

文章编号: 1674-5566(2013)03-0328-06

## 福建沿海葡萄牙牡蛎养殖群体遗传多样性的 AFLP 分析

巫旗生<sup>1,2</sup>, 宁岳<sup>1</sup>, 曾志南<sup>1</sup>, 王晓清<sup>2</sup>, 祁剑飞<sup>1</sup>, 马晓<sup>2</sup>, 林凤飞<sup>1</sup>

(1. 福建省水产研究所, 福建 厦门 361013; 2. 湖南农业大学 动物科学技术学院, 湖南 长沙 410128)

**摘要:** 应用 AFLP 方法对福建沿海葡萄牙牡蛎自然苗群体(福清、莆田、石狮、厦门)和人工苗群体(宁德、连江、石狮、诏安)进行了遗传多样性分析。采用 4 对选择性引物组合对 8 个养殖群体 239 个个体进行扩增, 共得到 331 个位点, 多态位点 233 个。8 个养殖群体的多态位点比例、Nei's 基因多样性指数和 Shannon 遗传多样性指数分别为 57.10%~69.54%, 0.196 7~0.249 2, 0.290 2~0.362 6。其中 4 个自然苗群体的多态位点比例、Nei's 基因多样性指数和 Shannon 遗传多样性指数均高于 4 个人工苗群体。遗传分化系数  $G_{st}$  及 AMOVA 分析表明, 8 个养殖群体的遗传变异主要来源于群体内个体间。UPGMA 聚类图及 PCA 聚类图分析表明, 人工苗群体和自然苗群体之间及人工苗群体内都存在一定的遗传分化, 而自然苗群体内所有个体基本是随机交叉聚类, 没有形成明显的类群分支。以上结果表明, 自然苗群体的遗传多样性高于人工苗群体, 群体间存在一定的遗传分化。

**研究亮点:** 采用 AFLP 方法首次对福建沿海葡萄牙牡蛎养殖群体进行遗传多样性分析; 较准确地计算出福建沿海葡萄牙牡蛎养殖群体具有较高的多态性, 人工苗群体较之自然苗群体的遗传多样性水平已呈现下降的趋势; 阐述了福建沿海葡萄牙牡蛎养殖群体的遗传变异主要来源于群体内; 未发现可区分自然苗和人工苗群体的遗传标记。

**关键词:** 扩增片段长度多态性; 葡萄牙牡蛎; 养殖群体; 遗传多样性; 遗传分化

**中图分类号:** S 917

**文献标志码:** A

牡蛎(oyster)又名蚝, 分类学上隶属于软体动物门(Mollusca), 双壳纲(Bivalvia), 珍珠贝目(Pterioidea), 牡蛎科(Ostreidae)。牡蛎在世界沿海国家几乎都有分布, 具有生长快、产量高等优点, 是世界沿海国家重要的海水养殖对象之一。牡蛎肉味鲜美, 具有较高的营养价值, 被誉为“海中牛奶”。

福建沿海葡萄牙牡蛎养殖面积和产量均位居全国之首。目前, 福建沿海葡萄牙牡蛎(*Crassostrea angulata*)苗种生产方式主要为人工育苗(人工苗)和自然海区半人工采苗(自然苗)。2010年, 福建沿海葡萄牙牡蛎养殖面积达到  $3.6 \times 10^4 \text{ hm}^2$ , 占全国牡蛎养殖面积的 30.89%; 养殖产量达到  $145.61 \times 10^4 \text{ t}$ , 占全国牡蛎产量的 39.97%<sup>[1]</sup>。随着福建葡萄牙牡蛎养殖规模的日

益扩大, 养殖葡萄牙牡蛎已显现出个体小、生长缓慢以及“水蛎”等经济性性状衰退现象, 经常出现养殖葡萄牙牡蛎大面积死亡, 严重影响到福建养殖葡萄牙牡蛎的产量和品质。然而, 福建沿海葡萄牙牡蛎的研究主要集中在种类鉴定方面<sup>[2-5]</sup>, 而有关遗传多样性的研究报道较少<sup>[5-6]</sup>。本研究利用 AFLP 方法分析福建沿海主要港湾葡萄牙牡蛎自然苗和人工苗养殖群体的遗传多样性水平和遗传结构, 可为了解其种质资源现状, 开展牡蛎的遗传育种研究和资源保护提供基础资料。

### 1 材料与方法

#### 1.1 试验材料

本试验选用的葡萄牙牡蛎分别取自福建沿

收稿日期: 2012-08-20 修回日期: 2013-01-31

基金项目: 现代农业产业技术体系建设专项(nyeytx-47); 国家科技基础条件平台(水产种质资源平台)和福建省科技计划项目基本科研专项(2009R10011-6)

作者简介: 巫旗生(1984—), 男, 研究实习员, 硕士, 研究方向为水产动物遗传育种。E-mail: 583036064@qq.com

通信作者: 曾志南, E-mail: xmzsn@sina.com

海的牡蛎主要养殖区,从北向南依次为宁德、连江、福清、莆田、石狮、厦门、诏安,以上采集的牡蛎均在浅海吊养并已达到上市规格(图1)。除了石狮自然苗群体为29个个体,其它群体均为30

个个体(表1)。样品运回实验室后,活体解剖取闭壳肌,置于-70℃超低温冰箱中保存,用于基因组DNA提取。

表1 用于试验分析的福建沿海葡萄牙牡蛎养殖群体

Tab.1 The information of cultivated *Crassostrea angulata* populations used in the study

群体	缩写	苗种来源	标本数	吊养海区	时间
宁德人工苗	ND	人工苗	30	三沙湾	2011-11
连江人工苗	LJ	人工苗	30	黄岐湾	2011-11
福清自然苗	FQ	自然苗	30	福清湾	2011-06
莆田自然苗	PT	自然苗	30	平海湾	2011-04
石狮人工苗	SSR	人工苗	30	深沪湾	2011-04
石狮自然苗	SSZ	自然苗	29	深沪湾	2011-04
厦门自然苗	XM	自然苗	30	同安湾	2011-04
诏安人工苗	ZA	人工苗	30	诏安湾	2011-04



图1 福建沿海葡萄牙牡蛎养殖群体采样点分布图  
Fig.1 Sampling sites of cultivated *Crassostrea angulata* populations along the coastline of Fujian

## 1.2 试验方法

### 1.2.1 基因组DNA提取

采用天根海洋动物组织DNA提取试剂盒,提取过程参照试剂盒说明书,使用紫外分光光度计检测DNA的浓度和纯度,选用吸光比值( $A_{260}/A_{280}$ )在1.8~2.0之间的基因组DNA,分装并于-20℃冻存备用。

### 1.2.2 AFLP试验方法

参照VOS等<sup>[7]</sup>的方法构建AFLP指纹图谱。试验采用的EcoRI内切酶、MseI内切酶、T4-DNA连接酶和Taq酶均为Fermentas公司产品,所用的接头、预扩增和选择性扩增引物均由上海美吉生

物公司合成(表2)。

表2 AFLP试验所用的接头、预扩增和选择性扩增引物序列

Tab.2 Sequences of adaptors, pre-amplification primers and second amplification primers used in AFLP analysis

引物	序列
1. 接头	
EcoRI adaptor	5'-CTCGTAGACTGCGTACC-3' 5'-AATTGGTACGCAGTCTAC-3'
MseI adaptor	5'-GACGATGAGTCCTGAG-3' 5'-TACTCAGGACTCAT-3'
2. 预扩增引物	
EcoRI	5'-GACTGCGTACCAATTCA-3'
MseI	5'-GATGAGTCTGACTAAC-3'
3. 选择性扩增引物	
E-ACG/ M-CAC	5'-GACTGCGTACCAATTCAGC-3' 5'-GATGAGTCTGACTAACAC-3'
E-AGC/ M-CAT	5'-GACTGCGTACCAATTCAGC-3' 5'-GATGAGTCTGACTAACAT-3'
E-ACT/ M-CTC	5'-GACTGCGTACCAATTCAC-3' 5'-GATGAGTCTGACTAAC-3'
E-ACC/ M-CTT	5'-GACTGCGTACCAATTCACC-3' 5'-GATGAGTCTGACTAAC-3'

### 1.2.3 数据统计与分析

选取测序胶电泳的AFLP指纹图谱中清晰且一致性较强的条带进行统计分析,有条带的记为1,没有条带的记为0,将AFLP指纹图谱转化成由1和0构成的数字矩阵。用POPGENE 1.32软件<sup>[8]</sup>计算获得的扩增片段总数、多态性位点数及其比例、Nei's<sup>[9]</sup>遗传距离和遗传相似系数、遗传多样性指数等。利用GENALEX 6软件<sup>[10]</sup>进行AMOVA及PCA分析。根据群体间遗传距离,用

MEGA 5.05 软件以 UPGMA 法构建出群体间的系统进化树。

## 2 结果

### 2.1 8 个养殖群体的 AFLP 扩增结果

选取大小位于 50 ~ 500 bp 之间的清晰可辨、可重复性的条带进行分析,如图 2。4 对引物组合共扩增出 331 个位点,平均 82.75 个,结果如表 3 所示。其中,98 个位点(29.61%)为 8 个群体共有,233 个(70.39%)为多态性位点。每对引物组合扩增的位点数为 64 ~ 114 个,多态位点比例为 61.40% ~ 78.75% 不等。其中,E-ACG/ M-CAC 扩增位点总数最多为 114 个,E-AGC/ M-CAT 多态位点比例最高为 78.75%;E-ACC/ M-CTT 扩增位点总数最少为 64 个,E-ACG/ M-CAC 多态位点比例最低为 61.40%。

### 2.2 8 个养殖群体的遗传多样性及遗传分化

8 个养殖群体内的多态位点比例、Nei's 基因多样性指数和 Shannon 多样性指数如表 4 所示,在 8 个养殖群体中,厦门自然苗群体(XM)的多态位点比例最高(69.54%),诏安人工苗群体(ZA)的多态位点比例最低(57.10%);从 Nei's 基因多样性指数来看,石狮自然苗群体(SSZ)最大(0.249 2),宁德人工苗群体(ND)最小(0.196 7);群体内的 Shannon 多样性指数和 Nei's 基因多样性指数变化趋势相同,石狮自然苗群体(SSZ)最大(0.362 6),宁德人工苗群体(ND)最小(0.290 2)。在多态位点比例、Nei's

基因多样性指数和 Shannon 多样性指数上,自然苗群体(67.93% ~ 69.54%, 0.236 4 ~ 0.249 2, 0.347 2 ~ 0.362 6)均高于人工苗群体(57.10% ~ 60.36%, 0.196 7 ~ 0.233 3, 0.290 2 ~ 0.331 9)。

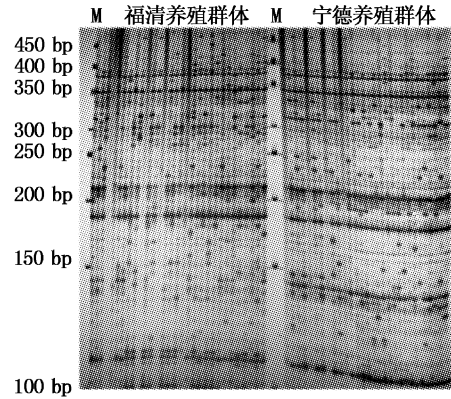


图 2 E-ACG/ M-CAC 引物组合扩增福清和宁德养殖群体得到的 AFLP 指纹图谱

Fig.2 AFLP bands patterns generated by primer combinations E-ACG/ M-CAC in Fuqing and Ningde populations

表 3 4 对 AFLP 引物组合的扩增结果

Tab.3 Amplification results of generated four AFLP primer combinations

引物组合	总扩增位点数	总多态位点数	多态位点比例/%
E-ACG/M-CAC	114	70	61.40
E-AGC/M-CAT	80	63	78.75
E-ACT/M-CTC	73	52	71.23
E-ACC/M-CTT	64	48	75.00
合计	331	233	70.39

表 4 福建沿海葡萄牙牡蛎 8 个养殖群体的遗传学参数

Tab.4 Parameters of genetic diversity of eight cultivated *Crassostrea angulata* populations along the coastline of Fujian

群体	多态位点比例/%	Nei's 基因多样性指数	Shannon 多样性指数	遗传分化系数( $G_{st}$ )	基因流( $N_m$ )
ND	59.21	0.196 7	0.290 2	-	-
LJ	60.36	0.211 8	0.307 1	-	-
SSR	58.61	0.233 3	0.331 9	-	-
ZA	57.10	0.224 5	0.320 5	-	-
FQ	67.93	0.242 2	0.354 1	-	-
PT	69.18	0.236 4	0.347 2	-	-
SSZ	68.88	0.249 2	0.362 6	-	-
XM	69.54	0.245 4	0.357 5	-	-
8 个群体	70.39	0.255 5	0.380 1	0.100 3	4.487 0

8 个养殖群体间的遗传分化系数  $G_{st}$  为 0.100 3,基因流为 4.487 0,估算来自两个群体间的遗传变异为 10.03%,而 89.97% 的遗传变异来源于群体内不同个体之间。由表 5 结果可知,

分子方差分析(AMOVA)得出 85.39% 的遗传变异来自群体内,仅有 14.61% 的遗传变异存在于群体间,表明葡萄牙牡蛎 8 个养殖群体之间的遗传变异较小,遗传变异主要来自群体内个体间。

### 2.3 8 个养殖群体的遗传距离及聚类分析

根据 8 个养殖群体的遗传距离(表 6),利用 MEGA 5.05 软件以 UPGMA 法进行聚类分析,结果见图 3。从 UPGMA 聚类图可以看出,8 个养殖群体首先分为人工苗群体(ND、LJ、SSR、ZA)和自然苗群体(FQ、PT、SSZ、XM)2 支,之后人工苗群体分为 2 支(ND 和 LJ,SSR 和 ZA),自然苗群体

分为 2 支(FQ 和 PT,SSZ 和 XM)。主坐标分析(PCA)结果表明,第一主坐标(coord.1)占全部变异的 46.06%,第二主坐标(coord.2)占 12.02%,共占全部变异的 58.08%。从 PCA 聚类图(图 4)可以看出,8 个养殖群体可以明显分为两群,即自然苗群体(I)和人工苗群体(II)。

表 5 福建沿海葡萄牙牡蛎 8 个养殖群体的 AMOVA 分析

Tab.5 Analysis of AMOVA in eight cultivated *Crassostrea angulata* populations along the coastline of Fujian

变异来源	自由度 <i>df</i>	方差总和	变异组分	所占比例
群体间	7	1 226.422 4	7.215 3	14.61%
群体内	231	9 743.293 1	42.178 8	85.39%
总和	238	10 969.715 5	49.394 1	100%

表 6 福建沿海葡萄牙牡蛎 8 个养殖群体的遗传距离(下三角)

Tab.6 Genetic distance(below diagonal) of eight cultivated *Crassostrea angulata* populations along the coastline of Fujian

	ND	LJ	SSR	ZA	FQ	PT	SSZ	XM
ND	-							
LJ	0.016 0	-						
SSR	0.024 7	0.013 5	-					
ZA	0.021 5	0.014 5	0.007 9	-				
FQ	0.046 1	0.056 1	0.068 7	0.066 7	-			
PT	0.042 1	0.050 7	0.063 3	0.062 2	0.005 1	-		
SSZ	0.046 0	0.054 7	0.065 4	0.064 3	0.004 6	0.006 0	-	
XM	0.047 4	0.055 9	0.065 2	0.065 1	0.005 7	0.007 7	0.005 3	-

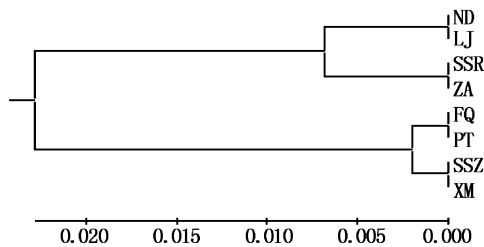


图 3 福建沿海葡萄牙牡蛎 8 个养殖群体构建的 UPGMA 系统进化树

Fig.3 The phylogeny tree of eight cultivated *Crassostrea angulata* populations with UPGMA

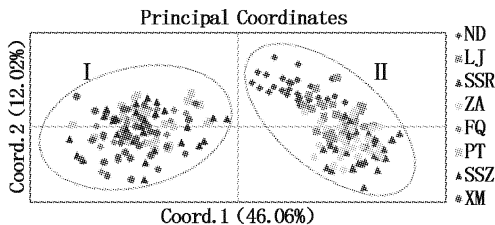


图 4 福建沿海葡萄牙牡蛎 8 个养殖群体构建的 PCA 聚类图

Fig.4 PCA dendrogram of eight cultivated *Crassostrea angulata* populations along the coastline of Fujian

### 3 讨论

早在 20 世纪 80 年代初,福建就已开展牡蛎

的引种、养殖及人工育苗等方面的研究工作,养殖牡蛎经过长期的人工选育,是否还能够保持优良的遗传性状,是否面临遗传瓶颈、近交衰退等潜在危害,尚需对其进行遗传多样性研究<sup>[11]</sup>。目前,有关牡蛎群体遗传多样性研究主要采用 RAPD<sup>[12-16]</sup>、AFLP<sup>[17-19]</sup>、SSR<sup>[20-24]</sup> 等方法。AFLP 标记技术已广泛应用于水产动物遗传多样性研究<sup>[25-26]</sup>,其多态位点比例和遗传学参数为衡量鱼类群体遗传多样性、群体间亲缘关系与遗传距离等,可以提供有效的比较和判别尺度<sup>[27]</sup>。

本研究采用 4 对引物在 8 个葡萄牙牡蛎养殖群体中共扩增出 331 个位点,233 个为多态性位点,多态位点比例为 70.39%,低于湛江和阳江的近江牡蛎(*Crassostrea rivularis*)野生群体(89.57%~89.62%)<sup>[15]</sup>、海南三亚牡蛎养殖群体(93.85%)和野生群体(100%)<sup>[19]</sup>,与美洲牡蛎(*Crassostrea virginica*)养殖群体(62%~74%)<sup>[16]</sup>相似,这与研究方法及研究种类的不同有关。人工苗群体(ND、LJ、SSR、ZA)在多态位点比例、Nei's 基因多样性指数及 Shannon 遗传多样性指数上均低于自然苗群体(FQ、PT、SSZ、

XM),这与史兼华等<sup>[28]</sup>对马氏珠母贝(*Pinctada martensii*)、赫崇波等<sup>[29]</sup>对文蛤(*Meretrix meretrix*)的研究结果相似。表明经过30多年养殖的人工干预,人工苗群体的遗传多样性水平已有下降趋势。福建沿海大多数牡蛎育苗场在育苗过程中,往往从单一群体中挑选较少的亲贝,且亲贝品质良莠不齐,增加了近交衰退影响的可能性,导致人工苗群体的遗传多样性降低。

从遗传变异的分布来看,通过对养殖群体的遗传分化系数 $G_{st}$ 和群体间的分子方差分析(AMOVA),表明葡萄牙牡蛎8个养殖群体的遗传变异主要来自于群体内个体间,基因流 $N_m$ (4.487 0)显示8个养殖群体间存在一定的基因交流,这与丁君等<sup>[30]</sup>对虾夷扇贝(*Patinopecten yessoensis*)、李宁等<sup>[31]</sup>对栉孔扇贝(*Chlamys farreri*)的研究结果相似。WRIGHT<sup>[32]</sup>认为遗传分化系数在0.05~0.15之间,表明群体之间的遗传分化处于中等程度。本研究所得8个养殖群体间的 $G_{st}$ 为0.100 3,AMOVA分析结果进一步表明8个养殖群体间发生了一定程度的遗传分化。从遗传距离可以看出,不论是人工苗群体还是自然苗群体,群体间的遗传差异普遍偏小。UPGMA聚类图显示人工苗群体和自然苗群体之间存在着分化现象,PCA分析进一步佐证结果,这可能是人工苗群体经过长期的人工干预,未能及时从野生群体中选取亲本来改善群体的遗传信息。4个人工苗群体之间存在着一定的遗传分化,说明宁德、连江、漳浦和诏安的牡蛎育苗场之间的亲本交流较少,不同养殖区之间苗种调运也不频繁。4个自然苗采苗海区福清湾、平海湾、深沪湾和同安湾之间的地理位置间隔很近,加之牡蛎在浮游幼体时期具有较强的扩散能力<sup>[33]</sup>,因此不同采苗海区之间的个体相互交流,存在着较大的基因流。这可能是导致4个采苗海区的群体之间遗传差异减小,群体间地理特征模糊化,遗传多样性处于同一水平的主要原因。

为促进福建沿海牡蛎养殖业健康、高效、可持续发展,保持牡蛎养殖群体优良性状,防止人工选育中遗传瓶颈、近交衰退等潜在危害的产生,在人工育苗过程中,必须确保足够的亲本数量及亲本品质。此外,还应加强对牡蛎野生群体种质资源的保护,建立原种场和保护区,避免野生群体种质资源受到污染,确保野生群体处于较

高的遗传多样性水平。

#### 参考文献:

- [1] 农业部渔业局. 中国渔业年鉴[M]. 北京: 中国农业出版社, 2011.
- [2] 张玺, 楼子康. 中国牡蛎的研究[J]. 动物学报, 1956, 8(1): 65-94.
- [3] 叶希珠, 黄美华, 郑美丽, 等. 厦门附近的牡蛎(蛸)[J]. 厦门大学学报: 自然科学版, 1954(3): 57-80.
- [4] 杜玄, 郭希明, 钱鲁闽. 福建沿海巨蛸属牡蛎的主要种类及其分布[J]. 台湾海峡, 2009, 28(3): 399-404.
- [5] 巫旗生. 福建沿海主要养殖牡蛎种类及其遗传多样性研究[D]. 长沙: 湖南农业大学, 2012.
- [6] 陈曦, 黄勤, 江锦祥, 等. 福建太平洋牡蛎种群微卫星DNA分析[J]. 台湾海峡, 2007, 26(4): 548-554.
- [7] VOS P, HOGER R, BLEEKER M, et al. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting [J]. Nucleic Acids Research, 1995, 23(21): 4407-4414.
- [8] YE H F C, YANG R, BOYLE T J, et al. POPGENE 32, microsoft windows-based freeware for population genetic analysis, version 1.32 [CP/CD]. Edmonton: University of Alberta, 2000.
- [9] NEI M, LI W. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1979, 76(10): 5269-5273.
- [10] PEAKALL R, SMOUSE P. GENALEX 6: genetic analysis in excel population genetic software for teaching and research [J]. Molecular Ecology Notes, 2006, 6(1): 288-295.
- [11] 杨瑞堂. 福建牡蛎养殖古今考[J]. 科学养鱼, 1988(3): 30.
- [12] FUTOSHI A, TAKANE O. Genetic relationship between cultured populations of Pacific oyster revealed by RAPD analysis [J]. Journal of Applied Genetics, 2004, 45(4): 435-443.
- [13] KLINBUNGA S, AMPAYUP P, TASSANAKAJON A, et al. Development of species-specific markers of the tropical oyster (*Crassostrea belcheri*) in Thailand [J]. Marine Biotechnology, 2000, 2(5): 476-484.
- [14] 刘必谦, 戴继勋. 巨蛸属牡蛎遗传多样性研究[J]. 水产学报, 1998, 22(3): 193-198.
- [15] 杨叶欣, 王庆恒, 杜晓东, 等. 近江牡蛎两个野生种群的遗传多样性分析[J]. 广东海洋大学学报, 2009, 29(6): 16-22.
- [16] HIRSCHFELD B M, DHAR A K, RASK K, et al. Genetic diversity in the eastern oyster (*Crassostrea virginica*) from Massachusetts using the RAPD technique [J]. Journal of Shellfish Research, 1999, 18(1): 121-125.
- [17] LI L, GUO X M. AFLP-Based genetic linkage maps of the Pacific oyster *Crassostrea gigas* Thunberg [J]. Marine Biotechnology, 2004, 6(1): 26-36.
- [18] YU Z N, GUO X M. Genetic linkage map of the eastern

- oyster Crassostrea virginica* Gmelin[J]. The Biological Bulletin, 2003, 204(3): 327-338.
- [19] 高晓辉,王春生,吴月红,等. 基于 AFLP 技术的海南三亚野生和养殖牡蛎遗传多样性研究[J]. 海洋学研究, 2012, 30(1): 1-10.
- [20] LI G, HUBERT S, BUCKLIN K, et al. Characterization of 79 microsatellite DNA markers in the Pacific oyster *Crassostrea gigas* [J]. Molecular Ecology Notes, 2003, 3(2): 228-232.
- [21] WANG Y, REN R, YU Z. Bioinformatic mining of EST-SSR loci in the Pacific oyster, *Crassostrea gigas* [J]. Animal Genetics, 2008, 39(3): 287-289.
- [22] WANG Y P, SHI Y H, GUO X M. Identification and characterization of 66 EST-SSR markers in the eastern oyster *Crassostrea virginica* (Gmelin) [J]. Journal of Shellfish Research, 2009, 28(2): 227-234.
- [23] YU H, LI Q. EST-SSR markers from the Pacific oyster, *Crassostrea gigas* [J]. Molecular Ecology Notes, 2007, 7(5): 860-862.
- [24] WANG Y P, GUO X M. Development and characterization of EST-SSR markers in the eastern oyster *Crassostrea virginica* [J]. Marine Biotechnology, 2007, 9(4): 500-511.
- [25] 王豪杰,蔡生力,叶斐菲,等. 4 个不同世代凡纳滨对虾群体 AFLP 遗传多样性分析[J]. 上海海洋大学学报, 2010, 19(6): 739-743.
- [26] 彭志兰,柳敏海,傅荣兵,等. 舟山鲷鱼群体遗传多样性的 AFLP 研究[J]. 上海海洋大学学报, 2010, 19(2): 172-177.
- [27] WANG Z, JAYASANKAR P, KHOO S K, et al. AFLP fingerprinting reveals genetic variability in common carp stocks from Indonesia [J]. Asian Fisheries Science, 2000, (13): 139-147.
- [28] 史兼华,何毛贤,黄良民,等. 马氏珠母贝选育系遗传变异的 AFLP 分析[J]. 高技术通讯, 2006, 16(5): 534-538.
- [29] 赫崇波,丛林林,葛陇利,等. 文蛤养殖群体和野生群体遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 中国水产科学, 2008, 15(2): 215-221.
- [30] 丁君,王婷,常亚青,等. 基于 AFLP 技术的不同群体虾夷扇贝遗传结构及多样性研究[J]. 烟台大学学报: 自然科学与工程版, 2010, 23(1): 47-53.
- [31] 李宁,程洁,孙鲁阳,等. 中国北方沿海 6 个栉孔扇贝群体的 AFLP 分析[J]. 中国海洋大学学报: 自然科学版, 2010, 40(4): 38-42.
- [32] WRIGHT S. The genetical structure of populations [J]. Annals of Eugenics, 1951, (15): 323-334.
- [33] HEWITT G M. The genetic legacy of the Quaternary ice ages [J]. Nature, 2000, 405: 907-913.

## Genetic diversity analysis of cultivated *Crassostrea angulata* populations along the coastline of Fujian by AFLP

WU Qi-sheng<sup>1,2</sup>, NING Yue<sup>1</sup>, ZENG Zhi-nan<sup>1</sup>, WANG Xiao-qing<sup>2</sup>, QI Jian-fei<sup>1</sup>, MA Xiao<sup>2</sup>, LIN Feng-fei<sup>1</sup>  
(1. Fisheries Research Institute of Fujian, Xiamen 361013, Fujian, China; 2. College of Animal Science and Technology, Hunan Agricultural University, Changsha 410128, Hunan, China)

**Abstract:** Genetic diversity of cultivated *Crassostrea angulata* in coastal sea of Fujian was analyzed by amplified fragment length polymorphism (AFLP). A total of 331 loci reproducible bands amplified with four AFLP primer combinations were assessed from 239 individuals in the eight domestic populations including four natural seeding cultivated populations and four artificial breeding populations, of which 233 (70.39%) were polymorphic. The proportion of polymorphic loci, the Nei's gene diversity and Shannon's Information Index of 8 cultivated populations were 57.10% - 69.54%, 0.1967 - 0.2492, 0.2902 - 0.3626, respectively. Gst value and the AMOVA analysis indicated that the genetic variation mainly came from different individuals within the population. Cluster analysis based on UPGMA and PCA showed that genetic variation occurred within groups for each population, and there was no distinct boundary within the four natural seeding populations. Results showed that the genetic diversity of natural seeding cultivated populations had higher genetic diversity compared with artificial breeding cultivated populations, and a certain degree of genetic differentiation among populations was observed.

**Key words:** AFLP; *Crassostrea angulata*; cultivated populations; genetic diversity; genetic differentiation