

团头鲂 3 个地理种群杂交效果的配合力和微卫星标记预测

曾 聪¹, 张 耀¹, 曹小娟¹, 罗 伟¹, 刘肖莲¹, 高泽霞¹, 钱雪桥², 王卫民^{1*}

- (1. 华中农业大学水产学院, 农业部动物遗传育种与繁育教育部重点实验室, 农业部淡水生物繁育重点实验室, 湖北 武汉 430070;
2. 广东海大集团股份有限公司畜牧水产研究中心, 广东 广州 511400)

摘要: 利用 12 对微卫星(SSR)引物对采自梁子湖、鄱阳湖和淤泥湖 3 个地理种群团头鲂的遗传多样性、杂合度和遗传距离进行了分析, 并以 3 个种群的团头鲂为亲本, 用完全双列杂交方法建立全同胞家系, 对 F_1 个体体质量、全长进行了配合力分析, 以期预测各种群间配组的杂交优势。在一般配合力分析中, 父本全长和体质量配合力效应值大小依次为淤泥湖、鄱阳湖和梁子湖; 母本全长的配合力效应值大小依次为鄱阳湖、淤泥湖和梁子湖, 体质量的配合力效应值依次为梁子湖、鄱阳湖和淤泥湖。在特殊配合力分析中, 鄱阳湖团头鲂种群内杂交组合相对效应值最大, 其次为梁子湖作为母本与淤泥湖作为父本的组合, 最小的为鄱阳湖作为母本与淤泥湖作为父本的组合。对 3 个种群进行群体遗传学分析发现: 3 个地理种群的团头鲂均具有较高程度的遗传异质性, 鄱阳湖群体的平均多态性信息含量最大(0.848), 淤泥湖最小(0.820); 有效等位基因数以及标记索引值的结果和多态信息含量一致; 3 个群体的近交系数均为负值。梁子湖与淤泥湖群体间的遗传距离最大(0.336 2), 梁子湖和鄱阳湖群体间的遗传距离最小(0.235 6)。通过配合力和微卫星分子标记分析, 可初步预测子代生长性状最佳的组合为梁子湖团头鲂作为父本淤泥湖团头鲂作为母本。

关键词: 团头鲂; 地理种群; 配合力; 微卫星标记; 杂交优势预测

中图分类号: Q 145⁺.1; Q 321⁺.1; S 917

文献标志码: A

团头鲂(*Megalobrama amblycephala* Yih), 又称武昌鱼, 属鲤形目(Cypriniformes), 鲤科(Cyprinidae), 鲂属(*Megalobrama*), 是我国特有的淡水经济鱼类。由于它具有养殖成本低、生长快、成活率高、易捕捞, 肉质好等优点, 早在 20 世纪 60 年代就作为优良的草食性鱼类在全国推广, 成为池塘养殖的主要品种之一^[1]。近几年来, 随着团头鲂养殖在我国推广面积不断扩大, 培育高产、优质、抗病和抗逆性强的优良品种是团头鲂养殖业稳定发展的重要保证。

杂交优势是动植物育种的重要手段之一, 影响杂交效果的因素很多。配合力(combining ability)

是衡量亲本性状配合效果的一个指标, 能够反映品种或品系通过杂交获得杂种优势的程度^[2]。但对子代早期测定生长性状时, 容易受环境和母体或父体遗传效应的影响。利用微卫星分子标记可以排除环境和父母体效应, 但此方法受标记的数量和标记位点的影响较大。周劲松等^[3]、倪静等^[4]和王炳谦等^[5]利用配合力分析和微卫星标记对不同种群(品系)的罗氏沼虾(*Macrobrachium rosenbergii*)和牙鲆(*Paralichthys olivaceus*)进行杂交效果预测均取得一定成果。本研究通过完全双列杂交试验估算梁子湖、鄱阳湖和淤泥湖 3 个地理种群间的一般配合力(general combining ability, GCA)和特殊配合力

收稿日期: 2011-11-07

修回日期: 2012-02-16

资助项目: 现代农业产业技术体系建设专项(CARS-46-05); 中央高校基本科研业务费专项资金(2011PY023); 海大集团团头鲂育种专项; 华中农业大学优硕创新专项(2011SC27C)

通讯作者: 王卫民, E-mail: wangwm@mail.hzau.edu.cn

(specific combining ability, SCA), 并利用微卫星分子标记对不同地理种群团头鲂进行杂交效果预测, 为团头鲂新品种选育提供依据。

1 材料与方法

1.1 群体的建立与培育

2008 年 12 月, 从梁子湖(L)、鄱阳湖(P)和淤泥湖(Y)采集的野生个体中选择体质量大于 1 000 g 的个体作为育种的亲本(表 1)。翌年 5 月, 将不同地理种群间的亲本按照完全双列杂交的方式配对, 将得到的不同家系的受精卵分池孵化。待开口后转至室外的水泥池(4.0 m×3.0 m×1.5 m)进行分池培育, 每个家系设置两个重复, 放养密度为每池 400 尾。实验期间内, 每天 8:00 和 17:00 各饱食投喂一次。

表 1 不同地理种群亲本搜集点和数量
Tab. 1 Location and sampling information of three geographical populations of *M. amblycephala*

| 群体 population | 采样地点 location | | 数量 individuals | | |
|------------------------|-----------------|----------------|----------------|----|-------------|
| | 经度 longitude | 纬度 latitude | | | 总计 total |
| 淤泥湖 Yuni Lake, Y | E152°10' | N29°85' | 12 | 15 | 27 |
| 梁子湖 Liangzi Lake, L | E114° 51' | N30°34' | 15 | 16 | 31 |
| 鄱阳湖 Poyang Lake, P | E115° 95' | N29°24' | 15 | 20 | 35 |

1.2 数据收集和分析

数据收集 待团头鲂达到 6 月龄时, 分别从每个杂交组合中抽取 4 个家系, 在抽取的 2 个重复家系中随机抽取 50 尾测量全长和体质量。实验数据通过 Microsoft Excel 和 SAS 9.01 软件进行分析。

杂交试验数据统计分析 采用固定模型, 对 6 月龄的团头鲂全长和体质量数据进行方差分析, 当差异显著时, 进行下一步的配合力分析。配合力分析模型如下^[6-7] :

$$y_{ijk} = \mu + s_i + d_j + r_{ij} + e_{ijk}$$

式中, y_{ijk} 为第 i 个父本种群与第 j 个母本种群杂交的第 k 个后代观察值; e_{ijk} 是相应的随机误差; μ 为总体均数; s_i 为第 i 个父本种群的父本效应(在忽略父本效应时等于该种群的一般配合力); d_j 为第 j 个母本种群的母本效应(为该种群的一般配合力与母本效应之和); r_{ij} 为第 i 个父本种群与第 j 个母本种群间的互作效应(特殊配合力与反交效应之和)。

SSR 标记数据分析 对参与繁殖的所有亲本剪取尾鳍下叶, 采用高盐法提取 DNA。PCR 扩增反应及电泳程序参照现代分子生物学实验技术^[8]。本研究所用的引物包括来自文献^[9]、GenBank 数据库的 8 对 Genome-SSR 以及实验室自行开发的 4 对 EST-SSR。利用 pUC18 /Msp 计算不同等位基因的分子量大小。利用 POPGEN 32 软件计算 3 个地理种群间的等位基因频率(P)、基因杂合度(H_e)和 Nei's 标准遗传距离(D)^[10]; 利用 Microsoft Excel 计算各位点群体的多态信息含量(PIC)和标记索引值(MI), 公式如下公式^[11-12]

$$PIC = 1 - \left(\sum_{i=1}^n p_i^2 \right) - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n 2p_i^2 p_j^2$$

式中, p_i 、 p_j 分别为第 i 和第 j 个等位基因在群体内的频率, n 为该位点的等位基因数;

$$MI = N \times PIC$$

式中, N 为该引物的等位基因数, PIC 为多态信息含量。

2 结果与分析

2.1 不同杂交子代全长和体质量

在 9 个不同杂交组合中, 梁子湖种群(L)作为父本和淤泥湖种群(Y)作为母本杂交获得的子代全长和体质量最大, 明显高于其他组合(表 3); 其次为淤泥湖种群自交获得的子代; 梁子湖种群作为母本和淤泥湖种群作为父本杂交获得的子代全长和体质量最小。从父母本的来源来看, 鄱阳湖(P)作为父本获得子代的全长和体质量最大, 而淤泥湖(Y)作为母本的子代的全长和体质量最大。

2.2 配合力分析

配合力方差分析 方差分析结果显示(表 2), 父本、母本和父本×母本均方都达到极显著水平($P < 0.01$), 说明父母本的全长和体质量的一般配合力(GCA)效应间均存在极显著差异, 并且特殊配合力(SCA)也存在着极显著的遗传差异。对配合力的方差来源分析显示(表 4), 母本一般配合力带来的方差要高于父本一般配合力以及特殊配合力带来的方差。通过比较总体配合力和环境带来的方差可以发现, 总体配合力方差要远远高于环境方差。

一般配合力和特殊配合力分析 一般配合力是指某一亲本与其他亲本配成的几个 F_1 的平均

表 2 3 个地理种群团头鲂间杂交子代 6 月龄全长和体质量比较

Tab. 2 Comparison of total length and body weight of hybrids among three geographical populations of *M. amblycephala*

| 杂交组合 combination | 全长/mm total length | 体质量/g body weight |
|---------------------|-----------------------------|--------------------------|
| L♂×L♀ | 53.43 ± 9.40 ^{bc} | 2.68 ± 2.24 ^e |
| L♂×P♀ | 47.52 ± 12.56 ^c | 2.07 ± 1.77 ^c |
| L♂×Y♀ | 56.21 ± 14.08 ^{ab} | 3.81 ± 3.30 ^a |
| P♂×L♀ | 54.65 ± 12.62 ^b | 3.12 ± 2.49 ^b |
| P♂×P♀ | 49.39 ± 12.36 ^c | 2.37 ± 2.26 ^c |
| P♂×Y♀ | 46.78 ± 14.73 ^c | 2.27 ± 2.32 ^c |
| Y♂×L♀ | 46.16 ± 14.32 ^c | 2.15 ± 2.44 ^c |
| Y♂×P♀ | 48.97 ± 13.42 ^c | 2.37 ± 2.43 ^c |
| Y♂×Y♀ | 57.96 ± 7.77 ^a | 3.36 ± 1.61 ^b |

注: 表中同列不同字母表示差异显著(P<0.05), 相同字母为差异不显著(P>0.05)。

Notes: The different subscripts show significant difference in the same row (P<0.05), and the same subscripts demonstrate insignificant difference (P>0.05).

表 3 3 个地理种群间的亲本配合力方差分析
Tab. 3 ANOVA analysis about body weight and length of hybrids among three geographical populations *M. amblycephala*

| 方差 variation | 自由度 df | 均方 MS | |
|-------------------|-----------|-----------------|--------------------|
| | | 全长 total length | 体质量 body weight |
| 父本 sire | 35 | 2 161.585** | 50.41** |
| 母本 dam | 35 | 3 092.85** | 53.75** |
| 父本×母本 sire×dam | 1260 | 537.19** | 10.17** |
| 误差 error | 63504 | 74.61** | 3.58** |

注: **表示差异极显著(P<0.01)。

Notes: ** means significant difference (P<0.01).

表 5 团头鲂亲本全长和体质量的配合力相对效应值

Tab.5 General combining ability relative effect and specific combining ability relative effect among three populations of *M. amblycephala*

| 全长 full length | | 母本特殊配合力 SCA | | | 父本一般配合力效应值 GCA |
|-----------------|------------------|---------------------|--------------------|------------------|-------------------|
| | | 梁子湖 Liangzi Lake | 鄱阳湖 Poyang Lake | 淤泥湖 Yuni Lake | |
| 父本特殊配合力 SCA | 梁子湖 Liangzi Lake | 5.32 | -0.28 | -5.04 | -6.13 |
| | 鄱阳湖 Poyang Lake | -16.40 | 18.91 | -2.51 | -2.29 |
| | 淤泥湖 Yuni Lake | 11.08 | -18.63 | 7.55 | 8.42 |
| 母本一般配合力效应值 GCA | | -1.77 | 1.01 | 0.77 | |
| 体质量 body weight | | 母本特殊配合力 SCA | | | 父本一般配合力效应值 GCA |
| | | 梁子湖 Liangzi Lake | 鄱阳湖 Poyang Lake | 淤泥湖 Yuni Lake | |
| 父本特殊配合力 SCA | 梁子湖 Liangzi Lake | 12.53 | -2.76 | -9.77 | -17.69 |
| | 鄱阳湖 Poyang Lake | -48.33 | 52.67 | -4.34 | -6.73 |
| | 淤泥湖 Yuni Lake | 35.80 | -49.91 | 14.12 | 24.42 |
| 母本一般配合力效应值 GCA | | 1.17 | 0.41 | -1.58 | |

表 4 3 个地理种群团头鲂的配合力方差来源分析
Tab. 4 Analysis of variation source in total length and body weight of *M. amblycephala*

| 方差来源 source | 全长 total length | 体质量 body weight |
|------------------------------------|--------------------|--------------------|
| 父本一般配合力 GCA | 162.44 | 4.02 |
| 母本一般配合力 GCA | 255.57 | 4.36 |
| 特殊配合力 SCA | 92.52 | 1.32 |
| 环境(误差) error | 74.61 | 3.58 |
| 总体配合力 total combination ability | 510.52 | 9.70 |

产量和所有组合的 F₁ 的总平均值的差值, 特殊配合力分析是指某特定组合的平均值与其双亲的一般配合力的差值。前者主要受基因加性效应的影响^[13], 后者受基因的显性效应和上位效应影响。不同种群的团头鲂的全长和体质量的一般配合力和特殊配合力的相对效应值分析见表 5。结果显示, 父本全长和体质量的一般配合力效应值大小依次为淤泥湖、鄱阳湖和梁子湖。母本全长一般配合力效应值由大至小依次为鄱阳湖、淤泥湖和梁子湖, 体质量的一般配合力效应值依次为梁子湖、鄱阳湖和淤泥湖。淤泥湖的父本效应值均为正值, 说明利用淤泥湖的团头鲂作为父本较容易配出具有生长优势组合。在特殊配合力分析中, 鄱阳湖种群内杂交组合相对效应值最大, 其次为梁子湖作为母本与淤泥湖作为父本的组合, 最小的为鄱阳湖作为母本与淤泥湖作为父本的组合。

2.3 SSR 标记分析

微卫星位点的多态信息含量(PIC)、有效等位基因数(N_e)、近交系数(F_{IS})、期望杂合度(H_e)和标记索引值(MI) 通过对 85 对 SSR 引物筛选, 选取染色条带清晰且高度多态的 12 对进行分析(表 6), 12 对引物在 93 尾亲本中共检测出 177 个等位变异, 平均每个位点的等位基因数为 14.75, 变化范围为 5~20。平均多态信息含量为 0.837, 鄱阳湖群体的平均多态性信息含量最大(0.848), 淤泥湖最小(0.820)。平均标记索引系数为 10.468, 变化范围 8.959~11.242。从结果中可以看出有效等位基因数、标记索引值和多态信息含量的结果一致。3 个群

体的近交系数均很小, 其中梁子湖为正值(0.005), 表明群体内有可能存在很弱的近交^[14]。

群体间的遗传距离 分析结果显示梁子湖与淤泥湖群体间的遗传距离最大(0.336 2), 梁子湖和鄱阳湖群体间的遗传距离最小(0.235 6), 3 个群体间的遗传距离差异不显著(表 7)。此外, 遗传相似系数也显示 3 个种群间的遗传相似系数很高, 这一结果与冉玮等^[15]采用 SRAP 分子标记以及曾聪等^[16]形态学研究的结果一致, 这可能与团头鲂长期生存于长江中下游相似环境的大中型湖泊有关, 此外, 有可能与本研究采用 4 对 EST-SSR 引物造成遗传距离不显著有关。

表 6 各标记座位在 3 个地理种群团头鲂的平均多态信息含量、有效等位基因数、近交系数和期望杂合度
Tab. 6 Polymorphism information content, numbers of effective allele, F_{IS} and expected heterozygosity of different marker loci in three populations of *M. amblycephala*

| 位点 locus | 梁子湖 Liangzi Lake | | | | | 鄱阳湖 Poyang Lake | | | | | 淤泥湖 Yuni Lake | | | | |
|----------|------------------|--------|----------|-------|--------|-----------------|--------|----------|-------|--------|---------------|--------|----------|-------|--------|
| | PIC | N_e | F_{IS} | H_e | MI | PIC | N_e | F_{IS} | H_e | MI | PIC | N_e | F_{IS} | H_e | MI |
| TTF01 | 0.892 | 10.056 | -0.094 | 0.916 | 13.385 | 0.903 | 11.136 | -0.084 | 0.923 | 14.453 | 0.895 | 10.286 | -0.079 | 0.929 | 12.527 |
| TTF02 | 0.914 | 12.500 | 0.075 | 0.936 | 14.630 | 0.882 | 9.211 | -0.108 | 0.904 | 11.460 | 0.867 | 8.203 | 0.016 | 0.903 | 11.270 |
| TTF03 | 0.860 | 7.826 | -0.130 | 0.887 | 12.037 | 0.885 | 10.000 | -0.102 | 0.909 | 12.396 | 0.886 | 9.529 | -0.089 | 0.921 | 10.630 |
| TTF04 | 0.929 | 14.876 | -0.055 | 0.949 | 18.574 | 0.890 | 11.395 | 0.164 | 0.915 | 14.246 | 0.831 | 8.640 | -0.141 | 0.881 | 9.145 |
| TTF05 | 0.846 | 7.377 | -0.146 | 0.875 | 11.844 | 0.847 | 8.507 | -0.147 | 0.874 | 9.321 | 0.857 | 9.672 | -0.121 | 0.895 | 11.995 |
| TTF06 | 0.870 | 9.043 | -0.118 | 0.897 | 10.436 | 0.825 | 7.609 | -0.098 | 0.857 | 10.729 | 0.873 | 8.000 | -0.034 | 0.911 | 9.601 |
| TTF08 | 0.842 | 6.837 | -0.149 | 0.872 | 9.265 | 0.821 | 7.410 | -0.177 | 0.852 | 13.962 | 0.797 | 5.070 | -0.191 | 0.844 | 6.375 |
| TTF09 | 0.901 | 10.524 | -0.084 | 0.924 | 12.607 | 0.880 | 8.288 | -0.040 | 0.904 | 11.444 | 0.879 | 8.909 | 0.091 | 0.914 | 13.188 |
| SSR12 | 0.802 | 5.653 | 0.295 | 0.837 | 8.819 | 0.866 | 8.113 | 0.153 | 0.889 | 13.856 | 0.862 | 8.011 | -0.143 | 0.892 | 9.482 |
| SSR46 | 0.863 | 8.048 | 0.134 | 0.891 | 10.355 | 0.895 | 10.278 | -0.001 | 0.918 | 12.524 | 0.741 | 4.483 | 0.464 | 0.793 | 4.448 |
| SSR851 | 0.576 | 2.695 | 0.046 | 0.640 | 3.459 | 0.686 | 3.717 | 0.047 | 0.742 | 4.118 | 0.654 | 3.375 | -0.263 | 0.717 | 3.926 |
| SSR116 | 0.821 | 6.250 | 0.286 | 0.857 | 9.031 | 0.800 | 5.672 | 0.301 | 0.836 | 6.400 | 0.703 | 3.888 | 0.327 | 0.760 | 4.924 |
| 平均值 mean | 0.843 | 8.474 | 0.005 | 0.873 | 11.204 | 0.848 | 8.445 | -0.008 | 0.877 | 11.242 | 0.820 | 7.339 | -0.014 | 0.863 | 8.959 |

表 7 3 个地理种群团头鲂的遗传距离和相似系数
Tab. 7 Genetic distance and similarity among three geographical populations of *M. amblycephala*

| | 梁子湖 Liangzi Lake | 鄱阳湖 Poyang Lake | 淤泥湖 Yuni Lake |
|---------------------|---------------------|--------------------|------------------|
| 梁子湖 Liangzi Lake | | 0.790 1 | 0.714 5 |
| 鄱阳湖 Poyang Lake | 0.235 6 | | 0.757 2 |
| 淤泥湖 Yuni Lake | 0.336 2 | 0.278 1 | |

注: 对角线以下为遗传距离, 对角线以上为遗传相似系数。
Notes: Figures below the diagonal show genetic distance, the above expresses genetic similarity.

3 讨论

3.1 配合力预测分析

王炳谦等^[5]提出在一般配合力高的基础上, 选择特殊配合力高的组合, 才更有可能选出杂种优势突出的优良杂交种, 由此杂交得到的基础群体进行选育效果也较好。3 个地理种群团头鲂在全长和体质量中一般配合力效应值最高的是以淤泥湖群体作父本, 以梁子湖群体作母本, 利用它们作亲本较容易配制高效组合, 在育种上利用价值较高。特殊配合力是特定组合的表现, 其实只是两个种

群正交和反交的平均显性效应和上位效应^[17], 是由于 2 个亲本分别传给杂交种的基因通过基因间互作表现出来的, 因而表现出的优秀性状并不能稳定遗传, 只能通过两个群体杂交后在 F_1 表现出来, 这也是杂种优势表现的重要遗传基础。本研究表明, 虽然鄱阳湖与鄱阳湖的群体内部杂交的特殊配合力效应值最高, 但是鄱阳湖群体作为亲本的一般配合力的效应值并不是最高, 因而最佳的组合为梁子湖群体作为母本, 淤泥湖群体作为父本。本研究仅讨论团头鲂 6 月龄的全长和体质量, 对成鱼的预测效果还需作进一步研究。

3.2 微卫星预测分析

目前, 多态信息含量(PIC)、等位基因数(N_e)和标记索引值(MI)是作为衡量多态性的主要指标^[18]。本研究通过 SSR 标记所获得的多态信息含量、期望杂合度、有效等位基因数、标记索引值和近交系数的结果表明 3 个团头鲂地理种群具有丰富的遗传多样性, 适合作为选育亲本群体建立家系进行选育, 亦可直接进行群体选育。本研究中所使用的 12 个位点微卫星的平均多态信息含量为 0.837, 为高度多态^[7]。在 12 个微卫星位点中, 梁子湖群体和鄱阳湖的杂合度和多态性比较相似。一般认为 PIC 高、杂合度大, 说明群体内基因一致性差、遗传变异大、选择潜力也大; 反之亦然^[19]。从结果可以明显看出, 梁子湖和鄱阳湖的群体作为亲本的候选群体相对有更大的潜力。

罗坤等^[20]对不同群体罗氏沼虾研究发现, 基因频率差别越大, 遗传距离越远, 杂种优势越大。毕金贞等^[21]对牙鲆研究表明, 亲本遗传距离在 0.257 8~0.595 8 时, 亲本遗传距离与后代生长速度显著正相关; 在 0.609 9~0.660 4 时, 亲本遗传距离与后代生长速度间没表现出显著的相关性; 在 0.664 0~0.977 3 时, 亲本遗传距离与后代生长速度显著负相关。从本研究来看, 3 个地理种群遗传距离为 0.235 6~0.336 2, 因此可以推断梁子湖和淤泥湖的种群杂交为最优组合。

3.3 配合力和微卫星分析比较

配合力是从玉米的杂交育种研究中发展而来, 至今已成为育种中一个重要的评估参数。由于其考虑了亲本本身因素、配子亲和力和环境的影响^[22], 因而能够较准确衡量每个亲本。但是配合力估算需

要对育种群体进行设计杂交组合, 并且待子代达到一定规格后才能得到结果。利用 DNA 分子标记(SSR)探测亲本间基因杂合性(异质性)来预测杂种优势只需对亲本种群进行遗传结构分析, 根据种群的遗传多样性和种群间的遗传距离即可预测。但由于标记不受环境的影响, 加之不能预测不同组合带来的显性效应和上位效应, 因而预测也具有一定局限性。此外, 所用的分子标记是否能覆盖整个基因组也同样影响预测的结果。在本研究中虽然配合力分析和微卫星标记分析预测的结果一致, 但目前还无法在配合力与微卫星标记得到的群体遗传结构之间建立一个确定的关系。

参考文献:

- [1] 王卫民. 团头鲂[J]. 科学养鱼, 2009(4): 44-45.
- [2] 楼允东. 鱼类育种学[M]. 北京: 中国农业出版社, 2005.
- [3] 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.
- [4] 倪静, 尤锋, 于深辉, 等. 牙鲆 GHR 基因 Promoter 区微卫星序列多态性与生长性状关系的初步研究[J]. 中国海洋大学学报: 自然科学版, 2008, 38(5): 719-725.
- [5] 王炳谦, 谷伟, 高会江, 等. 利用配合力和微卫星标记预测虹鳟品系间的杂交优势[J]. 中国水产科学, 2009, 16(2): 206-213.
- [6] 韩汉鹏. 双列杂交育种法配合力统计分析(单变元)的 SAS 实施[J]. 热带作物学报, 2001, 22(4): 72-77.
- [7] 朱军. 遗传模型分析方法[M]. 北京: 中国农业出版社, 1997.
- [8] 卢圣栋. 现代分子生物学实验技术[M]. 北京: 中国协和医科大学出版社, 1999.
- [9] Shou T, Si L, Wan C. Development of microsatellite markers for blunt snout bream *Megalobrama amblycephala* using 5'-anchored PCR[J]. Permanent Genetic Resources Note, 2008, 9(3): 971-974.
- [10] Nei M. Genetic distance between populations [J]. American Naturalist, 1972, 106: 283-291.
- [11] Botstein D, White R L, Skolnick M, et al. Construction of genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms [J]. American Journal of Human Genetics, 1980, 32: 314-331.
- [12] Smith J S C, Chin E C L, Shu H, et al. An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize (*Zea mays* L.): Comparison with data from RFLPs and pedigree[J]. Theoretical and Applied Genetics, 1997, 95: 163-173.
- [13] 谷龙春, 李金碧, 喻达辉, 等. 合浦珠母贝双列杂交家系的建立与遗传分析[J]. 水产学报, 2010, 34(1): 26-31.

- [14] Weir B S, Cockerham C C. Estimation F -statistics for the analysis of population structure [J]. *Evolution*, 1984, 38: 1358–1370.
- [15] 冉玮, 张桂蓉, 王卫民, 等. 利用 SRAP 标记分析 3 个团头鲂群体的遗传多样性[J]. *华中农业大学学报*, 2010, 29(5): 601–606.
- [16] 曾聪, 阎里清, 高泽霞, 等. 梁子湖、鄱阳湖和淤泥湖团头鲂的形态学比较研究[J]. *华中农业大学学报*, 2012, 31(1): 1–5.
- [17] 张沅. 家畜育种学[M]. 北京: 中国农业出版社, 2002.
- [18] 王风格, 赵久然, 余花娣, 等. 玉米自交系遗传关系的 SSR 标记分析[J]. *中国农学通报*, 2005, 21(2): 10–14.
- [19] 孙少华, 桑润滋, 师守望, 等. 肉牛杂交优势预测、评估及其应用研究[J]. *遗传学报*, 2000, 27(7): 580–589.
- [20] 罗坤, 杨国梁, 孔杰, 等. 罗氏沼虾不同群体杂交效果分析[J]. *海洋水产研究*, 2008, 29(3): 67–73.
- [21] 毕金贞, 陈松林. 牙鲆亲本间遗传距离与其后代生长速度的相关性分析[J]. *中国农学通报*, 2010, 26(15): 395–401.
- [22] 胡今尧. 猪的遗传及育种[M]. 长沙: 湖南科学技术出版社, 1982.

Prediction of hybrid vigor among three geographical populations of *Megalobrama amblycephala* by combination ability and SSR markers

ZENG Cong¹, ZHANG Yao¹, CAO Xiao-juan¹, LUO Wei¹, LIU Xiao-lian¹,
GAO Ze-xia¹, QIAN Xue-qiao², WANG Wei-min^{1*}

(1. College of Fishery, Key Laboratory of Agricultural Animal Genetics, Breeding and Reproduction, Ministry of Education & Key Laboratory of Freshwater Animal Breeding, Ministry of Agriculture, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070;
2. Animal Husbandry and Fisheries Research Center of Haid Group Co, Ltd, Guangzhou 511400, China)

Abstract: Hybrid vigor among three geographical populations of *Megalobrama amblycephala*, including Liangzi Lake population (L), Poyang Lake population (P) and Yuni Lake population (Y), was predicted by combination ability and SSR markers. The first generation individuals of 9 complete diallel cross combinations of three populations were measured with total length and body weight. The analysis of combination ability showed that the sire of Yuni population had the largest general combining ability effective value; however, the largest general combining of total length in dam was Poyang population, while that of body weight was Liangzi population. There were high effective combinations among $P_{\delta} \times P_{\delta}$, $L_{\delta} \times Y_{\delta}$ and $Y_{\delta} \times Y_{\delta}$ which had high specific combining ability, so these combinations were suitable as basic selective populations. The results obtained from SSR markers showed that all three populations had high genetic heterogeneity (H_e , 0.877–0.863), polymorphism information content (PIC , 0.848–0.820) and marker index (MI , 8.959–11.242). Among the three populations, Liangzi population and Yuni population revealed the largest genetic distance, reaching 0.336 2. According to the result, $L_{\delta} \times Y_{\delta}$ would have the highest hybrid vigor among those combinations.

Key words: *Megalobrama amblycephala*; geographical population; combination ability; simple sequence marker; hybrid vigor prediction

Corresponding author: WANG Wei-min. E-mail: wangwm@mail.hzau.edu.cn