

DOI: 10.19663/j.issn2095-9869.20201208004

http://www.yykxjz.cn/

张凯强, 陈葆华, 于朋, 李昀, 齐鑫, 李吉方, 张美昭, 徐鹏, 温海深. 花鲈不同养殖群体的遗传结构分析. 渔业科学进展, 2021, 42(6): 176-184

ZHANG K Q, CHEN B H, YU P, LI Y, QI X, LI J F, ZHANG M Z, XU P, WEN H S. Genetic structure analysis of different populations of spotted sea bass (*Lateolabrax maculatus*). Progress in Fishery Sciences, 2021, 42(6): 176-184

花鲈不同养殖群体的遗传结构分析*

张凯强¹ 陈葆华² 于朋¹ 李昀¹ 齐鑫¹
李吉方¹ 张美昭¹ 徐鹏² 温海深^{1①}

(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. 福建省海洋生物遗传育种重点实验室(厦门大学) 福建 厦门 361102)

摘要 采集我国花鲈(*Lateolabrax maculatus*)主要养殖地区山东(青岛市和东营市)、浙江(宁波市)、福建(福鼎市、漳州市梅岭镇、漳州市桥东镇和漳州市东山县)、广东(珠海市斗门区)的 86 尾个体作为实验对象, 结合已报道的花鲈野生群体的遗传研究背景, 通过 ddRAD 简化基因组测序对以上花鲈养殖群体进行遗传结构分析。主成分分析(PCA)与遗传组分分析结果(最佳聚类 K 值为 2)均显示, 8 个花鲈养殖群体与天津、烟台和文登的野生群体间遗传差异较小, 表明我国花鲈养殖群体主要为黄、渤海种质来源。8 个养殖群体间遗传分化分析结果显示, 福建漳州梅岭镇和桥东镇的 2 个养殖群体与其他养殖群体间出现显著的遗传差异, 表明所检测的养殖群体内部也出现了一定程度的分化。本研究结果可为我国从山东到广东(从北到南)的花鲈养殖群体遗传结构分析提供参考, 为后续花鲈种质资源的保护、育种工作提供依据。

关键词 养殖花鲈; ddRAD; 遗传结构; 种质资源

中图分类号 S917.4 文献标识码 A 文章编号 2095-9869(2021)06-0176-09

近年来, 随着水产养殖业与渔业贸易的深度发展, 各地区经济鱼类养殖出现互融互通的发展新模式, 近交、迁徙、过度捕捞、养殖种群逃逸等因素对各地区鱼类种群结构产生了深刻的影响。种质鉴定能反映鱼类种群资源状况, 查明原始种群与养殖种群的遗传结构和变异情况, 从而确定原种保护和开发利用措施。伴随着鱼类种群遗传学的发展, 种群鉴定已由形态学鉴别发展到蛋白质和 DNA 分子水平(李瑶瑶等, 2017)。

花鲈(*Lateolabrax maculatus*)俗名鲈鱼、七星鲈、

寨花等, 广泛分布于我国沿海以及朝鲜沿海, 是我国重要的海产经济鱼类。花鲈具有广温、广盐性的特性, 在海淡水中均适合养殖, 为南北方沿海网箱及池塘养殖的主要对象之一, 养殖规模逐步扩大(温海深等, 2016; 孙敬诚等, 2021)。自 20 世纪 80 年代, 基于形态学的特征, 中国花鲈和日本真鲈(*L. japonicus*)被划分为一个属(Futuyma *et al.*, 1980)。2001 年, 中国花鲈被命名为 *L. maculatus* (Kim *et al.*, 2001)。相比于日本真鲈受地理区域的限制, 中国花鲈分布更广泛, 南到中国-印度半岛, 北到渤海湾(Zhao *et al.*, 2017)。中国花

* 现代农业产业技术体系专项(CARS-47)和国家重点研发计划(2018YFD0900101)共同资助 [This work was supported by China Agriculture Research System (CARS-47), and National Key Research and Development Program of China (2018YFD0900101)]. 张凯强, E-mail: zkq@ouc.edu.cn

① 通讯作者: 温海深, 教授, E-mail: wenhaishen@ouc.edu.cn

收稿日期: 2020-12-08, 收修改稿日期: 2021-01-28

鲈种质资源构成较为复杂, 由于自然迁移和外部地理环境等原因, 形成众多不同的地理群体。关于花鲈群体遗传结构研究多有报道, 包括基于随机扩增多态 DNA (RAPD) 技术及微卫星 DNA 标记的分析(胡自民等, 2007; 江鑫等, 2009)、细胞色素 b 基因和控制区域的分析(Liu *et al*, 2006)、线粒体基因组分析(Shan *et al*, 2016; Gong *et al*, 2020)等。

随着高通量测序技术的快速发展, 许多高效快捷的工具用于全基因组范围内的种群遗传研究, 包括简化基因组测序(reduced-representation sequencing)技术。近年来, 越来越多的养殖者认为, 源自黄、渤海的花鲈苗种生长快、抗病性强, 日本、韩国及广东、福建等花鲈养殖地区大量购买中国北方花鲈苗种来进行人工养殖(楼东等, 2000)。北方地区花鲈苗种的大量推广养殖, 导致中国不同地区的花鲈群体种质愈加不清晰。本研究在 Zhao 等(2017)对中国自然海域 12 个花鲈野生群体遗传结构分析结果的基础上, 利用 ddRAD (double-digested restriction-site associated DNA) 简化基因组测序技术对我国花鲈养殖群体进行遗传结构分析, 以期对我国花鲈主要养殖地区的种质来源进行鉴定区分, 为后续的花鲈品种选育工作提供依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

实验样品采自山东(青岛市黄岛区积米崖港、东营市利津县双瀛水产苗种有限责任公司)、浙江(宁波市奉化进出口有限公司)、福建[福鼎市闽威实业股份有限公司、诏安县(梅岭镇悬钟村、桥东镇溪雅村)、东山县(杏陈镇大产村)]和广东(斗门区河口渔业研究所)(图 1)。诏安县样本规格为鱼苗, 其他样本均为幼鱼, 分别命名为 QD、DY、NB、FD、ML、QDZ、DS 和 DM。上述地区采集的样本数共计 86 个(表 1)。采用 200 mg/L 的 MS-222 将花鲈麻醉后, 取腹部鳍条, 保存于装有 1.5 mL 无水乙醇的离心管中。在采集鳍条后, 分别于 3 h、6 h、24 h、72 h、7 d、30 d 更换无水乙醇, 以保证样品 DNA 的质量。

1.2 基因组 DNA 提取

花鲈基因组 DNA 采用传统的酚-氯仿法提取。将切碎的组织与 500 μ L 细胞裂解液和 20 μ L 蛋白酶 K (20 mg/mL) 在 56 $^{\circ}$ C 条件下裂解 2 h (期间每隔 0.5 h 混匀一次, 直至离心管中液体彻底澄清), 然后在 37 $^{\circ}$ C 条件下加入 2 μ L RNaseA (100 mg/mL), 反应 30 min。

随后用等体积的 Tris-平衡酚分离蛋白质和 DNA, 并用等量的氯仿/异丙醇混合溶液 (24 : 1) 再次提取 DNA。在 -20 $^{\circ}$ C 条件下沉淀 2 h, 离心收集基因组 DNA, 用 70% 乙醇洗涤 2 次, 晾干, 并重悬溶解于 20~80 μ L DEPC 水中。随后, 使用 NanoDrop2000 (Thermo Fisher, Waltham, 美国) 对样品 DNA 浓度进行测定, 合格 DNA 样品 $A_{260/280}$ 和 $A_{260/230}$ 值分别在 1.8~2.0、2.0~2.2 范围。再用 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测基因组 DNA 完整度。DNA 样品 -20 $^{\circ}$ C 保存备用。

1.3 ddRAD 文库构建

ddRAD 文库制备方法参照 Peterson 等(2012)的研究。简言之, 用 *EcoR* I -HF 和 *Msp* I 消化每尾鱼的 2.5 μ g 基因组 DNA。将带有正向扩增引物和 barcode 并与 *EcoR* I -HF 酶切位点连接的 P1 接头以及带有反向扩增引物并与 *Msp* I 酶切位点连接的 P2 接头进行连接, 然后通过 PCR 进行检测。随后将 86 个样品混合为 4 份, 加入 AmpureXP 磁珠(Beckman A63881) 进行纯化, 采用 E-Gel 系统(Invitrogen G6500 和 G6400) 电泳, 回收 255~430 bp 的 DNA 片段。随后进行 30 个循环的 Index PCR 扩增。利用 AxyPrep DNA 凝胶回收试剂盒(Axygen AP-GX-50G) 回收 PCR 目的片段。本实验共建立 4 个 ddRAD 文库, 经 Agilent 2100 生物芯片分析系统检测合格后, 采用 150 bp paired-end 策略使用 Illumina HiSeq X Ten 平台进行测序。

1.4 SNP 位点挖掘及分型

依据不同个体特殊的 barcode-index 组合, 利用 Stacks v1.46 (Catchen *et al*, 2011、2013) 软件对 clean reads 数据进行个体区分。过滤去掉质量低的 reads (quality score < 10) 和模糊不清的 RAD-Tag, 删除每条 reads 130 bp 以后的序列, 允许碱基错配数为 1。自 NCBI 数据库中下载花鲈基因组数据(GenBank No.: GCA_004028675.1), 使用 BWA 软件(Li *et al*, 2010) 将分析个体的 RAD-tags 与花鲈基因组进行比对, 转化生成文件。然后按照 Stacks 的标准流程进行 SNP 挖掘(Catchen *et al*, 2013)。利用 PLINK 软件过滤掉不符合要求的 SNP 位点, 0.05 作为最小等位基因频率的阈值(Purcell *et al*, 2007), 保留下来的位点需在超过 80% 的分析个体中都分型成功。

1.5 群体遗传结构分析

对以上养殖群体样本测序分型, 得到 23,258 个 SNP 分型。结合 Zhao 等(2017)对 12 个花鲈野生群体[渤海湾(天津 TJ 和烟台 YT)、黄海(文登 WD、连云

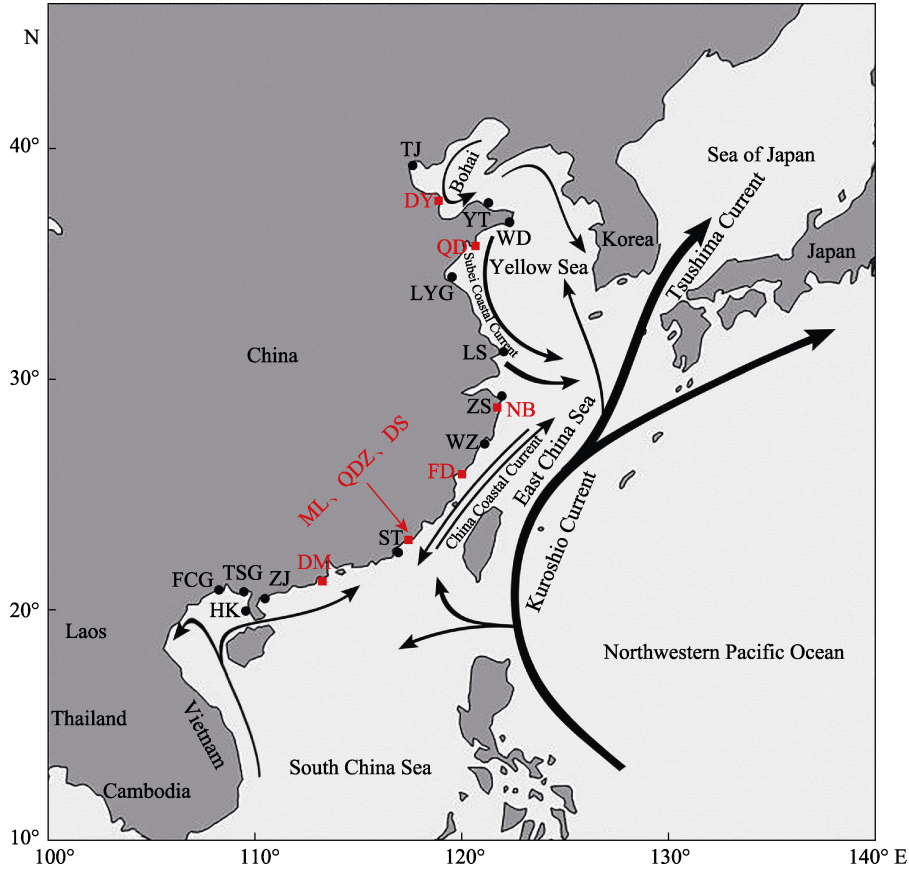


图 1 花鲈野生群体和养殖群体取样点[修改自 Zhao 等(2017)]

Fig.1 Map of sampling location of wild and cultured spotted sea bass populations (Modified from Zhao *et al.*, 2017)

图中红色字母表示养殖花鲈群体(QD: 青岛; DY: 东营; NB: 宁波; FD: 福鼎; ML: 梅岭镇; QDZ: 桥东镇; DS: 东山县; DM: 斗门); 黑色字母表示野生花鲈群体(TJ: 天津; YT: 烟台; WD: 文登; LYG: 连云港; LS: 吕四; ZS: 舟山; WZ: 温州; ST: 汕头; ZJ: 湛江; HK: 海康港; TS: 铁山港; FC: 防城港)。下同
 The red letters in the figure show the cultured spotted sea bass populations (QD: Qingdao; DY: Dongying; NB: Ningbo; FD: Fuding; ML: Meiling; QDZ: Qiaodong; DS: Dongshan; DM: Doumen); the wild spotted sea bass populations are showed in the black letters (TJ: TianJin; YT: Yantai; WD: Wendeng; LYG: Lianyungang; LS: Lüsi; ZS: Zhoushan; WZ: Wenzhou; ST: Shantou; ZJ: Zhanjiang; HK: Haikanggang; TS: Tieshangang; FC: Fangchenggang). The same as below

表 1 用于构建 ddRAD 文库的花鲈养殖群体样品数

Tab.1 Number of samples of cultured spotted sea bass populations used to construct ddRAD library

地点 Location	青岛 QD	东营 DY	宁波 NB	福鼎 FD	梅岭镇 ML	桥东镇 QDZ	东山县 DS	斗门 DM
样品数 Number of samples	10	12	10	10	14	10	10	10

港 LYG 和吕四 LS)、东海(舟山 ZS 和温州 WZ)、南海(汕头 ST 和湛江 ZJ)和北部湾(海康港 HKG、铁山港 TSG 和防城港 FCG)]成功分型的 SNPs 信息, 对 20 个花鲈群体遗传结构进行分析。

1.5.1 主成分分析 使用 SNPRelate R 软件包 (Zheng *et al.*, 2012)中的 snpgdsVCF2GDS 函数进行主成分分析(principal component analysis, PCA)。使用 snpgdsPCA 函数计算特征向量的值。采用 Galinsky 等(2016)提出的随机算法来简化运算。PCA 结果使用 ggplot2 R 语言包进行绘图展示(Villanueva *et al.*, 2019)。

1.5.2 遗传组分分析 首先使用 PLINK 软件 (Purcell *et al.*, 2007)进行群体结构分析(Tang, 2010), Maxiter 及 threshold 参数均设置为 10,000。计算祖先个体数量为 2、3、4 三种情况下的结果, 结果使用 R 语言中的 barplot 函数进行绘制。

1.5.3 遗传分化分析 利用 GenAIEx 6.5 软件计算遗传分化指数(F_{st}) (Chang *et al.*, 2015)、基因差异分化系数(G_{st}) (Wright, 1965)和遗传距离(D_{est}) (Nei, 1973)值评估群体间的遗传分化, 其中, 每个群体的 SNPs 损失率设置为小于 25%。

2 结果

2.1 SNP 位点筛选

本研究对养殖群体来源的 86 尾花鲈的 DNA 样本进行 ddRAD 文库构建, 经测序共获得了 raw data 数据 83 G。经过初步数据过滤, 3 个个体因数据量过少被剔除。BWA 基因组比对的平均 mapping ratio 为 90.32%, 个体平均基因组覆盖度为 1.1%, 个体平均测序深度为 33 X。共获得 83 尾个体的 23,258 个 SNP 位点用于后续的遗传结构分析。

2.2 花鲈养殖与野生群体的遗传结构分析

对本研究 SNP 分型成功的养殖群体来源的 83 尾

花鲈个体和野生群体来源的 219 尾个体(Zhao *et al.*, 2017)进行 PCA 分析和遗传组分分析(桥东镇养殖群体去除 5 个异常个体), 结果见图 2 和图 3。Zhao 等(2017)对野生群体的主成分分析结果表明, 渤海湾和黄海北部的 3 个群体(天津、烟台和文登)及北部湾的 3 个群体(海康港、铁山港和防城港)形成 2 个不同的分支, 将其分别定义为北方群体和南方群体, 剩余群体(连云港、吕四、舟山、温州、汕头和湛江)形成另一个分支, 定义为中部混杂群体。本研究 PCA 结果显示, 山东、浙江、福建和广东地区的 8 个养殖群体均与野生花鲈群体间存在遗传差异, 而从第 1 主成分来看, 8 个养殖群体与天津、烟台和文登的野生群体间遗传差异较小, 表明其遗传关系最为接近(图 2)。

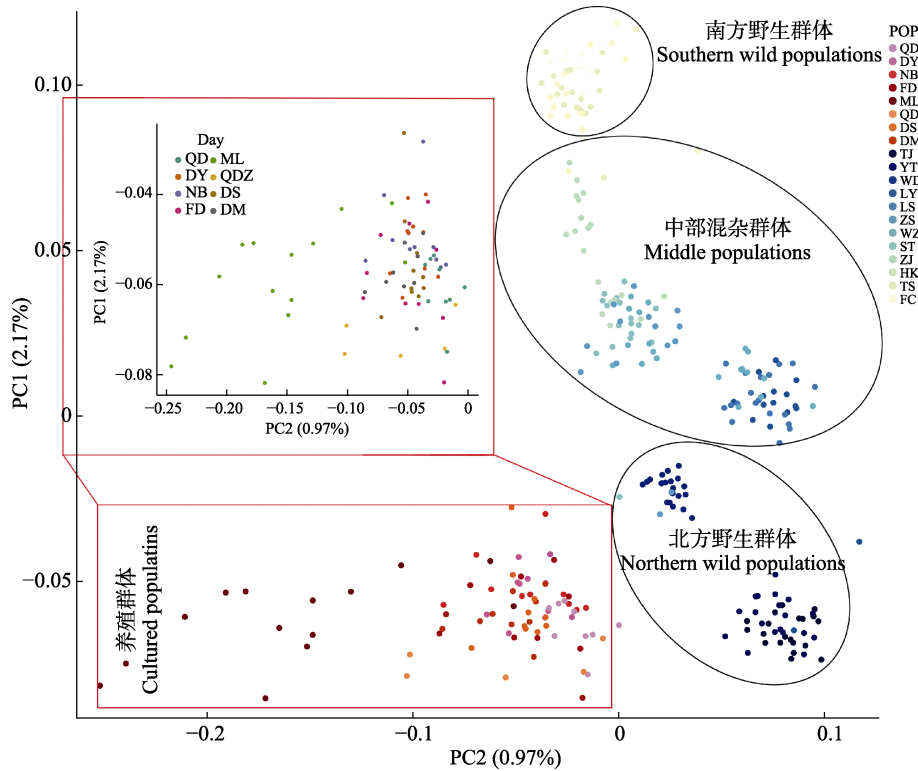


图 2 PCA 分析花鲈养殖群体与野生群体的遗传结构

Fig.2 Principal component analysis of genetic structure of cultured and wild spotted sea bass populations

红色框(上: 放大图; 下: 原图)中为养殖群体(QD: 青岛; DY: 东营; NB: 宁波; FD: 福鼎; ML: 梅岭镇; QDZ: 桥东镇; DS: 东山县; DM: 斗门); 黑色椭圆中为野生群体: 北方种群(TJ: 天津; YT: 烟台; WD: 文登); 中部种群(LYG: 连云港; LS: 吕四; ZS: 舟山; WZ: 温州; ST: 汕头; ZJ: 湛江); 南方种群(HK: 海康港; TS: 铁山港; FC: 防城港)

The red box (up: enlarged image; down: original image) in the figure shows the cultured populations (QD: Qingdao; DY: Dongying; NB: Ningbo; FD: Fuding; ML: Meiling; QDZ: Qiaodong; DS: Dongshan; DM: Doumen); The wild populations are shown in the black ellipse: Northern populations (TJ: TianJin; YT: Yantai; and WD: Wendeng); Central populations (LYG: Lianyungang; LS: Lüsi; ZS: Zhoushan; WZ: Wenzhou; ST: Shantou; ZJ: Zhanjiang); Southern populations (HK: Haikanggang; TS: Tieshangang; FC: Fangchenggang)

遗传组分分析结果显示, K 值为 2 时, 8 个养殖群体与天津、烟台和文登的野生群体间的遗传差异较

小, 进一步验证了主成分分析的结果。 K 值设置为 3 和 4 时, 群体间遗传差异虽更加明显, 但出现了不同

程度的融合现象。最佳聚类 K 值为 2(图 3)。

2.3 花鲈养殖群体间的遗传结构分析

对 8 个养殖花鲈群体进行遗传结构分析,结果见图 2、图 4 及表 2。PCA 分析结果显示,除福建省漳

州市梅岭镇养殖群体外,其他 7 个养殖群体(青岛、东营、宁波、福鼎、福建省漳州市桥东镇、福建省漳州市东山县和斗门)的样本聚集在一起,只有梅岭镇与其他养殖群体的遗传差异相对较大(图 2)。遗传组分分析结果表明, K 值为 2 时,聚类效果较好,梅岭

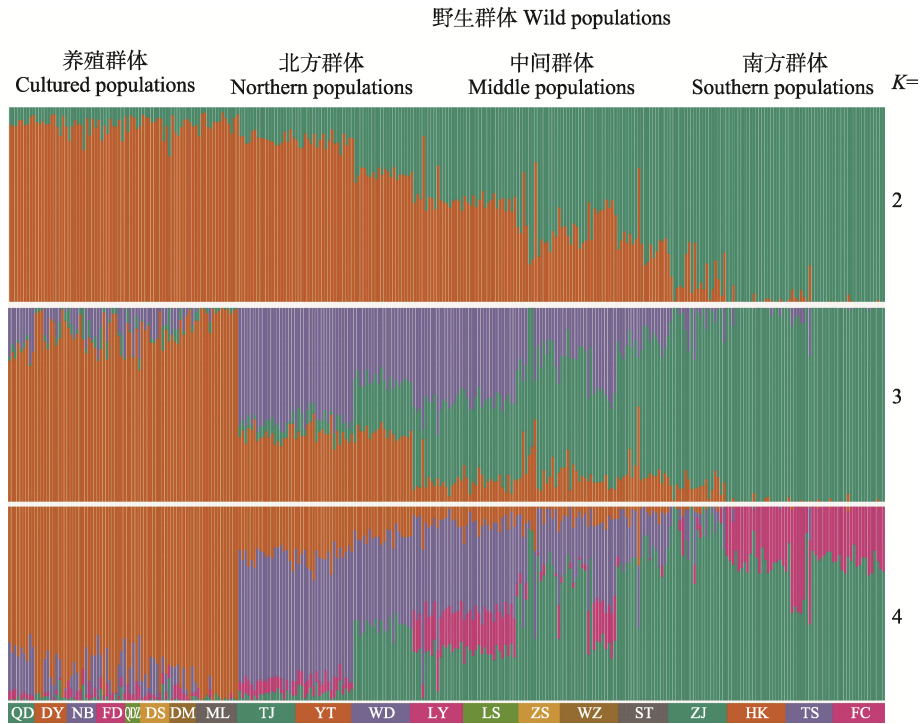


图 3 花鲈养殖群体与野生群体的遗传组分分析
Fig.3 Genetic ancestry analysis of wild and cultured spotted sea bass populations



图 4 花鲈 8 个养殖群体的遗传组分分析
Fig.4 Genetic ancestry analysis of eight cultured spotted sea bass populations

镇养殖群体与其他养殖群体间具有较大的遗传差异。与上述 PCA 分析结果一致(图 4)。

随机选取 8191 个高质量的 SNPs 用于养殖群体的遗传分化分析, 群体间的遗传分化用 3 个值(F_{st} 、 G_{st} 、和 D_{est})来估测(表 2)。如表 2 所示, 群体间的 F_{st} 范围为 0.025~0.051, G_{st} 范围为-0.003~0.040, D_{est} 范围为 0~

0.004。部分花鲈群体间出现了显著的遗传差异。ML、QDZ 和其他群体间 F_{st} 值均<0.05, 群体间的遗传差异是显著的。综上所述, 虽然 8 个花鲈养殖群体间遗传差异较小, 但其内部也出现了群体分化, 其中以福建梅岭镇地区的养殖花鲈群体与其他群体的遗传距离最远。

表 2 花鲈养殖群体的 F_{st} 、 G_{st} 和 D_{est} 值(对角线以下)的矩阵分析以及对应 P 值(对角线以上)

Tab.2 Pairwise population matrix of F_{st} , G_{st} , and D_{est} values (below diagonal) and corresponding P values (above diagonal) for cultured spotted sea bass populations

项目 Items	群体 Population	青岛 QD	宁波 NB	斗门 DM	东山县 DS	福鼎 FD	桥东镇 QDZ	东营 DY	梅岭镇 ML
遗传分化指数 F_{st}	青岛 QD		0.124	0.561	0.405	0.489	0.024	0.256	0.002
	宁波 NB	0.031		0.293	0.686	0.744	0.014	0.011	0.002
	斗门 DM	0.031	0.032		0.617	0.997	0.020	0.250	0.002
	东山县 DS	0.028	0.028	0.029		0.445	0.014	0.196	0.001
	福鼎 FD	0.028	0.028	0.027	0.027		0.024	0.575	0.001
	桥东镇 QDZ	0.043	0.045	0.044	0.041	0.041		0.005	0.001
	东营 DY	0.027	0.028	0.029	0.025	0.025	0.040		0.001
	梅岭镇 ML	0.040	0.039	0.041	0.038	0.037	0.051	0.035	
基因差异分化系数 G_{st}	青岛 QD		0.124	0.563	0.402	0.477	0.024	0.261	0.002
	宁波 NB	0.001		0.284	0.698	0.745	0.014	0.013	0.002
	斗门 DM	0	0.001		0.618	0.997	0.020	0.269	0.002
	东山县 DS	0	0	0		0.445	0.014	0.199	0.001
	福鼎 FD	0	-0.001	-0.003	0		0.024	0.589	0.001
	桥东镇 QDZ	0.016	0.016	0.014	0.015	0.015		0.005	0.001
	东营 DY	0	0.002	0.001	0.001	0	0.015		0.001
	梅岭镇 ML	0.017	0.015	0.015	0.016	0.015	0.029	0.015	
遗传距离 D_{est}	青岛 QD		0.124	0.563	0.403	0.478	0.024	0.261	0.002
	宁波 NB	0		0.284	0.698	0.745	0.014	0.013	0.002
	斗门 DM	0	0		0.618	0.997	0.020	0.269	0.002
	东山县 DS	0	0	0		0.445	0.014	0.199	0.001
	福鼎 FD	0	0	0	0		0.024	0.589	0.001
	桥东镇 QDZ	0.002	0.002	0.002	0.002	0.002		0.005	0.001
	东营 DY	0	0	0	0	0	0.002		0.001
	梅岭镇 ML	0.002	0.002	0.002	0.002	0.002	0.004	0.002	

注: 显著性的遗传距离用加粗表示

Note: Significant distances were shown in bold

3 讨论

关于花鲈种群遗传的研究较多, 但方法不尽相同, 以往的研究主要基于有限数量的微卫星标记(Jiang *et al*, 2010; Zhang *et al*, 2016)、线粒体 DNA 序列(Wang *et al*, 2017)及 SNPs 标记的研究(Wang *et al*, 2016; Zhao *et al*, 2017)。此外, Zhao 等(2017)用全基因组 SNPs 对中国沿海自然分布的野生花鲈群体进行了较为精确的群体遗传结构分析, 证实了黄、渤海和

北部湾的野生群体间具有较高的遗传差异, 并定义了北方、南方和中间混合群体。本研究利用 ddRAD 技术, 基于全基因组发掘的 SNP 标记对 8 个不同地理来源的花鲈养殖群体的遗传结构进行分析, 以明确我国主要养殖花鲈的种质来源。PCA 分析结果表明, 山东、浙江、福建和广东地区的 8 个养殖群体均与野生花鲈群体间存在较显著的遗传分化。而从第 1 主成分来看, 8 个养殖群体与天津、烟台和文登的渤海湾和黄海北部野生群体间遗传差异较小, 表明其遗传关系

较近,该结果与花鲈养殖过程中亲鱼与种苗流动的整体情况相符。花鲈是我国水产养殖的优良品种,由于其广温、广盐性及较强的抗逆能力,分布较为广泛。与其他地理群体相比,高纬度的渤海湾和黄海北部花鲈群体生长性状较好,因此,大量花鲈养殖苗种由黄、渤海来源的亲鱼经人工繁育获得,然后被运送到中国其他地区进行网箱和河口地区池塘养殖。此外,对本研究的 8 个花鲈养殖群体进行了单独的遗传结构分析。结果表明,养殖群体间遗传差异较小,但也出现一定程度的遗传分化,其中,漳州地区的桥东镇和梅岭镇的 2 个养殖群体与其他养殖群体间 F_{st} 值出现显著差异。本研究结果也与当地花鲈养殖实际情况相符,桥东镇和梅岭镇所属的漳州市是一个特殊的花鲈养殖地区,花鲈亲鱼的来源较广,包括当地养殖亲鱼群体以及北方苗种培育后的亲鱼群体,同时,漳州得天独厚的天然优势使其成为我国花鲈商品鱼和苗种流通的一个中转站,导致其花鲈群体来源背景更为复杂。

Zhao 等(2017)对我国沿海花鲈野生群体研究结果表明,12 个群体间的遗传分化程度较低, F_{st} 平均为 0.030(范围为 0.015~0.057),最低的差异出现在渤海湾群体间,而最高的差异出现在铁山港和烟台的野生群体。与以上研究结果相似,本研究结果显示,各养殖群体间遗传分化程度也较低, F_{st} 平均为 0.034(范围为 0.025~0.051),最低的差异出现在东营与东山、福鼎群体间,而最高的差异出现在梅岭镇和桥东镇的养殖群体。同样,较低的遗传分化已经在海洋物种,如瓦氏雅罗鱼(*Leuciscus waleckii*)(Xu *et al.*, 2016)、欧洲鲈鱼(*Dicentrarchus labrax*)(Tine *et al.*, 2014)和潮间带蜗牛(*Chlorostoma funebris*)(Gleason *et al.*, 2016)的研究中报道。在海洋物种中,高群体扩散可以促进基因流动和遗传混合,这与大的空间规模下轻微的遗传差异相关。低遗传分化表明,中国花鲈养殖群体存在大量的基因流动和遗传混合。本研究对中国花鲈主要养殖地区的种群结构进行鉴定区分,丰富了鱼类群体遗传多样性的研究方法,可为后续花鲈品质资源的保护、育种工作提供依据。

参 考 文 献

- CATCHEN J M, AMORES A, HOHENLOHE P, *et al.* Stacks: Building and genotyping loci de novo from short-read sequences. *G3 (Bethesda)*, 2011, 1(3): 171–182
- CATCHEN J, HOHENLOHE P A, BASSHAM S, *et al.* Stacks: An analysis tool set for population genomics. *Molecular Ecology*, 2013, 22(11): 3124–3140
- CHANG C C, CHOW C C, TELLIER L C, *et al.* Second-generation plink: Rising to the challenge of larger and richer datasets. *Gigascience*, 2015, 4(1): 7
- FUTUYMA D J, MAYER G C. Non-allopatric speciation in animals. *Systematic Biology*, 1980, 29(3): 254–271
- GALINSKY K J, BHATIA G, LOH P R, *et al.* Fast principal-component analysis reveals convergent evolution of *Adh1B* in Europe and East Asia. *American Journal of Human Genetics*, 2016, 98(3): 456–472
- GLEASON L U, BURTON R S. Genomic evidence for ecological divergence against a background of population homogeneity in the marine snail *Chlorostoma funebris*. *Molecular Ecology*, 2016, 25(15): 3557–3573
- GONG J, CHEN B H, LI B J, *et al.* Genetic analysis of whole mitochondrial genome of *Lateolabrax maculatus* (Perciformes: Moronidae) indicates the presence of two populations along the Chinese coast. *Zoologia*, 2020, 37: e49046
- HU Z M, GAO T X, HAN Z Q, *et al.* Studies on genetic differentiation of the spotted sea bass (*Lateolabrax maculatus*) and Japanese sea (*Lateolabrax japonicus*). *Periodical of Ocean University of China (Natural Science)*, 2007, 37(3): 413–418 [胡自民, 高天翔, 韩志强, 等. 花鲈和鲈鱼群体的遗传分化研究. 中国海洋大学学报(自然科学版), 2007, 37(3): 413–418]
- JIANG X B, YANG G, LIAO M, *et al.* Microsatellite DNA polymorphism of Japanese sea bass (*Lateolabrax japonicus*) inhabiting Chinese and Japanese coasts. *Journal of Applied Ichthyology*, 2010, 24(2): 180–186
- JIANG X, YANG G P, WEI Q W, *et al.* Analysis of the genetic structure of spotted sea bass (*Lateolabrax maculatus*) inhabiting the Chinese coast. *Periodical of Ocean University of China (Natural Science)*, 2009, 39(2): 271–274 [江鑫, 杨官品, 危起伟, 等. 中国沿海花鲈群体遗传结构分析. 中国海洋大学学报(自然科学版), 2009, 39(2): 271–274]
- KIM Y U, MYOUNG J G, KIM Y S, *et al.* The marine fishes of Korea. *Hanguel, Pusan*, 2001: 222
- LI H, DURBIN R. Fast and accurate long-read alignment with Burrows-Wheeler transform. *Bioinformatics*, 2010, 26(5): 589–595
- LI Y Y, LIU Y G, LIU L X, *et al.* Germplasm identification techniques based on fish molecular systematics. *Genomics and Applied Biology*, 2017, 36(1): 227–232 [李瑶瑶, 刘云国, 刘凌霄, 等. 基于分子系统学的鱼类种质鉴定技术. 基因组学与应用生物学, 2017, 36(1): 227–232]
- LIU J X, GAO T X, YOKOGAWA K, *et al.* Differential population structuring and demographic history of two closely related fish species, Japanese sea bass (*Lateolabrax japonicus*) and spotted sea bass (*Lateolabrax maculatus*) in northwestern Pacific. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2006, 39(3): 799–811
- LOU D, GAO T X, ZHANG X M, *et al.* The advances on germplasm resources study of *Lateolabrax*. *Journal of*

- Zhejiang Ocean University (Natural Science), 2000, 19(2): 162–167 [楼东, 高天翔, 张秀梅, 等. 花鲈种质资源的研究进展. 浙江海洋学院学报(自然科学版), 2000, 19(2): 162–167]
- NEI M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 1973, 70(12): 3321–3323
- PETERSON B K, WEBER J N, KAY E H, *et al.* Double digest Radseq: An inexpensive method for de novo SNP discovery and genotyping in model and non-model species. *PLoS One*, 2012, 7: e371355
- PURCELL S, NEALE B, TODD-BROWN K, *et al.* Plink: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *American Journal of Human Genetics*, 2007, 81(3): 559–575
- SHAN B B, SONG N, HAN Z Q, *et al.* Complete mitochondrial genomes of three sea basses *Lateolabrax* (Perciformes, Lateolabracidae) species: Genome description and phylogenetic considerations. *Biochemical Systematics and Ecology*, 2016, 67: 44–52
- SUN J C, LI X, LU K L, *et al.* Effects of dietary vitamin C on the immune, antioxidant capacity, and stress tolerance of spotted seabass (*Lateolabrax maculatus*) after acute cooling. *Progress in Fishery Sciences*, 2021, 42(4): 126–133 [孙敬诚, 李潇, 鲁康乐, 等. 饲料维生素 C 对急性降温后花鲈免疫、抗氧化及抗应激的影响. 渔业科学进展, 2021, 42(4): 126–133]
- TANG H. Estimation of individual admixture: Analytical and study design considerations. *Genetic Epidemiology*, 2010, 28(4): 289–301
- TINE M, KUHLE H, GAGNAIRE P A, *et al.* European sea bass genome and its variation provide insights into adaptation to euryhalinity and speciation. *Nature Communications*, 2014, 5: 5770
- VILLANUEVA R A M, CHEN Z J. Ggplot2: Elegant graphics for data analysis. *Measurement: Interdisciplinary Research and Perspectives*, 2019, 17(3): 160–167
- WANG J, XUE D X, ZHANG B D, *et al.* Genome-wide SNP discovery, genotyping and their preliminary applications for population genetic inference in spotted sea bass (*Lateolabrax maculatus*). *PLoS One*, 2016, 11(6): e0157809
- WANG W, MA C, CHEN W, *et al.* Population genetic diversity of Chinese sea bass (*Lateolabrax maculatus*) from southeast coastal regions of China based on mitochondrial COI gene sequences. *Biochemical Systematics and Ecology*, 2017, 71: 114–120
- WEN H S, ZHANG M Z, LI J F, *et al.* Research progress of aquaculture industry and its seed engineering in spotted sea bass (*Lateolabrax maculatus*) of China. *Fishery Information and Strategy*, 2016, 31(2): 105–111 [温海深, 张美昭, 李吉方, 等. 我国花鲈养殖产业现状与种子工程研究进展. 渔业信息与战略, 2016, 31(2): 105–111]
- WRIGHT S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 1965, 19(3): 395–420
- XU J, LI J T, JIANG Y, *et al.* Genomic basis of adaptive evolution: The survival of *Amur ide* (*Leuciscus waleckii*) in an extremely alkaline environment. *Molecular Biology and Evolution*, 2016, 34(1): 145–159
- ZHANG H R, NIU S F, WU R X, *et al.* Development and characterization of 26 polymorphic microsatellite markers in *Lateolabrax maculatus* and cross-species amplification for the phylogenetically related taxa. *Biochemical Systematics and Ecology*, 2016, 66: 326–330
- ZHAO Y F, PENG W Z, GUO H Y, *et al.* Population genomics reveals genetic divergence and adaptive differentiation of Chinese sea bass (*Lateolabrax maculatus*). *Marine Biotechnology*, 2017, 20(1): 45–59
- ZHENG X, LEVINE D, SHEN J, *et al.* A high-performance computing toolset for relatedness and principal component analysis of SNP data. *Bioinformatics*, 2012, 28(24): 3326–3328

(编辑 冯小花)

Genetic Structure Analysis of Different Populations of Spotted Sea Bass (*Lateolabrax maculatus*)

ZHANG Kaiqiang¹, CHEN Baohua², YU Peng¹, LI Yun¹, QI Xin¹, LI Jifang¹,
ZHANG Meizhao¹, XU Peng², WEN Haishen¹^①

(1. Key Laboratory of Mariculture (Ocean University of China), Ministry of Education, Qingdao, Shandong 266003, China;
2. Fujian Key Laboratory of Genetics and Breeding of Marine Organisms (Xiamen University), Xiamen, Fujian 361102, China)

Abstract The 86 spotted sea bass (*Lateolabrax maculatus*) used as experimental subjects were collected from eight main cultured populations, namely Shandong Province (Qingdao and Dongying), Zhejiang Province (Ningbo), Fujian Province (Fuding, Meiling Town of Zhangzhou, Qiaodong Town of Zhangzhou, and Dongshan Town of Zhangzhou), and Guangdong (Doumen District of Zhuhai). Based on the reported genetic background of wild populations of spotted sea bass, we conducted a genetic structure analysis on the eight cultured populations using the double-digest restriction-site-associated DNA tag sequencing and simplified genome sequencing analysis technology. The results of a principal component analysis and genetic ancestry analysis (the best clustering *K* value is 2) showed that there was little genetic divergence between the eight cultured populations and the wild populations of Tianjin, Yantai, and Wendeng in Shandong Province, indicating that the germplasm sources for cultured spotted sea bass are mainly the Yellow Sea and Bohai Sea. The results of the genetic differentiation analysis among the eight cultured populations showed that there was significant genetic divergence between the Meiling Town and Qiaodong Town populations in Zhangzhou and other cultured populations, indicating that a certain degree of differentiation appeared within the identified cultured populations. The results provide a reference for the analysis of the genetic structure of cultured spotted sea bass populations from Shandong to Guangdong (north to south), and provide a basis for the protection and improvement of spotted sea bass germplasm resources and breeding of spotted sea bass.

Key words *Lateolabrax maculatus*; ddRAD; Genetic structure; Germplasm resource

① Corresponding author: WEN Haishen, E-mail: wenhaishen@ouc.edu.cn