中国水产科学 2013 年 11 月, 20(6): 1182−1187
Journal of Fishery Sciences of China



DOI: 10.3724/SP.J.1118.2013.01182

# 合浦珠母贝幼贝生长性状的遗传参数估计

黎火金[1,2], 刘宝锁[1], 罗会[1,2], 黄桂菊[1], 陈明强[1], 范嗣刚[1], 李有宁[1], 喻达辉[1]

1. 农业部南海渔业资源开发与利用重点实验室, 中国水产科学研究院 南海水产研究所, 广东 广州 510300;
2. 上海海洋大学 水产与生命学院, 上海 201306

摘要: 以广东徐闻和海南三亚 2 个地理群体合浦珠母贝(*Pinctada fucata*)为亲本, 采用人工授精方法构建了 33 个全同胞家系。在 162 日龄时从每个家系随机抽取 50 个个体, 共 1 650 个, 测量其壳长、壳高、壳宽和体质量 4 个生长性状, 利用动物模型对 4 个性状进行遗传参数分析。结果表明, 合浦珠母贝 4 个生长性状的总平均值分别为(16.28 ± 4.46) mm、(14.85 ± 4.39) mm、(4.58 ± 1.52) mm、(0.66 ± 0.67) g。4 个性状的遗传力分别为 0.202 ± 0.020、0.203 ± 0.020、0.200 ± 0.021 和 0.204 ± 0.020, 均属中等遗传力, 因此可以用选择育种进行遗传改良。4 个性状间表型相关系数和遗传相关系数的范围分别为 0.667~0.698 和 0.685~0.959, 其中壳长、壳高和壳宽之间的遗传相关系数均低于 0.7, 与表型相关一致, 而三者与体重间的遗传相关系数较高(0.868~0.959), 其中壳宽与体质量间的遗传相关系数最高(0.959)。本研究中合浦珠母贝的 4 个性状为中等遗传力, 并可通过对壳宽的选育来改良体质量性状。上述结果为进一步开展合浦珠母贝选择育种研究奠定了基础。

关键词: 合浦珠母贝; 全同胞家系; 生长性状; 遗传力; 选择育种
中图分类号: S968.3 文献标志码: A 文章编号: 1005−8737−(2013)06−1182−06

合浦珠母贝(*Pinctada fucata*) 主要分布在中国、日本、印度、澳大利亚和东南亚等国沿海[1], 是生产海水珍珠的最主要贝种, 其珍珠养殖已发展成为广东、广西和海南部分沿海地区支柱产业之一, 其珍珠产量占中国海水珍珠产量的 95%以上, 具有极高的经济价值[2−3]。但近年来合浦珠母贝养殖过程中出现大量死亡现象, 育珠贝的存活率、收珠率、商品珠率和优珠率大幅度下降, 且薄层珠、污珠、畸形珠和小珠率高的现象日趋严重, 阻碍了中国海水珍珠产业的健康发展, 导致中国海水珍珠在国际市场上的竞争力下降, 因此合浦珠母贝的遗传改良与良种选育显得十分迫切[4]。

遗传参数估计是选择育种的一项基础性工作, 遗传力和遗传相关在育种值估计、选择指数计算、选择反应预测、选择方法比较以及育种规划决策等方面均起着十分重要的作用[5]。国内外对水产养殖对象开展了大量遗传参数估计研究, 其中鱼[6−12]和虾[13−14]遗传参数研究较多, 贝类相对较少。合浦珠母贝方面, 邓岳文等[15]、Deng 等[16]、He 等[17]和 Wada 等[18]分别估计了合浦珠母贝壳宽和壳凸度、3~15 个月龄壳高、不同盐度下 8、14 和 30 日龄幼虫壳高和 8~35 日龄幼体壳长的现实遗传力。郭华阳等[19]利用非求导约束最大似然法(DF−REML)对 5~40 日龄幼虫的壳长与壳高进行了遗传力估计, 而体质量性状的遗传力尚无报道。此外, 不同作者还报道了海湾扇贝

收稿日期: 2013−03−04; 修订日期: 2013−05−23.
基金项目: 现代农业产业技术体系建设专项项目(CARS−48); 农业公益性行业科研专项项目(200903028); 农业科技成果转化资金项目(2011GB23260016); 广东省海洋渔业科技推广专项项目(A201101A01, A201101A03, A201201A03, A201201A01); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项项目(2011TS04).
作者简介: 黎火金(1987−), 男, 硕士研究生, 主要从事海水珍珠贝类遗传育种研究. E-mail: lihuojin2010@163.com
通信作者: 喻达辉, 研究员, 博士生导师. E-mail: pearlydh@163.com

(*Argopecten irradians concentricus*)[20]、美洲牡蛎(*Crassostrea virginica*)[21]、食用牡蛎(*Ostrea edulis*)[22]、僧帽牡蛎(*Saccostrea cucullata*)[23]、长牡蛎(*Crassostrea gigas*)[24]和三角帆蚌(*Hyriopsis cumingii*)[25]等贝类生长性状的遗传参数。

贝类生长性状遗传参数估计的精确与否对其交配方案的制定和遗传选育效果的评估等都有很大影响。本研究通过构建合浦珠母贝全同胞家系, 基于动物模型, 利用 REML 法对 162 日龄壳长、壳高、壳宽和体质量 4 个生长性状的遗传力进行精确估计, 并分析性状间的表型相关和遗传相关, 为合浦珠母贝生长性状选择育种提供数据支撑。

## 1　材料与方法

### 1.1　家系构建和培育

合浦珠母贝亲本来源于广东徐闻和海南三亚, 2011 年 11 月挑选性腺成熟并且饱满度好的亲贝, 于南海水产研究所热带水产研究开发中心三亚安游基地利用解剖法取出精卵进行人工受精, 采用 1 雌 1 雄配对构建 33 个全同胞家系。培苗方法参照参考文献 1: 在幼贝的直线绞合期初期以湛江等鞭金藻(*Isochrysis zhanjiangensis*)为主要饵料, 适当混合投喂亚心形扁藻(*Platymonas subcordiformis*)和酵母等, 后期则以亚心形扁藻为主要饵料, 投饵量随发育阶段进行适当调整。每天换水 1/3, 连续充气培养。当贝苗长到壳长 2 mm 以上, 移到陵水试验基地同一海区进行养殖, 采用固定排架垂直吊养。在海区养殖过程中, 根据贝苗生长和存活情况严格控制贝苗放养密度, 及时换笼、分笼疏养和清洗笼具、清理死贝、敌害和污损生物。养殖过程中每个家系分别按相同密度分为若干笼内进行养殖, 所有家系的管理操作和养殖方式相同。在 162 日龄时, 分别从每个家系中随机抽取 50 个个体, 用电子数字显示游标卡尺测量其壳长、壳高和壳宽, 精确到 0.01 mm, 用电子天平测量其体质量, 精确到 0.01 g。

### 1.2　数据处理与分析

利用 SPSS 18.0 软件分析 4 个生长性状数据的描述性统计量, 并以箱线图的形式给出 33 个合浦珠母贝家系 4 个生长性状中位数、第一四分位数、第三四分位数、最大值、最小值、温和异常值和极端异常值。剔除异常值后, 利用 ASReml 4.0[26]软件进行遗传方差、协方差、遗传力、遗传相关和表型相关估计。计算遗传参数的单性状动物模型为:

$$Y_{ijk} = \mu + \mathrm{cro}_i + \alpha_j + f_k + e_{ijk} \quad (1)$$

式(1)中, $\mu$为总体均值; $Y_{ijk}$为个体壳长、壳高、壳宽或体质量观察值; $\mathrm{cro}_i$为第 $i$ 个交配组合固定效应 $\alpha_j$为第 $j$ 个个体育种值; $f_k$为第 $k$ 个全同胞家系效应; $e_{ijk}$为随机残差效应。

遗传力($h^2$)计算公式为: $h^2 = \dfrac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2}$ (2)

式(2)中, $\sigma_a^2$为加性遗传效应方差; $\sigma_p^2$为表型方差。

运用两性状动物模型估计生长性状的表型相关和遗传相关, 遗传相关系数($r_s$)和表型相关系数($r_p$)计算公式分别为:

$$r_s = \frac{\mathrm{COV}_s(x,y)}{\sigma_s(x)\sigma_s(y)} \quad (3)$$

$$r_p = \frac{\mathrm{COV}_p(x,y)}{\sigma_p(x)\sigma_p(y)} \quad (4)$$

式(3)和式(4)中, $x$和$y$分别为存在相关关系的变量个体的两个性状; $\sigma_s$和 $\sigma_p$分别为个体性状的遗传组分和表型组分方差; $\mathrm{COV}_S(x, y)$和 $\mathrm{COV}_p(x, y)$分别为个体性状间遗传组分和表型组分协方差。

利用似然比率检验(likelihood ratio test, LRT)分析遗传力的显著性[27], 检验公式为:

$$\mathrm{LR} = -2\ln(L_1/L_2) \quad (5)$$

式(5)中, $L_1$和 $L_2$分别为不包括和包括动物育种值的单性状观测值动物模型下的最大似然函数值, LR 为两个最大似然函数值偏差程度的统计量。该统计量服从卡方分布, 自由度为两个模型的参数个数之差。

## 2　结果与分析

### 2.1　4 个生长性状的描述性统计量

33 个家系的平均壳长、壳高、壳宽和体质量分别为 16.28 mm、14.85 mm、4.58 mm 和 0.66 g(表

1)。4 个性状的变异较大，最大值和最小值分别为平均值的 2 倍以上或二分之一左右。其中体质量的变异最大，其标准差(0.67)接近其平均值(0.66)，变异系数接近平均值的 2 倍。

33 个家系 4 个性状的频率分布格局的变化趋势非常一致(图 1)。总体上大部分家系壳长和壳高的箱子分布范围(第一四分位数至第三四分位数)比较一致，均为 10~25 mm，壳宽为 3~6 mm，体质量为 0.3~1.0 g，但家系间差异显著($P < 0.01$)。4 个性状的中位数变化范围分别为 11.47~25.22 mm、11.16~24.22 mm、3.03~8.15 mm 和 0.30~3.02 g。绝大部分家系 4 个性状的上限出现温和异常值，少数出现极端异常值。其中 4 号、6 号和 28 号家系的 4 个生长性状均表现突出，尤其是体质量性状远远高于其他家系，其最大值分别为 4.38 g、4.27 g 和 5.25 g。

表 1 合浦珠母贝 4 个生长性状的描述性统计量

**Tab.1 Descriptive statistics of four growth traits in *Pinctada fucata***

| 性状 trait | 平均值 mean | 最大值 maximum | 最小值 minimum | 标准差 SD | 变异系数 CV |
|---|---|---|---|---|---|
| 壳长/mm shell length | 16.28 | 32.23 | 6.81 | 4.46 | 0.27 |
| 壳高/mm shell height | 14.85 | 33.05 | 5.22 | 4.39 | 0.30 |
| 壳宽/mm shell width | 4.58 | 11.28 | 1.80 | 1.52 | 0.33 |
| 体质量/g body weight | 0.66 | 5.25 | 0.05 | 0.67 | 1.01 |

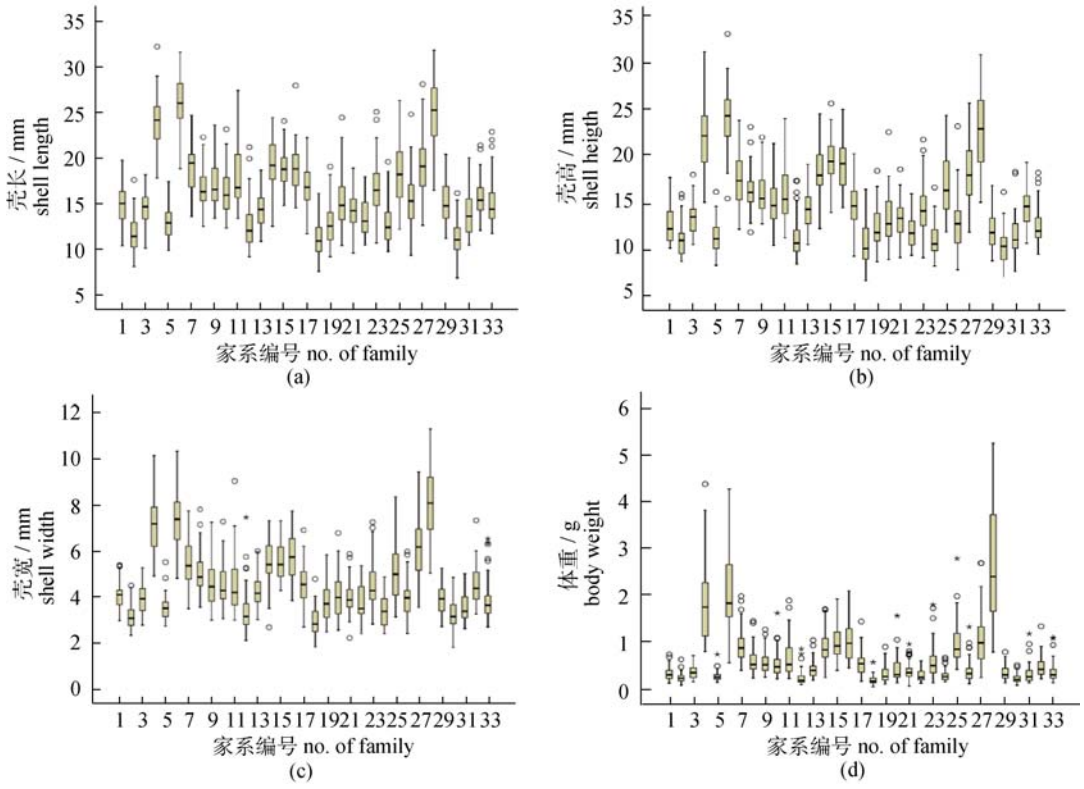


图 1 合浦珠母贝家系壳长(a)、壳高(b)、壳宽(c)和体质量(d)的箱线图

盒子由中位数、第一四分位数和第三四分位数组成。线上下两端分别是最大值和最小值；温和异常值和极端异常值分别用“○”和“*”表示.

Fig. 1 Box plots of shell length (a), shell height (b), shell width (c) and body weight (d) in *P. fucata*

The medium (the bold bar in the box), 25th and 75th percentiles are plotted as boxes. Two ends of a line are maximum and minimum, respectively. Mild outliers and extreme outliers are shown as ○ and *, respectively.

### 2.2　遗传参数估计

壳长、壳高、壳宽和体质量的遗传力在0.200~0.204, 差异不大, 均属中等遗传力。LRT 检验表明, 壳宽和体质量性状的遗传力均达到显著水平($P$<0.05)。4 个性状间的表型相关系数非常接近, 大小为0.667~0.698, 其中壳宽与体质量间表型相关系数最大(0.698), 壳长与体质量间表型相关系数最小(0.667)。4 个性状的遗传相关与表型相关的格局略有不同, 其中壳形性状之间的遗传相关较小, 与表型相关接近, 而壳形性状与体质量之间的遗传相关较大, 其中壳宽与体质量间遗传相关系数最高(0.959), 壳长与体质量间的遗传相关系数最低。

表 2　合浦珠母贝幼贝 4 个生长性状的表型相关(对角线下方)、遗传相关(对角线上方)和遗传力(对角线粗体)

**Tab.2　Phenotypic correlation (below diagonal), genetic correlation (above diagonal) and heritabilities (on diagonal) for four traits in the juvenile pearl oyster *P. fucata***

$\bar{x}$ ± SD

| 性状 trait | 壳长 shell length | 壳高 shell height | 壳宽 shell width | 体质量 body weight |
|---|---|---|---|---|
| 壳长 shell length | **0.202 ± 0.020** | 0.692 ± 0.043 | 0.685 ± 0.039 | 0.868 ± 0.008 |
| 壳高 shell height | 0.691 ± 0.018 | **0.203 ± 0.020** | 0.686 ± 0.040 | 0.926 ± 0.008 |
| 壳宽 shell width | 0.686 ± 0.019 | 0.668 ± 0.019 | **0.200 ± 0.021*** | 0.959 ± 0.008 |
| 体质量 body weight | 0.667 ± 0.014 | 0.668 ± 0.013 | 0.698 ± 0.015 | **0.204 ± 0.020*** |

注: *表示达到显著水平( $P$< 0.05).

Note: *means estimate is significantly different from zero ($P$< 0.05).

## 3　讨论

遗传变异是选择育种的基础。本研究中 33 个家系 4 个性状的总体变异差异极显著($P$<0.01), 而各家系育苗和养殖环境条件相同, 说明差异主要由遗传差异造成。其中 4 号、6 号和 28 号家系的 4 个生长性状表现特别突出, 为进一步开展家系选育奠定了良好基础。在 4 各性状中体质量性状的变异系数最大, 与泥蚶(*Tegillarca granosa*)[28]、长牡蛎[29]和虾夷扇贝(*Patinopecten yessoensis* Jay)[30]等情况一致, 说明体质量的选育潜力较大。

遗传力是选择改良性状时的重要遗传参数, 是育种目标性状取舍、个体遗传评定以及选择指数计算的重要依据[31]。许多研究表明不同种类、不同性状遗传力不同, 而大部分双壳类的生长性状的遗传力为中高等水平[32]。如长牡蛎成体的壳高和总重的遗传力分别为 0.35 和 0.27[24], 三角帆蚌壳长、壳高、壳厚和体质量的遗传力为 0.356~0.518, 泥蚶 4 月龄的壳长、壳高和壳宽遗传力为 0.312~0.378[28], 紫贻贝(*Argopecten purpuratus*) 2~6 月龄壳长和壳高遗传力分别为 0.29~0.87 和 0.27~0.87[33], 虾夷扇贝 1~500 日龄的壳长和壳高遗传力分别为 0.307~0.521 和 0.307~0.423, 500 日龄的壳宽和全湿重遗传力分别为 0.513 和 0.420。而本研究中 4 个性状的遗传力为 0.200 ~0.204, 相对比较小。这些差异除了物种因素外, 可能与发育阶段有关。郭华阳等[19]发现 5、15、25、40 日龄的遗传力估计值不同, 表明遗传力在不同生长阶段可能有所不同。已报道的合浦珠母贝壳长、壳高和壳宽的现实遗传力分别为 0.36~0.51[15], 0.488 ~1.065[16–17]和 0.467[18], 比狭义遗传力估计值高, 由于现实遗传力计算过程无法剔除环境效应的影响导致估计值偏高。遗传力越大加性遗传效应也越大, 本研究表明合浦珠母贝的 4 个性状为中等遗传力, 因此可以通过选择育种实现遗传改良。

性状间的遗传相关性有助于性状的协同改良, 即通过改良一个性状而改良相关性状。本研究中 4 个性状相互之间的表型相关和遗传相关均为较高的正相关, 说明对其中一个性状进行选择的时候, 其他 3 个性状也会得到相应的遗传改良。性状间遗传相关越大, 间接选育的效果就越好, 4 个性状间遗传相关的大小有所不同, 其中 3 个壳形性状与体质量间遗传相关较大: 壳宽>壳高>壳长, 与长牡蛎成体[24]情况类似, 其中壳宽与体质量的遗传相关最大, 因此通过壳宽的选育可以同时提

高体质量性状。壳长−壳高间遗传相关系数为 0.685~0.959, 比郭华阳等[19]报道的 5、15、25 和 40 日龄幼体的估计值小, 并呈现遗传相关随日龄增长而下降的趋势, 与长牡蛎[29]和泥蚶[28]研究结果一致。

在模型分析时, 应充分考虑不同因素的作用。我们在模型比较分析中发现全同胞家系这一因素的效应比较大, 应添加全同胞家系效应, 同时也表明生长性状还受到海区养殖前家系单养、非加性遗传效应和母本效应等混合效应影响。影响遗传参数估计结果准确性的因素很多, 遗传参数估计的可靠与否主要取决于数据资料的质量和估计方法的准确性[34]。本研究采用随机抽样, 代表性强, 利用 REML 法充分利用了所有的数据信息, 剖分各种固定环境及遗传效应的方差组分, 校正由于选配所造成的偏差, 因此获得的遗传参数接近真值[28]。但由于本研究实验材料为 $F_1$ 家系, 亲缘关系比较简单, 有待利用多代选育数据, 并增加半同胞和全同胞家系数据, 进行更精确的遗传参数估计。

参考文献:


[1] 蒙钊美, 李有宁, 邢孔武, 等. 珍珠养殖理论与技术[M]. 北京: 科学出版社, 1996.

[2] 邓陈茂, 童银洪, 符韶. 马氏珠母贝的研究进展[J]. 现代农业科技, 2009(2): 204−210.

[3] 喻达辉, 江世贵, 陈竞春, 等. 合浦珠母贝精子激活的离子选择性[J]. 中国水产科学, 1999, 6(3): 101−103.

[4] 喻达辉, 王小玉, 黄桂菊, 等. 合浦珠母贝遗传连锁图谱的构建[J]. 中国水产科学, 2007, 14(3): 361−368.

[5] 马爱军, 王新安, 杨志, 等. 大菱鲆 (*Scophthalmus maximus*) 幼鱼生长性状的遗传力及其相关性分析[J]. 海洋与湖沼, 2008, 39(5): 499−504.

[6] Drangsholt T M K, Gjerde B, Ødegård J, et al. Quantitative genetics of disease resistance in vaccinated and unvaccinated Atlantic salmon (*Salmo salar* L.)[J]. Heredity, 2011, 107(5): 471−477.

[7] Powell J, White I, Guy D, et al. Genetic parameters of production traits in Atlantic salmon (*Salmo salar*)[J]. Aquaculture, 2008, 274(2): 225−231.

[8] Rutten M J M, Bovenhuis H, Komen H, et al. Genetic parameters for fillet traits and body measurements in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.)[J]. Aquaculture, 2005, 246(1−4): 125−132.

[9] Ponzoni R W, Hamzah A, Tan S, et al. Genetic parameters and response to selection for live weight in the GIFT strain of Nile Tilapia (*Oreochromis niloticus*)[J]. Aquaculture, 2005, 247(1−4): 203−210.

[10] Kause A, Ritola O, Paananen T, et al. Genetic trends in growth, sexual maturity and skeletal deformations, and rate of inbreeding in a breeding program for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*)[J]. Aquaculture, 2005, 247(1−4): 177−187.

[11] 刘宝锁, 张天时, 孔杰, 等. 大菱鲆生长和耐高温性状的遗传参数估计[J]. 水产学报, 2011, 35(11): 1601−1606.

[12] 田永胜, 徐田军, 陈松林, 等. 三个牙鲆育种群体亲本效应及遗传参数估计[J]. 海洋学报, 2009, 36(6): 119−130.

[13] 田燚, 孔杰, 栾生, 等. 中国对虾生长性状遗传参数的估计[J]. 海洋水产研究, 2008, 29(3): 1−6.

[14] 罗坤, 孔杰, 栾生, 等. 罗氏沼虾生长性状的遗传参数及其相关性[J]. 海洋水产研究, 2008, 29(3): 80−84.

[15] 邓岳文, 符韶, 杜晓东, 等. 马氏珠母贝选系 $F_2$ 早期选择反应和现实遗传力估计[J]. 广东海洋大学学报, 2008, 28(4): 26−30.

[16] Deng Y, Fu S, Du X, et al. Realized heritability and genetic gain estimates of larval shell length in the Chinese pearl oyster *Pinctada martensii* at three different salinities [J]. North Am J Aqu, 2009, 71(4): 302−306.

[17] He M, Guan Y, Yuan T, et al. Realized heritability and response to selection for shell height in the pearl oyster *Pinctada fucata* (Gould)[J]. Aqu Res, 2008, 39(8): 801−805.

[18] Wada K T. Genetic selection for shell traits in the Japanese pearl oyster, *Pinctada fucata martensii*[J]. Aquaculture, 1986, 57(1−4): 171−176.

[19] 郭华阳, 张殿昌, 李恒德, 等. 合浦珠母贝幼体生长性状的遗传力及其相关性分析[J]. 湖北农业科学, 2011, 50(21): 4441−4444.

[20] Crenshaw J W, Heffernan P B, Walker R L. Heritability of growth rate in the southern bay scallop, *Argopecten irradians concentricus* (Say, 1822)[J]. J Shellfish Res, 1991, 10(1): 55−63.

[21] Losee E. Relationship between larval and spat growth rates in the oyster (*Crassostrea virginica*)[J]. Aquaculture, 1979, 16(2): 123−126.

[22] Toro J E, Newkirk G F. Divergent selection for growth rate in European oyster *Ostrea edulis*: Response to selection and estimate of genetic parameter [J]. Mar Ecol Progr Ser, 1990, 62(3): 219−227.

[23] Jarayabhand P, Thavornyutikarn M. Realized heritability estimation on growth rate of oyster, *Saccostrea cucullata*

Born, 1778[J]. Aquaculture, 1995, 138(1−4): 111−118.
[24] 王庆志, 李琪, 刘世凯, 等. 长牡蛎成体生长性状的遗传参数估计[J]. 中国水产科学, 2012, 19(4): 700−706.
[25] 金武, 李家乐, 付龙龙, 等. 三角帆蚌幼贝生长性状遗传参数估计[J]. 水产学报, 2012, 36(8): 1209−1214.
[26] Gheyas A A, Woolliams J A, Taggart J B, et al. Heritability estimation of silver carp (*Hypophthalmichthys molitrix*) harvest traits using microsatellite based parentage assignment[J]. Aquaculture, 2009, 293(3 −4): 187−193.
[27] Wilson A J, Reale D, Clements M N, et al. An ecologist's guide to the animal model[J]. J Anim Ecol, 2010, 79(1): 13−26.
[28] 孙长森, 林志华, 董迎辉, 等. 泥蚶 (*Tegillarca granosa*) 主要经济性状遗传参数的估算[J]. 海洋与湖沼, 2010, 41(6): 907−913.
[29] 王庆志, 李琪, 刘士凯, 等. 长牡蛎幼体生长性状的遗传力及其相关性分析[J]. 中国水产科学, 2009, 16(5): 736−743.
[30] 梁峻, 郑怀平, 李莉, 等. 虾夷扇贝养殖群体的遗传力估算[J]. 海洋科学, 2011, 35(3): 1−7.
[31] 栾生, 孔杰, 张天时, 等. 基于表型值和育种值的中国对虾生长, 抗逆性状相关分析[J]. 海洋水产研究, 2008, 29(3): 14−20.
[32] Hadley N H, Dillon R T, Manzi J J. Realized heritability of growth rate in the hard clam *Mercenaria mercenaria*[J]. Aquaculture, 1991, 93(2): 109−119.
[33] 宋传文, 闫喜武, 桑士田, 等. 紫贻贝生长性状的遗传力估计[J]. 水产学报, 2013, 37(2): 201−206.
[34] 张沅, 张勤. 畜禽育种中的线性模型[M]. 北京: 北京农业大学出版社, 1993.

# Estimates of genetic parameters for growth traits in juvenile pearl oyster *Pinctada fucata*

LI Huojin[1, 2], LIU Baosuo[1], LUO Hui[1, 2], HUANG Guiju[1], CHEN Mingqiang[1], FAN Sigang[1], LI Youning[1], YU Dahui[1]

1. Key Laboratory of South China Sea Fishery Resources Exploitation & Utilization , Ministry of Agriculture; South China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Guangzhou 510300, China;
2. College of Fisheries and Life Sciences, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China

**Abstract:** The pearl oyster *Pinctada fucata* is an economically important oyster that is used for pearl production. There is considerable focus on improving selective breeding procedures for certain traits. We used the specimens of *P. fucata* from two geographic populations in Xuwen, Guangdong and Sanya, Hainan as the parents to construct 33 full-sibs families by artificial fertilization. We estimated the genetic parameters of growth traits in juvenile *P. fucata*. Fifty 162-day-old individuals were randomly sampled from each family. Shell length, shell height, shell width, and body weight were measured, and used for genetic analysis using a maximum likelihood algorithm based on an animal model. The total phenotypic means of the four growth traits were (16.28 ± 4.46) mm, (14.85 ± 4.39) mm, (4.58 ± 1.52) mm, and (0.66 ± 0.67) g, respectively. There was a significant difference between different traits in different families, indicating that family has a significant ($P$<0.01) influence on growth traits in juvenile *P. fucata*. The heritability of these four traits are 0.202 ± 0.020, 0.203 ± 0.020, 0.200 ± 0.021, and 0.204 ± 0.020, respectively, suggesting that there was some degree of selective potential by family selection. The pairwise phenotypic and genetic correlations between growth traits were 0.667–0.698 and 0.685–0.959, respectively. Based on our results, we predict that if one trait is improved genetically, the others will also be improved as the phenotypic and genetic correlations between the four traits were highly positive. The genetic correlation between shell width and body weight was highest (0.959), suggesting that the best way to improve body weight is by selection for shell width.

**Key words:** *Pinctada fucata*; full-sibs family; growth trait; heritability; selective breeding
**Corresponding author:** YU Dahui. E-mail: pearlydh@163.com