

微卫星标记与镜鲤部分生长性状的相关分析

马磊^{1,2,3}, 张晓峰^{1,3}, 张天奇^{1,4}, 孙效文^{1*}

(1.中国水产科学研究院 黑龙江水产研究所, 黑龙江 哈尔滨 150070; 2.上海海洋大学 水产与生命学院, 上海 200090; 3.农业部水产生物技术重点开放实验室, 黑龙江 哈尔滨 150070; 4.大连水产学院 生命科学与技术学院, 辽宁 大连 116023)

摘要: 利用41个SSRs标记对德国镜鲤抗寒品系F₁代的68个个体基因组DNA进行检测, 共检测到100个等位基因, 各座位等位基因2~4个, 片段长度91~376 bp, 有效等位基因1.428 7~3.945 4个, 观察杂合度0.367 6~1.000 0, 期望杂合度0.302 3~0.752 1, 平均位点多态信息含量0.405 9. 利用统计软件SPSS的GLM程序, 对41个微卫星标记与镜鲤体重、体高、头长和吻长的相关性进行分析. 结果表明, 标记*hlj354*与体重、体高、头长显著相关; 标记*hlj855*与体重、体高和吻长显著相关; 标记*hlj919*、*hlj585*与头长显著相关, 标记*hlj895*、*hlj704*与吻长显著相关.

关键词: 微卫星标记; 镜鲤; 生长性状

中图分类号: S965.116 文献标志码: A 文章编号: 1007-1032(2010)04-0453-06

Correlation between microsatellite markers and 4 growth traits in *Cyprinus carpio* L. mirror

MA Lei^{1,2,3}, ZHANG Xiao-feng^{1,3}, ZHANG Tian-qi^{1,4}, SUN Xiao-wen^{1*}

(1.Heilongjiang Fisheries Research Institute, CAFS, Harbin 150070, China; 2.College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 200090, China; 3.Liaoning, Harbin 150070, China; 4. College of Aqua-Life Science and Technology, Dalian Fisheries University, Dalian, Liaonign 116023, China)

Abstract: Forty-one microsatellite markers were selected to analyze the genomic DNA of 68 progenies derived from a family of frost-resisted mirror carp German species. The results showed that a total of 100 different alleles were found, and the number of alleles in each locus was 2 to 4. The DNA fragment length was 91 bp to 376 bp, and the number of mean valid alleles was 1.428 7 to 3.945 4. The value of observed heterozygosity was 0.367 6 to 1.000 0, expected heterozygosity was 0.302 3 to 0.752 1 and the mean polymorphism information content (PIC) was 0.405 9. A GLM procedure was used to analyze the effects of these 41 microsatellites on body weight, height, head length and upper jaw length, followed by the outcome that marker *hlj354* had a significant impact on body weight, length and head length; *hlj855* on body weight, height and upper jaw length; *hlj919* and *hlj585* on head length. *hlj895* and *hlj704* on upper jaw length.

Key words: microsatellite marker; *Cyprinus carpio* L. mirror; growth trait

鲤科鱼类是养殖范围最广的重要经济鱼类. 为 改变近年来鲤养殖生产中出现的生长缓慢、产量下

收稿日期: 2009-11-18

基金项目: 国家重大基础研究计划项目(2004CB117405)

作者简介: 马磊(1983—), 男, 山东龙口人, 硕士研究生, 主要从事动物遗传育种与繁殖研究, mxj0716@163.com; *通讯作者, sunxw2002@163.com

降和抗病力差等问题,20世纪80年代,黑龙江水产研究所从欧洲引进了德国镜鲤(*Cyprinus carpio L. mirror*),经过4代选育,在抗寒、抗病等性状上有很大提高^[1].微卫星具有共显性、多态性高、遗传稳定等优点,在自然种群研究方面具有很多其他分子研究方法所不具有的优点^[2],在对鲤鱼分子水平的研究方面应用广泛,如微卫星分子标记的开发^[3-6],鲤鱼遗传连锁图谱的建立^[7]和抗寒标记的QTL定位^[8]以及鲤鱼群体遗传学的研究^[9-12].遗传连锁图谱是经济性状定位分析的有效工具,斑马鱼(*Danm rerio*)^[13-14]、青鳉(*Oryzias latipes*)^[15-16]、虹鳟(*Oncorhynchus mykiss*)^[17-18]、尼罗罗非鱼(*Oreochromis niloticus*)^[19-21]、斑点叉尾鮰(*Ictalurus punctatus*)^[22-23]、鲤鱼^[6]等已建立了遗传连锁图谱.笔者以41个微卫星座位的多态性为基础,分析其与镜鲤体重、体高、头长和吻长间的相关性,旨在为鲤鱼经济性状的进一步QTL定位及分子辅助育种奠定基础.

1 材料和方法

1.1 材料

41个微卫星标记,其扩增和分型效果都很好.所有引物均由上海生工生物工程技术有限公司合成.生化试剂均购自美国Promega公司,其他试剂为分析纯.

主要仪器有Epson Perfection V100扫描仪、PE9700型PCR仪(PE公司).

1.2 方法

取健康成熟的德国镜鲤选育系(F₄)雌、雄鱼各1尾,交配产生F₁代.将68个F₁个体在水族箱内饲养4个月,2008年10月,对该群体进行表型测定、表型和基因型分析.

根据文献[24]的方法对表型吻长、头长、尾长、眼间距进行测定和计算.

参照文献[25]对高相对分子质量基因组DNA进行提取和纯化.PCR反应体系25 μL:10×Buffer 15 μL, Mg²⁺(25 mmol/L)1 μL, dNTPs (2 mmol/L)1 μL, 上下游引物(10 μmol/L)各1 μL,模板DNA 1 μL, Taq DNA聚合酶(Promega)1 U, dd H₂O 4.8 μL. PCR反

应程序为:94℃预变性3 min;94℃变性20 s,50~65℃退火20 s,72℃延伸30 s,28个循环;72℃延伸10 min.用8%非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳,结合银染法显色,检测反应后的PCR产物.溴酚蓝为上样液(0.25%溴酚蓝,40%蔗糖水溶液).扫描成像,分析每个个体的基因型.

1.3 统计分析

用PopGene (Version 3.2)软件统计各微卫星基因座的等位基因频率、等位基因数、有效等位基因数、群体杂合度和多态信息含量.通过Shapiro-Willk检验表型性状的频率分布是否显著偏离正态分布.该检验在SPSS中完成.采用SPSS13.0软件包中广义线性模型(GLM)对镜鲤表型性状与41个微卫星座位的相关性进行最小二乘方差分析.

2 结果与分析

2.1 表型性状分布

被测量的4个生长性状都显示出连续变异的特点(表1),表明这些性状都是典型的数量性状,由多基因遗传,其中头长和吻长的差异比较大.4个性状均符合正态分布.

表1 镜鲤体重、体高、头长、吻长的正态分布检验
Table 1 Test of gaussian distribution in body weight, height, head length and upper jaw length

生长性状	平均值	偏度	峰度	最小值	最大值	P 值
体重/g	243.43±44.13	0.72	1.80	141.00	389.00	0.03
体高/cm	8.22±0.63	-0.11	0.24	6.54	9.71	0.55
头长/cm	5.34±0.41	-0.18	-0.07	4.33	6.34	0.86
吻长/cm	1.83±0.23	-0.18	-0.02	1.19	2.28	0.98

2.2 PCR扩增结果

用41对微卫星引物对68个个体的基因组DNA进行PCR扩增和电泳检测,各微卫星均获得了稳定、清晰的DNA条带,并在个体间表现出不同程度的多态性.

2.3 微卫星基因多态性检测

利用41个SSRs标记,对镜鲤抗寒品系F₁代的

68 个个体基因组 DNA 进行检测,共检测到 100 个等位基因,各座位等位基因 2~4 个,等位基因片段长度 91~376 bp,有效等位基因 1.428 7~3.945 4 个,观察杂合度 0.367 6~1.000 0,期望杂合度 0.302 3~0.752 1,平均位点多态信息含量 0.405 9,平均等位

基因 2.4 个,平均观察杂合度 0.616 6,平均期望杂合度 0.482 2(表 2)。其中, *hlj044*、*hlj551*、*hlj752* 和 *hlj886* 座位的等位基因数(4 个)最多,有 27 个座位的等位基因数(2 个)最少。

表 2 群体在 41 个微卫星标记基因位点的统计信息

Table 2 Statistic information of 41 microsatellites genetic loci in the population

基因座	等位基因/个	等位基因片段长度/bp	有效等位基因/个	观测杂合度	期望杂合度	多态信息含量	等位基因频率			
							A	B	C	D
<i>hlj044</i>	4	219~240	3.816 8	0.985 3	0.743 5	0.689 4	0.257 4	0.323 5	0.250 0	0.169 1
<i>hlj1330</i>	3	160~177	2.717 6	0.823 5	0.636 7	0.559 4	0.301 5	0.220 6	0.477 9	
<i>hlj091</i>	3	152~197	2.583 6	0.697 0	0.617 6	0.541 8	0.515 2	0.197 0	0.287 9	
<i>hlj383</i>	2	229~236	1.618 8	0.514 7	0.385 1	0.309 2	0.257 4	0.742 6		
<i>hlj046</i>	2	198~207	1.562 2	0.470 6	0.362 5	0.295 1	0.764 7	0.235 3		
<i>hlj673</i>	3	201~225	2.298 5	0.640 6	0.569 4	0.503 3	0.593 8	0.203 1	0.203 1	
<i>hlj919</i>	2	351~376	1.990 8	0.593 2	0.502 0	0.373 8	0.533 9	0.466 1		
<i>hlj107</i>	2	186~196	1.727 6	0.602 9	0.424 3	0.332 5	0.301 5	0.698 5		
<i>hlj111</i>	2	166~191	1.710 1	0.588 2	0.418 3	0.329 0	0.294 1	0.705 9		
<i>hlj669</i>	3	223~235	2.991 9	0.852 9	0.670 7	0.591 6	0.308 8	0.345 6	0.345 6	
<i>hlj843</i>	2	154~165	1.466 8	0.397 1	0.320 6	0.267 6	0.198 5	0.801 5		
<i>hlj551</i>	4	198~214	3.736 6	1.000 0	0.737 8	0.683 3	0.345 6	0.161 8	0.264 7	0.227 9
<i>hlj752</i>	4	166~181	3.945 4	1.000 0	0.752 1	0.699 2	0.220 6	0.279 4	0.279 4	0.220 6
<i>hlj483</i>	2	127~138	1.998 3	0.588 2	0.503 3	0.374 8	0.485 3	0.514 7		
<i>hlj895</i>	2	291~310	1.999 6	0.485 3	0.503 6	0.374 9	0.492 6	0.507 4		
<i>hlj119</i>	2	154~160	1.825 9	0.691 2	0.455 7	0.350 0	0.345 6	0.654 4		
<i>hlj585</i>	2	175~199	1.428 7	0.367 6	0.302 3	0.255 0	0.183 8	0.816 2		
<i>hlj731</i>	2	150~158	1.692 2	0.573 5	0.412 1	0.325 4	0.286 8	0.713 2		
<i>hlj338</i>	2	161~173	1.581 1	0.485 3	0.370 3	0.300 0	0.757 4	0.242 6		
<i>hlj855</i>	2	151~167	1.581 1	0.485 3	0.370 3	0.300 0	0.757 4	0.242 6		
<i>hlj866</i>	4	256~345	3.897 2	1.000 0	0.748 9	0.695 7	0.294 1	0.213 2	0.205 9	0.286 8
<i>hlj049</i>	3	207~228	2.732 1	0.794 1	0.638 7	0.562 0	0.286 8	0.477 9	0.235 3	
<i>hlj354</i>	3	228~346	2.625 0	0.764 7	0.623 6	0.548 3	0.507 4	0.279 4	0.213 2	
<i>hlj531</i>	2	119~136	1.543 1	0.455 9	0.354 6	0.290 0	0.772 1	0.227 9		
<i>hlj545</i>	3	133~159	2.659 8	0.705 9	0.628 6	0.553 3	0.272 1	0.500 0	0.227 9	
<i>hlj435</i>	2	91~123	1.895 1	0.764 7	0.475 8	0.360 8	0.382 4	0.617 6		
<i>hlj557</i>	3	146~178	2.585 4	0.455 9	0.617 8	0.544 4	0.522 1	0.235 3	0.242 6	
<i>hlj690</i>	3	209~304	2.617 6	0.985 3	0.622 5	0.546 7	0.286 8	0.507 4	0.205 9	
<i>hlj704</i>	2	152~190	1.447 7	0.382 4	0.311 5	0.261 5	0.191 2	0.808 8		
<i>hlj705</i>	2	183~201	1.692 2	0.573 5	0.412 1	0.325 4	0.713 2	0.286 8		
<i>hlj706</i>	2	119~138	1.761 9	0.602 9	0.435 6	0.338 9	0.683 8	0.316 2		
<i>hlj322</i>	2	185~196	1.637 4	0.529 4	0.392 2	0.313 5	0.264 7	0.735 3		
<i>hlj347</i>	2	261~283	1.530 5	0.446 2	0.349 3	0.286 6	0.776 9	0.223 1		

续表

基因座	等位基因/个	等位基因片段 长度/bp	有效等位基因/个	观测杂合度	期望杂合度	多态信息含量	等位基因频率			
							A	B	C	D
<i>hlj481</i>	2	136~151	1.571 2	0.477 6	0.366 3	0.297 5	0.238 8	0.761 2		
<i>hlj1207</i>	3	155~178	2.345 9	0.671 9	0.578 2	0.508 5	0.171 9	0.250 0	0.578 1	
<i>hlj925</i>	2	270~316	1.618 8	0.514 7	0.385 1	0.309 2	0.257 4	0.742 6		
<i>hlj1438</i>	2	172~207	1.474 5	0.403 0	0.324 2	0.270 0	0.201 5	0.798 5		
<i>hlj360</i>	2	209~235	1.581 1	0.485 3	0.370 3	0.300 0	0.757 4	0.242 6		
<i>hlj377</i>	2	96~112	1.761 9	0.632 4	0.435 6	0.338 9	0.316 2	0.683 8		
<i>hlj405</i>	2	247~295	1.466 8	0.397 1	0.320 6	0.267 6	0.198 5	0.801 5		
<i>hlj489</i>	2	253~292	1.466 8	0.397 1	0.320 6	0.267 6	0.801 5	0.198 5		

在同一个微卫星标记中，各等位基因频率之和为 1。观察杂合度和期望杂合度理论上应该是非常接近的，如本试验中 41 个微卫星标记中，*hlj091*、*hlj843*、*hlj585* 的值都非常接近，但 *hlj044*、*hlj483* 的值相差很大，其原因可能是试验所用样本容量不够大，使观测值与理论值之间存在较大差距，也可能是聚丙烯凝胶电泳以及银染显色的操作误差影响了试验结果。

2.4 微卫星座位与 4 个生长性状的相关性

对标记座位与镜鲤体重、体高、头长和吻长的连锁显著性检验结果表明，在 41 个微卫星座位中，标记 *hlj354* 与体重、体高、头长显著相关，标记 *hlj855* 与体重、体高和吻长显著相关，标记 *hlj919*、*hlj585* 与头长显著相关，标记 *hlj895*、*hlj704* 与吻长显著相关。对差异显著标记进行不同基因型、不同性状的多重比较(Duncan 法)结果见表 3。

表3 差异显著的6个微卫星位点不同基因型的体重、体高、头长和吻长
Table 3 Body weight, height, head length and upper jaw length in 6 microsatellite loci variations

座位	基因型	镜鲤数/尾	体重/g	体高/cm	头长/cm	吻长/cm
<i>hlj585</i>	AB	25	253.840 0±46.167 8	8.315 2±0.596 1	5.476 4±0.338 7	1.887 6±0.187 4
	BB	43	237.372 1±42.268 3	8.161 6±0.655 8	5.267 9±0.432 5	1.795 1±0.251 3
<i>hlj855</i>	AA	35	233.114 3±42.697 4	8.044 3±0.546 4	5.280 9±0.427 5	1.773 7±0.241 7
	AB	33	254.363 6±43.598 9	8.402 4±0.676 2	5.412 1±0.386 9	1.887 9±0.210 8
<i>hlj704</i>	AB	26	236.576 9±38.975 0	8.171 2±0.546 8	5.382 7±0.380 9	1.905 0±0.210 6
	BB	42	247.666 7±46.989 7	8.247 1±0.687 8	5.321 0±0.430 8	1.782 1±0.235 7
<i>hlj919</i>	AA	14	(233.714 3±49.330 0) a	8.224 3±0.688 6	(5.252 9±0.357 9)a	1.771 4±0.281 6
	AB	34	(244.428 0±33.858 1)ab	8.204 3±0.605 4	(5.363 4±0.382 6)ab	1.864 3±0.196 2
	BB	10	(270.000 0±61.750 4)b	8.397 0±0.863 7	(5.616 0±0.486 2)b	1.829 0±0.297 7
<i>hlj895</i>	AA	17	239.470 6±54.137 6	8.055 3±0.783 5	(5.177 1±0.500 3)a	(1.698 2±0.221 3)a
	AB	33	249.697 0±44.990 6	8.341 5±0.623 3	(5.371 2±0.362 9)ab	(1.841 2±0.220 7)b
	BB	18	235.666 7±30.837 3	8.145 6±0.463 9	(5.453 9±0.372 8)b	(1.930 6±0.217 8)b
<i>hlj354</i>	AA	16	(224.437 5±44.068 0)a	(8.066 9±0.676 2)a	(5.063 8±0.412 3)a	(1.705 6±0.202 4)a
	AB	23	(239.826 1±32.828 2)a	(8.123 9±0.607 8)a	(5.383 5±0.388 5)b	(1.873 9±0.261 6)b
	AC	14	(277.428 6±39.022 1)b	(8.636 4±0.496 2)b	(5.553 6±0.301 4)b	(1.908 6±0.228 3)b
	BC	15	(237.466 7±50.042 6)a	(8.133 3±0.635 2)a	(5.389 3±0.406 0)b	(1.818 0±0.179 6)ab

对于标记 *hlj585*、*hlj855* 和 *hlj704*，即使差异显著，但由于其基因型均只有 2 种，所以不能进行多重比较。

在标记中 *hlj919*，基因型 BB 个体的体重、体

高、头长均高于其他基因型。在体重、头长方面，BB 个体值显著高于 AA 个体；在吻长方面，AB 个体高于 AA 个体，但各基因型之间差异不显著。

在标记 *hlj895* 上检测到 3 种基因型，在头长及

吻长方面, *BB* 个体的头长及吻长值最大, 显著高于 *AA* 个体; 在体高和体重上, 3 种基因型差异不显著. 在所有基因型中, 含有等位基因 *B* 个体的头长和吻长均较高, 所以, 等位基因 *B* 与头长和吻长呈正相关.

在标记 *hlj354* 中, *AC* 基因型个体的体重、体高、头长、吻长均高于其他基因型. *AC* 个体的体重、体高与其他基因型差异显著, *AA* 个体的头长显著低于其他基因型个体, 吻长显著低于 *AB* 和 *AC* 基因型个体, 与 *BC* 基因型个体差异不显著.

3 结论与讨论

在实际分型过程中, 基因型出现频率太小时缺少分析价值, 因此, 在实际统计分析中, 每种基因型至少有 3 次观察值才被考虑. 本研究结果表明, 标记 *hlj354* 与体重、体高、头长显著相关, 标记 *hlj855* 与体重、体高和吻长显著相关, 标记 *hlj919*、*hlj585* 与头长显著相关, 标记 *hlj895*、*hlj704* 与吻长显著相关.

将本研究结果与张研等^[26-27]利用大头鲤/荷包红鲤抗寒品系重组自交系群体构建的遗传连锁图谱进行比较、验证. 与主要经济性状相连锁的 6 个标记中, *hlj585* 与头长显著相关, 而 QTL 定位结果为与体重显著相关, 此标记在 QTL 图谱中定位在第 29 连锁群的 *hlj119* 至 *hlj585*. *hlj855* 与体重、体高和吻长显著相关, 而 QTL 定位结果为与体长显著相关, 此标记在 QTL 图谱中定位在第 11 连锁群的 *hlj231* 至 *hlj665*. *hlj895* 与吻长显著相关, 而 QTL 定位结果为与头长显著相关, 此标记在 QTL 图谱中定位在第 10 连锁群的 *hlj643* 至 *hlj1163*. 此结果中, 达显著水平的关联, 在一定程度上可以说明这些标记与决定生长性状的基因具有连锁关系.

在这些关联中, 出现了 1 个标记与几个性状相关(如 *hlj354* 与体重、体高与头长相关, *hlj855* 与体重、体高和吻长相关, *hlj852* 与体重、体长和吻长相关), 或几个标记与 1 个性状相关(如 *hlj354*、*hlj855* 都与体重相关, *hlj919*、*hlj354*、*hlj585* 都与头长相关, *hlj354*、*hlj855* 都与体高相关, *hlj895*、*hlj855*、

hlj704 都与吻长相关), 说明标记 *hlj354* 背后基因表达的蛋白, 既与体重相关, 也与体高和头长相关; 标记 *hlj855* 背后基因表达的蛋白, 既与体重相关, 也与体高和吻长相关; 标记 *hlj852* 背后基因表达的蛋白, 既与体重相关, 也与体长和吻长相关. 因为可用于比较的其他鲤鱼体重、体高、头长、吻长的 QTL 定位结果还很少, 所以, 试验所得的遗传标记结果还有待分析和验证.

参考文献:

- [1] 刘明华, 白庆利, 沈俊宝. 德国镜鲤选育及生产应用研究[J]. 黑龙江水产, 1995(3): 4-10.
- [2] Crooijmans R P M A, Poel J J, Groenen M A M. Microsatellite markers in common carp (*Cyprinus carpio* L.)[J]. Animal Genetics, 1997, 28: 129-134.
- [3] Aliah R S, Takagi M, Dong S. Isolation and inheritance of microsatellite markers in the common carp (*Cyprinus carpio*) [J]. Fisheries Science, 1999, 65(2): 235-239.
- [4] 魏东旺, 楼允东, 孙效文, 等. 鲤鱼微卫星分子标记的筛选[J]. 动物学研究, 2001, 22(3): 238-241.
- [5] Yue G H, Ho M Y, Orban L. Microsatellites within genes and ESTs of common carp and their applicability in silver crucian carp[J]. Aquaculture, 2004, 234: 85-98.
- [6] Sun X W, Liang L Q. A genetic linkage map of common carp (*Cyprinus carpio* L.) and mapping of a locus associated with cold tolerance[J]. Aquaculture, 2004, 238: 165-172.
- [7] 梁利群, 孙效文. 鲤耐寒性状分子标记在遗传连锁图谱上的定位[J]. 大连水产学院学报, 2003, 18(4): 278-281.
- [8] Lal K K, Chauhan T, Mandal A. Identification of microsatellite DNA markers for population structure analysis in Indian major carp, *Cirrhinus mrigala* [J]. Journal of Applied Ichthyology, 2004, 20(2): 87-91.
- [9] Kohlmann K, Gross R, Murakaveva A. Genetic variability and structure of common carp (*Cyprinus carpio*) populations throughout the distribution range inferred from allozyme, microsatellite and mitochondrial DNA markers[J]. Aquatic Living Resources, 2003, 16: 421-431.
- [10] Liao X L, Yu X M, Tong J. Genetic diversity of common carp from two largest Chinese lakes and the Yangtze River revealed by microsatellite markers [J]. Hydrobiologia, 2006, 568: 445-453.

- [11] Quan Ying-chun ,Sun Xiao-wen ,Liang Li-qun. Microsatellite variation among four breeding populations of common carps[J] . Zoological Research , 2005 , 28(6) : 595-602 .
- [12] Galton F .Natural Inheritance[M] .London : Macmillan , 1889 .
- [13] Posflethwait J H , Johnson S , Midson C N . A genetic linkage map for the zebrafish[J] . Science , 1994 , 264 : 699-703 .
- [14] Johnson S L , Gates M A , Johnson M . Centmmere-linkage analysis and consolidation of the zebrafish genetic map[J] . Genetics , 1996 , 142 : 1277-1288 .
- [15] Wada H , Namse K , Shimada A . Genetic linkage map of a fish , the Japanese medaka[J] . Mol Mar Biol Biotechnol , 1995(4) : 269-274 .
- [16] Naruso K , Fukamachi S , Mitani H . A detailed linkage map of medaka , or comparative genomics and genome evolution[J] . Genetics , 2000 , 154 : 1773-1784 .
- [17] Young W P , Wheeler P A , Coryell V H . A detailed linkage map of rainbow trout produced using doubled haploids[J] , Genetics , 1998 , 148 : 839-850 .
- [18] Nichols K M , Young W P , Dannmann R G . A consolidated linkagemap for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*)[J] . Anita Genet , 2003 , 34 : 102-115 .
- [19] Kocher T D ,Lee W J ,Sobolewska H .A genetic linkage map of a cichlid fish , the tilapia(*Oreochromis niloticus*)[J] . Genetics , 1998 , 148 : 1225-1232 .
- [20] Agresti J J , Seki S , Cnaani A . Breeding new strains of tilapia : Development of an artificial center of origin and linkage map based on AFLP and microsatellite loci [J] . Aquaculture , 2000 , 185 : 43-56 .
- [21] McConnell S K , Beynon C , Leamon J . Microsatellite marker based genetic linkage maps of *Oreochromis aereus* and *Oreochromis niloticu* : Extensive linkage group segment homologies revealed[J] . Anita Genet , 2000 , 31 : 214-218 .
- [22] Waldbieser G C , Bosworth B G , Normeman D J . A microsatellite-based genetic linkage map for channnd catfish , *Ictalurus punctatus*[J] . Genetics , 2001 , 158 : 727-734 .
- [23] Liu Z ,Karsi A . An AFLP-based genetic linkage map of channel catfish(*Ictalurus punctatus*) constructed by using an intempacific hybrid resource family [J] . Genetics , 2003 , 165 : 687-694 .
- [24] 伍献文 . 中国鲤科鱼类志[M] . 上海 : 上海科学技术出版社 , 1964 .
- [25] 萨姆布鲁克 J , 拉塞尔 D W . 分子克隆实验指南 [M] . 北京 : 科学出版社 , 2002 : 8 .
- [26] 张研 , 梁利群 , 常玉梅 , 等 . 鲤鱼体长性状的QTL定位及其遗传效应分析 [J] . 遗传 , 2007 , 29(10) : 1243-1248 .
- [27] 刘继红 , 张研 , 常玉梅 , 等 . 鲤鱼(*Cyprinus carpio* L.) 头长、眼径、眼间距QTL的定位[J] . 遗传 , 2009 , 31(5) : 508-514 .

责任编辑: 王赛群

英文编辑: 罗文翠