

文蛤遗传标记研究进展

Advances in the studies on genetic markers of *Meretrix meretrix*朱东丽^{1,2},林志华²,董迎辉²,王昭萍¹

(1. 中国海洋大学 水产学院, 山东 青岛 266003; 2. 浙江万里学院 生物与环境学院, 浙江 宁波 315100)

中图分类号: Q31

文献标识码: A

文章编号: 1000-3096(2009)10-0119-05

文蛤(*Meretrix meretrix*), 隶属于软体动物门(Mollusca)、双壳纲(Lamellibranchia)、异齿亚纲(Heterodonta)、帘蛤目(Veneroidea)、帘蛤科(Veneridae), 为广温、广盐性的滩涂埋栖型双壳贝类, 是我国重要的海产经济种类, 我国南北沿海均有分布, 尤其在辽宁辽河口沿海、山东莱州湾沿海、江苏南部沿海、广西合浦沿海等资源最为丰富^[1]。但由于大量采捕天然苗种并大规模异地移养, 人为加大了具有不同遗传背景的文蛤群体间的基因流, 另外, 由于文蛤壳色花纹变异很大, 传统分类的同种异名现象较多, 如潘宝平等^[2]通过对文蛤属文蛤(*M. meretrix*)、丽文蛤(*M. lusoria*)、帘文蛤(*M. lyrata*)和斧文蛤(*M. lamarckii*) 4种贝类的 16S rRNA 基因及 ITS1 序列的系统学分析, 结果表明文蛤与丽文蛤间的 16S rDNA 及 ITS1 序列间的遗传距离十分相近, 鉴于它们的贝壳形态有一定差别, 将其归为同一个种内的不同地理亚种。已有很多生物学家通过不同遗传标记对其遗传多样性、种群遗传结构和亲缘关系进行大量研究^[3,4]。本文主要对 4 种遗传标记技术原理、其优缺点, 及其在文蛤中的应用研究进展进行了简要综述, 以为文蛤的种质资源研究及合理利用提供参考。

遗传标记(Genetic markers)是指与目标性状紧密连锁, 同该性状共同分离且易于识别的可遗传的等位基因变异, 可明确反映遗传多态性的生物特征^[5]。随着生物技术的发展, 遗传标记技术也不断更新, 主要分为形态标记、细胞标记、生化标记和分子标记等四类, 前 3 类都是基因表达的结果, 是间接反映, 表型标记的形态变异还受环境影响, 而 DNA 分子标记是遗传变异的直接反映, 能对各发育时期的个体、各个组织、器官甚至细胞做出检测, 不受内外环境影响, 与基因是否表达无关, 而且检测迅速, 并具有数量丰富、遗传稳定、对生物体的影响表现“中性”以及操作简便等特点, 因此应用前景广泛。

1 形态标记

形态标记(Morphological Markers)是指肉眼可见的或仪器可测量的特定的生物外部形态特征。其主要建立在生物体的形态性状、生理性状、杂交特性及生态地理分布等表型特征之上, 是最早被使用和研究的一类遗传标记。形态特征是品种鉴定和分类的主要依据。其优点是可以直接观察, 但是其缺点是生物的形态及表型是遗传因素和环境因素相互作用的结果, 表型变异并不能完全或真实地反映遗传变异, 而且形态特征标记的数量有限, 无法有效地反映生物体的遗传组成。

在贝类研究中发现, 壳色是一种可稳定遗传的表型性状, 可用于形态遗传标记; 在养殖贝类遗传改良研究中, 壳色选择纯化已成为一个重要的育种手段^[6~14], 如中国海洋大学培育的“蓬莱红”栉孔扇贝(*Chlamys farreri*)、中科院海洋所研究培育的“中科红”海湾扇贝(*Argopecten irradians*), 均以壳色为重要特征标记进行选育。冯建彬等^[15]通过对我国四海区不同群体文蛤的形态差异分析研究显示, 各群体之间的壳色和花纹都有所差异, 如山东文蛤群体花纹较多、壳色呈褐色或黄褐色; 江苏文蛤群体花纹较少, 壳色较浅, 而广东、广西文蛤群体则无花纹。由此可见, 我国沿海不同海区的文蛤表面特征主要区别不仅仅在于花纹, 而且也在于壳的颜色。因此可根据文蛤壳色和壳表面花纹不同, 进行遗传多样性分析和对选育的研究。选择培育壳色花纹漂亮的文蛤新品种是文蛤遗传育种研究的目标之一, 目前, 文

收稿日期: 2009-06-13; 修回日期: 2009-07-30

基金项目: 国家“863”计划项目(2006AA10A410); 浙江省重大科技攻关计划项目(2006C12013); 温州市重大科技项目(S20080019)

作者简介: 朱东丽(1985-), 女, 山东菏泽人, 硕士研究生, 从事贝类遗传育种研究, 电话: 0574-88223715; E-mail: dongli1000@163.com; 王昭萍, 通信作者, E-mail: zpwang@ouc.edu.cn

蛤壳色标记选育刚刚起步,本课题组在国家“863”计划支持下承担了文蛤选育研究工作,已培育出2种壳色文蛤品系,结果生长性状优于对照组。

但是形态标记作为遗传标记在育种研究上也有许多不足之处,一是多态性少,多数标记无法与育种所要求的经济性状建立联系;二是形态标记本质上是生物体内多基因产物与其所在环境相互作用的结果,受环境条件和发育时期影响较大;三是受基因的显隐性影响不能真正代表物种的遗传组成,与基因型也不相关;因此,仅靠形态标记进行文蛤选择育种及遗传改良远远不够,需要更多中性遗传标记的应用,即具高度多态性、与贝类经济性状直接关联且不受基因显隐性影响和环境限制的分子遗传标记。

2 细胞遗传标记

细胞遗传标记(Cytological Markers)是以染色体为基础的遗传标记。染色体大小、数目和形态在动物的生长发育和世代繁衍过程中都是相对稳定的,不易受环境条件的变化而产生变异,染色体的结构特征、形态特征及数量特征是常见的细胞学标记,它们反映了染色体结构和数量的遗传多态性。其中,染色体结构特征包括染色体的核型(染色体数目、大小、随体、着丝点位置等)和带型(G带、C带、Ag-NOR带)。因此,可以根据染色体的带型和常规组型分析的指标识别染色体的异同,揭示染色体多态性,带型、核型以及染色体形态特征都代表种的特征,即一般情况下,在一个种群的所有个体或在同一个体的所有体细胞中,它们基本上是一致而稳定的。这就为不同动物种群的分群研究和确定在进化过程中所处的位置提供了重要的标准。关于贝类染色体的带型研究报道的还不多。王金星等^[16]对缢蛏的染色体进行了研究,结果C-带核型显示,有7对染色体恒定地出现C-带,均为端带。银染核型表明,有一对中着丝粒染色体具Ag-NOR带。银染带可以作为一种遗传标记。王琼等^[17]对贻贝科的贻贝(*Mytilus edulis*)也做了有关于G带、C带、银染NOR带的报道。带型分析比核型分析更加精细有用。因此,可以把染色体带型作为一种遗传标记,有效地识别不同物种之间、同一物种不同染色体之间的差异。但是该遗传标记也有其标记数目有限的弱点。

截至目前,世界上所报道的已做过染色体研究的400多种双壳纲贝类中,40%以上的种类具38条染色体,说明了双壳纲染色体数目具有一定的保守性。文蛤的二倍体染色体数目为38,即染色体基数 $n=x=19$,是双壳类的基本特征^[18~20]。而且文蛤相似种的染色体组型相似,不能通过染色体组型研

究有效地确定其遗传差异、变异及亲缘关系。

在一些近缘种贝类之间,普遍存在染色体数目相同但核型不同的现象,这可能与染色体演化过程中的结构重排有关,如常建波等^[18]曾报道过山东文蛤的二倍体染色体核型 $2n=38=18m+20sm$, $NF=76$;吕振明等^[19]对原产于山东东营在浙江引种养殖的文蛤进行了二倍体和三倍体的染色体核型研究,结果表明二倍体文蛤的核型为 $2n=38=24m+14sm$, $NF=76$;吴萍等^[20]采用PHA和秋水仙素体内注射法,以鳃组织为材料,低渗-空气干燥法制片,对江苏启东文蛤的染色体进行了分析研究,结果表明文蛤的染色体核型为 $2n=38=18m+14s+6t$, $NF=70$,与常建波、吕振明等报道结果略有不同,前者报道的全为中部和亚中部染色体而后者研究中发现尚有6条端部着丝粒染色体,从核型上看,多数为双臂染色体,即 NF 大于或等于70,原因可能是有几对染色体结构发生了重排^[21]。不同种类的差异主要表现在染色体类型上,即中或亚中着丝粒染色体、亚端或端着丝粒染色体数目不同,由此可以推测,只引起染色体形态变化的染色体变异(包括染色体倒位、易位和结构重排)等在不同种类的核型分化中起着主要作用。分析同一种贝类的核型差异可能有以下几方面的原因:第一,各研究者采用的试验方法不同。如秋水仙素浓度、低渗液的种类和浓度以及处理时间等,均可对染色体的形态和长度产生影响^[22];第二,由于着丝粒融合或断裂、结构重排等引起的同种异体核型多态现象;第三,由于地域差异形成的不同地理种群之间的核型多态现象。

3 生化遗传标记

生化标记(Biochemical Markers)是指生物的生化特征,同工酶和储藏蛋白是常见的生化标记,它与特殊的生理功能和细胞分化相联系,也与基因进化和物种演变有关,具有简便、经济、快速等优点。但也有其缺点,图谱易受外界环境和发育阶段的影响,与经济性状连锁比较困难。同工酶遗传标记是一稳定且灵敏的生化遗传标记,被广泛用于评估种质资源的遗传变异、检测其由于人为或自然因素引起的遗传变异的变化及生物群体的遗传分化,进行群体、种间遗传鉴定,被国内外学者广泛用来监测海洋贝类的遗传变异情况,但主要都集中在欧洲牡蛎(*Ostrea edulis*)^[23]、太平洋牡蛎(*Crassostrea gigas*)^[24]、虾夷扇贝(*Pecten maximus*)^[25]、合浦珠母贝(*Pinctada margaritifera*)^[26,27]、泥蚶(*Tegillarca granosa*)^[28]等方面。

不少学者对文蛤同工酶进行了研究,薛明等^[29]

采用聚丙烯酰胺梯度凝胶垂直平板电泳检测和比较了广东和广西 3 个文蛤野生群体 9 种同工酶 24 个基因座位的生化遗传变异。结果表明:从 3 个群体之间的遗传相似度和遗传距离来看,它们的差异属种内地理群体的差异水平,三地区群体间有着较强的基因流,各群体在多个位点上都存在杂合子缺失现象。刘馨^[4]等用同工酶方法研究分析了文蛤北方 5 个群体的遗传结构与变异,结果表明:文蛤 5 个天然种群的多态座位比例为 0.475 ± 0.064 ;平均杂合度为 0.212 ± 0.026 ,总体上遗传多样性较好,遗传变异水平较高;存在近交,但近交程度不高。并通过聚类分析初步判定出,这 5 个群体同属于一个种,种群间由于地理隔离已形成了不同的地理种群。林志华^[30]采用聚丙烯酰胺垂直电泳技术对山东文蛤、江苏文蛤、广西文蛤、浙江养殖文蛤、白壳文蛤等五个群体的消化腺及闭壳肌两种组织中的 7 种同工酶进行了分析,结果表明,7 种同工酶的表型在文蛤不同组织之间、不同地理群体之间、养殖群体和自然群体之间都呈现出不同的差异,由此说明这五个文蛤群体之间已经有了一定程度的遗传分化。但由于同工酶标记多态性较低、标记数量少,远不能满足育种工作的需求,需要建立多态性更高的分子遗传标记。

4 分子遗传标记

分子遗传标记(Molecular Markers)是指利用分子生物学的方法来区分不同的个体或群体,并且可以稳定遗传的物质或性状,是生物个体或群体间遗传差异的客观表征。与上述其他遗传标记相比,具有表现稳定;无组织、器官和发育时期的特异性;数量多;多态性高;对目标性状的表达无不良的影响;部分标记的遗传方式为共显性;操作简单等优点。分子标记可以为种质资源的研究提供几乎无限的多态性证据,不仅能够检测物种内的遗传多样性,而且可以对物种间的遗传多样性进行比较,成为检测遗传多样性的最有效工具。

目前分子遗传标记方法已出现了几十种,新的分子标记方法还会不断涌现,但比较常用的有 RAPD(随机扩增多态 DNA)、AFLP(扩增片段长度多态性)、RFLP(限制性片段长度多态性)、SSR(微卫星标记)、ISSR(简单重复序列中间区域)、EST(表达序列标签)等几种分子遗传标记方法,它们突破了形态学、细胞学等基因表达型标记的局限性,随着分子生物学的迅速发展,分子遗传标记已经成为研究水生生物种质资源和遗传多样性的最常用和最有效的工具。利用现代分子标记技术研究文蛤的遗传多样性,对于了解文蛤地理群体种质状况具有重要的

意义,但在文蛤中,分子标记的应用目前还处于初级阶段,主要集中于 RAPD 标记、ISSR 标记、AFLP 标记及 ITS 序列分析等。

沈怀舜等^[31]对中国沿海 3 个文蛤地理群体进行了 RAPD 分析,得出 3 个文蛤地理群体之间的遗传距离较大,这说明我国文蛤具有明显的地理分化特征。阎冰等^[32]应用 RAPD 标记通过对广西地区文蛤的遗传多样性进行研究,认为相邻两地理种群的遗传距离偏小,而地理位置相隔越远,遗传距离越大。孙大鹏等^[33]利用 RAPD 技术,对吕四海区的文蛤、青蛤和四角蛤蜊的遗传多样性进行了分析和比较,用 60 个随机引物,从中选取了 45 个扩增效果比较稳定的引物用于群体分析,其得到了 250 个位点。通过聚类分析结果表明 3 种贝类之间的遗传距离差异不大,相对于青蛤和四角蛤蜊,文蛤种内的遗传距离要小。研究辽东湾和黄海北部沿海文蛤的野生群体和养殖群体 RAPD 分析表明,不同群体的遗传差异随地理距离增加而加大,因此,如要获得杂交优势较大的品种,则可选择地理距离较远的群体杂交。林志华等^[34]对文蛤 4 个不同地理群体的个体进行了 RAPD 分析,结果表明文蛤 4 个群体的 RAPD 扩增带数和带型差异较大,显示不同地理种群之间已经发生了一定程度的遗传变异,此结果与形态表型标记、同工酶标记分析结果一致。

RAPD 标记存在稳定性较差的缺点,有待于其他标记的应用,李太武等^[35]对广西和江苏不同花纹文蛤进行了 ITS2 分析,结果显示广西文蛤群体和江苏文蛤群体间发生了遗传变异,江苏文蛤群体内部也发生了遗传分化。林志华等^[36]利用 AFLP 标记技术与 ITS 的 PCR-RFLP 技术以及序列分析相结合,对广西文蛤三个文蛤群体的遗传结构和亲缘关系进行了分析,结果得到了 88 个可以用于群体区分的 AFLP 的特征性标记及 ITS 的 PCR 产物酶切图谱和序列,并构建了进化树,为三个文蛤群体的分类关系提供了可靠的分子证据。

赫崇波等^[37]应用 AFLP 标记技术对辽宁和山东沿海文蛤养殖群体和野生群体的遗传多样性进行分析,5 个群体内的遗传距离均远远高于群体间的遗传距离。林志华等^[38]对我国文蛤主要产区 4 个文蛤自然群体的形态变异进行分析的基础上,结合 AFLP 标记技术,分析各群体的主要遗传参数和遗传变异水平,寻找判别群体的分子标记,结果在扩增出的 236 个位点中有 205 个多态位点,多态位点比例高达 86.86%,说明我国野生文蛤群体的遗传变异水平较高。4 个群体相互间的遗传距离在 $0.0394 \sim 0.1586$ 之间,说明各群体已出现一定的遗传分化。

陈大鹏等^[39]利用 ISSR-PCR 分子标记对江苏与辽宁文蛤两个地理种群进行了初步的遗传分析,结果表明江苏文蛤的位点多态性高于辽宁文蛤,说明江苏文蛤遗传变异性较大,遗传多样性也比较丰富,存在较大的遗传改良潜力。并计算得出江苏文蛤的种群内遗传距离大于辽宁文蛤的种群内遗传距离,且种群间遗传距离明显大于种内遗传距离。此结果与用 RAPD 研究所得到的文蛤的种内的平均遗传距离有所差距,分析可能由于 ISSR 与 RAPD 两种标记在对基因组进行扩增时各引物所结合的序列与位置的不同所造成的。说明不同的分子标记间存在一定差异,RAPD 标记存在稳定性较差的缺点,另一方面也说明 ISSR 分子标记具有操作简单,稳定,可重复性好及多态性高等优点,在种质鉴定、遗传育种、物种分类系统比较学、遗传图谱的绘制等领域的研究中具有广阔的前景。

5 展望

分子遗传标记技术在文蛤研究中的应用还非常有限,与其他贝类如牡蛎、扇贝等的研究相比还有相当大的差距。由于目前文蛤养殖业面临病害、性状退化、种质资源衰退等问题,开展种质资源保护、遗传育种等研究是文蛤产业发展的科技支撑,而研究开发高效的分子遗传标记对上述研究起了非常重要的作用。针对目前的研究发展及产业需求情况,未来相关研究重点应集中在以下几个方面:(1)运用分子遗传标记技术对文蛤种间亲缘关系进行鉴定及遗传图谱的构建;(2)应用分子遗传标记开展文蛤亲本鉴定、跟踪不同家系或父母本的遗传特征研究,结合传统形态特征测量,加强杂种优势预测和杂种优势机理的研究,推动文蛤遗传育种进程,在确定优势杂交组合后,开展亲本纯化工作,应用分子标记技术检测亲本的纯度;(3)应用分子遗传标记技术开展文蛤中抗病基因以及功能基因的筛选、分离和克隆,并对其经济性状如生长、抗病等相关功能基因的标记及定位进行研究;(4)开展物种多样性研究,为可持续开发文蛤种质资源提供理论基础。

文蛤是一种天然资源丰富的滩涂贝类,是重要的海水增养殖优良品种,也是出口的鲜活水产品之一,对其进行群体遗传学、细胞遗传学、分子遗传学的研究有着十分重要的意义。相信随着分子标记技术的不断改进和深入发展,分子遗传标记在文蛤遗传研究中将会得到更充分的应用,从而推动文蛤种质资源和遗传育种研究的进程。

参考文献:

- [1] 庄启谦. 中国动物志. 软体动物门、双壳纲、帘蛤科 [M]. 北京: 科学出版社, 2001.
- [2] 潘宝平, 吴琪, 张素萍, 等. 文蛤属 (*Meretrix*) 16 Sr-RNA 基因及 ITS1 序列的系统学分析 [J]. 海洋与湖沼, 2006, **37**(4): 342-347.
- [3] 杜晓东, 邓岳文, 叶富良, 等. 广东和广西地区野生文蛤的遗传多样性 [J]. 中国水产科学, 2004, **11**(1): 41-46.
- [4] 刘馨, 孙祥山, 高悦勉. 文蛤北方种群生化遗传结构与变异的研究 [J]. 水产科学, 2006, **25**(4): 179-183.
- [5] 王永飞, 马三梅, 刘翠平, 等. 遗传标记的发展和分子标记的检测技术 [J]. 西北农林科技大学学报: 自然科学版, 2001, **29**(6): 130-136.
- [6] Cain A J. The colours of marine bivalve shells with special reference to *Macoma baltica* [J]. **Malacologia**, 1988, **28**(1-2): 289-318.
- [7] McMahan R F, McMahan C O'B. Leaping and swimming as predator responses in the jackknife clam, *Ensis minor* Dall (Bivalvia: Pharellidae) [J]. **The Nautilus**, 1983, 97: 55-58.
- [8] Beukema J J, Meehan B W. Latitudinal variation in linear growth and other shell characteristics of *Macoma balthica* [J]. **Mar Bi-ol**, 1985, 90: 27-33.
- [9] Mitton J B. Shell color and patten variation in *Mytilus edulis* and its adaptive significance [J]. **Chesapeake Sci**, 1977, 18: 387-390.
- [10] Wolff M, Garrido J. Comparative study of growth and survival of two color morphs of the Chilean scallop *Argopecten purpuratus* (Lamarck) in suspended culture [J]. **J Shellfish Res**, 1991, **10**(1): 47-53.
- [11] Alfonsi C, Perez J E. Growth and survival in the scallop *Nodipecten nodosus* as related to self-fertilization and shell colour [J]. **Bol Inst Oceanogr Venez**, 1998, **37**(1-2): 69-73.
- [12] Raffaelli D. Colour polymorphism in the intertidal snail *Littorina rudis* Maton [J]. **Zool Anzeiger**, 1979, 202: 65-73.
- [13] Newkirk G F. Genetics of shell color in *Mytilus edulis* and the association of growth rate with shell color [J]. **J Exp Mar Bio Ecol**, 1980, **46**(1): 89-94.
- [14] 郑怀平, 张国范, 刘晓, 等. 不同贝壳颜色海湾扇贝 (*Argopecten irradians*) 家系的建立及生长发育研究 [J]. 海洋与湖沼, 2003, **34**(6): 632-639.
- [15] 冯建彬, 李家乐, 王美珍, 等. 我国四海区不同群体文蛤形态差异与判别分析 [J]. 浙江海洋学院学报, 2005, **24**(4): 318-323.
- [16] 王金星, 赵小凡, 周岭华, 等. 缢蛭的染色体研究 [J]. 海洋与湖沼, 1998, **29**(2): 191-196.
- [17] 王琼, 童囊亮. 贻贝核型及染色体带型分析 [J]. 动物学报, 1994, **40**(3): 309-316.

- [18] 常建波, 魏利平, 杨建敏, 等. 文蛤染色体核型及三倍体诱导的初步研究 [J]. 水产学报, 1996, **20**(3): 269-274.
- [19] 吕振明, 柴雪良, 刘保忠, 等. 文蛤二倍体和三倍体染色体核型分析 [J]. 中国水产科学, 2003, **10**(6): 520-523.
- [20] 吴萍, 董建萍, 倪建国, 文蛤染色体的研究 [J]. 上海水产大学学报, 2002, **11**(2): 106-109.
- [21] 王金星, 赵小凡, 周岭华, 等. 中国海洋贝类细胞遗传学研究[A]. 相建海. 海洋动物细胞和种群生化遗传学[C]. 济南: 山东科学技术出版社, 1999. 44-56.
- [22] 孙振兴. 一种观察贝类染色体的制片法 [J]. 动物学杂志, 1991, **26**(4): 34-35.
- [23] Saavedra C, Guerra A. Allozyme heterozygosity, founder effect and fitness traits in cultivated population of the European oyster, *Ostrea edulis* [J]. **Aquaculture**, 1996, 139: 203-224.
- [24] 杨锐, 喻子牛, 陈再忠, 等. 山东沿海褶牡蛎与太平洋牡蛎等位基因酶的遗传变异 [J]. 水产学报, 2000, **24**(2): 130-133.
- [25] Craig S W, John W L, Andy R B. An investigation of possible stock structure in *Pecten maximus* (L.,) using multivariate morphometrics, allozyme electrophoresis and mitochondrial DNA polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism [J]. **Journal of Shellfish Research**, 1998, **17**(1): 131-142.
- [26] 李广丽, 杜晓东, 叶富良. 合浦珠母贝两个野生种群的生化遗传变异 [J]. 热带海洋学报, 2002, **21**(4): 63-67.
- [27] 李刚, 金启增, 姜卫国, 等. 合浦珠母贝和长耳珠母贝的生化遗传变异 [J]. 遗传学报, 1985, **12**(3): 204-212.
- [28] 喻子牛, 孔晓瑜, 杨锐, 等. 泥蚶等位基因酶遗传变异研究 [J]. 中国水产科学, 1997, **4**(5): 15-21.
- [29] 薛明, 杜晓东, 黄荣莲, 等. 文蛤三个野生种群的生化遗传变异 [J]. 海洋通报, 2006, **25**(1): 38-43.
- [30] 林志华. 文蛤种质资源的遗传基础及利用的研究 [D]. 青岛: 中国海洋大学, 2007.
- [31] 沈怀舜, 朱建一, 丁亚平, 等. 我国沿海三个文蛤地理群体的 RAPD 分析 [J]. 海洋学报, 2003, **25**(5): 97-102.
- [32] 阎冰, 邓岳文, 杜晓东, 等. 广西地区文蛤的遗传多样性研究 [J]. 海洋科学, 2002, **26**(5): 5-8.
- [33] 陈大鹏, 沈怀舜, 丁亚平, 等. 文蛤、青蛤和四角蛤蜊的随机扩增多态性 DNA(RAPD)的比较分析 [J]. 海洋通报, 2004, **23**(6): 84-87.
- [34] 林志华, 陆荣茂, 董迎辉, 等. 4 个文蛤群体的 RAPD 分析 [J]. 大连水产学院学报, 2009, **24**(1): 66-70.
- [35] 李太武, 张国安, 苏秀榕, 等. 不同花纹文蛤 (*Meretrix meretrix*) 的 ITS2 分析 [J]. 海洋与湖沼, 2006, **37**(2): 132-136.
- [36] 林志华, 黄晓婷, 董迎辉, 等. 广西文蛤 (*Meretrix*) 的 AFLP 及 ITS 分析 [J]. 海洋与湖沼, 2009, **40**(1): 33-41.
- [37] 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.
- [38] 林志华, 董迎辉, 李宁, 等. 基于形态参数和 AFLP 标记的文蛤 (*Meretrix meretrix*) 地理群体遗传变异分析 [J]. 海洋与湖沼, 2008, **39**(3): 245-251.
- [39] 陈大鹏, 沈怀舜, 丁亚平, 等. 文蛤 (*Meretrix meretrix*) 地理种群 ISSR 分子标记的初步研究 [J]. 南京师范大学学报, 2004, **27**(3): 74-77.

(本文编辑: 康亦兼)