

基于COI基因的西北太平洋日本鳀群体遗传结构研究

宋成辉¹, 徐蓓韵¹, 刘洋^{1,2,3,4,5}, 刘必林^{1,2,3,4,5}, 王丛丛^{1,2,3,4,5}

1. 上海海洋大学 海洋科学学院, 上海 201306
2. 大洋渔业资源可持续开发教育部重点实验室, 上海 201306
3. 国家远洋渔业工程技术研究中心, 上海 201306
4. 农业农村部大洋渔业开发重点实验室, 上海 201306
5. 农业农村部大洋渔业资源环境科学观测实验站, 上海 201306

Introduction

日本鳀是一种暖水性中上层鱼类, 资源量丰富, 营养价值高, 是中国、韩国和日本的重要捕捞对象。它在食物链中承接初级生产者 and 高级捕食者, 起到承上启下的重要枢纽作用, 是海洋生态系统动力学研究的关键种。但日本鳀生长速度快寿命较短且自然死亡率较高, 种群易发生数量波动, 为了日本鳀资源的可持续开发, 需要对其种群进行科学有效的判别。

日本鳀的主要分布地西北太平洋海域地理位置特殊, 环境要素复杂, 目前还未有对西北太平洋海域的日本鳀群体遗传结构的评估, 因此本研究拟通过基于线粒体COI基因进行日本鳀的群体遗传结构分析, 明确西北太平洋海域日本鳀的种质资源现状, 为日本鳀资源的合理开发利用提供参考。



图1 日本鳀

Materials & Methods

日本鳀样品于2021年6月至7月依托“淞航”号于西北太平洋海域中上层拖网采集获得, 共采集8个站点共203个样本。

PCR引物为:

COI-F: 5'-AGCACTTAGCCTCCTTATTC-3'

COI-R: 5'-TCGGTCTGTAAGAAGCATAG-3'.

COI序列在MEGA 11 软件进行比对; 使用DnaSP v6软件计算遗传信息参数; 使用Network软件中绘制单倍型网络图; 使用Arlequin 3.5软件分析计算群体内和群体间的遗传变异, 并计算遗传分化指数 F_{ST} 值; 用Arlequin 3.5软件和DnaSP v6软件进行Tajima's D、Fu's F_s 检验和错配分布分析, 检验是否发生过群体扩张。

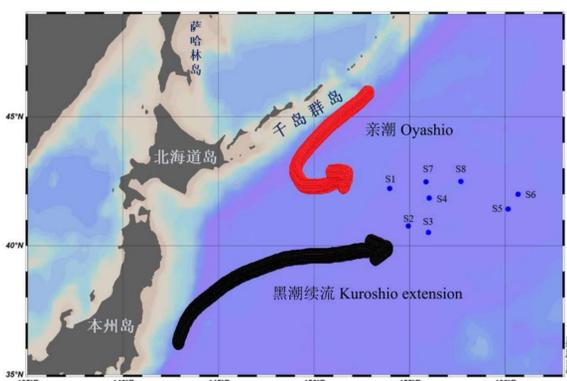


图2 日本鳀样本站点图

Results & Discussion

1. 西北太平洋地区日本鳀群体单倍型多样性较高而核苷酸多样性相对较低, 群体间遗传分化程度很小。样本的采集地位处黑潮和亲潮的寒暖流交汇区(图2), 丰富的浮游动植物, 与日本鳀生长快性成熟早的生活史使得种群扩张, 单倍型多样性快速增加, 而核苷酸多样性却没有足够的时间累积。而日本鳀较强的浮游扩散能力和洄游特性促进群体间的基因交流, 产生遗传同质性。

表1 基于COI基因的日本鳀遗传信息参数

站点 Population	单倍型多样性 (h) Haplotype diversity	核苷酸多样性 (π) Nucleotide diversity	平均核苷酸差异数 (k) Mean nucleotide difference
S1	0.968±0.019	0.00756±0.00071	3.714
S2	0.938±0.032	0.00691±0.00075	3.398
S3	0.940±0.029	0.00675±0.00072	3.320
S4	0.975±0.016	0.00692±0.00027	3.399
S5	0.926±0.032	0.00514±0.00069	2.530
S6	0.964±0.024	0.00650±0.00072	3.196
S7	0.960±0.027	0.00593±0.00064	2.925
S8	0.953±0.036	0.00828±0.00100	4.082
所有个体	0.9508±0.0083	0.00670±0.00027	3.281

表2 基于COI基因的日本鳀群体AMOVA分析

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	变异系数/% Percentage variation	F_{ST}
群体间 Among populations	7	13.553	0.01212Va	0.74	0.00738
群体内 Within populations	195	317.821	1.62985Vb	99.26	

表3 基于COI基因的日本鳀群体间遗传分化指数(F_{ST})分析

群体	S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7	S8
S1		0.13514	0.22523	0.87387	0.29730	0.58559	0.35135	0.97297
S2	0.01471		0.90991	0.09910	0.04505	0.02703	0.53153	0.16216
S3	0.01842	-0.01503		0.10811	0.09009	0.00901	0.81081	0.15315
S4	-0.01497	0.02520	0.02322		0.72072	0.55856	0.44144	0.54054
S5	0.00620	0.02760	0.02021	-0.00617		0.49550	0.52252	0.13514
S6	-0.00786	0.04673	0.04126	-0.00588	-0.00218		0.27027	0.55856
S7	-0.00413	-0.00685	-0.01577	-0.00305	-0.00409	0.00388		0.49550
S8	-0.02870	0.01875	0.02362	-0.00538	0.02006	-0.00413	-0.00483	

3. 基于单倍型构建的系统进化树与单倍型网络图显示了日本鳀群体间不存在明显的遗传分化。

不同群体的单倍型无规律地分布于系统进化树上, 并未出现明显的聚类(图3)。网络图由H5、H10、H26三个高频单倍型为核心向外扩散分布, 没有出现群体之间的聚类(图4)。

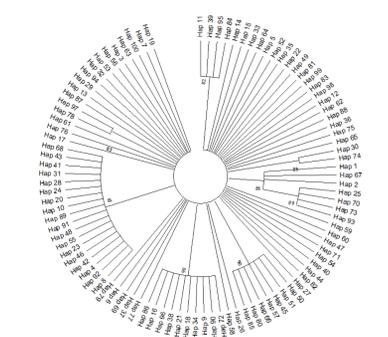


图3 基于COI基因的日本鳀单倍型系统发育树

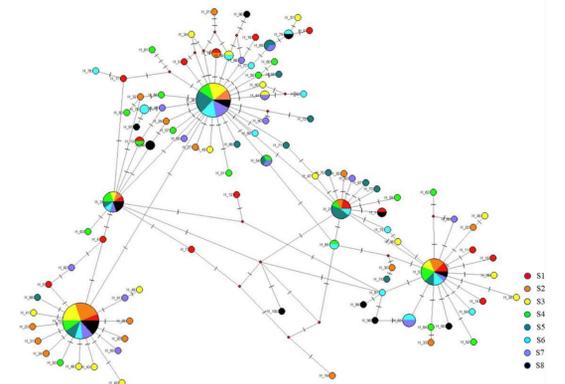


图4 基于COI基因的日本鳀单倍型网络图

3. 日本鳀群体可能发生过群体扩张, 扩张时间大约为0.260 Ma前。

更新世时期, 间冰期和冰期交替出现, 冰期不利于海洋生物的生存与繁衍, 种群数量大量减少; 冰期的结束, 气候变暖, 冰川融化, 为海洋生物提供了食物与栖息环境, 海洋生物得以生存繁衍, 种群规模逐渐恢复到原本规模, 即发生群体扩张。

表4 基于COI基因的日本鳀中性检验

群体	Tajima's D (P)	Fu's F_s (P)
S1	-1.59 (0.040)	-14.70 (0.00)
S2	-1.56 (0.041)	-13.92 (0.00)
S3	-1.84 (0.013)	-19.20 (0.00)
S4	-1.75 (0.014)	-18.93 (0.00)
S5	-1.67 (0.032)	-9.13 (0.00)
S6	-1.58 (0.041)	-11.66 (0.00)
S7	-1.58 (0.045)	-13.15 (0.00)
S8	-1.37 (0.086)	-5.57 (0.004)
Mean	-1.62 (0.039)	-12.66 (0.0005)

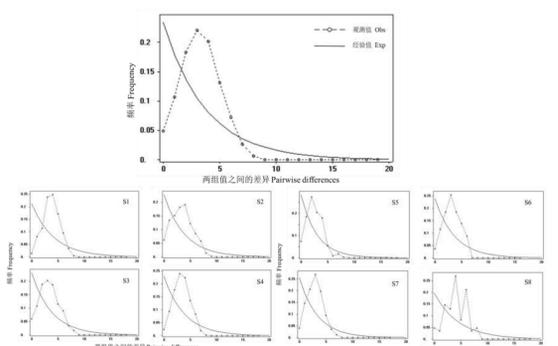


图5 日本鳀群体错配分布图

Conclusion

- 推测西北太平洋海域日本鳀群体发生过扩张。群体扩张时间大约为0.260Ma前, 即晚更新世时期。
- 西北太平洋海域日本鳀群体仍保持较高的遗传多样性, 且群体间基本不存在遗传分化, 可将西北太平洋地区日本鳀视为一个管理单元。