

文章编号: 1674-5566(2024)05-1053-11

DOI: 10.12024/jsou.20240204434

## 梭鲈快速生长品系 F<sub>3</sub> 基因型与生长性状关联分析

潘亚丹<sup>1,2</sup>, 鲁翠云<sup>1,2</sup>, 孙志鹏<sup>1</sup>, 刘天奇<sup>1</sup>, 张渴新<sup>1</sup>, 郑先虎<sup>1,2</sup>

(1. 中国水产科学研究院黑龙江水产研究所 农业农村部淡水水产生物技术与遗传育种重点实验室, 黑龙江 哈尔滨 150070; 2. 上海海洋大学 水产与生命学院, 上海 201306)

**摘要:** 为了筛选可用于遗传选育的标记, 用微卫星标记分析了梭鲈快速生长品系 F<sub>3</sub> 群体的遗传结构, 评估了不同基因型与生长性状(体质量、全长、体长、体高、体厚、头长、吻长、尾柄高、尾柄长)的相关性。遗传结构评估结果显示: 群体平均等位基因数为 4.5, 观测杂合度为 0.746(0.520~0.954), 期望杂合度为 0.691(0.441~0.851), 平均多态信息含量为 0.641(0.412~0.843), 群体处于高度多态水平( $PIC > 0.5$ )。基因型与性状关联分析结果显示 38 个微卫星标记与至少 1 个性状表现出不同程度的相关性( $P < 0.05$ ), 其中 HLJSL018、HLJSL021、HLJSL022 等 21 个标记与相应性状的相关性达到极显著水平( $P < 0.01$ )。9 个性状检测到 2~21 个显著相关的微卫星标记, 与体长呈显著相关的标记最少(HLJSL039 和 HLJSL042)( $P < 0.05$ ); 与尾柄高呈显著相关的标记最多(21 个), 其中 HLJSL018、HLJSL021 和 HLJSL022 等 11 个标记与其呈极显著相关( $P < 0.01$ )。与体质量呈显著相关的标记有 8 个, 其中 HLJSL018 和 HLJSL067 与其呈极显著相关( $P < 0.01$ )。以高于总体均值且比例达 5% 以上为优势基因型的筛选标准, 在 38 个标记共获得 195 个优势基因型, 每个标记获得 1~10 个优势基因型, 其中 HLJSL073 获得优势基因型最少, HLJSL079 获得优势基因型最多。本研究评估了梭鲈选育群体的遗传结构, 获得了与性状显著相关的标记, 研究结果可用于指导梭鲈遗传选育。

**关键词:** 梭鲈; 基因型; 生长性状; 关联分析

**中图分类号:** S 917 **文献标志码:** A

梭鲈(*Sander lucioperca*)属鲈形目(Perciformes) 鲈科(Percidae)梭鲈属(*Sander*)。原分布于欧洲的 咸海、黑海、里海以及波罗的海水系的河流、湖泊, 在中国主要分布在新疆的伊犁河水系和额尔齐斯河水系, 黑龙江下游、乌苏里江和兴凯湖也有分布<sup>[1]</sup>。梭鲈肉质细嫩, 肌间刺少, 营养价值高, 同时有抗病力强、生长速度快的优势<sup>[1-3]</sup>, 使其成为极具开发潜力的名特优淡水养殖种。在养殖过程中, 发现梭鲈作为肉食性鱼类对配合饲料的驯食难度大, 未经选育的梭鲈苗种因抢食造成个体间生长差异大, 同池塘常分化出大个体群组和小个体群组, 制约了梭鲈产业的养殖和发展。

性状和标记关联分析是筛选与性状相关标记常用的方法, 已经利用该方法筛选出草鱼(*Ctenopharyngodon idella*)<sup>[4]</sup>、青鱼(*Mylopharyngodon*

*piceus*)<sup>[5]</sup>、鲤(*Cyprinus carpio*)<sup>[6]</sup>、大口黑鲈(*Micropterus salmoides*)<sup>[7]</sup>等与经济性状相关的标记, 部分标记已经用于遗传选育研究。用遗传定位和标记连锁的方法筛选了梭鲈部分对生长性状有显著贡献的标记, 例如 GUO 等<sup>[8]</sup>定位了 8 个生长性状共 21 个 QTL 区间; 韩晓飞<sup>[9]</sup>用 16 个多态性的微卫星标记与梭鲈个体进行性状关联分析, 得到 8 个微卫星标记与梭鲈生长性状呈显著相关; 此外, 通过候选基因法分析了 *ghrh*、*GH* 等生长相关的基因特征<sup>[2,10]</sup>。在梭鲈群体遗传评估方面, SIPOS 等<sup>[11]</sup>分离出 7 个梭鲈多态性高的微卫星标记, 对 10 个多瑙河流域群体进行遗传分析, 结果表明群体之间存在中等程度的遗传差异。

黑龙江水产研究所收集了新疆乌伦古湖、宁夏腾格里湖、黑龙江黑河段、乌苏里江抚远段的

收稿日期: 2024-02-29

修回日期: 2024-05-16

基金项目: 科技创新 2030 重大项目(2023ZD0406505); 中国水产科学研究院基本业务费团队项目(2023TD22); 国家水产种质资源平台项目(FGRC18537)

作者简介: 潘亚丹(1998—), 女, 硕士研究生, 研究方向为水产动物基因组与分子育种。E-mail: panyd527@163.com

通信作者: 郑先虎, E-mail: zhengxianhu@hrfri.ac.cn

版权所有 ©《上海海洋大学学报》编辑部(CC BY-NC-ND 4.0)

Copyright © Editorial Office of Journal of Shanghai Ocean University (CC BY-NC-ND 4.0)

<http://www.shhydx.com>

梭鲈活体, 培育后作为基础群体, 在评估梭鲈群体遗传多样性的基础上, 开展了以生长和易驯食配合饲料为目标的遗传选育, 每代选择高于平均体质量 150% 的大个体组成后备亲鱼, 用基于遗传背景的分选育种技术辅助选配亲鱼、繁育子代, 最终获得了快速生长品系  $F_3$ <sup>[12]</sup>, 特点是生长速度快(较选育前提高 18.4%)、苗种规格统一、转口配合饲料驯化难度明显改善(平均驯化率达 70%)<sup>[13]</sup>。LU 等<sup>[14]</sup>分析了梭鲈全基因组中的微卫星序列特征, 从合成的 200 对微卫星引物中筛选出 122 个多态性好的标记。本研究用微卫星标记评估了梭鲈快速生长品系  $F_3$  群体的遗传结构, 分析了不同基因型与生长性状的相关性, 筛选出可用于遗传选育的标记, 为梭鲈的进一步遗传选育提供有效工具。

## 1 材料与方法

### 1.1 实验鱼

梭鲈快速生长品系  $F_3$  取自中国水产科学研究院黑龙江水产研究所呼兰试验场。从后备亲鱼群体筛选出对生长有显著贡献的分子标记可直接用于亲鱼选配, 因此本实验采集 2 龄以上样本 281 尾, 根据中华人民共和国国家标准《养殖鱼类种质检测》第 3 部分性状测定(GB/T18654.3—2008)测量体质量(Body mass, BM)、全长(Total length, TL)、体长(Body length, BL)、体高(Body height, BH)、体厚(Body thickness, BT)、头长(Head length, HL)、吻长(Snout length, SL)、尾柄高(Caudal stalk height, CH)、尾柄长(Caudal length, CL)等 9 项生长性状, 用电子秤测量体质量, 精确至 0.1 g; 用电子游标卡尺测量长度性状, 精确至 0.01 mm。每尾鱼采集尾鳍样本, 保存于干燥环境中备用。

对检测到的与体质量和体长显著相关的标记, 从同池养殖的家系(405 个)中选择 35 个极大和 35 个极小个体进行验证。

### 1.2 基因组 DNA 的提取

剪取约 0.1 g 的鳍条, 使用基因组提取试剂盒[天根生化科技(北京)有限公司]提取 DNA。用 NanoDrop™ 8000 分光光度计对 DNA 的浓度和纯度进行测量, 并使用 1.5% 的琼脂糖凝胶电泳检测其完整性, 稀释至 50 ng/μL, 4 °C 保存备用。

### 1.3 PCR 扩增

本课题组从梭鲈基因组序列中筛选出 122 个多态性微卫星标记<sup>[15]</sup>, 用随机 6 个样本进行初步检测, 其中 77 个标记在  $F_3$  群体表现出多态性。PCR 反应体系为 15 μL, 其中模板 DNA 2 μL, PCR Buffer 11 μL[终浓度 10 mmol/L Tris-Cl(pH 8.0)、50 mmol/L KCl、1.5 mmol/L MgCl<sub>2</sub>、200 μmol/L dNTP], 上下游引物(10 mmol/L)各 1 μL, Taq DNA 聚合酶(5 U/μL) 0.2 μL, 其余体积用去离子水补充。

用 PCR 扩增仪进行扩增: 94 °C 预变性 5 min; 94 °C 变性 30 s, 56 °C 退火 45 s, 72 °C 延伸 30 s, 27 个循环; 最后 72 °C 延伸 5 min。

PCR 反应结束后, 取 1.2 μL 的 PCR 反应产物进行 8% 非变性聚丙烯酰胺电泳检测, 0.1% 硝酸银染色显带, 以 DL500[宝日生物技术(北京)有限公司]为标准分子量, Gel-Pro Analyzer 4.5 软件分析电泳条带, 确定每个个体的基因型。

### 1.4 数据统计与分析

用 PopGene (Version 3.2) 软件计算各微卫星标记的遗传多样性参数, 包括等位基因数(Observed number of alleles,  $N_a$ )、有效等位基因数(Number of effective alleles,  $N_e$ )、观测杂合度(Observed heterozygosity,  $H_o$ )、期望杂合度(Expected heterozygosity,  $H_e$ )等。多态信息含量(Polymorphism information content, PIC), 根据 BOTSTEIN 等<sup>[15]</sup>公式计算:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n P_i^2 - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n 2P_i P_j \quad (1)$$

式中:  $P_i$ 、 $P_j$  分别为群体  $j=i+1$  中第  $i$  和第  $j$  个等位基因频率;  $n$  为某一基因座上等位基因数。

用 SPSS 26 的一般线性模型(General linear model, GLM)分析标记与体质量、全长、体长、体高、体厚、头长、吻长、尾柄高、尾柄长性状的相关性, 模型如下:

$$y = u + g_i + e \quad (2)$$

式中:  $y$  为性状;  $u$  为群体均值;  $g_i$  为第  $i$  个基因型的效应;  $e$  为残差。采用 Permutation 检验确定基因型效应的显著性水平(10 000 次), 对检测到的与性状显著相关的微卫星标记, 用 Duncan's 多重比较分析不同基因型个体性状均值之间的差异, 以某标记的某基因型的性状均值高于总体均值, 并且占比在 5% 以上为优势基因型的判定标准,

鉴别具有性状优势的基因型。

## 2 结果

### 2.1 性状分析

剔除不符合正态分布的差异数据,最终 265 个样本用于标记性状关联分析。统计结果体质量总体均值为(485.78±58.04) g,体长为(311.63±12.98) mm,其余性状详细统计数据见表 1。Shapiro-Wilk 正态分布检验表明,所有的性状均

符合正态分布( $P>0.05$ );性状变异系数为 0.04~0.12,体质量性状变异最大(0.12),体长性状变异最小(0.04),见表 1。Pearson 相关检验表明,各性状之间具有不同程度的相关性,相关系数为 0.141~0.951,均达到显著水平,全长和体长的相关性最大( $r=0.951$ ),体厚与尾柄长的相关性最小( $r=0.141$ );与梭鲈体质量相关性最大的性状是体长( $r=0.852$ ),其次是全长( $r=0.822$ ),相关性最小的性状是尾柄长( $r=0.212$ ),见表 2。

表 1 梭鲈生长性状描述性统计及正态分布检验  
Tab. 1 Descriptive statistics and normal distribution test about growth characteristics of pikeperch

性状 Trait	平均值±标准差 Mean±SD	最大值 Maximum value	最小值 Minimum value	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis	正态分布检验 阈值 P	变异系数 Coefficient of variation
BM/g	485.78 ±58.04	620.00	370.00	0.35	-0.81	0.05	0.12
TL/mm	369.13 ±15.53	410.90	333.30	0.13	-0.52	0.20	0.04
BL/mm	311.63±12.98	345.90	282.70	0.16	-0.40	0.32	0.04
BH/mm	72.99 ±3.79	82.60	65.00	0.31	-0.50	0.06	0.05
BT/mm	44.19±2.09	49.90	40.00	0.33	-0.50	0.05	0.05
HL/mm	87.55 ±4.91	100.20	74.90	0.00	-0.13	0.92	0.06
SL/mm	15.22 ±1.50	18.40	11.10	-0.15	-0.27	0.26	0.10
CH/mm	29.05±1.50	32.80	25.60	0.24	-0.46	0.06	0.05
CL/mm	51.94 ±5.87	64.60	25.10	-0.18	-0.68	0.06	0.11

表 2 梭鲈各生长性状间的相关性系数  
Tab. 2 Relative coefficient of pikeperch growth-related traits

性状 Trait	BM	TL	BL	BH	BT	HL	SL	CH	CL
BM	-								
TL	0.822**	-							
BL	0.852**	0.951**	-						
BH	0.600**	0.500**	0.580**	-					
BT	0.729**	0.594**	0.609**	0.512**	-				
HL	0.700**	0.657**	0.708**	0.455**	0.510**	-			
SL	0.382**	0.315**	0.362**	0.241**	0.256**	0.756**	-		
CH	0.697**	0.698**	0.675**	0.466**	0.527**	0.474**	0.174**	-	
CL	0.212**	0.268**	0.364**	0.431**	0.141**	0.278**	0.209**	0.173**	-

注:\*\*表示性状间相关性极显著  $P<0.01$ 。

Notes: \*\* indicates that the correlation between traits is very significant  $P<0.01$ .

### 2.2 扩增结果

用 24 个微卫星标记评估梭鲈快速生长品系 F<sub>3</sub> 群体(281 个)的遗传多样性,结果显示:平均等位基因数为 4.5,观测杂合度为 0.746(0.520~0.954),期望杂合度为 0.691(0.441~0.851),平均多态信息含量为 0.641(0.412~0.843),显示群体属于高度多态水平( $PI_C>0.5$ )<sup>[15]</sup>,见表 3。

### 2.3 标记与性状相关性分析

分析了 77 个微卫星标记的基因型与 9 个性状的相关性,结果筛选出 38 个微卫星标记与至少 1 个性状表现出不同程度的相关性。与尾柄高显著相关的标记最多,为 21 个,占比为 27.3%,其中 HLJSL018、HLJSL021 和 HLJSL022 等 11 个标记与尾柄高达到极显著相关( $P<0.01$ );与吻长显著相

关的标记有 19 个, 占比为 24.7%, 其中 HLJSL047、HLJSL066 和 HLJSL067 等 6 个标记与吻长达到极显著相关 ( $P < 0.01$ ); 与尾柄长显著相关的标记有 16 个, 占比为 20.8%, 其中 HLJSL057、HLJSL058、HLJSL119 和 HLJSL145 与尾柄长达到极显著相关 ( $P < 0.01$ ); 与头长显著相关的标记有 14 个, 占比为 18.2%, 其中 HLJSL038 与头长达到极显著相关 ( $P < 0.01$ ); 与体质量显著相关的标记有 8 个, 占比为 10.4%, 其中 HLJSL018 和 HLJSL067 与体质量呈极显著相关 ( $P < 0.01$ ); 与全长显著相关的标记有 8 个, 占比为 10.4%, 其中 HLJSL021、HLJSL038 和 HLJSL39 与全长达到极显著相关 ( $P < 0.01$ ); 与体厚显著相关的标记有 5 个

(HLJSL018、HLJSL038、HLJSL042、HLJSL046 和 HLJSL083), 占比为 6.5%; 与体高显著相关的标记有 3 个, 占比为 3.9%, 其中 HLJSL057 与体高达到极显著相关 ( $P < 0.01$ ); 与体长显著相关的标记有 2 个 (HLJSL039 和 HLJSL042), 占比为 2.6%。

部分标记同时和多个性状显著相关, HLJSL018 和 HLJSL038 与体质量、全长、体厚、头长、吻长等 5 个性状显著或极显著相关, 两个标记同时与尾柄高极显著相关 ( $P < 0.01$ ); HLJSL067、HLJSL083、HLJSL158 与 5 个性状相关, 这 3 个标记同时与体质量、吻长、尾柄长性状显著或极显著相关; HLJSL021、HLJSL039、HLJSL042 等 5 个标记与其中 4 个性状显著或极显著相关。

表 3 梭鲈 24 个微卫星位点的遗传多样性统计数据  
Tab. 3 Data of genetic diversity of 24 microsatellite loci for pikeperch

标记 Marker	等位基因数 $N_a$	有效等位基因数 $N_e$	观测杂合度 $H_o$	期望杂合度 $H_e$	多态信息含量 PIC
HLJSL015	3	2.334	0.548	0.573	0.478
HLJSL018	4	4.026	0.662	0.753	0.714
HLJSL035	4	2.651	0.520	0.624	0.567
HLJSL038	6	6.623	0.922	0.851	0.843
HLJSL041	4	2.346	0.804	0.575	0.470
HLJSL047	6	3.481	0.705	0.714	0.660
HLJSL061	4	3.882	0.779	0.744	0.706
HLJSL063	5	3.345	0.787	0.702	0.650
HLJSL065	4	4.577	0.900	0.783	0.748
HLJSL066	4	1.785	0.491	0.441	0.412
HLJSL067	7	2.906	0.754	0.657	0.600
HLJSL073	6	2.773	0.822	0.641	0.592
HLJSL082	4	4.703	0.758	0.789	0.757
HLJSL083	6	4.740	0.865	0.790	0.758
HLJSL109	3	2.525	0.690	0.605	0.527
HLJSL117	3	2.928	0.730	0.660	0.591
HLJSL119	3	2.698	0.683	0.630	0.559
HLJSL131	5	4.416	0.865	0.775	0.739
HLJSL139	4	3.007	0.683	0.669	0.618
HLJSL145	6	4.634	0.954	0.786	0.751
HLJSL152	4	4.730	0.908	0.790	0.763
HLJSL158	4	2.786	0.573	0.642	0.599
均值 Mean	4.5	3.541	0.746	0.691	0.641
标准差 Standard deviation	1.158	1.125	0.130	0.095	0.110

表 4 基于 GLM 模型的 permutation 检验表现为显著相关的标记及相关性阈值  
 Tab. 4 Markers exhibiting significant correlation and correlation thresholds for permutation tests based on GLM models

标记 Marker	BM	TL	BL	BH	BT	HL	SL	CH	CL
HLJSL007									0.016*
HLJSL013								0.040*	0.017*
HLJSL015						0.048*	0.049*		
HLJSL017				0.013*		0.027*			
HLJSL018	0**	0.014*			0.011*	0.030*	0.020*	0**	
HLJSL021		0.006**				0.046*	0.015*	0**	
HLJSL022								0.004**	
HLJSL025						0.028*			
HLJSL026								0.004**	
HLJSL030								0.014*	
HLJSL031								0.020*	
HLJSL032							0.025*	0.009**	
HLJSL033								0.011*	
HLJSL038	0.043*	0.006**			0.017*	0**	0.013*	0.003**	
HLJSL039	0.018*	0**	0.023*			0.017*			
HLJSL042			0.031*	0.043*	0.022*	0.029*			
HLJSL046					0.031*		0.040*	0**	
HLJSL047		0.037*				0.019*	0.008**		0.017*
HLJSL057				0**					0**
HLJSL058									0**
HLJSL060		0.012*						0**	
HLJSL061						0.028*	0.015*	0.002**	
HLJSL062						0.023*			
HLJSL063								0.015*	
HLJSL066							0.001**	0.019*	0.049*
HLJSL067	0.004**	0.025*					0.004**	0.033*	0.043*
HLJSL073							0.042*		
HLJSL079	0.039*						0.003**	0.018*	0.014*
HLJSL081						0.028*	0.004**		
HLJSL082							0.039*	0.008**	0.026*
HLJSL083	0.035*				0.017*		0.038*	0.020*	0.019*
HLJSL109									0.016*
HLJSL117						0.023*	0.005**		
HLJSL119							0.028*	0.010*	0.002**
HLJSL131	0.037*								0.012*
HLJSL145								0.001**	0.001**
HLJSL152							0.011*		0.026*
HLJSL158	0.017*	0.041*				0.023*	0.022*		0.036*

注:\* 表示标记与性状显著相关( $P<0.05$ );\*\* 表示标记与性状极显著相关( $P<0.01$ )。

Notes: \* indicated that the marker was significantly correlated with the trait ( $P<0.05$ ); \*\* indicates that the marker is greatly significant correlated with the trait ( $P<0.01$ ).

## 2.4 生长性状优势基因型

对 38 个与性状显著相关的标记不同基因型对应的性状进行 Duncan's 多重比较,依据优势基因型的评定标准,共得到 195 个优势基因型,每个

标记获得 1~10 个优势基因型,其中 HLJSL079 获得优势基因型最多,HLJSL073 获得优势基因型最少(表 5)。HLJSL079 获得 10 种优势基因型,其中 BF、FI、DF 在吻长、尾柄高、尾柄长 3 个性状显示

出生长优势,DE、HI、FG、FI、BF 都在体质量性状显示出优势,FF、BH 仅在尾柄长性状显示出优势;其次为 HLJSL018 检测出 9 种优势基因型,其中 BD、AB、DE 在体质量、全长、体厚、吻长、尾柄

高、尾柄长 6 个性状均显示出生长优势,而 CC 仅在尾柄高显示出优势;HLJSL073 只检测出 1 种优势基因型。

表 5 38 个微卫星标记优势基因型和优势基因型的观察次数  
Tab. 5 Observations of 38 microsatellite marker dominant genotypes and dominant genotypes

标记 Marker	优势基因型 Dominant genotype	观察次数 (占百分比) Number of observations(%)	标记 Marker	优势基因型 Dominant genotype	观察次数 (占百分比) Number of observations(%)	标记 Marker	优势基因型 Dominant genotype	观察次数 (占百分比) Number of observations(%)		
HLJSL007	II	66(24.9%)	HLJSL026	BC	102(38.5%)		EF	18(6.8%)		
	IJ	32(12.1%)		AB	65(24.5%)		DJ	16(6.0%)		
	GI	25(9.4%)		AC	42(15.8%)		CD	23(8.7%)		
HLJSL013	CG	20(7.5%)	HLJSL030	CE	50(18.9%)	HLJSL047	BD	27(10.2%)		
	CI	19(7.2%)		DE	47(17.7%)		GJ	14(5.3%)		
	BJ	19(7.2%)		EF	44(16.6%)		FG	54(20.4%)		
	GH	18(6.8%)		DF	33(12.5%)		CE	49(18.5%)		
	HI	15(5.7%)		CF	28(10.6%)		EG	44(16.6%)		
	CJ	14(5.3%)		HLJSL031	BG		49(18.5%)	EE	40(15.1%)	
	HLJSL015	BC			113(42.6%)		BH	21(7.9%)	EF	32(12.1%)
CC		54(20.4%)	CE	20(7.5%)	FF	28(10.6%)				
HLJSL017	AE	70(26.4%)	HLJSL032	BI	15(5.7%)	HLJSL057	FJ	29(11.9%)		
	CE	57(21.5%)		EF	72(27.2%)		FG	28(10.6%)		
	AC	26(9.8%)		DF	45(17.0%)		FF	26(9.8%)		
HLJSL018	CC	71(26.8%)	HLJSL033	CD	31(11.7%)	HLJSL058	II	22(8.3%)		
	CD	23(8.7%)		CE	15(5.7%)		GI	21(7.9%)		
	BD	23(8.7%)		FF	14(5.2%)		FI	14(5.3%)		
	AC	22(8.3%)		CE	90(34.0%)		CJ	32(12.1%)		
	BC	22(8.3%)		CC	68(25.7%)		DJ	17(6.4%)		
	AB	19(7.2%)		AC	22(8.3%)		CD	15(5.7%)		
	AE	18(6.8%)		AE	14(5.3%)		BD	14(5.3%)		
	DE	17(6.4%)		HLJSL038	FG		60(22.6%)	HLJSL060	FH	35(13.2%)
	AA	14(5.3%)			EI		23(8.7%)	GH	31(11.7%)	
HLJSL021	BC	75(28.3%)	HLJSL039	EK	22(8.3%)	HLJSL061	DE	27(10.2%)		
	BB	75(28.3%)		EE	14(5.3%)		EH	18(6.8%)		
	AC	16(6.0%)		BC	73(27.5%)		CD	15(5.7%)		
	AF	14(5.2%)		CC	65(24.5%)		CD	81(30.6%)		
HLJSL022	CD	75(28.3%)	HLJSL042	CD	53(20.0%)	HLJSL062	DD	43(16.2%)		
	CC	50(18.9%)		BB	28(10.6%)		CE	24(9.1%)		
	DD	28(10.6%)		BD	14(5.3%)		BC	22(8.3%)		
	CE	26(9.8%)		BD	51(19.2%)		AC	15(5.7%)		
	EE	15(5.7%)		DD	54(20.4%)		BF	51(19.2%)		
HLJSL025	BF	32(12.1%)	HLJSL046	CD	34(12.8%)	HLJSL063	FH	37(14.0%)		
	CC	28(10.6%)		DE	29(10.9%)		FF	36(13.6%)		
	BE	24(9.1%)		DF	16(6.0%)		BH	23(8.7%)		
	DF	17(6.4%)		CG	15(5.7%)		CC	70(26.4%)		
	BD	17(6.4%)		AD	14(5.3%)		BC	57(21.5%)		
	AE	17(6.4%)		EG	14(5.3%)		BD	51(19.2%)		
	CF	15(5.7%)		EJ	29(10.9%)		CE	31(11.7%)		

·续表 5·

标记 Marker	优势基因型 Dominant genotype	观察次数 (占百分比) Number of observations(%)	标记 Marker	优势基因型 Dominant genotype	观察次数 (占百分比) Number of observations(%)	标记 Marker	优势基因型 Dominant genotype	观察次数 (占百分比) Number of observations(%)
HLJSL066	BE	21(7.9%)	HLJSL083	GG	26(9.8%)	HLJSL131	AD	15(5.7%)
	DD	122(46.0%)		EG	23(8.7%)		CD	14(5.1%)
	AD	68(25.7%)		BE	21(7.9%)		DE	77(29.1%)
HLJSL067	BD	46(17.4%)		AF	20(7.5%)	CF	44(16.6%)	
	DE	15(5.7%)		BG	15(5.7%)	BE	30(11.3%)	
	CD	86(32.5%)		BD	14(5.2%)	DF	20(7.5%)	
HLJSL073	CC	46(17.4%)		CD	40(15.1%)	CD	16(6.0%)	
	DG	46(17.4%)		FH	37(14.0%)	DD	15(5.7%)	
	EF	85(32.1%)		DE	34(12.8%)	HLJSL145	AB	70(26.4%)
HLJSL079	FH	41(14.7%)		DF	27(10.1%)	AE	50(18.9%)	
	BF	40(15.1%)	CE	26(9.8%)	EF	39(14.7%)		
	FF	34(12.8%)	EE	21(7.9%)	BF	26(9.8%)		
HLJSL081	BH	33(12.5%)	EH	20(7.5%)	EG	14(5.1%)		
	FI	22(8.3%)	EF	14(5.2%)	HLJSL152	FG	55(20.8%)	
	DF	20(7.5%)	HLJSL109	DD	54(20.4%)	EG	37(14.0%)	
	EG	19(7.2%)	BE	40(15.1%)	EF	35(13.2%)		
	DE	16(6.0%)	BB	26(9.8%)	GH	20(7.5%)		
	HI	16(6.0%)	DE	19(7.2%)	AB	18(6.8%)		
	FG	15(5.7%)	HLJSL117	BD	48(18.1%)	BG	16(6.0%)	
	AC	39(14.7%)	EE	45(17.0%)	AG	15(5.7%)		
	CC	26(9.8%)	BE	16(6.0%)	GG	15(5.7%)		
	AF	26(9.8%)	BB	15(5.7%)	HLJSL158	CC	89(33.6%)	
HLJSL082	AD	20(7.5%)	HLJSL119	BB	54(20.4%)	CF	52(19.6%)	
	CD	19(7.2%)	EF	45(17.0%)	CE	49(18.5%)		
	DD	46(17.4%)	AA	29(10.9%)	BE	23(8.7%)		
	DG	38(14.3%)	DD	23(8.7%)	DE	14(5.1%)		

## 2.5 与梭鲈体质量、体长关联微卫星标记的验证

由于体质量和体长是衡量生长性状的关键指标,对9个微卫星标记与性状的相关性进行了验证。结果显示:5个微卫星标记与至少1个性状表现出不同程度的相关性,表明55.6%的标记在验证群体表现出对生长性状具有显著贡献。与头长显著相关

的标记最多,为5个,占比为55.6%;与全长显著相关的标记有4个,占比为44.4%,其中HLJSL039与全长达到极显著相关( $P<0.01$ );与体厚显著相关的标记有3个,占比为33.3%;与体长、尾柄高、尾柄长显著相关的标记有2个,占比为22.2%;与体质量、体高显著相关的标记有1个,占比为11.1%(表6)。

表6 基于GLM模型的permutation检验表现为显著相关的标记及相关性阈值

Tab. 6 Markers exhibiting significant correlation and correlation thresholds for permutation tests based on GLM models

标记Marker	BM	TL	BL	BH	BT	HL	SL	CH	CL
HLJSL018						0.041*			
HLJSL038		0.023*			0.023*	0.010*		0.016*	0.020*
HLJSL039	0.027*	0.004**	0.012*		0.007*	0.042*			
HLJSL067		0.022*			0.024*	0.021*		0.010*	
HLJSL079		0.019*	0.034*	0.036*		0.023*			0.033*

注:\*表示标记与性状显著相关( $P<0.05$ );\*\*表示标记与性状极显著相关( $P<0.01$ )。

Notes: \* indicated that the marker was significantly correlated with the trait ( $P<0.05$ ); \*\* indicates that the marker is greatly significant correlated with the trait ( $P<0.01$ ).

### 3 讨论

#### 3.1 基于SSR标记的梭鲈群体遗传多样性

$N_a$ 、 $H_o$ 、 $H_e$ 、 $PIC$ 等都是反映群体遗传多样性的参数,其数值越大,表明群体遗传多样性越高。本研究用24个微卫星标记评估梭鲈选育群体的遗传结构,结果显示群体遗传多样性水平较高,群体遗传参数( $N_a=4.5$ ,  $H_o=0.746$ ,  $H_e=0.691$ ,  $PIC=0.641$ )略低于LU等<sup>[14]</sup>对于乌伦古湖( $N_a=7.8$ ,  $H_o=0.751$ ,  $H_e=0.755$ ,  $PIC=0.715$ )、腾格里湖( $N_a=6.9$ ,  $H_o=0.796$ ,  $H_e=0.757$ ,  $PIC=0.709$ )和黑龙江黑河段( $N_a=6.9$ ,  $H_o=0.771$ ,  $H_e=0.739$ ,  $PIC=0.693$ )的研究结果;高于乌苏里江( $N_a=2.333$ ,  $H_o=0.430$ ,  $H_e=0.379$ ,  $PIC=0.315$ )、兴凯湖( $N_a=2.533$ ,  $H_o=0.377$ ,  $H_e=0.359$ ,  $PIC=0.304$ )和鸭绿江( $N_a=4.167$ ,  $H_o=0.649$ ,  $H_e=0.655$ ,  $PIC=0.594$ )的研究结果。表明经过多年的人工选择,梭鲈群体仍然保留了丰富的遗传多样性,还具有持续选育的遗传潜力。但是梭鲈是经由额尔齐斯河、兴凯湖等扩散进入我国,乌伦古湖位于额尔齐斯河的上游,存在较多的遗传交流,所以乌伦古湖的遗传多样性较高<sup>[14]</sup>。腾格里湖和黑龙江黑河段种群是从乌伦古湖引进和放流的,我们的亲鱼来自于腾格里湖和黑龙江黑河段,所以本研究的遗传多样性较低。目前还没有从乌苏里江种群或其他种群人工引种到鸭绿江的文献记载,因此其初始群体比较有限,遗传基因库也较为有限。在自然水体中亲鱼是一雌一雄配对产卵,而在养殖过程中存在多雌多雄配对产卵,因此乌苏里江、兴凯湖和鸭绿江比本研究遗传多样性低。

#### 3.2 标记与性状的关系

标记性状连锁分析在最初发现与性状相关标记方面有非常大的优势,优点在于不需要构建连锁图谱,就能够快速锁定一些标记用于遗传育种,但是获得的信息量比较少。这种方法已经用于一些鱼类性状相关标记的筛选,例如樊佳佳等<sup>[7]</sup>从大口黑鲈40个微卫星标记中筛选到7个与体质量、体长、体高呈显著或极显著相关的标记;吕伟华等<sup>[16]</sup>从鲤300个微卫星标记中筛选到23个与体质量、体长、体高、体厚显著相关的微卫星标记。梭鲈中筛选的与性状相关的标记还较少,GUO等<sup>[8]</sup>构建了梭鲈的遗传图谱,对8个生长性状进行了定位,获得了21个QTL区间,以SNP标

记为主。微卫星标记的多态性高,检测方便,可用于指导遗传选育的性状相关标记还比较少,本研究从77个微卫星标记中筛选出与梭鲈选育群体体质量、全长、体长、体高、体厚、头长、吻长、尾柄高、尾柄长显著相关的38个标记,比例为49.35%,高于吕伟华等<sup>[16]</sup>在鲤7.7%的筛选比例,低于鲁翠云等<sup>[17]</sup>在半滑舌鲷(*Cynoglossus semilaevis*)50%的筛选比例。原因可能是本研究同时分析的性状较多,单个性状获得的显著相关标记为2~21个,占比为2.6%~27.3%,对于单个性状相关标记的筛选比例并不高,例如在体质量筛选比例为10.4%,低于樊佳佳等<sup>[7]</sup>在大口黑鲈中的体质量筛选比例(12.5%),低于韩晓飞<sup>[9]</sup>在梭鲈中的体质量筛选比例(43.75%);在体长筛选比例为2.6%,低于樊佳佳等<sup>[7]</sup>在大口黑鲈中的体长筛选比例(12.5%),低于韩晓飞<sup>[9]</sup>在梭鲈中的体长筛选比例(43.75%);在全长筛选比例为10.4%,低于韩晓飞<sup>[9]</sup>在梭鲈中的全长筛选比例(43.75%)。

在关联分析研究中,发现了一因多效或多因一效的现象,即一个标记同时和几个性状相关联或者几个标记同时和一个性状相关联<sup>[18]</sup>。标记HLJSL021分别与全长、体厚、头长、吻长、尾柄高等性状相关;标记HLJSL039分别与体质量、全长、体长、头长等性状相关;标记HLJSL131分别与体质量和尾柄长等性状相关;标记HLJSL067、HLJSL083、HLJSL158分别与体质量、吻长、尾柄长等性状显著相关;标记HLJSL018和HLJSL038分别与体质量、全长、体厚、头长、吻长、尾柄高等性状显著相关。在鲤<sup>[16]</sup>、半滑舌鲷<sup>[17]</sup>、镜鲤<sup>[18]</sup>等都发现了此类现象,均符合经典的数量遗传学所认为的数量性状之间存在明显的相关性结论。

#### 3.3 生长性状优势基因型的分析

经济性状的QTL定位可使用的群体有近交群体(全同胞家系、回交群体、 $F_2$ 群体)和外交群体。外交群体相对于近交群体的优点是能够得到更多的等位基因用于育种实践;缺点是作为一个随机交配的外交群体,每个基因座上的等位基因较多,同一基因型的个体数偏少,使与生长性状连锁的结果发生偏差或错误<sup>[6,19]</sup>。外交群体已经用于鱼类的性状连锁标记筛选,顾颖等<sup>[6]</sup>在黄河鲤中从48个标记得到17个与性状显著相关的标记,共得到175个优势基因型;孙新等<sup>[19]</sup>在镜鲤

从中 35 个标记得到 118 个优势基因型。本研究使用的梭鲈选育群体为外交群体,从 77 个标记中得到 38 个与性状显著相关的标记,共得到 195 个优势基因型;一方面本研究分析的为梭鲈选育群体 F<sub>3</sub>,经过 3 代的选育,与性状连锁标记的基因型已经出现富集的情况,使分析的基因型相对集中;另一方面本研究使用的样本量相对较大,同一基因型的个体数增多,在一定程度上可以减轻利用外交群体带来的偏差<sup>[20]</sup>。

孙效文等<sup>[20]</sup>认为在水产动物选育中,基础研究细致、育种过程简单的研究战略更适合水产动物的育种研究。孙效文等<sup>[21]</sup>在镜鲤群体中筛选到 3 个与体质量相关的微卫星标记(HLJ302; HLJ383; HLJ343),在优良品系的选育中也取得了良好的应用效果<sup>[22]</sup>。徐磊等<sup>[23]</sup>在大口黑鲈群体中筛选到 4 个与生长有关的微卫星标记(JZL60、JZL67、MisaTpw76 和 MisaTpw117),在大口黑鲈“优鲈 1 号”的选育中取得了良好的聚合效果<sup>[24]</sup>; WANG 等<sup>[25]</sup>在草鱼基因组特定 scaffold 的参考序列开发出 CID391-2、CID973\_1 和 CID254\_1 以及 XIA 等<sup>[26]</sup>草鱼遗传图谱的标记(CID1512)在草鱼选育群体中得到良好的应用<sup>[27]</sup>。可见,使用少量性状相关的标记,将具有性状优势的等位基因或基因型在育种群体中富集,能够显著提高育种群体的生产性能<sup>[28-29]</sup>。本研究中发现标记 HLJSL039 同时与体质量、全长、体长、头长性状相关,且优势基因型(BC 和 BB)基本一致,可优先用于梭鲈亲鱼的选配,通过在亲鱼群体中筛查具有优势等位基因(B)的个体,配组繁殖单个或少数混合家系。

#### 4 结论

本研究用微卫星标记分析了梭鲈快速生长品系 F<sub>3</sub> 群体的遗传结构,评估了不同基因型与生长性状(体质量、全长、体长、体高、体厚、头长、吻长、尾柄高、尾柄长)的相关性。遗传结构评估结果显示:群体平均等位基因数为 4.5,观测杂合度为 0.746(0.520~0.954),期望杂合度为 0.691(0.441~0.851),平均多态信息含量为 0.641(0.412~0.843),群体处于高度多态水平( $PIC > 0.5$ )。基因型与性状关联分析结果显示:获得了 38 个微卫星标记至少与 1 个性状具有显著相关性。其中和体质量显著相关的标记有 8 个,在 38 个标记中共获得 195 个优势基因型,每个标记获得 1~10 个优

势基因型。因此,下一步将利用本研究获得的较为简单的微卫星标记指导配组家系,为开展基于 QTL 结果的标记指导选育提供工具。

#### 参考文献:

- [1] 孙志鹏,郑先虎,曹顶臣,等.池塘养殖梭鲈的生长特征及繁殖力研究[J].水产学杂志,2022,35(5):50-55.  
SUN Z P, ZHENG X H, CAO D C, et al. Growth characteristics and fecundity of pikeperch *Sander lucioperca* cultured in a pond [J]. Chinese Journal of Fisheries, 2022, 35(5): 50-55.
- [2] 周佳,孙志鹏,吉宇丹,等.梭鲈 *ghrh* 基因序列特征及其在大小个体间差异表达分析[J].淡水渔业,2023,53(5):68-76.  
ZHOU J, SUN Z P, JI Y D, et al. Sequence characteristics of *ghrh* gene in *Sander lucioperca* and its expression between big and small individuals [J]. Freshwater Fisheries, 2023, 53(5): 68-76.
- [3] 孙志鹏,鲁翠云,那荣滨,等.利用线粒体序列比较分析梭鲈鸭绿江和乌伦古湖群体的遗传结构[J].水产学杂志,2023,36(5):10-16,26.  
SUN Z P, LU C Y, NA R B, et al. Comparative analysis of genetic structure of pikeperch *Sander lucioperca* populations in Yalu River and Ulungur Lake based on mitochondrial sequences [J]. Chinese Journal of Fisheries, 2023, 36(5): 10-16, 26.
- [4] 陈锋,黄梦璐,李家乐,等.基于 HRM 技术的草鱼抗小瓜虫 *nrc3* 基因 SNP 标记开发及关联分析[J].上海海洋大学学报,2024,33(1):1-8.  
CHEN F, HUANG M L, LI J L, et al. Development and association analysis of SNP markers of *nrc3* gene in grass carp against *Ichthyophthirius multifiliis* based on HRM technology [J]. Journal of Shanghai Ocean University, 2024, 33(1): 1-8.
- [5] 郭加民,徐晓雁,李家乐,等.青鱼生长相关 SNP 标记在不同地理群体中的验证[J].上海海洋大学学报,2022,31(5):1089-1096.  
GUO J M, XU X Y, LI J L, et al. Verification of black carp growth-related SNP marker in different geographical populations [J]. Journal of Shanghai Ocean University, 2022, 31(5): 1089-1096.
- [6] 顾颖,鲁翠云,张芹,等.微卫星 QTL 标记分析豫选黄河鲤群体遗传结构及生长性状相关性[J].淡水渔业,2016,46(4):9-18.  
GU Y, LU C Y, ZHANG Q, et al. Analysis of genetic diversity and growth traits in *Cyprinus carpio* var. *haematopterus* using microsatellite QTL markers [J]. Freshwater Fisheries, 2016, 46(4): 9-18.
- [7] 樊佳佳,白俊杰,李小慧,等.大口黑鲈生长性状的微卫星 DNA 标记筛选[J].遗传,2009,31(5):515-522.

- FAN J J, BAI J J, LI X H, et al. Identification of microsatellite markers associated with growth traits in largemouth bass (*Micropterus salmoides* L.) [J]. *Hereditas*, 2009, 31(5): 515-522.
- [8] GUO J Q, LI C J, TENG T, et al. Construction of the first high-density genetic linkage map of pikeperch (*Sander lucioperca*) using specific length amplified fragment (SLAF) sequencing and QTL analysis of growth-related traits[J]. *Aquaculture*, 2018, 497: 299-305.
- [9] 韩晓飞. 白梭鲈微卫星分子标记开发及GHR基因的克隆表达分析[D]. 苏州: 苏州大学, 2016.
- HAN X F. Development of SSR markers, GHR gene cloning and expression of *Sander lucioperca* [D]. Suzhou: Soochow University, 2016.
- [10] 周佳, 孙志鹏, 吕伟华, 等. 梭鲈GH基因序列特征及其在生长差异个体间的表达分析[J]. *中国水产科学*, 2022, 29(10): 1397-1406.
- ZHOU J, SUN Z P, LYU W H, et al. Sequence characteristics of GH gene in *Sander lucioperca* and relationship between its expression and growth differences among individuals [J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2022, 29(10): 1397-1406.
- [11] SIPOS D K, KOVÁCS G, BUZA E, et al. Comparative genetic analysis of natural and farmed populations of pikeperch (*Sander lucioperca*) [J]. *Aquaculture International*, 2019, 27(4): 991-1007.
- [12] 郑先虎, 鲁翠云, 孙志鹏, 等. 一种高效构建和选育梭鲈快速生长品系的方法: 中国, 202311401788. 2[P]. 2024-01-16.
- ZHENG X H, LU C Y, SUN Z P, et al. A method for efficiently constructing and selecting fast-growing strains of *Sander lucioperca*: CN, 202311401788. 2[P]. 2024-01-16.
- [13] 郑先虎, 孙志鹏, 鲁翠云, 等. 一种快速驯化梭鲈的简易方法: 中国, 202110868113. 3[P]. 2022-10-04.
- ZHENG X H, SUN Z P, LU C Y, et al. A simple method for rapid domestication of the *Sander lucioperca*: CN, 202110868113. 3[P]. 2022-10-04.
- [14] LU C Y, SUN Z P, XU P, et al. Novel microsatellites reveal wild populations genetic variance in pike-perch (*Sander lucioperca*) in China [J]. *Aquaculture Reports*, 2022, 23: 101031.
- [15] BOTSTEIN D, WHITE R L, SKOLNICK M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms [J]. *American Journal of Human Genetics*, 1980, 32(3): 314-331.
- [16] 吕伟华, 赵元凤, 匡友谊, 等. 鲤四种经济性状的微卫星标记分析[J]. *水产学杂志*, 2011, 24(4): 43-49.
- LYU W H, ZHAO Y F, KUANG Y Y, et al. Analysis on four economical traits in common carp (*Cyprinus carpio* L.) by microsatellite markers [J]. *Chinese Journal of Fisheries*, 2011, 24(4): 43-49.
- [17] 鲁翠云, 李超, 郑先虎, 等. 半滑舌鳎生长相关的微卫星标记及优势基因型[J]. *水产学杂志*, 2016, 29(2): 1-8.
- LU C Y, LI C, ZHENG X H, et al. Analysis of significant correlation microsatellite marker and preferred genotypes with growth traits in half-smooth tongue sole (*Cynoglossus semilaevis*) [J]. *Chinese Journal of Fisheries*, 2016, 29(2): 1-8.
- [18] 邢新梅, 张研, 徐鹏, 等. 镜鲤微卫星标记与体形性状的关联分析[J]. *中国水产科学*, 2011, 18(5): 965-982.
- XING X M, ZHANG Y, XU P, et al. Correlation analysis between microsatellite markers and body-shape traits in *Cyprinus carpio* L. [J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2011, 18(5): 965-982.
- [19] 孙新, 魏振邦, 孙效文, 等. 镜鲤繁殖群体的遗传结构及微卫星标记与经济性状的相关性分析[J]. *遗传*, 2008, 30(3): 359-366.
- SUN X, WEI Z B, SUN X W, et al. Analysis of genetic structure of mirror carp population and correlation of microsatellite markers and economic traits [J]. *Hereditas*, 2008, 30(3): 359-366.
- [20] 孙效文, 鲁翠云, 贾智英, 等. 水产动物分子育种研究进展[J]. *中国水产科学*, 2009, 16(6): 981-990.
- SUN X W, LU C Y, JIA Z Y, et al. The progress of molecular marker-based breeding for aquatic species [J]. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2009, 16(6): 981-990.
- [21] 孙效文, 鲁翠云, 匡友谊, 等. 镜鲤两个繁殖群体的遗传结构和几种性状的基因型分析[J]. *水产学报*, 2007, 31(3): 273-279.
- SUN X W, LU C Y, KUANG Y Y, et al. Analysis of the genetic structure of two mirror common carp population and genotypes for some traits [J]. *Journal of Fisheries of China*, 2007, 31(3): 273-279.
- [22] 孙效文, 鲁翠云, 曹顶臣, 等. 镜鲤体重相关分子标记与优良子代的筛选和培育[J]. *水产学报*, 2009, 33(2): 177-181.
- SUN X W, LU C Y, CAO D C, et al. Molecular markers associated with body weight of mirror carp and selection and raising of progenies [J]. *Journal of Fisheries of China*, 2009, 33(2): 177-181.
- [23] 徐磊, 白俊杰, 李胜杰, 等. 大口黑鲈“优鲈1号”生长相关优势基因型的分析[J]. *海洋渔业*, 2014, 36(1): 24-28.
- XU L, BAI J J, LI S J, et al. Analysis of growth-related genotypes in “Youlu No. 1” largemouth bass (*Micropterus salmoides*) [J]. *Marine Fisheries*, 2014, 36(1): 24-28.
- [24] 徐磊, 白俊杰, 李胜杰. 大口黑鲈生长性状相关标记的聚合效果分析[J]. *中国水产科学*, 2014, 21(1): 53-58.
- XU L, BAI J J, LI S J. The effect of pyramiding growth-related genotypes in largemouth bass (*Micropterus salmoides*) [J]. *Journal of Fishery Sciences of China*,

- 2014, 21(1): 53-58.
- [25] WANG Y P, LU Y, ZHANG Y, et al. The draft genome of the grass carp (*Ctenopharyngodon idellus*) provides insights into its evolution and vegetarian adaptation [J]. *Nature Genetics*, 2015, 47(6): 625-631.
- [26] XIA J H, LIU F, ZHU Z Y, et al. A consensus linkage map of the grass carp (*Ctenopharyngodon idella*) based on microsatellites and SNPs[J]. *BMC Genomics*, 2010, 11: 135.
- [27] 余成晨, 沈玉帮, 徐晓雁, 等. 草鱼生长相关的微卫星标记在选育群体中的验证[J]. *水产学报*, 2021, 45(3): 321-332.
- YU C C, SHEN Y B, XU X Y, et al. Verification of microsatellite markers associated with growth traits in selected populations of grass carp (*Ctenopharyngodon idella*) [J]. *Journal of Fisheries of China*, 2021, 45(3): 321-332.
- [28] 鲁翠云. 鲤生长性状主效QTL育种潜力评估及其在染色体上的定位[D]. 上海: 上海海洋大学, 2014.
- LU C Y. Breeding potentials and chromosome locations of the major QTLs affecting growth traits in common carp (*Cyprinus carpio* L.) [D]. Shanghai: Shanghai Ocean University, 2014.
- [29] 纪达, 杨玉梅, 姚俊杰, 等. 贵州7个鲤养殖群体遗传多样性与遗传结构分析[J]. *海洋渔业*, 2023, 45(3): 257-266.
- JI D, YANG Y M, YAO J J, et al. Analysis of genetic diversity and genetic structure of 7 cultured *Cyprinus carpio* populations in Guizhou Province [J]. *Marine Fisheries*, 2023, 45(3): 257-266.

## Correlation analysis between genotypes and growth traits of fast growing strain F<sub>3</sub> of pikeperch (*Sander lucioperca*)

PAN Yadan<sup>1,2</sup>, LU Cuiyun<sup>1,2</sup>, SUN Zhipeng<sup>1</sup>, LIU Tianqi<sup>1</sup>, ZHANG Kexin<sup>1</sup>, ZHENG Xianhu<sup>1,2</sup>

(1. Heilongjiang Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Harbin 150070, Heilongjiang, China; 2. College of Fisheries and Life Sciences, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China)

**Abstract:** In this study, we conducted association analysis between microsatellite markers and growth traits such as body weight, total length, body length, body height, body thickness, head length, snout length, caudal stalk height and caudal length in the F<sub>3</sub> population of pikeperch (*Sander lucioperca*), the fast-growing strain, to identify markers for genetic breeding. The average allele number for each marker was 4.5. The average observed heterozygosity at 0.746 (ranging from 0.520 to 0.954), with expected heterozygosity recorded at 0.691 (with a range of 0.441 to 0.851). The average polymorphism information content was 0.641. The results showed that 38 microsatellite markers had significant association with at least one trait ( $P < 0.05$ ), among which 21 markers, such as HLJSL018, HLJSL021 and HLJSL022, had extremely significant association with the corresponding trait ( $P < 0.01$ ). Specifically, we detected several 2-21 significant microsatellite markers for 9 traits, ranging from 2 to 21, of which only two markers (HLJSL039 and HLJSL042) were identified for body length ( $P < 0.05$ ); but there are 21 markers significantly associated with the height of the tail stalk, among which 11 markers such as HLJSL018, HLJSL021, and HLJSL022 are highly significant ( $P < 0.01$ ). There are 8 markers significantly associated with body mass, of which HLJSL018 and HLJSL067 are highly significant ( $P < 0.01$ ). A total of 195 dominant genotypes, with a proportion of over 5% higher than the overall mean, were obtained in 38 markers. Each marker obtained 1-10 dominant genotypes, among which HLJSL073 obtained the least dominant genotypes and HLJSL079 obtained the most dominant genotypes. In summary, we assessed the genetic structure of the pikeperch breeding population and identified markers closely associated with growth traits, which can inform the genetic selection of pikeperch.

**Key words:** pikeperch; genotype; growth traits; association analysis