DOI: 10.15928/i.1674-3075.202104280127

9月

华南沿海长鳍篮子鱼不同地理群体的遗传多样性分析

彭 敏1,肖 珊2,洪传远1,潘传燕1,冯鹏霏1,李 旻1,曾地刚1,杨春玲1,蒋伟明1,陈秀荔1

(1.广西壮族自治区水产科学研究院,广西水产遗传育种与健康养殖重点实验室,广西 南宁 530021; 2.广西壮族自治区水产引育种中心,广西 南宁 530031)

摘要: 为探明华南沿海长鳍篮子鱼(Siganus canaliculatus)不同地理群体遗传多样性与遗传分化状况,采用线粒体控 制区(D-loop)基因序列分析华南沿海厦门(XM)、汕尾(SW)、阳江(YJ)、海口(HK)、三亚(SY)、北海(BH)、钦州(QZ)、防 城港(FC)以及越南清化(TH)9个地理位置长鳍篮子鱼群体的遗传多样性及群体遗传结构。结果显示,长鳍篮子鱼群 体 DNA D-loop 序列共计 484条,序列长度约 828 bp,包含 57个变异位点,92个单倍型;所有群体总的单倍型多样性 指数 (H_1) 为0.80798,核苷酸多样性指数 (π) 为0.00405;群体内遗传距离为0.00386~0.00532,群体间遗传距离为 0.00383~0.00482, 群体间分化指数为-0.01935~0.00759, 各种分组的 AMOVA 分析均显示遗传变异全部来自群体内: Fu's F. 检验值为显著负值(-25.53678, P<0.01),核苷酸错配分布图呈单峰,吻合度检验数值较小且不显著,提示长鳍 篮子鱼可能经历过种群扩张事件,推测扩张时间距今1.18万~4.74万年。研究表明,南海北部沿岸及东海南部9个长 鳍篮子鱼地理群体间不存在显著的地理结构和谱系结构,可划归一个管理单元进行种质资源保护。

关键词:长鳍篮子鱼;遗传多样性;地理群体;线粒体控制区;华南沿海

中图分类号:Q347 文献标志码:A 文章编号:1674-3075(2022)05-0127-07

长鳍篮子鱼(Siganus canaliculatus)又名黄斑蓝 子鱼(Siganus oramin),隶属于鲈形目(Perciformes)、 刺尾鱼亚目(Acanthuridae)、篮子鱼科(Siganidae)、 篮子鱼属(Siganus),其食性杂、适盐范围广,在太平 洋中部至非洲东岸、澳大利亚以北、日本以南均有 分布,在我国主要分布在南海及东海南部(孟庆闻等, 1995);此鱼肉嫩味鲜、无肌间刺、脂肪酸含量丰富,为 高经济价值的食用鱼,是中国重要的捕捞和养殖鱼类 (赵峰等,2008)。近年来,长鳍篮子鱼的养殖规模在 我国华南沿海逐步扩大,主要方式为网箱养殖和池塘 养殖。为更好地保护和合理开发利用长鳍篮子鱼野 生种质资源,为评估人工增殖放流的影响提供科学依 据,有必要摸清其现有野生种群的遗传结构(黄小林 等,2018)。

遗传多样性是生物多样性的重要组成部分,也是 物种或其群体不断适应环境变化与生存讲化的前提。 一个物种的遗传多样性越高,其个体对环境变化的适

收稿日期:2021-04-28 修回日期:2022-06-13

基金项目:国家海水鱼体系北海综合试验站(CARS-47-z17); 广西创新驱动发展专项资金项目(桂科AA17204088-2)。

作者简介:彭敏,1972年生,女,高级工程师,主要从事水产动 物遗传育种研究工作。E-mail:837969487@qq.com

通信作者: 陈秀荔, 1975年生, 女, 研究员, 主要从事水产动物 遗传育种研究工作。E-mail:chenxiuli2001@163.com

应能力就越强(Roldan et al, 2000)。目前,国内外对 长鳍篮子鱼的研究报道主要集中在其生物学特性 (Paraboles & Campos, 2018)、养殖技术(冯广朋等, 2008;梁前才和车南青,2018)以及营养饲料(Zhang et al, 2018; 方可菲, 2020) 等方面。关于其群体遗传学方 面的报道极少,类似研究仅黄小林等(2018)分析了漳 州东山湾、深圳大亚湾、深圳大鹏湾、阳江沙扒湾群体 的遗传多样性,并认为华南沿海4个黄斑篮子鱼群体 间不存在显著遗传分化,可划归一个管理单元。

D-loop 是线粒体基因序列的控制部分,因其具 有碱基替换和变异速率快的特点,成为群体遗传学 研究的优秀材料(Brown, 1985;杨子拓等, 2016)。李 珊 (2018) 利用 D-loop 基因研究了清水江斑鳜 (Siniperca scherzeri)种群的遗传多样性;侯新远等 (2013)利用 D-loop 基因研究了 5 种虾虎鱼的亲源 关系;白晓慧等(2018)利用D-loop基因研究了天津 5个大鳞副泥鳅(Paramisgurnus dabryanus)群体的遗 传变异情况。本文以长鳍篮子鱼的 D-loop 基因研 究9个不同地理群体的遗传多样性和遗传分化情况, 分析其群体遗传结构和历史动态,以期对长鳍篮子 鱼资源管理及种质利用提供理论参考。

1 材料和方法

1.1 样品采集

2018年4月至2019年8月采集长鳍篮子鱼样

本,采样点为南海北部沿岸的8个点(图1),包括广东汕尾(SW,115°31′48″E、22°78′16″N)和阳江(YJ,112°05′86″E、21°78′43″49 N)、海南海口(HK,110°28′37″E、20°03′20″N)和三亚(SY,109°51′39″E、18°25′92″N)、广西北海(BH,109°12′50″E、21°05′11″N)、钦州(QZ,108°57′54″E、21°90′66″N)和防城港(FC,108°39′95″E、21°66′29″N)、越南清化(TH,105°77′13″E、19°83′84″N);东海南部沿岸设定1个样点,即福建厦门(XM,118°07′63″E、24°46′59″N)。样本均为当地捕捞的野生鱼,现场取肌肉样本,每尾鱼取约5g置于固定液(95%酒精)中备用。物种鉴定依据《南海鱼类志》(中国科学院动物研究所等,1962)以及COI条码分子鉴定法(引物为:F:5′-TCAACCAACCACAAAGA-CATTGGCAC-3′,R:5′-TAGACTTCTGGGTGGC-CAAAGAATCA-3′)。



图1 长鳍篮子鱼采样点分布

Fig.1 Geographical locations of the *S. canaliculatus* sampling points

1.2 DNA提取与PCR扩增

取 50 mg 长鳍篮子鱼肌肉组织,采用醋酸铵法提取基因组总 DNA(彭敏等,2011);用微量核酸蛋白分析仪检测 DNA 浓度,DNA 质量用 1%的琼脂糖凝胶电泳检测,合格的 DNA 于-20℃冰箱保存。采取通用引物巢式 PCR 扩增长鳍篮子鱼 D-loop 序列,首次引物:L15923:5'-TTAAAGCATCGGTCTTGTAA-3',H1067: 5'-ATAGTGGGGTATCTAATCCCAGTT-3'(王淞等,2010);二次引物:Marinefish-Dloop-Thr-F:AGCACCGGTCTTGTAAACCG(Cheng et al, 2012),MitDl-R: 5'-GGTGCGGRKACTTGCATGTRTAA-3'(李树华等,2014)。

首次 PCR 反应体系为 $10.0~\mu$ L: $2\times$ Ex Taq Mastermix Bufffer $5~\mu$ L, $10~\mu$ mol/L的上、下游引物 F1、R1 各 $0.4~\mu$ L, 40~ng DNA 模板, ddH_2 O 补足 $10~\mu$ L, 退火温度为 59°C。二次 PCR 反应体系为 $50.0~\mu$ L: $2\times$ Ex Taq Mastermix Bufffer $25~\mu$ L, $10~\mu$ mol/L的上、下游

引物 F2、R2 各 2 μ L,稀释 50 倍的第 1 次 PCR 产物模板 2 μ L, ddH_2 O补足 50 μ L,退火温度 63℃。经检测合格的扩增产物送深圳华大基因公司双向测序。

1.3 数据分析

测序所得序列用 Lasergene v7.1 进行校对和拼接,去除两端非D-loop 区序列后,获得长鳍篮子鱼D-loop 全长序列;使用 Mega X进行序列多重比对,计算 Kimura's 2-parameter 遗传距离并构建单倍型 NJ (Neighbor-Joining)进化树;群体遗传多样性分析参数如多态性位点、单倍型数目、多样性指数等均由 DnaSP v5 计算;采用 Arlequin v3.1 进行遗传固定指数(F_{st})计算和 AMOVA 方差分析,通过种群分化测试(Exact test of population differentiation)进行随机交配群(Population panmixia)假设,即检验单倍型在群体间随机分布情况,分析群体的遗传结构;计算各群体的Tajima's D和Fu's F_{st} 检验值,分析核苷酸错配分布,采用控制区序列每个核苷酸位点的突变速率 3%/Ma~10%/Ma(Liu et al, 2007)计算出扩张参数 τ 值。群体扩张时间(单位:Ma)计算公式(Rogers & Harpending, 1992)如下:

$$t=T\tau/2u$$
 ①

$$u=2uk$$
 2

式中:t为群体扩张时间,T为世代时间, τ 为扩张 时间参数,u为序列的突变速率, μ 为每个核苷酸位点 的突变速率,k为序列长度。

2 结果与分析

2.1 遗传多样性

检测484尾长鳍篮子鱼样本,D-loop序列长度为827~829 bp,共有57个核苷酸变异位点,简约信息位点和单一信息位点分别为16个和41个。各群体变异位点20~32个,单倍型15~33个;共检测到92个单倍型(Genbank Number: MZ392226-MZ392317),其中49个单倍型均只在1个个体中检测到,其他43个为共享单倍型,仅1个单倍型H1为9个群体间共享,3个单倍型在8个群体内共享,其余单倍型的共享群体相对较少。

9个长鳍篮子鱼地理群体的单倍型多样性变异不大,在 $0.73782\sim0.86891$,而核苷酸多样性指数为 $0.00369\sim0.00503$ (表1)。分析所有样本,整体单倍型多样性指数(H_d)为0.80798,核苷酸多样性指数(π)为0.00405。单倍型多样性和核苷酸多样性指数均以厦门(XM)群体最高,单倍型多样性指数最低的是清化(TH)群体,核苷酸多样性指数最低的是海口(HK)群体。

表1 不同地理群体长鳍篮子鱼 D-loop 序列的 遗传多样性指数

Tab.1 Genetic diversity indices among different geographical populations of *S. canaliculatus*

	样品数				
群体	/尾	变异 位点/个	单倍 型数/个	单倍型 多样性(H_d)	核苷酸多 样性(π)
北海(BH)	92	32	33	0.78595	0.00393
防城(FC)	40	22	21	0.82051	0.00378
海口(HK)	62	25	25	0.80487	0.00369
钦州(QZ)	52	24	19	0.76471	0.00378
汕尾(SW)	41	24	21	0.84634	0.00422
三亚(SY)	81	34	32	0.84846	0.00427
厦门(XM)	35	24	18	0.86891	0.00503
清化(TH)	35	20	15	0.73782	0.00425
阳江(YJ)	46	24	22	0.82319	0.00420
总计	484	57	92	0.80798	0.00405

2.2 控制区序列遗传结构

9个长鳍篮子鱼地理群体的遗传距离见表2。可见 群体内遗传距离在0.00386~0.00532;其中FC群体内遗 传距离最小,为0.00386,;XM群体的最大,为0.00532。 群体间遗传距离为0.00383~0.00482,其中QZ与FC群体间距最小,XM与SY、TH群体间遗传距离最大。

分析结果表明,各地理群体间的遗传分化指数 (F_{st}) 在-0.01935~0.00759(表 3),最小分化指数出现在 XM 与 TH 群体,最大分化指数出现在 XM 与 FC 群体。各群体间的基因流在 65.37217~inf,表明群体间存在频繁的基因交流。

将9个地理群体按不同组合进行分子方差分析(AMOVA),无论是按采样地点分布,还是按不同海域,或按琼州海峡和台湾海峡隔离分组,结果均表明主要变异均来自群体内。检验结果(表4)显示,单倍型在9个群体间的随机交配假设检验水平无显著差异(P>0.05)。厦门(XM)、汕尾(SW)、阳江(YJ)、海口(HK)、三亚(SY)、北海(BH)、钦州(QZ)、防城港(FC)以及越南清化(TH)基于所有单倍型构建NJ邻接树见图2。可见不同地理群体个体的单倍型混杂分布,没有呈现出明显的地理聚群。

表2 长鳍篮子鱼群体遗传距离和基因流

Tab.2 Genetic distance and gene flow in the different S. canaliculatus populations

群体	ВН	FC	HK	QZ	SW	SY	XM	TH	YJ
ВН	0.00408	inf	inf	inf	inf	inf	414.14491	inf	inf
FC	0.00393	0.00386	inf	inf	inf	488.93127	65.37217	inf	inf
HK	0.00396	0.00385	0.00391	inf	inf	inf	inf	inf	inf
QZ	0.00395	0.00383	0.00384	0.00387	inf	inf	inf	inf	inf
SW	0.00417	0.00407	0.00409	0.00406	0.00434	inf	inf	inf	inf
SY	0.00425	0.00416	0.00415	0.00412	0.00436	0.00445	inf	inf	inf
XM	0.00470	0.00463	0.00459	0.00457	0.00479	0.00482	0.00532	inf	inf
TH	0.00426	0.00418	0.00415	0.00415	0.00435	0.00442	0.00482	0.00450	inf
YJ	0.00423	0.00413	0.00413	0.00412	0.00435	0.00440	0.00480	0.00440	0.00444

注:对角线为群体内遗传距离,对角线左下方表示群体间遗传距离,对角线右上方表示基因流,inf表示无限。

Note: The diagonal is the genetic distance within the population, and values below the diagonal are the genetic distance between the populations, values above the diagonal are gene flow, inf means infinite.

表3 长鳍篮子鱼遗传分化指数及种群分化测试

Tab.3 Fixation index and exact test of population differentiation in S. canaliculatus populations

群体	ВН	FC	HK	QZ	SW	SY	XM	TH	YJ
BH		0.62913	0.75794	0.57493	0.17123	0.62747	0.09643	0.90112	0.80643
FC	-0.01083		0.63144	0.42180	0.78257	0.51772	0.04894	0.94409	0.73812
HK	-0.00909	-0.00816		0.60499	0.62459	0.97186	0.40245	0.98279	0.64838
QZ	-0.00832	-0.00841	-0.01159		0.15710	0.57189	0.10133	0.70470	0.34787
SW	-0.00976	-0.00689	-0.00910	-0.01115		0.32532	0.13387	0.88240	0.20924
SY	-0.00243	0.00102	-0.00751	-0.00895	-0.00866		0.67329	0.91148	0.71199
XM	0.00121	0.00759	-0.00409	-0.00556	-0.01002	-0.01197		0.32662	0.91695
TH	-0.00854	-0.00173	-0.01266	-0.00911	-0.01737	-0.01186	-0.01935		0.96371
YJ	-0.00822	-0.00472	-0.01168	-0.00922	-0.00908	-0.00948	-0.01621	-0.01686	

注:对角线左下方表示遗传分化指数,对角线右上方表示种群分化测试。

Note: Values below the diagonal are the fixation index, values above the diagonal are the exact test of population differentiation.

表 4 长鳍篮子鱼群体的 AMOVA 分析结果

Tab 4	AMOVA results for S. canaliculatus	nonulations
1 a v . 4	ANIO VAIESUITS IOI S. Cunuticululus	populations

分 组	变异来源	项目	组群间	组群内 群体间	群体内
		平方和	7.755	-	800.344
1	总体	变异组成	-0.01353	-	1.68493
		变异比例	-0.81	-	100.81
		平方和	1.501	6.254	800.344
2	南海群体 东海群体	变异组成	0.00534	-0.01435	1.68493
	71(1444) 14	变异比例	0.32	-0.86	100.54
	清化、防城港、钦	平方和	2.479	5.277	800.344
3	州、北海群体 海口、三亚、阳	变异组成	0.00220	-0.01495	1.68493
	江、汕尾群体 厦门群体	变异比例	0.13	-0.89	100.76

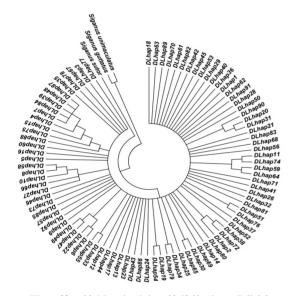


图 2 基于控制区序列建立的单倍型 NI 进化树 Fig.2 NJ trees of S. canaliculatus populations based on mtDNA control region sequences

2.3 种群历史动态

中性检验结果显示(表 5), 只有 BH(-1.49352, 0.04700)、SY(-1.53039,0.04400)及群体整体(-1.69300, 0.00600)的Tajima's D是显著负值(P<0.05),各群体Fu's F。值(-22.97407~-4.66931,0.00000~0.02900)和整体 F。值(-25.53678,0.00000)也都为显著负值;同时,9个长鳍 篮子鱼地理群体整体核苷酸错配呈单峰分布(图3),表明 本研究中的长鳍篮子鱼可能经历了种群扩张事件。

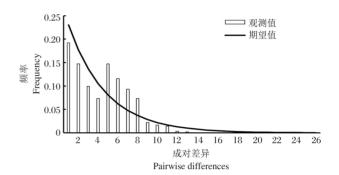


图3 长鳍篮子鱼核苷酸错配分布 Fig.3 Mismatch distribution of S. canaliculatus populations

吻合度检验结果显示,各群体、群体整体的离差平 方和(SSD)及粗糙指数(Raggedness)均较小,且统计检 验不显著,表明所观测的核苷酸不配对分布且并未显 著偏离种群扩张模型,可认为9个群体历史上发生了 不同程度的种群扩张, θ , $/\theta$ 。表明有效群体大小在扩张 前后发生很大变化,也提示可能发生过快速扩张(Fu, 1997)。根据核苷酸错配分析群体整体总的τ观测值 为5.88281、世代时长为1.25 a(黄小林等,2018)、 3%/Ma~10%/Ma的进化速率,推测本研究的长鳍篮子 鱼扩张时间距今1.18万~4.74万年,处于更新世晚期。

表 5 中性检验及不配对分布 Tab.5 Neutrality tests and mismatch distribution of S. canaliculatus populations

			•								
群	核苷酸不配对分布			吻合度检验				中性检验			
体	Tau	θ_0	θ_1	SSD	P	Rag	P	D	P	$F_{\rm s}$	P
ВН	6.36133	0.00000	4.29932	0.00849	0.86000	0.02121	0.92000	-1.49352	0.04700	-22.97407	0.00000
FC	6.89648	0.00000	3.85254	0.01606	0.73000	0.04669	0.69000	-1.32423	0.07200	-13.13763	0.00000
HK	5.44141	0.00176	4.60205	0.01032	0.77000	0.02520	0.85000	-1.35421	0.07900	-15.40423	0.00000
QZ	5.58594	0.00000	4.99541	0.01657	0.50000	0.03128	0.67000	-1.33636	0.08300	-7.94431	0.00400
SW	5.93164	0.00000	5.74004	0.00295	0.93000	0.00744	1.00000	-1.27045	0.09400	-11.52235	0.00000
SY	5.51172	0.00000	6.71240	0.00603	0.69000	0.01683	0.77000	-1.53039	0.04400	-21.24970	0.00000
XM	6.43750	0.00000	8.01758	0.00760	0.79000	0.02716	0.67000	-0.99243	0.16600	-6.91921	0.00600
TH	5.83594	0.00000	4.39199	0.02309	0.52000	0.04771	0.62000	-0.93688	0.16800	-4.66931	0.02900
YJ	6.16016	0.00352	4.97710	0.00702	0.84000	0.02054	0.91000	-1.20432	0.13000	-11.96483	0.00000
ALL	5.88281	0.00352	4.97861	0.00591	0.85000	0.01505	0.97000	-1.69300	0.00600	-25.53678	0.00000

3 讨论

3.1 长鳍篮子鱼的遗传多样性特征

南海北部沿岸及东海南部9个长鳍篮子鱼地理 群体mtDNA D-loop序列分析结构表明,单倍型多样 性指数(H_d)为0.73782~0.86891,整体为0.80798,核苷 酸多样性指数(π)为0.00369~0.00503,整体为0.00405, 长鳍篮子鱼较同海域其他海水鱼类处于较低的遗传 多样性。与同一海域 D-loop 标记的其他鱼类相比 较,长鳍篮子鱼的多样性指数均低于金钱鱼 (Scatophagus argus)(H_d =0.99135, π =0.01313)(Peng et al, 2020)和褐篮子鱼(Siganus fuscescens)(H_d=0.9264, π =0.017)(陈璐,2017);与黄小林等(2018)分析的4 个长鳍篮子鱼地理群体多样性指数相比,本研究中 9个地理群体整体多样性指数较低,呈现为高单倍型 多样性、低核苷酸多样性特征,这可能是在经历过瓶颈 效应后,种群快速扩张,提高了单倍型丰度,但这段时 间内核苷酸多样性还没有得到提高,这也是大多数海 洋鱼类具备的特征(李敏等,2019)。

3.2 长鳍篮子鱼的种群结构

遗传距离是判断物种间亲缘关系远近的重要依 据。根据 D-loop 序列基于 Kimura's 2-parameter 计 算的群体内遗传距离为0.00386~0.00532,各群体间 的遗传距离为0.00383~0.00482,依据Shaklee(1982) 提出的鱼类在种群(0.05)、种(0.3)和属(0.9)水平上的 遗传距离分类,本研究中长鳍篮子鱼群体间遗传距 离较小,表明这些群体之间亲缘关系较近。依据 Wright(1951)提出的遗传分化范围(F_{st}为0~0.05群体 间无遗传分化,0.05~0.15存在较小遗传分化,0.15~0.25 存在中度遗传分化, $F_{c}>0.25$ 存在较大遗传分化)。本 研究中,9个群体间分化指数 $F_{\rm st}$ 在-0.01935~0.00759, 均小于0.05,表明群体间的遗传分化程度低,洋流可 能是造成这种结果的原因之一。AMOVA分析结果 也显示,9个群体间不存在明显的遗传分化,主要变 异源于群体内个体之间。单倍型NJ进化树显示,来 自各群体的单倍型混杂分布,没观察到明显的区域 聚群,这可能是由于海洋环境中缺乏明显阻碍扩散 的地理隔离屏障,又受到南海暖流及中国沿岸流的 影响,长鳍篮子鱼的卵及具有群游习性的幼体和成 体会随着海流进行扩散和基因交流(黄小林等, 2018)。已有研究表明,许多海洋鱼类具有较强的扩 散能力,卵、幼体甚至成鱼借助南部沿海季风漂流、 黑潮分支、南海暖流、南海冷水、琼州海峡余流、北部 湾沿岸流等海流进行长距离扩散,导致地理群体间

产生频繁的基因交流,从而在非常广阔的分布范围内表现出较低的遗传分化,如同一海域的蓝圆鲹(Decapterus maruadsi)、卵形鲳鰺(Trachinotus ovatus)、花斑蛇鲻(Saurida undosquamis)等鱼类具有高度的同质性(吕金磊等,2017;牛素芳等,2018;李敏等,2019)。

3.3 长鳍篮子鱼的种群动态

本研究表明,9个地理群体控制区序列的遗传多样性为高单倍型多样性、低核苷酸多样性类型,核苷酸错配分布、Fu's F_s 检验结果和吻合度检验结果均提示,长鳍篮子鱼可能经历过种群扩张,推测扩张时间距今1.18万~4.74万年,与同一海域其他鱼类的种群扩张时间相近(郜星晨等,2016; Peng et al, 2020)。更新世晚期,在西太平洋的边缘海,冰期和间冰期交替出现,海平面也反复升降,冰期的鱼类栖息地缩小,随后的间冰期海平面上升(Wang, 1999)。长鳍篮子鱼的广温性、广盐性和杂食性等生物学特性,也可能是其群体数量迅速增长的原因之一。

3.4 长鳍篮子鱼种群资源保护

物种的遗传多样性与其进化潜力及响应环境改 变的能力呈正相关(Laikre et al. 2005)。遗传多样性 为物种的适应能力、生存能力和进化潜力提供了潜 在的遗传基础,多样性下降则导致物种适应和生存 能力下降、物种退化,甚至会威胁物种生存(季维智 和宿兵,1999;姜艳艳等,2003)。研究遗传多样性有 助于预测物种的进化潜能(薛丹等,2014)。长鳍篮 子鱼相比于同海域其他海水鱼类处于较低的遗传多 样性,亟需采取有效措施保护其野生资源。由于南 海北部沿岸和东海南部9个长鳍篮子鱼地理群体间 分化较低,基因交流频繁,不存在显著的地理结构和 谱系结构,可作为一个管理单元进行种质资源保护。 由于长鳍蓝子鱼分布广泛,今后有必要进一步扩大 采样范围和增加样本数,并采取多种分子标记,进一 步分析各地长鳍篮子鱼的遗传变异状况,为其种质 资源保护提供更为丰富的理论数据。

参考文献

白晓慧,杨华,孟一耕,等,2018. 大鳞副泥鳅群体线粒体 DNA D-loop序列遗传变异分析[J]. 水产科学,37(5):658-664. 陈璐,2017. 基于线粒体控制区序列的中国沿海褐蓝子鱼遗传多样性分析[D]. 广州:暨南大学.

方可菲,2020. 投喂频率对长鳍篮子鱼幼鱼生长性能、生理生化及肝脏指标的影响[D]. 上海:上海海洋大学.

冯广朋,章龙珍,庄平,等,2008. 海水网箱养殖长鳍篮子鱼的摄食与生长特性[J]. 海洋渔业,30(1):37-42.

- 郜星晨,章群,薛丹,等,2016. 基于线粒体控制区部分序列的南海大斑石鲈遗传多样性分析[J]. 海洋科学,40(7):41-45.
- 侯新远,祝斐,张丽娟,等,2013. 基于线粒体 D-loop 基因序列 研究我国 5 种虾虎鱼类的系统进化关系[J]. 海洋渔业, 35(1):1-7.
- 黄小林,李文俊,林黑着,等,2018. 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,37(4):45-51.
- 季维智,宿兵,1999. 遗传多样性研究的原理和方法[M]. 杭州: 浙江科学技术出版社.
- 姜艳艳, 孔晓瑜, 喻子牛, 等, 2003. 黄海蓝点马鲛 mtDNA D-loop 序列变异分析[J]. 中国水产科学, 10(3):177-183.
- 李敏,黄梓荣,许友伟,等,2019. 基于线粒体 cytb 序列的花斑蛇 鲻种群遗传结构研究[J]. 南方水产科学,15(6):41-48.
- 李珊,2018. 清水江斑鳜种群遗传结构及其遗传多样性研究 [D]. 贵阳:贵州大学.
- 李树华,陈大庆,段辛斌,等,2014. 基于线粒体 DNA 标记的长江中游草鱼亲本增殖放流的遗传效果评估[J]. 淡水渔业,44(4):45-50.
- 梁前才,车南青,2018. 长鳍篮子鱼池塘养殖技术[J]. 中国水产,(2):83-84.
- 吕金磊,章群,杨喜书,等,2017. 基于线粒体控制区的中国南海海域卵形鲳鲹遗传多样性[J]. 海洋渔业,(3):241-248.
- 孟庆闻,苏锦祥,缪学祖,1995. 鱼类分类学[M]. 北京:中国农业出版社.
- 牛素芳,吴仁协,张丽艳,等,2018. 基于Cytb基因序列的南海北部蓝圆鲹群体遗传多样性研究[J]. 应用海洋学学报,37(2):263-273.
- 彭敏,陈秀荔,蒋伟明,等,2011. 醋酸铵法提取卵形鲳鲹基因组 DNA[J]. 天津农业科学, 17(1):114-117.
- 王淞,曹晓霞,谷口顺彦,等,2010. 4个群体鲢 mtDNA D-loop 的 PCR-RELP 分析[J]. 淡水渔业, 40(4):3-15.
- 薛丹,章群,郜星晨,等,2014. 基于线粒体控制区的粤闽三线矶鲈地理群体的遗传变异分析[J]. 海洋渔业,36(6):496-502.
- 杨子拓,孙际佳,李桂峰,等,2016. 基于线粒体 D-loop 基因的 珠江翘嘴鲌遗传多样性与遗传分化研究[J]. 中山大学学 报(自然科学版),55(2):89-96.
- 赵峰,章龙珍,庄平,等,2008. 长鳍篮子鱼的外形特征与消化系统结构[J]. 海洋渔业,30(3):202-208.
- 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,1962. 南海鱼类志[M]. 北京:科学出版社.
- Brown W M, 1985. The mitochondrial genome of animals. MacIntyre R J. Molecular evolutionary genetics[M]. New York:Plenum Press.
- Cheng Y Z, Xu T J, Jin X X, et al, 2012. Universal primers

- for amplification of the complete mitochondrial control region in marine fish species[J]. Molecular Biology, 46(5): 727–730.
- Fu Y X, 1997. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth and background selection[J]. Genetics, 147(2):915–925.
- Laikre L, Palm S, Ryman N, 2005. Genetic population structure of fishes: implications for coastal zone management [J]. AMBIO a Journal of the Human Environment, 34(2): 111–119.
- Liu J X, Gao T X, Wu S F, et al, 2007. Pleistocene isolation in the Northwestern Pacific marginal seas and limited dispersal in a marine fish, *Chelon haematocheilus* (Temminck & Schlegel, 1845)[J]. Molecular Ecology, 16(2):275–288.
- Paraboles L C, Campos W L, 2018. Gonad development and reproductive cycle of the white–spotted rabbitfish *Siganus canaliculatus* (Park, 1797) in Palompon, Leyte, Eastern Visayas, Philippines[J]. Journal of Applied Ichthyology, 34(4):878–887.
- Peng M, Zhu W L, Yang C L, et al, 2020. Genetic diversity of mitochondrial D-loop sequences in the spotted scat (*Scatophagus argus*) from different geographical populations along the northern coast of the South China Sea[J]. Journal of Applied Ichthyology, 37(1):73–82.
- Rogers A R, Harpending H, 1992. Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences [J]. Molecular Biology and Evolution, 9(3):552–569.
- Roldan M I, Perrotta G R, Cortey M, et al, 2000. Molecular and morphologic approaches to discrimination of variability patterns in chub mackerel, *Scomber japonicus*[J]. Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 253(1): 63–74.
- Shaklee J B, 1982. Speciation and evolution of marine fishes studied by the electrophoretic analysis of proteins[J]. Pacific Science, 6(2):141–157.
- Wang P X, 1999. Response of western Pacific marginal seas to glacial cycles: paleoceanographic and sedimentological features[J]. Marine Geology, 156(1): 5–39.
- Wright S, 1951. The genetical structure of populations[J]. Annals of Eugenics, 15(1): 323-354.
- Zhang X, Wu H, Li Z, et al, 2018. Effects of dietary supplementation of Ulva pertusa and non-starch polysaccharide enzymes on gut microbiota of *Siganus canaliculatus*[J]. Journal of Oceanology and Limnology, 36(2):1–12.

(责任编辑 万月华)

Genetic Diversity Analysis of Different Geographical Populations of Siganus canaliculatus Along the South China Coast

PENG Min¹, XIAO Shan², HONG Chuan-yuan¹, PAN Chuan-yan¹, FENG Peng-fei¹, LI Min¹, ZENG Di-gang¹, YANG Chun-ling¹, JIANG Wei-ming¹, CHEN Xiu-li¹

- (1. Guangxi Academy of Fishery Sciences, Guangxi Key Laboratory of Aquatic Genetic Breeding and Healthy Aquaculture, Nanning 530021, P.R.China;
 - 2. Guangxi Aquatic Species Introduction and Breeding Center, Nanning 530031, P.R.China)

Abstract: Siganus canaliculatus, belonging to Siganus, Siganidae, Acanthuridae and Perciformes, is widely distributed along the south China coast. It is an important capture and culture fish species in China with high nutrient and economic values. In this study, we analyzed the genetic structure and historical dynamics of nine S. canaliculatus populations from the south China coast, including Xiamen, Shanwei, Yangjiang, Haikou, Sanya, Beihai, Qinzhou, Fangcheng and Thanh Hoa. The genetic diversity and genetic differentiation status of the nine S. canaliculatus populations were explored based on the mitochondrial control region (D-loop) gene sequences. The aim was to provide reference for the conservation and rational exploitation of wild S. canaliculatus germplasm resources and to evaluate the effect of captive breeding and release. From April 2018 to August 2019, a total of 484 wild S. canaliculatus samples were collected from the nine areas investigated and muscle tissue from each specimen was sampled for D-loop sequence amplification. The length of the 484 DNA D-loop sequences was about 828 bp, containing 57 mutation sites and 92 haplotypes. The overall haplotype diversity and nucleotide diversity indices were 0.80798 and 0.00405, respectively, indicating high haplotype diversity and low nucleotide diversity. Genetic distances within the populations were 0.00386~0.00532, and genetic distances between the populations were 0.00383~0.00482, and the total differentiation index between the populations was -0.01935~0.00759. AMOVA analysis shows that the genetic variation of the S. canaliculatus populations nearly occurred within the population. The neutral test shows that Fu's F_s test value was a significant negative value (-25.53678, P<0.01), the distribution of nucleotide mismatch showed a single peak, and the coincidence test value was small and insignificant, suggesting that S. canaliculatus might have experienced a population expansion event, estimated to occurr about 11 800 years to 47 400 years ago. In summary, there was no significant differentiation of geographic structure and pedigree structure among the nine S. canaliculatus geographical populations in the south China coast, and they can be classified as a management unit for germplasm resource protection.

Key words: *Siganus canaliculatus*; genetic diversity; geographical population; mitochondrial control region; the south China coast