

doi: 10.3969/j.issn.2095-0780.2015.02.003

罗氏沼虾 6 个养殖群体遗传多样性的微卫星分析

孙成飞¹, 叶星¹, 董浚键¹, 田园园¹, 梁健辉²

(1. 中国水产科学研究院珠江水产研究所, 农业部热带亚热带水产资源利用与养殖重点实验室, 广东 广州 510380;
2. 佛山市三水白金水产种苗有限公司, 广东 佛山 528000)

摘要: 采用微卫星分子标记技术比较了中国和泰国罗氏沼虾(*Macrobrachium rosenbergii*)养殖群体的遗传多样性及遗传结构。使用 12 对荧光标记微卫星引物扩增 3 个广东罗氏沼虾养殖群体、1 个江苏养殖群体以及 2 个泰国养殖群体, 结果显示所检测的 12 个微卫星位点均具有较高的多态性[多态信息含量(PIC) = 0.853 ~ 0.941]。各群体均具有较高的遗传多样性水平[期望杂合度(H_e) = 0.848 ~ 0.896]。群体间遗传分化指数(F_{st})及 AMOVA 分析显示, 群体间遗传分化属于中低水平($F_{st} < 0.15$), 遗传变异有 5.27% 来自群体之间, 94.73% 来自于群体内部。遗传距离分析显示江苏群体和广东群体 2 的遗传距离(D_a)最近(0.160 8); 而广东群体 1 和泰国群体 2 之间的遗传距离最远(0.695 8)。基于遗传距离构建的 UPGMA 系统进化树显示, 6 个群体聚为 2 个大支, 广东 3 个群体与江苏群体聚为一支, 泰国的 2 个群体聚为另一支。研究结果显示所分析的中国和泰国罗氏沼虾养殖群体均具有较高的遗传多样性, 但彼此亲缘关系较远。

关键词: 微卫星; 罗氏沼虾; 遗传多样性; 遗传相似度; 遗传距离

中图分类号: S 917.4

文献标志码: A

文章编号: 2095-0780-(2015)02-0020-07

Genetic diversity analysis of six cultured populations of *Macrobrachium rosenbergii* using microsatellite markers

SUN Chengfei¹, YE Xing¹, DONG Junjian¹, TIAN Yuanyuan¹, LIANG Jianhui²

(1. Key Lab. of Tropical & Subtropical Fisheries Resource Application & Cultivation, Ministry of Agriculture; Pearl River Fisheries Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Guangzhou 510380, China; 2. Foshan Shanshui Baijin Aquatic Seedling Co. Ltd., Foshan 52800, China)

Abstract: We compared the genetic diversity and structure of cultivated population of *Macrobrachium rosenbergii* collected from different areas in China and Thailand by microsatellite analysis. Twelve fluorescently labeled primers were used to amplify microsatellite DNA from three Guangdong cultivated populations (GD1, GD2 and GD3), one Jiangsu cultivated population (JS) in China and two cultivated populations in Thailand (TG1 and TG2). The results show that the detected microsatellite loci possessed high polymorphism (PIC = 0.853 ~ 0.941). All the populations analyzed displayed high genetic diversity ($H_e = 0.848 \sim 0.896$). Genetic differentiation index (F_{st}) and AMOVA analysis reveal that the genetic differentiation within populations was relatively low ($F_{st} < 0.15$). About 5.27% genetic variation was derived from inter-populations, while 94.73% variation was derived from intra-population. Nei's genetic distance indicates that the genetic distance between JS and GD2 population was the lowest (0.160 8), while that between the GD1 population and TG2 population was the highest (0.695 8). Phylogenetic analysis displays that these six *M. rosenbergii* populations could be divided into two groups. GD1, GD2, GD3 and JS populations were clustered together as one group and TG1 population was clustered with the TG2 population as another group. The results demonstrate that the analyzed cultivated *M. rosenbergii* populations maintained relatively high genetic diversity,

收稿日期: 2014-08-06; 修回日期: 2014-09-01

资助项目: 广州市科技计划项目(2013J010); 农业部基础性长期性专项(201403-057)

作者简介: 孙成飞(1985-), 男, 助理研究员, 硕士, 从事水产生物技术研究。E-mail: scfsec@163.com

通信作者: 叶星(1962-), 女, 研究员, 博士, 博士生导师, 从事水产生物技术研究。E-mail: gzyexing@163.com

and there was low kinship between China and Thailand populations.

Key words: microsatellite; *Macrobrachium rosenbergii*; genetic diversity; genetic similarity; genetic distance

罗氏沼虾(*Macrobrachium rosenbergii*)又名马来西亚大虾、淡水长臂大虾,隶属节肢动物门、甲壳纲、十足目、长臂虾科、沼虾属。原产于印度和东南亚,是重要的淡水经济虾类^[1]。20世纪70年代,中国水产科学研究院珠江水产研究所从日本、马来西亚引进罗氏沼虾,先后采用“浓缩海水”与“人工海水”配方,人工繁殖虾苗获得成功,并向全国多个省市推广养殖。现在中国罗氏沼虾年产量为 13.5×10^4 t,产值达 30×10^9 元^[2]。近年在罗氏沼虾养殖中出现了生长速度减慢、性成熟时间提早、抗病力下降等问题,严重影响罗氏沼虾的养殖效益,也危及产品的质量。因此了解现有罗氏沼虾养殖种群的遗传多样性可为培育罗氏沼虾优良品种奠定基础。

近十年来针对罗氏沼虾种质遗传变异已有不少的研究报道。张海琪等^[3]采用同工酶和RAPD分析缅甸罗氏沼虾野生群体和浙江养殖群体的生化遗传变异;蒋钦杨等^[4]用线粒体16S rRNA基因部分片段和RFLP比较缅甸引进种子代、广西养殖群体及江苏养殖群体的遗传结构;杨学明等^[5]用线粒体DNA的COI基因比较了缅甸原种F1代、江苏养殖群体和广西选育群体的遗传多样性;姚茜等^[6]用线粒体控制区(D-loop)基因序列比较浙江湖州养殖群体和“南太湖1号”的遗传多样性;陈雪峰等^[7]用核糖体转录间隔区2基因(ITS2)序列进行孟加拉和缅甸野生群体、浙江和广西养殖群体、以及“南太湖2号”选育群体的遗传多样性的比较。

应用微卫星标记进行罗氏沼虾遗传多样性的研究报道尚不多见,仅见CHAREONTAWEE等^[8]用6个微卫星标记对泰国5个养殖群体和2个野生群体的遗传多样性进行了分析;朱其建等^[9]用8个微卫星标记对16个来自于上海养殖群体的选育群体进行遗传多样性分析。广东与江苏是罗氏沼虾的两大主养区,两省的罗氏沼虾养殖产量占全国总养殖产量的近80%,同时也均为罗氏沼虾苗种主要培育基地^[10]。由于罗氏沼虾引进中国的时间较长,虽然也有多次小规模地重新引种,但多数虾苗场尚缺乏科学的保种与选育技术,因此笔者研究选取广东、江苏以及泰国的罗氏沼虾养殖群体,采用微卫

星标记技术进行种群遗传结构和遗传多样性的分析,旨在为罗氏沼虾的选育种工作提供基础数据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验样品分别采自6个养殖场的普通养殖群体,均属非选育群体。其中在中国境内共有4个采样点,广东养殖群体1(GD1,32尾),广东养殖群体2(GD2,30尾),广东养殖群体3(GD3,32尾),江苏养殖群体(JS,34尾)。在泰国境内有2个采样点,泰国养殖群体1(TG1,29尾),泰国养殖群体2(TG2,25尾)。6个群体共计180尾。每个群体均为随机取样。分别剪取虾尾部肌肉组织,保存于95%的乙醇中。

根据GenBank上登录的罗氏沼虾微卫星序列^[11-13],选取、设计合成30对引物并进行预扩增,从中挑选12对特异性强、重复性好和多态性较高的微卫星引物(表1),由生工生物工程(上海)股份有限公司合成。各对引物分别带有FAM、TAMRA和HEX的特异性荧光标记用于测算扩增目的条带的大小。

按照天根生化科技(北京)有限公司的TIANamp Genomic DNA Kit试剂盒说明书提取罗氏沼虾肌肉组织的总DNA,并用0.8%的琼脂糖凝胶电泳和分光光度计检测DNA质量和浓度,-20℃保存备用。

1.2 PCR扩增与扩增产物检测

引物分为3类,分别用3种不同的荧光进行标记(FAM、TAMRA和HEX)(表1)。PCR反应总体积为20 μL,含有10×buffer 2.0 μL、氯化镁(MgCl₂)(25 mmol·L⁻¹)0.8 μL、dNTP(2.5 mmol·L⁻¹)0.4 μL、上下游引物(20 μmol·L⁻¹)各0.4 μL、基因组DNA 40 ng、Taq酶[天根生化科技(北京)有限公司出品]1 U。PCR扩增程序为94℃预变性5 min后进入35个循环,94℃,30 s;55℃退火,30 s;72℃,30 s,循环结束后72℃再延伸10 min。

STR基因分型委托生工生物工程(上海)股份有限公司完成。使用DYY-8型稳压稳流电泳仪(上海琪特分析仪器有限公司出品)、凝胶成像系统(Gene Genius公司出品)和3730XL测序分析仪(美国ABI公司出品)进行STR序列分析,根据每个扩

表 1 用于罗氏沼虾微卫星扩增的引物序列及其退火温度

Tab. 1 Primer sequence and annealing temperature for microsatellite marker amplification

序号 No.	位点 loci	重复序列 repeat sequence	引物序列 primer sequence	片段大小 production size	复性温度/℃ annealing
1	EMR-31B	(CA) ₇	F: FAM-GCTGTGCTCCAAAATCTCTCTC R: CTCACCCATACTTGACAACGAC	210	58
2	EMR-55	(TTA) ₁₃	F: FAM-GAAGTCATCCGACAAAATTTCAC R: AGTAATCATGTGGCCTAGCCTAG	200	58
3	EMR81	(CT) ₁₅	F: TAMRA-GGAACCACTGAAAAAGCAATGA R: GGGGTGCATTCAAAAATAGGT	240	58
4	EMR85	(AG) ₁₂	F: FAM-GACGGACAGACATTCATTAGCC R: ATTCACCCACACTTTGACATT	220	58
5	Mbr1	(GA) ₂₄	F: HEX-CCCACCATCAATTCTCACTTACC R: TCCTTTTCACATCGTTTCCAGTC	272 ~ 320	60
6	Mbr-2	(GT) ₂₂	F: HEX-TTCCCGACCAATTTCTCTTTCTC R: GGC AAAAATGATCTTGGATTAC	298 ~ 336	60
7	Mbr-3	(AG) ₁₄	F: TAMRA-CAACTCTATGTTTCGGCATTTGG R: GGGGAATTTTACCGATGTTTCTG	232 ~ 284	62
8	Mbr-4	(GT) ₂₉	F: HEX-CCACCTACCGTACATTC CCAAAC R: CGGGGCGACTTTT TAGTATCGAC	288 ~ 326	62
9	Mbr-5	(AG) ₂₅	F: HEX-CAAGGCTCGTGTCTCTTGTTC R: GCTTGTA CTGTTTCAGCTTTTGC	286 ~ 328	62
10	Mbr-9	(TG) ₅ (AG) ₁₇	F: TAMRA-TTGTTTGCTTCTTTAGTGTCAAGG R: CTC CAAAACCGAAAAATCCTCAC	240 ~ 284	60
11	Mbr11	(AG) ₃₁	F: TAMRA-GTATTGAGAACA AAGGCGCACAG R: ATCTCTTTCCAAAACAGGGCACA	263 ~ 291	60
12	MRMB25	(CT) ₁₇	F: FAM-CCGGTCCAAAGGAATACAGA R: GTGGGTGGTGTCCCTATGTT	194 ~ 216	46

增条带分子量的差异性,判断每个个体各基因座的基因型。

1.3 数据统计及分析

通过 STR 分型确定每个标记在每个个体中的基因型,根据条带(等位基因)的大小,按从大到小按字母排序,用 POPGENE 32 进行统计分析,计算各群体每一个微卫星位点的等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、Shannon 指数(I)、观测杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e)、群体间遗传距离(D_a)、遗传相似度(S)。FSTAT 软件计算遗传分化指数(F_{st})。根据 Nei 氏遗传距离通过 MEGA 5 软件利用非加权配对算术平均法(unweighted pair group method with arithmetic mean, UPGMA)构建系统树^[14]。用 CERVUS 3.0 软件计算多态信息含量(polymorphism information content, PIC)^[15]。群体间 F_{st} 、群体分子方差分析(AMOVA)采用 ARLEQUIN 3.1 软件进行^[16]。利用 STRUCTURE 2.3 软件分析群体的遗传结构,再用最大似然性法分析最佳 K 值,即理论群体数^[17]。

2 结果

2.1 微卫星位点的多态性及群体遗传多样性

根据预扩增结果从 30 个微卫星位点中选取特异性强、重复性好和多态性较高的 12 对引物,对 6 个罗氏沼虾群体共 180 个个体的基因组 DNA 进行扩增,结果显示,各对引物在 6 个群体中均能扩增出目的条带,且表现出不同程度的多态性(表 2)。其中 N_a 为 13 ~ 28 个, N_e 为 6.61 ~ 18.33, I 为 2.124 ~ 3.045, H_o 为 0.488 ~ 0.994, H_e 为 0.852 ~ 0.948; PIC 为 0.853 ~ 0.941, 所检测的 12 个位点均属于高度多态位点(PIC > 0.5)。

6 个罗氏沼虾群体的遗传多样性见表 3。GD3 群体的平均 N_a 、平均 N_e 和 I 均为最高($N_a = 13.833$, $N_e = 8.947$, $I = 2.348$), 而 TG2 的平均 N_a 、平均 N_e 和 I 均为最低($N_a = 10.917$, $N_e = 6.558$, $I = 2.046$)。 H_o 以 GD1 的最高($H_o = 0.821$)、TG2 的最低($H_o = 0.683$)。 H_e 和多态信息含量则以 GD3 的最高($H_e = 0.896$, PIC = 0.880)、

表2 罗氏沼虾12个微卫星位点的等位基因数、杂合度及多态信息含量

Tab. 2 Number of alleles, heterozygosity and polymorphic information content of 12 microsatellite loci of *M. rosenbergii*

位点 locus	等位基因数 N_a	有效等位基因数 N_e	Shannon 指数 I	观测杂合度 H_o	期望杂合度 H_e	多态信息含量 PIC
EMR-31B	22	12.71	2.766	0.673	0.924	0.915
EMR-55	14	10.79	2.506	0.906	0.910	0.908
EMR81	23	13.72	2.853	0.980	0.930	0.919
EMR85	21	14.70	2.840	0.853	0.935	0.933
Mbr1	19	12.96	2.725	0.671	0.926	0.897
Mbr-2	13	6.61	2.124	0.691	0.852	0.853
Mbr-3	16	8.68	2.449	0.590	0.888	0.887
Mbr-4	24	18.33	3.024	0.723	0.948	0.941
Mbr-5	19	11.40	2.666	0.891	0.915	0.914
Mbr-9	28	16.57	3.045	0.713	0.943	0.939
Mbr11	17	8.41	2.439	0.488	0.884	0.886
MRMB25	14	7.88	2.321	0.994	0.876	0.876
均值 mean	19.17	11.90	2.646	0.765	0.911	0.906

表3 6个罗氏沼虾养殖群体的遗传多样性

Tab. 3 Genetic diversity of six populations of *M. rosenbergii*

参数 index	广东1 GD1	江苏 JS	广东2 GD2	广东3 GD3	泰国1 TG1	泰国2 TG2
等位基因数 N_a	13.000	12.750	12.000	13.833	12.500	10.917
有效等位基因数 N_e	7.409	7.204	6.791	8.947	8.274	6.558
Shannon 指数 I	2.207	2.159	2.135	2.348	2.239	2.046
观测杂合度 H_o	0.821	0.751	0.720	0.761	0.808	0.683
期望杂合度 H_e	0.871	0.858	0.861	0.896	0.881	0.848
多态信息含量 PIC	0.850	0.846	0.845	0.880	0.857	0.806

TG2 的最低 ($H_e = 0.848$, $PIC = 0.806$)。综合上述各参数, 可认为所检测的6个群体均具有较高的遗传多样性, 并以广东群体3(GD3)的遗传多样性最高、泰国群体TG2的遗传多样性最低。

2.2 群体间的遗传分化及遗传距离分析

6个罗氏沼虾养殖群体间的 F_{st} 为 0.006 1 ~ 0.093 1 (表4), 属于中低水平遗传分化 ($F_{st} < 0.15$)。其中泰国群体1和泰国群体2之间遗传分化水平最低 ($F_{st} = 0.006 1$), 属于低程度的分化 ($F_{st} < 0.05$)。而泰国群体2和广东群体1之间遗传分化水平最高 ($F_{st} = 0.093 1$), 两者间的分化为中等程度的分化 ($0.05 < F_{st} < 0.15$) (表4)。

AMOVA 分析结果表明, 群体中仅有 5.27% 的遗传变异来自于群体间, 94.73% 的遗传变异来自于群体内 ($P < 0.01$), 表明遗传变异主要存在于个体之间, 个体间的遗传变异远大于群体间的遗传变异 (表5)。

6个群体间 Nei 氏 D_a 为 0.160 8 ~ 0.695 8, S 为 0.311 7 ~ 0.851 5 (表6), 其中江苏群体和广东群体2的 D_a 最近 (0.160 8)、 S 最高 (0.851 5), 而广东群体1和泰国群体2间的 D_a 最远 (0.695 8)、 S 最低 (0.311 7)。根据遗传距离构建的 UPGMA 聚类树显示6个罗氏沼虾群体聚为2个大支, 3个广东群体与江苏群体聚为一支, 2个泰国群体聚为另一支 (图1)。

表4 6个罗氏沼虾养殖群体的遗传分化指数

Tab. 4 Fixation index (F_{st}) of six populations of *M. rosenbergii*

	广东1 GD1	江苏 JS	广东2 GD2	广东3 GD3	泰国1 TG1	泰国2 TG2
广东1 GD1						
江苏 JS	0.023 0					
广东2 GD2	0.024 5	0.006 3				
广东3 GD3	0.031 0	0.046 9	0.041 0			
泰国1 TG1	0.071 3	0.073 4	0.074 9	0.058 4		
泰国2 TG2	0.093 1	0.077 8	0.082 5	0.072 9	0.006 1	

表5 6个罗氏沼虾养殖群体的 AMOVA 分析

Tab. 5 AMOVA analysis among six populations of *M. rosenbergii*

变异来源 source of variation	自由度 <i>df</i>	平方和 sum of squares	方差组分 variance component	百分率/% percentage
群体间 among populations	5	108.518	0.296 76	5.273 51
群体内 within populations	312	1663.064	5.330 52	94.726 49**
总变异 total	317	1771.582	5.627 28	

注: **. 1 023 次模拟检验后显示为极显著 ($P < 0.01$)

Note: **. very significance ($P < 0.01$) after 1 023 permutation tests

表6 6个罗氏沼虾养殖群体的遗传距离(对角线下)和遗传相似性(对角线上)

Tab. 6 Nei's genetic distance (below diagonal) and genetic similarity (above diagonal) of six populations of *M. rosenbergii*

	广东1 GD1	江苏 JS	广东2 GD2	广东3 GD3	泰国1 TG1	泰国2 TG2
广东1 GD1	-	0.760 4	0.737 4	0.664 0	0.393 9	0.311 7
江苏 JS	0.273 9	-	0.851 5	0.572 2	0.407 7	0.432 5
广东2 GD2	0.304 6	0.160 8	-	0.597 4	0.382 2	0.390 0
广东3 GD3	0.409 4	0.458 2	0.415 2	-	0.423 5	0.379 7
泰国1 TG1	0.611 7	0.597 1	0.661 8	0.559 3	-	0.814 2
泰国2 TG2	0.695 8	0.568 1	0.611 7	0.628 4	0.205 5	-

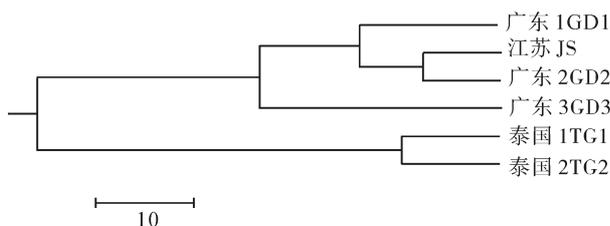


图1 基于 Nei's 遗传距离构建的6个罗氏沼虾群体的 UPGMA 聚类树

Fig. 1 UPGMA dendrogram of six populations of *M. rosenbergii* based on Nei's genetic distance

2.3 群体遗传结构分析

利用 STRUCTURE 软件执行了 2-7 的假设 K, 设 10 次重复, 根据 K 对应的参数、采用基于群体结构的贝叶斯分析法发现, K = 4 时出现平台期, 推断笔者研究的所有参试个体最佳分组为 4 个理论群(图 2)。广东群体 1、广东群体 2 和江苏群体群体聚为一组, 广东群体 3 和 2 个泰国群体则各自成为一组。

3 讨论

微卫星标记是分布于真核生物基因组中的简单

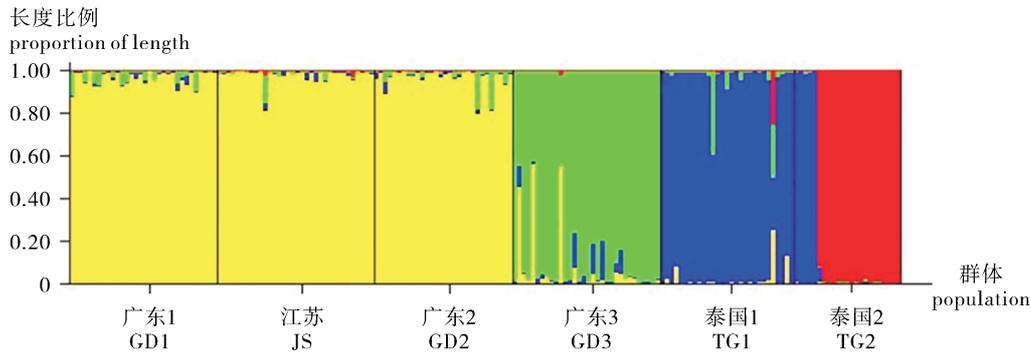


图2 参试罗氏沼虾群体在 K=4 时的遗传结构图

Fig. 2 Cluster analysis based on 14 microsatellite loci for *M. rosenbergii* specimens from STRUCTURE (K=4)

重复序列 (simple sequence repeats, SSRs), 也称短串联重复序列 (simple tandem repeats, STRs)。因其在基因组中分布广泛、具较高的多态性、呈共显性遗传, 且由于分析方法相对简便快捷也被广泛应用于水产生物种群遗传多样性分析、种质资源保护、遗传图谱建立和 QTL 定位等研究中^[18-20]。微卫星标记分析通常是通过 PCR 扩增、电泳检测和片段大小分离分析各等位基因。传统的片段分离采用聚丙烯酰胺凝胶电泳结合放射显影或银染的方法, 其分辨率和效率均较低。笔者研究利用近年发展起来的 STR 分型新方法, 通过荧光标记的 PCR 引物扩增微卫星位点区域序列, 利用 ABI 遗传分析仪对荧光标记的 DNA 片段进行毛细管电泳检测, 结合分子量内标计算 DNA 片段长度, 使 STR 分型更高效与准确^[21]。

多态信息含量 (PIC) 起衡量基因位点多态性的作用, 通常 PIC 能反映出某个群体的遗传变异程度、位点多样性等^[22]。笔者研究所用的 12 个微卫星位点的 PIC 介于 0.853 ~ 0.941, 根据 BOTSTEIN 等提出的划分标准, PIC > 0.5 时该等位基因座位为高度多态性座位^[22], 所采用的 12 个位点均属于高度多态 (PIC > 0.5), 可用于罗氏沼虾群体的遗传多样性及遗传结构的评估。

杂合度 (heterozygosity) 是评价群体遗传变异的重要指标。 H_o 容易受样本大小的影响, 而 H_e 更能够反映群体的遗传多样性, 杂合度越高物种遗传多样性越丰富, 对环境适应能力则越强^[24-25]。CHAREONTAWEE 等^[8] 用 6 个微卫星标记分析了泰国的 5 个养殖群体和 2 个野生群体, 认为这些养殖群体仍具有较高的遗传多样性水平, 其中 2 个养殖群体的遗传多样性 (H_e 均为 0.73) 甚至高于 2 个

野生群体 ($H_e = 0.71$ 和 0.68)。朱其建等^[9] 用 8 个微卫星标记分析采自上海地区的 16 个罗氏沼虾选育群体, 结果显示各群体的 H_e 相差较大 (0.551 9 ~ 0.733 2)。在应用微卫星标记进行生物遗传多样性分析时其结果可能受选用的标记在基因组中所处的位置、位点的多态性以及分型手段等的影响。相比于 STR 基因分型技术, 聚丙烯酰胺凝胶电泳的分辨率相对较低, 可能会造成等位基因缺失、杂合度偏低^[26]。笔者研究采用 STR 基因分型, 结果显示 6 个罗氏沼虾养殖群体的平均 H_e 介于 0.848 ~ 0.896, 说明这 6 个群体均具有较高的遗传多样性与选育潜力。

遗传距离和遗传相似度是衡量群体间遗传关系的指标^[27]。笔者研究结果发现, 江苏群体和广东群体 2 的 D_a 最近 (0.160 8)、 S 最高 (0.851 5), 说明其亲缘关系最近; 而广东群体 1 和泰国群体 2 之间的遗传距离最远 (0.695 8)、 S 最低 (0.311 7), 说明其亲缘关系最远, 且广东群体 1 和泰国群体 2 间的遗传分化水平也最高 ($F_{st} = 0.093 1$)。同时系统进化树更直观地表现出这种关系, 中国的 4 个群体聚为一支, 泰国的 2 个群体聚为另一支, 说明泰国罗氏沼虾养殖群体和中国养殖群体的亲缘关系相对较远。

STRUCTURE 软件是基于个体的遗传组成进行群体模拟分析, 不受各群体样本数的影响, 是群体遗传结构分析的理想工具^[26,28]。笔者研究的所有参试个体被划分为 4 个地理群, 支持 UPGMA 树的聚类结果。同时遗传结构图的直观显示结果与遗传分化分析结果相吻合。广东群体 1、广东群体 2 和江苏群体聚为一组, 说明广东群体 1、广东群体 2 和江苏群体之间的遗传结构相似, 3 个群体之

间存在着一定程度的基因交换,这可能与江苏和广东两个罗氏沼虾养殖大省存在着一定程度的亲虾或苗种互相供给与交流有关。

文章所分析的罗氏沼虾养殖群体均具有较高的遗传多样性;中国养殖群体间遗传分化水平较低,但中国与泰国群体间的遗传分化程度达到中等水平,且遗传距离大、亲缘关系远,在下一步的罗氏沼虾选育种中可考虑引入泰国群体以提高选育群体的遗传多样性。

参考文献:

- [1] NEW M B, SINGHOLKA S. Freshwater prawn farming. A manual for the culture of *Macrobrachium rosenbergii*[M]. FAO Fish Tech, 1985, 225: 1-118.
- [2] 杨国梁,陈雪峰,王军毅,等.罗氏沼虾产业在中国持续增长的经济与社会原因分析[J].浙江海洋学院学报,2011,30(5):450-457.
- [3] 张海琪,何中央,徐晓林,等.罗氏沼虾缅甸野生群体和浙江养殖群体的遗传多样性比较[J].中国水产科学,2004,11(6):506-512.
- [4] 蒋钦杨,杨学明,郭亚芬,等.3个不同群体罗氏沼虾线粒体16S rRNA基因序列分析及遗传差异[J].水产科学,2005,24(10):28-31.
- [5] 杨学明,郭亚芬,陈福艳,等.罗氏沼虾3个群体线粒体COI基因的序列差异和遗传标记研究[J].遗传,2006,28(5):540-544.
- [6] 姚茜,杨频,陈立桥,等.罗氏沼虾三群体线粒体D-loop基因序列差异的初步研究[J].水产学报,2007,31(1):18-22.
- [7] 陈雪峰,杨国梁,孔杰,等.人工养殖与选育对罗氏沼虾遗传多样性的影响[J].水生生物学报,2012,36(5):866-873.
- [8] CHAREONTAWEE K, POOMPUANG S, NA-NAKORN U, et al. Genetic diversity of hatchery stocks of giant freshwater prawn (*Macrobrachium rosenbergii*) in Thailand[J]. Aquaculture, 2007, 271(1): 121-129.
- [9] 朱其建,戴习林,邹卫丽,等.罗氏沼虾抗病选育群体的抗病性能及其遗传多样性分析[J].水产学报,2013,30(10):1468-1478.
- [10] 农业部渔业局.中国渔业年鉴[M].北京:中国农业出版社,2012:1-134.
- [11] CHAREONTAWEE K, POOMPUANG S, NA-NAKORN U, et al. Isolation and characterization of microsatellites in giant freshwater prawn *Macrobrachium rosenbergii*[J]. Mol Ecol Notes, 2006, 6(3): 823-825.
- [12] DIVU D, KARUNASAGAR I, KARUNASAGAR I. Microsatellite DNA markers in the giant freshwater prawn, *Macrobrachium rosenbergii*: a tool for genetic analysis[J]. Mol Ecol Resour, 2008, 8(5): 1040-1042.
- [13] MOHANTY P, SAHOO L, PARIDA K, et al. Development of polymorphic EST-SSR markers in *Macrobrachium rosenbergii* by data mining[J]. Cons Genet Resour, 2013, 5(1): 133-136.
- [14] TAMURA K, PETERSON D, PETERSON N, et al. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods[J]. Mol Biol Evol, 2011, 28(10): 2731-2739.
- [15] KALINOWSKI S T, TAPER M L, MARSHALL T C. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment[J]. Mol Ecol, 2007, 16(5): 1099-1106.
- [16] EXCOFFIER L, LISCHER H L. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows[J]. Mol Ecol Resour, 2010, 10(3): 564-567.
- [17] EVANNO G, REGNAUT S, GOUDET J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study[J]. Mol Ecol, 2005, 14(8): 2611-2620.
- [18] CHAUHAN T, RAJIV K. Molecular markers and their applications in fisheries and aquaculture[J]. Adv Biosci Biotechnol, 2010, 1(4): 281-291.
- [19] LIU Z J, CORDES, J F. DNA marker technologies and their applications in aquaculture genetics[J]. Aquaculture, 2004, 242(1): 1-37.
- [20] ZANE L, BARGELLONI L, PATARNELLO T. Strategies for microsatellite isolation: a review[J]. Mol Ecol, 2002, 11(1): 1-16.
- [21] BORNMAN D M, HESTER M E, SCHUETTER J M, et al. Short-read, high-throughput sequencing technology for STR genotyping[J]. Biotechniques, 2012, 4(1): 1-6.
- [22] SHETE S, TIWARI H, ELSTON R C. On estimating the heterozygosity and polymorphism information content value[J]. Theor Popul Biol, 2000, 57(3): 265-271.
- [23] BOTSTEIN D, WHITE R L, SKOLNICK M. Construction of genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms[J]. Am J Hum Genet, 1980, 32(3): 314-331.
- [24] 包文斌,束婧婷,许盛海,等.样本量和性比对微卫星分析中群体遗传多样性指标的影响[J].中国畜牧杂志,2007,43(1):6-9.
- [25] QIN Y, SHI G, SUN Y. Evaluation of genetic diversity in *Pampus argenteus* using SSR markers[J]. Genet Mol Res, 2013, 12(4): 5833-5841.
- [26] 傅建军,李家乐,沈玉帮,等.草鱼野生群体遗传变异的微卫星分析[J].遗传,2013,35(2):192-201.
- [27] 崔蕾,谢从新,李艳和,等.斑点叉尾鲷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.
- [28] 孙立元,郭华阳,朱彩艳,等.卵形鲳鲹育种群体遗传多样性分析[J].南方水产科学,2014,10(2):67-71.