

基于微卫星分析的长丰鲢种质资源遗传监测

罗相忠 覃维敏 梁宏伟 沙航 邹桂伟

GENETIC MONITORING OF CHANGFENG SILVER CARP BASE ON MICROSATELLITE

LUO Xiang-Zhong, QIN Wei-Min, LIANG Hong-Wei, SHA Hang, ZOU Gui-Wei

在线阅读 View online: https://doi.org/10.7541/2021.2021.033

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

华南鲤选育群体不同世代遗传多样性与遗传结构的微卫星分析

GENETIC DIVERSITY AND GENETIC STRUCTURE ANALYSIS OF DIFFERENT SELECTIVE BREEDING GENERATIONS IN CYPRINUS CARPIO RUBROFUSCUS USING MICROSATELLITE MARKERS

水生生物学报. 2018, 42(5): 887-895 https://doi.org/10.7541/2018.109

青鱼野生与养殖群体遗传变异的微卫星分析

MICROSATELLITE ANALYSIS OF GENETIC VARIATION OF WILD AND CULTURAL POPULATIONS IN BLACK CARP MYLOPHARYNGODON PICEUS

水生生物学报. 2019, 43(5): 939-944 https://doi.org/10.7541/2019.111

基于G-SSR和EST-SSR标记的鲫6个群体遗传结构分析

GENETIC DIVERSITY AND STRUCTURE OF CRUCIAN CARP (*CARASSIUS AURATUS*) BASED ON G–SSR AND EST–SSR MARKERS

水生生物学报. 2018, 42(3): 451-462 https://doi.org/10.7541/2018.057

飘鱼微卫星位点的筛选及珠江流域5个地理群体的遗传多样性分析

MICROSATELLITE PRIMERS SCREENING AND GENETIC DIVERSITY ANALYSIS OF FIVE GEOGRAPHICAL POPULATIONS OF *PSEUDOLAUBUCA SINENSIS* IN THE PEARL RIVER BASIN

水生生物学报. 2020, 44(3): 501-508 https://doi.org/10.7541/2020.061

五个罗氏沼虾群体遗传多样性的微卫星分析

GENETIC DIVERSITY ANALYSIS OF FIVE POPULATIONS OF *MACROBRACHIUM ROSENBERGII* USING MICROSATELLITE MARKERS

水生生物学报. 2020, 44(6): 1208-1214 https://doi.org/10.7541/2020.140

西昌华吸鳅的微卫星引物筛选及赤水河四个地理种群的遗传多样性分析

ISOLATION OF MICROSATELLITE LOCI AND GENETIC DIVERSITY ANALYSIS OF SINOGASTROMYZON SICHANGENSIS 水生生物学报. 2019, 43(6): 1224-1230 https://doi.org/10.7541/2019.145



doi: 10.7541/2021.2021.033

基于微卫星分析的长丰鲢种质资源遗传监测

罗相忠 覃维敏 梁宏伟 沙 航 邹桂伟

(中国水产科学研究院长江水产研究所, 武汉 430223)

摘要:长丰鲢(CF)为我国人工培育的鱼类新品种,自推广应用以来取得了良好的效果。开展长丰鲢种质资源 遗传监测,对其优良性状保持具重要作用。研究采用18对微卫星引物分析了鲢(L)和长丰鲢世代间(CF₁、 CF₂和CF₃)的遗传多样性和遗传结构。结果表明:鲢遗传多样性指数高于长丰鲢,遗传多样性也较长丰鲢丰 富。而长丰鲢子代间CF₁到CF₃平均等位基因数(N_a)从5.7222下降到5.0556;平均有效等位基因数(N_e)从 3.2551下降到3.1461;平均观测杂合度(H_o)从0.6975下降到0.5407;平均期望杂合度(H_e)从0.6422下降到0.6235; 多态信息含量(*PIC*)从0.5784下降到0.5609。CF₁到CF₃的遗传参数是逐渐下降,遗传多样性逐渐降低,但群体 间遗传多样性仍较高。长丰鲢子代间F_{st}在0.0160—0.0315,表明其群体已出现了遗传分化,但分化程度较低。 长丰鲢各世代间遗传距离逐渐增加,遗传相似度逐渐减小。研究表明经过连续3代利用,长丰鲢CF₁到CF₃的 遗传结构发生了改变,遗传多样性呈下降趋势,但遗传多样性水平仍较高。研究结果为长丰鲢进一步优良性 状的维持提供了依据。

关键词:遗传多样性;种质遗传监测;遗传结构;微卫星;鲢;长丰鲢
中图分类号:Q346⁺.5 文献标识码:A 文章编号:1000-3207(2022)05-0725-10



鲢(Hypophthalmichthys molitrix)是我国重要的 特有经济鱼类,具食物链短、易饲养、成本低、调 节水质等特性和功效。其以水体中浮游植物为主 要饵料,属滤食性鱼类,为典型的碳汇渔业养殖对 象^[1]。鲢的营养价值较高,必需氨基酸含量均略高 于鲤(Cvprinus carpio); 二十碳五烯酸(EPA)和二十 二碳六烯酸(DHA)的含量高于鳙(Aristichthys nobilis);一直深受广大养殖户和消费者所青睐。鲢在 大部分池塘、湖泊和水库中均有养殖或增殖,是淡 水养殖的当家品种之一。我国鲢养殖产量仅次于草 鱼(Ctenopharyngodon idellus), 位居淡水养殖种类 的第二位^[2]。长丰鲢(Changfeng silver carp)(CF)是 中国水产科学研究院长江水产研究所选育而成的 链新品种(证书: GS-01-001-2010), 也是我国"四大 家鱼"的第一个人工培育新品种,具有生长快、遗 传纯合度高、出肉率高和较耐低氧等优良特点,其 推广应用提高了我国鲢的良种覆盖率^[3]。

长丰鲢自通过审定,已连续繁育了3代,即长丰 鲢子一代(CF1)、长丰鲢子二代(CF2)和长丰鲢子三 代(CF₃)。其大多数亲本均由长丰鲢良种场和繁育 基地连续繁育,就此系统开展长丰鲢种质资源遗传 监测和评估,对其优良性状的保持具有重要意义。 微卫星(SSR)因其稳定性高、多态性丰富、共显性 遗传、位点分布广及分析成本低等特点被广泛应 用于水产种质资源的遗传监测。唐首杰等^[4]通过微 卫星对团头鲂(Megalobrama amblvcephala)3个选育 群体进行的遗传纯度检测,为纯化育种群体和监测 种质质量提供了理论依据。李耀国等^[5]采用微卫星 对三亚海域卵形鲳鲹(Trachinotus ovatus)的养殖群 体与野生群体进行了遗传多态性分析,及基因型与 性状的关联分析,证实野生群体遗传多样性较养殖 群体高; 微卫星位点中存在全长、体宽、体高和体 质量的优势基因型。王丰等⁶⁰用12个微卫星标记对 长江4个野生青鱼(Mylopharyngodon piceus)群体和

收稿日期: 2021-03-03;修订日期: 2022-01-21

基金项目: 国家现代农业产业技术体系项目(CARS-45); 中国水产科学研究院基本科研业务费(2020TD33); 国家淡水水产种质资源库 (FGRC: 18537)资助 [Supported by China Agriculture Research System of MOF and MARA(CARS-45); Central Public-interest Scientific Institution Basal Research Fund CAFS (2020TD33); National Freshwater Genetic Resource Center (FGRC: 18537)]

作者简介:罗相忠(1965—), 男, 副研究员; 研究方向为水产动物遗传育种。E-mail: lxz@yfi.ac.cn

通信作者: 邹桂伟(1963—), 男, 研究员; 研究方向为水产动物遗传育种。E-mail: zougw@yfi.ac.cn

1个养殖群体进行了遗传多样性和结构分析,5个群体均具有较高遗传多样性,其中4个野生群体之间遗传距离较近,且均与养殖群体之间遗传距离较远。此外,还有对大口黑鲈(Micropterus salmoides)^[7]、唇螖(Hemibarbus labeo)^[8]、大泷六线鱼(Hexagrammos otakii)^[9]、团头鲂^[10]、鲤^[11]和大菱鲆(Scophthalmus maximus)^[12]等选育群体遗传监测的研究报 道,为评估相关选育群体的育种潜力和培育新品种 (系)提供了支撑。本研究旨在利用微卫星标记分析 长丰鲢连续不同世代群体的遗传多样性与遗传结 构,为其优良性状延续保持技术的建立与品种的持 续升级换代提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

CF₁亲本群体采集于河南省南阳市宛城区白河 桥渔场长丰鲢良种繁育基地,共采集21尾;而CF₂、 CF₃和L群体采集于湖北省浠水县长丰鲢良种场,分 别采集30尾。采集样本置于95%的乙醇中固定, -20℃冰箱中保存备用。样本基本信息见表 1。

1.2 DNA提取

采用高盐法进行样本基因组DNA提取,经 1%琼脂糖凝胶电泳检测后,用无菌双蒸水调整浓 度为50 ng/μL,-20℃保存备用。

1.3 微卫星引物

采用本团队自主开发的18对鲢微卫星引物进 行分析,荧光引物由武汉天一辉远生物公司合成, 引物序列及退火温度如表 2所示。

1.4 PCR扩增

PCR反应体系为20 μL, 其中模板DNA 1 μL (50 ng), 上下游引物各0.5 μL, PCR mix 18 μL; PCR扩增程

表1 长丰鲢各龄体长及体质量组成

Tab. 1 Body length and body mass in each age group of Changfeng silver carp

年龄	LI E.I	数量 (尾) Number (Tail)	体 Body len	长 gth (cm)	体 Body v	体质量 Body weight (kg)		
(龄) Age	性别 Sex		范围 Range	均值 Mean value	范围 Range	均值Mean value		
2	Q	11	33.00—	35.26±	0.65—	0.81±		
-	+		37.00	1.09	0.91	0.07		
2	Z	10	34.50—	35.66±	0.75—	$0.84 \pm$		
2	2 0	10	37.00	0.90	0.93	0.06		
2	0	15	47.40—	50.78±	2.20—	2.83±		
3	¥	15	56.00	2.96	3.70	0.47		
2	7	15	52.30—	$54.40 \pm$	2.10—	2.68±		
3	O I	15	55.50	1.30	3.50	0.48		
4	\cap	15	60.70—	65.74±	4.50-	5.84±		
4	¥	15	69.00	3.20	6.60	0.62		
4	2	15	67.00—	$68.26 \pm$	5.40—	5.67±		
4	0	13	69.50	0.89	5.85	0.12		

序为: 94℃预变性3min; 94℃变性30s, 退火(44—60℃)30s, 72℃延伸30s, 30个循环; 72℃延伸5min; 4℃保存。

1.5 数据处理

采用荧光引物对4个群体样本进行扩增,其产物经1.5%琼脂糖凝胶电泳检测后进行毛细管电泳; 采用Popgene1.3.1软件分析等位基因数(N_a)、有效 等位基因数(N_e)、期望杂合度(H_e)和观测杂合度 (H_o)及子代间的遗传相似性系数、遗传距离等遗传 参数;利用Cervus 3.0软件计算多态信息含量(Polymorphism information content, *PIC*);近交系数 (F_{is})和群体间的遗传分化指数(F_{st})及哈代-温伯格 平衡由Arlequin 3.1.1分析软件统计获得;群体间聚 类分析图采用MEGA 5.0软件中UPGMA方法构建。

2 结果

2.1 鲢与长丰鲢各子代的遗传多样性分析

18个鲢微卫星位点在L、CF₁、CF₂和CF₃群体 中检测到等位基因数分别为130、103、93和91个 (表 3)。L、CF₁、CF₂和CF₃的平均等位基因数 (N_a)分别为7.2222、5.7222、5.1667和5.0556,平均 有效等位基因数(N_e)分别为4.3122、3.2551、3.2274 和3.1461(表 3);鲢平均等位基因数和平均有效等位 基因数均比长丰鲢后代高,其在长丰鲢后代中呈逐 代下降趋势。各微卫星位点N_a和N_e见表 3,在鲢 L群体中N_a和N_e最高的是位点BL5;在长丰鲢子一 代(CF₁)群体中N_a和N_e最高的分别是位点BL109和 位点BL5;在长丰鲢子二代(CF₂)群体中N_a最高的是 位点BL5;在长丰鲢子二代(CF₂)群体中N_a最高的是位点BL5;在 长丰鲢子三代(CF₃)群体中N_a最高的是位点BL5、

2.2 群体的杂合度

鲢观测杂合度为0.2667—1.0000,平均观测杂 合度为0.7190,期望杂合度为0.2350—0.8994,平均 期望杂合度为0.7260;长丰鲢子一代(CF₁)平均观测 杂合度为0.6975,平均期望杂合度为0.6422;长丰鲢 子二代(CF₂)平均观测杂合度为0.6111,平均期望杂 合度为0.6353;长丰鲢子三代(CF₃)平均观测杂合度 为0.5407,平均期望杂合度为0.6235(表 3)。4个群 体中平均观测杂合度和期望杂合度: 鲢>长丰鲢 子一代>长丰鲢子二代>长丰鲢子三代;鲢杂合度 较长丰鲢高,不同群体在同一位点杂合度也有所不 同,同一位点在同一种群中观测杂合度和期望杂合 度相差较大,如位点S92和位点H121;可能是该位 点上的无效等位基因所致;若无效等位基因不被识

表 2 鲢卫星分子标记及其引物序列

Tab. 2 Microsatellite markers and their primers sequences in silver carp

台占	重复序列	己物应利	退火温度	片段大小
业点 Locus	Repeat	Primer sequence	temperature	range
11101	sequence		(°C)	(bp)
HI2I	(AC)13	CCAAAC	50	150—200
		AATTCAACTCTGCC		
H129	(TA)7(T	TGGGGTGTCCTAAC	48	93—150
	G)14	TTTTTCA		
		CATTTG		
S65	(TG)10	TGAACTGGATCAGA	50	100—200
		GCAAACTGCAAAA		
67 0		ATGATTCTG	(0)	200 400
878	(TGC)6	CAGTATC	60	300—400
		ACTTCACGTGATCT		
S92	(CA)8	AACACAACGATCC	50	100—200
		AACAGAGAAT		
		TTCCTTGTC		
S162	(CAA)5	GCTCGACTTGTGCC	50	100—200
		AAAATGACAATGTT		
DI 6	(TC) 27	TGGTCTTGG	50	200 500
BLJ	(10)27	CTCTGA	32	300—300
		CCCTCCACCATACT		
BL52	(TG)12	CAGAATCCAGAGC	54	150—300
		CGTCAG		
		ACCAA		
BL55	(GT)14	AAGGAAAGTTGGC	52	100—200
		GGCTCTGAGGGAG		
BI 56	(GT)16	ATACCAC	54	200 400
BL50	(01)10	CAGC	54	200 400
		AAGAAGCATTAGT		
BL58	(GT)9	TTCCTGCCTGTGCT	52	100—200
		CCAT TTGCATTGATGCTG		
		TCCC		
BL62	(TG)11	ATATTAACATCTGC CGAAGC	52	150—300
		ACAACCAGCAGTCT		
BL82	(GA)12	GAAGC GTTGCTGCTTTATC	51	150-300
	(TG)	TTTGGA		
	411(1G) 4	GGCTTG		
BL101	(AC)10A	CCATCAGACAGCCA	54	300—400
	/	TGAAGGCAAGGTC		
DI 107 2	(10)14	AAGGTTTT	5.4	200 200
BL106-2	(AC)14	CTGGACACG	54	200—300
		CACTCCTCTTCCCT		
BL109	(TG)21	GTGTCCTGGATTCT	54	200—300
		AGCCG		
		CCTGAACA		
BL116	(CT)15	GCGGGGATGAGTTTG AAGAA	53	150—300
		TATGGACTGGACTG		
		CIGGAI		

别,PCR扩增时会导致纯合子过剩或杂合子缺失, 从而导致H_a和H_a出现偏差。

2.3 多态信息含量(PIC)

4个群体多态信息含量(PIC)为0.0320—0.8730 (表 3), 鲢的平均多态信息含量(PIC)高于长丰鲢三 个子代, 而长丰鲢各子代间平均PIC呈现逐代下降 趋势。4个群体多态信息含量由高到低依次为: 鲢 (0.6748)>长丰鲢子一代(0.5784)>长丰鲢子二代 (0.5730)>长丰鲢子三代(0.5609); 鲢群体中PIC最 高位点是BL109, 长丰鲢各子代群体中PIC最高位 点都是BL5。

2.4 Hardy-Weinberg平衡分析

如表 4所示, 位点H121和BL55的d值在4个群体 中均为负值, 表明4个群体在这2个基因位点上可能 存在杂合子缺失。在鲢群体中有8个位点的d值为 负数, 而在长丰鲢子一代、子二代和子三代中d值 为负数的位点数量分别为5、11和13个。4个群体 平均d值分别为0.0044、0.0681、-0.0345、-0.1178, 其中鲢和长丰鲢子一代的d值为正数, 长丰鲢子二 代与子三代2个群体的d值为负数。这说明后 2 个 群体都可能存在杂合子缺失情况, 且长丰鲢子三代 杂合子缺失最为严重。如表 3 所示, 位点H121、 H129和S78在4个群体中都偏离了Hardy-Weinberg平衡状态(P<0.05)。4个群体平均Hardy-Weinberg平衡状态(P<0.05, 4个群体都处于Hardy-Weinberg平衡状态。

2.5 固定指数

鲢与长丰鲢子一代、子二代和子三代平均近 交系数 F_{is} 分别为-0.057、-0.0017和0.0372(表 5); 鲢与长丰鲢后代间遗传分化系数 F_{st} 分别为0.0319、 0.0301和0.0352(表 6); 4个群体间 F_{st} 最大的是鲢与 长丰鲢子三代,为3.52%(表 6)。在长丰鲢后代中, CF₁与CF₂间遗传分化指数值0.0164, CF₁与CF₃间遗 传分化指数值0.0286, CF₂与CF₃间遗传分化指数值 0.0176; 其中CF₁与CF₂间遗传分化指数最小,其遗 传变异主要是来自个体之间; 鲢与长丰鲢后代之间 遗传分化指数值(F_{st})较高, 而长丰鲢各后代之间遗 传分化很低。

长丰鲢子代群体有一定程度观测杂合度过剩 现象,子一代、二代和三代群体杂合子过剩位点数 分别为13、7和6个;鲢群体中近交系数F_{is}最高位点 是H121(0.5200;表7),该位点在群体内遗传变异程 度低,遗传多样性也低;4个群体微卫星位点中 BL55遗传分化(F_{st})值最大(0.0642), BL116值最小 (0.0178);平均值为0.0406;遗传分化程度较弱的位

Tab. 3	Tab. 3 Genetic diversity of four populations of silver carp and Changfeng silver carp based on 18 polymorphic microsatellite loci							
位点 Locus	群体 Populaiton	等位基因数 $N_{\rm a}$	有效等位基因数 N _e	观测杂合度 <i>H</i> 。	期望杂合度 <i>H</i> e	多态信息含量 PIC	遗传偏离指数 P _{HW}	
H111	L	7	2.8557	0.5517	0.6612	1.2921	-0.1656	
	CF_1	4	3.4335	0.6500	0.7269	1.3034	-0.1058	
	CF_2	4	2.0962	0.5625	0.5312	0.9858	0.0589	
	CF ₃	4	2.3047	0.5000	0.5757	1.0696	-0.1315	
H121	L	4	3.2727	0.3333	0.7062	1.2702	-0.5280***	
	CF_1	3	1.7890	0.2381	0.4518	0.7027	-0.4730*	
	CF_2	2	1.7534	0.1250	0.4365	0.6211	-0.7136***	
	CF ₃	2	1.6000	0.2333	0.3814	0.5623	-0.3883*	
H129	L	6	3.1250	0.8667	0.6915	1.3541	0.2534***	
	CF_1	5	2.5200	0.3810	0.6179	1.1754	-0.3834***	
	CF_2	5	2.6912	0.5938	0.6384	1.2200	-0.0699***	
	CF ₃	5	2.5175	0.2333	0.6130	1.1880	-0.6194***	
S65	L	9	5.0420	0.8333	0.8153	1.8926	0.0221	
	CF_1	6	3.8095	1.0000	0.7564	1.4863	0.3221**	
	CF_2	7	4.4814	0.5938	0.7892	1.6346	-0.2476**	
	CF ₃	6	3.7815	0.5333	0.7480	1.5442	-0.2870**	
S78	L	8	5.1576	1.0000	0.8198	1.7772	0.2198*	
	CF_1	7	3.6598	1.0000	0.7445	1.5330	0.3432*	
	CF_2	6	3.6835	0.9375	0.7401	1.4485	0.2667*	
	CF ₃	6	3.3520	0.9667	0.7136	1.4170	0.3547*	
S92	L	5	2.4259	0.9667	0.5977	1.0332	0.6174***	
	CF_1	4	2.9109	0.8571	0.6725	1.1475	0.2745	
	CF_2	3	2.3897	0.9688	0.5908	0.9514	0.6398***	
	CF ₃	3	2.3226	1.0000	0.5791	0.9184	0.7268***	
S162	L	2	1.3006	0.2667	0.2350	0.3927	0.1349	
	CF_1	2	1.0488	0.0476	0.0476	0.1125	0.0000	
	CF_2	2	1.1683	0.1562	0.1463	0.2742	0.0677	
	CF ₃	2	1.0339	0.0333	0.0333	0.0848	0.0000	
BL5	L	13	8.5308	0.9000	0.8977	2.2915	0.0026	
	CF_1	11	6.7328	0.9524	0.8722	2.1379	0.0920	
	CF ₂	11	6.8040	0.9062	0.8666	2.1148	0.0457	
	CF ₃	10	6.9231	0.5333	0.8701	2.0618	-0.3871	
BL52	L	6	3.1915	0.6667	0.6983	1.3975	-0.0453	
	CF_1	5	2.1832	0.7143	0.5552	1.0700	0.2866	
	CF ₂	4	1.9636	0.6875	0.4985	0.8220	0.3791*	
	CF ₃	3	1.9481	0.6000	0.4949	0.7689	0.2124	
BL55	L	11	6.2937	0.7667	0.8554	2.0284	-0.1037***	
	CF_1	9	4.5231	0.6667	0.7979	1.7688	-0.1644	
	CF ₂	7	4.9113	0.5625	0.8090	1.7173	-0.3047*	
	CF ₃	10	5.2023	0.5333	0.8215	1.9009	-0.3508***	
BL56	L	7	4.9046	0.7333	0.8096	1.7087	-0.0942	
	CF_1	6	2.8544	0.8571	0.6655	1.3127	0.2879	
	CF ₂	5	2.5957	0.4375	0.6245	1.1850	-0.2994*	
	CF ₃	4	2.3529	0.3000	0.5847	1.0691	-0.4869***	

表 3 18个位点在鲢和长丰鲢4个群体中的遗传多样性

							续表3
位点 Locus	群体 Populaiton	等位基因数 $N_{\rm a}$	有效等位基因数 N _e	观测杂合度 <i>H</i> o	期望杂合度 <i>H</i> e	多态信息含量 PIC	遗传偏离指数 P _{HW}
BL58	L	8	4.0541	0.8000	0.7661	1.6651	0.0443
	CF_1	4	2.0512	0.4762	0.5250	0.9124	-0.093
	CF_2	3	2.1245	0.5000	0.5377	0.8100	-0.0701
	CF ₃	3	2.1251	0.5667	0.5384	0.8139	0.0526
BL62	L	6	3.2967	0.7333	0.7085	1.4305	0.0350
	CF_1	6	3.2910	0.8571	0.7131	1.3570	0.2019
	CF_2	7	3.5556	0.7188	0.7302	1.5372	-0.0156
	CF ₃	5	3.2907	0.6000	0.7079	1.3472	-0.1524
BL82	L	6	3.8544	0.8333	0.7531	1.5263	0.1065*
	CF_1	4	2.5491	0.6667	0.6225	1.0789	0.0710*
	CF_2	3	2.6089	0.6562	0.6265	1.0281	0.0474*
	CF ₃	4	3.0252	0.4667	0.6808	1.1533	-0.3145
BL101	L	7	2.6572	0.6897	0.6346	1.2132	0.0868
	CF_1	4	2.4033	0.7143	0.5981	0.9939	0.1943
	CF_2	3	2.7234	0.5312	0.6429	1.0434	-0.1737
	CF ₃	4	3.1304	0.5000	0.6921	1.1975	-0.2776
BL106-2	L	8	6.0811	0.8000	0.8497	1.8993	-0.0585
	CF_1	8	4.8462	0.9524	0.8130	1.7261	0.1715
	CF_2	7	5.0819	0.7500	0.8160	1.7506	-0.0809
	CF ₃	7	4.0000	0.7333	0.7627	1.5389	-0.0385
BL109	L	12	8.6538	0.6333	0.8994	2.2844	-0.2959***
	CF_1	12	5.9195	0.9524	0.8513	2.0372	0.1188
	CF_2	11	5.0319	0.7812	0.8140	1.9019	-0.0403***
	CF ₃	10	5.2632	0.8000	0.8237	1.8420	-0.0288**
BL116	L	5	2.9221	0.5667	0.6689	1.2323	-0.1528
	CF_1	3	2.0656	0.5714	0.5285	0.7819	0.0812
	CF_2	3	2.4294	0.5312	0.5977	0.9806	-0.1113
	CF ₃	3	2.4557	0.6000	0.6028	0.9923	-0.0046

注: L. 鲢; CF₁. 长丰鲢子一代; CF₂. 长丰鲢子二代; CF₃. 长丰鲢子三代; * 数值间差异显著(P<0.05); ** 数值间差异显著(P<0.01); *** 数值间差异显著(P<0.001); 下同

Note: L. silver carp; CF_1 . the first generation of Changfeng silver carp; CF_2 . the second generation of Changfeng silver carp; CF_3 . the third generation of Changfeng silver carp. * indicate significant difference with P < 0.05; ** indicate significant difference with P < 0.01; *** indicate significant difference with P < 0.001. The same applies below

点有13个,中等的位点5个;而在长丰鲢后代中遗 传分化(F_{st})平均值为0.0282,仅BL55遗传分化程度 中等,其他位点都程度较弱,H121和BL56分化程度 最低为0.0039(表7);长丰鲢后代在检测的18个多态 位点上都表现出遗传分化不明显,处于低等水平。

2.6 遗传距离及遗传相似性系数

4个群体间遗传距离为0.0299—0.0934(表 8), 鲢与长丰鲢三个世代遗传距离最远(0.1174),与 CF₂的遗传距离为0.1115,与CF₁的遗传距离为 0.1114,鲢与长丰鲢子一代、子二代和子三代之间 遗传距离逐渐上升;而在长丰鲢子代之间,子一代 与子二代之间遗传距离为0.0392,与子三代之间遗 传距离为0.0951;子二代和子三代遗传距离为 0.0544, 其后代遗传距离有上升趋势; 鲢与长丰鲢 各子代之间遗传相似性系数为0.8892—0.8946, 群 体间遗传相似度较高, 但长丰鲢后代群体间遗传相 似性系数则更高, 其中CF₁与CF₂之间遗传相似度最 高(0.9616), 而CF₁与CF₃相对较低(0.9093)。依据 4个群体间遗传距离值, 采用UPGMA法构建聚类图 (图 1), 长丰鲢CF₁群体最先与CF₂汇成一支, 接着与 CF₃汇成一簇, 最后与鲢聚在一起。

3 讨论

3.1 群体遗传多样性

生物遗传多样性能反映一个种群的进化、演 化历程,是物种长期适应环境和生存的基础。遗传

46 卷

Tab. 4 The <i>d</i> and <i>P</i> value of each locus by Hardy-Weinberg test									
位点	Ι		C	F ₁	Cl	F ₂	C	F ₃	
Locus	d	P-value	d	P-value	d	P-value	d	P-value	
H111	-0.1656	0.4625	-0.1058	0.4663	0.0589	0.8750	-0.1315	0.1296	
H121	-0.5280	0.0002	-0.4730	0.0221	-0.7136	0.0001	-0.3883	0.0478	
H129	0.2534	0.0000	-0.3834	0.0003	-0.0699	0.0000	-0.6194	0.0000	
S65	0.0221	0.2899	0.3221	0.0044	-0.2476	0.0019	-0.2870	0.0015	
S78	0.2198	0.0240	0.3432	0.0194	0.2667	0.0277	0.3547	0.0157	
S92	0.6174	0.0000	0.2745	0.0686	0.6398	0.0000	0.7268	0.0000	
S162	0.1349	1.0000	0.0000	1.0000	0.0677	1.0000	0.0000	1.0000	
BL5	0.0026	0.2866	0.0920	0.7415	0.0457	0.7032	-0.3871	0.0000	
BL52	-0.0453	0.2493	0.2866	0.7198	0.3791	0.0432	0.2124	0.3929	
BL55	-0.1037	0.0000	-0.1644	0.4377	-0.3047	0.0282	-0.3508	0.0000	
BL56	-0.0942	0.3072	0.2879	0.1830	-0.2994	0.0184	-0.4869	0.0004	
BL58	0.0443	0.8536	-0.0930	0.8803	-0.0701	0.5635	0.0526	0.4731	
BL62	0.0350	0.9016	0.2019	0.1932	-0.0156	0.8856	-0.1524	0.1016	
BL82	0.1065	0.0108	0.0710	0.0322	0.0474	0.0302	-0.3145	0.0660	
BL101	0.0868	0.5506	0.1943	0.5647	-0.1737	0.1935	-0.2776	0.1149	
BL106-2	-0.0585	0.2240	0.1715	0.4786	-0.0809	0.0798	-0.0385	0.2237	
BL109	-0.2959	0.0000	0.1188	0.9990	-0.0403	0.0003	-0.0288	0.0023	
BL116	-0.1528	0.4126	0.0812	0.8020	-0.1113	0.6691	-0.0046	0.5119	
Mean	0.0044	0.3096	0.0681	0.4230	-0.0345	0.2844	-0.1178	0.1712	
St.Dev	0.2396	0.3323	0.2349	0.3677	0.2899	0.3759	0.3252	0.2668	

表 4 Hardy-Weinberg平衡检测d值及P值

表 5 鲢、长丰鲢各世代间F_{is}和F_{st}值比较

Tab. 5 Comparison of F_{is} and F_{st} values among different generations of silver carp and Changfeng silver carp

位点	L:	CF ₁	r:	CF ₂	L:	CF ₃	CF_1 :	CF ₂	CFL_1 :	CFL ₃	CF ₂ :	CF ₃
Locus	F _{is}	F _{st}	F _{is}	F _{st}	F _{is}	$F_{\rm st}$	Fis	F _{st}	F _{is}	F _{st}	F _{is}	$F_{\rm st}$
H111	0.1155	0.0257	0.0499	0.0701	0.1350	0.0495	0.0156	0.0359	0.0979	0.0252	0.0244	0.0043
H121	0.4968	0.0534	0.5923	0.0547	0.4701	0.0778	0.5830	0.0007	0.4223	0.0033	0.5547	0.0048
H129	0.0277	0.0580	-0.1162	0.0237	0.1425	0.0727	0.2086	0.0104	0.4906	0.0369	0.3282	0.0392
S65	-0.1911	0.0178	0.0959	0.0283	0.1110	0.0056	-0.0524	0.0104	-0.0409	0.0200	0.2548	0.0362
S78	-0.3047	0.0264	-0.2625	0.0243	-0.3043	0.0209	-0.3314	0.0283	-0.3768	0.0294	-0.3314	0.0096
S92	-0.4658	0.0363	-0.6552	0.0068	-0.6995	0.0041	-0.4749	0.0298	-0.5149	0.0284	-0.7105	0.0012
S162	-0.1322	0.0518	-0.1273	0.0081	-0.1368	0.0566	-0.0700	0.0246	-0.0213	0.0056	-0.0722	0.0279
BL5	-0.0681	0.0336	-0.0406	0.0228	0.1755	0.0344	-0.0904	0.0091	0.1296	0.0527	0.1574	0.0474
BL52	-0.1240	0.0273	-0.1501	0.0477	-0.0795	0.0491	-0.3574	0.0270	-0.2777	0.0350	-0.3173	0.0009
BL55	0.1152	0.0408	0.1883	0.0499	0.2116	0.0324	0.2197	0.0100	0.2437	0.0623	0.3169	0.0647
BL56	-0.1001	0.0391	0.1701	0.0421	0.2464	0.0562	-0.0239	0.0031	0.0551	0.0039	0.3801	0.0017
BL58	-0.0082	0.0310	-0.0135	0.0408	-0.0654	0.0486	0.0629	0.0318	-0.0009	0.0490	-0.0075	0.0023
BL62	-0.1419	0.0209	-0.0259	0.0429	0.0427	0.0211	-0.1138	0.0115	-0.0466	0.0031	0.0679	0.0083
BL82	-0.1125	0.0200	-0.0975	0.0198	0.0780	0.0289	-0.0805	0.0013	0.1126	0.0382	0.1269	0.0284
BL101	-0.1626	0.0035	0.0283	0.0110	0.0878	0.0280	-0.0237	0.0099	0.0397	0.0229	0.2148	0.0083
BL106-2	-0.0756	0.0398	0.0542	0.0226	0.0329	0.0216	-0.0661	0.0142	-0.0920	0.0331	0.0450	0.0156
BL109	0.0757	0.0360	0.1608	0.0169	0.1541	0.0133	-0.0621	0.0223	-0.0678	0.0438	0.0186	0.0161
BL116	0.0303	0.0121	0.1190	0.0090	0.0671	0.0123	0.0014	0.0156	-0.0566	0.0228	0.0423	0.0007
Mean	-0.0570	0.0319	-0.0017	0.0301	0.0372	0.0352	-0.0364	0.0164	0.0053	0.0286	0.0607	0.0176

表 6 鲢、长丰鲢各世代间Fst值(下三角)和Fis值(上三角)

Tab. 6 Comparing pairwise values of $F_{\rm st}$ (below) and $F_{\rm is}$ (above) among different generations of silver carp and Changfeng silver carp

Pop ID	L	CF ₁	CF ₂	CF3
L		-0.0570	-0.0017	0.0372
CF_1	0.0319		-0.0364	0.0053
CF ₂	0.0301	0.0164		0.0607
CF ₃	0.0352	0.0286	0.0176	****

多样性的高低是衡量生物对环境适应能力的重要 指标。遗传多样性越高,生物对环境的适应性就越 强;生物越易存活下来,适应新环境并繁衍后代^[13]。 遗传多样性也是衡量物种遗传潜力的重要指标。 遗传潜力与生物遗传多样性多呈正相关;潜力越 大,遗传多样性也越丰富。在本研究中鲢群体等位 基因数和有效等位基因数均高于长丰鲢群体,主要 是因为长丰鲢由长江水系的原始亲本雌性个体经 雌核发育等技术选育而来。在雌核发育的草鱼和 团头鲂后代中也发现其平均等位基因数低于普通 群体^[14,15]。在长丰鲢后代中,不同子代间等位基因 数(*N*_a)和有效等位基因数(*N*_e)都呈逐渐下降的趋 势。随着人工繁育世代的增加,群体间近交程度加 重,群体中会存在等位基因丢失现象。与此同时, 也会剔除一些非目标性状基因,稳定目标性状基因, 达到相关基因进一步纯合,遗传多样性和育种潜力 也降低。在长丰鲢后代中平均等位基因和有效等 位基因均比叶香尘等^[16]检测的长丰鲢等位基因数 要多,可能是由于检测样本或检测方法不同造成 的。在通常情况下,检测等位基因数和研究样本量 的大小有关^[17]。与传统聚丙烯酰胺凝胶电泳相比, 基因分型技术有更高的分辨率,可分辨出2—4 bp的 等位基因^[18],极大地提高检测的准确性和检测效率。

杂合度是评估遗传多样性的重要指标之一。 期望杂合度是评价群体生物多样性的最适参数,能 直接反映群体遗传多样性。期望杂合度H_e高低与 生物适应性呈正相关。一个物种的期望杂合度越 高,适应环境能力越强,生存机会亦越大^[19]。在本 研究中4个群体的观测杂合度和期望杂合度均为鲢 最高,长丰鲢子三代最低。在长丰鲢3个群体中,期 望杂合度区间为0.6235—0.7260,均高于叶香尘等^[16] 检测的广西养殖长丰鲢(0.4133),且低于检测的长 江三峡库区4个群体鲢(0.7500—0.7943)^[20]。总体 上,在长丰鲢3个子代中,期望杂合度呈逐渐下降趋 势,这与大口黑鲈世代选育群体逐代下降变化趋势 一致^[7]。在长丰鲢3个子代间,期望杂合度相差不 大,从子一代到子三代减少了3.00%。观测杂合度

表 7 鲢、长丰鲢各世代18对微卫星位点的F-检验

位点	正父系氨P _{is} Inbreeding coefficient F _{is}		4个群体F _{is} Four	4个群体F _{st} Four	3个群体F _{is} Three	3个群体F _{st} Three		
Locus	L	CF1	CF ₂	CF ₃	populations F_{is}	populations $F_{\rm st}$	populations F_{is}	populations $F_{\rm st}$
H111	0.1510	0.0829	-0.0756	0.1168	0.0749	0.0525	0.0475	0.0300
H121	0.5200	0.4602	0.7091	0.3778	0.5208	0.0552	0.5212	0.0039
H129	-0.2745	0.3684	0.0552	0.6129	0.1749	0.0600	0.3414	0.0383
S65	-0.0395	-0.3559	0.2357	0.2749	0.0299	0.0295	0.0546	0.0296
S78	-0.2405	-0.3760	-0.2869	-0.3777	-0.3176	0.0345	-0.3464	0.0299
S92	-0.6446	-0.3057	-0.6658	-0.7561	-0.5834	0.0274	-0.5635	0.0270
S162	-0.1538	-0.0244	-0.0847	-0.0169	-0.1088	0.0466	-0.0622	0.0299
BL5	-0.0195	-0.1185	-0.0624	0.3766	0.0438	0.0495	0.0657	0.0485
BL52	0.0291	-0.3180	-0.4010	-0.2329	-0.2096	0.0477	-0.3175	0.0285
BL55	0.0885	0.1441	0.2937	0.3398	0.2156	0.0642	0.2604	0.0610
BL56	0.0789	-0.3194	0.2883	0.4783	0.1167	0.0389	0.1331	0.0039
BL58	-0.0619	0.0708	0.0554	-0.0703	-0.0079	0.0512	0.0180	0.0369
BL62	-0.0526	-0.2313	0.0000	0.1381	-0.0362	0.0270	-0.0307	0.0102
BL82	-0.1253	-0.0970	-0.0641	0.3029	0.0044	0.0342	0.0551	0.0307
BL101	-0.1058	-0.2233	0.1605	0.2653	0.0340	0.0211	0.0800	0.0182
BL106-2	0.0426	-0.2000	0.0663	0.0222	-0.0167	0.0365	-0.0379	0.0277
BL109	0.2839	-0.1460	0.0250	0.0123	0.0480	0.0369	-0.0374	0.0365
BL116	0.1385	-0.1077	0.0971	-0.0122	0.0363	0.0178	-0.0033	0.0170
Mean	-0.0214	-0.0943	0.0192	0.1029	0.0011	0.0406	0.0099	0.0282

Tab. 7 F-statistics for different generations of silver carp and Changfeng silver carp at 18 microsatellite loci

表 8 鲢、长丰鲢共4个群体的Nei氏遗传距离(下三角)及遗传 相似性系数(上三角)

Tab. 8 Nei's standard genetic distance (below) and genetic identity (above) between 4 populations of silver carp and Chang-feng silver carp

Pop ID	L	CF ₁	CF ₂	CF ₃
L	****	0.8946	0.8945	0.8892
CF_1	0.1114	****	0.9616	0.9093
CF_2	0.1115	0.0392	****	0.9470
CF ₃	0.1174	0.0951	0.0544	****
_				至一代 CF ₁ 至子二代 CF ₂ 至子三代 CF ₃
0.05	0.04 0.03	0.02 0.0	1 0.00	

图 1 鲢、长丰鲢共4个群体基于Nei氏无偏遗传距离的 UPGMA进化树

Fig. 1 An unweighted pair group method with arithmetic mean (UPGMA) dendrogram for 4 populations of silver carp and Changfeng silver carp based on Nei's unbiased genetic distance

子三代较子一代减少了29.00%。与张天时等^[21]在 中国对虾(Fenneropenaeus chinensis)发现的观测杂 合度下降3.5%相比,降比更大。长丰鲢随着繁育子 代的增加,群体纯合度增加。与此同时,长丰鲢3个 子代群体期望杂合度均较高,群体尚未出现明显的 近交及瓶颈效应,群体遗传多样性保持较好,其具 备持续选育潜力。

根据Botstein等^[22]对微卫星位点多态性的定义, 当PIC<0.25时,该位点多态性低; PIC值在 0.25-0.50, 表明其具有中度多态性; PIC>0.50时, 该位点多态性高。鲢及长丰鲢子一代、二代和三 代4个群体平均PIC值分别为0.6748、0.5784、0.5730 和0.5609,表明4个群体遗传多样性都较高,但长丰 鲢群体间呈逐代下降趋势。基于Hardy-Weinberg平衡检验结果,4个群体平均d值分别为0.0044、 0.0681、-0.0345和-0.1178。d值为负数,表明长丰 鲢子二代和子三代群体杂合子缺失严重,在中国对 虾、南方拟鳌(Pseudohemiculter dispar)、斑点叉尾 鲴(Ictalurus punctatus)、团头鲂和德国镜鲤(Cyprinus carpio L.)等群体的研究中也发现类似现象^[21, 23-26]。 杂合子缺失可能是无效等位基因存在或在聚合酶 链式反应中出现丢失现象所引起,但也可能与选育 群体被高强度选择有关[27]。或者是在人工繁殖时

群体雌雄比例、配组繁殖不合理导致近亲繁殖,也 可能因检测样本数太少引起。在长丰鲢后代亲本 培育时受人为干扰严重,亦会导致杂合子缺失。平衡 偏离会造成一些不利影响。如群体内等位基因丢 失,导致纯合子比例上升,种群遗传多样性随之降低, 近交衰退几率也会上升,最终可能会导致整个种群 衰退。在今后应持续监测关注群体遗传多样性。

3.2 群体遗传变异分析

生物对环境适应性改变是其生存和繁衍的基 础,群体遗传变异程度是衡量一个群体存在选育潜 力和种质资源可持续利用的前提。18个鲢微卫星 位点中有10个位点近交系数F_{is}值为正值,8个位点 为负值,平均Fis值0.0119。3个长丰鲢子代间存在 轻度的近交现象,3个群体Fis值分别为-0.0943、 0.0229和0.1029、世代间近交程度逐渐加重。今后 在人工繁殖中应尽可能扩大繁育亲本群体,制定科 学合理的繁育计划。遗传分化指数(Fst)是衡量群体 间遗传分化程度的重要参数。McConnell S等^[28]认 为, Fst值在0.00—0.05, 群体间遗传分化较小; 在 0.05-0.15,存在中等程度遗传分化;在0.15-0.25, 群体间遗传分化较大;在0.25以上,群体间遗传分 化明显。长丰鲢后代群体中各位点F_{st}值在0.0039— 0.0610, 群体平均遗传分化指数为0.0282, 群体遗传 分化很小。此研究结果与李镕等^[7]研究大口黑鲈世 代群体总遗传分化指数为0.013相近。这表明长丰 鲢后代遗传结构基本一致,虽出现一定的遗传分化, 但分化程度较低。长丰鲢子一代与子二代F_{st}值最 小为0.0164,子二代与子三代 Fst为0.0176,子一代 与子三代的遗传分化指数Fst最大(0.0286)。随着选 育进程的不断开展,世代间遗传分化系数在相邻世 代之间相继减小,亦可能会进一步增大^[29]。长丰鲢 不同世代间遗传变异大部分来自群体内,群体间遗 传分化程度很低。长丰鲢世代间遗传距离均较小, 说明其遗传相似性变高。就目前而言,虽然长丰鲢 群体间遗传多样性逐代降低,但遗传多样性水平还维 持在较高水平,长丰鲢不同世代间遗传结构趋于稳定。

参考文献:

- Tang Q S, Research group on sustainable development strategy of aquaculture. Research on sustainable development strategy of aquaculture [J]. *China Poultry*, 2012, 34(11): 13-15. [唐启升, 水产养殖业可持续发展战略研 究课题组. 水产养殖业可持续发展战略研究 [J]. 中国家 禽, 2012, 34(11): 13-15.]
- [2] Bureau of Fisheries of Ministry of Agriculture and Rural Affairs, National Fisheries Technology Extension Center, China Society of Fisheries. China Fishery Statistics Year-

book 2018 [M]. Beijing: Chinese Agriculture Press, 2018. [农业农村部渔业渔政管理局, 全国水产技术推广总站, 中国水产学会编制. 中国渔业统计年鉴-2018 [M]. 北 京: 中国农业出版社, 2018.]

- [3] Liang H W, Li Z, Luo X Z, et al. Morphological differences and discriminant analysis between Changfeng and Yangtze River silver carp [J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2015, 39(5): 1059-1064. [梁宏伟, 李忠, 罗相忠, 等. 长丰鲢与长江鲢形态差异与判别分析 [J]. 水生生物学 报, 2015, 39(5): 1059-1064.]
- [4] Tang S J, Bi X, Wang C H, et al. Microsatellite analysis of genetic purity in three selected populations of Megalobrama amblycephala [J]. Fisheries Science & Technology Information, 2016, 43(5): 225-230. [唐首杰, 毕详, 王成辉, 等. 团头鲂3个选育群体遗传纯度的微卫星分 析 [J]. 水产科技情报, 2016, 43(5): 225-230.]
- [5] Li Y G, Sun T, Zhang Y J, et al. Genetic diversity and trait association analysis of *Trachinotus ovatus* from Sanya by microsatellite markers [J]. Journal of Hainan Tropical Ocean University, 2018, 25(2): 1-5,12. [李耀国, 孙 彤, 张雅剑, 等. 三亚卵形鲳鲹微卫星遗传多态性及性 状关联分析 [J]. 海南热带海洋学院学报, 2018, 25(2): 1-5,12.]
- [6] Wang F, Zhang J H, Shen Y B, et al. Microsatellite analysis of genetic variation of wild and cultural populations in black carp Mylopharyngodon piceus [J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2019, 43(5): 939-944. [王丰, 张家华, 沈玉帮,等.青鱼野生与养殖群体遗传变异的微卫星分析[J]. 水生生物学报, 2019, 43(5): 939-944.]
- [7] Li R, Bai J J, Li S J, et al. Analysis on genetic structure of selected population of largemouth bass by microsatellite DNA markers [J]. Journal of Guangdong Ocean University, 2010, 30(3): 11-15. [李镕, 白俊杰, 李胜杰, 等. 大口黑鲈选育群体遗传结构的微卫星分析 [J]. 广东海洋大学学报, 2010, 30(3): 11-15.]
- [8] Que Y F, Xu X, Xu N, et al. Parentage analysis of Hemibarbus labeo based on microsatellite markers [J]. Journal of Dalian Ocean University, 2019, 34(5): 643-648. [阙延 福, 胥贤, 徐念, 等. 基于微卫星标记的唇螖亲子鉴定技 术研究 [J]. 大连海洋大学学报, 2019, 34(5): 643-648.]
- [9] Wu S X, Jiang X T, Wang W, et al. Genetic diversity among 6 populations of *Hexagrammos otakii* based on microsatellite analysis [J]. *Chinese Fishery Quality and Standards*, 2018, 8(3): 52-60. [武世雄, 姜欣彤, 王伟, 等. 大泷六线鱼6个群体遗传多样性的微卫星分析 [J]. 中国 渔业质量与标准, 2018, 8(3): 52-60.]
- [10] Tang S J, Bi X, Wang C H, et al. Genetic potential analysis of three selective breeding populations of blunt snout bream (*Megalobrama amblycephala*) using microsatellite markers [J]. South China Fisheries Science, 2017, 13(2): 59-68. [唐首杰, 毕详, 王成辉, 等. 团头鲂 3个选育群体遗传潜力的微卫星分析 [J]. 南方水产科 学, 2017, 13(2): 59-68.]

- [11] Shi J J, Shi L Y, Li C T, et al. Research on germplasm identification technology for four species of common carp by microsatellite markers [J]. Genomics and Applied Biology, 2018, 37(2): 748-755. [史君洁, 石连玉, 李池陶, 等. 微卫星标记对4种鲤鱼种质鉴定技术的研究 [J]. 基因组 学与应用生物学, 2018, 37(2): 748-755.]
- [12] Wang G N, Ma A J, Li M, et al. Separation and analysis of turbot microsatellite markers in progeny [J]. Marine Science, 2016, 40(4): 1-10. [王广宁, 马爱军, 李猛, 等. 大菱鲆微卫星标记在亲本后代中的分离分析 [J]. 海洋 科学, 2016, 40(4): 1-10.]
- [13] Zeng Z. Molecular markers and genetic diversity analysis in populations of *Trachidermus fasciatus* [D]. Shanghai: Shanghai Ocean University, 2013. [曾珍. 松江鲈不同种 群间的分子标记和遗传多样性分析 [D]. 上海: 上海海 洋大学, 2013.]
- [14] Wang C L, Zheng G D, Chen J, et al. Microsatellite genetic analysis of ENU mutagenesis grass carp and gynogenesis offspring group [J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2017, 24(5): 1013-1019. [王成龙, 郑国栋, 陈杰, 等. ENU诱变草鱼及其雌核发育后代的微卫星遗传分析 [J]. 中国水产科学, 2017, 24(5): 1013-1019.]
- [15] Zhang X H, Gao Z X, Luo W, *et al.* Studies on morphological characteristics and genetic analysis of the gynogenesis blunt snout bream (*Megalobrama amblycephala*)
 [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2015, **39**(1): 126-132.
 [张新辉, 高泽霞, 罗 伟, 等. 雌核发育团头鲂的形态和 遗传特征分析 [J]. 水生生物学报, 2015, **39**(1): 126-132.]
- [16] Ye X C, Wei L J, Liang K, et al. Genetic diversity analysis in Changfeng silver carp and Guangxi local silver carp
 [J]. Genomics and Applied Biology, 2019, 38(1): 100-108.
 [叶香尘, 韦玲静, 梁克, 等. 广西本地鲢和长丰鲢群体遗传多样性分析 [J]. 基因组学与应用生物学, 2019, 38(1): 100-108.]
- [17] Noble L. Microsatellites-evolution and applications [J]. *Heredity*, 1999, 83(5): 633-634.
- [18] Quan Y C, Sun X W, Liang L Q. Microsatellite variation among four breeding populations of common carps [J]. *Zoological Research*, 2005, 26(6): 595-602. [全迎春, 孙 效文,梁利群. 应用微卫星多态分析四个鲤鱼群体的遗 传多样性 [J]. 动物学研究, 2005, 26(6): 595-602.]
- [19] Niu D H, Chen H, Lin G W, et al. Effects of sample size on genetic diversity index for population of Sinonovacula constricta in use of microsatellite DNA marker [J]. Advances in Marine Science, 2010, 28(2): 203-208. [牛东 红,陈 慧,林国文,等. 缢蛏群体微卫星分析中样本量对 遗传多样性指标的影响 [J]. 海洋科学进展, 2010, 28(2): 203-208.]
- [20] Chen H J. The fisheries resources survey of the Three Gorges Reservoir in Yangtze River and genetic diversity analysis of silver carp (*Hypophthalmichthys molitrix*) [D]. Chongqing: Southwest University, 2017. [陈虹均. 长江

三峡库区渔业资源现状调查及鲢的遗传多样性分析 [D]. 重庆:西南大学, 2017.]

- [21] Zhang T S, Wang Q Y, Liu P, et al. Genetic diversity analysis on selected populations of shrimp Fenneropenaeus chinensis by microsatellites [J]. Oceanologia et Limnologia Sinica, 2005, 36(1): 72-80. [张天时, 王清印, 刘萍, 等. 中国对虾(Fenneropenaeus chinensis)人工选育群体不同世代的微卫星分析 [J]. 海洋与湖沼, 2005, 36(1): 72-80.]
- [22] Botstein D, White R L, Skolnick M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms [J]. Journal of Pediatric Surgery, 1980, 32(3): 314-331.
- [23] Su Y L, Li M, Yang Y C, et al. Microsatellite screening and genetic diversity analysis of gudgeon Pseudohemiculter dispar in Pearl River Basin [J]. Fisheries Science, 2020, 39(2): 224-233. [苏钰玲, 李 敏, 杨永春, 等. 南方 拟鳌微卫星标记筛选及遗传多样性分析 [J]. 水产科学, 2020, 39(2): 224-233.]
- [24] Cui L, Xie C X, Li Y H, et al. Analysis of genetic diversity among four different channel catfish populations by using microsatellite markers [J]. Journal of Huazhong Agricultural University, 2012, 31(6): 744-751. [崔 蕾,谢从新,李艳和,等. 斑点叉尾鲴4个群体遗传多样性的微卫星分析 [J]. 华中农业大学学报, 2012, 31(6): 744-751.]
- [25] Xu Z N, Li F G, Zheng G D, *et al.* Analysis of genetic structure of gynogenetic population in new strain of hypo-

xia-tolerant *Megalobrama amblycephala* using microsatellite markers [J]. *Journal of Fisheries of China*, 2017, **41**(3): 330-338. [徐湛宁, 李福贵, 郑国栋, 等. 团 头鲂耐低氧新品系雌核发育群体遗传结构的微卫星分 析 [J]. 水产学报, 2017, **41**(3): 330-338.]

- [26] Li C, Lu C Y, Cao D C, et al. Genetic analysis on selective population of German mirror carp (*Cyprinus carpio* L.) using microsatellite markers [J]. Journal of Tianjin Agricultural University, 2012, 19(4): 5-8. [李超, 鲁翠云, 曹顶臣,等. 微卫星标记对德国镜鲤选育群体的遗传分析 [J]. 天津农学院学报, 2012, 19(4): 5-8.]
- [27] Fan JJ, Bai JJ, Li SJ, et al. Analysis on genetic diversity of three breeding populations of largemouth bass using formulated feeds [J]. Progress in Fishery Sciences, 2019, 40(4): 57-64. [樊佳佳, 白俊杰, 李胜杰, 等. 驯食配合饲料的大口黑鲈3个选育世代的遗传多样性分析 [J]. 渔业科学进展, 2019, 40(4): 57-64.]
- [28] McConnell S, Hamilton L, Morris D, *et al.* Isolation of salmonid microsatellite loci and their application to the population genetics of Canadian east coast stocks of Atlantic salmon [J]. *Aquaculture*, 1995, **137**(1/2/3/4): 19-30.
- [29] Ma D M, Su H H, Zhu H P, et al. Genetic diversity and genetic structure analysis of different selective breeding generations in Cyprinus carpio rubrofuscus using microsatellite markers [J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2018, 42(5): 887-895. [马冬梅, 苏换换, 朱华平, 等. 华 南鲤选育群体不同世代遗传多样性与遗传结构的微卫 星分析 [J]. 水生生物学报, 2018, 42(5): 887-895.]

GENETIC MONITORING OF CHANGFENG SILVER CARP BASE ON MICROSATELLITE

LUO Xiang-Zhong, QIN Wei-Min, LIANG Hong-Wei, SHA Hang and ZOU Gui-Wei

(Yangtze River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Wuhan 430223, China)

Abstract: Changfeng silver carp (*Hypophthalmichthys molitrix*) (CF) is a new variety obtained by artificially selective breeding in China. Genetic monitoring the germplasm resources of Changfeng silver carp play an important role in maintaining its excellent traits. 18 microsatellite markers were used to analyze the genetic diversity and genetic structure in Changfeng silver carp (CF) populations. The results showed that the genetic diversity of silver carp (L) was higher than that of CF. The average number of alleles (N_a) from CF₁ to CF₃ of CF offspring decreased from 5.7222 to 5.0556, and the average effective allele (N_e) were from 3.2551 to 3.1461. The average observed heterozygosity (H_o), the average expected heterozygosity (H_e), and the polymorphic information content (*PIC*) ranged from 0.6975 to 0.5407, 0.6422 to 0.6235, and 0.5784 to 0.5609, respectively. The F_{st} among the progeny of L and CF ranged from 0.0160 to 0.0315, indicating that the population of L has been genetically differentiated with low degree of differentiation. These results showed that the genetic structure of CF₁ to CF₃ exhibit slightly declining genetic diversity after three successive generations, whereas the genetic diversity was still abundant. Our study provides a basis for maintaining the genetic diversity of Changfeng silver carp.

Key words: Genetic diversity; Genetic monitoring; Genetic structure; SSR; Silver carp; Changfeng silver carp