

DOI: 10.19663/j.issn2095-9869.20180425002

<http://www.yykxjz.cn/>

梁述章, 宋炜, 蒋科技, 谌微, 李羽, 马凌波. 棘头梅童鱼染色体核型分析. 渔业科学进展, 2019, 40(4): 172–177  
Liang SZ, Song W, Jiang KJ, Chen W, Li Y, Ma LB. Karyotype analysis of *Collichthys lucidus*. Progress in Fishery Sciences, 2019, 40(4): 172–177

# 棘头梅童鱼染色体核型分析<sup>\*</sup>

梁述章<sup>1,2</sup> 宋 炜<sup>1,2①</sup> 蒋科技<sup>1,2</sup> 谌 微<sup>1</sup> 李 羽<sup>1,2</sup> 马凌波<sup>1</sup>

(1. 农业农村部远洋与极地渔业创新重点实验室 中国水产科学研究院东海水产研究所 上海 200090;

2. 上海海洋大学水产与生命学院 上海 201306)

**摘要** 以棘头梅童鱼(*Collichthys lucidus*)为实验材料, 经胸腔注射植物血球凝集素(PHA)和秋水仙素, 取其头肾组织, 进行低渗、固定, 采用空气干燥法制片, 吉姆萨染液染色, 观察棘头梅童鱼染色体核型和特征。结果显示, 棘头梅童鱼染色体数目为 $2n=48$ , 占所观察分裂相的83.3%; 核型公式为 $2n=48t$ , 染色体臂数NF为48, 染色体相对长度范围为 $(5.694\pm0.514)~(3.039\pm0.161)$ , 属于鲈形目原始核型, 且符合典型的高位类鱼类核型特征。研究中未发现与性别相关的异型染色体、次缢痕及随体等。本研究为棘头梅童鱼的细胞遗传学研究提供了基础资料, 并为其种质鉴定提供参考数据。

**关键词** 棘头梅童鱼; 染色体; 核型

中图分类号 S917.4 文献标识码 A 文章编号 2095-9869(2019)04-0172-06

棘头梅童鱼(*Collichthys lucidus*)属鲈形目(Perciformes)、石首鱼科(Sciaenidae)、梅童鱼属(*Collichthys*), 是近海常见的底栖性小型经济鱼类, 广泛分布于黄渤海、东海和南海(朱元鼎等, 1963b; 宋炜等, 2017)。棘头梅童鱼是大黄鱼、小黄鱼、带鱼、乌贼等主要经济鱼类的重要饵料, 在海洋生态系统食物链中扮演重要角色; 其肉质细嫩可口, 营养丰富, 深受消费者的青睐, 具有较高的经济价值和潜在的开发前景(吴常文等, 1991; Song *et al.*, 2016)。

染色体是生物遗传信息的载体, 特定的生物体具有特定数目、形态特征的染色体。研究鱼类的染色体, 对研究鱼类的遗传变异规律、系统演化与分类、发育机制以及杂交育种等均有重要意义(周伯春等, 2009; Amores *et al.*, 2014; 史宝等, 2017)。目前, 国内外对棘头梅童鱼的研究主要集中在形态分类(朱元鼎等,

1963a; 区又君等, 2012)、资源评估(沈新强等, 2011; 胡艳等, 2015)、遗传分化(Song *et al.*, 2014; 赵明等, 2015)和功能基因克隆(Song *et al.*, 2016)等方面, 有关棘头梅童鱼染色体的细胞遗传学研究报道仅见于Zhang等(2018)。本研究对棘头梅童鱼的染色体核型进行分析, 旨在丰富棘头梅童鱼的细胞遗传学知识, 同时, 为棘头梅童鱼种质鉴定和我国石首鱼类系统演化研究提供基础数据。

## 1 材料与方法

### 1.1 实验材料

实验于2017年6月在福建宁德市富发水产有限公司进行, 所用棘头梅童鱼体长为13~15 cm, 体重为50~60 g, 雌雄各6尾, 活力良好。

\* 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(东 2018Z01)和国家种质平台项目(DKA30470)共同资助 [This work was supported by Central Public-Interest Scientific Institution Basal Research Fund (East 2018Z01), and National Infrastructure Project of Germplasm Resources (DKA30470)]. 梁述章, E-mail: szlianglst@163.com

① 通讯作者: 宋 炜, 副研究员, E-mail: swift83@sina.com

收稿日期: 2018-04-25, 收修改稿日期: 2018-06-25

## 1.2 染色体标本制备

将实验用鱼进行麻醉,于胸鳍基部注射植物血球凝集素(PHA),剂量为 $2\text{ }\mu\text{g/g}$ (鱼的体重)。注射后放回暂养池,6 h后在相同部位注射秋水仙素溶液,剂量为 $1\text{ }\mu\text{g/g}$ (鱼的体重)。分别在2 h和5 h后断尾放血10 min(每次雌雄各3尾),取头肾组织于烧杯中剪碎,加入适量生理盐水搅拌均匀后静置15 min,用吸管吸取上层细胞悬液,离心收集细胞。用 $0.075\text{ mol/L KCl}$ 溶液低渗处理35 min,离心得到沉淀后,加入新鲜配制的卡诺氏固定液(甲醇:乙酸=3:1)固定3次(依次为30、20和10 min),每次固定后,离心弃去固定液,加入新鲜预冷的固定液4 ml。PHA及秋水仙素溶液均使用0.75%的生理盐水配制,棕色瓶避光保存。离心均为1500 r/min,5 min。

将沉淀轻轻吹打均匀后用干净的预冷冻玻片进行滴片,滴片高度为50 cm以上,滴片后迅速在酒精灯火焰上方短暂烘烤2次,室温自然干燥。干燥后的染色体玻片用吉姆萨染色液染色25 min。

## 1.3 核型分析

通过显微镜观察,选取染色体分散良好的中期分裂相进行染色体数目统计,显微照相记录,根据众数确定染色体数目。选取20个染色体数目完整、分散良好并且形态清晰的分裂相进行显微摄影、测量和分析。按照Levan等(1964)提出的标准进行核型分析,按臂比将染色体分为4组:(1)中部着丝点染色体为m组,臂比为1.00~1.70;(2)亚中部着丝点染色体为sm组,臂比为1.71~3.00;(3)亚端部着丝点染色体为st组,臂比为3.01~7.00;(4)端部着丝点染色体为

t组,臂比 $\geq 7.00$ 。m和sm型染色体的臂数为2,t和st型染色体的臂数为1,染色体相对长度=(单条染色体长度×2/全部染色体总长度)×100。

## 2 结果

### 2.1 染色体数目

镜检102个染色体分散良好的中期分裂相(图1),并进行计数统计。结果显示,染色体数目为48的有85个,占全部计数细胞的83.3%,据此确定棘头梅童鱼染色体数目 $2n=48$ (表1)。

表1 棘头梅童鱼染色体数目

Tab.1 The chromosome number of *C. lucidus*

染色体数目( $2n$ ) Number of chromosomes	<46	46	47	48	>48
分裂相数目 Number of metaphase	5	1	6	85	5
所占百分比(%) Percentage of metaphase	4.9	0.98	5.88	83.3	4.9

### 2.2 染色体核型

选取20个数目完整、形态清晰且着丝点清楚的中期分裂相进行观察和测量,并计算其相对长度及臂比,结果见表2。棘头梅童鱼染色体臂比值均为 $\infty$ ,为端部着丝粒染色体(t型),相对长度范围为 $(5.694\pm 0.514)\sim(3.039\pm 0.161)$ 。棘头梅童鱼的核型公式为 $2n=48$ , $48t$ ,臂数 $NF=48$ ;未发现异型性染色体、随体染色体和次溢痕(图1)。

表2 棘头梅童鱼染色体的相对长度和臂比值(平均值±标准差)

Tab.2 The relative length and arm ratio of chromosome *C. lucidus* (Mean±SD)

编号 No.	相对长度 Relative length	臂比 Arm ratio	类型 Type	编号 No.	相对长度 Relative length	臂比 Arm ratio	类型 Type
1	$5.694\pm 0.514$	$\infty$	t	13	$4.092\pm 0.102$	$\infty$	t
2	$5.269\pm 0.412$	$\infty$	t	14	$4.049\pm 0.097$	$\infty$	t
3	$4.989\pm 0.278$	$\infty$	t	15	$3.970\pm 0.119$	$\infty$	t
4	$4.795\pm 0.125$	$\infty$	t	16	$3.893\pm 0.101$	$\infty$	t
5	$4.671\pm 0.115$	$\infty$	t	17	$3.831\pm 0.103$	$\infty$	t
6	$4.586\pm 0.109$	$\infty$	t	18	$3.759\pm 0.120$	$\infty$	t
7	$4.490\pm 0.101$	$\infty$	t	19	$3.689\pm 0.123$	$\infty$	t
8	$4.404\pm 0.098$	$\infty$	t	20	$3.617\pm 0.144$	$\infty$	t
9	$4.326\pm 0.089$	$\infty$	t	21	$3.522\pm 0.140$	$\infty$	t
10	$4.267\pm 0.079$	$\infty$	t	22	$3.409\pm 0.134$	$\infty$	t
11	$4.212\pm 0.079$	$\infty$	t	23	$3.274\pm 0.151$	$\infty$	t
12	$4.153\pm 0.090$	$\infty$	t	24	$3.039\pm 0.161$	$\infty$	t



图 1 棘头梅童鱼染色体中期分裂相(A)及核型(B)  
Fig.1 The metaphase chromosomes (A) and karyotype (B) of *C. lucidus*

### 3 讨论

近年来,随着海水鱼类养殖业迅速发展和研究深入,海水鱼类染色体核型的研究也不断增加。据报道,我国已有 100 多种海水鱼类染色体核型被研究分析,且多为我国近海水域的经济鱼类(赵金良, 2000; 卓孝磊等, 2007),其中,鲈形目种类最多。本研究参考众多鲈形目鱼类的染色体研究方法(全成干等, 2000; 尤峰等, 1998; 孟庆磊等, 2010; 黄永春等, 2011),确定低渗时间为 35 min。由于棘头梅童鱼严重的应激反应,将 PHA 作用时间减短为 6 h。秋水仙素浓度高、作用时间过长会使染色体有不同程度的皱缩现象,反之,又很难富集中期分裂相,为使用合适浓度和处理时间的秋水仙素处理,查阅石首鱼科的染色体研究资料(全成干等, 2000; 尤峰等, 1998; 王金星等, 1994),确定秋水仙素浓度为 1  $\mu\text{g/g}$ (鱼的体重),将秋水仙素的作用时间分为 2 h 和 5 h。结果显示,2 h 秋水仙素处理获得的染色体分裂相较理想。

表 3 部分鲈形目海水鱼类的染色体核型  
Tab.3 Karyotype of some marine fishes of Perciformes

科 Family	种 Species	$2n$	核型公式 Karyotype formulae	臂比 NF	异型染色体 Heterosomal chromosomes	参考文献 Reference
石首鱼科 Sciaenidae	大黄鱼 <i>Larimichthys crocea</i>	48	48t	48	未发现	邹曙明等(2003)
	小黄鱼 <i>Larimichthys polyactis</i>	48	46t+2st	48	未发现	全成干等(2000)
	黄姑鱼 <i>Albiblora croaker</i>	48	48t	48	第 1 对染色体有次缢痕	王金星等(1994)
		48	48t	48	第 1 对染色体有次缢痕	王金星等(1994)
	皮氏叫姑鱼 <i>Johnius belangerii</i>	48	48t	48	第 3 对染色体有次缢痕	喻子牛等(1996)
	美国红鱼 <i>Sciaenops ocellatus</i>	48	48t	48	第 1 对染色体有次缢痕	王金星等(1994)
		48	48t	48	未发现	尤峰等(1998)
	鮸鱼 <i>Miichthys miiuy</i>	48	48t	48	未发现	王晓燕等(2012)
		48	2m+2sm+44t	52	未发现	阳芳等(2016)
	鮆状黄姑鱼 <i>Nibea miichthioides</i>	48	48t	48	未发现	邹禹等(2018)
	棘头梅童鱼 <i>C. lucidus</i>	48/47	48t 46t+1m	48	$X_1X_1X_2X_2/X_1X_2Y$	郑天伦等(2013)
		48	48t	48	未发现	王德祥等(2006)
篮子鱼科 Siganidae	长鳍篮子鱼 <i>Siganus canaliculatus</i>	48	48t	48	未发现	本研究
金梭鱼科 Sphyraenidae	梭鱼 <i>Sphyraenus</i>	48	48t	48	未发现	舒琥等(2010)
鮨科 Serranidae	花鮨 <i>Lateolabrax maculatus</i>	48	48t	48	未发现	喻子牛等(1995)
	七带石斑鱼 <i>Epinephelus septemfasciatus</i>	48	48t	48	未发现	王金星等(1994)
		48	48t	48	未发现	钟声平等(2010)

小岛吉雄(1979)通过对鱼类染色体核型统计研究,在 Gosline(1971)划分演化类群的基础上,将真骨

鱼分为低位类、中位类和高位类三个演化类群,高位类群的染色体数目分布收敛,在 42~48 的范围内,峰

值  $2n=48$ , M型染色体(m型和sm型)少, A型染色体(t型和st型)多, 且主要为端部着丝粒染色体(t型), 臂比少。棘头梅童鱼染色体数目为  $2n=48$ , 且全部为t型染色体, NF=48, 符合典型的高位类群核型特征。王德祥等(2006)认为在特定的演化类群中, 染色体数目  $2n=48$  且全部为t或st染色体的是原始核型, 由此判定, 棘头梅童鱼染色体在进化上也属于原始核型。已有核型报道的海水鱼类中, 符合原始核型的海水鱼类有64种, 其中, 鲈形目45种,  $2n=48t$  的有25种, 占55.6%, 说明鲈形目海水鱼类核型相对稳定, 大部分属于高位类群原始核型, 与鲤形目等臂比多且A型染色体比例低的低位类群核型存在显著差异(蒋进等, 2009), 这可能与海洋鱼类生活的环境较为稳定有关, 故多数鱼类保持着原始核型。

虽然海水鱼类核型比淡水鱼核型稳定, 但结构与演化过程却较为复杂, 物种的核型演化主要是通过染色体重组, 由原始核型通过罗伯逊易位、着丝点融合等形成其他核型(王梅林等, 2000)。如表3所示, 石首鱼科海洋鱼类染色体以  $2n=48t$ 、NF=48为主, 与篮子鱼科的长鳍篮子鱼(*Siganus canaliculatus*)(舒琥等, 2010)、金梭鱼科的梭鱼(*Sphyraenus*)(喻子牛等, 1995)以及鮨科的花鮨(*Lateolabrax maculatus*)(王金星等, 1994)等核型一致, 说明海洋鱼类核型演化具有保守性和趋同性, 这可能与海洋环境的稳定以及海洋生物染色体演化速率慢有关。本研究中, 棘头梅童鱼核型公式为  $2n=48t$ , 而Zhang等(2018)研究所得棘头梅童鱼核型公式为  $2n=48t$ (雌鱼)和  $2n=46t+1m$ (雄鱼), 在不同报道中同一物种的核型有所差异较为常见, 例如表3中列出的大黄鱼和鲅鱼的研究结果也有不一致性, 这说明核型演化具有多态性特点, 不同地理分布、同一物种的核型不一定相同, 甚至差别显著, 也可能与实验方法和染色体存在变异有关。今后有必要收集棘头梅童鱼不同地理群体, 特别是繁殖季节成熟的雌、雄鱼, 通过不同的方法进一步分析和验证棘头梅童鱼核型结构。

## 参 考 文 献

- Amores AA, Catchen J, Nanda I, et al. A RAD-tag genetic map for the platyfish (*Xiphophorus maculatus*) reveals mechanisms of karyotype evolution among teleost fish. *Genetics*, 2014, 197(2): 625–641
- Gosline WA. Teleosts. Book reviews: Functional morphology and classification of Teleostean fishes). *Science*, 1972, 176
- Hu Y, Zhang T, Yang G, et al. Assessment of resource situation of *Collichthys lucidus* in coastal waters of the Yangtze estuary. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2015, 26(9): 2867–2873 [胡艳, 张涛, 杨刚, 等. 长江口近岸水域棘头梅童鱼资源现状的评估. *应用生态学报*, 2015, 26(9): 2867–2873]
- Huang YC, Li WJ, Lin XR, et al. Morphology, chromosome karyotype and nuclear DNA contents of red tilapia. *Freshwater Fisheries*, 2011, 41(5): 3–8 [黄永春, 李文静, 林祥日, 等. 星洲红鱼形态、染色体组型及细胞核DNA含量的分析. *淡水渔业*, 2011, 41(5): 3–8]
- Jiang J, Li MY, Wu EM. Karyotype analysis of *Acrossocheilus fasciatus*. *Freshwater Fisheries*, 2009(3): 77–79 [蒋进, 李明云, 吴尔苗. 光唇鱼染色体核型分析. *淡水渔业*, 2009(3): 77–79]
- Levan A, Fredga K, Sandberg AA. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas*, 1964, 52(2): 201–220
- Meng QL, An L, Wang CW, et al. Karyotype analysis in the black bream (*Hephaestus fuliginosus*). *Freshwater Fisheries*, 2010, 40(3): 76–79 [孟庆磊, 安丽, 王成武, 等. 淡水黑鲷染色体核型分析. *淡水渔业*, 2010, 40(3): 76–79]
- Ojima. *Aquatic biology and genetic breeding*. Tokyo: Water Delivery Press, 1979, 46–62 [小岛吉雄. 水生生物及遗传育种. 东京: 水交出版社, 1979, 46–62]
- Ou YJ, Liao R, Li JE, et al. Application of otolith morphology in species discrimination for *Bahaba flavolabiata*, *Pseudosciaena crocea*, *Wak tingi* and *Collichthys lucidus*. *Guangdong Agricultural Sciences*, 2012, 24: 143–147 [区又君, 廖锐, 李加儿, 等. 耳石形态在黄唇鱼、大黄鱼、丁氏鱥和棘头梅童鱼种类识别中的应用. *广东农业科学*, 2012, 24: 143–147]
- Quan CG, Wang J, Ding SX, et al. The karyotypes of *Pseudosciaena crocea* (Richardson). *Journal of Xiamen University(Natural Science)*, 2000, 39(1): 107–110 [全成干, 王军, 丁少雄, 等. 大黄鱼染色体核型研究. *厦门大学学报(自然科学版)*, 2000, 39(1): 107–110]
- Shen XQ, Shi YR, Chao M, et al. Fish community structure of the Yangtze River estuary in summer and autumn. *Journal of Fisheries of China*, 2011, 35(5): 700–710 [沈新强, 史赟荣, 晁敏, 等. 夏、秋季长江口鱼类群落结构. *水产学报*, 2011, 35(5): 700–710]
- Shi B, Liu YS, Liu XZ, et al. Study on the karyotype of Yellowtail kingfish (*Seriola aureovittata*). *Progress in Fishery Sciences*, 2017, 38(1): 136–141 [史宝, 刘永山, 柳学周, 等. 黄条鱥染色体核型分析. *渔业科学进展*, 2017, 38(1): 136–141]
- Shu H, Huang CY, Zhang HF, et al. Study on the karyotypes of *Siganus canaliculatus*. *Journal of Guangzhou University (Natural Science)*, 2010, 9(1): 90–93 [舒琥, 黄萃莹, 张海发, 等. 长鳍篮子鱼的染色体组型研究. *广州大学学报(自然科学版)*, 2010, 9(1): 90–93]
- Song N, Ma GQ, Zhang XM, et al. Genetic structure and historical demography of *Collichthys lucidus* inferred from mtDNA sequence analysis. *Environmental Biology of Fishes*, 2014, 97(1): 69–77

- Song W, Jiang KJ, Zhang FY, et al. Characterization, molecular cloning, and expression analysis of Ecsit in the spinyhead croaker, *Collichthys lucidus*. *Genetics and Molecular Research*, 2016, 15(1): gmr 15017193
- Song W, Meng YY, Jiang KJ, et al. Analysis of genetic diversity among seven wild *Collichthys lucidus* populations by using microsatellite marker. *Journal of Fisheries of China*, 2017, 41(1): 31–39 [宋炜, 孟永永, 蒋科技, 等. 棘头梅童鱼七个野生群体遗传多样性的微卫星分析. 水产学报, 2017, 41(1): 31–39]
- Song W, Zhao MD, Jiang KJ, et al. Molecular cloning and expression analysis of a matrix Gla protein gene in spinyhead croaker, *Collichthys lucidus*. *Genetics and Molecular Research*, 2016, 15(4): gmr 15049028
- Wang DX, Su YQ, Wang SF, et al. The karyotypes and their polymorphisms of the *Pseudosciaena crocea* from different populations. *Acta Oceanologica Sinica*, 2006, 28(6): 176–178 [王德祥, 苏永全, 王世锋, 等. 不同地理种群大黄鱼染色体核型的比较研究. 海洋学报, 2006, 28(6): 176–178]
- Wang JX, Zhao XF, Wang XM, et al. Karyotype analysis for seven species of Clupeiform and Perciform fishes. *Zoological Research*, 1994, 15(2): 76–79 [王金星, 赵小凡, 王相民, 等. 鲈形目和鲈形目七种鱼的核型分析. 动物学研究, 1994, 15(2): 76–79]
- Wang ML, Zheng JS, Zhu LY, et al. Advances on karyotype study of marine fish and shellfish in China. *Periodical of Ocean University of China (Natural Science)*, 2000, 30(2): 277–284 [王梅林, 郑家声, 朱丽岩, 等. 我国海洋鱼类和贝类染色体组型研究进展. 中国海洋大学学报(自然科学版), 2000, 30(2): 277–284]
- Wang XY, Wang SF, Zhang JS, et al. The karyotype, Ag-NORs and C-banding of *Sciaenops ocellata*. *Oceanologia et Limnologia Sinica*, 2012, 43(1): 84–87 [王晓艳, 王世锋, 张建设, 等. 美国红鱼(*Sciaenops ocellata*)的核型、Ag-NORs 和 C-带分析. 海洋与湖沼, 2012, 43(1): 84–87]
- Wu CW, Wang WH. The biology distribution and resources changes of *Collichthys lucidus* in Zhejiang offshore. *Marine Fishery*, 1991(1): 6–10 [吴常文, 王伟宏. 浙江近海棘头梅童鱼的分布、生物学与资源变动. 海洋渔业, 1991(1): 6–10]
- Yang F, Chen RY, Zhan W, et al. Karyotype analysis of *Miichthys miiuy*. *Journal of Zhejiang Ocean University(Natural Science)*, 2016, 35(4): 291–294 [阳芳, 陈睿毅, 詹炜, 等. 鮸鱼染色体核型分析. 浙江海洋学院学报(自然科学版), 2016, 35(4): 291–294]
- You F, Liu J, Xu C. Study on the karyotypes in the red drum, *Sciaenops ocellatus*. *Marine Sciences*, 1998, 2: 51–53 [尤峰, 刘静, 徐成. 美国红鱼的核型研究. 海洋科学, 1998, 2: 51–53]
- Yu ZN, Kong XY, Xie ZY, et al. Studies on the chromosomes of five species of marine fish. *Journal of Ocean University of Qingdao*, 1996, 26(1): 44–48 [喻子牛, 孔晓瑜, 谢宗墉, 等. 五种经济海水鱼类的染色体研究. 青岛海洋大学学报, 1996, 26(1): 44–48]
- Yu ZN, Kong XY, Xie ZY. Studies on karyotype of fishes of economic importance in coastal waters of Shandong Peninsula. *Journal of Fishery Sciences of China*, 1995, 2(2): 1–6 [喻子牛, 孔晓瑜, 谢宗墉. 山东近海 21 种经济鱼类的核型研究. 中国水产科学, 1995, 2(2): 1–6]
- Zhang SK, Zheng J, Zhang J, et al. Cytogenetic characterization and description of an  $X_1X_1X_2X_2/X_1X_2Y$  sex chromosome system in *Collichthys lucidus* (Richardson, 1844). *Acta Oceanologica Sinica*, 2018, 37(4): 34–39
- Zhao JL. A review of studies on karyotypes of marine fish and salted freshwater fish in China. *Journal of Shanghai Ocean University*, 2000, 9(4): 344–347 [赵金良. 我国海水鱼和咸淡水鱼染色体组型研究概述. 上海海洋大学学报, 2000, 9(4): 344–347]
- Zhao M, Song W, Ma CY, et al. Population genetic structure of *Collichthys lucidus* based on the mitochondrial cytochrome oxidase subunit 1 sequence. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2015, 22(2): 233–242 [赵明, 宋炜, 马春艳, 等. 基于线粒体 COI 基因序列的棘头梅童鱼 7 个野生群体遗传结构分析. 中国水产科学, 2015, 22(2): 233–242]
- Zheng TL, Zhang HQ, Zhang XH. Genetic diversity and conservation strategies of *Miichthys miiuy*. *Journal of Zhejiang Agricultural Sciences*, 2013(9): 1183–1186 [郑天伦, 张海琪, 张晓辉. 鮸鱼的遗传多样性现状及保护策略. 浙江农业科学, 2013(9): 1183–1186]
- Zhong SP, Chen C, Wang J, et al. Chromosome karyotype of sevenband grouper *Epinephelus septemfasciatus*. *Journal of Fishery Sciences of China*, 2010, 17(1): 150–155 [钟声平, 陈超, 王军, 等. 七带石斑鱼染色体核型研究. 中国水产科学, 2010, 17(1): 150–155]
- Zhou BC, Shu H, Liu F, et al. Karyotypes in three marine important fish species. *Fisheries Science*, 2009, 28(6): 325–328 [周伯春, 舒琥, 刘锋, 等. 3 种海产经济鱼类的染色体组型研究. 水产科学, 2009, 28(6): 325–328]
- Zhu YD, Luo YL, Wu HL. Study on the classification system of Chinese Sciaenidae and the narration of new families and new species. Shanghai: Shanghai Scientific and Technical Publishers, 1963a, 70–73 [朱元鼎, 罗云林, 伍汉霖. 中国石首鱼类分类系统的研究和新属新种的叙述. 上海: 上海科学技术出版社, 1963a, 70–73]
- Zhu YD, Wu HL. Fishes annals of East China Sea. Beijing: Science Press, 1963b, 286–293 [朱元鼎, 伍汉霖. 东海鱼类志. 北京: 科学出版社, 1963b, 286–293]
- Zhuo XL, Zou JX. Advances in karyotype and chromosome banding studies of marine fish in China. *Journal of Tropical Oceanography*, 2007, 26(5): 73–80 [卓孝磊, 邹记兴. 我国海水鱼类核型及染色体显带研究进展. 热带海洋学报, 2007, 26(5): 73–80]
- Zou SM, Li SF, Zhao JL, et al. Karyotype of *Pseudosciaena crocea* in Guanjingyang of Fujian. *Journal of Shanghai*

- Ocean University, 2003, 12(2): 179–181 [邹曙明, 李思发, 赵金良, 等. 福建官井洋海区大黄鱼的染色体核型分析. 上海水产大学学报, 2003, 12(2): 179–181]
- Zou Y, Zheng J, Zhang J, et al. Chromosome identification and karyotype characterization of *Miichthys miuy*. Journal of Xiamen University(Natural Science), 2018, 57(2): 208–213 [邹禹, 郑娇, 张静, 等. 鮓染色体的识别及核型特征分析. 厦门大学学报(自然科学版), 2018, 57(2): 208–213]

(编辑 冯小花)

## Karyotype Analysis of *Collichthys lucidus*

LIANG Shuzhang<sup>1,2</sup>, SONG Wei<sup>1,2①</sup>, JIANG Keji<sup>1,2</sup>, CHEN Wei<sup>1</sup>, LI Yu<sup>1,2</sup>, MA Lingbo<sup>1</sup>

(1. Key Laboratory of Oceanic and Polar Fisheries, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, East China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Shanghai 200090; 2. College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306)

**Abstract** In this study, the metaphase chromosomes of *Collichthys lucidus* were obtained from kidney tissue by the method of PHA and colchicine injection-air drying method. The experimental fishes were taken from Ningde coast of China. Because of their strong stress, we adjusted the drug treatment time (PHA: 6 h; Colchicine: 2 h, 5 h). In order to identify whether there were heteromorphic chromosomes, we separated the female from the male. The results showed that there were 48 chromosomes in *C. lucidus* and its karyotype formula was  $2n=48t$ , NF=48. The relative length of chromosome was in the range of  $(5.694\pm0.514) \sim (3.039\pm0.161)$ , which suggested that *C. lucidus* was in accordance with the original karyotype of perciformes and the higher group of fish evolutionary taxonomy. Sex chromosome, satellite chromosome and secondary constrictions were not found in *C. lucidus*. This study provides basic data for cytogenetics and germplasm identification for *C. lucidus*.

**Key words** *Collichthys lucidus*; Chromosome; Karyotype

① Corresponding author: SONG Wei, E-mail: swift83@sina.com