

太平洋蓝鳍金枪鱼野生群体遗传多样性的初步研究

邱 凡, 苏永全, 傅蒙娜, 王 军*, 步雄

(厦门大学海洋与环境学院, 福建 厦门 361005)

摘要: 采用 RAPD 和微卫星(Simple sequence repeats, SSRs) 分子标记技术对太平洋蓝鳍金枪鱼(*Thunnus thynnus*) 野生群体遗传多样性进行了分析. 运用 18 个随机引物进行 RAPD 分析, 共扩增产生 96 个可统计条带, 其中多态性条带 32 条, 多态位点百分率为 33.3, Shannon's 遗传多样性指数 0.243 0, 群体平均杂合度 H 0.192 6; 在 SSRs 分析中筛选出 10 个 SSRs 引物, 多态座位比例为 100%, Shannon's 遗传多样性指数 1.162 2, 群体平均杂合度 0.648 6. 多态微卫星位点的多态信息含量(PIC) 为 0.357 1~0.818 7, 平均 0.546 2, 分析结果表明太平洋蓝鳍金枪鱼的群体遗传多样性处于较高水平.

关键词: 金枪鱼; 遗传多样性; RAPD; 微卫星

中图分类号: Q 75

文献标识码: A

文章编号: 0438-0479(2008)04-0585-06

金枪鱼(*Thunnus*) 隶属鲈形目(Perciformes), 鲭亚目(Scombroidei), 鲭科(Scombridae)^[1], 俗称鲭鱼、吞拿鱼, 分布在太平洋、大西洋、印度洋的热带、亚热带和温带广阔水域, 在我国主要分布在东海和南海^[2]. 金枪鱼以营养价值高、纯天然、无污染而享誉国际市场并有“海洋黄金”之称. 其中, 蓝鳍金枪鱼(*Thunnus thynnus*) 因常在海域深处快速游动, 不受环境污染, 鱼肉富含 DHA、EPA、核酸和多种维生素等营养成分, 肉质鲜美甘甜, 口感滑腻, 有“金枪鱼之王”的雅称, 是食客的最爱, 也是生鱼片的上选材料. 目前, 有关金枪鱼遗传多样性研究在国内尚未见报道, 本文以日本九州南部海域捕捞的太平洋蓝鳍金枪鱼野生群体为研究对象, 采用 RAPD 和微卫星分子标记技术评估了该群体的遗传多样性, 阐述了其遗传背景, 研究结果为蓝鳍金枪鱼的资源保护与利用提供了重要的理论依据.

1 材料与方法

1.1 实验材料

实验所用的 72 尾太平洋蓝鳍金枪鱼于 2006 年 4 月采自日本鹿儿岛暂养网箱. 平均叉长为 73.97 ± 3.24 cm, 平均体质量为 9.24 ± 1.20 kg, 平均体高为 21.66 ± 1.12 cm, 取背部肌肉保存于 90% 乙醇中于 -20℃ 贮存.

1.1 实验方法

1.2.1 基因组 DNA 的提取

参考 Sambrook 等的酚/氯仿抽提法^[3] 并略做修改: 每尾鱼取 15~20 mg 肌肉于 1.5 mL Eppendorf 管中, TE 缓冲液(10 mmol/L Tris, 1 mmol/L EDTA, pH=8.0) 洗涤 1~2 次, 剪碎, 加入 600 μ L DNA 抽提液(570 μ L TE + 30 μ L SDS) 和 3 μ L 蛋白酶, 消化至管内液体澄清, 分别经过 2 次混合液($V_{\text{酚}} \diamond V_{\text{氯仿}} = 25 \diamond 24$) 抽提和 1 次氯仿抽提, 二倍体积冰的无水乙醇沉淀 DNA, 以 70% 乙醇溶液洗涤, 离心晾干沉淀后加 100 μ L 无菌水 4℃ 溶解过夜. 提取出的基因组 DNA 采用 1% 琼脂糖凝胶在 Power PAC 300 电泳仪上电泳检测, 光谱测定浓度, 于 -20℃ 保存备用.

1.2.2 基因组 DNA 的 RAPD 分析

从 72 个个体中随机选取 46 个个体用于 RAPD 分析, 并从 60 个 RAPD 随机引物(S201~S240, S2101~S2120) 中筛选出 18 个扩增重复性好、带型清晰的引物(表 2). 扩增反应在 PE9700 型 PCR 仪上进行. 反应总体积 25 μ L 中, 含约模板 DNA 20 ng, 引物 10 pmol/L, dNTPs 100 μ mol/L, Mg^{2+} 1.5 mmol/L, 1 $\times$ PCR 反应 buffer, Taq DNA 聚合酶 1 U. 扩增程序经试验优化后采用: 94℃ 预变性 5 min; 然后进入 45 个循环: 94℃, 45 s; 36℃, 60 s; 72℃, 90 s; 最后在 72℃ 延伸 5 min, 4℃ 保存. 扩增产物经 1.5% 琼脂糖凝胶在 Power PAC300 电泳仪上电泳分离, 经 EB 染色后在紫外灯下观察结果并用 SONY DSC-W50 拍照.

1.2.3 基因组 DNA 的微卫星分析

从 McDowell 等^[4-6] 开发的微卫星引物中选择了 10 对扩增效果较好的引物(表 1), 由上海英骏生物技术有限公司合成. 扩增反应在 PE9700 型 PCR 仪上进

收稿日期: 2007-09-13

基金项目: 福建省科技重大专项(2004N203) 资助

* 通讯作者: junw@xmu.edu.cn

© 1994-2010 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

行. 反应总体积 25 μ L 中, 含模板 DNA 20 ng, 引物 10 pmol/L, dNTPs 100 μ mol/L, Mg^{2+} 1.5 mmol/L, 1 $\times$ PCR 反应 buffer, *Taq* DNA 聚合酶 1 U. PCR 反应中, 除引物 Ttho4 外所有引物的反应条件为: 95 $^{\circ}$ C 5 min; 94 $^{\circ}$ C 45 s; 实际退火温度(表 1), 60 s; 72 $^{\circ}$ C, 60 s, 35 cycles, 72 $^{\circ}$ C, 5 min; Ttho4 的反应条件为: 94 $^{\circ}$ C 5 min, 94 $^{\circ}$ C 60 s, 52 $^{\circ}$ C 30 s, 72 $^{\circ}$ C 30 s, 7 cycles, 94 $^{\circ}$ C 30 s, 52 $^{\circ}$ C 30 s, 72 $^{\circ}$ C 30 s, 33 cycles, 72 $^{\circ}$ C 5 min. PCR 反应结束后, 加入等量的甲酰胺变性剂(98% 甲酰胺, 10 mmol/L EDTA, 0.05% 二甲苯青, 0.05% 溴酚兰), 95 $^{\circ}$ C 加热变性 5 min, 然后立即冰浴冷却. 变性产物经 6% 的聚丙烯酰胺凝胶在 Bio Red SequiZen Cell 38 $\times$ 50 电泳仪上电泳后, 银染显色^[7].

1.2.4 数据分析

RAPD: 将 RAPD 电泳图谱记录后进行人工读带, 同一引物扩增的电泳迁移率一致的条带被认为具有同源性, 属于同一位点的产物, 按扩增阳性记为 1 和扩增阴性记为 0 的格式输入计算机, 构成 RAPD 表型数据矩阵. 同一位点的扩增片段频率大于 0.95 的位点为单态位点, 频率在 0.05 到 0.95 间为多态位点, 频率小于 0.05 的位点不纳入统计. 采用 Popgene1.32 软件分析

46 个个体间遗传参数, 分别计算其多态位点百分率 (PPB, Percentage of polymorphic bands)、群体平均杂合度 (*H*, average heterozygosity), Nei 氏基因多样性指数 (*h*, Nei's (1973) gene diversity) 和 Shannon's 信息指数 (*I*, Shannon's information index).

微卫星多态性: 在遗传变异的数据分析中, 将电泳谱带中的每条 DNA 片段作为该座位的 1 个等位基因, 在相同的迁移位置, 出现扩增带记录为 1, 无扩增带记录为 0. 利用 Popgene 1.32 软件计算每个微卫星座位的等位基因数 (*na*)、有效等位基因数 (*ne*)、等位基因频率 (Allele frequency)、期望纯合度 (Expected homozygosity, *Ho*)、杂合度 (Expected heterozygosity, *He*) 和多态信息含量 (Polymorphic information content, PIC) 等参数.

2 结果

2.1 RAPD

对太平洋蓝鳍金枪鱼野生群体的 46 个 DNA 的遗传多样性进行 RAPD 检测, 图 1 为引物 S218 和 S221 对该野生群体 46 个个体 DNA 样品的扩增结果. 18 个引物扩增出的条带数目 3~7 不等, 片段大小

表 1 10 个微卫星引物的序列及退火温度
Tab. 1 Ten SSRs loci, their sequence and annealing temperature

位点	Genebank 登录号	退火温度 ($^{\circ}$ C)	重复单元	引物序列
Tth5	AF441226	56	(CTGT) 4	F AGGGGGTGGACAAAATAAAAGG R TGGGAGTGGAGAATGACAGGAGAG
Tth10	AF441228	52	(GACA) 6	F GCTGAGCACGCATTTACTGTAG R CGTCAACCTTCCAACCTCG
Tth114	AY396538	57	(CTTT) 2(CT) 6	F TCCAGAAGATATTCCTCATTTGTA R AAGCCGTCAGCGAAGCCTAAC
Tth152	AY396539	60	(CT) 10	F ATGCCGCTCTGATGAGGTTA R CTTGTTCTTCCCCGACACTG
Tth157	AY396540	60	(CA) 13	F CAAGAGGCTTAAAGCAAACCTC R CATGAATGGGTTCCTTCATC
Tth178	AY396541	57	(CCT) 7CTT(CCT) 4(CT) 2	F AGACATCTGCAGGAAGTG R AAAGAACTGCAACATGACA
Tth185	AY396542	60	(TG) 11	F AGCCTTCGATGCACCCGTCTTAC R ATCATGCTTCCACTGCCCACTCTC
Tth21	AF441229	54	(GACA) 5	F GACAGAGAGACAGAGAGAAGGGGAG R CACAGAGTTGATAACAGCGGCAG
Tth38	AF441231	54	(GACA) 4	F ACAAGCAGCCATAGAGCAGCAC R CAACAAGCAAATGACCGCC
Ttho4	AB043131	52	(CA) 15	F CCTTCATCTTCAGTCCCATC R CTGTTTCATCTGTTCCGCC

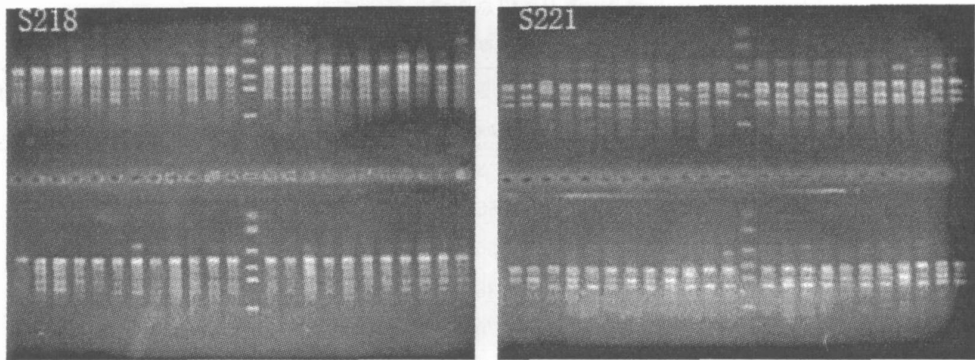


图 1 引物 S218 和 S221 的 RAPD 扩增图谱

Fig.1 RAPD amplification fingerprint of the primer S218 and S221

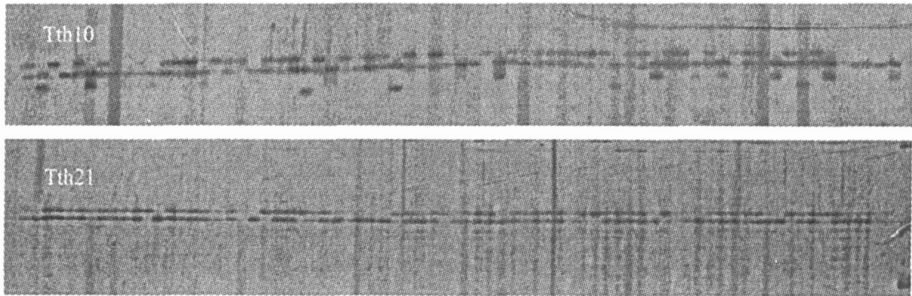


图 2 引物 Tth10 和 Tth21 的 SSRs 扩增图谱

Fig.2 SSRs amplification fingerprint of the primer Tth10 and Tth21

0.25~2.0 kb. 共扩增产生了 96 个可统计的条带, 其中检测到 32 个多态位点, 多态位点百分率为 33.3% (表 2). 基于 RAPD 分析, 日本海域太平洋蓝鳍金枪鱼野生群体内个体间的群体平均杂合度 H 为 0.192 6, Nei 氏基因多样性指数 h 为 0.129 5, Shannon's 遗传多样性指数 I 为 0.243 0.

2.2 微卫星

采用 10 对微卫星引物对太平洋蓝鳍金枪鱼野生群体 72 个个体的遗传多样性分析, 结果如表 3、4 所示. 全部位点扩增结果表明, 10 个位点在所研究的群体中都能稳定重复地扩增出相应的序列(图 2), 均表现为多态. Tth21 等位基因数目最少(2 个), Ttho4 等位基因最多(10 个); 10 个位点的杂合度观测值(Obs_Het) 范围为 0.388 9~0.986 1, Tth152 杂合度观测值(Obs_Het) 最低(0.388 9), 纯合度观测值(Obs_Hom) 最高(0.611 1), Ttho4 杂合度观测值(Obs_Het) 最高(0.986 1); 多态信息含量(PIC) 的范围为 0.357 1~0.818 7, Tth152 的 PIC 最低, Ttho4 的 PIC 最高, 与杂合度观测值的结果一致.

3 讨论

3.1 金枪鱼的种群遗传结构

表 2 用于 RAPD 扩增分析用的随机引物序列及扩增情况

Tab.2 RAPD primers and their sequence used in the analysis of the genetic diversity and the amplified results

引物	序列	统计条带数	多态性条带数	多态位点百分率/%
S201	GGGCCACTCA	6	1	16.7
S202	GGAGAGACTC	7	5	71.4
S209	CACCCCTGAG	3	2	66.7
S2101	GGAGCTGACT	3	0	0
S2104	GACAGGTTGG	5	2	40.0
S2114	CCGCGTTGAG	6	1	16.7
S2115	ACGCGAACCT	7	3	42.9
S2118	AGCCAAGGAC	5	2	40.0
S214	AATGCCGCAG	4	2	50
S216	GGTGAACGCT	3	1	33.3
S218	GATGCCAGAC	7	2	28.6
S220	GACCAATGCC	6	2	33.3
S221	TGACGCATGG	6	4	66.7
S226	ACGCCCAGGT	5	1	20.0
S227	GAAGCCAGCC	7	0	0
S228	GGACGGCGTT	4	1	25.0
S234	AGATCCCGCC	5	1	20.0
S237	ACCGGCTTGT	7	2	28.6
合计		96	32	33.3

表 3 微卫星位点的遗传参数统计

Tab. 3 Genetic parameter statistics of all SSRs loci

位点	样品数	等位基因观测数 na	有效等位基因数 ne	纯合度观测值 Obs_Hom	杂合度观测值 Obs_Het	纯合度期望值 Exp_Hom	杂合度期望值 Exp_Het	Nei 氏期望杂合度 Nei	多态信息含量 PIC
Tth5	72	4. 0000	2. 1869	0. 5139	0. 4861	0. 4535	0. 5465	0. 5427	0. 4619
Tth10	72	4. 0000	2. 2578	0. 4167	0. 5833	0. 4390	0. 5610	0. 5571	0. 4732
Tth114	72	4. 0000	2. 6136	0. 4306	0. 5694	0. 3783	0. 6217	0. 6174	0. 5515
Tth152	72	3. 0000	1. 6517	0. 6111	0. 3889	0. 6027	0. 3973	0. 3946	0. 3571
Tth157	72	6. 0000	3. 4745	0. 2917	0. 7083	0. 2828	0. 7172	0. 7122	0. 6649
Tth178	72	6. 0000	1. 7645	0. 5694	0. 4306	0. 5637	0. 4363	0. 4333	0. 3861
Tth185	72	6. 0000	3. 0784	0. 0833	0. 9167	0. 3201	0. 6799	0. 6752	0. 6321
Tth21	72	2. 0000	1. 9813	0. 4028	0. 5972	0. 5013	0. 4987	0. 4953	0. 3726
Tth38	72	7. 0000	4. 4063	0. 1806	0. 8194	0. 2215	0. 7785	0. 7731	0. 7442
Ttho4	72	10. 0000	6. 1751	0. 0139	0. 9861	0. 1561	0. 8439	0. 8381	0. 8187
Mean	72	5. 2000	2. 9590	0. 3514	0. 6486	0. 3919	0. 6081	0. 6039	0. 5462

杂合度是度量群体变异的一个重要参数. 杂合度的大小近似反映出群体遗传结构变异程度的高低. 杂合度越高, 表明该群体的遗传多样性越高; 反之, 说明群体的遗传一致性越高. 本文作者检测的蓝鳍金枪鱼杂合度观测值为 0. 388 9~ 0. 986 1(表 3), 与 Takagi 等^[6] 1999 年报道太平洋蓝鳍金枪鱼的杂合度为 0. 564 ~ 1. 000 的结果基本吻合, 说明近年来, 太平洋蓝鳍金枪鱼的群体遗传多样性仍处于较高水平, 具有一定的遗传变异潜力. 本文研究结果也与 Carlsson 等^[8] 对大西洋蓝鳍金枪鱼种群遗传结构的研究结论类似. Carlsson 等用微卫星和 mtDNA 技术对地中海不同海区 5 年间大西洋蓝鳍金枪鱼种群遗传结构的研究结果表明, 同一海区不同年份的蓝鳍金枪鱼不存在明显杂合度差异.

多态信息含量(PIC)是衡量等位基因片段多态性的理想指标. 一般认为, 在某一群体中, 当 PIC> 0. 5 时该位点表现为高度多态; 当 0. 25< PIC< 0. 5 时该位点表现为中度多态; 当 PIC< 0. 25 时该位点表现为低度多态^[9]. 由表 3 可知, 在日本海域蓝鳍金枪鱼野生群体的 10 个多态位点中, Tth114、Tth157、Tth185、Tth38、Ttho4 表现为高度多态; 其余 5 个位点表现为中度多态; 平均多态信息含量(0. 546 2)为高度多态, 也进一步证明日本海域太平洋蓝鳍金枪鱼野生种群内遗传变异大, 信息含量较高. 可见, 若能有效加强对太平洋蓝鳍金枪鱼种质资源的保护, 就可能实现太平洋蓝鳍金枪鱼资源的可持续利用, 避免出现类似大西洋鲑鱼(*Haplostethus atlanticus*)^[10] 等多种经济鱼类由于过度捕捞而出现遗传杂合度明显下降的情况.

表 4 10 个微卫星基因座位的等位基因频率

Tab. 4 Allele frequencies of 10 SSRs loci

位点	等位基因	等位基因频率	位点	等位基因	等位基因频率
Tth5	1	0. 0069	Tth185	6	0. 0069
	2	0. 0764		1	0. 0208
	3	0. 5833		2	0. 0278
	4	0. 3333		3	0. 2361
Tth10	1	0. 3611	Tth21	4	0. 4931
	2	0. 5556		5	0. 1181
	3	0. 0556		6	0. 1042
	4	0. 0278		1	0. 4514
Tth114	1	0. 5208	Tth38	2	0. 5486
	2	0. 1944		1	0. 0417
	3	0. 2708		2	0. 0625
	4	0. 0139		3	0. 1250
Tth152	1	0. 1597	Ttho4	4	0. 2222
	2	0. 0833		5	0. 3750
	3	0. 7569		6	0. 1042
Tth157	1	0. 0208		7	0. 0694
	2	0. 0903		1	0. 0069
	3	0. 3611		2	0. 0347
	4	0. 0625		3	0. 0486
	5	0. 0972		4	0. 0556
Tth178	6	0. 3681		5	0. 1042
	1	0. 0069		6	0. 1597
	2	0. 0208		7	0. 1667
	3	0. 7222		8	0. 2639
	4	0. 2083		9	0. 1458
	5	0. 0347		10	0. 0139

3.2 蓝鳍金枪鱼分类的探讨

Collette 等^[11]根据地理分布将北半球蓝鳍金枪鱼分为2个亚种:大西洋蓝鳍金枪鱼(*Thunnus thynnus thynnus*)和太平洋蓝鳍金枪鱼(*Thunnus thynnus orientalis*)。但是,Alvarado Bremer 等^[12]运用线粒体DNA控制区序列分析结果表明:大西洋和太平洋的蓝鳍金枪鱼之间的遗传距离大于金枪鱼属中任何2种金枪鱼间的遗传距离,提出了应该重新考虑它们的分类地位。通常认为,不同亲缘关系远近的物种间微卫星引物的通用率不同,物种之间随着遗传距离的增加引物的通用性降低,引物的多态性也下降^[13]。本实验利用 McDowell 等^[4-5]为大西洋蓝鳍金枪鱼微卫星序列设计的9对引物对太平洋蓝鳍金枪鱼野生群体进行微卫星扩增,结果显示这9对引物在大西洋和太平洋蓝鳍金枪鱼之间的通用性达到100%,并且每一位点具有很高的多态性(100%)。此外,Carlsson 等^[8]也成功将 Takagi 等^[6]为太平洋蓝鳍金枪鱼微卫星序列设计的引物用于大西洋蓝鳍金枪鱼微卫星分析,通用性也达到100%。据此,笔者认为北半球蓝鳍金枪鱼应分为2个不同的地理种群,它们之间是否达到亚种水平仍有待于更深入研究。

3.3 RAPD 与微卫星比较

微卫星是继 RAPD 之后的第二代分子标记,它与 RAPD 相比,具有多态性高、容易检测,结果稳定可靠和实验重复性好的特点^[14]。微卫星标记在鱼类遗传与育种中主要应用于构建分子遗传图谱、种质鉴定及遗传多样性分析、系谱分析和分子标记辅助育种等^[15]。本文 RAPD 分析结果中,多态谱带比例和群体平均杂合度分别为33.3%和0.1926;而微卫星的群体遗传参数如多态座位比例为100%、等位基因平均数为5.2(有效等位基因数为1.6517~6.1751)、群体平均杂合度为0.6486,均高于 RAPD 的分析结果。尤锋^[16]、申雪艳^[17]等也获得同样的研究结果。可见,与 RAPD 相比,高灵敏度的遗传标记微卫星能更好更完善地揭示群体的遗传多样性^[18],甚至于进行亲子鉴定、个体识别和基因组作图。相信随着微卫星技术的不断改进,微卫星必将会在各个领域中有着更为广泛的应用。

参考文献:

[1] 孟庆闻,苏锦祥.世界的鱼类[M].北京:农业出版社,1985.
[2] 赵传纲,陈思行.金枪鱼和金枪鱼渔业[M].北京:海洋出版社,1983.
[3] Sambrook J, Fritsch E F, Maniatis T. Molecular cloning: a laboratory manual [M]. New York: Cold Spring Harbor

Laboratory Press, 1989.

- [4] McDowell J R, Diaz Jaimes P, Graves E. Isolation and characterization of seven tetranucleotide microsatellite loci from Atlantic northern bluefin tuna *Thunnus thynnus thynnus* [J]. Molecular Ecology Notes, 2002, 2 (3): 214–216.
[5] Clark T B, Ma L, Saillant E, et al. Microsatellite DNA markers for population genetic studies of Atlantic bluefin tuna (*Thunnus thynnus thynnus*) and other species of genus *Thunnus* [J]. Molecular Ecology Notes, 2004, 4 (1): 70–73.
[6] Takagi M, Okamura T, Chow S, et al. PRC primers for microsatellite loci in tuna species of the genus *Thunnus* and its application for population genetic study [J]. Fisheries Science, 1999, 65(4): 571–576.
[7] Caetano Anolles G, Bassam B J, Gresshoff P M, et al. DNA silver staining [J]. Biotechnology Advances, 1997, 15(1): 175.
[8] Carlsson J, McDowell J R, Diaz Jaimes P, et al. Microsatellite and mitochondrial DNA analyses of Atlantic bluefin tuna (*Thunnus thynnus thynnus*) population structure in the Mediterranean Sea [J]. Molecular Ecology, 2004, 13: 3345–3356.
[9] Bostein D, White R, Skolnick M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms [J]. American Journal of Human Genetics, 1980, 32: 314–331.
[10] Smith P J, Francis R I C C, McVeagh M. Loss of genetic diversity due to fishing pressure [J]. Fishery Research, 1991, 10: 309–316.
[11] Collette B B, Nauen C I. Scombrids of the world [M]. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations, 1983.
[12] Alvarado Bremer J R, Naseri I, Ely B. Orthodox and unorthodox phylogenetic relationships among tunas revealed by the nucleotide sequence analysis of the mitochondrial DNA control region [J]. Journal of Fish Biology, 1997, 50: 540–554.
[13] 崔建洲, 申雪艳, 杨管品, 等. 红鳍东方鲀与假睛东方鲀的微卫星 DNA 多态性分析 [J]. 高技术通讯, 2005, 15 (12): 90–96.
[14] Barker G C. Population genetics Microsatellite DNA: a tool for population genetic analysis [J]. Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene, 2002, 96(S1): 21–24.
[15] Liu Z J, Cordes J F. DNA marker technologies and their applications in aquaculture genetics [J]. Aquaculture, 2004, 238: 1–37.
[16] 尤锋, 王伟, 吴志昊, 等. 漠斑牙鲆 (*Paralichthys letho-*

stigma)养殖群体微卫星座位遗传多态性的分析[J]. 海洋科学进展,2006,24(2): 195– 202.

[17] 申雪艳, 宫庆礼, 雷霖霖, 等. 进口大菱鲆 *Scophthalmus maximus* L. 苗种的遗传结构分析[J]. 海洋与湖沼, 2004, 35(4): 332– 341.

[18] Bentzen P, Olsen J B, McLean T R, et al. Kinship analysis of Pacific salmon: insights into mating , homing, and timing of reproduction[J]. Journal of Heredity, 2001, 92: 127– 136.

Primary Research of Genetic Diversity of the Natural Stock of Pacific Bluefin Tuna (*Thunnus thynnus*)

QIU Fan, SU Yong-quan, FU Meng-na, WANG Jun* , DING Shao-xiong
(College of Oceanography and Environmental Science, Xiamen University, Xiamen 361005, China)

Abstract: The genetic diversity of wild Pacific bluefin tuna(*Thunnus thynnus*) was investigated by using the simple sequence repeats (SSRs) and randomly amplified polymorphic DNA (RAPD). Of the random primers screened, 18 produced highly reproducible RAPD bands. A total of 96 discernible DNA fragments were detected, of which 32 being polymorphic. The percentage of polymorphic, Shannon’s index and the average heterozygosity were 33.3%, 0.243 0 and 0.192 6 respectively; Of the SSRs primers screened, 10 produced highly reproducible SSRs bands. The percentage of polymorphic, Shannon’s index and the average heterozygosity were 100%, 1.162 2 and 0.648 6 respectively. The polymorphic information content (PIC) of polymorphic loci varied between 0.357 1~0.818 7, and the average PIC was 0.546 2. It seemed that genetic diversity of the Pacific bulefin tuna population was at a high level.

Key words: *Thunnus thynnus*; genetic diversity; RAPD; SSRs

• 简 讯 •

2007 年度厦门大学获专利权项目一览表(IV)

序号	专 利 号	专利类型	发 明 创 造 名 称	发 明 人
50	200510065815.9	发明	一维竹节状硅纳米材料及其制备方法	杨勇, 李晨, 刘增涛, 辜驰
51	200510078720.0	发明	原绿球藻的显微定量方法	焦念志, 张瑶, 陈瑶
52	200510119578.X	发明	肌球蛋白抗体制备方法	陶涛, 邱凯, 梁洁, 应喜娟
53	200620121485.0	实用新型	应用于连续流动体系中的气液分离器	邱建华, 王秋泉
54	02822218.0	发明	戊型肝炎病毒单克隆抗体及其用途	夏宁邵, 张军, 顾颖, 李少伟, 葛胜祥, 何志强
55	200620149287.5	实用新型	微波陶瓷材料快速检测夹具	肖芬, 董晓盈, 王志泉, 郑敏杰, 李超
56	200610070862.7	发明	有机氯农药在纳米二氧化钛上光催化降解方法	陈曦, 余彬彬, 黄沙, 袁宁, 肖来龙
57	200510125575.7	发明	微生物还原贵金属改性 TiO2 催化剂及其制备方法	贾立山, 李清彪, 傅谋兴, 孙道华, 刘月英, 傅锦坤
58	200510072500.7	发明	抗 Axin 的抗体 C8 的制备方法	骆晶晶, 贺颖, 陈明谅, 林圣彩
59	200410002157.4	发明	A、O 型口蹄疫病毒双价 DNA 疫苗及其制备方法	陈亮, 邵寒娟, 苏勇波, 林涛
60	200510118359.X	发明	一种同时制备二种高铁酸盐的方法	廖代伟, 卢成慧, 符显珠, 林敬东, 李俊
61	200510074522.7	发明	锂锰电池二氧化锰/银复合阴极的制备方法	杨勇, 黄行康, 岳红军
62	200510129963.2	发明	一种抑制氧化锌纳米线 c 轴生长的方法	徐韬, 江智渊, 周樾, 匡勤, 谢兆雄, 郑兰荪
63	200510129969.X	发明	核壳型氧化锌/氧化锡复合纳米材料及其制备方法	匡勤, 周樾, 徐韬, 林水潮, 江智渊, 谢兆雄, 谢素原, 黄彬彬, 郑兰荪

厦门大学科技处