

脊尾白虾(*Exopalaemon carinicauda*)不同地理群体的生化遗传分析*

李吉涛 段亚飞 李 健 陈 萍 刘 萍 高保全

(中国水产科学研究院黄海水产研究所 青岛 266071)

提要 采用聚丙烯酰胺不连续凝胶垂直电泳方法,进行了中国北方沿海的河北渤海湾、山东莱州湾、山东胶州湾和江苏海州湾 4 个脊尾白虾(*Exopalaemon carinicauda*)地理群体间的生化遗传差异分析。结果表明,12 种同工酶共有 16 个基因座位,其中 *Ldh-1*、*Adh-1*、*Sdh-1*、*s-Mdh-1*、*Gcdh-1* 和 *Me-1* 共 6 个座位表现为多态;平均每个座位等位基因有效值 $A_e = 1.2291-1.3009$,平均预期杂合度 $H_e = 0.1330-0.1675$,平均观察杂合度 $H_o = 0.1797-0.2474$,遗传距离 $D = 0.0050-0.0345$;聚类分析表明,渤海湾群体和莱州湾群体亲缘关系最近,其次为胶州湾群体与海州湾群体。本研究结果表明,脊尾白虾遗传多样性处于较高水平,种质资源状况良好,有利于其种质资源的保护开发及遗传改良。

关键词 脊尾白虾;地理群体;同工酶;遗传多样性

中图分类号 Q342

脊尾白虾(*Exopalaemon carinicauda*)属节肢动物门(Arthropoda)、甲壳纲(Crustacea)、十足目(Decapoda)、长臂虾科(Palaemonidae)、长臂虾属(*Palaemon*)、白虾亚属(*Exopalaemon*),广泛分布于黄、渤海区,是我国特有的经济虾类之一(刘瑞玉,1955)。脊尾白虾具有生长速度快、繁殖能力强、环境适应能力强等特点,作为抗病力强的优良池塘单养、虾蟹混养和虾池秋冬季养殖的重要品种,脊尾白虾养殖面积迅速扩大,越来越受到水产养殖者的重视(王兴强等,2005)。但近年来,由于过度采捕和海域生态环境的改变,已导致脊尾白虾自然资源的严重破坏,其种质和遗传多样性受到严重的威胁,因此对现有脊尾白虾自然群体的遗传多样性进行分析,对脊尾白虾种质资源评价和遗传改良具有重要意义。

同工酶的群体遗传研究主要是利用同工酶技术对不同地理居群或养殖种群种内、种间生化遗传差异及群体遗传结构进行分析。自 20 世纪 70 年代,同工酶分析方法已经在甲壳动物遗传多样性研究中得到

了广泛应用。Lester(1979)调查了美国墨西哥海湾 3 种对虾不同地理居群之间的遗传差异。Wang 等(2001)对 4 个种群中国对虾同工酶的遗传变异进行了研究,12 种同工酶编码的 20 个基因位点中发现 4 个是多态位点。李健等(2003)分析了中国对虾人工选育群体和野生群体的遗传差异,发现人工选育群体的遗传变异水平有所降低。霍振华等(2001)检测了新对虾 7 种等位酶,确定了 17 个等位酶点和 22 个等位基因,其中 4 个是多态的。樊祥国等(2009)研究了三疣梭子蟹 4 个种群同工酶的遗传变异,结果发现三疣梭子蟹还处于种质资源维持较好的状态。

目前有关脊尾白虾的研究主要集中在生物学(徐加涛等,2007)、繁育养殖(陈卫平,2005)及病害诊治(许文军等,2010)等方面。而对其群体遗传学方面的研究比较少,仅见贾舒雯等(2011)对脊尾白虾 3 个野生群体的遗传多样性进行了微卫星分析;马朋等(2011)利用线粒体 COI 基因对脊尾白虾不同地理群体进行遗传多样性以及长臂虾科的系统进化进行了分

* 国家高技术研究发展计划(863)项目资助,“主要养殖甲壳类良种培育”,2012AA10A409 号;国家虾产业技术体系项目资助, CARS-47 号;中央级公益性科研院所基本科研业务费资助项目,20603022012021 号。李吉涛, E-mail: lijt@ysfri.ac.cn

通讯作者: 李 健, 研究员, E-mail: lijian@ysfri.ac.cn

收稿日期: 2012-08-04, 收修改稿日期: 2012-12-20

析。本研究采用 12 种同工酶对 4 个脊尾白虾地理群体的生化遗传分析, 以期为脊尾白虾群体生化遗传结构研究及其种质资源的合理开发利用与保护提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

实验所用脊尾白虾于 2011 年 9 月中旬—11 月中旬分别采自河北唐海渤海湾(BH)、山东昌邑莱州湾(LZ)、青岛胶州湾(JZ)和江苏连云港海州湾(HZ)的野生脊尾白虾。活体运回实验室, 每个群体随机选取 48 尾用于实验, 取其肌肉置于超低温冰箱(-80℃)保存备用。

1.2 电泳方法

1.2.1 样品的制备 取适量脊尾白虾腹部肌肉, 分别加入约 3 倍体积的 0.05% 巯基乙醇组织提取缓冲液, 在冰浴条件下匀浆, 4℃ 离心机中 12000r/min 离心 30min, 取上清液, 按需要量分装入小管中置于 -80℃ 备用。

1.2.2 电泳与染色 同工酶电泳采用不连续聚丙烯酰胺凝胶垂直电泳, 电泳在 4℃ 冰箱中进行。对凝胶浓度、电压、电极缓冲液、点样量的多少和染色条件进行摸索和优化, 最终确立电泳参数。

凝胶浓度(T): $T_{\text{浓缩胶}} = 3.6\%$ (pH 6.7), $T_{\text{分离胶}} = 8.2\%$ (pH 8.9); 电压: Tris-甘氨酸(TG, pH 8.3)系统, 恒压 230V; 电泳时间 4h, 点样量视不同种酶类而异。

染色方法参照胡能书等(1985)和王中仁(1998)的方法, 根据实验情况进行部分优化及调整。

1.3 结果记录

染色完毕后用 75% 冰醋酸溶液固定, 显色固定后的胶片采用数码相机进行拍照, 并记录酶带的迁移距离及染色深度。酶谱的分析方法主要参照王中仁(1998)。同工酶的命名基本采用 Shaklee 等(1990)、Whitmore(1990)推荐的方法, 采用酶名称简写、数字等方式, 从阳极到阴极的顺序依次进行标记。

1.4 数据处理

实验数据的处理参照王中仁(1998)和曾呈奎(1998)的数理统计方法, 采用软件 POPGENE 3.2 计算脊尾白虾 4 个群体 16 个位点的多态座位百分数($P_{0.09}$)、平均每个座位的等位基因的有效数目(A_e)、平均每个座位的观察杂合度(H_o)、预期杂合度(H_e)和 Nei's 遗传距离(D)。根据计算得到的遗传距离, 使用 MEGA 5 软件, 采用 UPGMA 分析方法对脊尾白虾的 4 个地理群体进行聚类分析。

2 结果与分析

2.1 脊尾白虾 4 个群体同工酶的表达分析

对河北唐海渤海湾(BH)、山东昌邑莱州湾(LZ)、青岛胶州湾(JZ)和江苏连云港海州湾(HZ)的 4 个脊尾白虾地理群体的同工酶进行电泳分析。实验共检测 15 种同工酶, 从中挑选 12 种谱带清晰的进行分析, 由于 4 个群体酶谱表型相似, 为节约篇幅, 只刊登 BH 群体的酶谱作为代表(图 1)。各酶的分析方式参照樊祥国等(2009)。

2.1.1 谷氨酸脱氢酶(GDH) GDH 表现为四聚体、六聚体或八聚体, 但在脊尾白虾 4 个群体中都只

表 1 酶的名称、缩写、国际编码号和亚基结构及组织

Tab.1 Names, abbreviations, E.C. numbers, subunit structure and tissues of isozyme

酶名称	国际代码	亚基结构	组织	缓冲系统
谷氨酸脱氢酶 GDH	E.C.1.4.1.2	二聚体	肌肉	TG
乳酸脱氢酶 LDH	E.C.1.1.1.27	四聚体	肌肉	TG
苹果酸脱氢酶 MDH	E.C.1.1.1.37	二聚体	肌肉	TG
苹果酸酶 ME	E.C.1.1.1.40	四聚体	肌肉	TG
超氧化物歧化酶 SOD	E.C.1.15.1.1	二聚体	肌肉	TG
半乳糖脱氢酶 GAD	E.C.1.1.1.48	未知	肌肉	TG
乙醇脱氢酶 ADH	E.C.1.1.1.1	二聚体	肌肉	TG
D 葡萄糖脱氢酶 GcDH	E.C.1.1.1.118	二聚体	肌肉	TG
琥珀酸脱氢酶 SDH	E.C.1.3.99.1	单体	肌肉	TG
葡萄糖-6-磷酸脱氢酶 G-6-PD	E.C.5.3.1.9	二聚体	肌肉	TG
α -淀粉酶 α -AMY	E.C.3.2.1.1	单体或二聚体	肌肉	TG
过氧化氢酶 POD	E.C.1.11.1.7	二聚体	肌肉	TG

观察到一个基因座位、一种等位基因 a 和一种基因型 aa(图 1a)。

2.1.2 乳酸脱氢酶(LDH) LDH 为四聚体酶, 在 4 个群体中只观察到 1 个基因座位, 表现为多态, 观察到 a、b 两种等位基因和 aa、ab 两种基因型(图 1b)。

2.1.3 苹果酸脱氢酶(MDH) MDH 是二聚体酶, 在 4 个群体中均能观察到线粒体型(m-Mdh)和细胞质型(s-Mdh)。线粒体型 MDH 由两个基因座位编码, 均只观察到一种等位基因 a 和一种基因型 aa; 细胞质型 MDH 由一个基因座位编码, 表现为多态, 有 a、b 两种等位基因和 aa、ab、bb 三种基因型(图 1c)。

2.1.4 苹果酸酶(ME) ME 是四聚体酶, 在 4 个群体中只观察到 1 个基因座位, 有两种等位基因 a、b 和三种基因型 aa、ab 和 bb(图 1d)。

2.1.5 超氧化物歧化酶(SOD) SOD 有二聚体和四聚体两种类型, 在 4 个群体中发现 2 个基因座位, 均只观察到一种等位基因 a 和一种基因型 aa(图 1e)。

2.1.6 半乳糖脱氢酶(GAD) GAD 在 4 个群体中发现 1 个基因座位, 只观察到一种等位基因 a 和一种基因型 aa(图 1f)。

2.1.7 乙醇脱氢酶 ADH ADH 是二聚体酶。在渤海湾群体中只观察到 1 个基因座位, 一种等位基因 a 和一种基因型 aa; 而在其它 3 个群体中发现 2 种等位基因 a、b 和三种基因型 aa、ab 和 bb(图 1g)。

2.1.8 D 葡萄糖脱氢酶 GcDH GcDH 是二聚体酶, 在 4 个群体中仅发现两种等位基因 a、b 和两种基因型 aa、ab(图 1h)。

2.1.9 琥珀酸脱氢酶 SDH SCD 是单体酶, 在 4 个群体中发现两种等位基因 a、b 和三种基因型 aa、ab 和 bb(图 1i)。

2.1.10 葡萄糖-6-磷酸脱氢酶 G-6-PD G6PD 为二聚体酶, 在 4 个群体中发现 1 个基因座位, 只观察到一种等位基因 a 和一种基因型 aa, 为单态(图 1j)。

2.1.11 α -淀粉酶 α -AMY α -AMY 为单体或二聚体, 在 4 个群体中观察到 2 个基因座位, 均观察到一种等位基因 a 和一种基因型 aa(图 1k)。

2.1.12 过氧化物酶 POD POD 为二聚体酶, 脊尾白虾只有 Pod-1 一个位点编码。该位点有 1 个等位基因 a 编码, 观察到 aa1 种基因型, 为单态(图 1l)。

2.2 4 个脊尾白虾野生群体的遗传参数

4 个群体的 12 种同工酶共检测到 16 个基因座位, 其中 6 个呈现多态性。所测基因座位及其等位基因频率见表 2。

根据表 2 的统计结果, 计算得到 4 个脊尾白虾群体的多态座位百分数 P 、平均每个座位的有效等位基因的数目 A_e 、平均每个座位的观察杂合度 H_o 、预期杂合度 H_e 和 Hardy-Weinberg 平衡遗传偏离指数(d), 如表 3 所示。

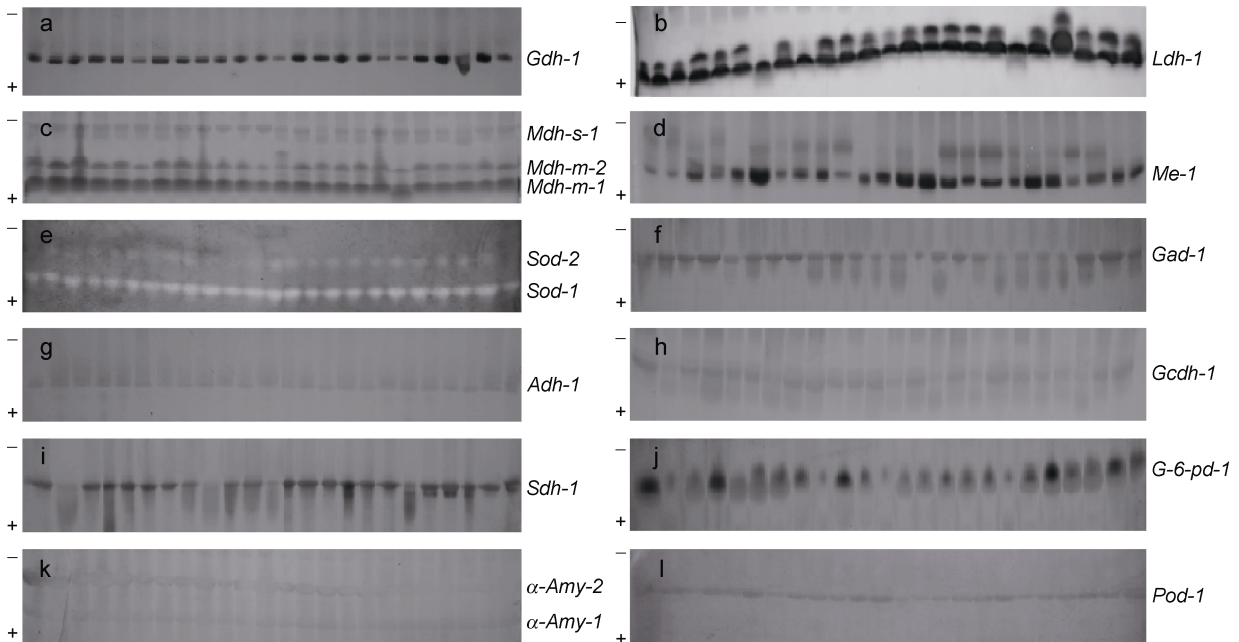


图 1 脊尾白虾渤海湾群体同工酶电泳图谱

Fig.1 Isozyme electrophoresis patterns of Bohai Bay population from *E. carinicauda*

表 2 脊尾白虾 4 个地理群体实测基因座位及其等位基因频率

基因座位	等位基因	群体			
		BH	LZ	JZ	HZ
<i>Ldh</i>	a	0.5625	0.7500	0.7500	0.6875
	b	0.4375	0.2500	0.2500	0.3125
<i>Sod-1</i>	a	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
<i>Sod-2</i>	a	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
<i>Gad</i>	a	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
<i>Adh</i>	a	1.0000	0.5417	0.5000	0.6458
	b	0.0000	0.4583	0.5000	0.3542
<i>Gcdh</i>	a	0.6667	0.8125	0.7708	0.5833
	b	0.3333	0.1875	0.2292	0.4167
<i>Gdh</i>	a	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
<i>Sdh</i>	a	0.2917	0.3958	0.5000	0.1458
	b	0.7083	0.6042	0.5000	0.8542
<i>Me</i>	a	0.8125	0.7708	0.5000	0.5000
	b	0.1875	0.2292	0.5000	0.5000
<i>Mdh-m-1</i>	a	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
<i>Mdh-m-2</i>	a	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
<i>Mdh-s</i>	a	0.3125	0.4583	0.5417	0.2917
	b	0.6875	0.5417	0.4583	0.7083
<i>G-6-pd</i>	a	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
<i>α-Amy-1</i>	a	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
<i>α-Amy-2</i>	a	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000
<i>Pod-1</i>	a	1.0000	1.0000	1.0000	1.0000

表 3 脊尾白虾 4 个群体的遗传参数

遗传参数	群体			
	BH	LZ	JZ	HZ
$P(\%)$	31.25	37.50	37.50	37.50
A_e	1.2291	1.2796	1.2862	1.3009
H_o	0.1797	0.2109	0.2474	0.2148
H_e	0.1330	0.1599	0.1618	0.1675
d	-0.0971	-0.1178	-0.1129	-0.1948

由表 3 可知, 4 个脊尾白虾群体的多态座位百分数除了 BH 群体为 31.25%, 其它 3 个群体均为 37.50%, 平均每个座位的等位基因的有效数目为 1.2291—1.3009, 平均每个座位的观察杂合度为 0.1797—0.2474, 平均每个座位的预期杂合度为 0.1330—0.1675, 计算了各群体的多态位点的 d 值, 所有的 d 值都为负值。

从表 4 中可以了解到 4 个群体的遗传相似度和遗

传距离值。对角线上的部分表示各群体间的遗传相似度, 下面的部分表示各群体间的遗传距离。其中渤海湾和莱州湾群体的遗传距离最小为 0.0050, 其次为海州湾和胶州湾群体间的遗传距离为 0.0153。

根据表 4 给出的遗传距离值, 使用 UPGMA 方法进行聚类分析, 如图 2。

4 个群体分为两组, 一组为莱州湾和渤海湾两群体, 另一组为海州湾和胶州湾两群体。

表 4 脊尾白虾 4 个地理群体间的遗传距离及遗传相似性系数

群体	BH	LZ	JZ	HZ
BH	—	0.9950	0.9797	0.9655
LZ	0.0050	—	0.9834	0.9822
JZ	0.0203	0.0166	—	0.9847
HZ	0.0345	0.0178	0.0153	—

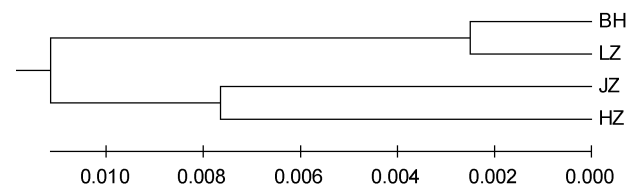


图 2 脊尾白虾 4 个群体的 UPGMA 聚类图

Fig.2 The UPGMA cluster dendrogram of 4 populations of *E. carinicauda*

3 讨论

3.1 脊尾白虾 4 个地理群体的同工酶表达

同工酶是生物体内基因转录和翻译的直接产物, 它反映了编码酶蛋白的 DNA 序列信息, 酶谱的变化反映了等位基因和位点的变化, 具有明显的组织特异性和群体差异性。本研究从生化遗传学对脊尾白虾的 4 个地理群体的 12 种同工酶进行了检测, 结果表明 12 种酶在肌肉组织中均有表达, 且 4 个群体的酶谱表型基本相似, 只是在渤海湾群体中发现乙醇脱氢酶 ADH 只观察到 1 种等位基因 a 和 1 种基因型 aa; 而在其它 3 个群体中发现 2 种等位基因 a、b 和 3 种基因型 aa、ab 和 bb, ADH 是广泛存在于动植物和微生物中的一种同工酶, 其生理作用是适应厌氧酵解的需要, 脊尾白虾肌肉中, ADH 活性较强, 可能是长期对低氧生活环境适应的原因, 这与高保全等(2007)在三疣梭子蟹和王春琳等(2004)在口虾蛄中的研究结果相一致。渤海湾群体中只发现 ADH 一种等位基因,

推测原因可能与亲本规模和样品数量有关。本研究共检测出 16 个基因座位, 其中 *Ldh-1*、*Adh-1*、*Sdh-1*、*s-Mdh-1*、*Gcdh-1* 和 *Me-1* 共 6 个座位表现为多态, 这些座位可以作为遗传标记对脊尾白虾进行遗传学研究。

3.2 脊尾白虾 4 个地理群体的亲缘关系及差异

根据 Nei(1975)的《分子群体遗传学和进化论》, 群体间的遗传距离范围为 0.00—0.05, 亚种间遗传距离为 0.02—0.20。本研究的结果: 脊尾白虾渤海湾、莱州湾、胶州湾、海州湾 4 群体间的遗传相似性较高 ($I = 0.9655—0.9834$), 遗传距离小 ($D = 0.0153—0.0345$)。按上述标准, 4 群体同属于脊尾白虾的不同地理群体, 群体之间的差异属于种内差异。根据遗传距离值对 4 群体作了聚类分析, 结果表明, 渤海和黄海海区的群体各分为一支, 其中渤海湾群体和莱州湾群体的遗传距离值最小, 而海州湾群体与渤海湾群体的亲缘关系最远, 这与马朋等(2011)对脊尾白虾野生群体基于线粒体 COI 基因的分析结果相似。脊尾白虾广泛分布于整个中国大陆沿岸和朝鲜半岛西岸的浅海低盐水域, 在渤海和黄海数量很大, 为最重要的小型经济虾(李新正等, 2003)。早在 20 世纪 50 年代, 刘瑞玉(1955)曾调查过辽宁、河北、山东和江苏地区的脊尾白虾的分布情况。本研究结果与 4 个群体的地理位置相吻合, 同时与之前的基于线粒体 DNA 的研究结果一致(马朋等, 2011)。

3.3 脊尾白虾 4 个地理群体的遗传多样性

同工酶电泳作为群体遗传学的一个重要研究手段, 可以有效地检测不同地理居群或养殖种群种内、种间生化遗传差异及群体遗传结构。多态位点比例和平均杂合度能够有效反映种群遗传变异及其种质资源状况(石林波, 2008)。本研究中, 12 种同工酶在 4 个群体中共检测到 16 个基因位点, 脊尾白虾 4 个群体的多态位点比例除了 BH 群体为 31.25%, 其它 3 个群体均为 37.50%, 平均多态位点比例为 35.94%; 4 个脊尾白虾群体的平均观察杂合度为 0.1797—0.2474。Hardy-Weinberg 遗传偏离指数 d 反映了杂合度的实际值(H_o)和预期值(H_e)之间的平衡关系。本研究中 4 个脊尾白虾群体的 d 值为负, 则说明杂合子处于缺失状态, 造成杂合子缺失的原因很多, 比如自然选择、种内杂交、亚等位基因等。由于环境污染, 脊尾白虾的杂合子缺失可能是由自然选择引起, 但是确定原因还需进行多方面的研究。其它几种对虾同工酶多态位点比例的变化范围为 11%—33%: 凡纳滨对虾(*Penaeus vannamei*)、白对虾(*Penaeus setiferus*)、蓝对虾

(*Penaeus stylirostris*)和褐对虾(*Penaeus aztecus*)的多态位点比例分别为 16%、29%、25%和 33% (Lester, 1983)。TAM 等(1993)对南海的 7 种对虾和 3 种新对虾的 17 个基因位点进行分析, 得出平均多态位点比例为 5.9%—23.5%, 平均杂合度范围为 0.000—0.128。庄志猛等(2000)对福建沿海日本囊对虾(*Marsupenaeus japonicus*)的野生和养殖群体的遗传变异研究后发现野生和养殖群体的多态座位比例为 18.2%和 4.5%, 杂合性分别为 0.0091 和 0.0015, 均表现为很低的水平, 过度捕捞和海水养殖是造成野生虾类群体遗传多样性水平降低的主要原因。高保全等(2007)研究发现浙江舟山野生三疣梭子蟹群体同工酶多态座位比例为 20%; 李鹏飞等(2007)研究发现莱州湾三疣梭子蟹群体多态位点比例为 27.3%; 樊祥国等(2009)发现三疣梭子蟹 4 个群体的多态座位百分数均为 13.6%。同上述虾蟹类同工酶数据进行比较发现, 脊尾白虾群体显示出较丰富的遗传多样性, 处于野生种质资源维持较好的水平, 有利于对其遗传育种工作的展开, 同时也应该及早地采取保护措施, 以免导致其资源的衰竭。

参 考 文 献

- 马 朋, 刘 萍, 李 健等, 2011. 脊尾白虾 3 个野生群体线粒体 COI 基因的遗传多样性及其系统发育分析. 渔业科学进展, 32(6): 50—56
- 王中仁, 1998. 植物等位酶分析. 北京: 科学出版社, 95—106
- 王兴强, 阎斌伦, 马 甦等, 2005. 脊尾白虾生物学及养殖生态学进展. 齐鲁渔业, 22(8): 21—24
- 王春琳, 母昌考, 丁爱侠等, 2004. 口虾蛄(*Oratosquilla oratoria*)同工酶的组织特异性及生化遗传分析. 海洋与湖沼, 35(3): 258—263
- 石林波, 2008. 同工酶技术在虾蟹类动物研究中的应用. 中国热带医学, 11(8): 2055—2058
- 庄志猛, 孟宪红, 2000. 日本囊对虾野生种群和养殖群体的同工酶遗传变异. 动物学研究, 21(4): 323—326
- 刘瑞玉, 1955. 中国北部的经济虾类. 北京: 科学出版社, 48—49
- 许文军, 谢建军, 施 慧等, 2010. 池塘养殖脊尾白虾(*Exopalaemon carinicauda*)感染血卵涡鞭虫的研究. 海洋与湖沼, 41(3): 396—402
- 李 健, 高天翔, 柳广东等, 2003. 中国对虾人工选育群体的同工酶分析. 海洋水产研究, 24(2): 1—8
- 李鹏飞, 刘 萍, 李 健等, 2007. 莱州湾三疣梭子蟹的生化遗传分析. 海洋水产研究, 28(2): 90—96
- 李新正, 刘瑞玉, 梁象秋, 2003. 中国长臂虾总科的动物地理学特点. 生物多样性, 11(5): 393—406
- 陈卫平, 2005. 不同温度、盐度下脊尾白虾 *Exopalaemon carinicauda* (Holthuis) 早期胚胎和幼体发育的观察研究.

- 现代渔业信息, 20(5): 23—26
- 胡能书, 万贤国, 1985. 同工酶技术及其应用. 长沙: 湖南科学技术出版社, 70—85
- 贾舒雯, 刘 萍, 韩智科等, 2011. 脊尾白虾微卫星富集文库的构建与多态性标记的筛选. 水产学报, 35(12): 1787—1794
- 徐加涛, 徐国成, 于 斌等, 2007. 脊尾白虾繁殖生物学及人工育苗生产技术. 中国水产, 4: 52—55
- 高保全, 刘 萍, 李 健等, 2007. 三疣梭子蟹野生群体同工酶的遗传多态性分析. 水产学报, 31(1): 1—6
- 樊祥国, 高保全, 刘 萍等, 2009. 三疣梭子蟹 4 个野生群体遗传差异的同工酶分析. 渔业科学进展, 30(4): 84—89
- 霍振华, 黎中宝, 叶兆弘等, 2001. 新对虾等位酶的遗传控制. 水产养殖, 2: 34—36
- Nei M, 1975. 王家玉译, 1975. 分子群体遗传学和进化论. 北京: 农业出版社, 121—133
- Lester L J, 1979. Population genetics of penaeid shrimp from the Gulf of Mexico. *Heredity*, 70: 175—180
- Lester L J 1983. Developing a selective breeding program for penaeid shrimp mariculture. *Aquaculture*, 33: 41—50
- Shaklee J B, Allendorf F W, Morizot D C, 1990. Genetic nomenclature for protein-coding loci in fish. *Transactions of the American Fisheries Society*, 119: 2—15
- TAM Y K, CHU K, 1993. Electrophoretic study on the phylogenetic relationships of some species of *Penaeus* and *Metapenaeus* (Decapoda: Penaeidae) from the South China Sea. *J Crust Biol*, 13(4): 697—705
- Wang W J, Kong J, Bao Z M *et al.*, 2001. Isozyme variation in four populations of *Penaeus chinensis* shrimp. *Biodiversity Science*, 9(3): 241—246
- Whitmore D G, 1990. Electrophoretic and isoelectric focusing technique in fisheries management. Boston: CPC Press, 28—30

BIOCHEMICAL GENETIC ANALYSIS OF DIFFERENT GEOGRAPHIC POPULATIONS FROM *EXOPALAEEMON CARINICAUDA*

LI Ji-Tao, DUAN Ya-Fei, LI Jian, CHEN Ping, LIU Ping, GAO Bao-Quan
(Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao, 266071)

Abstract The genetic variation of isozyme of *Exopalaemon carinicauda* was investigated using vertical polyacrylamide gel electrophoresis. Four geographic populations, i. e., distributed in Bohai Bay (BH), Shandong Laizhou Bay (LZ), Shandong Jiaozhou Bay (JZ), and Jiangsu Haizhou Bay (HZ) were collected to analyze the population diversity. Sixteen putative loci were detected from twelve enzymes, and six of them were polymorphic. The proportion of polymorphic loci ($P_{0.99}$) of BH was 31.25%, and those of other three populations were all 37.50%. The mean effective number (A_e) of alleles per locus ranged from 1.2291 to 1.3009, and the mean values of observed (H_o) and expected (H_e) heterozygosities ranged from 0.1330 to 0.1675 and 0.1797 to 0.2474 respectively. The Nei's genetic distance (D) among the four geographic populations ranged from 0.0050 to 0.0345, lower than that between subspecies. Cluster analysis indicated that BH and LZ populations were clustered together for the closest relationship, while JZ and HZ were clustered as an independent cluster. The results show that high level genetic diversity and good germplasm resources existed in *E. carinicauda*, which could contribute to its protection and genetic improvement in the future.

Key words *Exopalaemon carinicauda*; geographic population; isozyme; genetic diversity