

草鱼野生群体和人工繁殖群体遗传结构的比较研究

张志伟¹, 韩曜平², 仲霞铭¹, 张志勇¹, 曹哲明³, 吴婷婷³

(1. 江苏省海洋水产研究所, 江苏 南通 226007; 2. 常熟理工学院, 江苏 常熟 215500; 3. 中国水产科学研究院 淡水渔业研究中心, 江苏 无锡 214081)

摘要:采用新型分子标记 SRAP (Sequence-related amplified polymorphism) 对草鱼 (*Ctenopharyngodon idella*) 1 个野生群体 (来自邗江草鱼国家级原种场) 和 2 个人工繁殖群体 (分别来自淡水中心良种场和无锡前洲水产良种场) 进行遗传多样性分析, 从不同引物组合中筛选出 8 组条带清晰、多态性丰富的引物组合, 每个引物组检测到的位点数为 12~21 个, 在 3 个草鱼群体中共检测到 120 个位点, 其中多态性位点有 92 个, 多态位点比例为 76.67%, 显示了较高的多态性。野生群体与 2 个人工繁殖群体多态位点比例分别为 67.62%、59.81%、53.33%, 平均杂合度分别为 0.214 3、0.211 0、0.172 2; 邗江野生群体与 2 个人工繁殖群体间的遗传距离分别为 0.098 0、0.115 9, 两个人工繁殖群体间遗传距离为 0.095 9。结果表明, 草鱼人工繁殖群体遗传多样性有所下降。比较各扩增位点显性基因型频率在不同区间的分布发现, 人工繁殖群体低频位点明显减少而隐性纯合基因位点显著增加。[中国水产科学, 2007, 14 (5): 720-725]

关键词: 草鱼; 野生群体; 人工繁殖群体; 遗传结构; SRAP

中图分类号: S96 文献标识码: A 文章编号: 1005-8737-(2007)05-720-06

草鱼 (*Ctenopharyngodon idella*) 广泛分布于中国的江河湖泊中。因其草食性、生长快、肉质鲜美等特点, 是优良的淡水养殖品种。中国具有悠久的草鱼养殖历史, 但迄今为止草鱼在中国尚未形成人工选育的优良品系, 这是由于草鱼的繁殖周期过长、亲鱼个体大等特殊原因造成的。几乎所有的草鱼养殖场面面临着有效繁殖群体过小、近亲交配、逆向选择等问题。人工繁殖的草鱼苗种由于亲本的多代近亲交配, 已出现严重退化现象如性成熟提早、个体变小、抗病能力差等^[1-3], 导致草鱼的经济性状衰退和基因库的萎缩, 这些问题严重制约了草鱼养殖的进一步发展。在野生草鱼的遗传资源中, 可能隐藏着大量的抗病基因、促生长基因、抗逆基因等。如何在比较草鱼野生群体和人工繁殖群体间遗传结构差异的基础上, 寻找这些与生长、抗病、抗逆相关的基因, 解决草鱼养殖性状退化的问题是水产养殖业当前迫切需要解决的问题。

SRAP (Sequence-related amplified polymorphism)^[4]是一种新型分子标记, 该技术具有独特的引物设计原则: 上、下游引物由核心序列和 3 个选择性碱基组成, 其中核心序列含非特异性填充序列

(Filler sequence) 和特异性序列两部分, 上游引物长 17 bp (10 bp 填充序列 + CCGG + 3 个选择碱基), 可以特异性结合在基因的外显子或启动子区域; 下游引物长 18 bp (11 bp 填充序列 + AATT + 3 个选择碱基), 可特异地与基因的内含子配对。由于个体的内含子、启动子与间隔区长度不等而产生多态性扩增产物。该方法采用的引物较长, 退火温度较高, 从而增加了其稳定性, 具有简便、稳定、产率高、适用广泛和便于克隆目标片段的优点。已广泛应用于多种作物图谱构建^[5-7]、比较基因组学^[8-10]和遗传多样性分析中^[11-12]。但该技术应用于水产养殖动物草鱼的有关研究国内外尚未见相关报道。本研究在确定该技术对草鱼遗传多样性分析适用性的基础上, 通过比较草鱼野生群体和人工繁殖群体的遗传结构差异, 从分子水平探讨草鱼遗传物质的变化, 为解释草鱼养殖性状退化提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料来源

2004 年底采样, 样品均为 2 龄草鱼, 体质量为 0.52~0.89 kg; 体长 34.7~43.2 cm, 野生群体 (HJ)

收稿日期: 2006-12-27; 修订日期: 2007-03-01.

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (30471343).

作者简介: 张志伟 (1977-), 男, 博士, 主要从事水产生物遗传育种与生物技术的研究. Tel: 0513-85228267; E-mail: zhzhwei2005@126.com

采自江苏邗江四大家鱼国家级原种场,将2003年5月长江下游围网捕获的野生草鱼鱼苗养殖至2龄,取20尾剪取鳍条用70%的酒精固定,备用;淡水渔业研究中心试验场的人工繁殖群体(YC)为2003年5月购自国营常熟水产养殖场草鱼鱼苗5000尾养殖而成,其亲本是2001年从邗江四大家鱼原种场购进的野生成鱼;无锡前洲水产良种场的人工繁殖群体(QZ)是2003年底从苏北养殖场购进的1万尾草鱼夏花养殖而成,苏北养殖场的亲本是1995年自邗江四大家鱼原种场购进成鱼40尾,1999年又挑选自繁后代补充亲本20尾。每个人工繁殖群体随机各取20尾,养殖草鱼尾鳍静脉抽血,加入抗凝剂,4℃冰箱中静置2h,沉淀血细胞。

1.2 基因组 DNA 提取

取约0.1g鳍条用双蒸水冲洗,用滤纸吸干剪碎后放入1.5mL的离心管;血液样品则取约20μL的血细胞,分别加入450μL STE缓冲液(150mmol/L NaCl, 50mmol/L Tris, 1mmol/L EDTA), 12.5μL的10% SDS, 10μL蛋白酶K(20mg/mL)混匀,55℃消化过夜,用苯酚、氯仿各抽提1次,等体积的异丙醇沉淀,12000r/min离心30min,沉淀用70%的乙醇洗2次,再用30μL双蒸水溶解,在0.8%的琼脂糖凝胶上检测DNA的质量和浓度。

1.3 SRAP 引物序列

SRAP引物序列参考Li等^[4,7](表1),由上海申能博彩生物科技有限公司合成。

表1 SRAP 引物序列

Tab.1 Sequence of SRAP primers

正向引物 Forward primer	序列 Sequence(5' - 3')	反向引物 Reverser primer	序列 Sequence(5' - 3')
me1	TGAGTCCAAACCGGATA	em1	GACTGCGTACGAATTAAT
me2	TGAGTCCAAACCGGAGC	em2	GACTGCGTACGAATTTGC
me3	TGAGTCCAAACCGGAAT	em3	GACTGCGTACGAATTGAC
me4	TGAGTCCAAACCGGACC	em4	GACTGCGTACGAATTTGA
me5	TGAGTCCAAACCGGAAG	em5	GACTGCGTACGAATTAAC
me6	TGAGTCCAAACCGGTAA	em6	GACTGCGTACGAATTGCA
me7	TGAGTCCAAACCGGTCC	em7	GACTGCGTACGAATTCAA
me8	TGAGTCCAAACCGGTGC	em8	GACTGCGTACGAATTCTG
		em9	GACTGCGTACGAATTCGA
		em10	GACTGCGTACGAATTCAG
		em11	GACTGCGTACGAATTCCA

1.4 电泳分析

扩增产物先在2%的琼脂糖凝胶上电泳,EB染色,检测扩增产物的有无,然后用6.5%的聚丙烯酰胺凝胶电泳,银染显色,拍照,记录数据。

1.5 数据处理

对显色后的图谱进行统计,每一条带视为一个位点,有带记为1,无带记为0,转换成数字矩阵再进行分析,选择基因频率作为比较指标,用PopGene32(Version 1.31)进行分析。测量Marker各条带及检测到的每个位点的迁移距离,用SPSS回归分析估测位点大小与迁移率之间的函数关系,根据函数关系计算每个扩增位点的大小。统计相应结果。相关计算公式如下:

(1)多态位点比例: $P_i = m_i / m$

其中: m_i 为多态位点数, m 为总位点数。

(2)隐性等位基因a的基因频率 q 是根据群体中隐性纯合个体(即对应某一扩增位点,不出现该扩增带的个体)频率的平方根计算而来,对应的显性等位基因A的基因频率 $p = 1 - q$ ^[13]

文中提到的基因频率均为每位点显性等位基因的基因频率。

(3)遗传相似系数 $S_{ij} = N_{ij} / [N_i + N_j + N_{ij}]$ ^[14]

(4)相对遗传距离 $D_{ij} = -\ln(S_{ij} / \sqrt{S_i S_j})$ ^[15]

其中: S_{ij} 为任意两个个体间的遗传相似系数, N_{ij} 为 i 个体和 j 个体共享位点数, N_i 、 N_j 分别为 i 个体和 j 个体各自扩增的位点总数。群体间的遗传相似系数为两群体任意两个体遗传相似系数的平均数。 S_{ij} 为两群体间的遗传相似系数; S_i 、 S_j 分别表示群体 i 和群体 j 的遗传相似系数。

2 结果与分析

2.1 不同引物组合对 3 个草鱼群体的扩增结果

从 88 组引物中,筛选出 8 组引物可获得条带清晰、重复性强、多态性好的扩增结果,每组引物对草

鱼 3 群体扩增均可产生 12~21 个扩增位点,片段大小在 110~950 bp,部分扩增图谱如图 1 所示,平均每组引物可以产生 15 个位点(表 2),这表明 SRAP 技术可以成功应用于草鱼遗传多样性的分析。

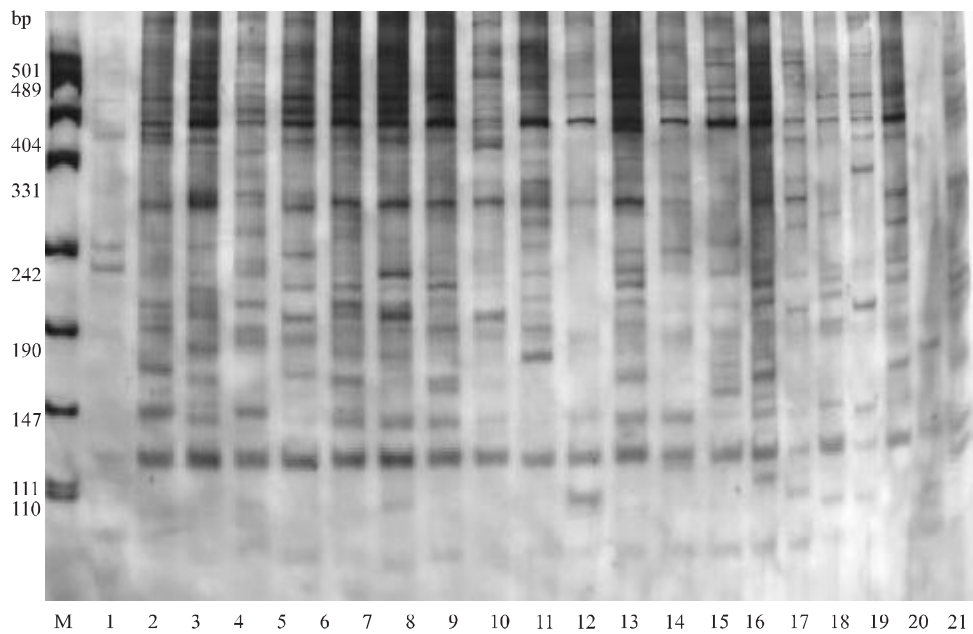


图 1 引物组合 me3-em4 对草鱼 3 群体的扩增结果

注:M: pUC19 DNA /MspI; 1~7: HJ 群体; 8~14: YC 群体; 15~21: QZ 群体.

Fig.1 Result of PCR-amplification from primer combinations of me3-em4 in three *C. idella* populations

Note: M: pUC19 DNA /MspI; 1 - 7: HJ population; 8 - 14: YC population; 15 - 21: QZ population.

表 2 草鱼 3 群体扩增位点数、多态位点比例

Tab.2 Number of amplified loci and percentages of polymorphic loci in three *C. idella* populations

引物组 Primer combination	HJ 群体 HJ population		YC 群体 YC population		QZ 群体 QZ population		总群体 Total population	
	位点总数 Loci	多态位点 Polymorphic loci	位点总数 Loci	多态位点 Polymorphic loci	位点总数 Loci	多态位点 Polymorphic loci	位点总数 Loci	多态位点 Polymorphic loci
me1-em1	13	7	11	6	12	6	13	8
me1-em3	9	6	12	8	11	8	12	10
me1-em5	21	12	19	11	18	11	21	14
me1-em6	12	10	12	8	11	8	12	10
me2-em9	11	9	13	7	14	7	17	12
me3-em2	14	8	13	6	13	6	17	15
me3-em4	14	11	16	9	14	9	16	13
me3-em6	11	8	11	9	12	9	12	10
总计 Total	105	71	107	64	105	64	120	92
多态位 点比例 Percentage of polymorphic loci		67.62%		59.81%		53.33%		76.67%

2.2 草鱼 3 群体扩增位点显性基因型频率的分布规律

参照张全启等^[16]的方法,将 120 个扩增位点的显性基因型频率以 15% 为单位划分区间,0 和 100% 分别设为单独的区间,这样共设 8 个区间,统计各扩增位点显性基因型频率在各区间的分布。结果表明,YC 和 QZ 两个养殖群体在不同区间变化规律基本相同,在 0 和 100% 区间位点数较多,其他区间位点数较少,不同区间位点数的分布基本一致,表明两个养殖群体遗传结构很相近;但不同于 HJ 野生群体,比较发现,在 0~15% 区间两个养殖群体多态位点显著少于 HJ 野生群体,位点数分别为 HJ 群体 24 个、YC 群体 9 个、QZ 群体 10 个,而 0 和 100% 区间养殖群体位点数均显著多于野生群体(χ^2 检验, $P<0.05$),其他区间养殖群体与 HJ 野生群体间的位点数分布无显著差异(图 2)。这表明在养殖群体中低频位点明显减少,而隐性纯合基因位点显著增加。

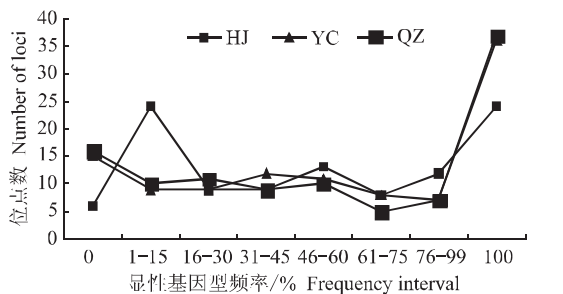


图2 草鱼 3 群体扩增位点数在不同显性基因型频率区间内的分布

Fig.2 Distributions of amplified loci of three *C. idella* populations in different frequency intervals

2.3 草鱼 3 群体杂合度及遗传距离

杂合度又称基因多样性,反映群体在数个基因座位上的遗传变异,一般认为它是度量群体遗传变异的一个最适参数,其大小可以反映群体遗传变异的高低。由表 3 可见,草鱼邗江野生群体杂合度更高,遗传多样性最为丰富,两个养殖群体的杂合度则相对较低。Shannon-wiener 多样性指数同样也可反映群体遗传多样性,该参数同样以野生群体为最高。依据 Nei^[15]的方法由各座位等位基因频率计算 3 个群体间的遗传相似系数及遗传距离,同时,根据文献[13]计算偏差校正后的值(表 4),HJ 野生群体与 QZ 养殖群体间的遗传距离最大 0.1159,而 YC 和 QZ

两个养殖群体间的遗传距离最小 0.0959,HJ 野生群体与 QZ 群体间遗传距离居中。说明养殖群体遗传分化较严重,存在遗传多样性下降的现象,同时验证了杂合度降低的结论。

表 3 草鱼 3 群体遗传杂合度与基因多样性指数

Tab.3 Genetic heterozygosity and gene diversity in each population of *C. idella*

群体 Population	杂合度 Heterozygosity	Shannon-wiener 指数 Shannon-wiener index
HJ	0.214 3	0.313 9
YC	0.211 0	0.310 4
QZ	0.172 2	0.261 8

表 4 草鱼 3 群体间的遗传相似系数及群体间的遗传距离

Tab.4 Intra-population genetic similarity and relativegenetic distances among three populations of *C. idella*

	Nei (1975)			Nei (1972)		
	HJ	YC	QZ	HJ	YC	QZ
HJ	****	0.906 7	0.890 5	****	0.886 8	0.872 2
YC	0.098 0	****	0.908 5	0.120 1	****	0.889 2
QZ	0.115 9	0.095 9	****	0.136 7	0.117 5	****

注:表中对角线上方为遗传相似系数,下方为遗传距离。
Note: Genetic similarity above diagonal and genetic distance below diagonal.

3 讨论

3.1 SRAP 在草鱼遗传多样性研究中的适用性分析

SRAP (序列相关扩增多态) 由于其独特的引物设计原则,以及简便、稳定、产率高、适用广泛、便于克隆目标片段等优点,已被广泛应用于作物种质资源研究。林忠旭等^[5]采用 30 个 SRAP 引物组合对棉花的两个品种进行了比较扩增,同时运用该技术对 11 份陆地棉材料进行了遗传多样性检测,显示了较高的多态性。潘俊松等^[6]运用 SRAP 标记构建了黄瓜的分子遗传连锁图谱,同时将始花节位性状控制基因定位在了第 IX 连锁群上。Riaz 等^[17]用 SRAP 技术鉴定油菜的保持系和恢复系的遗传多样性,结果几乎和传统的系谱分类一致。Ferriol 等^[18]用此技术评价 69 份西葫芦的遗传多样性,将其分成两个亚种 8 个生态型,并与 AFLP 标记比较,发现在生态型变异性和生态型进化史上比 AFLP 更具有一致性。Li 等^[19]用 SRAP 标记研究拟南芥和甘蓝的同源性时,结果发现这两种植物的染色体片段的序

列有很高的同源性。本研究采用了稳定性强、重复性高的 SRAP-PCR 反应体系,结果显示该标记同样适用于草鱼遗传多样性研究。

3.2 草鱼野生群体与人工繁殖群体间遗传分化

有关草鱼遗传多样性的研究报道^[3,20-22]很多,薛国雄等^[20]用 RAPD 的方法研究了长江水系草鱼的遗传多样性,结果发现每一水系的草鱼种群均有其特征基因图谱;廖小林等^[21]运用微卫星 DNA 技术分析了长江水系四川宜宾、湖北嘉鱼、鄱阳湖、洞庭湖 4 个草鱼群体的遗传多样性,结果发现长江水系草鱼目前群体分化很微弱,这与张四明等^[22]的研究结果一致,推测可能与地理距离较近和基因交流频繁有关。但有关草鱼野生群体与养殖群体遗传多样性比较的报道并不多,杨学明等^[3]用完全随机区组设计的方法在 3 个池塘中进行了源于长江的鲢、草鱼原种与封闭人工繁殖群体 F₃ 代 1 龄鱼种阶段的生长比较实验和遗传变异分析。结果发现,封闭人工繁殖群体在生长性能上不如原种,在遗传上已出现有别于原种种群的变化,吴力钊等^[23]也发现类似结果;张德春等^[24]运用 40 个 10 bp 随机引物对长江中游草鱼自然群体和草鱼人工繁殖群体进行了 RAPD 分析,结果表明,人工繁殖草鱼群体的遗传变异度和 Shannon 表型多样性指数均明显低于长江自然繁殖群体。

由于同工酶多态检出率相对较低,RAPD 不稳定等技术上的缺陷,采用稳定性强、产率高的标记对草鱼野生群体与人工繁殖群体遗传结构进行比较显得尤为必要。本研究确定了 SRAP 技术对草鱼遗传多样性研究的适用性,并选择扩增位点相对丰富的 8 组引物对草鱼 1 个野生群体和 2 个人工群体遗传多样性进行了比较,发现 3 群体的多态位点比例分别为 67.62%、59.81%、53.33%;平均杂合度分别为 0.214 3、0.211 0、0.172 2。结果显示,与 HJ 野生群体相比,YC 和 QZ 2 个养殖群体多态位点比例、杂合度有不同程度的下降,说明在人工养殖的条件下,草鱼养殖群体存在遗传多样性下降的现象,这与张志伟等^[25-26]研究结果一致,吴力钊等^[27]在研究长江中游鲢鱼天然种群的遗传结构及变异时也发现类似现象,推测主要是由于在人工繁殖过程中一些不合理因素(如繁殖亲鱼数量太少、近亲繁殖、定向选择等)造成的。统计各扩增位点显性基因型频率在各区间的分布,发现养殖群体中低频位点显著减少,而隐性纯合基因位点显著增加,表明草鱼养殖群

体遗传结构有别于草鱼野生群体。推测造成养殖群体遗传结构变化的原因主要有以下两点:一方面由于受生产条件和生产规模的限制,养殖场保存亲本数量较少,有的养殖场自繁后代留做亲本回交或兄妹交现象严重,而同胞间的交配则是最强的近亲繁殖系统;同时由于人工催产劳动强度大,苗种的市场需求不稳定等因素,保种的亲本不一定每次都进行人工繁殖,人工繁殖的亲本很难做到随机交配,致使一部分座位发生重组,部分等位基因消失;另一方面,人工养殖群体生活环境发生了改变,在缺乏自然选择压力的情况下,为适应人工高密度饲养的新环境,养殖群体出现种质上的同质化,致使部分等位基因丢失。

参考文献:

- [1] 廖亚明,刘金炉,汤学林.浅析“四大家鱼”性状退化的原因及重视种质保护的建议[J].水产科技情报,1994,21(2):62-63.
- [2] 刘绍平,邱顺林,陈大庆,等.长江四大家鱼种质资源保护与利用[J].长江流域资源和环境,1997,6(2):127-131.
- [3] 杨学明,李思发.长江鲢、草鱼原种—人繁群体生长差异与生化遗传变化[J].中国水产科学,1996,3(4):1-10.
- [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] 林忠旭,张献龙,聂以春.新型标记 SRAP 在棉花 F₂ 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.
- [6] 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].自然科学进展,2005,15(2):167-172.
- [7] 柳李旺,龚义勤,黄浩,等.新型分子标记 TRAP 与 SRAP 及其应用[J].遗传,2004,26(5):777-781.
- [8] Snowdon R J, Friedt W. Molecular markers in *Brassica* oilseed breeding: current status and future possibilities [J]. Plant Breeding, 2004, 123: 1-8.
- [9] 吴伟怀,王玲,何艺郡,等.稻瘟病菌群体的分子遗传学研究—广东省与江苏省稻瘟病菌群体遗传及致病型结构的比较分析[J].中国农业科学,2004,37(11):1628-1635.
- [10] 于拴仓,柴敏,赵泓,等.栽培番茄与秘鲁番茄种间杂种的 DNA 指纹鉴定[J].分子植物育种,2005,3(1):61-65.
- [11] 潘庆华,胡铁柱,王玲,等.稻瘟病菌群体的分子遗传学研究—广东地区特异性宗谱菌株的分子指纹和致病型分析[J].中国农业科学,2004,37(1):57-64.
- [12] Ferriol M, Pico B, Cordova F P, et al. Molecular diversity of a germplasm collection of squash (*Cucurbita moschata*) determined by SRAP and AFLP markers [J]. Crop Sci, 2004, 44: 653-664.

- [13] Nei M. Molecular Population Genetics and Evolution [M]. Amsterdam: North-Holland Publishing Company, 1975.
- [14] Jaccard P. Nouvelles recherches sur la distribution florale [M]. Bulletin de la Socit Vaudoise des Sciences Naturelles, 1908, 44: 223 – 270.
- [15] Nei M. Genetic distance between populations [J]. Amer naturalist, 1972, 106: 283 – 292.
- [16] 张全启, 徐晓斐, 齐洁, 等. 牙鲆野生群体和养殖群体的遗传多样性分析 [J]. 中国海洋大学学报, 2004, 34 (5): 816 – 820.
- [17] Riaz A, Li G, Quresh Z, et al. Genetic diversity of oilseed *Brassica napus* inbred lines based on sequence – related amplified polymorphism and its relation to hybrid performance [J]. Plant Breed, 2001, 120 (5): 411 – 415.
- [18] 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.
- [19] Li G, Gao M, Yang B, et al. Gene for gene alignment between the Brassica and Arabidopsis genomes by direct transcriptome mapping [J]. Theor Appl Genet, 2003, 107 (1): 168 – 180.
- [20] 薛国雄, 刘赫, 刘洁. 三江水系草鱼 RAPD 分析 [J]. 中国水产科学, 1998, 5 (1): 1 – 5.
- [21] 廖小林, 俞小牧, 谭德清. 长江水系草鱼遗传多样性的微卫星 DNA 分析 [J]. 水生生物学报, 2005, 29 (2): 113 – 118.
- [22] 张四明, 邓怀, 汪登强. 长江水系鲢和草遗传结构和变异的 RAPD 研究 [J]. 水生生物学报, 2001, 25 (4): 324 – 330.
- [23] 吴力钊, 王祖熊. 长江中游草鱼天然种群的生化遗传结构及变异 [J]. 动物学报, 1992, 19 (3): 221 – 227.
- [24] 张德春, 余来宁, 方耀林. 草鱼自然群体和人工繁殖群体遗传多样性的研究 [J]. 淡水渔业, 2004, 34 (4): 5 – 8.
- [25] 张志伟, 曹哲明, 杨弘, 等. 草鱼野生和养殖群体遗传变异的微卫星分析 [J]. 动物学研究, 2006, 27 (2): 189 – 196.
- [26] 张志伟, 曹哲明, 周劲松, 等. 不同种群草鱼遗传结构的 TRAP 分析 [J]. 农业生物技术学报, 2006, 14 (4): 517 – 521.
- [27] 吴力钊, 王祖熊. 长江中游鲢鱼天然种群的生化遗传结构及变异 [J]. 水生生物学报, 1997, 21 (2): 157 – 162.

Genetic structure analyses of grass carp populations between wild and cultured ones

ZHANG Zhi-wei¹, HAN Yao-ping², ZHONG Xia-ming¹, ZHANG Zhi-yong¹, CAO Zhe-ming³, WU Ting-ting³

(1. Jiangsu Institute of marine fisheries, Nantong 226007, China; 2. Changshu Institute of technology, Changshu 215500, China; 3. Freshwater Fisheries Research Center, Chinese Academy of Fishery Sciences, Wuxi 214081, China)

Abstract: Sequence-related amplified polymorphism (SRAP) was used to compare genetic structures among three populations of *Ctenopharyngodon idella* – one wild and two cultured populations. Samples of wild population were collected from Jiangsu Hanjiang National Four Major Chinese Carps breeding Farm and the two cultured populations from Freshwater Fisheries Research Center Aquatic Breeding Plants and Wuxi Qianzhou Aquatic Breeding Plants. Eight primer combinations, which produced good amplified patterns, were sorted out. One hundred and twenty amplified loci were obtained from the three populations, among which 92 were polymorphic. The percentage of polymorphic loci in Hanjiang population (HJ), Freshwater Fisheries Research Center population (YC) and Qianzhou population (QZ) is 67.62%, 59.81% and 53.33%, respectively. The results indicated that genetic polymorphism decreased in two cultured grass carp populations. The average heterozygosity of three populations were 0.214 3, 0.211 0 and 0.172 2, respectively. The genetic distance between Hanjiang wild population and two cultured ones were 0.098 0 and 0.115 9, while the genetic distance between two cultured ones was 0.095 9. The noticeable decrease in the number of rare loci and the increase in the number of homozygous recessive loci in the cultured population suggested a considerable loss of low frequency alleles in the cultured populations, which may have resulted from small effective population sizes during artificial breeding. [Journal of Fishery Sciences of China, 2007, 14 (5): 720 – 725]

Key words: *Ctenopharyngodon idella*; wild population; cultured population; genetic structure; SRAP

Corresponding author: ZHANG Zhi-wei. E-mail: zhzhwei2005@126.com