

利用 SRAP 标记分析 3 个团头鲂群体的遗传多样性*

冉 玮 张桂蓉 王卫民 魏开建** 周玲玲

华中农业大学水产学院/农业动物遗传育种与繁殖教育部重点实验室/
农业部淡水生物多样性保护与利用重点开放实验室, 武汉 430070

摘要 采用 SRAP(sequence-related amplified polymorphism)分子标记,对长江中下游地区淤泥湖、梁子湖、鄱阳湖的 3 个团头鲂自然群体的遗传多样性进行了分析。从 88 对引物组合中筛选出 13 对条带清晰、多态性丰富的引物组合,每对引物组合检测到的位点数为 8~21 个,在 3 个团头鲂群体中共检测到 172 个位点。鄱阳湖群体的多态位点百分率(58.14%)、Nei's 基因多样性(0.184 9)和 Shannon's 信息指数(0.279 9)最高,梁子湖群体的多态位点百分率(51.16%)、Nei's 基因多样性(0.152 4)和 Shannon's 信息指数(0.234 7)次之,淤泥湖群体的多态位点百分率(29.07%)、Nei's 基因多样性(0.090 4)和 Shannon's 信息指数(0.137 1)最低。3 个团头鲂群体中,鄱阳湖群体遗传多样性最高,淤泥湖群体最低。3 个群体间的 Nei's 无偏遗传距离为 0.086 6~0.220 7,遗传相似度为 0.802 0~0.917 0;鄱阳湖和淤泥湖群体间遗传距离最大(0.220 7),亲缘关系较远,鄱阳湖和梁子湖群体间遗传距离最小(0.086 6),亲缘关系较近。

关键词 团头鲂; 相关序列扩增多态性; 遗传变异; 鄱阳湖; 梁子湖; 淤泥湖

中图分类号 S 917; Q 347 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2010)05-0601-06

团头鲂(*Megalobrama amblycephala*)是我国重要的淡水经济鱼类,主要分布于长江中游及其附属湖泊,以淤泥湖、梁子湖、鄱阳湖的产量最大。团头鲂食性广、生长快、易捕捞、品质好,已成为我国广泛引种的优良草食性养殖鱼类。近年来由于环境变化、原产地过度捕捞、长期近亲繁殖等原因,团头鲂人工养殖群体出现生长减缓、病害发生率增高等退化现象,天然水域和原良种场的团头鲂种质资源面临衰退和混杂的威胁。因此,掌握原产地团头鲂的遗传多样性和遗传结构现状,对保护及合理利用其优良种质资源具有十分重要的意义。

国内已采用形态判别和同工酶分析^[1]、RAPD 标记^[2-4]、mtDNA 序列和 RFLP 分析^[5-7]、SSR 标记^[8-9]等对团头鲂自然和选育群体的遗传多样性或遗传变异进行了研究。相关序列扩增多态性(sequence-related amplified polymorphism, SRAP)是一种新型的旨在扩增开放阅读框(ORFs)的分子标记技术^[10],具有多态性丰富、快速稳定、成本低、适用性广等特点^[11],已广泛应用于植物的品种鉴定和

遗传多样性分析^[12-13]、遗传图谱构建和基因定位^[10,14-16]等研究。近年来,SRAP 标记也逐步应用于紫菜分子鉴定^[17],鱼、虾种质和遗传分析^[18-21],鱼类雌雄鉴别^[22]和贝类育种^[23]等方面,还未见 SRAP 应用于团头鲂相关领域的报道。笔者采用 SRAP 标记比较了鄱阳湖、梁子湖、淤泥湖 3 个团头鲂自然群体的遗传多样性,旨在为团头鲂种质资源保护和良种选育提供遗传学依据。

1 材料与方法

1.1 样本采集

2009 年 1 月从长江中游团头鲂原产地采集 3 个团头鲂自然群体样本共 143 尾,其中湖北省梁子湖 47 尾,湖北省淤泥湖国家级水产种质资源保护区 48 尾,江西省鄱阳湖 48 尾。所有样本活体运回实验室暂养,每尾鱼取少许鳍条用 95% 乙醇固定,−20℃ 保存。

1.2 基因组 DNA 提取和 SRAP-PCR 扩增

采用常规苯酚-氯仿抽提法从鳍条组织中提取

收稿日期:2010-03-19; 修回日期:2010-09-03

* 国家大宗淡水鱼类产业技术体系团头鲂育种项目(nycyt-x-49-03)资助

** 通讯作者. E-mail: kjwei@mail.hzau.edu.cn

冉 玮,女,1986 年生,硕士研究生. 研究方向:鱼类遗传育种. E-mail: wedevil@webmail.hzau.edu.cn

基因组 DNA^[24]。

根据已发表 SRAP 通用引物^[10],由上海生工生物技术有限公司合成 8 个正向、11 个反向引物 (表 1),正向与反向引物随机配对构成 88 个不同引物组合用于 PCR 扩增,筛选出带型清晰、稳定、多态性较好的引物组合用于试验。

表 1 用于团头鲂遗传多样性分析的 SRAP 引物序列

Table 1 Primer sequences of SRAP used for genetic diversity analysis of <i>Megalobrama amblycephala</i>			
引物 Primer	正向引物序列 Forward primer sequence (5'-3')	引物 Primer	反向引物序列 Reverse primer sequence (5'-3')
me1	TGAGTCCAAACCGGATA	em1	GACTGCGTACGAATTAAT
me2	GAGTCCAAACCGGAGC	em2	GACTGCGTACGAATTTGC
me3	TGAGTCCAAACCGGAAT	em3	GACTGCGTACGAATTGAC
me4	TGAGTCCAAACCGGACC	em4	GACTGCGTACGAATTTGA
me5	TGAGTCCAAACCGGAAG	em5	GACTGCGTACGAATTAAC
me6	TGAGTCCAAACCGGTAA	em6	GACTGCGTACGAATTGCA
me7	TGAGTCCAAACCGGTCC	em7	GACTGCGTACGAATTCAA
me8	TGAGTCCAAACCGGTGC	em8	GACTGCGTACGAATTCTC
		em9	GACTGCGTACGAATTCGA
		em10	GACTGCGTACGAATTCAG
		em11	GACTGCGTACGAATTCAC

SRAP-PCR 反应体系总体积 15 μ L,包括 10 $\times$ Buffer 1.5 μ L,2.0 mmol/L Mg^{2+} ,0.25 mmol/L dNTPs,每个引物 0.5 μ mol/L,*Taq* DNA 聚合酶 0.6 U,基因组 DNA 约 20 ng。PCR 反应在 PTC-200 型热循环仪上进行,热循环参数为:94 $^{\circ}$ C 预变性 5 min;前 5 个循环参数为 94 $^{\circ}$ C 变性 1 min,35 $^{\circ}$ C 退火 1 min,72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min;后 35 个循环参数为 94 $^{\circ}$ C 变性 1 min,50 $^{\circ}$ C 退火 1 min,72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min;最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min。PCR 扩增产物用 6%非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离,银染后,Bio-Rad 凝胶成像系统照相。

1.3 数据分析

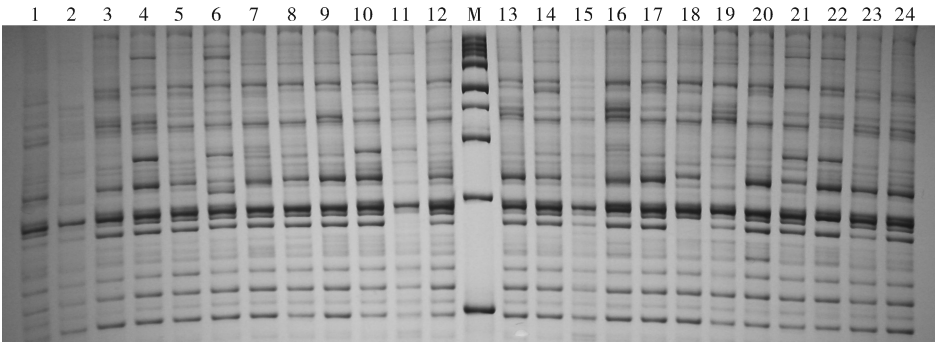
根据 SRAP 扩增电泳图谱,将每 1 条带视为 1 个位点,参照 100 bp DNA marker,对每个样品 SRAP 扩增带的有无进行统计,有带记为 1,无带记为 0,将电泳图谱转换成数字矩阵。采用 POP-GENE 1.32^[25] 计算群体的 Shannon's 信息指数

(*H*)、Nei's 基因多样性(*h*),统计不同引物组合对不同群体的扩增位点数、多态位点数(*N*)和多态位点百分率(*P*),计算 Nei's 无偏遗传距离(*D*)和遗传相似度(*S*),并根据遗传距离用 MEGA 4.0^[26] 构建 3 个群体的 UPGMA 聚类图。

2 结果与分析

2.1 SRAP 引物筛选及扩增图谱

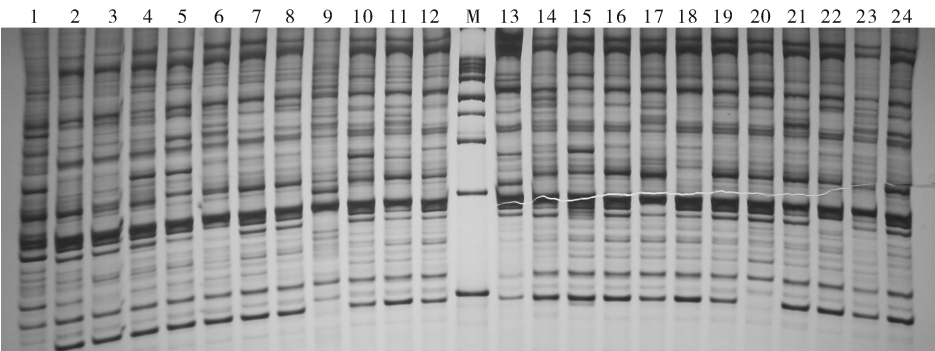
利用团头鲂 3 个群体的 DNA 对 88 个 SRAP 引物组合进行筛选,其中 13 个引物组合(me1/em3, me1/em4, me1/em6, me1/em7, me4/em1, me4/em2, me4/em8, me5/em1, me5/em2, me5/em4, me5/em7, me8/em8, me8/em9)能得到稳定、可重复、多态性好的扩增图谱。图 1~图 3 分别为引物组合 me5/em7 对梁子湖、鄱阳湖、淤泥湖团头鲂部分个体的扩增电泳图。



1~24:个体编号 Individual number; M:100 bp DNA marker.

图 1 引物组合 me5/em7 对梁子湖团头鲂部分个体的 SRAP 扩增图谱

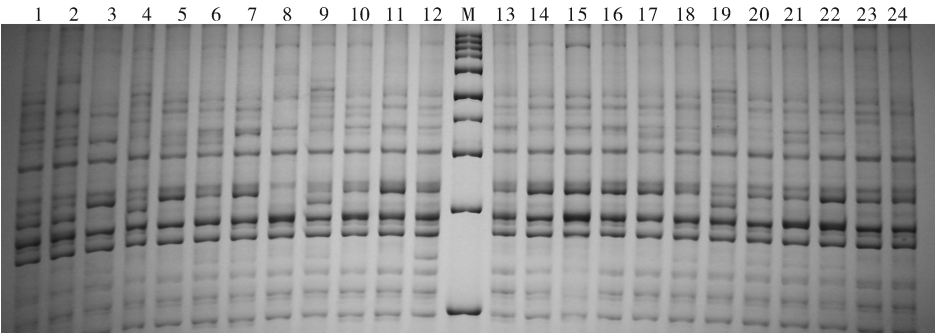
Fig.1 Electropherogram of SRAP-amplified production for some individuals of *M. amblycephala* population in the Liangzi Lake using primer combination me5/em7



1~24:个体编号 Individual number; M:100 bp DNA marker.

图 2 引物组合 me5/em7 对鄱阳湖团头鲂部分个体的 SRAP 扩增图谱

Fig. 2 Electropherogram of SRAP-amplified production for some individuals of *M. amblycephala* population in the Poyang Lake using primer combination me5/em7



1~24:个体编号 Individual number; M:100 bp DNA marker.

图 3 引物组合 me5/em7 对淤泥湖团头鲂部分个体的 SRAP 扩增图谱

Fig. 3 Electropherogram of SRAP-amplified production for some individuals of *M. amblycephala* population in the Yuni Lake using primer combination me5/em7

不同引物组合扩增的多态位点数明显不同,每个引物组合检测到的位点数为 8~21 个,平均每个引物组合检测到约 13 个位点,位点片段大小范围为 60~1 124 bp。

2.2 群体遗传多样性

13 个引物组合在团头鲂 3 个群体中共检测到 172 个位点,其中 132 个为多态位点,占 76.74%。从表 2 可见,鄱阳湖群体的多态位点数(N)和多态

位点百分率(P)最高,分别为 100 和 58.14%,其次为梁子湖群体(88 和 51.16%),淤泥湖群体(50 和 29.07%)最低。

3 个群体的 Nei's 基因多样性(h)在 0.090 4~0.184 9 之间,Shannon's 信息指数(I)在 0.137 1~0.279 9 之间,其中鄱阳湖群体最高,淤泥湖群体最低。鄱阳湖群体 4 个遗传多态性参数的数值均达到淤泥湖群体的 2 倍。

表 2 团头鲂 3 个群体 SRAP 扩增位点多态性和遗传多样性参数

Table 2 Polymorphism of SRAP amplified loci and genetic diversity parameters for three populations of *M. amblycephala*

参数 Parameter	群体 Population		
	梁子湖 Liangzi Lake	鄱阳湖 Poyang Lake	淤泥湖 Yuni Lake
多态位点数(N) Number of polymorphic loci	88	100	50
多态位点百分率(P) Percent of polymorphic loci/%	51.16	58.14	29.07
Nei's 基因多样性(h) Nei's gene diversity	0.152 4±0.182 6	0.184 9±0.195 3	0.090 4±0.165 6
Shannon's 信息指数(I) Shannon's information index	0.234 7±0.265 2	0.279 9±0.279 5	0.137 1±0.240 4

2.3 群体遗传距离和遗传相似度

依据 Nei 的方法由各位点等位基因频率计算团头鲂 3 个群体间的 Nei's 无偏遗传距离(D)和遗传

相似度(S),结果见表 3。鄱阳湖和淤泥湖群体间的遗传距离最大(0.220 7),遗传相似度最小(0.802 0);鄱阳湖和梁子湖群体间的遗传距离最小

(0.086 6),遗传相似度最大(0.917 0)。UPGMA 聚类图显示,鄱阳湖和梁子湖 2 个群体聚为一支,淤泥湖群体聚为单独的一支(图 4)。

表 3 团头鲂群体间的 Nei's 无偏遗传距离 *D* (对角线下方)和遗传相似度 *S*(对角线上方)

Table 3 Nei's unbiased genetic distance (below diagonal) and genetic similarity (above diagonal) among populations of *M. amblycephala*

群体 Population	梁子湖 LZ	鄱阳湖 PY	淤泥湖 YN
梁子湖 Liangzi Lake (LZ)	—	0.917 0	0.830 6
鄱阳湖 Poyang Lake (PY)	0.086 6	—	0.802 0
淤泥湖 Yuni Lake (YN)	0.185 6	0.220 7	—

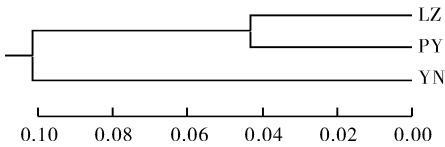


图 4 基于 Nei's 无偏遗传距离构建的团头鲂 3 个群体的 UPGMA 聚类图

Fig. 4 UPGMA dendrogram based on Nei's unbiased genetic distances of three populations of *M. amblycephala*

3 讨论

杂合度又称基因多样性,反映群体在数个基因座位上的遗传变异,是度量群体遗传变异大小的一个重要参数。Nei's 基因多样性(*h*)是种群遗传学领域中最常用的基因多样性指标之一。根据本研究结果,鄱阳湖团头鲂群体杂合度最高,遗传多样性最丰富,梁子湖群体其次,淤泥湖群体最低。Shannon's 信息指数(*I*)也能反映群体遗传多样性,该参数同样以鄱阳湖群体最高,淤泥湖群体最低。

李思发等^[1]对 1986—1987 年采集的 4 个团头鲂种群进行了形态比较和同工酶分析,其中淤泥湖种群的平均杂合度(0.081 6)略低于牛山湖(梁子湖的子湖)种群(0.085 1)。RAPD 分析也显示淤泥湖群体内的遗传相似度(0.961 7)略高于梁子湖群体(0.958 9)^[2]。因此,在 20 世纪 80 年代至 21 世纪初,淤泥湖和梁子湖团头鲂自然群体的遗传多样性水平相近,淤泥湖群体略低。近年李弘华^[5]通过 mtDNA 控制区序列分析,认为梁子湖、淤泥湖、鄱阳湖团头鲂群体的遗传多样性处于较低水平,其中淤泥湖群体的单倍型多样性和核苷酸多样性仅为梁子湖、鄱阳湖群体的 1/2 左右,遗传多样性大小次序

为梁子湖>鄱阳湖>淤泥湖。SRAP 分析结果表明,淤泥湖团头鲂群体遗传多样性最低,其 4 个遗传多态性参数明显小于鄱阳湖、梁子湖群体且数值仅为鄱阳湖群体的 1/2,这与上述 mtDNA 控制区序列分析结果吻合。同时,遗传多样性最高的鄱阳湖团头鲂群体,其 Nei's 基因多样性、Shannon's 信息指数大小仅接近于草鱼养殖群体的遗传参数^[20],说明团头鲂 3 个群体遗传多样性处于较低水平。综合比较上述结果可以看出,目前淤泥湖团头鲂群体的遗传多样性呈明显下降趋势,从 21 世纪初叶前与梁子湖群体相近的水平^[1-2]下降到仅及后者的 50%~57%。究其原因,不能排除近 10 年来团头鲂的人工繁殖、人工放流、过度捕捞等因素对淤泥湖团头鲂种质资源的干扰和破坏作用,从而导致其遗传多样性下降,这有待进一步研究。本研究中鄱阳湖团头鲂群体遗传多样性最高,说明鄱阳湖群体种质资源受到人类活动的影响较小并处于较好的状态。

微卫星 DNA 分析^[8]显示,不同倍性团头鲂群体的 Nei's 基因多样性和 Shannon's 信息指数变化范围与本试验 SRAP 标记研究结果相近,说明 SRAP 标记的扩增效率和多态性水平较高,适用于团头鲂的遗传变异分析。人工选育团头鲂“浦江 1 号”群体的 Nei's 基因多样性(0.031 5)和 Shannon's 信息指数(0.056 2)明显低于本研究中淤泥湖群体相应遗传参数大小,也在一定程度上说明人工选育群体的遗传多样性有所下降。

SRAP 分析结果表明,团头鲂 3 个群体中鄱阳湖与梁子湖群体间的遗传距离最小,亲缘关系最近,它们与淤泥湖群体之间遗传距离较大,亲缘关系较远,鄱阳湖与淤泥湖群体间的亲缘关系最远。这与 mtDNA 控制区序列分析得出的梁子湖与鄱阳湖团头鲂群体之间遗传距离最近、遗传分化不明显,与淤泥湖群体之间遗传距离较大、存在明显遗传分化的结果相一致^[5]。虽然不同湖泊团头鲂群体间存在一定的形态差异^[1],但 21 世纪初叶以前淤泥湖、梁子湖群体间的 Nei's 遗传距离很小(0~0.045 9)^[1-2],提示当时两者遗传分化较小。淤泥湖、梁子湖和鄱阳湖都曾经是通长江的湖泊,由于淤泥湖与梁子湖、鄱阳湖距离较远,并较早与长江隔离,阻碍了淤泥湖团头鲂群体与另外 2 个群体间的基因交流,从而产生一定的遗传分化。近年来淤泥湖与梁子湖群体之间的遗传分化明显加大,除了多年的遗传漂变原因,

也有可能与团头鲂人工放流和过度捕捞带来的遗传瓶颈有关。梁子湖和鄱阳湖距离较近,且梁子湖经由通江闸口与长江相通,2 个湖泊团头鲂群体间还存在一定的基因交流,因而这 2 个群体的亲缘关系较近。

淤泥湖、梁子湖和鄱阳湖是我国重要的团头鲂种质资源库,尽管我国先后在 3 个湖泊建立了团头鲂原种场和保护区,但由于资金投入和对团头鲂种质资源连续监测比较缺乏,在种质资源管理和保育等方面还存在一些问题。据报道,十几年前,淤泥湖团头鲂种质优良,生长速度比梁子湖、鄱阳湖个体平均快 10% 以上^[27]。而 1999 年的池塘养殖对比试验显示,鄱阳湖团头鲂的生长速度快于淤泥湖和梁子湖个体^[28]。这说明淤泥湖、梁子湖团头鲂已经出现生长速度下降等种质退化现象,人工放流和过度捕捞等对其种质资源的影响已不容忽视。因此,应加强鄱阳湖、淤泥湖、梁子湖团头鲂种质资源的保护力度,重视种质资源检测和保育工作。同时,在团头鲂人工繁殖和良种选育过程中必须首先明确团头鲂的遗传结构,加大不同地区亲本间的基因交流,扩大选育的范围。

参 考 文 献

- [1] 李思发,蔡完其,周碧云. 团头鲂种群间的形态差异和生化遗传差异[J]. 水产学报,1991,15(3):204-211.
- [2] 张德春. 淤泥湖和梁子湖团头鲂遗传多样性的研究[J]. 三峡大学学报,2001,23(3):282-284.
- [3] 邹曙明,李思发,蔡完其. 团头鲂“浦江 1 号”一个 RAPD 标记的 SCAR 转化[J]. 水产学报,2005,29(3):296-299.
- [4] 李思发,杨怀宇,邹曙明. 快速近交对团头鲂遗传结构的影响和近交效应的估算[J]. 水产学报,2005,29(2):161-165.
- [5] 李弘华. 淤泥湖、梁子湖和鄱阳湖团头鲂 mtDNA 序列变异及遗传结构分析[J]. 淡水渔业,2008,38(4):63-65.
- [6] 唐首杰,李思发,蔡完其. 不同倍性团头鲂群体的线粒体 DNA 分析[J]. 中国水产科学,2008,15(2):222-229.
- [7] 边春媛,董仕,谭书贞. 3 个群体团头鲂 mtDNA D-loop 区段的限制性片段长度多态性分析[J]. 大连水产学院学报,2007,22(3):175-179.
- [8] 唐首杰,李思发. 不同倍性团头鲂群体遗传变异的初步分析[J]. 上海水产大学学报,2007,16(2):97-102.
- [9] 李绍戊,常玉梅,梁利群,等. 团头鲂微卫星标记的快速制备[J]. 中国水产科学,2006,13(2):187-192.
- [10] LI G, QUIROS C F. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in *Brassica* [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2001, 103: 455-461.
- [11] 林忠旭,张献龙,聂以春. 新型标记 SRAP 在棉花 F2 分离群体及遗传多样性评价中的适用性分析[J]. 遗传学报,2004,31(6):622-626.
- [12] 李丽,郑晓鹰,柳李旺. 用 SRAP 标记分析黄瓜品种遗传多样性及鉴定品种[J]. 分子植物育种,2006,4(5):702-708.
- [13] FERRIOL M, PICÓ B, NUEZ F. Genetic diversity of a germplasm collection of *Cucurbita pepo* using SRAP and AFLP markers[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2003, 107: 271-282.
- [14] 刘志文,单连民,韩旭,等. 现代生物技术在油菜遗传改良上的应用和进展[J]. 华中农业大学学报,2007,26(6):900-906.
- [15] LIN Z X, ZHANG X L, NIE Y C, et al. Construction of a genetic linkage map for cotton based on SRAP[J]. Chinese Science Bulletin, 2003, 48: 2063-2067.
- [16] 王刚,潘俊松,李效尊,等. 黄瓜 SRAP 遗传连锁图的构建及侧枝基因定位[J]. 中国科学 C 辑: 生命科学版,2004,34(6):510-516.
- [17] QIAO L X, LIU H Y, GUO B T, et al. Molecular identification of 16 *Porphyra* lines using sequence-related amplified polymorphism markers[J]. Aquatic Botany, 2007, 87: 203-208.
- [18] 丁炜东,曹丽萍,曹哲明. 草鱼种质退化相关 SRAP 分子标记的筛选[J]. 广东海洋大学学报,2007,27(6):13-17.
- [19] 丁炜东,曹丽萍,曹哲明. 草鱼种质相关 SRAP 及 SCAR 的分子标记[J]. 动物学报,2008,54(3):475-481.
- [20] 张志伟,韩曜平,仲霞铭,等. 草鱼野生群体和人工繁殖群体遗传结构的比较研究[J]. 中国水产科学,2007,14(5):720-725.
- [21] 周劲松,曹哲明,杨国梁,等. 罗氏沼虾缅甸引进种和浙江本地种及其杂交种的生长性能与 SRAP 分析[J]. 中国水产科学,2006,13(4):667-673.
- [22] 辛文婷,孙中武,尹洪滨,等. 黄颡鱼雌雄差异的 SRAP 标记[J]. 东北林业大学学报,2009,37(5):112-113.
- [23] 张红玉,何毛贤. SRAP 标记在马氏珠母贝家系 F1 代中的分离[J]. 海洋通报,2009,28(2):50-56.
- [24] SAMBROOK J, FRITSCH E F, MANIATIS T. Molecular cloning: a laboratory manual[M]. 2nd ed. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989.
- [25] YE H F C, YANG R C, BOYLE T. POPGENE version 1. 32: microsoft window-based freeware for population genetic analysis[CP]. University of Alberta and the Centre for International Forestry Research, Alberta, Canada, 1999. Available from <http://www.ualberta.ca/~fyeh/>.
- [26] TAMURA K, DUDLEY J, NEI M, et al. MEGA4: molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4. 0 [J]. Molecular Biology and Evolution, 2007, 24: 1596-1599.
- [27] 张兴忠,冯光化,张四民,等. 湖北淤泥湖团头鲂优良性状及种质研究[J]. 淡水渔业,1991,21(3):12-16.
- [28] 陈道印,欧阳敏,熊国荣,等. 鄱阳湖、梁子湖、淤泥湖团头鲂池塘养殖对比试验分析[J]. 江西农业学报,1999,11(1):47-51.

**Genetic Diversity of Three Populations of Blunt Snout Bream
(*Megalobrama amblycephala*) Analyzed by SRAP Markers**

RAN Wei ZHANG Gui-rong WANG Wei-min WEI Kai-jian ZHOU Ling-ling

*College of Fisheries/Key Labotary of Agricultural Animal Genetics,Breeding and Reproduction ,
Ministry of Education/Key Laboratory of Freshwater Biodiversity Conservation and Utilization ,
Ministry of Agriculture ,Huazhong Agricultural University ,Wuhan 430070,China*

Abstract To provide genetic background on germplasm of blunt snout bream (*Megalobrama amblycephala*),SRAP (sequence-related amplified polymorphism) markers were used to investigate genetic diversity of three natural populations of *M. amblycephala* from Yuni Lake,Liangzi Lake and Poyang Lake in the middle of the Yangtze River drainage. Thirteen pairs of primer combinations,which were screened from 88 primer pairs,produced clear and polymorphic bands and were used for SRAP amplification. The numbers of amplified loci per primer pair ranged from 8 to 21,and a total of 172 loci were detected in three populations. Of which,percent of polymorphic loci (P),Nei's gene diversity (h) and Shannon's information index (I) were the highest in Poyang population ($P=58.14\%$, $h=0.184\ 9$, $I=0.279\ 9$),followed by Liangzi population ($P=51.16\%$, $h=0.152\ 4$, $I=0.234\ 7$) and Yuni population ($P=29.07\%$, $h=0.090\ 4$, $I=0.137\ 1$). The genetic diversity was the highest in Poyang population and was the lowest in Yuni population. The Nei's unbiased genetic distance and genetic identity among the three populations was from 0.086 6 to 0.220 7 and from 0.802 0 to 0.917 0,respectively. UPGMA cluster analysis showed that there was farther genetic relationship between the Poyang and the Yuni populations with the most genetic distance (0.220 7),and closer genetic relationship between the Poyang and the Liangzi populations with the least genetic distance (0.086 6).

Key words *Megalobrama amblycephala*; SRAP; genetic variation; Poyang Lake; Liangzi Lake; Yuni Lake

(责任编辑:边书京)