

厚壳贻贝(*Mytilus coruscus*)4 个群体遗传多样性的 ISSR 分析*

叶莹莹¹ 徐梅英^{1,2} 郭宝英^{1,3} 吴常文¹

(1. 浙江海洋学院海洋科学学院 国家海洋设施养殖工程技术研究中心 舟山 316004;

2. 浙江大海洋科技有限公司 舟山 316004; 3. 中国水产科学研究院东海水产研究所

农业部海洋与河口渔业资源及生态重点开放实验室 上海 200090)

摘要 采用 ISSR 分子标记对中国沿海 4 个厚壳贻贝群体进行遗传多样性和遗传结构分析, 筛选出 13 条引物对 4 个群体 120 个样品共扩增出 192 个清晰的扩增位点, 其中多态位点 188 个, 多态位点百分率为 97.92%, 在物种水平上遗传多样性较为丰富。群体遗传多样性结果表明, PPL 在 81.77%—89.58% 之间, H 在 0.2950—0.2818 之间, I 在 0.4213—0.4447 之间, 其中福州群体多样性指数最低, 温州群体最高。4 个群体间 G_{ST} 为 0.1519, N_m 值范围介于 3.0576—5.9714 之间, AMOVA 分析显示遗传变异主要来自群体内个体间。群体间遗传距离和聚类分析显示, 温州群体和宁德群体首先聚为一支, 再与舟山群体聚类, 最后与福州群体聚在一起。表明地理位置较远的群体, 遗传距离也较大, 地理距离和遗传距离一致。

关键词 厚壳贻贝, 群体遗传, 遗传多样性, ISSR

中图分类号 Q955

厚壳贻贝(*Mytilus coruscus* Gould)隶属于软体动物门(Mollusca)、瓣鳃纲(Lamellibranchia)、异柱目(Anisomyaria)、贻贝科(Mytilidae)、贻贝属(*Mytilus*), 俗称青口、海红, 其干制品称为淡菜, 是一种栖息于近岸、内湾与岛礁的温水性双壳类软体动物, 主要分布于黄、渤海和东海沿岸。其肉味鲜美、营养丰富, 还具有很好的药用和食疗的功效, 是我国目前贝类主要的养殖品种之一。在浙江、福建等沿海省份都有大面积的养殖, 其中以全国最大的贻贝养殖示范基地浙江省嵊泗县最为出名, 其养殖产量高, 全县养殖面积 1600 公顷, 年产量 7.5 万 t, 产值 1.3 亿元(林上军等, 2010)。但随着养殖力度的不断扩大, 种质资源退化和遗传单一化现象也日趋严重。目前对厚壳贻贝的研究主要集中在苗种繁育(常抗美等, 2007)、理化性质(马明华等, 2004)、生物化学(廖智等, 2010)等方面,

而有关厚壳贻贝群体遗传多样性的研究国内外尚未见报道。

ISSR (Inter-Simple Sequence Repeat)是由 SSR (Simple Sequence Repeat)发展而来的一种新的分子标记(Zietkiewicz *et al.*, 1994), 具有模板需要量少、多态性丰富、实验成本低、操作简单、实验稳定性较高等优点, 现已广泛应用于动植物的种质鉴定和遗传多样性的分析, 在许多水生生物的群体遗传学研究中获得了理想的效果(杨太有等, 2008; Liu *et al.*, 2006), 但在贝类中的研究较少。本研究从群体遗传学的角度, 首次采用 ISSR 分子标记的方法对采自我国东南沿海舟山东极海域(ZS)、温州南麂列岛海域(WZ)、宁德霞浦海域(ND)、福州平潭海域(FZ)4 个不同地理群体的野生厚壳贻贝进行遗传多样性分析, 以期揭示厚壳贻贝的群体遗传多样性和遗传结构状况及评价厚

* 国家科技部国际科技合作项目“浅海典型渔业生态系统功能恢复与重建关键技术”, 2009DFB20290 号; 国家海洋公益性行业科研专项, 201005013-05 号; 农业部海洋与河口渔业资源及生态重点开放实验室开放基金, 10-01 号; 2011 年浙江省大学生科技创新(新苗人才计划)项目, 2011.01—2012.06。叶莹莹, E-mail: yeyingying5559@163.com

通讯作者: 吴常文, 教授, E-mail: wucw08@126.com

收稿日期: 2011-01-29, 收修改稿日期: 2011-03-26

壳贻贝的种质资源等提供理论依据,最终可用于指导育种实践。

1 材料与方法

1.1 材料来源

实验所用野生厚壳贻贝(*Mytilus coruscus*)于2009年和2010年在我国东南沿海地区采集4个野生群体(表1),并于当地活体解剖,取其闭壳肌组织用无水乙醇固定带回实验室备用。

1.2 实验方法

1.2.1 基因组 DNA 的提取 厚壳贻贝基因组 DNA 的提取基本参照《分子克隆实验指南》(Sambrook *et al.*, 2002)蛋白酶 K、酚/氯仿提取法,稍作修改。DNA 自然风干后,用 TE 溶解,经 1%琼脂糖凝胶电泳检测其质量、用紫外分光光度计测定样品 DNA 的 OD_{260nm} 、 OD_{280nm} 值,确定其浓度和纯度,置于 $-20^{\circ}C$ 保存备用。

1.2.2 ISSR 引物和 PCR 反应 ISSR 引物依据加拿大哥伦比亚大学公布的第 9 套全套 ISSR 引物序列,引物由上海英骏生物技术公司合成,从 100 个 ISSR 引物中筛选出扩增产物稳定、条带清晰、重复性好且多态性丰富的 13 个引物用于扩增,PCR 反应体系为 25 μ l, 10 \times Buffer 2.5 μ l, Mg^{2+} 1.5 μ l (2.5 mmol/L), 引物 1 μ l (10 μ mol/L), dNTP 2 μ l (2.5 μ mol/L), Taq DNA 聚合酶 0.2 μ l (Takara, 5U/ μ l), 用 ddH₂O 补足体积。PCR 扩增程序设置为: $94^{\circ}C$ 预变性 5min, $94^{\circ}C$ 变性 45s, $52^{\circ}C$ 退火 1min s, $72^{\circ}C$ 延伸 90s, 共 38 个循环; 然后一个循环结束后 $72^{\circ}C$ 延伸 10min, $4^{\circ}C$ 保存。为了保证实验的可信度,筛选引物时均采用同一个群体混合模板,用 DL2000 DNA Marker (Takara, 100—2000bp) 作为标准分子量,所有 PCR 扩增产物在 1.5%琼脂糖凝胶上电泳分离,经溴化乙锭染色,凝胶成像系统拍照并记录结果。

表 1 厚壳贻贝样品采集时间和地点
Tab.1 Sampling time and sites of *M. coruscus*

群体名称	采集地点	采集时间(年.月)	个体数
舟山群体(ZS)	浙江省舟山市普陀区东极海域	2010.10	30
温州群体(WZ)	浙江省温州市平阳县南麂列岛海域	2010.10	30
宁德群体(ND)	福建省宁德市霞浦海域	2009.07	30
福州群体(FZ)	福建省福州市平潭岛海域	2010.12	30

1.3 数据分析

ISSR 为显性标记,在琼脂糖凝胶电泳图谱上,同一引物扩增产物电泳迁移率一致的被认为具有同源性,即同一位点的产物,进行人工读带,统计各个样品的扩增带,有带记为 1,无带记为 0,建立(0, 1)数据矩阵。并对下列指标进行统计分析。

多态位点比例 $P = (\text{多态位点数} / \text{位点总数}) \times 100\%$

群体内和群体间的遗传距离(Hogbin *et al.*, 1999) $D = 1 - S$, 其中 S 为遗传相似系数。个体间遗传相似系数 $S_{xy} = 2N_{xy} / (N_x + N_y)$, 其中 N_{xy} 是个体 x 和 y 两个共有的带数, N_x 和 N_y 分别为个体 x 和 y 的扩增带数。群体内遗传相似系数是群体内所有的两个个体间相似指数的平均值。群体间遗传相似系数为两群体间任意两个体的相似系数的平均值。

Nei's 基因多样性 $H = 1 - \sum X_i^2$

Shannon's 信息指数 $I = - \sum X_i \ln X_i$

其中, X_i 为位点 i 在某一群体中的出现频率。

以上分析采用 POPGENE Version1.32 软件进行统计。用 SPSS11.5 统计软件中的方差分析对以上指标进行显著性检验, Arlequin3.11 软件进行 AMOVA 分子

方差, MAGA4.1 软件构建群体的 UPGMA 分子系统树。

2 结果

2.1 ISSR-PCR 扩增结果

由表 2 可知, 13 条扩增结果稳定、多态性高、重复性好的引物, 对 4 个群体各 30 个样品共扩增出 192 个清晰的扩增位点, 其中多态位点 188 个, 多态位点

表 2 13 条 ISSR 引物及序列
Tab.2 13 ISSR primers and sequences

引物编号	引物序列
816	5'-CAC ACA CAC ACA CAC AT-3'
817	5'-CAC ACA CAC ACA CAC AA-3'
825	5'-ACA CAC ACA CAC ACA CT-3'
835	5'-AGA GAG AGA GAG AGA GYC-3'
836	5'-AGA GAG AGA GAG AGA GYA-3'
846	5'-CAC ACA CAC ACA CAC ART-3'
847	5'-CAC ACA CAC ACA CAC ARC-3'
850	5'-GTG TGT GTG TGT GTG TYC-3'
855	5'-ACA CAC ACA CAC ACA CYT-3'
856	5'-ACA CAC ACA CAC ACA CYT-3'
857	5'-ACA CAC ACA CAC ACA CYG-3'
861	5'-ACC ACC ACC ACC ACC ACC-3'
873	5'-GAC AGA CAG ACA GAC A-3'

百分率为 97.92%, 4 个群体的多态位点百分率在 81.77%—89.58%之间, 每个引物在 4 个群体中所检测出的 ISSR 位点数从 13—19 不等, 扩增片段长度大多在 200—2500bp, 部分结果如图 1(A—D)所示。

2.2 遗传多样性分析

4 个厚壳贻贝群体的多态位点比例、遗传距离、Nei's 基因多样性和 Shannon's 信息指数结果见表 3。 N_d 值介于 1.8177—1.8958; N_e 值介于 1.4838—1.5005; H 值分别为 0.2888、0.2950、0.2910、0.2818; I 值分

别为 0.4374、0.4447、0.4350、0.4213。结果表明, 4 个厚壳贻贝群体的多态位点比例、遗传距离、Nei's 基因多样性和 Shannon's 信息指数都较高, $WZ > ZS > ND > FZ$ 。这说明 4 个厚壳贻贝群体内个体均具有较大的遗传差异, 其中温州群体 H 值和 I 值最高, 福州群体最低, 因此温州群体遗传多样性最高, 福州群体最低。

从表 4 可以看出, 4 个地理群体的厚壳贻贝具有较高的遗传多样性水平, 而且存在着基因交流, 4 个

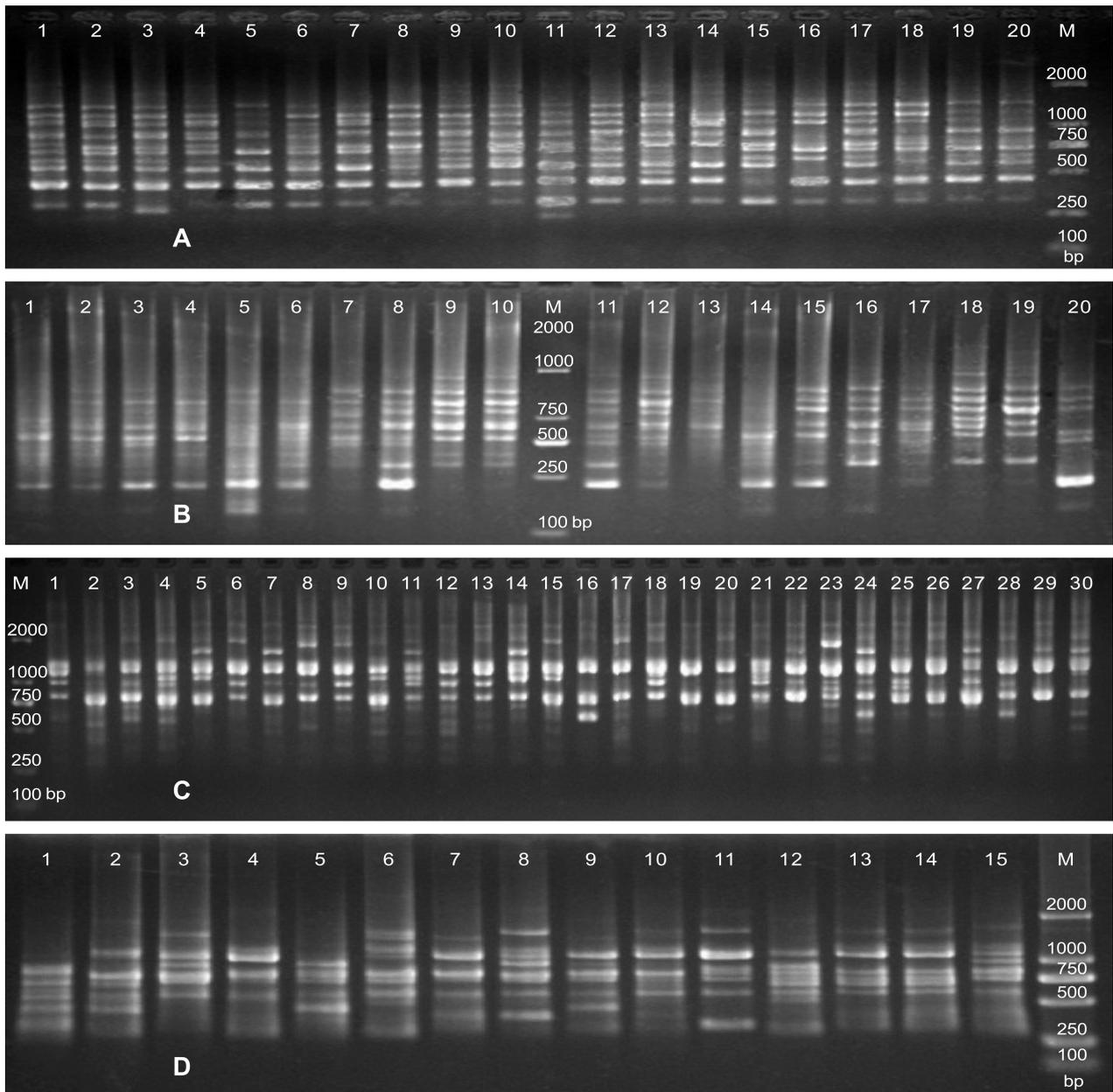


图 1 不同引物对 4 个群体扩增结果电泳图谱

Fig.1 ISSR profile of four populations of *M. coruscus* with different primers

A. 引物 873 对 ZS 群体, B. 引物 873 对 WZ 群体, C. 引物 847 对 ND 群体, D. 引物 825 对 FZ 群体

表 3 厚壳贻贝群体遗传多样性
Tab.3 The genetic diversity of *M. coruscus* populations

群体	等位基因数 N_a	有效等位基因 N_e	Nei's 基因多样性 H	Shannon's 信息指数 I	多态位点百分数 $PPL(\%)$
ZS	1.8958±0.3063	1.4854±0.3392	0.2888±0.1700	0.4374±0.2283	89.58
WZ	1.8958±0.3063	1.5002±0.3432	0.2950±0.1715	0.4447±0.2298	89.58
ND	1.8438±0.3640	1.5005±0.3595	0.2910±0.1813	0.4350±0.2475	84.38
FZ	1.8177±0.3871	1.4838±0.3619	0.2818±0.1850	0.4213±0.2547	81.77
合计	1.9792±0.1432	1.5851±0.3149	0.3410±0.1450	0.5096±0.1823	97.92

表 4 4 个群体之间的基因多样性和基因流
Tab.4 The N_m and gene diversity among the four populations

群体	等位基因数 N_a	有效等位基因 N_e	Nei's 基因多样性 H	Shannon's 信息指数 I	遗传分化系数 G_{ST}	基因流 N_m
ZS-WZ	1.9531±0.2119	1.5382±0.3227	0.3180±0.1551	0.4792±0.2009	0.0823	5.5775
ZS-ND	1.9375±0.2427	1.5468±0.3387	0.3185±0.1633	0.4771±0.2135	0.0897	5.0719
ZS-FZ	1.9531±0.2119	1.5734±0.3353	0.3320±0.1557	0.4957±0.2000	0.1405	3.0576
WZ-ND	1.9375±0.2427	1.5407±0.3294	0.3175±0.1598	0.4765±0.2102	0.0773	5.9714
WZ-FZ	1.9479±0.2228	1.5801±0.3371	0.3339±0.1591	0.4969±0.2055	0.1363	3.1687
ND-FZ	1.9323±0.2519	1.5557±0.3419	0.3222±0.1629	0.4815±0.2130	0.1109	4.0089
合计	1.9792±0.1432	1.5851±0.3149	0.3410±0.1450	0.5096±0.1823	0.1519	2.7915

群体间遗传分化系数 $G_{ST} = 0.1519 < 0.5$, 说明了由于基因流的作用, 群体内的变异要远大于群体间的变异, 而成为变异的主要方式。 N_m 值范围介于 3.0576—5.9714, 其中温州群体和宁德群体间基因流水平最高, 而舟山群体和福州群体基因流水平最低, 这与温州群体和宁德间遗传分化系数最小、舟山群体和福州群体间遗传分化系数最大相对应。这说明了在两两随机的 4 个群体之间温州群体和宁德群体之间遗传多样性水平最低, 而舟山群体和福州群体间遗传多样性水平最高。

2.3 遗传相似系数和遗传距离及聚类分析

ISSR 扩增获得的群体间的遗传相似系数和遗传距离见表 5, 两两群体间遗传距离在 0.0719—0.1399 之间, 遗传相似系数在 0.8694—0.9306 之间。其中在群体和福州群体间遗传距离最大, 而遗传相似系数最小, 温州群体和宁德间遗传距离最小, 而遗传相似系数最大。通过比较各个组合之间的各项指标发现, 群体间基因流水平、遗传分化系数、遗传相似系数和群体之间的距离有关, 地理位置离越远的群体, 基因流水平越低, 遗传分化系数越大, 遗传相似系数越小; 相反, 地理位置离越近的群体, 基因流水平越高, 遗传分化系数越小, 遗传相似系数越大。

UPGMA 聚类分析结果见图 2, 温州群体与宁德群体遗传距离极小, 而与舟山群体分歧稍明显, 与福

表 5 厚壳贻贝四个群体间遗传相似系数(对角线上方)和遗传距离(对角线下方)

Tab.5 Genetic similarity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal) among four populations of *M. coruscus*

群体	ZS	WZ	ND	FZ
ZS	—	0.9261	0.9195	0.8694
WZ	0.0768	—	0.9306	0.8721
ND	0.0839	0.0719	—	0.8999
FZ	0.1399	0.1368	0.1055	—

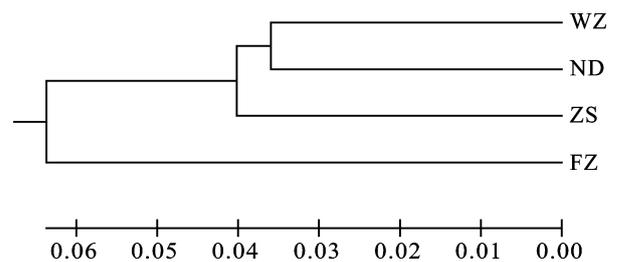


图 2 厚壳贻贝 4 个群体 UPGMA 分子系统树

Fig.2 UPGMA phylogenetic tree about the four populations of *M. coruscus*

州群体距离较大, 4 个群体存在的差异明显处在种内地理水平, 分化不明显。

AMOVA 分子方差分析(表 6)显示厚壳贻贝群体 83.43% 的遗传变异由群体内贡献, 16.57% 的变异分布于群体间。

表 6 厚壳贻贝 4 个群体遗传变异的 AMOVA 分析
Tab.6 Analysis of molecular variance (AMOVA) about the four populations of *M. coruscus*

变异来源	自由度	离差平方和	变异组分	变异百分率(%)	P*
群体间	3	211.800	6.04563	16.57	<0.001
群体内	116	1765.000	30.43103	83.43	<0.001

注: *表示交换 1000 次单倍型的显著性检验

3 讨论

3.1 厚壳贻贝群体的遗传多样性分析

遗传多样性是生物所携带的遗传信息总和, 是生物长期进化的产物, 物种的遗传多样性水平在一定程度上体现着这个物种适应环境的能力, 制约着物种适应性进化的水平, 同时为其现状和保护价值的评估提供非常重要的信息(Hamrick *et al.*, 1996; Hogbin *et al.*, 1999)。从群体遗传学角度来说, 物种的遗传多样性水平与其适应能力、繁殖能力和进化潜力密切相关, 遗传多样性水平的降低往往会导致生物对环境的适应能力减弱、种质衰退等(Sokal *et al.*, 1989)。种群遗传多样性越高或越丰富, 适应环境的能力就越强, 越容易扩展其分布范围和开拓新的环境(中国科学院生物多样性委员会, 1994)。研究遗传多样性的目的, 就是为了最大限度地保持种内的遗传多样性水平, 维持物种进化潜力和群体的自然繁殖能力, 以确保种质资源的可持续利用。本研究首次采用 ISSR 技术研究中国沿海 4 个不同厚壳贻贝群体的遗传变异, 即对舟山群体、温州群体、宁德群体和福州群体的遗传多样性及遗传结构进行了初步的研究。

4 个群体的多态位点百分率均较高, 说明厚壳贻贝群体内遗传多样性处于较高水平, 从 Shannon's 多样性指数(I)和 Nei's 基因多样性指数(H)来看, 4 个厚壳贻贝群体内个体均具有较大的遗传多样性, $WZ > ZS > ND > FZ$ 。Shannon's 多样性指数和 Nei's 基因多样性是衡量物种遗传多样性的重要参数(Labate, 2000), 利用 ISSR 方法得到的几种海洋贝类在物种水平上的 H 和 I 值, 大珠母贝(*Pinctada maxima*)分别为 0.2832 和 0.4372(姜因萍等, 2008), 四角蛤蜊(*Mactra veneriformis*)分别为 0.3070 和 0.4760 (Hou *et al.*, 2006), 扁玉螺(*Neverita didyma*)分别为 0.3395 和 0.5113(孙始威等, 2008), 长竹蛏(*Solen strictus*)分别为 0.2854 和 0.4390(陈燕妮等, 2010), 缢蛏(*Sinonovacula constricta*)分别为 0.1641 和 0.2845(牛东红等, 2009)。与本文得到的厚壳贻贝 H 和 I 值(0.2888 和 0.4374)相比, 厚壳贻贝的遗传多样性水平略低于四角蛤蜊和扁玉

螺, 高于缢蛏, 与大珠母贝和长竹蛏较为接近。无论是整个群体还是各个群体间的遗传多样性均较高, 厚壳贻贝当前种质资源状况较好, 环境对其本身的胁迫作用在当前阶段不明显, 具有较好的养殖前景。与广泛开展人工繁殖和养殖的种类相比, 厚壳贻贝的种质资源受人为主的选择相对较小, 但仍然受到一定人为因素的影响。

3.2 厚壳贻贝的遗传结构与分化

群体间的遗传距离揭示了群体遗传分化程度, 反映了种内群体间或种间的亲缘关系的远近(Benzie, 1998), 同一物种不同地理群体遗传距离的变化范围为 0.03—0.2 (遗传相似系数为 0.8—0.97)(Thorpe, 1982), 本研究厚壳贻贝两两群体间遗传距离在 0.0719—0.1399 之间, 遗传相似系数在 0.8694—0.9306 之间, 均在此范围之内, 说明了 4 个地理群体具有一定的遗传分化。UPGMA 聚类分析表明温州群体和宁德群体亲缘关系最近, 首先聚为一支, 之后与舟山群体聚类, 最后与福州群体聚在一起, 4 个群体存在的差异明显处在种内地理水平, 地理位置较远的群体, 遗传距离也较大, 群体间分化不明显。

厚壳贻贝群体的遗传变异 83.43%存在于群体内, 16.57%存在与群体间, 群体间的遗传分化系数 G_{ST} 为 0.1519, 基因流 N_m 值范围介于 3.0576—5.9714, 表明厚壳贻贝群体之间存在一定程度的遗传分化, 遗传变异主要来源于群体内。本研究结果可以看到, 温州群体和宁德群体间基因流水平最高、遗传分化系数最小, 而舟山群体和福州群体基因流水平最低、遗传分化系数最大。通过计算不同组群体的 G_{ST} 和 N_m 值(表 4)还可以看出, G_{ST} 随着群体间地理距离的增大而增大, N_m 随着群体间地理距离的增大而减小。由此可以看出, 群体间的遗传多样性和它们之间的距离有密切的关系, 距离远的群体间的基因多样性丰富, 而距离较近的群体由于容易发生基因交流, 遗传多样性水平相对较低。这都是由于基因交流作用的结果, 基因流是影响群体内部和群体之间遗传变异程度的重要因素(Slatkin, 1987)。基因流会使出现在一个群体中的基因带给另一个群体, 基因流越大, 群体间的相似

性越大,相反,如果群体之间由于生殖隔离或地理隔离而无法相互杂交,群体间的基因流水平则会降低,基因流水平的下降又会使群体内的交配增加,进而导致群体内的基因型越来越相似,而群体之间的相似性则越来越小,直至后来分化成为不同的种群(赵文等,2011)。可见,距离远的群体间的基因多样性丰富,而距离较近的群体,由于容易发生基因流,因此遗传多样性水平相对较低。基于此,建议在进行人工育苗时,尽量选择多种来源及遗传距离较远的不同亲贝群体,这样可以避免近交衰退带来的风险并有利于保持厚壳贻贝苗种的遗传多样性。

种群间的遗传分化除了与基因流的阻隔有关外,还与环境因子的选择密切相关,本研究中4个群体产生的遗传分化可能还有以下原因:自浙江东南向福建沿岸的浙闽沿岸流经过温州,与相反流向的台湾海峡流以及黑潮自台湾的西北流分支在闽东相遇,阻碍了浙闽沿岸流继续向南推进(Lü *et al.*, 2007)。厚壳贻贝的浮游幼虫期大约为一个月(常抗美等,2007),这些因素在一定程度上可为4个群体厚壳贻贝的基因交流提供条件。此外,生活水域的盐度和温度的差异也会引起厚壳贻贝的遗传分化,Sarver等(1993)研究发现,贻贝种群的分布与温度和盐度有密切关系,加之厚壳贻贝属于温水性种类,分布于黄海、渤海和东海沿岸,各海域水团之间交流广泛,因此各群体之间的遗传差异比较小。

贝类遗传多样性的保护是海洋生物遗传多样性保护的重要组成部分,目前贝类的小型化生长缓慢等现象越来越严重。由于人为的过度采捕、海洋围垦,以及对自然环境的破坏,使某些等位基因从基因库中消失,虽然这种危害是局部的,但也会破坏有关种类的基因库,使基因资源造成无法弥补的损失(董志国等,2010)。本文研究结果对厚壳贻贝资源的合理开发和利用具有重要启示,我国厚壳贻贝遗传多样性水平较高,其中温州群体和舟山群体可能存在着相对丰富的遗传种质,并可作为人工繁殖选择亲贝时的首选种质。

参 考 文 献

- 马明华,易杨华,汤海峰,2004.厚壳贻贝多糖的分离纯化、理化性质及活性研究.中国海洋药物,4:14—18
- 中国科学院生物多样性委员会,1994.生物多样性研究的原理与方法.北京:科学出版社,141—165
- 牛东红,李家乐,冯冰冰等,2009.缙蛭6个群体遗传结构的ISSR分析.应用与环境生物学报,15(3):332—336
- 孙始威,孙振兴,葛宜和等,2008.基于ISSR标记的扁玉螺(*Neverita didyma*)自然居群遗传结构.生态学报,28(11):5499—5505
- 杨太有,关建义,陈宏喜等,2008.丹江口水库赤眼鳟(*Squaliobarbus curriculus*)遗传多样性的RAPD和ISSR分析.海洋与湖沼,39(2):157—161
- 陈燕妮,孙振兴,常林瑞,2010.长竹蛭不同地理居群的遗传多样性.水生生物学报,34(2):270—277
- 林上军,李杰,2010.嵊泗:小贻贝做成了大产业.中国水产,12:75—77
- 赵文,张雷,毕进红,2011.辽宁沿海5个毛蚶群体遗传多样性的ISSR分析.水产学报,35(6):854—862
- 姜因萍,何毛贤,黄良民等,2008.两个大珠母贝群体遗传多样性的ISSR分析.热带海洋学报,27(3):61—65
- 常抗美,吴剑锋,2007.厚壳贻贝人工繁殖技术的研究.南方水产,3(3):26—30
- 董志国,李晓英,王美珍等,2010.杭州湾与海州湾彩虹明樱蛤遗传差异的ISSR分析.水产科学,29(8):460—464
- 廖智,鲁涛,李楠楠等,2010.厚壳贻贝(*Mytilus coruscus*)足丝蛋白mcofp3和mcofp6的cDNA克隆及序列分析.海洋与湖沼,41(5):739—747
- Sambrook J, Fritsch E F, Maniatis T, 2002. 黄培堂译, 2002. 分子克隆实验指南(第3版). 北京: 科学出版社, 463—471
- Benzie J A H, 1998. Genetic Structure of Marine Organisms and SE Asian Biogeography. Biogeography and Geological Evolution of SE Asia. The Netherlands: Backbuys Publishers, 197—209
- Hamrick J L, Godt M J W, 1996. Conservation Genetics of Endemic Plant Species. In: Avise J C, Hamrick J L ed. Conservation Genetics: Case Histories from Nature. New York, USA: Chapman and Hall, 281—304
- Hogbin P M, Peakall R, 1999. Evaluation of the contribution of genetic research to the management of the endangered plant *Zieria prostrata*. Conserv Biol, 13: 514—522
- Hou L, Lu H L, Zou X Y *et al.*, 2006. Genetic characterizations of *Macra veneriformis* (Bivalve) along the Chinese coast using ISSR-PCR markers. Aquaculture, 261(3): 865—871
- Lü Huaqing, SONG Haitang, Chris BAYLY, 2007. Temporal and spatial distributions of dominant shrimp stocks and their relationship with the hydrological environment in the East China Sea. Chinese Journal of Oceanology and Limnology, 25(4): 386—397
- Labate J A, 2000. Software for population genetic analyses of molecular marker data. Crop Science, 40(6): 1521—1528
- Liu Y G, Chen S L, Li J *et al.*, 2006. Genetic diversity in three Japanese flounder (*Paralichthys olivaceus*) populations revealed by ISSR markers. Aquaculture, 255(1—4): 565—572
- Sarver S K, Bushek D, 1993. Genetics aspects of disease complex of blue mussel. Mar Biological, 117: 105—112
- Slatkin M, 1987. Gene flow and the geographic structure of natural populations. Science, 236: 787—792
- Sokal R R, Jacquez G M, Wooten M C, 1989. Spatial autocorre-

- lation analysis of migration and selection. *Genetics*, 121(4): 845—855
- Thorp J P, 1982. The molecular clock hypothesis: biochemical evolution, genetic differentiation, and systematic. *Annual Review Ecology System*, 13(1): 139—168
- Zietkiewicz E, Rafalski A, Labuda D, 1994. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR) anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics*, 20: 176—183

ISSR ANALYSIS ON GENETIC STRUCTURE OF FOUR *MYTILUS CORUSCUS* POPULATIONS

YE Ying-Ying¹, XU Mei-Ying^{1,2}, GUO Bao-Ying^{1,3}, WU Chang-Wen¹

(1. Marine Science College of Zhejiang Ocean University, National Engineering Research Center of Marine Facilities Aquaculture, Zhoushan, 316004; 2. Zhejiang Dahaiyang Science and Technology Co., Ltd., Zhoushan, 316004; 3. Key and Open Laboratory of Marine and Estuarine Fisheries Resources and Ecology, Ministry of Agriculture, East China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Shanghai, 200090)

Abstract The genetic structure of four geographic populations of *Mytilus coruscus* along the coast of China was investigated by the inter-simple sequence repeat (ISSR) fingerprinting of 120 individual clams. Of the 192 ISSR loci tested, 188 (97.92%) were polymorphic with 13 ISSR primers. The genetic diversity was high at species level. The result showed that the *PPL* about four populations were among 81.77%—89.58%, *H* were among 0.2950—0.2818, *I* were among 0.4213—0.4447, respectively for the four populations with the lowest values in FZ population, the highest values in WZ population. The G_{ST} of the four populations was 0.1519, N_m was 3.0576—5.9714, AMOVA analysis showed that the genetic variation mainly from individuals within populations. Genetic distance and UPGMA tree showed that WZ was clustered with ND into one clad, then with ZS, and finally with FZ. The result showed that the further geographical distance, the higher genetic distance; the genetic distance is proportional to the geographical distance.

Key words *Mytilus coruscus*, Population genetics, Genetic diversity, ISSR

2011 年度《海洋与湖沼》动态

(1) 《海洋与湖沼》2011 年最新公布的总被引频次在海洋科学期刊中名列第一位; 影响因子为 1.404, 学科影响指标和综合评价总分均列海洋科学期刊首位; 综合评价总分在全国科技期刊中排第 18 位。

(2) 荣获 2011 年度百种中国杰出学术期刊奖。

(3) 荣获 2011 年度中国精品科技期刊奖。