

香港牡蛎(*Crassostrea hongkongensis*)与长牡蛎(*Crassostrea gigas*)种间杂种遗传力评估*

张跃环¹ 王昭萍² 喻子牛¹ 闫喜武³

(1. 中国科学院南海海洋研究所 热带海洋生物资源与生态重点实验室 广州 510301; 2. 中国海洋大学水产学院 海水养殖教育部重点实验室 青岛 266003; 3. 大连海洋大学水产与生命学院 辽宁省贝类良种繁育工程技术研究中心 大连 116023)

提要 以平衡巢式设计(1 长牡蛎♂: 3 香港牡蛎♀)构建的 45 个香港牡蛎(*Crassostrea hongkongensis*) × 长牡蛎(*Crassostrea gigas*)种间杂交家系为材料, 对其生长、存活及产量性状狭义遗传力进行了评估, 并对其两两对应性状表型相关及遗传相关进行了分析。结果表明: (1) 生长性状的遗传力大小为 0.6207—0.8785, 以父系半同胞组内相关法估计的幼虫 15 日龄、稚贝 180 日龄、幼贝 360 日龄壳高遗传力分别为 0.6355、0.4828、0.5787, 其 360 日龄鲜重遗传力为 0.7740; (2) 存活性状的遗传力大小为 0.2748—0.3957, 以父系半同胞组内相关法估计的幼虫 15 日龄、稚贝 180 日龄、幼贝 360 日龄存活率遗传力分别为 0.1900、0.2939、0.4064; (3) 产量是生长与存活共同作用结果, 360 日龄产量的遗传力及以父系半同胞组内相关法估计的遗传力分别为 0.6706、0.5018。从其生长相关性上看, 幼虫期与稚贝期出现了微弱负向相关; 除了幼虫期与幼贝期的壳高及产量, 及其稚贝期与幼贝产量间无相关性以外; 其它的两两生长性状间均为显著正相关。从存活与产量的相关性上看, 无论是表型性状, 还是遗传性状均出现了积极的正相关, 以遗传相关为主。本研究为建立远缘杂交育种方法和策略提供必要的理论依据。

关键词 香港牡蛎; 长牡蛎; 表型性状; 杂种遗传力

中图分类号 S917.4 **doi:** 10.11693/hyhz20131100179

遗传力(Heritability)是指某数量性状从上一代传递给下一代的能力。它包括广义遗传力(Broad-sense heritability)和狭义遗传力(Narrow-sense heritability)。通常情况下, 育种学家们将狭义遗传力作为无偏估计(盛志廉等, 1999)。在对贝类的研究方面, 国内外学者们先后估计了牡蛎(Lannan, 1972; Ernande *et al.*, 2003; Langdon *et al.*, 2003; Evans *et al.*, 2006; Dégremont *et al.*, 2007; 王庆志等, 2009; 肖述, 2010; Li *et al.*, 2011)、扇贝(Zheng *et al.*, 2004, 2006)、珍珠贝(Deng *et al.*, 2009; Wang *et al.*, 2011)、蛤仔(闫喜武等, 2010; 霍忠明等, 2010)、泥蚶(孙长森等, 2010)等双壳

贝类的遗传参数, 为育种决策、育种值估计、选择指数确定、选择反应预测及育种规划奠定了坚实的基础。

遗传力是性状传递能力大小的重要遗传参数, 但大多均仅限于种内应用, 为了更加准确的分析远缘杂交是否有真杂种优势产生, 可以采用杂种遗传力协同配合力共同剖析杂种优势。杂种遗传力(Cross-heritability)是指加性方差占杂交子一代方差的比率(吴仲贤, 2003)。目前, 在农作物育种中, 学者们利用 16 全同胞种间杂交家系(沙地葡萄 *Vitis rupestris* × 夏葡萄 *Vitis aestivalis*)评估了葡萄皮尔斯

* 国家自然科学基金项目资助, 31402299 号, 31172403 号; 国家重点基础研究发展规划项目资助, 2010CB126406 号; 现代农业产业技术体系建设专项资助, CARS-48 号。张跃环, 博士, E-mail: yhzhang@scsio.ac.cn

通讯作者: 王昭萍, 教授, 博导, E-mail: zpwang@ouc.edu.cn; 喻子牛, 教授, 博导, E-mail: carlzyu@scsio.ac.cn

收稿日期: 2013-11-18, 收修改稿日期: 2013-12-30

细菌抗病性的狭义遗传力(Krivanek *et al.*, 2005)。在水产动物方面, 尚未见到相关报道。本文以先前构建的 45 个杂交家系为材料(张跃环, 2012), 引入杂种遗传力概念, 对种间杂种生长、存活及产量性状遗传力进行了评估, 并对其两两对应性状表型相关及遗传相关进行了分析, 旨在为建立远缘杂交育种方法和策略提供必要的理论依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

采用平衡巢式设计 1 个雄性长牡蛎对应 3 个雌性香港牡蛎方式建立的 45 个杂交家系(表 1)(张跃环等, 2012)。其中, 共有 15 个父系半同胞家系, 45 个母系全同胞家系。幼虫期每个杂交家系利用 2—3 个 100L 白桶培育, 在幼虫完成变态形成稚贝生长至 10 mm 左右时(48d 左右), 采用震荡的方式, 将波纹板上的稚贝掰下来, 变为单体牡蛎。由于稚贝数量较大, 每个家系随机筛选 1080 个作为测定样品, 装入 3mm 孔径的网袋中, 密度为 120 个/袋, 每个家系装 9 袋。所有杂交家系均在大连海洋贝类育苗场及其虾池中经历了一周年的养成, 直至翌年繁殖季节。

表 1 种间杂交家系建立方法

Tab.1 The conductive method of interspecific hybridization families

父本	母本	家系
G ♂ 1-15	H ♀ 1	HG11-151
	H ♀ 2	HG12-152
	H ♀ 3	HG13-153

G 表示长牡蛎, H 表示香港牡蛎

1.2 数据收集及处理

测量指标包括幼虫浮游期 15 日龄、稚贝越冬期 180 日龄、幼贝繁殖期 360 日龄的壳高、存活率, 及 360 日龄时个体鲜重、产量。其中, 每个家系设置 3

个真重复组, 浮游存活率为 15 日龄眼点幼虫数量与 D 形幼虫的百分率(%); 稚贝及幼虫存活率为 180 日龄及 360 日龄子代数量与完成变态稚贝数量百分率(%); 产量为每个家系真重复组的鲜重(kg)。

为了减小方差齐性, 所有的壳高、鲜重及产量指标均转化为常用对数 lg, 所有的存活率均转化为 Asin。其中, 壳高、鲜重指标每个家系随机测量 30 个个体, 存活率及产量每个家系测量 3 个数据(来自于每个家系内的真重复)。

1.3 数据分析

表型性状数据的方差分析及协方差分析使用 SPSS18, 软件的一般线性模型(General line model, GLM)。数据分析前对所有参数进行正态性检验(Kolmogorov-Smirnov)。二因素系统分组的方差分析及协方差分析的数学模型为

$$X_{ijk} = S_i + D_{ij} + E_{ijk} + \mu$$

其中, X_{ijk} 表示某性状第 i 个父本第 j 个母本的第 k 个子代的表型指标, μ 表示总体均值, S_i 表示第 i 个父本效应, D_{ij} 表示第 i 个父本内第 j 个个体的母本效应, E_{ijk} 为相应的随机误差变量。全同胞资料表型变量的方差组分如表 2 所示, 全同胞资料表型变量间的协方差组分如表 3 所示。

1.4 参数计算

根据全同胞资料作二因素系统组分方差分析可得到 3 个遗传力估计值, 即:

$$h_S^2 = 4\sigma_S^2 / (\sigma_S^2 + \sigma_D^2 + \sigma_e^2)$$

$$h_D^2 = 4\sigma_D^2 / (\sigma_S^2 + \sigma_D^2 + \sigma_e^2)$$

$$h_{SD}^2 = 2(\sigma_S^2 + \sigma_D^2) / (\sigma_S^2 + \sigma_D^2 + \sigma_e^2)$$

式中, h_S^2 、 h_D^2 、 h_{SD}^2 分别为父系半同胞、母系全同胞和全同胞估计的狭义遗传力; σ_S^2 、 σ_D^2 、 σ_e^2 分别为父系半同胞、母系全同胞和全同胞个体间方差。

表 2 全同胞家系表型变量组分方差分析

Tab.2 Variance analysis on components of phenotypic variation of full-sib families

变异来源 SV	自由度 df	平方和 SS	均方 MS	期望均方 EMS
雄亲间	$S - 1$	SS_S	MS_S	$\sigma_e^2 + k\sigma_D^2 + k\sigma_S^2$
雄内雌亲间	$S(D - 1)$	SS_D	MS_D	$\sigma_e^2 + k\sigma_D^2$
后裔个体间	$SD(k - 1)$	SS_e	MS_e	σ_e^2
总和	$SDk - 1$	SS_T		

S 为雄性亲本数; D 为每一雄性亲本所配雌性亲数; k 为每一雌性亲本的后裔数

表 3 全同胞家系表型变量组分协方差分析
Tab.3 Covariance analysis on components of phenotypic variation of full-sib families

变异来源 SV	自由度 df	叉积 CP	均积 MP	期望均积 EMP
雄亲间	$S - 1$	CP_S	MP_S	$cov_e(x, y) + kcov_D(x, y) + kdcov_S(x, y)$
雄内雌亲间	$S(D - 1)$	CP_D	MP_D	$cov_e(x, y) + kcov_D(x, y)$
后裔个体间	$SD(k - 1)$	CP_e	MP_e	$cov_e(x, y)$
总和	$SDk - 1$	CP_T		

S 为雄性亲本数; D 为每一雄性亲本所配雌性亲本数; k 为每一雌性亲本的后裔数; $cov_S(x, y)$ 为父系半同胞协方差, $cov_D(x, y)$ 为母系全同胞协方差, $cov_e(x, y)$ 为全同胞个体间协方差

根据全同胞资料作二因素系统组分方差分析及协方差分析, 可得到 3 个遗传相关估计值, 即:

$$r_S = cov_S(x, y) / \sigma_{S_x} \sigma_{S_y}$$

$$r_D = cov_D(x, y) / \sigma_{D_x} \sigma_{D_y}$$

$$r_{(S+D)} = cov_S(x, y) + cov_D(x, y) / \sqrt{(\sigma_{S_x}^2 + \sigma_{D_x}^2)(\sigma_{S_y}^2 + \sigma_{D_y}^2)}$$

式中, r_S 、 r_D 、 $r_{(S+D)}$ 分别为父系半同胞、母系全同胞及全同胞个体间估计的遗传相关, σ_S^2 和 σ_D^2 意义同上。由于后两个估计值受显性效应和母本效应影响较大, 相比之下第一个估计值较为无偏, 因此, 采用第一个公式计算性状间的遗传相关系数作为实验结果。表型相关的计算公式为: $r_P = cov_P(x, y) / \sigma_{P_x} \sigma_{P_y}$ 。

2 结果

2.1 不同时期个体的表型参数

杂交家系子代在幼虫浮游期(Day15)、稚贝越冬期(Day180)及幼贝繁殖期(Day360)表型参数的平均值、标准差和变异系数如表 4 所示。经检测所有参数经检验均符合正态分布, 并且随着个体生长, 壳高变异系数逐渐增大(7.06%—9.82%), 表明生长性状异质性在增强。存活率的变异系数在 15 日龄时最大为 7.00%, 而在 180 及 360 日龄期间, 相对较小, 分别为 3.97%和 5.30%; 360 日龄产量的变异系数为 27.35%。

表 4 不同时期杂种的生长、存活率及产量参数
Tab.4 Parameters of growth, survival rate, and yield of hybrids in different days

类别	壳高(mm)			鲜重(g/ind.)	存活(%)		产量(kg)	
	H_{d15}	H_{d180}	H_{d360}	W_{d360}	S_{d15}	S_{d180}	S_{d360}	Y_{d360}
平均值	0.294	18.16	42.70	9.47	91.26	92.82	87.46	2.98
标准差 SD	0.021	1.75	4.19	2.91	6.39	3.69	4.63	0.81
变异系数 CV(%)	7.06	9.64	9.82	30.72	7.00	3.97	5.30	27.35

CV: 变异系数为标准差与平均数的比值。 H_{d15} 、 H_{d180} 、 H_{d360} 及 W_{d360} 分别表示 15、180、360 日龄壳高及 360 日龄鲜重; S_{d15} 、 S_{d180} 、 S_{d360} 及 Y_{d360} 分别表示 15、180、360 日龄存活率及 360 日龄产量。下同

2.2 不同时期生长、存活、产量性状的方差分析

表 5 为杂种在不同时期表型性状的方差分析。其结果表明: 生长、存活及产量性状, 在雄亲间及其雌内雄亲间壳高、存活率及产量均存在极显著差异($P < 0.01$), 说明可以对其性状进行遗传力估计。

2.3 生长、存活、产量性状原因的方差分析

根据方差分析结果及期望均方的方差组分构成, 可以建立全同胞及半同胞各个原因方差组分的对应关系, 彼此间相互关系见表 6。根据这些组分的关系, 可以进行遗传力估算。

2.4 遗传力及遗传相关分析

根据表 7 所示, 对于生长性状及产量而言, 母系全同胞遗传力最高; 对于存活性状而言, 15 日龄时,

母系全同胞遗传力最高; 180 及 360 日龄期间, 母系全同胞、父系半同胞及其全同胞遗传之间比较接近, 但以父系半同胞遗传力相对较高。从生长性状上看, 幼虫 15 日龄的父系半同胞、母系全同胞及其全同胞的遗传力分别为 0.6355、1.1215、0.8785; 稚贝越冬期 180 日龄时, 父系半同胞、母系全同胞及其全同胞的遗传力分别为 0.4828、0.7586、0.6207; 繁殖期 360 日龄壳高的父系半同胞、母系全同胞及其全同胞的遗传力分别为 0.5787、0.8681、0.7234, 鲜重的父系半同胞、母系全同胞及其全同胞的遗传力分别为 0.6706、0.8774、0.7740。从存活性状上看, 父系半同胞遗传力为 0.1900—0.4064, 母系全同胞遗传力为 0.2556—0.5520, 全同胞遗传力为 0.2748—0.3957。产量是

表 5 杂种不同时期表型变量组分的方差分析
Tab.5 Variance analysis on components of phenotypic variation of hybrids in different stages

项目		变异来源(SV)							
		雄亲间			雄内雌亲间			后裔间	
		df	MS	F	df	MS	F	df	MS
生长	H_{d15}	14	0.049	79.963*	30	0.032	33.803*	1305	0.002
	H_{d180}	14	0.058	14.577*	30	0.037	14.286*	1305	0.004
	H_{d360}	14	0.090	24.311*	30	0.056	10.573*	1305	0.005
	W_{d360}	14	0.977	44.836*	30	0.575	17.211*	1305	0.049
存活	S_{d15}	14	0.094	8.075*	30	0.073	6.298*	90	0.012
	S_{d180}	14	0.052	6.072*	30	0.029	3.344	90	0.009
	S_{d360}	14	0.042	8.633*	30	0.023	4.687*	90	0.005
产量	Y_{d360}	14	0.097	360.933*	30	0.063	131.584*	90	0.006

df 为自由度, MS 为均方, F 为均方比, *表示组间 F-test 比较差异性极显著($P<0.01$)

表 6 杂种表型变量的各个原因方差组分与全同胞和半同胞协方差之间的关系
Tab.6 Relationships between covariance of full-and half-sibs and causal components of phenotypic variance

类别		方差组分计算结果				
		σ_S^2	σ_D^2	σ_e^2	$\sigma_S^2 + \sigma_D^2$	$\sigma_T^2 = \sigma_S^2 + \sigma_D^2 + \sigma_e^2$
生长	H_{d15}	0.005670	0.001000	0.002000	0.001567	0.003567
	H_{d180}	0.007000	0.001100	0.004000	0.001800	0.005800
	H_{d360}	0.001133	0.001700	0.005000	0.002833	0.007833
	W_{d360}	0.013400	0.017533	0.049000	0.030933	0.079933
存活	S_{d15}	0.000700	0.002033	0.012000	0.002733	0.014733
	S_{d180}	0.000767	0.000667	0.009000	0.001433	0.010433
	S_{d360}	0.000633	0.000600	0.005000	0.001233	0.006233
产量	Y_{d360}	0.001133	0.001900	0.006000	0.003033	0.009033

表 7 杂种不同时期表型性状遗传方差组分估计的遗传力
Tab.7 Heritability of growth and survival traits in hybrids in different stages

遗传力 估计方法	生长				存活			产量
	H_{d15}	H_{d180}	H_{d360}	W_{d360}	S_{d15}	S_{d180}	S_{d360}	Y_{d360}
父系半同胞	0.6355	0.4828	0.5787	0.6706	0.1900	0.2939	0.4064	0.5018
母系半同胞	1.1215	0.7586	0.8681	0.8774	0.5520	0.2556	0.3850	0.8413
全同胞	0.8785	0.6207	0.7234	0.7740	0.3710	0.2748	0.3957	0.6715

生长与存活共同作用结果, 其父系半同胞、母系全同胞及其全同胞的遗传力分别为 0.5018、0.8413、0.6715。

由于遗传相关需要协方差分析, 作者采用 Excel 对其进行协方差分析, 并计算了表型及遗传相关系数。从其两两性状间生长相关性上看, 幼虫期与稚贝期壳高出现了负向的表型相关及遗传相关; 且稚贝期与繁殖期的壳高及繁殖期壳高与鲜重间出现了积极的表型性状正相关以外, 其它的两两生长性状间均无显著表型相关性; 除了稚贝期与越冬期稚贝出现了负向遗传相关外, 其它时期两两生长性状间均为显著正相关(表 8)。从存活与产量的相关性上看, 无

论是表型性状, 还是遗传性状均出现了积极的正相关, 以遗传相关为主(表 9)。

表 8 杂种不同时期生长性状间的遗传相关和表型相关
Tab.8 Genetic and phenotypic correlations of growth traits for hybrids in different stages

相关	H_{d15}	H_{d180}	H_{d360}	W_{d360}
H_{d15}	—	- 0.007	0.023	0.026
H_{d180}	- 0.015	—	0.073*	0.002
H_{d360}	0.902*	0.975*	—	0.753*
W_{d360}	0.937*	0.945*	0.992*	—

星号*表示相关性显著。对角线右上方表示表型相关, 对角线左下方表示遗传相关

表 9 杂种不同时期存活及产量间的遗传相关和表型相关
Tab.9 Genetic and phenotypic correlations of survival and yield traits for hybrids in different stages

相关	S_{d15}	S_{d180}	S_{d360}	Y_{d360}
S_{d15}	—	0.266*	0.222*	0.192*
S_{d180}	0.817*	—	0.846*	0.884*
S_{d360}	0.856*	0.923*	—	0.781*
Y_{d360}	0.914*	0.937*	0.986*	—

星号*表示相关性显著。对角线右上方表示表型相关, 对角线左下方表示遗传相关

3 讨论

3.1 遗传力

在牡蛎育种中, Ernande 等(2003)利用 24 个全同胞家系系统地分析了长牡蛎幼体生长、存活、变态及稚贝生长、存活的狭义和广义遗传力。目前资料显示, 长牡蛎幼虫生长性状狭义遗传力范围在 0.14—0.40 (王庆志等, 2009); 养成期生长性状狭义遗传力为 0.15—0.46 (Lannan, 1972, 王庆志等, 2012); 养成期产量的现实遗传力为 0.42 (Langdon *et al.*, 2003)。香港牡蛎浮游幼虫的生长性状狭义遗传力为 0.21—0.88; 稚贝生长性状狭义遗传力为 0.23—0.35; 中间育成期生长性状的狭义遗传力为 0.18—0.34 (肖述, 2010)。对于生长性状而言, 长牡蛎均在 0.2—0.5 范围内, 而香港牡蛎在 0.2—0.9 范围内。本文中, 杂种生长性状(壳高、鲜重)的狭义遗传力为 0.48—0.67, 较长牡蛎偏高, 介于香港牡蛎范围内。作者发现, 幼虫的生长性状遗传力较高, 且稚贝及其养成期相对较低, 这一点与香港牡蛎比较相似, 可能主要是幼虫受母本效应影响较大所致。

对存活性状而言, 由于存活率受环境影响较大, 估计这方面的报道不多, Dégremont 等(2007)利用 17 个全同胞及 43 个半同胞家系估计长牡蛎 6—8 月龄存活率狭义遗传力为 0.47—1.08, 广义遗传力为 0.07—0.38; Evans 等(2006)利用 34 个全同胞家系在 4 个不同养殖环境下得到 192 日龄、370 日龄和 664 日龄存活率的广义遗传力分别为 0.36—0.71。本文中, 存活性状狭义遗传力为 0.19—0.41, 相对其他学者对长牡蛎的估计而言, 相对较低, 这种原因主要是由于杂交子抗逆性较强, 存活率相对较高, 家系间彼此间方差差异较小造成的。

一般认为, 基于全同胞资料估计的遗传力, 由于包含显性效应和母性效应, 较真实值偏大。本研究采用巢式设计和父系半同胞相关分析法, 克服了用全同胞资料估计遗传力的缺点, 采用随机抽样, 代表性

强, 因此可以认为父系半同胞组内相关法估计的遗传力是长牡蛎各测量生长性状遗传力的无偏估计值, 且用雄性亲本遗传方差组分估计的遗传力准确可靠(刘小林等, 2003; 栾生等, 2006)。无论是生长性状还是存活性状, 其狭义遗传力的表达与杂种优势有一定关系, 但是相关性不大。这一点与吴仲贤(2003)提出的杂种遗传力略显不同, 因为杂种遗传力是一个理论值, 但是实践中往往达不到理论期望。如生长性状遗传力相对较高, 但实际中的生长性状为杂种劣势, 即出现远交衰退现象; 实际上杂交子抗逆性比较强, 可以抵御寒冬、抗高温, 存活能力非常强, 表现出积极的存活杂种优势, 但是存活性状的遗传力相对较低, 作者的研究结果可以引入杂种遗传力概念, 但不能用它的理论来解释远缘杂交中的实际问题。

3.2 相关性

在选择育种实践中, 有些性状可通过直接选择获得较满意的效果, 而对有些性状不能通过直接选择获得理想结果, 则可通过与其相关性较高性状的选择达到间接选育的目的(肖述等, 2008)。通常观察到的是性状间的表型相关, 它包括遗传相关和环境相关两部分, 性状间遗传相关越大, 间接选育的效果就越好, 但不同环境条件和不同发育时期的同一性状的遗传相关可能存在较大差异。通过协方差分析来度量性状间相互关联的变异程度, 是数量遗传学研究的一项重要内容, 也是选择育种过程中的一项基本工作(王庆志等, 2009, 2012)。

由基因连锁和基因的多效性引起的遗传相关, 使生物体不同的性状间存在不同程度的相关性。本文中, 对于生长性状而言, 幼虫期与稚贝期的表型相关及遗传相关均为负相关, 其相关性较差, 而其它两两生长性状间均表现出正相关, 大多数均为显著正相关。Ernande 等(2003)报道了长牡蛎相同生长时期的不同性状存在连续的相关性, 发现变态时期和稚贝时期性状显著相关, 但幼体时期和稚贝时期性状的相关性较差, 即出现了幼虫与稚贝间的负相关现象, 这一点本文与其研究结果一致。至于存活性状与产量, 幼虫、稚贝及幼贝繁殖期间存活率及产量均为正相关, 其中, 以遗传相关为主。肖述(2010)对香港牡蛎生长性状遗传相关、表型相关及环境相关分析中发现, 三者间均为正相关, 在不同阶段, 以不同的相关性为主。王庆志等(2009)对长牡蛎遗传相关及表型相关的估计中, 也发现生长性状间具有正相关作用。

遗传参数及其遗传相关的估计, 有助于进一步

了解种间杂种优势与其相关遗传力、配合力等参数的相互关系。如果按照吴仲贤(2003)提出的杂种遗传力理论进行估算的话,本文中应该得到较低的生长性状遗传力,较高水平的存活性状遗传力,但事实并非如此,说明杂种优势的评估仍然任重道远。为了查清杂种优势产生根源,今后应进一步研究远缘杂种优势变化规律及发生机理。

致谢 本文得到了西北农林科技大学刘小林教授指导,并得到了大连海洋大学霍忠明博士、姚托博士、苏家齐博士等在幼虫培养、稚贝育成、幼贝养成时期的帮助,谨致谢忱。

参 考 文 献

- 王庆志,李琪,刘士凯等,2009.长牡蛎幼体生长性状的遗传力及遗传相关分析.中国水产科学,16(5):736—743
- 王庆志,李琪,刘士凯等,2012.长牡蛎成体生长性状的遗传参数估计.中国水产科学,19(4):700—706
- 刘小林,常亚青,相建海等,2003.虾夷马粪海胆早期生长发育的遗传力估计.中国水产科学,10(3):206—211
- 闫喜武,张跃环,霍忠明等,2010.不同地理群体菲律宾蛤仔的选择反应及现实遗传力.水产学报,34(5):705—710
- 孙长森,林志华,董迎辉等,2010.泥蚶(*Tegillarca granosa*)主要经济性状遗传参数的估算.海洋与湖沼,41(6):907—913
- 肖述,2010.香港巨牡蛎数量遗传学及选择育种研究.广州:中国科学院南海海洋研究所博士学位论文,28—54
- 肖述,喻子牛,2008.养殖牡蛎的选择育种研究与实践.水产学报,32(2):287—295
- 吴仲贤,2003.杂种优势的遗传力理论及其对全球农业的意义.遗传学报,30(3):197—200
- 张跃环,2012.香港巨牡蛎与长牡蛎种间杂交效应及遗传改良研究.青岛:中国海洋大学博士学位论文,122—130
- 张跃环,王昭萍,闫喜武等,2012.香港巨牡蛎与长牡蛎种间杂交及其早期杂种优势分析.水产学报,36(9):1358—1366
- 栾生,孙慧玲,孔杰,2006.刺参耳状幼体体长遗传力的估计.中国水产科学,13(3):378—383
- 盛志廉,陈瑶生,1999.数量遗传学.北京:科学出版社,42—108
- 霍忠明,闫喜武,张跃环等,2010.菲律宾蛤仔(*Ruditapes philippinarum*)大连群体家系建立及生长比较.海洋与湖沼,41(3):334—340
- Dégremont L, Ernande B, Bédier E *et al*, 2007. Summer mortality of hatchery produced Pacific oyster spat (*Crassostrea gigas*). I. Estimation of genetic parameters for survival and growth. Aquaculture, 262(1): 41—53
- Deng Y W, Fu S, Du X D, 2009. Realized heritability and genetic gain estimates of larval shell length in the Chinese Pearl Oyster *Pinctada martensii* at three different salinities. North American Journal of Aquaculture, 71(4): 302—306
- Ernande B, Clobert J, McCombie H *et al*, 2003. Genetic polymorphism and trade-offs in the early life-history strategy of the Pacific oyster, *Crassostrea gigas* (Thunberg, 1795): a quantitative genetic study. Journal of Evolutionary Biology, 16(3): 399—414
- Evans S, Langdon C, 2006. Effects of genotype × environment interactions on the selection of broad adapted pacific oyster *Crassostrea gigas*. Aquaculture, 261(2): 522—534
- Krivaneck A F, Famula T R, Tenschler A *et al*, 2005. Inheritance of resistance to *Xylella fastidiosa* within a *Vitis rupestris* × *Vitis arizonica* hybrid population. Theoretical and Applied Genetics, 111(1): 110—119
- Langdon C, Evans F, Jacobson D *et al*, 2003. Yields of cultured Pacific oysters *Crassostrea gigas* Thunberg improved after one generation of selection. Aquaculture, 220(1—4): 227—244
- Lannan J E, 1972. Estimating heritability and predicting response to selection for the Pacific oyster, *Crassostrea gigas*. Proc Natl Shellfish Ass, 62: 62—66
- Li Q, Wang Q Z, Liu S K *et al*, 2011. Selection response and realized heritability for growth in three stocks of the Pacific oyster *Crassostrea gigas*. Fisheries Science, 77(4): 643—648
- Wang Q H, Deng Y W, Du X D, 2011. Realized heritability and genetic gains of three generation for superior growth in the pearl oyster *Pinctada martensii*. Acta Ecologica Sinica, 31(2): 108—111
- Zheng H P, Zhang G F, Liu X *et al*, 2004. Different responses to selection in two stocks of the bay scallop, *Argopecten irradians* Lamarck (1819). Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 313(2): 213—223
- Zheng H P, Zhang G F, Liu X *et al*, 2006. Sustained response to selection in an introduced population of the hermaphroditic bay scallop *Argopecten irradians irradians* Lamarck (1819). Aquaculture, 255(1—4): 579—585

EVALUATION ON CROSS-HERITABILITY OF INTERSPECIFIC HYBRIDS BETWEEN FEMALE *CRASSOSTREA HONGKONGENSIS* AND MALE *CRASSOSTREA GIGAS*

ZHANG Yue-Huan¹, WANG Zhao-Ping², YU Zi-Niu¹, YAN Xi-Wu³

(1. Key Laboratory of Tropical Marine Biological Resources and Ecology, South China Sea Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou 510301, China; 2. Key Laboratory of Mariculture Ministry of Education, Fisheries College, Ocean University of China, Qingdao 266003, China; 3. Engineering Research Center of Shellfish Culture and Breeding of Liaoning Province, College of Fisheries and Life Science, Dalian Ocean University, Dalian 116023, China)

Abstract We estimated the heritability and genetic correlations of interspecific hybrids between female *Crassostrea hongkongensis* and male *Crassostrea gigas* by nest 45 hybrid families (3 ♀ : 1 ♂). The results are followed. (1) The growth heritability of paternal half-sibs, maternal-sibs, and full sibs were 0.6355, 1.1215, 0.8785 for larvae, 0.4828, 0.7586, and 0.6207 for spat, 0.5787, 0.8681, and 0.7234 for adult shell height, and 0.6706, 0.8774, and 0.7740 for adult living weight, respectively. (2) The survival heritability of paternal half-sibs, maternal-sibs and full-sibs were 0.1900, 0.5520, and 0.3710 for larvae, 0.2939, 0.2556, and 0.2748 for spat, 0.4064, 0.3850, and 0.3957 for adult, respectively. (3) The yield heritability of paternal half-sibs, maternal-sibs, and full sibs were 0.5018, 0.8413, and 0.6715 for adult on day 360. In growth genetic correlations, no correlation was found between larvae height and adult yield and between spat height and adult yield. However, weak negative correlation was found between larvae and spat, and strong positive correlation between a pair of growth traits. Positive correlation was observed between survival and yield in both genetic and phenotypic aspects. This study may offer a guide for establishing a distant hybridization breeding strategy in the aquacultural practice.

Key words *Crassostrea hongkongensis*; *Crassostrea gigas*; phenotypic traits; cross-heritability