

文章编号:1000-0615(2009)05-0727-07

## 马氏珠母贝红色壳家系不同世代遗传变异的 SRAP 分析

张红玉<sup>1,2</sup>, 何毛贤<sup>1</sup>, 管云雁<sup>1</sup>

(1. 中国科学院南海海洋研究所, 广东省应用海洋生物学重点实验室,  
中国科学院海洋生物资源可持续利用重点实验室, 广东 广州 510301;  
2. 中国科学院研究生院, 北京 100039)

**摘要:**利用 SRAP(sequence-related amplified polymorphism, 序列相关扩增多态性)标记对马氏珠母贝红色壳家系第一代到第三代( $F_1$ 、 $F_2$ 、 $F_3$ )及回交家系( $BC_1$ )的遗传变异进行了分析。7对 SRAP 引物共产生 63 条扩增带, 其中多态性条带 55 条, 平均每对引物组合产生 7.86 条多态标记。在  $F_1$ 、 $F_2$  及  $F_3$  三代中, Shannon 信息指数和 Nei 氏基因多样性指数显示世代群体的遗传多样性呈下降趋势, 但差异并不显著( $P > 0.05$ )。随着世代的增加, 相邻世代群体之间的遗传分化有逐渐降低的趋势, 而世代内遗传相似性逐渐增加。 $BC_1$  与  $F_1$  的遗传相似度高于  $F_3$  与  $F_1$  间, 表明回交能使后代个体更趋向轮回亲本。

**关键词:**马氏珠母贝; 序列相关扩增多态性; 遗传变异

**中图分类号:**Q 31; S 917

**文献标识码:**A

马氏珠母贝 (*Pinctada martensi* Dunker) 又称合浦珠母贝, 是世界上海水珍珠培育的主要种类, 在我国南方海区广泛分布。但近年来, 由于繁育过程中近亲繁殖、盲目操作等, 造成了贝体生活力低、珍珠质量差。为了改变目前海水珍珠养殖业的不良状况, 许多研究者对珍珠贝进行了选择和定向培育, 目前已取得了明显效果<sup>[1-3]</sup>。但是在人工选育过程中, 经常发生不确定因素, 如近交几率增加, 有效群体数目减少等, 有可能导致遗传多样性降低, 从而降低遗传效应<sup>[4]</sup>。因此, 在对表型性状进行选择的同时, 有必要对选择过程中群体遗传结构的变化进行分析, 检测遗传变异水平, 分析人工累代养殖和选择等对遗传多样性的影响, 为养殖和培育优良品种提供理论指导。

序列相关扩增多态性 (sequence-related amplified polymorphism, SRAP) 技术是由 Li 等<sup>[5]</sup>发展的一种新型的分子标记, 该技术具有简便稳定、中等产率、高共显性、成本较低、便于克隆测序目标片段、在基因组中分布均匀等特点。目前, 该技术已经在遗传图谱构建<sup>[5-8]</sup>、比较基因组

学<sup>[9-10]</sup>、遗传多样性研究<sup>[11-16]</sup>、基因定位<sup>[5,7]</sup>、杂种优势预测<sup>[12]</sup>、种质鉴定<sup>[17-18]</sup>、cDNA 指纹图谱<sup>[8]</sup>、基因克隆<sup>[5,19]</sup>等诸多研究领域得到了广泛应用。但其应用主要集中于对植物的研究, 在动物方面仅见于对罗氏沼虾<sup>[20]</sup>和草鱼<sup>[21]</sup>的研究。本研究应用 SRAP 技术对马氏珠母贝红色壳家系不同世代的遗传变异进行分析, 为分子标记辅助育种奠定基础。

### 1 材料与方法

#### 1.1 材料

马氏珠母贝红色壳家系于 2002 年通过单对配对产生 ( $F_1$ ), 该家系中有较高比例的红色壳个体, 2004 年从该家系中选择红色壳明显的个体作为亲本经单交产生第二代家系群体 ( $F_2$ ), 用相同的方法于 2006 年产生第三代家系群体 ( $F_3$ ), 第二代与第一代单交产生回交家系 ( $BC_1$ ), 各世代群体均按常规方法养殖和管理, 养殖于深圳大亚湾大鹏澳海区。随机从每个世代中各取 30 个个体 (壳高 3 ~ 4 cm), 其中  $F_1$  为 29 个个体, 取其闭

收稿日期:2008-07-24 修回日期:2008-12-15

资助项目:国家科技支撑计划(2007BAD29B01-8); 国家“八六三”高新技术研究发展计划(2006AA10A409); 广东省重大科技兴海(兴渔)项目(A200708C01); 广东省科技计划项目(2008A020100004)

通讯作者:何毛贤, Tel:020-89023144, E-mail: hmx@scsio.ac.cn

壳肌保存于75%乙醇溶液中备用。

SRAP引物序列参考Li等<sup>[9]</sup>、Ferriol等<sup>[18]</sup>，所选引物序列由上海生工生物工程技术服务有限公司合成；Taq酶和PCR反应体系试剂均购自大连宝生物工程有限公司。

### 1.2 DNA提取和SRAP分析

DNA提取参照王小玉等<sup>[22]</sup>的方法。提取的基因组DNA用1%琼脂糖凝胶进行电泳检测，紫外分光光度计测定OD<sub>260</sub>和OD<sub>280</sub>，计算DNA纯度及浓度，配成20 ng/μL的DNA溶液于4℃保存备用。

SRAP-PCR扩增体系经优化后，随机选取4个模板DNA用36对引物进行SRAP-PCR扩增，从中选取扩增图谱清晰、多态性好的7对引物用于扩增所有的119个个体。25 μL的反应体系中含40 ng DNA模板，2.5 mmol/L Mg<sup>2+</sup>，0.2 mmol/L dNTP，0.3 μmol/L引物，1.25 U Taq酶，2.5 μL 10 × Buffer。扩增程序为：94℃预变性5 min；94℃变性1 min，35℃复性1 min，72℃延伸1 min，5个循环；94℃变性1 min，50.5℃复性1 min，72℃延伸1 min，30个循环；72℃延伸7 min。扩增产物采用6%变性聚丙烯酰胺凝胶(7 mol/L尿素)电泳和银染的方法进行分离和检测。

### 1.3 数据统计分析

为减少误差，标记分析时只考虑清晰谱带，记录150~300 bp的扩增情况，有带记为“1”，无带记为“0”。SRAP标记名称用引物名加扩增片段

的分子量表示，如“M3/E3-180”表示由引物组合Me3/Em3扩增出的分子量为180 bp的条带。根据与LMW DNA Ladder标准谱带的相对位置估计多态性SRAP带分子量大小。运用POPGENE(Version1.32)软件计算多态位点数、Shannon信息指数 $H_o$ 、Nei氏基因多样性 $h$ 、遗传相似度 $F$ 、遗传距离 $D$ 和遗传分化 $G_{ST}$ 等参数进行分析；同时用Arlequin软件(Version3.11)对变异组分进行分子方差(AMOVA)分析。

## 2 结果

### 2.1 SRAP扩增结果

7对引物在4个世代的119个个体中共检测到63条大小介于150~300 bp的扩增带，其中多态条带55条，平均每对引物组合产生7.86条多态标记。4个世代群体F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub>、F<sub>3</sub>、BC<sub>1</sub>的总扩增位点数分别为59、63、56、57；平均多态位点分别为66.10%、68.25%、64.29%和64.91%(表1)。图1为引物组合Me4/Em6对4个世代群体部分个体的扩增电泳图谱。

### 2.2 家系世代群体的遗传变化

随着选育世代的增加，Nei氏基因多样性指数 $h$ 呈逐渐下降趋势，由Shannon信息指数 $H_o$ 反映的群体遗传多样性虽然F<sub>2</sub>高于F<sub>1</sub>，但F<sub>3</sub>与BC<sub>1</sub>均低于F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub>；F<sub>3</sub>的 $H_o$ 和 $h$ 均小于BC<sub>1</sub>(表2)，但世代间遗传多样性差异不显著( $P>0.05$ )。

表1 7对SRAP引物组合在4个家系世代的总扩增位点数及多态位点数  
Tab.1 Number of total and polymorphic loci scored from 7 SRAP primer combinations in 4 *P. martensi* families generations

引物组合 primer combination	多态位点数/总位点数 polymorphic loci numbers/total loci numbers			
	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	F <sub>3</sub>	BC <sub>1</sub>
Me3/Em3	5/10	5/10	5/9	4/9
Me3/Em5	6/8	8/11	6/8	6/8
Me4/Em6	7/9	6/10	6/9	7/9
Me5/Em5	6/9	8/9	5/8	6/9
Me6/Em4	7/8	7/8	6/8	7/8
Me6/Em6	5/9	6/9	5/8	5/8
Me6/Em7	3/6	3/6	3/6	2/6
总和 total	39/59	43/63	36/56	37/57
多态位点比例(%) percentage of polymorphic loci	66.10	68.25	64.29	64.91

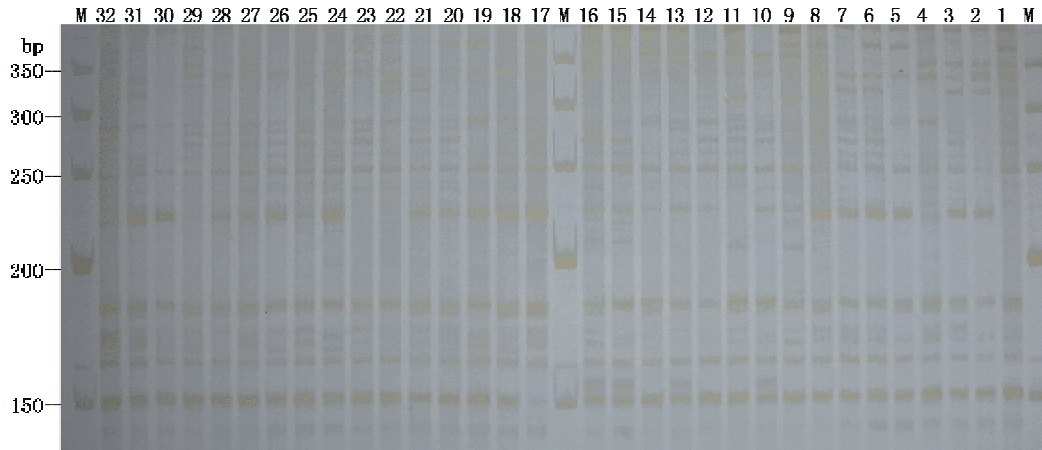


图 1 引物组合 Me4/Em6 对 4 个马氏珠母贝家系世代群体部分个体的扩增图谱  
1~8: F<sub>1</sub> 代, 9~16: F<sub>2</sub> 代, 17~24: F<sub>3</sub> 代, 25~32: 回交家系; M: DNA 分子量标准

Fig. 1 Polyacrylamide gel of *P. martensi* using primer combination of Me4/Em6

1~8: F<sub>1</sub>, 9~16: F<sub>2</sub>, 17~24: F<sub>3</sub>, 25~32: BC<sub>1</sub>; M: low molecular weight DNA ladder

表 2 4 个马氏珠母贝家系世代群体的遗传多样性

Tab. 2 Genetic diversity in the 4 family generations of *P. martensi*

	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	F <sub>3</sub>	BC <sub>1</sub>
H <sub>o</sub>	0.381 1 ± 0.307 4	0.383 4 ± 0.283 6	0.347 3 ± 0.309 6	0.351 5 ± 0.303 3
h	0.264 1 ± 0.215 4	0.259 7 ± 0.196 8	0.239 6 ± 0.217 0	0.241 1 ± 0.210 9

两两世代间的遗传距离介于 0.016 2 ~ 0.036 6, 其中 F<sub>3</sub> 与 BC<sub>1</sub> 之间的遗传距离最小 (0.016 8), 两者间遗传相似性最高 (0.9840); F<sub>1</sub> 与 F<sub>3</sub> 之间的遗传距离最大 (0.0366), 相似性也最小 (0.9640); BC<sub>1</sub> 与 F<sub>1</sub> 之间的遗传距离 (0.016 8) 要小于 F<sub>3</sub> 与 F<sub>1</sub> 之间的遗传距离 (0.036 6), 其遗传相似性也高于后者 (表 3)。

表 3 4 个马氏珠母贝家系世代的 Nei (1978) 遗传距离及遗传相似度

Tab. 3 Nei's unbiased measures of genetic identity and genetic distance of the 4 family generations of *P. martensi*

	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	F <sub>3</sub>	BC <sub>1</sub>
F <sub>1</sub>		0.965 6	0.964 0	0.983 3
F <sub>2</sub>	0.035 0		0.968 0	0.976 5
F <sub>3</sub>	0.036 6	0.032 6		0.984 0
BC <sub>1</sub>	0.016 8	0.023 8	0.016 2	

不同世代群体之间的遗传分化系数均较小, F<sub>1</sub> 之间的次之 (0.053 8), BC<sub>1</sub> 与 F<sub>1</sub> 之间的分化 F<sub>3</sub> 与 F<sub>1</sub> 之间遗传分化系数最大 (0.058 3), F<sub>2</sub> 与 F<sub>1</sub> 之间的次之 (0.053 8), BC<sub>1</sub> 与 F<sub>1</sub> 之间的分化最小 (0.032 3) (表 4)。

表 4 4 个马氏珠母贝家系世代间的遗传分化系数 G<sub>ST</sub>

Tab. 4 Genetic differentiation indexes among the 4 family generations of *P. martensi*

	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	F <sub>3</sub>	BC <sub>1</sub>
F <sub>1</sub>				
F <sub>2</sub>	0.0538			
F <sub>3</sub>	0.0583	0.0535		
BC <sub>1</sub>	0.0323	0.0417	0.0326	

4个世代群体总的遗传分化系数  $G_{ST} = 0.0669$ , 表明4个世代的总变异中, 有6.69%的变异来源于世代间, 93.31%的变异来源于世代内。分子方差分析(AMOVA)也表明家系世代的

遗传变异有92.52%来自选育世代内部, 而仅有7.48%来自于世代间(表5)。两者均说明4个世代的遗传变异主要来源于家系世代内个体间的遗传差异。

表5 4个马氏珠母贝家系世代遗传变异的 AMOVA 分析

Tab.5 AMOVA analysis on genetic variations of the 4 family generations of *P. martensi*

变异来源 source of variation	自由度 df	方差总和 sum of squares	变异组分 variance components	变异所占比例(%) percentage of variance
世代间 among generations	3	61.295	0.485 13	7.48
世代内 within generations	115	689.983	5.999 85	92.52
总和 total	118	751.277	6.484 98	

4个群体中,  $F_3$  世代内个体间遗传相似度最大(0.828 7), 其次为  $BC_1$ 、 $F_2$ 、 $F_1$  最小(0.791 9)(表6)。随着选育世代的增加, 世代内个体间遗传

相似度呈上升趋势, 说明经过三代的选育, 选育家系的遗传结构有逐渐稳定的趋势。

表6 4个马氏珠母贝家系世代内的遗传相似度

Tab.6 Genetic identity index within 4 generations *P. martensi*

遗传相似度 genetic identity index	$F_1$	$F_2$	$F_3$	$BC_1$
平均值 mean	0.791 9	0.803 3	0.828 7	0.815 4
最大值 max	0.920 6	0.920 6	0.936 5	0.920 6
最小值 min	0.603 2	0.666 7	0.698 4	0.682 5

### 3 讨论

研究结果表明, 经过三代的培育, 马氏珠母贝红色壳家系各世代间遗传多样性差异虽然并不显著, 但第三代家系群体(无论是自交群体还是回交群体)其多态位点比例及遗传多样性均低于第二代和第一代, 说明随着家系世代的增加, 遗传多样性会逐渐下降。这种现象在群体选择中较常见。Yu等<sup>[23]</sup>利用 AFLP 和微卫星技术对美洲牡蛎的研究及 Liu等<sup>[24]</sup>运用微卫星标记对日本牙鲆的研究中也出现选育品系遗传多样性下降的现象, 其他一些水生生物中也有同样现象出现<sup>[25-26]</sup>。造成这种现象的原因与人工定向选育过程中注重经济及质量性状的选育有关。一方面, 由于人工繁育的亲本和养殖群体规模较小而引起的遗传漂变、近交衰退和瓶颈效应; 另一方面, 高强度的人工定向选择还会导致远系繁殖衰败和遗传渐渗, 所有这些因素都可能造成养殖群体中某些等位基因特别是稀有基因的缺失, 从而

导致遗传多样性水平的下降<sup>[27-28]</sup>。因此, 在养殖和育种工作中, 应及时地对群体的遗传变异进行检测。在本研究中  $F_2$  无论是多态位点比例还是 Shannon 信息指数  $H_s$  所反应的遗传多样性均高于  $F_1$ , 但 Nei 氏基因多样性指数  $h$  却低于  $F_1$ , 产生此现象的原因目前还无法给出合理的解释。该现象在其它研究中也出现过, 大珠母贝黄唇贝种群的 Shannon 信息指数比银唇贝种群高, 但 Nei 氏基因多样性值却较低, 作者认为这种同一原始数据通过不同的计算方法得出的结果的不一致性, 一方面需要更多的分子标记方法和数据分析处理方法才能够比较与确定, 另一方面, 暗示数据的生物统计分析理论和方法有待于进一步完善<sup>[29]</sup>。

遗传分化系数是表征群体间遗传分化程度的重要参数, 本研究中马氏珠母贝家系从第一代至第三代之间其遗传结构虽然已有了一定程度的分化, 但并不大。另外, 遗传变异来源分析也表明经过人工选育群体世代间遗传分化并不大, 分化主

要来源于世代内个体间,这可能与世代较短有关。但  $F_3$  与  $F_2$  之间的分化小于  $F_2$  与  $F_1$  之间的分化,推测随着世代的延长,相邻世代间的分化可能呈现逐渐降低的趋势;而且随着世代的增加,世代内个体间的遗传相似性系数呈上升趋势,表明经过三代的培育,群体的遗传结构慢慢趋于稳定。李朝霞等<sup>[30]</sup>对中国对虾选育群体的研究也发现,随着选育世代的增加,相邻群体之间的遗传分化系数呈减小趋势,且群体内个体间的遗传相似度呈上升趋势,表明经多年的选育,中国对虾选育群体的遗传结构趋于稳定,逐渐形成一个品系。张传涛等<sup>[31]</sup>对吉富品系尼罗罗非鱼选育系  $F_6 \sim F_9$  遗传变异的 RAPD 分析中也发现群体内遗传相似系数随着选育世代的增加呈上升趋势。

在本研究中,回交群体无论是多态位点数、Shannon 信息指数还是 Nei 氏多样性指数都高于第三代自交群体,但差异并没达到显著水平,揭示本实验中回交和自交使群体遗传多样性的降低程度相近。但回交群体与第一代之间的遗传距离小于第三代与第一代之间的遗传距离,其与第一代之间的遗传相似性亦大于第三代与第一代之间的相似性,说明回交使后代个体更趋向于轮回亲本。自交和回交均能导致基因的纯合,但是自交导致的纯合是多方向的而回交中后代的基因纯合是定向的,即逐渐趋向于回交亲本的基因型<sup>[32]</sup>,在本研究中,SRAP 标记分析也证明了此观点。因此,在育种实践中可以利用回交育种更快地获得轮回亲本的目标性状。

感谢中国科学院大亚湾海洋生物综合实验站提供实验材料的养殖基地。

#### 参考文献:

- [1] 王爱民,石耀华. 海水养殖生物的细胞工程育种 [M]. 北京:海洋出版社, 2007:133-164.
- [2] 何毛贤,史兼华,林岳光,等. 马氏珠母贝选育子一代生长特性研究[J]. 热带海洋学报, 2006, 25(1): 19-22.
- [3] He M, Guan Y Y, Yuan T, *et al.* Realized heritability and response to selection for shell height in the pearl oyster *Pinetada fucata* (Gould) [J]. Aquaculture Research, 2008, 39: 801-805.
- [4] Taniguchi N, Sumantadinata K, Lyama S. Genetic change in the first and second generations of hatchery stock of black seabream[J]. Aquaculture, 1983, 35: 309-320.
- [5] 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 *Brassica rapa* [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2001, 103(3): 455-461.
- [6] 林忠旭,张献龙,聂以春,等. 棉花 SRAP 遗传连锁图构建[J]. 中国科学通报, 2003, 48(15): 1676-1679.
- [7] 潘俊松,王刚,李效尊,等. 黄瓜 SRAP 遗传连锁图的构建及始花节位的基因定位[J]. 科学通报, 2005, 15(2): 167-172.
- [8] Yang X, Yu Y J, Zhang F L, *et al.* Linkage map construction and quantitative trait loci analysis for bolting based on a double haploid population of *Brassica rapa* [J]. Journal of Integrative Plant Biology, 2007, 49(5): 664-671.
- [9] Li G, Gao M, Yang B, *et al.* Gene for gene alignment between the *Brassica* and *Arabidopsis* genomes by direct transcriptome mapping [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2003, 107(1): 168-180.
- [10] 于拴仓,柴敏,赵泓,等. 栽培茄与秘鲁蕃茄种间杂种的 DNA 指纹鉴定[J]. 分子植物育种, 2005, 3(1): 61-65.
- [11] Ruiz J J, Garcia-Martinez S, Pico B, *et al.* Genetic variability and relationship of closely related Spanish traditional cultivars of tomato as detected by SRAP and SSR markers [J]. Journal of the American Society for Horticultural Science, 2005, 130(1): 88-94.
- [12] Riaz A, Li G, Quresh Z. Genetic diversity of oilseed *Brassica napus* inbred lines based on sequence-related amplified polymorphism and its relation to hybrid performance [J]. Plant Breeding, 2001, 120(5): 411-415.
- [13] Ferriol M, Pico B, Nuez F. Genetic diversity of a germplasm collection of *Cucurbita pepo* using SRAP and AFLP markers [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2003, 107(2): 271-282.
- [14] Ferriol M, Pico B, Nuez F. Genetic diversity of some accessions of *Cucurbita maxima* from Spain using RAPD and SRAP markers [J]. Genetic Resource Crop Ev, 2003, 50(3): 227-238.
- [15] 林忠旭,张献龙,聂以春. 新型标记 SRAP 在棉花

- $F_2$  分离群体及遗传多样性评价中的适用性分析 [J]. 遗传学报, 2004, 31(6): 622-626.
- [16] Kosman E, Leonard K J. Conceptual analysis of methods applied to assessment of diversity within and distance between populations with asexual or mixed mode of reproduction [J]. New Phytologist, 2007, 174(3): 683-696.
- [17] Riaz A, Potter D, Stephen M. Genotyping of peach and nectarine cultivars with SSR and SRAP markers [J]. Journal of the American Society for Horticultural Science, 2004, 129(2): 204-211.
- [18] 于拴仓, 柴敏, 姜立纲. 主要蕃茄品种的分子鉴别研究 [J]. 农业生物科学, 2005, 21(5): 84-89.
- [19] Li G Y, Quiros C F. Genetic analysis, expression and molecular characterization of *BoGSL-ELONG*, a major gene involved in the Aliphatic Glucosinolate pathway of Brassica species [J]. Genetics, 2002, 162: 1937-1943.
- [20] 周劲松, 曹哲明, 杨国梁, 等. 罗氏沼虾缅甸引进种和浙江本地种及其杂交种的生长性能与 SRAP 分析 [J]. 中国水产科学, 2006, 13(4): 667-673.
- [21] 丁炜东, 曹丽萍, 曹哲明. 草鱼种质退化相关 SRAP 分子标记的筛选 [J]. 广东海洋大学学报, 2007, 27(6): 13-17.
- [22] 王小玉, 喻达辉, 郭奕惠, 等. 七种珍珠贝 RAPD 鉴别标记的初步研究 [J]. 南方水产, 2006, 2(1): 18-22.
- [23] Yu Z N, Guo X M. Genetic analysis of selected strains of Eastern oyster (*Crassostrea virginica* Gmelin) using AFLP and microsatellite markers [J]. Marine Biotechnology, 2005, 6(6): 575-586.
- [24] Liu Y G, Chen S L, Li B F. Assessing the genetic structure of three Japanese flounder (*Paralichthys olivaceus*) stocks by microsatellite markers [J]. Aquaculture, 2005, 243(1-4): 103-111.
- [25] Hedgecock D, Chow V, Waples R S. Effective population numbers of shellfish broodstocks estimated from temporal variance in allelic frequencies [J]. Aquaculture, 1992, 108: 215-232.
- [26] Mgaya Y D, Gosling E M, Mercer J P, et al. Genetic variation at three polymorphic loci in wild and hatchery stocks of the abalone, *Haliotis tuberculata* Linnaeus [J]. Aquaculture, 1995, 136(1-2): 71-80.
- [27] Shaklee J B, Busack C A, Hopley J C W. Conservation genetics programs for Pacific salmon at the Washington Department of Fisheries. Living with and learning from the past, looking to the future [C]. The Oceanic Institute, Honolulu, Hawaii, 1993: 110-114.
- [28] Shaklee J B, Salini J, Garrett R N. Electrophoretic characterization of multiple genetic stocks of barramundi perch in Queensland, Australia [J]. Transactions of the American Fisheries Society, 1993, 122(5): 685-701.
- [29] 石耀华, 桂建芳, 王嫣, 等. 大珠母贝 3 个养殖种群的遗传多样性初步分析 [J]. 水生生物学报, 2007, 31(1): 131-134.
- [30] 李朝霞, 李健, 何玉英, 等. 中国对虾人工选育快速生长群体不同世代间的 AFLP 分析 [J]. 高技术通讯, 2006, 16(4): 435-440.
- [31] 张传涛, 李思发, 颀晓勇. 吉富品系尼罗罗非鱼选育系  $F_6 \sim F_9$  遗传变异的 RAPD 分析 [J]. 上海水产大学学报, 2007, 16(1): 7-10.
- [32] 杨业华. 普通遗传学 [M]. 北京: 高等教育出版社, 2000: 336-338.

## SRAP analysis on genetic variation of the different generations of a red shell family in pearl oyster, *Pinctada martensi* Dunker

ZHANG Hong-yu<sup>1,2</sup>, HE Mao-xian<sup>1</sup>, GUAN Yun-yan<sup>1</sup>

(1. South China Sea Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences; Key Laboratory of Applied Marine Biology Guangdong Province; Key Laboratory of Marine Bio-resources Sustainable Utilization South China

Sea Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou 510301, China;

2. Graduate School, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100039, China)

**Abstract:** Sequence-related amplified polymorphism (SRAP) markers were used to examine the genetic variation of three consecutive generations ( $F_1$ ,  $F_2$  and  $F_3$ ) and one backcross generation ( $BC_1$ ) in pearl oyster *Pinctada martensi* family with red-color shell. A total of 63 bands were generated with 7 primer pairs, among which 55 were polymorphic bands. On average, 7.86 polymorphic loci were generated with each primer pair. The Shannon information index and the Nei's gene diversity indexes in the  $F_1$ ,  $F_2$  and  $F_3$  showed a reduction in genetic diversity, with no significant difference in genetic diversity among generations ( $P > 0.05$ ). With the increasing of generations, the differentiation between contiguous generations showed an inclination of reduction, but genetic identity within generation increased. The genetic similarity between  $BC_1$  and  $F_1$  was higher than that between  $F_3$  and  $F_1$ , and the result showed that offspring inclined to recurrent parent by backcross. The results would provide theoretical guidance to the farming and breeding of pearl oyster.

**Key words:** *Pinctada martensi* Dunker; sequence-related amplified polymorphism (SRAP); genetic variation

---

### 欢迎订阅 2010 年《中国水产科学》

《中国水产科学》是中国水产科学研究院主办的学术类核心期刊(中国科学引文数据库 CSCD 核心期刊和中信所核心库期刊),主要报道水产生物学基础研究、水产生物病害及其防治、水产生物营养及饲料、渔业生态保护及渔业水域环境保护、水产品保鲜与加工综合利用、水产资源、海淡水捕捞、水产养殖与增殖以及渔船、渔业机械与仪器等方面的最新进展、最新成果、最新技术和方法。主要服务对象是科研、教学、科技管理人员以及大专院校师生。是反映水产科研创新成果的窗口和培养人才的园地。它面向水产业,为水产业的持续发展和水产经济建设服务。

本刊为双月刊,A4 开本,每期 176 页,单月 15 日出版,国内外公开发行。国内定价 30 元/期,全年 180 元(含邮费)。邮发代号:18-250,国内统一刊号:CN 11-3446/S,国际标准刊号:ISSN 1005-8737,国外代号 4639Q。全国各地邮电局(所)办理订阅手续(可破季订阅)。漏订或补订当年和过期刊,请直接向编辑部订阅。

编辑部地址:北京市丰台区青塔村 150 号

邮政编码:100039

联系电话:010-68673921, 传 真:010-68673931

E-mail: zgsckx@cafs.ac.cn; jfishok@publica.bj.cninfo.net