

文章编号: 1674-5566(2017)01-0031-07

DOI:10.12024/jso.20151001575

浙江乐清湾缢蛭的形态和遗传多样性

徐义平¹, 许会宾², 金凯¹, 陈鹏¹, 徐衡¹

(1. 乐清市水产科学研究所, 浙江 乐清 325600; 2. 上海海洋大学 水产与生命学院, 上海 201306)

摘要: 采用形态学、SRAP 两种标记对浙江省乐清湾 6 个, 及采自福建、江苏及山东等中国沿海 4 省共 11 个缢蛭群体进行比较分析, 形态学分析结果显示: (1) 福建竹塔群体和浙江乐清湾 5 个野生群体有较大的相似性, 聚成一支, 乐清湾养殖群体没有与野生群体聚为一支; (2) 11 个群体平均判别准确率为 82.4%; (3) 壳顶点到体前端 (BD)、背前端到腹前端 (BH)、背前端到后端 (AC) 3 项负荷值比较大, 是重要的特征参数。SRAP 分析结果表明: (1) 浙江乐清湾野生群体遗传多样性高, 其 Shannon 多样性指数均值为 0.481 4, 浙江以外区域的为 0.402 8, 前者比后者高 16.3%; (2) 乐清湾群体聚成一支。2 种标记研究结果同时表明浙江乐清湾野生群体之间具有较高的形态和遗传相似性。

关键词: 乐清湾; 缢蛭; 群体; SRAP; 形态性状

中图分类号: S 917 **文献标志码:** A

缢蛭 (*Sinonovacula constricta* Lamarck) 俗称蛭子、泥蛭, 属软体动物门 (Mollusca), 双壳纲 (Bivalve), 竹蛭科 (Solenidae), 缢蛭属 (*Sinonovacula*), 为广温、广盐性埋栖型海产双壳类, 广泛分布于西太平洋沿海海域, 在食用贝类中占有相当重要的地位^[1-2]。由于缢蛭具有较为重要的经济价值, 对它的研究和开发利用受到越来越多科研工作者的重视。目前, 国内外已利用形态学指标^[3]、同工酶^[4-5]、线粒体序列^[6-10]、RAPD^[11-13]、微卫星标记^[10,14-15]、ISSR^[16]等标记对中国沿海不同缢蛭群体的遗传多样性进行了研究。本研究将从形态学结合 SRAP (Sequence-based amplified polymorphism, SRAP) 标记, 较为全面分析乐清湾缢蛭的资源特色, 旨在为浙江乐清湾缢蛭资源的管护和开发利用提供依据。

1 材料与方 法

1.1 材料采集

2013 年 5 月至 8 月间采集了浙江、福建、江

苏及山东等中国沿海 4 省 11 个区域缢蛭样本, 其中浙江省 6 个, 全部来自乐清湾, 除 6 号 (Y6) 为养殖群体外, 其余均为野生群体。7-11 号来自中国沿海其他省份, 全部为野生群体, 作为对照组, 具体采集信息见表 1。

1.2 形态指标及测量方法

形态学性状的测量参考刘达博等^[3], 采用游标卡尺, 精确到 0.1 mm, 每个个体分别测量壳长 (CG)、壳宽 (AE)、壳厚 (IK) 及 AB、AC、AD、AF、AG、AH、BC、BD、BE、BF、BG、BH、CD、CE、CF、CH、DE、DF、DG、DH、EF、EG、EH、FG、FH、GH 等共 29 个可量形态学和框架数据 (图 1)。11 个群体, 每个群体测量 50 个个体, 共获得 15 950 个形态学和框架数据。

1.3 SRAP 分子标记

SRAP 是基于 PCR 的随机扩增标记技术, 具有多态性高、共显性、操作简便等特点, 目前已成为遗传多样性、目的基因标定、遗传图谱构建等众多研究领域的重要技术手段之一^[17-19]。

收稿日期: 2015-10-14 修回日期: 2016-09-19

基金项目: 浙海渔计[2013]82号; 浙财农[2013]179号; 乐科字[2013]44号

作者简介: 徐义平(1966—), 男, 高级工程师, 研究方向为海水养殖。E-mail: 570753903@qq.com

表 1 缢蛭采样信息

Tab. 1 Sampling information of *S. constricta*

编号 No.	群体 Population	采集地点 Sampling locality	简称 Code	采集时间 Sampling date	规格 Standard
1	浙江白沙	浙江温州乐清雁荡白沙岛	Y1	2013. 5	126 颗/kg
2	浙江西门	浙江温州乐清雁荡	Y2	2013. 5	110 颗/kg
3	浙江茅埏	浙江台州玉环茅埏岛	Y3	2013. 5	86 颗/kg
4	浙江坞根	浙江台州温岭坞根镇	Y4	2013. 5	238 颗/kg
5	浙江跳头	浙江温州乐清雁荡镇跳头	Y5	2013. 5. 27	628 颗/kg
6	浙江养殖	浙江省温州市乐清雁荡镇跳头养殖塘	Y6	2013. 5. 27	70 颗/kg
7	福建二都	福建宁德蕉城区西二都村	F1	2013. 7. 25	566 颗/kg
8	福建竹塔	福建漳州云霄县竹塔村	F2	2013. 7. 25	112 颗/kg
9	江苏蛎岬	江苏南通蛎岬山	J1	2013. 8. 26	123 颗/kg
10	江苏吕四	江苏南通吕四港	J2	2013. 8. 20	104 颗/kg
11	山东烟台	山东烟台海阳市大回家镇	S	2013. 6. 29	156 颗/kg

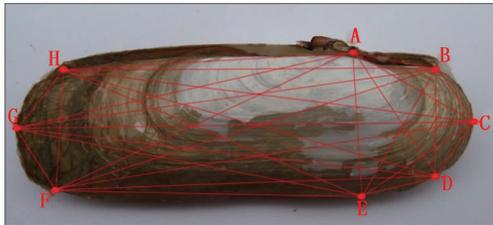


图 1 缢蛭形态学分析测量位点

Fig. 1 Landmark points for morphological measurement of *S. constricta*

A. 壳顶点; B. 背前端; C. 体前端; D. 腹前端; E. 腹缘底端; F. 腹后端; G. 体后端; H. 背后端; I. 左壳外侧顶; K. 右壳外侧顶
A. Beak (Umbo); B. Front-end of dorsal; C. Anterior of body; D. Front-end of dorsal; E. Bottom of ventral; F. Back-end of ventral; G. Posterior of body; H. Back-end of dorsal; I. Left outboard of umbo; K. Right out board of umbo

本研究取 SRAP 正、反向引物各 8 条 (em1 ~ em8、me1 ~ me8), 正、反引物两两组合, 共构成 64 对引物。先以每个群体 2 个个体进行引物筛选, PCR 反应体系为 20 μ L (10 μ L 2 \times PCR Mix、6.5 μ L H₂O、1.5 μ L DNA、正反向引物各 1 μ L); 反应程序为 94 $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 1 min, 35 $^{\circ}$ C 退火 1 min, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min, 5 个循环; 94 $^{\circ}$ C 变性 1 min, 50 $^{\circ}$ C 退火 1 min, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min, 35 个循环; 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min; 1.5% 琼脂糖电泳预检, 具有条带的用 8% 非变性聚丙烯胶电泳检测。选取 6 对 PCR 扩增条带清晰、条带多的引物组合分别对 11 个群体, 每个群体 20 个个体, 共 220 个样本进行分析。SRAP 的聚丙烯胶电泳条带按照软件包 TFPGA^[20] 格式记分, 在同一基因座位上, 1 表示有条带, 0 表示没有条带。

表 2 SRAP 引物序列

Tab. 2 The primer sequences of SRAP

序号	正向引物序列 em1-8(5'→3') The forward primer sequences	反向引物序列 me1-8(5'→3') The reverse primer sequences
1	em1 TGAGTCCAAACCGGATA	me1 GACTGCGTACGAATTAAT
2	em2 TGAGTCCAAACCGGAGC	me2 GACTGCGTACGAATTTGC
3	em3 TGAGTCCAAACCGGAAT	me3 GACTGCGTACGAATTGAC
4	em4 TGAGTCCAAACCGGACC	me4 GACTGCGTACGAATTTGA
5	em5 TGAGTCCAAACCGGAAG	me5 GACTGCGTACGAATTAAC
6	em6 TGAGTCCAAACCGGTAA	me6 GACTGCGTACGAATTGCA
7	em7 TGAGTCCAAACCGGTCC	me7 GACTGCGTACGAATTCAA
8	em8 TGAGTCCAAACCGGTGC	me8 GACTGCGTACGAATTCTG

1.4 数据处理

采用 SPSS 19.0 软件对形态学数据进行了聚类分析、主成分分析和判别分析; SRAP 数据以 Popgene32 进行分析^[20], 根据 NEI^[21] 的无偏差杂合率计算公式估算各个基因座位的平均遗传杂合度。

2 结果

2.1 形态学分析

2.1.1 聚类分析

为消除缢蛭规格大小对参数值的影响, 先将每个个体所有参数分别除以壳长 (CG) 予以校

正,得到 29 个比例性状,再求出各样本每个参数校正值的平均值,用校正平均值进行聚类分析。聚类分析采用层次聚类分析中的 Q 型聚类,聚类结果见图 2。

聚类结果显示我国沿海缢蛭 11 个群体共聚为 2 大支:浙江乐清湾养殖群体(Y6)和江苏南通群体(J1)聚为一支,其余 9 个群体聚为另一大支;在 9 个群体这一支上,浙江乐清湾(5 个)和福建 2 个、共 7 个野生群体聚为其中的一支,这表明浙江省乐清湾缢蛭野生群体在形态上具有很高的相似性,且与福建野生群体的相似性也比较高。

2.1.2 主成分分析

主成分分析为将多个指标作为小数指标的统计方法,所有数据都是校正比例值,从 29 个比例性状中通过分析得出前 6 个互不关联的主

成分。前 5 个主成分分析结果见表 3。

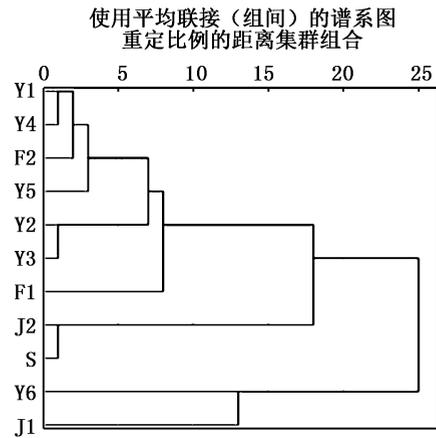


图 2 11 个缢蛭群体的聚类图
Fig. 2 Cluster dendrogram of eleven populations of *S. constricta*

表 3 11 个缢蛭群体 29 个性状前 6 个主成分的贡献率及负荷值

Tab. 3 Contributory ratios and eigenvector loading of six principal components for twenty-nine characters of eleven populations of *S. constricta*

主成分 Principal components	IK	AE	AB	AC	AD	AF	AG	AH	BC	BD	BE	BF	BG	BH	CD
1	0.074	-0.232	0.289	-0.132	-0.339	0.328	0.397	0.525	-0.684	-0.928	0.049	0.778	0.814	0.938	-0.443
2	-0.286	-0.368	-0.899	-0.907	-0.863	0.695	0.830	0.582	-0.104	-0.124	-0.262	0.382	0.248	-0.087	-0.122
3	0.253	-0.622	0.007	0.114	-0.158	-0.309	-0.124	0.152	0.257	-0.175	-0.062	-0.173	-0.011	0.025	-0.016
4	0.078	0.176	-0.202	0.254	0.057	-0.328	-0.058	0.077	0.638	0.206	0.024	-0.355	-0.460	-0.285	0.808
5	0.871	0.476	0.129	0.192	0.247	-0.148	-0.009	-0.121	0.068	0.082	0.180	-0.201	0.077	0.097	0.259
6	0.106	0.179	0.163	0.050	0.051	-0.065	-0.274	-0.324	-0.044	-0.047	0.788	0.101	0.104	-0.034	0.182

主成分 Principal components	CE	CF	CH	DE	DF	DG	DH	EF	EG	EH	FG	FH	GH	贡献率/% Contributory ratios
1	0.062	0.771	0.888	0.022	0.848	0.755	0.921	0.240	0.637	0.811	-0.530	-0.411	-0.022	44.42
2	-0.221	0.373	0.258	-0.171	0.232	-0.411	0.032	0.654	0.354	0.406	0.132	0.017	0.125	19.43
3	0.330	0.325	0.187	0.651	0.360	0.060	-0.023	0.556	0.420	0.223	-0.464	-0.728	-0.849	12.87
4	0.035	0.080	0.008	0.285	0.024	-0.244	-0.255	0.393	-0.199	0.055	0.654	0.271	-0.037	6.33
5	0.617	-0.167	0.094	-0.057	-0.173	0.102	0.100	0.078	0.147	0.139	-0.196	-0.255	-0.358	4.48
6	0.563	0.184	0.220	0.450	0.024	-0.401	-0.189	-0.025	-0.424	-0.265	0.039	0.116	0.017	3.882

从表 3 中可以得出,总方差的贡献率分别为:主成分 1 为 44.42%,主成分 2 为 19.43%,前 5 的主成分累积贡献率为 87.53%。主成分负荷绝对值超过 0.9 的分别为壳顶点到体前端(BD)、背前端到腹前端(BH)、背前端到后端(AC)3 项负荷值比较大,是重要的特征参数。

2.1.3 判别分析

对 11 个群体 29 个校正比例性状进行判别分

析(表 4)。其 F 检验结果表明,判别效果较好,说明不同群体之间形态差异显著。其中浙江跳头(Y5)的判别准确率最高,达 98%;山东烟台(S)群体判别准确率最低,仅 68%,有 16%的个体被判入到江苏吕四(J2)群体中;浙江乐清湾野生群体之间易相互出现错判,11 个群体平均判别准确率为 82.4%。

表 4 11 个缢蛭群体形态学判别分析

Tab. 4 The discriminant analysis of morphology of eleven populations of *S. constricta*

种群 Population	样本数 Sample number	判别准确率/% Discriminant accuracy	预测分类 Predicted classifications										
			Y1	Y2	Y3	Y4	Y5	Y6	F1	F2	J1	J2	S
浙江白沙(Y1)	50	82%	41	0	0	5	3	0	1	0	0	0	0
浙江西门(Y2)	50	78%	0	39	0	5	0	3	0	2	0	0	1
浙江茅埏(Y3)	50	74%	0	10	37	0	2	0	0	0	1	0	0
浙江坞根(Y4)	50	92%	3	1	0	46	0	0	0	0	0	0	0
浙江跳头(Y5)	50	98%	0	0	0	0	49	1	0	0	0	0	0
浙江养殖(Y6)	50	90%	0	0	0	0	2	45	0	0	3	0	0
福建二都(F1)	50	92%	1	0	1	0	0	2	41	3	0	0	2
福建竹塔(F2)	50	76%	6	0	0	0	0	0	5	38	0	1	0
江苏蛎岙(J1)	50	70%	0	0	0	0	0	8	1	0	35	6	0
江苏吕四(J2)	50	86%	0	0	0	1	0	0	0	0	1	43	5
山东烟台(S)	50	68%	1	1	0	0	2	0	0	3	1	8	34
总计 Total	550	82.4%						550					

2.2 SRAP 分析

根据 48 对引物组合在 11 个群体、每个群体 2 个样本的预分析结果,选取其中 em2/me6、em3/me5、em3/me6、em3/me2、em1/me4、em4/me3 共 6 对扩增条带多、条带清晰的引物组合在 11 个群体、共 220 个个体中进行扩增,共产生 52 条条带,平均每对引物产生 8.67 条条带,各群体的遗传多样性分析见表 5。

浙江乐清雁湾野生群体 Shannon 多样性指数在 0.420 7~0.522 9 之间,均值为 0.481 4;浙江养殖(Y6)群体的遗传多样性处在 11 个采样群体的中间状态。浙江以外的区域,Shannon 多样性指数在 0.464 0~0.345 1 之间,均值为 0.402 8。浙江乐清湾缢蛭野生群体的 Shannon 多样性指数比浙江以外区域的群体高 16.3%。

表 5 基于 SRAP 的 11 个缢蛭群体的遗传多样性

Tab. 5 Result of genetic diversity between 11 populations based on SRAP

群体 Populations	个体数 Sample number	平均遗传杂合度 Average Heterozygosity	多态位点 Number of polymorphic loci	多态位点百分比/% Percentage of polymorphic loci	Shannon 指数 Shannon's index	Nei 指数 Nei's index
浙江白沙(Y1)	20	1.542 3	45	86.54	0.462 5±0.244 5	0.312 5±0.179 1
浙江西门(Y2)	20	1.465 1	43	82.69	0.420 7±0.244 2	0.278 8±0.176 0
浙江茅埏(Y3)	20	1.566 6	48	92.31	0.488 0±0.215 5	0.328 0±0.163 0
浙江坞根(Y4)	20	1.597 9	49	94.23	0.512 8±0.196 0	0.346 1±0.149 4
浙江跳头(Y5)	20	1.602 7	49	94.23	0.522 9±0.180 4	0.352 7±0.136 4
浙江养殖(Y6)	20	1.572 3	46	88.46	0.494 9±0.211 8	0.333 8±0.155 6
福建二都(F1)	20	1.559 6	42	80.77	0.464 0±0.259 5	0.317 4±0.185 9
福建竹塔(F2)	20	1.458 8	39	75.00	0.409 1±0.288 3	0.232 2±0.201 7
江苏蛎岙(J1)	20	1.459 0	38	73.08	0.392 9±0.301 2	0.249 9±0.217 1
江苏吕四(J2)	20	1.396 8	33	63.46	0.345 1±0.275 8	0.264 4±0.197 6
山东烟台(S)	20	1.451 6	36	69.23	0.365 7±0.260 0	0.273 7±0.182 4
均值	20	1.515 7	43	81.82	0.443 5±0.243 4	0.299 0±0.176 7

进一步分析各群体间的遗传分化程度(表 6)。11 个群体之间的基因流 $N_m = 1.258 7$,遗传分化系数 $G_{st} = 0.284 3$ 。遗传距离在 0.035 0~0.388 7 之间;乐清湾 6 个群体之间的遗传距离较小,在 0.035 0~0.204 4 之间,除雁荡西门岛(Y2)与雁荡跳头养殖塘(Y6)外,其余均小于

0.2。而乐清湾群体与其他沿海群体之间的遗传距离相对较大,在 0.186 3~0.387 8 之间,只有 3 组群体之间遗传距离小于 0.2。福建、江苏和山东群体之间的遗传距离在 0.100 5~0.355 4 之间。

表 6 11 个缢蛏群体之间遗传距离(对角线以下)及遗传相似度(对角线以上)

Tab.6 Genetic distances (below diagonal) and genetic similarity (above diagonal) between 11 populations

	Y1	Y2	Y3	Y4	Y5	Y6	F1	F2	J1	J2	S
Y1		0.868 3	0.873 8	0.878 4	0.864 8	0.846 0	0.730 1	0.716 0	0.714 3	0.678 6	0.763 8
Y2	0.141 2		0.964 4	0.913 3	0.856 7	0.815 2	0.782 5	0.761 1	0.816 8	0.750 1	0.787 6
Y3	0.134 9	0.036 3		0.965 6	0.913 1	0.852 1	0.804 5	0.779 5	0.833 0	0.776 6	0.805 8
Y4	0.129 6	0.090 7	0.035 0		0.946 5	0.881 0	0.830 0	0.772 0	0.832 7	0.798 0	0.810 8
Y5	0.145 3	0.154 6	0.091 0	0.055 0		0.959 5	0.784 2	0.780 3	0.790 1	0.785 4	0.829 0
Y6	0.167 3	0.204 4	0.160 0	0.126 7	0.041 3		0.744 6	0.764 2	0.754 8	0.759 5	0.791 0
F1	0.314 5	0.245 3	0.217 6	0.186 3	0.243 1	0.294 9		0.724 3	0.700 9	0.729 2	0.784 9
F2	0.334 0	0.273 0	0.249 2	0.258 8	0.248 1	0.269 0	0.322 6		0.904 4	0.857 4	0.833 8
J1	0.336 4	0.202 4	0.182 7	0.183 1	0.235 6	0.281 3	0.355 4	0.100 5		0.885 0	0.821 7
J2	0.387 8	0.287 6	0.252 9	0.225 6	0.241 5	0.275 1	0.315 8	0.153 9	0.122 2		0.866 2
S	0.269 4	0.238 8	0.215 9	0.209 7	0.187 6	0.234 4	0.242 2	0.181 7	0.196 4	0.143 6	

以遗传距离构建 11 个群体的 NJ 系统关系树(图 3)发现,浙江乐清湾群体与福建宁德蕉城区西二都村(F1)共 7 个聚成一支,而浙江群体聚为更为紧密的一小支;福建漳州云霄县竹塔村(F2)与江苏南通蛎岬山(J1)、江苏南通吕四港(J2)及山东烟台海阳市大闫家镇(S)聚为一支。

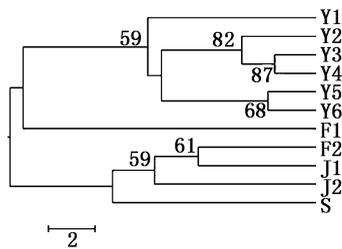


图 3 基于 SRAP 缢蛏 11 个群体间的 NJ 分子系统树

Fig.3 NJ tree among 11 populations of *S. constricta* based on SARP

3 讨论

通过形态学可量及框架数据分析的结果显示 11 个群体的缢蛏聚为两支,它们之间的聚类关系与地理位置有一定关系,浙江与福建野生群体之间具有更高的形态相似性,江苏与山东烟台野生群体之间形态相似度也更高些,这与刘达博等^[3]的研究结果基本一致。但浙江野生群体和福建群体之间的聚类关系与地理距离不存在相关性,这可能是由于养殖环境的相似性导致的,这种情况在其他水生生物中也同样存在^[22-24]。

SRAP 对中国沿海缢蛏 11 个群体分析结果存在较高的一致性:(1)浙江乐清湾野生和养殖共 6 个群体遗传多样性比较高,遗传分化指数

大,但是它们却是在同一聚类分支上,显示了它们同祖同宗、相似的遗传背景,以及人为干扰少、遗传多样性高、优良的遗传资源,这与刘达博等^[25]、王冬群等^[4]、刘博等^[15]的研究结果是相似的;(2)江苏、福建、山东群体尽管是在地理位置上相隔较远的野生群体,但遗传多样性却相对较低、遗传分化不显著,这暗示江苏、福建、山东的缢蛏野生群体遗传资源可能受人为干扰大,抑或有相似的遗传背景。

尽管贝类自主迁移能力较差,但在生活史的早期,随着洋流的漂移,还是导致相隔较远的群体间存在基因流,只是基因交流会存在时间上和交流程度上的局限^[4]。利用 SRAP 标记,从全基因组进行扫描发现了乐清湾群体的一些特异性条带。通过扩大群体进行分析以后发现乐清湾群体可以与其他地点的群体能够一定程度上与沿海群体区分开来,证明 SRAP 技术可以对乐清湾基因组中的特异性进行筛选。群体遗传多样性可以用于评估物种的种质资源。结果表明乐清湾缢蛏野生群体的遗传多样性仍处于较高水平,可以推断目前湾内的种质情况基本良好,但是乐清湾存在异地引苗的现象,因此要加强缢蛏种质资源保护和管理,在苗种引进后,要防止与当地群体混杂^[25]。而对于养殖塘群体,长期的养殖过程,异地苗种的引进和繁殖,对当地缢蛏群体的遗传结构可能造成影响,从而打破了原有的遗传结构,虽然遗传相似度等依然较高,但是逐渐形成了适应当地的新种群^[10]。

参考文献:

[1] 薛兴华,岑大华. 缢蛏人工养殖技术[J]. 黑龙江水产,

- 2007(5): 17-18.
- XUE X H, CEN D H. The artificial cultivation technology of *Sinonovacula constricta*[J]. Heilongjiang Aquaculture, 2007(5): 17-18.
- [2] 朱亚珠, 翁佩芳. 蛭子软罐头加工工艺的研究[J]. 浙江海洋学院学报(自然科学版), 2002, 21(2): 119-122.
- ZHU Y Z, WENG P F. Studies on processing technology of soft-can Razor Clam [J]. Journal of Zhejiang Ocean University (Natural Science), 2002, 21(2): 119-122.
- [3] 刘达博, 牛东红, 姜志勇, 等. 缢蛭 7 群体的形态差异与判别分析[J]. 海洋渔业, 2009, 31(4): 363-368.
- LIU D B, NIU D H, JIANG Z Y, et al. Morphological variations and discriminant analysis of seven populations of *Sinonovacula constricta* [J]. Marine Fisheries, 2009, 31(4): 363-368.
- [4] 王冬群, 李太武, 苏秀榕. 三种蛭不同组织同工酶的比较分析[J]. 台湾海峡, 2004, 23(2): 131-137.
- WANG D Q, LI T W, SU X R. Comparison and analysis of isozymes in different tissues of three species in Solenidae [J]. Journal of Oceanography in Taiwan Strait, 2004, 23(2): 131-137.
- [5] 王冬群, 李太武, 苏秀榕. 象山缢蛭养殖群体和野生群体遗传多样性的比较[J]. 中国水产科学, 2005, 12(2): 138-143.
- WANG D Q, LI T W, SU X R. Comparison of genetic diversity between hatchery stock and wild population of *Sinonovacula constricta* Lamarck in Xiangshan Bay [J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2005, 12(2): 138-143.
- [6] 姜志勇, 牛东红, 陈慧, 等. 福建缢蛭野生群体与养殖群体的 ITS-1 和 ITS-2 分析[J]. 海洋渔业, 2007, 29(4): 314-318.
- JIANG Z Y, NIU D H, CHEN H, et al. The genetic analysis of ITS-1 and ITS-2 between wild and cultured populations of *Sinonovacula constricta* in Fujian [J]. Marine Fisheries, 2007, 29(4): 314-318.
- [7] 牛东红, 李家乐, 汪桂玲, 等. 缢蛭六群体 16s rRNA 基因片段序列的差异分析[J]. 上海水产大学学报, 2007, 16(1): 1-6.
- NIU D H, LI J L, WANG G L, et al. The genetic diversity of mitochondrial 16S rRNA gene fragment in six populations of *Sinonovacula constricta*[J]. Journal of Shanghai Fisheries University, 2007, 16(1): 1-6.
- [8] 牛东红, 李家乐, 沈和定, 等. 缢蛭六群体线粒体 DNA-COI 基因序列变异及群体遗传结构分析[J]. 海洋学报, 2008, 30(3): 109-116.
- NIU D H, LI J L, SHEN H D, et al. Sequence variability of mitochondrial DNA-COI gene fragment and population genetic structure of six *Sinonovacula constricta* populations[J]. Acta Oceanologica Sinica, 2008, 30(3): 109-116.
- [9] 牛东红, 陈慧, 王树亮, 等. 我国沿海缢蛭群体遗传结构的 mtDNA-COI 分析[J]. 动物学杂志, 2010, 45(2): 11-18.
- NIU D H, CHEN H, WANG S L, et al. Population genetic structure of *Sinonovacula constricta* along the coast of China [J]. Chinese Journal of Zoology, 2010, 45(2): 11-18.
- [10] 牛东红, 冯冰冰, 刘达博, 等. 浙闽沿海缢蛭群体遗传结构的微卫星和线粒体 COI 序列分析[J]. 水产学报, 2011, 35(12): 1805-1813.
- NIU D H, FENG B B, LIU D B, et al. Microsatellites and mitochondrial COI analysis of population genetic structure of *Sinonovacula constricta* along the coast of Zhejiang and Fujian Provinces [J]. Journal of Fisheries of China, 2011, 35(12): 1805-1813.
- [11] 李成华, 李太武, 苏秀榕, 等. 宁波长街缢蛭遗传结构的 RAPD 分析[J]. 海洋科学, 2004, 28(10): 48-51.
- LI C H, LI T W, SU X R, et al. Genetic structure analysis of the natural and the cultural stocks of *Sinonovacula constricta* in Changjie, Ningbo [J]. Marine Sciences, 2004, 28(10): 48-51.
- [12] 李成华, 李太武, 宋林生, 等. 4 个缢蛭群体遗传结构的 RAPD 分析[J]. 水产科学, 2004, 23(12): 26-28.
- LI C H, LI T W, SONG L S, et al. Genetic variations among four populations of *Sinonovacula constricta* by using random amplified polymorphic DNA [J]. Fisheries Science, 2004, 23(12): 26-28.
- [13] 于颖, 孟祥盈, 王秀利, 等. 缢蛭遗传多样性的 RAPD 分析[J]. 生物技术通报, 2007(6): 138-140.
- YU Y, MENG X Y, WANG X L, et al. Genetic diversity analysis of razor clam (*Sinonovacula constricta*) by RAPD [J]. Biotechnology Bulletin, 2007(6): 138-140.
- [14] 刘博, 邵艳卿, 滕爽爽, 等. 乐清湾养殖缢蛭群体遗传结构的微卫星标记[J]. 中国农学通报, 2012, 28(2): 69-73.
- LIU B, SHAO Y Q, TENG S S, et al. Genetic variation of cultured population structure in *Sinonovacula constricta* using microsatellites [J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2012, 28(2): 69-73.
- [15] 刘博, 邵艳卿, 王侃, 等. 4 个缢蛭群体遗传多样性和系统发生关系的微卫星分析[J]. 海洋科学, 2013, 37(8): 96-102.
- LIU B, SHAO Y Q, WANG K, et al. Microsatellite analysis of genetic diversity and phylogenetic relationship of four different geographical populations of *Sinonovacula constricta* [J]. Marine Sciences, 2013, 37(8): 96-102.
- [16] 牛东红, 李家乐, 冯冰冰, 等. 缢蛭 6 个群体遗传结构的 ISSR 分析[J]. 应用与环境生物学报, 2009, 15(3): 332-336.
- NIU D H, LI J L, FENG B B, et al. ISSR Analysis on genetic structure of six *Sinonovacula constricta* populations [J]. Chinese Journal of Applied & Environmental Biology, 2009, 15(3): 332-336.
- [17] 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]. Theoretical and Applied Genetics, 2001, 103 (2/3): 455-461.
- [18] 徐操, 赵宝华. SRAP 分子标记的研究进展及其应用[J]. 生命科学仪器, 2009, 7(4): 24-27.
- XU C, ZHAO B H. The development and application of SRAP molecular markers [J]. Life Science Instruments, 2009, 7(4): 24-27.
- [19] 周剑虹, 郑金娟, 杨受保, 等. SRAP 分子标记及其在水生动物中的应用[J]. 湖北农业科学, 2013, 52(17): 4038-4040.
- ZHOU J H, ZHENG J J, YANG S B, et al. Application of SRAP molecular marker in aquatic animal research [J]. Hubei Agricultural Sciences, 2013, 52(17): 4038-4040.
- [20] MILLER M P. Tools for population genetic analysis (TFPGA), version 1.3. A windows program for the analysis of allozyme and molecular population Genetic Data[M]. Flagstaff, AZ: Department of Biological Sciences, Northern Arizona University, 1997.
- [21] NEI M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals[J]. Genetics, 1978, 89(3): 583-590.
- [22] 曹侦, 冯广朋, 庄平, 等. 长江中华绒螯蟹洄游群体与养殖群体形态差异分析[J]. 淡水渔业, 2013, 43(6): 3-7.
- CAO Z, FENG G P, ZHUANG P, et al. Morphological difference analysis between migratory population and cultured population of *Eriocheir sinensis* in the Yangtze river [J]. Freshwater Fisheries, 2013, 43(6): 3-7.
- [23] 许凡, 王婷婷, 陈太丰, 等. 日本沼虾野生群体与养殖群体杂交、回交后代的形态特征和生产性能[J]. 水产科学, 2011, 30(4): 215-220.
- XU F, WANG T T, CHEN T F, et al. The morphological characters and growth performance of hybrid and backcross progenies from crosses between wild and cultured prawn *Macrobrachium nipponensis*[J]. Fisheries Science, 2011, 30(4): 215-220.
- [24] 刘汉生, 易祖盛, 梁健宏, 等. 唐鱼野生种群和养殖群体的形态差异分析[J]. 暨南大学学报(自然科学版), 2008, 29(3): 295-299.
- LIU H S, YI Z S, LIANG J H, et al. Morphological variations between the wild population and hatchery stock of *Tanichtys albonubes*[J]. Journal of Jinan University (Natural Science), 2008, 29(3): 295-299.
- [25] 刘达博, 牛东红, 冯冰冰, 等. 乐清湾和三沙湾缙蛭群体遗传多样性的微卫星分析[J]. 上海海洋大学学报, 2011, 20(3): 350-357.
- LIU D B, NIU D H, FENG B B, et al. Microsatellite analysis on genetic diversity of *Sinonovacula constricta* stocks in Yueqing Bay and Sansha Bay [J]. Journal of Shanghai Ocean University, 2011, 20(3): 350-357

Morphologic and genetic diversity of *Sinonovacula constricta* populations from Yueqing Bay, Zhejiang

XU Yiping¹, XU Huibin², JIN Kai¹, CHEN Peng¹, XU Heng¹

(1. Yueqing Fisheries Science Institute, Yueqing 325600, Zhejiang, China; 2. College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China)

Abstract: Six populations of *Sinonovacula constricta* came from Yueqing Bay, Zhejiang and other five populations from Jiangsu and Fujian Provinces. Based on the morphologic data, the population from Fujian Zhuta is more similar to five wild populations of Yueqing Bay; The mean of discrimination accuracy of 11 populations is 82.4%, the eigenvector-loading values from Front-end of dorsal to Front-end of dorsal, from Front-end of dorsal to Back-end of dorsal, and from Beak to Anterior of body are higher than other parameters, and they all are the important to distinguish populations. SRAP analysis on 11 populations shows the genetic diversities of wild populations from Yueqing Bay are relatively high with mean Shannon's index 0.481 4, and the mean Shannon's index of other populations is 0.402 8; All six populations from Yueqing Bay gathered into one branch. Together, the morphology and SRAP both showed that the wild populations of Yueqing Bay were more highly similar.

Key words: Yueqing Bay; *Sinonovacula constricta*; population; sequence-based amplified polymorphism; morphologic data