

DOI: 10.3724/SP.J.1118.2018.17340

国内虹鳟代表性养殖群体的高通量 SNP 芯片检测及遗传分析

赵紫霞¹, 许建¹, 白庆利², 杨世勇³, 蒋立坤¹, 陈葆华¹, Palti Yniv⁴,
Gao Guangtu⁴, 徐鹏^{1,5}

1. 中国水产科学研究院, 农业部水生动物基因组学重点实验室, 渔业生物技术北京市重点实验室, 北京 100141;
2. 中国水产科学研究院黑龙江水产研究所, 黑龙江 哈尔滨 150070;
3. 四川农业大学 动物科技学院, 四川 雅安 625014;
4. National Center for Cool and Cold Water Aquaculture, ARS-USDA, Kearneysville, WV 25430, USA;
5. 厦门大学 海洋与地球学院, 福建省海洋生物资源开发利用协同创新中心, 福建 厦门 361102

摘要: 本研究旨在对国内虹鳟(*Oncorhynchus mykiss*)代表性养殖群体开展全基因组水平的遗传评估。利用 57K 单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP)芯片, 检测了来自不同地域的 6 个虹鳟养殖群体样本共计 48 尾, 包括黑龙江虹鳟、黑龙江金鳟、四川虹鳟、四川金鳟、北京虹鳟和北京金鳟, 共获得有效 SNP 位点 50201 个, 在中国虹鳟中的多态比例达到 97.7%, 表明该芯片虽然基于美国和挪威虹鳟群体设计, 但对中国群体同样具有良好的适用性。各群体最小等位基因频率均值为 0.240~0.267, 与国外主流养殖群体相近, 黑龙江虹鳟、四川虹鳟和北京虹鳟群体内遗传多样性丰富, 多态位点比例为 83.6%~84.9%, 与国外主流养殖群体相近, 而黑龙江金鳟、四川金鳟和北京金鳟, 多态位点比例相对较低, 在 60.2%~76.9% 范围内。应用 6 个中国虹鳟群体和 2 个美国虹鳟群体数据开展系统发育分析、主成分分析和群体遗传结构 STRUCTURE 分析, 结果显示 8 个群体可分为 3 个祖源类群, 其中 3 个金鳟群体为遗传联系较紧密的一个类群, 黑龙江虹鳟和北京虹鳟为一个类群, 而四川虹鳟与 2 个美国虹鳟群体为一个类群, 部分中国养殖群体中有显著离群个体存在, 表明群体遗传背景不均一。本研究表明, 高密度 SNP 芯片在我国虹鳟养殖群体遗传分析中具有广泛的应用前景, 能够为种质资源评估、本土化良种培育、制种和引种工作提供基因组水平的参考信息。

关键词: 虹鳟; SNP 芯片; 遗传多态性; 群体结构

中图分类号: S917

文献标志码: A

文章编号: 1005-8737-(2018)03-0485-09

虹鳟(*Oncorhynchus mykiss*)是世界性的养殖鱼类, 自 19 世纪在美国人工养殖成功以来, 养殖地域逐步扩大到除南极洲以外的所有大陆, 目前纳入联合国粮食与农业组织(Food and Agriculture Organization of the United Nations, FAO)虹鳟年度产量统计的国家已达 80 多个^[1]。中国虹鳟养殖始于 1959 年, 多年来曾从朝鲜、美国、日本、挪威、丹麦等不同国家多次引种, 并开展本土化繁育, 目前在 20 多个省市都有养殖, 是国内产量最高的冷水鱼养殖品种, 具有重要的经济价值^[2]。但中

国并非虹鳟原产地, 缺乏自然栖息群体, 育种群体的遗传多样性受限于少量的引进亲本, 可能存在种质退化的风险, 此外自繁制种现象在一些小规模养殖机构普遍存在, 带来系谱缺失、近亲繁殖、遗传背景混杂等隐患, 因而, 迫切需要厘清中国虹鳟养殖群体遗传结构, 基于全面的基因组信息规划科学的制种、育种方案。

目前, 来自多个国家的研究团队均致力于虹鳟基因组资源开发, 并倡导基因型、表型数据的标准化与国际合作^[3-4], 其中法国国家农业科学

收稿日期: 2017-09-19; 修订日期: 2018-01-02.

基金项目: 国家科技支撑计划项目(2015BAD25B01); 中国水产科学研究院基本科研业务费专项(2015C007).

作者简介: 赵紫霞(1983-), 女, 博士, 副研究员, 从事水产生物技术研究.

通信作者: 赵紫霞, 副研究员, E-mail: zhaozx@cafs.ac.cn. 徐鹏, 教授. E-mail: xupeng77@xmu.edu.cn

研究院(Institut national de la Recherche Agronomique, INRA)Guiguen 团队于 2014 年发表了虹鳟第一个全基因组组装版本^[5], 美国农业部(United States Department of Agriculture, USDA)国家冷水渔业研究中心(National Center for Cool and Cold Water Aquaculture, NCCCWA) Palti 团队于 2015 年构建了虹鳟第一张高密度单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP)芯片, 覆盖了虹鳟全基因组范围内的 57501 个 SNP 位点, 并将其应用于种群遗传评估^[6]、全基因组关联分析^[7]和基因组选择育种^[8]。

本研究采集了中国不同地域的 6 个虹鳟代表性养殖群体样本, 应用 NCCCWA 的 57K 虹鳟芯片进行高通量 SNP 分型检测, 对各群体遗传多态性及群体遗传结构进行分析, 以期为国内虹鳟本土化良种培育、制种和引种工作提供借鉴。

1 材料与方 法

1.1 实验材料

黑龙江养殖虹鳟群体 2 个, 分别记为黑龙江虹鳟(1HLJ)和黑龙江金鳟(2gHLJ), 采自中国水产科学研究院黑龙江水产研究所渤海冷水性鱼试验站; 四川养殖虹鳟群体 2 个, 分别记为四川虹鳟(3SC)和四川金鳟(4gSC), 采自四川省都江堰市通威三文鱼有限公司养殖基地; 北京养殖虹鳟群体 2 个, 分别记为北京虹鳟(5BJ)和北京金鳟(6gBJ), 采自北京市怀柔区卧佛山庄养殖有限公司养殖基地。每个群体采样 30 尾, 剪取尾鳍贴于干燥的滤纸上, 56℃ 烘干 6 h, 常温保存。

1.2 芯片分型

使用海洋动物基因组 DNA 提取试剂盒(天根生化)提取虹鳟基因组 DNA, 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 完整性, Nano Drop 8000 超微量紫外可见分光光度计(Thermo Fisher)检测 DNA 纯度和浓度, 线粒体控制区测序检测个体单倍型。每个群体选取 DNA 质量高、具有不同单倍型的 8 个样本用于 57K 虹鳟 SNP 芯片(Affymetrix)分型, 分型实验由纽勤生物科技(上海)有限公司完成, 使用 SNPolisher(Affymetrix)读取分型数据。使用 PLINK 1.09 <http://pngu.mgh.harvard.edu/purcell/>

plink/进行分型结果过滤和统计^[9], 个体置信标准设为 call rate (CR)>90%, 位点置信标准设为 CR>97% (用于系统发育分析的位点, CR>99.9%), 最小等位基因频率(minor allele frequency, MAF)均值在各群体的多态位点中计算^[6]。

1.3 系统发育分析

使用 CLC Genomics Workbench 9.5.4 生物信息学平台, 应用最大似然法(Maximum Likelihood, ML)构建系统发育树, bootstrap 重复次数设为 1000。美国虹鳟群体数据^[6]来自 NCCCWA, 包括抗细菌性冷水病(Bacterial Cold Water Disease, BCWD)作图群体样本 13 尾, 记为美国虹鳟 1(NCCCWA1), 以及生长选育群体亲本 14 尾, 记为美国虹鳟 2(NCCCWA2)。

1.4 群体遗传分析

使用 PLINK 1.09 进行主成分分析(Principal Component Analysis, PCA), 使用 OriginPro 8 作图。使用 STRUCTURE 2.3.4 <http://pritch.bsd.uchicago.edu/structure.html> 进行群体遗传结构分析^[10-12], K 值依次取 2~8, 使用 Excel 作图。

2 结果与分析

2.1 样本数目合理性评估

使用 2 个美国群体芯片分型数据, 在各群体内随机选取特定数目的个体, 统计多态性位点数目并计算多态性比例, 结果如图 1 所示, 其中有效位点总数为 49468 个。由图可见, 统计获得的多态性位点随样本数 N 增加而增加, 但增幅逐渐趋于平缓: 在 $N=6$ 时, 群体 NCCCWA1 多态性位

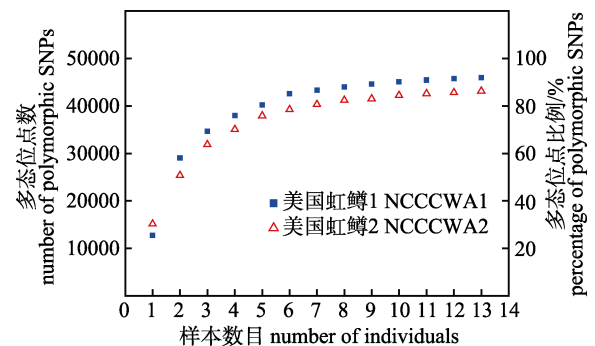


图 1 不同样本数目下的群体多态位点统计

Fig. 1 Statistic of polymorphic SNPs in each population at different sample numbers

点比例为 86.0%，群体 NCCCWA2 多态性位点比例为 79.2%； $N=8$ 时，群体 NCCCWA1 多态性位点比例为 89.0%，群体 NCCCWA2 多态性位点比例为 83.3%； $N=13$ 时，群体 NCCCWA1 多态性位点比例为 92.8%，群体 NCCCWA2 多态性位点比例为 87.1%。结果显示群体内检测样本数大于 6 后，多态位点数基本平稳，呈现出稳定的群体间差异。

2.2 虹鳟代表性养殖群体多态性比较

从 6 个中国虹鳟代表性养殖群体中各选取 8 个样本，使用 57K SNP 芯片进行分型检测，48 尾个体全部通过 $CR>90\%$ 的置信筛选标准，共 50201 个 SNP 位点通过 $CR>97\%$ 的置信筛选标准。多态性位点统计结果如表 1 所示，在中国养殖虹鳟的 6 个群体间，多态位点比例高达 97.7%，而在

表 1 虹鳟代表性群体多态性 SNP 位点数目和比例
Tab. 1 Number and percentage of polymorphic SNPs in representative rainbow trout populations

群体 population	国别 country	描述 description	样本数 number of individuals	有效位点数 number of effective SNPs	多态位点数 number of polymorphic SNPs	多态位点 比例/% percentage of polymorphic SNPs	最小等位基因 频率均值 average of minor allele frequency	数据来源 data re- source
黑龙江虹鳟 1HLJ	中国 China	黑龙江省养殖群体 cultured population from Heilongjiang Province	8	50201	42226	84.1	0.262	本研究 this study
黑龙江金鳟 2gHLJ	中国 China	黑龙江省养殖群体 cultured population from Heilongjiang Province	8	50201	42643	60.2	0.267	本研究 this study
四川虹鳟 3SC	中国 China	四川省养殖群体 cultured population from Sichuan Province	8	50201	41959	84.9	0.260	本研究 this study
四川金鳟 4gSC	中国 China	四川省养殖群体 cultured population from Sichuan Province	8	50201	30244	76.9	0.256	本研究 this study
北京虹鳟 5BJ	中国 China	北京市养殖群体 cultured population from Beijing	8	50201	38618	83.6	0.264	本研究 this study
北京金鳟 6gBJ	中国 China	北京市养殖群体 cultured population from Beijing	8	50201	37896	75.5	0.247	本研究 this study
中国虹鳟 Total	中国 China	6 个中国群体汇总 total of 6 Chinese populations	48	50201	49049	97.7	0.240	本研究 this study
NCCCWA1	美国 USA	抗病作图群体 bacterial cold water disease mapping source population	13	49468	45928	92.8	0.26	Palti 等 ^[6] Palti et al ^[6]
NCCCWA2	美国 USA	生长选育群体亲本 growth select broodstock	14	49468	43425	87.8	0.25	Palti 等 ^[6] Palti et al ^[6]
Troutlodge1	美国 USA	Kamploop 品系 Kamploop strain	25	49468	40917	82.7	0.24	Palti 等 ^[6] Palti et al ^[6]
Troutlodge2	美国 USA	Jumpers 品系 Jumpers strain	24	49468	44467	89.9	0.24	Palti 等 ^[6] Palti et al ^[6]
Hagerman	美国 USA	爱达荷州群体亲本 Idaho broodstock	21	49468	44262	89.5	0.25	Palti 等 ^[6] Palti et al ^[6]
UC Davis1	美国 USA	Hofer 品系 Hofer strain	12	49468	31935	64.6	0.25	Palti 等 ^[6] Palti et al ^[6]
UC Davis2	美国 USA	加利福尼亚金鳟 California golden trout	11	49299	10577	21.5	0.22	Palti 等 ^[6] Palti et al ^[6]
UC Davis3	美国 USA	Little Kern 金鳟 Little Kern golden trout	6	49375	14720	29.8	0.24	Palti 等 ^[6] Palti et al ^[6]
INRA1	法国 France	Sy 群体 Sy population	14	49468	45120	91.2	0.26	Palti 等 ^[6] Palti et al ^[6]
INRA2	法国 France	Prt 群体 Prt population	12	49468	41786	84.5	0.26	Palti 等 ^[6] Palti et al ^[6]

各群体内部，多态位点比例存在一定差异，3 个体色青黑的虹鳟群体，包括黑龙江虹鳟、四川虹鳟、北京虹鳟，多态位点比例较高，在 83.6%~84.9% 之间，而 3 个体色金黄的虹鳟群体，即国内命名为“金鳟”的品系，多态位点比例相对较低，且群体间有明显差异，在 60.2%~76.9% 范围内。

2.3 系统发育分析

将存在分型结果缺失的 SNP 位点全部剔除，获得无缺失位点共计 33442 个，基于该组位点进行系统发育分析，分别使用 ML 法和邻接法 (neighbor joining, NJ) 构建的系统发育树具有一致的拓扑结构，其中 ML 树见图 2。系统发育树中个

体的聚类表现与其群体来源基本相符，即来源于同一养殖群体的样本间遗传距离较近，倾向于聚为一支。在不同群体间，金鳟个体的聚类倾向尤其明显，24 尾金鳟样本中有 18 尾紧密聚集成簇，包括黑龙江金鳟群体的全部个体，以及四川金鳟群体和北京金鳟群体的多数个体。此外，黑龙江虹鳟群体与北京虹鳟群体中的部分个体也表现出聚集倾向。

2.4 PCA 分析

基于主成分 1 和主成分 2 绘制 PCA 图(图 3)，结果显示来自 8 个虹鳟养殖群体的 75 尾个体大致聚为 3 簇：其中金鳟个体聚集较为紧密，且与其

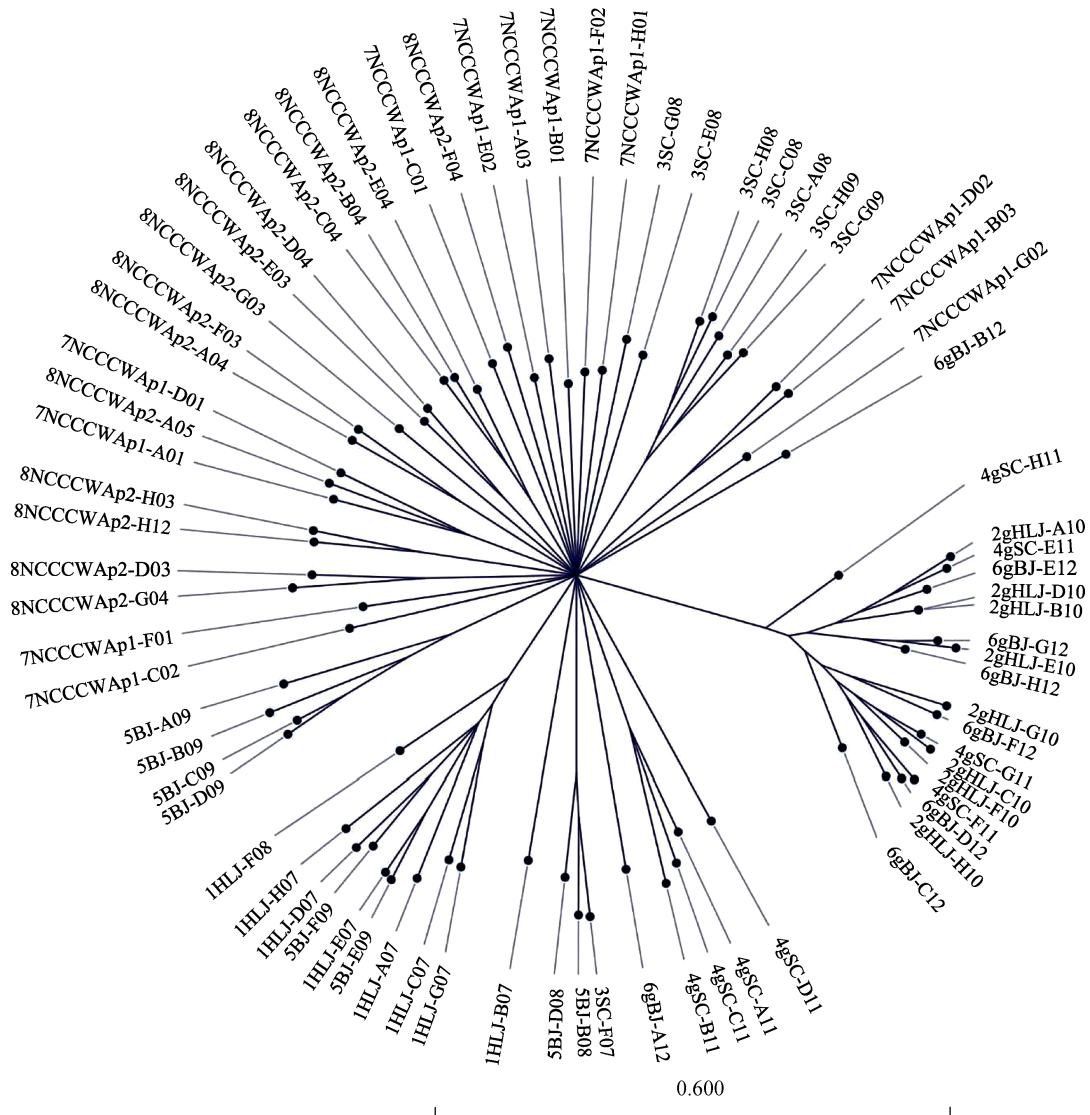


图 2 来自 8 个养殖群体的 75 尾虹鳟个体系统发育树
Fig. 2 Phylogenetic tree of 75 rainbow trout individuals from 8 cultured populations

他群体距离较远, 该簇包含了黑龙江金鳟群体的全部个体, 以及四川金鳟群体和北京金鳟群体的多数个体; 黑龙江虹鳟和北京虹鳟群体的多数个体, 与 1 尾四川虹鳟共同聚为一簇; 美国虹鳟群体 NCCCWA2 的全部个体, 以及 NCCCWA1 和四川虹鳟的多数个体聚成较为松散的一簇; 其他离群个体则分布在 3 簇的中间区域, 但与金鳟群体簇相距较远, 更靠近中国虹鳟群体簇和美国 NCCCWA 群体簇。

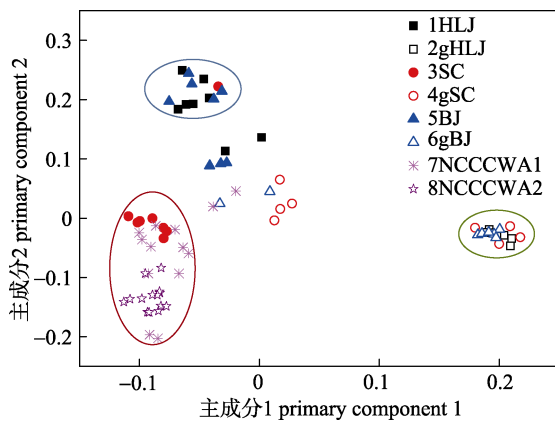


图 3 来自 8 个养殖群体的 75 尾虹鳟个体主成分分析
Fig. 3 Principal component analysis for 75 rainbow trout individuals from 8 cultured populations

2.5 遗传结构分析

图 4 展示了 K 为不同取值时各虹鳟养殖群体的 STRUCTURE 遗传结构图, 图中不同颜色代表不同的祖源成分。 $K=3$ 的假设下, 遗传结构分析结果与群体地理分布和性状特征吻合程度最高, 也与 PCA 图中的聚类结果相符。

当 $K=3$ 时, 我们根据各祖源成分在当前养殖群体中的分布, 将其中蓝色命名为中国虹鳟组分, 黄色命名为金鳟组分, 橙色命名为美国 NCCCWA 虹鳟组分。由图可见, 黑龙江虹鳟、美国 NCCCWA1、NCCCWA2 群体具有相似的群体结构, 群体内的个体都以同一种祖源成分占主导地位, 并与另外一种或两种祖源成分发生少量均匀渐渗, 其中美国 NCCCWA2 群体的渐渗比例较低, 个体间的渐渗比例差异较小; 黑龙江金鳟、北京虹鳟群体遗传组成则具有更高的单一性, 仅有部分个体中存在其他祖源成分的少量渐渗; 而在四

川虹鳟、四川金鳟、北京金鳟群体内, 个体间遗传背景差异较大, 部分个体的祖源成分与群体内其他个体明显不同, 如 3SC-F07, 4gSC-A11, 6gHLJ-A12 等。

在假设祖源群体数更少时, 即 $K=2$ 时, 中国虹鳟与美国 NCCCWA 虹鳟合为一群, 金鳟仍为独立的一群, 四川金鳟、北京金鳟群体中的 6 尾个体具有与青黑色虹鳟群体相似的遗传背景。

而在假设祖源群体数更多时, 即 $K>3$ 时, 中国虹鳟、金鳟、美国 NCCCWA 虹鳟 3 种组分划分的整体趋势不变, 在中国虹鳟组分内部出现更细分的小群体组分, 但不具有明显的规律性。

3 讨论

近十余年来, 养殖鱼类遗传多样性和群体遗传结构研究受到越来越多的关注, 所采用的技术手段以微卫星和随机扩增多态性 DNA (randomly amplified polymorphic DNA, RAPD) 标记分析为主, 例如赵莹莹等^[13]2006 年利用 14 对微卫星标记对 6 个虹鳟群体进行了遗传多样性分析, 于冬梅等^[14]2007 年利用 20 对微卫星标记对 3 个虹鳟群体进行了遗传结构分析, 刘哲等^[15]2010 年利用 20 对 RAPD 标记对 3 个虹鳟群体进行了遗传多样性和遗传结构分析, 徐浩等^[16]2013 年利用 30 对微卫星标记对 4 个虹鳟群体进行了遗传多样性分析。与 RAPD 和微卫星等第一、第二代分子标记相比, 第三代分子标记 SNP 为二态性标记, 即每个标记仅有 2 个等位基因, 这使得单个 SNP 标记所包含的信息量较少, 在低通量分型时代限制了 SNP 标记的实际应用^[17]。但二态性标记同时具有分型结果易自动化识别、易批量处理的优势, 在高通量检测和分析中应用潜力巨大, SNP 分型位点数可以轻易达到数万甚至数十万, 不仅弥补了单标记信息量不足的缺点, 还可以提供全面覆盖完整基因组的多态性评估和群体遗传结构信息, 因而高通量 SNP 分析正在逐渐成为重要农业物种遗传分析的主流技术手段^[18-21]。

本研究使用美国 NCCCWA 开发的虹鳟 57K SNP 芯片对国内代表性虹鳟养殖群体进行分型检测。检测前, 首先利用已发表的美国虹鳟群体分

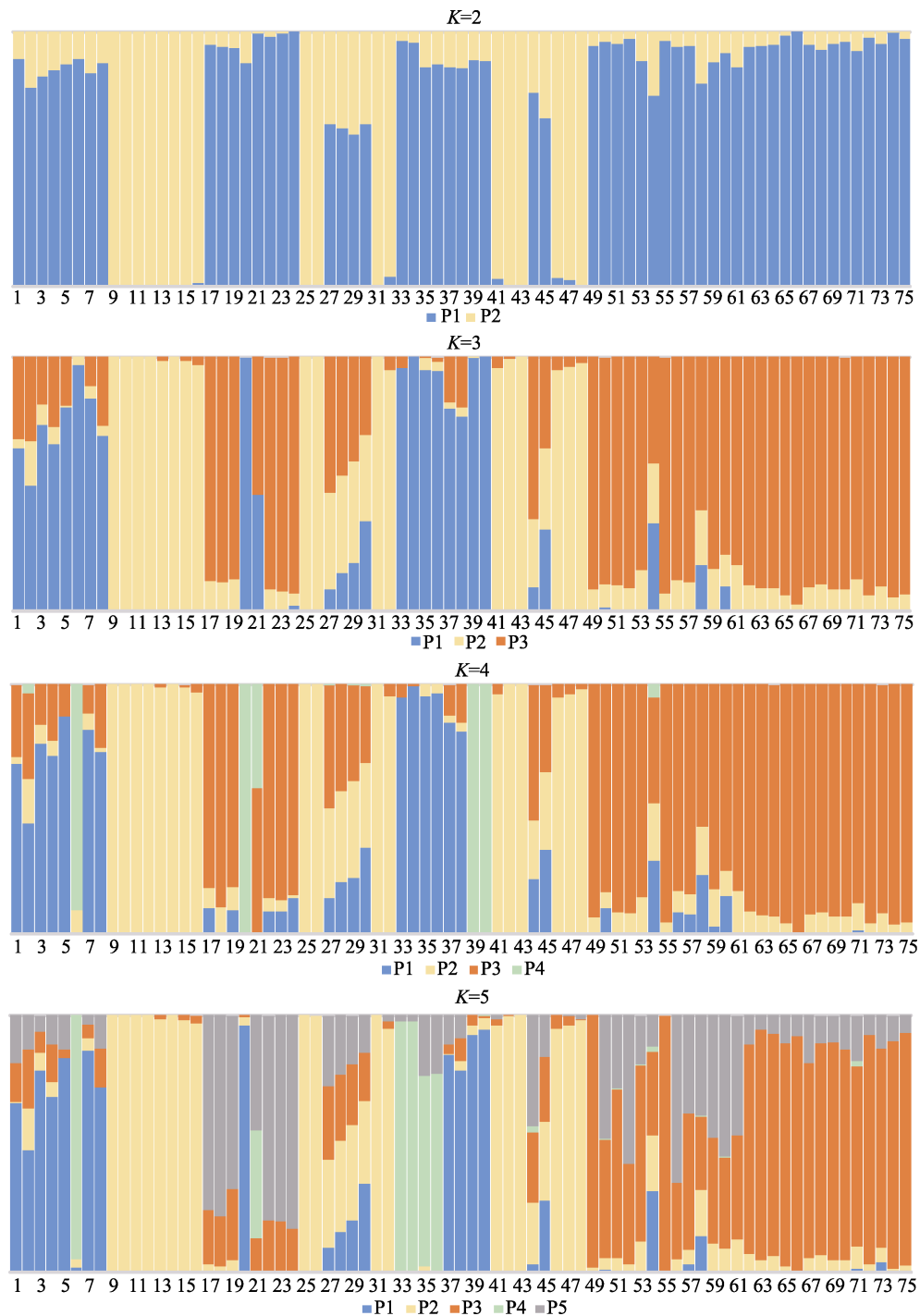


图 4 来自 8 个养殖群体的 75 尾虹鳟个体遗传结构分析

每种颜色代表一种假定的祖源成分，每条柱状代表一尾个体，1–8: 1HLJ，黑龙江虹鳟；9–16: 2gHLJ，黑龙江金鳟；17–24: 3SC，四川虹鳟；25–32: 4gSC，四川金鳟；33–40: 5BJ，北京虹鳟；41–48: 6gBJ，北京金鳟；49–61: 7NCCCWA1，美国 NCCCWA 抗病作图群体；62–75: 8NCCCWA2，美国生长选育群体。

Fig. 4 STRUCTURE analysis for 75 rainbow trout individuals from 8 cultured populations

Each colour represents one putative ancestral fraction. Each bar represents one individual. 1–8: 1HLJ, rainbow trout from Heilongjiang Province; 9–16: 2gHLJ, golden trout from Heilongjiang Province; 17–24: 3SC, rainbow trout from Sichuan Province; 25–32: 4gSC, golden trout from Sichuan Province; 33–40: 5BJ, rainbow trout from Beijing city; 41–48: 6gBJ, golden trout from Beijing; 49–61: 7NCCCWA1, bacterial cold water disease mapping source population from NCCCWA, USA; 62–75: 8NCCCWA2, growth select broodstock from NCCCWA, USA.

型数据开展样本数目合理性评估,以期获得用于群体遗传分析的最低样本数。图 1 显示,同一群体内采样数达到 6 尾时($N=6$),所捕获的多态位点已占到 $N=13$ 时多态位点数的 90%以上,换言之,大部分多态位点在 $N=6$ 时已经被发现,继续提升样本数对发掘新的多态位点贡献较小。而在不同群体间,多态位点的数目(或比例)具有明显差异,可以作为所在群体的特征性指标。以上结果表明 $N=6$ 是该芯片用于养殖群体遗传分析的最低样本数,低于常规微卫星标记分析所用的 30 尾左右样本。为确保结果的稳定性,本研究将各群体分型样本数定为 $N=8$ 。

选取纬度和自然环境差别显著的 3 个虹鳟养殖区作为采样地,包括黑龙江省宁安市、北京市怀柔区、四川省都江堰市,每个采样地分别采集体色易区分的“虹鳟”(青黑体色)和“金鳟”(金黄色体色)两个品系样本,将 SNP 分型统计数据与 Palti 等^[6]报道的 10 个国外养殖群体数据进行对比。由表 1 可见,中国虹鳟($N=48$)整体在该芯片上表现出极高的多态性,多态位点比例达到 97.7%,虽然该芯片设计时选取的 SNP 位点主要来自美国 USDA 和挪威 AquaGen 公司的实验鱼,但对中国群体同样具有良好的适用性。

从各群体水平来看,3 个体色青黑的虹鳟群体遗传多态性较为丰富,无论是多态位点比例,还是 MAF 均值,都与国外主流养殖群体相近。3 个金鳟群体的遗传多态性则略低,多态位点比例为 60.2%~76.9%,而国外主流养殖群体多在 80%以上,MAF 均值与国外养殖群体相近。值得注意的是,国外代表性养殖群体中也包括 2 个金鳟群体,即来自加州大学戴维斯分校的加利福尼亚金鳟和 Little Kern 金鳟,多态位点比例更低,分别为 21.5%和 29.8%,这些结果提示国内外金鳟都是特化程度较高的虹鳟群体,大量位点处于纯合状态,因而表现出较低的遗传多态性。

系统发育分析进一步展示了金鳟与虹鳟个体间的遗传关系,大多数金鳟个体间的遗传距离很近,在系统发育树上聚成紧密的一支,它们在 PCA 图中密集成簇分布(深绿色圈内),而在 STRUCTURE 图中则呈现出相同的祖源成分(黄

色),这也与徐浩等^[16]2013 年的研究结果相吻合,该研究表明国内被视为两个品系的“日本金鳟”和“美国金鳟”,遗传距离实际较近,而与其他体色青黑的“虹鳟”品系或群体遗传距离较远。系统发育树中不与多数金鳟聚集的金鳟个体共 6 尾,包括四川金鳟中的 4gSC-A11, 4gSC-B11, 4gSC-C11, 4gSC-D11, 北京金鳟中的 6gBJ-A12, 6gBJ-B12, 它们在 PCA 图中也表现为离群个体,位于 3 个群体簇的中间地带,并且更靠近美国 NCCCWA 群体簇。STRUCTURE 图($K=3$)的显示效果更为直观,这 6 尾离群金鳟基因组内金鳟祖源成分仅占 26.8%~40%,其他祖源成分在基因组内占到了主导地位。可以推测,苗种场在繁育系谱中引入了非金鳟亲本,虽然后代仍保持金黄色体的外观,但其遗传组成已经发生改变。

在系统发育树中,5 个体色青黑的虹鳟群体间的遗传关系体现得并不明显。来自北京虹鳟群体的 2 尾个体与 7 尾黑龙江虹鳟聚成一支,表明这两个群体间可能有较近的亲缘关系,而其他的虹鳟群体间没有显示出明显的联系。PCA 图则提供了更多的线索,黑龙江虹鳟与北京虹鳟聚成一簇,而四川虹鳟与 2 个美国 NCCCWA 群体聚成松散的一簇,各群体均有少量离群个体存在,其中 1 尾四川虹鳟还与黑龙江虹鳟和北京虹鳟聚至一簇。STRUCTURE 图($K=3$)进一步验证了群体间的遗传关系,黑龙江虹鳟与北京虹鳟有相同的祖源成分,黑龙江虹鳟群体中较为均匀地发生了其他祖源成分的渐渗,约占个体基因组的 30%左右,推测是有计划地与其他品种杂交进行遗传改良的结果。两个美国 NCCCWA 群体遗传结构与黑龙江虹鳟相似,以一种祖源成分为主,带有金鳟祖源成分的均匀渐渗,NCCCWA1 群体中的部分个体还携带了中国虹鳟祖源成分。四川虹鳟群体中的大部分个体与美国 NCCCWA 群体有相同的祖源成分,很可能原种引自 USDA,而其中个体 3SC-F07 遗传背景与群体中其他个体完全不同,具有与黑龙江虹鳟和北京虹鳟相同的祖源成分,个体 3SC-G08 则是两种祖源成分各占一半,可能为二者的杂交子一代。由于气候原因,中国南方地区人工繁殖虹鳟具有一定的技术难度,南方虹

鳟养殖场常常从北方苗种场直接购进部分发眼卵或仔稚鱼,这可能是四川虹鳟养殖群体遗传背景不均一的原因。

由以上分析可见,将 57K 虹鳟 SNP 芯片应用于国内虹鳟代表性养殖群体的遗传分析,能够提供群体遗传多态性、群体遗传结构及群体间遗传关系的丰富信息,且方便与国际虹鳟研究的科学共同体进行数据交流和比较分析,在种质资源评估及育种、引种实践中具有广泛的应用前景。

参考文献:

- [1] Hu G, Wang B Q. An overview of global rainbow trout breeding industry with insight into reference to China[J]. Chinese Journal of Fisheries, 2017, 30(3): 1-6. [户国, 王炳谦. 国际虹鳟育种产业简介及其对我国的借鉴意义[J]. 水产学杂志, 2017, 30(3): 1-6.]
- [2] Sun D J, Wang B Q. Aquaculture of salmonids in China[J]. Chinese Journal of Fisheries, 2010, 23(2): 56-63. [孙大江, 王炳谦. 鲑科鱼类及其养殖状况[J]. 水产学杂志, 2010, 23(2): 56-63.]
- [3] Abdelrahman H, Elhady M, Alcivar-Warren A, et al. Aquaculture genomics, genetics and breeding in the United States: current status, challenges, and priorities for future research[J]. BMC Genomics, 2017, 18: 191.
- [4] Macqueen D J, Primmer C R, Houston R D, et al. Functional annotation of all salmonid genomes (FAASG): an international initiative supporting future salmonid research, conservation and aquaculture[J]. BMC Genomics, 2017, 18: 484.
- [5] Berthelot C, Brunet F, Chalopin D, et al. The rainbow trout genome provides novel insights into evolution after whole-genome duplication in vertebrates[J]. Nature Communications, 2014, 5: 3657.
- [6] Palti Y, Gao G, Liu S, et al. The development and characterization of a 57K single nucleotide polymorphism array for rainbow trout[J]. Molecular Ecology Resources, 2015, 15: 662-672.
- [7] Gonzalez-Pena D, Gao G, Baranski M, et al. Genome-wide association study for identifying loci that affect fillet yield, carcass, and body weight traits in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*)[J]. Frontiers in Genetics, 2016, 7: 203.
- [8] Vallejo R L, Leeds T D, Gao G, et al. Genomic selection models double the accuracy of predicted breeding values for bacterial cold water disease resistance compared to a traditional pedigree-based model in rainbow trout aquaculture[J]. Genetics Selection Evolution, 2017, 49: 17.
- [9] Purcell S, Neale B, Todd-Brown K, et al. PLINK: a toolset for whole-genome association and population-based linkage analysis[J]. American Journal of Human Genetics, 2007, 81(3): 559-575.
- [10] Falush D, Stephens M, Pritchard J K. Inference of population structure using multi locus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies[J]. Genetics, 2003, 164(4): 1567-1587.
- [11] Hubisz M J, Falush D, Stephens M, et al. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information[J]. Molecular Ecology Resources, 2009, 9(5): 1322-1332.
- [12] Ramasamy R K, Ramasamy S, Bindroo B B, et al. STRUCTURE PLOT: a program for drawing elegant STRUCTURE bar plots in user friendly interface[J]. SpringerPlus, 2014, 3: 431.
- [13] Zhao Y Y, Zhu X C, Sun X W. Genetic diversity of the cultured populations of six rainbow trout *Oncorhynchus mykiss* by microsatellite[J]. Hereditas (Beijing), 2006, 28(8): 956-962. [赵莹莹, 朱晓琛, 孙效文. 虹鳟 6 个养殖群体遗传多样性的微卫星分析[J]. 遗传, 2006, 28(8): 956-962.]
- [14] Yu D M, Ma H T, Sun X W. Genetic diversity in three rainbow trout populations as revealed by microsatellite markers[J]. Chinese Journal of Zoology, 2007, 42(4): 8-14. [于冬梅, 马海涛, 孙效文. 三个虹鳟养殖群体遗传结构的微卫星分析[J]. 动物学杂志, 2007, 42(4): 8-14.]
- [15] Liu Z, Li Q S, Cai Y, et al. Study on genetic structure and genetic diversity of three populations of trout (*Oncorhynchus mykiss*)[J]. Journal of Hydroecology, 2010, 3(2): 48-53. [刘哲, 李勤慎, 蔡原, 等. 3 种虹鳟养殖群体的遗传结构及遗传多样性分析[J]. 水生态学杂志, 2010, 3(2): 48-53.]
- [16] Xu H, Lu C Y, Guo W, et al. Identification and genetic diversity analysis of four rainbow trout strains using microsatellites[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2013, 20(1): 713-721. [徐浩, 鲁翠云, 郭薇, 等. 4 个虹鳟养殖品系的分子鉴定和遗传多样性分析[J]. 中国水产科学, 2013, 20(1): 713-721.]
- [17] Vignal A, Milan D, SanCristobal M, et al. A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics[J]. Genetics Selection Evolution, 2002, 34: 275-305.
- [18] Rasheed A, Hao Y, Xia X, et al. Crop breeding chips and genotyping platforms: progress, challenges, and perspectives[J]. Molecular Plant, 2017, 10(8): 1047-1064.
- [19] Picard B, Lebret B, Cassar-Malek I, et al. Recent advances in omic technologies for meat quality management[J]. Meat Science, 2015, 109: 18-26.
- [20] Hulsege B, Calus M P, Windig J J, et al. Selection of SNP from 50K and 777K arrays to predict breed of origin in cat-

tle[J]. *Journal of Animal Science*, 2013, 91(11): 5128-5134.
[21] Xu J, Zhao Z, Zhang X, et al. Development and evaluation of

the first high-throughput SNP array for common carp (*Cyprinus carpio*)[J]. *BMC Genomics*, 2014, 15: 307.

Genome-wide genetic analysis of cultured rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) populations in China

ZHAO Zixia¹, XU Jian¹, BAI Qingli², YANG Shiyong³, JIANG Likun¹, CHEN Baohua¹, Palti Yniv⁴, Gao Guangtu⁴, XU Peng^{1,5}

1. Key Laboratory of Aquatic Genomics, Ministry of Agriculture; Beijing Key Laboratory of Fishery Biotechnology, Chinese Academy of Fishery Sciences, Beijing 100141, China;
2. Heilongjiang Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Harbin 150070, China;
3. College of Animal Science and Technology, Sichuan Agricultural University, Ya'an 625014, China;
4. National Center for Cool and Cold Water Aquaculture, ARS-USDA, Kearneysville, WV 25430, USA;
5. Fujian Collaborative Innovation Center for Exploitation and Utilization of Marine Biological Resources; College of Ocean and Earth Sciences, Xiamen University, Xiamen 361102, China

Abstract: The present study aimed to perform a genome-wide genetic evaluation of representative aquaculture populations of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) in China. A 57K single nucleotide polymorphism (SNP) array that was designed by the National Center for Cool and Cold Water Aquaculture (NCCCWA) was used to genotype 48 individuals from six aquaculture populations, which included the Heilongjiang rainbow trout (1HLJ), Heilongjiang golden trout (2gHLJ), Sichuan rainbow trout (3SC), Sichuan golden trout (4gSC), Beijing rainbow trout (5BJ), and Beijing golden trout (6gBJ). A total of 50,201 SNPs were successfully genotyped using a >97% call rate threshold, and the overall rate of polymorphism was 97.7%, which indicated that the SNP array was suitable for analyzing the Chinese rainbow trout populations, even though it was designed using USA and Norwegian populations. The average minor allele frequency of each population was between 0.240 and 0.267, which is similar to that reported for other major aquaculture populations. Genetic diversity was high in the 1HLJ, 3SC, and 5BJ populations, with rates of polymorphism ranging from 83.6% to 84.9%, which is similar to reported for other major aquaculture populations. However, genetic diversity was relatively low in the 2gHLJ, 4gSC, and 6gBJ populations, with rates of polymorphism ranging from 60.2% to 76.9%. Phylogenetic, principal components, and STRUCTURE analyses, which were performed using genotype data from the six Chinese populations and two USA populations, indicated that the eight populations could be clustered into three groups. The three golden trout groups and the 1HLJ and 5BJ populations formed respective clusters, whereas the 3SC population was placed in a third cluster with the two USA populations. Outliers were identified for the 3SC, 4gSC, and 6gBJ populations, which suggested that the populations possessed inhomogeneous genetic backgrounds. Together, these results demonstrate the promising potential of high-density SNP arrays for the genetic analysis of Chinese rainbow trout populations and that such analyses could provide genomic data for plasm resource evaluation, localized strain breeding, high-quality fry production, and reasonable foreign strain introduction.

Key words: *Oncorhynchus mykiss*; SNP array; genetic polymorphism; population structure

Corresponding author: ZHAO Zixia, E-mail: zhaozx@cafs.ac.cn; XU Peng, E-mail: xupeng77@xmu.edu.cn