

DOI: 10.3724/SP.J.1118.2011.00574

栉孔扇贝、虾夷扇贝及其杂交子代的群体遗传多样性分析

于涛^{1,2}, 杨爱国¹, 周丽青¹, 吴彪¹, 刘志鸿¹

1. 农业部海洋渔业资源可持续利用重点开放实验室, 中国水产科学研究院 黄海水产研究所, 山东 青岛 266071;

2. 上海海洋大学 水产与生命学院, 上海 201306

摘要: 采用扩增片段长度多态性(Amplified Fragment Length Polymorphism, AFLP)标记对栉孔扇贝(*Chlamys farreri*, ♀)、虾夷扇贝(*Patinopecten yessoensis*, ♂)及其F₁群体的遗传多样性进行分析。5 对引物组合共扩增得到 315 个位点, 其中 311 个为多态位点, 总的多态位点比例为 98.73%。栉孔扇贝、虾夷扇贝及其F₁群体的Shannon信息指数分别为 0.477 1±0.260 6、0.423 9±0.277 7、0.548 8±0.220 9; 3 个群体的Nei's基因多样性指数分别为 0.329 1±0.185 0、0.289 7±0.195 9、0.382 8±0.161 2, 表明杂交子代群体的遗传多样性水平比 2 个亲本群体都高。栉孔扇贝与虾夷扇贝群体间的遗传距离为 0.411 6, 栉孔扇贝与F₁群体间的遗传距离是 0.131 6, 虾夷扇贝与F₁群体间的遗传距离是 0.278 0, 表明杂种子代与母本栉孔扇贝遗传距离较近。聚类分析显示, 虾夷扇贝群体、栉孔扇贝群体以及F₁群体的所有个体分别聚到一起, 且都形成独立群体; 分子方差分析(AMOVA)结果显示, 变异来源有 30.47%来自群体间, 有 69.53%来自群体内, 表明群体内的遗传多样性比较丰富。杂种优势的产生与群体遗传多态性有关。

关键词: 栉孔扇贝; 虾夷扇贝; F₁; AFLP; 遗传多样性; 杂种优势

中图分类号: S917

文献标志码: A

文章编号: 1005-8737-(2011)03-0574-07

栉孔扇贝(*Chlamys farreri*)是中国北方海水养殖的重要经济贝类, 但是近年来在夏季高温季节出现了大规模死亡的现象, 除了与养殖密度、水环境恶化等原因有关外, 种质退化也是一个重要原因^[1]。长期以来人们对栉孔扇贝的养殖仍处于半野生半养殖状态, 尚未培育出性状稳定的品系, 因此累代养殖后出现了种质退化、品质下降及抗逆性降低等问题, 大大制约了中国海水贝类养殖业的发展。虾夷扇贝(*Patinopecten yessoensis*)是原产于日本、俄罗斯远东及朝鲜部分水域的冷水性贝类, 20 世纪 80 年代被引入中国。自 2000 年开始, 本课题组开展了栉孔扇贝(♀)与虾夷扇贝(♂)远缘杂交的研究, 并已取得成功。杂交子代外形偏向母本, 但与栉孔扇贝相比具有生长快、抗逆

性强等优点, 在夏季高温季节成活率达 95%, 生长速度提高 23%, 显现出较强的杂种优势^[2], 滕丽莉等^[3]利用RAPD技术、吕振明^[4]利用ISSR技术、程宁宁等^[5]利用SRAP技术研究了栉孔扇贝、虾夷扇贝杂交子一代的遗传特性, 都得到类似结果, 对杂交子代群体遗传背景有了清楚的了解。

扩增片段长度多态性(Amplified Fragment Length Polymorphism, AFLP)方法由于具有多态性高、DNA 用量少、检测效率高、可靠性好、分辨率高、能分析克隆片段、稳定的遗传性和选择上为中性等优点, 已广泛应用于各种分子生物学研究中。*MspI* 和 *MseI* 都属于多切点、可识别四碱基的限制性内切酶, *MspI* 的识别位点为“CCGG”。本研究以 *MspI* 与 *EcoRI* 为酶切组合对

收稿日期: 2010-05-21; 修订日期: 2010-07-20.

基金项目: 国家 863 计划项目(2006AA10A408); 国家科技支撑计划专题项目(2006BAD01A00); 山东省自然科学基金项目(ZR2009DQ006); 青岛市科技计划基础研究项目(09-1-3-12-jch); 中央级公益性基本科研业务费专项资助项目(2009-chb-06).

作者简介: 于涛(1985-), 男, 硕士, 主要从事贝类遗传育种研究. E-mail: yutao8577@163.com

通信作者: 杨爱国, 研究员. Tel: 0532-85811982; E-mail: yangag@ysfri. ac. cn

栉孔扇贝、虾夷扇贝及其杂交子代群体进行 AFLP 扩增带谱分析。通过研究杂种及双亲的群体遗传多样性来分析杂种双亲的亲缘关系、杂种与双亲的群体内和群体间的变异来源等,以期在分子水平为扇贝杂种优势的研究提供理论依据,为分子标记辅助育种奠定基础。

1 材料与方法

1.1 材料

虾夷扇贝采自于大连长海县海域,栉孔扇贝采自于山东日照海区,于中国水产科学研究院青岛实验增殖站室内暂养育肥,各随机取 30 个,经杂交产生F₁,从F₁群体中随机选取 30 个D型幼虫作为研究材料。

1.2 DNA 提取

取亲本肌肉组织的 DNA 用于本实验研究, DNA 提取采用常规的酚-氯仿法,参考《分子克隆实验指南》(第 3 版),稍作改动。取材料约 0.1 g,剪碎,放入消化液(475 μL TE、25 μL 10%的 SDS、5 μL 20 mg/mL 蛋白酶 K)55℃水浴 3 h,然后用等体积的饱和酚抽提 1 次,酚: 氯仿: 异戊醇混合液(体积比 25: 24: 1)抽提 2 次,氯仿抽提 1 次;乙醇沉淀,超纯水溶解。1%的琼脂糖和核酸定量仪检测 DNA 的质量并测定其浓度。

F₁D型幼虫DNA提取方法: 将幼虫置于装有 0.1×TE的培养皿中,在解剖镜下挑取幼虫,各置于 1 个无菌PCR管中,加 20 μL 500 μg/mL的蛋白酶K,56℃裂解 1 h。

1.3 AFLP 分析

AFLP分析参照Vos等^[6]的方法,并稍作改进、优化。实验用限制性内切酶EcoRI和MspI及T4 连接酶均购自 Fermentas 公司, Taq DNA 聚

合酶为Tiangen公司产品,所有引物均由上海生工生物工程公司合成。选择性扩增引物含 3 个选择碱基(引物及接头序列见表 1),通过对AFLP各个条件的优化,筛选出 5 对重复性好、多态性好、条带清晰的选择扩增引物组合用于本实验的研究,5 对引物组合分别为E₁M₄、E₂M₅、E₃M₃、E₅M₁、E₅M₃。扩增产物用 6%变性聚丙烯酰胺凝胶 60 W 恒功率电泳 2.5 h,进行银染检测。

1.4 数据统计与分析

银染之后得到的带谱利用分析软件 Cross Checker (version 2.9)进行分析,有带视为 1,无带为 0,获得 0、1 矩阵,具体分析内容如下:

采用 POPGENE (Version1.31)软件分别计算 3 个扇贝群体的多态位点百分率、各个水平的基因多样性指数(Nei's, 1973)、Shannon 信息指数 (Lewontin, 1972)以及群体间的遗传相似度和遗传距离(Nei, 1978),并根据群体间遗传距离用 UPGMA 方法对 3 个群体进行聚类分析;同时根据个体间遗传距离矩阵,用 PHYLIP3.65 的 NEIGHBOR 程序以 UPGMA 方法对所有个体聚类;采用 WINAMOVA1.55 软件对 3 个扇贝群体间以及群体内的分子变异进行分析(AMOVA),显著性检验是通过 1 000 次置换。

2 结果与分析

2.1 AFLP 扩增结果

5 对引物在 3 个群体的 90 个个体中共检测到 315 个扩增位点,大小介于 100~1 100 bp 之间,其中多态位点为 311 个,多态位点比率为 98.73%,栉孔扇贝、虾夷扇贝、F₁的平均多态位点比率分别为 79.05%、72.38%和 88.57%。

表 1 本研究所用接头和引物组合
Tab.1 List of AFLP primers and adapters used in the experiment

序列名称 sequence	EcoRI	MspI
接头 adapter	EA ₁ :5'-CTCGTAGACTGCGTACC-3' EA ₂ :5'-AATTGGTACGCAGTCTAC-3' E ₀ :5'-GACTGCGTACCAATTC-3'	MA ₁ :5'-GATCATGAGTCCTGCT-3' MA ₂ :5'-CGAGCAGGACTCAGAA-3' M ₀ :5'-ATCATGAGTCCTGCTCGGG-3'
预扩引物 preamplification primer		
选择性扩增引物 selective amplification primer	E ₁ : 5'- E ₀ +ACA-3' E ₂ : 5'- E ₀ +AGT-3' E ₃ : 5'- E ₀ +AAC-3' E ₄ : 5'- E ₀ +GTC-3' E ₅ : 5'- E ₀ +GCT-3'	M ₁ : 5'- M ₀ +TGA-3'; M ₂ : 5'- M ₀ +TGT-3' M ₃ : 5'- M ₀ +TAT-3'; M ₄ : 5'- M ₀ +TAC-3' M ₅ : 5'- M ₀ +TCA-3'; M ₆ : 5'- M ₀ +TCT-3' M ₇ : 5'- M ₀ +TTC-3'; M ₈ : 5'- M ₀ +TTA-3'

2.2 各群体遗传结构及遗传多样性分析

从表 2 可以看出, F_1 的平均多态位点比率、Nei's 基因多样性指数和 Shannon 信息指数在 3 个群体中最高, 栉孔扇贝次之, 虾夷扇贝最低, 表明由杂交产生的杂种子一代的遗传多样性是比较丰富的。

3 个群体之间的遗传距离在 0.411 6~0.131 6 之间, 其中 F_1 和栉孔扇贝之间的遗传距离最小(0.131 6), 两者遗传相似度最大(0.876 7); 栉孔扇贝和虾夷扇贝之间的遗传距离最大(0.411 6), 相似性则最小(0.662 6); F_1 与栉孔扇贝之间遗传距离(0.131 6)要小于 F_1 与虾夷扇贝之间的遗传距离(0.278 0), 其遗传相似性则相反(表 3), 表明 2 个

亲本间的遗传差异较大, F_1 与母本的遗传距离比与父本的遗传距离要小。

2.3 聚类分析

由 POPGENE 构建的 UPGMA 系统树可见, F_1 首先和栉孔扇贝聚在一起, 然后和虾夷扇贝聚在一起, 说明 F_1 与栉孔扇贝的遗传距离较近, 与虾夷扇贝的较远(图 1)。用 PHYLIP 的 NERGHBOR 程序的 UPGMA 方法构建的 3 个群体的系统树可以更明了地看出, 虾夷扇贝群体的所有个体单独聚到一起, 栉孔扇贝群体的所有个体聚到一起, 杂交 F_1 群体的所有个体聚到一起, 父母本及杂交子代各自为一个单独的群体, 此聚类结果也同时表明 F_1 与母本的遗传相似性更高一些(图 2)。

表 2 3 个扇贝群体的遗传多样性指数
Tab.2 Genetic diversity indices in three scallop populations

指数 parameter	虾夷扇贝 <i>Patinopecten yessoensis</i>	栉孔扇贝 <i>Chlamys farreri</i>	F_1
PPL	0.7238	0.7905	0.8857
<i>h</i>	0.2897±0.1959	0.3291±0.1850	0.3828±0.1612
<i>I</i>	0.4239±0.2777	0.4771±0.2606	0.5488±0.2209

注: PPL 为多态位点比率; *h* 为 Nei's (1973) 基因多样性指数; *I* 为 Shannon 信息指数。
Note: PPL is percentage of polymorphic loci; *h* is Nei's (1973) gene diversity index; *I* is Shannon's information index(Lewontin, 1972).

表 3 群体间遗传相似度(对角线以上)及遗传距离(对角线以下)
Tab. 3 Genetic similarity (above diagonal) and distance(below diagonal) between three scallop populations

群体 group	虾夷扇贝 <i>Patinopecten yessoensis</i>	栉孔扇贝 <i>Chlamys farreri</i>	F_1
虾夷扇贝 <i>P. yessoensis</i>	****	0.6626	0.7573
栉孔扇贝 <i>C. farreri</i>	0.4116	****	0.8767
F_1	0.2780	0.1316	****



图 1 栉孔扇贝、虾夷扇贝及杂交 F_1 3 个群体的 UPGMA 聚类分析

Fig.1 UPGMA dendrogram among *Chlamys farreri*, *Patinopecten yessoensis* and their hybrids F_1 using POPGENE32

2.4 群体间遗传多样性来源的分子方差(AMOVA)分析

应用分子方差分析(AMOVA)对 3 个群体的遗传多样性来源进行分析, 结果表明, 69.53% 的变

异存在于群体内, 群体间的变异则占 30.47%(表 4), 说明群体内的遗传多样性比较丰富。

3 讨论

3.1 AFLP 技术在遗传育种中的应用

由于具有多态性高、DNA 用量少、检测效率高、可靠性好、分辨率高等优点, AFLP 技术在遗传育种研究中得到广泛应用。在近缘物种间遗传多样性的研究中, Liu 等^[7]对 2 种鲆(*Ichalurus punctatu*, *I. frucatus*)亲本及其杂交后代进行了遗传分析, 万俊芬等^[8]使用 AFLP 技术详细分析了日本盘鲍(*Haliotis discus*)和皱纹盘鲍(*H. discus*

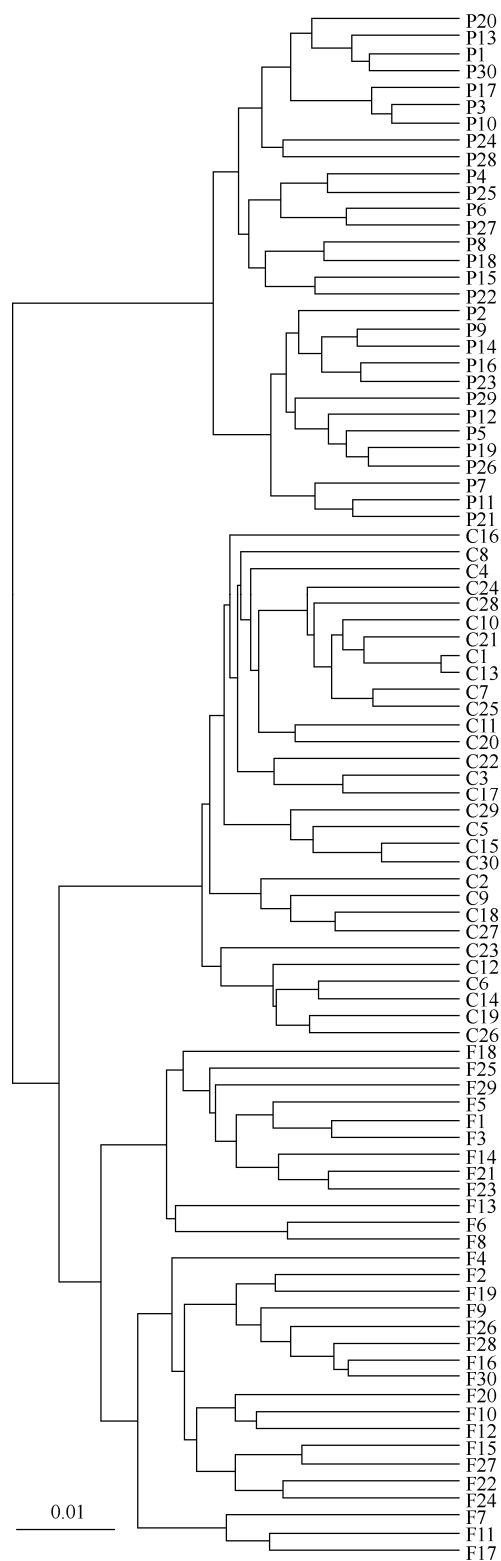


图2 栉孔扇贝、虾夷扇贝及 F_1 90个个体的UPGMA聚类图

Fig.2 Individuals clustering of *Chlamys farreri*, *Patiniopecten yessoensis* and their hybrids by UPGMA method based on their genetic distances

hannai)杂交子代与亲本的遗传差异,周遵春等^[9]应用AFLP技术对中间球海胆(*Strongylocentrotus internedius*)、光棘球海胆(*S. nudus*)及杂交 F_1 群体的遗传多样性进行分析;在远缘物种间的遗传多样性研究中,王晓清等^[10]利用AFLP技术分析大黄鱼(*Pseudosciaena crocea*)和鲢(*Miichthys miiuy*)及其属间杂交后代种群遗传多样性、相似性及遗传距离等的水平,Han等^[11]利用AFLP技术分析了2种鲈(*Morone saxatilis*, *M. chrysops*)和3种金枪鱼(*Thunnus thynnus thynnus*, *T. albacores*, *T. alalunga*)的遗传多样性,高祥刚等^[12]利用AFLP分析了海蜇(*Rhopilema esculentum*)和沙海蜇(*Stomolophus meleagris*)的属间遗传多样性差异,彭永兴等^[13]利用fAFLP技术对文蛤(*Meretrix meretrix*)、青蛤(*Cyclina sinensis*)、菲律宾蛤仔(*Ruditapes philippinarum*)和硬壳蛤(*Mercenaria mercenaria*)的群体遗传多样性水平进行了分析,邵艳卿等^[14]应用AFLP技术对小荚蛱(*Siliqua minimai*)、缢蛏(*Sinonovacula constricta*)和大竹蛏(*Solen grandis*)的遗传多样性水平进行了分析,陈省平等^[15]应用AFLP技术对栉孔扇贝、华贵栉孔扇贝(*C. nobilis*)、虾夷扇贝、海湾扇贝(*Argopecten irradians*)4种养殖扇贝进行了群体遗传分析。由此可见,本研究应用AFLP技术分析栉孔扇贝、虾夷扇贝及其杂交子一代的遗传多样性是可行的,得到的结果是科学、准确的。

遗传多样性研究中通常采用的参数主要包括基因频率、多态位点百分率、杂合度、遗传距离、遗传相似度、多样性指数、有效等位基因数等。周遵春等^[9]认为,由于海洋动物具有高繁殖率和死亡率,群体处于遗传平衡的假定是不可靠的,因此应用显性标记AFLP无法计算出显性或隐性基因频率,理论上也就无法估算杂合度的大小,应对基于基因频率计算的遗传参数进行回避。本研究在进行遗传多样性分析时,仅从多态位点百分率、遗传相似度、遗传距离以及香农多样性指数等角度对3个扇贝群体的遗传差异进行了分析,得到的有关分析结果是比较客观和可靠的。

表 4 父母本及杂交F₁代群体的AMOVA分析
Tab. 4 AMOVA analysis between parents and F₁ progeny population

变异来源 source of variation	自由度 df	总方差 square sum	变异组分 variance component	占总变异百分比/% percentage of total variance	P
群体间 among populations	2	513.0444	7.9463	30.47	<0.001
群体内 within population	89	1577.4667	18.1318	69.53	<0.001

3.2 杂交子代与两亲本的遗传关系

本研究聚类结果显示, 3 个群体的个体各自聚为一类, 之间并没有交叉, 原因是本研究所进行的聚类分析是基于遗传距离矩阵进行的, 即综合了所有的引物组合扩增结果以后得出的, 如果是仅利用一对引物的扩增结果进行聚类分析, 彼此间的共享带多, 遗传相似性比较高, 聚类的结果可能出现交叉; 但本研究的聚类是基于 5 对引物组合扩增得出的遗传距离矩阵作出的, 由于 3 个群体的群体内遗传相似性水平明显高于群体间的相似性, 群体内的遗传距离远远低于群体间的遗传距离, 因此, 聚类结果是彼此间并没有个体的交叉。周遵春等^[9]、王荻等^[16]、徐建荣等^[17]也得出类似结果。

栉孔扇贝、虾夷扇贝群体的Nei's基因多样性指数和Shannon信息指数均小于杂交子代群体, 表明杂交子代的遗传多样性升高。栉孔扇贝与杂交子代的遗传距离为 0.131 6, 而虾夷扇贝与杂交子代的遗传距离为 0.278 0, 可见杂种子代与两亲本的遗传距离是不同的。系统树和Shannon多样性指数同样证明了这一点。滕丽莉等^[3]利用RAPD标记得出栉孔扇贝(♀)、虾夷扇贝(♂)与杂交子代的遗传距离分别为 0.085 2、0.232 7, 程宁宁^[5]利用SRAP标记得出栉孔扇贝(♀)、虾夷扇贝(♂)与杂交子代的相对遗传距离分别为 0.107 4、0.228 7, 与本研究得出的结果相近。万俊芬等^[18]利用RAPD技术对皱纹盘鲍(♂)、日本盘鲍(♀)及二者的正反杂交子代进行了分析, 也表明杂交子代与两亲本的遗传距离不是对等的, 杂交子代与日本盘鲍间的遗传距离更近。滕丽莉等^[3]认为造成这种偏离的原因可能是杂交子代从母本获得的遗传物质扩增效率更高。笔者认为原因也可能是子代继承了

大量的母本细胞质基因。杂交子代在表型和基因多态性等方面偏向母本, 说明有可能遗传产物并非完全来自于核DNA, 母本细胞质中的遗传物质, 特别是线粒体DNA, 也可能参与了表型性状的表现。这就说明, 细胞质基因也参与了杂种优势的形成, 这个猜想在对农作物的研究中已经得到证实, 叶绿体、线粒体基因确实和核基因组共同参与了杂种优势的形成过程^[19-21]。

3.3 遗传多样性与杂种优势

关于杂种优势的遗传机理, Lippman等^[22]认为, 杂交能够产生杂种优势, 其根本原因在于杂交过程中 2 个或 2 个以上遗传基础不同的种类、种群或品系个体的基因自由组合, 出现了新的遗传类型, 杂交子代遗传结构发生了改变; 胡建广等^[23]提出杂种优势形成的必要条件是父母本之间存在差异, 这种差异既包括两亲本之间的基因型差异, 也包括基因多态性。

显性和超显性这两种假说都认为, 杂种优势来源于遗传物质的杂合性, 是等位基因间相互作用的结果, 而基因组的杂合性源于亲本间的遗传差异, 亲本间的遗传距离决定了杂种F₁基因型的杂合程度, 遗传距离愈大, 基因的杂合程度愈高。Melchinger等^[24]认为在遗传距离小于 0.54 范围内, 亲本间的遗传距离越大, 杂交子代基因型的杂合度越高, 杂种优势越明显。本研究显示, 亲本间遗传距离为 0.411 6, 理论上能够产生杂种优势, 实际结果也是如此, 杂种一代杂种优势明显^[2]。Lee等^[25]、Diers等^[26]、Yu等^[27]、吴敏生等^[28]、袁力行等^[29]的研究表明, 亲本间遗传距离和杂种优势有着显著的正相关性。数量性状是由微效多基因控制的, 杂交改变了子代的基因组合, 增加了基因杂合性, 等位基因及非等位基因间的相互作用

就会加强。根据杂种优势的显性学说,当基因型和环境之间达到一种相互协调的平衡时,基因的高的杂合度能够提高机体的生活力、繁殖力和生长速度等性状,从而表现出一定的杂种优势。

现代生物学的发展已使人们可以从分子水平上了解基因多态性在结构和功能上的差异,及其对杂种优势的贡献。Govindaraju等^[30]、Johns等^[31]的研究表明,基因多态性的结构差异主要存在于调控区,即使用分子标记得出的多态性大多反映的是基因调控序列的多态性,而不是编码区的多态性,因为与基因编码区的改变相比,调节基因的表达能够更灵活地适应自然选择的要求^[23]。杂种一代与亲本相比,在很多性状上均发生了改变,这种变化很显然与基因在杂合状态下的表达改变有关,使基因的表达模式或数量发生改变,而这种表达的改变应该主要是调控的改变而不是编码区序列的改变。本研究结果显示,栉孔扇贝群体的Nei's基因多样性指数和Shannon信息指数为0.329 1和0.477 1,虾夷扇贝的Nei's基因多样性指数和Shannon信息指数为0.289 7和0.423 9,而杂种子一代的Nei's基因多样性指数和Shannon信息指数达到0.382 8和0.548 8,杂种子一代的多态性水平提高,而多态性的提高很可能是调控区的多态性提高。在调控区,一个很小的变化就可能导致基因表达的改变,或者增强,或者减弱,而当有利基因增强表达、有害基因减弱表达或者有利基因特异表达、有害基因不表达时,二者的共同作用产生杂种优势。

参考文献:

- [1] 于瑞海,王如才. 栉孔扇贝大面积死亡原因分析及预防的探讨[J]. 海洋湖沼通报, 1998, (3): 69-72.
- [2] 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, 5(5): 1-5.
- [3] 滕丽莉,杨爱国,赵峰,等. 栉孔扇贝×虾夷扇贝子一代杂种优势的RAPD分析[J]. 高技术通讯, 2005, 15(6): 97-101.
- [4] 吕振明. 栉孔扇贝和虾夷扇贝杂交过程中的细胞与分子遗传学分析[D]. 青岛: 中国海洋大学, 2006.
- [5] 程宁宁,杨爱国,刘志鸿,等. 栉孔扇贝(♀)×虾夷扇贝(♂)子一代杂种优势的SRAP分析[J]. 海洋科学, 2009, 33(10): 107-111.
- [6] Vos P, Hogers R, Bleeker M, et al. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting[J]. Nucl Acids Res, 1995, 23(21): 4407.
- [7] Liu Z, Nichols A, Li P, et al. Inheritance and usefulness of AFLP markers in channel catfish (*Ictalurus punctatus*), blue catfish (*I. furcatus*), and their F₁, F₂, and backcross hybrids[J]. Mol Gen Genet, 1998, 258(3): 260-268.
- [8] 万俊芬,包振民,汪小龙,等. 亲本数目对鲍养殖群体AFLP标记位点及其遗传结构的影响[J]. 水产学报, 2004, 28(2): 127-132.
- [9] 周遵春,包振民,董颖,等. 中间球海胆、光棘球海胆及杂交F₁代(中间球海胆♀×光棘球海胆♂)群体遗传多样性AFLP分析[J]. 遗传, 2007, 29(4): 443-448.
- [10] 王晓清,王志勇,谢中国,等. 大黄鱼(♀)与鲢(♂)杂交的遗传分析[J]. 水产学报, 2008, 32(1): 51-57.
- [11] Han K, Ely B. Use of AFLP analyses to assess genetic variation in morone and thunnus species [J]. Mar Biotechnol, 2002, 4: 141-145.
- [12] 高祥刚,曹洁,董婧,等. 辽宁沿海海蜇与沙海蜇遗传多样性的AFLP分析[J]. 水产科学, 2009, 28(2): 75-78.
- [13] 彭永兴,程汉良,夏德全,等. 帘蛤科4种养殖蛤群体遗传多样性和种间关系的fAFLP分析[J]. 海洋科学, 2008, 32(1): 45-51.
- [14] 邵艳卿,陆荣茂,董迎辉,等. 三种蛭的遗传多样性分析[J]. 海洋科学, 2009, 33(10): 26-30.
- [15] 陈省平,包振民,潘洁,等. 4种养殖扇贝的群体遗传多样性及特异性AFLP标记研究[J]. 海洋学报, 2005, 27(2): 160-164.
- [16] 王荻,徐革锋,刘洋,等. 细鳞鱼三个野生种群的遗传多样性AFLP分析[J]. 农业生物技术学报, 2009, 17(4): 638-644.
- [17] 徐建荣,韩晓磊,李宁,等. 福寿螺3个地理群体遗传多样性的AFLP分析[J]. 生态学报, 2009, 29(8): 4119-4126.
- [18] 万俊芬,燕敬平. 日本盘鲍×皱纹盘鲍子代杂种优势的RAPD分析[J]. 青岛海洋大学学报: 自然科学版, 2001, 31(4): 506-512.
- [19] Wagner D, Dong J, Carlson M, et al. Paternal leakage of mitochondrial DNA in Pinus[J]. TAG Theor Appl Genet, 1991, 82(4): 510-514.
- [20] McKenzie K, Rutger J. Genetic analysis of amylose content, alkali spreading score, and grain dimensions in rice[J]. Crop Sci, 1983, 23(2): 306.

- [21] Laurent V, Risterucci A, Lanaud C. Variability for nuclear ribosomal genes within *Theobroma cacao*[J]. *Heredity*, 1993, 71: 96.
- [22] Lippman Z, Zamir D. Heterosis: revisiting the magic[J]. *Trends Genet*, 2007, 23(2): 60–66.
- [23] 胡建广, 杨金水, 陈金婷. 作物杂种优势的遗传学基础[J]. *遗传*, 1999, 21(2): 47–50.
- [24] Melchinger A, Boppenmaier J, Dhillon B, et al. Genetic diversity for RFLPs in European maize inbreds[J]. *Theor Appl Genet*, 1992, 84(5): 672–681.
- [25] Lee M, Godshalk E, Lamkey K, et al. Association of restriction fragment length polymorphisms among maize inbreds with agronomic performance of their crosses[J]. *Crop Sci*, 1989, 29(4): 1067.
- [26] Diers B, McVetty P, Osborn T. Relationship between heterosis and genetic distance based on restriction fragment length polymorphism markers in oilseed rape (*Brassica napus* L.)[J]. *Crop Sci*, 1996, 36(1): 79.
- [27] Yu C, Hu S, Zhao H, et al. Genetic distances revealed by morphological characters, isozymes, proteins and RAPD markers and their relationships with hybrid performance in oilseed rape (*Brassica napus* L.)[J]. *Theor Appl Genet*, 2005, 110(3): 511–518.
- [28] 吴敏生, 戴景瑞. AFLP 标记与玉米杂种产量及产量杂种优势的预测[J]. *植物学报: 英文版*, 2000, 42(6): 600–604.
- [29] 袁力行, 傅骏华, 刘新芝, 等. 利用分子标记预测玉米杂种优势的研究[J]. *中国农业科学*, 2000, 33(6): 6–12.
- [30] Govindaraju D, Cullis C. Ribosomal DNA variation among populations of a *Pinus rigida* Mill (*Pitch Pine*) ecosystem. 1. Distribution of copy numbers[J]. *Heredity*, 1992, 69(2): 133–140.
- [31] Johns M, Strommer J, Freeling M. Exceptionally high levels of restriction site polymorphism in DNA near the maize *Adh1* gene[J]. *Genetics*, 1983, 105(3): 733.

Genetic variation of *Chlamys farreri*, *Patinopecten yessoensis* and their hybrids

YU Tao^{1,2}, YANG Aiguo¹, ZHOU Liqing¹, WU Biao¹, LIU Zhihong

1. Key Laboratory for Sustainable Utilization of Marine Fisheries Resources, Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071, China;
2. College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China

Abstract: Amplified fragment length polymorphism (AFLP) technology was used to analyze the genetic variation and genetic structure among three populations of *Chlamys farreri*(♀), *Patinopecten yessoensis*(♂) and their offspring F₁. In total, 315 loci were amplified with five primer pairs, and 311 of these loci were polymorphic, accounting for 98.73%. Shannon genetic diversity indices were 0.477 1±0.260 6, 0.423 9±0.277 7 and 0.548 8±0.220 9, respectively for the female parent, the male parent and F₁, while Nei's gene diversities were 0.329 1±0.185 0, 0.289 7±0.195 9 and 0.382 8±0.161 2, respectively. The genetic distance between *C. farreri* and *P. yessoensis* was 0.411 6, while it was 0.131 6 between F₁ and their female parents, and 0.278 0 between F₁ and their male parents. The dendrograms showed that the three population gathered independently, which indicated that each population was independent. AMOVA analysis indicated that 30.47% of variance was among populations and 69.53% variance was within populations, which suggested rich genetic diversity level within populations. In all, the expression of heterosis has a correlation with the genetic variation.

Key words: *Chlamys farreri*; *patinopecten yessoensis*; F₁; AFLP; population; genetic variation; heterosis

Corresponding author: YANG Aiguo. Tel: 0532-85811982; E-mail: yangag@ysfri.ac.cn