

基于 SSR 标记的克氏原螯虾种质资源 遗传多样性研究

李喜莲 李 飞 朱俊杰 顾志敏

农业部淡水渔业健康养殖重点实验室/浙江省淡水水产遗传育种重点实验室/浙江省淡水水产研究所, 湖州 313001

摘要 选用 10 对克氏原螯虾微卫星引物对桐庐(TL)、太湖(TH)、湖北(HB)、江西(JX)、洪泽湖(HZH)、崇明(CM)、广西(GX)、海盐(HY)8 个克氏原螯虾群体的遗传多样性状况和遗传结构进行研究。结果发现,8 个克氏原螯虾群体的平均观测杂合度值为 0.525 7~0.740 0, 平均期望杂合度值在 0.623 8~0.743 4 之间, 平均多态信息含量在 0.420 9~0.684 0 之间。其中广西(GX)群体遗传多样性最高, 太湖(TH)群体遗传多样性最低。采用 MEGA4.0 计算各地理种群间的遗传距离, 遗传距离最远的是崇明(CM)和江西(JX)群体, 遗传距离最近的是湖北(HB)和太湖(TH)群体。结果显示, 这 8 个地理种群资源遗传多样性较高。

关键词 克氏原螯虾; 微卫星序列(SSR); 遗传多样性; 遗传结构

中图分类号 Q 959.223⁺.63 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2016)02-0063-06

克氏原螯虾(*Procambarus clarkii*), 俗名淡水小龙虾, 隶属于节肢动物门、甲壳纲、十足目、螯蛄科、原螯虾属。原产于北美洲, 自 20 世纪 30 年代传入我国, 现已广泛分布于我国, 并形成了可供利用的天然种群^[1]。克氏原螯虾是我国自然水域中一个重要的淡水虾类品种, 在我国的江苏、浙江、安徽以及上海等省市均有分布。但是随着捕捞量的不断增加、病害的不断加深以及其生存环境的污染, 其生物资源量不断地受到威胁。因此, 为推进克氏原螯虾产业的可持续性发展, 研究其遗传多样性已成为一项重要的任务。

对于克氏原螯虾这个物种, 前人研究集中在养殖、营养、病害防治和生化^[2-6]等方面。近年来分子生物学方面的研究才开展起来, 如采用微卫星序列进行群体遗传多样性的研究。王长忠等^[7-8]用 17 对微卫星引物对 4 个克氏原螯虾地理群体进行了遗传多样性研究; 曹玲亮等^[9-10]采用 9 对微卫星分子标记对 4 个地区 9 个地点的 182 个样本进行遗传多样性分析; 彭刚等^[11]利用 7 对微卫星引物对 3 个地理种群进行遗传多样性分析; 邢智珺等^[12-13]利用 8 个微卫星标记分析了 8 个地区克氏原螯虾的遗传多样

性。这些利用微卫星序列进行遗传多样性的研究多集中在湖北、江苏等小龙虾养殖大省, 浙江省内地理种群克氏原螯虾遗传多样性的研究未见报道。笔者选取浙江桐庐等 8 个长江水系的克氏原螯虾作为研究对象, 设计 10 对克氏原螯虾微卫星引物序列, 研究其遗传多样性状况和遗传结构, 以期为克氏原螯虾资源保护与改良提供理论基础。

1 材料与方法

1.1 材 料

试验样品采自桐庐(TL)、太湖(TH)、湖北(HB)、江西(JX)、洪泽湖(HZH)、崇明(CM)、广西(GX)、海盐(HY)等 8 个长江水系克氏原螯虾野生群体, 每个群体采样 30 尾。采样点分布情况见图 1。

1.2 总基因组 DNA 的提取

总基因组 DNA 提取采用苯酚/氯仿法^[14]提取克氏原螯虾腹部肌肉组织的总基因组 DNA, -20℃保存备用。

1.3 引物合成

参考 GenBank 已发表的 10 对微卫星序列及文

收稿日期: 2015-06-05

基金项目: 农业部公益性行业(农业)专项(201003070); 浙江省公益技术研究农业项目(2014C32066); 浙江省省属科研院所扶持专项(2014F10037); 浙江省条件建设项目(2013F10047)

李喜莲, 博士, 助理研究员。研究方向: 水生生物遗传育种学。E-mail: lixilian@126.com

通信作者: 顾志敏, 研究员。研究方向: 水产动物新品种选育。E-mail: guzhimin2006@163.com

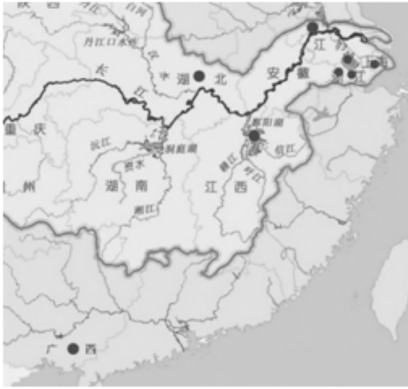


图 1 采样点分布图

Fig. 1 Distribution of sampling sites

表 1 克氏原螯虾微卫星位点引物序列及退火温度

Table 1 Microsatellites primers sequence and its annealing temperature of *Procamburus clarkii*

座位 Locus	引物序列 Primer sequences	退火温度/℃ T _m	重复类型 Repeat types	片段大小/bp Fragment	等位基因 Alleles number	登录号 GenBank No.
PclG03	F:CTCTCCACCAGTCATTTCTT R:AAGCTTACAATAAATATAGATAGAC	52	(TCTA) ₂₀	216~420	4	AF290920
PclG04	F:TATATCAGTCAATCTGTCCAG R:TCAGTAAGTAGATTGATAGAAGG	54	(TCTA) ₃ ... (TCTA) ₂ ... (TCTA) ₂₉ ... (TCTA) ₂	170~290	4	AF290921
PclG07	F:CCTCCCACCAGGGTTATCTATCA R:GTGGGTGTGGCGCTCTTGTT	63	(TCTA) ₈	100~160	4	AF290922
PclG08	F:ACGATAAATGGATAGATGGATGAA R:CCGGTCTGTCTGTCTGTCA	62	(GATA) ₁₆	148~220	5	AF290923
PclG09	F:TATGCACCTTTACCTGAAT R:TGTTGGTGTGGTCATCA	60	(TCTA) ₁₄	80~160	4	AF290924
PclG15	F:GGCGTGACGCCAACGTGTCTT R:GGCTGGCCACTTTGTTAGCCTGAG	70	(TATC) ₂ TGTC(TATC) ₁₇ TATT(TATC) ₃	150~185	3	AF290927
PclG16	F:CTCGGAATGTCCACCTGAGA R:TCATTATGGATTTTGTCAATCTAT	54	(TCTA) ₁₈ TCTC(TATC) ₃	80~160	4	AF290928
PclG27	F:AATCTTAAGATCATGAAAAAGGTA R:TTTAAGGAACGTATAAGAAAAGAC	57	(TATC) ₄ CATC(TATC) ₈	80~150	6	AF290932
PclG33	F:TTCGAGGCGTTGCTGATTGTAAGT R:CAAGGAAGCGTATAGCCGGAGTCT	68	(GT) ₂₁	120~180	5	AF290936
PclG37	F:TAAATAAGTGGCGTGAAGACGAG R:AGATTCAACGCTGTGTTTCTGATC	66	(CA) ₄ CG(CA) ₁₅ CG(CA) ₂₃	80~180	7	AF290939

1.5 数据的统计与分析

根据凝胶上 DNA 泳动距离对个体的基因型进行判断,利用 POPGENE 3.2^[16] 软件分析 8 个群体的观测杂合度(H_o)、有效等位基因数(N_e)、多态信息含量(PIC)和期望杂合度(H_e)等遗传参数,并测试各个位点的哈代-温伯格平衡(HWE)。根据遗传距离用 MEGA4.0^[17] 软件构建 8 个地理群体的

献中的引物序列^[15],引物由江苏南京金思瑞生物科技有限公司合成。微卫星引物序列及基本情况见表 1。

1.4 PCR 扩增与产物检测

PCR 反应体系:DNA 模板 10~20 ng, ddH₂O 9.5 μ L, 2 \times Master Mix(康为时代) 12.5 μ L, 上下游引物(10 mmol/ μ L)各 1 μ L。

PCR 反应程序:95 $^{\circ}$ C 预变性 3 min, 95 $^{\circ}$ C 变性 30 s, 在最适退火温度下退火 30 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 30 s, 共 30 个循环, 最后 72 $^{\circ}$ C 再延伸 10 min, 4 $^{\circ}$ C 保温。PCR 扩增产物用 8% 的非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳进行检测, 银染。

UPGMA 聚类图。

2 结果与分析

2.1 SSR 引物特征分析

选出的 10 对 SSR 引物在 240 个个体中共扩增出 46 个多态性片段。每个 SSR 位点可以检测到的等位基因数为 3~7 个不等, 片段大小在 80~420 bp

表 2 克氏原螯虾 8 个种群在 10 个位点的遗传多样性
Table 2 Genetic variation of eight populations of *Procambarus clarkii* in ten loci

座位 Locus	桐庐群体 Tonglu population			太湖群体 Taihu Lake population			湖北群体 Hubei population			江西群体 Jiangxi population		
	PIC	H _o	H _e	PIC	H _o	H _e	PIC	H _o	H _e	PIC	H _o	H _e
Pe(G03)	0.344 4	0.478 3	0.619 3	0.316 6	0.455 6	0.689 4	0.020 3	0.626 9	0.628 6	0.444 4	0.457 1	0.584 6
Pe(G04)	0.600 3	0.521 7	0.667 6	0.253 9	0.399 7	0.571 4	0.086 7	0.660 9	0.514 3	0.688 1	0.485 7	0.717 4
Pe(G07)	0.558 5	0.652 2	0.633 8	0.232 7	0.411 5	0.714 3	0.884 6	0.633 3	0.657 1	0.557 9	0.512 9	0.623 2
Pe(G08)	0.720 5	0.521 7	0.777 8	0.000 2	0.279 5	0.657 1	0.017 8	0.721 4	0.714 3	0.704 7	0.571 4	0.759 0
Pe(G09)	0.374 2	0.434 8	0.425 1	0.046 8	0.625 8	0.514 3	0.633 1	0.553 4	0.485 7	0.403 9	0.428 6	0.463 4
Pe(G15)	0.364 4	0.521 7	0.420 3	0.459 6	0.635 6	0.542 9	0.453 6	0.508 4	0.485 7	0.305 9	0.400 0	0.341 2
Pe(G16)	0.459 5	0.434 8	0.571 0	0.462 5	0.540 5	0.685 7	0.619 3	0.563 2	0.512 9	0.453 6	0.512 9	0.528 8
Pe(G27)	0.720 2	0.695 7	0.775 8	0.021 2	0.279 8	0.657 1	0.821 9	0.783 2	0.628 6	0.720 1	0.685 7	0.769 8
Pe(G33)	0.639 8	0.608 7	0.693 7	0.000 4	0.360 2	0.600 0	0.001 7	0.677 4	0.571 4	0.608 4	0.514 3	0.663 8
Pe(G37)	0.808 8	0.739 1	0.811 6	0.255 0	0.191 2	0.685 7	0.127 1	0.772 5	0.657 1	0.836 3	0.628 6	0.806 6

座位 Locus	洪泽湖群体 Hongze Lake population			崇明群体 Chongming population			广西群体 Guangxi population			海盐群体 Haiyan population		
	PIC	H _o	H _e	PIC	H _o	H _e	PIC	H _o	H _e	PIC	H _o	H _e
Pe(G03)	0.642 0	0.657 1	0.706 0	0.136 8	0.667 7	0.714 3	0.730 8	0.698 2	0.714 3	0.650 4	0.800 0	0.714 3
Pe(G04)	0.683 4	0.428 6	0.742 4	0.000 0	0.689 6	0.685 7	0.748 2	0.665 1	0.571 4	0.677 7	0.800 0	0.738 3
Pe(G07)	0.628 9	0.571 4	0.699 0	0.310 7	0.657 9	0.657 1	0.721 7	0.690 9	0.657 1	0.660 8	0.742 9	0.723 8
Pe(G08)	0.720 6	0.542 9	0.771 4	0.001 8	0.686 0	0.657 1	0.745 8	0.683 0	0.657 1	0.668 0	0.657 1	0.730 0
Pe(G09)	0.373 5	0.542 9	0.658 0	0.443 0	0.566 2	0.428 6	0.647 2	0.543 3	0.628 6	0.585 7	0.371 4	0.669 2
Pe(G15)	0.533 1	0.542 9	0.609 1	0.189 2	0.545 7	0.428 6	0.632 7	0.585 8	0.600 0	0.587 6	0.514 3	0.671 2
Pe(G16)	0.371 8	0.457 1	0.635 9	0.035 3	0.692 7	0.828 6	0.751 6	0.691 6	0.714 3	0.661 3	0.742 9	0.728 8
Pe(G27)	0.784 5	0.600 0	0.823 6	0.003 2	0.730 9	0.914 3	0.777 2	0.770 8	0.828 6	0.742 5	0.971 4	0.788 8
Pe(G33)	0.722 1	0.657 1	0.771 4	0.066 5	0.682 7	0.914 3	0.738 7	0.749 1	0.771 4	0.754 8	0.800 0	0.800 0
Pe(G37)	0.846 1	0.828 6	0.836 0	0.025 0	0.772 3	0.971 4	0.810 8	0.759 8	0.942 9	0.761 1	1.000 0	0.802 1

之间,平均每个座位上的等位基因数为 4.6,其中, PclG37 检测到 7 个等位基因, PclG15 仅检测到 3 个等位基因(表 1)。

对 8 个克氏原螯虾群体的 10 个微卫星基因座的等位基因频率统计结果见表 2。表 2 显示,8 个群体的期望杂合度值 0.341 2~0.836 0,观测杂合度值在 0.371 4~1.000 0, PIC 值在 0.191 2~0.846 1。哈代-温伯格平衡偏离指数(HWE)检验发现,8 个野生群体未表现出杂合子缺失的位点。10 个微卫星位点在 8 个克氏原螯虾群体中的期望杂合度值在 0.479 4(位点 Plcg09)~0.806 7(位点 Plcg37)之间,观测杂合度值在 0.558 4(位点 Plcg15)~0.803 1(位点 Plcg37)之间, PIC 值在 0.508 3(位点 Plcg15)~0.718 2(位点 Plcg37)之

间。这本研究所用标记用于遗传多样性分析效果较好。

2.2 不同地理种群遗传多样性分析

8 个地理种群的遗传多样性水平从高到低依次为:广西(GX)>海盐(HY)>洪泽湖(HZH)>崇明(CM)>桐庐(TL)>江西(JX)>太湖(TH)。根据 Botstein 等^[18]提出的标准: PIC 值大于 0.5 属于高度多态位点, PIC 介于 0.25 和 0.5 之间为中度多态位点, PIC 低于 0.25 为低度多态位点。由表 3 可知,10 个微卫星位点在 8 个克氏原螯虾群体中的期望杂合度值为 0.699 7,观测杂合度值为 0.629 4,平均多态信含量为 0.619 9。本研究中 8 个地理种群除太湖群体处于中度多态外,其余 7 个地理种群都属于高度多态性。

表 3 10 个微卫星位点在 8 个克氏原螯虾群体中的平均多态信息含量(PIC)、期望杂合度(H_e)和观测杂合度(H_o)

Table 3 The polymorphism information content(PIC), observed heterozygosity(H_o) and expected heterozygosity(H_e) of the microsatellite loci in eight *Procambarus clarkii* populations

群体 Population	代号 Code	平均观测杂合度 Mean H_o	平均期望杂合度 Mean H_e	平均多态信息含量 Mean PIC
桐庐 Tonglu population	TL	0.560 9	0.639 6	0.617 3
太湖 Taihu Lake population	TH	0.608 6	0.707 5	0.420 9
湖北 Hubei population	HB	0.588 6	0.688 9	0.650 1
江西 Jiangxi population	JX	0.525 7	0.623 8	0.572 3
洪泽湖 Hongze Lake population	HZH	0.582 9	0.727 3	0.670 6
崇明 Chongming population	CM	0.720 0	0.730 5	0.669 2
广西 Guangxi population	GX	0.708 6	0.743 4	0.684 0
海盐 Haiyan population	HY	0.740 0	0.736 6	0.675 3
平均 Mean		0.629 4	0.699 7	0.619 9

2.3 群体间的遗传距离

表 4 显示,8 个克氏原螯虾群体间的遗传一致度(I)在 0.662 6~0.990 5,遗传距离(D)在 0.009 6~0.411 6,其中,江西群体与崇明群体间遗

传一致度 $I=0.662 6$,遗传距离最大($D=0.411 6$),说明 2 个群体间的亲缘关系最远;湖北群体与太湖群体间遗传一致度最高($I=0.990 5$),遗传距离最小($D=0.009 6$),说明两群体间亲缘关系较近。

表 4 8 个克氏原螯虾群体 Nei's 遗传一致度(I) (对角线上)及遗传距离(D) (对角线下)

Table 4 Nei's(1978) genetic similarity indices(I) (on diagonal) and genetic distances(D) (under diagonal) among eight populations of *P. clarkii*

群体 Population	TL	TH	HB	JX	HZH	CM	GX	HY
TL	* * * *	0.964 4	0.967 5	0.975 7	0.928 2	0.680 2	0.774 2	0.729 4
TH	0.036 3	* * * *	0.990 5	0.949 9	0.986 4	0.794 3	0.861 4	0.822 9
HB	0.033 0	0.009 6	* * * *	0.966 1	0.975 1	0.760 0	0.838 5	0.797 2
JX	0.024 6	0.051 4	0.034 4	* * * *	0.923 9	0.662 6	0.755 5	0.715 5
HZH	0.074 5	0.013 7	0.025 2	0.079 2	* * * *	0.835 1	0.886 0	0.855 2
CM	0.385 4	0.230 3	0.274 5	0.411 6	0.180 2	* * * *	0.949 0	0.961 5
GX	0.255 9	0.149 2	0.176 1	0.280 3	0.121 0	0.052 3	* * * *	0.973 3
HY	0.315 5	0.194 9	0.226 7	0.334 7	0.156 5	0.039 2	0.027 1	* * * *

2.4 不同地理来源群体聚类分析

基于 Nei's 遗传距离对克氏原螯虾 8 个野生群体构建 UPGMA 聚类树,结果如图 2 所示。由图 2 可知:桐庐群体与太湖群体聚为一支后再与江西群体聚成一支;而湖北群体和洪泽湖群体聚一支后与桐庐群体、太湖群体和江西群体形成一个大的分支;广西群体与海盐群体聚成一支后与崇明群体形成另一个大的分支。

太湖群体与桐庐群体聚成一支是因为太湖是由长江、钱塘江泥沙冲积而成的,桐庐属于钱塘江水系,因此太湖群体与桐庐群体间存在一定的基因交流。江西群体聚入太湖和桐庐群体是由于江西群体采样地鄱阳湖也属长江的水系中的一个支流。湖北群体和洪泽湖群体虽同属长江水系,但鄱阳湖相对更为封闭,故而湖北群体与洪泽湖先聚为一支。广西群体与海盐群体先聚为一支,而后崇明群体聚入广西群体和海盐群体这一分支;究其原因可能是这 3 个种群的亲本均来自南京群体,各地引种后基本处于相对封闭的生活环境,与其他群体缺乏足够交流,因而与其他群体亲缘关系较远。

中国重要经济养殖品种的遗传多样性相比而言,克氏原螯虾整体遗传多样性偏低;并且研究发现中国克氏原螯虾野生群体间也存在一定程度的近交现象,这一点尤其不利于遗传资源的保存。本研究认为前人研究及分析都具有一定的科学性,其研究结果也与本研究结果相互印证,基于克氏原螯虾本身生活习性而言,人为影响及人为引种形成的地理生殖隔离起主要作用。

3.2 克氏原螯虾资源保护

目前克氏原螯虾已在我国各地广泛分布并形成了不同的地理种群,且本研究结果显示,整体克氏原螯虾遗传多样性水平较高。但鉴于克氏原螯虾引种时的种质来源单一和群体数量小的状况,下一步研究应考虑克氏原螯虾良种的选育。

随着我国小龙虾产业的不断发展,对克氏原螯虾这个物种的资源保护已成为一个重要的研究内容。目前,不仅要保护克氏原螯虾资源的多态性,同时也要监控这一外来物种对我国现有物种和现有生态系统的影响,制定行之有效的防治措施。

参 考 文 献

[1] 李飞,李喜莲,贾永义,等.克氏原螯虾家系建立及幼虾生长比较的初步研究[J].安徽农业大学学报,2014,41(1):38-43.

[2] 周鑫.淡水小龙虾高效养殖模式攻略[M].北京:中国农业出版社,2015.

[3] 祝少华.沿黄低洼盐碱地池塘主养克氏原螯虾技术[J].乡村科技,2012(1):35-35.

[4] 郑友.不同地区野生克氏原螯虾形态差异及氨基酸的分析[D].南昌:南昌大学图书馆,2013.

[5] 周小燕,魏育红,杨贺,等.LAMP 和巢式 PCR 检测克氏原螯虾白斑综合征病毒(WSSV)的比较[J].江苏农业科学,2011(1):27-30.

[6] 周晖,谢数涛,龙思思,等.克氏原螯虾(*Procambarus clarkii*)血细胞染色方法的研究[J].生态科学,2003,22(2):130-132.

[7] 王长忠,李忠,梁宏伟,等.长江下游地区 4 个克氏原螯虾群体的遗传多样性分析[J].生物多样性,2009,17(5):518-523.

[8] 王长忠.长江中下游地区克氏原螯虾群体遗传多样性分析[D].武汉:华中农业大学图书馆,2009.

[9] 曹玲亮,周立志,张保卫.安徽三大水系入侵物种克氏原螯虾的种群遗传格局[J].生物多样性,2010(4):398-407.

[10] 曹玲亮.基于微卫星标记的克氏原螯虾遗传多样性研究[D].合肥:安徽大学图书馆,2010.

[11] 彭刚,刘伟杰,李佳佳,等.长江流域 3 个克氏原螯虾野生群体遗传结构的微卫星分析[J].江苏农业学报,2010,26(5):1115-1117.

[12] 邢智璐,姜虎成,陆伟,等.江苏 8 个克氏原螯虾群体遗传多样性微卫星分析[J].上海海洋大学学报,2014(5):656-662.

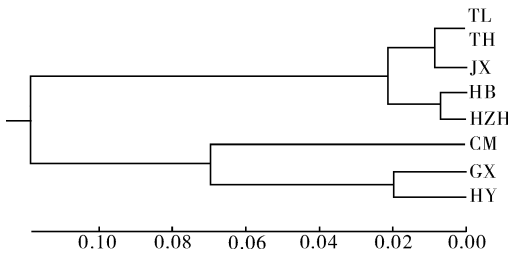


图 2 8 个克氏原螯虾群体的 UPGMA 聚类分析图
Fig.2 Dendrogram of 8 *P. clarkii* populations based on UPGMA clustering analysis

3 讨 论

3.1 遗传多样性

黄羽等^[19]使用 AFLP 标记对 6 个克氏原螯虾群体遗传多样性进行研究,结果均显示出较高的多样性并猜测了成因:①相同来源地或不同来源地的多次引入;②单次引入大量的个体;③入侵物种成功进入新的环境后通过杂交或变异;④人为引种导致亲缘关系较近的克氏原螯虾群体在不同地区的分布。以上情况均会对群体遗传多样性有一定的影响。彭刚等^[11]通过 SSR 序列研究了 3 个野生种群的遗传多样性,发现虽然所研究的这 3 个地理种群的遗传多样性比较丰富,但这一遗传多样性结果与

- [13] 邢智珺. 江苏克氏原螯虾典型群体遗传多样性微卫星分析[D]. 上海:上海海洋大学图书馆,2014.
- [14] SAMBROOK J,FRITSCH E F,MANIATIS T. Molecular cloning[M]. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989.
- [15] BELFIORE N M,MAY B. Variable microsatellite loci in red swamp crayfish, *Procambarus clarkii*, and their characterization in other crayfish taxa[J]. Molecular Ecology. 2000,9(12): 2231-2234.
- [16] YEH F C. Population genetic analysis of codominant and dominant markers and quantitative traits[J]. Belg J Bot,1997,129: 157.
- [17] KUMAR S,NEI M,DUDLEY J, et al. MEGA: a biologist-centric software for evolutionary analysis of DNA and protein sequences[J]. Briefings in Bioinformatics,2008,9(4):299-306.
- [18] BOTSTEIN D, WHITE R L, SKOLNICK M, et al. Construction of a genetic linkage maps in man using restriction fragment length polymorphisms[J]. American Journal of Human Genetics,1980,32(3),314-331.
- [19] 黄羽,戴银根,毕成武,等. 长江中下游地区 6 个克氏原螯虾群体遗传多样性分析[J]. 南昌大学学报(工科版),2011,33(3): 243-247.

Genetic diversity of the red swamp crayfish(*Procambarus clarkii*) resources based on SSR markers

LI Xilian LI Fei ZHU Junjie GU Zhimin

Agriculture Ministry Key Laboratory of Healthy Freshwater Aquaculture / Key Laboratory of Freshwater Aquatic Animal Genetic and Breeding of Zhejiang Province / Zhejiang Institute of Freshwater Fisheries, Huzhou 313001, China

Abstract Genetic diversity of 8 wild stocks of red swamp crayfish (*Procambarus clarkii*) from Tonglu (TL), Taihu Lake (TH), Hubei (HB), Jiangxi (JX), Hongze Lake (HZH), Chongming (CM), Guangxi (GX), and Haiyan (HY), were investigated using 10 microsatellite DNA loci. In these 8 populations, the observed heterozygosity (H_o), expected heterozygosity (H_e), and polymorphism information content (PIC) of these populations ranged from 0.525 7 to 0.740 0, from 0.623 8 to 0.743 4, and from 0.420 9 to 0.684 0, respectively, indicating a high level of genetic diversity. The highest and lowest genetic diversity were found in the Guangxi population and Taihu population, respectively. Then, genetic distance was calculated using the MEGA 4.0 software. And the genetic distance between HB population and TH population was the smallest, while that between CM population and JX population was the largest.

Keywords *Procambarus clarkii*; simple sequence repeats (SSR); genetic diversity; genetic structure

(责任编辑:边书京)