

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

周劲松^{1,2}, 曹哲明¹, 杨国梁³, 李建林¹, 张志伟², 吴婷婷¹

(1. 中国水产科学研究院淡水渔业研究中心, 江苏 无锡 214081; 2. 南京农业大学 渔业学院, 江苏 无锡 214081; 3. 浙江南太湖淡水水产种业有限公司, 浙江 湖州 313001)

摘要:为改良罗氏沼虾(*Macrobrachium rosenbergii*)的养殖特性,将缅甸引进种群(BP)和浙江本地种群(ZP)杂交,获得了 4 个杂交群体,A、B、C、D 分别为 BP(♀)与 ZP(♂)、ZP(♀)与 BP(♂)、ZP(♀)与 B(♂)、ZP(♀)与 A(♂)的杂交子一代。比较 BP、ZP、A、B、C、D 6 个不同群体的繁殖和生长性能。结果表明, BP、B、C、D 的抱卵率显著高于 ZP 和 A 群体, BP、A、B、D 平均出苗量显著高于 ZP 和 C 群体。在快速生长期(8 月 2 日至 9 月 28 日)BP 群体的生长速度显著高于 ZP、B、C 群体, A 群体显著高于 ZP、B 群体, D 群体显著高于 ZP 群体; 其他时期各群体间差异不显著。应用 SRAP(Sequence-related amplified polymorphism)对 BP、ZP、A、B、C、D 6 个不同群体的遗传多样性进行比较分析, 其多态位点比例分别是 60.3%、55.6%、60.7%、63.3%、61.9%、64.1%, 遗传多样性指数(H_0)分别为 0.185、0.175、0.196、0.192、0.193、0.197, 以上结果表明, 罗氏沼虾缅甸引进种的遗传多样性高于浙江本地种, 同时通过杂交可提高遗传多样性, 改良养殖性状。[中国水产科学, 2006, 13(4): 667-673]

关键词:罗氏沼虾; 繁殖性能; 生长速度; 杂交优势; SRAP; 遗传多样性

中图分类号: Q959.223; Q78 **文献标识码:** A **文章编号:** 1005-8737-(2006)04-0667-07

罗氏沼虾(*Macrobrachium rosenbergii*)隶属十足目(Decapoda), 长臂虾科(Palaemonidae), 沼虾属(*Macrobrachium*), 又名马来西亚大虾, 是淡水虾中主要养殖品种, 具有重要的经济价值。目前中国养殖的罗氏沼虾为 20 世纪 70 年代末至 80 年代初从马来西亚引进种的繁殖后代, 由于亲本长期得不到更新, 种质退化现象严重, 主要表现为生长速度缓慢、个体小型化、抗病抗逆能力下降和病害增多等^[1-3]。为此浙江南太湖淡水水产种业有限公司于 2002 年 5 月从缅甸引进一批罗氏沼虾, 通过和本地种的杂交, 以期改良原有的养殖品种。本研究对罗氏沼虾缅甸引进种和本地养殖种及其杂交后代的生长和繁殖性能进行分析和探讨, 并采用 SRAP 技术分析 6 个不同种群的遗传多样性指数(H_0), 旨在评估罗氏沼虾杂交改良效果和选育提供科学依据。

SRAP 标记技术是 2001 年 Li & Quiros^[4]首次提出的一种新的分子标记技术, 它针对基因外显子富含 GC, 而启动子、内含子富含 AT 的特点设计引物, 进行 PCR 扩增, 因不同个体的内含子、启动子与

间隔区长度不等而产生多态性。目前, 应用于遗传多样性分析的分子标记类型多样, 但各有其优缺点。如 RAPD 方法简单、成本低, 但重复性较差, 检测位点不多; SSR 多为共显性、重复性好, 但位点较少、引物开发成本高; AFLP 谱带多, 分析程序复杂、成本高, 有时需用到同位素, 而且甲基化敏感的限制酶因基因组 DNA 的甲基化可导致“假多态性”产生。SRAP 具有简便、稳定、中等产率、便于克隆测序等特点, 同时它针对基因组的编码区扩增, 可产生一定数量的共显性标记^[5]。目前已经在基因定位、基因克隆、生物多样性研究、遗传图谱构建、cDNA 指纹图谱、预测杂种优势、数量性状定位(QTL)、比较基因组学等诸多领域得到广泛应用^[4-15]。该标记已广泛应用于植物中, 但在动物中尚未见报道。本研究首次将 SRAP 技术应用于罗氏沼虾, 分析其不同种群间遗传多样性的差异。

收稿日期: 2005-08-01; 修订日期: 2005-12-11.

基金项目: 浙江省重大科技攻关项目(2003C12022).

作者简介: 周劲松(1979-), 男, 硕士研究生, 主要从事鱼类遗传育种研究。E-mail: zhouj@ffrc.cn

通讯作者: 吴婷婷。Tel: 0510-85554198. E-mail: wut@ffrc.cn

1 材料与方法

1.1 繁殖和杂交实验

实验在浙江南太湖淡水水产种业有限公司实验场进行。2002年该公司从缅甸引进罗氏沼虾。2003年分别进行引进种和本地种分别自交,获得2个自交群体简称BP和ZP,同年又进行正反交实验,即引进种(♀)×本地种(♂)、本地种(♀)×引进种(♂)的杂交,获得杂交一代,分别简称为A、B。2004年除重复以上4组实验,还同时进行了2组回交实验,即本地种的雌虾分别与A、B子代雄虾交配,获得回交后代(简称C、D,表1)。

表1 罗氏沼虾杂交育雏组合

Tab.1 Groups of *Macrobrachium rosenbergii* cross

序号 No.	亲本 Parents		后代简称 Offspring
	雌虾 Female	雄虾 Male	
1	引进种 Imported	引进种 Imported	BP
2	本地种 Local	本地种 Local	ZP
3	引进种 Imported	本地种 Local	A
4	本地种 Local	引进种 Imported	B
5	本地种 Local	A	C
6	本地种 Local	B	D

1.2 生长数据测定

2004年5月20日将表1中6个组合后代的仔虾分别放入2000 m²的池塘中养殖,饲养密度均为45尾/m²,采取相同的饲养管理,饲养期为157 d。放养后每2周测定1次体质量。由于8月2日前个体太小很难测定单个的体质量,采用测定10组,每组10尾虾的总体质量,然后计算平均每尾虾体质量。8月2日后,分别测定每组随机个体各60尾,分别记录各个体的体质量。

1.3 抱卵率和平均出苗数测定

2004年春,各组合亲虾按雌雄比为4:1分别放入繁殖池中,交配12 d后捞出,统计各组合的抱卵虾数,计算抱卵率:抱卵率=抱卵虾数/捞出雌虾数×100%。同时将各组的抱卵虾捞出,分别放入孵化池中,7 d后各组抱卵虾开始排出幼虾,结束后,统计各组合所得幼虾数,计算各组合的平均出苗数:平均出苗数=总出苗数(万尾)/抱卵虾数(尾)。

1.4 SRAP分析

1.4.1 DNA的提取 每个群体中各取30尾成虾,从每尾取肌肉约0.2 g,按杨弘等^[17]方法提取基因

组DNA。

1.4.2 引物合成 所用引物均由上海申能博彩生物公司合成,其序列见表2。

表2 SRAP引物及序列

Tab.2 Primers and sequences of SRAP

引物 Primers	序列 Sequence
正向引物 Forward primers	me1 5'-TGAGTCCAAACCGGATA-3'
	me2 5'-TGAGTCCAAACCGGAGC-3'
	me3 5'-TGAGTCCAAACCGGAAT-3'
	me4 5'-TGAGTCCAAACCGGACC-3'
	me5 5'-TGAGTCCAAACCGGAAG-3'
反向引物 Reverse primers	em1 5'-GACTGGGTACGAATTAAT-3'
	em2 5'-GACTGGGTACGAATTTGC-3'
	em3 5'-GACTGGGTACGAATTGAC-3'
	em4 5'-GACTGGGTACGAATTGA-3'
	em5 5'-GACTGGGTACGAATTAAC-3'
	em6 5'-GACTGGGTACGAATTGCA-3'

1.4.3 SRAP-PCR反应体系和扩增程序 参考Li和Quiros^[4]的反应体系和扩增程序,对6个群体进行SRAP-PCR扩增,反应在Eppendorf Mastercycler gradient扩增仪上进行。在引物筛选过程中,从6个群体中随机各取1尾虾的DNA作为模板,进行SRAP-PCR扩增。

1.4.4 SRAP产物的电泳检测和数据分析 SRAP-PCR产物通过6%(W/V)的聚丙烯酰胺凝胶电泳和硝酸银染色检测。

根据聚丙烯酰胺凝胶同一迁移位置上DNA条带的有无进行统计分析,有带的记作1,无带的记作0。根据SRAP扩增结果所统计的数据,计算各遗传变异参数。

多态位点比例 $P = \text{多态位点数} / \text{总位点数}$;

Shannon遗传多样性指数 $H_0 = - \sum (x_i \ln x_i) / n$, x_i 为位点在某种群中出现的频率, n 为检测到的位点总数。

1.5 统计分析方法

数据利用SPSS for Windows统计软件进行分析。所有数据首先采用单样本K-S检测,确认正态分布;不同时间的体重数据使用单因素方差分析(One-way ANOVA)和 t 检验来分析差异水平,其他数据使用卡方检验来评估差异水平;当 $P < 0.05$ 时,认为差异显著。

2 结果

2.1 生长比较

每2周测定6个组合的子代生长情况(表3)。整个生长期,在8月2日前(平均水温为24.5℃)各群体生长缓慢,差异不明显;8月2日至9月28日(平均水温为30.3℃)生长速度加快,各群体间显示生长差异;9月28日至10月24日(平均水温为

26.4℃)各群体的生长速度稍减慢,群体间差异变小。为此,对快速生长期(8月2日至9月28日)6个群体的增重率进行统计分析(表4)。从表4可以看出,BP群体显著高于ZP、B、C群体;A群体显著高于ZP、B群体。这表明A群体生长速度快,体现了杂交优势;D群体显著高于ZP群体,说明通过回交所获得的子代仍能保持杂交优势;其他群体间比较无显著差异。

表3 6组罗氏沼虾不同时期的平均体质量
Tab.3 Average body weight of 6 populations in different periods

测量时间/d Date	群体 Population					
	BP*	ZP	A	B	C	D
06-04	0.078	0.092	0.083	0.053	0.053	0.059
06-18	0.247	0.267	0.267	0.233	0.183	0.317
07-05	0.802	0.780	0.554	0.771	0.660	0.639
07-19	1.650	1.521	1.523	1.682	1.542	1.631
08-02	4.23±0.31 ^a	4.49±0.43 ^a	4.46±0.47 ^a	4.55±0.44 ^a	4.72±0.40 ^a	4.52±0.29 ^a
08-17	7.68±0.55 ^a	5.63±0.40 ^b	6.07±0.36 ^b	6.41±0.40 ^b	6.61±0.36 ^{ab}	6.01±0.52 ^b
08-31	9.98±0.82 ^a	6.29±0.43 ^b	8.24±0.46 ^{ab}	7.83±0.63 ^b	7.81±0.68 ^b	7.99±0.66 ^b
09-14	10.11±0.72 ^a	7.87±0.65 ^a	8.82±0.88 ^b	10.07±0.59 ^b	10.14±1.12 ^a	8.64±0.47 ^a
09-28	13.05±0.81 ^a	11.01±0.95 ^b	12.87±0.93 ^{ab}	11.33±0.81 ^b	11.97±1.13 ^{ab}	12.68±0.59 ^b
10-02	14.01±0.63 ^a	13.93±0.55 ^a	13.84±0.91 ^a	14.11±0.88 ^a	14.31±0.49 ^a	14.37±0.57 ^a
10-24	14.29±1.07 ^a	14.50±1.02 ^a	14.65±1.07 ^a	14.59±0.89 ^a	13.31±0.79 ^a	14.86±0.24 ^a

* 分组情况见表1,a,b标注表示差异显著。

* Group information in Tab.1. Noting with a and b means significant difference.

表4 6个群体的平均增重率的比较分析

Tab.4 Difference analysis of six populations in average ratio body of weight growth

组名 No. of groups	增重率/%	显著水平(P值) Significant level (P)				
		A	D	C	B	ZP
BP	209	0.316	0.156	0.040	0.020	0.010
A	189		0.667	0.059	0.030	0.016
D	181			0.140	0.078	0.046
C	154				0.774	0.603
B	149					0.816
ZP	145					

2.2 抱卵率和平均出苗量

6个群体的抱卵率和平均出苗量见表5。BP、ZP、A、B、C、D 6个群体的抱卵率分别为55.0%、24.7%、37.2%、47.3%、54.6%、67.3%,BP、B、C、D显著高于ZP和A群体;平均出苗量分别为1.02、0.56、1.04、0.94、0.68、0.90,BP、A、B、D显著高于

ZP和C群体。结果表明,抱卵率由高到低依次为D、BP、C、B、A、ZP,其中D最高为67.3%,ZP最低仅为27.4%;平均出苗量(万尾/雌虾)由高到低依次为A、BP、B、D、C、ZP,其中A最高为1.04,ZP最低为0.56。这表明通过杂交,可以提高罗氏沼虾本地种群的抱卵率和平均出苗量,提高养殖性能。

表5 罗氏沼虾6个组合的抱卵率和平均出苗量

Tab.5 Spawn rate and average zoea output of each group

交配组合 Group	亲本雌虾数量/尾 Female number	抱卵虾数量/尾 Number of spawn shrimp	抱卵率/% Spawning rate	亲本雌虾平均出苗量/万尾 Average zoea output
BP	1 728	951	55.0 ^a	1.02 ^a
ZP	864	213	24.7 ^a	0.56 ^a
A	1 340	498	37.2 ^{ab}	1.04 ^a
B	2 036	963	47.3 ^{ab}	0.94 ^a
C	1 728	944	54.6 ^a	0.68 ^a
D	1 728	116	67.3 ^a	0.90 ^a

* 分组情况见表1, a, b, c 标注表示差异显著。

* Group information in Tab.1. Noting with a, b and c means significant difference.

2.3 SRAP 引物筛选

从6个群体中各取1尾虾作为模板,采用Li和Quiros^[4]发表的30个引物组合,进行引物筛选,其中27对引物组合(90%)产生扩增带,共产生205条

多态性条带,每个引物可有2~19条多态性条带(表6),表明绝大部分组合可以作为罗氏沼虾SRAP-PCR的引物,且扩增条带清晰,多态性丰富(图1)。

表6 不同引物组合扩增多态位点数

Tab.6 Number of polymorphic sites with different primer combination

引物组合 Primer combination	多态位点数 Number of polymorphic sites	引物组合 Primer combination	多态位点数 Number of polymorphic sites
em1-me1	19	em4-me1	0
em1-me2	5	em4-me2	6
em1-me3	7	em4-me3	3
em1-me4	3	em4-me4	8
em1-me5	4	em4-me5	9
em2-me1	9	em5-me1	8
em2-me2	8	em5-me2	2
em2-me3	6	em5-me3	0
em2-me4	5	em5-me4	7
em2-me5	9	em5-me5	9
em3-me1	8	em6-me5	8
em3-me2	18	em6-me5	0
em3-me3	11	em6-me5	7
em3-me4	12	em6-me5	8
em3-me5	4	em6-me5	2

2.4 罗氏沼虾不同群体的遗传多样性分析

根据表4引物筛选结果,对罗氏沼虾的6个群体进行SRAP扩增(表7)。6个群体的多态位点比例分别是60.3%、55.6%、60.7%、63.3%、61.9%、64.1%,遗传多样性指数(H_0)分别是0.185、0.175、0.196、0.192、0.193、0.197。这表明BP群体的遗传多样性高于ZP群体,4个杂交群体均高于2个自交组合,其中尤以D群体最为突出(图2)。从图2可知,D群体的多态性明显高于C群体。这

说明长期人工养殖会导致罗氏沼虾遗传多样性下降,而通过杂交可提高其遗传多样性。

3 讨论

3.1 罗氏沼虾的杂交优势

杂交优势是生物界普遍存在的现象,利用杂交优势是改良当前水产品养殖性状的主要途径之一,在鲤(*Cyprinus carpio*)、罗非鱼(*Oreochromis aurea*)及贝类育种中已广泛应用^[21-23]。本研究进行

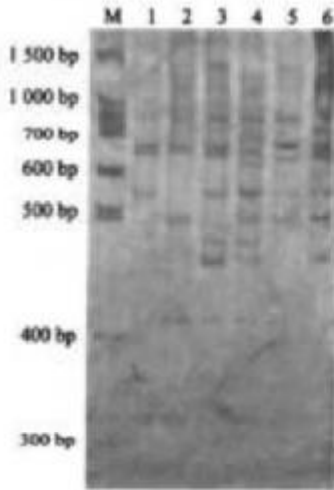


图1 em3-me4引物组合扩增图

M:100 bp ladder marker; 1-6:不同个体的扩增结果

Fig.1 SRAP patterns of em3-me4 primers

M:100bp ladder marker; lane 1-6: the results of SRAP of 6 different samples from 6 populations, respectively

的罗氏沼虾缅甸引进种群和本地种群的杂交及回交实验可看出,BP群体的生长速度、抱卵率、出苗量都显著高于ZP群体,体现缅甸引进种的种质优于浙江本地种。同时比较4个杂交群体的结果也可看出,A群体生长速度显著高于ZP群体,与BP群体无显著差异;B、C、D群体的抱卵率都显著高于ZP群体;A、B、D群体的平均出苗量都显著高于ZP群体,说明通过杂交可以改善本地种的养殖特性,但各群体养殖特性的改善程度不同,其机理有待进一步研究。

本研究同时利用SRAP标记技术研究罗氏沼虾6个不同群体的遗传多样性,阐明了缅甸引进种群体高于浙江本地种群体,这与有些研究者的结果一致^[18-21]。表明在人工养殖条件下,由于长期近亲交配会导致罗氏沼虾遗传多样性下降。而且4个杂交群体多样性均高于浙江本地群体,从分子角度进一步证明通过杂交可提高罗氏沼虾的遗传多样性。

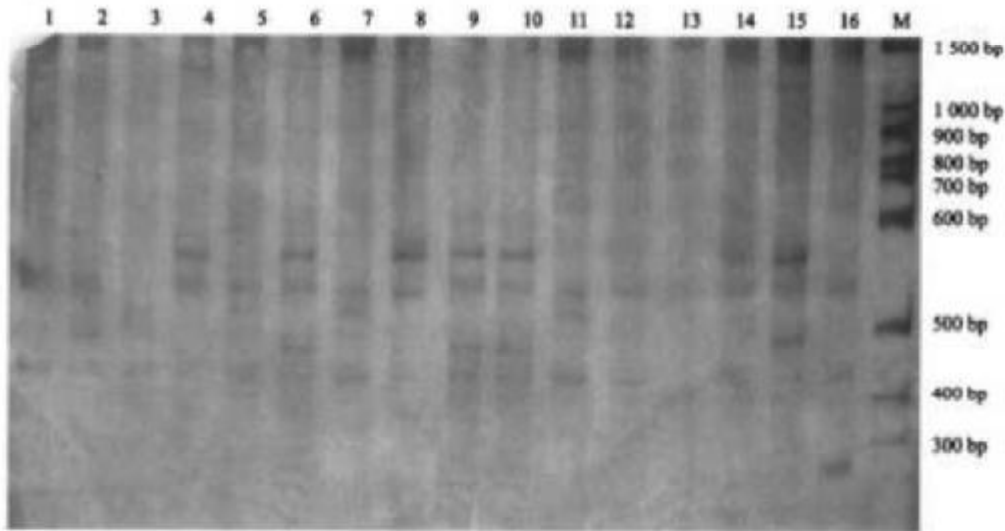


图2 em3-me4引物对C、D群体的SRAP扩增图

M:100 bp ladder marker; 1-8: D群体的扩增结果,9-16 C群体的扩增结果

Fig.2 SRAP patterns of C and D using em3-me4 primers

M:100bp ladder marker; lane 1-8: the results of SRAP of Group D, and 9-16: the results of SRAP of Group C

3.2 SRAP 标记的应用前景

SRAP 标记技术已成功用于多种植物中,如甘蓝(*Brassica Oleracea* L.)^[4,6-7]、水牛草[*Buchloe dactyloides* (Nutt.) Englem]^[8-11]、辣椒(*Cap-sicum annuum* L.)^[12]、黄瓜[*Cucumis sativus* L.]^[13]、棉花(*Gossypium hirsutum* L.)^[5,14]、甜瓜

(*Cucurbita pepo*)^[15]等,均显示出很高的多态性,可以作为遗传多样性评价、品种鉴定、遗传图谱构建和研究系统发生的有效工具。但在动物中未见报道,本研究首次利用SRAP技术分析了罗氏沼虾6个群体的遗传多样性,其多态位点比例在55.6%~64.1%,主要条带集中在150~700bp,平均每个引

表7 6个罗氏沼虾不同群体的多态位点比例和遗传多样性指数
Tab.7 Proportion of polymorphic loci and Shannon Index (H_0) in 6 different populations of *M. rosenbergii*

群体 Population	总扩增位点数 Total loci	多态位点数 Morphologic loci	多态位点比例/% Proportion of polymorphic loci	遗传多样性指数 Shannon index H_0
BP	63	38	60.3	0.185
ZP	63	35	55.6	0.175
A	61	37	60.7	0.196
B	60	38	63.3	0.192
C	63	39	61.9	0.193
D	64	41	64.1	0.197

物可扩增出 6.8 个多态位点,这与 Ferriol 等^[15]研究的结果相似。相对于李明云等^[20-22]利用 RAPD 标记对罗氏沼虾缅甸引进种群和浙江本地种群体的遗传多样性分析,SRAP 分析得到的多态位点比例和 shannon 遗传多样性指数均较高。表明 SRAP 的扩增产率、多态性水平相对比较高的特点。Ferriol 等^[15]在对甜瓜的遗传多样性研究同样显示,SRAP 优于 AFLP。而且 SRAP 标记针对 ORFs (open reading frames, 开放阅读框)进行扩增,而 ORFs 是基因的重要组成部分,基因的多态性更能反应资源的多样性,因此它相对其他分子标记更能反映表型的多样性和进化历史^[14-15]。目前 SRAP 引物组合已经发展到 238 对(正向引物 14 条,反向引物 17 条)^[5],照此计算可扩增出约 1 600 个多态位点,这势必为罗氏沼虾遗传图谱的构建, QTL 定位提供可靠的分子标记。

参考文献:

- [1] 史建华,肖 雨,徐翠英. 罗氏沼虾引种复壮技术的研究[J]. 水产科技情报, 2001, 28(2): 64-67.
- [2] 陈宗永. 罗氏沼虾亲虾质量差和数量不足的成因与对策探讨[J]. 广西水产科技, 2000, (8): 26-28.
- [3] 相建海. 海洋动物细胞和种群生化遗传学[M]. 济南: 山东科学技术出版社, 1999. 6-7.
- [4] 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* [J]. Theor Appl Genet, 2001, 103: 455-461.
- [5] Lin Z, He D, Zhang X, Nie Y, et al. [J]. Plant Breeding, 2005, 124(2): 180-187.
- [6] Li G, Gao M, Yang B, Quiros CF. Gene for gene alignment between the *Brassica* and *Arabidopsis* genomes by direct transcritptome mapping[J]. Theor Appl Genet, 2003, 107(1): 168-180.
- [7] Riaz A, Li G, Quresh Z. Genetic diversity of inbred *Brassica napus* inbred lines based on sequence-related amplified polymorphism and its relation to hybrid performance[J]. Plant Breeding, 2001, 120(5): 411-415.
- [8] Budak H, Shearman R C, Parmakias I, et al. Molecular characterization of *Buffalograss* germplasm using sequence-related amplified polymorphism markers[J]. Theor Appl Genet, 2004, 108(2): 328-334.
- [9] Budak H, Shearman R C, Gausman R E, et al. Application of sequence-related amplified polymorphism (SRAP) markers for characterization of cool and warm season turfgrass species[J]. Hort Science, 2004, 39: 955-958.
- [10] Budak H, Shearman R C, Parmakias I, et al. Comparative analysis of seeded and vegetative biotype buffalograss based on phylogenetic relationship using ISSRs, SSRs, RAPDs, SRAPs [J]. Theor Appl Genet, 2004, 109: 280-288.
- [11] Gulen O, Shearman R C, Vogel K P, et al. Nuclear genome diversity and relationships among naturally occurring buffalograss genotypes determined by sequence-related amplified polymorphism markers[J]. HortScience, 2005, 40(1): 537-541.
- [12] 任 羽, 王得元, 张福东, 等. 辣椒 SRAP-PCR 反应体系的建立与优化[J]. 分子植物育种, 2004, 2(5): 689-693.
- [13] Pan J S, Wang G, Li X Z, et al. Construction of a genetic map with SRAP markers and localization of the gene responsible for the first-flower-node trait in cucumber (*Cucumis sativus* L.) [J]. Progress in Natural Science, 2005, 15(5): 407-413.
- [14] Lin Z X, Zhang X L, Nie Y C, et al. Construction of a genetic linkage map for cotton based on SRAP[J]. Chinese Science Bulletin, 2003, 48(19): 2063-2067.
- [15] Ferriol M, Pico B, Nuez F. Genetic diversity of a germplasm collection of *Cucurbita pepo* using SRAP and AFLP markers [J]. Theor Appl Genet, 2003, 107(2): 271-282.
- [16] 杨 弘, 夏德全, 刘 雷, 等. 奥利亚罗非鱼(♀)、暹罗(♂)及其子代间遗传关系的研究[J]. 水产学报, 2004, 28(5): 594-598.
- [17] 董在杰, 夏德全, 吴婷婷, 等. 兴国红鲤和散精鲤杂交种优势的 RAPD 分析[J]. 上海水产大学学报, 1999, 8(1): 31-35.

- [18] 夏德全, 曹 莹. 罗非鱼杂交 F1 代与亲本的遗传关系及其杂种优势的利用[J]. 中国水产科学, 1999, 6 (4): 29-32.
- [19] 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.
- [20] 李明云, 张海琪, 朱俊杰, 等. 罗氏沼虾浙江养殖群体与缅甸自然群体遗传变异的 RAPD 分析[J]. 水产学报, 2004, 28 (4): 360-364.
- [21] 张海琪, 何中央, 徐晓林, 等. 罗氏沼虾不同群体生化遗传变异的比较分析[J]. 西南农业大学学报(自然科学版), 2004, 26(5): 632-639.
- [22] 张海琪, 何中央, 徐晓林, 等. 罗氏沼虾缅甸野生群体和浙江养殖群体的遗传多样性比较[J]. 中国水产科学, 2004, 11 (6): 506-512.

Study on hybrid of burma introduced and Zhejiang locally-cultured populations of giant prawn *Macrobrachium rosenbergii* de man and SRAP marker

ZHOU Jin-song^{1,2}, CAO Zhe-ming¹, YANG Guo-liang³, LI Jian-lin¹, ZHANG Zhi-wei², WU Ting-ting¹

(1. Freshwater Fisheries Research Center of the Chinese Academy Of Fishery Sciences, Wuxi, 214081, China; 2. Nanjing Agriculture University, Wuxi Fishery College, Wuxi 214081, China; 3. Zhejiang South Taihu Lake Freshwater Fish Breeding Co., Ltd, Huzhou, 313001, China)

Abstract: Giant freshwater prawn (*Macrobrachium rosenbergii*) belongs to *Macrobrachium*, Decapoda, Palaemonidae. It is one of the most popular freshwater prawns cultivated in China after introduced from Malaysia last century. However, their producing traits were degenerated apparently because of inbreeding for twenties years. So we imported some prawns from Burma to mate with the Zhejiang cultured populations to improve their culture characters. Four populations, designated A, B, C and D, were obtained respectively from crossings between Burma introduced population (BP)(♀) and Zhejiang cultured population (ZP)(♂), ZP(♀) and BP(♂), ZP(♀) and B(♂), ZP(♀) and A(♂). In the study, six populations (BP, ZP, A, B, C and D) were compared on the ability of reproduction and the growth velocity. The results demonstrated the egg-carrying capability of BP, B, C and D was significantly higher than ZP and BP, the average zoea output of BP, A, B and D was significantly higher than that of ZP and C. During the rapid growth period (from Aug 2 to Sep 28), the growth velocity of BP was significantly higher than that of ZP, B and C, A grew significantly faster than ZP and B, D significantly faster than ZP, and no significant difference between the other populations was found. It is the first report of application of SRAP (sequence-related amplified polymorphism) to make a comparative analysis on genetic diversity of giant freshwater prawn among six groups (BP, ZP, A, B, C and D). The proportion of polymorphic loci was 60.3%, 55.6%, 60.7%, 63.3%, 61.9% and 64.1% in six populations and Shannon index H_o was 0.185, 0.175, 0.196, 0.192, 0.193 and 0.197, respectively. It suggests that the genetic diversity of introduced population is higher than that of cultured population. All the results above mentioned demonstrated that the genetic diversity and cultural traits could be improved by crossing with the introduced population. And the SRAP markers identified in this study can provide a useful reference for future giant freshwater prawn breeding efforts. [Journal of Fishery Sciences of China, 2006, 13(4): 667-673]

Key words: *Macrobrachium rosenbergii*; reproductive ability; growth velocity; genetic diversity; SRAP; genetic diversity

Corresponding author: WU Ting-ting. E-mail: wutt@ffrc.cn