

文章编号: 1674 - 5566(2013)02 - 0161 - 07

中华绒螯蟹国内外群体遗传变异与适应性进化分析

成起萱, 周 陆, 王成辉

(上海海洋大学 农业部淡水水产种质资源重点开放实验室, 上海 201306)

摘 要: 中华绒螯蟹 (*Eriocheir sinensis*) 是我国极为重要的土著种类, 现已移居到欧洲和北美等地。利用 20 对微卫星标记对中华绒螯蟹国内土著群体(长江和黄河)和国外移居群体(德国易北河、荷兰莱茵河、英国泰晤士河和美国旧金山湾)的遗传变异和多样性进行了分析。结果显示, 中华绒螯蟹国内群体的遗传多样性(等位基因丰富度、多态信息含量和杂合度等)略高于国外移居群体; 国内外群体间, 以及国外不同群体间存在显著的遗传分化; 贝叶斯遗传聚类分析显示国内土著群体、欧洲移居群体和美国移居群体分成明显的 3 个遗传聚类; 主成分分析表明国外移居群体已产生了明显的遗传歧化; 荷兰莱茵河群体检测到显著的遗传瓶颈效应。表明中华绒螯蟹在海外的人侵过程中已发生了较为明显的适应性进化。

研究亮点: 首次应用遗传聚类分析和主成分分析探讨中华绒螯蟹国内外主要群体的遗传变异和分化, 发现国外群体存在显著的遗传瓶颈效应, 中华绒螯蟹在海外移居和扩张过程中存在适应性进化。

关键词: 中华绒螯蟹; 微卫星标记; 遗传变异; 适应性进化

中图分类号: S 917

文献标志码: A

中华绒螯蟹 (*Eriocheir sinensis*) 是我国特有的土著种, 通过压舱水的转运, 现已广泛分布于欧洲和北美地区, 并在海外形成了数量庞大的种群, 成为了一个典型的入侵种。相关研究表明, 入侵种引进后的适应性进化会导致土著群体与入侵群体的明显遗传差异, 在引入过程中, 通常也会存在奠基者效应或遗传瓶颈现象^[1]。中华绒螯蟹移居欧洲已有 100 多年的历史, 但对于引入种在遗传学上的研究我们尚不清晰, 中华绒螯蟹在欧洲和北美的成功入侵, 是否与其它许多入侵物种一样, 存在引进后适应性进化及遗传瓶颈效应等现象是值得研究的。

微卫星是一类广泛存在于真核生物基因组中具有高度变异性的简单重复 DNA 序列, 是 1 ~ 6 个核苷酸首尾相连的重复序列^[2], 具有高保守性、高变异性、共显性等优点, 符合孟德尔遗传模式。该标记是一种重要的遗传分析工具, 已在中华绒螯蟹的群体遗传分析中进行了应用^[3-4]。本论文应用微卫星分子标记, 分析中华绒螯蟹国内土著群体(长江、黄河)和国外移居群体(德国易北河、荷兰莱茵河、英国泰晤士河和美国旧金山湾)的遗传多样性和遗传变异, 探讨国外移居群体是否存在遗传瓶颈效应和引入后的适应性进化。

1 材料与方法

1.1 样本采集与 DNA 提取

中华绒螯蟹国内土著群体于 1999 年分别采自长江镇江江段(代号: YZ)和黄河口(代号: YR), 样本量各为 30 只; 国外移居群体分别为德国易北河(代号: EB, 24 只)、荷兰莱茵河(代号: RN, 20 只)、英国泰晤士河(代号: TM, 24 只)和美国旧金山湾(代号: SF, 16 只)。欧洲样本采集于 2005 年, 美国样本采集于 1999 年。所有样本剪取肌肉, 置于 95% 乙醇中保存。总 DNA 提取应

收稿日期: 2012-07-01 修回日期: 2012-09-15

基金项目: 上海市科学技术委员会重点科技攻关项目(09391911100); 上海市中华绒螯蟹产业技术体系项目(D8003100208); 国家星火计划重大项目(2011GA680001)

作者简介: 成起萱(1986—), 女, 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: qixuancheng@163.com

通信作者: 王成辉, E-mail: wangch@shou.edu.cn

用饱和氯化钠法^[5-7]。

1.2 SSR 扩增

实验所用的 20 对微卫星引物是本实验室自

行开发的,各引物的序列及 PCR 反应条件如表 1 所示。

表 1 20 对微卫星引物的序列及 PCR 反应条件

Tab. 1 Primer sequences and PCR characteristics for 20 microsatellite loci

引物名	引物序列(5'-3')	重复单元	退火温度/°C	片段大小	GenBank 登录号
Crab01	F: AAT TA TGTC TGTCGGCGG R: AGCAGGAAACAAGGGATGT	(TC) ₁₇	58	273 ~ 306	GQ477352
Crab02	F: GAGTGCCTTGTAACCTAA R: GATTGTGTGGAGGGTTATCG	(AC) ₅ N ₆₈ (CA) ₅	58	128 ~ 216	GQ477353
Crab03	F: GGAGGTAGAGTGCCTGACAAA R: TCTGTAACACCCAGTGTT	(GT) ₆ N ₂ (GT) ₅ N ₄ (GT) ₇	58	297 ~ 339	GQ477354
Crab04	F: TGTGGAGGAGTGATGAAAGTG R: CCATGATAAATCTGGCGTG	(CA) ₄₅	58	57 ~ 147	GQ477355
Crab05	F: TCACTCACTCACTCAACCAGG R: AGACAGGGAACGACGGTAAT	(GT) ₂₀	49.6	74 ~ 114	GQ477356
Crab06	F: TT CATCCCATC C GTCTCA R: GTTACGAGACGAAATACCCC	(GTA) ₁₃ N ₂ (AGT) ₆	58	153 ~ 212	GQ477357
Crab07	F: GGATGTACTTGTATTGCGAC R: CTCGAACCATGGCTCAAA	(AC) ₂₆	58	87 ~ 139	GQ477358
Crab08	F: TAAACGCCATAGACGAGAGG R: GGGTGAATATTGCTTGAGG	(CA) ₁₁	58	177 ~ 199	GQ477359
Crab09	F: TGGCACCTTTTCCCTTA R: ACCCCTAATCCCTTAATCCC	(AGG) ₈ N ₄₃ (GA) ₃₂	58	171 ~ 296	GQ477360
Crab10	F: TGAAGGGTTGAGGATGA R: TGTGAGACAGGACCCCATAT	(TG) ₅ N ₃₃ (TG) ₁₇	58	137 ~ 205	GQ477361
Crab11	F: GGTGTATCTCACTCGCCAA R: CGCCCTGATTAATCCGT	(TG) ₆ N ₂₀ (AG) ₆ N ₄₅ (GT) ₁₃	58	180 ~ 295	GQ477362
Crab12	F: GCAAGCCGGTAAGTTAA R: TCCT C CTCTCCACCACA	(GT) ₁₁	58	401 ~ 423	GQ477363
Crab13	F: CAGCGTACCAGCGTTATTAC R: TCCCCACAGGTCATTGTAGT	(GT) ₂₄	58	166 ~ 214	GQ477364
Crab14	F: GTCACCTC G GGTITAAGGACA R: ATGACGAACAGGTCACCAAG	(TC) ₂₆ (CTT) ₅	58	375 ~ 441	GQ477365
Crab15	F: AATGACAGGTGAGGATGCAG R: AGAAAGAATCCGGCCTGA	(AC) ₈ N ₂ (AC) ₂₈	58	316 ~ 390	GQ477366
Crab16	F: CGCAGAGCTTAAACCACTGA R: ACCGATCCACGAATACACAGC	(GT) ₄₁	58	255 ~ 337	GU001711
Crab17	F: ACGATCGCGTGCTAACTAAC R: GGACGAGTCTTTCTGCAAAC	(TC) ₂₁	56	224 ~ 266	GU001712
Crab18	F: CTAGCACCTTGAGCAGCCTT R: TCCCTGTCTGCCTAAGAAGT	(CA) ₇	57	299 ~ 313	GU001713
Crab19	F: TCTTGAGCCCGAGTGTGT R: ACCACGTAGCCAATCTGTGA	(TA) ₅ N ₂₆ (TGT) ₅ N ₁₂ (GT) ₉ (TG) ₉ N ₄₈ (TC) ₁₀ (TG) ₁₁	58	168 ~ 359	GU001714
Crab20	F: CGGGACTTTGACTTCTCCTT R: TGATTGTTGCCCTCAGTGAC	(CTT) ₆	54	158 ~ 176	GU001715

PCR 扩增体系 10 μ L, 包括 1 μ L 基因组 DNA (20 ng/ μ L), 5 μ L Mix 反应液 (0.2 μ mol/L dNTPs, 1.5 μ mol/L MgCl₂, 0.5 μ mol/L Taq DNA 聚合酶), 正反引物各 0.5 μ L (5 μ mol/L), 双蒸水 3 μ L。

PCR 扩增程序: 94 $^{\circ}$ C 5 min, 94 $^{\circ}$ C 30 s, 退火温度(表 1) 30 s, 72 $^{\circ}$ C 1 min, 35 个循环, 最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min。

PCR 扩增产物用 QIAxcel 毛细管凝胶电泳 (Qiagen, Germany) 并进行片段大小分析。

1.3 数据分析

1.3.1 遗传变异分析

应用 FSTAT 2.9.4^[8] 软件检测所有群体的遗传变异情况,包括等位基因丰富度(A_R)、观测杂合度(H_0)、期望杂合度(H_E)和近交系数(F_{IS})^[9]。应用 POPGENE 32 软件估算群体内每个位点的哈迪-温伯格平衡检验和群体的多态信息含量(PIC)^[10]。应用 ARLEQUIN 3.5 软件^[11]进行分子方差分析(AMOVA)和遗传分化指数(F_{ST})估算。

应用 GENALEX 6.1 软件^[12]进行主成分分析(principal coordinate analysis, PCA)。应用 STRUCTURE 2.2 软件^[13]分析群体的遗传聚类关系,为探求 6 个国内外群体中的最佳聚类分组,将聚类数值(K)设置为从 2 到 4,每个连续的 K 值,所得到的聚类用 DISTRUCT 程序^[14]绘制成彩色的格状图,并将聚类图绘制成树型分解图。

1.3.2 遗传瓶颈分析

采用两种方法进行遗传瓶颈效应分析,一种方法是显著性检验法,采用两阶突变模型(two-phased mutation model, TPM)和步移突变模型

(stepwise mutation model, SMM)^[15-16];另一种方法是模型-漂变指示法,若群体没有经历瓶颈效应则该群体接近突变-漂变平衡,呈现出正常的 L-型分布,若群体经历遗传瓶颈则该群体就是一个突变模型^[17]。以上分析在 Bottleneck 1.202 软件^[18]中进行。

2 结果

2.1 国内土著群体与国外移居群体的遗传变异

中华绒螯蟹国内外群体的遗传变异参数列于表 2。在 20 对微卫星引物中,国内群体的等位基因数为 174,国外群体的等位基因数为 157。在国内,长江群体等位基因最多(181)。在国外,德国易北河群体等位基因最多(165),美国旧金山湾群体等位基因最少(143)。国内土著群体的平均等位基因丰富度高于国外移居群体。同样,国内土著群体的平均观测杂合度(H_0)、平均期望杂合度(H_E)和多态信息含量(PIC)也均略高于国外移居群体。国内土著群体的近交系数(F_{IS})低于国外移居群体。这些结果说明,国内土著群体的遗传多样性要高于国外移居群体。

表 2 中华绒螯蟹国内外群体的遗传变异参数

Tab.2 Genetic variation from the native and colonized populations of Chinese mitten crab

群体	采样点	样本数 (n)	等位基因数 (N_A)	等位基因丰富度 (A_R)	多态信息含量 (PIC)	观测杂合度 (H_0)	期望杂合度 (H_E)	近交系数 (F_{IS})
YZ	长江, 中国	30	181	7.660	0.735	0.617	0.779	0.266
YR	黄河, 中国	30	167	7.575	0.720	0.590	0.765	0.248
平均值			174	7.617	0.750	0.596	0.772	0.257
EB	易北河, 德国	24	165	7.685	0.715	0.567	0.772	0.306
RN	莱茵河, 荷兰	20	158	7.483	0.696	0.545	0.775	0.306
TM	泰晤士河, 英国	24	160	7.336	0.725	0.567	0.777	0.289
SF	旧金山湾, 美国	16	143	7.150	0.724	0.528	0.757	0.301
平均值			157	7.413	0.715	0.555	0.770	0.301

2.2 国内土著群体与国外移居群体的遗传分化

中华绒螯蟹国内外群体间遗传变异的分子方差分析(AMOVA)如表 3 所示。在 6 个群体中,群体间的变异占 6.83%,群体内个体间的变异占 93.17%。国内外群体分两个组别比较时,不存在显著差异($P=0.068$)。将 6 个群体分成国内、欧洲和北美 3 个类群时,存在显著的遗传差异($P=0.015$)。中华绒螯蟹群体间两两比较的遗传分化指数表明,各群体间均存在极显著的遗传分化(表 4)。

2.3 国内土著群体和国外移居群体的遗传关系

主成分分析结果表明(图 1),国内土著群体与国外移居群体已产生了明显的遗传歧化。在个体水平上,主成分 1(PC1)和主成分 2(PC2)解释了总遗传变异的 47.32%,主成分 2(PC2)和主成分 3(PC3)解释了总遗传变异的 35.65%。在群体水平上,主成分 1(PC1)和主成分 2(PC2)解释了总遗传变异的 77.54%,主成分 2(PC2)和主成分 3(PC3)解释了总遗传变异的 34.99%。

表 3 中华绒螯蟹国内外群体的分子方差分析

Tab. 3 Analysis of molecular variance (AMOVA) for the native and colonized populations of Chinese mitten crab

变异来源	自由度	变异百分比	分化指数	P 值
1 个组群(6 个群体)				
群体间	5	6.83	$F_{ST} = 0.0683$	<0.001
群体内个体间	282	93.17		
2 个组群(国内,国外)				
组间	1	5.10	$F_{CT} = 0.0510$	=0.068
组内群体间	4	3.69	$F_{SC} = 0.0389$	<0.001
群体内个体间	282	91.22	$F_{ST} = 0.0878$	<0.001
3 个组群(国内,欧洲,北美)				
组间	2	5.07	$F_{CT} = 0.0507$	=0.015
组内群体间	3	3.10	$F_{SC} = 0.0327$	<0.001
群体内个体间	282	91.83	$F_{ST} = 0.0817$	<0.001

表 4 中华绒螯蟹群体间遗传分化的 F_{ST} 值

Tab. 4 Pairwise F_{ST} values between the six populations of Chinese mitten crab

群体	YZ	YR	EB	RN	TM
YR	0.0281**				
EB	0.0735**	0.1085**			
RN	0.0788**	0.0792**	0.0323**		
TM	0.0772**	0.0851**	0.0456**	0.0264**	
SF	0.0921**	0.1064**	0.0683**	0.0492**	0.0489**

注: **表示 $P < 0.01$ 。

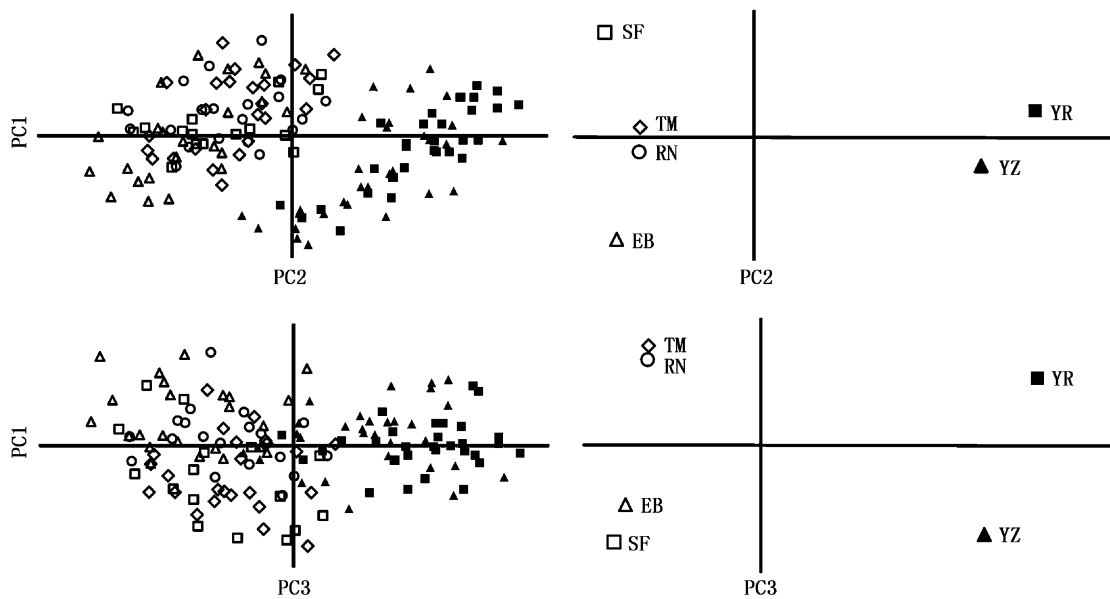


图 1 中华绒螯蟹国内外群体的主成分分析 (PCA)

Fig. 1 Principal coordinate analysis (PCA) for the native and colonized populations of Chinese mitten crab

中华绒螯蟹国内外群体遗传聚类分析(图 2)表明:当 $K=2$ 时,国内土著群体与国外移居群体分别聚类;当 $K=3$ 时,国内群体、欧洲群体、北美

群体分别聚为三类,当 $K=4$ 时,国内群体、德国易北河群体和荷兰莱茵河群体、英国泰晤士河群体、美国旧金山湾群体分别聚为四类。

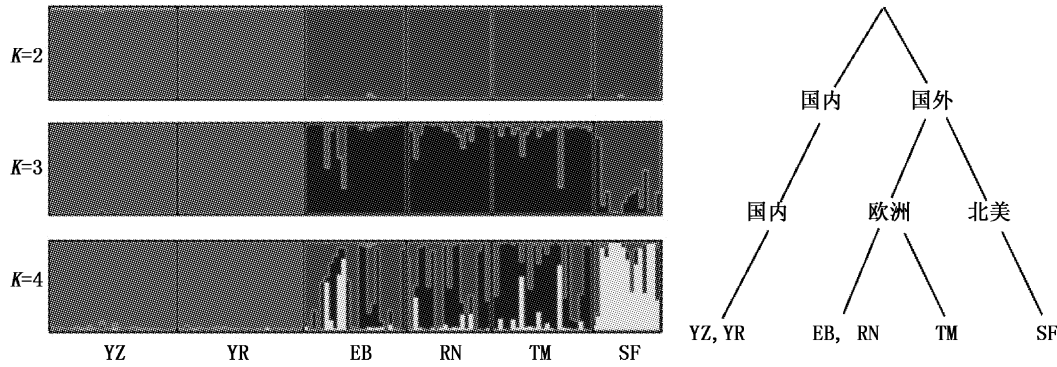


图2 中华绒螯蟹国内外群体的贝叶斯遗传聚类结构图

Fig. 2 Bayesian clustering analysis for the native and colonized populations of Chinese mitten crab

2.4 遗传瓶颈

应用第一种方法进行瓶颈效应检测发现,3个国外移居群体(荷兰莱茵河群体,英国泰晤士河群体,美国旧金山湾群体)均存在显著的遗传

瓶颈效应(表5)。根据等位基因频率分布的第二种方法显示,国内外6个群体均没有发生模型漂变改变,无遗传瓶颈信号。

表5 中华绒螯蟹国内外群体遗传瓶颈效应检测的P值

Tab. 5 P-values of bottleneck tests for native and colonized populations of Chinese mitten crab

群体	P 值			模型漂变指示
	TPM 模型(90%)	TPM 模型(95%)	SMM 模型	
YZ	0.044 1 *	0.153 7	0.277 3	正常
YR	0.032 8 *	0.142 9	0.368 3	正常
EB	0.040 0 *	0.142 9	0.474 9	正常
RN	0.010 7 *	0.019 2 *	0.048 4 *	正常
TR	0.001 2 **	0.012 1 *	0.132 7	正常
SF	0.004 2 **	0.019 2 *	0.123 1	正常

注: **表示 $P < 0.01$; *表示 $P < 0.05$ 。

3 讨论

3.1 国内外群体的遗传多样性与群体结构

中华绒螯蟹作为我国特有的土著种群现已成功扩散到了欧洲、北美等地,并在海外形成了庞大的种群数量,有研究发现中华绒螯蟹在海外的快速扩张对入侵生态系统产生了巨大影响^[19-20]。本文结果显示:国内土著群体的遗传多样性高于国外移居群体(表2),与推测结果相似,这种现象在其它生物入侵种中也较常出现^[21-22]。在国外移居群体中德国易北河群体的遗传多样性最高,这可能与引入时间最早有关。国外群体的近交系数(F_{IS})高于国内土著群体,表明国外群体在引入过程中奠基群体的数量较少。

中华绒螯蟹国内外群体之间的遗传分化均达到显著性水平,国外群体之间也出现了显著的遗传分化(表4)。这种现象在入侵物种中较为

常见,因为物种在移居过程中由于奠基者效应和引入地的环境差异,会导致土著群体与移居群体之间,以及不同移居群体之间产生明显的遗传分化^[23]。主成分分析(图1)和STRUCTURE遗传聚类图(图2)均表明,国内土著群体与国外移居群体存在明显的遗传差异和分化,并且形成明显的地域划分。在STRUCTURE聚类图中我们可以清晰地看到,欧洲德国易北河群体和荷兰莱茵河群体聚为一支,英国泰晤士河群体单独聚为一支,它们之间存在着遗传分化,这可能是由于德国易北河群体和荷兰莱茵河群体在地域上毗邻所造成的,中华绒螯蟹于1912年在德国^[24-25]最先被发现,后扩张到荷兰(1914年发现于荷兰莱茵河),再通过船舶等方式扩张到英国泰晤士河及附近水系(1935年首次发现于英国泰晤士河),从而造成了群体之间的遗传差异与分化。

3.2 移居群体的遗传瓶颈和适应性进化

本文利用两种方法来检验中华绒螯蟹国内外群体的遗传瓶颈现象(表5)。发现莱茵河群体、泰晤士河群体、旧金山湾群体均出现了遗传瓶颈现象,但最先引入的易北河群体却未检测出遗传瓶颈现象,表明易北河群体经过较为漫长的定居后,种群数量逐步扩张,群体趋于稳定而未能检测出遗传瓶颈现象。

有研究表明,许多入侵种能够快速地适应新环境是因为它们在引入后产生了适应性进化^[26-27]。适应性进化通常会持续产生持续的遗传变异,并产生相关突变^[28]。海外移居群体中特有的等位基因表明中华绒螯蟹在海外的入侵过程中已发生了明显的适应性进化。STRUCTURE 聚类分析也显示适应性进化导致了土著群体与移居群体的遗传差异。

参考文献:

- [1] BARRETT R H D, SCHLUTER D. Adaptation from standing genetic variation [J]. *TRENDS in Ecology and Evolution*, 2008, 23(1): 38-44.
- [2] 胡波. 微卫星 DNA 的研究概况[J]. *国外医学: 临床生物化学与检验学分册*, 2000, 21(2): 88-90.
- [3] HANFLING B, WEETMAN D. Characterization of microsatellite loci for the Chinese mitten crab, *Eriocheir sinensis* [J]. *Molecular Ecology Notes*, 2003, 3: 15-17.
- [4] 潘建林, 牟大凯, 郝莎, 等. 中华绒螯蟹 *Eriocheir sinensis* 两个地理种群的微卫星 DNA 多态性分析[J]. *南京大学学报: 自然科学版*, 2006, 43(5): 457-462.
- [5] WANG C H, CHEN Q, LU G Q, et al. Complete mitochondrial genome of the grass carp (*Ctenopharyngodon idella*, teleostei): insight into its phylogenetic position within cyprinidae [J]. *Gene*, 2008, 424(1): 96-101.
- [6] CHENG Q X, WANG C H, JIA W X, et al. Novel microsatellite markers for endangered Hepu mitten crab, *Eriocheir hepuensis* [J]. *Conservation Genetics Resources*, 2009, 1(1): 357-360.
- [7] CHENG Q X, YUAN C H, WANG J, et al. Development of 20 microsatellite loci of the Japanese mitten crab, *Eriocheir sinensis* and cross-amplification in the Chinese mitten crab, *Eriocheir sinensis* [J]. *Conservation Genetics Resources*, 2010, 2: 47-50.
- [8] GOUDET J. Fstat (version 1.2): a computer program to calculate F-statistics [J]. *Heredity*, 1995, 86: 485-486.
- [9] WEIR B S, COCKERHAM C C. Estimating F-Statistics for the analysis of population structure [J]. *Evolution*, 1984, 38(6): 1358-1370.
- [10] YEH F, BOYLE T, YANG R, et al. POPGENE version 1.32 [CP/OL]. [2009-11-19]. <http://www.ualberta.ca/~fyeh/fyeh>.
- [11] EXCOFFIER L, LISCHER H E L. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows [J]. *Molecular Ecology Resources*, 2010, 10: 564-567.
- [12] PEAKALL R, SMOUSE E P. Genalex 6: genetic analysis in excel. population genetic software for teaching and research [J]. *Molecular Ecology Notes*, 2006, 6(1): 288-295.
- [13] PRITCHARD K J, MATTHEW S, PETER D. Inference of population structure using multilocus genotype data [J]. *Genetics*, 2000, 155(2): 945-959.
- [14] ROSENBERG N. Distruct: a program for the graphical display of population structure [J]. *Molecular Ecology Notes*, 2004, 4: 137-138.
- [15] RIENZO A D, PETERSON A C, GARZA J C, et al. Mutational processes of simple-sequence repeat loci in human populations [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 1994, 91(8): 3166-3170.
- [16] CORNUET J M, LUIKART G. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data [J]. *Genetics*, 1996, 144(4): 2001-2014.
- [17] LUIKART G, CORNUET J M. Empirical evaluation of a test for identifying recently bottlenecked populations from allele frequency data [J]. *Conservation Biology*, 1998, 12(1): 228-237.
- [18] PIRY S, LUIKART G, CORNUET J M. Bottleneck: a computer program for detecting recent reductions in the effective population size using allele frequency data [J]. *Journal of Heredity*, 1999, 90: 502-503.
- [19] 李思发, 邹曙明. 欧美中华绒螯蟹源于中国长江水系中华绒螯蟹的证据 [J]. *水产学报*, 2002, 26(6): 493-497.
- [20] 邹曙明, 李思发. 中华绒螯蟹欧洲、美国的移植 [J]. *上海水产大学学报*, 2002, 11(4): 393-396.
- [21] STEPIEN C A, TAYLOR C D, DABROWSKA K A. Genetic variability and phylogeographical patterns of a nonindigenous species invasion: a comparison of exotic vs. native zebra and quagga mussel populations [J]. *Journal of Evolutionary Biology*, 2002, 15(2): 314-328.
- [22] AUSTERLITZ F, MARIETTE S, MACHON N, et al. Effects of colonization processes on genetic diversity: differences between annual plants and tree species [J]. *Genetics*, 2000, 154: 1309-1321.
- [23] WANG C H, LI S F, FU C Z, et al. Molecular genetic structure and evolution in native and colonized populations of the Chinese mitten crab, *Eriocheir sinensis* [J]. *Biological Invasions*, 2009, 11(2): 389-399.
- [24] INGLE R W, ANDREWS M J. Chinese mitten crab reappears in Britain [J]. *Nature*, 1976, 263: 638.
- [25] HERBORG L M, RUSHTON S P, CLARE A S, et al. The invasion of the Chinese mitten crab (*Eriocheir sinensis*) in the

- United Kingdom and its comparison to continental Europe [J]. *Biological Invasions*, 2005, 7: 959–968.
- [26] DLUGOSCH M K, PARKER M I. Founding events in species invasions: genetic variation, adaptive evolution, and the role of multiple introductions [J]. *Molecular Ecology*, 2008, 17 (1): 431–449.
- [27] PRENTIS P J, WILSON J R U, DORMONTT E E, et al. Adaptive evolution in invasive species [J]. *Trends in Plant Science*, 2008, 13(6): 288–294.
- [28] BAARRETT R H D, SCHLUTER D. Adaptation from standing genetic variation [J]. *TRENDS in Ecology and Evolution*, 2007, 23(1): 38–44.

Study on genetic variation and adaptive evolution from the native and colonized populations of Chinese mitten crab

CHENG Qi-xuan, ZHOU Lu, WANG Cheng-hui

(Key Laboratory of Freshwater Fishery Germplasm, Ministry of Agriculture, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China)

Abstract: Chinese mitten crab (*Eriocheir sinensis*) is a very importantly native species in China. However, this species had been introduced to Europe and North America and had posed great influences on invaded ecosystems because of their rapid expansion. In this study, genetic variation and diversity of the Chinese mitten crab from its native ranges (Yangtze and Yellow Rivers in China) and colonized regions (Elbe River in Germany, Rhine River in Netherlands, Thames River in UK and San Francisco Bay in USA) were investigated using twenty microsatellites loci. The results found that the native populations possess higher genetic diversity than the colonized populations, and significant genetic differentiation between the native and colonized populations, and among the colonized populations. Bayesian clustering analysis showed significant genetic cluster of the colonized population from the native populations, and also significant genetic variation between the North American and European populations. Principal component analysis (PCA) indicated the high level of genetic differentiation between the native and colonized populations. Bottleneck signal test showed that the Rhine River experienced significant bottleneck effect. The results indicated that adaptive evolution would have occurred in Chinese mitten carp during its colonized process.

Key words: Chinese mitten crab; microsatellite markers; genetic variation; adaptive evolution