

卵胎生鱼许氏平鲷(*Sebastes schlegelii*) 雌亲家系的微卫星鉴定*

初冠因¹ 姜黎明¹ 于海洋¹ 张正睿¹ 王亚楠¹ 姜海滨² 张全启¹

(1. 中国海洋大学海洋生命学院 青岛 266003; 2. 山东省海洋水产研究所 烟台 264006)

提要 本研究利用 17 对微卫星标记对 4 个许氏平鲷雌本所生家系进行初步鉴别。结果表明, 17 个位点在家系#1 中可以获得的雄亲等位基因数为 1—2 个, 家系#2 扩增的雄亲等位基因数为 2—5 个, 另外 2 个家系中扩增的雄亲等位基因数为 2—4 个, 未出现 6 个以上等位基因的情况, 初步断定, 家系#1 为一雌一雄交尾的全同胞家系, 家系#3 和#4 是一雌二雄交尾的半同胞家系, 而家系#2 为一雌三雄交尾的半同胞家系。本文结果可为今后建立以家系为基础的许氏平鲷遗传图谱构建、生产性状的遗传力估算及选择育种体系建立提供一定的理论基础和技术支撑。

关键词 微卫星标记; 卵胎生; 许氏平鲷; 家系鉴定

中图分类号 S965

许氏平鲷(*Sebastes schlegelii*), 俗称“黑鲷”, 属鲷形目、鲷亚目、鲷科、平鲷亚科、平鲷属(成庆泰等, 1987), 是分布西北太平洋近岸的温水性鱼种, 广泛分布于东海、黄海和渤海, 属于卵胎生鱼种(Yamada *et al.*, 1991), 一般栖息在岩礁附近水域(陈大刚, 1991)。由于其肉质鲜美、营养丰富, 且个体较大、生长快速, 具有较高的经济价值, 近几年来已成为最受欢迎的经济鱼类之一, 随着沿海渔业资源的逐步匮乏, 其海捕产量已无法满足市场的需求, 因此在北方沿海进行许氏平鲷的人工增养殖具有重要的经济效益和社会效益。

为了实现对许氏平鲷渔业资源的保护, 需要对其野生群体遗传结构及遗传多样性进行充分了解, 而许氏平鲷人工苗种培育成功后, 高效可持续养殖业发展, 需要对其进行遗传育种研究。由于许氏平鲷为卵胎生, 一般为 10 月份交尾, 翌年 4 月底—5 月产仔, 人工育苗简单可行。但人为控制交尾和家系建立较难, 因为在自然状态下, 雌性亲鱼是只与一尾雄鱼交尾, 还是可以与多条雄鱼交尾, 目前尚不清楚。因此, 在无法人为控制交尾的前提下, 鉴定自然交尾的雌性

亲鱼所生“雌亲家系”是一雌一雄的全同胞家系, 还是一雌多雄的半同胞家系, 对于许氏平鲷遗传育种研究至关重要。也就是说, 利用分子生物学手段对雌亲家系进行亲子鉴定是许氏平鲷开展家系选育和群体选育的重要技术基础。亲子鉴定(parentage identification)也称亲权鉴定, 是一种法医学上的术语, 就是利用医学、生物学和遗传学的理论和技术, 从子代和亲代的形态构造或生理机能方面的相似特点, 分析遗传特征, 判断父母与子女之间是否是亲生关系。其检测的原理是: 一个微卫星座位的两个等位基因或为纯合或为杂合, 在子代个体中将表现为孟德尔的分离和自由组合规律, 即子代中的基因型虽然与亲本中的基因型不一样, 但两个等位基因肯定一个来自母本, 对应的另一个等位基因则来自父本。

进行亲子鉴定的方法有多种, 其中, 微卫星标记是常用的方法之一。微卫星标记具有丰富的多态性和简单的遗传方式, 其数量大、分布广且均匀、多态信息含量高、共显性遗传、分析方便、服从孟德尔遗传规律等优点(张云武等, 2001), 因此在亲缘关系分析、个体鉴定、亲子鉴定(张亚平等, 1995)以及疾病控制、

* 国家高技术研究发展计划(863)项目“重要鲷类良种培养”, 2012AA10A408 号。初冠因, E-mail: xiaonan8177@163.com

通讯作者: 张全启, 博士, 教授, E-mail: qzhang@ouc.edu.cn

收稿日期: 2011-12-29, 收修改稿日期: 2012-03-21

标记辅助选择等方面得到广泛应用, 同时在遗传多样性的检测(Xu *et al.*, 2000)、濒危物种的保护、良种选育和基因作图(Moore *et al.*, 1999; Lee *et al.*, 1996)等领域得到了广泛的应用(Wright *et al.*, 1994)。近年来, 微卫星标记已应用于多种水产动物的亲缘关系分析(Jerry *et al.*, 2004; Jackson *et al.*, 2003; Rodzen *et al.*, 2004; Hara *et al.*, 2003; Selvamani *et al.*, 2001; 王鸿霞等, 2008; 高焕等, 2007), 因其特有的优点, 可进行有效的实验分析。微卫星标记在许氏平鲷中的应用已有研究(An *et al.*, 2009; Yoshida *et al.*, 2005), 但微卫星标记应用于许氏平鲷亲缘关系的鉴定尚未见报道。本文用 17 对多态性微卫星标记对许氏平鲷雌亲家系进行家系鉴别的初步研究, 为选育优良品种提供了一定的理论基础和技术支撑, 并且为进一步的家系特异性标记开发与应用奠定基础, 为改善繁育计划提供指导。

1 材料与方法

1.1 材料

实验用许氏平鲷 (*Sebastes schlegelii*)材料取自于山东烟台泰华海珍品有限公司。2010 年 10 月, 取野生亲鱼 300 尾, 其中雌鱼 100 尾, 雄鱼 200 尾, 养殖于室外池塘中进行自然交尾。交尾结束后, 将雌亲鱼移至室内养殖池越冬并进行强化培育, 到翌年 4 月底—5 月初产仔, 产仔时, 每条雌鱼单独一个养殖池, 分开饲养, 单独产仔和苗种培育, 本实验将这类家系定义为“雌亲家系”。育苗水温大约在 $(12\pm 1)^{\circ}\text{C}$, 待仔鱼长到 1 月龄时, 选取后代数量较多的 4 尾雌亲鱼所生家系进行随机取样, 每个家系中各取 24 尾, 用 75% 乙醇固定保存, 带回实验室, 24h 后更换 1 次固定液, 常温保存备用。

1.2 DNA 提取和微卫星分析

取许氏平鲷雌鱼和仔鱼的肌肉组织 50mg 左右, 用常规酚-氯仿抽提法提取基因组 DNA, 用 TE 溶解。取 DNA 样品 1 μL 与 3 μL 6 \times Loading Buffer 混合, 用 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测其纯度, 紫外分光光度计测定其浓度, 然后用 TE 溶液将 DNA 稀释至 50ng/ μL , -20°C 保存备用。

选取 17 对微卫星引物(表 1)对各个家系进行 PCR 扩增, PCR 反应体系如下: 1 μL DNA 模板, 2.5 μL 10 \times buffer, 引物各 0.5 μL (10 $\mu\text{mol}/\text{mL}$), 2 μL dNTP (10 mmol/L), 0.2 μL *Taq* (5U/ μL), 用 ddH₂O 补足 25 μL 。循环反应程序为: 94 $^{\circ}\text{C}$ 下预变性 5min, 94 $^{\circ}\text{C}$ 下变性

30s, 45—65 $^{\circ}\text{C}$ 中选取 6 个温度梯度, 退火 30s (具体退火温度见表 1), 72 $^{\circ}\text{C}$ 下延伸 30s, 共进行 30 个循环; 最后于 72 $^{\circ}\text{C}$ 下延伸 10min, 4 $^{\circ}\text{C}$ 保存。用 12% 的非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测 PCR 产物, EB 染色、照相, 保存分析结果。

2 结果

2.1 基因组 DNA 提取结果

1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测浓度和纯度。提取的基因组 DNA 经琼脂糖电泳分析, 主带清晰可见, 没有蛋白质的混杂和降解, 是进行 PCR 的理想材料, 能满足下一步实验要求。

2.2 PCR 扩增结果

本次实验共利用 17 对微卫星引物, 分别对 4 个雌性亲本及其 24 个子代个体进行逐个微卫星的 PCR 扩增, 扩增结束后于 8% 的非变性聚丙烯酰胺凝胶进行电泳分析, 结果如图 1。由图 1 可以看出, 雌亲家系#1 的母本基因型为杂合子, 子代 24 个个体只出现了 2 种基因型, 推测其可能的父本基因型为纯合子。

图 2 是位点 JQ246477 在雌亲家系#1 中的扩增结果, 可以看出, 其母本基因型为杂合子, 其子代中出现了 4 种基因型, 因此, 子代中来源于父本的等位基因有 2 个, 推测其可能的父本为一个, 其基因型为杂合子。

由位点 JQ246471 的扩增结果中可以看出, 其母本基因型为杂合子, 根据子代基因型推测其可能的父本基因型为纯合子。见图 3。

位点 JQ246467 在雌亲家系#1 中的扩增结果显示, 其母本基因型为纯合子, 而根据子代出现的两种基因型推测, 其可能的父本基因型为杂合子。见图 4。

这 17 对引物在雌亲家系#1 中的扩增结果显示, 其中有 3 对引物能够扩增的雄性亲本等位基因数只有 1 个, 另外 11 对引物能够扩增的雄性亲本等位基因数为 2 个。由于许氏平鲷为卵胎生, 在交尾时不能确定与一条雌鱼交尾的是一条还是多条雄鱼。根据统计 17 对微卫星引物扩增结果分析, 在此家系中, 根据已知母本和仔鱼基因型, 能有效地推断出父本基因型。且基因型为唯一可能基因型, 没有第二种情况, 故由此可以基本确定该雌亲家系是雌鱼与一条雄鱼交尾得到的全同胞家系。

图 5 显示的是位点 JQ771589 在雌亲家系#2 中的扩增结果, 由图 5 中可知, 母本基因型为杂合子, 在所有子代中, 除去母本来源的等位基因 280 或 250 外,

表 1 实验用微卫星引物基本信息及在许氏平鮎 4 个雌亲家系中的扩增结果
Tab.1 Microsatellite primers and their amplification results in the four families of *S. schlegelii*

GenBank 序列号	重复序列	引物序列(5'—3')	T_a (°C)	4 个家系中扩增的父本等位基因数			
				#1	#2	#3	#4
JQ246451	(AG) ₁₁	F: CCTCCAGAACTGAGCCAC R: CGACCTCCTCTGGATAAGT	54	2	2	2	4
JQ246453	(GT) ₁₅	F: TTCGCTATTATCAGGTGG R: GGAGACGGAGTAAATGCT	53	2	2	—	2
JQ246466	(TG) ₂₂	F: GGCCGACCTGATTCACAG R: TCAACGACCTCGACGACT	54	—	3	3	4
JQ246467	(TG) ₄ N ₁ (TG) ₁₀	F: TAGGGACAAAGGACAGGG R: GCAGCAAGACCGAACTCT	54	2	1	1	—
JQ246468	(AC) ₁₇	F: TAAACCAGGAATGAAGGG R: ATGCTCGAATGCAAAGAG	54	2	2	2	1
JQ246471	(AC) ₁₂	F: TTCAATGAGTCCCACAGC R: AACACCGCCTTACCAAAC	54	1	1	1	—
JQ246472	(AC) ₁₈	F: TGCTCCCATCCCACGACT R: GATCCCCTGGTGCCCTTC	54	2	1	3	3
JQ246477	(TG) ₅ N ₁₀₉ (AC) ₁₈	F: GCATGAGGGAGTGAATGT R: TGTTGGCTTATCAGTGTC	54	2	2	2	3
JQ771589	(AC) ₂₁	F: TGTTTCATTGCCGTAGCC R: CCCTCAGCGTCTTGTCTT	53	—	5	3	—
JQ771591	(TC) ₃₁ N ₂ (TC) ₂	F: GCCAGTGACAGGGAGAAC R: TTGTCAGGTAACCTGTGCC	54	—	2	3	3
JQ771593	(AC) ₁₉ N ₃₇ (AC) ₃ N ₃ (AC) ₃	F: GCATTGACGGACTATCAG R: GGTCGGTGATAACTTCTAG	54	2	2	—	3
JQ771594	(TG) ₆ N ₂ (TG) ₇	F: CTAGAAGCAGCACAACAT R: GTGACAAACGGGAGAAAC	54	2	—	2	3
JQ771592	(AC) ₁₅ N ₂ (AC) ₃ N ₃ (AC) ₁₃	F: GCTCAAATTAGCCATCCG R: AGGTTATTGCTGGTTTCG	54	1	2	3	—
JQ771590	(AC) ₁₆ N ₁ (AC) ₃	F: AGCTCTGGACGTGATAGG R: CTGTCACCTCAGGGAAAGG	54	2	2	2	4
JQ771587	(AC) ₁₄	F: CTGGCTGACCCTTACACG R: TGCATGAGTTTGCCTTG	54	2	3	2	2
JQ771588	(AC) ₁₁	F: TCAGGCTGTCCACAACAAT R: CTGGCAGGATGCTTCTTT	53	2	3	4	3
JQ771595	(AC) ₆ N ₂ (AC) ₁₀	F: GGAGCAGTGGTGAAGTAG R: CATAATGATAGAAAGGGTAG	54	1	—	3	2

注：“—”为在此家系中未有多态性

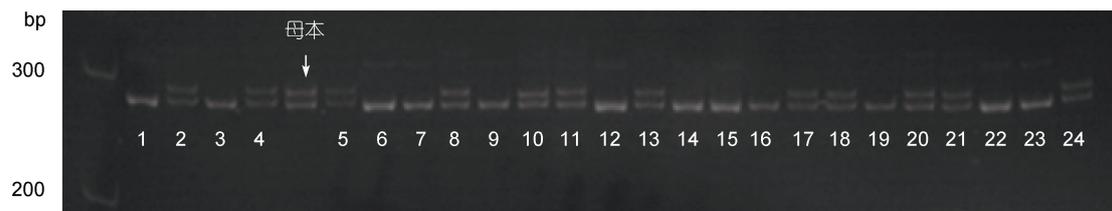


图 1 位点 JQ771595 在雌亲家系#1 中的扩增结果

Fig.1 Amplification results of locus JQ771595 in family #1

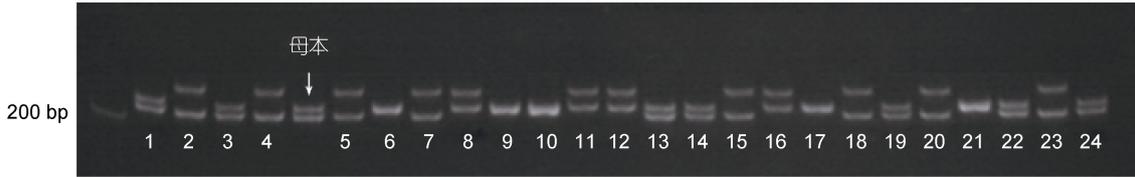


图 2 位点 JQ246477 在雌亲家系#1 中的扩增结果
Fig.2 Amplification results of locus JQ246477 in family #1

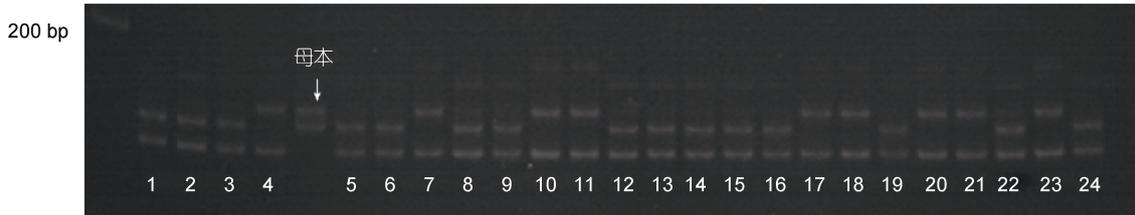


图 3 位点 JQ246471 在雌亲家系#1 中的扩增结果
Fig.3 Amplification results of locus JQ246471 in family #1



图 4 位点 JQ246467 在雌亲家系#1 中的扩增结果
Fig.4 Amplification results of locus JQ246467 in family #1

共扩增出了来自于父本的等位基因 5 个: 个体 8、9、17、21 拥有雄亲来源的等位基因 A; 个体 1、2、4、7、10、12、16、22、23、24 还拥有雄亲来源的等位基因 B, 个体 3、11 拥有雄亲来源的等位基因 C, 个体 6、13、14、15、18、19 拥有雄亲来源的等位基因 D, 而个体 5、20 拥有雄亲来源的等位基因 E。假定参与交尾的雄鱼之间以及雄鱼与雌亲拥有不同的等位基因, 那么参与交尾的雄鱼至少有 3 尾, 如果雄鱼在该位点均为纯合子, 则参与交尾的雄鱼为 5 尾。如果部分雄鱼在该位点的等位基因彼此相同, 或于雌鱼相同, 那么, 实际参与交尾的雄鱼个体数将超过 3 尾, 但具体数量不能判断。在所有 17 个位点对雌亲

家系#2 的扩增中, 有 3 个位点扩增得到了 1 个雄亲等位基因, 有 8 个位点得到 2 个雄亲等位基因, 有 3 个位点得到 3 个雄亲等位基因, 有 1 个位点得到 5 个雄亲等位基因, 根据所有扩增结果可以判断, 在雌亲家系#2 中与雌鱼交尾的雄鱼至少为 3 尾。

雌亲家系#3 与家系#2 的结果相似, 从位点 JQ771591 在家系#3 中的扩增结果可以见到, 母本基因型为杂合子, 子代中扩增获得了 3 种不同的雄亲来源的等位基因, 子代个体 9、12 拥有雄亲来源的等位基因 A, 个体 1、3、4、5、6、8、11、14、17、18、20、21、22 拥有雄亲来源的等位基因 B, 个体 2、7、10、13、15、16、23、24 拥有雄亲来源的等位基因 C。见图 6。



图 5 位点 JQ771589 在雌亲家系#2 中的扩增结果
Fig.5 Amplification results of locus JQ771589 in family #2
注: 箭头所示为雄亲来源的等位基因

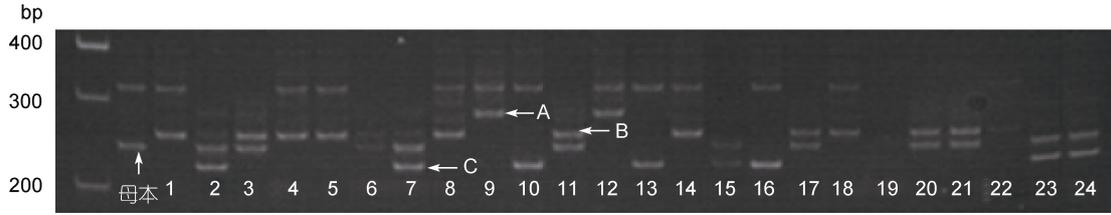


图 6 位点 JQ771591 在雌亲家系#3 中的扩增结果
 Fig.6 Amplification results of locus JQ771591 in family #3
 注: 箭头所示为雄亲来源的等位基因

在所有 17 个位点对雌亲家系#3 的扩增中, 有 2 个位点扩增得到了 1 个的雄亲等位基因, 有 6 个位点得到 2 个雄亲等位基因, 有 6 个位点得到 3 个雄亲等位基因, 有 1 个位点得到 4 个雄亲等位基因, 根据所有扩增结果可以判断, 在雌亲家系#3 中与雌鱼交尾的雄鱼至少为 3 尾。

在雌亲家系#4 中, 17 个位点的扩增结果于家系#2 和#3 相似, 图 7 位点 JQ246468 在雌亲家系#4 中的扩增结果可以见到, 母本基因型为杂合子, 子代中扩增产物除去母本来源的等位基因后, 可以判断子代从雄亲获得了 1 种不同的等位基因, 当家系 4#假定为全同胞时子代分离是不符合孟德尔遗传定律的, 即可能 14、15、17、19 为与其个体相比可能来自于另一父本, 因此, 家系#4 也是不同父本产出的子代, 在这个家系中与雌鱼交尾的雄鱼可能是两个或以上的雄鱼。

在所有 17 个位点对雌亲家系#4 的扩增中, 1 位点扩增的雄亲等位基因数是 1 个, 有 3 扩增的雄亲本等位基因是 2 个, 有 6 个位点扩增得到了 3 个的雄亲等位基因, 有 3 个位点得到 4 个雄亲等位基因, 根据所有扩增结果可以判断, 在雌亲家系#4 中与雌鱼交尾的雄鱼至少为 3 尾。

根据以上方法分析, 在 4 个家系中只有雌亲家系#1 可以判断是一个母本和一个父本交尾得到全同胞家系, 其它 3 个家系均为一个母本和多个父本交尾所得。

3 讨论

微卫星标记呈共显性遗传, 在亲代与子代之间

呈现出自由组合的孟德尔分离定律, 能诚实的再现各个家系的特征。从应用的角度来讲可以分为亲子关系的确认和亲子关系的排除两种情况, 在肯定子代某个标记基因来自生父(Biological father), 而假设父亲(Alleged father)也带有这个基因的情况下, 则不能排除它是该子代的生父; 相反在肯定子代某个基因来自生父, 而假设父亲不带有这个基因, 则可以排除它是该子代的生父。很显然, 所使用的微卫星等位基因位点越多, 具有同一性状的两个个体相同的概率越小, 其检出率也越大, 如果组合不同的微卫星位点进行同时识别, 则将大大提高鉴别的精确度。近年来的研究中, 微卫星标记已应用于多种水产动物的亲缘关系分析(Jerry *et al*, 2004; Sekino *et al*, 2004; Dong *et al*, 2006), 利用微卫星特有的优点, 均有效地对实验材料进行准确的分析。

对于许氏平鲈等卵胎生鱼类来说, 家系鉴定具有另外一番意义。许氏平鲈每年 11 月前后交尾, 次年 5 月产出仔鱼, 卵子的受精和发育过程全在体内完成。因此, 在这种情况下, 无法进行人工授精, 无法人工构建全同胞家系, 而且, 在目前状况下不能确定一尾雌鱼可以与多少个雄鱼进行交尾, 或者说, 一尾雌鱼所生后代是一雌对一雄单对交尾的全同胞家系, 还是一雌对多雄的雌亲半同胞家系, 目前尚不得而知。本研究首先将许氏平鲈雌性亲鱼进行隔离产仔, 每尾亲鱼来源的仔鱼单独育苗, 把这样的家系定义为雌亲家系, 然后选择部分高度多态的微卫星标记, 对各家系的仔鱼进行分析鉴定, 判断与该雌鱼交尾的雄鱼数量。



图 7 位点 JQ246468 在雌亲家系#4 中的扩增结果
 Fig.7 Amplification results of locus JQ246468 in family #4
 注: 箭头所示为雄亲来源的等位基因

实验结果显示, 所有微卫星标记均可以清楚地扩增出目的条带, 排除母本等位基因后, 可以明确地判断出一个雌亲家系中能够扩增的雄亲来源的等位基因数目, 根据数目能够推测该雌亲家系中雄性亲本的最小数量。由于作者选择的是高度多态的位点, 如果在子代 24 个个体中扩增的雄亲来源等位基因不超过 4 个, 基本可以判断参与交尾的雄鱼是 2 尾, 如果扩增的雄亲来源等位基因为 1 个或 2 个, 则可以判断参与交尾的雄鱼只有 1 尾。

根据上述原则, 本实验应用了 17 对引物对许氏平鲷 4 个雌亲家系进行了鉴定, 其中 1 个家系的雄亲是 1 个个体, 该家系是一个全同胞家系, 且子代分离比例接近孟德尔分离定律。而另外 3 个家系的雄亲分别都有 2 个, 这 3 个家系是半同胞家系。获得的这个全同胞家系将用于后续的许氏平鲷遗传图谱的构建和 QTL 定位提供了作图群体。而本研究所建立的家系鉴定方法以及由此鉴定出的半同胞和全同胞家系, 将为许氏平鲷开展以半同胞和全同胞家系构建为基础的遗传参数估计和选择育种研究奠定最重要的材料基础。

参 考 文 献

- 王鸿鑫, 张晓军, 李富花等, 2008. 应用微卫星标记分析野生中国明对虾的亲权关系. 水生生物学报, 32(1): 42—46
- 成庆泰, 郑葆珊, 1987. 中国鱼类系统检索. 北京: 科学出版社, 1—25
- 张云武, 张亚平, Oliver A, 2001. 微卫星及其应用. 动物学研究, 22(4): 315—320
- 张亚平, 王文, 宿兵等, 1995. 大熊猫微卫星 DNA 的筛选及其应用. 动物学研究, 16(4): 301—306
- 陈大刚, 1991. 黄渤海渔业生态学. 北京: 海洋出版社, 261—264
- 高焕, 孔杰, 于飞等, 2007. 人工控制自然交尾条件下中国对虾父本的微卫星识别. 海洋水产研究, 28(1): 1—5
- An H S, Park J Y, Kim M J *et al*, 2009. Isolation and characterization of microsatellite markers for the heavily exploited rockfish *Sebastes schlegelii*, and cross-species amplification in four related *Sebastes* spp.. Conserv Genet, 10: 1969—1972
- Dong S R, Kong J, Zhang Q W, 2006. Pedigree tracing of *Fenopenaeus chinensis* by microsatellite DNA markers genotyping. Acta Oceanologica Sinica, 5: 151—157
- Hara M, Sekino M, 2003. Efficient detection of parentage in a cultured Japanese flounder *Paralichthys olivaceus* using microsatellite DNA marker. Aquaculture, 217: 107—114
- Jackson T R, Martin-Robichaud D J, Reith M E, 2003. Application of DNA markers to the management of Atlantic halibut (*Hippoglossus hippoglossus*) broodstock. Aquaculture, 220: 245—259
- Jerry D R, Preston N P, Crocos P J, 2004. Parentage determination of Kuruma shrimp *Penaeus (Marsupenaeus) japonicus* using microsatellite markers (Bate). Aquaculture, 235: 237—247
- Lee W J, Kocher T D, 1996. Microsatellite DNA markers for genetic mapping in *Oreochromis niloticus*. Journal of Fish Biology, 49: 169—171
- Moore S S, Whan V, Davis G P *et al*, 1999. The development and application of genetic markers for the Kuruma prawn (*Penaeus japonicus*). Aquaculture, 173: 19—32
- Rodzen J A, Famula T R, May B, 2004. Estimation of parentage and relatedness in the polyploid white sturgeon (*Acipenser transmontanus*) using a dominant marker approach for duplicated microsatellite loci. Aquaculture, 232: 165—182
- Sekino M, Sugaya T, Hara M, 2004. Relatedness inferred from microsatellite genotypes as a tool for broodstock management of Japanese flounder *Paralichthys olivaceus*. Aquaculture, 233: 163—172
- Selvamani M J P, Degnan S M, Degnan B M, 2001. Microsatellite genotyping of individual abalone larvae: parentage assignment in aquaculture. Marine Biotechnology, 3: 478—485
- Wright J M, Bentzen P, 1994. Microsatellites: genetic markers for the future. Rev Fish Biol Fish, 4: 384—388
- Xu Z K, Primavera J H, 2000. Genetic diversity of wild and cultured Black Tiger Shrimp (*Penaeus monodon*) in the Philippines using microsatellites. Aquaculture, 199: 13—40
- Yamada J, Kusakari M, 1991. Staging and the time course of embryonic development in kurosoi, *Sebastes schlegelii*. Environmental Biology of Fishes, 30: 103—110
- Yoshida K, Nakagawa M, Wada S, 2005. Multiplex PCR system applied for analyzing microsatellite loci of Schlegel's black rockfish, *Sebastes schlegelii*. Molecular Ecology Notes, 5: 416—418

FAMILY ASSESSMENT WITH MICROSATELLITE MARKERS IN THE OVOVIVIPAROUS BLACK ROCK FISH *SEBASTES SCHLEGELII*

CHU Guan-Nan¹, JIANG Li-Ming¹, YU Hai-Yang¹, ZHANG Zheng-Rui¹,
WANG Ya-Nan¹, JIANG Hai-Bin², ZHANG Quan-Qi¹

(1. College of Marine Life Science, Ocean University of China, Qingdao, 266003;

2. Shandong Marine Fisheries Research Institute, Yantai, 264006)

Abstract Microsatellite markers have been used in individual and parentage identification of aquatic animals. The rock fish is ovoviviparous fish, which mate in the autumn and give rise to fry in the following May. In this article, we analyzed four maternal families using 17 highly polymorphic microsatellite loci. The results showed that in family #1 the number of paternally derived alleles amplified by each locus was 1 to 2, in family #2 the number of paternal alleles was 2 to 5, while in family #3 and #4 the number paternal alleles was 2 to 4. Locus that could generate more than 6 paternal alleles was not found. From these results we conclude that family #1 was full-sib family derived from one male, family #3 and #4 were half-sib families produced by the mother mating with two males, while family #2 was maternal family that contributed by at least three males. These results can provide basic support for the construction of genetic map, estimation of heritabilities of economic traits and selective breeding based on family construction.

Key words Microsatellite; Ovoviviparous; *Sebastes schlegelii*; Parentage identification