

### 草鱼种群SSR分析中样本量及标记数量对遗传多度的影响

李 鸥<sup>1, 2</sup>, 赵莹莹<sup>1, 3</sup>, 郭 娜<sup>2</sup>, 鲁翠云<sup>1</sup>, 孙效文<sup>1</sup>

1. 中国水产科学研究院 黑龙江水产研究所, 黑龙江 哈尔滨 150070; 2. 大连水产学院 生命科学与技术学院, 辽宁 大连 116023;

3. 上海海洋大学 水产与生命学院, 上海 201303

收稿日期 2008-10-29 修回日期 网络版发布日期 2009-4-22 接受日期 2009-3-13

**摘要** 利用45对微卫星分子标记(SSR), 以草鱼(*Ctenopharyngodon idellus*)自然群体为实验材料, 探讨野生群体遗传多样性研究所需的最适样本量与标记量。实验设置6个样本量梯度, 9个标记量梯度。对等位基因数(Na)、有效等位基因数(Ne)、观察杂合度(Ho)、期望杂合度(He)等遗传多样性指标的变化趋势进行统计分析。结果表明, 样本量、微卫星标记的数量和多态性水平对群体遗传多样性均有较大的影响, 其中等位基因数与样本量大小呈显著正相关, 而杂合度随标记量的增多而剧烈波动。当取样量大于40, 标记量大于25时, 各遗传参数值趋于稳定。因此, 在应用微卫星标记对水产动物自然群体的遗传学研究中, 要根据所研究种类的特点, 尽可能采样40尾以上, 采用25个以上标记, 避免由人为选择的偏差对群体遗传多样性水平的正确评估所造成的影响。同时根据上述研究结果, 对陕西草鱼自然群体进行了遗传多样性的评估, 结果显示该群体平均等位基因数(MNA)、平均有效等位基因数、平均观测杂合度、平均期望杂合度分别为7.26、4.21、0.73、0.68, 认为该群体具有较高的遗传多样性。

**关键词** [样本容量](#); [标记量](#); [草鱼](#); [自然群体](#); [遗传多样性](#); [微卫星分子标记](#)

分类号

DOI: 10.3724/SP.J.1141.2009.02121

通讯作者:

孙效文 [sunxw2002@163.com](mailto:sunxw2002@163.com)

作者个人主页: [李 鸥<sup>1, 2</sup>](#); [赵莹莹<sup>1, 3</sup>](#); [郭 娜<sup>2</sup>](#); [鲁翠云<sup>1</sup>](#); [孙效文<sup>1</sup>](#)

#### 扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF \(789KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [参考文献\[PDF\]](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

▶ [把本文推荐给朋友](#)

▶ [加入我的书架](#)

▶ [加入引用管理器](#)

▶ [引用本文](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

▶ [本刊中 包含“样本容量; 标记量; 草鱼; 自然群体; 遗传多样性; 微卫星分子标记”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

- [李 鸥](#)
- [赵莹莹](#)
- [郭 娜](#)
- [鲁翠云](#)
- [孙效文](#)