

大菱鲂(*Scophthalmus maximus*)幼鱼生长 性状的遗传力及其相关性分析*

马爱军¹ 王新安¹ 杨志² 曲江波² 雷霖霖¹

(1. 中国水产科学研究院黄海水产研究所 农业部海洋渔业资源可持续利用重点开放实验室 青岛 266071;

2. 烟台市开发区天源水产有限公司 烟台 264003)

提要 以 4 种不同地理群体大菱鲂为亲本, 采用巢式设计方法和人工采卵授精技术, 按照 1 雄配 2 雌的原则, 构建了 28 个父系半同胞家系和 56 个母系全同胞家系, 分别测定了每个母系生长到 6 月龄的全同胞个体 60 个后代的体长、全长、体高、体重, 应用数量遗传学原理, 利用全同胞资料, 采用方差、协方差分析的方法, 研究了大菱鲂 6 月龄生长性状的遗传力及性状间的遗传相关和表型相关。对性状遗传力研究结果表明, 雌性遗传方差组分均大于雄性遗传方差组分, 雌性遗传方差组分存在显著的母性效应。基于父系半同胞组内相关法估计的遗传力是大菱鲂体长、全长、体高、体重遗传力的无偏估计值, 估计的遗传力准确可靠, 估计值分别为 0.282、0.251、0.283、0.450, 为中高等遗传力, 显示对大菱鲂生长性状进行选择育种具有很大的潜力。对性状间相关性分析结果表明, 依据父系半同胞遗传协方差组分和表型协方差分别估计体长-全长、体长-体高、体长-体重、全长-体高、全长-体重、体高-体重间的遗传相关和表型相关, 遗传相关在 0.888—0.985, 表型相关在 0.864—0.957, 各性状间遗传相关和表型相关经 t 检验均达到极显著水平($P < 0.01$)。

关键词 大菱鲂, 生长性状, 遗传力, 遗传相关

中图分类号 Q953

大菱鲂(*Scophthalmus maximus*)为世界公认的优质鱼种(雷霖霖, 2003; Howell, 1998)。自 1992 年由水产科学研究院黄海水产研究所首次引入中国以来, 相继开展了苗种繁育、养殖模式、营养饲料、病害防治等方面的研究, 目前大菱鲂已发展成为我国北方沿海工厂化养殖业的主导品种之一(马爱军等, 2002, 2003; 雷霖霖, 2005; 雷霖霖等, 2002)。近年来, 由于引进原种数量较少, 群体种类相对单一, 并且育种过程中采用的亲鱼未经过专门选优处理, 加之累代养殖和近亲交配, 以致造成种质退化现象比较严重, 结果导致孵化率、成活率降低、生长速度减慢、抗逆性变差、白化严重等系列种质退化现象不断发生(邹曙明等, 2001; 申雪艳等, 2004; 雷霖霖等, 2005), 因此, 进行大菱鲂遗传改良, 培育出具有优质、高产、

抗逆等优良性状的新品种, 已成为发展中亟待解决的问题(马爱军等, 2008; 雷霖霖, 2005)。常用的遗传改良手段主要包括杂种优势、种间杂交和选择育种等方法。实践证明, 采用选择育种的方法对水产动物进行遗传改良效果较好。

遗传参数估计是选择育种中的一项基础工作。遗传力作为最重要的一个基本遗传参数, 是数量遗传学中由表及里, 从表型变异研究其遗传实质的一个关键的定量指标。在育种值估计、选择指数指定、选择反应预测、选择方法比较以及育种规划决策等方面, 均起着十分重要的作用。遗传相关是数量遗传学中另一个重要的基本遗传参数, 可用来描述不同性状之间由于各种遗传原因造成的相关程度大小。在确定间接选择的依据和预测间接选择反应大小、比较不同环

* 国家支撑计划专题, 2006BAD01A12012 号; 农业公益性行业科研专项经费项目, nyhyzx07-046 号; “泰山学者”建设工程专项经费资助。马爱军, 博士, 研究员, E-mail: maaj@ysfri.ac.cn

收稿日期: 2007-10-20, 收修改稿日期: 2007-11-30

境条件下的选择效果以及综合选择指数的制定等方面具有重要的作用(盛志廉等, 2001)。20 世纪 70 年代, 动物选择育种的理论开始应用到水产动物的研究上, 其中对鱼类的遗传参数估计研究较多, 而虾、蟹、贝类相对较少(Wohlfart *et al*, 1975; Kinghorn, 1983; Fishback *et al*, 2002; Ibarra *et al*, 2005)。我国在水产动物方面的选择育种工作开展较晚, 处于起步阶段, 仅见海胆、鲤、长毛对虾、罗氏沼虾和刺参耳状幼体等部分性状遗传参数估计的报道(吴仲庆等, 1990; 陈刚等, 1996; 刘小林等, 2003; 栾生等, 2006)。基于鱼类具有高繁殖性能的特性, 其遗传参数的估计方法多采用同胞分析方法进行估计。本研究中, 作者依据巢式交配设计, 建立全同胞家系, 通过收集全同胞资料, 利用二因素系统分组的方差、协方差分析, 估计出相应的单性状的方差组分和性状间的协方差组分, 对大菱鲂早期生长性状的遗传力和遗传相关进行估计, 旨在为大菱鲂选择育种提供必要的基础依据和技术参数。

1 材料与方法

1.1 亲本材料

实验亲本材料为烟台天源水产有限公司所培育的英国、法国、丹麦和挪威 4 个不同地理群体的大菱鲂(*Scophthalmus maximus*), 其英国群体为 2002 年 8 月 11 日从英国进约 5cm 的苗种; 法国群体为 2003 年 9 月 22 日从法国进 5cm 的苗种; 丹麦群体为 2003 年 4 月 4 日从韩国进丹麦卵孵化而成的 5cm 的苗种; 挪威群体为 2002 年 6 月 10 日从挪威进 5cm 的苗种。

1.2 人工授精

在大菱鲂繁殖期, 选取体格健壮、体形完整, 色泽正常、性腺发育成熟、状态良好大菱鲂作为亲鱼, 根据巢式设计, 按照 1 雄配 2 雌的原则, 在产卵盛期, 采用人工采卵受精的方法进行定向交配。受精卵放置在 $80 \times 60 \times 60 \text{cm}^3$ 长方形孵化箱(80—100 目)内孵化, 孵化温度为 13—14 。

1.3 苗种培育

从仔鱼孵化后到标记混养前, 各家系分池培育, 为尽量减小环境条件的差异, 对家系个体采用环境条件标准化和数量标准化的方式进行培育。环境条件标准化: 主要包括各阶段养殖空间的大小、水的盐度、水温、光照、充气和饵料等条件标准化。数量标准化: 在 3 次分苗期, 即孵化后第 15 天、第 30 天、第 60 天, 分别选取生长状态良好的仔鱼 10000 尾、稚鱼 5000 尾、幼鱼 2000 尾进行一级、二级、三级数量标准化培育。中间培育约需 1 个月, 对幼鱼进行荧光(VIE)标记, 进行家系混养。共获得 28 个半同胞家系, 56 个全同胞家系。在 6 月龄, 每个全同胞家系分别取 60 尾, 测量体长、全长、体高、体重等性状。

1.4 统计分析方法

对于生长性状数据的方差分析及协方差分析通过 SPSS 软件的 GLM(General Line model)过程实现。二因素系统分组的方差分析及协方差分析的数学模型为:

$$x_{ijk} = \mu^x + s_i^x + d_{ij}^x + e_{ijk}^x, \quad y_{ijk} = \mu^y + s_i^y + d_{ij}^y + e_{ijk}^y$$

其中, x_{ijk} 及 y_{ijk} 表示不同性状第 k 个个体的生长指标, μ 表示总体均值, s_i 表示第 i 个雄性效应, d_{ij} 表示第 i 个雄性内第 j 个个体的雌性效应, e_{ijk} 表示随即误差变量。全同胞资料表型变量的方差组成如表 1 所示, 全同胞资料表型变量间的协方差组成如表 2 所示。

1.5 遗传参数计算

根据全同胞资料作二因素系统分组方差分析可以得到 3 个遗传力的估计值(盛志廉等, 2001), 即:

$$h_S^2 = \frac{4\sigma_S^2}{\sigma_S^2 + \sigma_D^2 + \sigma_e^2}, \quad h_D^2 = \frac{4\sigma_D^2}{\sigma_S^2 + \sigma_D^2 + \sigma_e^2},$$

$$h_{SD}^2 = \frac{2(\sigma_S^2 + \sigma_D^2)}{\sigma_S^2 + \sigma_D^2 + \sigma_e^2}$$

式中, h_S^2 、 h_D^2 、 h_{SD}^2 分别为父系半同胞、母系全同胞和全同胞个体间估计的狭义遗传力, σ_S^2 、 σ_D^2 、 σ_e^2 分别为父系半同胞、母系全同胞和全同胞个体间方差。

表 1 全同胞资料表型变量组成的方差分析
Tab.1 Analysis of variance for phenotypic variation

变异来源(SV)	自由度(df)	平方和(SS)	均方(MS)	期望均方(EMS)
雄性间	$S-1$	SS_S	MS_S	$\sigma_e^2 + n\sigma_D^2 + nd\sigma_S^2$
雄内雌间	$S(d-1)$	SS_D	MS_D	$\sigma_e^2 + n\sigma_D^2$
后代个体	$Sd(n-1)$	SS_e	MS_e	σ_e^2
总和	$Sdn-1$	SS_T		

注: S 为雄性亲本数, d 为与每一雄性亲本所交配的雌性亲本数, n 为每一雌性亲本的后代个体数, σ_S^2 为父系半同胞方差, σ_D^2 为母系全同胞方差, σ_e^2 为全同胞个体间方差

表 2 全同胞资料表型变量间组成的协方差分析
Tab.2 Analysis of covariance for phenotypic variation

变异来源(SV)	自由度(df)	叉积和(CP)	协方差(MP)	期望均积(EMP)
雄性间	S-1	CP _S	MP _S	cov _e (x, y) + ncov _D (x, y) + ndcov _S (x, y)
雄内雌间	S(d-1)	CP _D	MP _D	cov _e (x, y) + ncov _D (x, y)
后代个体	Sd(n-1)	CP _e	MP _e	cov _e (x, y)
总和	Sdn-1	CP _T		

注: S 为雄性亲本数, d 为与每一雄性亲本所交配的雌性亲本数, n 为每一雌性亲本的后代个体数, cov_S(x, y) 为父系半同胞协方差, cov_D(x, y) 为母系全同胞协方差, cov_e(x, y) 为全同胞个体间协方差

遗传力的估计值来自样本, 对于其是否能够代表总体参数, 需要进行显著性检验。遗传力的显著性检验采用 t 检验。

根据全同胞资料作二因素系统分组方差分析及协方差分析可以得到 3 个遗传相关的估计值(盛志廉等, 2001), 即:

$$r_S = \frac{\text{cov}_S(x, y)}{\sigma_{S_x} \sigma_{S_y}}, \quad r_D = \frac{\text{cov}_D(x, y)}{\sigma_{D_x} \sigma_{D_y}},$$

$$r_{(S+D)} = \frac{\text{cov}_S(x, y) + \text{cov}_D(x, y)}{\sqrt{(\sigma_{S_x}^2 + \sigma_{D_x}^2)(\sigma_{S_y}^2 + \sigma_{D_y}^2)}}$$

式中, r_S、r_D、r_(S+D) 分别为父系半同胞、母系全同胞和全同胞个体间估计的遗传相关, σ_S²、σ_D² 意义上。由于后两个估计值受显性效应和母体效应影响较大, 相比之下第一个估计值较为无偏(盛志廉等, 2001), 因此, 本文采用第一个公式计算性状间的遗传相关系数作为结果。

表型相关的计算公式为: r_p = $\frac{\text{cov}_P(x, y)}{\sigma_{P_x} \sigma_{P_y}}$ 。对各项相关系数进行显著性 t 检验。

2 结果

2.1 大菱鲆 6 月龄所测生长性状的表型参数

所测生长性状数据资料经初步整理后的各表型

统计量见表 3。由表 3 可见, 各性状平均值反映了 6 月龄大菱鲆的生长状况。其中, 体重的变异系数最大(0.262), 其他 3 个性状变异系数较小(<0.1)。

表 3 所测各性状的表型统计量(n=3360)
Tab.3 The apparent statistics of various traits (n=3360)

性状	体长(cm)	全长(cm)	体高(cm)	体重(g)
平均数	9.767	12.708	7.278	42.448
标准差	0.819	0.967	0.696	11.134
变异系数	0.084	0.076	0.096	0.262

2.2 大菱鲆所测各生长性状的方差分析及性状间的协方差分析

大菱鲆体长、全长、体高和体重测定资料的方差分析见表 4。方差分析结果表明, 6 月龄大菱鲆雄性亲本间和雄内雌间体长、全长、体高和体重的 F 检验均存在极显著差异(P<0.01)。大菱鲆体长、全长、体高和体重两两性状间的协方差分析见表 5。协方差分析结果表明, 6 月龄大菱鲆雄性亲本间和雄内雌间体长-全长、体长-体高、体长-体重、全长-体高、全长-体重、体高-体重的 F 检验均存在极显著差异(P<0.01)。

2.3 表型变量的原因方差组分和表型变量间的原因协方差组分

方差分析结果与期望均方的方差组分构成, 可以建立由全同胞和半同胞协方差估计各个原因方差

表 4 大菱鲆 6 月龄表型变量组成的方差分析

Tab.4 Analysis of variance for components of phenotypic variation of *S. maximus* at 6 months old

性状	变异来源(SV)								
	雄性间			雄内雌间			后代个体		总和
	df	MS	F	df	MS	F	df	MS	df
体长	27	93.98	16.239**	28	36.68	6.313**	3304	5.78	3359
全长	27	139.28	17.735**	28	68.48	8.667**	3304	7.88	3359
体高	27	103.56	17.903**	28	44.76	7.720**	3304	5.76	3359
体重	27	27371.60	28.915**	28	10553.30	11.148**	3304	946.63	3359

**表示差异极显著(P<0.01)。df 为自由度, MS 为均方, F 为均方比

表 5 大菱鲂 6 月龄表型变量间组成的协方差分析
Tab.5 Analysis of covariance for components of phenotypic variation of *S. maximus* at 6 months old

性状间 (x, y)	变异来源(SV)								
	雄性间			雄内雌间			后代个体		总和
	df	MP	F	df	MP	F	df	MP	df
(BL, TL)	27	118.64	18.495**	28	56.24	8.724**	3304	6.44	3359
(BL, BD)	27	79.10	19.366**	28	27.50	6.720**	3304	4.10	3359
(BL, BW)	27	1494.57	22.254**	28	708.57	10.549**	3304	67.17	3359
(TL, BD)	27	93.66	19.387**	28	36.06	7.416**	3304	4.86	3359
(TL, BW)	27	1739.80	21.700**	28	826.60	10.313**	3304	80.20	3359
(BD, BW)	27	1288.77	23.875**	28	512.37	9.496**	3304	53.97	3359

**表示差异极显著($P<0.01$)。df 为自由度, MP 为协方差, F 为均方比, BL 为体长, TL 为全长, BD 为体高, BW 为体重。下同

组分的对应关系, 依据关系见表 6。协方差分析结果与期望均积的协方差组分构成, 可以建立由全同胞和半同胞协方差估计各个原因协方差组分的对应关系, 依据关系见表 7。表 6 中列出了雄性亲本、雌性亲本、雄雌内全同胞组分的方差, 其中雌性亲本的方差大于雄性亲本的方差; 表 7 中列出了雄性亲本、雌性亲本、雄雌内全同胞组分的协方差, 其中雌性亲本的协方差大于雄性亲本的协方差; 这表明雌性亲本间半同胞个体具有较大的变异程度, 可能存在较大的母性效应(受精卵的质量)。

表 6 表型变量的原因方差组分
Tab.6 Causal component of phenotypic variance

方差组分	方差组分计算结果			
	体长	全长	体高	体重
σ_s^2	0.48	0.59	0.49	140.152
σ_D^2	0.51	1.01	0.65	160.111
σ_e^2	5.78	7.88	5.76	946.630
$\sigma_S^2 + \sigma_D^2$	0.99	1.60	1.13	300.264
$\sigma_T^2 = \sigma_S^2 + \sigma_D^2 + \sigma_e^2$	6.77	9.48	6.89	1246.894

表 7 表型变量间的原因协方差组分
Tab.7 Causal component of phenotypic covariance

性状间	协方差组分计算结果			
	$cov_S(x, y)$	$cov_D(x, y)$	$cov_e(x, y)$	$cov_P(x, y)$
(BL, TL)	0.52	0.83	6.44	7.80
(BL, BD)	0.43	0.39	4.10	4.92
(BL, BW)	6.55	10.69	67.17	84.42
(TL, BD)	0.48	0.52	4.86	5.86
(TL, BW)	7.61	12.44	80.20	100.26
(BD, BW)	6.47	7.64	53.97	68.08

2.4 所测各性状的遗传力和性状间的遗传相关估计

依据表 6 计算的父系半同胞、母系全同胞、全同胞个体间遗传方差组分分别估计大菱鲂 6 月龄体长、全长、提高、体重的遗传力, 结果见表 8。体长、全长、体高、体重遗传力的估计值分别在 0.282—0.302、0.251—0.425、0.283—0.374、0.450—0.514, 各性状以母系全同胞遗传力估计值最高, 全同胞个体间遗传力估计值次之, 父系半同胞遗传力估计值最低。体长、全长、体高、体重遗传力显著性 t 检验结果为: 依据各方差组分估计的遗传力均达到显著水平($P<0.05$)或极显著水平($P<0.01$)。依据表 7 计算的父系半同胞遗传协方差组分和表型协方差分别估计大菱鲂 6 月龄体长-全长、体长-体高、体长-体重、全长-体高、全长-体重、体高-体重间的遗传相关和表型相关, 结果见表 9。6 对性状间的遗传相关在 0.888—0.985, 表型相关在 0.864—0.957, 其中全长和体长间的遗传相关(0.985)和表型相关(0.957)均较高。各性状间遗传相关和表型相关经 t 检验均达到极显著水平($P<0.01$)。

表 8 大菱鲂 6 月龄生长性状遗传方差组分估计的遗传力
Tab.8 Heritabilities of growth traits in *S. maximus* at 6 months old

遗传力的估计方法	遗传力估计结果			
	体长	全长	体高	体重
雄性组分估计	0.282*	0.251*	0.283*	0.450*
雌性组分估计	0.302**	0.425**	0.374**	0.514*
雄性组分+雌性组分估计	0.292**	0.338**	0.329**	0.482**

*表示差异显著($P<0.05$), **表示差异极显著($P<0.01$)

3 讨论

3.1 大菱鲂生长性状的遗传力

本研究对大菱鲂 6 月龄体长、全长、体高、体重

表 9 大菱鲂 6 月龄生长性状间的遗传相关和表型相关
Tab.9 Genetics and phenotypic correlation of growth traits in *S. maximus* at 6 months old

性状	体长	全长	体高	体重
体长		0.985**	0.888**	0.924**
全长	0.957**		0.902**	0.968**
体高	0.864**	0.872**		0.903**
体重	0.907**	0.914**	0.897**	

注: 对角线上方为遗传相关, 下方为表型相关。**表示差异极显著($P < 0.01$)

的狭义遗传力进行估计, 其遗传力的估计值分别在 0.282—0.302、0.251—0.425、0.283—0.374、0.450—0.514, 经统计检验, 均达到显著或极其显著水平。在水产动物选择育种中, 利用全同胞组内相关法或者半同胞组内相关法已经对虾夷马粪海胆(*S. intermedius*)、牡蛎(*C. virginica*)幼体、硬壳蛤(*M. mercenaria*)、凡纳滨对虾(*P. vanname*)、红额角对虾(*P. stylirostris*)生长率的遗传力进行研究(Newkirk *et al.*, 1977; Rawson *et al.*, 1990; Benzie *et al.*, 1996; 刘小林等, 2003), 所报道的狭义遗传力估计结果在 0.2—0.7 范围。本研究结果与上述海洋生物生长发育的遗传力报道一致, 在遗传力的 3 个估计值中, 以父系半同胞估计得遗传力较为准确。根据母系全同胞估计得到的遗传力估计值明显大于其他两个遗传力的估计值(表 8)。其方差也大于父系半同胞的方差, 表明母系全同胞间存在较大的变异, 可能存在母性效应, 因此其遗传力估计值较真值偏高。据此可以认为父系半同胞组内相关法估计的遗传力是大菱鲂各测量生长性状遗传力的无偏估计值, 且用雄性亲本遗传方差组分估计的遗传力准确可靠。父系半同胞估计体长、全长、体高的狭义遗传力分别为 0.282、0.251、0.283, 介于 0.1—0.3 之间, 为中等遗传力, 父系半同胞估计体重的狭义遗传力为 0.450, 大于 0.3, 为高遗传力。显然, 对大菱鲂生长性状进行选择育种具有很大的潜力, 可以获得较大的遗传进展。

3.2 大菱鲂生长性状间的遗传相关和表型相关

基因连锁和基因多效性的存在, 使生物体不同的性状间存在不同程度的相关性。这反映在选择育种实践中, 有的性状可通过直接选择获得较满意的成效, 而有的性状通过直接选择则很难获得理想的结果, 但可通过与它相关性较高性状的选育达到间接选育的目的。此外, 在对某一性状进行选育的过程中, 也可能对其他性状产生正向或负向效应。通常观察

到的是性状间的表型相关, 它包括遗传相关和环境相关两部分, 性状间遗传相关越大, 间接选育的效果就越好(李思发等, 2006)。通过协方差分析来度量性状间相互关联的变异程度, 是数量遗传学研究的一项重要内容, 也是鱼类选育过程中的一项基本工作。Jonasson(1993)研究表明, 190 日龄大西洋鲑(*Salmo salar*)成活率-体重、成活率-体长、体重-体长的遗传相关分别为 0.31 ± 0.26 、 0.39 ± 0.26 及 0.98 ± 0.01 。Elvingson 等(1993)研究表明, 虹鳟(*Oncorhynchus mykiss*)在 1.5—2.5 年龄时, 体重与体长具有最大的遗传相关, 随着年龄的增长, 两者间差异增大, 遗传相关将逐渐降低。对三种红鲤生长性状的遗传相关分析表明, 红鲤的体重与全长、体长的遗传相关显著, 与其他性状则不显著(李思发等, 2006)。本研究发现, 大菱鲂体长、全长、体高、体重间的遗传相关均为强正相关, 经显著性检验, 所有系数都达到极显著程度($P < 0.01$)。这说明体重受全长、体长、体高影响较大, 在选育时, 如以体重为目标性状, 则会给全长、体长、体高带来显著的间接选育效应。对性状之间表型相关研究发现, 体长、全长、体高、体重间的表型相关均为强正相关, 经相关系数显著性检验, 所列各性状间的表型相关都呈极显著水平($P < 0.01$)。表明所选指标进行相关分析具有重要的实际意义。

在对水产动物进行选育时, 首先要确立一个或几个针对性性状进行选择。从大菱鲂 6 月龄生长性状的变异系数可以看出, 体重的变异系数在 4 个生长性状中最高, 为 26.2%, 其他 3 个生长性状的变异系数不到 10%, 同时, 4 个生长性状中, 体重的遗传力最高, 表明对体重进行选择可以获得更大提高。由于体重与其他 3 个生长性状的遗传相关(0.888—0.985)和表型相关(0.864—0.957)均较大, 对体重进行选择的同时, 其他生长性状也会间接得到提高。

参 考 文 献

- 马爱军, 王新安, 雷霖霖等, 2008. 大菱鲂(*Scophthalmus maximus*)四个不同地理群体数量形态特征比较. 海洋与湖沼, 39(1): 24—29
- 马爱军, 雷霖霖, 陈四清等, 2003. 大菱鲂营养需求与饲料研究进展. 海洋与湖沼, 34(4): 450—459
- 马爱军, 雷霖霖, 陈四清等, 2002. 大菱鲂产卵季节对卵子的生物学及生化特征的影响. 海洋与湖沼, 33(1): 75—82
- 申雪艳, 宫庆礼, 雷霖霖等, 2004. 进口大菱鲂 *Scophthalmus maximus* L. 苗种的遗传结构分析. 海洋与湖沼, 35(4): 332—341
- 刘小林, 常亚青, 相建海等, 2003. 虾夷马粪海胆早期生长发

- 育的遗传力估计. 中国水产科学, 10(3): 206—211
- 李思发, 王成辉, 刘志国等, 2006. 三种红鲤生长性状的杂种优势与遗传相关分析. 水产学报, 30(2): 175—180
- 吴仲庆, 徐福章, 周雪芳, 1990. 长毛对虾体长、体重的一些遗传参数. 厦门水产学院学报, 12(2): 5—14
- 邹曙明, 李思发, 蔡完其, 2001. 牙鲆和大菱鲆养殖群体的分子标记和遗传变异. 中国水产科学, 7(4): 25—38
- 陈刚, 蔡华紧, 林晓文, 1996. 罗氏沼虾体长和体重的一些遗传参数分析. 湛江水产学院学报, 16(1): 25—30
- 栾生, 孙慧玲, 孔杰, 2006. 刺参耳状幼体遗传力的估计. 中国水产科学, 13(3): 378—383
- 盛志廉, 陈瑶生, 2001. 数量遗传学. 北京: 科学出版社, 47, 56, 64, 118, 132—137
- 雷霖霖, 2003. 大菱鲆养殖技术. 上海: 上海科学技术出版社, 8
- 雷霖霖, 门强, 王印庚等, 2002. 大菱鲆“温室大棚+深井海水”工厂化养殖模式. 海洋水产研究, 23(4): 1—7
- 雷霖霖, 马爱军, 陈超等, 2005. 大菱鲆(*Scophthalmus maximus*)养殖现状与可持续发展. 中国工程科学, 7(5): 30—34
- 雷霖霖编著, 2005. 海水鱼类养殖理论与技术. 北京: 中国农业出版社, 647—665
- Benzie J A H, Kenway M, Trott L, 1996. Estimates for the heritability of size in juvenile *Penaeus monodon* prawns from half-sib mating. Aquaculture, 152: 49—53
- Elvingson P, Johansson K, 1993. Genetic and environmental components of variation in body traits of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) in relation to age. Aquaculture, 118: 191—204
- Fishback A G, Danzmann R G, Ferguson M M, 2002. Estimates of genetic parameters and genotype by environment interactions for growth traits of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) as inferred using molecular pedigrees. Aquaculture, 206: 137—150
- Ibarra A M, Arcos F G, Famula T R, 2005. Heritability of the categorical trait number of spawns in Pacific white female shrimp *Penaeus (Litopenaeus) vannamei*. Aquaculture, 250: 95—101
- Jonasson J, 1993. Selection experiments in salmon ranching. Genetic and environmental sources of variation in survival and growth in freshwater. Aquaculture, 109: 225—236
- Kinghorn P B, 1983. A review of quantitative genetics in fish breeding. Aquaculture, 31: 283—304
- Newkirk G F, Haley L E, Waugh D L, 1977. Genetics of larvae and spat growth rate in the oyster *Crassostrea virginica*. Mar Biol, 41: 49—52
- Rawson P D, Hilbish T J, 1990. Heritability of juvenile growth for the hard clam *Mercenaria*. Mar Biol, 105: 429—436
- Wohlfart G, Moav R, Holata G, 1975. Genetic variation in seine escapability of the European races of the common carp. Aquaculture, 5: 375—387

THE GROWTH TRAITS AND THEIR HERITABILITY OF YOUNG TURBOT (*SCOPHTHALMUS MAXIMUS* L.)

MA Ai-Jun¹, WANG Xin-An¹, YANG Zhi², QU Jiang-Bo², LEI Ji-Lin¹

(1. Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Science; Key Laboratory for Sustainable Utilization of Marine Fisheries Resource, Ministry of Agriculture, Qingdao, 266071; 2. Yantai Tianyuan Aquatic Limited Corporation, Yantai, 264003)

Abstract Parents *Scophthalmus maximus* L. from four different populations were studied in a nest design with an artificial insemination. Twenty eight half-sib families and 56 full-sib families were used, in which each male mated 2 females. Sixty 6-month-old young animals were measured in each full-sib family for body length (cm), total length (cm), body depth (cm) and body weigh (g). According to quantitative genetics theory, the heritability of each growth trait, and the genetic and phenotypic correlation among the traits were statistically studied. The results show that the maternal component estimates are significantly larger than those of paternal ones for each growth trait, suggesting that the large non-additive genetic effects could not be differentiated from the available data. The heritability estimates in the narrow sense from intra group correlation of paternal half-sib were precise and unbiased at 0.282, 0.251, 0.283, and 0.450 for the body length, total length, body depth, and body weigh, respectively. The estimates of genetic and phenotypic correlation coefficients are 0.888—0.985 and 0.864—0.957, respectively, in very significant difference ($P < 0.01$) among the four growth traits by *t*-test.

Key words *Scophthalmus maximus* L., Growth trait, Heritability, Genetic correlation