

## 黄颡鱼遗传图谱构建及生长相关性状的 QTL 定位

葛学亮<sup>1,2</sup>, 尹洪滨<sup>2</sup>, 毕冰<sup>1</sup>, 孙中武<sup>1\*</sup>

(1. 东北林业大学生命科学学院, 黑龙江 哈尔滨 150040;

2. 中国水产科学研究院黑龙江水产研究所, 黑龙江 哈尔滨 150070)

**摘要:**以野生(♂)和人工养殖(♀)黄颡鱼杂交的 100 个 F<sub>1</sub> 个体为作图群体,用 SSR、SRAP 和 TRAP 3 种 DNA 分子标记技术构建黄颡鱼的遗传连锁图谱。图谱整合了 13 个 SSR 标记,89 个 SRAP 标记,26 个 TRAP 标记。其中雌性框架图谱包括 16 个连锁群,图谱的长度为 585.5 cM;雄性框架图谱包括 15 个连锁群,图谱的长度为 752.3 cM;共享框架图谱包括 5 个连锁群,图谱的长度为 231.3 cM。用该连锁图谱对黄颡鱼的 5 个生长相关性状进行 QTL 扫描,在雌性图谱上检测到 1 个头宽的 QTL,定位于第七连锁群上,LOD 值为 3.2,可解释的表型变异为 13%。在雄性图谱上分别检测到 1 个体高和体长的 QTL,均定位于第一连锁群上。体高 QTL 的 LOD 值为 2.4,可解释的表型变异为 12%。全长 QTL 的 LOD 值为 2.1,可解释的表型变异为 11%。3 个 QTL 均可用于黄颡鱼的生长性状的标记辅助育种。

**关键词:**黄颡鱼;遗传图谱;简单重复序列;序列相关扩增多态性;目标区域扩增多态性;数量性状遗传位点

**中图分类号:**Q 953;S 917

**文献标识码:**A

黄颡鱼 (*Pelteobagrus fulvidraco*) 属鲶形目 (Siluriformes)、鲶科 (Siluridae)、黄颡鱼属 (*Pelteobagrus*), 俗名嘎牙子, 肉质细嫩、味鲜美、营养价值高, 是我国重要的小型经济鱼类<sup>[1-2]</sup>。

随着分子生物学技术的发展和完善, 标记辅助选择 (MAS) 技术在遗传育种中开始得到应用, 该技术利用控制生长、抗逆等数量性状基因 (QTL) 连锁的分子遗传标记, 通过对遗传标记的检测来选育具有优良性状的新品系。要快速获得与 QTL 连锁的分子遗传标记, 首先要构建高密度的能覆盖整个基因组的遗传连锁图谱, 而我国目前在鱼类上开展此方面的研究工作还不够多<sup>[3]</sup>。

随着黄颡鱼养殖的不断推广和深入, 其相关研究报道也越来越多, 主要集中在生殖生物学<sup>[4-5]</sup>, 群体遗传学<sup>[6-8]</sup>, 分子生物学<sup>[9-10]</sup> 等领域。迄今为止, 未见有黄颡鱼遗传连锁图谱的报道。本研究采用拟测交策略, 结合 SSR 和新型分子标记 SRAP 和 TRAP, 构建黄颡鱼的遗传连锁

图谱, 并对生长相关的性状进行 QTL 定位, 为黄颡鱼标记辅助选择育种以及基因定位克隆奠定基础, 从而进一步推动黄颡鱼的遗传改良。

### 1 材料与方法

#### 1.1 作图群体

以黄颡鱼野生雄性个体和人工养殖的雌性个体杂交 F<sub>1</sub> 代为作图群体, 该群体于 2008 年 6 月构建于黑龙江水产研究所和黑龙江省肇东市东发机械化渔场。父母本在人工授精前进行性状测量, 并取鳍条用 70% 乙醇固定备用。同年 12 月对该作图群体的 100 个 F<sub>1</sub> 个体进行性状测量和取样, 测量的性状为体重 (BW: body weight)、体长 (BL: body length)、体高 (BW: body width)、头宽 (HL: head length) 和周长 (BP: body perimeter), 并取肌肉保存于 -40 °C 备用。

#### 1.2 基因组 DNA 提取

组织样品用双蒸水洗净, 取 0.1 g 用 700 μL

收稿日期: 2009-08-05

修回日期: 2009-11-05

资助项目: 黑龙江省科技厅资助项目 (GZ03B109); 国家技术基础条件平台建设项目 (2006DKA30470-005)

通讯作者: 孙中武, E-mail: szw511123@yahoo.com.cn

消化液在 50 °C 震荡温育 12 ~ 18 h; 用等体积的苯酚: 氯仿: 异戊醇抽提 2 次, 12 000 r/min 离心 10 min, 取水相加 50 μg/mL RNA 酶, 37 °C 温育 30 min, 用等体积苯酚: 氯仿: 异戊醇抽提 1 次, 收集水相用纯氯仿抽提; 用预冷的 3 mol/L NaAc 和无水乙醇沉淀 DNA; 用 70% 乙醇漂洗两次, 加入 100 μL TE 缓冲液溶解 DNA, 用 0.8 % 的琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的质量, 用紫外分光光度计检测 DNA 的纯度和含量, 稀释到 50 ng/μL 备用。

### 1.3 SSR 标记

SSR 引物根据 NCBI 公布的黄颡鱼微卫星序列设计, 共 50 对, 其中作图用引物序列见表 1。PCR 反应体系为 25 μL: 模板 DNA 1 μL, 上下游引物 (5 pmol/μL) 各 1 μL, PCR Buffer (含 Mg<sup>2+</sup>) 2.5 μL; dNTP (5 mmol/L) 2.5 μL; Taq DNA 聚合酶 1 U, 加 ddH<sub>2</sub>O 补至 25 μL。扩增反应参数: 94 °C 预变性 4 min, 循环设置为 94 °C 变性 30 s, 退火 30 s, 72 °C 延伸 45 s, 共 30 个循环, 然后 72 °C 延伸 8 min。

### 1.4 SRAP 标记

SRAP 引物参考文献 [11 - 12], 获得正向引

物 14 个, 反向引物 14 个, 共 196 个组合。PCR 反应体系为 15 μL: 模板 DNA 1 μL, 上下游引物 (5 pmol/μL) 各 1 μL, PCR Buffer (含 Mg<sup>2+</sup>) 2.5 μL, dNTP (5 mmol/L) 1.2 μL, Taq DNA 聚合酶 1 U, 加 ddH<sub>2</sub>O 补至 15 μL。扩增反应参数: 94 °C 预变性 5 min, 第一个循环设置为 94 °C 变性 1 min, 35 °C 退火 1 min, 72 °C 延伸 2 min, 循环数为 5; 第二个循环设置为 94 °C 变性 1 min, 53 °C 退火 1 min, 72 °C 延伸 2 min, 循环数为 35; 72 °C 延伸 7 min。

### 1.5 TRAP 标记

TRAP 正向引物根据 GeneBank 公布的黄颡鱼 EST 及 cDNA 序列利用 Primer3 ([http://frodo.wi.mit.edu/cgi-bin/primer3/primer3\\_www.cgi](http://frodo.wi.mit.edu/cgi-bin/primer3/primer3_www.cgi); Last updated Feb 07, 2007) 设计, 正向引物 4 个 (表 2)。TRAP 反向引物与 SRAP 共用。PCR 反应体系为 15 μL: 模板 DNA 2 μL, PCR Buffer (含 Mg<sup>2+</sup>) 1.5 μL, dNTPs (5 mmol/L) 2 μL, 上下游引物 (5 pmol/μL) 各 1.5 μL, Taq DNA 聚合酶 1 U, 加 ddH<sub>2</sub>O 至 15 μL。扩增程序同 SRAP 一致。

表 1 作图用 SSR 引物序列

Tab.1 Mapped microsatellite DNA primers used in this study

编号 no.	索取号 NCBI no.	正向引物 (5' - 3') forward primers (5' - 3')	反向引物 (5' - 3') reward primers (5' - 3')	重复元件 repeating elements	退火温度 (°C) annealing temperature
5	EF473167	GCTAGGGAAAGCATTATGTC	GCCCTACACCAAGCCTG	(GT) <sub>12</sub>	51.2
8	EF473170	TCACCCAATCAATCAATC	GAGGGTTGCTTCTGAGTCTA	(CAAT) <sub>5</sub>	52.3
10	EF473172	TGACTTGTTTCAGCGTTGC	CCTCTCCTCCATCCATCAATC	(AGAT) <sub>36</sub> (GATT) <sub>9</sub>	55.6
15	EF473177	AATGCTACCCCGCTGTCA	CCTGGATGCGTCTTTACC	(AGAT) <sub>19</sub>	50.8
18	EF473180	TAGACAAGAGGGATGTGATG	CCTCTCCTCCATCCATCAATC	(AGAT) <sub>34</sub> (GATT) <sub>9</sub>	56
24	EF473187	GGTTAGCAGAGGTGCAGAGT	TGATAAGAAGATGAGAAGCA	(ATCA) <sub>7</sub>	58.8
30	EF473195	GTGACACCTACACAGGGGCT	AGTGTGTTTCATGTGCCCTCTC	(AC) <sub>10</sub>	50.5
35	EU439595	CGCCAAGTGAAGCAATAAGC	TAGAAACAGGGAGCCAAAT	(TGT) <sub>8</sub>	50
36	EU439596	CAGCAGGGTTAGTCTGAAAT	GGGCAGCCAAGACCATGTG	(TG) <sub>16</sub>	50
38	EU439598	GCAAGTGGCAGTTCAGAGTC	TAAGCGGAGGAAGAGG	(AC) <sub>8</sub> (TC) <sub>7</sub>	51.4
39	EU439599	ATCCATCCGATGTCTTCAT	ATGCTGCTGAACAGTAACAC	(CA) <sub>8</sub>	47.2
49	EU439605	ACCCITTAACCCGCTCTGT	TGCCAGCAGTTGATGTCT	(ATGG) <sub>16</sub>	53
50	EU439606	GACTCCTGCTTTCATCCC	GCAACAACAGATCCCAGT	(CA) <sub>18</sub>	50

表 2 TRAP 正向引物序列

Tab.2 Forward TRAP primers used in this study

编号 no.	索取号 NCBI no.	名称 name	正向引物 (5' - 3') forward primers (5' - 3')	退火温度 (°C) annealing temperature
1	DY450843.1	T-Pag2	TCTACACCGACACTTCCA	53
2	DQ112163.1	T-GH	GTGCAACACCTTCATCAG	53
3	AY684328.1	T-Sox9a1	AGGCTGAAGAAAGACGAG	53
4	EU860284.1	T-LRH1	GACAGGTGATTCACACCA	53

## 1.6 电泳检测及标记命名

PCR 扩增产物以 8% 的聚丙烯酰胺凝胶进行电泳,分子量标记为 pUC19/*Msp* I DNA Marker (Invitrogen),银染显色,凝胶成像并记录数据,利用 GeneTools 软件进行电泳图谱分析。SSR 标记名称由简写物种拉丁名,引物顺序和微卫星片段大小组成。SRAP 标记的命名由正向(m)和反向引物(e)组合和标记分子量组成。TRAP 标记的命名方式同 SRAP。Pf 代表 *Pelteobagrus fulvidraco*,f 是 fragment 的缩写。

## 1.7 遗传图谱的构建及 QTL 分析

利用 MAPMAKER/EXE(3.0b)对所得数据进行连锁分析。作图参数采用最小 LOD 值为 2.0,最大遗传距离为 50 cM。在确定了标记之间的顺序及相对遗传图距之后,用 MapDraw V2.1 输出连锁图谱。采用以多元线性回归分析为基础的复合区间作图法(CIM),利用 Windows QTL Cartographer 2.5 进行黄颡鱼 5 个生长相关性状的 QTL 定位分析。

## 2 结果

### 2.1 分离标记分布

使用 50 对 SSR 引物对黄颡鱼基因组 DNA 进行扩增,其中有 13 对引物扩增得到在双亲间呈现多态性并在子代分离的谱带,得到 13 个标记,用 39 号 SSR 引物扩增亲本及部分子代 DNA 的电泳图谱(图 1)。在 196 对 SRAP 引物中有 65 对引物扩增出可用于遗传作图的谱带,由这 65 对引物扩增得到 89 个标记,用 SRAP m7e5 引物组合扩增亲本及部分子代 DNA 的电泳图谱(图 2)。在 56 对 TRAP 引物中有 21 对引物扩增出可用于作图的谱带,由这 22 对引物扩增得到 26 个标记,用 TRAP T-Pag2e8 引物组合扩增亲本及部分子代 DNA 的电泳图谱(图 3)。在所有的标记中包括母本标记 51 个,父本标记 57 个,共有标记 20 个。偏分离现象主要发生在 SRAP 和 TRAP,而 SSR 标记中未发现偏分离现象。

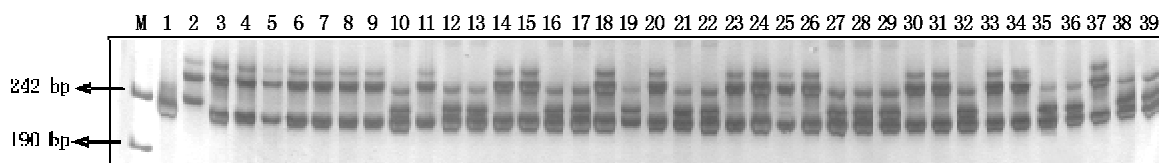


图 1 SSR 39 引物扩增黄颡鱼亲本及部分  $F_1$  子代基因组 DNA 电泳结果

M: DNA 分子量标准 pUC19/*Msp* I; 1:母本 DNA PCR 产物; 2:父本 DNA PCR 产物; 3~39: $F_1$  子代 DNA PCR 产物。

Fig. 1 Amplified results of parents and parts of  $F_1$  progenies genomic DNA of

*Pelteobagrus fulvidraco* by No. 39 SSR primers

M: DNA marker pUC19/*Msp* I; 1:PCR products of female parent DNA; 2:PCR products of male parent DNA; 3~39:PCR products of  $F_1$  progenies DNA.

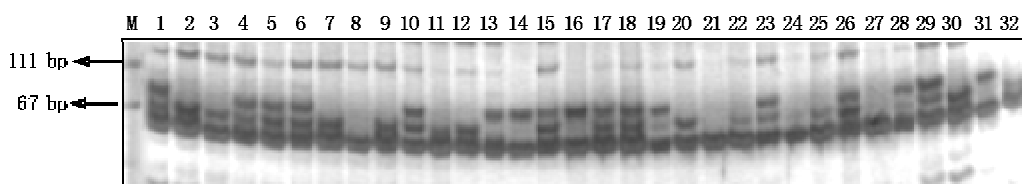


图 2 SRAP m7e5 引物组合扩增黄颡鱼亲本及部分  $F_1$  子代基因组 DNA 电泳结果

M: DNA 分子量标准 pUC19/*Msp* I; 1:母本 DNA PCR 产物; 2:父本 DNA PCR 产物; 3~32: $F_1$  子代 DNA PCR 产物。

Fig. 2 Amplified results of parents and parts of  $F_1$  progenies genomic DNA of

*Pelteobagrus fulvidraco* by SRAP primers combination m7e5

M: DNA marker pUC19/*Msp* I; 1:PCR products of female parent DNA; 2:PCR products of male parent DNA; 3~32:PCR products of  $F_1$  progenies DNA.

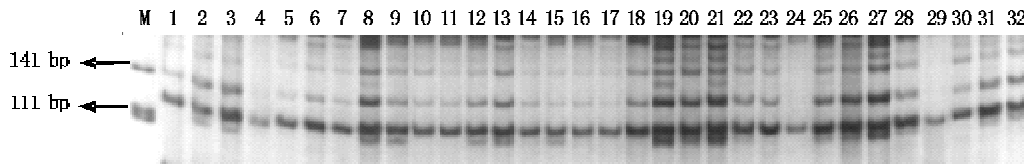


图3 TRAP T-Pag2e8 引物组合扩增黄颡鱼亲本及部分  $F_1$  子代基因组 DNA 电泳结果

M: DNA 分子量标准 pUC19/*Msp* I; 1: 母本 DNA PCR 产物; 2: 父本 DNA PCR 产物; 3~32:  $F_1$  子代 DNA PCR 产物。

Fig. 3 Amplified results of parents and parts of  $F_1$  progenies genomic DNA of

*Pelteobagrus fulvidraco* by TRAP primers combination T-Pag2e8

M: DNA marker pUC19/*Msp* I; 1: PCR products of female parent DNA; 2: PCR products of male parent DNA; 3-32: PCR products of  $F_1$  progenies DNA.

## 2.2 黄颡鱼遗传连锁图谱

**雌性图谱** 在雌性图谱中,共有 51 个标记定位到框架图谱上,包括 16 个连锁群,图谱的长度为 585.5 cM,连锁群的长度 8.2~127.4 cM,每个连锁的标记个数为 2~8 个。连锁群 6 的平均间隔最大为 21.4 cM,连锁群 14 的平均间隔最小为 3.0 cM,遗传图谱的预期长度  $Ge = 1\ 113.2$  cM,框架图覆盖率  $Cof = 52.6\%$  (图 4)。

**雄性图谱** 在雄性图谱中,共有 56 个标记定位到框架图谱上,包括 15 个连锁群,图谱的长度为 752.3 cM,连锁群的长度 3.0~205.2 cM,每个连锁的标记个数为 2~11 个。连锁群 6 的平均间隔最大为 28.8 cM,连锁群 14 的平均间隔最小为 5.0 cM,遗传图谱的预期长度  $Ge = 1\ 281.8$  cM,框架图覆盖率  $Cof = 58.7\%$  (图 5)。

**共享图谱** 在共享图谱中,共有 20 个标记定位到框架图谱上,5 个连锁群,图谱的长度为 231.3 cM,连锁群的长度 5.3~84.7 cM,每个连锁的标记个数为 2~6 个。连锁群 5 的平均间隔最大为 20.3 cM,连锁群 1 的平均间隔最小为 5.3 cM (图 6)。

## 2.3 亲本及分离群体中生长性状的分布

共测量了 5 个与生长相关的性状指标,体重(BW)、体长(BL)、体高(BW)、头宽(HL)和周长(BP)。通过对表型性状的频率分布分析,发现所有测量的性状都显示出连续变异的特点,表明这些与生长相关的性状都是典型的数量性状或者多基因遗传。用 DPS v7.05 检验表型性状的频率分布是否偏离正态分布,结果显示体重、体长、体高和头宽的分布均符合正态分布,只有周长的分布偏离正态分布。由于 Windows QTL

Cartographer 2.5 不要求性状数据分布必须符合正态分布,因此统计中没有进行对数转换。

## 2.4 黄颡鱼生长相关性状的 QTL 定位

研究采用 LOD 2.0 为检测阈值,即当  $LOD > 2.0$  视为该位点可能存在一个 QTL。共检测到 3 个与生长性状相关的 QTL,分别分布在雌性和雄性图谱的 2 个连锁群上。在雌性图谱上检测到 1 个 HL 的 QTL (图 4),该 QTL-HL 定位于第 7 连锁群上,LOD 值为 3.2,可解释的表型变异为 13%。在雄性图谱上分别检测到 1 个 BW 和 1 个 BL 的 QTL,均定位于第 1 连锁群上。QTL-BW 的 LOD 值为 2.4,可解释的表型变异为 12%,QTL-BL 的 LOD 值为 2.1,可解释的表型变异为 11%,见图 1 和图 2 中有 QTL 分布的 M-LG7 和 F-LG1 两个连锁群。

## 3 讨论

### 3.1 分子标记

研究利用 SSR、SRAP 和 TRAP 3 种 DNA 分子标记技术构建黄颡鱼遗传连锁图谱。50 对 SSR 引物中筛选出 13 对作图引物,尽管数量有限,但其在图谱中的重要性不可忽略。作为共显性标记,SSR 标记具有可鉴别杂合子和纯合子,多态信息含量高,结果可靠等优点,被广泛应用于遗传图谱构建。到目前为止,对虹鳟 (*Oncorhynchus mykiss*)、斑马鱼 (*Danio rerio*) 和尼罗罗非鱼 (*Tilapia nilotica*)、鲤 (*Cyprinus carpio*) 构建的以微卫星为主的遗传连锁图谱已比较完善<sup>[13]</sup>。由此可见,开发黄颡鱼微卫星引物是构建其高质量遗传图谱的前提。SRAP 是一种新型 DNA 分子标记技术,具有操作简便,多态性高,重复性好等特点。

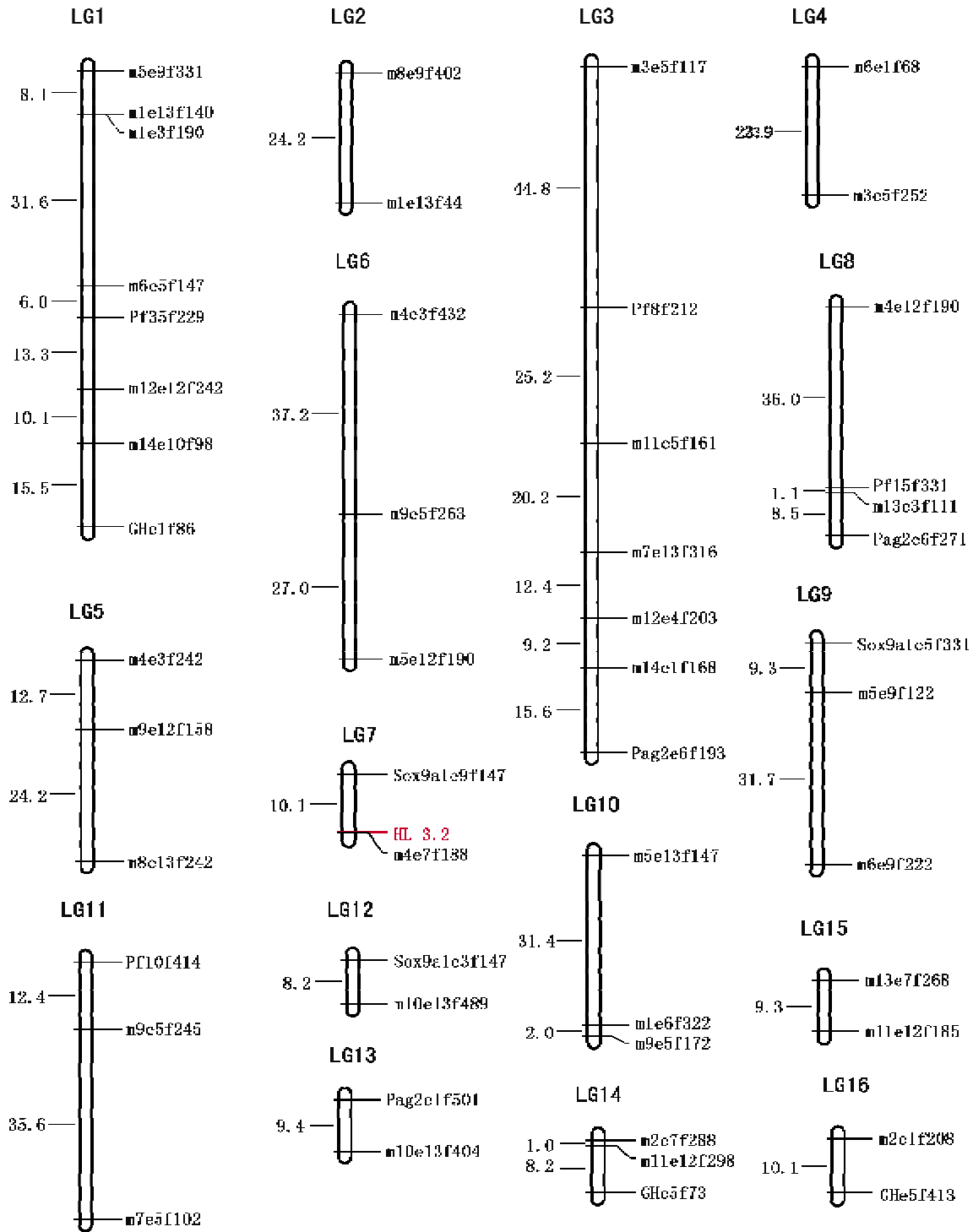


图 4 黄颡鱼雌性遗传连锁图谱

红色区段代表各 QTL 在连锁群上可能分布范围,同时标出了 LOD 最大峰值。

Fig. 4 Preliminary genetic linkage maps of the female yellow catfish

The regions of QTLs were showed as red, the peak value of LOD were also marked.

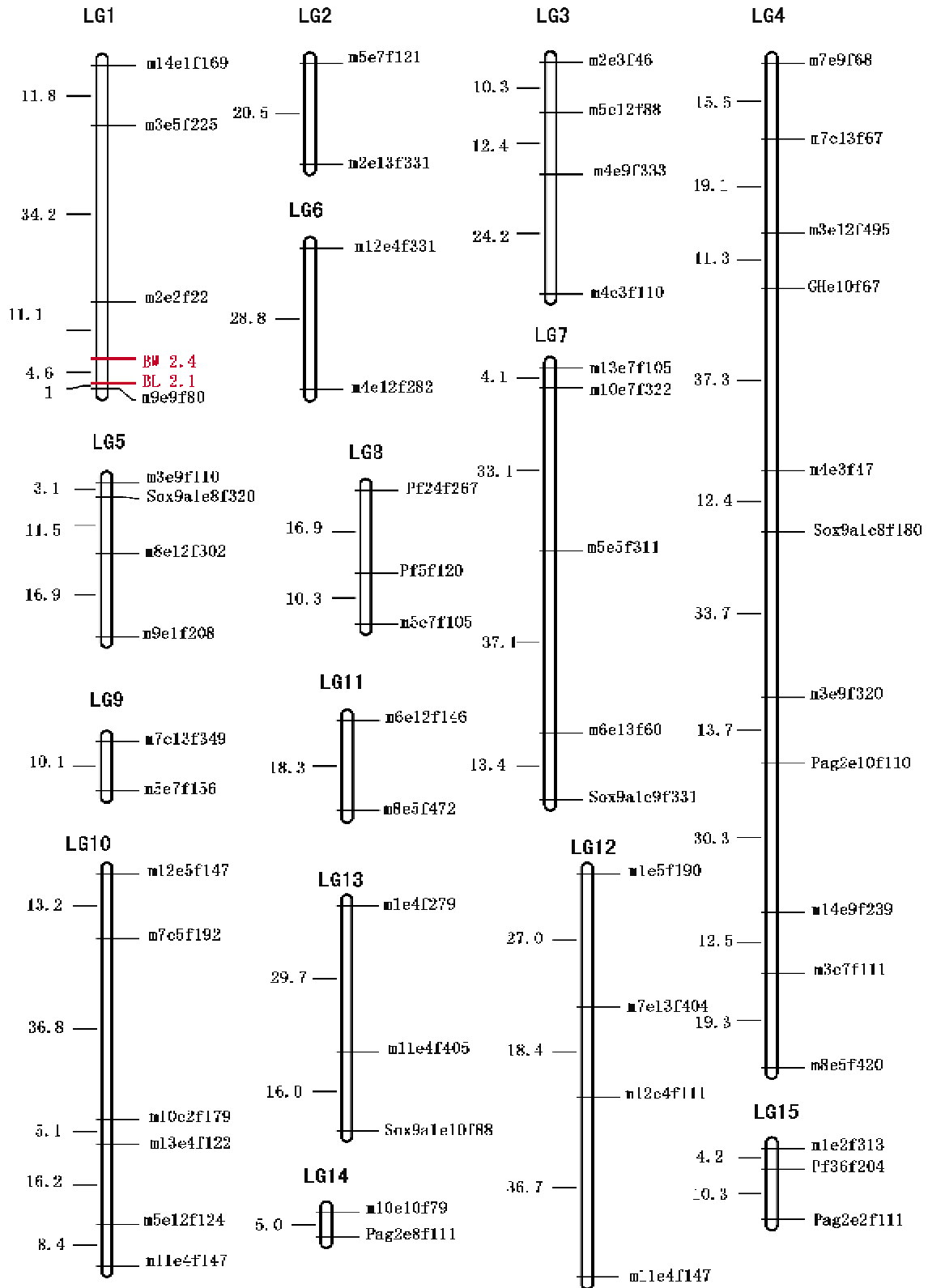


图5 黄颡鱼雄性遗传连锁图谱

红色区段代表各 QTL 在连锁群上可能分布范围,同时标出了 LOD 最大峰值。

Fig. 5 Preliminary genetic linkage maps of the male yellow catfish

The regions of QTLs were showed as red, the peak value of LOD were also marked.

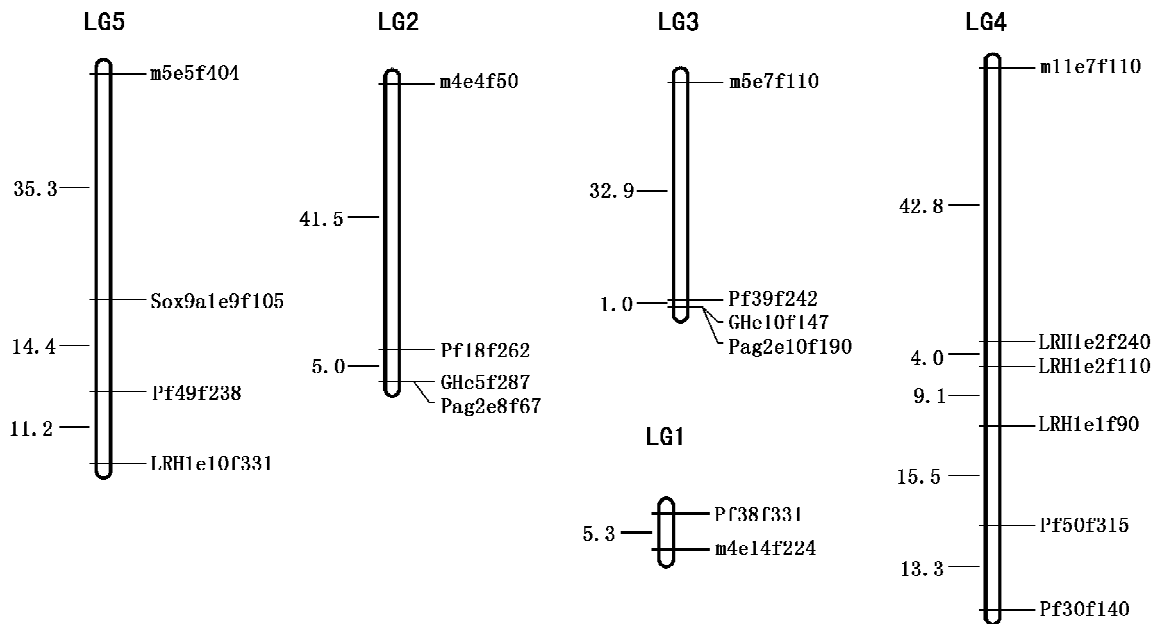


图 6 黄颡鱼共享遗传连锁图谱

Fig. 6 Combined genetic linkage maps of the yellow catfish

由于 SRAP-PCR 是对 ORFs 扩增,因此引物具有通用性,用少量的引物可组配得到多个引物组合,提高了引物的使用效率<sup>[11]</sup>。近些年,利用 SRAP 技术已经构建了诸多中高等密度的连锁图谱,但多在植物领域<sup>[14-16]</sup>。本研究从 196 对 SRAP 引物中筛选了 65 对引物用于黄颡鱼遗传作图,是本图谱中数量最多的标记,说明 SRAP 用于鱼类遗传作图具有很大的潜力。TRAP 标记作为一种新开发的基因分型技术,首先应用于作物种质资源及生物多样性分析<sup>[17]</sup>。它利用生物信息工具,在庞大的 EST 序列信息和植物重要农艺性状之间架起了一座桥梁,目前,这一技术在农作物遗传图谱构建研究中已普遍取得应用<sup>[18-19]</sup>,但在鱼类遗传图谱构建研究中,国内外尚未见相关报道。我们将 TRAP 标记技术引进到水产动物黄颡鱼的遗传图谱构建研究中,开发引物并建立了稳定可靠的黄颡鱼 TRAP-PCR 反应体系,从 56 对 TRAP 引物中筛选出 21 对作图引物,实验证明该方法重复性和稳定性较好,验证了该技术用于鱼类遗传图谱的构建的可行性。

### 3.2 偏分离现象

研究中 SRAP 和 TRAP 标记均有不同程度的偏分离。根据已经发表的鱼类遗传图谱的研究报告,发生偏分离现象比较普遍,原因各不相

同<sup>[20-21]</sup>。本研究发生偏分离现象的原因目前尚不明确,推测其可能的影响因素有以下几点:第一,SRAP 和 TRAP 电泳谱带比较密集,可能存在电泳谱带识别的误差,因而在统计分离片段时可能会将来自不同位点的片段统计为相同的片段,从而导致非孟德尔遗传,造成偏分离现象;第二,作图黄颡鱼亲本间引物的靶位点遗传变异相对较大,从而使扩增亲本和子代间的引物相互不适;第三,本研究取样的黄颡鱼子代为 100 尾,样本数量的限制可能会造成某些位点丢失,从而造成偏分离。

### 3.3 遗传图谱

研究构建的连锁图谱是第一张黄颡鱼遗传连锁图谱。黄颡鱼单倍体含 26 条染色体<sup>[22]</sup>,因此理想的图谱连锁群数目应为 26 个。本研究雌性共得到 16 个连锁群,雄性图谱得到 15 个连锁群,这与黄颡鱼单倍体染色体的数目并不一致,与理想连锁群数相差 10 个左右。虽然这种情况在对一个物种进行首次图谱报告时常常会出现,但这也提示我们图谱标记数还不够,连锁群内部可能存在大的间隔,从而使本来在一个连锁群上的标记分成两个连锁群,导致图谱密度不够高。与已经基本达到饱和状态的主要农作物遗传连锁图谱相比,目前鱼类分子遗传学研究还不够完善,无论

是遗传标记的开发、利用,还是遗传图谱的构建,都有许多的工作需要完成<sup>[21]</sup>。本研究构建的黄颡鱼遗传连锁图谱还不很丰富,但是作为一个初级的图谱,作为黄颡鱼基因组研究的基础,本研究为黄颡鱼目的基因定位提供了框架结构,为实现黄颡鱼分子遗传育种迈出了重要的一步。

### 3.4 QTL 定位

研究在构建图谱基础上进行了黄颡鱼生长相关性状的 QTL 分析,共检测到了 3 个与生长性状相关的 QTL,分布在雌性和雄性图谱共 2 个连锁群上。本研究仅在有限的连锁群上检测到 QTL,其原因可能有以下几点:第一,图谱覆盖率在 55% 左右,图谱密度还不够高,造成定位的间断;第二,本研究的两个亲本表型性状差异不足以能使子一代产生足够显著的遗传变异,导致一些连锁群没有检测到相关性状的 QTL;第三,本研究只是初级定位,仅对初级群体 F<sub>1</sub> 进行 QTL 定位,而用初级群体进行的 QTL 定位的精度通常不会很高,因而检测位点较少。此外,本文使用一个群体作图并在同一个环境对黄颡鱼生长相关性状进行 QTL 分析,没有对其它不同群体及不同环境的群体进行定位分析,是黄颡鱼 QTL 定位研究的一次初探。

构建黄颡鱼的分子标记遗传图谱并对生长相关性状进行 QTL 定位,目的在于为黄颡鱼生长相关性状的分子标记辅助育种提供有效的遗传依据。3 个 QTL 对黄颡鱼头宽,体高和全长 3 个性状的变异所起的作用相差很小,可解释的表型变异分别为 13%,12% 和 11%。因而,本研究所获得的 3 个 QTL 可尝试应用于黄颡鱼生长性状育种,以提高选择效率,加速育种进程。

### 参考文献:

- [1] 张觉民. 黑龙江省鱼类志[M]. 哈尔滨:黑龙江科技出版社, 1995: 200-202.
- [2] 尹洪滨, 姚道霞, 孙中武, 等. 黑龙江鲶形目鱼类的肌肉营养组成分析[J]. 营养学报, 2006, 28(5): 438-441.
- [3] 鲍宝龙, 李家乐. 主要水产养殖动物 QTL 定位的研究现状[J]. 上海水产大学学报, 2005, 14(4): 444-450.
- [4] 陈伟兴, 范兆廷, 杨洁. 黄颡鱼性腺的组织学观察[J]. 东北农业大学学报, 2006, 37(2): 194-198.
- [5] 王永玲, 杨彩根, 宋学宏, 等. 黄颡鱼精子入卵的扫描电镜观察[J]. 淡水渔业, 2007, 37(4): 41-44.
- [6] 童芳芳, 汤明量, 杨星. 用 RAPD 和 SCAR 复合分子标记对黄颡鱼属进行种质鉴定[J]. 水生生物学报, 2005, 29(3): 465-468.
- [7] 郭金峰, 王玉, 马洪雨, 等. 三个黄颡鱼群体遗传多样性及亲缘关系的微卫星标记分析[J]. 氨基酸和生物资源, 2006, 28(3): 5-8.
- [8] Wang Z W, Wu Q J, Zhou J F, et al. Geographic distribution of *Pelteobagrus fulvidraco* and *Pelteobagrus vachelli* in the Yangtze River based on mitochondrial DNA Markers [J]. Biochemical Genetics, 2005, 11(42): 391-400.
- [9] 孙玉华, 谢从新. 黄颡鱼生长激素 cDNA 序列克隆及其序列分析[J]. 水利渔业, 2006, 26(3): 10-13.
- [10] 徐跑, 俞菊华, 唐永凯, 等. 黄颡鱼卵巢 P-450arom 基因的克隆及组织表达[J]. 中国水产科学, 2005, 12(5): 541-548.
- [11] Li G, Quiros C F. Sequence-related amplified polymorphism(SRAP): a new marker system based on a simple PCR reaction; its application to mapping and gene tagging in *Brossica* [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2001, 103(2-3): 455-461.
- [12] Dao H H, Zhong X L, Xian L Z, et al. QTL mapping for economic traits based on a dense genetic map of cotton with PCR-based markers using the interspecific cross of *Gossypium hirsutum* × *Gossypium barbadense* [J]. Euphytica, 2007, 153(1-2): 181-197.
- [13] Wang J, Xia D. Studies on fish heterosis with DNA fingerprinting [J]. Aquaculture Research, 2002, 33(12): 941-947.
- [14] Gao L X, Liu N, Huang B H, et al. Phylogenetic analysis and genetic mapping of Chinese hedychium using SRAP markers [J]. Scientia Horticulturae, 2008, 117(4): 369-377.
- [15] Sun Z D, Wang Z N, Tu J X, et al. An ultradense genetic recombination map for *Brassica napus*, consisting of 13551 SRAP markers [J]. Theor Appl Genet, 2007, 114(8): 1305-1317.
- [16] Sreedhar A, Collins A K, John C V, et al. Linkage mapping and genome analysis in a *Saccharum* interspecific cross using AFLP, SRAP and TRAP markers [J]. Euphytica, 2008, 164: 37-51.
- [17] Hu J G, Brady A V. Target region amplification polymorphism: A novel marker technique for plant



- genotyping[J]. *Plant Molecular Biology Reporter*, 2003, 21(3): 289–294.
- [18] Hu J G. Defining the sunflower (*Helianthus annuus* L.) linkage group ends with the Arabidopsis-type telomere sequence repeat-derived markers [J]. *Chromosome Research*, 2006, 14: 535–548.
- [19] Chen J F, Hu J G, Brady A V, *et al.* Molecular mapping of a nuclear male-sterility gene in sunflower (*Helianthus annuus* L.) using TRAP and SSR markers [J]. *Theor Appl Genet*, 2006, 113(1): 122–127.
- [20] Shen X Y, Yang G P, Liu Y J, *et al.* Construction of genetic linkage maps of guppy (*Poecilia reticulata*) based on AFLP and microsatellite DNA markers[J]. *Aquaculture*, 2007, 271: 178–187.
- [21] 童金苟, 朱嘉濂, 吴清江. 鱼类和水生动物基因组作图研究的现状及前景[J]. *水产学报*, 2001, 25(3): 270–278.
- [22] 薛淑群, 尹洪滨. 黄颡鱼染色体组型的初步分析[J]. *水产学杂志*, 2006, 19(1): 11–13.

## A preliminary research of genetic linkage map construction and QTL analysis for growth-related traits in yellow catfish (*Pelteobagrus fulvidraco*)

GE Xue-liang<sup>1,2</sup>, YIN Hong-bin<sup>2</sup>, BI Bing<sup>1</sup>, SUN Zhong-wu<sup>1\*</sup>

(1. College of Life Science, Northeast Forestry University, Harbin 150040, China;

(2. Heilongjiang River Fishery Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Harbin 150070, China)

**Abstract:** Genetic linkage maps of yellow catfish (*Pelteobagrus fulvidraco*) were constructed using SSR, SRAP and TRAP markers and a pseudo-testcross mapping strategy. A segregating population including 100 progenies was sampled within the first filial generation obtained by artificial fertilization between a male parent and a female parent from wild and breeding populations respectively. Totally, 13 SSR, 89 SRAP and 26 TRAP markers were used to construct a genetic map. Female map included 16 linkage groups, covering a total of 585.5 cM in length. Male map included 15 linkage groups, covering a total of 752.3 cM in length. Combined map included 5 linkage groups, covering a total of 231.3 cM in length. This map was used to scan the QTL related to growth traits of yellow catfish. One head length QTLs were identified in female map located in LG7, LOD value is 3.2 and accounted for 13% of phenotypic variation. A body width and a body length QTLs were identified in male map both located in LG1, LOD value is 2.4 and 2.1 respectively, and accounted for 12% and 11% of phenotypic variation respectively. Three QTLs could be considered to apply in marker-assisted selection for growth-related traits breeding of yellow catfish.

**Key words:** *Pelteobagrus fulvidraco*; genetic linkage map; SSR; SRAP; TRAP; QTL

**Corresponding author:** SUN Zhong-wu. E-mail: szw511123@yahoo.com.cn