

文章编号: 1674-5566(2011)03-0321-07

日本沼虾太湖和鄱阳湖群体及其 F_1 的遗传结构分析

李瀚声¹, 冯建彬¹, 谢楠², 冯晓宇², 李应森¹, 李家乐^{1,3}

(1. 上海海洋大学 省部共建水产种质资源发掘与利用教育部重点实验室, 上海 201306; 2. 浙江省杭州市农业科学研究院 水产研究所, 浙江 杭州 310024; 3. 上海市高校水产养殖学 E-研究院, 上海 201306)

摘要: 采用 12 对微卫星标记分析了日本沼虾太湖、鄱阳湖两个野生群体及其双列杂交的 F_1 的遗传结构和遗传多样性。结果显示, 所用引物的平均等位基因数 (N_a) 为 17.67 个, 有效等位基因数 (N_e) 为 12.48 个, 大小在 112~427 bp 之间。平均观测杂合度 (H_o) 为 0.693 8, 平均期望杂合度 (H_e) 为 0.913 4。2 个亲本及 4 个子代组合的两两遗传分化指数 F_{ST} 值在 0.020 5~0.042 7 之间, 基因流 (N_m) 数值在 5.607 5~11.957 0 之间, 表明日本沼虾组间分化不明显。聚类分析结果表明, TP (太湖♀×鄱阳湖♂) 组合与 PT (鄱阳湖♀×太湖♂) 组合, TT (太湖♀×太湖♂) 组合与 TH (太湖亲本) 组合, PP (鄱阳湖亲本) 组合与 PY (鄱阳湖♀×鄱阳湖♂) 组合分别先聚在一起, 之后是 TP, PT, TT, TH 组合聚在一起, 最后再与 PP, PY 组合聚合在一起。试验结果显示, 杂交组合的观测杂合度有明显提高; 杂交组合与其它组合分化不明显; 杂交子代与母本的遗传结构更相似。本试验通过杂交来分析亲本及子代各个组合之间遗传多样性及遗传结构的变化情况, 为日本沼虾资源保护和开发利用提供理论依据。

研究亮点: 试验结果发现通过杂交可以显著提高观测杂合度而不引发群体遗传结构显著分化, 所以通过种内杂交可以用来丰富群体的遗传多样性和提高群体的种质状况, 既可以为进一步群体选育优良品系做准备, 同时, 对于保护和恢复受到污染造成种质资源衰退的湖泊群体而言, 又具有积极的意义。

关键词: 日本沼虾; 双列杂交; 遗传结构; 微卫星

中图分类号: S 917

文献标志码: A

日本沼虾 (*Macrobrachium nipponense*), 俗称青虾、河虾, 在中国分布广泛, 是目前淡水养殖业中最有发展前途的养殖对象之一^[1-2]。但近年来, 由于种苗繁育简单, 大量苗种就地解决, 不注意科学地选育和补充亲本, 养殖方式不当, 长期捕大留小, 亲本过度利用和逆向选择, 近亲繁殖等现象非常严重, 使养殖群体出现抗逆性下降、商品规格和产量下降等种质退化现象^[3]。太湖、鄱阳湖群体是太湖、鄱阳湖、钱塘江杭州段等附近几个水域内经过体长体重等性状对比所筛选出来的群体。通过种内杂交来丰富群体的遗传多样性和提高群体的种质状况, 可以进一步为群体选育优良品系做准备。同时, 对于整体而言已

处于中度富营养状态的太湖, 保护其日本沼虾资源也意义重大^[4]。

杂交可以使生物的遗传物质从一个群体转移到另一群体, 是增加生物变异性的一个重要方法^[5]。而种内杂交由于不存在胚胎发育困难、杂种不育及基因污染等问题, 可操作性强, 容易推广, 对产业的发展贡献更大, 因此种内杂交是目前杂种优势利用和遗传改良的重要途径之一^[6]。陆全平等^[7]利用太湖和长江两种不同水域的青虾进行交配, 可有效改良青虾种质, 增大青虾养成规格; 傅洪拓等^[8]用日本沼虾和海南沼虾进行种间杂交, 获得具有良好生长优势的杂交品种; UONO 和 FUJITA^[9]将日本沼虾与台湾沼虾

收稿日期: 2010-10-08 修回日期: 2010-12-09

基金项目: 国家自然科学基金(31001111); 上海高校选拔培养优秀青年教师科研专项基金(SSC08004); 浙江省杭州市科技局种子种苗项目(20071032H27); 上海海洋大学博士科研启动基金(B-8201-08-0279); 江苏省苏北科技发展计划项目(BN2009036)

作者简介: 李瀚声(1983—), 男, 硕士研究生, 研究方向为水产动物种质资源与种苗工程。E-mail: midiaige@126.com

通讯作者: 李家乐, E-mail: jili2009@163.com

(*Macrobrachium formosense*) 进行正反杂交获得杂交后代, 杂交后代不可育。

微卫星因其分布广泛、多态性信息丰富、共显性遗传、易于检测等特点, 作为一种优良的遗传标记在虾类遗传多样性研究中得到了广泛的应用^[10], 如 KANCEE 等^[11] 利用微卫星标记来分析罗氏沼虾的养殖群体和野生群体的遗传多样性差异, DIVU 等^[12] 利用罗氏沼虾的微卫星标记来分析群体多态性; 冯建彬等^[13] 利用微卫星对洪泽湖、太湖流域的日本沼虾进行了遗传多样性分析。本试验通过杂交来分析亲子代各个组合之间遗传多样性及遗传结构的变化情况, 为日本沼虾资源保护和开发利用提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 材料

1.1.1 亲本材料来源

日本沼虾亲本分别来自太湖江苏省吴江市庙港乡水域、鄱阳湖江西省都昌县都昌镇水域, 根据实地观察对比选取规格较大, 个体整齐, 鲜活无病症的群体, 保种于不同池塘内。之后用无水乙醇保存。

1.1.2 子代材料来源

按照完全双列杂交法对挑选出的两个湖泊群体的亲虾进行群体间杂交和群体内自然交配, 获得子代 4 个组合, 雌雄比例为 80:40。亲虾交配完成后, 将抱卵雌虾放入 1.0 m × 1.0 m × 1.0 m 聚乙烯网箱中孵育。亲本孵育结束后, 将网箱连同亲本取走, 幼体在水泥池中生长发育。当幼体体长达到 2.0 cm 左右时, 选取每个组合各 600 尾, 每个组合设 3 个重复分别放入 1.0 m × 1.0 m × 1.0 m 聚乙烯网箱中进行生长比较, 网箱吊挂在池塘中, 正常投喂和管理。从 2009 年 8 月 - 11 月, 每 30 天从每个重复中随机抽取 30 尾日本沼虾用无水乙醇保存。

亲本及子代具体分组如表 1 所示。

1.2 方法

1.2.1 基因组 DNA 制备

用苯酚/氯仿法^[14] 提取日本沼虾腹部肌肉组织的 DNA, 电泳检测 DNA 质量, 4 °C 保存。

1.2.2 引物筛选

12 对引物为自行开发的引物, 引物由上海生物工程技术有限公司合成, 序列信息如表 2

所示。

表 1 材料来源

Tab. 1 Sampling sources

组合	简称	采样时间	样本数量
太湖 ♀ × 鄱阳湖 ♂	TP	2009 - 07	60
鄱阳湖 ♀ × 太湖 ♂	PT	2009 - 07	60
太湖 ♀ × 太湖 ♂	TT	2009 - 10	60
鄱阳湖 ♀ × 鄱阳湖 ♂	PP	2009 - 10	60
太湖(亲本)	TH	2009 - 10	60
鄱阳湖(亲本)	PY	2009 - 10	60

1.2.3 PCR 扩增与扩增产物检测

PCR 反应体系为 10 μL, 包括: 1 × PCR buffer, 1.5 mmol/L Mg²⁺, 200 μmol/L dNTP, 200 μmol/L 引物, 0.1 U Taq 酶, 100 ng 模板, 灭菌去离子水补齐。PCR 反应程序: 94 °C 预变性 3 min; 94 °C 变性 30 s, 退火温度下 30 s, 72 °C 延伸 30 s, 25 个循环; 72 °C 延伸 5 min。PCR 产物经 1.5% 琼脂糖电泳初检合格后, 用 8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离, 用 pUC18 DNA / MspI 作为标准分子量, 电泳电压 8 V/cm, 快速银染法染色^[15], 扫描后观察分析。

1.2.4 数据统计

基因型用 GELPRO (version 4.5) 软件分析获得, 通过 GENPOP (version 1.32) 软件^[16] 统计 12 个微卫星位点上的等位基因数 (N_a)、有效等位基因数 (N_e)、多态位点百分率、观察杂合度 (H_o)、期望杂合度 (H_e)、多态信息含量 (C_{PI})、近交系数 F_{ST} 值、基因流 (N_m)、遗传相似系数 (I) 和遗传距离 (D_A)。利用 ARLEQUIN (version 3.1)^[17] 计算群体遗传分化的 F -统计量 (F -statistics, F_{ST}) 及方差分析 (AMOVA)。利用 DISPAN 计算群体间 Nei 氏遗传距离 (genetic distance, D_A)^[18], 基于 D_A 构建非加权组平均法 (UPGMA) 聚类树, 并进行 Bootstrap 检验。

2 结果

2.1 遗传多样性分析

12 对微卫星引物在日本沼虾 2 个亲本及 4 个子代组合中均得到了较好的扩增 (图 1)。各位点等位基因数及座位多态信息含量如表 3 所示, 12 个微卫星座位等位基因数介于 13 ~ 25 个之间, 平均等位基因数 (N_a) 为 17.67 个, 有效等位

基因数(N_e)为 12.48 个,平均有效等位基因个数为 12.48 个。多态信息含量介于 0.777 6~0.944 6 之间,根据 BOTSTEIN 等^[19]提出的标准,均为高度多态基因座(多态信息含量大于 0.5)。其中,

亲本的多态信息含量高于子代平均水平,自交子代平均水平高于杂交子代平均水平,差异不明显($P > 0.05$),杂交子代间差异不明显($P > 0.05$)。

表 2 12 对日本沼虾微卫星标记信息

Tab. 2 Characterizations of 12 microsatellites in *M. nipponense*

位点	引物序列(5'-3')	产物大小/bp	复性温度/°C	GenBank 索引号
<i>Mni</i> 30	F: TGCTGTTATCGTTGGCTGAG R: ACCCGTGTGTGTAAGTCTGAG	171 ~ 216	55	GQ257527
<i>Mni</i> 34	F: TGCAGAGAGTGGAGTGATGAA R: TCACCCCATCAACCTAAAGC	147 ~ 192	56	GQ257531
<i>Mni</i> 37	F: CAAATGCCACGCAGGTAC R: GGAGAAAGGCTTCAAGGA	120	56	GQ257534
<i>Mni</i> 45	F: AGTATGCTTGTCTTACCTCA R: CATGAACGACACTTTTCG	123 ~ 165	47	GQ257542
<i>Mni</i> 52	F: CTCGTTCTTGCCACTCTT R: TGACCCGTCTATGTTCTG	201 ~ 240	55.5	GQ257549
<i>Mni</i> 55	F: ATACATCACCTCAATAGC R: TATAAAGCCACATTGTCC	219	57	GQ257552
<i>Mni</i> 59	F: AGGGAATTGTGACAGACC R: CCTGACTACTGCGGATTT	129 ~ 192	51.5	GQ257556
<i>Mni</i> 83	F: GATGCCAACGTCCTTCCC R: TCCGATTACCGCCCTATT	123 ~ 189	53	GQ257580
<i>Mni</i> 86	F: TACTAACACCGAAGCTATGC R: AACAGTCACAACCGAACC	183	59	GQ257583
<i>Mni</i> 93	F: TCACAGCAGAGATAACA R: TGCCGATTCTGGACTTTA	228	53	GQ257590
<i>Mni</i> 95	F: TGGGAGGGAGGACTCTAA R: CCGTGATAAAGACTGGGT	351 ~ 429	53	GQ257592
<i>Mni</i> 114	F: CTCGTTCTTGCCACTCTT R: TGACCCGTCTATGTTCTG	236	50.5	GQ257610

2.2 遗传分化分析

遗传分化指数(F_{ST})介于 0.020 5~0.042 7 之间,基因流(N_m)数值介于 5.607 5~11.957 0 之间。结果表明各组合间遗传分化较弱($F_{ST} = 0 \sim 0.05$),组合间分化不明显($N_m > 5$)^[20],具体信息如表 4 所示。其中,PY 与杂交组合的分化程度较 TH 要大;且 PT 与 PY 的差别较 TP 要大。

基于 D_A 遗传距离,用 UPGMA 法构建的聚类

图(图 2)分析得出,TP 组合与 PT 组合,TT 组合与 TH 组合,PP 组合与 PY 组合分别先聚在一起,之后是 TP,PT,TT,TH 组合聚在一起,最后再与 PP,PY 组合聚合在一起。

AMOVA 分析如表 5 所示,组合间的遗传差异不明显,96.97% 的遗传变异存在于组合内,遗传分化极显著($P < 0.01$)。

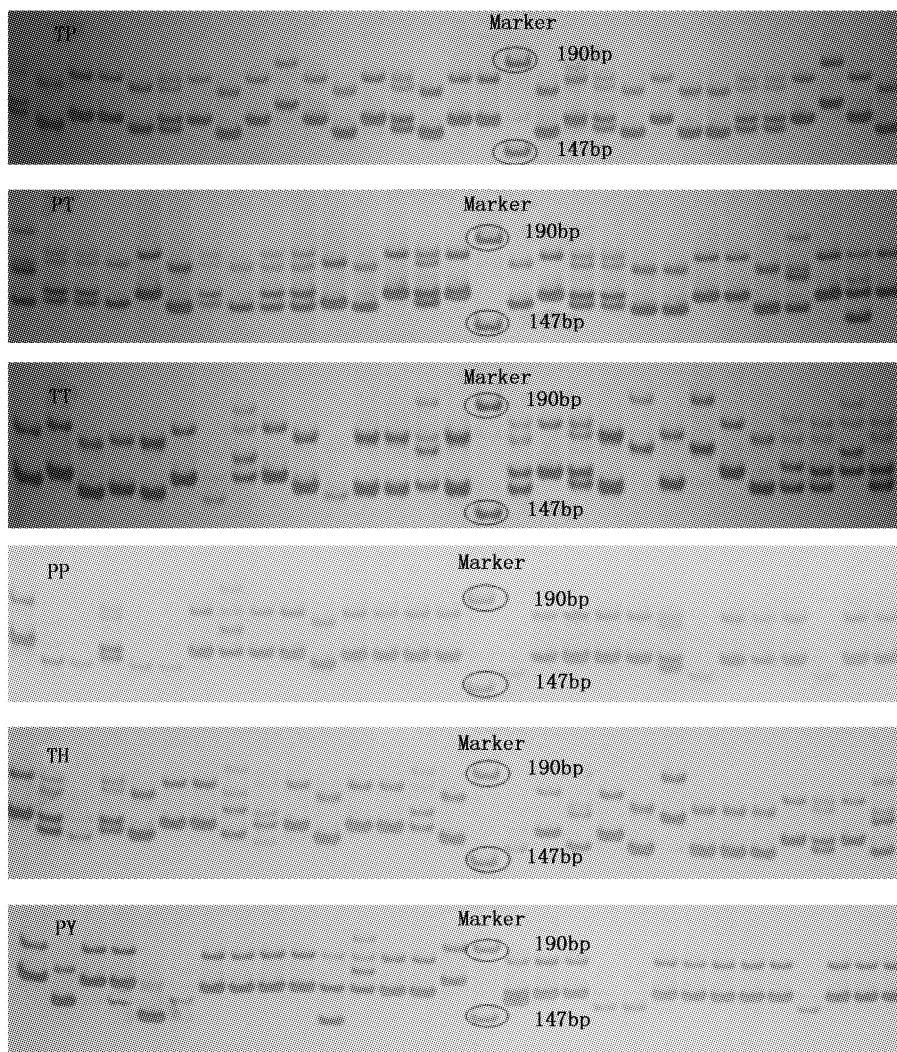


图 1 2 个亲本及 4 个子代组合在基因座 *Mni 34* 上的电泳图

Fig. 1 Electrophoretogram at locus *Mni 34* of 2 parents and 4 filial generation groups

表 3 12 个微卫星位点等位基因数、杂合度及多态信息含量

Tab. 3 Statistics of number of alleles, heterozygosity and polymorphism information content for 12 microsatellite loci

位点	等位基因 N_a	有效等位基因数 N_e	观测杂合度 H_o	期望杂合度 H_e	多态信息含量 C_{PI}
<i>Mni 30</i>	20	12.097 5	0.980 6	0.918 6	0.903 7
<i>Mni 34</i>	16	9.926 9	0.936 1	0.900 5	0.879 0
<i>Mni 37</i>	15	5.984 1	1.000 0	0.834 0	0.777 6
<i>Mni 45</i>	15	11.318 3	0.686 1	0.912 9	0.896 1
<i>Mni 52</i>	15	9.949 7	0.458 3	0.900 7	0.879 4
<i>Mni 55</i>	16	12.202 8	0.591 7	0.919 3	0.904 7
<i>Mni 59</i>	25	19.846 9	0.655 6	0.950 9	0.944 6
<i>Mni 83</i>	22	16.968 9	0.558 3	0.942 4	0.934 3
<i>Mni 86</i>	13	9.807 4	0.700 0	0.899 3	0.877 4
<i>Mni 93</i>	16	11.629 1	0.552 8	0.915 3	0.900 0
<i>Mni 95</i>	22	17.226 0	0.650 0	0.943 3	0.935 4
<i>Mni 114</i>	17	12.854 0	0.555 6	0.923 5	0.910 3
Mean	17.666 7	12.484 3	0.693 8	0.913 4	0.895 2
TP	13.500 0	8.992 9	0.823 6	0.886 2	0.867 5
PT	14.583 3	8.985 4	0.861 7	0.880 2	0.860 7
TT	14.416 7	9.196 3	0.611 1	0.885 3	0.866 0
PP	14.000 0	9.343 2	0.588 9	0.896 6	0.879 0
TH	15.083 3	9.398 8	0.643 1	0.888 7	0.870 0
PY	14.583 3	8.991 7	0.604 2	0.890 2	0.871 9

表 4 日本沼虾组合间 F_{ST} 统计量 (F_{ST} , 对角线下) 和基因流 (N_m , 对角线上)
 Tab. 4 Pairwise F_{ST} estimates (F_{ST} , below diagonal) and gene flow (N_m) among *M. nipponense* groups

组合	TP	PT	TT	PP	TH	PY
TP	-	9.376 5	7.053 5	6.709 9	7.318 9	7.318 9
PT	0.026 0	-	6.802 2	6.550 9	6.659 9	5.642 1
TT	0.034 2	0.035 5	-	6.892 9	9.332 2	5.607 5
PP	0.035 9	0.036 8	0.035 0	-	9.710 2	11.957 0
TH	0.033 0	0.036 2	0.026 1	0.025 1	-	6.525 1
PY	0.033 0	0.042 4	0.042 7	0.020 5	0.036 9	-

表 5 日本沼虾群体分子方差分析
 Tab. 5 AMOVA analysis among *M. nipponense* groups

变异来源	自由度	平方和	方差组分	方差比例/%
子代与亲本间	1	23.694	-0.014 3 Va	-0.26
组合间	4	113.092	0.181 34 Vb	3.29
组合内个体间	354	2 305.117	1.174 56 Vc	21.34 *
个体内	360	1 498.5	4.162 5 Vd	75.63 *
总变异	719	3 940.403	5.504 10	

注: * 表示差异极显著 ($P < 0.01$)。

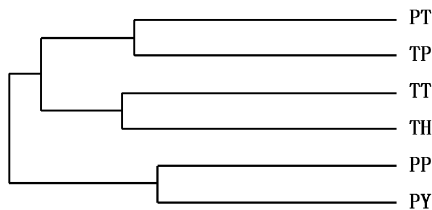


图 2 基于 Nei's 遗传距离构建的 2 个亲本及 4 个子代组合的 UPGMA 树

Fig. 2 The dendrogram of 2 parents and 4 filial generation groups based on standard genetic distance using UPGMA method

3 讨论

多态信息含量是度量群体遗传变异的常用参数,其数值大小反映群体遗传多样性的高低^[21]。本研究日本沼虾 2 个亲本及 4 个子代组合的遗传多样性参数分布范围显示,多态信息含量介于 0.860 7 ~ 0.879 0 之间,2 个亲本及 4 个子代组合总体呈现出了较高水平的遗传多样性,结果与冯建彬等^[22]对洪泽湖日本沼虾遗传多样性的研究结果相近(多态信息含量为 0.564 6 ~ 0.931 8)。亲本的多态信息含量高于子代平均水平;自交子代平均水平高于杂交子代平均水平,差异不明显 ($P > 0.05$)。PY 组合的遗传多样性较 TH 组合高;在子代中 PP 组合的遗传多样性最高,TP 高于 PT。杂合度能够反映各群体在多个

位点上的遗传变异,是度量群体遗传变异的一个最适参数^[23]。2 个亲本及 4 个子代组合的平均观察杂合度 (H_o) 为 0.588 9 ~ 0.861 7; 平均期望杂合度 (H_e) 为 0.880 2 ~ 0.896 6。平均观测杂合度 (H_o) 均小于平均期望杂合度 (H_e), 表明这 2 个亲本及 4 个子代组合均处于杂合子缺失状态^[24], 可能是由于近交所致,这在池塘养殖虾类中比较普遍,与虾类活动范围较小和有较强的领域行为有关。在捕捞之后,由于数量不足,极有可能引发近交现象。但是通过杂交,2 个子代杂交组合的观测杂合度 (H_o) 则明显高于 2 个自交组合,说明通过杂交使得群体水平上遗传多样性有了明显改变,这对于近交衰退可能有改善作用,但是尚需要更多的工作来验证。

遗传分化指数 (F_{ST}) 是指群体间或个体间的遗传变异占总的遗传变异的大小。群体间遗传分化指数越大,表明群体间分化越明显,群体间的遗传差异也就越大。WRIGHT^[25]认为 F_{ST} 值在 0 ~ 0.05 之间,群体遗传分化较弱, N_m 值大于 5 时,则表示分化不明显。12 个微卫星座位遗传分化指数 (F_{ST}) 介于 0.020 5 ~ 0.042 7 之间; 基因流 (N_m) 数值介于 5.607 5 ~ 11.957 0 之间,均表明组合间未发生明显分化。同时也说明,通过一代杂交对亲代及子代组合间的遗传分化程度未产生明显影响,这可能是群体有较高的遗传多样性水平,所以未对其产生明显影响。通过对杂交子代 TP, PT 组合与亲本 TH, PY 组合的比较发

现,TP 与 TH 组合遗传相似性高,PT 与 PY 组合相似性高,说明杂交子代与母本的遗传结构更相似,这一点与鱼类等杂交试验的结果相同^[26-27]。

参考文献:

- [1] 冯建彬,李家乐,程熙. 日本沼虾种质资源挖掘和保护研究进展[J]. 上海水产大学学报, 2008, 17(3): 371 - 376.
- [2] 李家乐,聂式忠,冯建彬,等. 长江中下游五个青虾群体网箱生长和养殖性能比较[J]. 上海水产大学学报, 2005, 14(3): 258 - 262.
- [3] 李家乐,聂式忠. 浅谈青虾养殖中的品种问题[J]. 科学养鱼, 2005(8): 5.
- [4] 成芳,凌去非,徐海军,等. 太湖水质现状与主要污染物分析[J]. 上海海洋大学学报, 2010, 19(1): 105 - 110.
- [5] 楼允东. 鱼类育种学[M]. 北京: 中国农业出版社, 1999.
- [6] 傅建军,王荣泉,刘峰,等. 草鱼长江和珠江群体及长江♀×珠江♂杂交组合遗传差异的微卫星分析[J]. 上海海洋大学学报, 2010, 19(4): 433 - 439.
- [7] 陆全平,费志良,蔡永祥,等. 不同水系青虾交配苗种繁育及成虾养殖试验[J]. 水产养殖, 2006, 27(2): 18 - 19.
- [8] 傅洪拓,龚永生,吴滢,等. 日本沼虾与海南沼虾的人工种间杂交及其同工酶分析[J]. 水生生物学报, 2004, 28(3): 327 - 329.
- [9] UUNO Y, FUJITA M. Studies on the experimental hybridization of freshwater shrimp, *Macrobrachium nipponense* and *Macrobrachium formosense* [C]//Abstracts of the Second International Ocean Development Conference, Tokyo, Japan, 1972: 5 - 7.
- [10] 孙效文,张晓锋,赵莹莹,等. 水产生物微卫星标记技术研究进展及其应用[J]. 中国水产科学, 2008, 15(4): 689 - 703.
- [11] KANCEE C, SUPAWADEE P, UTHAIRAT N, et al. Genetic diversity of hatchery stocks of giant freshwater prawn (*Macrobrachium rosenbergii*) in Thailand [J]. Aquaculture, 2007, 271: 121 - 129.
- [12] DIVU D, KHUSHIRAMANI R, MALATHI S, et al. Isolation, characterization and evaluation of microsatellite DNA markers in giant freshwater prawn *Macrobrachium rosenbergii*, from South India [J]. Aquaculture, 2008, 284: 281 - 284.
- [13] 冯建彬,吴春林,丁怀宇,等. 洪泽湖日本沼虾 9 个野生群体遗传多样性微卫星分析[J]. 中国水产科学, 2010, 17(2): 218 - 227.
- [14] SAMBROOK J, RUSSELL D W. Molecular Cloning: A Laboratory Manual [M]. 3rd ed. NY: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001.
- [15] BASSAM B J, CAETANO-ANOLLÉS G, GRESSHOFF P M. Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels [J]. Analytical Biochemistry, 1991, 196: 80 - 83.
- [16] FRANCOIS R. GENEPOP'007: a complete e-implementation of the GENEPOP software for Windows and Linux [J]. Molecular Ecology Research, 2008, 8(1): 103 - 106.
- [17] EXCOFFIER L, LAVAL G, SCHNEIDER S. Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis [J]. Evolutionary Bioinformatics Online, 2005, 1: 47 - 50.
- [18] NEI M, JAJIMA F, TATENO Y. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data [J]. Journal of Molecular Evolution, 1983, 19(3): 153 - 170.
- [19] BOTSTEIN D, WHITE R L, SKLICK M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms [J]. The American Journal of Human Genetics, 1980, 32(3): 31 - 34.
- [20] 姬长虹,谷晶晶,毛瑞鑫,等. 长江、珠江、黑龙江水系野生鲢遗传多样性的微卫星分析[J]. 水产学报, 2009, 33(3): 364 - 371.
- [21] 肖调义,张学文,章怀云,等. 洞庭湖四种黄颡鱼基因组 DNA 遗传多样性的 RAPD 分析[J]. 中国生物工程杂志, 2004, 24(3): 85 - 89.
- [22] 冯建彬,马克异,李家乐,等. 日本沼虾微卫星引物筛选及群体遗传多样性分析[J]. 水产学报, 2010, 34(5): 688 - 695.
- [23] NEI M, MARUYAMA T, CHAKRABORTY R. The bottleneck effect and genetic variability in populations [J]. Evolution, 1975, 29: 1 - 10.
- [24] 王文文,常玉梅,梁利群. 微卫星分析四个大黄鱼群体的遗传多样性[J]. 水产学杂志, 2009, 22(2): 6 - 11.
- [25] WRIGHT S. Evolution and the genetics of populations, variability within and among natural populations [M]. Chicago: University of Chicago Press, 1978.
- [26] 李思发,颜标,蔡完其,等. 尼罗罗非鱼与萨罗罗非鱼正反杂交后代耐盐性能的杂种优势及其与遗传的相关性的 SSR 分析[J]. 中国水产科学, 2008, 32(3): 189 - 197.
- [27] 范小勇,王茜,齐兴柱,等. 云斑尖塘鳢、线纹尖塘鳢及其杂交子一代间的遗传关系[J]. 海洋渔业, 2009, 31(2): 128 - 133.

Genetic structure analysis of parents and F_1 generation groups of *Macrobrachium nipponense* from Taihu Lake and Poyang Lake

LI Han-sheng¹, FENG Jian-bin¹, XIE Nan², FENG Xiao-yu², LI Ying-sen¹, LI Jia-le^{1,3}

(1. Key Laboratory of Exploration and Utilization of Aquatic Genetic Resources, Shanghai Ocean University, Ministry of Education, Shanghai 201306, China; 2. Fishery Research Institute, Hangzhou Academy of Agricultural Sciences, Hangzhou 310024, Zhejiang, China; 3. Aquaculture Division, E-Institute of Shanghai Universities, Shanghai 201306, China)

Abstract: Genetic diversity and genetic structure of *Macrobrachium nipponense* (parents from Taihu Lake and Poyang Lake, F_1 generations from diallel crosses) were analyzed by using 12 pairs of microsatellite markers primers selected. The results showed: the average number of alleles (N_a) for 17.67 and effective alleles (N_e) for 12.48, between 112 – 427 bp in size. Average observed heterozygosity (H_o) for 0.693 8, and mean expected heterozygosity (H_e) for 0.913 4. Six stocks had genetic differentiation index F_{ST} value between stocks in 0.023 4 – 0.052 9, and gene flow (N_m) in 4.476 6 – 10.411 7. The differentiation is not obvious. Clustering analysis results showed that TP (Taihu Lake ♀ × Poyang Lake ♂) stock and PT (Poyang Lake ♀ × Taihu Lake ♂) stock, TH (Taihu Lake parents) stock and TT (Taihu Lake ♀ × Taihu Lake ♂) stock, PY (Poyang Lake parents) stock and PP (Poyang Lake ♀ × Poyang Lake ♂) stock were gathered, respectively, and then, TP, PT, TT and TH gathered again, finally, with PY and PP gathered. Test results showed that observed heterozygosity of the hybrid stocks had increased obviously, but there was no obvious differentiation between hybrid stocks and other stocks. Furthermore, the hybrid progenies were more similar to the female parent in genetic structure. In this study, we analyzed genetic diversity and genetic structure between various stocks by hybridization for *Macrobrachium nipponense*, so as to provide theory basis for resources conservation and exploitation.

Key words: *Macrobrachium nipponense*; diallel crosses; genetic structure; microsatellite