

方 妍, 陆晨阳, 王艺红, 等. 厦门近海不同年际间黄鳍棘鲷遗传多样性研究[J]. 渔业研究, 2025, 47(2): 223 – 229.

Fang Y, Lu C Y, Wang Y H, et al. Genetic characteristics of *Acanthopagrus latus* among generations in the coastal waters of Xiamen, Fujian Province[J]. Journal of Fisheries Research, 2025, 47(2): 223 – 229.

厦门近海不同年际间黄鳍棘鲷遗传多样性研究



方 妍^{1,2}, 陆晨阳¹, 王艺红³, 刘贤德¹, 胡战彪²,
蔡紫紫², 李 渊^{2,4}, 张 静^{1,4*}

(1. 集美大学水产学院, 福建 厦门 361021;

2. 自然资源部第三海洋研究所, 福建 厦门 361005;

3. 漳州市水产技术推广站, 福建 漳州 363000;

4. 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:【背景】在全球渔业资源管理中, 增殖放流作为一种重要的资源恢复措施被广泛应用, 然而其对目标物种遗传特征的长期影响仍需深入研究。黄鳍棘鲷 (*Acanthopagrus latus*) 作为厦门近海重要的商业鱼类, 其遗传特征的稳定性对于维护其种群健康至关重要。【目的】本研究旨在评估近年来增殖放流对厦门近海黄鳍棘鲷遗传特征的影响, 了解其是否对种质资源产生显著影响。【方法】本研究采用线粒体 DNA 控制区序列对不同时间点采集的厦门近海黄鳍棘鲷样本进行测序, 并利用遗传多样性分析、系统发育树构建及分子方差分析 (AMOVA) 等方法评估群体的遗传变异情况。【结果】分析显示, 3 个黄鳍棘鲷群体共获得 66 条线粒体 DNA 控制区序列, 存在 82 个变异位点, 共定义了 58 个单倍型, 其中特有单倍型 54 个, 黄鳍棘鲷群体的整体遗传多样性水平较高; 基于 58 个黄鳍棘鲷线粒体控制区单倍型构建的 NJ 系统发育树显示, 所有的黄鳍棘鲷聚类为一支; AMOVA 分析显示, 不同年份黄鳍棘鲷的遗传变异主要来自群体内, 群体间遗传变异仅占 1.23%。【结论】近年来厦门近海黄鳍棘鲷的增殖放流活动未对遗传多样性造成显著影响, 群体遗传结构保持稳定。这一发现为未来增殖放流策略的优化和黄鳍棘鲷资源的可持续管理提供了支持。

关键词: 厦门近海; 黄鳍棘鲷; 增殖放流; 遗传多样性; 遗传结构; 种质资源

中图分类号: S937.3 **文献标识码:** A **文章编号:** 2096 – 9848 (2025) 02 – 0223 – 07

物种作为构成生物群落和生态系统的基本单元, 决定了生态系统多样性的特性, 而物种多样性的丰富程度受到不同物种遗传多样性的影响^[1-2], 通过对目标种群遗传特征的研究, 可以对其资源进行更有效、更合理的管理^[3]。线粒体 DNA (Mitochond-

drionmt, mtDNA) 具有母系遗传特性, 其中控制区进化速度较快、变异程度较高, 且具有显著的突变积聚, 使其非常适合研究群体间的遗传特征^[4]。在物种保护和资源管理层面, 通过研究物种控制区的遗传特征, 可以了解不同种群之间的遗传多样性

收稿日期: 2024-08-26

修回日期: 2024-12-25

基金项目: 福建省科技厅引导性项目 (2023N0011); 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 (Z822279); 自然资源部第三海洋研究所基本科研业务费专项 (海三科 2024016)

第一作者: 方 妍, 女, 硕士研究生, 研究方向为分子生物学。E-mail: 18110677050@163.com

通信作者: 张 静, 女, 副教授, 研究方向为渔业生物与生态、分子生物学。E-mail: zhjing@jmu.edu.cn

©《渔业研究》编辑部。本文为使用 CC BY-NC-ND 4.0 许可协议的开放获取作品。

© Editorial Office of Journal of Fisheries Research. This is an open access article under the CC BY-NC-ND 4.0 license.

水平及连通程度,并制定相应的保护策略^[5]。

黄鳍棘鲷 (*Acanthopagrus latus*) 隶属于鲈形目 (Perciformes)、鲷科 (Sparidae)、棘鲷属 (*Acanthopagrus*), 是一种近岸浅海暖水性中下层鱼类, 主要分布于中国南海及东海、日本南部海域、菲律宾海域和印度-西太平洋暖水域^[6-7], 为厦门本地很受欢迎的高档海鱼之一, 具有很高的经济价值。随着捕捞压力的增大和近海生态环境的不断恶化, 黄鳍棘鲷的资源量出现了显著的衰退趋势^[8]。厦门市人民政府为了改变这一现状, 自 2004 年开始黄鳍棘鲷野外增殖放流工作, 努力恢复其资源量。

当大量的人工繁育苗种被投放至自然海域中, 它们可能与原有的野生群体发生生态位的激烈竞争, 对目标种的遗传特征和种质资源产生影响^[9-11]。Gonzalez 等^[12] 和 Shan 等^[13] 研究发现放流群体分别对广岛湾和珠江口海域黑棘鲷 (*A. schlegelii*) 野生群体的遗传多样性产生了影响, 最终造成二者间的显著遗传差异。然而, 在北部湾开展的长毛对虾 (*Penaeus penicillatus*) 和日本对虾 (*P. japonicus*) 增殖放流有效地补充了其在海域中的资源量, 且未对该海域两种对虾的野生群体造成明显的遗传学影响^[14-15]。厦门近海黄鳍棘鲷经历多年的人工繁育苗种的补充, 其不同年际间的遗传特征是否发生变化尚未见报道。

因此, 本研究采用线粒体控制区基因片段, 深入剖析厦门近岸海域采集的黄鳍棘鲷种群的遗传多样性及遗传结构, 探究经过多年的增殖放流实践后, 黄鳍棘鲷群体在不同年际间遗传特征的动态变化, 以期为黄鳍棘鲷种质资源的保护与管理、资源恢复与利用, 以及生态保护和修复等策略的制定提供坚实的科学支撑。

1 材料与方法

1.1 实验材料

本研究所使用的黄鳍棘鲷样品采集于福建厦门近海, 具体的采集时间、地点和数量如下: 2015 年 9 月, 在 N24°35'57"、E118°09'18" 处采集了 24 尾 (命名为 HQ); 2019 年 10 月, 在 N24°25'35"、E118°11'04" 处采集了 23 尾 (命名为 XM); 2022 年 9 月, 在 N24°40'42.93"、E118°25'28.24" 处采集了 19 尾 (命名为 XMA)。所有黄鳍棘鲷样品的形态学鉴定参照 Nakabi^[16] 的分类标准, 经鉴定准确无误后, 取其背部肌肉用 95% 酒精固定, 于 -20℃ 保存备用。自然源资源部第三海洋研究所伦理委员

会批准动物实验, 批准编号为 TIO-IACUC-01-2025-01-08。

1.2 基因组 DNA 的提取

使用天根生化科技 (北京) 有限公司的海洋动物组织基因组 DNA 提取试剂盒提取黄鳍棘鲷基因组 DNA, 储存于 4℃ 冰箱中或长期保存于 -20℃, 以备后续使用。

1.3 PCR 扩增与序列测定

本研究采用海洋鱼类线粒体 DNA 控制区基因片段通用引物 (DL-S: 5'-CCCACCACTAAGTC-CCAAAGC-3'; DL-R: 5'-CTGGAAAGAACGCCC-GGCATG-3')^[17], 对其进行扩增。PCR 反应总体积为 25.00 μL: 10 × Buffer 2.50 μL, dNTP 2.00 μL, Taq 酶 0.15 μL, 上下游引物各 1.00 μL (5 mmol/L), DNA 模板 1.00 μL, 最后加入 17.35 μL 灭菌的超纯水补足至 25.00 μL。

PCR 反应条件: 预变性 94℃、5 min; 变性 94℃、30 s, 退火 50℃、30 s, 延伸 72℃、40 s, 循环 32 次; 延伸 72℃、10 min, 4℃ 保温保存。PCR 产物经电泳检测合格后, 送至派森诺生物技术有限公司进行双向测序。

1.4 数据分析

本文中使用 DNASTar (Lasergene v7.1.0) 软件^[18] 对测得的黄鳍棘鲷线粒体 DNA 控制区序列进行编辑、校正和比对分析, 再使用 Arlequin 3.5 软件^[19] 计算不同群体的单倍型数量、单倍型多样性、核苷酸多样性和平均核苷酸差异数等遗传多样性参数, 以及计算群体间的遗传分化指数 F_{ST} 值和分子变异分析 (Analysis of molecular variance, AMOVA)。使用 MEGA 5.10^[20] 软件, 以黑棘鲷作为外群, 构建黄鳍棘鲷单倍型的邻接系统发育树 (Neighbor joining tree, NJ-Tree), 并进行 1000 次的置信度检验, 以增强各分支的可信度。

2 结果与分析

2.1 遗传多样性

3 个黄鳍棘鲷群体共获得 66 条序列, 经人工比对和校准后获得目的片段 520~522 bp, 其中剔除了 tRNAPro 下游 28 bp 的部分序列。经过检测发现 82 个变异位点, 其中 50 个是简约信息位点; 32 个是单一信息位点。此外, 还有 3 处存在插入/缺失现象。在碱基组成方面, A 的含量为 35.23%, T 的含量为 31.21%, G 的含量为 14.10%, C 的含量为 19.46%。AT 含量明显高于 GC 含量, 表明该片段

具有一定的 AT 偏好性。

66 条控制区序列共定义了 58 个单倍型，其中特有单倍型 54 个（93.1%）。HQ 群体包含 22 个单倍型，其中特有单倍型 21 个；XM 群体包含 17 个单倍型，其中特有单倍型 17 个；XMA 群体

包含 19 个单倍型，其中特有单倍型 16 个；3 个群体共享的单倍型数为 4 个（6.9%）（图 1）。黄鳍棘鲷群体的整体遗传多样非常高（ 0.9944 ± 0.0043 ），其中 XMA 群体单倍型多样性最高，为 1.0000 ± 0.0171 （表 1）。

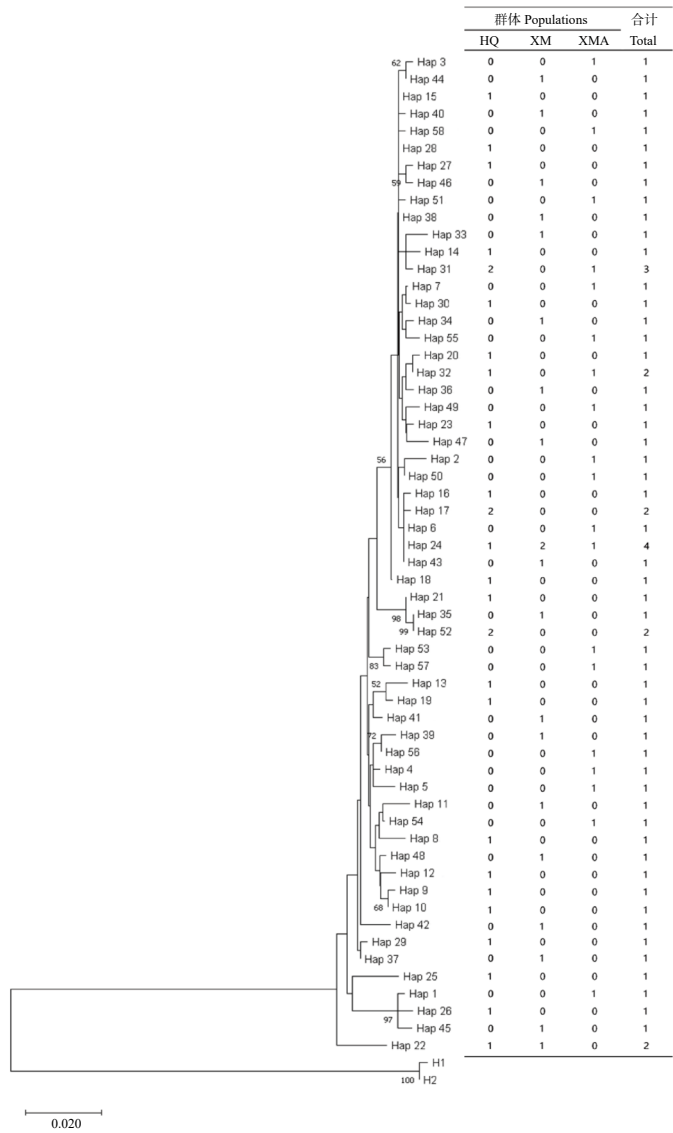


图 1 以黑棘鲷为外群构建的 NJ 系统发育树及黄鳍棘鲷单倍型分布情况

Fig. 1 NJ-Tree of *A. latus* constructed with *A. schlegelii* as outgroup and its distribution of haplotypes among three *A. latus* populations

表 1 不同年际间黄鳍棘鲷群体的遗传多样性参数

Tab. 1 Genetic diversity parameters of *A. latus* populations across different years

群体 Populations	采样时间 Sampling time	样品数量 No. of samples	单倍型数量 No. of haplotypes	单倍型多样性 Haplotype diversity	核苷酸多样性 Nucleotide diversity	平均核苷酸差异数 Mean number of pairwise differences
HQ	2015-09	24	22	0.996 4±0.013 3	0.018 3±0.009 7	9.558 0±4.542 2
XM	2019-10	23	17	0.988 1±0.016 3	0.016 2±0.008 7	8.426 9±4.047 3
XMA	2022-09	19	19	1.000 0±0.017 1	0.015 7±0.008 5	8.187 1±3.973 0
合计 Total		66	58	0.994 4±0.004 3	0.016 7±0.008 6	8.699 3±4.067 4

2.2 遗传结构

以黑棘鲷为外群，基于 58 个黄鳍棘鲷线粒体控制区单倍型构建 NJ 系统发育树，结果显示，该系统发育树的拓扑结构无明显的谱系结构，所有的黄鳍棘鲷聚类为一支（图 1）。AMOVA 分析显示（表 2），黄鳍棘鲷群体的遗传变异主要集中在群体内部，群体间遗传变异占比仅为-1.23%；群体

间遗传分化指数 F_{ST} 值为-0.012，且统计检验后结果不显著（ P 值为 0.841 ± 0.011 ），负值表示遗传变异主要来自群体内；群体内变异总和为 276.297，占遗传变异的 101.23%，表明群体内遗传多样性较高。总体而言，黄鳍棘鲷群体表现出较为均一的遗传结构，即群体内部存在较为丰富的遗传多样性，而群体间的遗传分化非常低。

表 2 基于线粒体 DNA 控制区对黄鳍棘鲷群体的分子方差分析
Tab. 2 AMOVA of *A. latus* populations based on mtDNA CR sequences

变异来源 Sources of variation	变异总和 Sum of squares	百分比 Percentage variation	F_{ST}	P
群体间 Among population	6.431	-1.23	-0.012	0.841±0.011
群体内 Within population	276.297	101.23		

3 讨论

丰富的遗传多样性不仅赋予了物种更大的进化潜力，使它们能在多变的自然环境中灵活适应，同时也是评价物种资源状况的重要依据之一，其中核苷酸多样性是群体遗传多样性的重要指标之一，反映了群体中各核苷酸位点的变异程度；而单倍型多样性则衡量了群体中不同单倍型的分布情况；二者共同揭示了线粒体基因组的变异程度^[21]。黄鳍棘鲷是中国东南沿海重要的渔业经济种类，但其资源量在近些年也发生了明显的衰退，针对其遗传多样性的研究较多，但探讨增殖放流对其遗传特征产生影响的研究较少。龚金波^[22]、Xia 等^[23]、杨慧荣等^[24]、Song 等^[25] 的研究表明，近些年中国沿海黄鳍棘鲷群体一直保持较高的遗传多样性水平。朱克诚等^[26] 和 Liu 等^[27] 评估了阳江和东山湾海域黄鳍棘鲷放流群体的遗传质量，其中放流苗种的亲本均源自放流海域的野生个体，结果显示放流群体与自然海域群体的遗传多样性水平均较高，且无明显的遗传分化。本研究显示，厦门近海不同年际间的黄鳍棘鲷群体单倍型多样性均较高，核苷酸多样性均较低，表明这 3 个群体均具有较高的遗传多样性水平，且群体间无明显的遗传分化，结果与早期研究基本一致。

如此之高的遗传多样性水平可能与黄鳍棘鲷在海域中大量的繁殖和分批产卵的繁殖习性有关^[27]。此外，黄鳍棘鲷在自然水域的生长速度并不比其他鱼类慢^[28]。这些优势特征确保了黄鳍棘鲷在自然水域中有着大量的繁殖种群。每年从 11 月底开始，市场上会陆续供应海区捕捞的黄鳍棘鲷鱼苗，供应期持续至 12 月底。这一持续供应可确保黄鳍棘鲷

放流种群中有足够数量的亲本，从而避免因亲本数量不足、子代数量过多而导致遗传多样性下降的问题。这有助于在当前渔业资源衰退的背景下，维持黄鳍棘鲷种群的较高遗传多样性水平。同时，厦门周边海域属于国家级自然保护区，在保护海洋生态系统和生物资源等方面取得了显著的成就和效果，保护区范围内实行禁渔捕捞，海洋鱼类面临的捕捞压力基本为 0，这也是厦门海域黄鳍棘鲷具有较高遗传多样性的原因之一。

物种的遗传结构体现了其进化过程中的地理和生态适应差异，并能通过遗传结构推断种群历史动态，包括有效种群大小、地理分布、基因流动和遗传分化的变化^[17]。本研究结果显示，厦门近海不同年际间的黄鳍棘鲷群体间分化程度非常低，表明近些年黄鳍棘鲷的大批量人工放流并未造成群体间的遗传分化，苗种的人工繁育并未产出定向选择。研究结果揭示，近年来在厦门近海进行的黄鳍棘鲷增殖放流活动于目前并没有对自然海域中黄鳍棘鲷的种质资源产生明显的不良影响。

4 结论

在厦门近海开展黄鳍棘鲷大规模增殖放流之后，不同年际间的黄鳍棘鲷群体均呈现出非常高的遗传多样性水平，同时 3 个黄鳍棘鲷群体之间未表现出显著的遗传分化。具体而言，3 个不同年份的群体均展现出极高的单倍型多样性（最高达 1.0000 ± 0.0171 ）和整体遗传多样性水平（ 0.9944 ± 0.0043 ），同时群体间的遗传分化指数 F_{ST} 为-0.012，说明遗传变异主要来源于群体内部，而非群体间。这可能是与放流群体的遗传信息和厦门附近海域野生群体差别不大有关，且黄鳍棘鲷的基因型和基因频率仍

然保持较为稳定。本研究除了能够了解目前厦门近海黄鳍棘鲷种群的遗传多样性现状外, 还可以评估和监测黄鳍棘鲷群体遗传特征的变化趋势, 从而为制定科学合理的保护措施提供了依据。

参考文献 (References):

- [1] Rumisha C, Huyghe F, Rapanoel D, *et al.* Genetic diversity and connectivity in the East African giant mud crab *Scylla serrata*: implications for fisheries management[J]. *PLoS One*, 2017, 12(10): e0186817.
- [2] Miller K J, Maynard B T, Mundy C N. Genetic diversity and gene flow in collapsed and healthy abalone fisheries[J]. *Molecular Ecology*, 2009, 18(2): 200 – 211.
- [3] Torati L S, Taggart J B, Varela E S, *et al.* Genetic diversity and structure in *Arapaima gigas* populations from Amazon and Araguaia-Tocantins river basins[J]. *BMC Genetics*, 2019, 20(1): 13.
- [4] Liu L, Zhang X M, Li C H, *et al.* Population genetic structure of marbled rockfish, *Sebastes marmoratus* (Cuvier, 1829), in the northwestern Pacific Ocean[J]. *Zookeys*, 2019, 830: 127 – 144.
- [5] 曹艳. 基于线粒体控制区序列的中国沿海3种鲷科鱼类遗传多样性分析[D]. 广州: 暨南大学, 2016.
Cao Y. Genetic diversity of 3 sparid species in coastal waters of China based on mitochondrial control region sequences[D]. Guangzhou: Jinan University, 2016.
- [6] 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.
- [7] 江世贵, 苏天凤, 夏军红, 等. 中国近海鲷科鱼类种质资源及其利用[M]. 北京: 海洋出版社, 2012.
Jiang S G, Su T F, Xia J H, *et al.* Genetic resources of snapper species in Chinese coastal waters and their utilization[M]. Beijing: China Ocean Press, 2012.
- [8] 吕少梁, 王学锋, 林坤, 等. 黄鳍棘鲷3种标志方法效果的比较与分析[J]. 海洋渔业, 2019, 41(5): 616 – 622.
Lü S L, Wang X F, Lin K, *et al.* Evaluation and comparison of three tagging methods on *Acanthopagrus latus* [J]. *Marine Fisheries*, 2019, 41(5): 616 – 622.
- [9] Cooney R T, Brodeur R D. Carrying capacity and North Pacific salmon production: stock-enhancement implications[J]. *Bulletin of Marine Science*, 1998, 62(2): 443 – 464.
- [10] Sekino M, Hara M, Taniguchi N. Loss of microsatellite and mitochondrial DNA variation in hatchery strains of Japanese flounder *Paralichthys olivaceus*[J]. *Aquaculture*, 2002, 213(1–4): 101 – 122.
- [11] 赵雨, 孙典荣, 单斌斌, 等. 基于微卫星标记的真鲷放流群体与增殖海域群体遗传变异比较分析[J]. 海洋科学, 2020, 44(10): 66 – 73.
Zhao Y, Sun D R, Shan B B, *et al.* Comparison and analysis of genetic variation between the released population and the population in the breeding area of *Pagrus major* based on microsatellite markers[J]. *Marine Sciences*, 2020, 44(10): 66 – 73.
- [12] Gonzalez E B, Murakami T, Yoneji T, *et al.* Reduction in size-at-age of black sea bream (*Acanthopagrus schlegelii*) following intensive releases of cultured juveniles in Hiroshima Bay, Japan[J]. *Fisheries Research*, 2009, 99(2): 130 – 133.
- [13] Shan B B, Liu Y, Song N, *et al.* Genetic diversity and population structure of black sea bream (*Acanthopagrus schlegelii*) based on mitochondrial control region sequences: the genetic effect of stock enhancement[J]. *Regional Studies in Marine Science*, 2020, 35: 101188.
- [14] Zhang M Y, Zhao Y, Shan B B, *et al.* Microsatellite-marker-based evaluation of stock enhancement for Kuruma prawn *Penaeus japonicus* in Beibu Gulf, South China Sea[J]. *Fishes*, 2023, 8(12): 568.
- [15] 刘胜男, 孙典荣, 刘岩, 等. 使用微卫星标记评估北部湾长毛对虾增殖放流效果[J]. 中国海洋大学学报(自然科学版), 2019, 49(S2): 37 – 45.
Liu S N, Sun D R, Liu Y, *et al.* Effectiveness evaluation of stock enhancement of *Penaeus penicillatus* based on microsatellites[J]. *Periodical of Ocean University of China*, 2019, 49(S2): 37 – 45.
- [16] Nakabo T. Nihon-san gyorui kensaku: zenshu no do, tei = fishes of Japan with pictorial keys to the species [M]. Kanagawa-ken, Hadano-shi: Toi kai Daigaku Shuppankai, 2013: 3.
- [17] Crandall K A, Posada D, Vasco D. Effective population sizes: missing measures and missing concepts[J]. *Animal Conservation*, 1999, 2(4): 317 – 319.
- [18] Burland T G. DNASTAR's lasergene sequence analysis software[M]//Misener S, Krawetz S A. Methods in molecular biology. Totowa: Humana, 2000: 71 – 91.

- [19] Librado P, Rozas J. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data[J]. *Bioinformatics*, 2009, 25(11): 1451 – 1452.
- [20] Tamura K, Peterson D, Peterson N, *et al.* MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2011, 28(10): 2731 – 2739.
- [21] 施晓峰, 苏永全, 王文成, 等. 基于 mtDNA 控制区序列的 3 个黑棘鲷群体遗传结构特性研究 [J]. *热带海洋学报*, 2015, 34 (1): 56 – 63.
Shi X F, Su Y Q, Wang W C, *et al.* Population genetic structure of three stocks of *Acanthopagrus schlegelii* based on mtDNA control region sequences[J]. *Journal of Tropical Oceanography*, 2015, 34(1): 56 – 63.
- [22] 龚金波. 中国近海两种鲷科鱼类遗传结构及遗传多样性分析 [D]. 武汉: 华中农业大学, 2006.
Gong J B. Genetic structure and genetic diversity of two Sparidae species in Chinese coastal waters[D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2006.
- [23] Xia J H, Huang J H, Gong J B, *et al.* Significant population genetic structure of yellowfin seabream *Acanthopagrus latus* in China[J]. *Journal of Fish Biology*, 2008, 73(8): 1979 – 1992.
- [24] 杨慧荣, 江世贵, 苏天凤, 等. 黄鳍鲷 2 个自然群体遗传变异的 RAPD 分析 [J]. *热带海洋学报*, 2004, 23 (2): 55 – 61.
Yang H R, Jiang S G, Su T F, *et al.* Genetic diversity of two wild populationsof *Sparus latus* by RAPD[J]. *Journal of Tropical Oceanography*, 2004, 23(2): 55 – 61.
- [25] 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.
- [26] 朱克诚, 刘宝锁, 伞利择, 等. 黄鳍棘鲷放流苗种的遗传质量评估 [J]. *广东海洋大学学报*, 2021, 41 (3): 138 – 144.
Zhu K C, Liu B S, San L Z, *et al.* Genetic quality evaluation of *Acanthopagrus latus* for stock enhancement[J]. *Journal of Guangdong Ocean University*, 2021, 41(3): 138 – 144.
- [27] 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.
- [28] 施晓峰, 史会来, 楼宝, 等. 黄鳍鲷生物学特性及人工繁育现状 [J]. *河北渔业*, 2012 (1): 52 – 55.
Shi X F, Shi H L, Lou B, *et al.* Biological characteristics and artificial propagation, culture technique for *Sparus latus* (Houttuyn)[J]. *Hebei Fisheries*, 2012(1): 52 – 55.

Genetic characteristics of *Acanthopagrus latus* among generations in the coastal waters of Xiamen, Fujian Province

FANG Yan^{1,2}, LU Chenyang¹, WANG Yihong³, LIU Xiande¹, HU Zhanbiao²,
CAI Zizi², LI Yuan^{2,4}, ZHANG Jing^{1,4*}

(1. Fisheries College, Jimei University, Xiamen 361021, China;

2. Third Institute of Oceanography, Ministry of Natural Resources, Xiamen 361005, China;

3. Zhangzhou Fisheries Technical Extension Station, Zhangzhou 363000, China;

4. Fujian Provincial Key Laboratory of Marine Fishery Resources and Eco-environment, Xiamen 361021, China)

Abstract: [Background] Stock enhancement has been widely used as an important resource restoration measure in global fisheries management. However, its long-term impact on the genetic characteristics of target species still requires further investigation. *Acanthopagrus latus*, an important commercial fish species in the coastal waters of Xiamen, Fujian Province, has genetic stability that is crucial for maintaining the health of its population. [Objective] This study aims to evaluate the impact of recent stock enhancement on the genetic characteristics of *A. latus* in the coastal waters of Xiamen and to determine whether it has caused any significant effects on the germplasm resources of the population. [Methods] Mitochondrial DNA control region sequences were used to sequence samples of *A. latus* collected at different time points in the coastal waters of Xiamen. Genetic diversity analysis, phylogenetic tree construction, and analysis of molecular variance (AMOVA) were employed to assess the genetic variation within the populations. [Results] The analysis revealed 66 mitochondrial DNA control region sequences obtained from 3 *A. latus* populations, with 82 polymorphic sites, defining 58 haplotypes, 54 of which were unique. The overall genetic diversity level of the populations was high. The NJ-Tree based on 58 mitochondrial control region haplotypes showed that all *A. latus* clustered into one group. AMOVA analysis indicated that the majority of genetic variation in the populations came from within the groups, with only 1.23% of the variation attributed to differences between groups. [Conclusion] The recent stock enhancement activities in the coastal waters of Xiamen have not significantly affected the genetic diversity of *A. latus*, and the population's genetic structure remains stable. This finding supports the optimization of future stock enhancement strategies and the sustainable management of *A. latus* resources.

Key words: Xiamen coastal waters; *Acanthopagrus latus*; stock enhancement; genetic diversity; genetic structure; germplasm resources