

DOI: 10.3724/SP.J.1118.2015.14384

合浦珠母贝不同生长阶段的基因型与环境互作效应

吴曼^{1,2}, 刘宝锁¹, 黄桂菊¹, 陈明强¹, 范嗣刚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, 南海生物资源开发与利用协同创新中心, 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 201406

摘要: 为了研究合浦珠母贝(*Pinctada fucata*)不同生长阶段基因型与环境的互作效应, 从 2012 年 1 月在海南构建的家系中选取生长快、中、慢 3 个典型家系(分别编号为 F₁、F₂ 和 F₃), 于海南陵水黎安、广东湛江覃斗和广西防城白龙 3 个不同海区进行养殖试验, 每个海区每个家系的放养数量为 800 个, 养殖 1 年。采用方差和加性主效应乘积交互作用(additive main effects and multiplicative interaction, AMMI)模型对各家系不同生长阶段壳长、壳高、壳宽和体重 4 个性状的基因型与环境互作效应进行分析。结果显示, 不同海区间合浦珠母贝的生长差异显著($P < 0.05$), 其中海南黎安的生长较快, 广西白龙较慢; 家系间, F₂ 家系的壳长、壳高、壳宽生长速度最快, F₁ 家系体重生长速度最快。整个试验阶段总体上 4 个性状的基因型方差占变异总方差的比例为 72.47%~88.55%, 环境方差占 9%~24.13%, 基因型×环境互作方差占 3.32%~4.04%。随着生长的进行, 4 个性状的基因型方差所占比例由最早阶段的 92.32%~98.66% 下降到最后阶段的 32.45%~68.10%, 环境方差由 0.11%~1.27% 增加到 24.41%~62.26%, 家系×环境互作方差由 0.79%~3.9% 增加到 3.84%~7.51%。AMMI 模型双标图分析表明, F₁ 家系与覃斗、F₂ 家系与黎安存在一定的互作, 而 F₃ 家系的稳定性最好。上述结果显示, 基因型与环境互作效应较小, 家系对表型变异的贡献较大, 表明家系的选择非常重要。该结果对合浦珠母贝优良品系的选育与推广具有重要指导意义。

关键词: 合浦珠母贝; 选育; 基因型与环境互作; 多因素方差分析; AMMI 模型

中图分类号: S917

文献标志码: A

文章编号: 1005-8737-(2015)05-0916-09

合浦珠母贝(*Pinctada fucata*)是培育海水珍珠的重要贝类, 主要分布于热带、亚热带的太平洋和印度洋沿岸, 中国主要分布于广西、广东和海南沿海^[1]。但由于长期的人工近亲繁殖、养殖和环境污染等原因, 导致合浦珠母贝养殖性状退化严重, 生长速度缓慢, 育珠贝越来越小, 病害频发, 死亡率增大, 严重制约了我国海水珍珠养殖业的可持续发展^[2]。因此迫切需要进行合浦珠母贝优良品系的选育。在合浦珠母贝家系选育研究中, 为了探讨选育家系对不同环境的适应性, 本课题组开展了

基因型与环境互作效应的研究, 以期为筛选适应不同海区的优良品种提供理论依据。

基因型与环境互作是指一定的环境差异对不同的基因型产生的效果不同, 即不同基因型的表型值之差随着环境的改变而变化^[3]。基因型与环境互作的研究对于品种的环境适应性鉴定与推广、育种区域的划分与育种目标的制定具有重要意义^[4]。在鱼类和腹足类等水生动物遗传育种中已开展了大量基因型与环境互作的研究^[4-8]。在双壳类方面, Evans 等^[9]对太平洋牡蛎(*Crassostrea*

收稿日期: 2014-09-14; 修订日期: 2015-06-11.

基金项目: 现代农业产业技术体系建设专项项目(CARS-48); 广东省海洋渔业科技推广专项项目(A201201A03, A201201A02, A201201A07, A201301A08, A201301A02, B201300B08); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项项目(2013YD02, 2013YD04).

作者简介: 吴曼(1989-), 女, 硕士研究生, 从事海水珍珠贝遗传育种. E-mail: 110269012345abc@163.com.

通信作者: 喻达辉, 博士, 博士生导师, 研究员. E-mail: pearlydh@163.com

gigas)体重的基因型与环境互作进行了分析, 其家系效应、环境效应以及基因型-环境互作效应分别占总表型方差的 5%、80%和 2%, 表明环境对体重生长的影响远大于基因型-环境互作的影响。而 Andrew 等^[10]对澳大利亚太平洋牡蛎的研究发现, 基因型和环境对群体平均体重的影响大, 基因型-环境互作的影响不明显, 但是互作的影响随着时间的变化而增大。在珍珠贝方面, Kvingedal 等^[11-13]、Jerry 等^[14]发现, 不同养殖地点的大珠母贝(*P. maxima*)生长差异显著, 总体上基因型与环境互作对表型变异影响极小, 但不同生长阶段不同环境因子的影响程度有所差异, 饵料互作对稚贝的影响显著, 而盐度的影响不显著。但合浦珠母贝生长性状的基因型与环境互作, 以及不同生长阶段的互作差异尚未见报道^[15]。

加性主效应乘积交互作用(additive main effects and multiplicative interaction, AMMI)模型最早由 Guach^[16]提出, 是一种非线性模型, 该模型将乘积形式的交互作用加入到常规的基因型与环境的加性模型中, 可从加性模型的互作效应值以及双标图中直观地估计交互作用的形态特点, 比起线性模型, 对数据的适应性更强, 预测的精度也相对较高^[17]。AMMI 模型在植物和其他动物育种中早已广泛使用^[18-26], 但水产动物方面报道较少, 仅马爱军等^[27]利用此模型研究了大菱鲆(*Scophthalmus maximus*)家系选育的基因型与环境互作效应, 得到稳定性较好且产量较高的两个家系。本研究拟用线性模型和 AMMI 非线性模型对合浦珠母贝不同生长阶段的基因型与环境互作效应进行分析, 为区域性品系选育与推广提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

合浦珠母贝家系是由三亚、徐闻和北海合浦珠母贝亲贝创建的第一批家系 F₃, 构建于 2012 年 1 月, 出苗后共 25 个家系在海南陵水新村养至 5 月龄, 每个月每个家系随机挑选 100 个个体测量壳色、壳高、壳宽和体重, 然后根据 5 个月的生长速率在 25 个家系中挑选出生长速率典型快、中、

慢的 3 个家系, 分别编号为 F₁、F₂ 和 F₃, 每个家系分别挑选生长状况好、个体大小接近的贝运送至海南陵水黎安(18°25'34.82"N, 110°02'40.70"E)、广东雷州覃斗(20°31'48.34"N, 109°54'16.55"E)和广西防城白龙(21°46'18.27"N, 108°20'58.25"E)的珍珠养殖场进行吊养, 黎安是一串 2 个笼吊养, 覃斗和白龙都是单笼吊养。根据贝的大小, 初始密度为: 5 月龄时 F₁、F₂ 和 F₃ 家系每笼分别放养 50 个、60 个和 100 个, 8 月龄时分疏成每笼 40 个、50 个和 80 个, 11 月龄时每笼分别调整为 30 个、40 个和 50 个, 到 14 月龄调整为每笼 20 个、30 个和 35 个。吊养深度都为 2 m。按照养殖户的常规管理方式进行养殖管理, 包括清笼、换笼等。各家系性状的初始大小见表 1。每个家系、每个养殖场的贝数量为 800 个, 养殖时间为 1 年, 生长阶段为 5~17 月龄。

1.2 性状测量

实验从 2012 年 6 月中旬开始至 2013 年 6 月中旬结束, 每隔 3 个月进行 1 次数据收集, 在每个实验海区每个家系随机抽取 100 个贝, 将贝壳上藤壶、淤泥、石灰虫等附着物清洗干净。用游标卡尺测量每个贝的壳长(shell length, SL)、壳高(shell height, SH)及壳宽(shell width, SW), 精确到 0.01 mm; 用电子秤称量体重(total weight, TW), 精确到 0.01 g。

1.3 数据分析

1.3.1 生长分析 本研究用生长速率指标对合浦珠母贝在不同海区的生长性能进行评估。

各性状的总体生长速度(mm/m)=(终末值-初始值)(mm)/养殖时间(月, m)。

各性状不同阶段的生长速度(mm/m)=(后一阶段测量值-前一阶段测量值)(mm)/阶段时长(月, m)。

数据分析时, 为了减少误差, 将性状值偏差太大的极端个体剔除后再进行分析。

1.3.2 互作分析 家系、环境、家系×环境互作效应分别用一般线性模型和 AMMI 模型进行方差分析, 一般线性模型(GLM)为:

$$y_{ijl} = \mu + f_i + s_j + (fs)_{ij} + \varepsilon_{ijl} \quad (i = 1, 2, 3; j = 1, 2, 3; l = 1, 2, \dots, 100);$$

式中, μ 为平均值, f_i 为家系 i 的效应值, s_j 为海区 j 的效应, $(fs)_{ij}$ 为家系 \times 海区互作效应, ε_{ijl} 为随机误差, $\varepsilon_{ijl} \sim (0, \sigma^2)$ 。

AMMI 非线性模型为:

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \sum \lambda_s \gamma_{is} \delta_{js} + \rho_{ij}, \quad (i = 1, 2, 3; j = 1, 2, 3)$$

式中, y_{ijk} 是第 i 基因型在环境 j 的第 k 次重复的观察值。加性参数: μ 为总体均值; α_i 为第 i 基因型平均与总平均的离差(基因型主效应); β_j 为第 j 环境平均与总平均的离差(环境主效应)。倍加性参数: λ_s 为第 s 个交互效应主成分轴(IPCA)的特征值, γ_{is} 为第 s 轴的基因型特征向量值, δ_{js} 为环境特征向量值, 特征向量为标准向量。 ρ_{ij} 为提取 ρ 个 IPCA 轴后留下的残差。

整个研究阶段的总体互作效应用总体生长速度数据进行分析, 不同阶段的互作效应用不同阶段的生长速度数据进行分析。用 AMMI 模型进行稳定性分析。

2 结果与分析

2.1 不同海区的生长速率比较

养殖 1 年后 3 个家系在不同海区的生长情况见表 1。黎安各家系生长性状的平均值最大, 白龙最小, 覃斗的接近平均值。方差分析表明, 不同海

区的个体大小差异显著($P < 0.05$)。多重比较进一步表明, F_2 和 F_3 家系分别在 3 个海区生长差异显著; F_1 家系在 3 个海区壳长和体重的生长差异显著, 壳高和壳宽差异不显著(表 1)。除壳宽外, 其他性状的生长速度由大到小依次为黎安、覃斗、白龙(表 2)。

总体生长速率分析表明, 除壳宽外 3 个家系在黎安的生长速率最快, 白龙最慢; F_1 家系体重生长最快, F_2 家系的壳长生长最快(图 1)。

不同生长阶段的生长速率分析表明, 覃斗和白龙仅 2012 年 6—9 月份(5~8 月龄)的生长速率最快(试验开始阶段), 而黎安 2012 年 6—9 月份和 2013 年 3—6 月份(14~17 月龄)两个阶段的生长速率都较快(表 2)。从家系来看, F_2 家系 3 个壳形性状的增长都较快, F_1 家系体重性状的增长最快。

2.2 生长性状的基因型 \times 环境互作效应分析

从生长速率来看, 3 个家系各性状生长速率随环境的变化趋势除了壳宽以外基本一致(图 1), 表明家系与环境之间的互作效应非常小, 比较而言, F_1 家系存在一定的互作效应。

线性模型(GLM)方差分析结果见表 3。其中壳长、壳高、壳宽和体重性状的基因型方差和占表

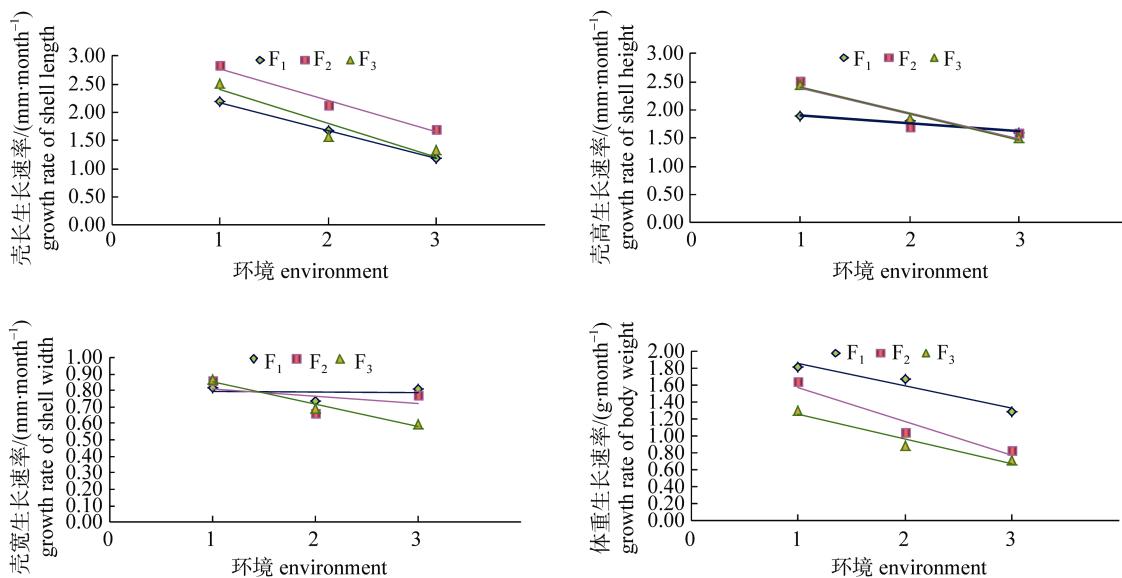


图 1 不同家系合浦珠母贝在不同地点的生长速率

F_1 、 F_2 和 F_3 分别代表初始性状大、中、小的 3 个家系; 环境 1、2、3 分别代表陵水黎安、湛江覃斗和防城白龙 3 个海区。

Fig. 1 Growth rate of different *Pinctada fucata* families at different sites

F_1 , F_2 and F_3 denote fast-, median- and slow-growth families, respectively; 1, 2, 3 denote Li'an, Tandou and Bailong sea sites, respectively.

表1 不同家系合浦珠母贝在不同海区的生长性状比较
Tab.1 Comparison of growth performance of different *Pinctada fucata* families at different sites

性状	F ₁			F ₂			F ₃				
	壳长/mm shell length	壳高/mm shell height	壳宽/mm shell width	体重/g total weight	壳长/mm shell length	壳高/mm shell height	体重/g total weight	壳长/mm shell length	壳高/mm shell height	壳宽/mm shell width	体重/g total weight
初始值 initial value	37.45±5.19	36.10±5.19	13.40±1.83	7.71±2.86	24.3±3.67	24.7±3.68	8.74±1.56	2.69±1.05	21.7±3.88	20.30±3.43	7.33±2.28
黎安 Li'an	63.64±4.79 ^a	58.78±4.67 ^a	23.21±3.60 ^a	29.55±5.81 ^a	58.20±5.59 ^a	54.91±5.25 ^a	19.09±1.65 ^a	22.37±5.24 ^a	51.94±3.15 ^a	49.79±3.03 ^a	17.74±1.16 ^a
覃斗 Tandou	57.49±4.11 ^{ab}	57.79±3.95 ^a	22.22±1.44 ^a	27.87±4.90 ^{ab}	49.74±2.97 ^{ab}	46.16±3.42 ^{ab}	16.69±1.37 ^{ab}	15.23±2.53 ^{ab}	40.42±4.19 ^{ab}	42.56±4.64 ^{ab}	15.61±1.69 ^{ab}
白龙 Bailong	51.76±4.74 ^b	55.30±4.52 ^a	23.15±1.75 ^a	23.13±4.62 ^b	44.58±3.89 ^b	43.66±4.06 ^b	18.04±1.70 ^b	12.68±3.02 ^b	37.69±4.13 ^b	38.36±4.02 ^b	14.47±1.71 ^b
平均值 average	57.63±7.46	57.29±6.49	22.86±2.86	26.85±6.22	50.84±9.18	47.91±7.48	17.94±2.42	16.76±6.43	43.35±7.73	43.57±6.57	15.94±2.02
											12.95±4.47

注: F₁、F₂ 和 F₃ 分别表示生长快、中、慢家系; 实验数值上标表示多重比较结果, 同一列中字母不同表示差异显著($P<0.05$).Note: F₁, F₂ and F₃ denote fast-, median- and slow-growth families, respectively. The different superscripts of numbers in the same column mean significantly different ($P<0.05$).表2 各家系合浦珠母贝不同生长阶段的生长速率
Tab.2 The growth rates of different *Pinctada fucata* families at different growth stages

地点 site	月龄/month age	壳长/(mm·m ⁻¹) shell length			壳高/(mm·m ⁻¹) shell height			壳宽/(mm·m ⁻¹) shell width			体重/(g·m ⁻¹) total weight		
		F ₁	F ₂	F ₃	F ₁	F ₂	F ₃	F ₁	F ₂	F ₃	F ₁	F ₂	F ₃
陵水黎安 Li'an	5-8	2.71	3.36	2.94	3.37	3.12	3.56	0.92	0.94	1.02	2.66	1.10	0.96
	8-11	1.46	2.82	2.84	1.40	2.67	3.17	0.85	1.06	1.06	1.53	1.98	2.11
	11-14	1.18	1.24	1.97	0.70	1.56	1.16	0.69	0.65	0.86	0.95	1.49	1.25
	14-17	3.38	3.88	2.33	2.09	2.72	1.94	0.81	0.80	0.53	2.14	1.99	0.91
平均 mean	2.18±1.03	2.83±1.14	2.52±0.45	1.89±1.13	2.52±0.67	2.46±1.10	0.82±0.09	0.86±0.18	0.87±0.24	1.82±0.74	1.64±0.43	1.31±0.55	
湛江覃斗 Tandou	5-8	2.84	3.42	2.42	3.33	3.33	3.39	0.99	0.90	0.95	2.57	1.13	1.05
	8-11	1.80	1.93	1.46	1.93	1.75	1.62	0.94	0.51	0.73	2.21	0.69	1.04
	11-14	1.08	2.68	1.27	1.16	1.11	1.33	0.54	0.88	0.70	1.52	2.01	0.93
	14-17	0.96	0.45	1.09	0.81	0.63	1.08	0.47	0.36	0.38	0.42	0.35	0.53
平均 mean	1.67±0.86	2.12±1.26	1.56±0.59	1.81±1.11	1.71±1.17	1.86±1.04	0.74±0.26	0.66±0.26	0.69±0.23	1.68±0.95	1.05±0.71	0.89±0.24	
防城白龙 Bailong	5-8	1.78	3.47	2.04	2.85	3.44	3.00	0.95	0.98	0.78	2.09	1.34	1.02
	8-11	0.99	1.37	1.46	1.17	1.09	1.55	0.99	0.87	0.77	1.22	0.83	0.95
	11-14	1.39	1.29	1.41	1.56	1.26	0.86	0.84	0.61	1.48	0.84	0.67	
	14-17	0.61	0.63	0.42	0.82	0.53	0.22	0.45	0.41	0.22	0.35	0.32	0.21
平均 mean	1.19±0.50	1.69±1.23	1.33±0.67	1.60±0.88	1.58±1.27	1.51±1.14	0.81±0.24	0.78±0.25	0.60±0.26	1.29±0.72	0.83±0.41	0.71±0.36	
总平均 total mean	1.68	2.21	1.80	1.77	1.93	1.94	0.77	0.79	0.72	1.60	1.17	0.97	

注: F₁、F₂ 和 F₃ 分别表示生长快、中、慢家系.Note: F₁, F₂ and F₃ denote fast-, median- and slow-growth families, respectively.

表 3 基因型×环境互作效应分析

Tab. 3 Genotype×environment interaction analysis based on general linear model (GLM) and AMMI model

模型 model	壳长 shell length			壳高 shell height			壳宽 shell width			体重 total weight		
	G	E	G×E	G	E	G×E	G	E	G×E	G	E	G×E
GLM	72.47%	24.13%	3.34%	80.66%	15.30%	4.04%	88.55%	9.00%	2.45%	84.17%	12.51%	3.32%
AMMI	65.40%	23.50%	5.63%	71.30%	17.66%	5.63%	79.55%	10.81%	3.58%	76.34%	13.31%	5.33%

注: G—基因, E—环境, G×E—基因与环境互作。

Note: G—Genotype, E—Environment, G×E—Genotype×environment interaction.

型变异方差的比例最大, 分别为 72.47%、80.66%、88.55% 和 84.17%; 环境方差占比次之, 分别为 24.13%、15.30%、9.00% 和 12.51%; 基因型×环境互作方差占比最小, 分别为 3.34%、4.04%、2.45% 和 3.32%。除壳长的环境效应和壳宽、体重的环境互作效应不显著外, 其他效应均显著($P<0.05$), 其中基因型效应达到极显著水平($P<0.01$)。

AMMI 模型对壳高、壳宽和体重的分析结果与线性模型的结果趋势一致(表 3), 即基因型方差所占比例最大, 基因型×环境互作所占比例最小。但 AMMI 模型的环境和互作两个效应有所增加, 而基因型的效应有所减少。

AMMI 双标图能更直观、更精细地反映基因型与环境的互作关系。数据处于水平轴同一侧的, 表示存

在正互作; 越接近水平轴, 互作越小。4 个性状的双标图进一步表明, F_1 家系与覃斗、 F_2 家系与黎安存在正互作, 而 F_3 家系的互作最小, 稳定性最好(图 2)。

2.3 不同生长阶段的基因型×环境互作效应分析

两种模型得到的不同阶段的基因型与环境互作效应的变化趋势相似(表 4)。不同海区实验初始阶段基因型效应非常大(90%以上), 占绝对优势, 随着月龄的增长, 环境效应越来越大, 基因型与环境互作效应也有小幅度增长, 相反家系基因效应降低。两个模型所得到的基因型效应、环境效应和基因型×环境互作效应 3 组方差所占比例在每个阶段也相似。其中基因型×环境互作效应在 11~14 月龄(2012 年 12 月—2013 年 3 月)阶段的比例相比其他 3 个阶段明显变大(表 4)。

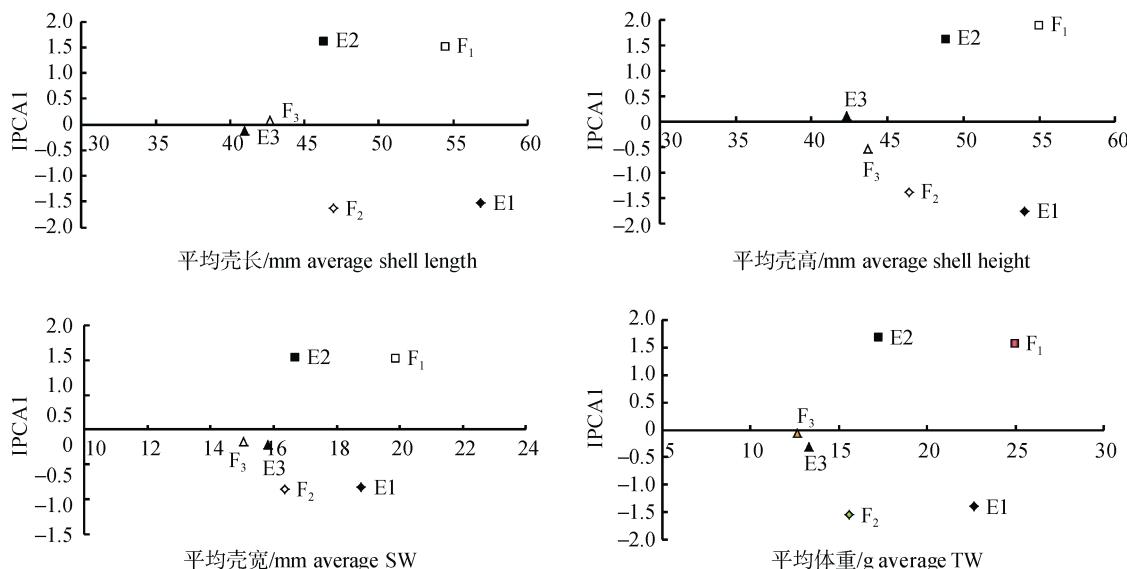


图 2 3 个合浦珠母贝家系 4 个生长性状的 AMMI 双标图

E1、E2 和 E3 分别表示陵水黎安、湛江覃斗和防城白龙。 F_1 、 F_2 和 F_3 分别表示生长快、中、慢家系。

Fig. 2 AMMI biplots of four growth traits in the pearl oyster *Pinctada fucata*

E1, E2 and E3 denote Li'an Lingshui, Tandou Zhanjiang and Bailong Fangcheng, respectively. F_1 , F_2 and F_3 denote fast-, median- and slow-growth families, respectively.

表4 合浦珠母贝不同生长阶段的基因型×环境互作效应分析

Tab. 4 Genotype×environment interaction analysis based two models in different growth stages of *Pinctada fucata*

方差来源 origin of variance	月龄 month age	壳长 shell length		壳高 shell height		壳宽 shell width		体重 total weight	
		GLM	AMMI	GLM	AMMI	GLM	AMMI	GLM	AMMI
基因型 genotype, G	5~8	97.71%	96.76%	98.66%	97.91%	95.91%	92.32%	98.49%	97.32%
	8~11	70.38%	66.81%	79.51%	76.48%	91.81%	88.77%	85.01%	82.31%
	11~14	74.50%	65.54%	75.39%	67.71%	68.79%	60.87%	75.82%	68.25%
	14~17	33.74%	32.45%	46.26%	43.02%	68.10%	64.23%	60.99%	57.50%
环境 environment, E	5~8	1.27%	1.26%	0.54%	0.54%	0.19%	0.18%	0.11%	0.11%
	8~11	24.26%	23.03%	16.35%	15.73%	4.76%	4.60%	11.66%	11.29%
	11~14	11.20%	9.85%	12.67%	11.38%	15.87%	14.04%	12.28%	11.05%
	14~17	62.26%	59.87%	46.23%	43.00%	25.88%	24.41%	32.66%	30.79%
基因型×环境 G×E	5~8	1.02%	1.01%	0.80%	0.79%	3.90%	3.75%	1.40%	1.38%
	8~11	5.36%	5.08%	4.14%	3.99%	3.43%	3.31%	3.32%	3.22%
	11~14	14.30%	12.58%	11.94%	10.73%	15.34%	13.58%	11.90%	10.71%
	14~17	4.00%	3.84%	7.51%	6.99%	6.02%	5.68%	6.34%	5.99%

3 讨论

本研究中基因型、环境、基因型×环境互作的线性模型和 AMMI 非线性模型分析均发现, 基因型的方差最大, 基因型×环境互作方差最小, 表明基因型之间的差异对表型差异的贡献最大, 而环境差异的贡献次之, 互作虽然显著, 但效应值很小, 因此选择优良基因型最重要, 同时也表明选育的优良家系可以在不同地方推广。Kvingedal 等^[11~12]在对大珠母贝的基因型与环境互作研究中也发现, 家系与环境的互作对大珠母贝生长和存活的影响远不及基因型和环境本身的影响。从不同生长阶段来看, 家系的效应在早期表现得尤其突出, 其方差高达 92.32%~98.66%, 在后期逐渐下降, 但不同性状下降有所差异。壳长、壳高下降较大(下降至 30%~40%), 而壳宽和体重下降稍小(下降至 60%~70%), 表明壳宽和体重后期生长方差比壳长和壳高的方差大; 环境效应和互作效应则逐渐升高, 总体上环境效应的升幅较大。这些不同阶段的变化到底是与年龄有关还是季节变化引起的, 有待进一步研究。对太平洋牡蛎的研究也发现体重生长的基因型方差比例随着生长由 0.98 降到 0.36, 环境方差比例由 0.17 升高到 0.46^[10], 与本研究中合浦珠母贝的变化趋势一致。同时也发现, 与合浦珠母贝一样, 太平洋牡蛎

的基因型×环境互作不太明显^[10]。大菱鲆的基因型×环境互作效应占比也不大(10.82%)^[27]。AMMI 非线性模型进一步揭示出生长快的 F₁ 家系与湛江覃斗、中等生长家系 F₂ 与黎安存在互作, 而慢速生长家系 F₃ 与环境互作极小(图 2), 在不同海区的生长速度变化趋势一致(图 1)。图 1 显示, F₃ 的 4 个性状在 3 个海区的变化趋势几乎一样, 而 F₁ 和 F₂ 的壳高与壳宽性状的变化格局呈现典型的互作效应。

另外, 实验贝在 11~14 月龄(2012 年 12 月到 2013 年 2 月)阶段时, 互作效应突然上升到 10%以上, 是否是因为水温降低, 达到临界值发生胁迫作用, 从而导致不同家系出现应激差异, 尚待进一步研究。

从生长速度来看, 黎安的生长速度最大、白龙最小; 从季节来看, 黎安的 2012 年 3—9 月生长均较快, 而覃斗和白龙仅 2012 年 6—9 月生长较快, 与 3 个海区所处地理位置的气候条件相符。白龙的纬度与覃斗相差不大, 但贝的生长速度却比覃斗小; 笔者在养殖中发现白龙泥沙淤积较重, 可能与此有关。从不同性状的生长情况来看, 早期生长最快的 F₁ 家系 3 个形态性状(壳长、壳高、壳宽)的增长却是最慢的, 但是体重性状却增长最快, 表明形态性状早期生长快, 而体重性状后期生长快, 与双壳类的普遍生长规律相符。

参考文献:

- [1] Meng Z M, Li Y N, Xing K W, et al. Culture theory and technology of pearl oyster[M]. Beijing: Science Press, 1996.[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] Xie Z M. Culture technology of marine economic shellfish [M]. Beijing: China Agriculture Press, 2003.[谢忠明. 海水经济贝类养殖技术[M]. 北京: 中国农业出版社, 2003.]
- [3] Guo P Z. Quantitative Genetic Analysis[M]. Beijing: Beijing Teachers College Press, 1987.[郭平仲. 数量遗传分析[M]. 北京: 北京师范学院出版社, 1987.]
- [4] Deng Y W, Liu X, Zhang G F. Genotype-environment interaction of growth in *Haliotis discus* Hannai[J]. Marine Sciences, 2005, 29(12): 31–33.[邓岳文, 刘晓, 张国范. 皱纹盘鲍基因型与环境互作的初步研究[J]. 海洋科学, 2005, 29(12): 31–33.]
- [5] Huang Y Z, Mao S X. The initial research on genotype-environment interaction of primitive weigh in *ampullaria gigas*[J]. Journal of Xinyang Teachers College: Natural Science Edition, 1992, 5(1): 48–53.[黄英姿, 毛盛贤. 关于福寿螺前期体重基因型与环境互作的初步研究[J]. 信阳师范学院学报自然科学版, 1992, 5(1): 48–53.]
- [6] Dupont-Nivet M, Karahan-Nomm B, Vergnet A, et al. Genotype by environment interactions for growth in European seabass (*Dicentrarchus labrax*) are large when growth rate rather than weight is considered[J]. Aquaculture, 2010, 306(1–4): 365–368.
- [7] Domingos J A, Smith-Keune C, Robinson N, et al. Heritability of harvest growth traits and genotype-environment interactions in barramundi, *Lates calcarifer* (Bloch)[J]. Aquaculture, 2013, 402–403: 66–75.
- [8] Trong T Q, Mulder H A, van Arendonk J A M, et al. Heritability and genotype by environment interaction estimates for harvest weight, growth rate, and shape of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) grown in river cage and VAC in Vietnam[J]. Aquaculture, 2013, 384–387: 119–127.
- [9] Evans S, Langdon C. Effects of genotype × environment interactions on the selection of broadly adapted Pacific oysters (*Crassostrea gigas*)[J]. Aquaculture, 2006, 261(2): 522–534.
- [10] Swan A A, Thompson P A, Ward R D. Genotype × environment interactions for weight in Pacific oysters (*Crassostrea gigas*) on five Australian farms[J]. Aquaculture, 2007, 265(1–4): 91–101.
- [11] Kvingedal R, Jerry D R, Evans B S, et al. Genotype by environment (G×E) interactions in silver pearl oysters (*Pinctada maxima*) and their effects on spat survival and growth[J]. Aquaculture, 2007, 272(S1): S280–S281.
- [12] Kvingedal R, Evans B S, Taylor J J U, et al. Family by environment interactions in shell size of 43-day old silver-lip pearl oyster (*Pinctada maxima*), five families reared under different nursery conditions[J]. Aquaculture, 2008, 279(1–4): 23–28.
- [13] Kvingedal R, Evans B S, Lind C E, et al. Population and family growth response to different rearing location, heritability estimates and genotype × environment interaction in the silver-lip pearl oyster (*Pinctada maxima*)[J]. Aquaculture, 2010, 304(1–4): 1–6.
- [14] Jerry D R, Kvingedal R, Lind C E, et al. Donor-oyster derived heritability estimates and the effect of genotype × environment interaction on the production of pearl quality traits in the silver-lip pearl oyster, *Pinctada maxima*[J]. Aquaculture, 2012, 338–341: 66–71.
- [15] Huang Y Z, Mao S X. A review on the theories and methods of studying genotype – environment interaction[J]. Acta Agronomica Sinica, 1992, 18(2): 116–125.[黄英姿, 毛盛贤. 基因型与环境互作的研究的新进展[J]. 作物学报, 1992, 18(2): 116–125.]
- [16] Gauch Jr H G. Model selection and validation for yield trials with interaction[J]. Biometrics, 1998, 44(3): 705–715.
- [17] Guo T C, Ma D Y, Zhu Y J, et al. Genotype, environment and their interactive effects on main quality traits of winter-sown wheat variety[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2004, 18(2): 116–125.[郭天财, 马冬云, 朱云集, 等. 冬播小麦品质主要品质性状的基因型与环境及其互作效应分析[J]. 中国农业科学, 2004, 37 (7): 948–953.]
- [18] Li W, Xie D Y, Duan Z Z, et al. Analysis on genotype-environment interaction of cotton based on AMMI model[J]. Journal of Hebei Agricultural Sciences, 2010, 14(4): 158–160.[李武, 谢德意, 段峥峥, 等. 基于 AMMI 模型分析棉花基因型与环境互作效应[J]. 河北农业科学, 2010, 14(4): 158–160.]
- [19] Wang J, Guo E H, Yuan F, et al. Analysis on genotype-environment interaction of millet based on AMMI model[J]. Journal of Hebei Agricultural Sciences, 2010, 14(11): 107–111.[王军, 郭二虎, 袁峰, 等. 基于 AMMI 模型分析谷子基因型与环境互作效应[J]. 河北农业科学, 2010, 14(11): 107–111.]
- [20] Xu L N, Gao S J, Deng Z H, et al. Application of AMMI model in data analysis of regional trial of sugarcane[J]. Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis, 2004, 26(5): 735–739.[徐良年, 高三基, 邓祖湖, 等. AMMI 模型在甘蔗区域实验中的应用[J]. 江西农业大学学报, 2004, 26(5): 735–739.]

- [21] Zhang Z, Lu C, Xiang Z H. Analysis of variety stability based on the AMM I model in silkworm[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 1998, 31(1): 62–68.[张泽, 鲁成, 向仲怀. 基于 AMMI 模型的家蚕品种稳定性分析[J]. 中国农业科学, 1998, 31(1): 62–68.]
- [22] Yin Y B, Zhu M J, Ma H W, et al. Interaction of genotype and environmental effects on head rice rate of Ningxia rice[J]. *Journal of Northwest A&F University: Natural Science Edition*, 2001, 29(6): 34–38.[殷延勃, 朱美静, 马洪文, 等. 基因型和环境互作对宁夏稻米整精米率的影响[J]. 西北农林科技大学学报: 自然科学版, 2001, 29(6): 34–38.]
- [23] Lv J H. Application of AMMI model in wheat variety regional trial[J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2004, 32(3): 411–412.[吕建华. AMMI 模型在小麦品种区试中的应用[J]. 安徽农业科学, 2004, 32(3): 411–412.]
- [24] Ye Z H, Shi J S, Yang R C, et al. AMMI adjustment for analysis of genotype-environment interaction for Chinese fir[J]. *Journal of Nanjing Forestry University*, 1993, 17(4): 15–21.[叶志宏, 施季森, 杨荣才, 等. 杉木基因型与环境交互效应的 AMMI 模型分析[J]. 南京林业大学学报, 1993, 17(4): 15–21.]
- [25] Muthuramu S, Jebaraj S, Gnanasekaran M. AMMI biplot analysis for drought tolerance in rice (*Oryza sativa L.*)[J]. *Res J Agr Sci*, 2011, 2(1): 98–100.
- [26] Zali H, Farshadfar E, Sabaghpoor S H, et al. Evaluation of genotype × environment interaction in chickpea using measures of stability from AMMI model[J]. *Ann Biol Res*, 2012, 3(7): 3126–3136.
- [27] Ma A J, Wang X A. Analysis of genotype-environmental interaction of turbot(*Scophthalmus maximus*) based on AMMI model[J]. *Journal of Fisheries of China*, 2012, 36(11): 1633–1639.[马爱军, 王新安. 基于 AMMI 模型分析大菱鲆选育家系基因型与环境互作效应[J]. 水产学报, 2012, 36(11): 1633–1639.]

Genotype-by-environment interactions at different growth stages of the pearl oyster, *Pinctada fucata*

WU Man^{1,2}, LIU Baosuo¹, HUANG Guiju¹, CHEN Mingqiang¹, FAN Sigang¹, YU Dahui¹

1. Key Laboratory of South China Sea Fishery Resources Exploitation & Utilization, Ministry of Agriculture; South China Sea Resource Exploitation and Protection Collaborative Innovation Center(SCS-REPIC); South China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Guangzhou 510300, China;
2. College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China

Abstract: With the recession of the pearl oyster, *Pinctada fucata*, germplasm, it is urgent for the pearl industry to select varieties with optimal traits. Analysis of genotype and environment interactions is important for verifying and promoting elite varieties, for selecting breeding varieties suited to specific environments, and for determining breeding objectives. In this study, we selected three typical families (F_1 , F_2 , and F_3) with fast, median, and slow growth that were cultured in Li'an (Lingshui, Hainan), Tandou (Zhanjiang, Guangdong), and Bailong (Fangcheng, Guangxi) for 1 year. Eight hundred individuals per family were cultured in each location. The three families were started in January, 2012. Multiple analysis of variance (ANOVA) and additive main effects and multiplicative interactions (AMMI) were used to analyze the effects of genotype-by-environment ($G \times E$) interaction on different growth stages. Results showed that the growth rate of different *P. fucata* growth traits in different sites was significantly different ($P < 0.05$). The fastest growth rate was observed in Li'an, Hainan, and the slowest rate was observed in Bailong, Guangxi. The F_1 generation had the fastest growth rate with regard to total weight, whereas F_3 had the slowest rate. F_2 had the fastest growth rate with regard to shell length, shell height, and shell width. In total, the proportions of genotypic(G), environmental(E), and $G \times E$ interaction variances were 72.47%–88.55%, 9%–24.13%, and 3.32%–4.04% for the four traits, respectively. In different growth stages, genotypic variance reduced from 92.32%–98.66% to 32.45%–68.10%. Instead, environmental variance increased from 0.11%–1.27% to 24.41%–62.26%, and $G \times E$ variance increased from 0.79%–3.9% to 3.84%–7.51%. Analysis of AMMI biplots of four traits showed that F_1 was associated with Tandou, F_2 was associated with Li'an, and F_3 was the most stable family. Above all, the effect of $G \times E$ interaction was small. Family greatly contributed to phenotypic variation. Our observations provide support for selective breeding of this animal.

Key words: *Pinctada fucata*; selective breeding; genotype-environment interaction; multiple factor analysis; AMMI model

Corresponding author: YU Dahui. E-mail: pearlydh@163.com