

基于 ISSR 标记的不同体色瓯江彩鲤种质鉴定

吕耀平¹ 胡则辉² 项松平³ 黄佩佩¹

1. 丽水学院生态学院, 丽水 323000; 2. 浙江省海洋水产研究所, 舟山 316100;
3. 浙江省龙泉市瓯江彩鲤原种场, 龙泉 323700

摘要 应用 ISSR 分子标记技术对 5 种体色瓯江彩鲤(*Cyprinus carpio* var. *color*) (“全红”、“粉玉”、“粉花”、“麻花”和“大花”)进行遗传多样性分析, 筛选出的 14 条引物在 5 种体色瓯江彩鲤中共检测到 125 个位点, 多态位点比率达 68%, 有效等位基因数为 1.479 3, 期望杂合度为 0.273 9, Shannon 多样性指数为 0.401 0; 5 种不同体色瓯江彩鲤间的平均遗传距离为 0.342 4, NJ 法和 UPMGA 法对它们进行聚类分析显示“粉玉”、“粉花”和“全红”为一支, “麻花”和“大花”为另一支。应用引物 848 扩增的 3 个多态性位点构建了这 5 种不同体色瓯江彩鲤的 DNA 指纹图谱, 可为不同体色瓯江彩鲤种质鉴定提供快捷、准确的鉴定结果。

关键词 瓯江彩鲤; ISSR 标记; 遗传多样性; 种质鉴定; 指纹图谱

中图分类号 Q 959.46⁺8 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2012)02-0231-06

瓯江彩鲤(*Cyprinus carpio* var. *color*)是浙江省瓯江流域广泛养殖的一种鲤科鱼类, 因主要在稻田中广泛养殖, 故俗称“田鱼”。瓯江彩鲤目前有 5 种基本体色^[1]: “全红”、“大花”、“麻花”、“粉玉”和“粉花”。

近年来, 现代生物技术的应用带动了瓯江彩鲤育种技术的快速发展, 新养殖品系不断出现^[2-3]。然而瓯江彩鲤大多数形态性状易受环境因素的影响, 可描述的特征有限, 仅依靠形态学特征进行分类难以满足现代观赏鱼分类、种质鉴定、新品种选育的要求。分子标记技术的出现为这一问题的解决带来了契机。目前, RAPD、AFLP 和 SSR 等分子标记在鲤鱼遗传多样性分析^[1,4-6]和种质鉴定^[7]中得到广泛应用。但是应用 ISSR 标记分析瓯江彩鲤的遗传多样性尚属空白, 仅见瓯江 2 种鳊的 ISSR 标记分析^[8]。

不同体色的瓯江彩鲤是进行观赏鱼新品系选育研究的主要材料, 也为不同体色瓯江彩鲤从遗传上寻找本质差异提供研究素材, 因此本研究采用 ISSR 分子标记技术对选育的 5 种体色瓯江彩鲤进行遗传变异分析, 建立各体色的 DNA 指纹图谱, 旨在建立一套适合于不同体色瓯江彩鲤种质鉴定的分子标记技术, 为瓯江彩鲤分子标记辅助育种奠定基础。

1 材料与方法

1.1 材料、试剂与引物

5 种体色瓯江彩鲤 (“全红”、“粉玉”、“粉花”、“麻花”和“大花”)样本采自浙江省龙泉市省级瓯江彩鲤原种场, 均采用体杂交技术选育, 分别采集每种体色 10 尾瓯江彩鲤的尾鳍以备提取基因组 DNA 用。

DNA 提取所用生化试剂均购置于上海生工生物工程有限公司, PCR 扩增所需试剂均由大连宝生物工程有限公司提供。所采用的引物依据加拿大哥伦比亚大学设计的 ISSR 引物选取 60 条由上海生工生物工程有限公司合成。

1.2 方法

按照上海生工生物工程有限公司试剂盒操作说明提取瓯江彩鲤的基因组 DNA。使用琼脂糖凝胶电泳和紫外分光光度计检测样品的纯度与浓度, 每种体色的 10 个样品 DNA 等量混合, 构建 5 个 Gene Pool, 用于后续的 ISSR-PCR 扩增。

1) ISSR 分析。根据建立的唇鳊 ISSR 反应体系参照文献^[8]进行, 并稍作调整。25 μL 反应体系中含 2.5 μL 10 \times PCR buffer (包含 2.0 mmol/L Mg^{2+}), 1 μL (60 ng/ μL) DNA 模板、0.5 μL (10

收稿日期: 2011-04-11

基金项目: 国家自然科学基金项目(30700622)、浙江省自然科学基金项目(Y3110477)

吕耀平, 教授。研究方向: 水生生物学及动物营养。E-mail: yaopinglv@126.com

mmol/L)dNTP、0.12 μL (5 U/ μL) *Taq* DNA 酶, 0.5 μL (10 $\mu\text{mol/L}$)引物和 0.5 μL 去离子甲酰胺。ISSR-PCR 反应程序:94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min, 然后进行 5 个循环:94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 55 $^{\circ}\text{C}$ 退火 45 s, 每个循环降低 1 $^{\circ}\text{C}$, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 1.5 min, 接着进行 35 个循环: 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 50 $^{\circ}\text{C}$ 退火 45 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 1.5 min, 循环结束后 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 7 min。PCR 产物经 1.5% 琼脂糖凝胶电泳分离, 以 DNA Marker-G 作为标准分子质量对照, BIO-RAD(USA) 紫外自动成像仪照相。

2) 数据分析。数据以电泳后扩增条带的清晰度、可重复性为标准用于 ISSR 的标记分析。将每个样品电泳图谱扩增结果转换成 0/1 矩阵, 然后应用 POPGENE 1.31^[9], 在假定标记位点处于 Hardy-Weinberg 平衡状态下, 进行多态位点比例 (PPB)、遗传相似系数 (GS) 和遗传距离 (GD)、平均每个位点的观察等位基因数 (N_a)、有效等位基因数 (N_e)、期望杂合度 (h) 和 Shannon 多样性指数 (I) 等参数分析。

3) 聚类分析。根据遗传距离计算结果, 采用 MEGA4.0 软件中的 NJ 法和 UPGMA 法进行聚类分析^[10]。

4) 指纹图谱构建。按照谢潮添等^[11] 构建指纹图谱的方法, 构建 5 种体色的瓯江彩鲤 DNA 指纹图谱。通过谱带的有/无转换为 1/0 标识, 从而把 DNA 指纹图谱转化为计算机可以识别的数码指

纹。

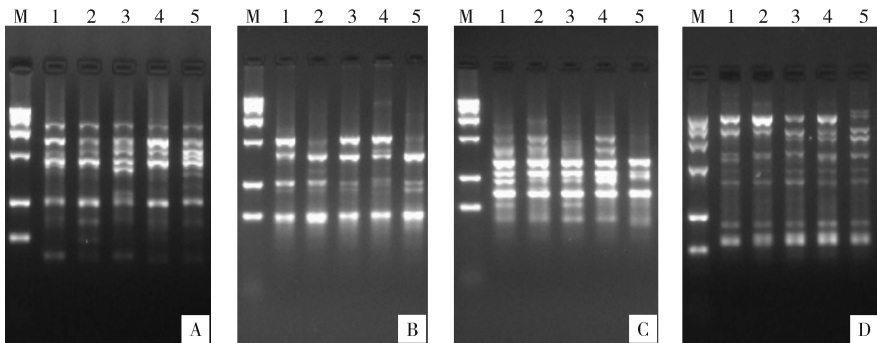
2 结果与分析

2.1 ISSR 分析结果

在 ISSR 扩增试验中, 以提取 5 种体色的瓯江彩鲤基因组 DNA 为模板进行引物筛选, 结果从 60 条 ISSR 引物中筛选出 14 条引物, 可以扩增出清晰稳定、重复性好, 多态性高的条带 (部分引物扩增结果见图 1)。这 14 条引物共扩增出 125 个位点, 其中 85 个位点具有多态性, 多态位点百分率 (PPB) 为 68%。5 种体色瓯江彩鲤的 PPB 按照大小排列: 大花 (56.8%) < 麻花 (58.4%) < 粉花 (60%) < 粉玉 (60.8%) < 全红 (61.6%)。每个引物扩增的位点数为 6~14 个, 平均每个引物扩增的位点数为 8.9 个。扩增的条带大小在 200~2 500 bp 之间。引物序列及其扩增结果见表 1。

2.2 不同体色瓯江彩鲤的遗传相似性

将扩增出的 DNA 条带记录在 1/0 矩阵中, 通过 Nei 的方法, 分别计算得到的遗传相似系数 (GS) 和遗传距离 (GD) 见表 2。5 种体色瓯江彩鲤的遗传距离在 0.272 0 至 0.400 0 之间, 平均为 0.342 4。5 种体色瓯江彩鲤的遗传变异分析结果: 它们之间有效等位基因数 (N_e) 为 $1.479 3 \pm 0.379 5$, 期望杂合度 (h) 为 $0.273 9 \pm 0.199 9$, Shannon 多样性指数 (I) 为 $0.401 0 \pm 0.285 3$ 。



M: 分子质量标记 DNA marker-G; 1~5: 分别为全红、粉玉、麻花、粉花和大花的瓯江彩鲤 No. 1-5 represent 5 color patterns of Oujiang color carp.

图 1 部分引物 (A:UBC834; B:UBC842; C:UBC848; D:UBC854) ISSR 扩增结果

Fig.1 ISSR amplification products of partial primers (A:UBC834; B:UBC842; C:UBC848; D:UBC854) obtained from 5 color patterns of Oujiang color carp

表 1 ISSR 引物、序列及扩增后产生的不同带型数¹⁾

Table 1 ISSR primers, sequences and different bands after amplification

引物名称 Primers	引物序列(5'-3') Sequences	总位点数 Total bands	多态位点数 Polymorphic bands	ISSR 扩增位点 Bands of ISSR amplification				
				WR	WW	RSB	WB	RLB
810	(GA) ₈ T	6	4	5	3	4	2	4
811	(GA) ₈ C	7	4	6	5	4	5	5
834	(AG) ₈ YT	9	4	5	6	7	5	7
835	(AG) ₈ YC	13	9	7	10	8	9	5
836	(AG) ₈ YA	9	6	4	6	5	4	5
840	(GA) ₈ YT	10	7	6	5	5	6	7
841	(GA) ₈ YC	6	4	6	4	2	2	5
842	(GA) ₈ YG	6	3	4	3	4	5	4
844	(CT) ₈ RC	9	5	5	7	7	7	5
845	(CT) ₈ RG	7	6	4	5	3	3	2
848	(CA) ₈ RG	8	5	7	5	6	6	4
854	(TC) ₈ RG	12	8	7	6	8	8	9
861	(ACC) ₆	9	7	6	5	5	7	4
868	(GAA) ₆	14	13	5	6	5	6	5
合计 Total		125	85	77	76	73	75	71

1) WR, WW, RSB, WB, RLB 分别代表全红、粉玉、麻花、粉花和大花瓯江彩鲤。下表同。

WR, WW, RSB, WB and RLB represent the patterns of whole red, whole white, red color with small black spots, white color with large black patches, red color with large black patches. The same as below.

表 2 5 种体色瓯江彩鲤的遗传相似系数 GS (对角线上方)和遗传距离 GD(对角线下方)

Table 2 Genetic similarity (above diagonal) and genetic distances (below diagonal) matrix between the 5 color patterns of Oujiang color carp

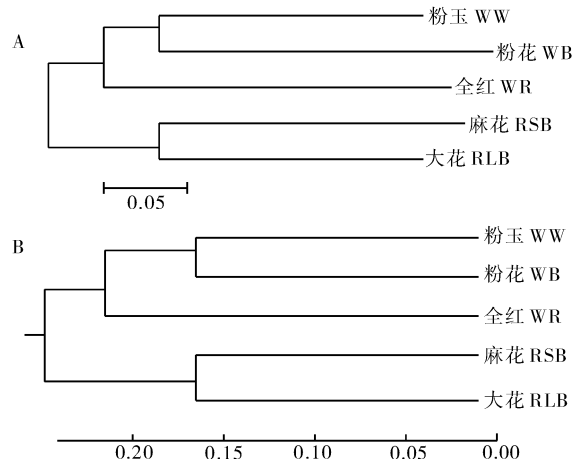
体色 Color	WR	WW	RSB	WB	RLB
WR	* * * *	0.688	0.600	0.664	0.632
WW	0.312	* * * *	0.672	0.656	0.608
RSB	0.400	0.328	* * * *	0.728	0.712
WB	0.336	0.344	0.272	* * * *	0.616
RLB	0.368	0.392	0.288	0.384	* * * *

2.3 不同体色瓯江彩鲤的聚类分析

根据不同体色瓯江彩鲤之间的 Nei 遗传距离进行 NJ 和 UPGMA 聚类分析,结果见图 2。从图 2 可以看出, NJ 和 UPGMA 的聚类结果一致,这 5 种体色瓯江彩鲤可以分为 2 群,粉玉、粉花和全红聚合为一支,麻花和大花聚为另一支。

2.4 指纹图谱构建

14 条引物中,有 UBC810、UBC835、UBC840、UBC848、UBC861 或 UBC868 的任何 1 条引物就足以将随机选取的 5 种体色瓯江彩鲤群体分开(扩增



WW, WB, WR, RSB, RLB 同表 2。WW, WB, WR, RSB, RLB are the same as Table 2.

图 2 5 种体色瓯江彩鲤基于 Nei 的遗传距离的 NJ(A)和 UPGMA(B)聚类结果

Fig. 2 Dendrogram of NJ (A) and UPGMA (B) cluster analysis based of Nei's genetic distances among the 5 color patterns of Oujiang color carp

图谱见表 3),但根据使用最少引物、最少条带,能将所有供试样品完全分开的原则,以及选取的条带要

求具有稳定性和重复性良好、多态性高的特点,从 UBC848 引物扩增出来的 8 条带中选取了 3 个条带用于构建这 5 种体色瓯江彩鲤的 DNA 指纹图谱

(图 3),转化后全红、粉玉、麻花、粉花和大花的数码指纹分别为:111,110,001,101 和 010,便于计算机的识别处理。

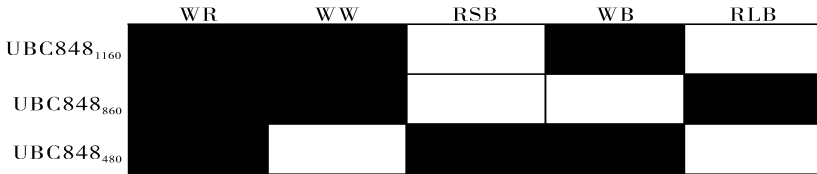
表 3 5 种瓯江彩鲤 ISSR-PCR 扩增位点和图谱

Table 3 Bands and printings of ISSR-PCR amplification of 5 Oujiang color carp

体色 Color	UBC810						UBC835													
	A	B	C	D	E	F	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	
WR	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	0	1	0	1	1	0	0	
WW	1	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	
RSB	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	
WB	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	
RLB	0	1	1	1	0	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0	

体色 Color	UBC840							UBC861													
	A	B	C	D	E	F	G	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L		
WR	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	1	1		
WW	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1		
RSB	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1		
WB	1	1	0	1	0	0	1	0	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1		
RLB	0	1	1	1	1	1	0	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0	0	1		

体色 Color	UBC848								UBC868															
	A	B	C	D	E	F	G	H	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N		
WR	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0		
WW	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	1		
RSB	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0		
WB	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0		
RLB	0	1	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0		



WR, WW, RSB, WB, RLB: 同图 2 The same as Fig. 2.

图 3 基于 ISSR 分析的 5 种体色瓯江彩鲤指纹图谱

Fig. 3 DNA fingerprinting of 5 color patterns of Oujiang color carp based on ISSR data

3 讨论

3.1 ISSR 分子标记技术在不同体色瓯江彩鲤鉴定中的应用

ISSR 对 PCR 反应的稳定性受到引物浓度、Mg²⁺ 浓度、退火温度等因素的影响,试验条件的优化和采用统一的 PCR 反应条件是非常必要的。Don 等^[12]指出,使用“降落 PCR”法可使引物在其最佳熔解温度时得到优先扩增。本研究结果证实了“降落 PCR”法在瓯江彩鲤 ISSR 研究中的可行性。

从试验结果中可以看出,不同体色瓯江彩鲤 ISSR 扩增结果存在着较为丰富的多态位点,125 个

位点中只有 40 个单态位点,其余 85 个为多态性位点,多态性比率达 68%,高于王成辉^[1]采用 RAPD 技术研究瓯江彩鲤的结果,说明 ISSR 技术比 RAPD 技术更能高效分析鲤的遗传背景,寻找它们之间的差异。其原因是 2 种标记的检测位点不同, RAPD 标记是对生物整个基因组的选择扩增,而 ISSR 标记则是检测基因组内微卫星 DNA 片段及间隔区 DNA^[13]。

此外,在指纹图谱构建中,发现只使用 1 条引物的情况下就能将 5 个供试样品完全分开,各体色都具有独特的 DNA 指纹,由此表明 ISSR 分子标记技术可以作为瓯江彩鲤种质鉴定的有效技术手段。而

且基于ISSR技术本身具有的稳定性高、重复性好和操作简单等优点,其在瓯江彩鲤种质鉴定中的应用,可以提供比RAPD、AFLP和SSR等更为快捷、稳定、准确的鉴定结果。笔者根据谢潮添等^[1]描述的转换方法,将不同体色瓯江彩鲤的DNA指纹图谱转化成了计算机可以识别的数码指纹,使得在实际进行种质鉴定时,只要对待鉴定样品进行指定引物的ISSR扩增,获得其DNA数码指纹,然后将每个样品的数码指纹输入电脑,可立即判定该样品是否为已建库品系的某一个。一旦出现在库中无法查找的问题,计算机将对该材料进行相似系数换算并纳入该库,这样可非常方便地进行瓯江彩鲤的分子鉴定,实现种质资源库的电子化管理。

3.2 不同体色瓯江彩鲤间的遗传变异

本研究中,以“全红”瓯江彩鲤的PPB最高,达61.6%,而“大花”PPB最低(56.8%),由此表明瓯江彩鲤体色多样性亦是遗传多样性的表现形式之一。本文中NJ和UPGMA聚类结果(图2)支持将瓯江彩鲤分为2群,这与其体色分布是一致的。“粉玉”和“粉花”的主要体色均为粉白色,“麻花”与“大花”同样以红色为主体色,而“全红”则与“粉花”、“粉玉”聚为一支,说明它们的基因组相似性较高。王成辉^[1]提出“全红”体色由R和b 2个基因控制,基因型包括RRbb和Rrbb,而“粉玉”体色由r和b 2个基因控制,其基因型为rrbb,从这一点也可看出,“全红”和“粉玉”的基因型相似,自然聚为一支。

Shannon多样性指数(I)可评价种群内和种群间遗传多样性的高低,指数越大,表明种群的遗传多样性越高。本研究中5种不同体色瓯江彩鲤间的平均遗传距离0.3424,有效等位基因数为1.4793,期望杂合度为0.2739,Shannon多样性指数为0.4010,表明5种体色彩鲤之间存在着较高的遗传多样性水平,具有较强的适应能力和进化潜力,可为后续的瓯江彩鲤选育新品系提供丰富的遗传变异位点。

3.3 瓯江彩鲤中微卫星DNA序列比较

基因组中SSR一般为2~6个寡聚核苷酸,在ISSR 5'或3'端所锚定的二核苷酸、三核苷酸、四核苷酸重复序列通过4~8次重复,每条ISSR引物的长度在20 bp左右,保证了PCR扩增中的稳定性。邹喻萃等^[14]认为ISSR引物的5'或3'端一般锚定1~4个碱基数目,其目的是引起特定位点退火,使引物与相匹配SSR的一端结合,而不是中间,从而对

基因组中特定片段进行扩增与检测。试验中发现,UBC810、UBC811、UBC834~UBC836、UBC840~UBC845、UBC848和UBC854等在3'端所锚定2个碱基的引物均能扩增出较多的多态性条带,而锚定3个碱基的引物(UBC861和UBC868)较少。说明扩增结果与引物序列和加锚位置有密切关系,3'端锚定的2个碱基的二核苷酸引物最适合于瓯江彩鲤的ISSR扩增反应,即鲤科鱼类基因组中含有这些引物相对应的微卫星DNA序列如(GA)_n、(AG)_n、(CT)_n、(TC)_n、(CA)_n、(GAA)_n和(ACC)_n,这与吕耀平等^[8]、吴兴兵^[15]和Crooijmans等^[16]研究结果一致。

参 考 文 献

- [1] 王成辉. 中国红鲤遗传多样性研究[D]. 上海:上海水产大学图书馆,2002.
- [2] 王成辉,项松平,王剑,等. “红-白”体色瓯江彩鲤的生产方法:中国,200810104627.6[P]. 2008-04-22.
- [3] 王成辉,项松平,王剑. 一种“红-白-黑”三色瓯江彩鲤的生产方法:中国,200810182603.2[P]. 2008-12-09.
- [4] LUDANNYI R I, KHRISANFOVA G G, VASI'EV V A. Genetic diversity and differentiation of Russian common carp (*Cyprinus carpio* L.) breeds inferred from RAPD markers [J]. Genetika, 2006, 42(8): 1121-1129.
- [5] DAVID L, RAJASEKARAN P, FANG J, et al. Polymorphism in ornamental and common carp strains (*Cyprinus carpio* L.) as revealed by AFLP analysis and a new set of microsatellite markers [J]. Molecular Genetics and Genomics, 2004, 26(3): 353-362.
- [6] LIAO X L, YU X M, TONG J G. Genetic diversity of common carp from two largest Chinese lakes and the Yangtze River revealed by microsatellite markers [J]. Hydrobiologia, 2006, 568: 445-453.
- [7] 周建峰,王忠卫,吴清江. 鲤鱼3个亚种线粒体DNA ND5/6区段的PCR-RFLP分析及亚种间分子标记的确立 [J]. 科学通报, 2003, 48(2): 167-170.
- [8] 吕耀平,胡则辉,叶丽平. 瓯江2种鲤的ISSR分析优化和自然种群遗传多样性的研究 [J]. 水生生物学报, 2008, 32(4): 67-73.
- [9] YEH F C, YANG R C, BOYLE T. Microsoft window-based freeware for population genetic analysis (POPGENE), version 1.31 [J]. Genetics, 1999, 147: 245-251.
- [10] 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.
- [11] 谢潮添,纪德华,陈昌生,等. ISSR标记在坛紫菜不同色泽丝状体种质鉴定中的应用 [J]. 水产学报, 2007, 31(1): 105-111.

- [12] DON R H, COX P T, WAINWRIGHT B J, et al. 'Touch-down' PCR to circumvent spurious priming during gene amplification [J]. *Nucleic Acids Res*, 1991, 19(14): 4008.
- [13] MATTIONI C, CASASOLI M, GONZALEZ M, et al. Comparison of ISSR and RAPD markers to characterize three Chilean *Nothofagus* species [J]. *Theoretical Applied and Genetics*, 2002, 104: 1064-1070.
- [14] 邹喻莘, 葛颂, 王晓东. 系统与进化植物学中的分子标记[M]. 北京: 科学出版社, 2001: 36-97.
- [15] 吴兴兵. 7 种重要养殖鱼类的同工酶和 ISSR 分析[D]. 南京: 南京师范大学图书馆, 2006.
- [16] CROOIJMANS R P M A, POEL J J, GROENEN M A M, et al. Microsatellite markers in common carp (*Cyprinus carpio* L.) [J]. *Animal Genetics*, 1997, 28: 129-134.

Application of ISSR marker in germplasm identification of color patterns of Oujiang color carp

LÜ Yao-ping¹ HU Ze-hui² XIANG Song-ping³ HUANG Pei-pei¹

1. *College of Chemistry and Life Sciences, Lishui University, Lishui 323000, China;*
 2. *Marine Fisheries Research Institute of Zhejiang Province, Zhoushan 316100, China;*
 3. *Provincial Farm of Oujiang Color Common Carp in Zhejiang Province, Longquan 323700, China*

Abstract In this paper, the inter-simple sequence repeat (ISSR) technique were applied to analyze the genetic diversity among 5 color patterns of Oujiang color carp, designated as whole red, whole white, red color with small black spots, white color with large black patches, red color with large black patches, fourteen specific and stable primers were screened from 60 primers and a total of 125 loci were generated, of which 85 loci (68%) were polymorphic. The results indicated that effective number of alleles (N_e), expected heterozygosity (h) and Shannon's information index (I) were 1.479 3, 0.273 9 and 0.401 0, respectively. Genetic similarity (GS) and genetic distances (GD) were calculated by using Nei's matching coefficient, the average GD among 5 color patterns of Oujiang color common carp is 0.342 4. When NJ and UPGMA cluster analysis were applied, Oujiang color carp were divided into two groups, named whole white, white color with large black patches and whole red in one group, red color with small black spots and red color with large black patches in the other group. Subsequently, the 3 polymorphic bands amplified from the primer 848 were employed to construct the DNA fingerprints of the 5 color patterns of Oujiang color carp. Among the constructed DNA fingerprints, each color pattern of Oujiang color carp had its unique fingerprinting pattern and could be easily distinguished from each other. Taken together, the results in this study show that the ISSR marker is a useful technique for identification of Oujiang color carp, offering the more correct and quicker results.

Key words *Cyprinus carpio* var. *color*; ISSR marker; genetic diversity; germplasm identification; fingerprint

(责任编辑: 边书京)