

两种壳色虾夷扇贝的 RAPD 分析

孙秀俊^{1,2} 杨爱国^{1*} 刘志鸿¹ 周丽青¹

(¹农业部海洋渔业资源可持续发展利用重点实验室,中国水产科学研究院黄海水产研究所,青岛 266071)

(²上海海洋大学 生命科学与技术学院,201306)

摘要 采用 RAPD 技术对两种壳色虾夷扇贝 *Patinopecten yessoensis* 的遗传多样性和遗传结构及其分化进行研究。用筛选出的 22 个随机引物对白色贝和褐色贝各 40 个个体进行 RAPD 扩增,进行群体内及群体间的遗传学分析。白色贝共检测出 128 个多态位点,多态位点的比例为 79.5%, Shannon 遗传多样性指数为 0.424;褐色贝共检测出 127 个多态位点,多态位点的比例为 78.9%, Shannon 遗传多样性指数为 0.423。白色贝和褐色贝之间的遗传相似性指数和遗传距离为 0.961 和 0.039,二者之间的遗传分化指数 G_{st} 为 0.052,遗传分化的程度较低。结果表明,白色贝和褐色贝之间的等位基因频率、多态位点的比例和遗传多样性等的差别不明显,遗传变异主要来自于群体内。S285-1 在褐色贝大部分个体中都能获得扩增片段,但在白色贝所有个体中均未见这个位点的扩增片段,推断 S285-1 为白色贝的特异阴性片段。

关键词 虾夷扇贝 壳色 RAPD 遗传多样性 遗传距离

中图分类号 S968.3;Q346 **文献标识码** A **文章编号** 1000-7075(2009)06-0110-08

RAPD analysis of genetic diversity of *Patinopecten yessoensis* with different shell colours

SUN Xiu-jun^{1,2} YANG Ai-guo^{1*} LIU Zhi-hong¹ ZHOU Li-qing¹

(¹Key laboratory for sustainable utilization of Marine Fisheries Resources, Ministry of Agriculture, Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071)

(²Shanghai Ocean University, College of Aqua-life Science and Technology, 201306)

ABSTRACT The genetic diversity, heredity structure and differentiation of two *Patinopecten yessoensis* populations of different shell colours (white and brown) were compared using RAPD method (Random Amplified Polymorphic DNA). A total of 161 interpretable bands ranging from 100-3 000 bp in each population were obtained by 22 arbitrary primers. The numbers of polymorphic loci were 128 and 127 for white scallops and brown scallops, respectively with the percentages of polymorphism 79.5% and 78.9% and Shannon information indices 0.424 and 0.423, respectively. The high similarity rate (0.961) and low genetic differentiation ($G_{st}=0.052$) indicated that there was no significant difference in genetic differentiation and genetic structure

国家高技术研究发展计划项目(2006AA10A408)、国家科技支撑计划专题(2006BAD01A00)和国家自然科学基金(30600465)共同资助

* 通讯作者。E-mail: yangag@ysfri.ac.cn, Tel: (0532) 85811982

收稿日期: 2008-09-03; 接受日期: 2008-11-28

作者简介: 孙秀俊(1981-), 男, 硕士研究生, 主要从事贝类遗传育种研究。E-mail: sxjrenp@hotmail.com

between the two populations. According to the Shannon information index, the genetic diversity was mainly due to individual differences in each population. The band at locus S285-1 appeared in 30 of 40 individuals of brown scallops, but it disappeared completely with no amplification in white scallops; it is suggested that this band is the negative genetic marker in white scallops.

KEY WORDS *Patinopecten yessoensis* Shell colors RAPD Genetic diversity
Genetic distance

虾夷扇贝 *Patinopecten yessoensis* 属于冷水性贝类,主要分布于日本、俄罗斯远东及朝鲜等海域,我国在 20 世纪 80 年代从日本引种并展开规模化养殖,近年来已发展成为我国北方沿海地区养殖的重要经济贝类。目前,除我国以外,日本、韩国和俄罗斯也已经开展了虾夷扇贝的增养殖。但是,这些国家的苗种主要采自天然海区,而只有我国是室内全人工育苗。据常亚青等(2007)的报道,我国虾夷扇贝的养殖群体自引种以来,已经繁殖了近 8 代,个别养殖群体出现左壳白化的个体,并且白化个体与其他个体相比,生长性状优异,具有明显的壳色特征,逐渐成为一个养殖性状优良的核心群体,通过对白色贝的壳色定向选育,可望培育出优良的扇贝品种。目前,国内外对虾夷扇贝的苗种培育、繁殖生物学等方面的研究报道较多(李文姬等 1997;隋锡林等 1990;王庆成 1984),也进行了一些有关虾夷扇贝的生化遗传及分子标记方面的研究(高悦勉等 2003、2004;陈省平等 2005;Fujio *et al.* 1991),但有关虾夷扇贝壳色变异群体的遗传结构分化、遗传多样性及其与正常壳色虾夷扇贝的遗传关系等方面的研究报道相对较少。

RAPD 标记具有灵敏度高、多态位点丰富、简单和快速等优点,已广泛应用于生物遗传结构和遗传分化的研究中。在贝类方面,Tyler 等(1995)和 Patwary 等(1994)分别通过对双壳贝类 *Lasaea rubra* 和扇贝 *Placopecten magellanicus* 的 RAPD 分析揭示了研究群体的遗传结构和群体间的遗传分化等问题,充分肯定了 RAPD 标记在贝类群体遗传学研究中的价值。Liu 等(2006)通过同工酶和 RAPD 标记两种技术对栉孔扇贝 *Chlamys farreri* 的群体遗传学进行比较研究。结果表明,RAPD 标记比同工酶技术揭示了更高的遗传变异指数。Hirschfeld 等(1999)利用 RAPD 技术揭示了美洲牡蛎 *Crassostrea virginica* 的遗传多样性水平。

本文利用 RAPD 技术,在分子水平上分析处于相同的养殖环境下的虾夷扇贝,壳色发生变异的群体和正常壳色的群体之间在基因频率、多态位点的比例和遗传多样性指数等方面的差异,分析二者的遗传结构和遗传分化,以为虾夷扇贝的养殖生态学、生物进化、种质资源保护和选择育种等方面提供理论依据和基础资料。

1 材料与方 法

1.1 实验材料

白色贝,左右壳均为白色;褐色贝,左壳为红褐色,右壳为白色。两种壳色虾夷扇贝于 2007 年 1 月 29 日取自大连长海县小长山养殖海区,从 1 龄贝中随机选取 40 只白色贝和 40 只褐色贝,解剖取闭壳肌。引物为 S100-S300 和 S1000-S1040 两组,购自上海生物工程技术服务公司。

1.2 实验方法

1.2.1 基因组 DNA 的提取

基因组的提取方法采用酚-氯仿提取法,主要参照《分子克隆实验指南》(第 3 版)的方法,略做改动。

1.2.2 RAPD 扩增

RAPD 反应总体积为 25 μ l,其中含 10 \times PCR 反应缓冲液 2.5 μ l, MgCl₂ (25 mmol/L) 2 μ l,模板 DNA 2 μ l (100 ng), Taq 酶 (5 U/ μ l) 0.2 μ l, dNTP (各 10 mmol/L) 2 μ l,引物 2 μ l (5 ng/ μ l)。Taq DNA 聚合酶、Buffer、Mg²⁺、dNTP 以及 DL 2 000 Marker 等购自天根生化科技有限公司。PCR 反应在德国 Eppendorf 公司生产的 Mastercycler gradient 5331 型上进行,先 94 $^{\circ}$ C 预变性 10 min,再进行 45 个循环,每个循环包括 94 $^{\circ}$ C 变性 45

s, 37 °C 退火 1 min, 72 °C 延伸 2 min, 最后于 72 °C 再延伸 10 min。反应结束后 4 °C 保存, 每次反应设不含模板 DNA 的反应体系做为空白对照。扩增产物于 1.5% 的琼脂糖凝胶中电泳, 在 240V 恒压条件下电泳 1 h, EB 染色, 用凝胶成像系统 UVP C-80 拍照记录。为保证统计位点的准确性, 白色贝或褐色贝扩增图谱的最后一个个体为特定的褐色贝或白色贝的对照。

1.2.3 数据分析

每个样品的扩增带按有或无记录, 有带计为 1, 无带记为 0。列出 0 和 1 矩阵用于统计分析。采用 Popgene Version 1.31 对各群体遗传学参数进行计算。RAPD 通常有 4 种假设, 分别为: (1) RAPD 产物为显性等位基因; (2) 等位基因频率符合 Hardy-Winberg 平衡; (3) 纯合隐性个体的等位基因是完全一致的; (4) 显性等位基因也是完全一致的 (Apostol *et al.* 1996)。

1.2.4 多态位点比例

多态位点比例 $P=r/n \times 100\%$, r 是某一引物具有多态性的位点数, n 是扩增出的总位点数。

1.2.5 遗传相似性指数和相对遗传距离

遗传相似性指数 $S=2N_{xy}/(N_x+N_y)$, 相对遗传距离 $D=1-S$, 其中 N_{xy} 是个体 x 和 y 共有位点数, N_x 和 N_y 分别是个体 x 和个体 y 共扩增出位点数。群体内的相似性指数为该群体内所有个体间相似性指数的平均值。S 为两群体间的相似性指数, S_x 和 S_y 分别表示群体 X 和群体 Y 的相似性指数 (Lynch 1990)。

1.2.6 群体遗传多样性

用 Shannon's 遗传多样性指数计算各群体的遗传多样性 H , 群体内的平均遗传多样性 H_{pop} , 以及所研究的种类 n 个群体的遗传多样性总量 H_{sp} , 计算公式如下:

$$H = -\sum X_i \ln X_i \quad (X_i \text{ 为位点 } i \text{ 在某一群体中的出现频率});$$

$$H_{pop} = \sum H/n \quad (n \text{ 为所研究的群体数}); H_{sp} = -\sum X \ln X \quad (X \text{ 为 } n \text{ 个群体的综合表型频率});$$

以 H_{pop}/H_{sp} 和 $(H_{sp} - H_{pop})/H_{sp}$ 分别计算和比较遗传多样性在群体内和群体间的分布。

N_m 为根据遗传分化指数 G_s 估计的基因流, 计算公式为 $N_m = 0.5(1 - G_s)/G_s$ (McDermott 等 1993)。

另外, 根据群体中纯合隐性个体的频率的平方根计算某一隐性等位基因的频率 q , 即 $q = (N/n)^{1/2}$, 其中 N 为出现阴性带的个体数目, n 为样品个体数。则显性等位基因频率为 $p = 1 - q$ 。

2 结果与分析

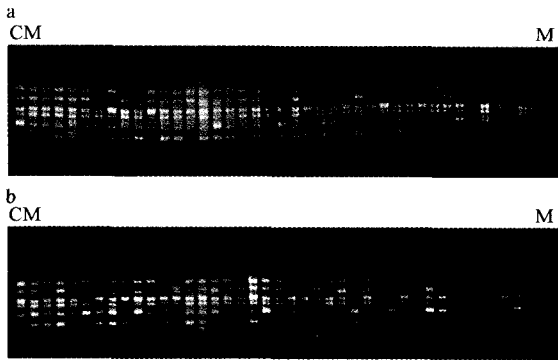
表 1 各随机引物及其序列

Table 1 Sequences of the primers used in this study

引物 Primer	碱基序列(5'-3') Sequence	引物 Primer	碱基序列(5'-3') Sequence
S101	GGTCGGAGAA	S276	CAGCCTACCA
S106	ACGCATCGCA	S281	GTGGCATCTC
S204	CACAGAGGGA	S282	CATCGCCGCA
S224	CCCCTCACGA	S285	GGCTGCGACA
S232	ACCCCCACT	S286	AAGGCTCACC
S238	TGGTGGCGTT	S287	AGAGCCGTCA
S243	CTATGCCGAC	S290	CAAACGTGGG
S254	TGGGTCCCTC	S298	GTGGAGTCAG
S257	ACCTGGGGAG	S1012	TCCAACGGCT
S261	CTCAGTGTCC	S1034	TGGTGCCTC
S271	CTGATGCGTG	S1036	AAGGCACGAG

2.1 RAPD 扩增结果

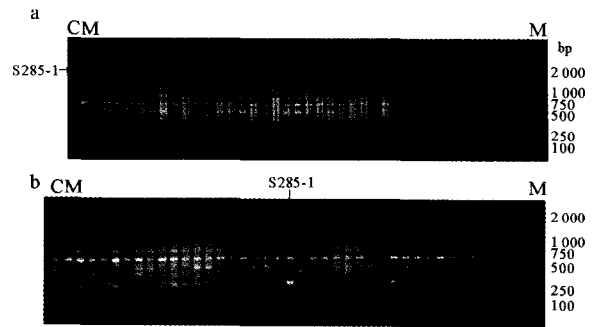
从 240 个随机引物中筛选出扩增条带清晰、重复性好的引物 22 个, 各引物扩增条带在 5~12 条之间。共产生 161 条条带清晰且重复性好的 RAPD 扩增带, 平均每个引物扩增出 7.32 条, 长度在 100~2 000 bp 之间。图 1 为 S254 在白色贝和褐色贝两个群体的扩增图谱。引物 S285 在白色贝和褐色贝中的扩增图谱有明显差异, 位点 S285-1 在所有白色贝的个体中均无扩增, 在褐色贝的 40 个个体中有 30 个出现扩增条带, 确定为白色贝的特异性片段 (图 2)。各引物序列列表 1, 白色贝和褐色贝各引物的扩增条带结果见表 2。



注:a 和 b 图中 M 指 DL2000 marker;a 图中 CM 指褐色贝的对照个体;b 图中 CM 指白色贝的对照个体
M in picture a and picture b represents Marker DL 2000;
CM in picture a represents the control individual of brown scallop populations; CM in picture b represents the control individual of white scallop populations

图 1 S254 在白色贝和褐色贝的扩增图谱

Fig. 1 Electrophoretogram of *Patinopecten yessoensis* DNA amplification using primer S254 in white and brown scallop populations



注:a 和 b 图中 M 指 DL2000 marker;a 图中 CM 指褐色贝的对照个体;b 图中 CM 指白色贝的对照个体;
a 图和 b 图中黑色箭头所示即为位点 S285-1
M in picture a and picture b represents Marer DL 2000;
CM in picture a represents the control individual of brown scallop populations; CM in picture b represents the control individual of white scallop populations;the black arrows in both picture a and b point to S285-1 locus

图 2 S285 在白色贝和褐色贝中的扩增图谱

Fig. 2 Electrophoretogram of *Patinopecten yessoensis* DNA amplification using primer S285 in white and brown scallop populations

表 2 白色贝(W)和褐色贝(W)各引物的扩增条带结果

Table 2 Results of amplification using different primers in the two populations

引物 Primers	总扩增条带 Total bands		个体扩增条带 No. of bands per individual		单态条带 No. of monomorphic bands		多态条带 No. of polymorphic bands		多态条带比例(%) Polymorphism	
	W	B	W	B	W	B	W	B	W	B
S290	9	9	3~8	2~8	2	2	7	7	77.78	77.78
S298	10	9	2~9	2~7	0	0	10	9	100.00	100.00
S285	7	8	3~6	5~8	2	2	5	6	71.43	75.00
S286	6	6	2~6	2~6	2	1	4	5	66.67	83.33
S287	8	8	3~8	3~7	0	0	8	8	100.00	100.00
S281	10	10	6~11	5~10	3	4	7	6	70.00	60.00
S271	7	7	2~6	1~7	0	0	7	7	100.00	100.00
S254	12	12	4~9	5~10	2	4	10	8	83.33	66.67
S257	6	6	1~6	2~6	0	2	6	4	100.00	66.67
S1012	7	7	1~7	1~7	0	1	7	6	100.00	85.71
S282	8	8	5~8	5~8	5	5	3	3	37.50	37.50
S232	11	11	5~11	5~11	3	2	8	9	72.73	81.82
S224	7	7	2~7	3~7	1	1	6	6	85.71	85.71
S204	5	5	2~5	2~5	0	1	5	4	100.00	80.00
S1034	5	5	1~4	2~5	1	2	4	3	80.00	60.00
S1036	6	6	3~6	2~6	1	1	5	5	83.33	83.33
S276	5	5	3~5	3~5	1	1	4	4	80.00	80.00
S101	7	7	2~5	1~6	1	1	6	6	85.71	85.71
S243	7	7	3~7	3~7	4	2	3	5	42.86	71.43
S261	5	5	1~5	1~5	0	0	5	5	100.00	100.00
S106	5	5	1~5	1~5	1	1	4	4	80.00	80.00
S238	7	7	4~7	1~7	3	0	4	7	57.14	100.00
合计 Total	160	160			32	33	128	127	$\bar{X}=80.00$	$\bar{X}=79.38$

2.2 遗传结构分析

利用 Shannon 遗传多样性指数分析群体内和群体间的遗传多样性,揭示多样性在群体内和群体间的分布情况。两个群体的遗传多样性总量 H_{sp} 为 0.450, 群体内的平均遗传多样性 H_{pop} 为 0.424, 遗传多样性在群体内的分布 (H_{pop}/H_{sp}) 为 94.15%, 在群体间的分布 $(H_{sp} - H_{pop})/H_{sp}$ 为 5.85%, 说明虾夷扇贝的遗传变异主要分布在各群体内部(表 3)。

白色贝群体扩增出的多态性片段为 128 条, 褐色贝扩增出的多态性片段为 127 条, 多态位点的比例分别为 80.0% 和 79.4%, 白色贝群体的多态位点比例稍高于褐色贝。白色贝的 Shannon 多样性指数比褐色贝略高, 但差别不明显。另外, 白色贝和褐色贝的遗传相似性指数为 0.961, 遗传距离为 0.040, 白色贝和褐色贝的遗传分析结果见表 4。

表 3 白色贝(W)和褐色贝(B)在群体内和群体间遗传多样性指数的分布
Table 3 Distribution of the Shannon's index within and between the two populations

引物 Primers	遗传多态度 Genetic diversity		H_{pop}	H_{sp}	H_{pop}/H_{sp}	$(H_{sp} - H_{pop})/H_{sp}$
	W	B				
S290	0.427	0.338	0.383	0.393	0.973	0.027
S298	0.563	0.539	0.551	0.555	0.993	0.007
S285	0.400	0.425	0.412	0.495	0.834	0.166
S286	0.452	0.434	0.443	0.484	0.914	0.086
S287	0.598	0.487	0.543	0.572	0.948	0.052
S281	0.297	0.250	0.274	0.289	0.948	0.052
S271	0.464	0.507	0.485	0.491	0.988	0.012
S254	0.343	0.303	0.323	0.348	0.929	0.071
S257	0.528	0.324	0.426	0.456	0.935	0.065
S1012	0.521	0.539	0.530	0.552	0.960	0.040
S282	0.110	0.055	0.083	0.085	0.971	0.029
S232	0.413	0.457	0.435	0.451	0.965	0.035
S224	0.564	0.556	0.560	0.566	0.989	0.011
S204	0.424	0.485	0.455	0.501	0.908	0.092
S034	0.332	0.150	0.241	0.285	0.846	0.154
S036	0.456	0.497	0.476	0.502	0.948	0.052
S276	0.489	0.544	0.516	0.592	0.872	0.128
S101	0.369	0.415	0.392	0.397	0.987	0.013
S243	0.233	0.452	0.342	0.387	0.884	0.116
S261	0.650	0.659	0.654	0.658	0.994	0.006
S106	0.487	0.453	0.470	0.477	0.984	0.016
S238	0.382	0.656	0.519	0.591	0.878	0.122
平均 Mean	0.424	0.423	0.424	0.450	0.942	0.059

表 4 白色贝和褐色贝的遗传分析
Table 4 Genetic analysis of the white and brown scallop populations

群体 Populations	Nei's 遗传多样性指数 Nei's genetic diversity	Shannon 多样性指数 Shannon's Information index	群体间的遗传分化 G_{st}	基因流 N_m	遗传相似度 Genetic similarity
白色贝 White scallop	0.285±0.186	0.424±0.258	0.052	9.079	0.961
褐色贝 Brown scallop	0.286±0.192	0.423±0.265			

3 讨论

3.1 虾夷扇贝养殖群体的遗传多样性

多态位点的比例是评价物种遗传多样性的一个重要指标。本实验通过对白色贝和褐色贝群体的 RAPD 分析,结果表明,白色贝和褐色贝的多态位点比例为 80.0%和 79.4%,高于缢蛏 *Sinonovaeula constrict*(于颖等 2007)、方斑东风螺 *Babylonia areolata* Lamarck(尹绍武等 2007)、合浦珠母贝 *Pinctada martensii*(苏天凤等 2002)、九孔鲍 *Haliotis diversicolor supertexta*(杜博等 2007)和青蛤 *Cyclina sineusis*(么宗利等 2005)等其他贝类,但低于文蛤 *Meretrix meretrix*(沈怀舜等 2003)的多态位点比例,说明虾夷扇贝的养殖群体目前还处于较高的遗传多样性水平,种质资源状况较好,这与常亚青等(2007)的研究结果相一致。刘亚军等(2006)的研究结果表明,栉孔扇贝的 4 个自然群体的多态位点比例为 88.62%,高于本实验中的虾夷扇贝,但是,这 4 个群体的 Shannon's 遗传多样性指数分别为 0.256、0.256、0.234 和 0.225,远低于白色贝和褐色贝的 0.424 和 0.423。而宋林生等(2002)对栉孔扇贝的野生群体和养殖群体的遗传结构和遗传分化的结果表明,野生群体和养殖群体的多态位点比例分别为 75.82%和 73.47%,略低于本实验中虾夷扇贝的多态位点比例。综上所述,我国目前的虾夷扇贝养殖群体种质资源状况较好,并没有出现明显的种质退化现象。RAPD 技术在分析群体间的遗传多样性方面,虽然具有快速、灵敏度高和多态性高等优点,但是分析的结果还与样品的数量、扩增的条带数目等有关。刘丽等(2005)的研究结果证明,在 RAPD 分析中,样本数应达到 20 且位点数应达到 70 才能保证结果的可靠性。本文中白色贝和褐色贝各采用 40 个个体共扩增出 161 个位点,完全满足 RAPD 进行遗传多样性分析的要求,准确性较高。

3.2 与同工酶的结果比较

在 RAPD 之前,作者还进行了白色贝和褐色贝的同工酶分析,其中白色贝有 7 个多态位点,褐色贝有 6 个多态位点,多态位点的比例分别为 41.18%和 35.29%(待发表),远低于本文中 RAPD 多态位点的比例 80.0%和 79.4%。这与 RAPD 和同工酶技术所揭示的多态性有关系。同工酶技术反映了酶基因的表现型,是由酶蛋白质的四级结构(亚基数目)、在亚细胞分室中的分布(位点数目)以及样品的基因型所决定的(王中仁 1998),也就是说,由于同工酶是蛋白质表达的产物而并不是基因本身,加上同工酶所分析的位点有限,它只能检测出导致组成氨基酸发生变化的核苷酸突变。而 RAPD 与同工酶技术相比能够揭示更多的核酸变异和多态性位点,较全面的反应物种的遗传多样性水平。

3.3 白色贝和褐色贝种群之间的遗传变异

白色贝是近年来养殖过程中出现的壳色变异群体或白化群体,据常亚青等(2007)的报道,微卫星分析结果显示,白化群体在遗传多态性水平方面与其他群体没有显著差异,本实验的 RAPD 分析也表明,白色贝和褐色贝的遗传多样性水平基本相同。这表明,白色贝和褐色贝在分子水平上的差别不明显,遗传分化也很小,只是在个别基因频率上产生了变化。常亚青等(2007)同时指出白化的个体(本文中的白色贝)的生长性状明显优于相同养殖条件的其他个体,并推测控制壳呈白色的基因与控制生长性状的基因有连锁现象。

笔者经过筛选 240 个 10 碱基的随机引物发现,白色贝和褐色贝的绝大部分引物的扩增条带基本相似,也有一部分位点在基因频率方面存在一定的差异。例如位点 S285-8 在褐色贝个体中是纯合位点,显性基因频率为 1.000,而在白色贝中此位点为多态位点,显性基因频率为 0.684。另外,在实验中发现,位点 S285-1 在褐色贝 75%的个体中都能获得扩增片段,但在白色贝所有个体中都没有这个位点的扩增片段,笔者选取 5 个白色贝和 5 个褐色贝进行重复实验,与前期结果一致,重复性较好,所以推断位点 S285-1 为白色贝的特异阴性片段。另外,对此片段进行胶回收测序的工作继续进行,以期开发共显性的 SCAR 标记。综上所述,白色贝和褐色贝之间的差别主要体现在少数基因型频率的变异。关于白色贝的来源,文献报道较少,常亚青等(2007)认为白色贝可能是养殖群体在自然条件下繁殖产生的后代。由此推断,当自然海区环境达到虾夷扇贝产卵或排精

的条件时,缺失壳色相关基因例如编码位点 S285-1 或 *Est-3* 的基因的个体产生的卵子或精子与其他的精子或卵子结合而形成的苗种,在自然条件下形成的壳色变异群体,导致了白化个体少数基因型频率的突变,但这些基因的突变是否与壳色直接相关联,编码 S285-1 的基因和编码 *Est-3* 的基因是否连锁以及二者在染色体上的遗传距离,须进一步从基因和染色体水平证明。

本实验的结果证明,白色贝和褐色贝群体间的遗传分化指数 G_s 为 0.052,说明白色贝和褐色贝之间的遗传分化很少,处于较低的水平,而常亚青等(2007)的研究表明,壳白化群体与黄海北部采集的野生群体 HQ 之间的遗传分化程度最高,达到 0.326,另外与其他群体的分化指数也较大,说明白色贝与大连獐子岛底播增殖放流群体 CC、黄海北部的野生群体 HQ、日本青森养殖群体 JX 以及俄罗斯养殖群体 RX 之间的亲缘关系较远,但白化群体与其他地理种群之间的遗传分化并没有达到很高的水平,遗传变异主要群体内的个体间,这与本实验结果相一致,RAPD 遗传分析证明,94.15%的变异来自白色贝和褐色贝群体内的个体间。另外,根据遗传分化指数 G_s 估计的基因流 N_m 值为 9.079,一般来说,当 $N_m > 1$ 时,两个群体之间的遗传分化很小,这证明白色贝和褐色贝之间存在很弱的遗传分化关系。作者之前所进行的白色贝和褐色贝形态特征的比较证明,二者之间的各形态特征指数均不存在显著差异,但白色贝的出柱率较褐色贝有着极显著的优势($P < 0.01$) (孙秀俊等 2008)。综上所述,与褐色贝相比,白色贝群体在表型特征和遗传结构方面均未表现出明显的变化,二者的不同主要体现在少数基因型频率的差异方面。

据报道,贝壳颜色较浅的海洋贝类有着更大的生长潜力或代谢活性(Newkirk *et al.* 1980;郑怀平等 2003),与褐色贝相比,白色贝个体更容易适应高温和强光的环境,白色贝群体是一个养殖性状优良的种群,壳色特征明显,出柱率高,生长性状优异,可进一步培育出稳定遗传的扇贝新品种。

参 考 文 献

- 么宗利,周凯,来琦芳,王慧,夏连军. 2005. 我国 5 个青蛤地理群体遗传变异的 RAPD 分析. 海洋渔业, 27(2): 102~108
- 于颖,孟祥盈,王秀丽,仇雪梅. 2007. 缢蛭遗传多样性的 RAPD 分析. 生物技术通报, 6: 138~140
- 尹绍武,冯永勤,黄海,廖经球,高磊. 2007. 方斑东风螺两个养殖群体遗传变异的 RAPD 分析. 中国水产科学, 14(4): 667~671
- 王中仁. 1998. 植物等位酶分析. 北京: 科学出版社, 95~163
- 王庆成. 1984. 虾夷扇贝的引进及其在我国北方增殖的前景. 水产科学, 3(4): 24~27
- 孙秀俊,杨爱国,刘志鸿,周丽青. 2008. 两种壳色虾夷扇贝的形态学指标比较分析. 安徽农业科学, 36(23): 10 008~10 010
- 刘亚军,孔晓瑜,喻子牛. 2006. 栉孔扇贝 *Chlamys farreri* 自然群体遗传多样性的 RAPD 分析. 海洋与湖沼, 37(4): 289~296
- 刘丽,刘楚吾,曾健民. 2005. RAPD 分析中最适样本量和位点数的研究. 湛江海洋大学学报, 25(4): 1~4
- 宋林生,李俊强,李红蕾. 2002. 用 RAPD 技术对我国栉孔扇贝野生种群与养殖群体的遗传结构及其遗传分化的研究. 高技术通讯, 12(7): 83~86
- 李文姬,李华琳,王凤君,王军,王笑月. 1997. 虾夷扇贝生产性育苗的高产技术. 水产科学, 16(2): 21~23
- 杜博,童馨,黄桂菊,龚世国,喻达辉. 2007. 九孔鲍养殖群体遗传变异的 RAPD 分析. 热带海洋学报, 26(6): 52~57
- 沈怀舜,朱建一,丁亚平,陈国耀,陆勤勤,朱庙先,许璞. 2003. 我国沿海 3 个文蛤地理群的 RAPD 分析. 海洋学报(中文版), 25(5): 97~102
- 苏天凤,蔡云川,张殿昌,江世贵. 2002. 合浦珠母贝 3 个养殖群体的 RAPD 分析. 中国水产科学, 9(2): 100~105
- 陈省平,包振民,潘洁,胡景杰. 2005. 4 种养殖扇贝的群体遗传多样性及特异性 AFLP 标记研究. 海洋学报, 27(2): 160~164
- 郑怀平,张国范,刘晓,阙华勇. 2003. 不同贝壳颜色海湾扇贝 *Argopecten irradians* 家系的建立及生长发育研究. 海洋与湖沼, 34(6): 632~639
- 高悦勉,李国喜,赵银丽. 2004. 大连沿海虾夷扇贝养殖群体遗传结构的研究. 大连水产学院学报, 19(2): 142~145
- 高悦勉,李国喜. 2003. 虾夷扇贝同工酶的生化遗传分析. 大连水产学院学报, 18(4): 269~272
- 常亚青,陈晓霞,丁君,曹学彬,李润玲,孙效文. 2007. 虾夷扇贝 *Patinopecten yessoensis* 5 个群体的遗传多样性. 生态学报, 27(3): 1 145~1 152
- 隋锡林,王庆成. 1990. 虾夷扇贝生产性育苗试验. 水产科学, 9(2): 1~5
- 萨姆布鲁克 J, 拉塞尔 DW. 黄培堂等译. 2002. 分子克隆实验指南(第 3 版). 北京: 科学出版社
- Apostol, B. L., Black, W. C., Reiter, P., and Miller, B. R. 1996. Population genetics with RAPD-PCR markers; The breeding structure of *Aedes aegypti* in Puerto Rico. Heredity, 76(4): 325~334
- Hirschfeld, B. M., Dhar, A. K., Rask, K., and Alcivar-Warren, A. 1999. Genetic diversity in the eastern oyster *Crassostrea virginica* from Massachusetts using the RAPD technique. J. Shellfish Res. 18: 121~125
- Fujio, Y., and Von, B. E. 1991. Differences in degree of homozygosity between seed and sown population of the Japanese scallop *Patinopecten Yessoensis*. Nippon Suisan Gakkaishi, 57(1): 45~50

- Liu, B. Z., You, F., Dong, B., and Xiang, J. H. 2006. The comparison between allozyme and RAPD markers for the population genetic structure analysis of scallop *Chlamys farreri*. Chin. J. Oceanol. Limnol. 24(3):295~299
- Lynch, M. 1990. The similarity index and DNA fingerprinting. Mol. Biol. Evol. 7:478~484
- McDermott, J. M., and McDonald, B. A. 1993. Gene flow in plant pathosystems. Ann. Rev. Phytopathol. 31:353~373
- Newkirk, G. F. 1980. Genetics of shell color in *Mytilus edulis* L. and the association of growth rate with shell color. J. Exp. Mar. Biol. Ecol. 47(1):89~94
- Patwary, M. U., Kenchington, E. L., Bird, C. J., and Zouros, E. 1994. The use of random amplified polymorphic DNA markers in genetic studies of the sea scallop *Placopecten magellanicus* (Gmelin, 1791). J. Shellfish Res. 13:547~533
- Tyler-walters, H., and Hawkins, A. R. 1995. The application of RAPD markers to the study of the bivalve mollusc *Lasaea rubra*. J. Mar. Biol. Assoc. UK, 75(3):563~569

《海洋水产研究》期刊于 2009 年 1 月起更名为《渔业科学进展》

各有关单位、各位读者:

经国家新闻出版署 2008 年 11 月 13 日(新出报刊[2008]1324 号文)和山东省新闻出版局 2008 年 12 月 11 日(鲁新出批字[2008]325 号文)批准,从 2009 年 1 月起,《海洋水产研究》期刊更名为《渔业科学进展》(英文名:Progress in Fishery Sciences),ISSN 1000-7075,国内统一刊号:CN 37-1466/S,国内邮发代号:24-153,国外发行代号:4578Q。刊期仍为双月刊。

更名后,本刊栏目包括研究论文、研究综述和研究简报等,内容涵盖各类水域渔业科学研究最新成果,涉及与渔业科技有关的各学科门类的研究进展。本刊主要报道渔业生物学、渔业海洋学、水产增养殖学、水产种质资源与遗传育种、水生野生生物保护、渔业生物病害及其防治、渔业生态环境保护、渔业设施与捕捞技术、渔业装备制造技术、水产品综合利用与质量安全等领域的新发现、新技术和新成果。希望各位领导、各位专家,一如既往地关心和支持我们的工作,踊跃为《渔业科学进展》刊物投稿。

祝愿各位领导、各位专家工作顺利、万事如意!

中国水产科学研究院黄海水产研究所

《渔业科学进展》编辑部

2009 年 3 月 30 日