

# 我国东南沿海厚壳贻贝(*Mytilus coruscus*)4 个群体 线粒体 16S rRNA 序列及遗传结构分析\*

叶莹莹<sup>1</sup> 徐梅英<sup>1,2</sup> 郭宝英<sup>1,3</sup> 吴常文<sup>1</sup>

(1. 浙江海洋学院海洋科学学院 国家海洋设施养殖工程技术研究中心 舟山 316004;

2. 浙江大海洋科技有限公司 舟山 316004; 3. 中国水产科学研究院东海水产研究所

农业部海洋与河口渔业资源及生态重点开放实验室 上海 200090)

**提要** 采用 16S rRNA 基因测序技术, 对我国东南沿海 4 个地理群体的厚壳贻贝遗传结构及遗传变异进行研究。通过对 4 个厚壳贻贝群体共 83 个个体的线粒体 16S rRNA 基因进行测序, 获得 1 个长度为 305bp 的同源序列, 共检测到 150 个多态位点, 多态位点比例达 49.18%。83 个个体中共检测到 28 个单倍型, 单倍型多样性指数( $H_d$ )为 0.810, 核苷酸多样性指数( $P_i$ )为 0.09602, 平均核苷酸差异数( $K$ )达 27.846。结果表明, 我国东南沿海厚壳贻贝群体具有较高的遗传多样性水平。遗传结构检测结果表明, 舟山群体、温州群体、宁德群体间的遗传距离小, 遗传分化系数( $F_{st}$ )为 -0.0141—0.0059 之间, 群体内部无显著分化( $P>0.05$ ), 而福州群体与其它群体间遗传距离较大, 为 0.215—0.217 之间, 遗传分化系数( $F_{st}$ )也较大, 为 0.6217—0.6319 之间, 存在极显著的遗传分化( $P<0.001$ )。

**关键词** 厚壳贻贝, 16S rRNA, 遗传多样性

**中图分类号** Q955

厚壳贻贝(*Mytilus coruscus* Gould)隶属于软体动物门(Mollusca)、瓣鳃纲(Lamellibranchia)、异柱目(Anisomyaria)、贻贝科(Mytilidae)、贻贝属(*Mytilus*), 俗称青口、海红, 其干制品称淡菜, 不但味道鲜美营养丰富, 而且有很高的药用价值, 是一种广泛分布于我国东部海域的具有重要经济价值的贝类(廖智等, 2010), 在浙江、福建沿海都有大面积的养殖, 其中以舟山市嵊泗县出产的厚壳贻贝“元淡”最为出名, 素有“东海夫人”的雅称。随着厚壳贻贝养殖业的迅速发展, 苗种问题日益凸显, 主要表现在亲贝的盲目选择和苗种的无序交流, 甚至出现生长速度减慢等现象。种质是决定水产养殖健康高效发展的重要因素, 因此如何利用现有的厚壳贻贝亲贝资源进行有效的遗传评估, 分析其遗传结构和遗传多样性具有重要

意义。

动物线粒体 DNA(mtDNA)具有分子量小、进化速度快、结构简单、表现为母系遗传等特点, 非常适于动物群体遗传学和系统进化研究(Wilbur *et al*, 1997; Canapa *et al*, 2000), 目前已广泛应用于系统学研究、遗传变异分析、种类鉴定等领域, 在水产动物的遗传多样性及系统进化等方面。其中 16S rRNA 序列能很好地用于生物群体遗传多样性及遗传结构的研究(牛东红等, 2007; 杨建敏等, 2008)。利用 16S rRNA 序列分析不同地理群体厚壳贻贝的遗传结构和遗传多样性尚未见到报道, 基于此, 本文采用 16S rRNA 序列分析手段研究了福建、浙江沿海分布的 4 个厚壳贻贝野生群体的遗传结构和分化状况, 以期对厚壳贻贝的种质鉴定、资源保护、养殖与育种管理提供理论依据。

\* 国家海洋公益性行业科研专项, 201005013 号; 国家国际科技合作项目, 2010DFA22770 号; 农业部海洋与河口渔业资源及生态重点开放实验室开放基金, 10-01 号。叶莹莹, E-mail: yeyingying5559@163.com

通讯作者: 吴常文, 教授, E-mail: wucw08@126.com

收稿日期: 2010-12-29, 收修改稿日期: 2011-03-02

## 1 材料与方法

### 1.1 样品采集

实验所用野生厚壳贻贝分别于 2009 年和 2010 年在我国东南沿海地区采集 4 个野生群体(表 1), 并于当地活体解剖, 取其闭壳肌组织用无水乙醇固定带回实验室备用。

### 1.2 实验方法

**1.2.1 基因组 DNA 的提取** 厚壳贻贝基因组 DNA 的提取基本参照《分子克隆实验指南》(Sambrook *et al*, 2002)蛋白酶 K、酚/氯仿提取法(稍作修改), DNA 自然风干后, 用 TE (pH 8.0)溶解, 经 1%琼脂糖凝胶电泳检测其质量、用紫外分光光度计测定样品 DNA 的  $OD_{260nm}$ 、 $OD_{280nm}$  值, 确定其浓度和纯度, 置于  $-20^{\circ}C$  保存备用。

**1.2.2 PCR 扩增及测序** PCR 扩增使用常规方法, 引物为 16S3L (5'-TGAGCGTGCTAAGGTAGC-3'), 16S4H (5'-AGCCAACATCG AGGTCGC-3') (Lydeard *et al*, 1996), DNA 测序也使用这两个引物, 引物由上海英骏生物技术公司合成。

PCR 反应总体积为 50 $\mu$ l, 其中 5 $\mu$ l 10 $\times$ buffer, 4 $\mu$ l  $Mg^{2+}$  (20mmol/L), 4 $\mu$ l dNTPs (2.5mmol/L), 0.4 $\mu$ l *Taq* DNA polymerase (5U/ $\mu$ l), 正反引物(10mol/L)各 1 $\mu$ l, 2 $\mu$ l 模板 DNA 溶液(10—100ng/ $\mu$ l), 32.6 $\mu$ l ddH<sub>2</sub>O; PCR 反应程序为: 94 $^{\circ}C$  预变性 2min, 94 $^{\circ}C$  1min, 52 $^{\circ}C$  退火 30s, 72 $^{\circ}C$  延伸 1min, 共 35 个循环, 然后 72 $^{\circ}C$  延伸 10min。用 DL2000 DNA Marker (Takara, 100—2000bp)作为标准分子量, PCR 扩增产物在 1.5%琼脂糖凝胶上电泳分离, 经溴化乙锭染色, 凝胶成像系统拍照并记录结果。

表 1 厚壳贻贝样品采集时间和地点  
Tab.1 Sampling time and sites of *M. coruscus*

群体名称	采集地点	采集时间(年.月)	个体数
舟山群体(ZS)	浙江省舟山市普陀区东极海域	2010.10	20
温州群体(WZ)	浙江省温州市平阳县南麂列岛海域	2010.10	17
宁德群体(ND)	福建省宁德市霞浦海域	2009.07	26
福州群体(FZ)	福建省福州市平潭岛海域	2010.12	20

**1.2.3 扩增产物的纯化和测序** PCR 扩增产物的纯化和测序工作由上海英骏生物技术公司测序完成。

**1.2.4 序列分析** 用 BLAST 软件将测序结果与 GenBank 中的相关序列进行同源性比较, 确定所得的基因片段, 序列结果利用 MEGA4.1 软件中的 Clustal X 插件进行 DNA 序列排列, 并辅以人工校对。用 MEGA4.1 软件进行序列比较和变异检测, 确定变异位点和单倍型。用 DnaSP4.10 软件进行核苷酸多样性 (Nucleotide diversity,  $P_i$ )、单倍型多样性(haplotype diversity,  $h$ )的计算。用 Arlequin 3.01 软件中的分子变异分析(AMOVA)方法估算遗传变异在群体内和群体间的分布, 并计算群体间遗传分化系数( $F$ -statistics,  $F_{st}$ )及其显著性(重复次数 1000), 群体间基因流  $N_m$  由公式  $N_m = (1-F_{st})/2F_{st}$  计算而得。

段中 T、A、C、G 平均含量(表 2)分别为 30.74%、31.83%、14.22%和 23.21%, A+T 含量(62.57%) 明显高于 G+C 含量(37.43%)。舟山群体、温州群体、宁德群体之间的核苷酸序列组成上差异较小, 福州群体与其它群体存在明显差异。

**2.2 厚壳贻贝群体遗传多样性分析**  
对 83 个样品的 16S rRNA 序列进行比较分析,

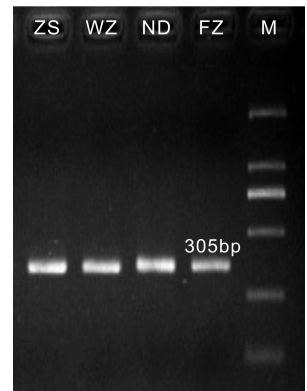


图 1 16S rRNA 基因片段 PCR 扩增结果  
Fig.1 PCR amplification result of 16S rRNA gene

## 2 结果

### 2.1 16S rRNA 基因序列分析结果

经 PCR 扩增, 均得到特异性很好的 16S rRNA 基因片段的扩增产物(图 1)。经测序, 除去引物及部分端部序列, 得到可清楚判读的碱基数为 305bp (图 2)。各群体厚壳贻贝 16S rRNA 基因片

```

1 GGTATGAAAGGGTTAACGAGGAAGGTGCTG-TGTCTAAAACTTAGTTTAAACTAACTTAAAGGTGAAGAGGCCT
76 TTATAAGAAGAAGGACGACAAGACCCTATGAAGCTTTATCTTATTAGGGATTTGAAAGATCCTTATACGATTTT
151 GATGGGAGATCAGTAAAAATAAGTCTTTTACCATTATTTTATCTTACAAGTGTTTCTCAATTTTATATGTGTGA
226 CTAGTACTCTAGGATAACAGCGCAATTTCTCCCGAAAGATGGTATTGGAGGGGAAGATTGCGACCTCGAT-GT
301 TGGCT

```

图 2 厚壳贻贝 16S rRNA 基因片段核苷酸序列(单倍型 1)  
Fig.2 Nucleotide sequence of 16S rRNA gene fragment of *M. coruscus* (Haplotype 1)

共检测到 150 个变异位点, 占分析位点总数的 49.18%, 其中简约性信息位点 102 个, 单突变位点 51 个, 同时还检测到 11 个插入或缺失位点。多态性遗传参数统计显示 83 个个体共检出 28 个单倍型, 群体间共享单倍型 2 个, 占单倍型总数的 41.10%, 单倍型 1 拥有的个体数最多, 有 25 个, 单倍型 2 个体数次之, 有 9 个, 其余 26 个单倍型均为某个群体所特有, 并且福州群体和其它 3 个群体无共享单倍型, 共享单倍型主要发生在舟山群体、温州群体和宁德群体之间。总群体单倍型多样性指数( $Hd$ )为 0.810, 核苷酸多样性指数( $P_i$ )为 0.09602, 平均核苷酸差异数( $K$ )为 27.846, 显示出较丰富的遗传多样性。

表 2 厚壳贻贝 16S rRNA 基因片段的序列组成(%)  
Tab.2 Nucleotide composition (%) of the fragments of 16S rRNA gene in *M. coruscus*

群体	A	T	C	G
舟山	31.78	31.29	13.93	23.00
温州	31.74	31.33	13.92	23.01
宁德	31.53	31.43	14.01	23.03
福州	32.33	28.80	15.04	23.83
平均	31.83	30.74	14.22	23.21

遗传结构分析结果显示(表 3), 各群体的多态位点比例从 1.97%—35.41%; 单倍型多样性指数在 0.64706—0.78947 之间; 核苷酸多样性指数在 0.00319—0.16289 之间; 平均核苷酸差异数在 0.92632—47.23684, 其中福州群体的遗传多样性参数与其它 3 个群体存在着明显差异, 4 个群体均显示出较丰富的遗传多样性, 其中以福州群体最高, 其余 3 个群体水平相当。

### 2.3 厚壳贻贝群体遗传距离和聚类分析

利用 MEGA4.1 软件, 计算厚壳贻贝 4 个群体间的遗传距离(表 4)。结果显示, 基于 16S rRNA 序列的厚壳贻贝群体相对遗传距离在 0.003—0.217 之间, 其中舟山群体与温州群体的遗传距离均为 0.006, 遗传分化系数为 -0.0141, 负值说明两群体间无分化, 基因流  $N_m$  为 35.96, 说明两个群体间存在着较大的基因交流; 舟山群体与宁德群体遗传距离为 0.006, 遗传分化系数为 0.0059, 基因流  $N_m$  为 30.95, 温州群体与宁德群体遗传距离为 0.003, 遗传分化系数为 0.0018, 基因流  $N_m$  为 41.87, 均没有达到遗传分化( $P>0.05$ ), 且存在较大的基因交流。福州群体与舟山群体、温州群体、宁德之间的遗传距离均较远, 遗传分化系数也

表 3 16S rRNA 序列的厚壳贻贝 4 个群体的遗传多样性参数  
Tab.3 The genetic diversity parameters of 16S rRNA gene in the four populations of *M. coruscus*

群体变异参数	舟山	温州	宁德	福州
单倍型数	7	8	12	5
多态位点比例(%)	1.97	2.95	9.18	35.41
单倍型多样性( $Hd$ )	0.68947	0.64706	0.74154	0.78947
核苷酸多样性( $P_i$ )	0.00319	0.00335	0.00882	0.16289
平均核苷酸差异数( $K$ )	0.92632	0.97059	2.55692	47.23684

表 4 厚壳贻贝 4 个群体间遗传距离(对角线下)和群体间分化系数(对角线上)

群体	舟山	温州	宁德	福州
舟山	—	-0.0141	0.0159	0.6319**
温州	0.006	—	0.0118	0.6315**
宁德	0.006	0.003*	—	0.6217**
福州	0.217**	0.215**	0.215**	—

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

较大, 基因流较小, 分别为 0.2913、0.2918、0.3042, 达到了分化( $P<0.001$ )。以上均说明舟山群体、温州群体和宁德在遗传上没有分化而属于同一群体, 但这 3 个群体与福州群体已有一定程度的分化。AMOVA 分析表明(表 5), 在整个遗传变异中有 39.49%存在于群体内部, 60.51%存在于群体之间, 证实了厚壳贻贝的遗传变异主要来自于群体之间。

表 5 厚壳贻贝 4 个群体遗传变异的 AMOVA 分析  
Tab.5 Analysis of molecular variance (AMOVA) about the four populations of *M. coruscus*

变异来源	自由度	离差平方和	变异组分	变异百分率 (%)	$P^*$
群体间	3	570.534	7.22195	39.49	<0.001
群体内	79	704.827	11.06604	60.51	<0.001

注: \*表示交换 1000 次单倍型的显著性检验

经 MEGA4.10 软件的 UPGMA 聚类分析(图 3), 结果表明, 所有个体可以明显聚为 2 支, 福州群体所有个体组成一支, 另一支由舟山、温州、宁德 3 个群体的所有个体组成。

## 3 讨论

### 3.1 厚壳贻贝 16S rRNA 序列分析

线粒体 DNA 基因序列差异在种内遗传多样性和种间系统学关系的研究中占有重要的地位(Kappner *et al*, 2006; Cannas *et al*, 2006), 其中 16S rRNA 在群

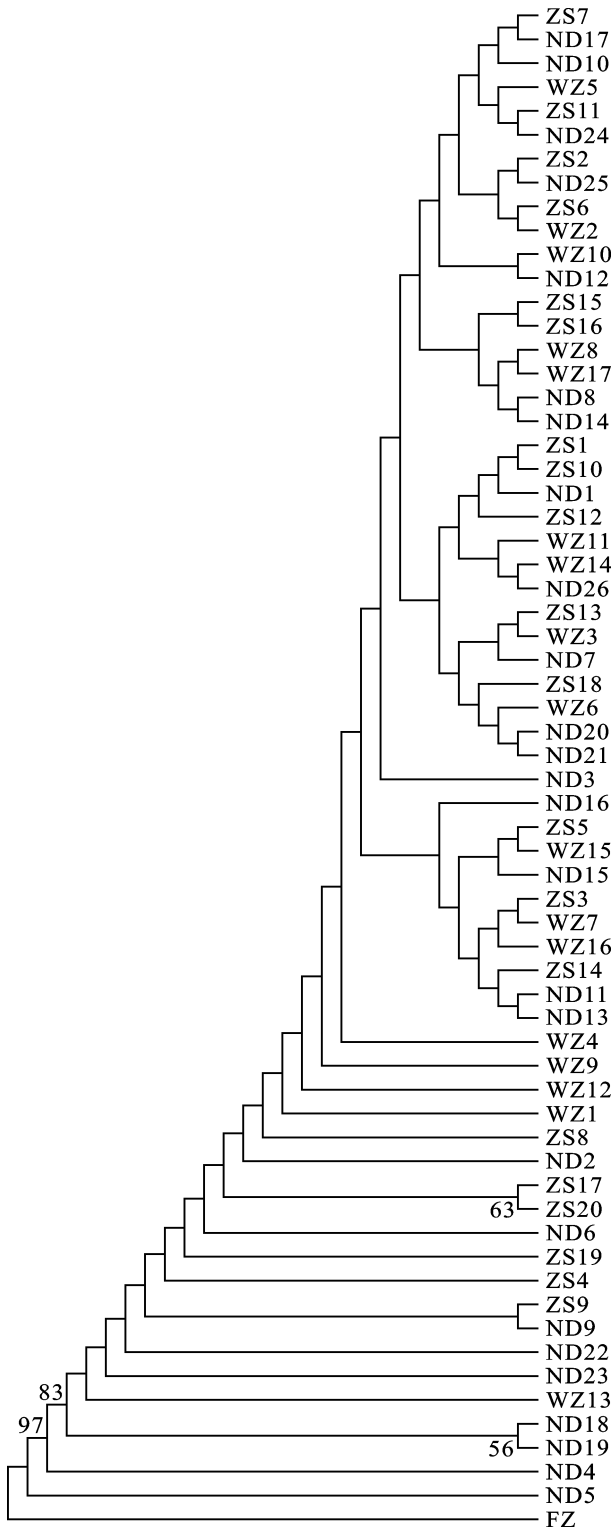


图3 基于 16S rRNA 基因厚壳贻贝 4 个群体的 UPGMA 系统树

Fig.3 UPGMA phylogenetic tree based on 16S rRNA of four populations of *M. coruscus*

体遗传多样性研究中已经得到了广泛应用。本研究通过对 4 个厚壳贻贝群体的 16S rRNA 基因序列的研究

和比较,发现厚壳贻贝群体具有较高的遗传多样性。本研究所得到的 16S rRNA 基因序列中 A+T 含量(62.57%)明显高于 G+C 含量(37.43%),与其他研究者在海洋双壳类中的研究结果一致(黄艳艳等, 2003; 牛东红等, 2007; 李咏梅等, 2009)。

本研究得到的 16S rRNA 基因序列为 305bp, 与沈玉帮等(2009)基于 16S rRNA 序列探讨贻贝属的系统发育时得到的 282bp 相比, 片段长度有所增加; 但与毛阳丽等(2010)基于 16S rRNA 基因序列探讨贻贝属的系统发育时得到的 460bp 相比较短, 所含的信息量较少, 主要原因可能是由于所使用的引物不同, 因此扩增片段长度不同, 若能使扩增的片段加大, 增加信息量, 就可以更准确地反映厚壳贻贝分子遗传的特征和本质。此外, 还可以再选择 mtDNA 其它不同的基因区域(如 COI、Cytb 等), 或将 mtDNA 序列数据与基因组多样性数据(如 ISSR、RAPD 等)结合起来, 得到多组序列数据, 这样才能更全面、客观地反映一个物种的遗传多样性水平。

单倍型多样性指数( $H_d$ )和核苷酸多样性指数( $P_i$ )是最能反映物种遗传多样性的指标, 我国东南沿海厚壳贻贝群体的总体单倍型多样性指数( $H_d$ )为 0.810, 核苷酸多样性指数( $P_i$ )为 0.09602, 高于三角帆蚌(汪桂玲等, 2010)、栉孔扇贝(刘亚军等, 2002)、牡蛎(苏天凤等, 2005)等双壳贝类。遗传多样性是物种适应多变的生存环境而得以维持生存、发展和进化的基础。遗传多样性的降低会导致物种的适应能力下降、有害隐性基因增加、性状衰退甚至出现种质的退化; 丰富的遗传多样性则意味着物种有较高的适应生存潜力和遗传改良潜力(孟宪红等, 2000)。厚壳贻贝的遗传多样性较高从一定程度上反映了我国东南沿海厚壳贻贝资源具有较好的保护和开发前景。

### 3.2 厚壳贻贝群体间的遗传分化

对 4 个群体的种群结构分析表明, 中国东南沿海厚壳贻贝群体蕴藏着丰富的变异, 尤其是福州群体与其它 3 个群体之间的分化较明显, 从单倍型的分布来看, 福州群体与其它 3 个群体无共享单倍型, 而其它 3 个群体之间则有共享的单倍型 1 和单倍型 2。从遗传距离来看, 舟山、温州和宁德 3 个群体之间的遗传距离均很小, 仅为 0.003—0.006, 而福州群体与其它 3 个群体之间的遗传距离均较大, 达到 0.215—0.217, 从遗传分化系数和基因流参数统计而言, 福州群体与其它 3 个群体的分化达到了极显著水平( $P<0.01$ ), 基因流  $N_m<1$ 。一般认为, 群体之间的基因

流  $N_m < 1$  说明群体之间可能由于遗传漂变而发生了分化 (Millar *et al.*, 1991); 而当  $N_m > 1$  时, 表明群体间的基因流水平较高, 群体间的遗传分化相对较小; 当  $N_m > 4$  时, 群体间的基因交流就更加频繁, 同时遗传分化也相对更小, 即高基因流使种群遗传上彼此相似, 受到限制的基因流使种群间发生分化。本研究结果显示, 舟山、温州和宁德 3 个群体之间的基因流  $N_m$  在 30.95—41.87 之间, 均远大于 4, 表明了它们之间的基因交流十分频繁。UPGMA 聚类分析同样也证实了福州群体和其它 3 个群体之间的分化, 而舟山、温州和宁德 3 个群体之间未产生分化, 在遗传上属同一群体。

一般而言, 海洋生物与陆生生物相比, 其种群结构和遗传分化相对匮乏, 这种匮乏缘于海洋环境缺乏像陆地环境一样阻止生物种群扩散和交流的有效屏障 (Ward *et al.*, 1994; Stabile *et al.*, 1996)。造成厚壳贻贝遗传分化的主要原因可能是自浙江东南向福建沿岸的浙闽沿岸流经过温州, 与相反流向的台湾海峡流以及黑潮自台湾的西北流分支在闽东相遇, 阻碍了浙闽沿岸流继续向南推进 (Lü *et al.*, 2007), 使福州群体与其它群体产生遗传分化。除此之外可能还与基因流以及环境因子的选择密切相关, 厚壳贻贝的浮游幼虫期大约为一个月 (常抗美等, 2007), 此外, 生活水域的盐度、温度的差异, 也会引起厚壳贻贝的遗传分化, Sarver 等 (1993) 研究发现, 贻贝种群的分布与温度和盐度有密切关系。

厚壳贻贝是我国目前贝类主要的养殖品种之一, 本研究的结果可对厚壳贻贝资源的合理开发和利用具有重要启示。遗传变异是种质改良的基础, 从养殖前景来看, 具有高遗传变异的群体可作为选择育种的基础群, 可以将福州群体用做选择育种的基础群体, 进一步进行良种选育。

### 参 考 文 献

- 牛东红, 李家乐, 汪桂玲等, 2007. 缢蛏六群体 16S rRNA 基因片段序列的差异分析. 上海水产大学学报, 1(16): 1—6
- 毛阳丽, 蔡厚才, 李成久等, 2010. 基于线粒体 COI 与 16S rRNA 基因序列探讨贻贝属的系统发育. 南方水产, 6(5): 27—36
- 刘亚军, 喻子牛, 姜艳艳等, 2002. 栉孔扇贝 16S rRNA 基因片段序列的多态性研究. 海洋与湖沼, 33(5): 477—483
- 苏天凤, 江世贵, 朱彩艳等, 2005. 广西钦州湾养殖牡蛎线粒体 16S rRNA 基因片段序列变异分析. 中国水产科学, 12(1): 1—4
- 李咏梅, 陈秀荔, 赵永等, 2009. 钦州湾牡蛎线粒体 16S rRNA 和 COI 基因片段的序列变异分析. 广东海洋大学学报, 3(29): 11—18
- 杨建敏, 李琪, 郑小东, 2008. 中国沿海脉红螺 (*Rapana venosa*) 自然群体线粒体 DNA 16S rRNA 遗传特性研究. 海洋与湖沼, 39(3): 257—262
- 汪桂玲, 李家乐, 白志毅, 2010. 三角帆蚌五个野生群体线粒体 DNA 16S rRNA 遗传特性. 生态学杂志, 29(2): 377—381
- 沈玉帮, 李家乐, 牟月军, 2009. 基于 16S rRNA 序列初步探讨贻贝属的系统发育. 海洋科学, 33(12): 50—55
- 孟宪红, 孔杰, 庄志猛等, 2000. 真鲷自然群体和人工繁殖群体的遗传多样性. 生物多样性, 8(3): 248—252
- 黄艳艳, 欧阳珊, 吴小平等, 2003. 中国蚌科线粒体 16S rRNA 序列变异及系统发育. 水生生物学报, 3(27): 258—263
- 常抗美, 吴剑锋, 2007. 厚壳贻贝人工繁殖技术的研究. 南方水产, 3(3): 26—30
- 廖智, 鲁涛, 李楠楠等, 2010. 厚壳贻贝 (*Mytilus coruscus*) 足丝蛋白 mcofp3 和 mcofp6 的 cDNA 克隆及序列分析. 海洋与湖沼, 41(5): 739—747
- Sambrook J, Fritsch E F, Maniatis T 著, 2002. 黄培堂译, 2002. 分子克隆实验指南 (第 3 版). 北京: 科学出版社, 463—471
- Canapa A, Barucca M, Marinelli A *et al.*, 2000. Molecular data from the 16S rRNA gene for the phylogeny of Pectinidae (Mollusca: Bivalvia). J Mol Evol, 50: 93—97
- Cannas R, Cau IA, Deianal A M *et al.*, 2006. Discrimination between the Mediterranean spiny lobsters *Palinurus elephas* and *P. mauritanicus* (Crustacea: Decapoda) by mitochondrial sequence analysis. Hydrobiologia, 557: 1—4
- Kappner I, Bieler R, 2006. Phylogeny of venus clams (Bivalvia: Venerinae) as inferred from nuclear and mitochondrial gene sequences. Molecular Phylogenetics and Evolution, 40: 317—331
- Lü Huaqing, SONG Haitang, Chris BAYLY, 2007. Temporal and spatial distributions of dominant shrimp stocks and their relationship with the hydrological environment in the East China Sea. Chinese Journal of Oceanology and Limnology, 25(4): 386—397
- Lydeard C, Mulvey M, Davis G M, 1996. Molecular systematics and evolution of reproductive traits of North American freshwater unionacean mussels (Mollusca: Bivalvia) as inferred from 16S rRNA gene sequences. Philosophical Transactions of the Royal Society of London, 351(1347): 1593—1603
- Millar C L, Libby W J, 1991. Strategies for Conserving Clinal, Ccotypic, and Disjunct Population Diversity in Widespread Species. In: Fald D A, Holsinger K E ed. Genetics and Conservation of Rare Plants. New York: Oxford University Press, 149—170
- Sarver S K, Bushek D, 1993. Genetics aspects of disease complex of blue mussel. Mar Biological, 117: 105—112
- Stabile J, Waldman J R, Parauka F *et al.*, 1996. Stock structure and homing fidelity in Gulf of Mexico sturgeon (*Acipenser*

- oxyrinchus desotoi*) based on restriction fragment length polymorphism and sequence analysis of mitochondrial DNA. Genetics, 144: 767—775
- Ward R D, Woodwark M, Skibinski D F, 1994. A comparison of genetic diversity levels in marine, freshwater, and anadromous fishes. Fish Biol, 44: 213—232
- Wilbur A, Orbach E A, Wakefield J R *et al*, 1997. Mitochondrial genotype variation in a Siberian population of the Japanese scallop, *Patinopecten yessoensis* (Jay). Shellfish Res, 16(2): 541—545

## GENETIC STRUCTURE AND SEQUENCE ANALYSIS OF FOUR POPULATIONS OF *MYTILUS CORUSCUS* IN THE COASTAL WATERS OF SOUTHEAST CHINA SEA USING 16S rRNA

YE Ying-Ying<sup>1</sup>, XU Mei-Ying<sup>1,2</sup>, GUO Bao-Ying<sup>1,3</sup>, WU Chang-Wen<sup>1</sup>

(1. Marine Science College of Zhejiang Ocean University, National Engineering Research Center of Marine Facilities Aquaculture, Zhoushan, 316004; 2. Zhejiang Dahaiyang Science and Technology Co., Ltd., Zhoushan, 316004; 3. Key and Open Laboratory of Marine and Estuarine Fisheries Resources and Ecology, Ministry of Agriculture, East China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Shanghai, 200090)

**Abstract** The sequence of 16S rRNA was used to investigate the genetic structure and genetic variation of four populations of *Mytilus coruscus* in coastal waters of southeast China Sea. Partial sequence of 305bp was obtained through sequencing the 16S rRNA gene of 83 individuals from four *M. coruscus* populations. 150 polymorphic sites, 28 haplotypes were detected out of 83 individuals from four populations. The haplotype diversity index ( $Hd$ ), mean nucleotide diversity index ( $P_i$ ) and average number of nucleotide differences ( $K$ ) reached 0.810, 0.09602 and 27.846, respectively. Results above showed that *M. coruscus* in coastal waters of southeast China Sea keep plentiful genetic variation in its natural populations. The genetic structure test results show that the genetic distance among the populations of Zhoushan, Wenzhou, and Ningde were so low, their  $F_{st}$  among  $-0.0141—0.0059$ , no significant divergence was detected ( $P>0.05$ ). The genetic distance between the population of Fuzhou and other three populations were higher.  $F_{st}$  among  $0.6217—0.6319$ , significant divergence was detected ( $P<0.001$ ).

**Key words** *Mytilus coruscus*, 16S rRNA, Genetic diversity

### 2011 年度《海洋与湖沼》动态

(1) 《海洋与湖沼》2011 年最新公布的总被引频次在海洋科学期刊中名列第一位; 影响因子为 1.404, 学科影响指标和综合评价总分均列海洋科学期刊首位; 综合评价总分在全国科技期刊中排第 18 位。

(2) 荣获 2011 年度百种中国杰出学术期刊奖。

(3) 荣获 2011 年度中国精品科技期刊奖。