

锯缘青蟹 (*Scylla serrata*) 不同种群的杂合性研究*

黎中宝 李少菁[†] 王桂忠[†]

(集美大学水产学院 厦门 361021; 厦门大学海洋与环境学院 厦门 361005)

[†](厦门大学海洋与环境学院 厦门 361005)

提要 采用聚丙烯酰胺凝胶电泳技术,研究了锯缘青蟹 (*Scylla serrata*) 6 个自然种群杂合体缺乏及过量情况;进行了 11 种等位酶的电泳检测和谱带遗传分析,在所研究的锯缘青蟹 22 个等位酶位点和 30 个等位基因中,有 7 个位点是多态的,分别为 *Est-1*、*Est-2* (在此位点厦门锯缘青蟹为单态)、*Est-3*、*Sod-1*、*Me-2*、*Mdh-2* (在此位点厦门锯缘青蟹为多态)、*Mdh-3*。在这些位点有 2—3 个等位基因。结果表明,宁海和三亚种群的 *Est-1* 和 *Est-2* 位点、厦门种群的 *Est-1* 和 *Mdh-2* 位点、深圳和北海种群的 *Est-1* 位点符合 H-W 平衡标准 ($P > 0.05$); 连江种群的 *Est-1* 位点显著偏离 H-W 平衡 ($P < 0.05$); 而宁海、三亚和厦门种群的 *Est-3*、*Sod-1*、*Me-2* 和 *Mdh-3* 位点、连江种群的 *Est-2*、*Est-3*、*Sod-1*、*Me-2* 和 *Mdh-3* 位点及深圳和北海种群的 *Est-2*、*Est-3*、*Sod-1*、*Me-2* 和 *Mdh-3* 位点均非常显著偏离 H-W 平衡 ($P < 0.01$)。另外,除连江种群的 *Est-1* 位点表现出杂合子缺失 ($F > 0$) 外,各种群中每个多态位点均表现为杂合子过量 ($F < 0$)。总结了各种群中每个多态位点的观察杂合度和期望杂合度,认为导致杂合子缺乏的主要原因可能是自然选择、近交、哑等位基因、Wahlund 效应等。杂合子缺乏会导致某些基因从基因库中消失,造成种群遗传多样性的降低,从而降低物种适应环境的能力。

关键词 锯缘青蟹, 等位酶, 种群, 杂合子缺乏, 杂合子过量

中图分类号 Q789

锯缘青蟹 (*Scylla serrata*) 属于甲壳纲、十足目、短尾亚目、梭子蟹科,分布于我国浙江、福建、台湾、广东、广西和海南沿岸水域,同时也分布于东南亚、澳大利亚、日本、印度、南非等海域。锯缘青蟹个体大、生长快、适应性较强,而且营养丰富,具有较高的商品价值,是我国东南沿海重要的海洋经济蟹类之一。关于锯缘青蟹的养殖生态学、繁殖学、生理学、营养学已有许多研究(李富花等, 1998; 成永旭等, 2000; 康现江等, 2000; 王桂忠等, 1998; 王艺磊等, 1997; 黎中宝等, 2004a, b; Li *et al.*, 1993, 1997)。虽然对锯缘青蟹遗传多样性的研究做过部分工作 (Fuseya *et al.*, 1996;

Keenan, 1999; Sugama *et al.*, 1999),但在我国锯缘青蟹分布区范围内系统地进行锯缘青蟹不同种群的杂合性研究尚未见报道。根据我国锯缘青蟹的分布,作者从低纬度的海南三亚到高纬度的浙江宁海共采集了 6 个不同纬度锯缘青蟹种群。

等位酶酶位点的不同等位基因都是等显表达的,因此等位酶电泳技术能够判别某位点的基因型是杂合的还是纯合的,为物种种质资源的研究提供技术支持。该技术已成功地应用于几种优良养殖对虾研究中(黎中宝等, 2002)。作者在对锯缘青蟹等位酶遗传分析的基础上(黎中宝等, 2004a, b),研究了其不同种群的杂合体缺乏及过

* 国家自然科学基金资助项目,40376044 号;国家海洋 863 资助项目,2002AA603013 号;福建省重中之重项目“福建海岸优良种质生物学和生物活性物质的基础应用研究”资助,1998—2002;集美大学校基金资助项目,2000—2003。黎中宝,博士后,副教授, E-mail: zhongbaoli@hotmail.com

收稿日期:2003-08-04;收修改稿日期:2003-11-28

量的状况,并探讨其发生的原因,以期为种质资源的保护和利用、遗传育种等研究提供基础资料。

1 材料与方法

锯缘青蟹 (*Scylla serrata*) 分别采自浙江宁海地区 (29°18' N, 121°26' E)、福建连江地区 (26°12' N, 119°15' E)、福建厦门地区 (24°34' N, 118°08' E)、广东深圳地区 (22°32' N, 114°06' E)、广西北海地区 (21°26' N, 109°14' E)、海南三亚地区 (18°13' N, 109°27' E) 的自然种群,每种群随机采样 26—38 个样本,所有样本皆为成蟹。将样品当天带回实验室,活体解剖,取 0.5g 肌肉组织样品,加入约 2—3 倍体积的 Tris-HCl 组织缓冲液 (0.01mol/L, pH = 7.0) 冰浴研磨成匀浆,4 离心 15min, 12000r/min, 弃去沉淀,留上清液备用。

采用垂直板型不连续聚丙烯酰胺凝胶 (PAGE) 电泳,共检测 16 个酶系统,其中图片清晰可供分析的有 11 个酶,分别为:莽草酸脱氢酶 (SKD, E. C. 1.1.1.25)、酯酶 (EST, E. C. 3.1.1.1)、超氧化物歧化酶 (SOD, E. C. 1.15.1.1)、天冬氨酸转氨酶 (AAT, E. C. 2.6.1.1)、山梨醇脱氢酶 (SDH, E. C. 1.1.1.14)、乳酸脱氢酶 (LDH, E. C. 1.1.1.27)、异柠檬酸脱氢酶 (IDH, E. C. 1.1.1.42)、苹果酸酶 (ME, E. C. 1.1.1.40)、苹果酸脱氢酶 (MDH, E. C. 1.1.1.37)、乙醇脱氢酶 (ADH, E. C. 1.1.1.1)、淀粉酶 (AMY, E. C. 3.2.1.1)。电泳条件和染色方法参照 Taniguchi 等 (1990)、曾呈奎等 (1998) 和王中仁 (1996) 的方法,等位酶的命名参照 Shaklee 等 (1990) 的方法。

数据处理采用 BIOSYS-1 软件 (Swofford *et al.*, 1989)。本文中采用的遗传学参数分别为各位点的观察杂合度 (H_o)、各位点的期望杂合度 (H_e)、杂合体缺乏或过量系数 (F)、对 Hardy-Weinberg 平

衡符合度检测的概率值 (P) 等。

2 结果

根据 Hardy-Weinberg (H-W) 平衡标准进行 χ^2 检验的概率值 (P) 和杂合子缺乏或过量系数 (F , 也叫多态位点的固定指数) 研究。结果表明,在宁海和三亚锯缘青蟹种群多态位点中, *Est-1* 和 *Est-2* 位点符合 H-W 平衡标准 ($P > 0.05$), 而 *Est-3*、*Sod-1*、*Me-2* 和 *Mdh-3* 位点均非常显著偏离 H-W 平衡 ($P < 0.01$)。另外,位点 *Est-1*、*Est-2*、*Est-3*、*Sod-1*、*Me-2* 和 *Mdh-3* 表现为杂合子过量 ($F < 0$), 并总结了各位点的观察杂合度和期望杂合度,见表 1。

在连江锯缘青蟹种群多态位点中, *Est-1* 位点显著偏离 H-W 平衡 ($P < 0.05$), 而 *Est-2*、*Est-3*、*Sod-1*、*Me-2* 和 *Mdh-3* 位点均非常显著偏离 H-W 平衡 ($P < 0.01$)。另外,位点 *Est-1* 表现出杂合子缺失 ($F > 0$), *Est-2*、*Est-3*、*Sod-1*、*Me-2* 和 *Mdh-3* 表现为杂合子过量 ($F < 0$), 并总结了各位点的观察杂合度和期望杂合度,见表 1。

在厦门锯缘青蟹种群多态位点中, *Est-1* 和 *Mdh-2* 位点符合 H-W 平衡标准 ($P > 0.05$), 而 *Est-3*、*Sod-1*、*Me-2* 和 *Mdh-3* 位点均非常显著偏离 H-W 平衡 ($P < 0.01$)。另外,位点 *Est-1*、*Est-3*、*Sod-1*、*Me-2*、*Mdh-2* 和 *Mdh-3* 均表现为杂合子过量 ($F < 0$), 并总结了各位点的观察杂合度和期望杂合度,见表 1。

在深圳和北海锯缘青蟹种群多态位点中, *Est-1* 位点符合 H-W 平衡标准 ($P > 0.05$), 而 *Est-2*、*Est-3*、*Sod-1*、*Me-2* 和 *Mdh-3* 位点均非常显著偏离 H-W 平衡 ($P < 0.01$)。另外, *Est-1*、*Est-2*、*Est-3*、*Sod-1*、*Me-2* 和 *Mdh-3* 位点均表现为杂合子过量 ($F < 0$), 并总结了各位点的观察杂合度和期望杂合度,见表 1。

表 1 锯缘青蟹 6 个种群的 H_o 、 H_e 、 F 和 P

Tab. 1 H_o , H_e , F and P of the six populations of *S. serrata*

种群	位点	H_o	H_e	F	P
宁海	<i>Est-1</i>	0.250	0.228	-0.121	0.940
	<i>Est-2</i>	0.417	0.337	-0.263	0.225
	<i>Est-3</i>	1.000	0.511	-1.000	0.000**
	<i>Sod-1</i>	1.000	0.511	-1.000	0.000**
	<i>Me-2</i>	1.000	0.511	-1.000	0.000**
	<i>Mdh-3</i>	1.000	0.511	-1.000	0.000**

续表

种群	位点	H_0	H_c	F	P
连江	<i>Est</i> -1	0.167	0.194	0.123	0.012 *
	<i>Est</i> -2	0.708	0.467	- 0.548	0.009 **
	<i>Est</i> -3	1.000	0.511	- 1.000	0.000 **
	<i>Sod</i> -1	1.000	0.511	- 1.000	0.000 **
	<i>Me</i> -2	1.000	0.511	- 1.000	0.000 **
	<i>Mdlr</i> -3	1.000	0.511	- 1.000	0.000 **
厦门	<i>Est</i> -1	0.208	0.191	- 0.116	0.614
	<i>Est</i> -3	1.000	0.511	- 1.000	0.000 **
	<i>Sod</i> -1	1.000	0.511	- 1.000	0.000 **
	<i>Me</i> -2	1.000	0.511	- 1.000	0.000 **
	<i>Mdlr</i> -2	0.083	0.082	- 0.043	0.881
	<i>Mdlr</i> -3	1.000	0.511	- 1.000	0.000 **
深圳	<i>Est</i> -1	0.292	0.265	- 0.124	0.899
	<i>Est</i> -2	0.833	0.496	- 0.714	0.001 **
	<i>Est</i> -3	1.000	0.511	- 1.000	0.000 **
	<i>Sod</i> -1	1.000	0.511	- 1.000	0.000 **
	<i>Me</i> -2	1.000	0.511	- 1.000	0.000 **
	<i>Mdlr</i> -3	1.000	0.511	- 1.000	0.000 **
北海	<i>Est</i> -1	0.375	0.329	- 0.164	0.733
	<i>Est</i> -2	0.917	0.507	- 0.848	0.000 **
	<i>Est</i> -3	1.000	0.511	- 1.000	0.000 **
	<i>Sod</i> -1	1.000	0.511	- 1.000	0.000 **
	<i>Me</i> -2	1.000	0.511	- 1.000	0.000 **
	<i>Mdlr</i> -3	1.000	0.511	- 1.000	0.000 **
三亚	<i>Est</i> -1	0.500	0.407	- 0.255	0.492
	<i>Est</i> -2	0.083	0.082	- 0.043	0.881
	<i>Est</i> -3	1.000	0.511	- 1.000	0.000 **
	<i>Sod</i> -1	1.000	0.511	- 1.000	0.000 **
	<i>Me</i> -2	1.000	0.511	- 1.000	0.000 **
	<i>Mdlr</i> -3	1.000	0.511	- 1.000	0.000 **

** $P < 0.01$, 差异极显著

3 讨论与结语

影响偏离 H-W 平衡的因素是多方面的, 不仅受遗传学规律的控制, 而且受外界环境的影响。对根据 H-W 平衡标准进行 χ^2 检验的概率值 (P) 和杂合子缺乏或过量系数的分析结果表明, 宁海和三亚种群的 *Est*-1 和 *Est*-2 位点、厦门种群的 *Est*-1 和 *Mdlr*-2 位点及深圳和北海种群的 *Est*-1 位点符合 H-W 平衡标准 ($P > 0.05$)。但在一个非随机交配的种群里, 观察杂合度 (H_0) 不等于期望杂合度 (H_c), 实际的等位基因频率就会偏离 H-W 平衡。连江种群的 *Est*-1 位点显著偏离 H-W 平衡

($P < 0.05$), 而宁海、三亚和厦门种群的 *Est*-3、*Sod*-1、*Me*-2 和 *Mdlr*-3 位点、连江种群的 *Est*-2、*Est*-3、*Sod*-1、*Me*-2 和 *Mdlr*-3 位点, 以及深圳和北海种群的 *Est*-2、*Est*-3、*Sod*-1、*Me*-2 和 *Mdlr*-3 位点均非常显著偏离 H-W 平衡 ($P < 0.01$)。这是由于杂合体缺失或纯合体过量、或稀有纯合体和其它杂合体、常见/稀有杂合体、最常见基因纯合体的比例失调所致, 进一步说明了该种群的繁殖方式不完全是随机交配的, 或者是自然选择的作用导致基因频率的变化及基因漂变等, 或者是相邻种群的基因经杂交正在进入所研究的区域, 或者是

基因成分发生了变化,等等(王中仁,1996)。在其它甲壳动物中,日本对虾(*Penaeus japonicus*)的 *Sod*-1 位点、斑节对虾(*P. monodon*)的 *Sdlr*-3 位点、南美白对虾(*P. vannamei*)的 *Est*-2、*Adlr*-3、*Sdlr*-2、*Aat*-2、*Mdlr*-4 位点和新对虾(*Metapenaeus ensis*)的 *Sod*-1、*Me*-4、*Aat*-1 位点也非常显著偏离 H-W 平衡($P < 0.01$) (黎中宝等,2002)。

多态位点的固定指数不仅是测量遗传动态的重要指标,也是测量近交衰退和远交衰退的重要参数(Barrett *et al*, 1991)。若杂合体缺乏、纯合体过多, $F > 0$;杂合体完全缺失(全部为纯合体)时 $F = 1$;反之, $F < 0$ 或 $F = -1$;若 $F = 0$ 说明符合 H-W 平衡,该种群是随机交配的。所以 F 值的变动可在 1 和 -1 之间。在研究的 6 个锯缘青蟹自然种群中,只有连江种群的 *Est*-1 位点表现出杂合子缺失($F > 0$, $F = 0.123$)。在其它甲壳动物中,日本对虾的 *Est*-1、*Sod*-1 位点、南美白对虾的 *Est*-2、*Aat*-2 位点、斑节对虾的 *Est*-1、*Sdlr*-3 位点和新对虾的 *Aat*-1 位点均表现出杂合子缺失($F > 0$) (黎中宝等,2002)。杂合体缺失,尤其是杂合体完全缺失将导致有些基因从基因库中消失,造成种群遗传多样性的降低,从而降低其适应环境的能力。关于杂合体缺失的原因争论很大(Zouros *et al*, 1984),可能与自然选择、种群内交、哑等位基因、Wahlund 效应和性连锁座位等原因有关,但至于与哪种或哪几种更相关,还有待于进一步研究。一般认为某种或某种方式的自然选择是造成杂合体缺失可能原因(Zouros *et al*, 1984);种群内交是使某些位点上等位基因纯合加快的主要原因之一(黎中宝等,2002);Creasey 等(1996)认为稀有纯合基因型的发生是引起杂合子缺失的原因;朝鲜半岛西海岸中国对虾 1 个地理种群和 2 个中国对虾养殖种群的 *Gpi* 位点表现出杂合子缺失也是稀有纯合基因型的发生而导致的(Wang *et al*, 2001);Kijima 等(1997)通过交配实验发现皱纹盘鲍的等位酶位点 *Pgm*-1 和 *Pgm*-2 具有哑等位基因,在进行遗传学计算时,没有考虑哑等位基因也是导致杂合体缺失的原因之一。另一方面,除连江种群的 *Est*-1 位点表现出杂合子缺失外,各种种群中每个多态位点均表现为杂合子过量($F < 0$),结合各种种群中每个多态位点的观察杂合度和期望杂合度状况,尤其是 *Est*-3、*Sod*-1、*Me*-2 和 *Mdlr*-3 四个位点的 H_0 在 6 个种群中均为 1 (表 1),说明我国东南沿海锯缘青蟹的野生资源状况良好,这

可能与目前锯缘青蟹未能开展大规模的人工育苗及养殖有关。现有人工养殖锯缘青蟹的种苗是野生的,尚未实现养殖品系,且规模较小,养殖种群对野生锯缘青蟹种群遗传结构的影响并不明显。但也应及时采取相应的保护措施,防止过度的捕捞和环境污染等使其资源量严重衰减,以及对种质资源和遗传多样性产生不可低估的影响。

杂合子在生长、繁殖能力及抗逆性等方面均比纯合子强。长牡蛎(*Crassostrea gigas*)的杂合度与其存活率和生长速度之间存在明显的相关性(Bierne *et al*, 1998)。锯缘青蟹各种种群中每个多态位点表现为杂合子过量(除连江种群的 *Est*-1 位点外)的事实,使通过人工育种的方法来提高具有杂合度个体在种群中的比例成为可能。作者认为,根据 H-W 平衡标准进行 χ^2 检验的概率值(P)和杂合子缺乏或过量系数(F),两者相结合更能客观、全面地反映种群多态位点的遗传平衡状况,并已应用于几种优良的养殖对虾(黎中宝等,2002)资源的评估研究之中。但也有学者用 P 值和 d 值(遗传偏离指数)的结合来评价鲈鱼种群的遗传平衡状况(徐成等,2001)。

参 考 文 献

- 王中仁,1996. 植物等位酶分析. 北京:科学出版社, 77—119
- 王艺磊,张子平,李少菁,1997. 锯缘青蟹精子发生的超微结构. 动物学报, 43(3): 249—254
- 王桂忠,林淑君,林琼武等,1998. 盐度对锯缘青蟹(*Scylla serrata*)幼体存活与生长发育的影响. 水产学报, 22(1): 89—92
- 成永旭,李少菁,王桂忠等,2000. 锯缘青蟹胚胎发育期脂类变化的研究. 海洋学报, 22(增): 433—442
- 李富花,李少菁,1998. 锯缘青蟹肝胰腺的观察研究. 海洋与湖沼, 29(1): 29—34
- 徐成,王可玲,张培军,2001. 鲈鱼群体生化遗传学研究. 种群生化遗传结构及变异. 海洋与湖沼, 32(3): 248—254
- 康现江,李少菁,王桂忠等,2000. 锯缘青蟹卵膜变化与卵子附着研究. 水产学报, 24(6): 500—503
- 曾呈奎,相建海,1998. 海洋生物技术. 济南:山东科学技术出版社, 269—282
- 黎中宝,吴仲庆,2002. 几种优良养殖对虾杂合性的比较研究. 海洋科学, 26(12): 45—48
- 黎中宝,李少菁,王桂忠,2004a. 中国东南沿海锯缘青蟹群体的形态判别分析. 厦门大学学报, 43(1): 102—106

- 黎中宝, 李少菁, 王桂忠等, 2004b. 锯缘青蟹等位酶的生物遗传分析. 中国生态农业学报, 12(2): 61—64
- Barrett S C H, Köhn J K, 1991. Genetic and Evolutionary Consequences of Small Population Size in Plants: Implications for Conservation. In: Fork D A, Holsinger K E ed. Genetics and Conservation of Rare Plants. New York, Oxford: Oxford University Press, 3—30
- Bierne N, Launey S, Naciri-Graven Y *et al*, 1998. Early effect of inbreeding as revealed by microsatellite analyses on *Ostrea edulis* Larvae. Genetics, 148(4): 1893—1906
- Creasey S, Rojers A D, Tyler P A, 1996. Genetic comparison of two populations of the deep-sea vent shrimp *Rimicaris exoculata* (Decapoda: Breisliidae) from the Mid-Atlantic (Atlantic) Ridge. Marine Biology, 125(3): 473—482
- Fuseya R, Watanabe S, 1996. Genetic variability in the mud crab genus *Scylla* (Brachyura: Portunidae). Fisheries Science, 62: 705—709
- Keenan C P, 1999. The Fourth Species of *Scylla*. In: Keenan C P, Blackshaw A ed. Mud Crab Aquaculture and Biology. Proceedings of an International Scientific Forum Held in Darwin, Australia, 21—27 April 1997. ACAIR Proceedings No. 78. Watson Ferguson & Co., Australia, 48—58
- Kijima A, Furutono T, Kawahara I *et al*, 1997. A mode of inheritance for isozymic variation and detection of a null at *Pgm-1* and *Pgm-2* in the Pacific abalone by mating experiment. Fish Genet Breed Sci, 25: 73—80
- Li S J, Wang G Z, Zeng C C, 1993. Investigations into breeding biology of mud crab, *Scylla serrata*. Proc PACON, 93 (Abs, only)
- Li S J, Zeng C C, Huang J N *et al*, 1997. Bacterial production in the water and sediments of mud crab, *Scylla serrata*, farming ponds: Its ecological implications. PACON, 97: 141 (Abs. Only)
- Shaklee J B, Allendorf F W, Morizot D C, 1990. Gene nomenclature for protein-coding loci in fish. Trans Am Fish Soc, 119: 2—15
- Sugama K, Hutapea J H, 1999. Genetic Characterisation in the Mud Crab *Scylla* (Brachyura: Portunidae). In: Keenan C P, Blackshaw A ed. Mud Crab Aquaculture and Biology. Proceedings of an International Scientific Forum Held in Darwin, Australia, 21—27 April, 1997. ACAIR Proceedings No. 78. Watson Ferguson & Co., Australia, 43—47
- Swofford D L, Selander P K, 1989. A computer program for the analysis of allelic variation in population genetics and biochemical systematics. J Hered, 72: 281—283
- Taniguchi N, Sugama K, 1990. Genetic variation and population structure of red sea bream in the coastal waters of Japan and the East China Sea. Nippon Suisan Gakkaishi, 56(7): 1069—1077
- Wang Weiji, Kong Jie, Bao Zhenmin, 2001. Isozyme variation in four populations of *Penaeus chinensis* shrimp. Biodiversity Science, 9(3): 241—246
- Zouros E, Foltz D W, 1984. Possible explanations of heterozygote deficiency in bivalve mollusks. Malacologia, 25(2): 583—591

HETEROZYGOSITY IN SIX POPULATIONS OF CRAB *SCYLLA SERRATA*

LI Zhong-Bao, LI Shao-Jing[†], WANG Gui-Zhong[†]

(Fisheries College, Jimei University, Xiamen, 361021; School of Marine and Environmental Studies, Xiamen University, Xiamen, 361005)

[†](School of Marine and Environmental Studies, Xiamen University, Xiamen, 361005)

Abstract Heterozygosity was investigated using an assay of vertical slab polyacrylamide gel electrophoresis in six crab *Scylla serrata* populations from six sites: Ninghai (Zhejiang Province), Lianjiang and Xiamen (Fujian Province), Shenzhen (Guangdong Province), Beihai (Guangxi Province) and Sanya (Hainan Province). The large size, fast growth and high economic value of *S. serrata* all make it very amendable to aquaculture. In recent years, culture of *S. serrata* has seen in rapid expansion. Main constraint in aquaculture expansion is broodstock supply in China, captive breeding technology for *S. serrata* has yet to be fully developed with broodstocks currently collected from the wild. Although the culture and ecology of *S. serrata* have been previously studied in China, study on their heterozygosity is limited. To help protect this valuable marine resource and help progress the culture of this species, heterozygosity of *S. serrata* populations across China was studied by the authors.

Allozyme is co-dominant and can be analyzed under standard Hardy-Weinberg model. Allozyme electrophoresis is considered to be an critical useful technique in population genetics. This technique was used in the present study to examine the heterozygosity of *S. serrata* populations. Results presented here provide basic genetic information valuable for developing captive breeding programs and protecting and improving genetic resources of this species.

Eleven enzymes presumably encoded by 22 allozyme loci and 30 alleles are scored in *S. serrata*. 7 loci with 2—3 alleles are polymorphic. They are *Est-1*, *Est-2* (monomorphic locus in Xiamen population), *Est-3*, *Sod-1*, *Me-2*, *Mdh-2* (polymorphic locus in Xiamen population) and *Mdh-3*. Results also showed that the genotypic distribution observed at *Est-1* and *Est-2* in Ninghai and Sanya, *Est-1* and *Mdh-2* in Xiamen and *Est-1* in Shenzhen and Beihai were found to be in agreement with those expected from the Hardy-Weinberg equilibrium ($P > 0.05$). But other polymorphic locus in the six populations were found to depart clearly from those expected from the Hardy-Weinberg equilibrium (*Est-1* in Lianjiang, $P < 0.05$; other loci, $P < 0.01$). There was heterozygote deficiency in *Est-1* in Lianjiang ($F > 0$, $F = 0.123$), and heterozygote excess in other polymorphic locus in the six populations ($F < 0$). The paper also summarized the observed heterozygosity and expected heterozygosity per polymorphic locus per population. Main causes of heterozygote deficiency, resulting in disappearance of allele, lower genetic diversity and lower environmental adaptation ability, were natural selection, inbreeding effects, presence of null allele and the Wahlund effect.

Key words *Scylla serrata*, Allozyme, Population, Heterozygote deficiency, Heterozygote excess