

广东和广西地区野生文蛤的遗传多样性

杜晓东, 邓岳文, 叶富良, 王 辉

(湛江海洋大学 水产学院, 广东 湛江 524025)

摘要:以产于广东和广西两省海区的7个野生文蛤(*Meretrix meretrix*)群体为实验对象,结合形态特征、生长性能分析与核基因DNA的RAPD标记,对其遗传多样性进行系统研究,结果表明,在贝壳形态方面,广西各群体的平均壳长、平均壳高、平均壳宽、壳重和总重都明显大于广东群体($P < 0.01$);在生长性能方面,广西群体的壳宽系数、壳重指数、肥满度指数也高于广东群体($P < 0.01$)。RAPD分析共筛选了120个随机引物,其中,61种引物呈阳性反应,至少10种引物的扩增带表现出丰富、稳定的多态性。本实验用10个随机引物扩增出78个位点;平均每个引物在每个个体扩增出3.32条带。其中,引物8747对汕尾群体无扩增带。各群体的多样性指数为0.208 8~0.259 4,多态位点比例为85.71%~94.74%。群体间的遗传距离为0.027 1~0.219 5,相对而言,地理位置相隔越远,遗传距离越大。

关键词:文蛤;遗传多样性;形态特征;生长性能;RAPD标记

中图分类号:Q959.215 **文献标识码:**A **文章编号:**1005-8737-(2004)01-0041-07

文蛤(*Meretrix meretrix*)俗称车螺、花蛤、黄蛤、海蛤,呈卵三角形的双壳贝类,在我国沿海均有分布^[1]。文蛤是一种重要的经济贝类,具有多种价值,不仅可以食用,它的生物活性成分可以用来抗病,也可以用作环境污染物的毒性监测。文蛤的增殖始于20世纪80年代,近几年在广西和广东发展较快,成为国内大宗出口的商品。养殖的无序性造成了对野生资源的过度开发,不同地区的随意引种也使文蛤的遗传多样性受到了严重的威胁。目前,在国内外,对文蛤的遗传背景知之甚少,只有养殖生物学和染色体组型的研究论文^[2-3],相关的群体遗传多样性分析还未见报道。本研究以产于广东和广西两省区的7个野生文蛤群体为实验对象,结合形态特征分析与核基因DNA的RAPD标记,对其遗传多样性进行系统分析,旨在为系统研究文蛤遗传资源,从而制定相应的资源保护措施提供科学论据。

1 材料与方法

1.1 材料

实验用贝分别采自广西的东兴、北海、山口和广东的徐闻、南三(湛江港)、阳江、汕尾。采样时间为2000年5月、11月和2001年5月、11月。材料均为野生群体,每个地区采样200个左右,为1~4龄;体

重3.9~87.3 g。

1.2 形态特征量度

分别随机选取各群体实验贝50个,用游标卡尺测量壳长、壳高、壳宽、韧带槽长等数值,精确到0.1 mm。电子天平称量总重、软体部重(滤纸尽量吸去水)和壳重,精确到0.1 g。比较壳长与壳高、壳宽和壳重的相关关系^[4-6],并进行回归分析。

壳重量指数(I_{SW}) = $W_s / (L \times H \times W) \times 10^5$;

壳宽系数(I_s) = $W / (L + H + W)^{[3-4]}$ 。

肥满度(C_v) = $W_f / (L \times H \times W) \times 10^5$ ^[7]。

式中 L 、 H 和 W 分别代表壳长、壳高和壳宽,单位mm; W_s 和 W_f 分别表示壳重和软体部重量,单位g。

1.3 基因组DNA的RAPD分析

1.3.1 材料的处理与保存 实验贝运回实验室后,各群体取贝10个,开贝取闭壳肌,-75℃保存。

1.3.2 基因组DNA的提取 基因组DNA的提取方法主要参照Patwary等^[8],略做修改。取0.3 g组织剪碎,加入3 mL匀浆缓冲液,在冰浴状态下,用玻璃匀浆器匀浆。加入终浓度为0.8%的SDS和100 μg/mL的蛋白酶K,55℃消化过夜。然后分别用等体积的萃取剂(酚:氯仿:异戊醇为1:1:1,氯仿:异戊醇为24:1,体积比)抽提,2.5倍体积无水乙醇沉

收稿日期:2003-05-12; 修订日期:2003-10-30。

基金项目:广东省教育厅重点科技攻关项目(Q校02040)。

作者简介:杜晓东(1962-),男,博士,副教授,从事海产经济无脊椎动物生物学与增殖研究。

淀, TE (pH 8.0) 液溶解, 置 4 ℃ 保存备用。

1.3.3 随机引物 实验所用随机引物购自华美生物公司, 随机用 2 个样品对引物进行扫描式筛选, 共筛选了 120 个引物, 60 个呈现阳性反应, 其中 10 个引物的扩增带丰富、清晰和稳定。这 10 个引物的碱基序列如表 1 所示。

1.3.4 PCR 反应 RAPD 反应条件 Taq 酶为上海生物工程公司产品, 反应体系 50 μL。在黑马 9600 型 PCR 扩增仪上经 94 ℃ 变性 5 min 后, 进行 40 个扩增循环, 每一循环包括 94 ℃ 1 min, 36 ℃ 2 min, 72 ℃ 2 min, 最后在 72 ℃ 延伸 10 min。扩增产物用 1.4% 琼脂糖凝胶电泳分离, 溴化乙锭染色, 紫外分析仪观察、拍照。

1.3.5 数据分析 在相片上根据 DNA 分子量标准确定扩增产物各带的迁移率, 记录各泳道的带型, 即某一条带存在记为 1, 缺乏记为 0。无重复性的弱带不记录, 建立原始谱带矩阵。把出现的 DNA 带作为一个 RAPD 位点, 并据此统计位点总数、多态位点数和每个多态位点在群体中的分布频率。

群体的多态位点比例 P 为:

$$P = \frac{\text{多态位点数}}{\text{总位点数}} \times 100\%$$

以 Shannon 多样性指数量化遗传多态度 (H)^[9-10], 表示为:

$$H = - \sum X_i \ln X_i$$

X_i 为位点 i 在某一群体中出现的频率, N 为在该群体中检测到的总位点数。 H 可用来分析和比较

各群体的遗传多态度。

表 1 10 种能扩增出多态条带的随机引物及其碱基序列
Table 1 Nucleotide sequence of 10 random primers which could produce polymorphic band

引物 Primer	序列 Sequence	引物 Primer	序列 Sequence
8207	TCCGATGCTG	8742	TCCGACGTGA
8652	CAGTGCTGTG	8747	CTGCATCGTG
8653	GTCAGAGTCC	8752	ACGCGCATGT
8659	GGTGCACGTT	8756	TCTCAGCTGG
8660	ACACACGCTG	8758	GAATCGCCCA

群体间的遗传相似度 F 及遗传距离 D 则根据 Lynch^[11] 的计算方法:

$$F = \frac{2X_{ab}}{X_a + X_b}, \quad D = 1 - F$$

其中 X_{ab} 为群体 a 和群体 b 的共享位点; X_a 和 X_b 分别为群体 a 和群体 b 的位点总数。

2 结果

2.1 形态特征

7 个群体的形态特征参数的回归分析和统计结果见表 2 和表 3。壳高与壳长呈乘幂相关关系, 壳宽与壳长呈对数相关关系, 总体重与壳长呈乘幂相关关系。

表 2 文蛤群体形态特征的比较

Table 2 Summary of morphological measurement of *M. meretrix*

群体 Population	壳宽 (W) 与壳长 (L) Shell length vs. width	壳高 (H) 与壳长 (L) Shell length vs. height	体重 (T) 与壳长 (L) Shell length vs. total weight
东兴群体 Dongxing population	$W_{DX} = 29.816 \ln L_{DX} - 88.987$ $R^2 = 0.8356$	$H_{DX} = 0.9454 L_{DX}^{0.9689}$ $R^2 = 0.9152$	$T_{DX} = 0.0002 L_{DX}^{2.919}$ $R^2 = 0.8718$
北海群体 Beihai population	$W_{BH} = 24.639 \ln L_{BH} - 70.023$ $R^2 = 0.9327$	$H_{BH} = 1.1303 L_{BH}^{0.9231}$ $R^2 = 0.9732$	$T_{BH} = 0.0004 L_{BH}^{2.7899}$ $R^2 = 0.9388$
山口群体 Shankou population	$W_{SK} = 25.446 \ln L_{SK} - 72.228$ $R^2 = 0.8563$	$H_{SK} = 1.1946 L_{SK}^{0.9102}$ $R^2 = 0.9401$	$T_{SK} = 0.0025 L_{SK}^{3.3762}$ $R^2 = 0.8235$
徐闻群体 Xuwén population	$W_{XW} = 24.828 \ln L_{XW} - 70.053$ $R^2 = 0.9018$	$H_{XW} = 1.1386 L_{XW}^{0.9255}$ $R^2 = 0.9434$	$T_{XW} = 0.0006 L_{XW}^{2.6728}$ $R^2 = 0.9185$
南三群体 Nansan population	$W_{NS} = 26.129 \ln L_{NS} - 75.546$ $R^2 = 0.8745$	$H_{NS} = 1.3933 L_{NS}^{0.8674}$ $R^2 = 0.9062$	$T_{NS} = 0.0003 L_{NS}^{2.8962}$ $R^2 = 0.9467$
阳江群体 Yangjiang population	$W_{YJ} = 26.576 \ln L_{YJ} - 77.64$ $R^2 = 0.9429$	$H_{YJ} = 0.8807 L_{YJ}^{0.9860}$ $R^2 = 0.9837$	$T_{YJ} = 0.0001 L_{YJ}^{3.108}$ $R^2 = 0.8718$
汕尾群体 Shanwei population	$W_{SW} = 28.288 \ln L_{SW} - 84.363$ $R^2 = 0.8957$	$H_{SW} = 1.2091 L_{SW}^{0.9033}$ $R^2 = 0.9749$	$T_{SW} = 0.0002 L_{SW}^{2.6399}$ $R^2 = 0.9556$

表 3 文蛤形态特征比较
Table 3 Summary of morphological measurement of *M. meretrix*

群体 Population	平均壳长/mm Mean shell length	平均壳高/mm Mean shell height	平均壳宽/mm Mean shell width	平均总重/g Mean total weight	平均壳重/g Mean shell weight	韧带槽/壳长 Hinge length/Shell length	壳重量指数 Shell weight index	饱满度指数 condition factor	壳宽系数 Shell width index
东兴群体 Dongxing population	59.16 ± 7.12	49.63 ± 6.05	32.47 ± 3.86	44.13 ± 15.96	32.46 ± 12.78	0.18 ± 0.02	32.63 ± 3.46	44.67 ± 4.42	0.23 ± 0.01
北海群体 Beihai population	53.28 ± 9.29	44.33 ± 7.24	27.54 ± 4.75	30.93 ± 14.39	22.47 ± 10.55	0.19 ± 0.03	32.23 ± 4.08	44.28 ± 4.94	0.22 ± 0.01
山口群体 Shankou population	58.43 ± 6.74	48.44 ± 5.46	31.29 ± 3.23	41.25 ± 12.91	28.51 ± 10.07	0.17 ± 0.02	31.21 ± 3.54	45.58 ± 5.20	0.23 ± 0.01
徐闻群体 Xuwen population	47.79 ± 9.10	40.79 ± 7.68	25.54 ± 4.76	21.57 ± 13.71	15.03 ± 10.06	0.26 ± 0.03	27.77 ± 4.82	39.65 ± 4.60	0.22 ± 0.01
南三群体 Nansan population	52.06 ± 8.19	43.43 ± 6.39	27.40 ± 4.45	28.90 ± 13.16	20.04 ± 9.48	0.27 ± 0.02	30.07 ± 3.35	43.69 ± 4.50	0.22 ± 0.01
阳江群体 yangjiang population	50.99 ± 12.13	42.50 ± 9.97	26.14 ± 6.36	29.32 ± 20.81	19.99 ± 13.96	0.27 ± 0.10	30.03 ± 3.46	43.59 ± 4.82	0.22 ± 0.01
汕尾群体 Shanwei population	49.91 ± 9.51	41.84 ± 7.64	25.80 ± 5.27	26.16 ± 15.86	17.46 ± 11.21	0.28 ± 0.02	29.83 ± 4.41	45.15 ± 5.20	0.22 ± 0.01

2.2 RAPD 检测核 DNA

选用的 10 种引物可产生清晰,可重复的扩增带。每个群体的扩增产物的数量见表 4,其中引物 8747 对汕尾群体无扩增带。

在 25 μL 的反应体系中,模板 DNA 的用量从 30 ~ 200 ng 都能获得清晰的扩增带。本实验正式采用的量为 60 ~ 70 ng。图 1 显示引物 8207 扩增的电泳图谱。

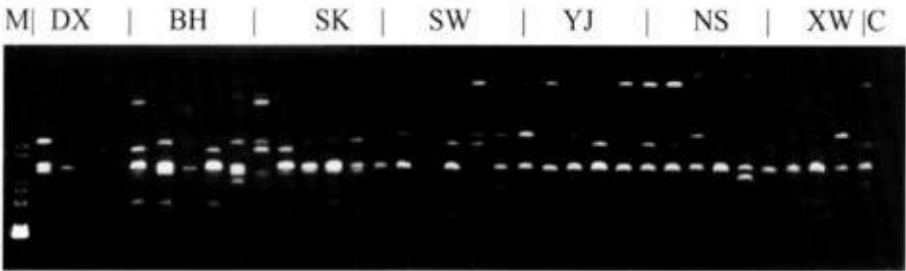


图 1 引物 8207 的扩增电泳图
Fig.1 RAPD profiles of primer 8207

M:标准 DNA 分子;DX:东兴;BH:北海;SK:山口;XW:徐闻;NS:南三;YJ:阳江;SW:汕尾;C:对照
M:Marker;DX:Dongxing population;BH:Beihai population;SK:Shankou population;XW:Xuwen population;NS:Nansan population;YJ:Yangjiang population;SW:Shanwei population;C:Control

7 个群体的多态位点比例为 85.71% ~ 94.74%;遗传多样性指数为 0.208 8 ~ 0.259 4,见表 4。

群体间的遗传距离在 0.027 1 ~ 0.219 5 之间,见表 5。根据遗传距离所做的聚类分析见图 2。

表 4 7 个文蛤群体的遗传多样性指数
Table 4 Genetic diversity of seven populations of *M. meretrix*

引物 Primer	东兴 Dongxing	北海 Beihai	山口 Shankou	徐闻 Xuwen	南三 Nansan	阳江 Yangjiang	汕尾 Shanwei
8207	0.2723	0.2729	0.1207	0.1772	0.2839	0.1747	0.2579
8652	0.2104	0.2609	0.2434	0.2446	0.2599	0.2472	0.3138
8653	0.2362	0.2661	0.2205	0.2053	0.2916	0.2559	0.2851
8659	0.2394	0.2545	0.2555	0.2376	0.2505	0.2418	0.3098
8660	0.2249	0.2368	0.2033	0.1905	0.2332	0.2236	0.2911
8742	0.2899	0.2995	0.2589	0.2956	0.3073	0.3120	0.2890
8747	0.2757	0.2547	0.2151	0.2631	0.2544	0.2731	0.0000
8752	0.1441	0.2055	0.1854	0.0847	0.2147	0.2120	0.1837
8756	0.2614	0.2506	0.2569	0.2701	0.2675	0.3658	0.3465
8758	0.2263	0.1607	0.1291	0.1247	0.2288	0.2886	0.2094
平均 Average	0.2380	0.2463	0.2088	0.2093	0.2591	0.2594	0.2486
P/%	94.74	91.02	93.58	87.01	89.61	90.27	85.71

注: P 为多态位点比例

Note: P means rate of polymorphic locus.

表 5 7 个群体间的遗传距离
Table 5 Genetic distances of seven populations of *M. meretrix*

群体 Population	东兴 Dongxing	北海 Beihai	山口 Shankou	徐闻 Xuwen	南三 Nansan	阳江 Yangjiang	汕尾 Shanwei
东兴 Yangjiang	0.0000	0.0416	0.0271	0.0476	0.0556	0.0497	0.2185
北海 Beihai		0.0000	0.0284	0.0336	0.0411	0.0909	0.2091
山口 Shankou			0.0000	0.0392	0.0556	0.0629	0.2178
徐闻 Xuwen				0.0000	0.0483	0.0986	0.2195
南三 Nansan					0.0000	0.0429	0.2167
阳江 Yangjiang						0.0000	0.1765
汕尾 Shanwei							0.0000

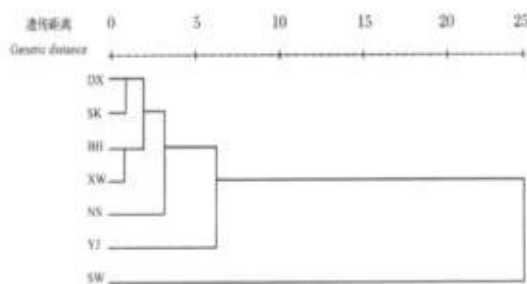


图 2 采用类平均法根据遗传距离所做的树状聚类图

Fig. 2 Dendrogram using Cluster Average Linkage Between Populations

DX: 东兴; BH: 北海; SK: 山口; XW: 徐闻; NS: 南三; YJ: 阳江; SW: 汕尾

DX, Dongxing population; BH, Beihai population; SK, Shankou population; XW, Xuwen population; NS, Nansan population; YJ, Yangjiang population; SW, Shanwei population

3 讨论

3.1 形态特征

文蛤属的分类特征主要是根据腹缘、前后缘的形状以及壳长与壳高的关系^[10], 这些特征适用种的分类鉴定, 在对贝类同一物种的不同群体进行生长规律和遗传学的研究时, 最常采用的是壳长、壳高、壳宽、壳重、软体重、韧带槽长等可量特征。这些数量性状的表达既受遗传因素的控制, 也受环境因子的影响, 本实验采用统计分析方法进行研究, 取材是按照国内外惯例, 不考虑贝龄, 随机取样。经初步调查分析, 各群体都包含 1~4 龄贝, 其群体的捕捞强度亦大致相同, 故其分析结果不会有较大的误差。

各地理群体的平均壳长从大到小排列为: 东兴群体 (59.16 mm) > 山口群体 (58.43 mm) > 北海群

体(53.28 mm) > 南三群体(52.06 mm) > 阳江群体(50.99 mm) > 汕尾群体(49.91 mm) > 徐闻群体(47.79 mm); 平均壳高从大到小排列为: 东兴群体(49.63 mm) > 山口群体(48.44 mm) > 北海群体(44.33 mm) > 南三群体(43.43 mm) > 阳江群体(42.50 mm) > 汕尾群体(41.84 mm) > 徐闻群体(40.79 mm); 平均壳宽从大到小排列为: 东兴群体(32.47 mm) > 山口群体(31.29 mm) > 北海群体(27.54 mm) > 南三群体(27.40 mm) > 阳江群体(26.14 mm) > 汕尾群体(25.80 mm) > 徐闻群体(25.54 mm)。总体说来, 广西群体的平均壳长、壳高、壳宽都明显大于广东群体($P < 0.01$), 其中, 东兴群体为最大, 徐闻群体为最小。回归分析表明, 7个群体的壳高与壳长都呈幂相关关系, 即壳高的增长随壳长的增加而越来越显著; 壳宽与壳长呈对数相关, 即壳宽在早期(低龄)增加较快, 而在晚期(高龄)增加缓慢。

从表3可以看出, 7个群体的总重与壳重排列顺序是: 东兴群体 > 山口群体 > 北海群体 > 阳江群体 > 南三群体 > 汕尾群体 > 徐闻群体。依然是广西群体大于广东群体($P < 0.01$)。回归分析表明, 总体重与壳长是幂相关关系, 即总体重的增加随壳长的增加而越来越显著。

壳宽系数是贝壳隆起程度的指标, 总体来说, 广西3个群体的平均壳宽系数(0.23)比广东4个群体(0.22)略高, F 检验差异显著($P < 0.01$)。

7个群体的壳重量指数从大到小排列为: 东兴群体(32.63) > 北海群体(32.23) > 山口群体(31.21) > 南三群体(30.07) > 阳江群体(30.03) > 汕尾群体(29.83) > 徐闻群体(27.77)。即东兴群体的贝壳最厚; 徐闻群体的贝壳最薄。

7个群体的肥满度指数从大到小排列为: 山口群体(45.58) > 汕尾群体(45.15) > 东兴群体(44.67) > 北海群体(44.28) > 南三群体(43.69) > 阳江群体(43.59) > 徐闻群体(39.65)。平均来看, 广西群体高于广东群体($P < 0.01$), 其中, 山口群体的软体部最重(45.58), 徐闻群体的最轻(39.65)。不过, 肥满度与繁殖周期密切相关, 在即将排精产卵的前期, 肥满度达到最大值; 繁殖高峰期过后降到最低值, 本实验的采样时间虽然比较一致, 但各地的水温等环境条件有差异, 因此检测存在误差。文蛤是一种经济贝类, 主要用来食用, 故肥满度系数可以作为选育的一个指标。

从韧带槽长与壳长的比例来看, 广东的4个群体为0.26 ~ 0.28, 而广西的3个群体是0.17 ~ 0.19, 明显较小($P < 0.01$), 即广西群体的个体呈扁长形, 而广东群体个体稍呈圆形。

3.2 基因组DNA的RAPD分析

对贝类遗传多样性的研究方法有多种, 比如形态特征、染色体组型、同工酶电泳等, 但这些表型都是遗传因素和环境因素相互作用的结果, 不能完全反应遗传变异的情况, 因此, 在DNA分子水平上的研究就显示出较大的优越性。随机扩增多态性DNA(Random Amplified Polymorphic DNA, RAPD)技术已被广泛用于动植物的遗传多样性研究, 不过, 目前这一技术在软体动物类的应用的报道还较少^[8,10,13-18], 已有的研究结果都表明了运用RAPD技术可以检测到在DNA水平上丰富的多态性。在本研究所用的10个引物中, 合计扩增出78个位点。每个引物可产生5 ~ 11条带, 平均每种引物在每个个体扩增出3.32条带, 同种引物对不同群体的扩增片段数量的差异也比较明显, 例如, 引物8660对东兴群体的扩增片段为60条, 而对汕尾群体的扩增片段为7条; 引物8747对汕尾群体无扩增带, 因此, 可以用该引物将汕尾群体和其他群体区分开来。从遗传的多样性指数来看, 7个群体都很丰富, 群体之间无显著差异。在遗传距离上, 群体的地域性差异还是比较明显, 聚类分析结果显示广西的3个群体遗传距离较近; 徐闻群体与广西的北海群体相近。南三、阳江和汕尾群体则随着地理距离的增加而与广西群体的遗传距离拉大, 这一现象与刘必谦等^[13]所做的牡蛎群体的RAPD分析结果相似。在本研究中, 汕尾群体与其他的6个群体相差最大, 这主要是由于引物8747对该群体无扩增带, 因此, 计算结果明显偏大。

国内外学者^[17,19-20]通过对牡蛎、贻贝和珍珠贝野生群体的研究, 发现用同工酶检测的平均杂合度与生长率成正相关; Oniwa等^[21]在研究19个虾夷扇贝的群体间遗传变异时, 发现总重和软体部重等数量性状与平均杂合度呈正相关。本研究试图把形态指标与用RAPD技术检测的多样性指标联系起来, 但未发现两者之间的相关性, 也就是说RAPD揭示出了更多隐藏的遗传多样性, 但是RAPD只能区分显性(有扩增带)和隐性(无扩增带), 不能区分纯合型和杂合型, 从而使得用于群体遗传结构分析受限^[17-18,22]。

本研究结果对养殖生产的启示在于,养殖广西群体可以获得较大的产量,但主要增重在贝壳重量;而广东群体由于壳薄,同样重量的情况下,其软体部较重;如果采用不同的群体杂交,则可能获得理想的效果。由于 RAPD 分析表明,不同群体的遗传差异随地理距离增加而加大,因此,如要获得杂交优势较大的品种,则可选择地理距离较远的群体杂交,比如汕尾群体与东兴群体。

参考文献:

- [1] 王如才,王昭萍,张健中. 海水贝类养殖学[M]. 青岛:青岛海洋大学出版社,1993. 318-329.
- [2] 常建波,魏利平,杨建敏,等. 文蛤的染色体核型及三倍体诱导的初步研究[J]. 水产学报, 1996, 20(3): 269-274.
- [3] Jayabal R, Kalyani M. Allometric relationship in the hard clam *Meretrix meretrix* (Linnaeus) [J]. J Mar Biol Assoc India. 1994, 36(1-2): 319-322.
- [4] Hynd J S. An analysis of variation in Australian specimens of *Pinctada albina* (Lamarck) (Lamellibranchia) [J]. Aust J Mar Freshwat Res, 1960, 11(3): 98-137.
- [5] Alagarwami K, Chellam A. Change of form and dimensional relationship in the pearl oyster *Pinctada fucata* from Gulf of Mannar [J]. Indian J Fish, 1977, 24(1-2): 1-14.
- [6] Wada K T, Komaru A. Estimation of genetic variation in shell traits of the Japanese pearl oyster [J]. Bull Natl Res Inst Aquaculture, 1991, 20: 19-24.
- [7] Yokogawa K. Morphological variability and genetic features in Japanese common clam *Ruditapes philippinarum* [J]. Venus, 1998, 57: 121-131.
- [8] Patwary M U, Kenchinton E L, Bird C J, et al. The use of random amplified polymorphic DNA markers in genetic studies of the sea scallop *Placopecten magellanicus* (Gmelin, 1791) [J]. J Shellfish Res, 1994, 13: 547-553.
- [9] King I M, Schaal B A. Ribosomal DNA variation and distribution in *Ruditapes missouriensis* [J]. Evolution, 1989, 42: 1117-1119.
- [10] Langand J, Theron A, Pointier J P, et al. Population structure of *Biomphalaria glabrata*, intermediate snail host of *Schistosoma mansoni* in Guadeloupe Island, using RAPD markers [J]. J Mollus Stud, 1999, 65: 425-433.
- [11] Lynch M. The similarity index and DNA fingerprinting [J]. Mol Biol Evol, 1990, 7: 478-484.
- [12] 蔡英亚, 张英, 魏若飞. 贝类学概论[M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1995. 84-90.
- [13] Armbruster G. Evaluations of RAPD markers and allozyme patterns: evidence for morphological convergence in the morphotype of *Cochlicopa lubricella* (Gastropoda: Pulmonata: Cochlicopidae) [J]. J Mollus Stud, 1997, 63: 379-388.
- [14] Stothard J, Mgeni A, Alawi K, et al. Observations on shell morphology, enzymes and random amplified polymorphic DNA (RAPD) in *Bulinus africanus* group snails (Gastropoda: Planorbidae) in Zanzibar [J]. J Mollus Stud, 1997, 63: 459-503.
- [15] 刘必谦, 戴继勋, 喻子牛. RAPD 标记在大连湾牡蛎群体研究中的应用 [J]. 青岛海洋大学学报, 1998, 28(1): 82-87.
- [16] Hirschfeld B M, Dhar A K, Rask K et al. Genetic diversity in the eastern oyster (*Crassostrea virginica*) from Massachusetts using the RAPD technique [J]. J Shellfish Res, 1999, 18: 121-125.
- [17] 杜晓东, 李广丽, 刘志刚, 等. 合浦珠母 2 个野生群体的遗传多样性 [J]. 中国水产科学, 2002, 9(6): 99-104.
- [18] 王爱民, 邓凤娇, 张锡元, 等. 马氏珠母贝遗传多样性的 RAPD 分析 [J]. 武汉大学学报, 2000, 46(4): 468-470.
- [19] Zouros E, Singh S M, Miles H E. Growth rate in oysters: an overdominant phenotype and its possible explanations [J]. Evolution, 1980, 34: 856-867.
- [20] Koehn R K, Gaffney P M. Genetic heterozygosity and growth rate in *Mytilus edulis* [J]. Mar Biol, 1984, 82: 1-7.
- [21] Oniwa K, Kijima A, Fujio Y. Relationship between genetic variability and quantitative traits in Japanese scallop, *Patinopecten yessoensis* [J]. Tohoku J Agri Res, 1994, 45: 1-10.
- [22] Durand P, Blanc F. Genetic diversity in a tropical marine bivalve: *Pinctada margaritifera* (Linne, 1758) [J]. Bull Soc Zool France, 1988, 113(3): 293-304.

Genetic diversity of seven wild populations of *Meretrix meretrix*

DU Xiao-dong, DENG Yue-wen, YE Fu-liang, WANG Hui

(Fisheries College, Zhanjiang Ocean University, Zhanjiang 524025, China)

Abstract: The wild samples of *Meretrix meretrix* were collected from Dongxin, Beihai and Shankou in Guangxi Province, and Xuwen, Namsan, Yangjiang and Shanwei in Guangdong Province, respectively. For each population, 200 individuals were employed, body weight 3.9 – 87.8 g and 1 – 4 years old. The comparison of their morphological characters was studied, and RAPD were used to analyze their genetic diversity. The results show that the mean shell length, shell height, shell width, shell weight and total weight of Guangxi population are obviously larger ($P < 0.01$) than those of Guangdong population; The index of shell width and shell weight, and the condition factor of Guangxi population are also higher ($P < 0.01$) than those of Guangdong population. RAPD analysis indicates that there are 61 primers positive out of 120 random primers, and 10 primers, at least, reveal clear and stable polymorphisms. Ten primers used in the analysis totally amplified 78 loci; each primer averagely amplifies 3.32 DNA bands in every individual. The primer 8 747 did not amplify any DNA band in Shanwei population in Guangdong. The rate of polymorphisms of amplified DNA band in all populations ranges from 85.71% to 86.67%; and the Shannon index varies between 0.208 8 and 0.259 4. The genetic distance among the populations ranges from 0.027 1 to 0.219 5. Relatively speaking, the more the geographic distance between populations, the bigger the genetic distance.

Key words: *Meretrix meretrix*; genetic variation; morphologic character, RAPD technique.

《中国水产科学》光盘征订启事

2004年,《中国水产科学》编辑部即将出版《中国水产科学》多媒体光盘。该盘收录了从1994年(创刊)到2003年10年所出版包括增刊在内的各期期刊内容。

购买办法:

该光盘售价150元。凡于2004年5月1日前预订的单位和个人均按八折优惠(以汇款邮戳或银行汇款日期为准),购买者可直接与编辑部接洽。邮局汇款至:北京市丰台区青塔村150号,《中国水产科学》编辑部,留言:购买光盘。银行汇款:开户行:北京工商银行永定路分理处,户名:中国水产科学研究院,帐号:144428 28,留言:购买光盘。所有购买光盘的单位和个人均提供报销发票。

咨询电话:010-68673921, 010-68673931, Email: jfishok@publica.bj.cninfo.net

欢迎广大科技工作者、大专院校师生、图书馆、资料室、网络数据库提前预订购买。

2004年2月