

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2011.01366

镜鲤体长、体高、体厚性状 QTL 定位分析

郑先虎^{1,2}, 匡友谊¹, 鲁翠云^{1,2}, 王宣朋^{1,2}, 李文升^{1,2}, 吕伟华^{1,3}, 孙效文¹

1. 中国水产科学院黑龙江水产研究所, 农业部淡水水产生物技术与遗传育种实验室, 哈尔滨 150070;
2. 上海海洋大学水产与生命学院, 上海 201306;
3. 大连海洋大学海洋环境工程学院, 大连 116023

摘要: 以镜鲤全同胞家系为材料, 用 246 个 SSR 和 306 个 SNP 标记构建了鲤鱼的连锁图谱, 利用 GridQTL 软件对体长(SL)、体高(H)、体厚(BT)和体长/体高(SLH)进行了 QTL 定位分析。结果显示: 共检测到 14 个相关的 QTL, 分布在 7 个连锁群上。其中, 7 个与体长相关的 QTL——LG6、LG17、LG21、LG23 和 LG35 连锁群上的 QTL 为显著水平($P < 0.05$), LG1 和 LG28 上达到极显著水平($P < 0.01$), 可解释表型变异为 6.6%~12.6%; 3 个与体高相关的 QTL 均为极显著水平($P < 0.01$)位于 LG17、LG23 和 LG28 上, 可解释表型变异分别为 11.6%、12.7% 和 15.6%; 2 个与体厚相关的 QTL 均为显著水平($P < 0.05$)位于 LG23 和 LG28 上, 可解释表型变异分别为 8.6% 和 7.2%; 2 个与体长/体高相关的 QTL 均为显著水平($P < 0.05$)位于 LG21 和 LG35 上, 可解释表型变异均为 8.2%。

关键词: 鲤; 连锁图谱; QTL; 体长; 体高; 体厚

Quantitative trait locus analysis of standard length, body depth and body thickness in mirror carp (*Cyprinus carpio* L.)

ZHENG Xian-Hu^{1,2}, KUANG You-Yi¹, LU Cui-Yun^{1,2}, WANG Xuan-Peng^{1,2}, LI Wen-Sheng^{1,2}, LÜ Wei-Hua^{1,3}, SUN Xiao-Wen¹

1. Heilongjiang River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fisheries Sciences, Harbin 150070, China;
2. College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China;
3. College of Marine Environmental Engineering, Dalian Ocean University, Dalian 116023, China

Abstract: Based on a full-sib family, the genetic linkage map was constructed with 246 microsatellite and 306 SNP markers, which was used to detect the QTLs for standard length (SL), body depth (H), body thickness (BT), and the ratio of standard length and body depth (SLH) in mirror carp by GridQTL software. The results indicated that a total of 14 related QTLs distributed on the 7 linkage groups were obtained. Seven QTLs were related to standard length, of which the linkage groups of LG6, LG17, LG21, LG23, and LG35 were at 5% significant level, and linkage group LG1 and LG28 were at 1% significant level, which explained 6.6%—12.6% of the phenotypic variance. Three QTLs were identified for body depth on the linkage groups of LG17, LG23 and LG28 ($P < 0.01$), accounting for 11.6%, 12.7%, and 15.6% of the phenotypic variance, respectively. Two QTLs were associated with body thickness on the linkage of LG23 and LG28 ($P < 0.05$), which

收稿日期: 2011-03-03; 修回日期: 2011-05-03

基金项目: 公益性行业(农业)科研专项(编号: 200903045), 国家重点基础研究发展计划(973 计划)项目(编号: 2010CB126305)和中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(编号: 201006)资助

作者简介: 郑先虎, 博士, 研究方向: 水产动物遗传育种。Tel: 13946134186; E-mail: zhengxianhu@hotmail.com

通讯作者: 孙效文, 研究员, 博士生导师, 研究方向: 水产分子生物学。E-mail: sunxw2002@163.com

网络出版时间: 2011-10-11 9:23:41

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.1913.R.20111011.0923.001.html>

explained 8.6% and 7.2% of the phenotypic variation, respectively. Two QTLs were responsible for the ratio of standard length and body depth on the linkage of LG21 and LG35 ($P < 0.05$), both of which explained 8.2% of the phenotypic variance. The results provide a useful reference for further candidate gene research and molecular marker assisted selection in mirror carp.

Keywords: mirror carp (*Cyprinus carpio* L.); genetic linkage map; QTL; standard length; body depth; body thickness

鲤鱼是世界上分布范围最广的重要淡水经济鱼类之一,其全球年产量达 300 万吨(FAO 2010),在全球水产养殖业中占重要地位。鲤鱼也是我国的主要养殖品种之一,目前我国已培育十几个鲤鱼品种,大大促进了我国淡水水产养殖业的发展。因此,开展鲤鱼分子育种研究具有重要的价值和意义。

鱼类大多数经济性状都属于数量性状,数量性状是受多基因控制的复杂性状,多基因在染色体上的位置称之为数量性状基因座(Quantitative trait locus, QTL)。利用 QTL 分析结果进行分子标记辅助选择是目前多数动、植物育种的主要手段之一,它是对控制性状基因位点基因型的直接选择。虽然水产动物经济性状的 QTL 研究起步晚、发展慢,但鱼类分子标记辅助育种也有许多成功的例子^[1],如 Fuji 等^[2]将牙鲆(*Paralichthys olivaceus*)抗病相关的 QTL 结果用于牙鲆品种选育,获得了很好的育种效果。近年来,鲤鱼 QTL 方面的研究也取得了很大的进步。在形态学性状方面,张研等^[3]以大头鲤/荷包红鲤抗寒品系的重组自交群体及其遗传连锁图谱,对体长性状进行了 QTL 定位研究及其遗传效应分析。刘继红等^[4,5]利用雌核发育群体对鲤鱼体重、体长、头长、眼径和眼间距性状进行了 QTL 定位分析。生理、生化、品质性状等方面, Sun 和 Liang^[6]用黑龙江鲤和柏氏鲤杂交的单倍体胚胎构建了鲤鱼的第一张连锁图谱并筛选到了 4 个与抗寒相关的 RAPD 标记。李欧等^[7]利用 EST-SSR 标记对鲤鱼饲料转化率性状进行了 QTL 分析。毛瑞鑫等^[8]利用 SSR 标记对鲤鱼乳酸脱氢酶(Lactate dehydrogenase, LDH)活性进行了 QTL 定位,发现 HLJE222 位点与 LDH 活性相关的基因连锁。Zhang 等^[9]利用全同胞家系构建了鲤鱼 SSR 连锁图谱,检测出了 3 个与肌纤维切面面积相关和 1 个与肌纤维密度相关的 QTL。此外, QTL 结果也应用到了鲤鱼的育种实践,孙效文等^[10]利用镜鲤体重相关的 QTL

结果建立了镜鲤的新品系。

在鲤鱼 QTL 研究取得很大进步的同时,也存在着研究不深入和研究结果没有得到广泛应用的问题。体长、体高和体厚是鱼类形态的框架性状,也是重要的选育性状。过去鲤鱼形态性状的 QTL 研究只是针对单个性状,而反应种质形态变异的比例性状未见报道。本研究以镜鲤全同胞家系为材料,采用 246 个 SSR 和 306 个 SNP 标记构建连锁图谱,对体长(SL)、体高(H)、体厚(BT)和体长/体高(SLH)进行 QTL 定位分析,其目的是对这三种性状进行精细的定位,为鲤鱼分子标记辅助育种提供依据,同时,对体长/体高性状的 QTL 研究也可以应用于鲤鱼种质特征的评价,以及品种纯度的检测。

1 材料和方法

1.1 实验材料

实验用鱼由黑龙江水产研究所松浦试验站培育。于 2005 年选取成熟的镜鲤雌性个体 75 尾,雄性个体 56 尾,用 30 对 SSR 标记对其进行遗传背景分析,根据个体亲缘关系进行配组,构建 40 个家系。本研究采用其中一个全同胞家系(含 75 尾个体)为材料,饲养 6 个月后,测量其形态学数据。

1.2 方法

1.2.1 表型性状的测量

本研究对作图群体进行了体长(SL)、体高(H)、体厚(BT)和体长/体高(SLH)4 个性状进行了测量和 QTL 分析,性状测量根据中华人民共和国国家标准《养殖鱼类种质检验》第 3 部分性状测定(GB/T 18654.3-2008)进行。

1.2.2 基因型分析

本研究采用了 305 个 SSR 标记和 1536 个 SNP 标

记对样本进行了基因型分析, 305 个 SSR 标记中除 5 个是 David 等^[11]发表的 Koi 系列标记外, 其他均为本实验室开发, 其中包括 50 对 EST-SSR 标记, SNP 标记通过对镜鲤 cDNA 文库进行 454 测序获得。SSR 的基因型分析程序如下: PCR 反应体系为 10 μ L, 包括 1 \times buffer(10 mmol/L Tris-HCl(pH 8.5), 50 mmol/L KCl, 1.5 mmol/L MgCl₂, 0.2 mmol/L dNTPs, 0.1% Triton X-100)7.2 μ L、上下游引物(10 μ mol/L)各 0.25 μ L、模板 DNA 1 μ L、*Taq* DNA 聚合酶(Promega)0.5 U, ddH₂O 补足体积。PCR 反应程序: 94 $^{\circ}$ C 变性 3 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 30 s, 复性温度 50~64 $^{\circ}$ C 30 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 30 s, 共 25 个循环; 72 $^{\circ}$ C 延伸 5 min。扩增产物经 8% 聚丙烯酰胺凝胶电泳和银染后进行基因分型。SNP 标记的基因型分析利用 Illumina 的 SNP 芯片平台进行。所有标记的基因型数据采用本实验室自行编写的软件(专利号: ZL200710144749.3)进行数据统计和格式转化。

1.2.3 连锁图谱和 QTL 分析

采用 joinmap4.0 软件^[12]构建遗传连锁图谱, 分析模型为 CP(Cross pollinators), 作图函数为 Kosambi 函数^[13], 取 *LOD* = 4 及最大重组率为 0.4 作为确定连锁群的阈值。绘制图谱利用软件 Mapchart2.2^[14]。

QTL 作图采用 Haley 等^[15]建立的线性回归分析方法, 用 GridQTL^[16]软件进行分析 ([http:// gridqt1.cap.ed.ac.uk](http://gridqt1.cap.ed.ac.uk)), 用染色体范围的 Permutation (Permutate chromosome-wide, 1000 次)确定 QTL 位点的显著性阈值, 用 Bootstrap(1 000 次)确定 QTL 的 95% 置信区间长度作为精细定位的区间^[17], 本研究采用的数学模型为:

$$Y_i = a + bX_i + e_i$$

式中: Y_i 为第 i 个后代的表型值, a 为家系的平均效应值, b 为家系的 QTL 的效应, X_i 后代 i 个体遗传父本配子的概率, e_i 是残差效应。

2 结果与分析

2.1 表型性状分析

利用 SPSS 13.0 计算 4 种性状的最大值、最小值、平均值、标准差、峰度和偏度, 并作 Shapiro-Wilk 正态分布检验, 以 $P > 0.05$ 为是否符合正态分布的显著性阈值, 结果显示 P 值均大于 0.05, 符合正态分布(表 1)。

2.2 遗传连锁图谱特征

选取的 305 个 SSR 标记中, 有 246 对能稳定扩增, 并具有多态性。1 536 个 SNP 标记中有 306 个标记在该群体中呈多态, 因此本研究共采用了 552 个标记进行镜鲤连锁图谱的构建。在构建的连锁图谱中, 包含 427 个标记, 其中 186 个 SSR 标记(22 个 EST-SSR)和 241 个 SNP 标记, 分布于 50 个连锁群上, 图谱长度为 2 039.3 cM, 标记间平均间隔为 5.4 cM, 连锁群长度范围 1.4~130.1 cM。最大的连锁群有 30 个标记, 平均每个连锁群有 8.5 个标记^[18]。

2.3 QTL 定位分析

对体长(SL)、体高(H)、体厚(BT)和体长/体高(SLH)进行 QTL 分析, 共检测到 14 个 QTL 区间分布于 7 个连锁群上, 结果见表 2 和图 1。检测到 7 个与体长相关的 QTL, 其中 LG6(HLJ443)、LG17(HLJ2236-SNP0096)、LG21(HLJE314-HLJ1290)、LG23(HLJ2345-SNP1079)、LG35(SNP1491-HLJ845)连锁群上的 QTL 为显著水平($P < 0.05$), LG1(SNP1191-SNP0140)、LG28(HLJ534-HLJ1316)连锁群上达到极显著水平($P < 0.01$), 可解释表型变异为 6.6%~12.6%, 各区间 QTL 效应并不一致, LG17、LG23 和 LG28 表现为正向效应, 其他 4 个为负向效应。3 个与体高相关的 QTL 均为极显著水平($P < 0.01$), 位于 LG17(HLJ428-SNP1367)、LG23(SNP1077-SNP1079)和 LG28(HLJ1316-HLJ596),

表 1 测量鲤鱼体长、体高、体厚性状范围及正态分布检验

性状	平均值 \pm 标准差	偏度	峰度	最大值(cm)	最小值(cm)	<i>P</i>
体长	19.32 \pm 0.20	-0.25	0.17	23.90	15.10	0.322
体高	8.67 \pm 0.08	-0.35	0.96	10.70	6.70	0.107
体厚	4.35 \pm 0.06	-0.12	0.54	5.90	3.00	0.153
体长/高	2.23 \pm 0.02	0.03	0.21	2.55	1.94	0.314

表 2 GridQTL 的分析结果

性状	连锁群	位置(cM)	标记区间	QTL 效应	F 值	解释表型变异 (%)
SL	LG1	0~15	SNP1191-SNP0140	-1.39±0.45	9.59**	10.7
	LG6	82~83	HLJ443	-1.03±0.41	6.25*	6.8
	LG17	51~59	HLJ2236-SNP0096	1.17±0.39	9.07*	10.1
	LG21	34~37	HLJE314-HLJ1290	-1.06±0.43	6.12*	6.6
	LG23	1~15	HLJ2345-SNP1079	1.10±0.40	7.42*	8.2
	LG28	4~9	HLJ534-HLJ1316	1.40±0.41	11.4**	12.6
	LG35	0~3	SNP1491-HLJ845	-1.10±0.42	6.79*	7.4
	H	LG17	117~119	HLJ428-SNP1367	0.78±0.24	10.48**
LG23		7~15	SNP1077-SNP1079	0.52±0.15	11.49**	12.7
LG28		4~58	HLJ1316-HLJ596	0.63±0.17	14.36**	15.6
BT	LG23	6~15	SNP1077-SNP1079	0.31±0.11	7.75*	8.6
	LG28	62~85	HLJ596-HLJ2366	0.38±0.15	6.60*	7.2
SLH	LG21	9~26	HLJ1563-SNP0760	-0.08±0.03	7.51*	8.2
	LG35	22~41	HLJ2530-HLJ2371	-0.10±0.04	7.26*	8.2

注: *F 检验达到显著水平($P<0.05$), **F 检验达到极显著水平($P<0.01$)。

可解释表型变异分别为 11.6%、12.7%和 15.6%，均为正向效应。2 个与体厚相关的 QTL 均为显著水平($P<0.05$)，位于 LG23(SNP1077-SNP1079)、LG28(HLJ596-HLJ2366)，可解释表型变异分别为 8.6%和 7.2%，其 QTL 均为正向效应。2 个与体长/体高相关的 QTL 均为显著水平($P<0.05$)位于 LG21(HLJ1563-SNP0760)和 LG35(HLJ2530-HLJ2371)，可解释表型变异均为 8.2%，QTL 效应也均为反向。

3 讨论

在分子标记育种中，要对目标性状进行选育(特别是复杂性状)，提高选择育种的效率，获得控制该性状的基因，或者是控制数量性状的 QTL 位点是首要的，而这又是建立在遗传连锁图谱和 QTL 分析基础之上，连锁图谱作为遗传学研究的强有力工具，对于深入开展各种生物的分子生物学和基因组学研究是非常必要的，高密度的连锁图谱是 QTL 精细的前提基础，然而分子标记的类型又决定了连锁图谱的精度和使用效率。本研究采用 SSR 结合 SNP 标记构建连锁图谱，大大提高了图谱的精度和利用率，具有良好的优越性和实用性。

目前已公开发表鲤鱼遗传图谱主要有：Sun和Liang^[6]以黑龙江鲤和柏氏鲤杂交的 46 个单倍体为材料，利用 272 个标记(105 个基因标记，110 个 SSR 和 57 个 RAPD)构建了鲤鱼的第一代连锁图谱，其图

谱长度为 4 111 cM，连锁群长度范围 11~227 cM。Cheng等^[19]以雌核发育群体为材料，用 699 个 AFLP 和 20 个 SSR 标记构建了包含 64 个连锁群的鲤鱼图谱，图谱长度为 5 506.9 cM，标记间平均间隔为 7.66 cM。Zhang等^[9]以全同胞家系的 92 尾个体为作图群体，构建了含有 161 个标记的鲤鱼 SSR 图谱。其图谱长度为 1 852 cM，标记间平均间隔为 11 cM。高国强等^[20]以荷包红鲤抗寒品系和云南大头鲤的 110 尾 F_2 个体为材料，利用 238 个 AFLP 和 8 个 EST 标记构建含有 50 个连锁群的鲤连锁图谱，其总长度为 2 876.64 cM，标记平均间隔为 14.68 cM。本研究中构建的鲤鱼连锁图谱包含 427 个标记(186 个 SSR 和 241 个 SNP)，分布于 50 个连锁群上，图谱长度为 2 039.3 cM，标记间平均间隔为 5.4 cM，平均每个连锁群有 8.5 个标记。与上述图谱相比，本研究所选的标记均为共显性标记，其中包含 22 个 EST-SSR 标记，而且所有的 SNP 标记全部来自鲤鱼的 cDNA 文库，也适用于比较基因组作图，对鲤鱼全基因组序列的组装也有一定的参考价值，这就大大提高了图谱的利用率。再者，本研究构建的遗传图谱标记密度高，标记间平均距离小，更加有利于 QTL 定位研究。

GridQTL 软件是基于网络的在线 QTL 定位平台，主要采用回归区间定位方法(Regression Interval Mapping)对群体进行 QTL 定位分析，由于该软件计

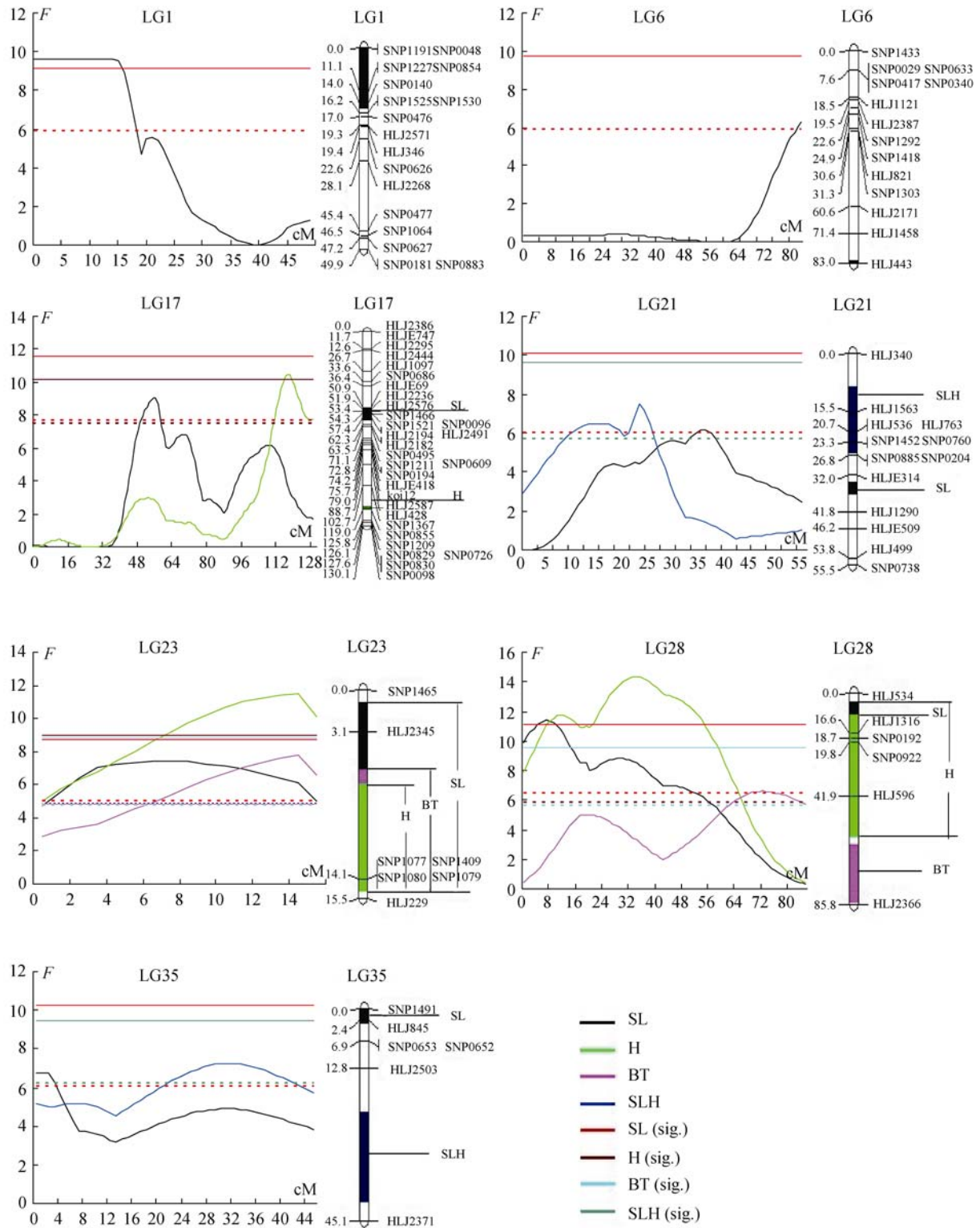


图 1 4 种性状 QTL 区间在 7 个连锁群上相对位置和 F 值检验曲线

图中不同性状以不同颜色表示; 虚线代表 95% 的显著性阈值; 实线代表 99% 显著性阈值; 连锁群上不同颜色区域为 QTL 的位置。

算简单, 应用方便而被广泛使用。本研究采用半同胞群体的设计模型, F 临界值为 1 000 次 permutation 的阈值, 采用 QTL 位置的 95% 置信区间长度作为精细定位的区间。对鲤鱼体长、体高、体厚和体长/体高进行 QTL 定位分析, 共检测到 7 个与体长相关的 QTL, 3 个与体高相关的 QTL, 2 个与体厚相关的 QTL 和 2 个与体长/体高相关的 QTL, 分布于 7 个连锁群上。研究发现在 LG23 上, 体长(1~15 cM)、体高(7~15 cM)和体厚(6~15 cM)性状有相同的 QTL 区间, 在 LG28 上体长(4~9 cM)和体高(4~58 cM)性状也有相同的 QTL 位点, 表明这些 QTL 位点与多个性状相关, 可以推断出基因的多效性具有控制一系列性状的特点。同时也发现, 这些与体长和体高相关的 QTL, 却不是体长/体高性状的 QTL 区间, 并且体长/体高性状的 QTL 虽然与体长的 QTL 位于相同的连锁群(LG21 和 LG35)上, 但位置不同, 其原因是体长和体高是形态方面的可量性状, 而其比值反应的是种质形态变异的性状, 与品种相关。

评价种质的形态特征采用可量形态性状的比值(可量比例性状)为指标。此类性状不仅能为鱼类的分类提供依据, 而且还可以检测品种的纯度^[21]。如兴国红鲤的呈长体型, 体长/体高在 2.65 以上, 平均为 2.671 ± 0.229 , 尾柄长/尾柄高大于 1, 平均为 1.145 ± 0.210 ; 而荷包红鲤体长/体高比不大于 2.5, 尾柄长/尾柄高小于 1。鱼类的形态特征受环境的影响, 如养殖群体和野生种群在形态上有一定差异, 要想完全准确地判断鱼类的种质及其纯度, 还要结合染色体、分子标记等来对种质进行研究。本研究首次对体长/体高的种质性状进行 QTL 研究, 以期应用于鱼类体型特征的选育和鲤鱼品种的鉴定工作。

近几年来, 主要水产动物 QTL 研究取得了重大进步, 研究较多的性状主要包括: 抗病^[22, 23]、温度耐受性^[24, 25]、产卵时间^[26, 27]和肉质^[28, 29]等。一般情况下, QTL 定位分析所采用的群体为 F_2 或回交群体, 其显著特点是群体中的每一个个体其后代均可发生分离, 而且 F_2 代相对容易获得并且提供的遗传分析信息最为丰富, 可以同时估计加性效应和显性效应。但是, 对于大多数水产动物而言, 由于性成熟年龄较长等原因, 想获得 F_2 代或回交群体相对较困难。 F_1 代(全同胞或半同胞家系) QTL 的分析方法已被开发^[30], 并应用于植物^[31]、畜牧^[32]和水产动物^[33, 34]的

QTL 分析。影响 QTL 定位精度的主要因素有: 数量性状观测值的精度、样本容量、目标区间内标记密度和 QTL 的遗传率等^[35]。鲤鱼性成熟年龄一般为 3~4 年, 构建 F_2 代家系所需时间较长, 因此, 用 F_1 代进行遗传图谱的构建和 QTL 定位研究可以节省大量的时间和获得较好的 QTL 分析效果。本研究选用镜鲤全同胞 F_1 代作为图群体构建连锁图谱, 并获得了体长、体高、体厚等生长性状的初步 QTL 结果。但是 F_1 代作为 QTL 分析群体具有一定的局限性, 其检测同等效力的 QTL 所需样本量大, 在家畜中一般采用多个半同胞或全同胞家系进行 QTL 分析, 以提高检测精度和效力。本研究仅采用单个家系进行 QTL 分析, 所得的 QTL 区间还需进一步精细定位, 以便更好地应用于鲤鱼分子选育实践中。

关于鲤鱼形态学性状 QTL 报道很多, 如体重、体长、体高、体厚、头高、眼径、眼间距、吻长等^[3-5, 36-38]。然而不同的研究中标记类型、密度, 群体类型、大小, 实验设计和使用的统计方法各不一样。现在的 QTL 研究要分析的更加深入, 群体的构建和 QTL 定位更具目的性, 往往进行多性状、多环境、多群体的联合分析^[39]。从基因网络的观点来解释 QTL, 这就有必要估计各 QTL 在基因网络中的相对效应和作用。因此, 下一步的工作需要对以往的 QTL 研究结果加以再分析和综合, 以便得到更全面的信息。为鲤鱼分子育种提供可靠的依据。

参考文献(References):

- [1] 孙效文, 鲁翠云, 贾智英, 梁利群, 曹顶臣. 水产动物分子育种研究进展. 中国水产科学, 2009, 16(6): 981-990. DOI
- [2] Fuji K, Hasegava O, Honda K, Kumasaka K, Sakamoto T, Okamoto N. Marker-assisted breeding of a lymphocystis disease-resistant Japanese Flounder (*Paralichthys olivaceus*). *Aquaculture*, 2007, 272(1-4): 291-295. DOI
- [3] 张研, 梁利群, 常玉梅, 侯宁, 鲁翠云, 孙效文. 鲤鱼体长性状的 QTL 定位及其遗传效应分析. 遗传, 2007, 29(10): 1243-1248. DOI
- [4] 刘继红, 张研, 常玉梅, 梁利群, 鲁翠云, 张晓峰, 徐美佳, 孙效文. 鲤鱼 (*Cyprinus carpio* L.) 头长、眼径、眼间距 QTL 的定位. 遗传, 2009, 31(5): 508-514. DOI
- [5] 刘继红, 张研, 常玉梅, 梁利群, 张晓峰, 鲁翠云, 徐美佳, 孙效文. 鲤鱼 (*Cyprinus carpio* L.) 体重和体长 QTL 的定位. 广东海洋大学学报, 2009, 29(4): 19-24. DOI

- [6] Sun XW, Liang LQ. A genetic linkage map of common carp (*Cyprinus carpio* L.) and mapping of a locus associated with cold tolerance. *Aquaculture*, 2004, 238(1-4): 165-172. [DOI](#)
- [7] 李欧, 曹鼎臣, 张研, 顾颖, 张晓峰, 鲁翠云, 孙效文. 利用EST-SSR分子标记研究鲤的饲料转化率性状. *水产学报*, 2009, 33(4): 624-631. [DOI](#)
- [8] 毛瑞鑫, 刘福军, 张晓峰, 张研, 曹鼎臣, 鲁翠云, 梁利群, 孙效文. 鲤鱼乳酸脱氢酶活性的QTL检测. *遗传*, 2009, 31(4): 407-411. [DOI](#)
- [9] Zhang Y, Xu P, Lu CY, Kuang YY, Zhang XF, Cao DC, Li C, Chang YM, Hou N, Li HD, Wang S, Sun XW. Genetic linkage mapping and analysis of muscle fiber-related QTLs in common carp (*Cyprinus carpio* L.). *Mar Biotechnol*, 2010, 13(3): 376-392. [DOI](#)
- [10] 孙效文, 鲁翠云, 曹顶臣, 梁利群. 镜鲤体重相关分子标记与优良子代的筛选和培育. *水产学报*, 2009, 33(2): 177-181. [DOI](#)
- [11] David L, Rajasekaran P, Fang J, Hillel J, Lavi U. Polymorphism in ornamental and common carp strains (*Cyprinus carpio* L.) as revealed by AFLP analysis and a new set of microsatellite markers. *Mol Genet Genomics*, 2001, 266(3): 353-362. [DOI](#)
- [12] Van Ooijen JW. JoinMap®4, Software for the calculation of genetic linkage maps in experimental populations. Kyazma BV, Wageningen, Netherlands. 2006.
- [13] Kosambi DD. The estimation of map distances from recombination values. *Ann Eugen*, 1944, 12(1): 172-175. [DOI](#)
- [14] Voorrips R E. MapChart: Software for the graphical presentation of linkage maps and QTLs. *J Hered*, 2002, 93(1): 77-78. [DOI](#)
- [15] Haley CS, Knott SA, Elsen JM. Mapping quantitative trait loci in crosses between outbred lines using least squares. *Genetics*, 1994, 136(3): 1195-1207. [DOI](#)
- [16] Seaton G, Hernandez J, Grunchev JA, White I, Allen J, De Koning DJ, Wei WH, Berry D, Haley C, Knott S. GridQTL: A Grid Portal for QTL Mapping of Compute Intensive Datasets. In: Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Belo Horizonte, MG, Brazil. August 13-18, 2006. [DOI](#)
- [17] Darvasi A, Soller M. A simple method to calculate resolving power and confidence interval of QTL map location. *Behav Genet*, 1997, 27(3): 125-132. [DOI](#)
- [18] Zheng XH, Kuang YY, Zhang XF, Lu CY, Li C, Sun XW. A genetic linkage map and comparative genome analysis of common carp (*Cyprinus carpio* L.) using microsatellites and SNPs. *Mol Genet Genomics*, 2011, 286(3-4): 261-277. [DOI](#)
- [19] Cheng L, Liu L, Yu X, Wang D, Tong J. A linkage map of common carp (*Cyprinus carpio*) based on AFLP and microsatellite markers. *Anim Genet*, 2009, 41(2): 191-198. [DOI](#)
- [20] 高国强, 常玉梅, 匡友谊, 梁利群. 利用onemap软件构建鲤遗传连锁图谱. *水产学报*, 2010, 34(5): 649-659. [DOI](#)
- [21] 李思发. 中国淡水主要养殖鱼类种质研究. 上海: 上海科学技术出版社, 1998: 1-10. [DOI](#)
- [22] Fuji K, Kobayashi K, Hasegawa O, Coimbra M, Sakamoto T, Okamoto N. Identification of a single major genetic locus controlling the resistance to lymphocystis disease in Japanese flounder (*Paralichthys olivaceus*). *Aquaculture*, 2006, 254(1-4): 203-210. [DOI](#)
- [23] Moen T, Sonesson AK, Hayes B, Lien S, Munck H, Meuwissen THE. Mapping of a quantitative trait locus for resistance against infectious salmon anaemia in Atlantic salmon (*Salmo Salar*): comparing survival analysis with analysis on affected/resistant data. *BMC Genetics*, 2007, 8(1): 53-65.
- [24] Perry GM, Danzmann RG, Ferguson MM, Gibson JP. Quantitative trait loci for upper thermal tolerance in outbred strains of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Heredity*, 2001, 86(3): 333-341. [DOI](#)
- [25] Cnaani A, Hallerman EM, Ron M, Weller JI, Indelman M, Kashi Y, Gall GAE, Hulata G. Detection of a chromosomal region with two quantitative trait loci, affecting cold tolerance and fish size, in an F₂ tilapia hybrid. *Aquaculture*, 2003, 223(1-4): 117-128. [DOI](#)
- [26] Sakamoto T, Danzmann RG, Okamoto N, Ferguson MM, Ihssen PE. Linkage analysis of quantitative trait loci associated with spawning time in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture*, 1999, 173(1-4): 33-43. [DOI](#)
- [27] O'Malley KG, Sakamoto T, Danzmann RG, Ferguson MM. Quantitative trait Loci for spawning date and body weight in rainbow trout: testing for conserved effects across ancestrally duplicated chromosomes. *J Hered*, 2003, 94(4): 273-284. [DOI](#)
- [28] Derayat A, Houston RD, Guy DR, Hamilton A, Ralph J, Spreckley N, Taggart JB, Mcandrew BJ, Haley CS. Mapping QTL affecting body lipid percentage in Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Aquaculture*, 2007, 272(S1): S250-S251.
- [29] Baranski M, Moen T, Våge D. Mapping of quantitative trait loci for flesh colour and growth traits in Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Genet Sel Evol*, 2010, 42(1): 17-30. [DOI](#)
- [30] Knott SA, Haley CS. Maximum likelihood mapping of quantitative trait loci using full-sib families. *Genetics*, 1992, 132(4): 1211-1222. [DOI](#)

- [31] Costanzo S, Simko I, Christ BJ, Haynes KG. QTL analysis of late blight resistance in a diploid potato family of *Solanum phureja* × *S. stenotomum*. *Theor Appl Genet*, 2005, 111(3): 609–617. [DOI](#)
- [32] Walling GA, Visscher PM, Wilson AD, Mcteer BL, Simm G, Bishop SC. Mapping of quantitative trait loci for growth and carcass traits in commercial sheep populations. *J Anim Sci*, 2004, 82(8): 2234–2245. [DOI](#)
- [33] Wang CM, Lo LC, Zhu ZY, Yue GH. A genome scan for quantitative trait loci affecting growth-related traits in an F₁ family of Asian seabass (*Lates calcarifer*). *BMC Genomics*, 2006, 7(1): 274–286. [DOI](#)
- [34] Haidle L, Janssen JE, Gharbi K, Moghadam HK, Ferguson MM, Danzmann RG. Determination of quantitative trait loci (QTL) for early maturation in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Mar Biotechnol*, 2008, 10(5): 579–592. [DOI](#)
- [35] Mackay TFC. The nature of quantitative genetic variation revisited: lessons from *Drosophila* bristles. *BioEssays*, 1996, 18(2): 113–121. [DOI](#)
- [36] 张义凤, 张研, 鲁翠云, 曹顶臣, 孙效文. 鲤鱼微卫星标记与体重、体长和体高性状的相关分析. *遗传*, 2008, 30(5): 613–619. [DOI](#)
- [37] 王宣朋, 张晓峰, 李文升, 张天奇, 孙效文. 鲤头长、体厚、体高性状的QTL定位及遗传效应分析. *水产学报*, 2010, 34(11): 1645–1655. [DOI](#)
- [38] 王军, 王成辉, 刘豪, 马玉清, 杨新鑫. 鲤正、反交F₂群体的AFLP遗传图谱构建及其QTL定位. *中国农业科技导报*, 2010, 12(1): 92–99. [DOI](#)
- [39] Goffinet B, Gerber S. Quantitative trait loci: A meta-analysis. *Genetics*, 2000, 155(1): 463–473. [DOI](#)

• 综合信息 •

《遗传》杂志影响力显著提升

2011年12月2日, 中国科学技术信息研究所在北京发布了“2011年版中国科技期刊引证报告(核心版)”。在2010年度60种生物学类核心期刊中, 《遗传》的总被引频次由2009年度的1667次提高到1765次, 增长了5.9%, 学科排名由第12名上升至第10名; 影响因子由0.760上升到0.890, 提高了17.1%, 学科排名由第13名上升至第9名。

现将部分生物学类期刊的主要指标介绍如下(表1), 仅供读者参考。

表1 2011年部分生物学类期刊主要指标

排名	期刊名称	影响因子	总被引频次	总被引频次 排名	综合评价 总分	综合评价 总分排名
1	植物生态学报	1.870	4081	4	70.0	3
2	应用生态学报	1.640	9295	2	76.6	2
3	生态学报	1.606	11763	1	82.7	1
4	生物多样性	1.284	1569	16	53.4	4
5	中国科学生命科学	1.152	948	30	48.2	6
6	Cell Research	1.099	795	33	41.9	11
7	生态学杂志	1.039	3909	5	51.2	5
8	西北植物学报	0.921	4219	3	47.1	7
9	遗传	0.890	1765	10	43.9	9
10	Molecular Plant	0.822	1682	14	46.6	8
11	植物研究	0.812	1109	23	33.3	28
12	植物学报	0.809	1487	19	43.7	10
13	兽类学报	0.758	672	36	30.4	37
14	病毒学报	0.750	606	41	36.0	21
14	应用与环境生物学报	0.750	1541	17	39.5	14
16	昆虫学报	0.747	1835	9	38.5	17
17	微生物学通报	0.738	1858	8	37.1	20
18	水生生物学报	0.728	1755	12	38.3	18
19	微生物学报	0.724	1638	15	39.9	13
20	昆虫知识	0.695	1538	18	32.0	31
21	生物化学与生物物理进展	0.687	1161	21	38.0	19
22	Current Zoology	0.634	1132	22	35.5	23

23	生物工程学报	0.630	1353	20	35.0	24
24	菌物学报	0.622	1021	27	30.9	35
25	天然产物研究与开发	0.600	1765	10	32.0	31
