

文章编号: 1674 - 5566(2016)04 - 0508 - 07

DOI:10.12024/j.sou.20151001576

浙江彩虹明樱蛤群体的形态和遗传多样性分析

徐 衡¹, 胡永来², 徐义平¹, 金 凯¹, 陈 鹏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: 采用形态判别分析和 SRAP 标记相结合的方法, 对浙江沿海彩虹明樱蛤 8 个群体尤其是乐清湾群体的形态和遗传多样性进行了分析, 结果表明: (1) 乐清、温岭与台州的群体具有相似的形态结构, 而与宁波、舟山群体则差异较大; 可以利用形态特征对乐清湾与舟山、宁波湾彩虹明樱蛤群体进行初步鉴别; (2) 与舟山、宁波相比, 浙江乐清湾群体遗传多样性比较高; 乐清湾群体聚为一支, 表明它们之间具有更高的遗传相似性。形态和 SRAP 研究结果一致表明, 各群体在形态和遗传相似性方面基本反映了各群体的地理关系, 但乐清湾养殖群体与宁波群体更为相近, 乐清湾彩虹明樱蛤养殖群体可能会对乐清湾野生群体造成种质混杂。

关键词: 彩虹明樱蛤; 群体; 形态判别; SRAP; 遗传多样性; 乐清湾

中图分类号: S 917 **文献标志码:** A

彩虹明樱蛤 (*Moerella iridescens*) 属瓣鳃纲、樱蛤科, 俗称海瓜子, 肉质细嫩, 味道鲜美, 深受沿海居民喜爱。其分布于西太平洋沿岸和澳大利亚北部沿岸, 在我国主要分布于浙闽沿海^[1-2]。浙江乐清湾位于浙江南部瓯江入海口北侧、北纬 27°59' ~ 28°33'、东经 120°57' ~ 121°16' 之间, 沿岸有清江、白溪、水涨、灵溪、江下等 30 余条江河流入湾内, 东侧为玉环县, 西岸为乐清市, 湾顶为温岭市, 湾口为洞头岛屿, 是一个贝类的天然良湾, 也是彩虹明樱蛤自然资源的集中分布区^[3]。

目前已对彩虹明樱蛤的养殖生态学、繁殖生物学等进行了研究^[4-5], 而对彩虹明樱蛤种群遗传多样性的研究见于对江苏连云港、浙江慈溪、浙江平湖等 3 个群体进行过形态、同工酶和 ISSR 的分析, 以及对浙江温岭群体进行过初步的 RAPD 分析^[5-10]。而对于浙江, 尤其是乐清湾的彩虹明樱蛤群体的遗传多样性, 尚缺乏研究。本研究将从形态学和 SRAP (Sequence-based amplified polymorphism, SRAP) 标记入手, 分析浙江省乐清湾区域彩虹明樱蛤群体结构, 目的是探讨它的资源特色, 为其种群鉴定、资源开发利用奠定基础。

1 材料与方法

1.1 材料采集

2013 年 5 月至 7 月采集了浙江沿海彩虹明樱蛤 8 个群体样本, 其中乐清市野生群体 3 个、养殖群体 1 个; 其余 4 个全部为野生群体, 分别来自乐清湾沿岸玉环、温岭群体, 以及浙江象山和舟山大洋山海区, 具体采集信息见表 1。台州和温岭市尽管不属于乐清市, 但地理位置上也在乐清湾海域内, 尤其是温岭市, 它与乐清市是邻接的。

1.2 形态指标及测量

对 8 个采样群体, 分别用游标卡尺 (精确至 0.1 mm) 测量。选取彩虹明樱蛤的 34 个可量性状, 壳前后缘点不容易确定, 我们取 4 个 (C、O、P、Q) 为壳后缘点, 3 个 (D、R、T) 为壳前缘点, 分别为壳长 (CD、CR、CT)、壳高 AB、壳顶到壳前缘距离 (AD、AR、AT)、壳顶到壳后缘距离 (AC、AO、AP、AQ、OR、OD、OT、PR、PT、PD、QR、QD、QT、CR、CT)、壳宽 SW、壳顶到前闭壳肌痕外缘最大距离 AE、壳顶到后闭壳肌痕外缘最大距离 AF、前后闭壳肌痕外缘最大距离 EF、前后闭壳肌痕内缘最小距离 GH、壳顶到外套痕前缘最大距离 AI、壳

收稿日期: 2015-10-14 修回日期: 2016-03-29

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 衡 (1977—), 男, 工程师, 研究方向为海洋与渔业环境监测。E-mail: 734090392@qq.com

通信作者: 徐义平, E-mail: 570753903@qq.com

顶到外套痕后缘最大距离 AJ;外套痕前后缘最大距离 IJ,壳后缘到壳最低点最大距离(OB、CB、PB、QB),壳前缘到壳最低点最大距离(BR、BT)。

每个群体测得 1 700 项,每个群体 50 个个体、8 个群体共获得 13 600 个数据。测量位点如图 1 所示。

表 1 彩虹明樱蛤样本采集信息

Tab.1 Sampling Information of *M. iridescens*

编号 No.	采集地点 sampling site	简称 abbreviation	采集时间 time	采集数量/个 quantity	规格 size
1	浙江乐清大荆镇水涨村滩涂	乐清水涨村 YQ1	2013.5.17	50	2430 颗/kg
2	浙江乐清雁荡西门岛长埂滩涂	乐清西门岛 YQ2	2013.5.20	50	1288 颗/kg
3	浙江乐清雁荡镇跳头滩涂	乐清跳头 YQ3	2013.5.27	50	1354 颗/kg
4	浙江乐清雁荡镇跳头养殖塘	乐清养殖塘 YQY	2013.5.27	50	7549 颗/kg
5	浙江台州玉环芦浦镇滩涂	玉环 TZ	2013.5.22	50	2240 颗/kg
6	浙江温岭市坞根镇滩涂	温岭 WL	2013.5.26	50	1544 颗/kg
7	浙江宁波象山山东城镇王家村滩涂	宁波 NB	2013.7.25	50	1696 颗/kg
8	浙江舟山嵊泗县大洋山岛滩涂	舟山 ZS	2013.7.25	50	1876 颗/kg

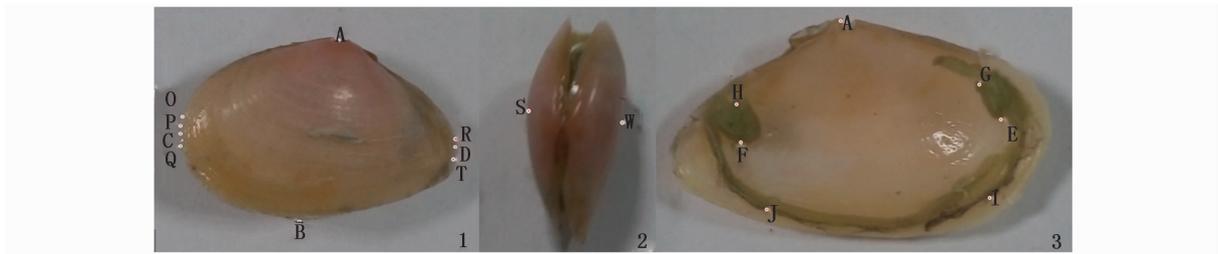


图 1 彩虹明樱蛤形态学测量部位

Fig.1 Landmark points for morphological measurement of *Moerella iridescens*

A. 壳顶点; B. 壳底点; C、O、P、Q. 壳后缘点; D、R、T. 壳前缘点; S. 左壳点; W. 右壳点; E. 前闭壳肌痕外缘点; F. 后闭壳肌痕外缘点; G. 前闭壳肌痕内缘点; H. 后闭壳肌痕内缘点; I. 外套痕前缘点; J. 外套痕后缘点。

A. Shell vertex; B. Shell bottom; C、O、P、Q. Shell edge point; D、R、T. Shell leading edge; S. Left shell point; W. Right shell point; E. Anterior adductor scar edge point; F. After the adductor scar edge point; G. Anterior adductor inner edge point; H. Posterior adductor scar inner point; I. Mantle scar; J. Mantle inner scar.

1.3 SRAP 标记

SRAP 标记主要针对开放读码框(ORFs)的序列进行扩增,具有简便、稳定等优点,已广泛应用于多种作物的遗传多样性研究和图谱构

建^[11-12]。SRAP 引物序列参考 LI 等^[11],由上海生工生物工程公司合成,正向 8 条,反向 8 条,正反随机组合,共有 64 对引物详见表 2。

表 2 SRAP 引物序列

Tab.2 The primer sequences of SRAP

序号 No.	正向引物序列(5'→3')forward sequence	反向引物序列(5'→3')reverse sequence
1	F1 TGAGTCCAAACCGGATA	R1 ACTGCGTACGAATTAAT
2	F2 TGAGTCCAAACCGGAGC	R2 GACTGCGTACGAATTGTC
3	F3 TGAGTCCAAACCGGAAT	R3 GACTGCGTACGAATTGAC
4	F4 TGAGTCCAAACCGGACC	R4 GACTGCGTACGAATTGTA
5	F5 TGAGTCCAAACCGGAAG	R5 GACTGCGTACGAATTAAC
6	F6 TGAGTCCAAACCGGTAA	R6 ACTGCGTACGAATTGCA
7	F7 TGAGTCCAAACCGGTCC	R7 GACTGCGTACGAATTCAA
8	F8 TGAGTCCAAACCGGTGC	R8 ACTGCGTACGAATTCTG

从每个群体中随机取出 3 个,共 24 个样本进行预实验。PCR 产物经 2% 琼脂糖检测具有清晰条带的再用 8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳,快速银染后拍照记录。选取其中 6 对扩增条带清晰、稳定的引物组合(F1/R3, F1/R6, F2/R2, F2/R6, F3/R6, F3/R8),对每个群体 20 个个体(8 个群体共 160 个个体)进行群体遗传多样性分析,银染显色后的图谱统计,每一条带视为一个位点,有带记为 1,无带记为 0,转换成数字矩阵再进行分析。

1.4 数据处理

采用 SPSS 19.0^[13] 统计软件进行聚类分析、主成分分析等多元分析,对 8 个群体进行形态差异分析;采用 DnaSP 5.0 软件计算序列中多态位点(S)、单倍型多样性(haplotype diversity, h)和核苷酸多样性(nucleotide diversity, π)、遗传多样性水平;用 PopGene32 (Version 1.31) 分析遗传距离、遗传分化指数和 AMOVA 等^[14-15];根据 Nei^[16] 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。基因座位多态率是根据 LYNCH 和 MILLIGAN^[14] 的泰勒展开式估计的。

2 结果

2.1 形态学参数分析

2.1.1 聚类分析

为消除彩虹明樱蛤规格大小对参数值的影响,先将所有参数分别除以壳长予以校正,得到 33 个比例性状,再分别求出各组样本每个参数校正值的平均值,用平均校正值进行聚类分析。聚

类分析采用层次聚类分析中的 Q 型聚类,其中遗传距离的计算采用欧式距离的最短系统聚类法。聚类结果显示(图 2),舟山大洋山(ZS)为单独一支,其余 7 个群体聚为另一大支。在 7 个群体的聚类支上有 2 小支:一支为宁波王家村(NB)和乐清养殖塘(YQY)聚为一支;另一支为乐清湾的 5 个群体,包括台州芦蒲镇(TZ)和温岭坞根镇(WL)群体。

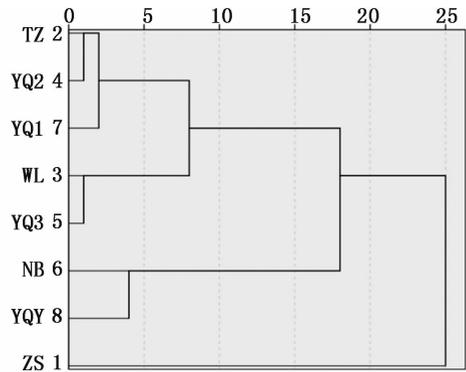


图 2 8 个彩虹明樱蛤群体平均联接的谱系图
Fig. 2 Average linkage of eight populations of *M. iridescens*

2.1.2 主成分分析

主成分分析结果见表 3,总方差贡献率表示性状对这个群体的影响力,总方差越大则表明对这个群体的影响就越大。前 5 个主成分的总方差的贡献率累计达到 97.3%,前 1、2 个主成分的贡献率分别为 51.4%、19.0%。主成分 1、2 中负荷绝对值超过 0.9 的分别为 AP、AO、AQ 等 10 项性状。

表 3 8 群体彩虹明樱蛤 34 个性状的 5 个主成分贡献率
Tab. 3 Contributory ratios and eigenvector loading of five principal components for thirty-four characters of eight populations of *M. iridescens*

参数 parameter	AB	AC	AD	AP	AO	AQ	AR	AT	PR	PD	PT	PB	OR	OD	OT	OB	CR
主成分 1	0.825	0.036	0.719	0.940	0.901	0.901	0.845	0.859	0.968	0.961	0.961	-0.266	0.960	0.864	0.806	-0.064	0.932
主成分 2	0.343	-0.321	0.118	0.258	0.220	0.220	-0.423	-0.404	0.036	-0.142	0.245	0.000	0.066	0.344	0.457	-0.128	0.020
主成分 3	0.274	-0.131	0.388	0.012	0.263	0.263	0.049	-0.124	-0.166	-0.216	-0.099	0.920	-0.080	-0.148	0.204	0.943	-0.129
主成分 4	0.204	0.149	0.423	-0.100	-0.149	-0.149	0.218	-0.157	-0.102	0.045	0.064	-0.025	0.073	0.016	0.023	-0.046	0.174
主成分 5	0.285	0.912	-0.178	0.118	0.194	0.194	0.017	0.028	0.113	0.059	-0.018	-0.147	-0.095	0.094	0.226	-0.240	-0.249
参数 parameter	CT	CB	QR	QD	QT	QB	BR	BD	BT	SW	AE	AF	EF	GH	AJ	IJ	贡献率
主成分 1	0.835	0.011	0.586	0.100	0.317	0.162	0.712	-0.068	0.122	-0.115	0.846	0.783	0.663	0.670	-0.228	-0.064	51.4%
主成分 2	0.407	0.295	0.578	0.903	0.848	0.770	0.663	0.942	0.885	0.079	-0.058	0.338	-0.029	0.314	-0.030	-0.101	19.0%
主成分 3	0.186	0.919	0.191	0.083	0.359	0.279	-0.053	-0.016	-0.229	0.090	0.008	0.332	0.014	0.476	-0.875	-0.866	13.5%
主成分 4	-0.169	-0.253	0.160	0.370	0.199	0.450	-0.110	-0.261	-0.169	0.939	0.422	0.376	0.335	0.411	-0.376	-0.325	7.9%
主成分 5	-0.059	0.052	0.453	0.066	-0.023	-0.156	0.053	-0.082	-0.322	0.256	0.272	-0.083	0.621	0.228	-0.155	-0.159	4.5%

2.1.3 判别分析

为了从量化水平上更准确地判别彩虹明樱蛤群体归属,并反映群体间的变异程度,应用 33 项比例性状对 8 个群体进行了判别分析,结果见表 4。8 个群体判别准确率在 46% ~ 98% 之间,综合判别率为 75.5%。去除乐清雁荡镇跳头养

殖塘群体(YQY)外,其余群体的判别准确率均低于 85%,乐清跳头(YQ3)24% 的个体被误判到温岭(WL)群体中;尤其是台州玉环群体(TZ)只有 46%,这也说明浙江沿海彩虹明樱蛤野生群体之间形态相似性极高,区分困难。

表 4 8 个彩虹明樱蛤群体判别结果

Tab. 4 The discriminant analysis of morphology of eight populations of *M. iridescens*

种群 population	样本数据 number	判别准确率/% discrimination accuracy	预测分类 prediction classification							
			YQ1	YQ2	YQ3	YQY	TZ	WL	NB	ZS
YQ1	50	68	34	3	0	1	5	4	0	3
YQ2	50	84	3	42	0	0	2	1	0	2
YQ3	50	74	0	1	37	0	0	12	0	0
YQY	50	98	0	0	0	49	1	0	0	0
TZ	50	46	7	0	0	8	23	7	5	0
WL	50	74	2	0	6	0	3	37	1	1
NB	50	84	3	0	0	0	3	2	42	0
ZS	50	76	6	5	0	0	1	0	0	38
总计 total	400	75.5	400							

2.2 SRAP 分析

2.2.1 遗传多样性分析

以 46 对引物组合在 8 个群体、每个群体 3 个样本进行预分析,其中 34 对引物组合能扩增出稳定、清晰的条带,12 对引物组合无扩增产物。选取 6 对扩增条带清晰、并且条带数量较多的引物组合(分别为 F1/R6, F1/R8, F2/R2, F2/R6,

F4/R6, F3/R6)在 8 个群共 160 个个体中进行扩增,各群体的遗传多样性分析见表 5。乐清湾养殖群体(YQY)和温岭群体(WL)多态位点均为 68 个为最多,但平均杂合度及 Shannon 指数等乐清湾养殖群体(YQY)是最高的;宁波群体(NB)多态位点、平均杂合度及 Shannon 指数等在 8 个群体中都是最低的。

表 5 彩虹明樱蛤 8 个群体的 SRAP 遗传多样性

Tab. 5 Genetic diversity of eight populations of *M. iridescens* based on SRAP

群体 populations	样本数 sample size	平均杂合度 average Heterozygosity	多态位点数 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
YQ1	20	0.235 1	64	64%	0.355 1 ± 0.296 9	0.241 9 ± 0.209 4
YQ2	20	0.235 2	64	64%	0.347 3 ± 0.292 9	0.235 2 ± 0.205 9
YQ3	20	0.228 2	63	63%	0.337 6 ± 0.293 2	0.228 2 ± 0.206 0
YQY	20	0.272 6	68	68%	0.394 6 ± 0.302 3	0.272 6 ± 0.217 4
TZ	20	0.228 6	62	62%	0.337 7 ± 0.294 0	0.228 6 ± 0.206 4
WL	20	0.259 3	68	68%	0.380 9 ± 0.290 0	0.259 3 ± 0.205 3
NB	20	0.195 1	48	48%	0.282 1 ± 0.312 5	0.195 1 ± 0.221 1
ZS	20	0.213 4	50	50%	0.306 4 ± 0.319 0	0.213 4 ± 0.226 8
均值(mean)	20	0.233 4	60.88	60.88%	0.472 4 ± 0.195 8	0.311 7 ± 0.148 9

进一步分析了各群体间的遗传分化程度(表 6)。11 个群体之间的基因流 $N_m = 1.516 9$,遗传分化系数 $G_{st} = 0.247 9$ 。两两群体之间的遗传距离在 0.011 1 ~ 0.233 8 之间;乐清湾包括台州

(TZ)和温岭(WL)5 个野生群体之间遗传距离较小,而与宁波(NB)、舟山(ZS)以及乐清湾养殖群体(YQY)之间的遗传距离较大;乐清湾养殖群体(YQY)与宁波(NB)和舟山(ZS)之间遗传距离更

小些。

表 6 彩虹明樱蛤 8 个群体遗传距离(对角线下方)及遗传相似度(对角线上方)

Tab. 6 Genetic distances (upper) and genetic similarity (lower) between eight populations

	YQ1	YQ2	YQ3	YQY	TZ	WL	NB	ZS
YQ1		10.980 1	0.960 9	0.831 3	0.976 0	0.989 0	0.824 0	0.825 5
YQ2	0.020 1		0.966 0	0.813 5	0.966 8	0.978 3	0.801 8	0.814 4
YQ3	0.039 9	0.034 6		0.806 4	0.954 2	0.964 4	0.791 6	0.819 5
YQY	0.184 8	0.206 4	0.215 1		0.820 1	0.831 7	0.960 7	0.961 5
TZ	0.024 3	0.033 8	0.046 9	0.198 3		0.970 4	0.805 3	0.824 3
WL	0.011 1	0.021 9	0.036 2	0.184 2	0.030 0		0.825 4	0.832 9
NB	0.193 6	0.220 9	0.233 8	0.040 1	0.216 5	0.191 8		0.892 9
ZS	0.191 8	0.205 3	0.199 0	0.039 3	0.193 2	0.182 8	0.113 3	

注:遗传距离(下方)和遗传相似度(上方)。

Note: genetic distance(down) and genetic similarity(up).

2.2.2 聚类分析

对 8 个群体进行聚类分析,结果显示(图 3)乐清湾 5 个野生群体聚集一起,乐清养殖塘群体(YQY)与舟山(ZS)、宁波群体(NB)聚集一起。

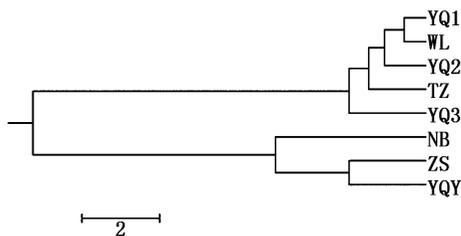


图 3 彩虹明樱蛤 8 个群体基于 SRAP 的遗传距离 NJ 树

Fig. 3 NJ tree among eight populations of *M. iridescens* based on SARP

3 讨论

形态学参数和性状对种群进行判别较为直观而且经济,已在各种水生生物如鱼、虾、贝等中广泛应用,且起到了很好的判别效果^[17-19],李晓英等^[7]也曾利用该方法对杭州湾和海州湾彩虹明樱蛤 3 个群体进行了判别,判别结果认为地理距离更近的群体,形态上就更为相似,这个结论与本文研究结果基本一致。浙江沿海 8 个彩虹明樱蛤群体,尽管具有较高的形态相似性,导致判别准确率下降,但乐清湾 5 个野生群体形态更为相似,聚为一支;而宁波和乐清湾养殖群体具有较高的形态相似性。

SRAP 分析结果显示,乐清湾地区彩虹明樱蛤野生群体遗传多样性普遍较高,这与董志国等^[9]的研究结果一致,高于宁波和舟山地区的;但乐清湾地区彩虹明樱蛤群体间的遗传距离小,

小于乐清湾以外的舟山和宁波群体。乐清湾养殖群体和温岭群体多态位点最多,均为 68 个,平均杂合度及 Shannon 指数等在乐清湾养殖群体中是最高的,而宁波群体多态位点、平均杂合度及 Shannon 指数等在 8 个群体中都是最低的。结合遗传距离聚类树进行分析,发现乐清湾养殖群体与舟山和宁波群体具有更小的遗传距离和更近的亲缘关系,但舟山和宁波群体间遗传距离却比较大,这可能是由于乐清湾养殖群体与这两个地区的彩虹明樱蛤之间存在混杂或引种的问题。

形态学和 SRAP 标记的研究结果都显示,乐清湾内野生群体之间具有更高的相似性和更近的遗传关系,群体遗传多样性较高,推测湾内目前的种质情况良好,但养殖群体在形态和遗传上与湾外群体的相似性,暗示乐清湾彩虹明樱蛤可能存在异地引苗的现象,这对当地彩虹明樱蛤群体的遗传结构可能造成影响,可能会打破原有的遗传结构,也可能影响到当地原有的资源特色,因此要加强彩虹明樱蛤种质资源保护和管理。

参考文献:

- [1] 尤仲杰, 王一农, 朱新丁, 等. 彩虹明樱蛤 *Moerella iridescens* (Benson) 群体组成与生长的初步研究[J]. 海洋通报, 1990, 9(6): 35-40.
YOU Z J, WANG Y N, ZHU X D, et al. Preliminary study on population composition and growth of clam *Moerella iridescens* (Benson) [J]. Marine Science Bulletin, 1990, 9(6): 35-40.
- [2] 朱亚珠, 翁佩芳. 蛏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] 杨辉, 谢钦春. 浙江乐清湾资源开发的关联性研究[J]. 海洋科学, 2006, 30(5): 10-14.
YANG H, XIE Q H. Correlations among resources exploitations at Leqing Bay, Zhejiang Province[J]. Marine Sciences, 2006, 30(5): 10-14.
- [4] 尤仲杰, 王一农. 彩虹明樱蛤 *Moerella iridescens* 人工育苗的初步研究[J]. 海洋湖沼通报, 1991(3): 55-61.
YOU Z J, WANG Y N. A preliminary study on the artificial seeding rearing of *Moerella iridescens* [J]. Transactions of Oceanology and Limnology, 1991(3): 55-61.
- [5] 虞顺成, 孙凯. 低产虾塘混养彩虹明樱蛤的初步试验[J]. 浙江海洋学院学报(自然科学版), 1992, 11(2): 161-163.
YU S C, SUN K. A preliminary experiment on mixed rearing of *Moerella iridescens* benson in low-producing shrimp pond [J]. Zhejiang Ocean University (Natural Science), 1992, 11(2): 161-163.
- [6] 吕敢堂, 张秀梅, 赵晶, 等. 彩虹明樱蛤贝体尺寸性状对体重的影响效应[J]. 浙江海洋学院学报(自然科学版), 2012, 31(6): 487-491.
LV G T, ZHANG X M, ZHAO J, et al. The Effect of Phenotypic and Morphometric Traits on Body Weight of *Moerella iridescens* [J]. Zhejiang Ocean University (Natural Science), 2012, 31(6): 487-491.
- [7] 李晓英, 董志国, 王美珍. 杭州湾与海州湾彩虹明樱蛤群体形态差异分析[J]. 水产科学, 2010, 29(11): 648-652.
LI X Y, DONG Z G, WANG M Z. Morphological Variation in Geographical Populations of Clam *Moerella iridescens* from Hangzhou Bay and Haizhou Bay [J]. Fisheries Science, 2010, 29(11): 648-652.
- [8] 李晓英, 董志国, 王美珍. 彩虹明樱蛤同工酶组织特异性研究[J]. 海洋科学, 2009, 33(1): 43-47.
LI X Y, DONG Z G, WANG M Z. Study on the tissue specificity of isozymes in *Moerella iridescens* [J]. Marine Sciences, 2009, 33(1): 43-47.
- [9] 董志国, 李晓英, 王美珍, 等. 杭州湾与海州湾彩虹明樱蛤遗传差异的 ISSR 分析[J]. 水产科学, 2010, 29(8): 460-464.
DONG Z G, LI X Y, WANG M Z, et al. Morphological Variation in Geographical Populations of Clam *Moerella iridescens* from Hangzhou Bay and Haizhou Bay [J]. Fisheries Science, 2010, 29(8): 460-464.
- [10] 於宏, 薛良义, 张佳峰. 彩虹明樱蛤基因组 DNA 提取及 RAPD 扩增的初步研究[J]. 海洋科学, 2009(3): 4-9.
YU H, XUE L Y, ZHANG J F. Genomic DNA isolation and RAPD analysis on *Moerella iridescens* [J]. Marine Sciences, 2009, 33(3): 4-9.
- [11] 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.
- [12] 徐操, 赵宝华. SRAP 分子标记的研究进展及其应用[J]. 生命科学, 2009, 7(4): 24-27.
XU C, ZHAO B H. The development and application of SRAP molecular marker [J]. Life Science Instruments, 2009, 7(4): 24-27.
- [13] NORUSIS M J. SPSS for Windows. Base System Users Guide. Release 6. 0. SPSS [M]. Chicago, 1993.
- [14] LYNCH M, MILLIGAN B G. Analysis of population genetic structure with RAPD markers [J]. Mol Ecol, 1994, 3(2): 91-99.
- [15] SOKAL R R, MICHENER C D. A statistical method for evaluating systematic relationships [C]. University of Kansas scientific Bulletin 28, 1958: 1409-1438.
- [16] NEI M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals [C]. Genetics 89, 1978: 583-590.
- [17] 龚小玲, 李思发. 鳗鲡属六种鱼类形态判别研究[J]. 动物分类学报, 2010, 35(3): 562-567.
GONG X L, LI S F. Comparative discriminate analysis of morphological traits among six eels of *Anguilla* [J]. Zoological Systematics, 2010, 35(3): 562-567.
- [18] 李义军, 李婷, 王平, 等. 日本囊对虾 (*Marsupenaeus japonicus*) 3 个野生种群和 1 个养殖种群的形态差异与判别分析[J]. 海洋与湖沼, 2010, 41(4): 500-504.
LI Y J, LI T, WANG P, et al. Analysis of morphological variations among three wild and one cultivation populations of *Marsupenaeus japonicus* [J]. Oceanologia et Limnologia Sinica, 2010, 41(4): 500-504.
- [19] 张永普, 林志华, 应雪萍. 不同地理种群泥蚶的形态差异与判别分析[J]. 水产学报, 2004, 28(3): 339-342.
ZHANG Y P, LIN Z H, YING X P. Morphological variations and discriminant analysis of different geographical populations of *Tegillarca Granosa* [J]. Journal of Fisheries of China, 2004, 28(3): 339-342.

The analysis of genetic diversity and morphology of *Moerella iridescens* in Zhejiang Province

XU Heng¹, HU Yonglai², XU Yiping¹, JIN Kai¹, CHEN Peng¹

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

Abstract: Morphological and SRAP markers were used to analyze the phylogenetic relationship and genetic diversity of eight populations of *Moerella iridescens* in Zhejiang Province, especially focusing on Yueqing bay. The populations in Yueqing, Wenling and Taizhou had the similar morphologies, but they had more difference with the populations in Ningbo and Zhoushan. The genetic diversity of population in Yueqing was higher than that in Zhoushan or Ningbo. All populations collected from Yueqing were clustered together, showing that they had smaller genetic distance and higher genetic similarity. The similarity in both morphological and SRAP data reflects the geographical relationship among the eight populations. It should be noted that aquaculture population of *M. iridescens* collected from Yueqing was more similar with that from Ningbo, not with those from Yueqing, reminding us to avoid possible germplasm hybrid of *M. iridescens* in Yueqing bay.

Key words: *Moerella iridescens*; population; morphological discrimination; SRAP; genetic diversity; Yueqing Bay