

鲤和牙鲆的两种雌核发育子代的基因型分析

孙效文¹, 张研^{1,2}, 季旭^{1,3}, 明召华^{1,2}, 鲁翠云¹, 梁利群¹, 刘海金⁴

(1. 中国水产科学研究院黑龙江水产研究所农业部北方鱼类生物工程育种重点开放实验室,
黑龙江哈尔滨 150070; 2. 上海海洋大学水产与生命学院,上海 200090;
3. 大连水产学院生命科学与技术学院,辽宁 大连 116023; 4. 中国水产科学研究院,北京 100039)

摘要: 研究调查了鲤和牙鲆经两种雌核发育操作获得的子代的基因型纯合情况。结果显示,多数子代在母本杂合基因座上的纯合速率并不快,如鲤抑制第一次卵裂的44尾子代平均纯合化程度为30.2%,纯合化程度最高的个体为53.3%,纯合化程度最低的仅有13.3%,没有得到纯合个体;牙鲆抑制第一次卵裂22个子代中有3个纯合个体;而抑制第二极体的牙鲆4个家系中纯合化最高的个体是C家系的第18号子代为56%,平均纯合度为19%,14个子代的纯合化速率为零。结合鲤抑制第二极体和牙鲆抑制第一次卵裂的实验结果对两种雌核发育产生的纯化作用进行了分析和评价;并针对育种过程中的雌核发育技术进行了讨论。

关键词: 养殖鱼类;基因型分析;雌核发育

中图分类号: Q 755; S 917

文献标识码: A

雌核发育技术依据的是对鱼类天然雌核发育形式的模仿。在鱼类的研究中多采用两种类型的雌核发育技术,即对用灭活的精子受精的鱼卵做抑制第二极体或抑制第一次卵裂两种处理,前者也叫抑制减数分裂的雌核发育,后者被称作抑制有丝分裂的雌核发育^[1-3]。理论上雌核发育可获得纯合度较高的子代,在育种中多利用这一点来加快亲本的纯合速度^[4]。鱼类由于体外受精体外孵化这一特点,较适合雌核发育操作,因此,很多鱼类育种技术方案中都利用了雌核发育技术,如建鲤(*Cyprinus carpio* Var. *Jian*)、高寒鲤等^[5-6]。

雌核发育可以提高育种群体的纯合度,依据的是遗传理论,即提高的纯合度是所有个体都存活的前提下理论计算值,实际育种工作中由于育种目标各有自身的遗传特点,经不同的雌核发育操作可能会有很不同的纯合效果。共显性标记是适合分析与鉴定杂合位点纯合化程度的有效标记^[7],前些年由于没有较好的共显性标记来鉴别养

殖鱼类雌核发育子代的纯合度,一些育种方案虽然使用了雌核发育技术,但多没有准确计算其纯合化程度,因此雌核发育在育种中的真正作用还不十分清楚。本研究试图用微卫星标记来调查鲤和牙鲆在经不同雌核发育技术所得的子代在其母本杂合基因座上确切的纯合化速率,探索两种雌核发育技术在鱼类育种中的利用价值和检测方法。

1 材料与方法

1.1 实验材料

鲤取自黑龙江水产研究所松浦实验场,雌核发育群体的DNA样品制备如下:(1)2006年春,用黑龙江水产研究所培育的以荷包红鲤抗寒品系/柏氏鲤为父母本,交配产生F₁代,从F₁代中随机选留一尾雌鱼进行抑制第一次卵裂(用灭活的鲫精子受精,受精卵在22℃水温孵化,在比较先前记录同一水温将发生孵化的受精卵放在41.5℃热休克1'45"后放回22℃水温继续孵化,大部分死亡,约万分之几存活)的雌核发育产生F₂代,

收稿日期: 2007-02-14

资助项目: 国家重大基础研究计划资助项目(2004CB117405); 农业部“引进国际先进农业科学技术”计划[2006-G55(A)]

作者简介: 孙效文(1955-),男,吉林大安人,研究员,博士生导师,主要从事水产动物遗传育种研究。E-mail: sunxw2002@163.com

对成活存留的 70 个 F_2 个体, 养至约 50 g, 逐个进行观察和表型测量, 用于基因型分析的为 44 个个体。(2)2006 年春, 利用另一对鲤的 F_1 代群体中随机选留一尾雌鱼进行抑制第二次极体(用灭活的鲫精子受精, 受精卵在 22 ℃水温孵化, 在比较先前记录同一水温将发生孵裂的受精卵放在 41.5 ℃热休克 1.75 min 后放回 22 ℃水温继续孵化, 大部分死亡, 约千分之几存活)的雌核发育产生 F_2 代, 检测子代 16 个。

牙鲆取自中国水产科学研究院北戴河实验放流站, 雌核发育群体的 DNA 样品制备如下: (3)2006 年春, 用灭活的真鲷精子给正常牙鲆卵子受精, 卵裂前在 0~2 ℃的海水中冷休克处理 45 min, 抑制第一次有丝分裂, 然后转入正常的各个家系分槽培育。5 个家系共 13 个子代。(4)2005 年春, 用灭活的真鲷精子给正常牙鲆卵子受精, 受精 2 min 后在 0~2 ℃的海水中冷休克处理 45 min, 抑制第二极体排出, 然后转入正常的各个家系分槽培育。A、B、C、D 四个家系, 成活的子代中随机取样 21、20、20、20 尾个体, 进行基因型分析。

1.2 基因型分析

采用 PCR 扩增方法对雌核发育家系进行基因型检测。鲤引物由本实验室克隆获得, 由上海生物工程公司合成, 基因型分析使用 200 对引物, 检测到母本杂合的有 101 个即使用 101 对引物检测样本(1)所获子代的基因型; 检测到 20 对引物在样本(2)的母本中具有杂合型, 用这 20 对微卫星引物分析样本(2); 牙鲆引物或由本室克隆或由网上下载, 引物由上海生物工程公司合成, 共用 40 对引物分析样本(3), A、B 两个家系各获得母本 8 个杂合位点即用 8 对微卫星引物检测牙鲆的子代, C、D 两个家系各获得母本 9 个杂合位点即用 9 个微卫星引物分析这两个家系; 有 17 对引物在样本(4)的母本中检测为杂合, 用这 17 对微卫星引物分析样本(4)。PCR 反应程序为: 94 ℃预变性 3 min; 然后 94 ℃变性 20 s, 退火温度 48~65 ℃ 20 s, 72 ℃延伸 30 s, 共 35 个循环; 最后 72 ℃延伸 10 min。用 2.0% 琼脂糖凝胶电泳或聚丙烯酰胺凝胶电泳检测每个个体的基因型。

1.3 数据分析

对鲤抑制第一次卵裂和牙鲆抑制第二极体推出的子代群由于数量较多, 进行了群体的遗传结

构分析。根据凝胶电泳结果判断个体的基因型, 计算出各个位点的等位基因频率, 并计算母本为杂合的位点在各子代家系中相应座位的纯合化百分数, 表示该位点的纯合化程度, 全部杂合位点的平均纯合百分数表示群体的纯合化程度; 并根据基因频率, 利用 POPGENE3.2 计算各家系某一个位点的杂合度和群体的平均杂合度, 参照 Botstein 方法^[8]计算多态信息含量(PIC)。

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

Nei 遗传相似系数:

$$I = J_{xy} / \sqrt{J_x J_y},$$

$$J_x = \sum_{i=1}^r \sum_{j=1}^k X_{ij}^2 / n,$$

$$J_y = \sum_{i=1}^r \sum_{j=1}^k Y_{ij}^2 / n,$$

$$J_{xy} = \sum_{i=1}^r \sum_{j=1}^k X_{ij} Y_{ij} / n$$

2 结果

2.1 电泳结果

所用微卫星标记都是反复验证过的扩增效果好且分辨率高, 电泳条带清晰(图 1)。

2.2 鲤抑制第一次卵裂的雌核发育子代的基因型频率及子代群体的纯合度统计结果

用 101 个母本为杂合的座位分析了这个家系的 44 个子代。44 个子代全部杂合的座位有 4 个, 全部纯合的座位没有, 纯合子超过 50% 的座位有 14 个, 分别是 HLJ002(42/44); HLJ321(32/44); HLJ483(22/43); HLJ497(43/44); HLJ495(40/43); HLJ493(39/43); HLJ806(23/44); HLJ866(22/43); HLJ870(41/44); HLJ546(23/44); HLJ555(26/44); HLJ577(35/44); HLJ602(23/44); HLJ895(19/38); 所有杂合座位纯合化程度最高的是 HLJ497 为 97.7%, 平均纯合化程度为 30.4%(杂合为 69.6%)。

计算每个子代在所有杂合座位的纯合化程度。44 个子代在 30 个母本为杂合的座位的纯合度统计结果是平均纯合化程度为 30.2%, 第 41 号个体的纯合化程度最高为 53.3%, 第 34 号个体的纯合程度最低为 13.3%。平均纯合度以个体为单元与以基因座为单元的计算结果基本上是一致的。

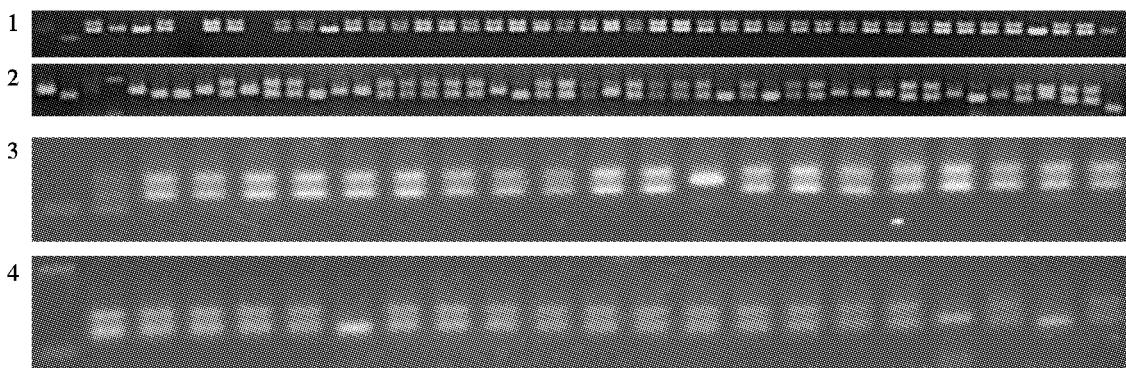


图 1 电泳图

1,2. 鲤扩增的电泳图(标记分别为:HLJ035,HLJ900);3,4. 牙鲆扩增的电泳图(标记分别为:Poli141,Poli130)

Fig. 1 Electrophoresis map

1,2. common carp(the names of MS marker are: HLJ035, HLJ900); 3,4. Chinese flounder
(the names of MS marker are: Poli141, Poli130)

2.3 鲤抑制第二极体的雌核发育子代的纯合度分析 用 20 个母本杂合座位标记分析, 对 16 个子代 DNA 进行 PCR 扩增, 结果显示所有座位均为杂合。

2.4 牙鲆第一次卵裂的雌核发育子代的基因型分析 用 17 个母本杂合的标记检测 22 个有丝分裂子代, 19 个是杂合体, 其中有 4 尾生长速度快、外观特征较好的均为杂合型, 其它 15 尾生长情况一般; 另 3 个生长速度特别慢、体质弱的个体所检测座位均为纯合, 表明这 3 个子代为基因型纯合个体。

2.5 牙鲆抑制第二极体的雌核发育子代的基因型频率及子代群体的纯合度统计结果

抑制第二极体的雌核发育子代家系有 4 个, 分别命名为 A、B、C、D。A 家系共检测了 8 个母

本为杂合的座位, 3 个座位全部子代仍为杂合, 其他 5 个座位仅 Poly1 的纯合化程度高于 50%, 其他座位都低于 50%, 平均纯合化程度为 20% (杂合度 80%)。B 家系也检测了 8 个杂合座位, 全部子代仍为杂合的座位有 3 个, 纯合化程度高于 50% 的有两个是 Poly1(50%) t Poly11(70%), 8 个座位的平均纯合化程度为 24.4% (杂合度 75.6%)。C 家系检测了 9 个杂合座位, 有 3 个座位子代全部为杂合, 纯合化程度高于 50% 的有 2 个座位, Polu1(65%) \ Poly11(80%), 9 个座位的平均纯合化程度为 22.2% (杂合度是 77.8%)。D 家系也检测了 9 个杂合座位, 6 个座位子代全部为杂合, 仅 Poly11 的纯合化程度高于 50% (65%), 9 个座位的平均纯合化程度为 9.4% (杂合度是 90.6%)。

表 1 牙鲆各家系及全部家系子代与母本纯合度和杂合度的计算值

Tab. 1 The homozygosity and heterozygosity of all progenies of families for Chinese flounder

	母本纯合度/杂合度 homo/hetero of maternal	子代纯合度/杂合度 homo/hetero of progenies for all loci	子代全部位点的纯合度增加值 increasing of homo for all loci	子代杂合位点纯合度/杂合度 homo/hetero of progenies only for heterozygous loci
A	33.3/66.7	46/54	12.7	20/80
B	38.5/61.5	53.9/46.1	15.4	25.3/74.7
C	30.8/69.2	46.1/53.9	15.3	22.1/77.9
D	30.8/69.2	37.2/62.8	6.4	9.4/90.6
平均 mean	33.4/66.6	45.8/54.2	12.5	19.2/80.8

注: Homo 代表纯合;hetero 代表杂合

Notes: Homo is Homozygosity; hetero is Heterozygosity

4个家系在全部杂合座位的平均纯合化程度19.2%，即较母本的纯合化程度提高了19.2个百分点。表1列出各子代家系的纯合度与杂和度及与母本纯合度的比较值，纯合度提高最大的是B和C两个家系达15个百分点，4个家系平均提高12.5个百分点。

计算每个子代在所有杂合座位的纯合化程度。计算各家系中每个个体在母本为8或9个杂合位点的纯合度，以百分比表示。A家系有21个子代，平均纯合度20%，纯合度为零的有4个子代分别是第10、第11、第16和第17号子代，最高为38%，有4个子代，分别是第5、第13、第19和第21号子代。B家系有20个子代，平均纯合度：25.3%，最低纯合是零的仅有1个，最高为50%有2个子代，分别是第15和第16号。C家系平均纯合度为22.1%，最高是第18号子代为56%，零纯合的有两个子代分别是第5和第20号。D家系平均纯合度9.4%，最高是第5号子代，纯合度为33%，零纯合比较多，共有7个子代。

2.6 鲤子代家系与母本的杂合度和多态信息含量等群体遗传参数的计算结果。

利用54个扩增效果好，分带清楚和多态性高的微卫星标记对44个子代和父母本的DNA做PCR扩增，进行基因型分析，并将数据利用方法所述软件处理，结果为：母本的平均期望杂合度0.5123，多态信息含量0.3526，子代的平均期望杂合度0.4565，多态信息含量0.3697。

3 讨论

3.1 抑制第一次卵裂的雌核发育技术在鲤杂合座位纯合化的作用

通过抑制第一次卵裂的雌核发育技术来获得纯合子在鱼类育种中有较多的使用，抑制第一次卵裂由于是对四分体中的一个分体加倍而获得子代，理论上讲这些个体应该是完全纯合的，其纯合程度相当于自交的10代以上，吴清江等^[9]对此进行过研讨。本实验经抑制卵裂获得的44个子代在101个杂合座位的平均纯合化程度约为30%，纯合化程度较低，如果按纯合化公式计算：

$$X = \{(2^r - 1)/2^r\}^n$$

r的平均值为0.65即表示经本实验获得的纯合化程度相当于自交的0.65代，明显低于自交一个世代；如果按Li等^[10]的计算方法（杂合座位的纯

合百分数与自交纯合50%的比值）为一代自交的0.6倍，两种计算结果相当，都表明本实验利用的抑制卵裂的雌核发育的纯合化作用低于理论上全同胞自交一代的纯合化作用。

3.2 抑制第一次卵裂的雌核发育获得杂合子的原因

本研究中，鲤通过抑制第一次卵裂没有得到基因型完全纯合的子代，由于实验使用的是灭活的鲫精子受精，孵化后养殖1年后对子代进行表型测量，没有观察到有鲤鲫杂交个体，因此可以确定所有子代都是经雌核发育而来。牙鲆通过抑制第一次卵裂也仅得到15.7%的纯合个体，大部分是杂合体。母本杂合座位在子代中纯合化程度低可能有以下原因：纯合的个体基本上死亡，存活下来的是第二极体延迟发育的个体。虽然实验是要抑制第一次卵裂，但实际上还是抑制了第二极体的排出，在操作过程注意到一些胚胎发育缓慢，孵出时间甚至是正常孵出时间的二倍以上，虽然在成熟鲤胚胎出现延迟发育的个体几率较低，但考虑到雌核发育的受精卵孵化率也是非常的低（几万个卵中仅孵化出几十个子代），因此，成活子代大部或全部是延迟发育个体。在锦鲤和美洲慈也有抑制卵裂雌核发育子代出现高比例杂合座位的现象^[11-12]；可能还有另外一个原因是鲤是没有完全二倍化的四倍体，染色体之间高重组和高交换过程使四分体之一的雌性原核多数本身就是杂合的，再加倍也只能是杂合座位。要获得准确的结论还需要进一步的调查。

3.3 利用抑制第一次卵裂的雌核发育技术获得完全纯合个体的可能性

理论上讲，抑制第一次卵裂的雌核发育可以得到完全纯合的子代，从而在育种中起到加快固定性状和加快纯化所需的传代过程，如张建森等^[5]在建鲤的培育、沈俊宝等^[6]在高寒鲤的培育中都利用了雌核发育技术来缩短育种时间，但本次实验分析的44个抑制卵裂所得的雌核发育子代没有一个完全纯合的个体，母本杂合位点在子代中的纯合化程度并不高，如按30个母本杂合位点分析，纯合化程度最高的41号子代也仅达到53.3%，刚刚高于自交1代的纯合化达50%的理论值，根据我们的另一项实验结果^[13]，一个选育群体的优良性状与许多基因座杂合型有关，建鲤和高寒鲤选育过程获得有效的雌核发育处理过程可能不仅仅是其预计的纯合化作用，而是起到了

固定一些与生长、抗逆等相关的杂合性基因座位的作用,从而使所选群体的综合性状表现得很优秀。

朱晓琛等^[14]报道牙鲆抑制卵裂的雌核发育可以获得完全纯合的个体,但该研究用于检测的母本杂合基因座位较少(8个座)还难于证实更多的基因座位也是纯合的。斑马鱼抑制卵裂获得了完全纯合的子代^[15]。但本次鲤抑制卵裂的44个子代没有纯合子,牙鲆的22个子代仅3个是纯合子。总之利用抑制卵裂在理论上是一种获得纯合个体的好的技术方法,但实践中却很难得到如理论预测那样的全部纯合的子代。得到的子代是否为纯合,要经过多位点检测才行,尤其对鲤这类二倍化不完全的多倍化物种更应该检测多个母本为杂合的基因座位,以确证某个子代在多位点纯合了的,才可能作为纯合个体在育种加以利用。

3.4 雌核发育子代与亲本的杂合度、多态信息含量的比较

经雌核发育的子代理论上多态信息含量和杂合度都要远远低于亲本群体的相应数值,但我们在鲤抑制卵裂的雌核发育子代这些数值变化并不显著,如杂合度从母本的0.5123下降到子代的0.4565,有下降但不显著,多态信息含量从母本的0.3526到子代的0.3697,没有下降,但上升也不显著。上述数值也从统计学角度表明鲤经抑制卵裂的雌核发育技术对子代没有显著的纯化作用。而牙鲆的抑制第二极体雌核发育^[16]的相关数据也有类似的结果,如A、B、C、D四个家系的杂合度分别是0.6806、0.4528、0.6194、0.6139,除B家系外其他几个子代群体与母本群体的0.65的杂合度也没有明显区别。

3.5 抑制第二极体的雌核发育技术在牙鲆育种中的利用

抑制第二极体的雌核发育技术较抑制卵裂的雌核发育技术更容易获得成活子代,因此,利用此技术来建立纯系的研究比较多。但本研究获得的鲤和牙鲆群体其纯化程度都很低,远远低于理论上自交可获得的纯化子代的比例,甚至根本得不到纯合子代。究其原因,主要是自交纯合致死造成多数纯化程度高的个体死亡,虽然抑制第二极体较抑制第一次卵裂可获得较多的子代个体,但比较正常繁殖还是有大批受精卵在孵出前后死亡,而存活者中多为基因杂合者即多数共认

的经过了基因座不同等位基因的重组^[11~12,14]。本研究利用8个在母本表现杂合的座位检测牙鲆4个家系的81个子代,平均纯化程度仅提高19%,证实经抑制第二极体的雌核发育要获得纯合较高的牙鲆群体是难度很大的工作,朱晓琛等^[14]的研究也证实了这一点。类似的研究结果在欧洲真鲷和美洲牡蛎的雌核发育工作中也有报道^[17~18],但有趣的是在鲍的类似研究中却获得了纯化程度较高的子代个体^[10],达到了相当全同胞自交2.3倍速率的纯合效果。总之,在利用抑制第二极体获得纯合子代或利用其纯合作用达到固定性状的目的等研究中,应该持较为慎重的态度,应利用能够检测母本杂合座位的技术手段如微卫星等共显性基因标记鉴定所选作纯合子的子代个体是否真的是纯合的,以避免将杂合度高的子代误作为纯合子来使用。

4 结论

1. 抑制第一次卵裂的雌核发育可以得到纯合子,但比例并不是很高,如果要利用此技术获得纯合个体,要经基因型分析来确证;
2. 抑制第二极体的雌核发育技术基本上得不到纯合个体,对多数物种来说得到的子代群体纯合度并不高于全同胞自交得到的子代;
3. 两种雌核发育技术获得完全纯合子代的难易与物种的遗传特性有一定的相关性,鲤要获得完全纯合的子代难度非常大。

参考文献:

- [1] 陈乐才.人工雌核发生在水产良种上的应用[J].中国水产(台湾),1996,(524):3~7.
- [2] 陈乐才.人工雌核发生在水产良种上的应用[J].中国水产(台湾),1996,(527):3~5.
- [3] 楼允东.鱼类遗传育种学[M].北京:中国农业出版社,1999:153~194.
- [4] 蒋一珪,俞豪祥,陈本德,等.鲫人工和天然雌核发育[J].水生生物学集刊,1982,7(4):471~477.
- [5] 张建森,孙小异.建鲤综合育种技术的公开和分析[J].中国水产,2006,9:69~71.
- [6] 刘明华,沈俊宝,白庆利,等.新品种高寒鲤的选育[J].水产学报,1997,21:391~397.
- [7] Fisher R A. Has Mendel's work been rediscovered? [J]. Annals of Science,1936,1: 115~137.
- [8] 邹曙明,李思发,蔡完其.牙鲆和大菱鲆养殖群体的

-
- 分子标记和遗传变异[J]. 中国水产科学, 2001, 7(4):6-9
- [9] 吴清江, 叶玉珍, 陈德荣. 鲤人工雌核发育及其作为建立近交系新途径的研究[J]. 遗传学报, 1981, 8(1):50-55.
- [10] Li Q, Kijima A. Segregation of microsatellite alleles in gynogenetic diploid pacific abalone[J]. Marine Biotechnology, 2005, 7:669-676.
- [11] 刘静霞, 周莉, 魏丽华, 等. 红白锦鲤人工雌核发育纯系的微卫星标记分析[J]. 水生生物学报, 2003, 27, (6):557-562.
- [12] Galbusera P, Volckaert F A M, Ollevier F. Gynogenesis in the African catfish *Charias gariepinus* III, induction of endomitosis and the presence of residual genetic variation [J]. Aquaculture, 2000, 185:25-42.
- [13] 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.
- [14] 朱晓琛, 刘海金, 孙效文, 等. 微卫星标记评价牙鲆人工雌核发育子代纯合性的初步研究[J]. 动物学研究, 2006, 27(1):63-67.
- [15] Streisinger G, Walker C, Dower N, et al. Production of homozygous diploid zebrafish [J]. Nature, 1981, 291:293-296.
- [16] 明召华. 东鲆雌核发育家系的微卫星分析[D]. 上海:上海海洋大学硕士论文, 2007.
- [17] Francescon A, Barbaro A, Bertotto D, et al. Assessment of homozygosity and fertility in meiotic gynogens of the European sea bass [J]. Aquaculture, 2005, 243:93-102.
- [18] Li Q, Kijima A. Microsatellite analysis of gynogenetic families in the pacific oyster, *Crassostrea gigas*[J]. J Exp Mar Biol Ecol, 2006, 331(1): 1-8.

The genotyping of progenies from two kinds gynogenetic techniques of two fish species

SUN Xiao-wen¹, ZHANG Yan^{1,2}, JI Xu^{1,3}, MING Zhao-hua^{1,2},
LU Cui-yun¹, LIANG Li-qun¹, LIU Hai-jin⁴

(1. Key and Open Laboratory of Northern Fin Fish Bioengineering Breeding Certificated by the Ministry of Agriculture, Heilongjiang Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Harbin 150070, China;

2. College of Fisheries and Life, Shanghai Ocean University, Shanghai 200090, China;

3. Life Science and Technology Institute, Dalian Fisheries University, Dalian 116023, China;

4. Chinese Academy of Fishery Sciences, Beijing 100039, China)

Abstract: Some fishes have the genetic characteristic of gynogenesis. Copying natural gynogenesis of fish and making use of the superiority of fertilization and hatching out of body for fishes, two artificial gynogenetic techniques have been developed 40 years ago, meanwhile these two gynogenetic techniques were used in fish breeding researches. In this paper, we investigated the increasing of homozygosity of progenies from the inhibition of first mitosis in common carp (*Cyprinus carpio* L.), and also investigated the homozygosity of progenies from the inhibition of the second meiotic division in Chinese flounder (*Paralichthys olivaceus*). The results showed that the increasing of homozygosity of progenies is not quick in most heterozygous loci, for example, from 44 progenies of mitogynogenesis of common carp, mean homozygosity is 30.2% and the highest homozygosity is 53.3%, the lowest homozygosity is 13.3%, none of homozygous progenies were found; 19 progenies were gotten from mitogynogenesis of Chinese flounder, and only 3 are homozygous; 4 families of progenies of the meiogynogenesis of Chinese flounder, the mean homozygosity is 19%, the highest homozygosity is 56%, the 14 progenies have 0 homozygosity. Meanwhile, the function of two kind of gynogenetic techniques in fish breeding was discussed recombinant among our other results including the progenies from carp homozygosity and flounder homozygosity. This paper also discusses and compares the results on similar experiments from other investigator.

Key words: aquatic fish species; genotyping; gynogenetic technique