

中国近海皱纹盘鲍不同地理群体的遗传结构与变异研究^{*}

张国范¹ 张喜昌² 刘 晓¹

(¹中国科学院海洋研究所 青岛 266071)

(²大连水产学院 大连 116023)

皱纹盘鲍 (*Halotis discus hannai* Ino) 是我国重要的经济海洋生物资源, 以其营养价值高、味道鲜美而居海产八珍之首。由于资源的过度采捕、日益增加的养殖活动及海区环境污染等, 可能会使皱纹盘鲍的遗传结构发生改变, 继而影响到其适合度。为了种质资源的保护和可持续利用, 同时也为了进一步完善皱纹盘鲍苗种繁育技术工艺, 对我国近海皱纹盘鲍野生群体的遗传结构和变异研究是很有必要的。

等位基因酶电泳技术是研究海洋贝类遗传结构与变异的重要手段之一。目前世界上已有近百种海洋贝类的遗传结构和变异得到研究(张国范, 1992 张国范等, 1993), 皱纹盘鲍日本分布区不同群体遗传结构和变异研究也有相关报道(Fujino *et al.*, 1978)。本文作者采用等位基因酶电泳技术, 随机选取了 24 个等位基因位点, 对皱纹盘鲍我国分布区内四个野生群体的遗传结构和变异进行研究, 为我国皱纹盘鲍种质资源研究和可持续利用提供基础数据。

一、材料和方法

1. 样品的采集

按随机取样的原则, 于 1993 年分别从长海、旅顺、威海和青岛自然海区野生皱纹盘鲍群体中取样, 每个群体的样本数为 40 个体壳长规格为 4~9 cm, 在室内培育池中用过滤海水饲育一周, 不投饵, 使其胃含物排空待用。

2. 样品制备及储存

取经过胃含物排空处理的个体, 用冷生理盐水洗净后活体解剖, 分别取其消化腺和足肌各 0.2~0.5 g 按 1:4(w:v)加入 0.1 M 磷酸缓冲液 (pH 7.0 4℃), 用玻璃匀浆器匀浆之后, 在 5000 r/min 4℃条件下离心 40 分钟, 将上清液分装密闭在若干个 2 ml

^{*} 国家自然科学基金 (39370553) 资助项目。

张国范, 男, 研究员, 博士生导师, 现从事贝类遗传育种学研究。E-mail: gkzhang@ms.qliao.ac.cn

收稿日期: 2006 年 1 月 8 日。

的离心管中， -20°C 下储存储备用。

3. 电泳及染色

电泳方法 参照苏拔贤等 (1979)和萨姆布鲁克等方法 (1993)。

染色 共检测了 6种等位基因酶：酯酶 (EST 3.1.1.1)，苹果酸脱氢酶 (MDH, 1.1.1.37)，超氧化物歧化酶 (SOD, 1.15.1.1)，葡萄糖-6磷酸脱氢酶 (GD, 1.1.1.49)，葡萄糖磷酸异构酶 (GPI 5.3.1.9)，过氧化物酶 (PER, 1.11.1.7)和普通蛋白 (PT)，染色方法参照张德安等 (1991)和吴鹤龄等 (1984)。

4. 谱带判读

记录 将经过染色显示出等位基因酶和蛋白谱带的胶板放到洁净平整的白瓷盘上，在胶板边缘垫上两层窄玻璃条，在玻璃条上方压上洁净玻璃板，使玻璃板不与胶板接触，用细记号笔在玻璃板上记录谱带，再将玻璃板上谱带转移到记录本上。

谱带相对移动距离的测定 各谱带泳动距离从分离胶起始处计，取出现频率最大的清晰谱带为参照，记为 100 频率较小的起于同一原点的谱带取其相对距离，如 90或 110等。

位点判读 等位基因的判读按所测酶蛋白亚基构成的已知条件，并参照 Harris等 (1976)的方法进行。

遗传变异参数和计算方法 多态位点比例 (P) (判据水平为 $p \leq 0.95$ 和 $p \leq 0.99$)、杂合度和位点有效等位基因数的计算按 Ayala等 (1984)，位点密码子差数的计算按根井正利 (1975)，Hardy-Weinberg (HW)平衡偏离指数 (D)和近交系数 (F)的计算按李景均 (1955)。分布频率在 0.001 ~0.100之间的等位基因定义为稀有等位基因。

二、结 果

1. 不同群体的等位基因及其频率

皱纹盘鲍不同野生群体间有效等位基因数、稀有等位基因比例、同一位点的等位基因数及其频率等均存在差异 (表 1)。有效等位基因数最多的是旅顺群体，为 1.909个，其他三个群体依次为青岛 1.765个、长海 1.714个、威海 1.706个。稀有等位基因比例最大的也是旅顺群体，为 31.0%；其次是威海群体，为 24.1%；青岛和长海群体比例最小，均为 16.7%。相同基因位点的等位基因数目和频率，在不同群体间不完全相同，甚至在某些位点，有的群体有酶谱表达，有的群体没有酶谱表达。如在 Est 1位点，长海、旅顺、威海、青岛群体分别有 2、4、1、2个等位基因，各群体共有的等位基因 Est 1¹⁰⁰的频率在四个群体中分别为 0.977、0.863、1.000、0.932 在 Gd 4位点，只有长海和旅顺群体有酶谱表达，威海和青岛群体没有酶谱表达。等位基因频率与群体之间独立性的 X^2 检验表明，在 $p \leq 0.95$ 判据水平下，在 20个有可比性的位点中，有 5个位点显著相关，显著相关的位点比例为 25.0%。

表 1 皱纹盘鲍四个野生群体位点等位基因及其分布频率

位 点	等位基因	基因频率			
		长海	旅顺	威海	青岛
E st 1	80	0. 000	0. 023	0. 000	0. 000
	85	0. 000	0. 023	0. 000	0. 000
	90	0. 023	0. 091	0. 000	0. 068
	100	0. 977	0. 863	1. 000	0. 932
E st 2	90	1. 000	0. 023	0. 023	0. 000
	100	0. 000	0. 977	0. 977	1. 000
E st 3	90	0. 000	0. 000	0. 023	0. 000
	100	0. 955	0. 886	0. 886	0. 932
	105	0. 045	0. 114	0. 068	0. 068
	115	0. 000	0. 000	0. 023	0. 000
E st 4	95	0. 000	0. 023	0. 432	0. 114
	97	0. 000	0. 023	0. 000	0. 000
	100	0. 682	0. 886	0. 568	0. 886
	104	0. 318	0. 068	0. 000	0. 000
E st 6	83	0. 000	0. 000	0. 000	0. 023
	86	0. 000	0. 000	0. 000	0. 023
	90	0. 318	0. 523	0. 477	0. 431
	100	0. 682	0. 477	0. 523	0. 523
E st 7	98	0. 000	0. 068	0. 000	0. 000
	100	0. 909	0. 773	0. 818	0. 818
	105	0. 091	0. 136	0. 182	0. 182
	108	0. 000	0. 023	0. 000	0. 000
G d 1	100	0. 886	1. 000	1. 000	0. 886
	110	0. 114	0. 000	0. 000	0. 114
G d 2	90	0. 182	0. 227	0. 318	0. 386
	100	0. 818	0. 773	0. 682	0. 614
G d 3	90	0. 000	0. 045	0. 000	0. 000
	100	1. 000	0. 955	1. 000	1. 000
G d 4	90	0. 114	0. 000	—	—
	100	0. 886	1. 000	—	—
G pi 1	100	0. 773	—	—	—
	106	0. 227	—	—	—

续表

位 点	等位基因	基因频率			
		长海	旅顺	威海	青岛
Gpi2	100	1.000	—	—	—
Gpi3	85	0.023	0.000	—	—
	90	0.181	0.614	—	—
	100	0.796	0.386	—	—
Gpi4	100	1.000	1.000	1.000	1.000
Mdh1	100	—	1.000	—	—
Mdh3	100	—	1.000	—	—
Mdh4	100	—	1.000	—	—
Mdh5	90	0.238	0.318	0.000	0.000
	100	0.762	0.682	1.000	1.000
Per1	90	0.114	0.000	0.136	0.000
	95	0.000	0.096	0.000	0.114
	100	0.886	0.904	0.841	0.886
	105	0.000	0.000	0.023	0.000
Per2	95	0.000	0.119	0.091	0.114
	100	1.000	0.881	0.909	0.886
Per3	95	0.000	0.024	0.000	0.386
	100	1.000	0.976	1.000	0.591
	106	0.000	0.000	0.000	0.023
Pt1	100	1.000	1.000	1.000	1.000
	100	1.000	1.000	1.000	1.000
Sod1	90	0.023	0.000	0.000	0.000
	100	0.886	0.932	0.932	1.000
	110	0.091	0.068	0.068	0.000

2. 不同群体的基因型数目

在大多数基因位点上，野生皱纹盘鲍不同群体的基因型数有差异，如长海、旅顺、威海、青岛群体的 Est1 位点的基因型数观测值分别为 2、4、1、2 个，预期值分别为 3、10、1、3 个。各位点基因型数观测值均值以旅顺群体最大，为 2.136，其次是青岛和长海群体，为 2.118 和 2.095，威海群体最小，为 2.000。各位点基因型数预期值也有相似的变化规律。各群体基因型数预期值与观测值差异最大的位点各不相同，但差异最大的位点，都是该群体含等位基因数最多的位点 (表 2)。

表 2 皱纹盘鲍四个野生群体基因型数目的观测值和预期值

位点	长 海		旅 顺		威 海		青 岛	
	O (个)	E (个)	O (个)	E (个)	O (个)	E (个)	O (个)	E (个)
Est1	2	3	4	10	1	1	2	3
Est2	1	1	2	3	2	3	1	1
Est3	2	3	2	3	4	10	2	3
Est 4	3	3	4	10	3	3	2	3
Est 6	3	3	3	3	3	3	5	10
Est7	2	3	4	10	2	3	2	3
G d 1	3	3	1	1	1	1	3	3
G d 2	3	3	3	3	3	3	3	3
G d 3	1	1	2	3	1	1	1	1
G d 4	3	3	1	1	—	—	—	—
G pi 1	3	3	—	—	—	—	—	—
G pi 2	1	1	—	—	—	—	—	—
G pi 3	4	6	3	3	—	—	—	—
G pi 4	1	1	1	1	1	1	1	1
M dh 1	—	—	1	1	—	—	—	—
M dh 3	—	—	1	1	—	—	—	—
M dh 4	—	—	1	1	—	—	—	—
M dh 5	3	3	3	3	1	1	1	1
Per 1	2	3	3	3	4	6	3	3
Per 2	1	1	2	3	3	3	3	3
Per 3	1	1	2	3	1	1	4	6
P t 1	1	1	1	1	1	1	1	1
P t 2	1	1	1	1	1	1	1	1
Sod 1	3	6	2	3	2	3	1	1
平均	2.095	2.524	2.136	3.227	2.000	2.647	2.118	2.765

注：O 观测值； E 预期值。

3. 不同群体的杂合度

皱纹盘鲍长海群体杂合度观测值在不同位点的变化范围是 0~0.364，杂合位点比例为 61.9%，杂合度观测值和预期值分别为 0.137和 0.158，旅顺群体各值相应分别为 0~0.454，63.6%，0.145和 0.158，威海群体各值相应分别为 0~0.500，52.9%，0.134和 0.150，青岛群体各值相应分别为 0~0.500，58.8%，0.147和 0.169。群体内的杂合度在各检测位点的分布特征都是广泛散布的(表 3)。

表 3 皱纹盘鲍四个野生群体杂合度的观测值和预期值

位点	长 海		旅 顺		威 海		青 岛	
	H _o	H _e	H _o	H _e	H _o	H _e	H _o	H _e
Est1	0.045	0.045	0.272	0.246	0.000	0.000	0.136	0.127
Est2	0.000	0.000	0.045	0.045	0.045	0.045	0.000	0.000
Est3	0.091	0.086	0.227	0.202	0.227	0.209	0.136	0.127
Est 4	0.364	0.434	0.227	0.209	0.318	0.491	0.227	0.202
Est 6	0.364	0.434	0.500	0.499	0.500	0.499	0.317	0.540
Est7	0.182	0.165	0.454	0.379	0.364	0.298	0.364	0.298
G d 1	0.136	0.202	0.000	0.000	0.000	0.000	0.136	0.202
G d 2	0.273	0.298	0.273	0.351	0.364	0.434	0.409	0.474
G d 3	0.000	0.000	0.091	0.086	0.000	0.000	0.000	0.000
G d 4	0.182	0.202	0.000	0.000	—	—	—	—
G pi 1	0.273	0.351	—	—	—	—	—	—
G pi 2	0.000	0.000	—	—	—	—	—	—
G pi 3	0.227	0.333	0.318	0.474	—	—	—	—
Gpi 4	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
M dh 1	—	—	0.000	0.000	—	—	—	—
M dh 3	—	—	0.000	0.000	—	—	—	—
M dh 4	—	—	0.000	0.000	—	—	—	—
M dh 5	0.286	0.363	0.273	0.434	0.000	0.000	0.000	0.000
Per 1	0.227	0.202	0.096	0.174	0.228	0.274	0.136	0.202
Per 2	0.000	0.000	0.238	0.210	0.091	0.165	0.136	0.202
Per 3	0.000	0.000	0.048	0.047	0.000	0.000	0.500	0.501
P t 1	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P t 2	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Sod 1	0.227	0.206	0.136	0.127	0.136	0.127	0.000	0.000
均 值	0.137	0.158	0.145	0.158	0.134	0.150	0.147	0.169

注：H_e 杂合度预期值；H_e 杂合度预期值。

杂合位点的分布在皱纹盘鲍四个野生群体中不尽一致，在某些群体中属于杂合的位点，在其他群体可能为纯合，如在长海和旅顺群体是杂合的 M dh 5 位点，在威海和青岛群体则是纯合的；各群体都是杂合的位点，杂合度也表现出较大差异，如在 Est 7 位点上，旅顺群体的杂合度为 0.454 威海和青岛群体的杂合度均为 0.364 最小的是长海群体，杂合度只有 0.182 同时，各个群体最大杂合度的位点也不完全相同，长海和威海群体最大杂合度的位点是 Est 6 而旅顺和青岛群体分别是 Est 7 和 Per 3 但各群体杂合度观测均值在 4 个群体间差别不大，从 0.137 ~0.147 不具显著性差异 ($p>0.05$)。四个群体杂合度观测值均值为 0.141 略高于无脊椎动物的平均杂合度 0.134(Ayala *et al.*, 1984)。

4. 不同群体的多态位点的分布

皱纹盘鲍长海群体在 $p \leq 0.95$ 和 $p \leq 0.99$ 判据水平下, 多态位点比例分别为 0.524 和 0.619 旅顺群体分别为 0.500 和 0.636 威海群体分别为 0.471 和 0.529 青岛群体分别为 0.588 和 0.588 (表 4)。

表 4 皱纹盘鲍四个野生群体各等位基因多态位点分布

群体	判据水平	EST		GD		GPI		MDH		PER		PT		SOD		合计	
		M	P	M	P	M	P	M	P	M	P	M	P	M	P	M	P
长海	$p \leq 0.95$	3	3	1	3	2	2	0	1	2	1	2	0	0	1	10	11
	$p \leq 0.99$	1	5	1	3	2	2	0	1	2	1	2	0	0	1	8	13
旅顺	$p \leq 0.95$	1	5	3	1	1	1	3	1	1	2	2	0	0	1	11	11
	$p \leq 0.99$	0	6	2	2	1	1	3	1	0	3	2	0	0	1	8	14
威海	$p \leq 0.95$	2	4	2	1	1	0	1	0	1	2	2	0	0	1	9	8
	$p \leq 0.99$	1	5	2	1	1	0	1	0	1	2	2	0	0	1	8	9
青岛	$p \leq 0.95$	1	5	1	2	1	0	1	0	0	3	2	0	1	0	7	10
	$p \leq 0.99$	1	5	1	2	1	0	1	0	0	3	2	0	1	0	7	10

注: $p \leq 0.95$ 表示最常见的等位基因频率不大于 0.95, $p \leq 0.99$ 表示最常见的等位基因频率不大于 0.99; M: 单态位点; P: 多态位点。

在相同的等位基因位点, 不同群体的位点多态性存在差异。如 Est 的 6 个位点中, 在 $p \leq 0.95$ 判据水平下, 长海群体有 3 个多态位点, 威海群体有 4 个多态位点, 旅顺和青岛群体均有 5 个多态位点。结合等位基因频率的数据 (表 1) 可以看出, 稀有等位基因对位点的多态性有很大影响。例如, 在 $p \leq 0.99$ 判据水平下, 威海群体 Est 1 位点没有稀有等位基因, 为单态位点, 而长海、旅顺、青岛群体的 Est 1 位点分别有 1、3、1 个稀有等位基因, 而成为多态位点。在 $p \leq 0.95$ 判据水平下, 多态位点比例最大的是青岛群体, 其次是长海和旅顺群体, 最小的是威海群体, 在 $p \leq 0.99$ 判据水平下, 多态位点比例最大的是旅顺群体, 其次是长海和青岛群体, 最小的仍是威海群体。不同的判据水平对多态性评价有不同的结果。

5. 不同群体的 H-W 平衡偏离指数 (D) 和密码子差数 (D_x)

在 H-W 平衡条件下, D 值应是 0。长海群体 $D > 0$, $D < 0$ 和 $D = 0$ 的位点分别有 4、8 和 9 个, 占检测位点数的比例分别为 19.0%、38.1% 和 42.9%; 旅顺群体分别有 9、4 和 9 个, 相应的比例分别为 40.9%、18.2% 和 40.9%; 威海群体分别有 4、4 和 9 个, 相应的比例分别为 23.5%、23.5% 和 53.0%; 青岛群体分别有 4、6 和 7 个, 相应的比例分别为 23.5%、35.3% 和 41.2%。长海、旅顺、威海、青岛四个群体各检测位点的平均 D 值分别为 -0.057、-0.026、-0.044、-0.062, 均小于零, 表明四个群体的等位基因分布大多偏离于 H-W 平衡 (表 5)。但经过显著性检验发现, 大多数位点的偏离并未达到显著性水平, 而仅有长海的 Gpi 1、旅顺的 Gpi 1 和 Mdh 5、威海的 Est 4 及青

表5 皱纹盘鲍四个野生群体 Hardy-Weinberg 平衡偏离指数及密码子差数

位点	长 海			旅 顺			威 海			青 岛		
	D	D _x (o)	D _x (e)	D	D _x (o)	D _x (e)	D	D _x (o)	D _x (e)	D	D _x (o)	D _x (e)
Est-1	0.000	0.046	0.046	0.106	0.317	0.282	0.000	0.000	0.000	0.071	0.146	0.136
Est-2	0.000	0.000	0.000	0.000	0.046	0.046	0.000	0.046	0.046	0.000	0.000	0.000
Est-3	0.058	0.095	0.090	0.124	0.257	0.226	0.086	0.257	0.234	0.071	0.146	0.136
Est-4	-0.161	0.452	0.569	0.086	0.257	0.234	-0.352**	0.383	0.675	0.124	0.257	0.226
Est-6	-0.161	0.452	0.569	0.002	0.693	0.691	0.002	0.693	0.691	-0.413**	0.381	0.777
Est-7	0.103	0.201	0.180	0.198	0.605	0.476	0.221	0.453	0.354	0.221	0.453	0.354
Gd-1	-0.327	0.146	0.226	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	-0.327	0.146	0.226
Gd-2	-0.084	0.319	0.354	-0.222	0.319	0.432	-0.161	0.453	0.569	-0.137	0.526	0.642
Gd-3	0.000	0.000	0.000	0.058	0.095	0.090	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Gd-4	-0.099	0.201	0.226	0.000	0.000	0.000	—	—	—	—	—	—
Gpi-1	-0.022	0.319	0.432	—	—	—	—	—	—	—	—	—
Gpi-2	0.000	0.000	0.000	—	—	—	—	—	—	—	—	—
Gpi-3	-0.318*	0.257	0.405	-0.329**	0.383	0.642	—	—	—	—	—	—
Gpi-4	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Mdh-1	—	—	—	0.000	0.000	0.000	—	—	—	—	—	—
Mdh-3	—	—	—	0.000	0.000	0.000	—	—	—	—	—	—
Mdh-4	—	—	—	0.000	0.000	0.000	—	—	—	—	—	—
Mdh-5	-0.212	0.337	0.451	-0.371**	0.319	0.569	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Per-1	0.124	0.257	0.226	-0.448	0.101	0.191	-0.168	0.259	0.320	-0.327	0.146	0.226
Per-2	0.000	0.000	0.000	0.133	0.272	0.236	-0.448	0.095	0.180	-0.327	0.146	0.226
Per-3	0.000	0.000	0.000	0.021	0.049	0.048	0.000	0.000	0.000	-0.002	0.693	0.695
Pt-1	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Pt-2	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Sod-1	0.102	0.257	0.231	0.071	0.146	0.136	0.071	0.146	0.136	0.000	0.000	0.000
均值	-0.057	0.159	0.191	-0.026	0.175	0.195	-0.044	0.164	0.189	-0.062	0.179	0.214

D_x: Hardy-Weinberg 平衡偏离指数, D_x (o): 密码子差数观测值, D_x (e): 密码子差数预期值

* 为显著性差异 (p<0.05), ** 为极显著性差异 (p<0.01)

岛的 Est 6位点偏离达显著或极显著水平。各群体显著偏离 H-W 平衡的位点占各自群体多态位点总数的比例分别为 7.69%、14.29%、11.11%和 10.00%。

在同一皱纹盘鲍野生群体的不同位点间，密码子差数观测值有较大差异。长海群体的位点密码子差数观测值分布范围为 0~0.452 观测值最大的位点是 Est 4 和 Est 6 旅顺、威海、青岛三群体的位点密码子差数观测值分布范围均为 0~0.693 观测值最大的位点分别是 Est 6、Est 6、Per 3 长海、旅顺、威海、青岛四群体的密码子差数观测值分别为 0.159、0.175、0.164、0.179 预期值分别为 0.191、0.195、0.189、0.214 观测值均小于预期值，差异较大的为长海和青岛群体，观测值分别只有预期值的 83.2%和 83.6%；差异最小的是旅顺群体，观测值是预期值的 89.7%。

6. 不同群体的遗传相似系数和遗传距离

在所研究的 4 个群体中，长海与旅顺群体间的遗传相似系数最大，为 0.988 3 其次是旅顺与青岛群体、旅顺与威海群体，遗传相似系数分别为 0.981 4、0.980 5 长海与青岛群体之间的遗传相似系数最小，为 0.974 3(表 6)。聚类分析表明，长海群体与旅顺群体，威海和青岛群体遗传距离较近，而且山东半岛和辽东半岛群体间也有明显的分化(图 1)。

表 6 皱纹盘鲍四个野生群体的遗传相似系数 (I)和遗传距离 (D_{Nei})

	长海	旅顺	威海	青岛
长海		0.988 3	0.975 6	0.974 3
旅顺	0.011 8	—	0.980 5	0.981 4
威海	0.024 7	0.019 7	—	0.979 9
青岛	0.026 0	0.018 8	0.020 3	

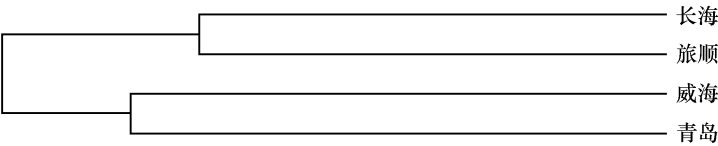


图 1 皱纹盘鲍四个野生群体的遗传距离

7. 不同群体的近交系数

长海群体近交位点比例和近交系数分别为 76.2%和 0.438 旅顺群体分别为 54.5%和 0.389 威海群体分别为 70.6%和 0.515 青岛群体分别为 76.5%和 0.473 (表 7)。

表 7 皱纹盘鲍四个野生群体的近交系数

位点	长海	旅顺	威海	青岛
Est 1	0.000	-0.106	1.000	-0.071
Est 2	1.000	0.000	0.000	1.000
Est 3	-0.058	-0.124	-0.086	-0.071
Est 4	0.161	-0.086	0.352	-0.124
Est 6	0.161	-0.002	-0.002	0.413
Est 7	-0.103	-0.198	-0.221	-0.221
Gd 1	0.327	1.000	1.000	0.327
Gd 2	0.084	0.222	0.161	0.137
Gd 3	1.000	-0.058	1.000	1.000
Gd 4	0.099	1.000	—	—
Gpi 1	0.222	—	—	—
Gpi 2	1.000	—	—	—
Gpi 3	0.318	0.329	—	—
Gpi 4	1.000	1.000	1.000	1.000
Mdh 1	—	1.000	—	—
Mdh 3	—	1.000	—	—
Mdh 4	—	1.000	—	—
Mdh 5	0.212	0.371	1.000	1.000
Per 1	-0.124	0.448	0.168	0.327
Per 2	1.000	-0.133	0.448	0.327
Per 3	1.000	-0.021	1.000	0.002
Pt 1	1.000	1.000	1.000	1.000
Pt 2	1.000	1.000	1.000	1.000
Sod 1	-0.102	-0.071	-0.071	1.000
平均	0.438	0.389	0.515	0.473

近交位点在长海、旅顺、威海、青岛四个群体中分布不尽一致，如长海和威海群体中近交的 Est 4位点，在旅顺和青岛群体不存在近交现象。四个群体中威海群体的近交系数最大；其次是青岛和长海群体，旅顺群体最小，但各野生皱纹盘鲍群体的近交系数值都较高，表明中国近岸海域的皱纹盘鲍普遍存在近交，而威海海域皱纹盘鲍取样群体的近交更明显。

三、讨 论

遗传多样性是指不同群体之间或一个群体内不同个体的遗传变异的总和(陈灵芝

等, 1993)。遗传变异的大小及遗传变异的群体遗传结构与一个物种的进化潜力和抵御不良环境的能力密切相关。本研究作者发现, 皱纹盘鲍旅顺野生群体的遗传多样性水平明显高于其他三个群体。与长海、威海、青岛群体相比, 旅顺群体的等位基因有效数最多, 多态位点比例 ($p \leq 0.99$)、稀有等位基因比例最高, 而对 H-W 平衡的偏离最小, 杂合子缺失不显著, 其他遗传变异参数也具有较高的水平。同其他野生皱纹盘鲍群体相比, 旅顺群体的近交系数也较低, 这可能与该水域的养殖皱纹盘鲍繁育的亲本有关。旅顺近海水域具有大规模浮筏养殖的人工繁育皱纹盘鲍, 其亲体多数来源于长海水域的野生皱纹盘鲍群体, 这些养殖皱纹盘鲍, 由于逃逸或性成熟个体的性细胞非控制排放等, 使外源遗传信息进入旅顺群体, 这样既提高了群体的变异水平, 又降低了旅顺水域皱纹盘鲍的近交系数。长海和旅顺群体 Gpi1 位点都显著偏离 H-W 平衡就可能是个证据。

近交在海洋贝类特别是腹足类是比较普遍的现象 (Fujiwara 1978), 本研究的皱纹盘鲍四个野生群体近交系数值都较大, 这说明近交在我国近海皱纹盘鲍野生型群体中是一种较为普遍的现象。作者所检测的四个水域皱纹盘鲍群体的 H-W 平衡偏离指数 D 值均为负, 表明各皱纹盘鲍群体对 H-W 平衡均有一定的偏离, 并呈杂合子缺失状态, 而杂合子缺失的主要原因可能也是近交。

遗传相似系数 (I) 和遗传距离 (D_{Nei}) 的数据均表明, 野生皱纹盘鲍长海与旅顺群体在遗传上最相近, 而长海与青岛群体在遗传上相距最远, 这与群体的地理距离相吻合。

本研究表明, 皱纹盘鲍不同地理群体的遗传结构和变异水平差异明显, 究其原因, 可能与皱纹盘鲍活动半径小、喜群居、浮游期短、多年生和近交等有关。由于皱纹盘鲍不同地理群体间的基因流弱, 容易积累微小的变异, 使遗传结构发生改变, 并导致数量性状的变化。因此, 通过不同地理群体间的杂交有望实现基因的互补, 产生杂种优势, 以实现养殖群体的遗传改良。

参 考 文 献

- 陈灵芝等. 1993. 中国的生物多样性. 北京: 科学出版社
- 根井正利著. 1975. 分子群体遗传学与进化论. 王家玉译. 北京: 农业出版社
- 李景均 (C. C. Li 1955 吴仲贤译). 1980. 群体遗传学. 北京: 农业出版社
- 萨姆布鲁克等. 金冬雁等译. 1993. 分子克隆实验指南. 北京: 科学出版社
- 苏拔贤等. 1979. 生物技术导论. 北京: 人民教育出版社. 241~246
- 吴鹤龄等. 1984. 遗传学实验方法和技术. 北京: 高等教育出版社
- 张德安等. 1991. 生物大分子实验手册. 长春: 吉林大学出版社
- 张国范. 1992. 中国近海栉孔扇贝遗传结构及遗传变异与生长的关系. 中国科学院海洋研究所博士学位论文
- 张国范等. 1993. 贝类遗传多样性及其永续利用 (I). 海洋科学, 5: 17~21
- 张国范等. 1993. 贝类遗传多样性及其永续利用 (II). 海洋科学, 6: 18~21
- Ayala F J *et al.* 1984. Modern Genetics The Benjamin Cummings Publishing Company Inc
- Beaumont A R. 1982. Variations in heterozygosity at two loci between year classes of a population of *Chlamys opercularis* (L.) from a Scottish sea loch. *Mar. Biol. Lett.* 3: 25~34
- Diehl W J *et al.* 1985. Multiple locus heterozygosity, mortality and growth in a cohort of *Mytilus edulis*. *Mar. Biol.* 88: 265~271

- Foltz D W, *et al.* 1984. Enzyme heterozygosity in the scallop *Placopecten magellanicus* in relation to age and size. *Mar. Biol. Lett.*, **5**: 255~263
- Fujino M . 1978. Genetic Studies on the Pacific abalone I . Inbreeding and overdominance as evidence by biochemical polymorphism in a wild population. *Bull. Jap. Soc. Fish.*, **44**(4): 356~361
- Harris H. *et al.*, 1976. Handbook of enzyme electrophores in human genetics. North Holland Publishing Company

The Genetic Structure and Variation of Wild Populations of Pacific Abalone *Haliotis* *discus hannai* Ino in China Seas

ZHANG Guofan¹ ZHANG Xichang² LIU Xiao¹

(¹ *Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, Qingdao 266071*)

(² *Dalian Fisheries University, Dalian 116023*)

The genetic structure and variation of four wild populations of Pacific abalone *Haliotis discus hannai* Ino from Changhai, Lvshun, Weihai and Qingdao had been investigated based on polyacrylamide gel electrophoresis along with an analysis of genetic diversity. The heterozygosity of these four wild populations are 0.137, 0.145, 0.134 and 0.147 respectively; the proportion of polymorphic loci are 0.524, 0.500, 0.471 and 0.588 respectively under the criterion $p \leq 0.95$ and 0.619, 0.636, 0.529 and 0.588 respectively under the criterion $p \leq 0.99$; the number of effective allele in a locus are 1.714, 1.909, 1.706 and 1.765 respectively; the deviation index from Hardy-Weinberg equilibrium are -0.057, -0.026, -0.044 and -0.062 respectively. Gpi1 in Changhai, Gpi1 and Mdh-5 in Lvshun, Est4 in Weihai and Est6 in Qingdao are significantly deviated from H-W equilibrium. The genetic similarity coefficient shows that Changhai population is far from Qingdao, which is consistent with population's geographical distance.