殖群体和野生群体的遗传多样性监测工作对了解黄姑鱼种质资源现状及人工养殖发展趋势具有十分重要的作用,对其增殖放流工作的开展也有重要意义。

线粒体DNA(mtDNA)结构较为简单,大多数呈双链环状结构。遵循母系遗传且不易发生重组,具有可

* 基金项目:农业行业标准制定项目《黄姑鱼(种质)》;国家重点研究发展计划项目(2018YFD0900905)资助

Supported by the Agricultural Industry Standard Development Project “*Nibea albiflora* (Germplasm)” ; the Key Research and Development Program of China (2018YFD0900905)

收稿日期:2020-06-15;修订日期:2020-08-29

作者简介:赵祥(1997-),男,硕士生。E-mail: zx15965582296@163.com

** 通讯作者: E-mail: songna624@163.com

溯源性。突变速率快且突变率高,具有一定的多态性。可以作为一种有效的分子标记用于群体遗传分析^[21-23],因此在鱼类遗传多样性检测中被广泛采用^[24-26]。例如,肖志忠等^[27]利用线粒体 DNA 控制区序列对来自青岛胶南的条石鲷野生与养殖群体进行比较分析,发现条石鲷养殖群体与野生群体之间产生了较为显著的遗传分化。Iguchi 等^[28]基于线粒体 DNA 控制区序列对日本香鱼野生与养殖群体进行比较分析,结果表明日本香鱼养殖群体较野生群体遗传多样性水平显著降低。本研究基于线粒体 DNA 控制区高变区部分序列对黄姑鱼养殖群体和野生群体进行遗传学比较,明确黄姑鱼群体遗传多样性水平与遗传分化程度,评估目前黄姑鱼养殖工作中存在的弊端,以期为

黄姑鱼种质资源保护、人工养殖以及增殖放流等提供基础参考资料。

1 材料与方法

1.1 样品采集

本研究中 2 个养殖群体分别采自青岛国家海洋科学研究中心和宁德市横屿岛水产有限公司(亲鱼分别来自青岛和厦门近海),2 个野生群体分别采自乳山和舟山近海。此外从 NCBI 数据库中下载 3 个野生群体^[15](青岛、舟山、厦门)的序列进行比较分析。具体样品信息以及 NCBI 登录号见表 1。所有采集的样品经过形态学鉴定后取背部肌肉,置于 95%酒精中保存备用。

表 1 黄姑鱼样品信息及 NCBI 登录号统计表

Table 1 Statistical table of NCBI accession number and sample information of *Nibea albiflora*

群体 Population	英文名称 English names	缩写 Abbreviation	采样时间 Collection date	NCBI 序列登录号 NCBI accession number
青岛(养殖)	Qingdao(cultured)	QDC	2019 年 11 月	本实验 This experiment
厦门(养殖)	Xiamen(cultured)	XMC	2019 年 12 月	
乳山(野生)	Rushan(wild)	RSW	2019 年 10 月	
舟山(野生)	Zhoushan(wild)	ZSW	2019 年 11 月	
青岛(野生)	Qingdao(wild)	QD1	2004 年 7 月	EU348790~EU348816
厦门(野生)	Xiamen(wild)	XM1	2004 年 11 月	EU348787~EU348802
舟山(野生)	Zhoushan(wild)	ZS1	2005 年 9 月	EU248789~EU348823

注:在下表和下图均用缩写来代表各群体。QD1, XM1 和 ZS1 代表序列来自于 NCBI 数据库的群体,下同。

Note: Abbreviations are used in the table below and in the figure below to represent populations. QD1, XM1 and ZS1 represent populations with sequences from the NCBI database. The following is the same.

1.2 DNA 提取及序列扩增

取黄姑鱼样品肌肉组织,经蛋白酶 K 消化后采用标准酚-氯仿方法提取样品 DNA 并对线粒体 DNA 控制区高变区序列进行 PCR 扩增。扩增所用引物序列根据黄姑鱼线粒体 DNA 全基因组序列(NCBI 登录号: NC_015205),利用 Primer Premier6 软件^[29]设计。正反引物序列分别为 dl~h1: TTCTTCCTACTGCCTAACTC; dl~h2: CGCTTATGTATTACCACCAT。PCR 反应体系共 25 μ L,其中包括 17.25 μ L 超纯水、2.5 μ L 10 $\times$ PCR 扩增缓冲液、2 μ L dNTPs (200 μ mol/L)、0.25 μ L TaqDNA 聚合酶、正反向引物及模板 DNA 各 1 μ L。反应条件为 95 $^{\circ}$ C 预变性 5 min, 94 $^{\circ}$ C 变性 45 s, 52 $^{\circ}$ C 退火 1 min, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min, 共 35 个循环, 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min。扩增完毕后取 2 μ L 扩增产物进行琼脂糖凝胶电泳检测($U=5$ V/cm)后送至擎科生物科技有限公司青岛分公司在 ABI3730XL 测序仪上使用 Sanger 法(双脱氧末端终止法)进行双向测序。

1.3 数据分析

测序所得的所有序列利用 DNA Star(DNA Star, Inc. Madison, USA)软件包进行序列比对,核对测序胶图并进行人工校正;利用 Arlequin 软件^[30-31]统计序列碱基含量百分比、单倍型数目、多态位点数目、转换/颠换值、单倍型多样性、核苷酸多样性等。根据单倍型频率分布构建黄姑鱼单倍型网络图。Tajima' D 和 Fu's F_s 中性检验以及核苷酸不配对分布使用 Arlequin 软件进行分析。采用 Arlequin 软件计算群体间确切 P 值和遗传分化指数 F_{ST} ,通过 10 000 次重抽样检验 F_{ST} 值的显著性。将黄姑鱼 DNA 控制区序列分为养殖群体(QDC, XMC)和野生群体(ZSW, RSW, QD1, XM1, ZS1)两个组群,并进行 AMOVA 分析,来检验组群之间的遗传差异。

2 结果

2.1 基于控制区序列片段的群体遗传多样性分析

本研究采集的黄姑鱼 4 个群体扩增所得到的序列片

段长度为 425 bp。从 NCBI 数据库下载 3 个群体(青岛、舟山、厦门)的线粒体 DNA 控制区序列,截取 425 bp 同源片段进行比较分析。本研究中所采集的 2 个野生群体与 2 个养殖群体线粒体 DNA 控制区序列碱基含量差别不大,其中 A+T 含量(65.29%、65.69%)均明显大于 C+G 含量(34.71%、34.31%)。

173 个黄姑鱼个体共检测到 35 个多态位点,定义了 62 个单倍型(见表 2)。养殖群体单倍型数目较少,仅有 7 个。野生群体与养殖群体之间有 1 个共享单倍型。2 个养殖群体共检测到 9 个多态位点,1 处插入/缺失,转换位点有 8 个,颠换位点有 1 个,转换颠换比为

8:1。5 个野生群体共检测到 35 个多态位点,1 处插入/缺失,转换位点有 32 个,颠换位点 8 个,转换颠换比为 4:1。本研究中的 2 个野生群体单倍型多样度和核苷酸多样性与 NCBI 数据库中引用的 3 个野生群体相似。养殖群体单倍型多样性为 $0.416\ 0\pm0.094\ 7\sim0.712\ 3\pm0.057\ 4$,明显低于野生群体单倍型多样性($0.913\ 0\pm0.030\ 8\sim0.992\ 6\pm0.023\ 0$)。而养殖群体核苷酸多样性($0.006\ 1\pm0.003\ 7\sim0.006\ 4\pm0.003\ 9$)略低于野生群体核苷酸多样性($0.005\ 4\pm0.003\ 4\sim0.010\ 9\pm0.006\ 3$)(见表 3)。综合来看,野生群体遗传多样性指数较高。

表 2 黄姑鱼各群体单倍型数目统计表
Table 2 Statistical table of haplotypes in each population of *Nibea albiglora*

单倍型 Haplotype	群体 Population							总计 Total
	QDC	RSW	XMC	ZSW	QD1	XM1	ZS1	
Hap1	12	0	0	0	0	0	0	12
Hap2	8	0	0	0	0	0	0	8
Hap3	4	0	20	0	0	0	0	24
Hap4	1	0	0	0	0	0	0	1
Hap5	2	0	0	0	0	2	0	4
Hap6	0	3	0	2	2	1	0	8
Hap7	0	3	0	0	0	0	0	3
Hap8	0	4	0	0	0	0	0	4
Hap9	0	3	0	0	0	0	0	3
Hap10	0	1	0	0	0	0	0	1
Hap11	0	1	0	0	0	0	0	1
Hap12	0	2	0	0	0	0	0	2
Hap13	0	5	0	1	1	1	0	8
Hap14	0	1	0	0	0	0	0	1
Hap15	0	1	0	0	0	0	0	1
Hap16	0	2	0	0	0	0	0	2
Hap17	0	1	0	0	0	0	0	1
Hap18	0	0	6	0	0	0	0	6
Hap19	0	0	1	0	0	0	0	1
Hap20	0	0	0	1	0	0	0	1
Hap21	0	0	0	1	0	0	0	1
Hap22	0	0	0	1	0	0	0	1
Hap23	0	0	0	1	2	0	2	5
Hap24	0	0	0	2	2	0	0	4
Hap25	0	0	0	1	0	0	0	1
Hap26	0	0	0	1	0	0	0	1
Hap27	0	0	0	2	0	1	5	8
Hap28	0	0	0	2	1	1	0	4
Hap29	0	0	0	1	1	0	0	2
Hap30	0	0	0	2	1	0	0	3
Hap31	0	0	0	1	0	0	0	1
Hap32	0	0	0	1	0	0	0	1
Hap33	0	0	0	3	3	1	4	11
Hap34	0	0	0	1	0	0	0	1

续表 2

单倍型 Haplotype	群体 Population							总计 Total
	QDC	RSW	XMC	ZSW	QD1	XM1	ZS1	
Hap35	0	0	0	1	1	0	0	2
Hap36	0	0	0	1	1	0	0	2
Hap37	0	0	0	1	0	0	0	1
Hap38	0	0	0	0	1	0	0	1
Hap39	0	0	0	0	1	0	0	1
Hap40	0	0	0	0	1	0	0	1
Hap41	0	0	0	0	2	0	0	2
Hap42	0	0	0	0	1	0	0	1
Hap43	0	0	0	0	1	0	0	1
Hap44	0	0	0	0	1	0	0	1
Hap45	0	0	0	0	1	0	0	1
Hap46	0	0	0	0	0	1	0	1
Hap47	0	0	0	0	0	1	0	1
Hap48	0	0	0	0	0	1	0	1
Hap49	0	0	0	0	0	1	0	1
Hap50	0	0	0	0	0	1	0	1
Hap51	0	0	0	0	0	1	0	1
Hap52	0	0	0	0	0	1	0	1
Hap53	0	0	0	0	0	1	0	1
Hap54	0	0	0	0	0	1	0	1
Hap55	0	0	0	0	0	1	0	1
Hap56	0	0	0	0	0	0	3	3
Hap57	0	0	0	0	0	0	2	2
Hap58	0	0	0	0	0	0	1	1
Hap59	0	0	0	0	0	0	1	1
Hap60	0	0	0	0	0	0	1	1
Hap61	0	0	0	0	0	0	1	1
Hap62	0	0	0	0	0	0	1	1

表 3 黄姑鱼群体遗传多样性指数

Table 3 Genetic diversity index of population of *Nibea albiflora*

群体 Population	样品数量 Sample numbers	单倍型数量 Haplotype numbers	多态位点数量 Number of polymorphic sites	单倍型多样性 Haplotype diversity	核苷酸多样性 Nucleotide diversity
QDC	27	5	6	0.712 3±0.057 4	0.006 1±0.003 7
XMC	27	3	8	0.416 0±0.094 7	0.006 4±0.003 9
总计(养殖) Total(cultured)	54	7	9	0.730 3±0.042 8	0.008 9±0.005 0
RSW	27	12	11	0.923 1±0.025 1	0.005 4±0.003 4
ZSW	27	20	13	0.977 2±0.015 8	0.007 7±0.004 5
QD1	24	18	19	0.974 6±0.019 0	0.007 6±0.004 6
XM1	17	16	21	0.992 6±0.023 0	0.010 9±0.006 3
ZS1	24	11	18	0.913 0±0.030 8	0.008 9±0.005 2
总计(野生) Total(wild)	119	56	35	0.972 5±0.005 6	0.008 2±0.004 6

2.2 基于控制区片段的群体遗传结构及系统发育分析

基于线粒体 DNA 控制区单倍型构建的网络图结构简单, 没有发现明显的谱系结构(见图 1)。群体间确切 P 检验显示, 本研究中 2 个养殖群体间以及养殖群体与野生群体间的 P 值显著($P<0.05$)。群体遗传分化指数分析结果显示, 黄姑鱼 2 个养殖群体之间以及

养殖群体与野生群体之间遗传分化指数均较大, 各 F_{ST} 值均差异显著($P<0.05$)。本研究中采集的乳山野生群体与其他野生群体也存在一定程度的遗传分化, 但养殖群体之间、养殖群体与野生群体之间的遗传分化大于野生群体之间遗传分化(见表 4)。

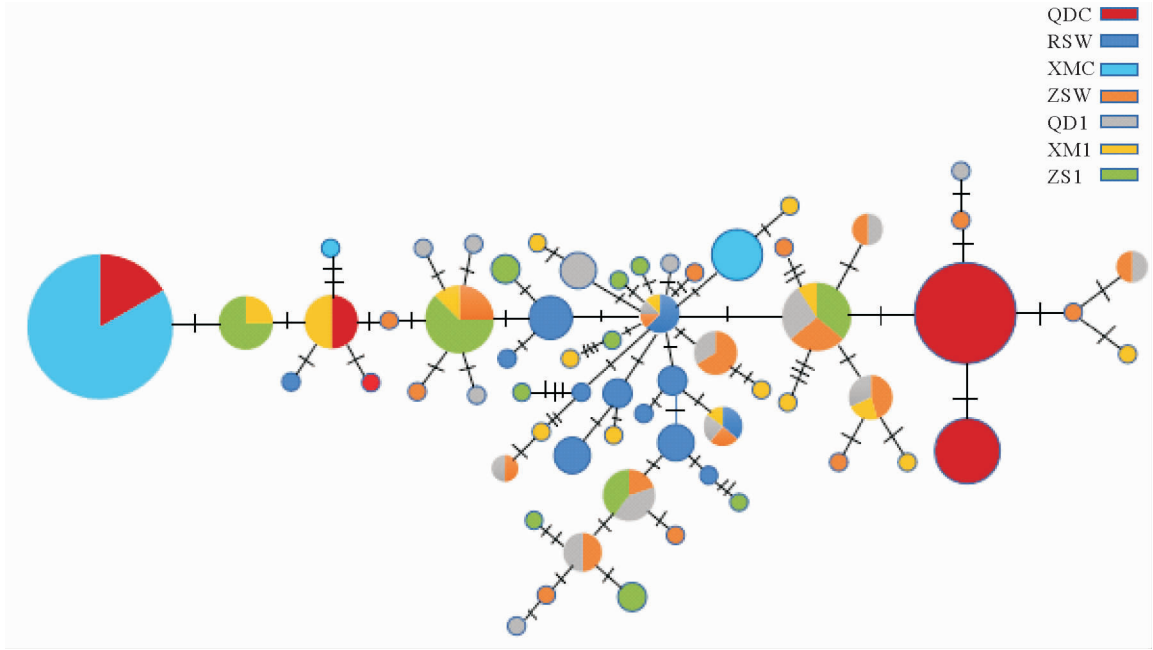


图 1 基于黄姑鱼线粒体 DNA 控制区序列构建的单倍型网络图
Fig.1 Haplotype network diagram based on mitochondrial DNA control region sequence of *Nibea albiflora*

表 4 黄姑鱼群体间 F_{ST} 值(下三角数据)以及确切 P 检验结果(上三角数据)

Table 4 The pairwise F_{ST} values (below diagonal) and results of exact P values (above diagonal) among *Nibea albiflora* populations

群体 Population	QDC	XMC	ZSW	RSW	QD1	XM1	ZS1
QDC	—	0.000 0	0.000 0	0.000 0	0.000 0	0.000 0	0.000 0
XMC	0.452 9*	—	0.000 0	0.000 4	0.000 8	0.002 5	0.000 0
ZSW	0.220 4*	0.492 3*	—	0.000 0	0.000 0	0.000 0	0.000 0
RSW	0.439 8*	0.558 5*	0.103 2*	—	0.981 8	0.637 6	0.026 9
QD1	0.243 2*	0.486 9*	−0.015 2	0.075 7*	—	0.439 3	0.005 6
XM1	0.198 0*	0.391 7*	0.001 3	0.059 0*	−0.006 5	—	0.022 9
ZS1	0.179 8*	0.374 4*	0.037 3*	0.149 6*	0.022 8	0.025 2	—

注: * 代表差异显著($P<0.05$)。* Significant at $P<0.05$.

AMOVA 分析结果表明群体内部遗传分化占大部分(65.57%)。组群之间以及组群内群体之间遗传分化占比较小(21.36%、13.07%), 组群之间没有显著的遗传分化($F_{CT}=0.213 6, P>0.05$)。黄姑鱼野生群体核苷酸不配对分布图呈显著单峰现象(见图 2), 拟合度检验显示, 观测值与模拟值基本吻合($H_{ri}=0.029 8$,

$P>0.05$), 没有显著偏离群体扩张模型。中性检验显示: Tajima' D 值(Tajima' $D=-1.466, P>0.05$)与 Fu's F_s 值(Fu's $F_s=-26.145, P=0.00$)均为负值, 根据中性检验原理, 可以作为黄姑鱼野生群体扩张的证据。

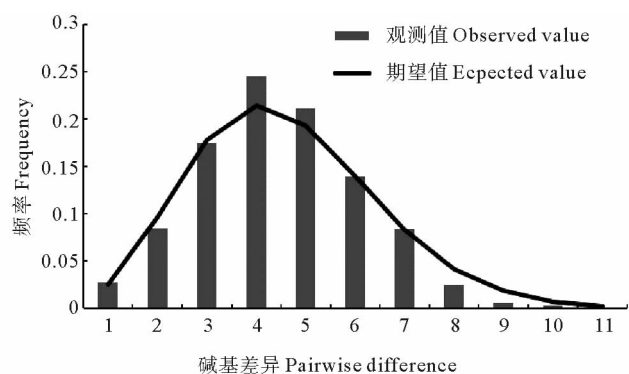


图2 黄姑鱼野生群体核苷酸不配对分布图
Fig.2 Distribution of nucleotide mismatch in wild populations of *Nibea albiflora*

3 讨论

遗传多样性作为生物进化的原始材料,是一个物种或群体长期进化过程中的产物。群体遗传多样性研究有助于揭示物种的起源、变异和进化过程,亦可以解释物种濒危原因及过程^[32-33]。一般来说,物种遗传多样性水平较高有助于提高物种的环境适应能力、生存能力和进化潜能;遗传多样性贫乏则会导致物种适应和生存能力下降,优良性状丧失,甚至导致物种灭绝^[34]。鱼类作为人类赖以生存的自然资源之一,许多种类已经开展人工繁育,但不合理繁育方式可能是导致养殖群体遗传多样性降低的重要原因之一。

3.1 黄姑鱼养殖群体与野生群体遗传多样性分析

以往关于黄姑鱼遗传多样性的研究大多基于野生群体,例如,郭壹示^[35]基于线粒体 DNA COI 序列对我国近海黄姑鱼遗传多样性分析结果表明,野生黄姑鱼单倍型多样性较高但核苷酸多样性较低($h=0.697\ 0\pm 0.002\ 2$; $\pi=0.001\ 7\pm 0.000\ 2$);韩志强等^[16]通过线粒体 DNA 控制区分析东黄海黄姑鱼群体遗传多样性时也得到了相似结论($h=0.967\ 8\pm 0.010\ 2$; $\pi=0.008\ 1\pm 0.004\ 6$)。本研究中也检测到野生黄姑鱼较高的单倍型多样性与较低的核苷酸多样性。

在黄姑鱼线粒体 DNA 控制区序列片段中,A+T 含量较高,且养殖群体与野生群体差异较小,与其他海水鱼类线粒体 DNA 控制区片段碱基含量组成相似^[36-37]。本研究中黄姑鱼养殖群体单倍型多样性明显低于野生群体,且养殖群体多态位点及单倍型数目较少,遗传多样性水平明显低于野生群体。龚诗琦^[38]利用微卫星位点对黄姑鱼野生与养殖群体遗传多样性比较结果表明养殖群体遗传多样性水平低于野生群体。我们推测人工繁育时亲鱼数量少、近亲繁殖、以及遗传漂变和瓶颈效应等可能是导致黄姑鱼养殖群体遗传多样性降低的原因^[39-40]。养殖群体遗传多样性低于野生

群体的现象在其他鱼类研究中也有报道,宋娜等^[41]对香鱼野生与养殖群体的线粒体 DNA 控制区序列进行比较分析发现,养殖群体单倍型多样性与核苷酸多样性均低于野生群体。由黄姑鱼群体单倍型分布表可以看出:本研究中 2 个养殖群体单倍型数目均较少,单倍型多样性低。结合线粒体 DNA 遵循母系遗传的特点,我们推测可能是人工繁育时野生亲鱼数目较少所导致的。

3.2 黄姑鱼养殖群体与野生群体遗传结构与历史动态分析

群体之间遗传分化指数 F_{ST} 结果显示,部分野生群体之间存在遗传分化,但其遗传分化程度较小。韩志强等^[15]对青岛和厦门黄姑鱼野生群体的 AFLP 分析结果显示,两野生群体之间遗传结构相似且不存在显著的遗传分化。值得注意的是,本研究中乳山野生群体与其他野生群体均出现显著的遗传分化。但由于本研究中样品数量较少,且先前的研究中也未见关于乳山黄姑鱼群体与其他群体的比较研究,我们期待在后续的研究中采集更多的样品和使用更加灵敏的分子标记来解释这种现象。群体间确切 P 检验显示,2 个养殖群体间以及养殖群体与野生群体间的 P 值显著($P<0.05$),表明其并非随机交配群体。值得注意的是,本研究所采集的舟山群体与其他野生群体之间均不是随机交配群体($P=0.00$),推测其原因可能是舟山近海地形较为复杂,岛屿众多^[43],导致舟山群体与其他海域群体基因交流较少。另一方面,本研究中采集的舟山群体与 NCBI 数据库中引用的舟山群体采样时间相隔较远可能是导致我们并未检测到两群体之间基因交流的原因。

养殖群体间以及养殖群体与野生群体间均存在显著的遗传分化,但 AMOVA 分析结果却显示,黄姑鱼两大组群之间并没有显著的遗传分化。丁奎等^[44]关于许氏平鲉养殖与野生群体比较的分析中也出现了相似结果,推测可能是 2 个养殖群体之间亦存在较大的遗传分化,在将其定义为一个组群与野生组群进行 AMOVA 分析时可能会对结果产生影响。Song 等^[45]在基于线粒体控制区序列对褐牙鲈养殖与野生群体遗传多样性的比较研究中,同样检测到褐牙鲈养殖群体之间以及养殖群体与野生群体之间存在显著的遗传分化。这一结果暗示我们目前鱼类养殖过程中可能会因为遗传多样性的降低而与野生群体产生较大的遗传分化,在进行增殖放流应注意监测其是否会对野生种群的遗传多样性产生影响。

黄姑鱼野生群体核苷酸不配对分布图呈现明显的单峰状态,Tajima' D 值与 Fu's F_s 值均为负值,支持群体扩张假说。这一结果与郭壹示^[35]关于中国近海野

生黄姑鱼群体中性检验结果相似,暗示黄姑鱼群体可能由于冰期影响而产生群体扩张。野生群体单倍型多样性较高而核苷酸多样性较低,暗示野生黄姑鱼群体可能是从一个较小的群体经历瓶颈效应后急剧扩张。

研究显示,与黄姑鱼野生群体相比养殖群体的遗传多样性明显降低。在今后的人工繁育工作中,应尽量保证野生黄姑鱼亲本数量足够多,选择遗传多样性丰富的野生黄姑鱼群体作为亲本进行繁育。目前我国多个省市开展黄姑鱼增殖放流工作,且已有关于黄姑鱼增殖放流的报道。放流苗种的遗传多样性状况对于苗种本身以及野生群体种质资源都有影响,因此必须要开展黄姑鱼遗传多样性监测工作。保证用于增殖放流的黄姑鱼群体具有较高的遗传多样性水平,减轻增殖放流对野生黄姑鱼遗传多样性的影响,从而保护优质黄姑鱼种质资源,实现资源可持续利用。

参考文献:

- [1] Takita T. Studies on the early life history of *Nibea albiflora* (Richardson) in Ariake Sound[J]. Bulletin of the Faculty of Fisheries Nagasaki University, 1974, 38: 1-55.
- [2] Geng Z, Xu D D, Shi H L, et al. Study on development and growth of early life stages of *Nibea albiflora* Richardson[J]. Advances in Marine Science, 2012, 30(1): 77-86.
- [3] 朱元鼎, 罗云林, 伍汉霖, 等. 中国石首鱼类分类系统的研究和新属新种的叙述[M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1963: 50-51.
Zhu Y D, Luo Y L, Wu H L, et al. Classification system of *Sciaenidae* in China and Description of New Genera and Species[M]. Shanghai: Shanghai Science and Technology Press, 1963: 50-51.
- [4] 姚建平. 海洋酸化和暖化对黄姑鱼早期生长的影响[D]. 上海: 上海海洋大学, 2018.
Yao J P. Effects of Ocean Acidification and Warming on Early Growth of *Nibea albiflora*[D]. Shanghai: Shanghai Ocean University, 2018.
- [5] 单乐州, 黄贤克, 闫茂仓, 等. 黄姑鱼室内水泥池规模化生态育苗试验[J]. 水产养殖, 2019, 40(6): 17-19.
Dan L Z, Huang X K, Yan M C, et al. Large-scale ecological seedling breeding experiment of *Nibea albiflora* in cement pond[J]. Aquaculture, 2019, 40(6): 17-19.
- [6] 蔡厚才, 林岩璇, 陈传再, 等. 南麂海区黄姑鱼网箱养殖技术研究[J]. 浙江海洋学院学报, 2000, 20(1): 66-69.
Cai H C, Lin K X, Chen C Z, et al. Research on cage culture technology of *Nibea albiflora* in Nanji Sea area[J]. Journal of Zhejiang Ocean University, 2000, 20(1): 66-69.
- [7] 韩兆方. 黄姑鱼基因组精细图谱绘制及性别决定候选基因定位研究[D]. 厦门: 集美大学, 2019.
Han Z F. Genomic Mapping and Gender-based Candidate Gene Mapping in Yellow Croton[D]. Xiamen: Jimei University, 2019.
- [8] 王孝杉, 张晨捷, 彭士明, 等. 循环水和网箱两种养殖模式下黄姑鱼生长、免疫及血清生化的差异[J]. 海洋渔业, 2018, 40(2): 207-216.
Wang X S, Zhang C J, Peng S M, et al. Growth immunity and serum biochemistry of *Nibea albiflora* under circulating water and cage culture [J]. Marine Fisheries, 2018, 40(2): 207-216.
- [9] 逯云召, 必慧菁, 于燕光, 等. 天津地区黄姑鱼人工繁殖技术[J]. 河北渔业, 2018(2): 43-45; 56.
Lu Y Z, Mi H Q, Yu Y G, et al. Artificial propagation of *Nibea albiflora* in Tianjin area[J]. Journal of Hebei Fisheries, 2018 (2): 43-45; 56.
- [10] 徐麒翔, 陈睿毅, 楼宝, 等. 黄姑鱼室内养殖技术[J]. 河北渔业, 2016(2): 26-27; 38.
Xu Q X, Chen R Y, Lou B, et al. Indoor Breeding technology of *Nibea albiflora* [J]. Hebei Fisheries, 2016(2): 26-27; 38.
- [11] 陈高峰, 余海, 褚茂兵, 等. 黄姑鱼网箱养殖技术研究[J]. 科学养鱼, 2012(9): 46.
Chen G F, Yu H, Chu M B, et al. Research on cage culture technology of *Nibea albiflora* [J]. Science Fish Culture, 2012(9): 46.
- [12] 陈庆凯. 黄姑鱼规模化人工育苗及养殖技术的研究[D]. 厦门: 集美大学, 2016.
Chen Q K. Research on Large-Scale Artificial Seedling Raising and Breeding Technology of *Nibea albiflora* [D]. Xiamen: Jimei University, 2016.
- [13] 《水产养殖》编辑部. 浙江舟山普陀区: 成功试养黄姑鱼[J]. 水产养殖, 2014, 35(8): 54.
Editorial Department of Aquaculture. Putuo District, Zhoushan, Zhejiang: Successful trial breeding of *Nibea albiflora* [J]. Aquaculture, 2014, 35(8): 54.
- [14] 詹炜, 楼宝, 耿智, 等. 水温和盐度对黄姑鱼受精卵孵化的影响[J]. 水生态学杂志, 2012, 33(1): 71-74.
Zhan W, Lou B, Geng Z, et al. Effects of water temperature and salinity on the hatching of fertilized eggs in *Nibea albiflora* [J]. Journal of Hydroecology, 2012, 33(1): 71-74.
- [15] 韩志强, 高天翔, 王志勇, 等. 黄姑鱼群体遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 水产学报, 2006(5): 640-646.
Han Z Q, Gao T X, Wang Z Y, et al. AFLP analysis of genetic diversity in *Nibea albiflora* populations[J]. Acta Aquatica Sinica, 2006(5): 640-646.
- [16] Han Z Q, Gao T X, Yanagimoto T, et al. Genetic population structure of *Nibea albiflora* in Yellow Sea and East China Sea [J]. Fisheries Science, 2008, 74(3): 544-552.
- [17] Xu D, Lou B, Shi H, et al. Genetic diversity and population structure of *Nibea albiflora* in the China Sea revealed by mitochondrial COI sequences[J]. Biochemical Systematics and Ecology, 2012, 45(1): 158-165.
- [18] Xu D, Lou B, Zhou W, et al. Genetic diversity and population differentiation in the yellow drum *Nibea albiflora* along the Coast of the China Sea[J]. Marine Biology Research, 2017, 13(4): 456-462.
- [19] 张辉, 姜亚洲, 袁兴伟, 等. 象山港黄姑鱼增殖群体早期生态适应特征[J]. 中国水产科学, 2020, 27(1): 118-125.
Zhang H, Jiang Y Z, Yuan X W, et al. Characteristics of early ecological adaptation of *Nibea albiflora* populations in Xiangshan Port[J]. Chinese Fisheries Science, 2020, 27(1): 118-125.
- [20] 姜亚洲, 林楠, 刘尊雷, 等. 象山港黄姑鱼增殖放流效果评估及增殖群体利用方式优化[J]. 中国水产科学, 2016, 23(3): 641-647.
Jiang Y Z, Lin N, Liu Z L, et al. Evaluation of effects of proliferation and release of *Nibea albiflora* in Xiangshan Port and optimi-

- zation of utilization methods of breeding population[J]. Chinese Fisheries Science, 2016, 23(3): 641-647.
- [21] Buonnacorsi V P, McDowell J R, Graves J E. Reconciling patterns of inter-ocean molecular variance from four classes of molecular markers in blue marlin (*Makaira nigricans*) [J]. Molecular Ecology, 2001, 10: 1179-1196.
- [22] Ciborowski K L, Consuegra S, Garcia de Leaniz C, et al. Stocking may increase mitochondrial DNA diversity but fails to halt the decline of endangered Atlantic salmon populations[J]. Conservation Genetics, 2007, 8: 1355-1367.
- [23] Guo X H, Liu S J, Liu Q, et al. New progresses on mitochondrial DNA in fish[J]. Acta Genetica Sinica, 2004, 31(9): 983-1000.
- [24] Pourkazemi M, Skibinski D O F, Beardmore J A. Application of mt DNA d-loop region for the study of Russian sturgeon population structure from Iranian coastline of the Caspian Sea[J]. Journal of Applied Ichthyology, 1999, 15(4-5): 23-28.
- [25] Tabata K, Mizuta A. RFLP analysis of the mtDNA D-loop region in Red Sea Bream *pagrus major* Population from four locations of Western Japan[J]. Fisheries Science, 1997, 63(2): 211-217.
- [26] Shi M P, Zhao H S, Chao C, et al. Genetic diversity analysis of silver pomfret (*Pampus argenteus*) in the East China Sea based on mt DNA D-loop sequence[J]. Marine Sciences, 2010, 34(2): 28-32.
- [27] 肖志忠, 肖永双, 高天翔, 等. 条石鲷(*Oplegnathus fasciatus*)养殖群体与野生群体线粒体控制区序列遗传变异研究[J]. 海洋与湖沼, 2013, 44(1): 249-254.
- Xiao Z Z, Xiao Y S, Gao T X, et al. Study on sequence genetic variation in mitochondrial control area of *Oplegnathus fasciatus* between cultured and wild populations[J]. Ocean and Lake, 2013, 44(1): 249-254.
- [28] Iguchi K, Watanabe K, Nishida M. Reduced mitochondrial DNA variation in hatchery populations of ayu (*Plecoglossus altivelis*) cultured for multiple generations[J]. Aquaculture, 1999, 178(3-4): 235-243.
- [29] Lalitha S. Primer Premier 5[J]. Biotech Software & Internet Report, 2000, 1(6): 270-272.
- [30] Schneider S, Roessli D, Excoffier L. Arlequin: A Software for Population Genetics Data Analysis User Manual ver 2. 000[M]. Geneva: University of Geneva, 2002.
- [31] Nei M. Molecular Evolutionary Genetics[M]. New York: Columbia University Press, 1987.
- [32] 李国庆, 伍育源, 秦志峰, 等. 鱼类遗传多样性研究[J]. 水产科学, 2004(8): 42-44.
- Li G Q, Wu Y Y, Qin Z F, et al. Genetic diversity of fish[J]. Fisheries Science, 2004(8): 42-44.
- [33] 黄良敏, 谢仰杰, 苏永全. 闽-粤东族与岱衢族养殖大黄鱼的遗传多样性研究[J]. 厦门大学学报(自然科学版), 2006(6): 836-840.
- Huang L M, Xie Y J, Su Y Q. Study on genetic diversity of *Larimichthys crocea* in Min-Yuedong and Daiqu populations[J]. Journal of Xiamen University (Natural Science edition), 2006(6): 836-840.
- [34] 林浩然. 重要海水养殖鱼类遗传多样性与种质基因组的研究[J]. 科技导报, 2004(9): 4-6.
- Lin H R. Genetic diversity and germplasm genomes of important mariculture fishes[J]. Science and Technology Bulletin, 2004(9): 4-6.
- [35] 郭壹示. 我国近海黄姑鱼和鲈鱼群体的遗传结构分析[D]. 舟山: 浙江海洋学院, 2014.
- Guo Y S. Analysis of Genetic Structure of *Nibea albiflora* and *Micropterus dolomieu* Populations in the Offshore China[D]. Zhoushan: Zhejiang Ocean University, 2014.
- [36] Lv Z J, Chen J T, Wang C, et al. Analysis of mitochondrial DNA D-loop genetic diversity of *Epinephelus awoara* in Dongshan Bay [J]. Journal of Fisheries of China, 2014, 38(9): 1270-1276.
- [37] Jun H, Qiang Y, Di B, et al. The sequence comparison of mt DNA D-loop and adjacent regions in six fish species[J]. Journal of Dalian Ocean University, 2013, 28(2): 160-165.
- [38] 龚诗琦. 黄姑鱼微卫星标记的开发与应用[D]. 厦门: 集美大学, 2016.
- Gong S Q. Development and Application of microsatellite Markers of *Nibea albiflora* [D]. Xiamen: Jimei University, 2016.
- [39] Ferguson M. The role of molecular genetic markers in the management of cultured fishes[J]. Reviews in Fish Biology and Fisheries, 1995, 4(3): 351-373.
- [40] Irvin S D, Wetterstrand K A, Hutter C M, et al. Genetic variation and differentiation at microsatellite loci in *Drosophila simulans*. Evidence for founder effects in new world populations[J]. Genetics, 1998, 150(2): 777.
- [41] 宋娜, 都基隆, 高天翔, 等. 香鱼野生群体和养殖群体遗传多样性比较[J]. 水产学报, 2014, 38(1): 41-46.
- Song N, Du J L, Gao T X, et al. Comparison of genetic diversity between wild populations and cultured populations of *Plecoglossus altivelis* [J]. Acta Aquatica Sinica, 2014, 38(1): 41-46.
- [42] Hill William G, Mackay T F C. Falconer and introduction to quantitative genetics[J]. Genetics, 2004, 167(4): 1529-1536.
- [43] 苏纪兰, 袁业立. 中国近海水文[M]. 北京: 海洋出版社, 2005: 20-21.
- Su J L, Yuan Y L. Hydrology in China's Offshore Waters[M]. Beijing: Ocean Press, 2005: 20-21.
- [44] 丁奎, 张辉, 张秀梅, 等. 基于线粒体控制区的许氏平鲈养殖群体与野生群体比较研究[J]. 水产学报, 2014, 38(6): 769-777.
- Ding K, Zhang H, Zhang Xi M, et al. Comparative study on scorpion culture group and wild Population based on mitochondrial control region[J]. Chinese Journal of Fisheries, 2014, 38(6): 769-777.
- [45] Song N, Zhang X, Gao T. Genetic variability in eight cultured and two wild populations of Japanese flounder, *Paralichthys olivaceus*, based on the mitochondrial DNA control region[J]. Journal of the World Aquaculture Society, 2011, 42(4): 512-521.

Comparative Analysis of Genetic Variation Between Cultured and Wild Populations of *Nibea albiflora* Based on Mitochondrial DNA Control Region

Zhao Xiang¹, Zheng Jian¹, Gao Tianxiang², Song Na¹

(1. The Key Laboratory of Mariculture (Ocean University of China), Ministry of Education, Qingdao 266003, China;

2. College of Fisheries, Zhejiang Ocean University, Zhoushan 316022, China)

Abstract: *Nibea albiflora* is an important economic fish in China. Due to the influence of overfishing and environmental pollution, the resources of wild *Nibea albiflora* decreased sharply. In order to understand the present situation of germplasm resources of wild and cultured populations of *N. albiflora*, protect the wild resources of *N. albiflora* and develop aquaculture, the partial sequences of mitochondrial DNA control region hypervariable region of 2 wild populations and 2 cultured populations were amplified and analyzed combined with some published sequences in NCBI database. The results showed that 62 haplotypes were detected in 173 individuals, of which only 7 were detected in cultured population, and there was one shared haplotype between cultured population and wild population. the haplotype diversity of cultured population (0.416 0~0.712 3) was significantly lower than that of wild population (0.913 0~0.992 6). No obvious pedigree structure was found in the network map based on the haplotype of mitochondrial DNA control region. The index of genetic differentiation among populations (F_{ST}) showed that there was a great genetic differentiation among cultured populations and between cultured and wild populations. The results of AMOVA analysis showed that the genetic variation within each population accounted for the vast majority. The results of historical dynamic analysis of the wild population of *N. albiflora* suggested that it may have experienced recent population expansion events. Based on the above results, the genetic diversity of *N. albiflora* culture population decreased significantly. Therefore, it is necessary to carry out genetic diversity monitoring and adopt scientific artificial breeding methods to protect high-quality *N. albiflora* germplasm resources.

Key words: *Nibea albiflora*; mitochondrial DNA control region; genetic diversity; wild population; cultured population

责任编辑 朱宝象