

海湾扇贝南部亚种(*Argopecten irradians concentricus*)选育系 F₅ 的生长及 SSR 分析*

陈 静^{1,2} 刘志刚¹ 邬思荣² 宋雪芹¹

(1. 广东海洋大学水产学院 湛江 524025; 2. 湛江银浪海洋生物技术有限公司 湛江 524022)

摘要 采用现场测量和 11 对微卫星标记引物对海湾扇贝南部亚种选育系 F₅ 与普通养殖群体的生产性能、遗传差异及遗传多样性现状进行分析。结果表明: 在生产性能上, 选育系的壳高、壳长、壳宽、体重、壳重、软体重、肉柱重、肉柱率、成活率和笼产量等性状较对照组分别提高了 17.02%、16.67%、15.02%、43.71%、35.86%、58.74%、81.18%、29.46%、17.94% 和 69.47%。在遗传差异的 SSR 分析上, 选育系和普通群体的平均等位基因数(N_a)、平均有效等位基因数(N_e)、平均观测杂合度(H_o)、平均期望杂合度(H_e)、多态信息含量(PI_C)分别为 3.2727、3.3636; 2.3366、2.3203; 0.3152、0.3545; 0.5326、0.5441; 0.4622、0.4693; 群体间遗传距离(D_{xy})为 0.1161, 遗传分化指数(F_{st})为 0.0465。结果表明, 选育系生产性能明显优于普通群体, 遗传多样性指数较普通群体有所降低, 两群体间出现了显著的遗传分化, 选育系 F₅ 获得了显著的遗传进展。同时, 选育系群体仍具有较高的遗传多样性, 为进一步的选育利用提供了空间。

关键词 海湾扇贝南部亚种, 选育系 F₅, 生产性能, 微卫星, 遗传多样性
中图分类号 Q789

海湾扇贝南部亚种(*Argopecten irradians concentricus*)是美国大西洋沿岸海湾扇贝(*Argopecten irradians* Lamarck)的一个南方地理亚种(Abbott, 1974; 张福绥等, 1997), 由于该亚种双壳比海湾扇贝模式亚种更膨凸, 肉柱得率比海湾扇贝模式亚种更高(张福绥, 1992), 中国科学院海洋研究所于 1991 年 12 月从美国南佛罗里达坦帕湾引进该种群, 在广东、广西、海南、福建、浙江及青岛胶州湾等地试养获得成功(尤仲杰等, 2001)。2001 年在广东湛江北部湾大面积推广取得成功, 现已成为北部湾地区渔业支柱产业。但随着养殖规模的不断扩大, 出现了一些困扰产业发展的问题, 如幼虫面盘解体、局部异常死亡、生长速率缓慢、成活率下降等, 其根本原因实际上是种质退化。针对上述问题, 可以通过改进养殖技术和反复引种使问题得到一定程度的解决, 但并非长远之计; 只有对其开展遗传改良研究, 培育抗逆、高产、优质的新品种, 才是解决这些问题的重要途径(张福绥等,

1986, 1997)。目前, 贝类种质改良的研究方式主要有杂交、选择和自交育种等, 这些都是新品种培育的重要手段, 而在贝类群体的遗传改进的养殖实践中, 传统选择育种的应用是无法取代的(刘小林等, 2003)。自 2004 年起, 作者采用群体继代选育法, 以生长速度为选育目标开展海湾扇贝南部亚种新品系选育研究, 经连续五代闭锁选育, 选育系 F₅ 显示出明显的生长及高成活率优势。本研究以微卫星(SSR)分析为实验手段, 结合形态学特征统计, 对海湾扇贝南部亚种选育系 F₅ 和普通群体的生长和遗传多样性现状进行比较分析, 旨在为海湾扇贝南部亚种的选育效果及进一步选育提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

2009 年 6 月 26 日, 在广东省湛江市遂溪县江洪镇湛江银浪海洋生物技术有限公司扇贝养殖基地对

* 广东省科技厅项目, 2009B090300232 号; 广东省教育厅项目, GCZX-A0909 号。陈 静, 硕士, E-mail: chenjingok5@163.com

通讯作者: 刘志刚, 教授, E-mail: liuzg@gdou.edn.cn

收稿日期: 2011-12-12, 收修改稿日期: 2012-03-15

海湾扇贝南部亚种选育系 F_5 和对照组普通群体进行现场统计和测量, 在每群体中随机抽取 3 个养殖笼, 统计平均存活个体。将 3 笼贝混合均匀, 从中随机抽取 30 个个体, 去除其上附着物并洗刷干净, 测量生长指标。最后分别随机抽取选育系 F_5 和对照组普通群体各 30 个个体加冰运回实验室后取出其闭壳肌保存于 -70°C 待用。

1.2 方法

1.2.1 育苗及养成管理方法 2008 年 10 月 11 日, 利用选育系 F_4 进行闭锁繁育 F_5 , 育苗周期 30d, 幼虫培育采用常规方法, 在幼虫培育期所用的各种器具严格区分管理, 防止交叉污染。中培周期 45d, 养殖投苗密度 400 个/笼, 周期 6 个月。在海区中养殖时, 各组贝苗的笼具做好明显的标记, 防止混淆。海区中养殖的日常管理由固定工人采用常规方法进行。各实验组在笼具、吊养海区、吊养水层深度和附着物清理等日常管理上严格保持一致。

1.2.2 基因组 DNA 的提取 取 -70°C 保存的样品组织, 灭菌水冲洗干净后用灭菌眼科剪刀剪取 0.2g 于 1.5ml 离心管中, 加入 500 μl 抽提缓冲液(Tris-HCl 50mmol/L, pH 8.0; EDTA 100mmol/L; NaCl 200 mmol/L; 1% SDS)和 100 μg 蛋白酶 K, 剪刀剪碎后 55°C 消化至澄清。然后分别用等体积的饱和酚(pH 8.0)、酚: 氯仿: 异戊醇(25: 24: 1)和氯仿: 异戊醇(24: 1)抽提, 直至无蛋白质中间相, 取上清, 加入 2 倍体积无水乙醇, -20°C 沉淀 0.5h 以上。然后 70% 乙醇洗 2 次, 晾干后用 100 μl TE 溶解。用 0.7% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 质量, DNA 的浓度通过分光光度计测定, 用无菌水稀释至同一浓度备用。

1.2.3 引物合成及 PCR 扩增 从 Zhan 等(2005, 2006)、Li 等(2007)分离出的海湾扇贝(*Argopecten irradians*)微卫星引物中选出 11 对, 分别为 AIM11—12、19—20、22—23、25—28, HWAD190 由上海生物工程股份有限公司合成。PCR 扩增采用 20 μl 反应体系, 包括 2.0 μl 10 \times buffer、0.2mmol/L dNTPs、2.0mmol/L MgCl_2 、引物各 0.5 $\mu\text{mol/L}$ 、1.0U *Taq* DNA 聚合酶、50ng 左右 DNA 模板。PCR 反应条件为: 94°C 预变性 4min; 94°C 变性 40s, 相应的退火温度(表 1)40s, 72°C 复性 45s, 共 36 个循环; 72°C 延伸 5min, 于 4°C 保存。扩增产物用 80g/L 非变性聚丙烯酰胺凝胶分离, 0.1% 硝酸银染色、拍照。

1.2.4 数据统计与分析 采用 PopGene (Version 3.2)软件统计各微卫星位点的平均等位基因数(number

of alleles, N_a)、有效等位基因数(effective number of alleles, N_e)、平均观测杂合度(observed heterozygosity, H_o)、平均期望杂合度(expected heterozygosity, H_e)、Hardy-Weinberg 遗传偏离指数(Hardy-Weinberg departure value, D)、遗传相似系数(genetic identity, I)、遗传距离(genetic distance, D_{xy})和遗传分化指数(fingers of genetic differentiation, F_{st})等。多态信息含量(polymorphism information content, PIC)可根据 Bostein 等(1980)计算公式:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n P_i^2 - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n 2P_i^2 P_j^2$$

式中, P_i 、 P_j 分别为第 i 、 j 个等位基因在群体中的频率, $j = i + 1$; n 为某一位点上等位基因数。

2 结果

2.1 海湾扇贝南部亚种选育系 F_5 和普通群体的生产性状对比

经现场统计, 海湾扇贝南部亚种选育系 F_5 和普通群体的形态性状指标区别明显, 其具体生长情况比较结果见表 1。由表 1 可知, 选育系 F_5 在壳高、壳长、壳宽、体重、壳重、软体重、肉柱重、肉柱率、成活率和笼产量上与对照组相比均存在极显著差异($P < 0.01$), 选育系上述各性状分别比对照组提高了 17.02%、16.67%、15.02%、43.71%、35.86%、58.74%、81.18%、29.46%、17.94% 和 69.47%。

表 1 海湾扇贝南部亚种选育系 F_5 和对照组普通群体的生长情况

测量指标	选育系 F_5	对照组普通群体	F_5 提高率(%)
壳高(cm)	5.43 \pm 0.25 ^A	4.64 \pm 0.29 ^B	17.02
壳长(cm)	5.37 \pm 0.25 ^A	4.60 \pm 0.34 ^B	16.67
壳宽(cm)	2.78 \pm 0.13 ^A	2.42 \pm 0.17 ^B	15.02
体重(g)	34.72 \pm 0.62 ^A	24.16 \pm 4.79 ^B	43.71
壳重(g)	16.87 \pm 1.96 ^A	12.42 \pm 1.98 ^B	35.86
软体重(g)	15.56 \pm 2.02 ^A	9.80 \pm 2.52 ^B	58.74
肉柱重(g)	5.82 \pm 1.14 ^A	3.21 \pm 1.16 ^B	81.18
肉柱率(%)	16.70 \pm 2.29 ^A	12.90 \pm 3.21 ^B	29.46
成活率(%)	91.50 \pm 2.03 ^A	77.58 \pm 1.86 ^B	17.94
笼产量(kg)	12.71 \pm 0.57 ^A	7.50 \pm 0.43 ^B	69.47
单位面积产量(kg/hm ²)	7626.00	4500.00	69.47

注: 单位面积产量按每公顷海面 600 吊笼, 笼子直径 30cm、高度 10 层计算。同行数据右上角不同字母表示差异显著($P < 0.05$)

2.2 微卫星引物扩增结果

本实验所选用的 11 对微卫星引物在选育系 F₅ 和对照组普通群体中均能扩增出稳定清晰的片段并表现出稳定的多态性。位点 AIMS020 在 2 个群体的扩增结果见图 1。

微卫星位点的遗传多样性参数见表 2。11 个位点产生的等位基因数(N_a)为 2—4 个, 平均为 3.3182; 有效等位基因数(N_e)为 1.1421—3.3028, 平均为 2.3285。各位点的观测杂合度(H_o)为 0—0.9333, 平均为 0.3348; 期望杂合度(H_e)为 0.1266—0.7226, 平均为 0.5384。

2.3 选育系 F₅ 和普通群体的遗传结构分析

两个群体遗传多样性参数见表 2。由表 2 可知, 选育系 F₅ 和普通群体平均等位基因数(N_a)分别为

3.2727、3.3636, 平均有效等位基因数(N_e)分别为 2.3366、2.3203; 平均观测杂合度(H_o)分别为 0.3152、0.3545, 平均期望杂合度(H_e)分别为 0.5326、0.5441; 多态信息含量(PIC)分别为 0.4622、0.4693。

2.4 群体间遗传分化

利用 PopGene (Version 3. 2)软件进行计算, 结果显示, 选育系 F₅ 和对照组普通群体间的 Nei 氏遗传距离(D)为 0.1161, 相似系数(I)为 0.8904, 遗传分化指数(F_{st})为 0.0465。

2.5 Hardy-Weinberg 平衡分析

11 个微卫星位点 Hardy-Weinberg 平衡 χ^2 检验概率值 P 及遗传偏离指数 D 值见表 3。22 个群体位点组合中(2 群体 \times 11 位点), 符合 Hardy-Weinberg 平衡 ($P > 0.05$)的群体位点组合有 5 个, 占总数的 22.73%,

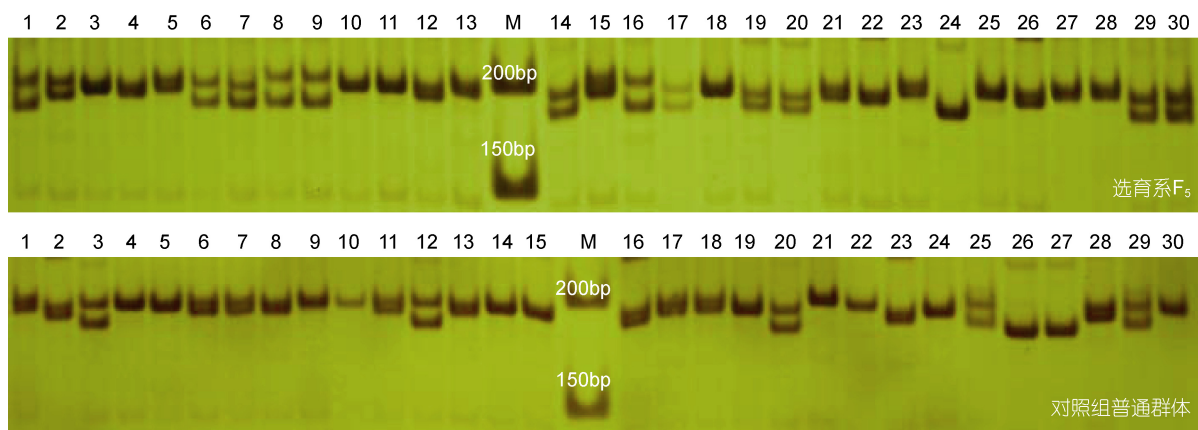


图 1 微卫星位点 AIMS020 在 2 群体的电泳图谱

Fig.1 Electrophoresis patterns of the microsatellite locus amplified by primer AIMS020 in the 2 lines

表 2 2 个群体的遗传多样性参数
Tab.2 Genetic diversity parameters in the 2 lines

位点	等位基因数 N_a		有效等位基因数 N_e		观测杂合度 H_o		期望杂合度 H_e		多态信息含量 PIC	
	F ₅ 群体	普通群体	F ₅ 群体	普通群体	F ₅ 群体	普通群体	F ₅ 群体	普通群体	F ₅ 群体	普通群体
AIMS011	4	4	2.6667	2.7068	0.1000	0.1667	0.6356	0.6412	0.5511	0.5721
AIMS012	3	3	1.4108	2.0385	0.0000	0.1333	0.2960	0.5181	0.2710	0.3956
AIMS019	4	4	3.4549	3.2200	0.3333	0.5333	0.7226	0.7011	0.6543	0.6329
AIMS020	4	4	3.3028	2.4423	0.4667	0.1667	0.7090	0.6006	0.6387	0.5413
AIMS022	4	4	2.7950	3.1524	0.1667	0.2333	0.6531	0.6944	0.5970	0.6253
AIMS023	3	3	2.3810	2.0525	0.1333	0.2333	0.5898	0.5215	0.4918	0.4564
AIMS025	3	3	2.2277	2.2613	0.9333	1.0000	0.5605	0.5672	0.4562	0.46
AIMS026	3	3	1.6651	1.5531	0.5000	0.2667	0.4062	0.3621	0.3470	0.3188
AIMS027	2	2	1.1421	1.2596	0.1333	0.2333	0.1266	0.2096	0.1168	0.1849
AIMS028	3	4	2.4096	2.8169	0.6000	0.7667	0.5949	0.6559	0.5022	0.5817
HWAD190	3	3	2.2472	2.0202	0.1000	0.1667	0.5644	0.5136	0.4583	0.3933
群体内均值	3.2727	3.3636	2.3366	2.3203	0.3152	0.3545	0.5326	0.5441	0.4622	0.4693
群体间均值	3.3182		2.3285		0.3348		0.5384		0.4658	

分别是选育系 F_5 的 AIMS026、AIMS027、AIMS028, 对照组普通群体的 AIMS026 和 AIMS027。剩余 17 个群体位点组合检验为显著偏离 ($P < 0.05$), 占总数的 77.27%。22 个群体位点组合中, 15 个群体位点组合 $D > 0$, 表现为杂合子过剩, 其余 7 个群体位点表现为杂合子缺失 ($D < 0$)。

表 3 Hardy-Weinberg 平衡 χ^2 检验概率值 (P) 与遗传偏离指数 (D)

Tab.3 Chi-square test probability value for Hardy-Weinberg equilibrium (P) and genetic deviation index (D)

位点	选育系 F_5		对照组普通群体	
	P	D	P	D
AIMS011	0.0000	0.8400	0.0000	0.7357
AIMS012	0.0000	1.0000	0.0002	0.7383
AIMS019	0.0000	0.5309	0.0000	0.2264
AIMS020	0.0033	0.3307	0.0000	0.7178
AIMS022	0.0000	0.7405	0.0000	0.6583
AIMS023	0.0000	0.7701	0.0000	0.5450
AIMS025	0.0001	-0.6935	0.0000	-0.7928
AIMS026	0.3801	-0.2517	0.2776	0.2512
AIMS027	0.7368	-0.0714	0.5062	-0.1321
AIMS028	0.3559	-0.0256	0.0001	-0.1886
HWAD190	0.0000	0.8198	0.0008	0.6700
平均	0.1342	0.3627	0.0714	0.3117

3 讨论

3.1 选育系 F_5 生产性能获得显著提高

Paynter 等(1990)比较了野生的美洲牡蛎群体和起源于这一群体并经过 18 代选育(以生长率为指标)的养殖群体的生长速度, 结果显示, 经过选育的养殖群体的生长速度明显要高于野生群体。何毛贤等(2006)对马氏珠母贝经过一代的群体选育, 使选择组在壳长、壳高、壳宽和总重上均大于对照组。李梦军等(2006)采用家系选择和个体选择相结合的方法, 以壳宽、体重 2 个主要性状指标为选育目标, 对野生三角帆蚌种群进行了性状改良, 选育群体子一代的壳宽、体重较对照组分别提高了 25.00%、56.41%。在海湾扇贝南部亚种的选择育种方面, 刘志刚等(2007)研究了海湾扇贝南部亚种亲代选择对自交子一代的影响, 指出大规格亲贝自交后代表现出明显生长优势, 截断选择策略有效。由上可见, 贝类生长性状的选育在遗传育种方面具有很大的有效性。本试验对海湾扇贝南部亚种进行了 5 代群体大壳高闭锁选育, 选育系 F_5 的成活率以及形态性状指标均比对照组普通

群体有显著提高 ($P < 0.01$), 表现出了明显的生长优势, 表明经过 5 代选育的海湾扇贝南部亚种的生产性能得到显著的提高。

3.2 选育系 F_5 和普通群体的遗传多样性

有效等位基因数作为群体遗传变异的一个测度, 反映某座位等位基因频率分布的均匀程度。各等位基因频率分布越均匀, 群体整齐度和群体遗传一致性越高, 遗传多样性就越低。本研究中海湾扇贝南部亚种选育系 F_5 和对照组普通群体有效等位基因数分别为 2.3366、2.3203, 选育系 F_5 比对照组普通群体略高, 说明前者遗传多样性有所下降。

杂合度又称为基因多样性, 一般被认为是度量群体遗传变异的最适参数。就相同的分子标记而言, 群体平均杂合度的高低反映了群体的遗传一致性程度(荣敏等, 2008)。若群体平均杂合度高于 0.5, 表明该群体未受到高强度的选择, 拥有丰富的遗传多样性; 若群体平均杂合度低于 0.5, 表明该群体遗传多样性较低。该研究中的选育系 F_5 和对照组普通群体平均期望杂合度 (H_e) 分别为 0.5326、0.5441, 前者略低于后者, 这可能与选育导致杂合度下降有关, 但总的来说, 2 群体的杂合度或遗传多样性均具有较高的水平, 这可能与选育系采用群体选育方法、且选择压不够强大, 从而使群体仍然保持了较高的杂合度有关, 选育系的高杂合度为继续选育提供了理论依据。

多态信息含量 (PIC) 是一个评价基因座位在群体中的多样性程度的标准, 平均 PIC 是衡量等位基因片段多态性的理想指标。当 $PIC > 0.5$ 时, 该位点为高度多态位点; 当 $0.25 < PIC < 0.50$ 时, 为中度多态位点; 当 $PIC < 0.25$ 时, 为低度多态位点 (Bostein *et al.*, 1980)。该研究中海湾扇贝南部亚种选育系 F_5 和对照组普通群体的 PIC 分别为 0.4622、0.4693, 表明 2 群体的多态性属于中度多态位点。这与整个种群来自小群体引进, 导致多态性下降有关, 而选育系 F_5 略低于对照组则与选育导致多态性下降有关。

综上所述, 海湾扇贝南部亚种选育系 F_5 和对照组普通群体均保持了较高的遗传多样性, 但选育系 F_5 的遗传多样性较对照组普通群体略微降低, 这可能与长期的定向选育有关。

3.3 选育系 F_5 和普通群体间的遗传变异

群体间的遗传关系一般表示为以等位基因频率计算的 2 个群体之间的遗传距离, 2 个群体之间的变异主要由分化时间的长短决定, Crawford 等(1998)指出由微卫星得出的遗传距离更能反映分化时间的长

短, 群体间遗传距离越小, 表示群体间的分化时间越短, 群体间的遗传关系越近, 群体间遗传变异性越低, 相似系数就越大。Thorp(1982)研究认为, 同科属间的相似性系数为 0.1—0.5, 遗传距离为 0.5—0.9; 不同物种间的相似性系数为 0.2—0.8, 遗传距离为 0.2—0.8; 而同种群体间相似性系数为 0.8—0.97, 遗传距离为 0.03—0.2。该研究中, 选育系 F_5 和对照组普通群体的遗传相似系数与遗传距离分别为 0.8904 和 0.1161, 表明群体间存在中等程度的分化。

群体间遗传分化指数(F_{st})是衡量群体间遗传差异的主要指标。Wright(1978)认为 F_{st} 值在 0—0.05 时表示群体分化较弱; 0.05—0.15 时群体分化中等; 0.15—0.25 时遗传分化较大; 当 $F_{st}>0.25$ 时表示分化极大。颜晓勇等(2007)对新吉富罗非鱼(New GIFT tilapia)的遗传育种的研究表明, 基础群体 F_0 与选育群体 F_9 之间遗传分化系数为 0.0759, 即经过连续 9 代的选择育种, 第 9 代选育群体与基础群体间遗传分化已经逾越中等分化的底线(0.05)。本文中选育系 F_5 经过 5 代选择, 与对照组普通群体的 F_{st} 为 0.0465, 略小于 0.05, 说明 2 群体分化程度接近中等的遗传分化。研究结果表明, 选育系 F_5 在生长和存活这些表型性状得以改良的同时, 在不到 5 年的时间里, 遗传型也出现了一定的分化, 这一结果可作为海湾扇贝南部亚种选育系 F_5 获得遗传进展的佐证。

3.4 基因型分布偏离 Hardy-Weinberg 平衡的原因

本研究所检测的 22 个位点当中, 有 17 个位点的基因型分布偏离了 Hardy-Weinberg 平衡, 15 个位点表现为杂合子过剩, 7 个位点表现为杂合子缺失, 表明群体内基因频率发生了较大改变。杂合子过剩现象一般出现在研究对象为相对小的群体或者封闭群体, 即一个养殖群体中的子代群体是由有限的亲本所产生, 创造者效应(founder effect)和瓶颈效应(bottleneck effect)会导致连锁不平衡现象, 而在一个大的稳定群体中, 连锁不平衡的产生几乎为零(Sved, 1968; Suci *et al.*, 2005; 刘云国等, 2005)。本研究无论选育系 F_5 还是普通群体, 均由比天然群体少得多的亲本经过若干代闭锁繁育而成, 这一过程包含了近亲繁殖及自交, 都增加了某些位点等位基因纯合的机会, 一些位点隐性有害基因纯合可致个体死亡, 使纯合子的频率减少, 杂合子的频率增加, 从而在某些位点上产生了杂合子过剩的现象。而杂合子缺失则可能与自然选择、种群内交、无效等位基因和稀有等位基因丢失等原因有关(Suci *et al.*, 2005)。海湾扇贝南部亚种群体

部分位点出现杂合子缺失现象, 可能与种群内交及自交现象有关, 种群内交导致近亲繁殖, 该品种的雌雄同体属性导致混群交配过程产生自体受精现象, 两种情况均增加了群体中某些位点等位基因的纯合概率, 且这些位点的隐性纯合子是存活的, 这就增加了该位点纯合子的频率, 减少了杂合子的频率, 从而在该位点上产生了杂合子缺失的现象。

参 考 文 献

- 尤仲杰, 陈清建, 马 斌, 2001. 海湾扇贝南部亚种东海海域人工育苗规模化实验. 海洋科学, 25(2): 18—19
- 刘小林, 相建海, 2003. 重要经济贝类选择育种及遗传力研究进展. 海洋科学, 27(6): 15—20
- 刘云国, 陈松林, 李八方, 2005. 牙鲆养殖群体遗传变异的微卫星标记研究. 海洋水产研究, 26(5): 27—33
- 刘志刚, 王 辉, 郑云龙等, 2007. 海湾扇贝南部亚种亲代选择对自交子一代的影响. 水产学报, 31(4): 443—451
- 李梦军, 杨品红, 2006. 三角帆蚌选择育种技术研究. 内陆水产, 3: 38—40
- 何毛贤, 史兼华, 林岳光等, 2006. 马氏珠母贝选育子一代生长特性研究. 热带海洋学报, 25(1): 19—22
- 张福绥, 1992. 中国海湾扇贝养殖业的发展. 海洋科学, 4: 1—4
- 张福绥, 何义朝, 元铃欣等, 1997. 海湾扇贝引种复壮研究. 海洋与湖沼, 28(2): 146—152
- 张福绥, 何义朝, 刘祥生等, 1986. 海湾扇贝引种育苗及试养. 海洋与湖沼, 17(5): 367—374
- 荣 敏, 杨福合, 邢秀梅等, 2008. 利用微卫星分析中国家兔的遗传多样性. 遗传育种, 44(7): 1—5
- 颜晓勇, 李思发, 蔡完其, 2007. 吉富品系尼罗罗非鱼选育过程中遗传变异的微卫星分析. 水产学报, 31(3): 385—390
- Abbott R T, 1974. American Seashells, second edition. New York: Van Nostrand Reinhold Press, 447—448
- Bostein D, Wllite R L, Skolnick M *et al.*, 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism (*Argopecten irradians*). The American Journal of Human Genetics, 32: 314—331
- Crawford A M, Littlepohn R P, 1998. The use of DNA marker in deciding conservation priorities in sheep and other livestock. Animal Genetic Resources Information, 23: 21—26
- Li H J, Liu X, Hu J J *et al.*, 2007. A set of polymorphic microsatellite loci for the bay scallop *Argopecten irradians*. Molecular Ecology Notes, 7: 422—424
- Paynter K T, Dimichele L, 1990. Growth of tray-cultured oysters (*Crassostrea virginica* Gmelin) in Chesapeake Bay. Aquaculture, 87: 289—297
- Suci A, Uthairat N N, Worawut K, 2005. Study of genetic diversity of orange-spotted grouper, *Epinephelus coioides*, from Thailand and Indonesia using microsatellite markers. Marine Biotechnology, 8(1): 1—10
- Sved J A, 1968. The stability of linked systems of loci with a

- small population size. *Genetics*, 59: 543—563
- Thorp J P, 1982. The molecular dock hypothesis: biochemical evolution, genetic differentiation, and systematics. *Annual Review of Ecology Systematics*, 13(1): 139—168
- Wright S, 1978. *Evolution and the genetics of populations*. Volume 4. IL. University of Chicago Press, 97—159
- Zhan A B, Bao Z M, Wang X L *et al*, 2005. Microsatellite markers derived from bay scallop *Argopecten irradians* expressed sequence tags. *Fisheries Science*, 71: 1339—1344
- Zhan A B, Hu J J, Wang X L *et al*, 2006. A panel of polymorphic EST-derived microsatellite loci for the bay scallop (*Argopecten irradians*). *Journal of Molluscan Studies*, 72: 436—438

GROWTH AND MICROSATELLITE ANALYSIS OF F₅ SELECTED LINE OF *ARGOPECTEN IRRADIANS CONCENTRICUS*

CHEN Jing^{1,2}, LIU ZHI-Gang¹, WU SI-Rong², SONG XUE-Qin¹

(1. Fisheries College of Guangdong Ocean University, Zhanjiang, 524025;

2. Zhanjiang Silverwave Marine Biotechnology Co. Ltd., Zhanjiang, 524022)

Abstract Production performance were compared and 11 SSR primers were used to detect the genetic diversity and genetic divergence between the F₅ selected line and the control line of *Argopecten irradians concentricus*. The results showed that, the production performance of the selected line increased significantly at the shell height, shell length, shell breath, total weight, shell weight, fresh weight, adductor weight, adductor rate, survival rate, yield per cage and other traits to the control line by 17.02%, 16.67%, 15.02%, 43.71%, 35.86%, 58.74%, 81.18%, 29.46%, 17.94% and 69.47% respectively. The average number of alleles (N_a), average effective numbers of alleles (N_e), average observed heterozygosity (H_o), average expected heterozygosity (H_e) and the average of polymorphism information content (PIC) for the selected line were 3.2727, 2.3366, 0.3152, 0.5326 and 0.4622, respectively. Whereas the values of N_a , N_e , H_o , H_e and PIC for the control line were 3.3636, 2.3203, 0.3545, 0.5441 and 0.4693, respectively. The genetic distances (D_{xy}) and the genetic differentiation (F_{st}) between selected line and the control line were 0.1161 and 0.0465 ($P < 0.05$) respectively. The results suggested that the production performance of the selected line was much better than that of the control line, however, the genetic diversity were lower than that of the control line, and significant genetic divergence were detected between the two lines, there were great genetic progress of the F₅ selected line. However, the F₅ selected line still having high levels of genetic diversity, which provides space for further selection.

Key words *Argopecten irradians concentricus*, F₅ selected line, Production performance, SSR, Genetic diversity