

[引用格式] 苏财源, 蔡明夷, 邵鑫斌, 等. 闽浙沿海棘头梅童鱼种群遗传分化的基因组解析[J]. 集美大学学报(自然科学版), 2026, 31(1): 23-33. DOI:10.19715/j.jmuzz.2026.01.03.

闽浙沿海棘头梅童鱼种群遗传分化的基因组解析

苏财源¹, 蔡明夷^{1,2}, 邵鑫斌^{3,4}, 王志勇^{1,2}, 李 军^{1,2}, 叶 坤^{1,5}

- (1. 集美大学水产学院, 福建 厦门 361021; 2. 农业农村部东海海水健康养殖重点实验室, 福建 厦门 361021;
3. 浙江省海洋水产养殖研究所, 浙江 温州 325005;
4. 全省近岸生物种质资源保护与利用重点实验室, 浙江 温州 325005;
5. 福建省海洋渔业资源与生态环境重点实验室, 福建 厦门 361021)

[摘要] 闽浙沿海是海洋生物物种分化与融合的重要“热点”区域, 棘头梅童鱼 (*Collichthys lucidus*) 在该区域分化出南北两个谱系。为了查明棘头梅童鱼南北谱系交界区域的遗传结构及谱系分化的遗传基础, 本研究基于全基因组测序分析了舟山、瑞安、宁德和厦门 4 个地理群体的遗传结构及分化模式。遗传多样性分析结果显示, 棘头梅童鱼种群呈现显著的南北遗传分化, 分界区域位于宁德至瑞安一带。成对群体遗传分化指数 (F_{ST}) 分析表明, 远距离群体间分化高于近距离群体间, 性染色体分化程度最高, 除 Chr. 1 外各染色体内部均表现出一端分化较高的特征。选择性扫描与功能富集结果显示, 997 个高分化基因显著富集于能量代谢、免疫防御、环境胁迫应对等环境适应相关条目上。本研究结果提示, 地理隔离、环境选择, 以及性染色体与着丝粒的协同作用可能共同驱动了棘头梅童鱼南北谱系的遗传分化。

[关键词] 棘头梅童鱼; 全基因组重测序; 物种分化; 适应性进化; 性染色体; 地理隔离; 闽浙沿海

[中图分类号] S 917 [文章编号] 1007-7405(2026)01-0023-11 DOI:10.19715/j.jmuzz.2026.01.03

Genomic Analysis of Genetic Differentiation in Populations of *Collichthys lucidus* Along the Fujian-Zhejiang Coast

SU Caiyuan¹, CAI Mingyi^{1,2}, SHAO Xinbin^{3,4}, WANG Zhiyong^{1,2}, LI Jun^{1,2}, YE Kun^{1,5}

- (1. Fisheries College, Jimei University, Xiamen 361021, China;
2. Key Laboratory of Healthy Mariculture for the East China Sea, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Xiamen 361021, China;
3. Zhejiang Institute of Marine Aquaculture, Wenzhou 325005, China;
4. Key Laboratory for Conservation and Utilization of Nearshore Biological Germplasm Resources, Wenzhou 325005, China;
5. Key Laboratory of Marine Fishery Resources and Environmental Science of Fujian Province, Xiamen 361021, China)

Abstract: The Fujian-Zhejiang coastal region, located at the intersection of the East China Sea and South China Sea, represents a critical "hotspot" for marine biodiversity characterized by both species divergence and integration. *Collichthys lucidus*, a shallow-sea teleost species, has diverged into distinct northern and southern line-

[收稿日期] 2025-01-22

[基金项目] 国家自然科学基金项目 (31872553); 福建省自然科学基金项目 (2023J01768); 温州市社会发展科技项目 (ZS2020001); 福建省海洋渔业资源与生态环境重点实验室开放基金项目 (2023JD06); 农业农村部东海海水健康养殖重点实验室开放课题 (2022ESHML05); 中央引导地方科技发展资金项目 (2023ZY1056)

[通信作者] 叶坤, 实验师, 从事鱼类遗传育种研究。E-mail: kye1015@jmu.edu.cn

http://xuebaobangong.jmu.edu.cn/zkb

ges in this region. This species serves as an ideal model for investigating the genetic mechanisms underpinning speciation and adaptive evolution. To resolve the genetic structure at the interface of these lineages and elucidate the drivers of genetic differentiation, the whole-genome sequencing data from four geographically distinct populations of *C. lucidus* (Zhoushan [ZS], Ruian [RA], Ningde [ND], and Xiamen [XM]) was analyzed. Findings confirmed significant genetic differentiation between the northern and southern populations, with the boundary localized between Ningde and Ruian, aligning with the historical Taiwan land bridge. Pairwise genetic differentiation (F_{ST}) analysis revealed that genetic divergence was greater between the geographically distant ZS-XM populations than between the closer ND-RA populations. Among the chromosomes analyzed, sex chromosomes (Chr. 1, Chr. 7, and Chr. 8) exhibited the highest levels of genetic differentiation. Sliding window analysis further revealed a pattern of elevated differentiation at one terminal of most chromosomes, except Chr. 1. Selective sweep and functional enrichment analyses identified 997 highly differentiated genes significantly enriched in pathways related to energy metabolism, immune defense, and environmental stress response. These results suggest that geographic isolation, environmental selection, and the coordinated effects of sex chromosome divergence and centromeric structure have collectively driven the genetic differentiation of *C. lucidus*' northern and southern lineages.

Keywords: *Collichthys lucidus*; whole-genome resequencing; speciation; adaptive evolution; sex chromosomes; geographic isolation; Fujian-Zhejiang Coast

0 引言

闽浙沿海位于东海与南海的交界区域，其独特的地理位置与气候和地质变化历史使其成为物种分化与融合的“热点”区域^[1-2]。冰川时期，海平面下降，台湾海峡形成的陆桥隔绝了海洋物种间的交流，许多物种由于陆桥分隔产生遗传分化^[3-4]。间冰期，海平面上升，东海与南海重新连通，为种群的基因交流提供了机会^[5-6]。这些复杂的历史气候与地质事件、生态环境梯度共同塑造了该区域海洋生物趋同的系统地理特征，其中包括棘头梅童鱼（*Collichthys lucidus*）^[7]。棘头梅童鱼是一种小型、短距离洄游的浅海鱼类，广泛分布于西北太平洋边缘海，包括我国南海至日本九州的沿海水域^[8]。其广泛的地理分布和区域性分化特征，使其成为研究近海鱼类遗传分化和适应性进化机制的理想模型^[9]。已有研究表明，棘头梅童鱼的种群存在显著的南北遗传分化，分界线大致位于宁德至舟山一带^[10-12]。最近的研究^[13]发现，其南北谱系具有不同的复性染色体系统（ $X_1X_1X_2X_2/X_1X_2Y$ ）。这一特性不仅强化了棘头梅童鱼的研究价值，还提示染色体结构可能在其谱系分化中发挥重要作用。然而，目前针对棘头梅童鱼的种群遗传研究主要依赖于低通量的分子标记技术，导致交界区域（如宁德和温州种群）的谱系归属问题尚不明确，同时对于连通海域中维持南北谱系分化的遗传基础也缺乏深入认识。

高通量测序技术的快速发展为解决这些问题提供了突破性工具。相比传统分子标记，全基因组范围的单核苷酸多态性（SNP）数据分析具有更高的分辨率，不仅能够全面分析种群分化模式，还能挖掘影响分化的潜在功能基因和结构性因素，可为揭示生物进化与适应的分子机制提供重要线索^[14-15]。因此，本研究聚焦棘头梅童鱼南北谱系交界区域（闽浙沿海）的 4 个地理群体，利用全基因组 SNP 数据，探究棘头梅童鱼的遗传分化模式及驱动机制，为深入理解闽浙沿海鱼类的遗传分化和适应机制提供新视角，同

时为棘头梅童鱼的保护和渔业资源的可持续开发提供理论支持。

1 材料与方法

1.1 实验样品的采集

本研究选取舟山 (ZS)、瑞安 (RA)、宁德 (ND) 和厦门 (XM) 4 个地点为野生棘头梅童鱼的捕捞采样点 (见表 1)。各采样点样品数量分别为: 舟山 18 尾; 瑞安 20 尾; 宁德 20 尾; 厦门 16 尾。测量并记录样品的表型信息。剪取腹鳍鳍条, 置于无水乙醇中, 于 4 ℃ 保存 24 h 后, 更换乙醇再转入 -20 ℃ 保存以供后续分析使用。

表 1 棘头梅童鱼采样点信息表
Tab. 1 Locations for four populations
of *C. lucidus*

群体	样品捕捞位置	经纬度	
舟山	杭州湾	30°20′16. 8″N	121°43′03. 7″E
瑞安	飞云江口	27°40′57. 6″N	120°43′39. 9″E
宁德	三沙湾	26°41′13. 6″N	119°42′12. 0″E
厦门	九龙江口	24°25′16. 4″N	117°55′36. 0″E

1.2 基因组 DNA 的提取

使用 GENEray 的基因组 DNA 提取试剂盒, 从腹鳍鳍条中提取基因组 DNA。通过琼脂糖凝胶电泳和酶标仪检测 DNA 提取的质量和纯度, 使用 Qubit 仪器定量测定 DNA 的浓度。满足以下条件的 DNA 样品可用于后续建库: DNA 总量 ≥20 μg, A(260/280) 在 1.8 ~2.0 范围内, 且琼脂糖电泳条带清晰无拖带。合格 DNA 样品储存于 -20 ℃ 冰箱。

1.3 重测序与数据处理

对样品 DNA 进行全基因组重测序, 测序与文库构建由北京诺禾致源生物科技股份有限公司完成。使用 FastQC 软件对原始数据 (raw reads) 进行质控, 使用 Trimmomatic 软件过滤测序接头和低质量碱基, 获得高质量的 CR (clean reads)。使用 BWA 软件, 将 CR 比对到棘头梅童鱼参考基因组。通过 GATK 的 Picard 模块处理比对文件 (SAM 格式转为 BAM 格式), 并使用 SAMtools 构建索引。使用 GATK 工具将单样本 gVCF 文件合并为多样本 gVCF 文件, 联合基因分型后过滤 SNP 数据。过滤标准^[16]包括: 最小等位基因频率 (MAF) <25%; 样本检测缺失率 > 5%; SNP 检测缺失率 >5%; 哈代-温伯格平衡检验 *P* 值 <0. 001。

1.4 群体遗传结构分析

为消除性染色体对群体遗传结构分析的影响, 使用 VCFtools 剔除 SNP 数据集中性染色体 (Chr. 1、Chr. 7、Chr. 8) 的 SNP^[13]。基于 SNP 数据计算样本遗传距离, 生成距离矩阵文件 (. mat)。用 FastMe2 在线工具生成邻接树 (. nwk 格式), 通过 iTOL 平台进行可视化。使用 PLINK 软件进行主成分分析, 用 R 语言 ggplot2 程序包进行结果可视化。通过 ADMIXTURE 软件计算样本间亲缘关系, 假定祖先群体数量 (*K* 值) 为 1 ~5, 通过交叉验证误差 (CV error) 选择最优 *K* 值, 并结合 R 语言 pophelper 包可视化绘图。

1.5 群体遗传多样性分析

为了解棘头梅童鱼接触带群体的进化历史、杂合度和遗传多样性, 使用 Tajima's *D*、核苷酸多样性、观测杂合度、期望杂合度这 4 个指标进行定量分析。用 VCFtools 软件对 4 个地理群体进行单个 SNP 的 Tajima's *D*、核苷酸多样性的计算, 用 PLINK 软件进行期

望杂合度与观测杂合度的计算。将得到的单个 SNP 的 4 个指标值进行加权平均处理后列表呈现。

1.6 群体对全基因组遗传分化指数估算 (F_{ST})

将 4 个群体分为舟山-厦门（远距离组）和瑞安-宁德（近距离组）两个成对群体，分别提取每条染色体的 SNP 信息。使用 VCFtools，在全基因组范围内按 100 kb 非重叠滑动窗口估算 F_{ST} ，并使用 R 语言 ggplot2 程序包进行结果的可视化。

1.7 高分化基因的识别及功能富集

筛选 $F_{ST} > 0.25$ 的窗口区域，获取舟山-厦门和瑞安-宁德两个成对群体的交集区域。用 bedtools 软件提取交集区域的基因，并利用 KEGG 和 GO 数据库进行功能注释和富集分析。

2 结果

2.1 群体遗传结构分析

基于全基因组 SNP 数据，本研究挖掘出的 1 567 644 个高质量 SNP 标记，用于棘头梅童鱼群体遗传结构分析。系统发育树和主成分（PCA）分析显示，来自舟山与瑞安（北部群体）、宁德与厦门（南部群体）的样本分别聚为两大分支，呈现明显的南北分化格局（见图 1a、1b）。ADMIXTURE 分析结果显示，当 $K=2$ 时，交叉验证误差（CV error）最小（0.503，见图 1c），表明样本划分为两个群体最为合理。ADMIXTURE 分层图揭示，瑞安群体含有比量南方群组的遗传成分，提示存在南部谱系向北部谱系的基因流动（见图 1d）。

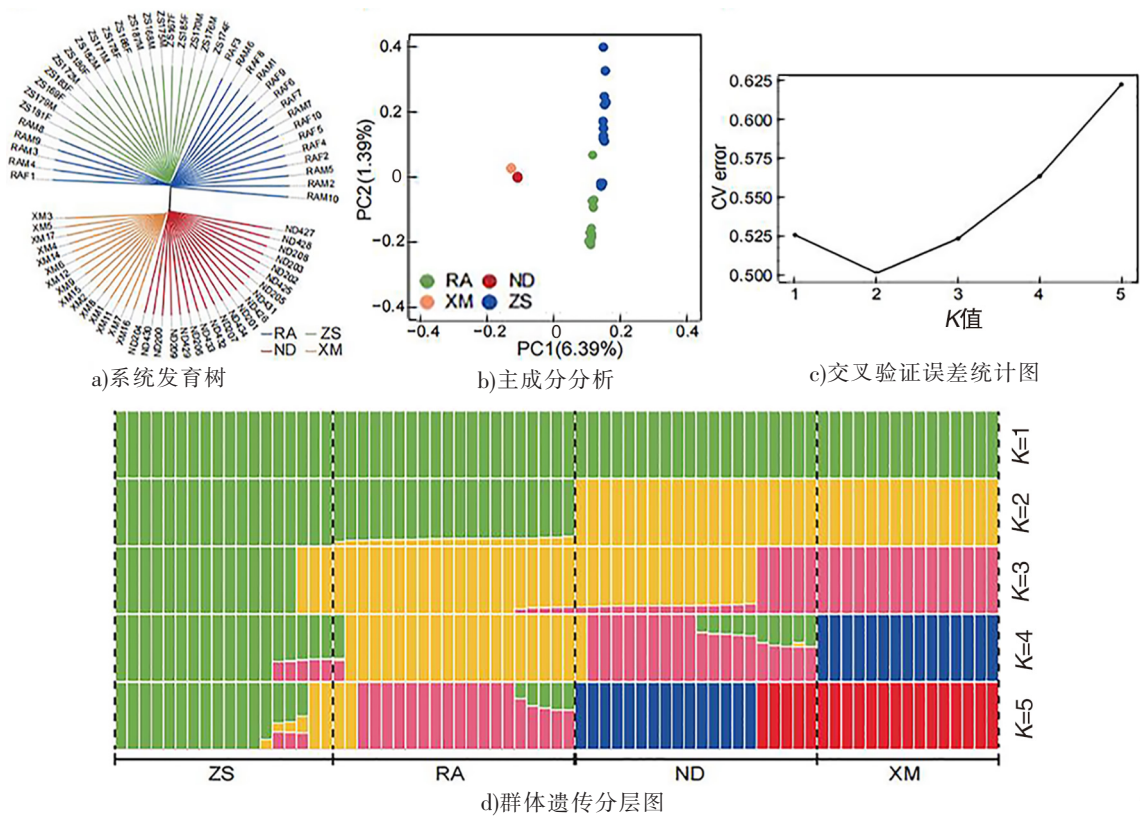


图 1 闽浙沿海棘头梅童鱼的系统发育与群体结构

Fig.1 Phylogeny and population structure of *Collichthys lucidus* in Fujian-Zhejiang Coast

成对群体遗传分化指数 (F_{ST}) 分析结果表明: 南北谱系间的遗传分化显著高于南北谱系内不同地理群体间的分化。这进一步支持了南北谱系的遗传分化 (见表 2)。

2.2 群体遗传多样性

通过估算 Tajima's D、核苷酸多样性、观测杂合度和期望杂合度, 对各群体的遗传多样性进行评估。4 个群体平均 Tajima's D 值在 0.312 ~ 0.363 之间。其中, 宁德群体的平均 Tajima's D 值 (0.312) 最小, 舟山群体的平均 Tajima's D 值 (0.363) 最大。另外, 核苷酸多样性、观测杂合度、期望杂合度三指数在群体间存在差异, 呈现由北向南逐渐降低的特征 (见表 3)。

表 3 闽浙沿海 4 个棘头梅童鱼地理群体的遗传多样性
Tab. 3 Genetic diversity of four populations of *C. lucidus* in Fujian-Zhejiang Coast

群体	个体数 <i>n</i>	Tajima's D	核苷酸多样性	观测杂合度	期望杂合度
舟山 (ZS)	18	0.363	0.270	0.254	0.253
瑞安 (RA)	20	0.317	0.268	0.243	0.252
宁德 (ND)	20	0.312	0.234	0.212	0.219
厦门 (XM)	16	0.347	0.226	0.202	0.210

2.3 全基因组遗传分化指数分析

为了揭示南北谱系基因组的分化特征, 本研究估算舟山-厦门 (ZS-XM) 与瑞安-宁德 (RA-ND) 两个成对群体在各染色体上的遗传分化指数 (F_{ST})。结果显示: 两群体对中, F_{ST} 值在各染色体间均存在变化, ZS-XM 群体各染色体的平均遗传分化指数在 0.155 ~ 0.094 之间, RA-ND 群体各染色体的平均遗传分化指数在 0.073 ~ 0.136 之间 (见图 2); 另外, 两群体对中, F_{ST} 在各染色体的变异模式相似, 分化程度前三的染色体均为 Chr. 8、Chr. 1 和 Chr. 7 (见图 2)。

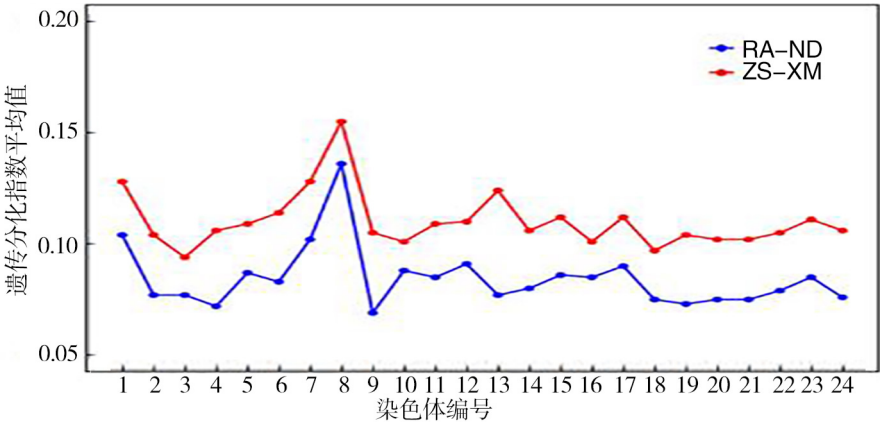


图 2 棘头梅童鱼南北谱系配对群体间各染色体 F_{ST} 平均值折线图
Fig.2 Line plot of chromosomal F_{ST} mean values between paired populations of northern and southern lineages of *C. lucidus*

表 2 4 个地理群体遗传分化指数配对分析
Tab. 2 Pairwise genetic differentiation index (F_{ST}) of four populations

群体	厦门(XM)	宁德(ND)	瑞安(RA)	舟山(ZS)
舟山(ZS)	0.135	0.125	0.011	
瑞安(RA)	0.114	0.111		
宁德(ND)	0.033			
厦门(XM)				

滑动窗口分析结果显示：Chr. 1 的 F_{ST} 值在全长范围内均表现出较大波动，而其他染色体的 F_{ST} 值呈现一端分化较高的趋势（见图 3）。

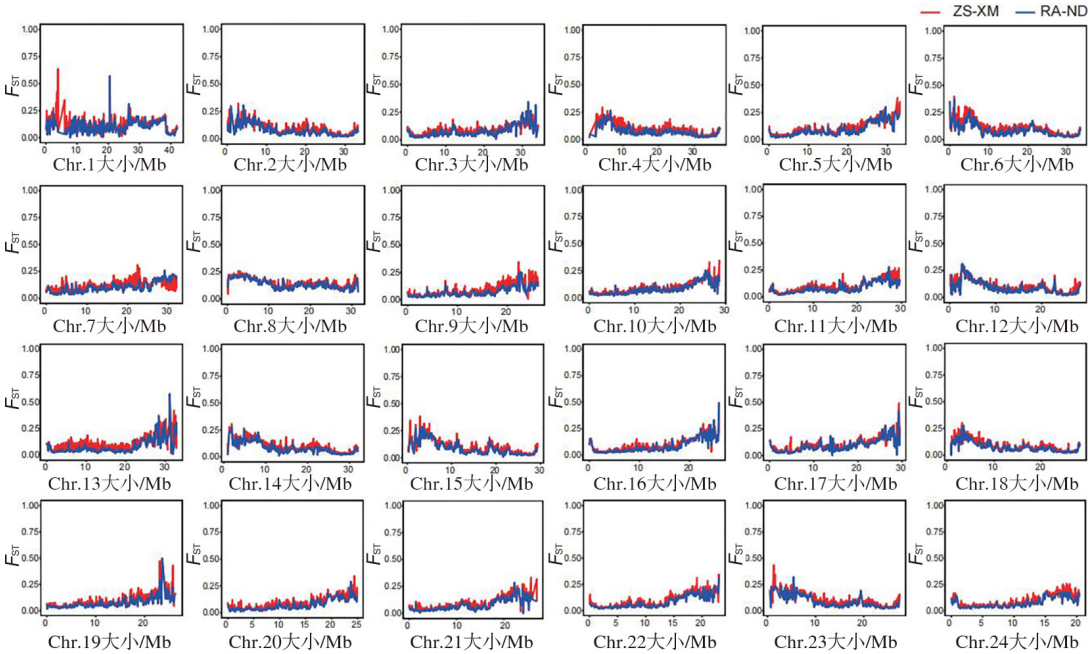


图 3 棘头梅童鱼南北谱系配对群体间各染色体 100 kb 滑动窗的 F_{ST}

Fig.3 Sliding window analysis (100 kb) of chromosomal F_{ST} between paired populations of northern and southern lineages of *C. lucidus*

2.4 高分化基因的识别和功能富集

通过筛选 ZS-XM 和 RA-ND 两个成对群体中 $F_{ST} > 0.25$ 的窗口，分别在 ZS-XM 群体识别出 880 个窗口，在 RA-ND 群体识别出 522 个窗口。对两组群体的分化窗口进行交集分析，最终获得 411 个共享窗口。从这些交集窗口中提取相关基因，共鉴定出 997 个基因。对这 997 个基因利用 KEGG 和 GO 数据库进行了功能注释和富集分析，结果见图 4~5。

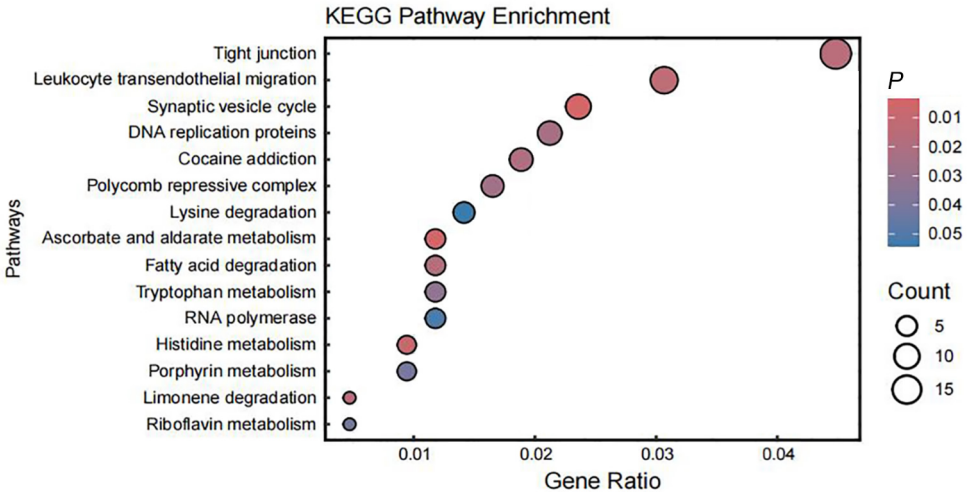


图 4 棘头梅童鱼南北谱系间高分化基因的 KEGG 富集通路 (前 15)

Fig.4 KEGG enriched pathways of highly differentiated genes between northern and southern lineages of *C. lucidus* (top 15)

KEGG 富集分析结果显示, 这些基因显著富集于 13 条通路, 主要涉及细胞功能调控 (ko04530)、免疫与防御机制 (ko00053、ko00340、ko04670、ko00380)、神经功能与代谢调控 (ko05030)、能量代谢与适应 (ko00071、ko00740、ko00903、ko00860)、信号传导 (ko04721)、细胞周期调控 (ko03083、ko03032) (见图 4)。

GO 富集分析结果显示, 这些基因主要涉及免疫与炎症 (GO: 0045586, GO: 0046643, GO: 2000402, GO: 0002689)、能量代谢与资源利用 (GO: 0001561, GO: 0019395, GO: 0016054, GO: 003340)、细胞结构与功能稳定性 (GO: 0007035, GO: 0051452, GO: 0045851)、信号传导与行为调控 (GO: 1900244, GO: 0001959, GO: 0033630)、染色体分离 (GO: 0045132, GO: 0098813) (见图 5)。

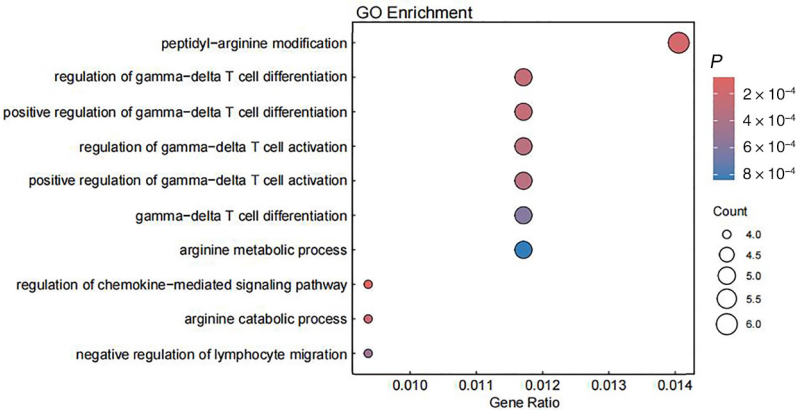


图 5 棘头梅童鱼南北谱系间高分化基因的 GO 富集条目(前 10)
Fig.5 GO enriched terms of highly differentiated genes between northern and southern lineages of *C. lucidus* (top 10)

3 讨论

3.1 棘头梅童鱼南北谱系的遗传分化

基于常染色体的 SNP 标记, 本研究对闽浙沿海棘头梅童鱼种群的遗传结构进行分析。结果显示, 棘头梅童鱼种群的遗传分化呈现明显的南北格局。这一结果与前人^[7,10-12]基于线粒体 DNA (D-loop、*COI* 及 *Cyt b* 基因序列) 和 SSR 标记的研究结果基本一致。此外, 本研究发现南北谱系的分界位于宁德至瑞安一带, 与历史上的台湾陆桥位置基本一致, 即与“海盆历史冰川驱动假说”^[5]相符。该假说认为, 冰川时期的海平面下降导致东海和南海作为独立避难所, 累积了遗传差异, 并在间冰期形成二次接触区^[17]。类似的南北遗传分化模式也在西北太平洋边缘海的其他物种中观察到, 如花鲈 (*Lateolabrax japonicus*)^[18]、梭鱼 (*Chelon haematocheilus*)^[19]和白姑鱼 (*Pennahia argentata*)^[20], 表明这种遗传分化模式可能由区域性的历史地质和气候变化所塑造。

尽管前期基于分子标记的种群遗传学研究揭示了棘头梅童鱼的南北分化格局, 但南北谱系交界区域附近种群的归属问题仍存在争议^[7,21]。由于南北谱系间可能存在较高水平的不完全谱系分选和基因流, 因而通过低通量的分子标记很难准确界定南北谱系的界限^[22-23]。本研究利用全基因组 SNP 数据, 克服了低通量标记在分辨能力上的局限性,

有效避免了因个别标记的不完全谱系分选所导致的谱系鉴定偏差。本研究结果显示,瑞安以北的种群归属于北部谱系,宁德以南的种群归属于南部谱系,这一结论与各群体的性染色体系统的分歧一致^[9]。本研究利用全基因组 SNP 明确界定了棘头梅童鱼南北谱系的接触带位置,为进一步揭示南北谱系分化的分子机制奠定了重要基础,也为棘头梅童鱼种质资源的保护和利用提供了科学依据。

3.2 地理距离和环境选择对遗传分化的作用

本研究揭示了棘头梅童鱼种群在南北沿海的显著遗传分化,其中地理距离被证实是影响遗传分化的重要因素。具体而言,距离较远的舟山与厦门群体间遗传分化显著大于距离较近的宁德与瑞安群体间遗传分化,表明地理距离在棘头梅童鱼的遗传分化中起到重要作用。这一结果支持了距离隔离模型(isolation by distance, IBD)理论^[24],即地理距离的增加限制基因流动,增强遗传漂变的影响,导致种群间的遗传分化^[25-26]。另外,棘头梅童鱼的洄游能力较弱,活动范围受限于近岸浅海区域,主要在深水区和浅水区之间进行季节性迁移,缺乏长距离的南北向洄游行为^[27]。这一生态特征限制了南北谱系的迁徙和基因流,进一步强化了南北谱系的独立演化和分化。

闽浙沿海的环境条件在种群遗传结构形成中也发挥了重要作用^[28-30]。在闽浙沿岸流、黑潮支流、南海暖流、东北季风及河流径流等多重海洋动力的共同作用下,闽浙沿海形成了动态演变的温度锋面系统^[31]。该系统在空间上塑造了从北向南温度和盐度逐渐升高、营养盐浓度逐渐降低的显著环境梯度,为物种适应性进化提供了天然的“实验平台”^[32]。本研究通过 KEGG 和 GO 富集分析揭示,南北谱系间高分化基因主要富集于能量代谢、免疫防御、神经功能调控及环境胁迫应答等通路上。这些分化特征提示,温度^[9]、资源可得性^[30]、病原压力^[31]及其他环境因素共同构成了选择压力,塑造了南北谱系间的分子差异。

尽管本研究已识别出一系列与环境适应相关的高分化基因,但主要基于注释预测与统计关联。未来研究尚需结合生理实验、转录组分析与功能基因验证,进一步确认这些基因在调控适应性性状中的具体作用;同时,还应结合环境关联分析(EAA)和性状关联分析(GWAS),系统评估遗传变异在不同生态位中的适应意义,从而加深对南北谱系遗传分化机制的理解。

3.3 性染色体和着丝粒对遗传分化的作用

越来越多研究表明,性染色体在物种形成过程中扮演着关键角色,尤其在杂交不亲和、基因流障碍和谱系维持等方面具有重要功能。实证研究显示,杂交不亲和性基因(如导致杂交雄性不育的基因)常富集于性染色体,成为影响谱系间基因交流的主要遗传屏障^[33-34]。本研究发现 Chr. 8、Chr. 1 和 Chr. 7 为棘头梅童鱼南北谱系间遗传分化水平最高的 3 条染色体,恰好对应于南北谱系各自的 X 染色体(南部: Chr. 1 + Chr. 7;北部: Chr. 1 + Chr. 8)^[13,35],提示性染色体的演化可能在维持谱系分化中发挥重要作用。这一分化模式与“快 X 效应”(faster-X effect)理论高度契合。该理论指出,由于雄性的 X 染色体为半合子,隐性有害突变在雄性中能直接暴露于选择,快速演化;同时, X 染色体的有效种群大小约为常染色体的 3/4 (假设雌雄数量相等),较小的有效种群规模增

强了遗传漂变效应，导致其进化速率快于常染色体^[36-37]。此外，快 X 效应可能与性别对立选择、X-常染色体基因流障碍、早期配子发生时期的转录抑制等机制协同作用，进一步推动性染色体加速分化^[38-39]。由于鱼类性染色体系统总体分化水平较低，快 X 效应的研究相对较少。Darolti 等^[40]在鳉科鱼类中首次系统描述了该现象，他们发现，在彩花鳉（*Poecilia picta*）与帕拉花鳉（*P. parae*）中，X 染色体分化显著高于常染色体，并通过比较 Y 染色体退化程度不同的种类，明确了雄性半合子在快 X 效应形成中的关键作用。棘头梅童鱼作为具备多条功能性 X 染色体的非模式鱼类，为探索性染色体如何驱动谱系分化提供了新的研究系统。

值得注意的是，本研究还观察到遗传分化指数（ F_{ST} ）在染色体上的分布呈现出显著的区域性，多个染色体端部区域（尤其是 Chr. 1 以外）表现出局部高分化。鉴于棘头梅童鱼大多数染色体为端部着丝粒型，因此推测染色体端部的高分化与着丝粒分布有关。着丝粒区域的高分化在其他物种中也有观察到，如疟疾蚊和欧洲兔^[41-42]。其机制主要包括：1) 着丝粒区域重组受限，基因流动减少，促进遗传分化^[43]；2) 着丝粒相关基因（如 *CENP-A*）在环境适应和生殖隔离中可能受到强选择压力^[44]。果蝇、玉米等模式生物的研究表明，着丝粒区域的快速分化可能导致杂交不育性，进一步推动物种形成^[45-46]。

综上，推测性染色体分化与着丝粒区域的局部分化可能协同作用，共同构成限制南北谱系基因流的遗传屏障，从而在维持遗传边界和推动谱系分化中发挥核心作用。未来结合杂交试验、配子发生观察及关键区域基因表达等研究，将有助于进一步验证这些区域在杂交不亲和与生殖隔离中的因果作用。

4 结论

本研究基于全基因组数据分析了棘头梅童鱼南北谱系的遗传分化格局，揭示地理隔离、性染色体差异及着丝粒区域的结构特征可能在南北谱系遗传分化中发挥了重要作用。该研究不仅加深了对西北太平洋边缘海物种进化机制的理解，也为棘头梅童鱼遗传资源的保护管理提供了科学依据。

然而，本研究尚存在一些局限性：其一，尚未将水文环境数据与遗传分化结果进行系统整合，限制了对环境选择压力的定量评估；其二，目前参考基因组尚未达到“端粒到端粒”的组装水平，限制了对着丝粒区域在物种分化中的作用的深入解析；其三，棘头梅童鱼养殖技术尚不成熟，限制了南北谱系的杂交试验和关键基因功能研究的开展。未来研究应重点关注：1) 结合实测环境数据，开展基因—环境关联分析，揭示生态因子与遗传分化的互作机制；2) 完善基因组组装，开展南北谱系的杂交试验，利用比较基因组学、性状关联分析和基因功能验证，深入探究性染色体与着丝粒在物种分化中的作用机制。这些研究将为理解棘头梅童鱼及其他西北太平洋海洋生物的物种分化与生态适应提供更全面的视角。

[参 考 文 献]

[1] WANG P. Response of Western Pacific marginal seas to glacial cycles: paleoceanographic and sedimentological features[J].

- Marine Geology, 1999, 156(1/2/3/4): 5-39.
- [2] ZHAO N, DAI C, WANG W, et al. Pleistocene climate changes shaped the divergence and demography of Asian populations of the great tit *Parus major*: evidence from phylogeographic analysis and ecological niche models[J]. Journal of Avian Biology, 2012, 43(4): 297-310.
- [3] TANG W, FU C, YIN W, et al. Cryptic species and historical biogeography of eel gobies (Gobioidae: Odontamblyopus) along the northwestern Pacific coast[J]. Zoological Science, 2010, 27(1): 8-13.
- [4] YIN W, FU C, GUO L, et al. Species delimitation and historical biogeography in the genus *Helice* (Brachyura: Varunidae) in the Northwestern Pacific[J]. Zoological Science, 2009, 26(7): 467-475.
- [5] NI G, LI Q, KONG L, et al. Comparative phylogeography in marginal seas of the northwestern Pacific[J]. Molecular Ecology, 2014, 23(3): 534-548.
- [6] DING S, MISHRA M, WU H, et al. Characterization of hybridization within a secondary contact region of the inshore fish, *Bostrychus sinensis*, in the East China Sea[J]. Heredity, 2018, 120(1): 51-62.
- [7] 郑德锋, 赵金良, 周文玉, 等. 我国沿海棘头梅童鱼 (*Collichthys lucidus*) 群体遗传结构的 AFLP 分析[J]. 海洋与湖沼, 2011, 42(3): 443-447.
- [8] 吴常文, 王伟宏. 浙江近海棘头梅童鱼的分布生物学与资源变动[J]. 海洋渔业, 1991, 13(1): 5.
- [9] ZHAO L, QU F, SONG N, et al. Population genomics provides insights into the population structure and temperature-driven adaptation of *Collichthys lucidus*[J]. BMC Genomics, 2021, 22: 1-10.
- [10] 赵明, 宋炜, 马春艳, 等. 基于线粒体 *COI* 基因序列的棘头梅童鱼 7 个野生群体遗传结构分析[J]. 中国水产科学, 2015, 22(2): 233-242.
- [11] 梁述章, 宋炜, 马春艳, 等. 基于线粒体控制区的中国近海棘头梅童鱼群体遗传结构研究[J]. 海洋渔业, 2019, 41(2): 11.
- [12] SONG N, YIN L, SUN D, et al. Fine-scale population structure of *Collichthys lucidus* populations inferred from microsatellite markers[J]. Journal of Applied Ichthyology, 2019, 35(3): 709-718.
- [13] CHEN J, SHAO X, YE S, et al. Development of sex-specific markers in Spinyhead croaker, *Collichthys lucidus*[J]. Aquaculture, 2022, 547: 737424.
- [14] ELLEGREN H. Genome sequencing and population genomics in non-model organisms[J]. Trends in Ecology & Evolution, 2014, 29(1): 51-63.
- [15] RAVINET M, FARIA R, BUTLIN R, et al. Interpreting the genomic landscape of speciation: a road map for finding barriers to gene flow[J]. Journal of Evolutionary Biology, 2017, 30(8): 1450-1477.
- [16] PURCELL S, NEALE B, TODD-BROWN K, et al. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses[J]. The American Journal of Human Genetics, 2007, 81(3): 559-575.
- [17] XU J, CHAN T Y, TSANG L M, et al. Phylogeography of the mitten crab *Eriocheir sensu stricto* in East Asia: pleistocene isolation, population expansion and secondary contact[J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2009, 52(1): 45-56.
- [18] 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[J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2006, 39(3): 799-811.
- [19] LIU J X, GAO T X, WU S F, et al. Pleistocene isolation in the Northwestern Pacific marginal seas and limited dispersal in a marine fish, *Chelon haematocheilus* (Temminck & Schlegel, 1845)[J]. Molecular Ecology, 2007, 16(2): 275-288.
- [20] HAN Z Q, GAO T X, YANAGIMOTO T, et al. Deep phylogeographic break among white croaker *Pennahia argentata* (Sciaenidae, Perciformes) populations in North-Western Pacific[J]. Fisheries Science, 2008, 74: 770-780.
- [21] 郑德锋, 赵金良, 周文玉. 棘头梅童鱼线粒体控制区的序列变异与群体遗传结构[J]. 渔业科学进展, 2011, 32(2): 34-40.
- [22] MORITZ C, CICERO C. DNA barcoding: promise and pitfalls[J]. PLoS Biology, 2004, 2(10): e354.
- [23] FUNK D J, OMLAND K E. Species-level paraphyly and polyphyly: frequency, causes, and consequences, with insights from animal mitochondrial DNA[J]. Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics, 2003, 34(1): 397-423.

- [24] WRIGHT S. Isolation by distance[J]. *Genetics*, 1943, 28(2):114.
- [25] SLATKIN M. Gene flow and the geographic structure of natural populations[J]. *Science*, 1987, 236(4803):787-792.
- [26] PETKOVA D, NOVEMBRE J, STEPHENS M. Visualizing spatial population structure with estimated effective migration surfaces[J]. *Nature Genetics*, 2016, 48(1):94-100.
- [27] 熊朋莉, 徐姗楠, 陈作志, 等. 珠江河口棘头梅童鱼时空分布以及影响因素的研究进展[J]. *海洋科学*, 2022, 46(8):79-87.
- [28] 冉祥滨, 徐腾飞, 赵彬, 等. 东海区域海洋学调查研究回顾[J]. *海洋科学进展*, 2024, 42(1):1-20.
- [29] WANG X, ZHANG Z, MAMMOLA S, et al. Exploring ecological specialization in pipefish using genomic, morphometric and ecological evidence[J]. *Diversity and Distributions*, 2021, 27(8):1393-1406.
- [30] 麦广铭, 陈志劼, 王学锋, 等. 南海北部沿岸鱼类分类学多样性的空间格局[J]. *南方水产科学*, 2022, 18(3):38-47.
- [31] 杨帆, 王华, 高文典, 等. 东海黑潮温度锋分布特征研究[J]. *海洋湖沼通报*, 2023, 45(2):87-93.
- [32] 吴林妮, 韦钦胜, 辛明, 等. 春季东海营养盐的空间分布格局和控制机制[J]. *海洋科学进展*, 2023, 41(4):622-636.
- [33] PAYSEUR B A, PRESGRAVES D C, FILATOV D A. Sex chromosomes and speciation[J]. *Molecular Ecology*, 2018, 27(19):3745.
- [34] PRESGRAVES D C. Evaluating genomic signatures of “the large X-effect” during complex speciation[J]. *Molecular Ecology*, 2018, 27(19):3822-3830.
- [35] ZHANG J, XIE J, LIU B, et al. Development and applications of chromosome-specific cytogenetic BAC-FISH probes in *Larimichthys crocea*[J]. *Frontiers in Marine Science*, 2022, 9:1078110.
- [36] VICOSO B, CHARLESWORTH B. Evolution on the X chromosome:unusual patterns and processes[J]. *Nature Reviews Genetics*, 2006, 7(8):645-653.
- [37] MANK J E, VICOSO B, BERLIN S, et al. Effective population size and the faster-X effect:empirical results and their interpretation[J]. *Evolution*, 2010, 64(3):663-674.
- [38] OKA A, SHIROISHI T. Regulatory divergence of X-linked genes and hybrid male sterility in mice[J]. *Genes & Genetic Systems*, 2014, 89(3):99-108.
- [39] MANK J E. Sex chromosome dosage compensation:definitely not for everyone[J]. *Trends in Genetics*, 2013, 29(12):677-683.
- [40] DAROLTI I, FONG L J, SANDKAM B A, et al. Sex chromosome heteromorphism and the Fast-X effect in poeciliids[J]. *Molecular Ecology*, 2023, 32(16):4599-4609.
- [41] STUMP A D, FITZPATRICK M C, LOBO N F, et al. Centromere-proximal differentiation and speciation in *Anopheles gambiae*[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2005, 102(44):15930-15935.
- [42] CARNEIRO M, FERRAND N, NACHMAN M W. Recombination and speciation:loci near centromeres are more differentiated than loci near telomeres between subspecies of the European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*)[J]. *Genetics*, 2009, 181(2):593-606.
- [43] NACHMAN M W, PAYSEUR B A. Recombination rate variation and speciation:theoretical predictions and empirical results from rabbits and mice[J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society B:Biological Sciences*, 2012, 367(1587):409-421.
- [44] TALBERT P B, BRYSON T D, HENIKOFF S. Adaptive evolution of centromere proteins in plants and animals[J]. *Journal of Biology*, 2004, 3:1-17.
- [45] HENIKOFF S, AHMAD K, MALIK H S. The centromere paradox:stable inheritance with rapidly evolving DNA[J]. *Science*, 2001, 293(5532):1098-1102.
- [46] SCHNEIDER K L, XIE Z, WOLFGRUBER T K, et al. Inbreeding drives maize centromere evolution[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2016, 113(8):E987-E996.

(责任编辑 朱雪莲 英文审校 黄力行)