

文章编号:1000-0615(2009)04-0557-08

文蛤山东种群与江苏种群杂交及自繁子代的遗传差异分析

董迎辉^{1,2}, 林志华¹, 柴雪良², 陆荣茂², 肖国强², 刘保忠³

(1. 浙江万里学院生物与环境学院, 浙江 宁波 315100;

2. 浙江省海洋水产养殖研究所, 浙江 温州 325005;

3. 中国科学院海洋研究所, 山东 青岛 266071)

摘要:利用 fAFLP 技术研究了文蛤山东种群与江苏种群的杂交子代(SJ, JS)和自繁子代(SS, JJ)群体的遗传差异。3 对荧光引物组合在 4 个 F₁ 群体 96 个个体中共扩增出 255 个位点, 多态位点比例高达 97.65%。Nei's 基因多样性和 Shannon 信息指数显示, 4 个群体的遗传多样性大小依次为 SJ > SS > JS > JJ, 而且两杂交组的变异度都大于自繁组, 说明杂交增加了文蛤种群的遗传多样性和变异程度。fAFLP 扩增位点分析表明, SJ 和 JS 的显性基因频率有所增加, 并且正、反杂交群体在遗传结构上均表现出明显的偏母性特征。从群体间遗传相似性指数来看, JS 与 JJ 间的遗传相似性系数最大(0.976 1), 而与 SS 间的遗传相似性为 0.945 0; SJ 与 SS 间的遗传相似性系数为 0.950 2, 与 JJ 群体间为 0.925 4; SJ 群体与 JS 群体间的遗传相似性系数最小(0.907 5)。在依据群体间相对遗传距离构建的系统树上, JS 与 JJ 间的亲缘关系最近, 首先聚在一起, SJ 与 SS 间亲缘关系较近, 也能聚为一支, 但明显可以看出正交组合 SJ 与其它 3 个群体间的亲缘关系较远。综合分析表明, 文蛤地理种群杂交增加了遗传多样性和变异度, 正、反交群体在遗传结构上都明显地偏向母本, 正交组合 SJ 群体的遗传多样性最高、变异度最大, 这与其在生长速度上表现出的杂种优势可能有直接关系。

关键词:文蛤; 杂交; 遗传差异; 地理种群

中图分类号:S 917

文献标识码:A

文蛤 (*Meretrix meretrix* Linnaeus) 为蛤中上品, 肉味清鲜, 营养丰富, 深受国内外消费者喜爱, 是我国滩涂贝类养殖的主要对象和出口创汇的重要水产品之一。特别是近年来, 文蛤在日本、韩国市场上不菲的价格和持续上涨的需求量, 极大地促进了我国文蛤养殖业的蓬勃发展。然而, 伴随着文蛤的工厂化育苗和高密度养殖, 生产中出现了抗逆性和抗病力下降、个体小型化等性状退化现象, 严重制约文蛤养殖业的稳定健康发展。

杂交育种是遗传改良和新品种培育的有效手段, 不仅可以综合双亲的优良性状、增加变异性, 还有可能产生超越双亲的杂种优势。在贝类方面, 已有不少种间杂交成功的先例, 如皱纹盘鲍 (*Haliotis discus hannai*) 与日本盘鲍 (*Haliotis discus*

discus) 的杂交子代在成活率、生长速度等方面表现出了明显的杂种优势^[1]; 栉孔扇贝 (*Chlamys farreri*) 与虾夷扇贝 (*Patinopecten yessoensis*) 的杂交后代提高了生产性能尤其是抗逆能力^[2]; 栉孔扇贝与华贵栉孔扇贝 (*Chlamys nobilis*) 的杂交子代幼虫比亲本具有更强的生长优势^[3]。虽然贝类种间杂交可以产生更大的遗传变异, 但其技术难度高, 常出现杂交不亲和、幼体不成活、杂种 F₁ 不育或育性差和“疯狂”分离等“远缘杂交综合征”, 直接影响推广应用^[4]。相比之下, 不同品系或地理种群间的“远距离杂交”, 既可克服杂种后代的生殖和发育障碍, 也能获得一定的杂种优势。目前, 国内外已经进行了太平洋牡蛎 (*Crassostrea gigas*)^[5]、栉孔扇贝^[6-7]、皱纹盘鲍^[8]、马氏珠母

收稿日期: 2008-04-14 修回日期: 2008-12-03

资助项目: 国家“八六三”高技术研究发展计划(2006AA10A410); 国家科技支撑计划(2007BAD49B09); 浙江省科技厅重大科技攻关计划(2006C12013)

通讯作者: 林志华, Tel: 0574-88223018, E-mail: zhihua9988@126.com

贝 (*Pinctada martensii*)^[9]、杂色鲍 (*Haliotis diversicolor*)^[10]、三角帆蚌 (*Hyriopsis cumingii*)^[11] 等贝类不同地理种群的杂交及相关研究,但文蛤的杂交育种工作尚未开展。群体遗传学研究表明,文蛤不同地理群体的遗传结构存在较大差异^[12-15],是开展远距离杂交的良好材料。本研究选择文蛤山东黄河口附近的东营种群和江苏长江口附近的如东种群为亲本,通过种群间杂交和种群内自繁得到 4 个 F₁ 代群体,利用 fAFLP 技术分析杂交和自繁群体间的遗传差异,为文蛤的杂交机理研究和杂种优势利用提供理论基础。

1 材料与方 法

1.1 实验材料

2006 年 7 月,在浙江省海洋水产养殖研究所清江试验基地进行了文蛤山东东营种群(简称 S)和江苏如东种群(简称 J)的杂交和自繁实验。4 个 F₁ 代群体分别培养于不同的水泥池内,投喂充足的新鲜单胞藻促其快速生长,到 12 月份平均壳长达到 1 cm 以上,各随机取样 24 颗,活体解剖取闭壳肌,保存于 -72 °C 的超低温冰箱中,用于 DNA 提取。

所用人工接头和引物均由上海生工合成,其序列见表 1。*EcoR* I、*Mse* I 内切酶和 T4-DNA 连接酶均为 Fermentas 公司产品;PCR 扩增体系中的 *Taq* 酶、dNTP、Buffer 和 MgCl₂ 购自大连宝生物工程有 限 公 司。

1.2 DNA 提取和 AFLP 分析

取文蛤闭壳肌,用常规酚氯仿法提取基因组 DNA,并用 1% 的琼脂糖电泳和紫外分光光度仪 (Varian Cary 50 型) 进行定量,无菌超纯水稀释至 100 ng/μL。

参照 Vos 等^[16] 的方法,采用筛选出的 E32M51、E33M51、E33M62 3 对引物组合对 4 个文蛤 F₁ 代群体(S ♀ × S ♂ 群体记为 SS, J ♀ × J ♂ 群体记为 JJ, S ♀ × J ♂ 群体记为 SJ, J ♀ × S ♂ 群体记为 JS) 共计 96 个个体进行了选择性扩增。选扩产物送北京华大基因公司,在 ABI 公司的 3760 XL 型测序仪上进行检测。

1.3 数据处理与分析

检测结果用 GenMarker 1.6 软件进行分析,将 100 ~ 400 bp 间的扩增带谱转换成 0、1 数据矩阵(扩增阳性赋值为 1,阴性为 0),并用此软件对

所有个体进行聚类分析。

表 1 fAFLP 所用接头和引物的序列
Tab. 1 Sequence of adaptors and primers used for fAFLP analysis

	序列 sequence
<i>EcoR</i> I 接头 <i>EcoR</i> I adaptor	5'-CTCGTAGACTGCGTACC-3' 3'-CTGACGCATGGTTAA-5'
<i>Mse</i> I 接头 <i>Mse</i> I adaptor	5'-GACGATGAGTCTCTGAG-3' 3'-TACTCAGGACTCAT-5'
<i>EcoR</i> I 引物 <i>EcoR</i> I primer	
E01	5'-GACTGCGTACCAATTTC A-3'
E32 *	5'-GACTGCGTACCAATTTC AAC-3'
E33 *	5'-GACTGCGTACCAATTTC AAG-3'
<i>Mse</i> I 引物 <i>Mse</i> I primer	
M02	5'-GATGAGTCTCTGAGTAA C-3
M51	5'-GATGAGTCTCTGAGTAA CCA-3'
M62	5'-GATGAGTCTCTGAGTAA CTT-3'

注: * 表示在引物 E32 和 E33 的 5' 端加了 FAM 荧光标记
Notes: * represents FAM fluorescent label added at 5'-end-sequence of primer E32 and E33

根据每个个体的数据矩阵,用 Popgen 32 软件计算各群体的多态率、Nei's 基因多样性指数、Shannon 信息指数以及种群间的相对遗传距离和遗传相似性系数^[17]。根据种群间遗传距离数据,用 MEGA 3.1 软件中的 NJ 作图法和 UPGMA 法进行聚类分析。

2 结果与分析

2.1 3 对引物组合在文蛤群体中的扩增位点数和多态率

利用 3 对多态性丰富的荧光引物组合 (E32M51、E33M51 和 E33M62) 对 4 个 F₁ 群体的 96 个个体进行了选择性扩增,共检出 100 ~ 400 bp 大小的扩增位点 255 个,其中多态位点 249 个,多态位点比例高达 97.65%。不同子代群体的扩增位点数差别不大, JJ、SS、SJ、JS 分别为 251、248、237、240,多态位点比例依次为 96.02%、94.35%、91.98%、95.42%。可以看出, JJ 和 JS 的多态位点比例较高且比较接近,而 SS 和 SJ 多态位点比例较低也很接近。从 Nei's 基因多样性和 Shannon 信息指数来看,遗传多样性大小依次为 SJ > SS > JS > JJ,而且两个杂交组合的变异度都大于自繁组。由此可见,经过杂交明显增加了种群的遗传多样性和变异程度,这对种质改良和新品种培育十分重要。

表 2 4 个 F_1 代群体的多态位点比例、Nei's 基因多样性和 Shannon 信息指数
 Tab.2 Percentage of polymorphic loci, Nei's gene diversity and Shannon's information index of 4 F_1 groups in *Meretrix meretrix*

群体 groups	扩增位点数 number of amplified loci	多态位点数 number of polymorphic loci	多态位点比例(%) percentage of polymorphic loci	Nei's 基因多样性 Nei's gene diversity	Shannon 信息指数 Shannon's information index
JJ	251	241	96.02%	0.298 3 ± 0.150 8	0.457 0 ± 0.194 2
SS	248	234	94.35%	0.326 8 ± 0.145 0	0.491 6 ± 0.188 5
SJ	237	218	91.98%	0.342 8 ± 0.159 8	0.505 6 ± 0.211 7
JS	240	229	95.42%	0.305 5 ± 0.157 1	0.463 6 ± 0.204 1

2.2 文蛤杂交和自繁群体 fAFLP 的扩增图谱及扩增位点的差异

对文蛤 J 种群和 S 种群杂交和自繁群体 fAFLP 的扩增图谱进行了分析,从中可以发现,杂交群体中某些显性基因位点发生了纯合或者显性基因频率显著增加,这些遗传结构的改变可能与杂种优势的产生密切相关。如图 1 中的 a 位点,在 SJ 和 JS 杂交群体中出现的频率比自交群体 JJ 和 SS 群体高;图 1 的 c 位点,在 SJ 中出现的频率

高于其他 3 个群体。而且,在有的杂交群体中找到了一些特有位点,如 SJ 中的 d 位点,这些位点是父、母亲本遗传物质重组的产物,可以作为杂种群体鉴别的遗传标记,也对杂交机理的研究有重要意义。另外,从图 1 的扩增图谱还能看出,有些位点如 b 位点为 SJ 与 SS 共享而在 JS 和 JJ 中缺失, e 位点仅有 JS 和 JJ 共享,这表明文蛤杂种后代从父、母亲本中获得的遗传物质并不均等,有明显的偏母性特征。

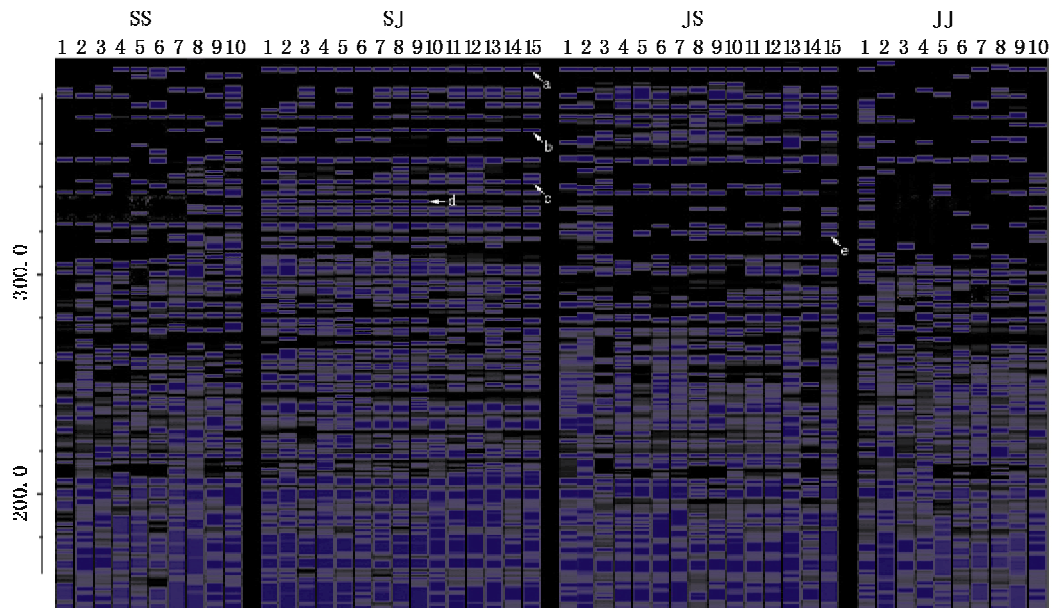


图 1 引物组合 E33M51 对 S 种群和 J 种群自繁、杂交群体部分个体的 fAFLP 扩增图谱

a. 两杂交群体中出现频率高的位点; b. SS 和 SJ 群体共有的位点; c. SJ 群体中全显性的位点; d. SJ 群体的特有位点; e. JJ 和 JS 群体共有的位点

Fig.1 Electrophoretogram of fAFLP from some individuals of self-breed and hybrid groups between S population and J population in *Meretrix meretrix* using primer E33M51

a. high-frequency locus in two hybrid groups; b. common locus of SS group and SJ group; c. completely dominant locus in SJ group; d. differential locus of SJ group; e. common locus of JJ group and JS group.

2.3 fAFLP 对文蛤 4 个群体的扩增结果和个体间聚类分析

根据文蛤 4 个群体个体间遗传距离,用

GenMarker 1.6 软件进行了聚类分析。从构建的系统树和扩增图谱来看, JJ 和 SS 的群体内相似度较高,但也有些个体出现了明显的群体间交互

聚类现象,这说明J种群和S种群虽然由于地理隔离出现了一定的遗传分化,但它们的遗传结构仍较为相似。然而,两个杂交群体与自繁群体差异较为明显,其中正交SJ与其他群体的遗传差异

最大,基本能单独聚为一类,偶尔有SS中的个体参入;而JS的个体也能聚在一起,但常会与JJ中的个体交互聚类。综合分析表明,经过杂交明显改变了文蛤种群的遗传结构。

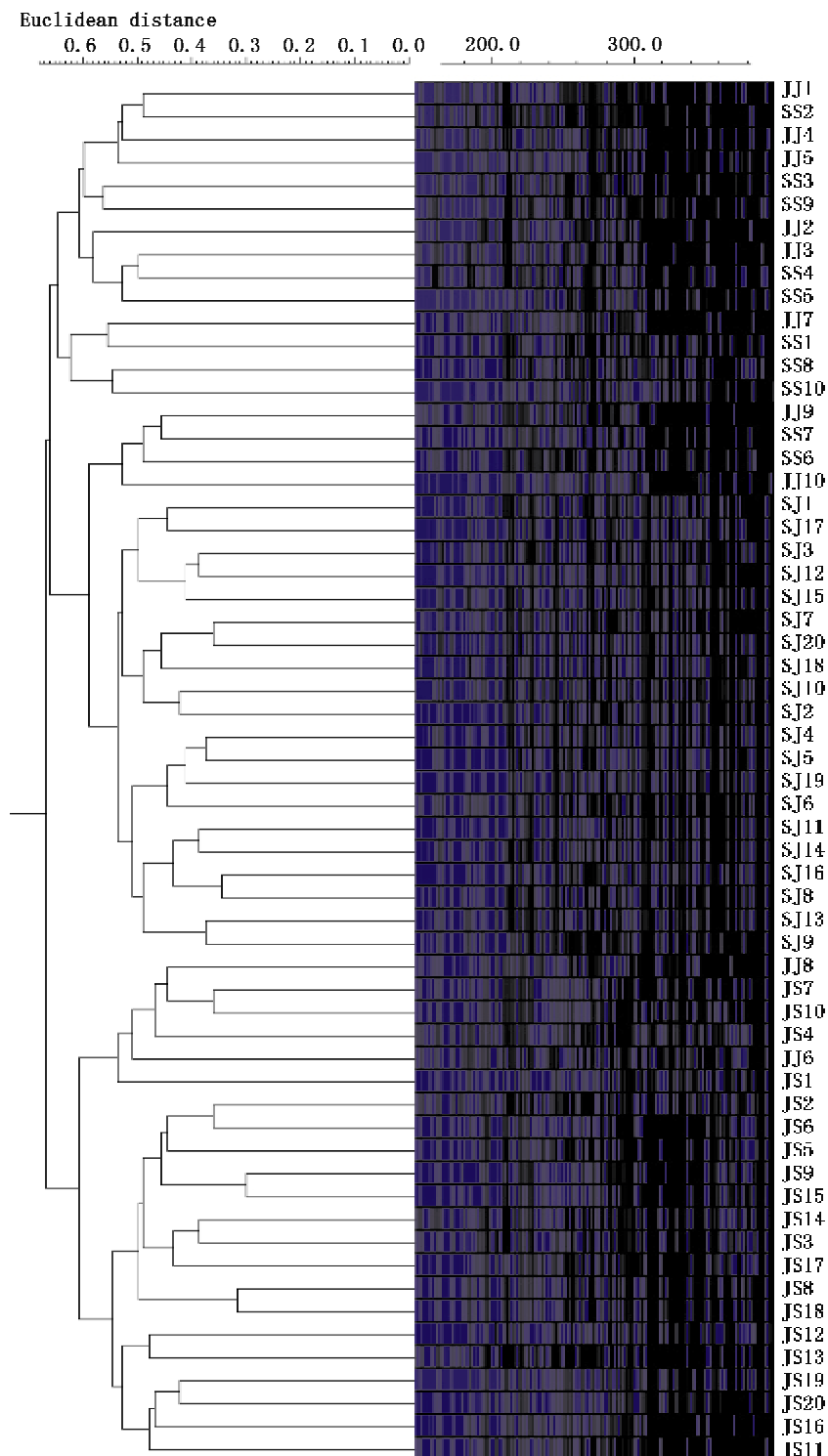


图2 引物组合 E33M51 对 4 个群体部分个体的 fAFLP 扩增图谱及个体聚类系统树
Fig.2 The fAFLP electrophoretogram and individual dendrogram of 4 groups in *Meretrix meretrix* using primer E33M51

2.4 文蛤杂交和自繁群体间的亲缘关系分析

利用 Popgen 32 软件计算了 JJ、SS、SJ 和 JS 群体的群体间遗传相似性系数和相对遗传距离,并根据种群间遗传距离构建了 4 个群体的系统树。结果发现:(1)JJ 和 SS 群体间的遗传相似性指数也较大(0.972 2),说明两地理种群间的亲缘关系较近,这跟它们生活的地理距离近、相互间基因交流较多有关。(2)JS 与 JJ 群体间的遗传相似性系数最大(0.976 1),二者之间的相对遗传距离只有 0.024 2,在聚类的系统树上首先聚在一起,而与 SS 群体间的遗传相似性为 0.945 0,遗传距离为 0.055 3,这说明杂种子代的遗传结构更偏向母本。(3)SJ 与 JJ、SS 和 JS 群体间的遗传距离都较大,分别为 0.077 5、0.051 0、0.097 1,可见 SJ 的变异非常明显;相对于其它群体,SJ 与 SS 的遗传距离更小一些,说明杂交后代接受父、母亲本的遗传物质并非均等,而以偏母本的方式遗传。

(4)SJ 与其反交 JS 群体间的遗传距离最大,表明地理种群间杂交使文蛤种群的遗传结构变异显著增加,这对杂种优势的产生十分有利。

表 3 文蛤 4 个群体间遗传相似性系数和相对遗传距离[根据 Nei 公式]

Tab. 3 Nei's genetic similarity and genetic distance among 4 groups of *Meretrix meretrix*

群体 population	JJ	SS	SJ	JS
JJ		0.972 2	0.925 4	0.976 1
SS	0.028 2		0.950 2	0.945 0
SJ	0.077 5	0.051 0		0.907 5
JS	0.024 2	0.055 3	0.097 1	

注:表中对角线以上数字表示种群间的遗传相似性系数,对角线以下数字表示种群间的相对遗传距离

Notes: Nei's genetic similarity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal)

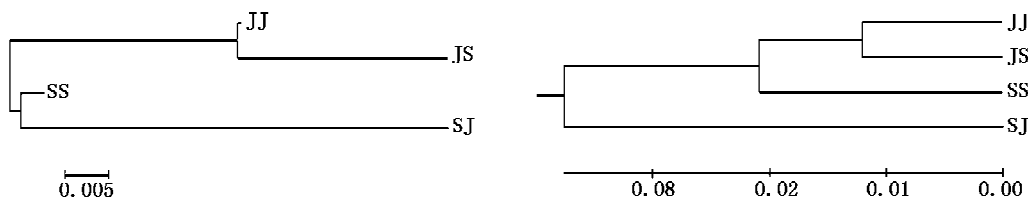


图 3 根据种群间遗传距离用 NJ 法和 UPGMA 法构建的 4 个群体的系统树

Fig. 3 Phylogenetic tree based on genetic distance of 4 groups of *Meretrix meretrix* by using NJ method and UPGMA method

3 讨论

3.1 杂交和自繁群体间的遗传差异

对杂交群体的遗传结构进行分析,不仅有利于杂交机理的理论研究,而且对杂种优势的利用有重要意义。近年来,我国学者用同工酶^[18-19]、RAPD^[8-9,11]、ISSR^[20]、AFLP^[21]、微卫星^[22]等多种研究手段对贝类杂交群体的遗传结构进行了分析,多数研究结果表明,杂交后代的遗传多样性或杂合度增加,遗传变异度加大。例如李太武等^[18]研究了栉孔扇贝中国群体与日本群体杂交子代和自交子代的 9 种同工酶基因位点,发现两组杂交群体的遗传多样性程度高于两自交群体,而中雌日雄组合群体最高;张国范等^[8]用 RAPD 技术对皱纹盘鲍中国群体与日本群体的自交和杂交的 4 个 F₁ 家系的遗传结构进行了分析,结果两个杂交

组合家系的杂合度均高于两个自交组合,从而预测这种杂交可能产生杂种优势;刘广绪等^[20]用 ISSR 标记分析了栉孔扇贝与华贵栉孔扇贝种间杂交子代、种内交配子代的遗传多样性,得出种间杂交子代群体的遗传多样性明显大于种内交配子代群体的结论。

本研究用 AFLP 技术,研究了文蛤山东种群与江苏种群的杂交和自繁 4 个 F₁ 代群体的遗传差异。从 Nei's 基因多样性和香侖信息指数反映的遗传多样性来看,4 个群体遗传多样性由大到小依次为 SJ > SS > JS > JJ,而且两杂交组合 SJ 和 JS 的变异度都高于自繁组 SS 和 JJ,特别是 SJ 杂交群体的遗传多样性和变异度均最大,表现出明显的超双亲现象。由此可见,通过不同地理种群间的远距离杂交,增加了文蛤种群的遗传多样性和变异程度,这对文蛤遗传改良和杂种优势利用

意义重大。另外,从 fAFLP 扩增图谱和聚类分析都能看出,JS 与 JJ 的共享位点多,亲缘关系近,而 SJ 与 SS 的共享位点多,亲缘关系近。这说明杂交文蛤在遗传结构上表现出明显的偏母性特征,这与其在外形特征上的偏母性相吻合。

3.2 杂种子代的偏性遗传

双亲的遗传物质对子代的贡献不对等的情况,在很多种间或种内杂交中都有报道。有些杂交组合表现为偏母本遗传,例如栉孔扇贝 × 华贵栉孔扇贝的杂交子代在平均遗传相似性和遗传距离上都与母本的遗传关系更近^[20];有些杂交为偏父本遗传,如皱纹盘鲍中国群体 × 日本群体的杂交子代倾向于父本基因型的几率稍大,雄性遗传占主导地位^[8];还有一些是偏向固定的一方,如皱纹盘鲍 × 日本盘鲍正反杂交子代的遗传相似性都偏向日本盘鲍;栉孔扇贝中国群体 × 日本群体时,日本群体不管做父本还是做母本,杂交子代与它的遗传相似性都很大,亲缘关系更近。本实验中, SJ 群体的多态位点比例、Nei 基因多样性和香依信息指数等参数都与 SS 群体相近,扩增图谱上的许多位点仅为两群体共享,个体聚类时有部分个体交叉聚类,群体间相对遗传距离很小(0.051 0),在群体关系的系统树上聚在一起,这些都说明正交子代明显是偏母性遗传。与之相同的是,反交子代也是偏母性遗传,JS 群体与 JJ 群体的遗传结构相似,群体间遗传距离最小(0.024 2),在系统树上首先聚在一起。因此,文蛤正反杂交子代都与母本的遗传关系更近,或者说母本对杂交子代遗传物质的贡献更大一些,这也反映了母本选择在文蛤杂交育种中的重要性。

3.3 杂种优势的产机理和利用价值

杂种优势是一种普遍而又复杂的生物学现象,自发现之初到现在的近一个世纪以来,人们已用不同材料和方法研究其遗传学机理,所得结论不尽相同,产生了显性假说(dominance hypothesis)和超显性假说(overdominance hypothesis),而且多个位点的连锁效应和上位效应也可能是杂种优势的主要遗传学基础。显性假说认为,杂种优势是双亲显性基因间互补的结果,由于显性有利基因的效应累加遮盖了隐性不利基因的作用,导致杂种后代产生超越双亲的特性;超显性假说则认为,杂种优势来源于双亲基因型的异质结合所引起的等位基因间的互作,由于基因

处于杂合态时优于纯合态,所以杂种表现出超亲性状;而连锁效应和上位效应则是基于多个基因的共同作用及相互影响而产生的理论,最有可能是数量性状表达和杂种优势的主要遗传学基础。然而,生物界杂种优势的表现多种多样,不同物种、不同性状形成杂种优势的机理各不相同,有的是由于很多连锁基因的显性效应,有的是等位基因的相互作用,还有的可能与细胞质基因有关。总之,杂种优势的遗传机理相当复杂,可能是某个单一效应的结果,也可能是多个效应的综合作用和累加作用。有研究表明,玉米产生杂种优势的遗传学基础主要是超显性效应^[23],太平洋牡蛎杂种优势的遗传学机理是显性、超显性和上位效应,皱纹盘鲍的杂种优势由显性效应和上位效应产生^[4]。本研究中,发现杂交群体的显性基因频率有所增加,特别是正交 SJ 群体,恰巧在生长对比试验中也发现 SJ 群体的生长速度最快,表现出超双亲的杂种优势,所以推测文蛤杂种优势的产生可能与显性效应有关,至于是否有其他效应的综合或累加作用,还需要分子标记与表型数量性状相结合的 QTL(quantitative trait loci)定位技术开展进一步的研究。

杂种优势的利用和良种化是实现产业可持续发展的便捷高效途径。皱纹盘鲍的种内远距离杂交使养殖鲍的生长速度和成活率显著提高,杂交鲍的大面积推广使我国鲍的产量提高了 7~8 倍,从而一跃成为世界第一鲍鱼生产大国^[24]。文蛤是我国海水养殖的重要经济贝类,我们通过 fAFLP 分子标记和生长对比试验结果,从山东种群和江苏种群的杂交组合中初步筛选出 SJ 群体为强杂种优势组合。虽然地理群体间杂交获得的杂种优势率仅为纯系杂交的一半^[25],但在短期内可以获得具有应用价值的杂种优势。不过,从长远考虑,要获得生产上稳定、高效的杂种优势需要制备近交系或纯系,然后通过不同遗传背景的纯系间的杂交获得更强的杂种优势。此外,也可利用杂种优势群体间的连续多代顶群选择和杂交,使生长、抗逆等性状的基因聚合,最终培育出具有明显性状优势的新品种。

参考文献:

- [1] 燕敬平,孙慧玲,方建光,等. 日本盘鲍与皱纹盘鲍杂交育种技术研究[J]. 海洋水产研究,1999,

- 20(1):35-39.
- [2] 杨爱国,王清印,刘志鸿,等. 栉孔扇贝与虾夷扇贝杂交及子一代的遗传性状[J]. 海洋水产研究, 2004,25(5):1-5.
- [3] 孙长森,包振民,王 师,等. 栉孔扇贝 (*Chlamys farreri*) 与华贵栉孔扇贝 (*C. nobilis*) 远缘杂交子代的胚胎发生及幼虫生长发育的初步研究[J]. 海洋与湖沼,2007,38(3):227-233.
- [4] 张国范,刘 晓. 关于贝类遗传改良几个问题的讨论[J]. 水产学报,2006,30(1):130-137.
- [5] Hedgecock D, Davis J P. Improving pacific oyster brood stock through crossbreeding[J]. Journal of Shellfish Research, 2000, 199: 614-615.
- [6] 刘晓林,常亚青,相建海,等. 栉孔扇贝中国种群和日本种群杂交一代的早期生长发育[J]. 水产学报,2002,26(5):385-390.
- [7] 刘晓林,常亚青,相建海,等. 栉孔扇贝不同种群杂交效果的初步研究 I. 中国种群与俄罗斯种群的杂交[J]. 海洋学报,2003,25(1):93-99.
- [8] 张国范,王继红,赵洪恩,等. 皱纹盘鲍中国群体和日本群体的自交与杂交 F_1 的 RAPD 标记[J]. 海洋与湖沼,2002,33(5):484-491.
- [9] 王爱民,丁小雷,邓凤姣,等. 马氏珠母贝大亚湾和三亚野生种群内自繁及种群间杂交一代的 RAPD 分析[J]. 海洋水产研究,2003,24(4):19-25.
- [10] 游伟伟,柯才焕,蔡明夷,等. 杂色鲍日本群体与台湾群体杂交的初步研究[J]. 厦门大学学报(自然科学版),2005,44(5):701-705.
- [11] 李家乐,董志国,郑汉丰. 三角帆蚌三种群 F_1 遗传差异的 RAPD 分析[J]. 水产学报,2007,31(6):848-852.
- [12] 沈怀舜,朱建一,丁亚平,等. 我国沿海三个文蛤地理群的 RAPD 分析[J]. 海洋学报,2003,25(5):97-102.
- [13] 薛 明,杜晓东,黄荣莲,等. 文蛤三个野生种群的生化遗传变异[J]. 海洋通报,2006,25(1):38-43.
- [14] 杜晓东,邓岳文,叶富良,等. 广东和广西地区野生文蛤的遗传多样性[J]. 中国水产科学,2004,11(1):41-46.
- [15] 李太武,张安国,苏秀榕,等. 不同花纹文蛤的 ITS2 分析[J]. 海洋与湖沼,2006,37(2):132-137.
- [16] Vos P, Hogers R, Bleeker M, et al. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting [J]. Nucleic Acids Research, 1995, 23(21): 4414-4490.
- [17] Nei M. The theory of genetic distance and evolution of human races [J]. Journal of Human Genetics, 1978, 23(4):341-369.
- [18] 李太武,孙修勤,刘 艳,等. 中日栉孔扇贝杂交子一代群体的遗传变异[J]. 高技术通讯,2002,38(3):227-233.
- [19] 何 斌,杨爱国,王清印,等. 栉孔扇贝 $\text{♀} \times \text{♂}$ 杂交子一代与其双亲同工酶的比较研究[J]. 海洋水产研究,2006,27(5):23-27.
- [20] 刘广绪,包振民,胡景杰,等. 栉孔扇贝、华贵栉孔扇贝及其种间杂交子代、种内交配子代的 ISSR 分析[J]. 中国海洋大学学报,2006,36(1):71-75.
- [21] 万俊芬. 鲍与扇贝遗传育种中的分子标记研究[D]. 青岛:中国海洋大学,2003.
- [22] 秦艳杰,刘 晓,张海滨,等. 海湾扇贝杂交后代的微卫星鉴定[J]. 中国水产科学,2007,14(4):672-677.
- [23] Stuber C W, Lincoln S E, Wolff D W, et al. Identification of genetic factors contributing to heterosis in a hybrid from two elite maize inbred lines using molecular markers[J]. Genetics, 1992, 132: 823-829.
- [24] 张国范,刘 晓,阚华勇,等. 贝类杂交及杂种优势理论和技术研究进展[J]. 海洋科学,2004,28(7):54-60.
- [25] Lamkey K R, Edwards J W. The quantitative genetics of heterosis [C]//Coors J G, Pandey S, ed. Proceedings of the International Symposium on the Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops. Mexico;Mexico City, 1999: 31-48.

**Genetic variation analysis on the first generation from matings
and crosses of two geographic populations
in *Meretrix meretrix***

DONG Ying-hui^{1,2}, LIN Zhi-hua¹, CHAI Xue-liang²,
LU Rong-mao², XIAO Guo-qiang², LIU Bao-zhong³

(1. College of Biological and Environmental Sciences, Zhejiang Wanli University, Ningbo 315100, China

2. Zhejiang Mariculture Research Institute, Wenzhou 325005, China;

3. Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, Qingdao 266071, China)

Abstract: The fluorescent amplified fragment length polymorphism (fAFLP) technique was applied to analyze the genetic variation of 4 F₁ groups (SS, JJ, SJ, JS) produced from matings and crosses of Shandong stock and Jiangsu stock in *Meretrix meretrix*. A total of 255 AFLP loci amplified with three pairs of primers were obtained from 96 individuals. The percentage of polymorphic loci ranged from 91.98% to 96.02% of 4 groups and the overall polymorphic loci percentage reached 97.65%. The results of Nei's gene diversity and Shannon's information index showed that the level of genetic diversity from high to low was SJ > SS > JS > JJ and the degree of variation of two hybrid groups was greater than that of two mating groups. The analysis of fAFLP loci indicated the frequency of dominant gene of SJ and JS increased and the genetic structure of two hybrid groups was similar to their maternal parent's. By analyzing genetic similarity between groups, it was found that the genetic similarity was 0.976 1 between JS and JJ, 0.945 0 between JS and SS. And the genetic similarity was 0.950 2 between SJ and SS, and 0.925 4 between SJ and JJ. It is obvious that the genetic similarity (0.907 5) between SJ and JS was the lowest. Phylogenetic tree based on the genetic distance of 4 groups with NJ method and UPGMA method showed that JS and JJ were clustered together firstly because of the nearest genetic relationship, and SJ and SS were also clustered together. But it is evident that the phylogenetic relationship between SJ and other groups was more distant. In conclusion, hybridization between different geographical populations in *Meretrix meretrix* is a dominant approach to increasing genetic diversity and variation degree; two hybrid groups in genetic structure were similar to their maternal parent; high level of genetic diversity and variation degree of SJ group perhaps have a direct relationship with its heterosis in growth.

Key words: *Meretrix meretrix*; hybridization; genetic variation; geographical population