



克氏原螯虾养殖群体的SLAF 测序及遗传多样性分析



刘亚楠 陆颖

上海海洋大学 水产种质资源发掘与利用教育部重点实验室

引言 Introduction

克氏原螯虾 (*Procambarus clarkia*) 俗称小龙虾，属于甲壳纲(Crustacea)十足目(Decapoda)螯虾科(Cambaridae)，原产于北美洲墨西哥。因其较强的环境适应能力，种群迅速蔓延到东亚、欧洲和北非尼罗河流域，在我国现已广泛分布。在大规模水产养殖以来，其养殖业发展迅速，养殖面积也越来越大，成为有重要经济价值的养殖物种。但近年来，克氏原螯虾的养殖日益面临疫病多发和种质退化等威胁，已对克氏原螯虾养殖产业的可持续发展造成了很大影响。因此，迫切需要了解不同养殖群体内和群体间的遗传多样性和亲缘关系信息，为种间交流，品种改良提供基础的参考数据，促进克氏原螯虾养殖业的健康、可持续发展。本研究运用一种简化基因组测序的方法——SLAF测序方法，对来自国内五个省的群体进行了重测序和群体遗传多样性分析。

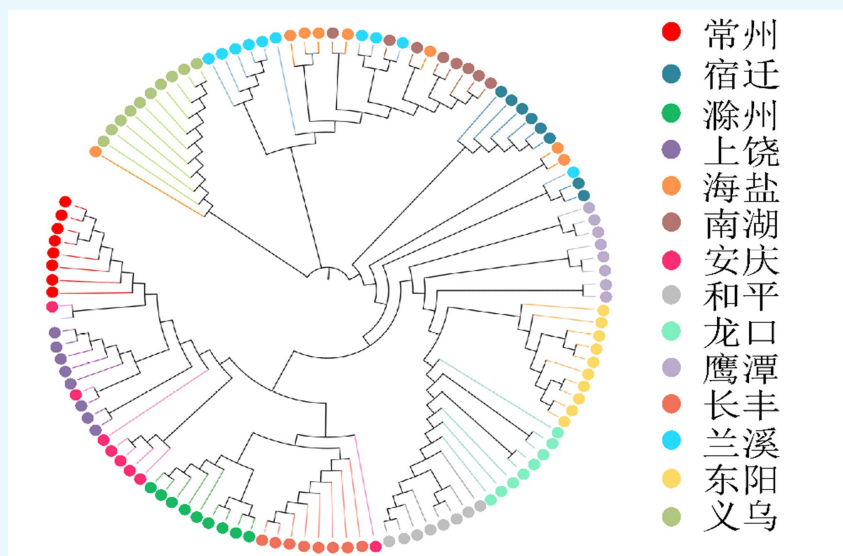
方法 Methods

- (1) 样品收集和基因组DNA提取
- (2) 简化基因组测序和标签SNP鉴定
- (3) 群体遗传结构和亲缘关系分析

结果 Results

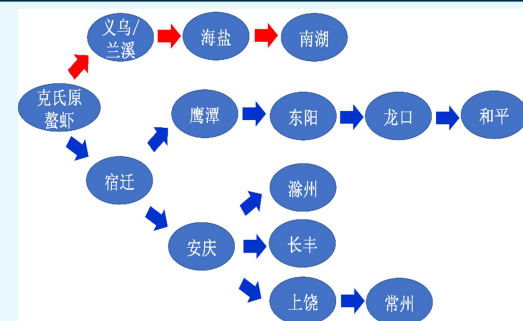
1. 群体系统进化分析

通过鉴定SNP，构建120个克氏原螯虾个体的系统进化树(如图)。显示这些样本在遗传上主要聚成2个簇(clade)，一支由浙江金华义乌和兰溪与浙江嘉兴的两个群体构成；另一支由浙江东阳和其他四省群体构成。有的群体几乎单独聚集，说明这些群体比较单一，与其他养殖点之间几乎没有交流。有的群体分布与其他群体的个体混杂，表明与其他养殖点之间交流较多。



120个个体的系统进化关系

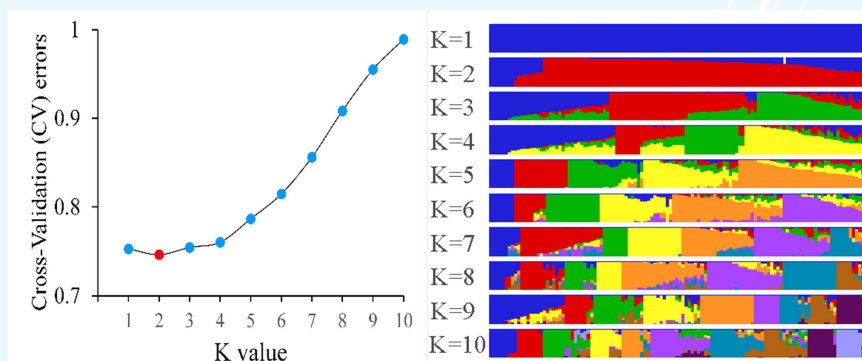
系统进化分析推测出群体的迁涉过程(如图)。在这些养殖点中，目前能回溯到与两个可能的种源：浙江义乌(或兰溪)和江苏宿迁。



预测的群体迁徙过程

2. 群体结构分析

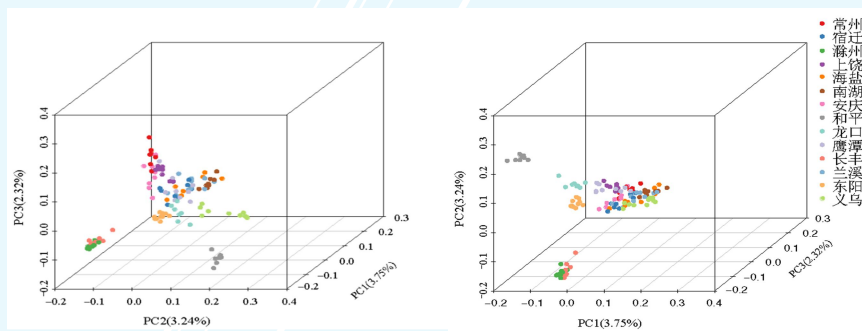
通过Admixture软件分析，克氏原螯虾群体结构中，当K=2时，对应的CV errors值最低，揭示这14个群体可能来源于两个种源，这个结果与系统进化分析结果吻合。



群体的结构分析

3. 群体主成分分析 (PCA)

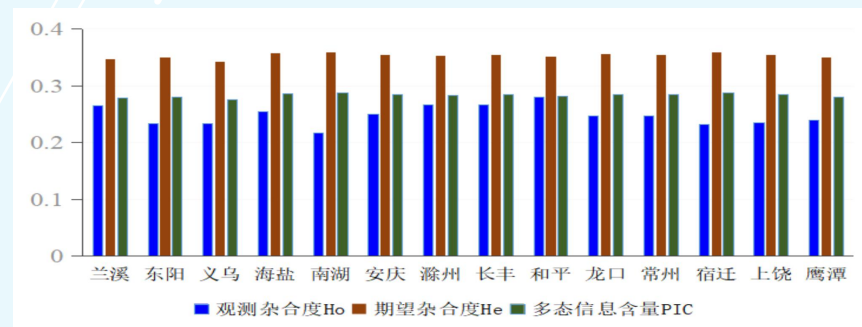
如图，主成分分析显示，安徽长丰和滁州群体亲缘关系较近，聚成1个簇。来自湖北荆州洪湖的两个群体以及浙江东阳的群体，也分别聚集成3个独立的簇，这4个簇都游离于由剩下的9个群体形成的那个主簇之外。



群体主成分分析

4. 群体遗传多样性分析

各群体PIC值<0.25，推测养殖群体遗传多样性普遍较低。



群体内遗传多样性分析

结论 Conclusion

群体简化基因组重测序获得的多态性信息远多于传统的微卫星方法，能以较低的成本实现对养殖群体遗传多样性的定期监测。