

Zhao Y B, Liu L H, Huang Z F, *et al.* Adaptation of the yellowfin seabream (*Acanthopagrus latus*) in the southeast coast of China to four environmental factors based on SNP loci analysis [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2026, 50(1): 012614. [赵彦博, 刘龙晖, 黄张帆, 等. 基于SNP位点解析中国东南沿海黄鳍棘鲷对4种环境因子的适应性 [J]. 水生生物学报, 2026, 50(1): 012614.]

基于SNP位点解析中国东南沿海黄鳍棘鲷对4种环境因子的适应性

赵彦博^{1,2} 刘龙晖^{1,2} 黄张帆^{1,2} 黎中宝^{1,2}

(1. 集美大学水产学院, 厦门 361021; 2. 福建省海洋渔业资源与生态环境重点实验室, 厦门 361021)

摘要: 本研究基于单核苷酸多态性(SNP)位点, 解析了黄鳍棘鲷(*Acanthopagrus latus*)对4种环境因子(温度、盐度、pH和溶解氧)的适应性机制。通过对10个地理群体99个个体的2b-RAD测序, 共得到81044个高质量SNP位点, 并结合采样海域的环境因子数据进行了基因组关联分析(GWAS)。结果显示, 与温度、盐度、pH和溶解氧显著相关的SNP位点分别为275、274、344和266个。这些位点上的基因GO富集到3大分类的结果相同, 主要富集在细胞过程、细胞和细胞部分以及结合等条目中, 涉及细胞周期、代谢、免疫反应等重要功能。KEGG注释结果显示, 与4种环境因子显著相关的基因在有机系统和环境信息处理这两个分类上富集到的条目最多, 富集到其余3个分类中条目较少。此外与多种环境因子相关的基因在轴突引导、GnRH分泌、神经活性配体-受体相互作用等通路中显著富集, 说明这些与环境因子相关的基因并不是孤立发挥作用, 而是组成了复杂的基因调控网络。本研究不仅揭示了黄鳍棘鲷不同地理群体对环境因子的潜在适应性机制, 还为海洋鱼类的本地适应性研究提供了新的视角, 为黄鳍棘鲷的生态保护和渔业资源管理提供了科学依据。

关键词: SNP; 环境因子; 本地适应性; 黄鳍棘鲷

中图分类号: Q343.1

文献标识码: A

文章编号: 1000-3207(2026)01-012614-11

doi: 10.3724/1000-3207.2025.2025.0206

CSTR: 32229.14.SSSWXB.2025.0206



物种在不同地理区域中, 通过演化和适应特定的环境条件, 表现出与当地生态系统相匹配的生理、行为、遗传等特征, 被称为本地适应性^[1,2], 这种适应性是在长期的自然选择作用下形成的。对于海洋物种而言, 本地适应性研究尤为重要, 因为海洋环境的变化(如水温波动、盐度变化、栖息地丧失等)会直接影响物种的生产与繁殖能力^[3]。近些年来, 高通量测序技术的快速发展和海洋基因组学的不断进步, 为我们理解海洋物种如何适应海洋生态系统中的环境变化提供了前所未有的机会^[4,5]。

黄鳍棘鲷(*Acanthopagrus latus*)又称黄立鱼、黄翅等, 隶属于鲈形目鲷科棘鲷属^[6]。黄鳍棘鲷为近海暖水性中下层鱼类, 栖息于泥沙底质海域, 可进入河口或淡水, 喜集群, 并且其适应力强, 生长快, 能在盐度剧变的环境中正常生活^[7]。广泛分布于红

海、阿拉伯海、印度洋、西太平洋沿岸等热带和亚热带近岸海域, 在我国主要分布在浙江、福建、台湾、广东、海南及广西沿岸海域, 是我国重要的经济鱼类之一^[8-11]。而目前黄鳍棘鲷的种群遗传学研究多是基于线粒体DNA或微卫星标记来探讨其群体遗传多样性与群体结构^[12-16], 在本地适应性方面的研究较少并且都是基于全基因组重测序进行的。蔡紫紫^[17]采用全基因组重测序对6个地理群体的黄鳍棘鲷的适应性研究中发现, 在捕捞压力大的海区中黄鳍棘鲷可能形成与生长发育、摄食、免疫及运动相关的适应性进化。Wang等^[18]基于全基因组重测序对15个黄鳍棘群体的研究则发现, 不同海域的盐度梯度通过选择压力作用于渗透调节相关基因(*kcnab2a*, *kcnk5a*等), 以此驱动了黄鳍棘鲷在中国南部沿海的本地适应性分化。

目前, 海洋生物的本地适应性多是基于SNP位

收稿日期: 2025-06-16; 修订日期: 2025-09-10

基金项目: 福建省自然科学基金(2023J01765)资助 [Supported by the Fujian Provincial Natural Science Foundation (2023J01765)]

作者简介: 赵彦博(2000—), 男, 硕士研究生; 主要从事海洋渔业资源与生态环境研究。E-mail: 202212951102@jmu.edu.cn

通信作者: 黎中宝(1966—), 男, 教授, 博士生导师; 主要从事海洋渔业资源与生态环境研究。E-mail: lizhongbao@jmu.edu.cn

点研究的, Peng等^[19]通过RAD-seq在9个斑鲷(*Konosirus punctatus*)群体中鉴定出244个受温度、pH等环境变量显著相关的SNP, 并锁定*KIDINS220*、*VAV3*、*HSPA12B*等功能基因, 揭示了斑鲷在不同海域对本地环境的适应性进化机制。Zhao等^[20]基于RAD-seq在8个棘头梅童鱼(*Collichthys lucidus*)群体中共鉴定出314个与温度变化显著相关的SNP位点, 对这些位点上的基因注释后发现, 这些参与物质(蛋白质、脂质和碳水化合物)代谢和免疫反应的基因对其在不同温度环境中的局域适应至关重要。Chen等基于全基因组重测序对14个花鲈(*Lateolabrax maculatus*)^[21]群体及8个大黄鱼(*Larimichthys crocea*)^[22]群体的研究中揭示了与纬度相关的温度适应机制, 种群遗传结构变化与气候驱动的栖息地变迁显著相关。

2b-RAD测序技术是从传统RAD-seq技术上改进出的一种基于IIB型限制性内切酶的简化基因组测序技术, 相较于传统RAD-seq和全基因组重测序技术, 其具有样品要求低、标签分布均匀、测序深度均一、标签密度灵活可控和分型准确性高等特点, 能够快速、高效地在全基因组范围内识别和分析大量SNP位点^[23]。杜珣^[24]基于2b-RAD技术结合采样点的海域温度、盐度及溶氧等环境因子信息在8个长蛸(*Octopus minor*)群体中共筛选到了5个SNP位点, 通过比对分析发现这些位点上的基因多与能量代谢与渗透调节功能相关。陈唯^[25]同样基于2b-RAD技术结合采样点的海域温度、盐度及溶氧等环境因子信息在5个短蛸(*Octopus ocellatus*)群体中共筛选到了22个SNP位点, 比对分析推测这些位点可能与短蛸的免疫和渗透调节功能相关。这些研究说明2b-RAD技术可以很好地应用于海洋生物的本地适应性研究当中。

本研究基于2b-RAD测序技术在中国沿海10个黄鳍棘鲷群体99个个体中检测高质量SNP位点, 并收集10个群体生活海域的温度、盐度、pH、溶解氧4种环境因子通过基因组关联分析筛选出与4种环境因子显著相关的SNP位点, 对其进行功能注释和富集分析, 以期揭示黄鳍棘鲷不同地理群体可能存在的与环境因子相关的本地适应性现象, 为其种质资源保护与管理提供科学依据, 同时为相关研究提供理论参考。

1 材料与方法

1.1 样品采集

本研究所用黄鳍棘鲷样品采集自中国沿海10个不同地理位置的自然群体共99个个体, 基本涵

盖了黄鳍棘鲷在中国沿海的分布范围, 具体信息参照表1。在样品采集完毕后, 迅速低温冷冻运输至实验室, 并取其背部肌肉进行DNA提取工作。样品DNA采用FastPure Cell/Tissue DNA Isolation Mini Kit (Vazyme) DNA提取试剂盒(DC102-01)进行提取, 提取步骤严格按照试剂盒说明书进行, DNA提取完毕后使用1%琼脂糖凝胶电泳检测DNA的完整性, 同时采用微量分光光度计检测其浓度, DNA质检合格后进行文库的构建并进行测序。

1.2 文库构建与测序

2b-RAD文库由青岛欧易生物技术有限公司通过2b-RAD五标签串联技术^[26]进行测序文库构建, 操作方法: 使用IIB型内切酶对基因组DNA进行酶切, 酶切后的产物分别加入5组不同的接头, 使用T₄ DNA Ligase连接, 对连接产物进行PCR扩增, 扩增后根据5组接头信息, 将5个标签按顺序串联, 并将连接产物添加barcode序列, 将不同barcode编号的文库按照送测数据量进行混库, 最后使用Illumina Novaseq PE150测序平台对混合好的文库进行测序。

1.3 基因分型

利用Illumina等测序平台得到的原始图像数据文件经碱基识别转化为原始测序序列, 称之为Raw Data 或Raw Reads。过滤删除不含酶切识别位点的Reads; 以及含有N碱基比例大于8.0%的Reads; 在过滤删除低质量Reads (质量值低于Q30的碱基数超过整条Reads 碱基数80%)后, 获得高质量测序Reads, 即Clean Reads。利用SOAP^[27]软件将各样品的Clean Reads比对到参考序列上。黄鳍棘鲷基因组参考序列从NCBI获得(https://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/all/GCF/904/848/185/GCF_904848185.1_fAcaLat1.1/GCF_904848185.1_fAcaLat1.1_genomic.fna.gz)。然后利用最大似然法(ML)^[28]进行SNP标记分型, 分型

表1 黄鳍棘鲷样品采集信息表

Tab. 1 Sampling information of *A. latus*

采样地点 Sampling site	经度、纬度 Longitude, Latitude	采样日期 Sampling date	样本数(尾) Sample size (tail)
舟山ZS	122°22'07"E; 30°04'33"N	2023.11	10
温州WZ	120°58'31"E; 27°49'53"N	2016.10	10
平潭PT	119°52'23"E; 25°30'49"N	2023.11	10
厦门XM	118°08'48"E; 24°34'58"N	2023.09	10
南澳岛NAD	117°02'18"E; 23°29'02"N	2015.12	10
湛江ZJ	110°42'34"E; 21°12'37"N	2023.11	10
海口HK	110°20'53"E; 20°07'05"N	2016.07	10
万宁WN	110°32'49"E; 18°44'02"N	2023.09	10
昌江CJ	108°45'53"E; 19°31'22"N	2023.11	10
北海BH	108°56'55"E; 21°22'10"N	2016.05	9

工作完成后会通过以下指标对分型结果进一步过滤, 首先剔除无突变等位基因的单态位点及基因组碱基为N的位点; 其次删除单个标签内包含超过3个SNP的标签, 并排除因标签间序列重叠导致的同一位置存在两种分型的矛盾位点; 进一步基于群体遗传学标准, 剔除所有样品中低于80.0%个体可成功分型的低覆盖率位点, 最小等位基因频率(MAF)低于0.01的稀有变异位点, 以及等位基因数超过2的非双等位点, 最终获得高置信度的分型数据集。

1.4 环境因子关联分析

通过基因组关联分析(Genome-Wide Association Study, GWAS)结合10个黄鳍棘鲷群体生活海域的四种环境因子(温度、盐度、pH、溶解氧)对中国沿海黄鳍棘鲷群体进行环境因子关联分析。GWAS研究核苷酸变异与表型变异之间的关联程度, 它是对一个群体中所有个体的全基因组范围内的遗传变异的检查。在本研究中把环境因子作为“表型”: 即将环境变量(温度、盐度、pH、溶解氧)视为选择压力, 检测与其显著关联的SNP位点, 反映基因型对环境的适应性响应。

在进行GWAS分析前, 为保证结果的准确性, 对原始VCF文件按照以下条件严格过滤: 仅保留SNP标记(剔除所有indel标记); 要求位点缺失率 ≤ 0.8 , 最小测序深度 ≥ 4 ; 位点MAF ≥ 0.05 ; 并确保每个位点的最小等位基因数目 ≥ 2 且最大等位基因数目 ≥ 2 。随后采用EMMAX混合线性模型^[29]进行GWAS分析。

1.5 环境因子的获取

环境因子的数据是依据采样地点的经纬度在全球海洋物理再分析(Global Ocean Physics Reanalysis)^[30, 31]网站中获取, 使用matlab软件从数据文件中提取出相关数据, 并计算4种环境因子自采样日期起前10年的平均值(表2), 用于GWAS分析。筛选出与4种环境因子显著关联的SNP位点后进行GO及KEGG富集。

2 结果

2.1 SNP鉴定与筛选

使用2b-RAD测序技术对99个黄鳍棘鲷个体进行测序, 共检测出706425054个raw reads, 经过质控后得到661627032个clean reads, 平均每个样品6683101个, 测序质量较高。Q20和Q30的读数百分比分别 $\geq 99.87\%$ 和 $\geq 99.33\%$, 平均GC含量为51.18%, 与参考基因组的平均比对率为89.52%, 平均测序深度为18.46 $\times$, 最终共筛选出81044个SNP位点, 从而进行下一步分析。本节数据已在先前研究

中报道^[32]。

2.2 与4种环境因子相关的SNP位点筛选

通过GWAS结果以 $P < 0.01$ 为阈值筛选与4种环境因子显著相关的SNP位点, 与温度显著相关的SNP位点共筛选出275个, 与盐度显著相关的SNP位点共筛选出274个, 与pH显著相关的SNP位点共筛选出344个, 与溶解氧显著相关的SNP位点共筛选出266个(图1)。

2.3 与4种环境因子显著相关的SNP位点GO富集结果

基于上述与4种环境因子显著相关的SNP结果, 从与温度显著相关的275个SNP位点中鉴定出了321个基因(图2); 与盐度显著相关的274个SNP位点中鉴定出了308个基因(图3); 与pH显著相关的344个SNP位点中鉴定出了404个基因(图4); 与溶解氧显著相关的266个SNP位点中鉴定出了311个基因(图5)。通过对这些基因进行GO富集注释可以看出, 尽管与4个环境因子显著相关的SNP位点数量及基因数量不同, 但都是注释到了生物过程(Biological process)、细胞组分(Cellular component)和分子功能(Molecular function)三大分类当中。并且4种结果都是在生物过程中细胞过程(Cellular Process)涉及的基因数最多(温度272个, 盐度253个, pH 332个, 溶解氧266个), 在细胞组分中与细胞(Cell)和细胞部分(Cell part)相关的基因最多(温度289个, 盐度273个, pH 364个, 溶解氧281个), 在分子功能中结合(Binding)涉及的基因数最多(温度237个, 盐度235个, pH 279个, 溶解氧235个), 详细信息见图2—5。

2.4 与4种环境因子显著相关的SNP位点KEGG富集结果

利用KEGG数据库对差异蛋白编码基因进行

表2 不同采样地点的环境因子信息

Tab. 2 Environmental factor information of different sampling locations

采样地点 Sampling site	温度 Temperature ($^{\circ}\text{C}$)	盐度 Salinity (‰)	pH	溶解氧Dissolved oxygen (mmol/m^3)
舟山ZS	18.49	27.93	8.11	252.61
温州WZ	19.93	25.15	8.09	242.32
平潭PT	21.65	30.18	8.09	230.30
厦门XM	22.66	29.22	8.08	228.76
南澳岛NAD	22.01	31.12	8.10	229.44
湛江ZJ	25.11	30.43	8.06	218.19
海口HK	25.28	31.89	8.07	219.98
万宁WN	26.21	33.38	8.05	209.78
昌江CJ	26.45	32.65	8.04	210.99
北海BH	25.20	31.77	8.05	214.35

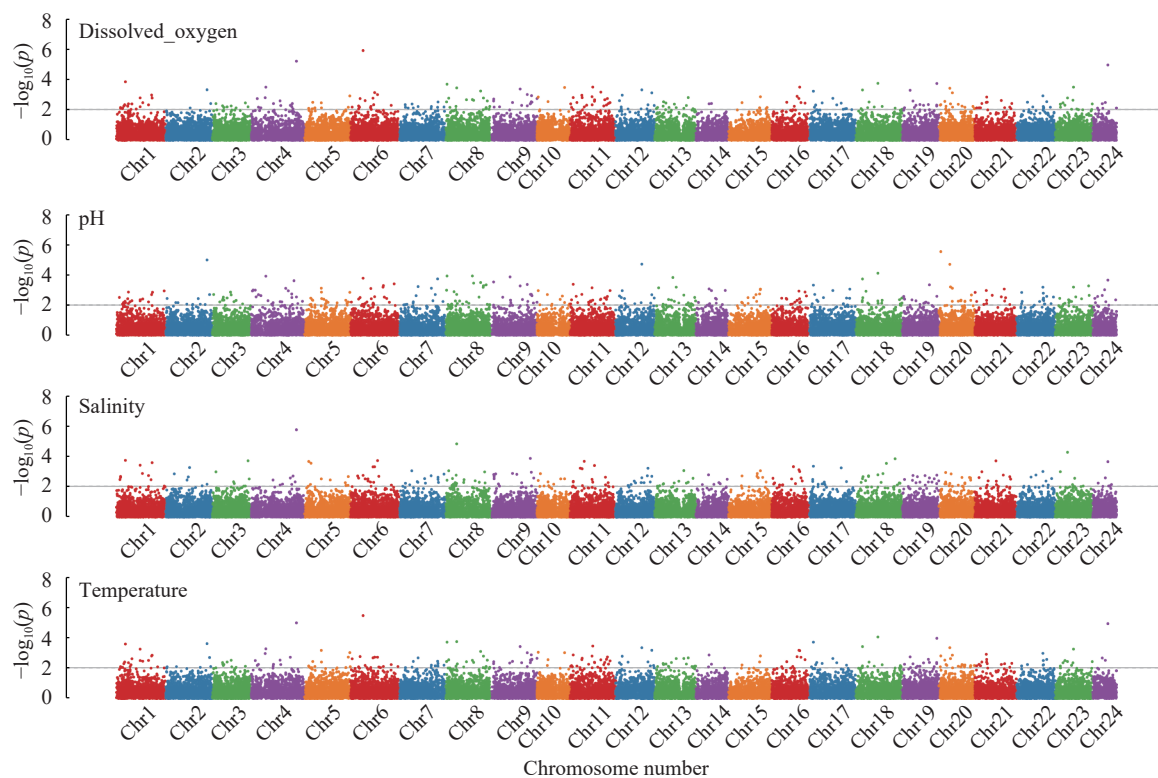


图 1 基于81044个SNP位点与四种环境因子显著相关的SNP结果

Fig. 1 SNP results based on significant correlation between 81044 SNP loci and four environmental factors

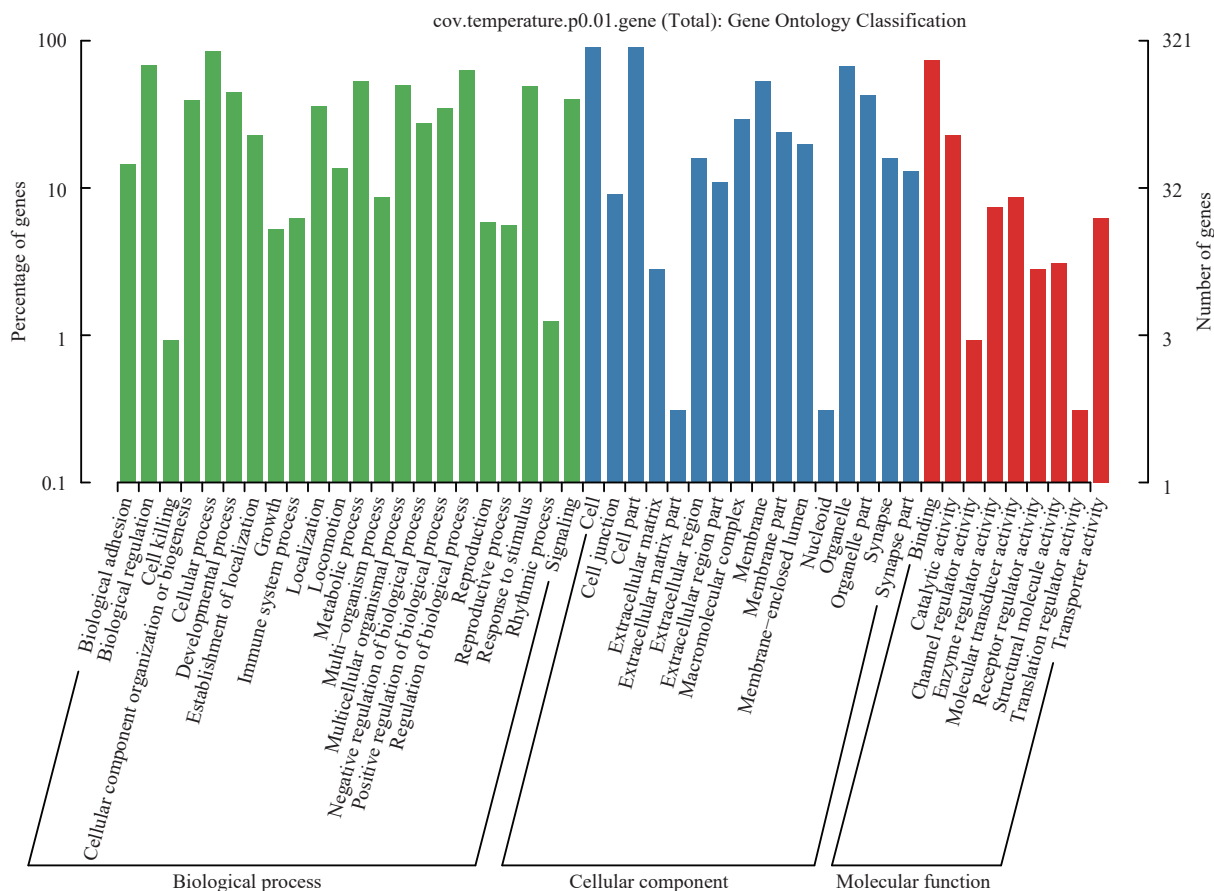


图 2 与温度显著相关的GO富集结果图

Fig. 2 GO enrichment results significantly related to temperature

Pathway分析, 结果显示与温度, 溶解氧显著相关的基因主要参与Cellular Processes (细胞过程), Environmental Information Processing (环境信息处理), Genetic Information Processing (遗传信息处理), Metabolism (新陈代谢), Organismal Systems (有机系统)五种分类中; 与盐度, pH显著相关的基因则未参与遗传信息处理这一分类, 只参与了其余4种分类中。从图6中可以看出与4种环境因子显著相关的基因在有机系统和环境信息处理这两个分类上富集到的条目最多, 富集到其余3个分类中条目较少。另外有部分基因富集在Human Diseases (人类疾病)的分类下的原因可能是可能源于注释数据库的物种偏差(如人类基因注释到鱼类同源基因)出现的假阳性结果, 在下文中不再过多赘述。

3 讨论

3.1 高基因流下的本地适应性现象

海洋在温度、盐度、pH、溶氧等环境因子方面存在显著的空间和时间异质性, 可以为本地适应

性研究提供丰富的研究对象和场景。从表2可以看出, 10个黄鳍棘鲷群体生活海域的环境因子存在着差距。已有研究表明不同海域的环境差异可能导致鱼类的生理和行为适应性变化, 如黄海、东海和南海的薛氏海龙(*Syngnathus schlegelii*)群体在温度、盐度等关键因素上存在明显差异, 伴随着生态位的显著分化, 其不同地理种群在形态和遗传水平上均发生了显著分化^[33]。但海洋鱼类通常具有较强的扩散能力, 种群数量大, 基因流水平较高。在这样的背景下, 对其进行本地适应性研究可以深入探讨基因流与自然选择之间的相互作用。本研究10个群体间的 F_{st} 为-0.0004—0.0063, 均小于0.05, 说明10个群体间遗传分化程度较低, 10个群体间存在着大量基因交流现象^[32]。尽管高基因流在一定程度上能够抵消遗传分化, 但自然选择仍可能在特定环境压力下驱动局部适应。Wang等^[18]对黄鳍棘鲷的研究中显示, 尽管不同群体间存在较高基因流, 但仍在盐度梯度驱动下分化为两个明显的遗传群体; Peng等^[19]对斑鰭的研究中同样显示, 尽管不同

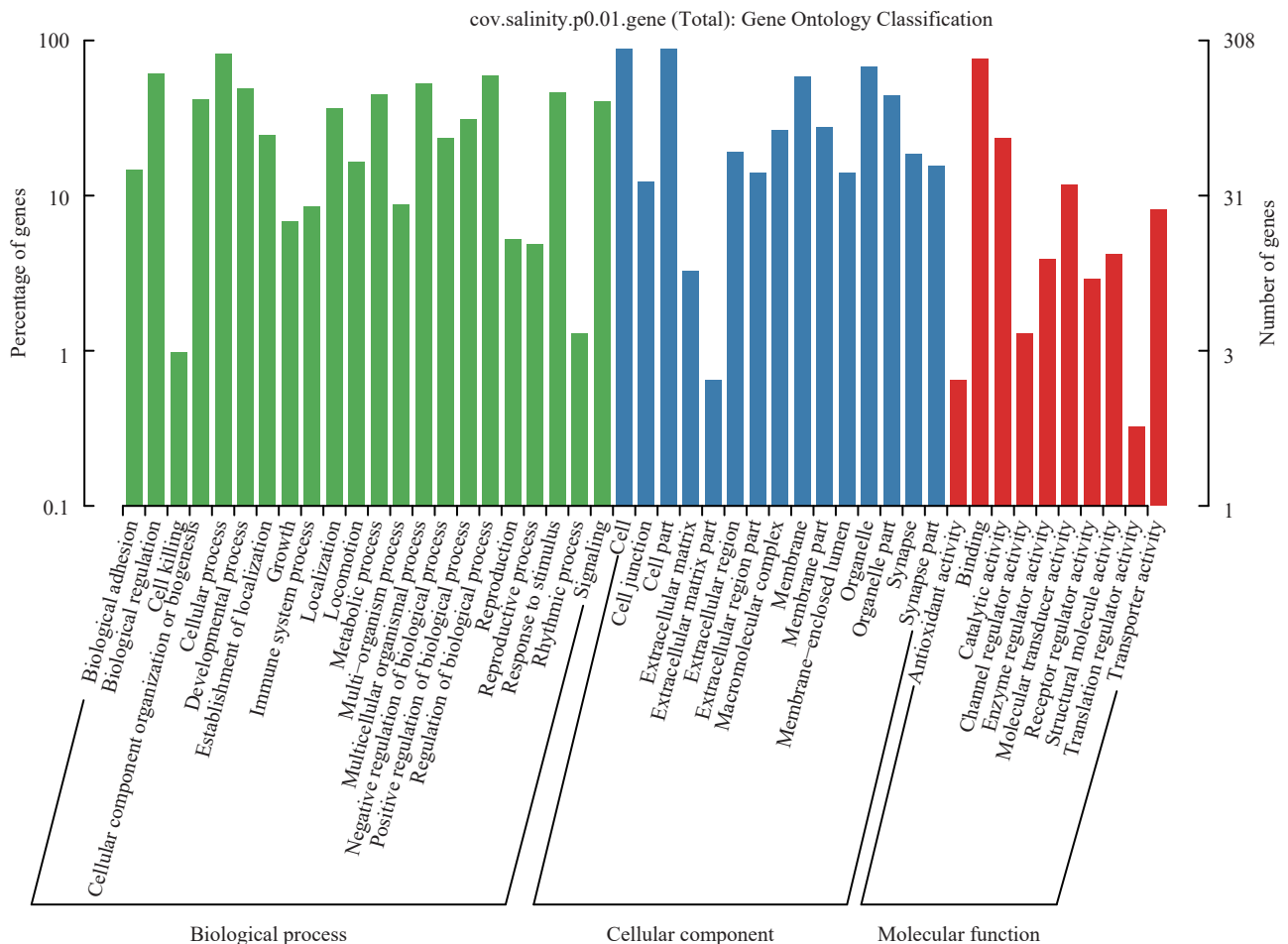


图3 与盐度显著相关的GO富集结果图

Fig. 3 GO enrichment results significantly related to salinity

群体间存在着基因交流,但与温度、pH等环境变量相关位点上的基因会通过影响斑鲷的生长、发育、代谢和免疫等生理过程,驱动其局部适应性分化。

3.2 与4种环境因子显著相关的SNP位点GO结果分析

从本研究的GO富集的结果可以看到,与4种环境因子相关的基因注释到三大分类中的结果基本相同,在生物过程中细胞过程涉及的基因数最多,在细胞组分中与细胞和细胞部分相关的基因最多,在分子功能中结合涉及的基因数最多。在Zhao等^[20]对棘头梅童鱼的研究中,以及刘炳舰^[34]对日本鳗鲡(*Anguilla japonica*)的研究和李玉龙^[35]对松江鲈(*Trachidermus fasciatus*)的研究中,对适应性相关的基因进行GO注释的结果与本研究结果相同。从富集到三大分类的各个条目来看,细胞过程涉及的基因数最多,表明这些环境因子对细胞内的多种基本生命活动,如细胞周期、分裂、代谢和信号传导等具有广泛影响^[36]。这些活动是细胞功能和生物体适应性的核心基础。而生物调节、刺激响应和

信号传导等过程的富集,表明生物体通过调节内部过程和响应外部刺激来适应环境变化。这些过程通常涉及转录因子、信号分子和受体等关键调节因子,帮助细胞感知和响应环境变化。此外,细胞、细胞连接、细胞组分和细胞外基质等细胞结构的富集表明,环境因子可能影响细胞的结构和组织,包括细胞膜、细胞骨架和细胞外环境。细胞结构的调整对细胞的稳定性、形态和功能至关重要。结合功能的富集进一步支持了环境因子通过影响分子间相互作用来调节细胞功能,这对细胞信号传导、代谢途径及基因表达调控具有重要作用。总体来看,不同环境因子的GO富集结果的相似性表明,黄鳍棘鲷可能通过一系列共同的生物学机制来适应不同类型的环境压力,这些机制涉及细胞过程、代谢途径、信号传导和基因表达调控等多个层面,从而帮助机体感知和响应环境变化。

3.3 与4种环境因子显著相关的SNP位点KEGG结果分析

KEGG注释结果显示,与4种环境因子相关的

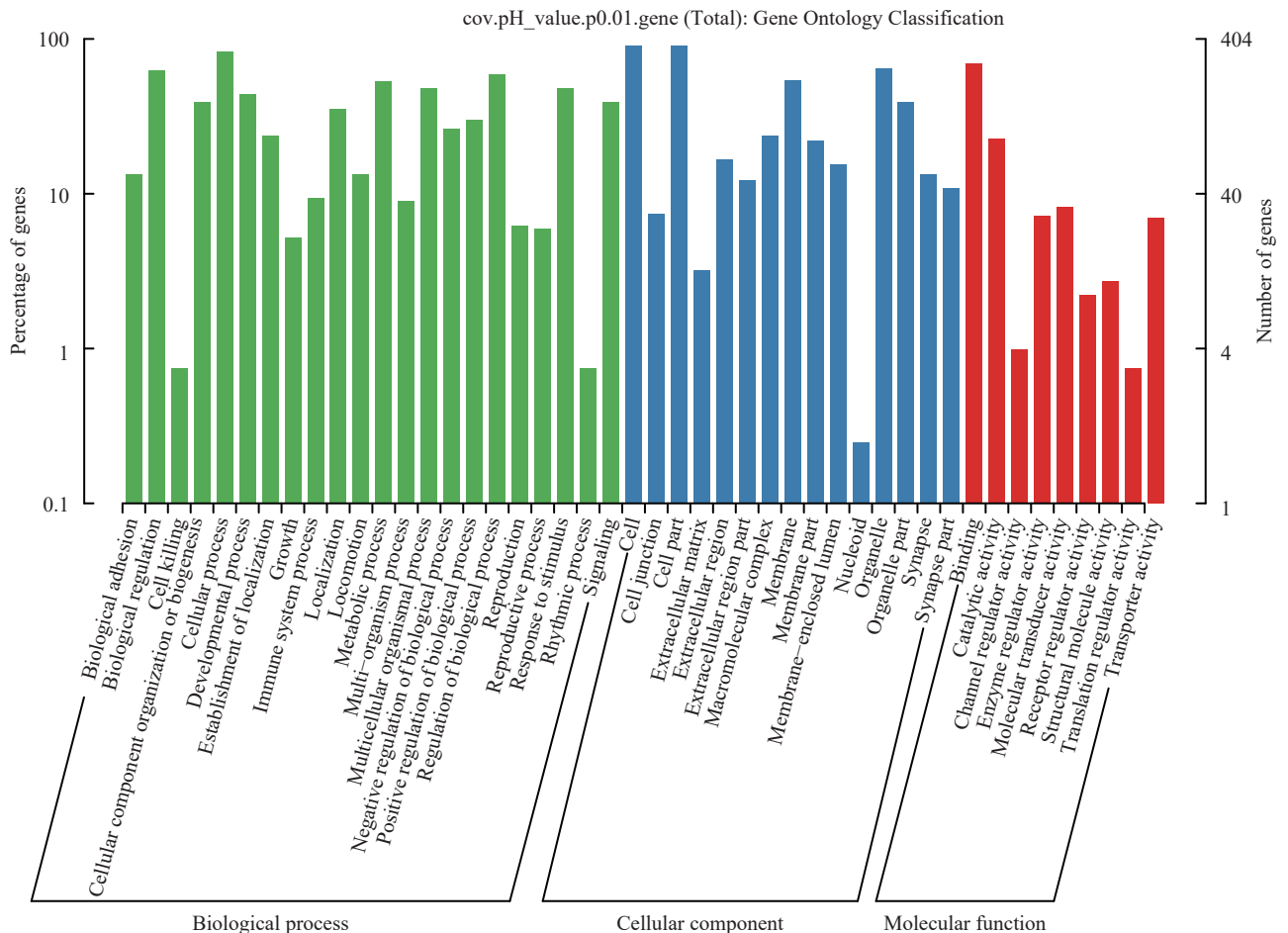


图4 与pH显著相关的GO富集结果图

Fig. 4 GO enrichment results significantly related to pH value

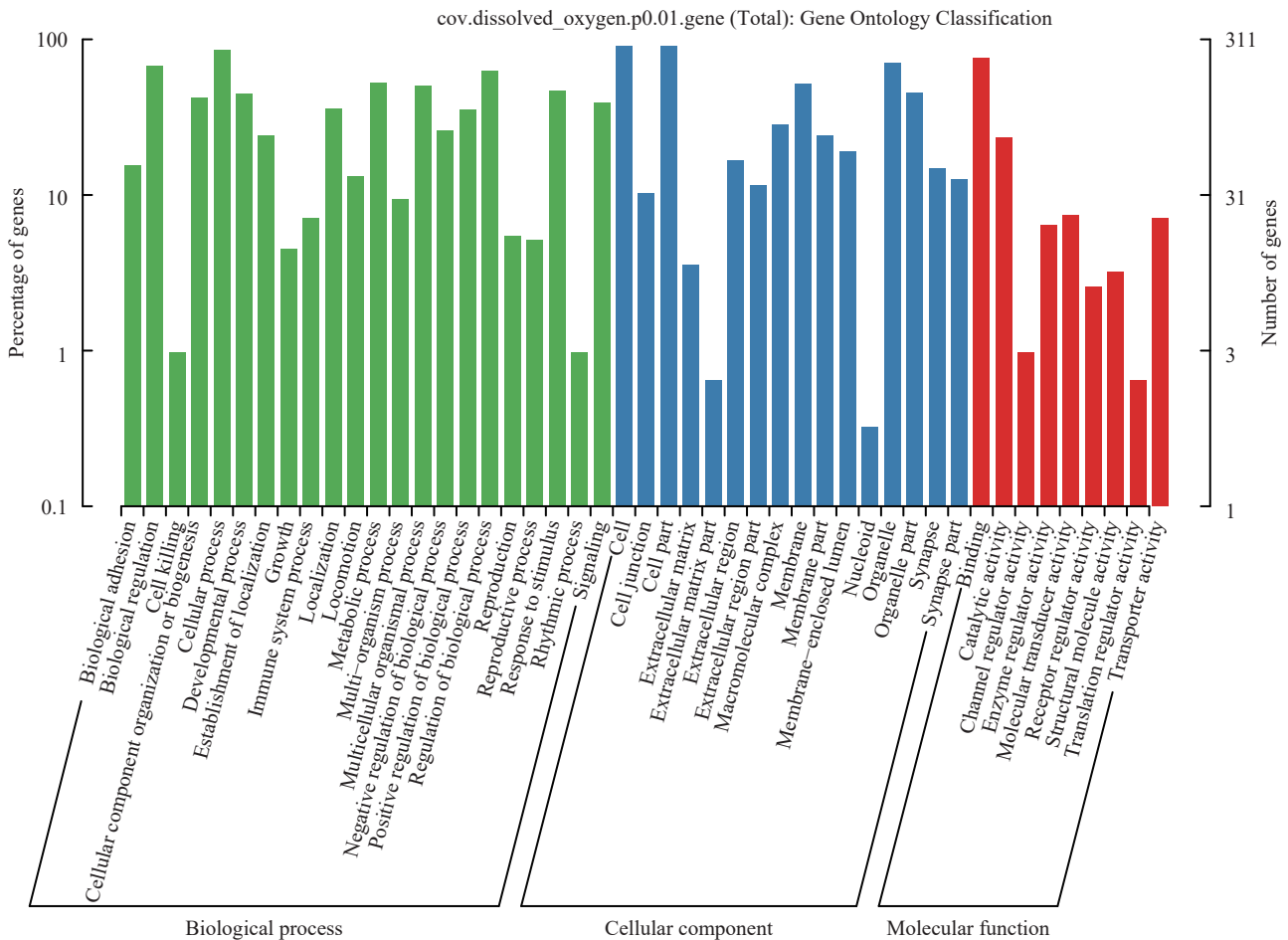


图5 与溶解氧显著相关的GO富集结果图

Fig. 5 GO enrichment results significantly related to dissolved oxygen

基因多数富集在有机系统和环境信息处理分类下的条目中。环境信息处理类别中的基因通常参与感知和处理环境信号,如温度、盐度等因素的变化;而在有机系统类别中,相关基因则涉及生物体的生理功能、发育、免疫、神经和内分泌调控等重要过程^[37]。基因在这些分类中的富集表明,环境因子对生物体多种生理过程产生了广泛影响,这些基因在维持生物体生理稳态、协调不同生理系统(如免疫系统、神经系统等)的互动中起到了关键作用。通过这些基因的调控,生物体能够灵活调整其生理活动,以适应外部环境的变化。并且从图6中可以看到这两个分类下有些通路 with 多种环境因子相关。其中与4种环境因子相关的基因均富集到了Axon guidance (轴突引导)这一通路上,说明环境因子可能通过影响轴突引导通路的基因表达或功能,进而调节神经系统的发育和适应能力^[38]。GnRH secretion (GnRH分泌)的富集说明黄鳍棘鲷可能会通过调节GnRH分泌来适应不同的环境条件,优化其繁殖策略。Neuroactive ligand-receptor interaction (神经活性配体-受体相互作用), ECM-receptor

interaction (ECM-受体相互作用), TGF-beta signaling pathway (TGF- β 信号通路)的富集表明它们在黄鳍棘鲷的生理调节和环境适应过程中起到了关键作用,神经活性配体-受体相互作用可能参与调节神经系统的功能和行为反应^[39],尤其是在应对环境变化中的作用;ECM-受体相互作用则有助于维持细胞与细胞外基质之间的相互联系,影响组织的发育、修复和应力响应^[40];而TGF- β 信号通路通过调控细胞增殖、分化和免疫反应^[41],参与鱼类的生长发育及其对外界环境压力的适应。这些通路的富集进一步支持了它们在生物体适应多变环境和维持生理稳态中的重要性。而基于盐度、pH、溶解氧富集到Calcium signaling pathway (钙信号通路)和基于pH,溶解氧富集到的Wnt signaling pathway (Wnt信号通路)在过往研究中也得到了印证,刘炳舰^[34]的研究也认为钙信号通路和Wnt信号通路与日本鳗鲡的本地适应性直接相关。KEGG注释结果反映出与环境因子相关的基因并不是孤立发挥作用,而是组成了复杂的基因调控网络,涉及多个层次的生物学过程。这些基因共同作用,确保生

物体能够在变化的环境条件下保持适应性和生存能力。

3.4 本研究的局限性与展望

尽管本研究基于2b-RAD测序得到的SNP数据揭示了黄鳍棘鲷对温度、盐度、pH和溶解氧4种环境因子的潜在本地适应性机制,但仍存在一些局限性。2b-RAD简化基因组测序虽然在群体遗传研究中具有成本效益优势,但其对基因组的覆盖深度和广度相较于全基因组重测序存在差距。这可能导致部分位于非酶切标签区域、结构变异区域或低复杂度区域的适应性相关位点未被有效捕获,限制

了我们对基因组层面适应性变异的全面解析。其次本研究主要依赖GWAS方法识别与单一环境因子显著关联的SNP位点。虽然GWAS在检测微效多基因效应方面具有优势,但多位点模型的群体遗传学分析框架(如环境关联分析EAA或冗余分析RDA)在捕捉环境梯度驱动的协同选择信号或适应性相关等位基因方面可能提供互补视角。本研究未系统整合这两种分析范式的结果进行交叉验证和相互印证。并且受限于GWAS的统计效力及功能注释的深度等影响,本研究着重于在通路/功能层面阐释适应性机制的整体框架,未能深入鉴定并

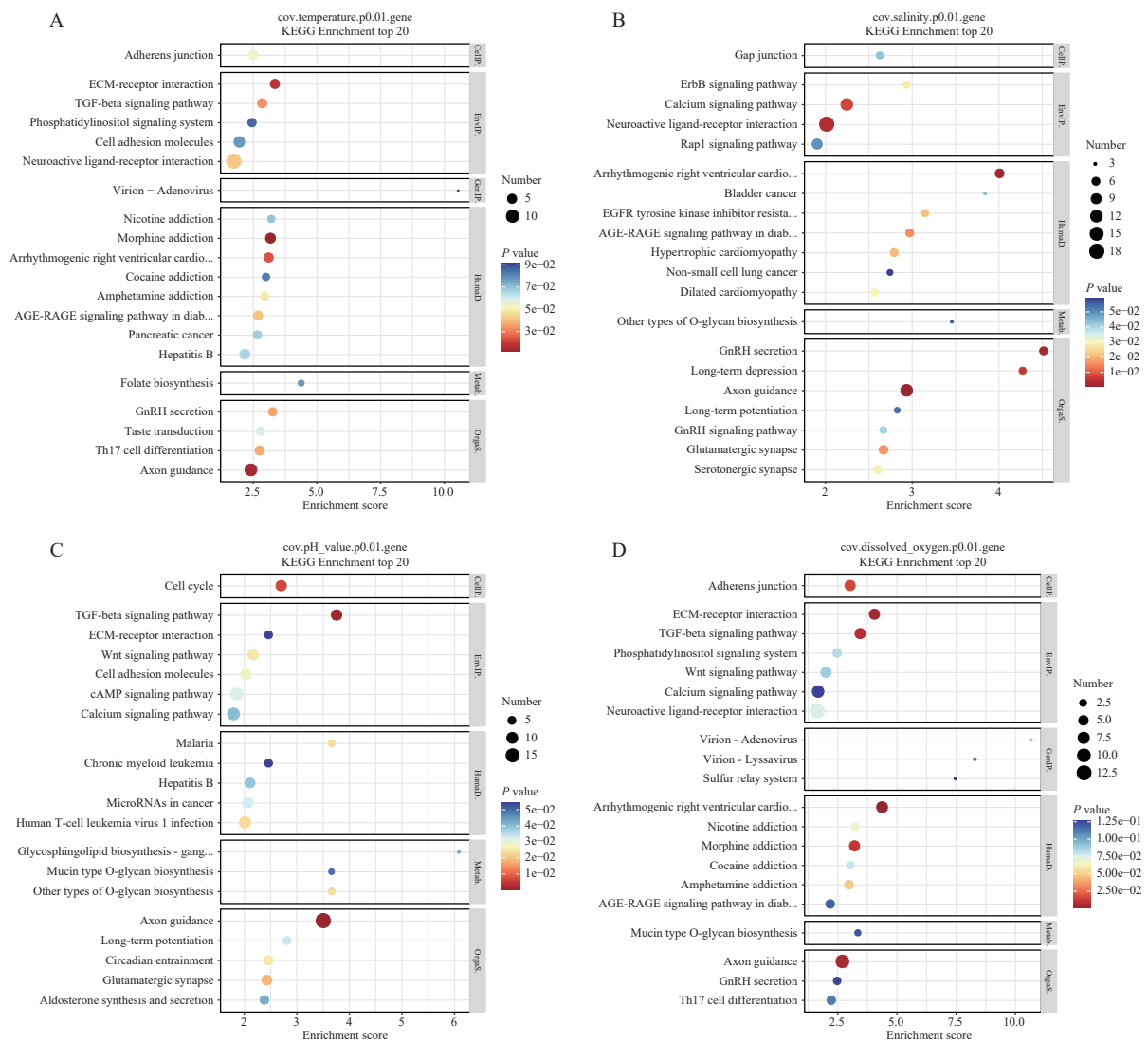


图6 与4种环境因子显著相关的基因KEGG富集分析top20 (筛选对应差异基因数目大于2的Pathway条目,按照每个条目对应的 $-\log_{10} P\text{-value}$ 由大到小排序)

Fig. 6 Top 20 KEGG enrichment analysis results for genes significantly correlated with four environmental factors (pathways with more than two associated genes are selected and sorted by $-\log_{10}(P\text{-value})$ in descending order)

a. 与温度显著相关的富集结果; b. 与盐度显著相关的富集结果; c. 与pH显著相关的富集结果; d. 与溶解氧显著相关的富集结果

a. Enrichment results significantly correlated with temperature; b. Enrichment results significantly correlated with salinity; c. Enrichment results significantly correlated with pH; d. Enrichment results significantly correlated with dissolved oxygen

验证驱动这些通路响应的最核心关键基因及其具体的功能突变。

随着近年来测序成本大幅下降, 未来研究可着重于整合高深度的重测序数据, 来更全面地扫描基因组(包括结构变异区域), 提升适应性变异的检测能力。同时结合多种环境关联分析方法(如RDA、LFMM等)进行交叉验证与整合分析, 以更稳健地鉴定受选择区域并解析适应性等位基因的地理分布模式。并在通路富集的基础上, 聚焦对环境有适应作用的最关键基因来进行讨论分析, 从而为黄鳍棘鲷资源的精准保护和适应性管理提供更坚实的分子基础。

4 结论

本研究基于SNP位点, 解析了黄鳍棘鲷对四种环境因子(温度、盐度、pH、溶解氧)的适应性机制。将10个地理群体测序得到的81044个高质量SNP位点结合采样海域的环境因子数据进行了基因组关联分析。结果显示, 尽管不同环境因子所关联的SNP位点数量存在差异, 但其功能富集分析结果存在一定的相似性, GO富集结果显示, 黄鳍棘鲷可能通过细胞过程、代谢途径、信号传导和基因表达调控等一系列共同的生物学机制来适应不同类型的环境压力。KEGG结果显示, 显著富集的轴突引导、神经活性配体-受体相互作用、GnRH分泌通路、ECM-受体相互作用等通路, 凸显了神经内分泌系统在协调繁殖、行为与应激响应以适应环境波动中的核心作用。而功能富集分析结果的相似性也提示了黄鳍棘鲷可能利用共享的核心分子网络(如神经调节与细胞通讯)来整合响应复杂多变的环境压力。这些发现不仅为理解海洋鱼类的本地适应性提供了新的视角, 还为黄鳍棘鲷的生态保护和渔业资源管理提供了科学依据。

(作者声明本文符合出版伦理要求)

参考文献:

- [1] Valladares F, Matesanz S, Guilhaumon F, *et al.* The effects of phenotypic plasticity and local adaptation on forecasts of species range shifts under climate change [J]. *Ecology Letters*, 2014, **17**(11): 1351-1364.
- [2] Luo H, Kuang Z, Luo Y, *et al.* Adaptability analysis of *Gymnocypris przewalskii* to water temperature and salinity based on outlier SNP sites [J]. *Genomics and Applied Biology*, 2023, **42**(1): 25-33. [罗慧, 匡箴, 罗颖, 等. 基于离散SNP位点解析青海湖裸鲤(*Gymnocypris przewalskii*)对水温和盐度的适应性 [J]. 基因组学与应用生物学, 2023, **42**(1): 25-33.]
- [3] Zeng J N, Chen Q Z, Huang W, *et al.* Reform of the marine ecological protection system in China: from marine protected areas to marine ecological redline regions [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, **36**(1): 1-10. [曾江宁, 陈全震, 黄伟, 等. 中国海洋生态保护制度的转型发展—从海洋保护区走向海洋生态红线区 [J]. 生态学报, 2016, **36**(1): 1-10.]
- [4] van Oppen M J H, Coleman M A. Advancing the protection of marine life through genomics [J]. *PLoS Biology*, 2022, **20**(10): e3001801.
- [5] Johannesson K, Leder E H, André C, *et al.* Ten years of marine evolutionary biology—Challenges and achievements of a multidisciplinary research initiative [J]. *Evolutionary Applications*, 2023, **16**(2): 530-541.
- [6] Fan J R, Wu R X, Zhao Y J, *et al.* Progresses on taxonomy and phylogeny of family Sparidae from China [J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2011, **18**(2): 472-480. [樊冀蓉, 吴仁协, 赵元君, 等. 中国鲷科鱼类分类和系统发育研究进展 [J]. 中国水产科学, 2011, **18**(2): 472-480.]
- [7] Yang X Y, Liu Y, Li C H, *et al.* Diet change of the yellowfin sea bream (*Acanthopagrus latus*) with age from Wanshan Islands in the Pearl River Estuary [J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2024, **31**(2): 219-231. [杨禧越, 刘永, 李纯厚, 等. 珠江口万山群岛黄鳍棘鲷食性随年龄的变化特征 [J]. 中国水产科学, 2024, **31**(2): 219-231.]
- [8] Iwatsuki Y. Review of the *Acanthopagrus latus* complex (Perciformes: Sparidae) with descriptions of three new species from the Indo-West Pacific Ocean [J]. *Journal of Fish Biology*, 2013, **83**(1): 64-95.
- [9] Hong W S, Zhang Q Y. Review of captive bred species and fry production of marine fish in China [J]. *Aquaculture*, 2003, **227**(1): 305-318.
- [10] Ye Y L, Huang Z F, Xu A L, *et al.* Genetic diversity and genetic structure of *Acanthopagrus latus* populations in the southeastern coast of China based on the mitochondrial DNA control region analysis [J]. *Journal of Applied Oceanography*, 2022, **41**(4): 583-590. [叶幼玲, 黄张帆, 徐安乐, 等. 基于线粒体控制区的中国东南沿海黄鳍棘鲷群体遗传多样性和遗传分化 [J]. 应用海洋学学报, 2022, **41**(4): 583-590.]
- [11] Wu R X, Zhai Y, Xiao Y, *et al.* Microsatellite marker development for *Acanthopagrus latus* and cross-species amplification in the family Sparidae [J]. *Journal of Applied Oceanography*, 2019, **38**(3): 356-364. [吴仁协, 翟云, 肖瑶, 等. 黄鳍棘鲷微卫星标记开发及其在鲷科鱼类中的跨物种扩增 [J]. 应用海洋学学报, 2019, **38**(3): 356-364.]
- [12] Song P Q, Liu C, Cai Z Z, *et al.* Genetic characteristics of yellow seabream *Acanthopagrus latus* (Houttuyn, 1782) (Teleostei: Sparidae) after stock enhancement in southeastern China coastal waters [J]. *Regional Studies in Marine Science*, 2021(48): 102065.

- [13] Liu C, Zhang J, Liu S G, *et al.* Genetic diversity of the yellowfin seabream, *Acanthopagrus latus* (Actinopterygii: Perciformes: Sparidae)-an enhancement species in Dongshan Bay [J]. *Acta Ichthyologica Et Piscatoria.*, 2021, **51**(3): 281-287.
- [14] He Z H, Xiao S, Wang S S, *et al.* Genetic structure of D-loop sequence in *Acanthopagrus latus* [J]. *Journal of Fisheries of China*, 2021, **45**(3): 345-356. [何震晗, 肖珊, 王韶韶, 等. 黄鳍棘鲷线粒体D-loop序列的遗传结构[J]. 水产学报, 2021, **45**(3): 345-356.]
- [15] Zhu W L, Xiao S, Yang C L, *et al.* Genetic structure analysis of *Acanthopagrus latus* populations along South China coast based on mitochondrial *Cytb* gene sequences [J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2021, **34**(2): 446-454. [朱威霖, 肖珊, 杨春玲, 等. 基于线粒体Cytb基因序列的华南沿海黄鳍棘鲷种群遗传结构分析[J]. 西南农业学报, 2021, **34**(2): 446-454.]
- [16] Zhang J, Liu J M, Han C, *et al.* Full-length transcriptome sequence and SSR marker development for genetic diversity research in yellowfin seabream *Acanthopagrus latus* [J]. *Journal of Oceanology and Limnology*, 2023, **41**(3): 1073-1083.
- [17] Cai Z Z. Genetic characteristics and adaptive evolution of *Acanthopagrus latus* and *Rhabdosargus sarba* [D]. Xiamen: Third Institute of Oceanography, Ministry of Natural Resources, 2023: 55-57. [蔡紫紫. 黄鳍棘鲷和平鲷遗传特征及适应性进化研究[D]. 厦门: 自然资源部第三海洋研究所, 2023: 55-57.]
- [18] Wang W H, Huang J R, Hu Y, *et al.* Seascapes shaped the local adaptation and population structure of South China coast yellowfin seabream (*Acanthopagrus latus*) [J]. *Marine Biotechnology*, 2024, **26**(1): 60-73.
- [19] Peng Y, Liu Y F, Li J S, *et al.* New perspectives on the genetic structure of dotted gizzard shad (*Konosirus punctatus*) based on RAD-seq [J]. *Marine Life Science & Technology*, 2024, **6**(1): 50-67.
- [20] Zhao L L, Qu F Y, Song N, *et al.* Population genomics provides insights into the population structure and temperature-driven adaptation of *Collichthys lucidus* [J]. *BMC Genomics*, 2021, **22**(1): 729.
- [21] Chen B H, Zhou Z X, Shi Y, *et al.* Genome-wide evolutionary signatures of climate adaptation in spotted sea bass inhabiting different latitudinal regions [J]. *Evolutionary Applications*, 2023, **16**(5): 1029-1043.
- [22] Chen B H, Bai Y L, Wang J Y, *et al.* Population structure and genome-wide evolutionary signatures reveal putative climate-driven habitat change and local adaptation in the large yellow croaker [J]. *Marine Life Science & Technology*, 2023, **5**(2): 141-154.
- [23] Jia C Q, Ma J J, Sun J H, *et al.* The research progress of 2B-RAD sequencing technology in aquatic animals [J]. *Open Journal of Fisheries Research*, 2022, **9**(4): 123-131. [贾彬茜, 马菁菁, 孙金辉, 等. 2B-RAD测序技术在水产动物中的研究进展[J]. 水产研究, 2022, **9**(4): 123-131.]
- [24] Du X. Study on the phylogeography and adaptive differentiation of *Octopus minor* along the coast of China [D]. Zhoushan: Zhejiang Ocean University, 2018: 52-54. [杜珣. 中国沿海长蛸(*Octopus minor*)谱系地理格局与适应性分化研究[D]. 舟山: 浙江海洋大学, 2018: 52-54.]
- [25] Chen W. Study on phylogeography and adaptive differentiation of *Octopus ocellatus* along the coast of China [D]. Zhoushan: Zhejiang Ocean University, 2018: 48-51. [陈唯. 中国沿海短蛸(*Octopus ocellatus*)谱系地理格局与适应性分化研究[D]. 舟山: 浙江海洋大学, 2018: 48-51.]
- [26] Wang S, Liu P, Lü J, *et al.* Serial sequencing of isologous RAD tags for cost-efficient genome-wide profiling of genetic and epigenetic variations [J]. *Nature Protocols*, 2016, **11**(11): 2189-2200.
- [27] Li R, Li Y, Kristiansen K, *et al.* SOAP: short oligonucleotide alignment program [J]. *Bioinformatics*, 2008, **24**(5): 713-714.
- [28] Fu X, Dou J, Mao J, *et al.* RADtyping: an integrated package for accurate *de novo* codominant and dominant RAD genotyping in mapping populations [J]. *PLoS One*, 2013, **8**(11): e79960.
- [29] Kang H M, Sul J H, Service S K, *et al.* Variance component model to account for sample structure in genome-wide association studies [J]. *Nature Genetics*, 2010, **42**(4): 348-354.
- [30] Tyberghein L, Verbruggen H, Pauly K *et al.* Bio-ORACLE: a global environmental dataset for marine species distribution modelling [J]. *Global Ecology and Biogeography*, 2012, **21**(2): 272-281.
- [31] Assis J, Tyberghein L, Bosch S, *et al.* Bio-ORACLE v2.0: Extending marine data layers for bioclimatic modelling [J]. *Global Ecology and Biogeography*, 2018, **27**(3): 277-284.
- [32] Zhao Y B, Liu L H, Huang Z F, *et al.* Genetic diversity and population structure of yellowfin seabream (*Acanthopagrus latus*) along the Chinese coast using 2b-RAD technology [J]. *Regional Studies in Marine Science*, 2025(**89**): 104350.
- [33] Wang X, Zhang Z X, Mammola S, *et al.* Exploring ecological specialization in pipefish using genomic, morphometric and ecological evidence [J]. *Diversity and Distributions*, 2021, **27**(8): 1393-1406.
- [34] Liu B J. Population genetic structure and local adaptation of the small yellow croaker (*Larimichthys polyactis*) and Japanese eel (*Anguilla japonica*) [D]. Qingdao: The Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, 2017: 93-116. [刘炳舰. 小黄鱼和日本鳗群体遗传结构及本地适应性研究[D]. 青岛: 中国科学院海洋研究所, 2017: 93-116.]
- [35] Li Y L. Development of genetic markers and its applications in conservation genetics for the roughskin sculpin (*Trachidermus fasciatus*) [D]. Qingdao: The Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, 2017: 87-100. [李玉龙. 松江鲈遗传标记开发与保护遗传学研究[D]. 青岛: 中国科学院海洋研究所, 2017: 87-100.]

- [36] Zhen X W, Qi H G, Li Y R, *et al.* Identification and analysis of key genes involved in byssus secretion in blue mussel (*Mytilus galloprovincialis*) [J]. *Marine Science Bulletin*, 2025, **44**(4): 525-534. [甄秀维, 元海刚, 李永仁, 等. 紫贻贝(*Mytilus galloprovincialis*)足丝分泌关键基因鉴定和分析 [J]. 海洋通报, 2025, **44**(4): 525-534.]
- [37] Yang E J, Yang L T, Wang W Z, *et al.* Identification and functional analysis of SNP from transcriptome of cobia (*Rachycentron canadum*) in response to hypoxia stress [J]. *Haiyang Xuebao*, 2022, **44**(1): 113-124. [杨二军, 杨林桐, 王维政, 等. 军曹鱼响应低氧胁迫转录组SNP位点鉴定及其功能注释分析 [J]. 海洋学报, 2022, **44**(1): 113-124.]
- [38] Negishi M, Oinuma I, Katoh H. Plexins: axon guidance and signal transduction [J]. *Cellular and Molecular Life Sciences*, 2005, **62**(12): 1363-1371.
- [39] Liu Y, Li E C, Xu C, *et al.* Brain transcriptome profiling analysis of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) under long-term hypersaline stress [J]. *Frontiers in Physiology*, 2018(9): 219.
- [40] Milner R, Campbell I L. The integrin family of cell adhesion molecules has multiple functions within the CNS [J]. *Journal of Neuroscience Research*, 2002, **69**(3): 286-291.
- [41] Shi Y G, Massagué J. Mechanisms of TGF-beta signaling from cell membrane to the nucleus [J]. *Cell*, 2003, **113**(6): 685-700.

ADAPTATION OF THE YELLOWFIN SEABREAM (*ACANTHOPAGRUS LATUS*) IN THE SOUTHEAST COAST OF CHINA TO FOUR ENVIRONMENTAL FACTORS BASED ON SNP LOCI ANALYSIS

ZHAO Yan-Bo^{1,2}, LIU Long-Hui^{1,2}, HUANG Zhang-Fan^{1,2} and LI Zhong-Bao^{1,2}

(1. Fisheries College of Jimei University, Xiamen 361021, China; 2. Fujian Provincial Key Laboratory of Marine Fishery Resources and Eco-environment, Xiamen 361021, China)

Abstract: *Acanthopagrus latus* is an economically important fish species along the southeast coast of China and exhibits remarkable environmental adaptability. During long-term evolution, populations inhabiting different marine regions have developed diverse local adaptative mechanisms in response to heterogeneous environmental pressures. In this study, we leveraged genome-wide single-nucleotide polymorphism (SNP) to elucidate the adaptive mechanisms of *A. latus* to four environmental variables (temperature, salinity, pH, and dissolved oxygen) across the southeast coast of China. Using 2b-RAD sequencing of 99 individuals from 10 geographically distinct populations, we identified 81044 high-quality SNPs. By integrating these SNP data with environmental parameters collected at each sampling site, we conducted a genome-wide association study (GWAS). This analysis revealed 275, 274, 344, and 266 SNPs significantly associated with temperature, salinity, pH, and dissolved oxygen, respectively. Gene Ontology (GO) enrichment analyses of genes linked to these SNPs yielded consistent results across the three major GO categories, with predominant enrichment in the terms “cellular process” “cell” “cell part” “binding” implicating key biological processes such as cell cycle progression, metabolism, and immune responses. Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) annotation indicated that genes associated with the four environmental factors were most highly enriched within the “organismal systems” and “environmental information processing” categories, whereas the remaining three KEGG categories exhibited limited enrichment. Notably, genes simultaneously associated with multiple environmental variables showed significant enrichment in pathways including axon guidance, GnRH secretion, and neuroactive ligand-receptor interaction, suggesting that environmentally responsive genes do not function in isolation but instead form an integrated regulatory network. This study not only reveals the potential adaptive mechanisms of different geographic populations of *A. latus* to environmental factors, but also provides new insights into local adaptation in marine fish species. Additionally, it offers a scientific basis for the ecological conservation and management of *A. latus* fisheries.

Key words: SNP; Environmental factors; Local adaptation; *Acanthopagrus latus*