

魁蚶 4 个地理群体遗传多样性微卫星分析

田吉腾^{1,2} 刘志鸿^{1*} 杨爱国¹ 吴彪¹ 周丽青¹

(¹ 农业部海洋渔业可持续发展重点实验室 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 青岛 266071)

(² 上海海洋大学水产与生命学院, 201306)

摘 要 利用多态性好的 20 对微卫星引物, 对中国日照、黄岛、蓬莱和韩国的 4 个魁蚶地理群体进行了遗传多样性分析。结果显示, 20 个位点在 4 个群体中的等位基因数为 3~17, 平均等位基因数为 8.35, 平均有效等位基因数为 6.230 6; 观测杂合度(H_o)为 0.466 7~0.966 7; 期望杂合度(H_e)为 0.619 8~0.931 8; 多态信息含量(PIC)为 0.530 1~0.909 3, 表现出高的遗传多样性水平。4 个群体间的遗传分化指数(F_{st}) 在 0.013 2~0.031 4 之间, 呈现出较低的遗传分化。群体间的遗传距离在 0.125 5~0.245 8 之间; 通过构建 UPGMA 聚类树, 显示日照群体和黄岛群体最先聚类, 再与蓬莱群体聚类, 最后与韩国群体聚类, 说明中国群体与韩国群体亲缘关系较远。

关键词 魁蚶 微卫星 地理群体 遗传多样性

中图分类号 Q953 **文献标识码** A **文章编号** 1000-7075(2013)06-0059-09

Microsatellite analysis of genetic diversity in four geographic populations of *Scapharca broughtonii*

TIAN Ji-teng^{1,2} LIU Zhi-hong^{1*} YANG Ai-guo¹ WU Biao¹ ZHOU Li-qing¹

(¹ Key Laboratory of Sustainable Development of Marine Fisheries, Ministry of Agriculture, Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071)

(² College of Fisheries and Life Sciences, Shanghai Ocean University, 201306)

ABSTRACT Genetic diversity in four geographic populations of *Scapharca broughtonii* from Rizhao, Huangdao, Penglai, and Korea was analyzed using twenty SSR with high polymorphism obtained in our laboratory. Results showed that the number of alleles obtained from different populations ranged in 3-17. The average number of alleles and effective alleles were 8.35 and 6.230 6, respectively. The observed heterozygosity(H_o) and the expected heterozygosity(H_e) ranged in 0.466 7-0.966 7 and 0.619 8-0.931 8, respectively. The polymorphism information content(PIC) ranged in 0.530 1-0.909 3, indicating a high level of genetic diversity in these populations. The genetic differentiation index (F_{st}) of the four geographic populations ranged in 0.013 2-0.031 4, revealing a low level of genetic differentiation among them. The genetic distances among populations ranged in 0.125 5-0.245 8. The UPGMA tree indicated that

国家科技基础条件平台项目“黄渤海区水生生物种质资源标准化整理、整合与共享”、山东省科技发展计划项目(2010GHY10513)和中央级公益科研院所基本科研业务费项目(2010-ts-07)共同资助

* 通讯作者。E-mail: liuzh@ysfri.ac.cn

收稿日期: 2012-05-02; 接受日期: 2012-07-24

作者简介: 田吉腾(1986-), 男, 硕士, 主要从事海洋生物种质资源与遗传育种的研究。E-mail: 0708jixiang@163.com

Rizhao and Huangdao populations clustered first, then clustered with Penglai population, and further clustered with the Korean population, indicating that the Korean population was the farthest relative of the Chinese populations. The information of population structure obtained in this work would be helpful for the genetic breeding and conservation of *S. broughtonii*.

KEY WORDS *Scapharca broughtonii* Microsatellite Geographic populations Genetic diversity

魁蚶 *Scapharca broughtonii* 隶属于软体动物门、瓣鳃纲、翼足亚纲、蚶目、蚶科、蚶属, 俗称大毛蛤、赤贝、血贝等, 主要分布于中国、日本、朝鲜半岛及俄罗斯东南部沿海。我国以黄海北部、山东及辽宁沿海分布较多, 山东文登、威海、石岛, 河北塘沽和辽宁大连及丹东地区沿海等地也有一定产量; 栖息环境多在 3~50m 水深处, 是一种营埋栖生活的冷水性大型双壳贝类, 喜软泥质或泥砂质海底(王如才等 2002)。魁蚶是一种颇受人们欢迎的贝类海珍品, 其肉味鲜美, 营养丰富, 鲜食或干食均可; 其鲜肉和冷冻肉则多加工为蝴蝶状, 具有很高的经济价值, 是我国重要的出口水产品之一(魏利平等 1995); 魁蚶肉可以加工成干制品泡发后食用, 蚶壳(又称瓦楞子)可以入药。魁蚶是优良的水产养殖品种, 国家为加强自然资源的保护, 保证其品系质量, 于 2005 年在山东省荣成市设立了国家级魁蚶良种场(张启刚等 2007)。

遗传标记是遗传育种研究的重要手段, 微卫星分子标记具有多态性丰富、重复性好、共显性等特点, 广泛地应用于水产动物的种质资源鉴定、遗传多样性分析、遗传连锁图谱构建(秦艳杰等 2007; 赵文等 2011; 王玲玲等 2005)等研究领域中, 为科研工作者提供了有效和实用的遗传育种辅助工具。近年来, 微卫星标记技术已应用于多种经济贝类的群体遗传多样性分析, 如皱纹盘鲍 *Haliotis discus hannai* (李莉等 2006; 束靖等 2008)、栉孔扇贝 *Chlamys farreri* (战爱斌 2007)、长牡蛎 *Crassostrea gigas* (Yu *et al.* 2007)、文蛤 *Meretrix meretrix* (朱东丽等 2012)等。目前, 喻子牛等(1998)采用水平淀粉凝胶电泳技术、Cho 等(2007)采用 COI 基因序列分析、梁超等(2010)采用 RAPD 技术分别对魁蚶不同地理种群遗传结构进行了报道, 尚未见使用微卫星标记分析魁蚶遗传多样性的报道。本研究采用 20 对微卫星引物对魁蚶 4 个地理群体的遗传多样性进行了相关分析, 以期对魁蚶人工选择育种及新品种培育提供遗传学资料, 为种质资源保护及合理开发应用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 样品来源

本研究所用魁蚶地理群体样品分别取自山东日照(2007 年 10 月)、黄岛(2007 年 8 月)、蓬莱(2007 年 8 月)和韩国(2011 年 7 月)海域, 数量分别为 36、38、31、33 个, 解剖取其斧足, 分装后置于 -80℃ 超低温冰箱保存。

1.2 DNA 提取

每个群体随机选取 30 个样品采用常规的苯酚-氯仿法(Sambrook *et al.* 2001)提取斧足肌肉组织 DNA, 加入 50 μ l 无菌水溶解, 琼脂糖凝胶电泳检测纯度及核酸定量仪测定浓度后, -20℃ 保存备用。

1.3 微卫星引物

运用 Primer Premier 5.0 和 Fast PCR 5.4 软件, 对魁蚶 208 条微卫星序列进行引物设计, 共设计出微卫星引物 140 对, 筛选多态性好且能扩增出清晰条带的 20 对微卫星引物用于本研究, 引物基本特征和主要遗传参数详见表 1。

表 1 20 对微卫星引物的特征

Table 1 Characteristics of 20 pairs of microsatellite primers

位点 Locus	引物序列 Primer sequence(5'-3')	基因大小范围 Size range(bp)	重复序列 Repeat motif	退火温度 T _a (°C)	注册号 Accession No.
KH-1	F:CGTAGAGTTGTTCATGAATGGT R:GGACGTTGCTTGCTATTTAAG	214~253	(GT) ₁₇	57	JN682059
KH-3	F:TCAACGATTTTCGCAAACCT R:GTCTTGACACCCCGCATT	293~341	(TC) ₁₁ (TG) ₁₈	55	JN682061
KH-5	F: ATCAGTGCCTCTCATCAAAC R:CATAGGTTACCGTTAGTCATCG	190~285	(CT) ₁₁ ... (TC) ₁₀ , (TC) ₇ , (TC) ₁₁ , (TC) ₁₀	60	JN682063
KH-8	F: ACCGTGTCATTTGGCTTAG R: AGTGGGTCAAGGCTTTCTAT	414~453	(GT) ₁₀ T(TG) ₇	56	JN682068
KH-16	F: TGTAGCTTGTCTTAATTGCCG R: TGGTTCCGTATTTGATGGGT	286~314	(CA) ₁₇	61	JN682074
KH-20	F:GGTCAAAAAGGGACCTAAATCG R:TCTCTCTCAGAAATACAACCTTTGG	155~211	(AG) ₁₂	61	JN682079
KH-23	F: GGTGTTGGTAAACAAGTCAGG R: GTTGGGATGTATGGTCAGTG	162~187	(AC) ₁₁	56	JN682082
KH-26	F: ATGTGCGCTTGAACAGAAATCT R: ATGTCTCGTAAGCGAAAAGG	241~273	(A) ₈ (AC) ₇	48	JN682086
KH-27	F: CATATGTCAACTCTATTGGGTG R: ATCTGTGAAGGTCAAAATGC	138~156	(GT) ₈	56	JN682087
KH-28	F: GCAACCGTTTATTAAGTGTG R: CAACAACGAAAACCAGATC	240~294	(AC) ₁₈	56	JN682088
KH-31	F: TGTTCTGTGACGTCATGCTGTT R: AGCAGACGAAAACCTCTGGTTGA	400~440	(TC) ₂₂	63	JN682091
KH-32	F: GGGATCACATCAGTCAGTAGC R: ATGTAGATAGTGCAGTCTCGTT	196~246	(CT) ₁₂	59	JN682093
KH-41	F: CGCATTGCAGACGTTCTTTTCAT R: TCGTCAGCTTTTGAACAACTTTTCG	358~392	(CA) ₆ T(AC) ₅ (CCA) ₂	56	JN682102
KH-42	F: TCCTAATGTTACCTGACACTACTTC R: ATGGTTCTCACTAAAATCTGCC	235~279	(GA) ₁₄	56	JN682103
KH-43	F: TGTAACAGAGTTGTCTGCTCTT R: TATAAGCGTTAGGAACCAGCG	236~271	(GT) ₁₄	56	JN682104
KH-44	F: GCAGCTTGATTCATTGTTCTAC R: GCACCCAGTGATTATTTCTAT	234~278	(TTA) ₃ (T) ₅	56	JN682105
KH-45	F:CTGAAACGCTGTTTATCATCTGTCG R: ACCATTACGCACCACTTTCTGT	192~245	(AG) ₁₅	56	JN682106
KH-56	F: AGCGTTTTGTCCATTTGGGGAT R: GCATCGGGGACAGGTAATCT	282~324	(GA) ₅ (AG) ₁₃ AA(AG) ₉	56	JN682116
KH-88	F: ATCTGCACTTTGACACGACA R: TGCATTTCACTCGCAATCTCT	213~261	(GA) ₁₂	61	JN682169
KH-95	F: ACTTTGACACGACACACAG R: GTGCATTTCACTCGCAATCTCTT	211~245	(GA) ₁₂	61	JN682177

1.4 PCR 反应

采用 25 μ l PCR 反应体系对微卫星序列进行扩增,其中基因组 DNA 2 μ l (50ng/ μ l),10 μ mol/L 引物 2 μ l,10 \times PCR Buffer 2 μ l,2.5mmol/L dNTP 1.6 μ l,25mmol/L Mg²⁺ 1.2 μ l,宝生物(TaKaRa) *Taq*(5U/ μ l) 0.2 μ l,加 ddH₂O 补至 25 μ l。反应程序为:94 $^{\circ}$ C 预变性 4 min;94 $^{\circ}$ C 变性 45 s,每对引物相应温度退火 1 min,72 $^{\circ}$ C 延伸 45 s,30 个循环;72 $^{\circ}$ C 延伸 8 min;4 $^{\circ}$ C 保存。PCR 扩增产物用 8% 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳进行检测,硝酸银染色,晾干拍照保存。

1.5 数据分析

根据条带位置确定基因型,利用 PopGene(Version 3.2)、Genepop V4 等软件进行群体遗传分析,计算各位点的等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、观测杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e)、Hardy-Weinberg 平衡 χ^2 检验概率值(P)、遗传相似性指数(I)、Nei's 遗传距离(Genetic distance, D)。参照 Botstein 等(1980)的方法计算多态性信息含量(PIC)。

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^m P_i^2 \sum_{j=i+1}^{m-1} \sum_{j=i+1}^m P_j^2 P_j^2$$

式中, P_i 、 P_j 分别为群体中第 i 个、第 j 个等位基因频率, m 为等位基因数。

使用 Fstat 2.9.3 软件计算群体间的遗传分化指数 F_{st} 。使用 MEGA 4.0 软件,根据 4 个群体的遗传距离采用 UPGMA 方法构建聚类树。

2 结果与分析

2.1 遗传多样性分析

20 对微卫星引物在 4 个地理魁蚶群体中均得到了较好的扩增,如图 1 为 KH-31 引物在 4 个群体中的扩增情况。

20 个位点在 4 个魁蚶群体中的等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、观测杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e) 和多态信息含量(PIC)等参数详见表 2。其中,等位基因数为 3~17,平均数目为 8.35 个;有效等位基因数为 2.560 5~11.789 5,平均值为 6.230 6;观测杂合度为 0.466 7~0.966 7,平均值为 0.787 4;期望杂合度为 0.619 8~0.931 8,平均值为 0.840 7;多态信息含量(PIC)为 0.530 1~0.909 3,平均值为 0.803 5。各群体的平均观测杂合度为 0.703 9~0.826 5,平均期望杂合度(H_e)为 0.833 3~0.852 4;平均多态信息含量为 0.795 5~0.817 7>0.50,呈高度多态性,可有效进行后续分析。

2.2 Hardy-Weinberg 平衡分析

利用基于马尔夫链模型(Markov chain method)的 Hardy-Weinberg 无偏估测对 4 个群体中各个位点的基因平衡状态进行检验,所得 P 值见表 3。位点 KH-26 在各群体中均显著和极显著偏离 Hardy-Weinberg 平衡,部分位点分别在不同群体中出现显著或极显著偏离,其中韩国群体总体上出现的偏离现象较多,说明了其杂合子缺失程度要比中国群体的高。遗传偏离指数 D 值大部分为负,表明各位点在 4 个群体中均存在不同程度的

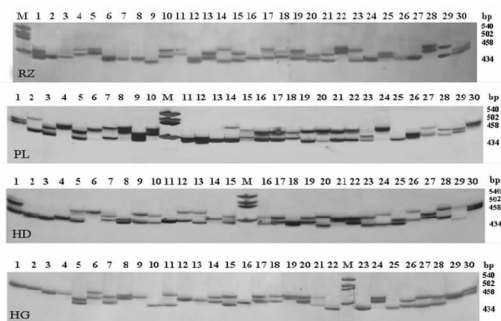


图 1 位点 KH-31(JN682091)在魁蚶 4 个地理群体中的扩增情况

Fig. 1 Amplification result of locus KH-31(JN682091) in four geographic populations of *S. broughtonii*

表 2 魁蚶 4 个群体在 20 个微卫星位点的等位基因数、有效等位基因数、
观测杂合度、期望杂合度、多态信息含量

表 3 魁蚶 4 个地理群体各位点的 χ^2 显著性检验 P 值、遗传偏离指数(D)及基因流(Nm)

杂合子缺失。 N_m 值的范围介于 2.915 2~16.336 2 之间, $N_m > 1$, 说明种群间存在一定的基因流动, 遗传变异主要来自于群体内。

2.3 群体遗传分化分析

由表 4 可以看出, 4 个群体各位点上群体间遗传分化指数 F_{st} 为 0.013 2~0.031 4, HD-HG 群体分化最大(0.031 4), RZ-HD 群体分化最小(0.013 2)。4 个群体的遗传分化指数均小于 0.05, 表明各群体间的遗传分化为低度分化。

表 4 魁蚶 4 个地理群体之间的遗传分化指数(F_{st})

Table 4 Coefficient of gene differentiation (F_{st}) in four geographic populations of *S. broughtonii*

群体 Population	日照 RZ	黄岛 HD	蓬莱 PL	韩国 HG
日照 RZ	—			
黄岛 HD	0.013 2	—		
蓬莱 PL	0.015 9	0.029 2	—	
韩国 HG	0.025 3	0.031 4	0.028 5	—

根据 Nei's(1972)标准计算 4 个群体间的遗传距离和遗传相似性指数(表 5), 结果显示, 魁蚶 4 个地理群体遗传距离为 0.125 5~0.245 8, 遗传相似性指数为 0.782 1~0.882 0。其中, 日照群体和黄岛群体遗传距离最近, 为 0.125 5, 遗传相似性指数最高, 为 0.882 0; 黄岛群体和韩国群体遗传距离最远, 为 0.245 8, 相似性指数最低, 为 0.782 1。利用 MEGA 4.0 软件, 根据遗传距离采用 UPGMA 法构建聚类分析图, 如图 2 所示, 日照群体和黄岛群体首先聚类, 然后再与蓬莱群体聚类, 最后与韩国群体进行聚类。

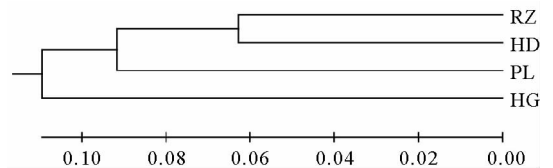


图 2 魁蚶 4 个地理群体的 UPGMA 聚类
Fig. 2 Cluster dendrogram among four geographic populations of *S. broughtonii*

表 5 魁蚶 4 个地理群体间的遗传相似性指数(对角线右上方)及遗传距离(对角线左下方)

Table 5 Nei's genetic identification (upper triangle) and genetic distances (lower triangle) between four geographic populations of *S. broughtonii*

群体 Population	日照 RZ	黄岛 HD	蓬莱 PL	韩国 HG
日照 RZ	—	0.882 0	0.872 8	0.822 9
黄岛 HD	0.125 5	—	0.794 3	0.782 1
蓬莱 PL	0.136 0	0.230 3	—	0.805 7
韩国 HG	0.194 9	0.245 8	0.216 0	—

3 讨论

遗传多样性(Genetic diversity)是指生物所携带遗传信息的总和, 包括遗传变异程度及其分布格局, 即群体的遗传结构; 是物种适应多变的环境条件, 维持长期生存和进化的遗传基础, 为评价群体资源状况的一个重要依据, 某个种群的遗传变异越丰富, 其对生存环境的适应能力就越强, 进化的潜力也越大(张文静等 2003; 马波等 2009)。

喻子牛等(1998)采用水平淀粉凝胶电泳技术、梁超等(2010)采用 RAPD 技术分别对中国和韩国魁蚶群体进行了遗传变异方面的研究, 由于当时技术条件所限, 等位基因酶电泳只能检测出少数编码蛋白的基因位

点,覆盖面不够广泛,灵敏度不高;而 RAPD 所用引物较短、退火温度较低,易发生错配,实验的重复稳定性不高,进一步研究需更加灵敏的遗传多样性检测技术。微卫星标记有高度多态性、杂合度高、结果稳定、检测方便等优点,共显性遗传可区分杂合子和纯合子个体,因此是群体遗传多样性研究、亲缘关系及进化研究中非常有效的遗传标记。

本研究选用的 20 个微卫星位点多态信息含量(PIC)介于 0.530 1~0.909 3 之间,根据 Botstein 等(1980)提出的标准,属于高度多态性($PIC>0.5$),表明所用标记可提供丰富的遗传信息,适合用于魁蚶群体遗传多样性的分析。杂合度是衡量群体内遗传变异的一个重要参数,其值的高低反映了群体内个体的遗传变异程度。数值高则遗传变异大,遗传信息含量丰富,反之则变异小,遗传多样性较差(廖信军等 2006)。牛东红等(2011)用 8 个微卫星位点分析了缢蛏在浙闽沿海 8 个群体的遗传多样性,所得平均期望杂合度介于 0.806~0.875 之间;束靖等(2008)报道了 5 个养殖群体与 4 个野生群体的皱纹盘鲍期望杂合度分别介于 0.754~0.787、0.821~0.866 之间;刘莹等(2009)分析检测出日本和中国不同苗种来源的虾夷扇贝群体的平均期望杂合度介于 0.671 8~0.701 7 之间;曲妮妮等(2009)计算出合浦珠母贝 3 个养殖群体的平均期望杂合度介于 0.590~0.615 之间;通过上述对经济贝类微卫星标记遗传变异方面的研究,野生群体相对于养殖群体具有较高的杂合性。魁蚶 4 个群体的平均期望杂合度介于 0.833 3~0.852 4,由大到小依次为黄岛群体、蓬莱群体、日照群体、韩国群体,各群体均表现出较高的遗传多样性水平以及良好的种质状况,对养殖产业的良种选育、种质保护等工作有指导意义。

由 Hardy-Weinberg 平衡定律可知,当群体处于平衡状态时,各等位基因在群体中分布频率应该是相对稳定的,观察杂合度和期望杂合度之间没有显著的差异。统计分析魁蚶 4 个地理群体中的平衡检验概率 P 值,68.75%的群体位点组合未偏离 Hardy-Weinberg 平衡,部分位点偏离平衡,可能是群体受到不同程度的人为干扰、突变、迁移等影响因素所致,总体遗传结构处于平衡稳定状态中。其中韩国群体存在较多的偏离组合,可能是由于人工选择育种、近交、存在无效等位基因等原因所致。

F_{st} 值是衡量群体间遗传分化程度的主要指标。 F_{st} 值处于 0~0.05 时,群体分化较弱;0.05~0.15 时群体分化中等;0.15~0.25 时,群体遗传分化较大;当 F_{st} 大于 0.25 时,表示分化极大(Hartl *et al.* 1997)。本研究所得魁蚶群体间的遗传分化指数在 0.013 2~0.031 4 之间($F_{st}<0.05$),表明 4 个群体间存在微弱的遗传分化,并没有达到种或亚种间的分化程度。这可能由于魁蚶生活史中有浮游幼虫阶段,可以在比较广泛的海区内进行扩散,群体间存在一定的基因交流,从而呈现较低的遗传分化水平。

遗传距离的一般假定是遗传距离是起源于共同祖先的相同基因进化趋异的一种测度(张爱兵等 2002)。在此假定下,遗传距离通常指由基因频率的函数表示群体间的差异(Nei 1987),根据其大小可以确定群体间亲缘关系的远近。群体间的遗传距离越大,则基因型差异越大,表明所比较群体的亲缘关系越远,遗传相似性越小;反之亦然。张爱玲等(2005)通过随机条件下使用不同微卫星标记分析遗传距离,结果显示 3、6、9、12 个标记与 15 个标记下的估测精度呈显著差异,所以分析群体间遗传关系时应选用 15 个以上微卫星标记为宜,这样遗传距离精度会提高,结果更准确,本研究使用 20 个微卫星标记进行研究,保证 4 个群体间遗传距离分析的准确性。魁蚶 4 个群体间的遗传距离为 0.125 5~0.245 8,RZ 和 HD 的遗传距离最小,HD 和 HG 的遗传距离最大。这与喻子牛等(1998)、梁超等(2010)分析的结果比较一致,均表现为韩国群体与中国群体间遗传距离相差较大。

从本研究结果进行分析,魁蚶 4 个地理群体具有丰富的遗传多样性,韩国群体和其他 3 个群体之间存在一定的遗传分化。在魁蚶的人工繁育方面,可以把与中国群体遗传距离较大的韩国个体作为亲本,有利于不同地理群体间的基因交流,增加杂交优势,使后代更好地适应养殖海域环境,避免近亲交配导致的杂合子缺失等现象。在魁蚶种质资源保护和可持续开发利用方面,需要增强监管力度,规范增养殖模式,加强底播放流标准及监测,制定出一套健康合理科学的保护措施,防止人为因素造成的野生种质退化和优良性状丧失,不仅需做好育种工作还要做好保种工作,保证魁蚶种质资源得到合理和可持续性的利用,继续保持魁蚶养殖业的健康发展。

参 考 文 献

- 马 波,姜作发,霍堂斌. 2009. 下游黑龙江茴鱼种群遗传变异及地理分化的微卫星分析. 中国水产科学, 16(5): 678-687
- 牛东红,冯冰冰,刘达博,沈和定,李家乐. 2011. 浙闽沿海缢蛭群体遗传结构的微卫星和线粒体 COI 序列分析. 水产学报, 35(12): 1805-1812
- 王玲玲. 2005. 栉孔扇贝和海湾扇贝遗传连锁图谱的构建研究. 见: 中国科学院海洋研究所博士研究生学位论文: 60-84
- 王如才,王昭萍,张建中. 2002. 海水贝类养殖学. 青岛: 青岛海洋大学出版社, 297-298
- 刘 莹,刘卫东,李文姬,鲍相渤,张 明,李云峰,高祥刚,赫崇波. 2009. 不同苗种来源的中国虾夷扇贝群体的遗传多样性分析. 生物技术通报, (S1): 242-247
- 曲妮妮,龚世园,黄桂菊,喻达辉. 2009. 合浦珠母贝3个养殖群体遗传多样性的微卫星分析. 水生生态学杂志, 2(4): 89-93
- 朱东丽,董迎辉,林志华,姚韩韩. 2012. 利用微卫星标记对文蛤4个壳色花纹品系的遗传分析. 水产学报, 36(2): 202-208
- 李 莉,孙振兴,杨树德,常林瑞,杨立红. 2006. 用微卫星标记分析皱纹盘鲍群体的遗传变异. 遗传, 28(12): 1549-1554
- 束 靖,李 琪,于瑞海,田传远. 2008. 皱纹盘鲍野生与养殖群体微卫星标记遗传变异研究. 中国海洋大学学报, 38(1): 52-58
- 张启刚,王如才,王兴章,缪国荣,王书军. 2007. 魁蚶(*Arca(Anadara) inflata* Reeve)品系选育. 现代渔业信息, 22(7): 25-26
- 张文静,余育和,沈韞芬. 2003. 微卫星 DNA 遗传分析在原动物学中的研究进展. 水生生物学报, 27(2): 185-190
- 张爱兵,王正军,谭声江,李典谟. 2002. 分子生态学重要概念——遗传距离及其测定的理论研究概况. 生态学报, 22(6): 943-949
- 张爱玲,马月辉,陈秀梅,陈 宏. 2005. 不等微卫星座位数目对 Nei 氏标准遗传距离估测精度的影响. 畜牧兽医学报, 36(5): 431-433
- 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
- 战爱斌. 2007. 栉孔扇贝(*Chlamys farreri*)微卫星标记的筛选及应用. 见: 中国海洋大学博士研究生学位论文, 107-138
- 秦艳杰,刘 晓,张海滨,张国范. 2007. 海湾扇贝杂交后代的微卫星鉴定. 中国水产科学, 14(4): 672-676
- 梁 超,杨爱国,刘志鸿,周丽青,吴 彪. 2010. 魁蚶4个地理群体遗传结构的 RAPD 分析. 渔业科学进展, 31(1): 59-64
- 喻子牛,孔晓瑜,杨 锐,陈再忠,刘必谦,王如才. 1998. 魁蚶(*Scapharca broughtonii*)等位基因酶遗传变异研究. 青岛海洋大学学报, 28(1): 51-58
- 廖信军,常 洪,孙 伟,王冬蕾. 2006. 利用微卫星标记对六个羊群体性的研究. 家畜生态学报, 27(2): 13-18
- 魏利平,常建波. 1995. 海产品养殖加工新技术. 济南: 山东科学技术出版社, 83-98
- Botstein D, White RL, Skolnick M and 1 other. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. Am J Hum Genet 32(3): 314-331
- Cho ES, Jung CG, Sohn SG and 2 others. 2007. Population genetic structure of the ark shell *Scapharca broughtonii* Schrenck from Korea, China, and Russia based on COI gene sequences. Mar Biotechnol 9(2): 203-216
- Hartl DL, Clark AG. 1997. Principles of population genetics. 3rd edition, Sunderland, MA: Sinauer Associates, Inc
- Nei M. 1987. Molecular evolutionary genetics. New York: Columbia University Press
- Sambrook J, Russell DW. 2001. Molecular cloning: A laboratory manual. 3rd ed. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press
- Yu H, Li Q. 2007. Genetic variation of wild and hatchery populations of the Pacific oyster *Crassostrea gigas* assessed by microsatellite markers. J Genet Genomics 34(12): 1114-1122