

文章编号:1000-0615(2007)02-0152-06

中国五大湖三角帆蚌群体遗传多样性及亲缘关系的 SSR 分析

汪桂玲, 袁一鸣, 李家乐

(上海水产大学农业部水产种质资源与养殖生态重点开放实验室,
上海高校水产养殖学 E-研究院, 上海 200090)

摘要:采用微卫星技术,将9对微卫星引物用于我国五大淡水湖三角帆蚌(*Hyriopsis cumingii*)群体,即鄱阳湖(PY)、洞庭湖(DT)、太湖(TH)、巢湖(CH)、洪泽湖(HZ)群体的遗传多样性及亲缘关系的研究。数据经TFPGA软件估算,分别完成不同群体位点的杂合度值、群体间遗传距离和相似指数计算及聚类分析,确立了5个群体间的亲缘关系。研究结果表明:(1)三角帆蚌5个群体的平均表观杂合度0.4964~0.5621,期望杂合度0.5540~0.6270,多态信息含量0.4061~0.4665,其中鄱阳湖群体遗传多样性最高,而洪泽湖群体最低。(2)五个群体遗传相似度在0.8947以上,遗传距离在0.0267~0.1113。聚类分析结果显示,鄱阳湖、巢湖与太湖聚在一起,亲缘关系较近,而洞庭湖群体与洪泽湖群体亲缘关系较近。(3)鄱阳湖三角帆蚌种质最好,并具有很好的育种潜力。

关键词:三角帆蚌;野生群体;遗传多样性;微卫星DNA

中图分类号:S 917

文献标识码:A

SSR analysis of genetic diversity and phylogenetic relationships among different populations of *Hyriopsis cumingii* from the five lakes of China

WANG Gui-ling, YUAN Yi-ming, LI Jia-le

(Key Laboratory of Aquatic Genetic Resources and Aquacultural Ecology Certificated by the Ministry of Agriculture,
E-Institute of Shanghai Municipal Education Commission, Shanghai Fisheries University, Shanghai 200090, China)

Abstract: With microsatellite analysis method, 9 pairs of microsatellite DNA primers were used to study the genetic diversity and phylogenetic relationships among the different populations of *Hyriopsis cumingii* from the five large Lakes of China: Poyang Lake (PY), Dongting Lake (DT), Tai Lake (TH), Chao Lake (CH) and Hongze Lake (HZ). Using the TFPGA software package, observing value of heterozygosity and expected value of heterozygosity were calculated. Also a clustering analysis and phylogenetic tree was made based on the results of the software. The results showed: (1) Observing value of mean heterozygosity of 9 microsatellite loci of the 5 populations varied from 0.4964 to 0.5621, expected value of mean heterozygosity varied from 0.5540 to 0.6270 and the polymorphism information content varied from 0.4061

收稿日期:2006-08-28

资助项目:国家科技支撑计划(BAD01A13);农业部农业结构调整重大技术研究专项项目(06-05-05B);上海市科委基础重大项目(06DJ14006);上海高校水产养殖E-研究院(03E009);上海市水产养殖重点学科建设项目(Y1101);上海市教委一般基金(06K2006)

作者简介:汪桂玲(1974-),女,陕西蓝田人,副教授,在职博士研究生,主要从事水产动物种质资源与生物技术的研究。E-mail: glwang@shfu.edu.cn

通讯作者:李家乐, Tel: 021-65710216, E-mail: jlli@shfu.edu.cn

to 0.4665, with 0.4225 for DT population, 0.4061 for HZ population, 0.4421 for CH population, 0.4435 for TH population and 0.4665 for PD. These results indicated PY had the highest genetic diversity and HZ had the lowest among the five populations of *Hyriopsis cumingii*. (2) The genetic similarity indexes were all above 0.8947, indicating closeness of their genetic relationship. The genetic distances were small, ranging from 0.0267 – 0.1113. Cluster's analysis showed that the phylogenetic relationships of PY, CH and TH population were quite near as well as DT and HZ were relatively near. (3) PY population of *Hyriopsis cumingii* is the best in genetic resources and has the best potentialities in breeding.

Key words: *Hyriopsis cumingii*; wild population; genetic diversity; microsatellite DNA

三角帆蚌 (*Hyriopsis cumingii*) 是我国特有种, 它形成的珍珠具有珠质光滑细腻、色泽鲜艳等优点, 是淡水蚌中育珠质量最佳者, 因此三角帆蚌已成为最主要的淡水养殖珍珠蚌。但是, 在珍珠产量增加的同时, 养殖淡水珍珠的质量却越来越差, 并且养殖三角帆蚌的病害日益严重, 筛选或选育出优良品质的三角帆蚌种质是当前亟需解决的关键问题之一。三角帆蚌自然群体主要分布于我国的鄱阳湖、洞庭湖、太湖、巢湖和洪泽湖等湖泊及其周围河流内。因此, 研究我国五大湖三角帆蚌群体的遗传多样性、群体间的遗传变异及亲缘关系对三角帆蚌种质资源的保护和遗传改良具有重要的意义。

微卫星 (microsatellite) 是基因组 DNA 分子中的一些片段, 以 1 ~ 6 bp 的核苷酸序列成首尾相连串联重复均匀地分布在整个基因组中的高度重复序列, 一般长几十至几百个 bp^[1-2]。微卫星的等位基因具有突变快, 多态性高, 杂合度大, 信息量丰富, 呈共显性等和在实验操作中材料易得且样品需要量少, 可用 PCR 扩增检测位点且等位基因条带易于识别等特点。与 RAPD 技术及 AFLP 技术相比, 微卫星技术在分析遗传多样性方面更具有优势, 现已被广泛应用于农作物^[3]、昆虫^[4]、畜牧^[5]、水产动物^[6-8]等的分析中。采用分子遗传标记技术研究三角帆蚌遗传多样性与亲缘关系, 国内外研究报道很少, 李家乐等^[9]采用 RAPD 分析了中国五大湖三角帆蚌的遗传多样性, 结果显示三角帆蚌群体具有丰富的多态性, 多态百分率在 55.6% ~ 80% 之间, 华丹等^[10]采用 RAPD 技术分析比较养殖和野生三角帆蚌的遗传多样性, 发现野生种群基因组变异比养殖群体大。本研究选用鄱阳湖、洞庭湖、太湖、巢湖和洪泽湖野生群体三角帆蚌为材料, 用微卫星技术分析种内的遗传多样性及种间的亲缘关系, 为三角帆蚌

天然种质资源的保护与种质改良提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料

野生群体三角帆蚌于 2001 年 11 月至 2002 年 2 月分别取自鄱阳湖 (PY)、洞庭湖 (DT)、太湖 (TH)、巢湖 (CH) 与洪泽湖 (HZ) 五大淡水湖泊, 采集地点均为离湖岸较远的深水处。采集后饲养在浙江诸暨王家井珍珠养殖场, 并采取了严格的隔离措施。每个群体取样 15 个。

1.2 方法

基因组 DNA 的提取 取用无水乙醇固定的三角帆蚌的外套膜, 双蒸水冲洗, 酚-氯仿提取 DNA, 用核酸蛋白仪检测 DNA OD 值, 确定 DNA 的纯度、浓度。1% 琼脂糖凝胶电泳分析 DNA 质量。

微卫星引物 32 对微卫星引物参考已发表的太平洋牡蛎微卫星引物^[11,12], 由上海生物工程公司合成。

PCR 扩增及产物检测 PCR 反应体系为 20 μL , 内含: 2 μL 10 \times PCR buffer, 10 pmol primer, 80 $\mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$ dNTP, 0.3U *Taq* 酶, 100 ng 模板 DNA, MgCl_2 的浓度 (表 1)。PCR 热循环程序: 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 2 min 后进入循环, 94 $^{\circ}\text{C}$, 1 min; T_m (表 1); 72 $^{\circ}\text{C}$, 75 s, 共 30 个循环, 最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min。将 10 μL 的扩增产物与 1 μL 上样缓冲液混匀后点在含有 EB 的 3% 琼脂糖凝胶上, 于 0.5 \times TBE 缓冲液中, 5 V $\cdot \text{cm}^{-1}$ 的电压下电泳 2 ~ 3 h 后, 在紫外凝胶图像处理系统上成相后保存。分子量标记为 pUC19DNA/*MspI*。

数据处理 根据每个个体产生的条带位置确定其基因型, 用 TFPGA 软件进行数据处理, 分别完成聚类分析、群体间遗传距离和相似指数、不同群体位点的杂合度值计算。参照 Botstein

等^[13]的方法计算多态性信息含量 (polymorphism information content, *PIC*):

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

式中, P_i 、 P_j , 分别为群体中第 i 和第 j 个等位基因。

2 结果

2.1 多态性微卫星引物的筛选和扩增结果

将 32 对太平洋牡蛎微卫星引物对三角帆蚌基因组 DNA 进行 PCR 扩增, 根据电泳结果不断优化反应程序, 初步筛选能在三角帆蚌中特异扩增的引物, 最终有 9 对引物在三角帆蚌群体基因组中表现多态性。这 9 对微卫星引物序列、PCR

反应条件及产物大小见表 1。部分琼脂糖结果见图 1。

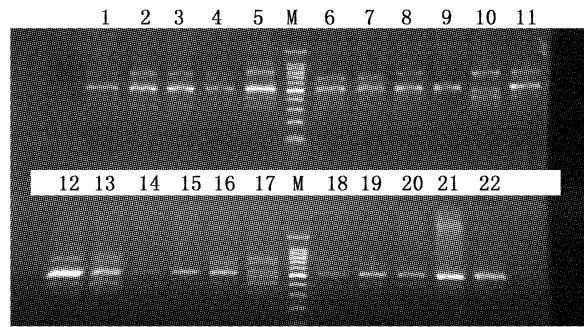


图 1 三角帆蚌鄱阳湖群体(1-15)和洞庭湖部分个体(16-22)在 Cgi-30 位点的扩增图

Fig. 1 Electrophoretic patterns of PCR products amplified by primer Cgi-30 in PY and DT population

表 1 引物的扩增条件及扩增产物

Tab. 1 The amplification conditions and results of *C. gigas* microsatellite primer tested on *H. cumingii*

位点 locus	引物序列(5'-3') primer sequences(5'-3')	产物大小(bp) product size	退火温度(°C) annealing tem.	Mg ²⁺ (mmol · L ⁻¹)
Cgi-10	F: TGCACCAATTTGAGATGTGA R: ACTGAGTTTGAAAATGTCACCG	170-600	50	1.50
Cgi-18	F: TCCATGTTTACTGCTACTTTTGG R: AAATGCTGTGCAGAGAAGCC	150-300	50	1.50
Cgi-22	F: GGAAGAGGAATAGTCTACTTATGC R: GTCAGACGTTCTAACTCTTC	100-240	43	1.75
Cgi-24	F: CAGAGAGCCGGACTATTTTC R: GCTCTTTGACACTATGCCGA	100-550	45	1.00
Cgi-25	F: ATCAGGGGTAAATTAAAGTAAGC R: CCACAGACGATTTTCATATATCCTG	90-220	55	2.00
Cgi-26	F: ATATGTAATGATTACGAAACTC R: GTATGAGATTTGGTTCCACC	190-600	55	1.50
Cgi-29	F: TCAAACCATCTGCTCGTCTACG R: TCCGAAAATCCAGGAATACCGG	150-600	60	1.50
Cgi-30	F: TCGTCACCTCCCTCTCAGAG R: GCTGTATTTCCATCAATTCCGAG	160-600	60	1.50
Cgi-32	F: TTGCAGGAAGCAAGAGATGA R: CTTGTAACTGCCGGTGAGG	140-620	60	2.00

2.2 多态信息含量和遗传杂合度

用 9 对多态性微卫星引物对五大湖三角帆蚌群体进行遗传多样性分析运用 TFGPA 分析软件, 计算出各群体位点的期望杂合度和表观杂合度。

9 个微卫星位点在 5 个三角帆蚌群体中的遗传杂合度和多态信息含量统计结果见表 2。根据 Botstein 等^[13]的方法界定衡量基因变异程度高低的多态信息含量指标: 当 $PIC > 0.5$ 时, 该位点为高度多态位点; $0.25 < PIC < 0.5$ 时为中度多态性位点; $PIC < 0.25$ 时为低度多态位点。从位点来看, 最高 PIC 为鄱阳湖群体的 Cgi-29 位点

(0.6675), 最低的为洞庭湖群体和洪泽湖群体的 Cgi-26 位点(0.1638); 从群体来看, 5 个群体三角帆蚌在 9 个微卫星位点上的平均 PIC 为 0.4361, 其中洞庭湖群体平均 PIC 为 0.4225, 高度多态性位点占总位点的 33.33%, 中度多态性位点占总位点的 66.67%; 洪泽湖群体平均 PIC 为 0.4061, 高度多态性位点占总位点的 22.22%, 中度多态性位点占总位点的 77.78%; 巢湖群体平均 PIC 为 0.4421, 高度多态性位点占总位点的 22.22%, 中度多态性位点占总位点的 77.78%; 太湖群体平均 PIC 为 0.4435, 高度多态性位点占总位点的 33.33%, 中度多态性位点占总位点的

66.67% ; 而鄱阳湖群体太湖群体平均 PIC 为 0.4665, 高度多态性位点占总位点的 22.22%, 中度多态性位点占总位点的 77.78%。结果显示, 本实验所选的 9 个微卫星位点具有丰富的多态性, 可作为三角帆蚌遗传标记分析有效的微卫星引物, 用来分析三角帆蚌的遗传多样性及亲缘关系切实可行。

遗传杂合度 (H) 包括表观杂合度 (H_o) 和期望杂合度 (H_e) 或称基因多样性, 反映各群体在个体位点上的遗传变异。它是度量群体遗传变异的参数之一。表 2 显示, 五大湖三角帆蚌的表观杂合度在 0.1800 至 0.7188 间, 平均表观杂合度值在 0.4964 ~ 0.5621, 其中平均表观杂合度最高的是鄱阳湖群体 (0.5621), 其次是巢湖群体 (0.5450) 和太湖群体 (0.5428), 再次是洞庭湖群体 (0.5107), 洪泽湖群体最低 (0.4964)。而 5 个群体三角帆蚌的期望杂合度在 0.2000 至 0.8214 间, 平均表观杂合度值在 0.5540 ~ 0.6270, 其中平均期望杂合度最高的是鄱阳湖群体 (0.6270),

其次是巢湖群体 (0.6078) 和太湖群体 (0.6053), 再次是洞庭湖群体 (0.5697), 洪泽湖群体最低 (0.5540)。

2.3 遗传相似性指数、遗传距离及聚类分析

用 TFPGA 分析软件, 对五大湖三角帆蚌群体的遗传相似性指数和遗传距离进行分析结果见表 3。研究表明, 遗传相似系数是衡量群体间遗传变异程度的可靠参数。群体间亲缘关系越近, 则遗传变异性越低, 相似系数值越大。在 5 个群体三角帆蚌中, 太湖群体和洪泽湖群体间的遗传相似性指数最小 (0.8947), 遗传距离值最大 (0.1113), 说明这 2 个群体间遗传变异程度最高, 亲缘关系最远; 鄱阳湖群体与巢湖群体间遗传相似性指数最大 (0.9736), 遗传距离值最小 (0.0267), 这可推断鄱阳湖群体与巢湖群体亲缘关系较近。UPGMA 法聚类结果 (图 1) 显示: 本研究中的 5 个群体三角帆蚌可分为 2 组: 巢湖群体、鄱阳湖群体和太湖群体为一组, 而洞庭湖群体和洪泽湖群体为另一组。

表 2 5 个三角帆蚌群体微卫星位点遗传杂合度和多态信息含量
Tab.2 Polymorphism information content and heterozygosity among 5 populations of *H. cumingii*

群体 population	参数 index	微卫星位点 microsatellite locus									平均数 average
		Cgi-10	Cgi-29	Cgi-24	Cgi-22	Cgi-25	Cgi-26	Cgi-18	Cgi-30	Cgi-32	
DT	H_o	0.6200	0.6563	0.6200	0.4800	0.5800	0.1800	0.5000	0.4800	0.4800	0.5107
	H_e	0.6889	0.7500	0.6889	0.5333	0.6444	0.2000	0.5556	0.5333	0.5333	0.5697
	PIC	0.5478	0.5815	0.5478	0.3648	0.4918	0.1638	0.3750	0.3648	0.3648	0.4225
HZ	H_o	0.5800	0.6875	0.6200	0.4200	0.5000	0.1800	0.5000	0.5000	0.4800	0.4964
	H_e	0.6444	0.7857	0.6889	0.4667	0.5556	0.2000	0.5556	0.5556	0.5333	0.5540
	PIC	0.4918	0.6299	0.5478	0.3318	0.3750	0.1638	0.3750	0.3750	0.3648	0.4061
CH	H_o	0.5800	0.6250	0.6600	0.5000	0.5000	0.4800	0.4800	0.5000	0.5800	0.5450
	H_e	0.6444	0.7143	0.7333	0.5556	0.5556	0.5333	0.5333	0.5556	0.6444	0.6078
	PIC	0.4918	0.5547	0.5862	0.3750	0.3750	0.3648	0.3648	0.3750	0.4918	0.4421
TH	H_o	0.5800	0.6250	0.6400	0.4800	0.6200	0.4800	0.5000	0.4800	0.4800	0.5428
	H_e	0.6444	0.7143	0.7111	0.5333	0.6889	0.5333	0.5556	0.5333	0.5333	0.6053
	PIC	0.4918	0.5547	0.5632	0.3648	0.5478	0.3648	0.3750	0.3648	0.3648	0.4435
PY	H_o	0.5800	0.7188	0.6600	0.5000	0.5800	0.4800	0.4800	0.4800	0.5800	0.5621
	H_e	0.6444	0.8214	0.7333	0.5556	0.6444	0.5333	0.5333	0.5333	0.6444	0.6270
	PIC	0.4918	0.6675	0.5862	0.3750	0.4918	0.3648	0.3648	0.3648	0.4918	0.4665

表 3 5 个群体三角帆蚌间的遗传相似性指数及遗传距离
Tab.3 Genetic similarity indices and genetic distances among 5 populations of *H. cumingii*

	DT	HZ	CH	TH	PY
DT		0.0456	0.0816	0.0514	0.0490
HZ	0.9554		0.1113	0.1105	0.0976
CH	0.9217	0.8947		0.0398	0.0267
TH	0.9499	0.8954	0.9610		0.0318
PY	0.9522	0.9071	0.9736	0.9687	

注: 数字矩阵对角线以上的数表示群体间的遗传距离, 数字矩阵对角线以下的数表示群体间的遗传相似性指数

Notes: the data above diagonal mean genetic distances and below mean genetic similarity indices

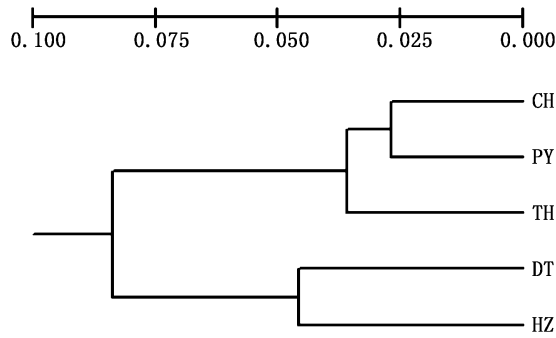


图2 5个群体三角帆蚌聚类图
Fig.2 Cluster dendrogram of five populations of *Hyriopsis cumingii*

3 讨论

3.1 太平洋牡蛎引物分析三角帆蚌基因组的可行性 微卫星位点在种间具有的保守性是其得以广泛应用的原因之一。因此,利用现有的 DNA 数据库资料 (GENBANK, GDB, EMBL 等) 和已发表的文章,从已知相近种的微卫星 DNA 的 PCR 引物中筛选是寻找一个物种微卫星位点的一个有效而简捷的途径。很多学者在这方面作了尝试,David 等曾报道用 47 个鲤微卫星位点的引物对一种草鱼白化突变体基因组进行分析,结果获得 23 个微卫星位点,可用于草鱼的基因分型研究^[14]。邵昭君等将铲鲟的 21 对微卫星引物在中华鲟上进行了测试^[15],孙效文等构建的鲤遗传连锁图上包含有斑马鱼的 SSLP 标记 70 个,鲫 SSLP 标记 19 个^[16]。

本研究所用三角帆蚌属瓣鳃纲 (Lamellibrachia)、古异齿亚纲 (Palaeoheterodonta)、蚌目 (Unionida),而太平洋牡蛎属瓣鳃纲、翼形亚纲 (Pteriomorphia)、牡蛎目 (Osteroida),两者有一定的亲缘关系,其微卫星侧翼序列可能有一定的同源性,本实验结果证实了这一点。作者选用 32 对太平洋牡蛎微卫星引物用于三角帆蚌基因组的 PCR 扩增,最终有 9 对引物在三角帆蚌基因组中表现多态性,这些初步研究表明,太平洋牡蛎的微卫星引物经过筛选后,有一些可以用于三角帆蚌基因组的分析。由于目前微卫星序列的获得主要通过构建和筛选基因组文库,这种方法周期长、耗资大,影响了该方法的广泛使用。而微卫星侧翼序列在亲缘关系相

近物种之间的保守性为人们借助模式生物微卫星分子标记,加快目标生物的研究提供了捷径。太平洋牡蛎是贝类的模式生物,其微卫星标记的开发已有多篇报道^[17-18],本研究有关三角帆蚌微卫星标记结果为其它贝类微卫星标记的开发具有重要的借鉴作用。

3.2 五大湖三角帆蚌的遗传多样性和亲缘关系分析 遗传多样性是每种生物所固有的特性,它是长期适应环境与进化的产物,遗传多样性越高则意味着适应生存能力越强,蕴涵着比较丰富的育种和遗传改良能力。因此,遗传多样性可以为育种材料的选择提供一定的参考。多态信息含量和遗传杂合度都用来衡量群体内的遗传多样性,其值的大小反映群体遗传多样性的高低。杂合度是指随机抽取的样本中其两个等位基因不相同的可能性^[17]。期望杂合度主要是根据种群内当前优势等位基因的分布频率来推算的,稀有基因的贡献极其微弱。因而对同一种群来说,当样本量变动时,尽管直接影响到稀有基因的检出与否,但对期望杂合度几乎无影响。Nei 根据对杂合度取样性能的研究认为,期望杂合度是度量种群基因多样性程度的优良指标,但他同时指出,在小群体中使用表观杂合度不太适宜^[19]。本研究中每个群体取样 15 个,为小群体,结果显示,5 群体三角帆蚌多态信息含量和期望杂合度的大小一致,故均可作为群体遗传多样性的指标。从 5 个群体样品的结果来看,鄱阳湖群体 9 个微卫星位点的平均期望杂合度及多态性信息含量最高,分别为 0.6270 和 0.4665,而洪泽湖群体的平均期望杂合度及多态性信息含量最低,分别为 0.5540 和 0.4061。其中巢湖群体 9 个微卫星位点的平均期望杂合度比洞庭湖高,而多态性信息含量比洞庭湖低,但综合各位点的杂合度和多态性信息含量看,洞庭湖群体的高度多态性位点有 3 个,而巢湖群体只有 2 个,所以可初步判断洞庭湖群体的遗传多态性比巢湖高。因此三角帆蚌 5 个群体遗传多样性由高到低的顺序依次为:鄱阳湖群体、太湖群体、洞庭湖群体、巢湖群体、洪泽湖群体。

群体间的遗传相似性指数与遗传距离指数能反映群体间的亲缘关系。本研究中,鄱阳湖与巢湖两个三角帆蚌群体间遗传距离最小,表明两者亲缘关系较近,可能是因为鄱阳湖与巢湖地理位置相隔较近的缘故。洪泽湖群体与除洞庭湖群体

以外其它群体亲缘关系相对较远,因洪泽湖属于淮河水系,其它群体均属于长江水系,其地理位置相隔较远有关,这与五大湖三角帆蚌形态学研究和 RAPD 研究结果相似^[9,20]。洪泽湖群体与洞庭湖群体的亲缘关系较近,这是否与洪泽湖干枯后洞庭湖等养殖群体进入有关还需要进一步研究。UPGMA 法聚类结果表明 5 个群体三角帆蚌可分为 2 组:巢湖群体、鄱阳湖群体和太湖群体为一组,而洞庭湖群体和洪泽湖群体为另一组,这与五大湖群体 RAPD 研究的聚类结果完全相同^[9]。

3.3 三角帆蚌种质资源保护与遗传改良

三角帆蚌是我国最主要的淡水养殖珍珠蚌,也是淡水蚌中育珠质量最佳者。针对目前养殖淡水珍珠的质量越来越差、病害日益严重,筛选或选育出优良品质的三角帆蚌种质是当前亟需解决的关键问题之一。遗传育种的理论与实践都已证明杂交优势利用的关键在于找到强强优势的杂交组合,亲本间遗传差异大时,它们的杂交优势亦强。遗传差异的本质是 DNA 序列水平的差异。用 DNA 分子生物学方法能正确地测定亲本间的分子差异或分子遗传距离,从而可作为预测杂交种优势的重要指标,帮助育种学家减少配制杂交组合时的盲目性。张英杰等研究了 3 个山羊群体中 4 个微卫星 DNA 多态性及其与杂种优势的关系,结果证实多态性预测结果与实际杂种优势测定结果相符^[21],而李红蕾等用 RAPD 标记分析栉孔扇贝不同种群的遗传结构及其杂种优势,证明栉孔扇贝不同地理种群之间存在遗传分化,其杂种优势与群体的遗传多样性相关^[22]。分析和比较我国五大湖三角帆蚌群体的遗传多态性和亲缘关系是预测杂种优势的重要途径之一。本次 SSR 实验以及过去 RAPD 实验的结果均表明,鄱阳湖群体的遗传多态性最高;另外,鄱阳湖群体的生长也最快^[23],这表明鄱阳湖群体三角帆蚌种质最好。因此,开展三角帆蚌传统选育,最好将鄱阳湖群体作为基础群体。另外,还可以将鄱阳湖群体三角帆蚌作为杂交选育的一个亲本,另一个亲本可选择与其遗传距离远而遗传多样性比较高的群体,有望获得抗逆性、生长性能等生长性状优势大于亲本的杂交组合,这些研究工作正在进行。

参考文献:

[1] Jame P, Lagoda P J L. Microsatellites from molec-

ules to populations and back[J]. Trends Ecol Evol, 1996, 11: 424 - 429.

- [2] 何平. 真核生物中的微卫星及其应用[J]. 遗传, 1998, 20(4): 42 - 47.
- [3] 冯宗云, 张义正, 张立立, 等. 应用微卫星标记研究西藏野生二棱大麦的遗传多样性及地理分化[J]. 高技术通讯, 2003, 13(10): 46 - 53.
- [4] Ravel S J P, Herve S, Diarrassouba H, et al. Microsatellite markers for population genetic studies in *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) from Cote d'Ivoire: evidence for a microgeographic genetic differentiation of mosquitoes from Bouake[J]. Acta Trop, 2002, 82(1): 39 - 49.
- [5] 周国利, 储明星, 金海国, 等. 北京荷斯坦母牛 7 个微卫星基因座遗传多态性研究[J]. 安徽农业大学学报, 2005, 32(3): 293 - 297.
- [6] 鲁双庆, 刘臻, 刘红玉, 等. 鲫鱼 4 群体基因组 DNA 遗传多样性及亲缘关系的微卫星分析[J]. 2005, 12(4): 371 - 376.
- [7] 黄磊, 王义权. 扬子鳄种群的微卫星 DNA 多态及其遗传多样性保护对策分析[J]. 遗传学报, 2004, 31(2): 143 - 150.
- [8] 刘萍, 孟宪红, 何玉英, 等. 中国对虾 (*Penaeus chinensis*) 黄渤海 3 个野生地理群遗传多样性的微卫星 DNA 分析[J]. 海洋与湖沼, 2004, 35(3): 252 - 257.
- [9] 李家乐, 钱荣华, 鲍宝龙, 等. 中国五大湖三角帆蚌群体遗传多样性的 RAPD 分析[J]. 上海水产大学学报, 2005, 14(1): 1 - 5.
- [10] 华丹, 顾若波, 白云飞, 等. RAPD 分析野生和养殖三角帆蚌的遗传多样性[J]. 水产学报, 2003, 27(6): 540 - 544.
- [11] Sekino M, Hamaguchi M, Aranishi F, et al. Development of novel microsatellite DNA markers from the Pacific oyster *Crassostrea gigas* [J]. Mar Biotechnol (NY), 2003, 5(3): 227 - 33.
- [12] Launey S, Hedgecock D. High genetic load in the Pacific oyster *Crassostrea gigas* [J]. Genetics, 2001, 159(1): 255 - 265.
- [13] Botstein D, White R L, Skolnick M. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length Polymorphism [J]. Am J Hum Genet, 1980, 32: 314 - 331.
- [14] David L, Rajasekaran P, Fang J H. Polymorphism in ornamental and common carp strains (*Cyprinus carpio* L.) as revealed by AFLP analysis and a new set of microsatellite markers [J]. Mol Genet Genomics, 2001, 266: 353 - 362.

- [15] 邵昭君,赵娜,朱滨,等. 铲鲷微卫星引物对中华鲟的适用性研究[J]. 水生生物学报,2002,26(6):577-584.
- [16] 孙效文,梁力群. 鲤鱼的遗传连锁图谱(初报)[J]. 中国水产科学,2000,7(1):1-5.
- [17] Sellos D, Moal J, Degremont L, *et al.* Structure of amylase genes in populations of Pacific cupped oyster (*Crassostrea gigas*): tissue expression and allelic polymorphism[J]. Mar Biotechnol (NY), 2003, 5(4): 360-72.
- [18] Huvet A, Boudry P, Ohresser M, *et al.* Variable micro-satellites in the Pacific oyster *Crassostrea gigas* and other cupped oyster species [J]. Anim Genet, 2000, 31 (1): 71-82.
- [19] Nei M, Maruyama T, Chakraborty R. The bottleneck effect and genetic variability in populations [J]. Evolution, 1975, 29: 1-10.
- [20] 钱荣华,李家乐,董志国,等. 中国五大湖三角帆蚌形态差异分析[J]. 海洋与湖沼, 2003, 34(4): 112-119.
- [21] 张英杰,赵有璋,刘月琴,等. 3个山羊群体中4个微卫星DNA多态性及其与杂种优势的关系[J]. 遗传, 2004, 26(5):631-636.
- [22] 李红蕾,宋林生,刘保忠,等. 栉孔扇贝不同种群的遗传结构及其杂种优势[J]. 海洋与湖沼,2002, 33(2): 188-194.
- [23] 钱荣华. 中国五大湖三角帆蚌群体形态、生长与分子遗传比较研究[D]. 上海水产大学硕士学位论文, 2003: 28-38.