Path analysis of the effects of morphological traits on body weight of different genders of *Diptychus maculatus* in Muzhati River

HAO Huimin^{1, 3, 4}, WANG Bo^{2, 3, 4}, ZHANG Lirong^{1, 3, 4}, WANG Zhengwei^{1, 3, 4}, LI Yanhui^{1, 3, 4}, NIE Zhulan^{1, 3, 4}

1. College of Life Science and Technology, Tarim University, Alal 843300, China;

2. College of Animal Science and Technology, Tarim University, Alal 843300, China;

3. State Key Laboratory Breeding Base for The Protection and Utilization of Biological Resources in Tarim Basin Co-funded by Xinjiang Corps and The Ministry of Science and Technology, Aral 843300, China;

4. Tarim Rare Fish Research Center, Aral 843300, China

Abstract: Diptychus maculatus is a national second-class wild protected animal. Although artificial breeding and stock enhancement have been achieved, bottleneck problems such as genetic homogeneity still exist. Therefore, it is of great significance to conduct research on the relationships between the morphological traits and body weight of D. maculatus for the stable inheritance of excellent traits. In this study, 102 female and 104 male fish from the Muzart River were taken as the research objects. The body weight, 12 traditional morphological traits [total length (X_1) , body length (X_2) , body width (X_3) , body depth (X_4) , head length (X_5) , snout length (X_6), eye diameter (X_7), interorbital distance (X_8), caudal peduncle length (X_9), caudal peduncle height (X_{10}) , mouth cleft width (X_{11}) , and mouth cleft height (X_{12})], and 21 truss morphological traits [the distance from the tip of snout to the end of the end of the back of the head (X_{14}) , the origin of the dorsal fin (X_{23}) , the origin of the pectoral fin (X_{22}) , the origin of the pelvic fin (X_{24}) , the distance from the end of the head dorsum to the origin of the dorsal fin (X_{15}) , the origin of the pectoral fin (X_{25}) , the origin of the pelvic fin (X_{26}), the distance from the origin of the dorsal fin to the end of the dorsal fin base (X_{16}), the origin of the pectoral fin (X_{27}) , the origin of the pelvic fin (X_{28}) , the origin of the anal fin (X_{29}) , the origin of the ventral caudal fin (X_{30}) , the distance from the end of the dorsal fin base to the origin of the dorsal caudal fin (X_{17}) , the origin of the pelvic fin (X_{31}) , the origin of the anal fin (X_{32}) , the origin of the ventral caudal fin (X_{33}) , the distance from the origin of the dorsal caudal fin to the origin of the ventral caudal fin (X_{18}) , the origin of the anal fin (X_{34}) , the distance from the origin of the ventral caudal fin to the origin of the anal fin (X_{19}) , the distance from the origin of the anal fin to the origin of the pelvic fin (X_{20}) , and the distance from the origin of the pelvic fin to the origin of the pectoral fin (X_{21}) were measured. The effects of morphological traits on body weight were studied through correlation analysis, regression analysis, and path analysis. The results showed that: (1) The morphological traits that show a significant positive correlation ($P \le 0.05$) with body weight as well as their numbers are different in Diptychus maculatus of different genders and ages; (2) Linear regression equations between morphological traits and body weight were established for male and female populations of *Diptychus maculatus*. The total determination coefficients (R^2) of these equations ranged from 0.946 to 0.993 for the female group and from 0.797 to 0.991 for the male group; (3) Path analysis showed that X_4, X_2, X_{29} , and X_{24} have the greatest direct effects on the body weight of female fish aged 1⁺ to 4⁺, with path coefficients of 0.615, 0.444, 0.550, and 0.603, respectively. Meanwhile, X_{27} , X_2 , X_{29} , and X_1 have the greatest direct effects on the body weight of male fish aged 1^+ to 4^+ , with path coefficients of 0.439, 0.545, 0.439, and 0.640, respectively. This study enriches the relevant morphological data of D. maculatus and provides a basic theoretical basis for later breeding work.

Key words: the Muzhati River; *Dipthchus maculatus*; morphological traits; correlational analysis; regression analysis; path analysis

Corresponding author: NIE Zhulan. E-mail: niezhl2004@163.com

DOI: 10.12264/JFSC2024-0320

基于 SNP 标记的 3 个翘嘴鲌养殖群体的遗传多样性和选择特征 分析

赵华丽1, 方弟安1,2,3, 李天佑3, 袁佳3, 刘宝兴3, 徐东坡2

1. 南京农业大学无锡渔业学院, 江苏 无锡 214081;

2. 中国水产科学研究院淡水渔业研究中心,农业农村部淡水渔业和种质资源利用重点实验室,江苏 无锡 214081;

3. 上海海洋大学水产科学国家级实验教学示范中心, 上海 201306

摘要:为评估翘嘴鲌(*Culter alburnus*)养殖群体的遗传多样性水平,探究其遗传特征及群体间的遗传差异,本研究 利用全基因组重测序(whole genome resequencing, WGS)技术,对来自浙江太湖(TH)、广东清远(QY)和江苏扬州(YZ) 的三个养殖群体进行了深入分析。总共鉴定出 23156699 个高质量 SNPs 位点,变异位点主要位于基因间区域(47.21%) 和内含子区域(39.37%)。三个群体的 SNP 标记均显示为低度多态性(PIC<0.25)。太湖、清远、扬州三个群体的近交 系数分别为 0.1923、0.0631 和-0.0280。群体结构分析表明,太湖群体形成了独特聚类,而清远和扬州群体在遗传 上则受到了多个祖先群体的影响。连锁不平衡衰减图(LD decay)显示,太湖群体的衰减距离最大,衰减速度最慢。 遗传分化指数(*F*st)和基因流(*N*m)均表明,太湖群体与其他群体间存在明显分化。通过基于遗传分化系数(*F*st)和核苷 酸多样性(*n*)的选择性扫描分析,以清远和扬州群体为参考群体,在太湖群体中分别鉴定到了 572 个和 602 个选择 性基因,涉及能量代谢、氧化应激和炎症反应等生物过程,最多选择的区域位于 chr 3 和 chr 7 上。综上所述,三个 翘嘴鲌养殖群体的遗传多样性水平均较低,其中太湖群体的遗传多样性最低,受到较强的人工选择和近亲繁殖影 响,清远群体与扬州群体则显示出频繁的基因交流。本研究可为翘嘴鲌养殖群体的育种选育及种质资源的保护和 管理提供基础数据。

关键词: 翘嘴鲌; 全基因组重测序; 育种选择; 遗传变异; 选择性清除 中图分类号: S917 **文献标志码:** A **文章编号:** 1005-8737-(2025)04-0463-15

翘嘴鲌(*Culter alburnus*),隶属于鲤形目 (Cypriniformes),鲤科(Cyprinidae),鲌属(*Culter*), 广泛分布于长江、珠江等流域的干支流水系及其 附属湖泊^[1]。作为典型的肉食性鱼类,翘嘴鲌不仅 在维持水域生态平衡和生物多样性中发挥着关键 作用^[2],其生长迅速、个体较大、肉质鲜美的特点 也使其逐渐成为淡水养殖的重要品种之一。随着 国内外市场对优质鱼类蛋白需求的增加,翘嘴鲌 养殖业迅速发展,成为带动区域经济发展的重要 产业^[3]。

然而,翘嘴鲌养殖产业快速发展的同时,也 面临着种质资源退化、遗传改良滞后等瓶颈问题。 与野生群体相比,养殖群体因有效群体规模小、 人工选择和近亲繁殖等因素,遗传多样性水平通 常较低^[4-5]。低遗传多样性不仅限制了养殖群体的 适应能力和抗病能力,还可能影响其在环境变化 中的生存能力和生长性能,进而对养殖产业的可 持续发展构成潜在威胁^[6]。此外,近亲繁殖导致的

收稿日期: 2024-10-18; 修订日期: 2025-01-25.

基金项目:国家淡水水产种质资源库项目(FGRC18537);中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金(2023TD65,2023JBFM09).

作者简介:赵华丽(2000-),女,硕士研究生,从事鱼类种质资源评估研究. E-mail: Zhaohl@stu.njau.edu.cn

通信作者: 方弟安, 研究员, 从事鱼类种质资源保护与评估研究. E-mail: fangdian@ffrc.cn

遗传缺陷积累,进一步加剧了种质退化。因此,加 强养殖群体遗传资源的监测、保护和管理至关重 要。当前, 翘嘴鲌的遗传学研究集中于采用线粒 体DNA标记和微卫星标记等传统方法对野生群体 展开分析。李大命等^[7]基于线粒体 Cvt b 基因序列 比较分析了长江、淮河下游湖泊的翘嘴鲌群体的 遗传多样性:张桂宁等^[8]基于线粒体 CO II 基因序 列分析了长江下游 5 个翘嘴鲌野生群体的遗传多 样性; 胡玉婷等^[9]利用 10 对微卫星标记分析了 4 个翘嘴鲌采样群体的遗传多样性与遗传结构。然 而,这些早期广泛应用的分子标记方法在揭示群 体遗传结构、基因组特征和挖掘关键适应基因方 面存在一定的局限性^[10-11]。随着测序技术的进步, 通过全基因组重测序(whole genome resequencing, WGS)技术获取全基因组范围内的单核苷酸(single nucleotide polymorphism, SNP)位点,为遗传研究 提供了新途径。WGS 不依赖于预先定义的目标 区域或特定的基因,能够检测到所有可能的遗传 变异,具有更高的分辨率和更广泛的遗传变异覆 盖,从而更准确地评估遗传多样性水平和群体结 构,减少了因技术限制导致的遗传信息缺失^[12]。 目前,该技术已在鱼类、贝类和龟类等多个物种 中得到了广泛应用。例如, 熊飞等^[13]利用 WGS 获 取高通量 SNP 标记, 分析了 8 个江段瓦氏黄颡鱼 (Pelteobagrus vachelli)的遗传多样性和遗传分化 水平; 林璐等^[14]基于 WGS 技术, 系统解析了海 湾扇贝(Argopecten irradians)群体南部亚种的遗 传结构以及其与北部亚种间的遗传差异;杨华琳 等^[15]基于全基因组 SNPs, 从基因组水平评估了 拟鳄龟(Chelydra serpentina)养殖群体的遗传多样 性水平和群体遗传结构。

基于此,本研究以浙江太湖(TH)、广东清远 (QY)和江苏扬州(YZ)三个不同地区的翘嘴鲌养殖 群体为研究对象,利用 WGS 技术获取全基因组 SNP 标记,比较了三个养殖群体的遗传多样性和 遗传特征,以期评估不同地区翘嘴鲌养殖群体的 遗传多样性水平,揭示群体间的遗传差异,并挖 掘养殖驯化过程中受选择的基因,旨在为优化翘 嘴鲌的选育策略和养殖管理措施提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 实验内容

1.1.1 测序样本采集及处理 从浙江湖州太湖养 殖场(TH, 29尾)、江苏扬州翘嘴鲌良种场(YZ, 30 尾)和广东清远长湖渔业村(QY, 30尾)共采集 89 尾翘嘴鲌的鳍条样本,保存于无水乙醇中,随后 送至青岛华大进行后续的 DNA 提取、质检、建 库和测序工作。基因组 DNA 采用苯酚-氯仿法提 取^[16],并通过琼脂糖凝胶电泳及 Qubit 和 NanoDrop 仪器检测其完整性和浓度纯度。使用 MGISEQ系列测序仪进行测序,合格的DNA样本 经过随机打断、筛选合适长度片段、连接接头、 PCR 扩增制备 DNB (DNA nanoball),然后在阵列 化测序芯片上进行测序。原始序列数据利用 fastp v0.23.3 软件进行质控,生成高质量序列^[17]。

1.1.2 序列比对及变异检测 使用本团队组装的翘 嘴鲌基因组(GCA 040182925.1, 大小为 1.052 Gb) 作为参考基因组^[2]。通过 BWA 软件将高质量读数 比对到基因组上^[18],利用 SAMtools 排序^[19]和 Picard 软件的 MarkDuplicates 工具去除重复。利用 GATK v4.1.4.1 的 BaseRecalibrator 模块进行碱基 质量重校正^[20], Qualimap 2软件统计测序深度^[21]。 利用 GATK 的 HaplotypeCaller 工具检测 SNP, 通过 GenotypeGVCFs 工具合并和 SelectVariants 工具处 理得到 SNPs 数据集。最后,使用 SnpEff 进行变异 体注释^[22],根据以下筛选标准获得用于后续分析 的高质量 SNPs: (1)测序深度过滤, 平均测序深度 ≥5X; (2)次要等位基因频率(minor allele frequency, MAF)≥0.05; (3)样品 SNP 信息完整度为 0.70; (4)SNP 质量值 Q 大于 30; (5)其他参数: QD<2.0, MQ<40.0, FS>60.0, SOR>6.0, MQRankSum<-12.5, ReadPosRankSum<-8.0,符合参数即保留。

1.2 数据分析

1.2.1 群体遗传多样性分析为评价三个群体的 遗传多样性水平,基于过滤后的 SNP 变异文件,使 用软件 Stacks v2.59 子程序 populations 的默认参 数对私有变异位点数量、变异 SNP 位点数量、多 态性位点的数量、多态性位点的百分比例等群体 信息进行统计^[23-24],计算群体观测杂合度(observed heterozygosity, H_0)、期望杂合度 (expected heterozygosity, H_e)、多态信息含量(polymorphism information content, PIC)、等位基因数(number of alleles, N_a)、有效等位基因数(number of effective allele, N_e)以及次等位基因频率(minor allele frequency, MAF),并比较分析群体核苷酸多样性 水平(nucleotide diversity, π)。

1.2.2 亲缘关系与遗传分化分析 通过近交系数 (inbreeding coefficient, F_{is})和 IBS 距离(identical by state)两个参数衡量群体亲缘关系。利用 Stacks v2.59 子程序 populations 的默认参数计算 F_{is} , PLINK v1.9 计算成对 IBS 并构建距离矩阵, 再用 R 语言绘制热图可视化遗传距离结果。采用 Arlequin v3.5^[25]进行分子变异分析 (analysis of molecular variance, AMOVA)。通过 VCFtools 以 10 kb 窗口计算 pop1 和 pop2 间的遗传分化指数 (genetic differentiation coefficient, F_{st})。通过高斯 近似法从全基因组等位基因频率数据中分析遗传 漂变, 使用 Treemix 软件推断 3 个群体的历史分 裂和混合的基因流(N_m)。

1.2.3 群体结构与连锁不平衡分析 利用全基 固组 SNPs 标记, 通过软件 GCTA v1.93.2 进行主 成分分析 (principal component analysis, PCA); 利用 FastTree v2.1.9 中的最大似然法(maximum likelihood, ML)构建进化树; 通过 Admixture v1.3.0 软件对 89 个个体进行群体遗传结构分析, 根据最小 CV 值对应的最佳 K 值进行最佳群体结 构划分。使用软件 PopLDdecay^[26]分析全基因组连 锁不平衡(linkage disequilibrium, LD),等位基因 相关系数的平方(r^2)用以衡量不同 SNPs 之间的连 锁程度。

1.2.4 选择性扫描筛选和候选基因注释 采用遗 传分化指数(*F*_{st})和核苷酸多样性(*π*)指标对不同群 体的选择信号进行成对分析^[27],选取 *F*_{st}前 5%和 *π*比值上下各 2.5%窗口作为候选基因的潜在选择 区域,以TH群体为目标组,QY和YZ群体为参考 组,鉴定选择区域内的基因^[28]。使用 BEDtools 软 件提取所选区域并进行基因注释,再通过 R 语言 的 clusterprofiler 程序包^[29]进行 GO 和 KEGG 富集 分析。采用二项分布概率法,经 FDR 校正后,在 P<0.05 水平上检测显著富集的基因功能。

2 结果与分析

2.1 测序数据分析与变异鉴定结果

三个翘嘴鲌养殖群体的原始序列数据经质控 后得到 1371.01 Gb 的 clean data, Q20 和 Q30 平均 值分别为 97.91%和 93.35%。测得的序列中 A、T、 G、C 四种碱基平均值分别为 31.15%、30.81%、 19.07%和 18.97%,碱基组成具有明显的偏倚性, G+C 含量(38.04%)明显低于 A+T 含量(61.96%)。 有 9.10 Gb clean data 定位到了参考基因组上,平 均 map 率高达 99.51%,平均覆盖深度为 15.10×, 平均基因组覆盖深度为 14.48× (表 1)。所有原始 序列数据文件已上传至 NCBI SRA 数据库 (PRJNA1070354)。

表 1 测序数及其质量统计 Tab. 1 Sequencing data and their quality statistics

项目 item	描述 description
碱基总量/bp base number	1371007895400
配对末端读数/bp pair-end reads number	4570026318
样本平均测序量/bp average base number	15404583094
干净数据质量值/% Q20	97.91
干净数据质量值/% Q30	93.35
A 碱基占比/% proportion of A	31.15
A 碱基占比/% proportion of T	30.81
G 碱基占比/% proportion of G	19.07
C 碱基占比/% proportion of C	18.97
比对上的读数/bp mapped reads	9096264149
平均比对率/% average map rate	99.51
平均覆盖深度/bp	均值 15.10×, 范围
average cover depth	$7.48 \sim 26.08 \times$
平均基因组覆盖深度/bp	均值 14.48×, 范围
average genome depth	6.82~25.4×

在 3 个翘嘴鲌群体的 89 尾个体中,总共鉴定 出 23156699 个 SNPs,分布在 24 条染色体上(图 1)。 依表 2,从变异位点的分布统计来看,有 10513077 个 SNPs (39.37%)位于内含子区域,有 12607954 个 SNPs (47.21%)位于基因间区域,基因上游和下 游区域分别有 1342357 (5.03%)和 1324570 (4.96%) 个 SNPs,在 3'末端非翻译区域(3'UTR)、5'末端非





翻译区域(5'UTR)和剪切位点区域分别发现了 162837 (0.61%)、38532 (0.14%)和 2505 (0.01%)个 SNPs。仅713214个 SNPs (2.67%)位于外显子区域, 同义取代和非同义取代分别占 SNPs 总数的 1.28% (341226)和 1.31% (349760)。SNP 变异类型以转换 为主,转换与颠换类型的 SNPs 比率约为 1.65。

2.2 遗传多样性分析结果

在 TH、QY 和 YZ 3 个翘嘴鲌养殖群体的遗

传多样性分析中, TH 群体特有变异位点最多,为 3527925 个; QY 和 YZ 群体分别有 121104 和 100064 个特有变异位点。从多态性位点数量和百 分比例、多态信息含量(PIC)、次等位基因频率 (MAF)和核苷酸多样性(π)等指标来看, QY 群体表 现出较高的遗传多样性, TH 群体的遗传多样性明 显低于 QY 和 YZ 群体(表 3)。进一步分析发现, YZ 群体的平均观测杂合度(H_e=0.210)高于平均预期 杂合度(H_e=0.205),表明 YZ 群体的遗传多样性保 持较好。YZ 群体的等位基因数和有效等位基因数 为 1.653 和 1.330, QY 群体分别为 1.684 和 1.334, TH 群体分别为 1.460 和 1.205,等位基因在群体中 的分布较为均匀, TH 群体的有效等位基因数低于 其他两个群体。

2.3 亲缘关系与遗传分化

根据全基因组 SNP 数据估计的 TH、QY 和 YZ 三个群体平均近交系数分别为 0.192、0.063 和-0.028, 其中 TH 群体的近交系数最高, 群体近 交程度高于另外两个群体(表 3)。IBS 遗传距离分 析显示, 3 个群体间遗传距离为 0.1876~0.2199 (表 4), 其中 QY 和 YZ 群体的遗传距离最近, 距 离矩阵可视化结果如图 2 所示。F_{st}分析显示, QY 群体和 YZ 群体之间的遗传分化程度较低(0<F_{st}< 0.05), 分化指数为 0.0403; TH 群体与 QY 和 YZ 群体之间的遗传分化程度极高(F_{st}>0.25), 分化指

Tab. 2The number of SNPs by region and type					
类型 type	数量 count	百分比/% percent	突变 mutation	数量 count	百分比/% percent
内含子 intron	1051307	39.37			
基因间区域 intergenetic	12607954	47.21			
基因上游区域 upstream	1342357	5.03			
基因下游区域 downstream	1324570	4.96			
剪切位点 splice site	2505	0.01			
3′末端非翻译区域 3′ UTR	162837	0.61			
5′末端非翻译区域 5′ UTR	38532	0.14			
外显子 exon	713214	2.67	起始密码子获得 startgain	1737	0.01
			起始密码子丢失 startloss	410	0.00
			同义编码突变 synonymous SNV	341226	1.28
			非同义编码突变 non-synonymous SNV	349760	1.31
			终止密码子获得 stopgain	14388	0.05
			终止密码子丢失 stoploss	743	0.03

表 2 按区域和类型划分的 SNPs 数量 ab 2 The number of SNPs by region and tyn

统计量 statistics	太湖 TH	清远 QY	扬州 YZ
特有变异位点	3527925	121104	100064
specific variant loci			
多态性位点	5515231	8200617	7822498
polymorphic loci			
多态性位点的百分比例/%	46.00	68.40	65.25
percentage of polymorphic loci			
多态信息含量 PIC	0.102	0.166	0.163
次等位基因频率 MAF	0.090	0.146	0.144
核苷酸多态性 π	0.125	0.204	0.200
观测杂合度 H。	0.121	0.202	0.210
期望杂合度 He	0.149	0.215	0.205
等位基因数 N _a	1.460	1.684	1.653
有效等位基因数 Ne	1.205	1.334	1.330
近交系数 F _{is}	0.192	0.063	-0.028

表 3 翘嘴鲌 3 个养殖群体遗传多样性指标统计 Tab. 3 Statistics on genetic diversity indexes of three cultured *Culter alburnus* populations

数分别为 0.4376 和 0.4465 (表 4)。此外, TH 群体 与 QY 和 YZ 群体之间的基因流 N_m 很小(N_m<1), 分别为 0.3213 和 0.3099, 而 QY 和 YZ 群体基因 交流频繁(N_m>1)(表 4)。整体来看, TH 群体因缺乏 基因交流和其他群体间存在明显的遗传分化。群 体间分子变异 AMOVA 分析显示, 75.19%以上的 遗传变异来自群体间(表 5),表明群体内部的遗传 结构较为一致,群体间可能在不同环境或选择压 力下产生了遗传差异。

表 4 翘嘴鲌群体间遗传距离(IBS)、遗传分化 指数(F_{st})和基因流动(N_m)统计

Tab. 4 Statistics of genetic distance (IBS), genetic differentiation index (F_{st}) and gene flow (N_m) between any two of the three cultured *Culter alburnus* populations

群体 1 population 1	群体 2 population 2	遗传距离 IBS	遗传分化 指数 <i>F</i> _{st}	基因流动 Nm
太湖 TH	清远 QY	0.2199	0.4376	0.3213
扬州 YZ	清远 QY	0.1876	0.0403	5.9586
太湖 TH	扬州 YZ	0.2189	0.4465	0.3099

2.4 群体结构与连锁不平衡分析

对 TH、QY 和 YZ 群体进行遗传结构分析。 PCA 分析结果显示,采集的翘嘴鲌样本被明确分 类为 3 个独立聚类。其中,TH 群体个体紧密聚集, 与其他两个群体明显分离(图 3a)。QY 和 YZ 群体 也分别聚类,但略分散。群体最大似然进化树(ML tree)进一步验证了群体间的遗传关系,3个群体各 自聚集成独立分支(图 3b)。群体结构聚类分析中, 设定祖先群体数量 K=1~4,结合 PCA 和 ML 聚类 结果来看,确定 K=3 为最佳群体数量。TH 群体被 分离为一个独特的聚类,而QY和YZ群体在遗传 上可能受到多个祖先群体的影响(图 3c)。从种群 历史有效群体大小结果可以看出,QY和YZ群体 推测出的有效群体大小及变化趋势较为一致(图 3d)。LD分析显示,TH 群体的连锁程度较高,3个 群体的连锁不平衡系数衰减速率差异较大,QY 群 体的衰减速度比 TH和YZ 群体慢。在 0~500 kb 的 SNP 位点物理区间内,TH 群体的连锁不平衡系 数远高于 QY和YZ 群体(图 4)。

2.5 选择性清除分析和候选基因注释

结合 F_{st} 和不同群体间 π 比值, 检测强选择信 号, 将前 5% F_{st}和 π 比率上下各 2.5%的窗口作为 潜在的选择区域,并对相邻和重叠的窗口进行合 并,以筛选出目标基因(图 5a、图 5b)。以 QY 和 YZ 群体作为参考群体, 驯化程度较高的 TH 群体 作为目标群体鉴定基因。在 QY 与 TH 群体的比 较中, 扫描到的选择性区域鉴定到了 572 个候选 基因, 在 Chr 3、Chr 7 和 Chr 17 上扫描到更多的 选择性区域(图 5c); 而 YZ 与 TH 群体的比较中鉴 定到了 602 个选择性基因, 在 Chr 3、Chr 5 和 Chr 7 上有更多的选择性扫描区域(图 5d)。对选择扫描 区域内或重叠的基因进行 GO 和 KEGG 途径富集 分析以缩小基因选择范围。OY 和 TH 群体比较的 选择性基因在胆固醇生物合成过程(GO: 0006695)、甘油三酯分解代谢过程(GO: 0019433)、 乳糜微粒(GO: 0042627)、细胞质应激颗粒(GO: 0010494)、染色质 DNA 结合(GO: 0031490)、胆固 醇转运体活性(GO: 0017127)等条目显著富集 (P<0.05) (图 6a)。KEGG 富集分析显示这些候选 基因显著富集到了甘氨酸、丝氨酸和苏氨酸的新 陈代谢(map00260)、MAPK 信号通路(map04010)、 磷脂酰肌醇信号系统(map04070)、脂肪酸生物合 成(map00061)、乙醛酸和二羧酸代谢(map00630)、 脂肪细胞因子信号途径(map04920)等应激和能量

468

代谢相关通路(*P*<0.05)(图 6b)。而 YZ 和 TH 群体 甘 比较的选择性基因在 GO 数据库中显著富集到了 物

甘油三酯分解代谢过程(GO: 0019433)、胆固醇生物合成过程(GO: 0006695)、乳糜微粒(GO:



图 2 3 个翘嘴鲌养殖群体 89 尾样本的个体间遗传距离(IBS)矩阵

表 5 群体间分子变异分析(AMOVA)

Tab. 5Analysis of molecular variation among populations (AMOVA)				
变异来源 source of variation	自由度 degree of freedom	平方和 sum of squares	变异组分 variance components	变异百分率/% percentage of variation
群体间 among population	2	1127099.33	9371.72	24.81
群体内 within population	176	4814326.47	28401.91	75.19
总计 total	179	5941425.80	37773.64	_

Fig. 2 IBS distance matrix for 89 sampled individuals from three cultured Culter alburnus groups



图 3 3 个翘嘴鲌养殖群体的结构和系统发育分析

a. 主成分分析; b. 最大似然树; c. 种群结构聚类图; d. 使用 PSMC 模型的有效群体大小分析. Fig. 3 Population structure and phylogenetic analysis of *Culter alburnus* from three cultured groups a. Principal component analysis; b. Maximum likelihood tree; c. Population structure clustering diagram; d. Demographic histories constructed using the PSMC model.



组连锁不平衡(LD)的衰减

Fig. 4 Decay of linkage disequilibrium (LD) in three cultured populations of *Culter alburnus*

0042627)、高密度脂蛋白颗粒(GO: 0034364)、染 色质 DNA 结合(GO: 0031490)、酸性磷酸酶活性 (GO: 0003993) (P<0.05) (图 6c)等条目。KEGG 富 集分析显示这些候选基因在磷脂酰肌醇信号系统 (map04070)、胰岛素信号通路(map04910)、脂肪 细胞因子信号通路(map04920)、脂肪酸生物合成 (map00061)、FoxO 信号途径(map04068)、Hedgehog 信号通路(map04340)等糖代谢和脂质代谢途径中 显著富集(P<0.05) (图 6d)。

3 讨论

3.1 基于 SNP 的养殖群体遗传多样性评估与遗 传分化

单核苷酸多态性(SNP)是基因组中最常见的 遗传变异类型,因其具有高密度分布和遗传稳定 性,能够有效捕捉群体内部的细微遗传变异,成 为解析群体遗传特征的关键工具^[30-31]。本研究利 用 SNP 标记,对 TH、QY 和 YZ 3 个翘嘴鲌养殖 群体的遗传多样性、遗传分化和基因交流状况进 行了综合探究。

遗传杂合度是衡量群体遗传多样性的重要指

标^[32]。基于 SNP 标记的遗传分析揭示, 3 个养殖 群体的遗传多样性普遍偏低, 尤其是 TH 群体, 其 观测杂合度低于期望杂合度(*H*_o<*H*_e), 表明存在杂



图 5 翘嘴鲌群体选择特征分析

a. QY vs TH 群体的比较中具有强选择性信号的基因组区域; b. YZ vs TH 群体的比较中具有强选择性信号的基因组区域; c. QY vs TH 每条染色体 SNP 的移动平均 F_{st} 和 π 值曼哈顿图; d. YZ vs TH 每条染色体 SNP 的移动平均 F_{st} 和 π 值曼哈顿图. Log₂($\theta\pi$) 比值(清远/太湖)和 F_{st} 值的分布在 100 kb 的窗口中以 10 kb 的步长计算.

Fig. 5 Analysis of selection characteristics of Culter alburnus

a. Genomic regions with strong selective signals in QY vs TH populations; b. Genomic regions with strong selective signals in YZ vs TH populations; c. Manhattan plot of moving average F_{st} and π values for SNPs across each chromosome in QY vs TH populations; d. Manhattan plot of moving average F_{st} and π values for SNPs across each chromosome in YZ vs TH populations; Distribution of $\log_2(\theta\pi)$ and F_{st} values calculated in 100 kb windows with 10 kb increments between QY/TH populations.

极低密度脂蛋白颗粒重塑

а



0.1

基因数量

gene number

3

4

5

6 7

校正后P值

adjusted P

基因数量

gene number

2

• 3

4

5

6

0.6

0.4

0.2



5.0

7.5

10.0

富集因子 enrich factor

12.5

(待续 to be continued)

(续图 6 Fig. 6 continued)



图 6 选择性基因的 GO 富集分析和 KEGG 途径分类

a. 对基于 F_{st} 和 $\theta\pi$ 方法重叠的 QY vs TH 群体候选基因进行 GO 富集分析; b. 对基于 F_{st} 和 $\theta\pi$ 方法重叠的 QY vs TH 群体候选 基因进行 KEGG 途径分析; c. 对基于 F_{st} 和 $\theta\pi$ 方法重叠的 YZ vs TH 群体候选基因进行 GO 富集分析; d. 对基于 F_{st} 和 $\theta\pi$ 方法 重叠的 YZ vs TH 群体候选基因进行 KEGG 途径分析.

Fig. 6 GO enrichment analysis and KEGG pathway classifications of candidate genes

a. GO classification analysis of QY vs TH populations candidate genes overlapped by F_{st} and $\theta\pi$ methods; b. KEGG pathway analysis of QY vs TH populations candidate genes overlapped by F_{st} and $\theta\pi$ methods; c. GO classification analysis of YZ vs TH populations candidate genes overlapped by F_{st} and $\theta\pi$ methods; d. KEGG pathway analysis of YZ vs TH populations candidate genes overlapped by F_{st} and $\theta\pi$ methods; d. KEGG pathway analysis of YZ vs TH populations candidate genes overlapped by F_{st} and $\theta\pi$ methods; d. KEGG pathway analysis of YZ vs TH populations candidate genes overlapped by F_{st} and $\theta\pi$ methods; d. KEGG pathway analysis of YZ vs TH populations candidate genes overlapped by F_{st} and $\theta\pi$ methods.

合子缺失和较高的近交风险。这与雷双永等[33]针 对翘嘴鲌育种群体的研究结果一致,即观察到杂 合子缺失现象, 群体内近交程度较高。这种情况 很可能与强烈的人工选择以及遗传瓶颈效应密切 相关。相比之下, YZ 群体展现出较高的环境适应 潜力,其观测杂合度略高于期望杂合度(H_=0.210, H_e=0.205)。TH 群体的多态信息含量(PIC)、次等 位基因频率(MAF)及核苷酸多态性(π)均低于 QY 和YZ 群体, 进一步说明 TH 群体的遗传多样性较 低,并推测其经历了更为强烈的人工选择^[34]。3个 群体的杂合度均低于大口黑鲈洗育群体的对应值 (H₀=0.35, H_e=0.37)^[35], 提示翘嘴鲌养殖群体在遗 传管理上可能普遍面临挑战。此外,3个养殖群体 的 SNP 标记均呈现低度多态性(PIC<0.25), 远低 于刘士力等^[36]先前基于微卫星位点的研究结果 (PIC=0.344~0.885, 平均 0.699), 这可能与养殖过 程中的遗传选择和瓶颈效应对群体的影响有关。

从遗传分化和基因交流的角度来看, TH 群体 与其他两个群体存在明显的遗传分化, 而 OY 和 YZ 群体间存在频繁的基因交流。AMOVA 结果显 示,群体间遗传变异占主导地位,表明群体间差 异性较大。主成分分析、进化树及群体结构分析 均显示 TH 群体独立聚类, 与 QY 和 YZ 群体存在 高度遗传分化(Fst>0.25)。据 PSMC 分析结果, QY 和YZ群体的祖先可能在1万年前才发生分化,这 与它们相对较小的遗传分化程度相符。TH 群体的 独特遗传特征可能源于其养殖过程中特定的人工 选择和遗传管理策略,这些策略往往导致有益等 位基因的固定、不利变异的淘汰,以及新遗传变 异引入的限制,对群体遗传结构都产生了一定的 影响^[37]。群体近交系数和 IBS 距离分析进一步支 持了 TH 群体较高的近交程度, 而 OY 和 YZ 群体 间亲缘关系较近。YZ 群体平均近交系数为负值, 表明群体内杂合子过剩,群体内存在较多的遗传 变异^[38]。基因流 Nm统计显示, TH 群体与另两个 群体间基因交流极少(Nm=0.3213 和 Nm=0.3099, N_m<1), 而 QY 和 YZ 群体间基因交流较为频繁 (N_m=5.9586, N_m>1)。这可能与繁殖鱼苗来源的管 理有关^[39],包括不同养殖场间的鱼苗交流、引进 和对野生个体的资源补充^[40]。这种基因交流可能 引入新的遗传变异,有助于增加群体的遗传多样 性,从而提高其适应性和抗逆能力。LD 衰减图分 析显示,TH 群体连锁程度高、选择强度大,而 YZ 群体连锁程度较低,遗传来源更为丰富,这与人 工养殖群体的遗传适应机制相吻合,即遗传多样 性、有效种群大小、世代数及选择强度共同决定 其遗传适应性^[41]。

根据研究结果,群体内部频繁的近亲繁殖与 群体间明显的遗传分化是 TH 群体所特有的现象, 这可能与其经历了更强烈的人工选择和较少的基 因交流有关。相比之下,QY 和 YZ 群体间有较多 的基因交流,遗传多样性相对较高。这些发现对 于制定针对性的遗传管理和保护策略具有重要启 示,特别是在优化人工选择、引入外源遗传资源 和促进不同群体间的基因交流方面。

3.2 翘嘴鲌养殖群体的选择特征分析

本研究基于遗传分化指数(Fst)和核苷酸多样 性(π)检测扫描选择性消除区域产生的强选择信 号,比较驯化程度不同的三个养殖群体,来挖掘 与其驯化环境和差异密切相关的功能区,筛选出 候选基因。将受选择程度最高的 TH 群体与 OY 和YZ群体进行比较时发现, Chr 3和 Chr 7表现出 更强烈的选择信号,显示出更明显的分化特征, 这表明这两条染色体上的区域可能经历了更强的 选择。大量比较研究表明,养殖环境会导致鱼类 的某些生物学特性发生一系列一致的变化^[42]。在 TH 群体中, 我们发现了许多与脂质代谢及能量 代谢相关的基因和通路。例如胆固醇生物合成过 程、甘油三酯分解代谢过程、胆固醇转运体活性、 脂酰肌醇信号系统、脂肪酸生物合成、脂肪细胞 因子信号途径等通路以及 CBS、ACSL 等基因。 CBS 基因编码的酶在硫氨酸代谢中起关键作用^[43], 而 ACSL 基因则调控脂肪酸的代谢^[44]。这些发现 表明,在翘嘴鲌的养殖驯化过程中,脂质代谢可 能是一个重要的适应方向。通过优化脂质代谢相 关基因的表达, 以应对人工饲养条件下饲料成分 和能量需求的变化。肉食性的翘嘴鲌在养殖环境 中以摄食饲料为主,其脂质代谢和能量代谢途径 的表达提升可能有助于提高翘嘴鲌对饲料中脂肪酸的吸收和转化,从而提高饲料利用效率,降低养殖成本。此外,我们还发现了MAP3K1、MAP2K5、VEGFA等与氧化应激和炎症反应相关的基因。研究表明,MAPK信号通路在鱼类免疫和应激反应中起着关键作用^[45],而VEGFA则在低氧应答调节中发挥重要作用^[46]。通过调控MAPK和VEGFA等基因的表达,翘嘴鲌可能提高了对环境胁迫的应答能力。在大口黑鲈中,MAPK已被证明参与了对冷应激的响应^[47],类似的机制可能也存在于翘嘴鲌中。这些基因的表达变化可能反映了翘嘴鲌在养殖环境中对环境胁迫的适应性调整。

在自然环境中, 翘嘴鲌可能通过遗传变异和 自然选择来适应不同的生态环境; 而在人工养 殖条件下, 人为的饲养管理和选择压力则可能加 速了某些有利性状的固定和遗传结构的改变。未 来, 通过进一步的研究和分析, 我们可以更深入 地解析翘嘴鲌养殖驯化过程中的遗传机制和适应 性变化。

4 结论

本研究对来自3个不同地区的翘嘴鲌养殖群 体进行全基因组重测序和分析、共获得了 23156699 个 SNPs 位点, 并基于这些位点进行了 深入的遗传分析。结果表明,3个群体的遗传多样 性均较低,群体间的遗传分化和基因交流模式存 在明显差异。群体的 SNP 变异以转换为主, TH 群 体的遗传多样性低于 QY 和 YZ 群体, 且群体近交 程度较高。相比之下, QY 和 YZ 群体间存在更多 的基因交流,遗传多样性相对较高。在遗传分化 方面, TH 群体与 QY 和 YZ 群体之间存在明显的 遗传分化, 而 QY 和 YZ 群体间的亲缘关系较近。 此外, 通过选择性清除分析和候选基因注释, 我 们发现了与脂质代谢、能量代谢以及环境胁迫应 答相关的多个基因和通路,这可能与翘嘴鲌在养 殖驯化过程中的饵料转变和环境适应等有关。未 来,应进一步优化人工选择策略,引入外源遗传 资源,并促进不同群体间的基因交流,以提高翘 嘴鲌养殖群体的遗传多样性和环境适应性。

参考文献:

- Liu S L, Gu Z M, Jia Y Y, et al. Isolation and characterization of 32 microsatellite loci for topmouth culter (*Culter alburnus Basilewsky*)[J]. Genetics and Molecular Research, 2014, 13(3): 7480-7483.
- [2] Zhao H L, Fang D A, Wang Y, et al. A high-quality chromosome-level genome assembly of the topmouth culter (*Culter alburnus Basilewsky*, 1855)[J]. Scientific Data, 2024, 11(1): Article No.910.
- [3] Jia Y Y. Topmouth culter (*Culter alburnus*) all-female breeding system establishment and evaluation[D]. Shanghai: East China Normal University, 2019. [贾永义. 翘嘴鲌(*Culter alburnus*)全雌育种体系建立与评价[D]. 上海: 华东师范 大学, 2019.]
- [4] Wang W, Chen L Q, Yang P, et al. Assessing genetic diversity of populations of topmouth culter (*Culter alburnus*) in China using AFLP markers[J]. Biochemical Systematics and Ecology, 2007, 35(10): 662-669.
- [5] Chen W, Zhang F Y, Wang J, et al. Genetic diversity of wild and cultured populations of *Larimichthys crocea* in the East China Sea and Yellow Sea based on CO I sequence[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2016, 23(6): 1255-1267. [谌微, 张凤英, 王景, 等. 基于 CO I 基因序列的 东、黄海区野生与养殖大黄鱼遗传多样性分析[J]. 中国水 产科学, 2016, 23(6): 1255-1267.]
- [6] Lorenzen K, Beveridge M C M, Mangel M. Cultured fish: Integrative biology and management of domestication and interactions with wild fish[J]. Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society, 2012, 87(3): 639-660.
- [7] Li D M, Yang Z P, Liu Y S, et al. Study on genetic diversity of Culter alburnus from six freshwater lakes in the lower reaches of the Yangtze and Huaihe Rivers based on mitochondrial DNA Cytb gene[J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2024, 52(3): 213-220. [李大命,杨子萍,刘燕山,等. 基于 线粒体 Cytb 基因的江淮下游 6 个湖泊翘嘴鲌群体遗传多 样性分析[J]. 江苏农业科学, 2024, 52(3): 213-220.]
- [8] Zhang G N, Fang D A, Xue X P, et al. Genetic diversity analysis of *Culter alburnus* populations in the lower reach of Yangtze River based on CO II gene sequences[J]. Journal of Southern Agriculture, 2022, 53(7): 2025-2032. [张桂宁, 方 弟安,薛向平,等. 基于线粒体 CO II 基因序列的长江下 游翘嘴鲌群体遗传多样性分析[J]. 南方农业学报, 2022, 53(7): 2025-2032.]
- [9] Hu Y T, Hou G J. Genetic diversity analysis of wild *Culter alburnus* in Anhui province[J]. Journal of Biology, 2022, 39(4): 79-83. [胡玉婷, 侯冠军. 安徽省翘嘴鲌野生群体的 遗传多样性分析[J]. 生物学杂志, 2022, 39(4): 79-83.]

- [10] Jiang H F, Qian Y T, Zhang Z, et al. Chromosome-level genome assembly and whole-genome resequencing of topmouth culter (*Culter alburnus*) provide insights into the intraspecific variation of its semi-buoyant and adhesive eggs [J]. Molecular Ecology Resources, 2023, 23(8): 1841-1852.
- [11] Zhou Q, Wang J L, Li J T, et al. Decoding the fish genome opens a new era in important trait research and molecular breeding in China[J]. Science China Life Sciences, 2024, 67(10): 2064-2083.
- [12] Kurland S, Saha A, Keehnen N, et al. New indicators for monitoring genetic diversity applied to alpine brown trout populations using whole genome sequence data[J]. Molecular Ecology, 2024, 33(2): e17213.
- [13] Xiong F, Liu H Y, Zhai D D, et al. Population genetic structure of *Pelteobagrus vachelli* in the upper Yangtze River based on genome re-sequencing[J]. Biodiversity Science, 2023, 31(4): 142-151. [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.]
- [14] Lin L, Wang H, Zeng Q F, et al. Genomic analysis of the genetic diversity and signatures of selection in a bay scallop southern subspecies *Argopecten irradians* concentricus[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2023, 30(6): 669-676.
 [林璐, 王浩, 曾启繁, 等. 海湾扇贝南部亚种遗传多样性和选择特征的基因组学解析[J]. 中国水产科学, 2023, 30(6): 669-676.]
- [15] Yang H L, Li W, Ji L Q, et al. Analysis Genetic diversity and structural analysis of three aquaculture populations of *crocodile turtles* based on whole genome resequencing[J]. Journal of Southern Agriculture, 2024, 55(11): 3392-3403.
 [杨华琳,李伟,纪利芹,等. 基于全基因组重测序拟鳄龟 遗传多样性及遗传结构分析[J]. 南方农业学报, 2024, 55(11): 3392-3403.]
- [16] Sambrook J, Russell D W. Molecular cloning: A laboratory manual (volume 2)[M]. The 3rd edition. Huang P T, translated. Beijing: Science Press, 2002: 463-470. [(美)萨姆布鲁 克, (美)拉塞尔. 分子克隆实验指南(下册)[M]. 第三版. 黄培堂,译. 北京: 科学出版社, 2002: 463-470.]
- [17] Chen S F, Zhou Y Q, Chen Y R, et al. Fastp: An ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor[J]. Bioinformatics, 2018, 34(17): i884-i890.
- [18] Li H, Durbin R. Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler transform[J]. Bioinformatics, 2009, 25(14): 1754-1760.
- [19] Li H, Handsaker B, Wysoker A, et al. The sequence alignment/map format and SAMtools[J]. Bioinformatics, 2009, 25(16): 2078-2079.

- [20] McKenna A, Hanna M, Banks E, et al. The genome analysis toolkit: A MapReduce framework for analyzing next-generation DNA sequencing data[J]. Genome Research, 2010, 20(9): 1297-1303.
- [21] Price M N, Dehal P S, Arkin A P. FastTree: Computing large minimum evolution trees with profiles instead of a distance matrix[J]. Molecular Biology and Evolution, 2009, 26(7): 1641-1650.
- [22] Cingolani P, Platts A, Wang L L, et al. A program for annotating and predicting the effects of single nucleotide polymorphisms, SnpEff[J]. Fly, 2012, 6(2): 80-92.
- [23] Catchen J M, Amores A, Hohenlohe P, et al. *Stacks*: Building and genotyping Loci *de novo* from short-read sequences [J]. G3, 2011, 1(3): 171-182.
- [24] Catchen J, Hohenlohe P A, Bassham S, et al. Stacks: An analysis tool set for population genomics[J]. Molecular Ecology, 2013, 22(11): 3124-3140.
- [25] Excoffier L, Laval G, Schneider S. Arlequin (version 3.0): An integrated software package for population genetics data analysis[J]. Evolutionary Bioinformatics, 2005, 1: 47-50.
- [26] Zhang C, Dong S S, Xu J Y, et al. PopLDdecay: A fast and effective tool for linkage disequilibrium decay analysis based on variant call format files[J]. Bioinformatics, 2019, 35(10): 1786-1788.
- [27] Weir B S, Cockerham C C. Estimating F-statistics for the analysis of population structure[J]. Evolution, 1984, 38(6): 1358-1370.
- [28] Liu C M, Wang S H, Dong X G, et al. Exploring the genomic resources and analysing the genetic diversity and population structure of Chinese indigenous rabbit breeds by RAD-seq[J]. BMC Genomics, 2021, 22(1): Article No.573.
- [29] Yu G C, Wang L G, Han Y Y, et al. clusterProfiler: An R package for comparing biological themes among gene clusters[J]. OMICS-A Journal of Integrative Biology, 2012, 16(5): 284-287.
- [30] Gao J, Zhou L, Nie Z J, et al. SNP polymorphisms in Edn1 gene and their associated maxilla length traits in *Coilia nasus*[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2023, 30(3): 259-267. [高俊,周琳, 聂志娟,等. 刀鲚内皮素 1 基因 SNP 多态性及其与颌骨性状相关联分析[J]. 中国水产科学, 2023, 30(3): 259-267.]
- [31] Chen S L, Xu W T, Liu Y. Fish genomic research: Decade review and prospect[J]. Journal of Fisheries of China, 2019, 43(1): 1-14. [陈松林, 徐文腾, 刘洋. 鱼类基因组研究十年 回顾与展望[J]. 水产学报, 2019, 43(1): 1-14.]
- [32] Luo H, Fang D A, He M, et al. Genetic diversity and population structure of *Gymnocypris przewalskii* based on

SNP markers[J]. South China Fisheries Science, 2023, 19(1): 86-96. [罗慧, 方弟安, 何苗, 等. 基于 SNP 标记的青海湖 裸鲤遗传多样性及种群结构研究[J]. 南方水产科学, 2023, 19(1): 86-96.]

- [33] Lei S Y, Zhang Y L, Zhou L, et al. Genetic difference analysis of four breeding populations of *Culter alburnus*[J]. Fisheries Science and Technology Information, 2016, 43(3): 131-135.
 [雷双永,张友良,周陆,等. 翘嘴鲌四个育种群体的遗传 差异分析[J]. 水产科技情报, 2016, 43(3): 131-135.]
- [34] Tang S J, Yang J, Zhao J L, et al. Analysis of genetic diversity and genetic bottleneck in *Oreochromis niloticus* populations under domestication and selective breeding[J]. Journal of Fisheries of China, 2016, 40(12): 1850-1865. [唐 首杰,杨洁,赵金良,等. 尼罗罗非鱼人工驯养、选育群体 遗传多样性及瓶颈效应[J]. 水产学报, 2016, 40(12): 1850-1865.]
- [35] Hua J X, Tao Y F, Li Y, et al. Development of fast-growth SNP screening and association analysis with growth traits based on RAD-seq for largemouth bass (*Micropterus salmoides*) breeding populations[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2024, 31(3): 241-256. [华吉祥, 陶易凡, 李岩, 等. 基于 RAD-seq 的大口黑鲈选育群体快长 SNP 挖掘及其与 生长性状的关联分析[J]. 中国水产科学, 2024, 31(3): 241-256.]
- [36] Liu S L, Jia Y Y, Liu J L, et al. Molecular characterization of two growth hormone receptor genes, and association analysis between microsatellite polymorphism and growth traits in the topmouth culter (*Culter alburnus*)[J]. Journal of Fisheries of China, 2020, 44(6): 894-906. [刘士力, 贾永义, 刘加林, 等. 翘嘴鲌两种生长激素受体基因结构及微卫星多态性 与生长性状的相关性[J]. 水产学报, 2020, 44(6): 894-906.]
- [37] Xu B W, Yi P P, Fu X J, et al. Morphological characteristics and genetic differences in *Quasipaa spinosa*[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2024, 31(7): 780-793. [徐博文, 易霈霈, 傅雪军, 等. 棘胸蛙形态特征及遗传差异分析[J]. 中国水产科学, 2024, 31(7): 780-793.]
- [38] Li J L, Tang Y K, Li H X, et al. The genetic structure and genetic diversity in individuals with different genetic relationship in six families of common carp *Cyprinus carpio* var. jian[J]. Journal of Dalian Ocean University, 2013, 28(2): 166-170. [李建林, 唐永凯, 李红霞, 等. 6 个建鲤家系的遗

传结构及不同亲缘关系个体间的遗传差异分析[J]. 大连 海洋大学学报, 2013, 28(2): 166-170.

- [39] Zheng L Y, Wei L Y, Yan X, et al. Genetic diversity analysis of cultured *Hippocampus abdominalis* population[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2024, 31(5): 537-545. [郑乐云, 韦丽云, 闫旭, 等. 膨腹海马养殖群体遗传多样性[J]. 中 国水产科学, 2024, 31(5): 537-545.]
- [40] Duong V C, Nguyen N L. Development history of hybrid catfish farming in the Mekong Delta and the perception of farmers on hybrid issues[J]. Can Tho University Journal of Science, 2017(50): 91-96.
- [41] Frankham R, Ballou J D, Briscoe D A, et al. Introduction to conservation genetics[J]. Zoologica Africana, 2002, 38(1): 192-192.
- [42] Huntingford F A. Implications of domestication and rearing conditions for the behaviour of cultivated fishes[J]. Journal of Fish Biology, 2004, 65: 122-142.
- [43] Shaposhnikov M V, Zakluta A S, Zemskaya N V, et al. Deletions of the cystathionine-β-synthase (CBS) and cystathionine-γ-lyase (CSE) genes, involved in the control of hydrogen sulfide biosynthesis, significantly affect lifespan and fitness components of *Drosophila melanogaster*[J]. Mechanisms of Ageing and Development, 2022, 203: 111656.
- [44] Yang Z G, Zhu H B, Huang X P, et al. Molecular characterization, tissue distribution profile, and nutritional regulation of ACSL gene family in golden pompano (*Trachinotus ovatus*)
 [J]. International Journal of Molecular Sciences, 2022, 23(12): 6437.
- [45] Tian Y, Wen H S, Qi X, et al. Identification of mapk gene family in *Lateolabrax maculatus* and their expression profiles in response to hypoxia and salinity challenges[J]. Gene, 2019, 684: 20-29.
- [46] Liu B H, Li G L, Li X H, et al. The responsive mechanisms of DNA methylation and transcriptional regulation to acute hypoxia stress in HIF-1/VEGFA signal pathway of Japanese flounder (*Paralichthys olivaceus*)[J]. Aquaculture, 2024, 578: 740021.
- [47] Yu J J, Li Y, Zhang Z H, et al. Genome-wide identification of MKK and MAPK gene families and their expression analysis under abiotic stress in largemouth bass (*Micropterus* salmoides)[J]. Aquaculture, 2022, 561: 738688.

Analysis of genetic diversity and selection characteristics based on SNP markers in three cultured topmouth culter (*Culter alburnus*) populations

ZHAO Huali¹, FANG Di'an^{1, 2, 3}, LI Tianyou³, YUAN Jia³, LIU Baoxing³, XU Dongpo²

1. Wuxi Fisheries College, Nanjing Agricultural University, Wuxi 214081, China;

- 2. Key Laboratory of Freshwater Fisheries and Germplasm Resources Utilization, Ministry of Agriculture and Rural Affairs; Freshwater Fisheries Research Center, Chinese Academy of Fishery Sciences, Wuxi 214081, China;
- National Demonstration Center for Experimental Fisheries Science Education, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China

Abstract: Topmouth culter (Culter alburnus) is a large Cyprinidae fish, which occupies the top of the food chain in freshwater ecosystems and has a crucial contribution to the stability of aquatic ecosystems. Due to human activities, this species is facing the challenges of reduced natural resources and decreased genetic diversity within its population. Genetic diversity has direct impacts on growth, survival, and reproductive capabilities of fish. However, current genetic research on the cultured populations of C. alburnus is still insufficient. The importance of genetic resource conservation has not yet been fully recognized. In this study, whole genome resequencing (WGS) was used to conduct a comprehensive analysis of three cultured populations of C. alburnus from Taihu (TH), Qingyuan (QY), and Yangzhou (YZ) regions in order to evaluate the population genetic diversity level in these three regions, explore their genetic characteristics, and investigate the genetic differences among them. A total of 23156699 SNPs were identified, and SNP variants were mainly located in intergenic (47.21%) and intron (39.37%) regions. SNP markers in all three populations showed low polymorphism (PIC value <0.25). The TH population (0.1923) had the highest inbreeding coefficient, indicating a much higher degree of inbreeding than the QY (0.0631) and YZ (-0.0280) populations. Population structure analysis revealed that each of the three populations clustered into a branch; the TH population was separated into a distinct cluster derived from the common ancestor, whereas the QY and YZ populations may have been genetically influenced by multiple ancestral populations. The LD decay plot demonstrated that the TH population had the largest decay distance and slowest decay rate, whereas the YZ population showed a lower degree of linkage disequilibrium. Both genetic differentiation index (F_{sl}) and gene flow (N_m) indicated that there was a certain degree of genetic differentiation among the three populations, and that the TH population was significantly differentiated from the other populations. Through selective scanning analysis based on nucleotide diversity (π) and fixation index of population genetic differentiation $(F_{\rm st})$, with the QY and YZ populations as reference groups, a total of 572 and 602 selective genes were identified in the TH population, respectively. These genes are involved in biological processes such as energy metabolism, oxidative stress response, and inflammatory response. Selective signal detection results indicated that the most selected regions were located on chromosomes 3 and 7. Furthermore, the YZ population exhibited relatively high genetic diversity and showed a lower degree of domestication, whereas the TH population displayed the lowest genetic diversity and was strongly influenced by artificial selection. Our research provides basic data support for genetic studies and germplasm conservation management of C. alburnus cultured populations. This not only provides a reference for developing breeding selection strategies but also can help to formulate effective genetic resource conservation and culture management strategies.

Key words: *Culter alburnus*; whole genome resequencing; breeding selection; genetic variation; selective sweeps Corresponding author: FANG Di'an. E-mail: fangdian@ffrc.cn