

# 大竹蛭(*Solen grandis*)不同地理群体 遗传多样性的 AFLP 分析\*

张 滔<sup>1,3</sup> 刘相全<sup>1,2</sup> 孙振兴<sup>3</sup> 乔洪金<sup>1,2</sup>  
孙国华<sup>1,2</sup> 刘丽娟<sup>1,2</sup> 宋向军<sup>1,2</sup>

(1. 山东省海洋水产研究所 烟台 264006; 2. 山东省海洋生态修复重点实验室 烟台 264006;  
3. 鲁东大学生命科学学院 烟台 264025)

**摘要** 应用 AFLP 分子标记技术对我国沿海大竹蛭(*Solen grandis*)群体的遗传多样性进行了分析,利用筛选出的 7 对 AFLP 引物,对丹东、烟台、莱州、日照和南通 5 个地理群体的 141 只大竹蛭个体进行了扩增,共得到了 403 个位点,片段大小在 100—700bp 之间。其中丹东、烟台、莱州、南通 4 个群体的大竹蛭遗传多样性水平接近,日照群体的多态位点比例高于其它 4 个群体,结合 Shannon's 信息指数( $I$ )和 Nei's 基因多样性指数( $H$ )看,日照群体的遗传多样性水平最高,而南通群体的遗传多样性水平最低。AMOVA 分析得到群体间遗传分化系数  $F_{st} = 0.2250$  ( $P < 0.001$ ),群体间的变异百分率为 22.5%,群体内为 77.5%,说明群体的遗传变异主要来源于群体内个体间的遗传差异,但群体间也存在一定程度的基因渗透。

**关键词** 大竹蛭; AFLP; 遗传多样性

中图分类号 S968.3

大竹蛭(*Solen grandis* Dunker)隶属于软体动物门(Mollusca)、双壳纲(Bivalvia)、异齿亚纲(Heterodonta)、帘蛤目(Veneroidea)、竹蛭科(Solenidae),为我国沿海潮间带常见的贝类,在渤海、黄海、东海、南海沿海均有分布。其个体大,肉质鲜美,出肉率高,营养丰富,在食用贝类中占有重要的地位。

有关大竹蛭的生物学研究起步较晚,主要集中在人工繁殖(侯和要等, 2004; 陈爱华等, 2009)、营养成分(戴聪杰, 2002)、核型(孙振兴等, 2004)和同工酶(张志伟等, 2009)等方面,尚未形成规模化的养殖产业,市场上的大竹蛭主要从自然海域采捕获得。近年来由于过度采捕以及海洋环境的恶化,大竹蛭的种质资源状况堪忧。而另一方面,国内沿海各地已陆续开展了大竹蛭的苗种培育和增殖放流工作,并取得

了一定的成效。为了防止大竹蛭野生种质资源的衰退,无论是进行人工繁殖还是苗种放流,都有必要探明大竹蛭种群的遗传结构和遗传多样性水平,从而为大竹蛭种质资源的监测、人工繁殖时的亲贝选择以及培育优质苗种等,提供必要的基础依据。

与其它分子标记技术相比, AFLP 标记被认为是多态性最丰富的一项技术,它能够在遗传关系十分相近的个体间产生多态性。该技术具有检测样品数量多,不需预先知道研究对象的 DNA 序列也可在短时间内获得大量分子标记和相关遗传信息,多态性丰富、稳定性好、重复性高等优点,因而在水生生物分子遗传研究中得到了广泛的应用。利用 AFLP 技术 Mickett 等(2003)研究了斑点叉尾鲷(*Ictalurus punctatus*)的群体遗传多样性;刘贤德等(2007)分析了皱

\* 山东省农业良种工程课题“优质高产抗逆贝类良种选育”(2009—2013)资助;水生动物营养与饲料泰山学者岗位经费资助, TS200651036 号。张 滔, 硕士研究生, E-mail: ztyoho@163.com

通讯作者: 刘相全, 副研究员, E-mail: lxq6808@163.com

收稿日期: 2012-06-21, 收修改稿日期: 2012-08-13

纹盘鲍(*Haliotis discus hannai*)杂交子一代与亲本的分离现象; Wang 等(2005)和刘卫东等(2009)分别构建了栉孔扇贝(*Chlamys farreri*)和虾夷扇贝(*Patinopecten yessoensis*)的遗传图谱。但关于大竹蛭的分子遗传研究鲜有报道, 仅有邵艳卿等(2009)在对浙南地区分布的小英蛭、缢蛭和大竹蛭遗传多样性分析中有所涉及, 迄今尚未见有关不同地理群体大竹蛭遗传多样性的研究报道。

本文采用 AFLP 标记分析了我国沿海 5 个不同地理群体大竹蛭的遗传结构, 并参照其它贝类的相关文献加以纵向比较, 以期为维持大竹蛭的遗传多样性水平、保持种群的自然繁殖能力和进化潜能、种质资源的可持续利用提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 实验材料

实验用大竹蛭(*Solen grandis*)自 2009 年 9 月—2010 年 6 月期间分别采自辽宁丹东(DD)、山东烟台(YT)、山东莱州(LZ)、山东日照(RZ)和江苏南通(NT)5 个海域(表 1), 活体运回实验室, 每个群体随机取 25—30 只作为实验样品。

### 1.2 基因组 DNA 的提取

取大竹蛭闭壳肌约 100mg, 剪碎后加 CTAB 裂解液(2% CTAB, 1.4mol/L NaCl, 20mmol/L EDTA, 100mmol/L pH 8.0 的 Tris-HCl, 0.2%  $\beta$ -巯基乙醇)

(Boulding *et al.*, 1993)及蛋白酶 K, 37°C 消化过夜处理, 然后用改良的酚-氯仿法抽提。所得 DNA 用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测, -20°C 保存。

### 1.3 AFLP 扩增

参照 Vos 等(1995)的方法并稍加改动。经限制性内切酶 *EcoR* /*Mse* 酶切, 接头连接, E01/M02 预扩增, 将预扩产物稀释 40 倍, 用筛选出的 7 对 *EcoR* 和 *Mse* 选择性扩增引物(表 2)进行 PCR 反应。体系为: 预扩模板 2 $\mu$ l, 10 $\times$  Buffer 2 $\mu$ l, dNTP (2.5mmol/L) 0.8 $\mu$ l, *EcoR* 选扩引物(10mmol/L) 0.1 $\mu$ l, *Mse* 选扩引物(10mmol/L) 0.4 $\mu$ l, *Taq* 酶 0.5U, 超纯水补足至 20 $\mu$ l。选择性扩增的 PCR 反应程序为: 94°C 2min; 94°C 30s, 65°C 30s (每一循环退火温度降低 0.7°C), 72°C 1min, 共进行 13 个循环; 94°C 30s, 56°C 30s, 72°C 1min, 再进行 23 个循环; 最后 72°C 延伸 8min。选扩产物变性后以 6% 聚丙烯酰胺凝胶电泳分离, 参照 Sambrook 等(2002)的方法进行银染检测, 扫描仪记录凝胶图谱。

### 1.4 扩增条带统计

利用凝胶分析软件 TotalLab TL120 对电泳图谱进行自动识别并辅以人工校正, 选取清晰、重复性高且分子量在 100—700bp 范围内的 AFLP 扩增条带。相同迁移位置上有电泳条带的记为“1”, 无条带记为“0”, 由 TotalLab TL120 软件生成“0 与 1”矩阵文件。

表 1 大竹蛭群体的采样水域、数量、经纬度及体重

Tab.1 The population samples location, quantity, longitude and latitude, and weight of *S. grandis* collected in the coastal waters

群体	代码	经纬度	数量	平均活体重(g) $\pm$ 标准差
丹东	DD	124.39°E, 40.14°N	25	58.51 $\pm$ 1.78
烟台	YT	121.42°E, 37.50°N	26	51.66 $\pm$ 1.80
莱州	LZ	119.86°E, 37.23°N	30	68.15 $\pm$ 2.31
日照	RZ	119.56°E, 35.42°N	30	61.61 $\pm$ 1.59
南通	NT	120.89°E, 32.01°N	30	74.80 $\pm$ 2.92

表 2 AFLP 分析所用接头和引物的序列

Tab.2 Adaptor and primer sequences used for AFLP analysis

引物/接头	序列(5'—3')	引物/接头	序列(5'—3')
<i>EcoR</i> 接头	5'-CTCGTAGACTGCGTACC-3' 3'-CTGACGCATGGTTAA-5'	<i>Mse</i> 接头	5'-GACGATGAGTCCTGAG-3' 3'-TACTCAGGACTCAT-5'
E00(通用引物)	GACTGCGTACCAATTC	M00(通用引物)	GATGAGTCCTGAGTAA
E01	E00+A	M02	M00+C
E32	E00+AAC	M48	M00+CAC
E33	E00+AAG	M50	M00+CAT
E35	E00+ACA	M54	M00+CCT
E45	E00+ATG	M55	M00+CGA
		M62	M00+CTT

### 1.5 遗传参数的计算

用 PopGene(ver. 1.32)软件计算群体多态位点百分率( $P$ )、观测等位基因数( $N_a$ )、有效等位基因数( $N_e$ )、Nei's 基因多样性指数( $H$ ) (Nei, 1978)、Shannon's 多样性指数( $I$ )、遗传相似系数( $F$ )、遗传距离( $D$ )、群体间的基因分化系数( $G_{st}$ )和基因流( $Nm$ )等遗传参数。

### 1.6 聚类分析与 AMOVA 分析

根据群体间以及个体间的遗传距离, 用 MEGA(Ver.4.0)软件分别对 5 个群体以及全部样品的 141 只个体以非加权类平均法(unweighted pair group method with arithmetic mean, UPGMA)进行聚类分析, 并生成聚类图。利用 Arlequin 软件(ver.3.5)(Excoffier *et al.*, 2010)对 5 个群体间和群体内的遗传变异进行分子变异分析(analysis of molecular variance, AMOVA)。

## 2 结果与分析

### 2.1 五群体大竹蛭 AFLP 结果分析

通过优化的 AFLP-PCR 反应体系(张滔等, 2011), 筛选出 7 对 AFLP 引物, 对 5 个地理群体的 141 只大竹蛭个体进行了扩增, 共得到了 403 个位点, 平均每组引物为 57.5 个位点, 其片段大小在 100—700bp 之间。每个引物组合扩增的条带数从 35—78 不等(表 3),

表 3 AFLP 引物组合的扩增结果

Tab.3 The results of amplification by AFLP primer combinations

引物	总位点数	多态位点数	多态位点比例(%)
E32/M54	37	31	83.78
E45/M50	52	44	84.62
E33/M55	73	68	93.15
E32/M55	35	31	88.57
E32/M62	59	54	91.53
E33/M48	78	70	89.74
E35/M55	69	60	86.96
平均	57.57	51.14	88.34
合计	403	358	

其中 E33/M48 引物扩增的条带数最多为 78 条, 引物 E33/M55 扩增的多态位点比例最高为 93.15%。

### 2.2 群体遗传多样性分析

大竹蛭 5 个地理群体的遗传结构及遗传多样性等参数如表 4 所示, 丹东、烟台、莱州、南通 4 个群体的大竹蛭遗传结构较为接近, 日照群体的多态位点比例略高于其它 4 个群体, 为 79.16%, 烟台群体相对较低为 69.23%, 结合 Shannon's 信息指数( $I$ )和 Nei's 基因多样性指数( $H$ )看, 日照群体的遗传多样性水平较高, 遗传变异较大, 南通群体的遗传多样性水平较低。

### 2.3 遗传距离及聚类分析

丹东、烟台、莱州、日照、南通 5 个群体之间的遗传相似系数和遗传距离如表 5 所示。从表中可以看出, 丹东与南通群体之间的遗传距离最大为 0.0910; 烟台与日照群体间的遗传距离最小为 0.0205。表明在 5 个大竹蛭群体中, 日照与烟台群体之间的亲缘关系较近, 丹东与南通群体间的亲缘关系较远。

**2.3.1 群体间的聚类结果** 用 MEGA 4.0 软件对 5 个大竹蛭群体进行聚类分析, 从聚类结果(图 1)中可以看出, 莱州群体与南通群体聚为一支, 烟台群体与日照群体聚为一支, 这两支聚到一起之后, 经过一段遗传距离, 最终与丹东群体聚在一起。

**2.3.2 个体间的聚类结果** 对 5 个群体的 141 只个体进行聚类的结果见图 2。由图 2 可见, 丹东、烟台、莱州、日照、南通群体中的大部分个体基本各自独立汇聚为一支, 表明群体内个体间具有高度的遗传相似性; 但也有个别个体出现在其它支系中, 其中较明显的是烟台、日照群体中的部分个体互相交汇在一起。从不同群体来看, 莱州群体与南通群体聚为一支, 烟台群体与日照群体聚为一支, 这 4 个群体汇聚后与丹东群体相聚, 这与群体间聚类结果一致。

### 2.4 群体遗传分化

应用分子变异分析(AMOVA)方法对 5 个群体的

表 4 大竹蛭 5 个群体的遗传结构及遗传多样性

Tab.4 The genetic structure and genetic diversity for five populations of *S. grandis*

群体	多态位点数	多态位点百分率 (%)	观察等位基因数 ( $N_a$ )	有效等位基因数 ( $N_e$ )	Nei's 基因多样性指数( $H$ )	Shannon 多样性指数( $I$ )
丹东	289	71.71	1.7171	1.3236	0.1975	0.3072
烟台	279	69.23	1.6923	1.3090	0.1909	0.2977
莱州	287	71.22	1.7122	1.2941	0.1821	0.2863
日照	319	79.16	1.7916	1.3365	0.2075	0.3254
南通	288	71.46	1.7146	1.2953	0.1826	0.2868
平均	292.4	72.56	1.7256	1.3117	0.1921	0.3007

表 5 大竹蛭 5 个群体之间的遗传相似系数和遗传距离  
Tab.5 Genetic identities index and genetic distance among five populations of *S. grandis*

群体	丹东	烟台	莱州	日照	南通
丹东	—	0.9188	0.9293	0.9320	0.9130
烟台	0.0847	—	0.9512	0.9797	0.9422
莱州	0.0733	0.0501	—	0.9574	0.9668
日照	0.0704	0.0205	0.0435	—	0.9514
南通	0.0910	0.0596	0.0337	0.0498	—

注: 对角线右上方为遗传相似系数, 左下方为 Nei(1978)遗传距离

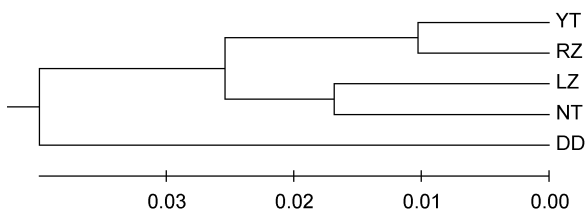


图 1 大竹蛭 5 个群体的 UPGMA 聚类图

Fig.1 The UPGMA dendrogram of the five populations of *S. grandis*

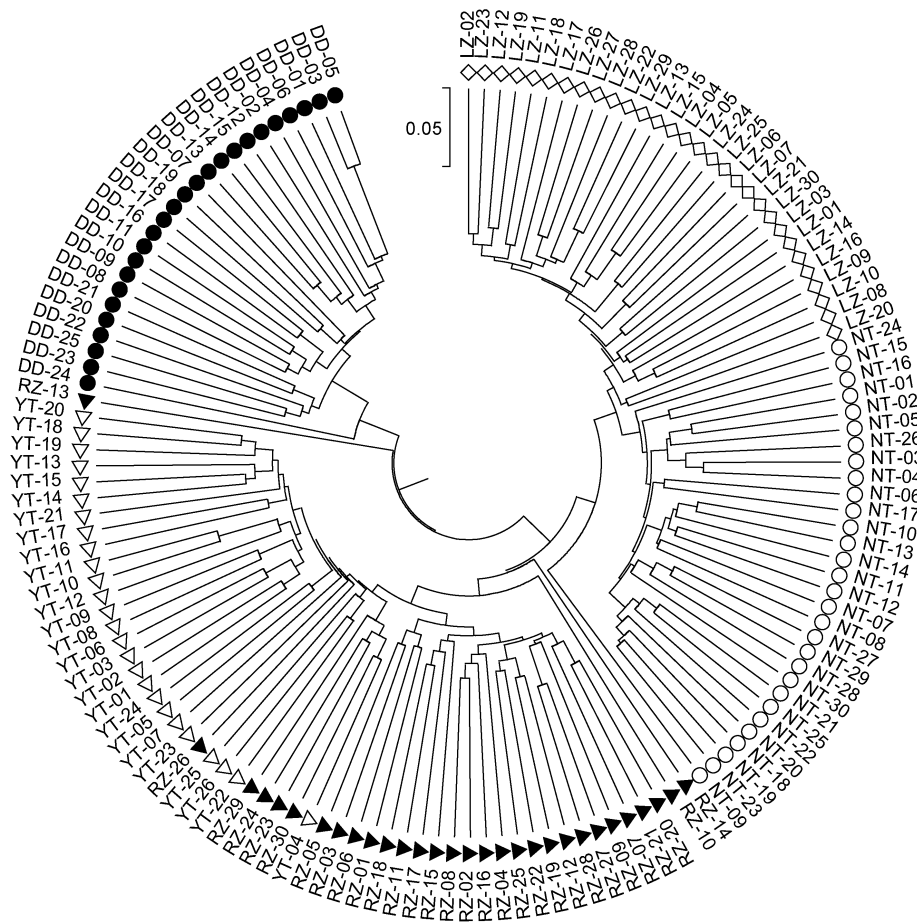


图 2 大竹蛭 5 个群体 141 个个体的 UPGMA 聚类图

Fig.2 The UPGMA dendrogram of the 141 *S. grandis* individuals from five populations

遗传变异来源进行分析的结果如表 6 所示。大竹蛭 5 个群体在 7 对 AFLP 引物的检测下, 其群体间遗传分化系数  $\Phi_{st} = 0.2250$  ( $P < 0.001$ ), 群体间变异百分率为 22.5%, 而 77.5% 的变异则发生在群体内, 说明群体的遗传变异主要来源于群体内个体间的遗传差异, 但群体间也存在一定程度的基因渗透。

### 3 讨论

#### 3.1 关于大竹蛭群体的遗传多样性

遗传多样性作为评价种质资源状况的重要指标, 与物种的繁衍、进化或濒危灭绝有着密切的关系。在育种过程中结合分子标记技术进行辅助选择, 可大大提高选择效率, 缩短育种年限。发展大竹蛭养殖的重要途径是人工培育竹蛭苗, 为了避免大竹蛭人工繁殖时选择亲贝的盲目性, 亟需探明野生大竹蛭的遗传背景。本研究利用 AFLP 技术对山东半岛及周边海域 5 个地理群体的野生大竹蛭种质资源进行了遗传多样性的分析, 虽然目前大竹蛭还没有形成大规模的养殖产业(陈爱华等, 2009), 但为今后更好地开发利用大竹蛭种质资源提供了科学依据。

从大竹蛭的遗传多样性参数来看, 日照群体的 Nei's 基因多样性指数, Shannon's 信息指数及多态位点比率分别为 0.2075、0.3254 和 79.16%, 为 5 个群体的最高水平。推测与日照所处地理位置有关, 栖埋型双壳类的精、卵直接排放到海水中受精, 受精卵发育成幼虫, 幼虫附着变态时的分布受水温、潮流、风力与风向的影响, 特别是水温的影响更为明显(周炳元等, 2002)。日照位于山东半岛南部, 黄海之滨, 海岸沙滩细软, 适合大竹蛭苗附着。从实验数据来看日照群体的变异性较大, 从育种的角度而言, 选择的潜力也较大, 可作为人工繁殖选择亲贝时的首选种质。

结合遗传距离和遗传相似度两个参数看, 烟台、莱州、日照、南通 4 个群体的遗传距

离较近,反映了这些群体间存在一定程度的基因流。结合 5 个群体聚类结果可知,丹东群体与上述 4 个群体表现出两个明显的分支,尤其和南通群体的亲缘关系较远,这可能与群体间的地理隔离导致基因流减弱有关。从群体遗传结构来看,大竹蛏 5 个群体的遗传变异主要来自群体内个体间。遗传分化指数  $st = 0.2250$ ,表明群体间也出现了一定程度的遗传分化。

### 3.2 AFLP 方法对大竹蛏和其它贝类的遗传多样性比较

AFLP 标记技术在海洋贝类的分子遗传研究中得到了普遍地应用,表 7 列举了利用 AFLP 方法得到的几种海洋贝类的遗传多样性参数,比较发现,5 个群体大竹蛏的多态位点百分率、Nei's 基因多样性指数

与其它贝类相近,说明在群体水平上大竹蛏具有较高的遗传多样性;同时也说明本研究的结果是可靠的。但大竹蛏的 Nei's 基因多样性指数略低于其它贝类,原因可能有以下几个方面:大竹蛏的生境受到各种人为因素的影响,诸如海洋环境污染、港口建设等,导致了一定程度的种质资源退化;大竹蛏自然群体数量相对较少,且捕捞强度大,资源恢复能力低,使大竹蛏面临遗传多样性降低的潜在威胁。此外,近年来各地开展的大竹蛏苗种放流增殖活动,对自然海域大竹蛏群体的遗传多样性也可能产生一定程度的影响,但由于缺乏大竹蛏相关历史资料的比对,尚不能判断人为因素的影响程度,由此也显示出进行大竹蛏种质资源保护的重要性和紧迫性。

表 6 大竹蛏 5 个群体遗传变异的 AMOVA 分析  
Tab.6 Analysis of molecular variance (AMOVA) among five populations of *S. grandis*

变异来源	自由度 df	离差平方和	均方 MS	变异组分	变异百分率(%)
群体间	4	1641.89	410.47	12.99	22.50
群体内	136	6084.85	44.74	44.74	77.50

表 7 大竹蛏与其它几种贝类的遗传多样性比较  
Tab.7 The comparison of genetic diversities among *S. grandis* and other clams

种类	地理位置	方法	Nei's 多样性指数(H)	多态位点百分率 (PPB/%)	资料来源
大竹蛏	辽宁, 山东, 江苏	AFLP	0.1821—0.2075	69.23—79.16	本文
小荚蛏	浙江	AFLP	0.2971	79.22	邵艳卿等(2009)
缢蛏	浙江, 福建	AFLP	0.2448—0.2647	81.74—86.09	董迎辉等(2011)
菲律宾蛤仔	辽宁, 山东, 福建, 广东	AFLP	0.2526	87.90	刘相全等(2010)
杂色蛤仔	广东	AFLP	0.2154	90.90	刘相全等(2010)
文蛤	辽宁, 山东	AFLP	0.2301—0.2768	84.39—87.65	赫崇波等(2008)
青蛤	江苏	AFLP	0.2603	81.70	彭永兴等(2008)
硬壳蛤	江苏	AFLP	0.2360	75.10	彭永兴等(2008)
栉孔扇贝	辽宁, 山东	AFLP	0.2260—0.3204	74.87—77.49	李宁等(2010)

### 参 考 文 献

- 刘卫东, 鲍相渤, 宋文涛等, 2009. 虾夷扇贝遗传连锁图谱的初步构建. 遗传, 31(06): 629—637
- 刘贤德, 刘 晓, 张国范. 2007. 皱纹盘鲍杂交 F<sub>1</sub> AFLP 标记偏分离现象初析. 海洋科学, 31(10): 70—76
- 刘相全, 包振民, 胡景杰等, 2010. 两种蛤仔群体遗传多样性的形态参数及 AFLP 分析. 海洋与湖沼, 41(3): 359—364
- 孙振兴, 郭胜超, 邵雁群等, 2004. 三种海产帘蛤目贝类的核型研究. 海洋学报, 26(1): 88—94
- 李 宁, 程 洁, 孙鲁阳等, 2010. 中国北方沿海 6 个栉孔扇贝群体的 AFLP 分析. 中国海洋大学学报(自然科学版), 40(4): 926—930
- 张 滔, 刘相全, 孙国华等, 2011. 大竹蛏 AFLP 分析标记反应体系的建立与优化. 安徽农业科学, 39(29): 17923—17926
- 张志伟, 姚国兴, 陈爱华, 2009. 大竹蛏同工酶组织特异性与多态性初步研究. 海洋科学, 33(3): 41—43
- 陈爱华, 姚国兴, 张志伟, 2009. 大竹蛏生产性人工繁育试验. 海洋渔业, 31(1): 66—72
- 邵艳卿, 陆荣茂, 董迎辉等, 2009. 三种蛏的遗传多样性分析. 海洋科学, 33(10): 26—30
- 周炳元, 董松生, 2002. 缢蛏养殖技术. 北京: 金盾出版社, 34—39
- 侯和要, 牟乃海, 宋全山等, 2004. 大竹蛏人工繁殖技术研究. 齐鲁渔业, 21(6): 32—35
- 彭永兴, 程汉良, 夏德全等, 2008. 帘蛤科 4 种养殖蛤群体遗传多样性和种间关系的 AFLP 分析. 海洋科学, 32(1): 45—51

- 董迎辉, 郑崇磊, 姚韩韩等, 2011. 5 个缢蛏野生种群遗传变异的 AFLP 分析. 基因组学与应用生物学, 30(28): 1182—1188
- 赫崇波, 丛林林, 葛陇利等, 2008. 文蛤养殖群体和野生群体遗传多样性的 AFLP 分析. 中国水产科学, 15(2): 215—221
- 戴聪杰, 2002. 大竹蛏软体部分营养成分分析及其评价. 集美大学学报, 07(4): 304—308
- Boulding E C, Boom J D C, Beckenbach A T, 1993. Genetic variation in one bottlenecked and two wild populations of the Japanese scallop (*Patinopecten yessoensis*): empirical parameter estimates from coding regions of mitochondrial DNA. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 50(6): 1147—1157
- Excoffier L, Lischer H E L, 2010. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. Molecular Ecology Resources, 10: 564—567
- Mickett K, Morton C, Feng J *et al*, 2003. Assessing genetic diversity of domestic populations of channel catfish (*Ictalurus punctatus*) in Alabama using AFLP markers. Aquaculture, 228: 91—105
- Nei M, 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. Genetics, 89 (3): 583—590
- Sambrook J, Fritsch E F, Maniatis T *et al*, 2002. Molecular Cloning A Laboratory Manual 3<sup>rd</sup> de Beijing. Science Press, 462—468
- Vos P, Hogers R, Bleeker M *et al*, 1995. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. Nucleic Acids Research, 23(21): 4407—4414
- Wang L L, Song L S, Chang Y, 2005. A preliminary genetic map of Zhikong scallop (*Chlamys farreri* Jones et Preston 1904). Aquaculture Research, 36: 643—653

## GENETIC DIVERSITY OF FIVE GEOGRAPHICAL POPULATIONS IN *SOLENA GRANDIS* BY AFLP MARKERS

ZHANG Tao<sup>1,3</sup>, LIU Xiang-Quan<sup>1,2</sup>, SUN Zhen-Xing<sup>3</sup>, QIAO Hong-Jin<sup>1,2</sup>,  
SUN Guo-Hua<sup>1,2</sup>, LIU Li-Juan<sup>1,2</sup>, SONG Xiang-Jun<sup>1,2</sup>

(1. Shandong Marine Fisheries Research Institute, Yantai, 264006; 2. Shandong Provincial Key Laboratory of Restoration for Marine Ecology, Yantai, 264006; 3. College of Life Science, Ludong University, Yantai, 264025)

**Abstract** The AFLP (Amplified fragment length polymorphism) technology was used to estimate the genetic diversity of *Solen grandis* from several coastal sites of China. 141 natural individuals from 5 geographical populations of *S. grandis* located at Dandong (DD), Yantai (YT), Laizhou (LZ), Rizhao (RZ), and Nantong (NT) were analyzed using 7 pairs of AFLP primers. A total of 403 reproducible loci were generated, most of which varied from 100bp to 700bp. There was little different in the genetic diversity of DD, YT, LZ and NT, whereas the ratio of polymorphic loci of RZ was relatively higher than the other four populations. Combined with the Shannon's index and Nei's genetic diversity index, RZ had the highest genetic diversity and NT had the lowest. AMOVA analysis showed that the genetic differentiation coefficient of *S. grandis* populations ( $\Phi_{st}$ ) was 0.2250 ( $P < 0.001$ ) and there was 77.5% genetic differentiation within the populations and 22.5% among the populations. These results indicated the genetic diversity detected was mainly caused by individual differences within a population, but there was somewhat gene flow between the populations.

**Key words** *Solen grandis*; AFLP; genetic diversity