

曹靖花,李涛,李斌,等.黄颡鱼野生与养殖群体遗传多样性与遗传结构比较[J].华中农业大学学报,2025,44(6):231-240.
DOI:10.13300/j.cnki.hnlkxb.2025.06.023

黄颡鱼野生与养殖群体遗传多样性与遗传结构比较

曹靖花¹,李涛¹,李斌¹,梁浩文¹,刘娅²,沈凡²,何焱¹,沈志刚¹

1. 华中农业大学水产学院/农业农村部淡水生物繁育重点实验室/教育部长江经济带大宗水生生物产业绿色发展工程研究中心/池塘健康养殖湖北省工程实验室,武汉 430070;
2. 湖北黄优源渔业发展有限公司,武汉 430299

摘要 为明确全雌黄颡鱼种群的遗传多样性特征与遗传结构,揭示其与野生、其他养殖群体的遗传学差异,以湖北省黄颡鱼为研究对象,对野生(LH)及含全雌(AF)种群在内的湖北省6个养殖群体(WH、QJ、YX、JM、JZ,均为繁殖亲本)的210尾个体进行全基因组重测序,系统分析这7个群体的遗传多样性和遗传结构。结果表明,在遗传多样性方面,全雌种群的核苷酸多样性(nucleotide diversity, ND)、多态信息含量(polymorphism information content, PIC)、观测杂合度(observed heterozygosity, Ho)和期望杂合度(expected heterozygosity, He)分别为0.0005、0.0469、0.0525和0.0469,其他养殖群体平均值则分别为0.0006、0.0477、0.0524和0.0477,无显著差异;而野生群体ND、PIC、Ho和He分别为0.0017、0.1784、0.1974和0.1784,显著高于全雌及其他养殖群体。进一步分析雌性个体发现,全雌群体的ND、PIC、Ho和He值仍与其他养殖群体中雌性均值(分别为0.0006、0.0473、0.0522和0.0473)无显著差异,但均远低于野生雌性群体(分别为0.0041、0.3022、0.5083和0.3523)。遗传结构特征方面,系统发育树和主成分分析结果显示,全雌养殖种群中存在与其他6个群体亲缘关系较近的个体,且养殖群体与野生群体的部分个体也具有相似的遗传背景。综上,全雌及养殖群体遗传多样性接近,均显著低于野生群体,这也提示未来黄颡鱼育种工作中,针对性提升雌性亲本的遗传多样性对保障种质质量与产业可持续发展具有重要意义。

关键词 黄颡鱼;全雌种群;全基因组重测序;遗传多样性;遗传结构;遗传育种

中图分类号 Q959.499 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2025)06-0231-10

黄颡鱼(*Tachysurus fulvidraco*)是鲇形目(Siluriformes)鲿科(Bagridae)的一种常见中小型淡水经济鱼类。因其营养价值高、肉质鲜美且不含肌间刺,深受消费者青睐。当前,黄颡鱼养殖产量逐年增加。据《2024中国渔业统计年鉴》^[1]数据显示,黄颡鱼淡水养殖产量是我国当前产量超过20万t的鱼类中增长最快的2种鱼类之一。黄颡鱼具有性别二态性^[2],国家审定新品种黄颡鱼“全雄1号”(GS-04-001-2010)和杂交黄颡鱼“黄优1号”(GS-02-001-2018)的出现^[3-4],推动了全国范围内黄颡鱼的养殖。然而,全雄和杂交黄颡鱼均需大量雌性亲本,以确保苗种的持续生产和遗传改良的持续开展。

而随着黄颡鱼养殖技术逐渐成熟及其规模的不

断扩大,养殖不规范、近亲繁殖、亲本培育不科学等问题也突显出来,使得黄颡鱼雌鱼品质参差不齐。且在人工繁殖过程中黄颡鱼亲本死亡率较高,导致雌性亲本资源严重匮乏^[5],限制了黄颡鱼产业健康发展。Shen等^[5-6]对黄颡鱼性别分化的研究为刘娅等^[7]成功诱导XX伪雄鱼建立了基础,丁洋等^[8]进而建立了黄颡鱼全雌种群规模化繁育技术体系,为黄颡鱼雌性亲本选育工作提供了极大便利。

遗传多样性(genetic diversity)是同一物种不同群体间或同一群体不同个体间遗传变异的总量,反映了物种对环境变化的应对能力,并与其生存能力和适应能力密切相关,也是评估种质资源现状的重要参考指标^[9]。遗传多样性减少与近交衰退风险的

收稿日期: 2025-07-23

基金项目:国家自然科学基金项目(32273122);国家科技重大专项农业生物育种重大项目(2023ZD04068);中央高校基本科研业务费专项(2662025FW011;2662025SCPY007)

曹靖花,E-mail:JeongH@163.com

通信作者: 沈志刚,E-mail:zgshen2017@mail.hzau.edu.cn

增加密切相关,可能导致生长率、繁殖性能、抗病性和后代存活率的降低^[10-11]。因此,了解和评估全雌黄颡鱼群体的遗传多样性和遗传结构,对于正确制定全雌配套系的性状改良育种计划和遗传资源保护至关重要。基于全基因组重测序的群体遗传学分析,是对群体中个体的全基因组进行测序,并与参考基因组进行比对,找出基因组中存在的变异位点和信息,最后结合生物信息学技术分析不同群体间的遗传差异。在众多遗传变异分子标记中,单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP)是基因组中最常见的遗传变异形式,广泛存在于基因组中。与同工酶分子标记和微卫星分子标记的简单重复序列(simple sequence repeats, SSR)标记相比,SNP分子标记具有更好的遗传稳定性和更高的通量,能够更精确地反映种群内和种群间的遗传多样性,并以更精细的尺度确定种群的遗传结构,成为当前最流行的遗传标记方法^[12]。随着测序技术的发展,全基因组重测序方法已被应用于瓦氏黄颡鱼、团头鲂、大黄鱼等多种经济鱼类的群体遗传学分析^[13-16]。目前,黄颡鱼基因组的测序和组装已经完成^[17-18],但尚未有利用SNP分子标记分析全雌黄颡鱼群体遗传多样性与遗传结构的研究报道。

本研究采用全基因组重测序技术鉴定黄颡鱼全雌、野生与其他养殖群体的SNPs,并对其遗传多样性和遗传结构进行比较分析,同时,系统性评估黄颡鱼种质资源遗传特征,旨在为黄颡鱼全雌配套系育种计划的制定提供基因组资源支持与理论方向,解析其遗传改良的关键路径,并建立黄颡鱼种质资源保护策略。

1 材料与方法

1.1 实验动物及样本采集

本研究中的黄颡鱼样本均为性成熟个体。全雌黄颡鱼来源于笔者所在团队利用性别控制技术生产的养殖群体。团队利用质量浓度为0.01 μg/L的左炔诺孕酮(levonorgestrel, LNG)等处理12日龄XX基因型黄颡鱼至60日龄,成功诱导出XX功能性伪雄鱼^[19]。将XX伪雄鱼与正常XX雌鱼进行人工繁殖,成功获得全雌黄颡鱼种群。全雌黄颡鱼种群养殖于湖北黄优源渔业发展有限公司(武汉市江夏区),性成熟后转移至华中农业大学水产学院基地。野生黄颡鱼群体从武汉市江夏区鲁湖获得,其他黄颡鱼养殖群体从湖北省5个繁殖场(湖北黄优源渔业发展有

限公司、潜江市玉欣水产养殖专业合作社、阳新县百容水产良种有限公司、荆州市旺隆水产养殖专业合作社荆门分部、湖北三同水产种业有限公司)获得,具体信息见表1。

表1 黄颡鱼全雌、野生与其他养殖群体采样与来源信息

Table 1 Sampling and origin information of all-female, wild, and other cultured populations of yellow catfish *T. fulvidraco*

群体类型 Populations	采集地点 Sampling locality	代码 Code	样本数 Sample size	雌性比 例/% Female ratio
全雌群体 All-female population	武汉 Wuhan	AF	30	100.0
野生群体 Wild population	武汉鲁湖(天然湖泊)Luhu Lake in Wuhan	LH	30	20.0
	武汉 Wuhan	WH	30	56.7
其他养殖群体 Other cultured populations	潜江 Qianjiang	QJ	30	100.0
	阳新 Yangxin	YX	30	80.0
	荆门 Jingmen	JM	30	90.0
	荆州 Jingzhou	JZ.	30	93.3

采集黄颡鱼DNA样品时,先用丁香酚麻醉鱼体,待麻醉完全后用毛巾擦干水分和黏液,剪取鳍条样本,经液氮速冻后保存于-80 °C冰箱,以备后续进行重测序工作,分析群体的遗传多样性与群体结构。从上述7个群体中共收集了210个黄颡鱼鳍条样本。

1.2 基因组DNA检测

DNA提取、全基因组重测序及群体遗传学分析由武汉影子基因科技有限公司完成。首先采用高通量DNA提取试剂盒(苏州白垩纪生物科技有限公司)提取210个黄颡鱼鳍条样品的DNA,然后使用1.5%琼脂糖凝胶电泳方法检测DNA的纯度和完整性,最后使用荧光定量仪(Qubit 4.0, 美国Thermo Fisher科技公司)对每个样品的DNA浓度进行准确定量。

1.3 全基因组重测序

取质检合格的DNA样品,使用YZSeqTM Tn5 Library Prep Kit(武汉影子基因科技有限公司,武汉)将基因组DNA进行随机打断,构建文库。然后使用磁珠法动物组织DNA提取试剂盒(武汉影子基因科技有限公司)进行多余片段去除,筛选出片段大小在300~700 bp的文库。接着,使用DNBSEQ-T7测序仪(深圳华大智造科技股份有限公司)进行全基因组测序。用Fastp软件(版本0.23.1)对原始测序数据进行质控,并使用Clean Reads进行下游分析。使

用SAMtools和Mosdepth软件分别统计比对率、测序深度和基因组覆盖度;Sentieon软件比对黄颡鱼参考基因组(GCF_022655615.1, www.ncbi.nlm.nih.gov),进行群体基因组遗传变异检测和分型;用Plink v2.0对完成变异检测的数据进行质控;最后使用CMplot工具,基于滑动窗口统计每个窗口中的SNP数目。

1.4 群体多样性分析

用Plink计算群体内每个SNP位点的观测杂合度(observed heterozygosity, H_o)和期望杂合度(expected heterozygosity, H_e),并用平均值表示。计算每个群体每个SNP位点的多态信息含量(polyorphism information content, PIC, 公式中以 C 表示),公式如下:

$$C_i = 1 - \sum_j p_{ij}^2$$

公式中, C_i 表示第 i 个SNP位点的多态信息含量, p_{ij} 表示第 i 个位点上第 j 个等位基因的频率,因此第 i 个位点的PIC值即为1减去第 i 个位点上所有等位基因的频率的平方和。群体PIC值用群体中各个体PIC值的平均值表示。

使用vcftools工具基于滑动窗口(--window-pi 10000 --window-pi-step 10000)分群体计算每个窗口的ND值;最后,用所有窗口ND值的平均值表示该群体的ND值。使用EIGENSOFT软件包中的smart PCA程序两两比较7个群体间的遗传分化指数(fixation index, F_{st})、群体间的Reynolds'遗传距离(Reynolds' genetic distance, DR;公式中以 D_R 表示)

表2 黄颡鱼全雌、野生与其他养殖群体基因组重测序基础信息

Table 2 Whole genome re-sequencing information of all-female, wild, and other cultured populations of yellow catfish *T. fulvidraco*

群体 Populations	有效读段数据 Clean reads	比对率/% Mapping rate	测序深度(倍) Sequencing depth (×)	测序覆盖率(5倍)/% Coverage ratio (5×)	SNP密度/(个/kb) SNP density
AF	84 574 448	99.0	9.5	81.3	3.1
LH	87 825 820	97.8	8.0	71.5	14.7
WH	88 055 156	99.2	9.3	81.1	3.9
QJ	87 934 078	99.3	10.4	83.9	3.8
YX	90 985 125	99.2	10.7	84.7	2.5
JM	105 009 727	98.9	10.8	85.5	3.1
JZ	103 964 395	98.8	10.6	85.1	3.9

通过与黄颡鱼参考基因组(GCF_022655615.1)比对,7个群体共获得12 598 430个高质量二等位SNPs,SNP在染色体上的分布数量及密度统计见图1。SNP数量在1号染色体上最多,26号染色体上最

与基因流动的关键指标(gene flow, N_m ;公式中以 N_m 表示)。其中, D_R 与 N_m 由 F_{st} 估算得出,计算公式如下:

$$D_R = -\ln(1 - F_{st})$$

$$N_m = 1/4(1/F_{st} - 1)$$

1.5 系统发育树构建

首先,使用plink v1.9分析所有高质量SNPs,获得两两样本之间的遗传距离。随后利用MEGA分析计算得到的遗传距离矩阵并构建邻接树(neighbour-joining, NJ),最后使用iTOL网站进行在线可视化,以不同颜色标注样本所属群体信息,并呈现系统发育树效果图。

1.6 主成分分析

使用EIGENSOFT软件包中的smart PCA程序对黄颡鱼7个群体的SNPs(MAF 0.01, plink -indep-pairwise 50 10 0.5)进行主成分分析(principal component analysis, PCA),通过Tracy-Widom检验对特征值的显著性进行评估,并使用ggplot2进行结果可视化,生成PCA分析图。

2 结果与分析

2.1 高通量测序数据分析

本研究对7个群体的210尾黄颡鱼进行文库构建及全基因组重测序,测序与质控结果如表2所示。过滤后共获得648 348 749个Clean reads,各群体比对率均大于97.0%,平均测序深度为9.9×,平均覆盖率(coverage rate at least 5×)为81.9%,表明测序结果可靠,可以进行后续分析。

少(图1A),其密度在不同染色体上分布不均匀,总体呈现波动变化(图1B)。其中,AF种群的SNP密度为3.1个/kb,LH群体的SNP密度为14.7个/kb,WH、QJ、YX、JM、JZ群体分别为3.9、3.8、2.5、3.1、3.9

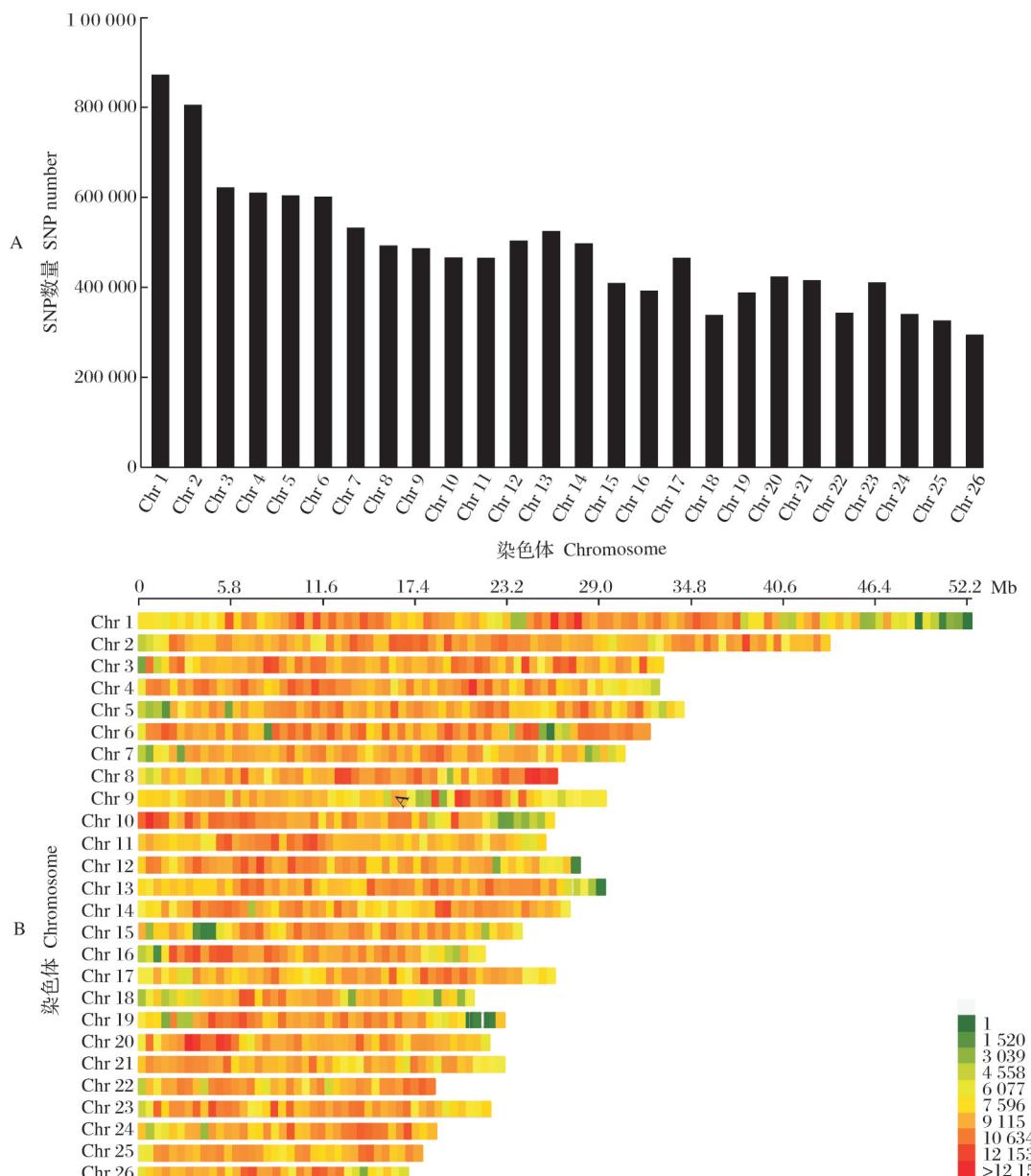
个/kb(表2)。

2.2 群体遗传多样性

由表3可见,AF种群的ND值、PIC、Ho及He分别为0.000 5、0.046 9、0.052 5和0.046 9。相比于LH野生群体,AF群体的各遗传多样性参数要低;但与其他养殖群体相比,AF种群的ND值与WH、JM群体相同,PIC与He比JM群体要高,Ho比WH、QJ、YX群体都要高。为避免性别对遗传多样性结果的影响,剔除这些养殖群体与野生群体的雄性个体后对所有雌性个体再分析发现(表3下半部),WH雌性

群体的ND值略有提高,其他养殖雌性群体的ND值无变化;除雌性比例为100%的QJ群体无变化外,大部分养殖雌性群体的PIC、Ho和He均稍有降低。AF全雌种群的ND、PIC、Ho和He值均与各养殖雌性群体相关数据的平均值相近,均远低于野生群体。

黄颡鱼7个群体间两两遗传分化分析结果如表4所示。与AF种群相比较,QJ群体的群体分化指数 F_{st} 最小(0.028 0)、遗传距离DR最小(0.028 4),且基因流动Nm最大,表明两者遗传关联最为紧密。其次



A. 不同染色体的SNP数目; B. SNP分布密度。A. Number of SNPs in different chromosomes; B. Distribution density of SNPs.

图1 黄颡鱼7个群体SNP分布统计

Fig. 1 SNP distribution statistics of seven populations of yellow catfish *T. fulvidraco*

表3 黄颡鱼全雌、野生与其他养殖群体的遗传多样性指数

Table 3 Genetic diversity index of all-female, wild, and other cultured populations of yellow catfish *T. fulvidraco*

群体 Populations	核苷酸多样性(ND) Nucleotide diversity	多态信息含量(PIC) Polymorphism information content	观测杂合度(Ho) Observed heterozygosity	期望杂合度(He) Expected heterozygosity
AF(全雌 All-female)	0.000 5	0.046 9	0.052 5	0.046 9
LH(野生 Wild)	0.001 7	0.178 4	0.197 4	0.178 4
WH	0.000 5	0.048 7	0.051 1	0.048 7
QJ	0.000 6	0.048 4	0.050 6	0.048 4
其他养殖群体 Other cultured populations	YX	0.000 6	0.047 4	0.047 4
JM	0.000 5	0.044 3	0.054 0	0.044 3
JZ	0.000 6	0.049 7	0.055 0	0.049 7
平均值 Mean	0.000 6	0.047 7	0.052 4	0.047 7
LH(♀)(野生 Wild)	0.004 1	0.302 2	0.508 3	0.352 3
WH	0.000 6	0.048 0	0.050 9	0.048 0
QJ	0.000 6	0.048 4	0.050 6	0.048 4
其他养殖群体(♀) Other cultured populations	YX	0.000 6	0.047 0	0.047 0
JM	0.000 5	0.043 9	0.053 6	0.043 9
JZ	0.000 6	0.049 3	0.054 3	0.049 3
平均值 Mean	0.000 6	0.047 3	0.052 2	0.047 3

表4 黄颡鱼全雌、野生与其他养殖群体的群体间遗传分化指数(F_{st})、遗传距离(DR)和基因流动(Nm)Table 4 Genetic differentiation index (F_{st}), genetic distance (DR), and gene flow (Nm) between all-female, wild, and other cultured populations of yellow catfish *T. fulvidraco*

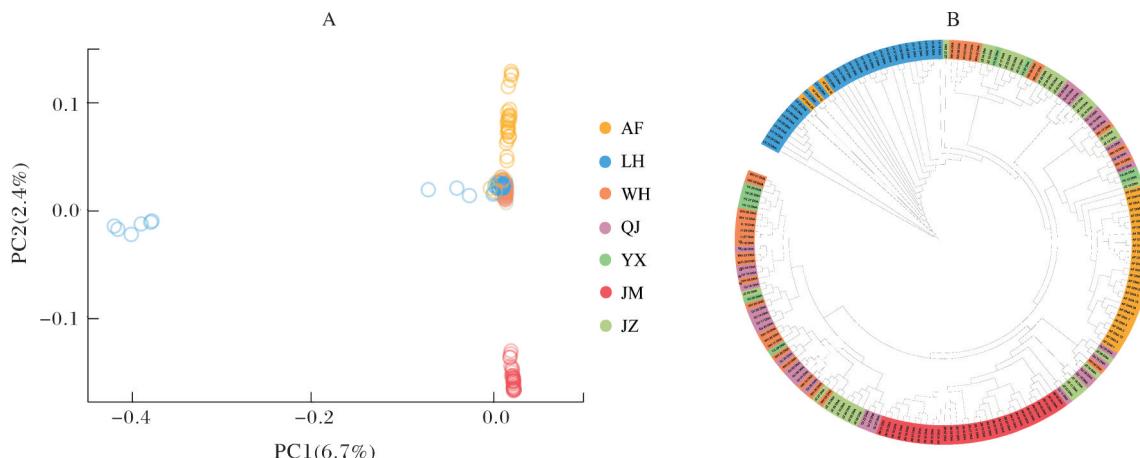
群体1 Population 1	群体2 Population 2	群体间遗传分化指数(F_{st}) Fixation index	遗传距离(DR) Reynolds' genetic distance	基因流动(Nm) Gene flow
AF	LH	0.067 0	0.069 4	3.4813
AF	WH	0.030 0	0.030 5	8.083 3
AF	QJ	0.028 0	0.028 4	8.678 6
AF	YX	0.029 0	0.029 4	8.370 7
AF	JM	0.086 0	0.089 9	2.657 0
AF	JZ	0.031 0	0.031 5	7.814 5
LH	WH	0.056 0	0.057 6	4.214 3
LH	QJ	0.056 0	0.057 6	4.214 3
LH	YX	0.056 0	0.057 6	4.214 3
LH	JM	0.080 0	0.083 4	2.875 0
LH	JZ	0.056 0	0.057 6	4.214 3
WH	QJ	0.001 0	0.001 0	249.750 0
WH	YX	0.000 0	0.000 0	无限大 Infinite
WH	JM	0.058 0	0.059 8	4.060 3
WH	JZ	0.003 0	0.003 0	83.083 3
QJ	YX	0.000 0	0.000 0	无限大 Infinite
QJ	JM	0.057 0	0.058 7	4.136 0
QJ	JZ	0.002 0	0.002 0	124.750 0
YX	JM	0.057 0	0.058 7	4.136 0
YX	JZ	0.002 0	0.002 0	124.750 0
JM	JZ	0.059 0	0.060 8	3.987 3

是YX群体,其与AF种群的 F_{st} 、DR、Nm分别为0.0290、0.0294和8.3707,遗传相似度同样较高。在与AF种群的对比中,JM群体的分化程度最为显著,表现为 F_{st} 最大(0.0860)、DR最大(0.0899),且Nm最小(2.6570);LH野生群体与AF种群的分化也相对明显, F_{st} (0.0670)和DR(0.0694)均较大,Nm则较小(3.4813)。这些结果说明AF种群与QJ、YX群体的遗传背景更为相似,而与JM、LH的遗传背景差异较大。此外,WH、QJ、YX和JZ4个养殖群体之间的分化指数接近0,提示这4个群体的遗传背景高度一致。

2.3 群体遗传结构

在黄颡鱼全雌、野生与其他养殖群体SNPs主成分分析(PCA)可视化结果中(图2A),7个群体大

致聚为3簇,其中LH群体呈现明显的遗传分化,分为2簇,一簇与其他所有群体显著分离,另一簇则与全雌AF种群和4个养殖群体(WH、QJ、YX、JZ)的空间距离较近;第3簇是同为养殖群体的JM群体,与其余群体均保持一定的遗传距离。从群体内部遗传结构来看,LH群体的散点分散程度最高,提示其群体内部存在亲缘关系较远的个体,遗传背景差异较大;AF种群个体分散程度也相对较高,表明群体内存在一定的遗传变异。而其他养殖群体种群内散点集中,且群体间存在个体交叉聚类现象,反映其内部遗传一致性较高。这与系统发育树的分析结果一致(图2B),且与前文群体间遗传分化指数的分析结果相互印证,进一步支持了各群体的遗传分化格局。



A. 黄颡鱼全雌、野生与其他养殖群体SNPs主成分分析(PCA)。每个散点代表1个样本,同色为同一群体,空间距离越近遗传背景差异越小;7个群体大致聚为3类,反映群体间及群体内遗传差异。B. 黄颡鱼全雌、野生与其他养殖群体系统发育树;不同颜色节点代表不同群体。分支距离反映遗传关联程度;距离越近遗传背景差异越小,反之则越大,直观呈现群体遗传聚类关系。A. Principal component analysis of SNPs of all-female, wild, and other cultured populations of yellow catfish. Each scatter represents one sample, and samples of the same color belong to the same population. The closer the spatial distance, the smaller the genetic background difference. Seven populations are roughly clustered into 3 groups, reflecting inter- and intra-population genetic differences. B. Phylogenetic trees of all-female, wild, and other cultured populations of yellow catfish; Nodes of different colors represent different populations. Branch distance reflects the degree of genetic relatedness: the closer the distance, the smaller the genetic background difference, and vice versa, intuitively showing the population genetic clustering relationship.

图2 黄颡鱼全雌、野生与其他养殖群体遗传结构分析

Fig. 2 Genetic structure of all-female, wild, and other cultured populations of yellow catfish *T. fulvidraco*

3 讨 论

物种群体遗传多样性与环境的适应能力成正比^[20],因此,遗传多样性越低,表明种群中的基因型趋于同质化,增加了物种遗传漂变风险,潜在的遗传问题也随之增加,导致群体难以有效应对环境变化。因此,检测群体的遗传多样性在正确制定动物育种策略、传染性疾病防控及种质资源保护等方面发挥

着重要作用^[21-22]。全雌黄颡鱼种群作为黄颡鱼规模化人工繁殖和持续遗传改良的必要母本配套系,研究其群体遗传多样性有助于制定后续育种计划,同时也可为了解黄颡鱼种质资源状况提供重要数据。通过分析群体遗传结构,可以优化全雌种群性状,进一步明确遗传改良的方向,为黄颡鱼产业的可持续发展提供技术支持和指导。本研究对黄颡鱼全雌种

群、湖北省1个野生群体和5个养殖群体进行全基因组重测序,利用SNP分子标记对其遗传多样性和遗传结构进行比较研究,结果表明全雌群体与湖北省5个养殖群体的遗传多样性水平相近,均低于野生群体。在遗传结构上,全雌AF群体与其他养殖群体的亲缘关系较为密切,同时其内部也存在与野生群体亲缘关系较近的个体。

基因组重测序后所获得的等位基因数目,以及这些等位基因的频率分布模式,是影响多态信息含量的关键因素^[21],被用于衡量分子标记的多态性。核苷酸多样性用2条序列相同位点碱基存在差异的平均概率值表示,反映序列中SNP的多态性,常用于衡量种群内或种群间的遗传多样性,是遗传变异的一个量化值,其值越大表明群体遗传多样性越高。本研究中全雌种群核苷酸多样性指数值呈现出较低水平,但与其他养殖群体结果相近。群体基因杂合度(heterozygosity, H)指某一基因座上等位基因是杂合体的频率,分为观测杂合度 H_o 和期望杂合度 H_e ,反映了群体遗传变异程度^[22],是评价群体遗传多样性的另一个重要指标。为消除性别带来的影响,剔除雄性个体后,除雌性比例为100%的QJ群体未发生变化外,YX群体的 H_o 与剔除前相同,其他养殖群体的PIC、 H_o 和 H_e 均有所降低。本研究发现,群体中的雄性个体剔除前后,全雌种群与其他养殖群体类似,它们的PIC、 H_o 和 H_e 值均低于野生群体。这一结果表明全雌种群的遗传多样性虽然不及野生群体,但与其他作为繁殖亲本的养殖群体相当。野生群体的遗传多样性水平高于各养殖群体,这种遗传差异可能主要来源于2个方面,一是养殖群体通常存在近亲繁殖现象,同时在多年人工繁殖过程中,部分群体被丢弃或者死亡,而又未有足够丰富的群体进行补充,导致遗传多样性降低^[14];二是来自高强度的遗传选育,在养殖性能改良过程中,通常选择生长快、抗性好或饲料利用率高的一小部分群体作为亲本继续选育,这势必会导致遗传多样性降低。本研究中的野生黄颡鱼群体遗传多样性与吴勤超等^[23]利用微卫星标记分析长江中上游流域黄颡鱼野生群体遗传结构存在较大差异,这种差异可能归因于研究方法的不同。Schmidt等^[24]指出,杂合度的评估应综合考虑单态位点与多态位点。若在分析过程中忽略了单态位点,可能会导致评估结果产生显著偏差。本研究采用全基因组重测序技术,在广泛的基因组层面上进行了深入分析,优于仅利用基因

组有限区域的微卫星标记方法。

群体遗传多样性和群体杂合度是反映群体内的遗传变异状态的核心指标,而群体间遗传分化程度则揭示了不同群体之间的遗传变异水平。群体间的遗传分化程度可以通过群体间遗传分化指数(F_{st})进行评估,以 F_{st} 值0.05、0.15、0.25为划分界限,群体间遗传分化程度随 F_{st} 升高依次为低程度、中等程度、较大程度、极显著程度^[25]。本研究中,全雌群体、野生群体和其他养殖群体的两两 F_{st} 均小于0.15,表明各群体间整体处于低水平遗传分化状态。此外,基因流动是表征基因在群体内及群体间迁移扩散的关键指标^[25]。本研究中所有群体间的基因流(Nm)值均大于1,提示群体间存在广泛的基因交流,这一结果与低水平遗传分化的特征相契合,进一步印证了各群体间遗传分化程度较低的结论。与薛淑群等^[26]采用靶位区域扩增多态性(target region amplified polymorphism, TRAP)标记分析养殖与野生黄颡鱼群体的遗传关系相比,本研究中群体间的基因流动程度更高。造成这一差异的原因除了近年来黄颡鱼养殖规模急速增长以外,本研究的黄颡鱼群体样本均采集自湖北省——该地区作为全国黄颡鱼养殖产量最大的地区,养殖群体资源更为丰富,为群体间的基因交流创造了更有利的条件。

群体遗传结构差异是遗传多样性的重要体现形式^[27],系统发育树和主成分分析(PCA)是解析群体遗传结构的常用方法。本研究PCA与系统发育结果一致显示,7个群体大致聚为3簇,LH野生群体呈明显遗传分化(分两亚簇),JM群体单独成簇,AF群体与4个养殖群体存在部分聚类重叠。同时,本研究中AF、JM、LH群体的个体相对于其他养殖群体较为分散(图2),推测这3个群体内部个体间亲缘关系相对较远,存在一定的遗传背景差异,这可能与人工养殖中为维持种质质量而采取的近亲繁殖规避措施相关,例如通过筛选不同地理来源的亲本进行繁育,以避免群体遗传多样性下降。此外,LH野生群体中部分个体与养殖群体的亲缘关系较近,这可能与养殖群体的亲本来源有关,或因黄颡鱼养殖水域多与自然水体相邻,导致在池塘淹水等特殊情况下,部分养殖黄颡鱼逃逸至自然水域中,导致野生群体部分个体携带与养殖群体相似的遗传背景。

群体遗传多样性、杂合度和群体间遗传分化程度衡量了不同群体间的遗传变异情况。遗传变异主要由自然选择和人工选择共同驱动。自然选择主导

生物对环境的适应性进化,人工选择则以满足人类生产需求为目标,但该过程常忽视生物对外界环境的适应能力。长期针对经济性状的定向人工选择易导致种群的SNP多态性降低^[28],且养殖群体中近亲繁殖现象普遍,进一步加剧遗传多样性流失。已有研究表明,黄颡鱼超雄鱼亲本经过多代自交后出现繁育系退化,生长和抗病等性能显著下降^[4]。这提示黄颡鱼养殖需强化遗传资源保护,在自然水域周边或网箱养殖场景中,应严格管控养殖水体排放,避免养殖个体逃逸引发野生群体基因污染。在全雌种群选育及生产中,需通过最优贡献选择、配偶选择等育种策略,最大化维持群体遗传多样性,同时监测并限制近亲繁殖,保障养殖种群的种质稳定性与可持续性。

本研究通过系统分析黄颡鱼全雌群体、野生群体及其他养殖群体的遗传多样性与遗传结构,明确当前全雌种群与湖北地区各养殖群体的遗传多样性水平相近,具备作为后续遗传选育基础群体的潜力,但从种质长期维持角度看,提升繁殖群体遗传多样性仍是亟待解决的关键问题。同时,本研究筛选的SNP标记,也为黄颡鱼分子辅助育种工作的开展提供了重要的分子工具支持。后续研究可基于本研究揭示的群体间的遗传差异和多样性特征,进一步制定针对性的遗传资源保护和管理策略,有效规避遗传资源流失和基因污染风险,最终实现黄颡鱼种质资源的可持续利用,为产业健康发展提供保障。

参考文献 References

- [1] 农业农村部渔业渔政管理局,全国水产技术推广总站,中国水产学会.中国渔业统计年鉴-2024[M].北京:中国农业出版社,2024. Bureau of Fisheries, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, National Fisheries Technology Extension Center, China Society of Fisheries. China fishery statistical yearbook[M].Beijing:China Agriculture Press,2024 (in Chinese).
- [2] 刘汉勤,崔书勤,侯昌春,等.从XY雌鱼雌核发育产生YY超雄黄颡鱼[J].水生生物学报,2007,31(5):718-725. LIU H Q, CUI S Q, HOU C C, et al. YY supermale generated gynogenetically from XY female in *Pelteobagrus fulvidraco* (Richardson) [J]. Acta hydrobiologica sinica, 2007, 31(5): 718-725 (in Chinese with English abstract).
- [3] 邵韦涵,樊启学,张诚明,等.黄颡鱼、瓦氏黄颡鱼及“黄优1号”肌肉营养成分比较[J].华中农业大学学报,2018,37(2):76-82. SHAO W H, FAN Q X, ZHANG C M, et al. Comparative analysis of nutritive composition in muscle of “Huangyou No. 1”, yellow catfish and darkbarbel catfish [J]. Journal of Huazhong Agricultural University, 2018, 37 (2) : 76-82 (in Chinese with English abstract).
- [4] 胡伟华,丹成,郭稳杰,等.黄颡鱼和杂交黄颡鱼“黄优1号”形态及性腺发育的比较[J].水生生物学报,2019,43(6):1231-1238. HU W H, DAN C, GUO W J, et al. The morphology and gonad development of *Pelteobagrus fulvidraco* and its interspecific hybrid “Huangyou No. 1” with *Pelteobagrus vachelli* [J]. Acta hydrobiologica sinica, 2019, 43 (6) : 1231-1238 (in Chinese with English abstract).
- [5] SHEN Z G, FAN Q X, YANG W, et al. Effects of 17 α -methyltestosterone and aromatase inhibitor letrozole on sex reversal, gonadal structure, and growth in yellow catfish *Pelteobagrus fulvidraco* [J/OL]. The biological bulletin, 2015, 228 (2) : 108-117 [2025-07-23]. <https://doi.org/10.1086/BBLv228n2p108>.
- [6] SHEN Z G, FAN Q X, YANG W, et al. Effects of non-steroidal aromatase inhibitor letrozole on sex inversion and spermatogenesis in yellow catfish *Pelteobagrus fulvidraco* [J/OL]. Biological bulletin, 2013, 225 (1) : 18-23 [2025-07-23]. <https://doi.org/10.1086/BBLv225n1p18>.
- [7] 刘娅,于跃,鲁子怡,等.黄颡鱼XX伪雄鱼诱导与全雌种群规模化繁育[J].水生生物学报,2022,46(12):1939-1948. LIU Y, YU Y, LU Z Y, et al. Induction of XX pseudo-males, and large-scale reproduction of all-female population in yellow catfish [J]. Acta hydrobiologica sinica, 2022, 46 (12) : 1939-1948 (in Chinese with English abstract).
- [8] 丁洋,鲁子怡,刘娅,等.黄颡鱼XX伪雄鱼制备与全雌种群规模化繁育[J].水生生物学报,2024,48(8):1365-1377. DING Y, LU Z Y, LIU Y, et al. Induction of XX genotypic pseudo-males and large-scale reproduction of all-female population in yellow catfish (*Tachysurus fulvidraco*) [J]. Acta hydrobiologica sinica, 2024,48(8):1365-1377 (in Chinese with English abstract).
- [9] 闫碧瑶.柴达木黄牛的群体基因组学研究[D].兰州:兰州大学,2019.YAN B Y. Inbreeding effects in wild populations [D]. Lanzhou: Lanzhou University, 2019 (in Chinese with English abstract).
- [10] KELLER L F, WALLER D M. Inbreeding effects in wild populations [J]. Trends in ecology & evolution, 2002, 17 (5) : 230-241.
- [11] HUISMAN J, KRUUK L E B, ELLIS P A, et al. Inbreeding depression across the lifespan in a wild mammal population [J]. PNAS, 2016, 113(13):3585-3590.
- [12] YOU X X, SHAN X X, SHI Q. Research advances in the genomics and applications for molecular breeding of aquaculture animals [J/OL]. Aquaculture, 2020, 526: 735357 [2025-07-23].<https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2020.735357>.
- [13] 熊飞,刘红艳,翟东东,等.基于基因组重测序的长江上游瓦氏黄颡鱼群体遗传结构[J].生物多样性,2023,31(4):142-

151. XIONG F, LIU H Y, ZHAI D D, et al. The morphology and gonad development of *Pelteobagrus fulvidraco* and its interspecific hybrid “Huangyou No.1” with *Pelteobagrus vachellii* [J]. *Biodiversity science*, 2023, 31(4): 142-151 (in Chinese with English abstract).
- [14] 陈静. 基于全基因组重测序的鲂属鱼类群体遗传学研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2021. CHEN J. Population genetics of *Megalobrama* species based on the whole genome re-sequencing [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2021 (in Chinese with English abstract).
- [15] KON T, PEI L Y, ICHIKAWA R, et al. Whole-genome resequencing of large yellow croaker (*Larimichthys crocea*) reveals the population structure and signatures of environmental adaptation [J/OL]. *Scientific reports*, 2021, 11(1): 11235 [2025-07-23]. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-90645-1>.
- [16] LIU Q H, LIN H, CHEN J, et al. Genetic variation and population genetic structure of the large yellow croaker (*Larimichthys crocea*) based on genome-wide single nucleotide polymorphisms in farmed and wild populations [J/OL]. *Fisheries research*, 2020, 232: 105718 [2025-07-23]. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2020.105718>.
- [17] GONG G R, DAN C, XIAO S J, et al. Chromosomal-level assembly of yellow catfish genome using third-generation DNA sequencing and Hi-C analysis [J/OL]. *GigaScience*, 2018, 7(11): giy120 [2025-07-23]. <https://doi.org/10.1093/gigascience/giy120>.
- [18] ZHANG S Y, LI J, QIN Q, et al. Whole-genome sequencing of Chinese yellow catfish provides a valuable genetic resource for high-throughput identification of toxin genes [J/OL]. *Toxins*, 2018, 10(12): 488 [2025-07-23]. <https://doi.org/10.3390/toxins10120488>.
- [19] 鲁子怡, 丁洋, 刘娅, 等. 左炔诺孕酮对XX遗传型黄颡鱼雄性化的影响[J]. 水生生物学报, 2023, 47(10): 1595-1608. LU Z Y, DING Y, LIU Y, et al. Levonorgestrel on the masculinization of XX genotype in yellow catfish *Tachysurus fulvidraco* [J]. *Acta hydrobiologica sinica*, 2023, 47(10): 1595-1608 (in Chinese with English abstract).
- [20] UTTER F, SEEB J. A perspective on positive relationships between genetic diversity and abundance in fishes [J]. *Molecular ecology*, 2010, 19(22): 4831-4833.
- [21] ZHOU H, LI D Q, ZHANG Y G, et al. Genetic diversity of microsatellite DNA loci of Tibetan Antelope (*Chiru, Pantholops hodgsonii*) in Hoh Xil National Nature Reserve, Qinghai, China [J]. *Journal of genetics and genomics*, 2007, 34(7): 600-607.
- [22] 戴灼华, 王亚馥, 粟翼珍. 遗传学[M]. 2版. 北京: 高等教育出版社, 2008. DAI Z H, WANG Y F, SU Y M. *Genetics* [M]. 2nd ed. Beijing: Higher Education Press, 2008 (in Chinese).
- [23] 吴勤超, 梁宏伟, 李忠, 等. 黄颡鱼微卫星标记的筛选及三个野生群体的遗传结构分析[J]. *生物技术通报*, 2010, 26(3): 154-159. WU Q C, LIANG H W, LI Z, et al. Isolation of microsatellite makers in the yellow catfish and its application in genetic structure in three wild populations [J]. *Biotechnology bulletin*, 2010, 26(3): 154-159.
- [24] SCHMIDT T L, JASPER M E, WEEKS A R, et al. Unbiased population heterozygosity estimates from genome-wide sequence data [J]. *Methods in ecology and evolution*, 2021, 12(10): 1888-1898.
- [25] WRIGHT S. *Evolution and the genetics of populations* [M]. Chicago: University of Chicago Press, 1978.
- [26] 薛淑群, 孙源, 孙中武, 等. 野生和养殖黄颡鱼遗传结构的TRAP分析[J]. *水产学杂志*, 2014, 27(6): 13-16. XUE S Q, SUN Y, SUN Z W, et al. TRAP analysis of genetic construction in wild and farmed yellow catfish *Pelteobagrus fulvidraco* [J]. *Chinese journal of fisheries*, 2014, 27(6): 13-16 (in Chinese with English abstract).
- [27] 曲若竹, 侯林, 吕红丽, 等. 群体遗传结构中的基因流[J]. *遗传*, 2004, 26(3): 377-382. QU R Z, HOU L, LU H L, et al. The gene flow of population genetic structure [J]. *Hereditas*, 2004, 26(3): 377-382 (in Chinese with English abstract).
- [28] WANG H, LV J, ZENG Q F, et al. Genetic differentiation and selection signatures in two bay scallop (*Argopecten irradians*) breeds revealed by whole-genome resequencing analysis [J/OL]. *Aquaculture*, 2021, 543: 736944 [2025-07-23]. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2021.736944>.

Comparative analysis of genetic diversity and structure of all-female, wild, and other cultured populations in yellow catfish *Tachysurus fulvidraco*

CAO Jinghua¹, LI Tao¹, LI Bin¹, LIANG Haowen¹, LIU Ya², SHEN Fan², HE Yan¹, SHEN Zhigang¹

1. College of Fisheries/Key Laboratory of Freshwater Animal Breeding/Ministry of Agriculture,
Engineering Research Center of Green Development for Conventional Aquatic Biological Industry in the
Yangtze River Economic Belt/Ministry of Education, Hubei Provincial Engineering Laboratory for Pond
Aquaculture, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China;
2. HuBei HuangYouYuan Fishery Development Limited Company, Wuhan 430299, China

Abstract In order to explore the genetic diversity and structure of all-female yellow catfish (*Tachysurus fulvidraco*) population and to reveal their genetic differences from wild and cultured populations, this study focused on yellow catfish in Hubei Province. A total of 210 individuals were collected from 1 wild population (LH) and 6 cultured populations (WH, QJ, YX, JM, JZ, all being breeding parent populations) containing the all-female population (AF) in Hubei Province. Whole-genome resequencing was performed on these individuals, and the genetic diversity and genetic structure of the 7 populations were systematically analyzed. The results showed the following: In terms of genetic diversity, the nucleotide diversity (ND), average polymorphism information content (PIC), average observed heterozygosity (Ho), and expected heterozygosity (He) of the all-female populations were 0.000 5, 0.046 9, 0.052 5 and 0.046 9, respectively. The corresponding indices of the other cultured populations were 0.000 6, 0.047 7, 0.052 4, and 0.047 7, respectively, with no significant difference between the all-female population and the other cultured populations. However, the ND, PIC, Ho, and He of the wild populations were 0.001 7, 0.178 4, 0.197 4 and 0.178 4, respectively, which were significantly higher than those of the all-female population and other cultured populations. Further analysis of female individuals revealed that the ND, PIC, Ho, and He of the all female population showed no significant difference from the average values of the female individuals in other cultured populations (0.000 6, 0.047 3, 0.052 2, and 0.047 3, respectively), but both were much lower than those of the wild female population (0.004 1, 0.302 2, 0.508 3, and 0.352 3, respectively). Regarding genetic structure characteristics, the results of phylogenetic analysis and principal component analysis (PCA) revealed that some individuals in the all-female cultured population that had a close genetic relationship with the other 6 populations, and some individuals from the cultured populations and wild population also shared similar genetic backgrounds. In conclusion, the genetic diversity of the all-female was similar to that with the other cultured populations, and both were significantly lower than that of the wild populations. This suggests that in future yellow catfish breeding, targeted improvement of the genetic diversity of female parent populations is of great significance for ensuring germplasm quality and the sustainable development of the industry.

Keywords yellow catfish (*Tachysurus fulvidraco*); all-female population; whole-genome resequencing; genetic diversity; genetic structure; genetic breeding

(责任编辑:边书京)