

# 日本蟳4个地理群体遗传变异的同工酶分析

丁金强<sup>1,2</sup> 刘萍<sup>1</sup> 李健<sup>1</sup> 王清印<sup>1\*</sup> 高保全<sup>1</sup> 陈萍<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>农业部海洋渔业可持续发展重点实验室 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 青岛 266071)

(<sup>2</sup>上海海洋大学水产与生命学院, 201306)

**摘要** 采用聚丙烯酰胺不连续凝胶垂直电泳技术对中国沿海的大连黑石礁、山东莱州湾、江苏海州湾和浙江象山4个日本蟳地理群体的10种同工酶进行检测,并分析了群体间的生化遗传差异。实验共记录了28个座位,其中 *m-Mdh-1*、*Sod-3*、*Cat-3*、*Est-1*、*αAmy-1*、*αAmy-4*、*Ldh-2*、*Alp-1* 和 *Alp-3* 共9个座位表现为多态,4个群体的多态座位百分数( $P_{0.99}$ )均为32.14%,平均每个座位等位基因有效值  $A_e$  为1.2830~1.2979,平均预期杂合度  $H_e$  为0.1462~0.1556,平均观察杂合度  $H_o$  为0.2738~0.2783,遗传距离  $D$  为0.0004~0.0018。4个群体的聚类分析表明,莱州湾和大连群体亲缘关系最近,而象山群体与其他3个群体遗传距离较远。实验结果表明,日本蟳遗传多样性处于较高水平,种质资源维持良好,有利于其种质资源的开发及遗传改良等工作的开展。

**关键词** 日本蟳 地理群体 同工酶 遗传差异

**中图分类号** S917 **文献识别码** A **文章编号** 1000-7075(2013)02-0082-08

## Genetic variation analysis of four geographic populations of *Charybdis japonica* by isozyme

DING Jin-qi<sup>1,2</sup> LIU Ping<sup>1</sup> LI Jian<sup>1</sup> WANG Qing-yin<sup>1\*</sup>

GAO Bao-quan<sup>1</sup> CHEN Ping<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Key Laboratory of Sustainable Development of Marine Fisheries, Ministry of Agriculture, Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071)

(<sup>2</sup> College of Fisheries and Life Sciences, Shanghai Ocean University, 201306)

**ABSTRACT** Vertical polyacrylamide gel electrophoresis was employed to investigate the genetic variation of isozyme of *Charybdis japonica*. Four geographic populations in Dalian Black Reefs (DL), Shangdong Laizhou Bay (LZ), Jiangsu Haizhou Bay (HZ) and Zhejiang Xiangshan (XS) (48 individuals each) were surveyed. Ten enzymes revealed twenty-eight putative loci, in which nine were polymorphic. For the four populations, the proportion of polymorphic loci ( $P_{0.99}$ ) was 32.14%. The mean effective number ( $A_e$ ) of alleles per locus ranged from 1.2830 to 1.2979, and the mean values of observed ( $H_o$ ) and expected ( $H_e$ ) heterozygosities were in

国家高技术研究发展计划项目(2012AA10A409)、国家虾产业技术体系(CARS-47)和山东省科技发展计划项目(2011GHY11526)共同资助

\* 通讯作者。E-mail: qywang@public.qd.sd.cn

收稿日期: 2012-04-16; 接受日期: 2012-04-29

作者简介: 丁金强(1985-), 男, 硕士研究生, 主要从事海水养殖生物种质资源与遗传育种研究。E-mail: jinqiang1166@163.com,

Tel: 13863971435

the range of 0.146 2~0.155 6 and 0.273 8~0.278 3 respectively. The genetic distance ( $D_{nei}$ ) among the four wild geographic populations ranged from 0.000 4 to 0.001 8, which were lower than that between subspecies. Cluster analysis indicated that DL and LZ populations were clustered together for the closest relationship, while HZ or XS, respectively, was an independent cluster.

**KEY WORDS** *Charybdis japonica* Geographic population Isozyme  
Genetic diversity

群体的遗传变异及多样性的研究一直以来都是海洋生物研究领域中的热点(Tudeal *et al.* 1999),尤其近几年海洋生物资源的普遍衰退,海洋生物的遗传变异及多样性研究得到高度重视(吕振明等 2010),大量的科研工作已广泛开展。同工酶是指能够催化同一种反应,但是具有不同分子结构形式的酶。自同工酶技术得到应用和发展,至今已成为生物遗传学研究的经典技术之一,已在样品的采集、实验的思路与技术、数据处理方法及最后结果分析,全面形成了一个统一的标准,为整个生物界的遗传差异的比较提供了更加科学的平台(沈浩 2001)。同工酶标记技术对于生物进化、杂交育种及种群的遗传结构分析等研究具有重要意义,已被广泛应用到海洋生物的研究中(李晨等 2008;郑曙明等 1994)。

日本螯 *Charybdis japonica* 隶属于梭子蟹科 Portunidae、螯属 *Charybdis*, 是大型海产食用蟹之一, 栖息于潮间带, 属沿岸定居性种类, 广泛分布于我国各海域及日本、朝鲜、东南亚等沿海区域。日本螯是一种高蛋白食品, 其肉质细嫩, 味道鲜美, 营养丰富, 体内含有 17 种氨基酸、20 多种脂肪酸(王春琳等 2005), 并具有消肿、清热、滋补等功效, 可以治疗多种疾病, 具有极高的食用价值和药用价值, 备受消费者的青睐。日本螯的市场需求量非常大, 在我国北方的青岛、天津等沿海城市特别受欢迎, 尤其是秋冬后, 日本螯经常出现供不应求的局面。当前, 市场上日本螯的供应主要依靠捕捞野生蟹为主, 虽然东部沿海地区已出现越冬培育及小规模养殖, 但还远远不能满足市场的需求。此外, 因近几年对日本螯的过度捕捞、环境污染等破坏, 导致日本螯自然资源日趋衰竭。因此, 对日本螯种质资源的保护及合理开发利用的相关工作必须尽快提上日程。

目前, 有关日本螯的研究主要集中在生物学特性、生理生化、生殖繁育等方面(王春琳等 2000; 俞存根等 2005; 杨玲玲等 2008; 许星鸿等 2009), 而对其群体遗传学方面的研究比较鲜见, 只见宋春妮等(2011)对日本螯 4 个野生群体的遗传多样性进行了微卫星分析。本研究从生化角度, 拟采用 10 种同工酶对 4 个日本螯地理群体进行群体遗传分析, 通过对各群体间的遗传差异进行比较, 以期为本日本螯的种质资源的合理开发、利用及今后的遗传改良等工作提供科学的数据支持。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

实验所用日本螯于 2010 年 5 月中旬~7 月中旬分别采自大连黑石礁(DL)、渤海莱州湾(LZ)、连云港海州湾(HZ)和浙江象山(XS)的野生日本螯(表 1)。活体运回实验室后全部暂养 24h, 每个群体随机选取 48 只用于实验, 取其肌肉置于超低温冰箱(-80℃)保存备用。

表 1 日本螯 4 个地理群体样本采集情况

Table 1 Sampling information of four geographic populations of wild *Charybdis japonica*

群体 Population	采样地点 Sampling site	时间(年-月-日) Date	样本量(只) Number of samples
大连DL	大连黑石礁	2010-06-09	98
莱州湾LZ	潍坊昌邑莱州湾	2010-05-24	97
海州湾HZ	连云港海州湾	2010-06-12	115
象山XS	浙江象山	2010-07-20	52

## 1.2 电泳方法

### 1.2.1 样品的制备

样品的处理参照葛京盈(2007),取日本蠅大螯肌肉,提取粗酶进行分装,置于 $-80^{\circ}\text{C}$ 超低温冰箱中保存备用。

### 1.2.2 电泳与染色

电泳的方法及其条件的设置参照高保全(2007),染色方法参照胡能书等(1985)和王中仁(1998),本研究根据实验情况进行部分优化及调整。染色完毕后,用75%冰醋酸溶液固定,使用数码相机进行拍摄记录。

## 1.3 结果记录

显色固定后的胶片采用数码相机进行拍照,并记录酶带的迁移距离及染色深度。酶谱的分析方法主要参照王中仁(1998)。同工酶的命名基本采用Shaklee等(1990)、Whitmore等(1990)推荐的方法,采用酶名称简写、数字等方式,从阳极到阴极的顺序依次进行标记。

表2 酶的名称、缩写、国际编码号和亚基结构及组织

Table 2 Name, abbreviation and E. C. number of ten isozymes of *C. japonica*

酶 Enzyme	国际代码 E. C. No.	亚基结构 Structure	组织 Tissue	缓冲系统 Buffer system
苹果酸脱氢酶MDH	E. C. 1. 1. 1. 37	二聚体	肌肉	TG
苹果酸酶ME	E. C. 1. 1. 1. 40	四聚体	肌肉	TG
超氧化物歧化酶SOD	E. C. 1. 15. 1. 1	二聚体	肌肉	TG
乳酸脱氢酶LDH	E. C. 1. 1. 1. 27	四聚体	肌肉	TG
谷氨酸脱氢酶GDH	E. C. 1. 4. 1. 2	四聚体、六聚体或八聚体	肌肉	TC
酯酶EST	E. C. 3. 1. 1. 1	单体或二聚体	肌肉	TG
过氧化氢酶CAT	E. C. 1. 11. 1. 6	四聚体	肌肉	TG
碱性磷酸酶ALP	E. C. 3. 1. 3. 1	单体或二聚体	肌肉	EBT
过氧化物酶POD	E. C. 1. 11. 1. 7	单体	肌肉	TG
$\alpha$ -淀粉酶 $\alpha$ -AMY	E. C. 3. 2. 1. 1	单体或二聚体	肌肉	TG

## 1.4 数据处理

实验数据的处理参照王中仁(1998)和曾呈奎等(1998)的数理统计方法,采用POPGENE 3.2计算日本蠅4个群体28个位点的多态座位百分数( $P_{0.09}$ )、平均每个座位的等位基因的有效数目( $A_e$ )、平均每个座位的观察杂合度 $H_o$ 、预期杂合度( $H_e$ )和遗传距离( $D_{nei}$ )。根据计算得到的遗传距离,使用MEGA 3.1软件,采用UPGMA分析方法对日本蠅的4个地理群体进行聚类分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 日本蠅4个群体同工酶的表达分析

对中国沿海的大连、莱州湾、海州湾和象山4个日本蠅地理群体的同工酶进行电泳分析。实验共检测12种同工酶,从中挑选10种谱带清晰的进行分析,由于4个群体酶谱表型相似,为节约篇幅,故只刊登莱州湾群体的酶谱作为代表(图1)。各酶的分析方式参照樊祥国等(2009)。

### 2.1.1 碱性磷酸酶(ALP)

ALP 为单体或二聚体酶,在日本蠅中表现为二聚体,由 4 个基因座位编码。4 个群体中的 *Alp-2*、*Alp-4* 为单态,都观察到一种等位基因 a 和一种基因型 aa;*Alp-1*、*Alp-3* 是多态座位,其中 4 个群体中 *Alp-1* 基因座位均观察到 a、b 两种等位基因和 ab 一种基因型。在大连群体和象山群体中的 *Alp-3* 基因座位观察到了 a、b 两种等位基因和 ab 一种基因型,而在莱州湾群体和海州湾群体中均观察到了 a、b 两种等位基因和 aa、ab 两种基因型(图 1-A)。

### 2.1.2 $\alpha$ -淀粉酶( $\alpha$ -AMY)

$\alpha$ -AMY 为单体或二聚体,但在日本蠅中表现为二聚体,观察到 4 个基因座位。其中 *Amy-2*、*Amy-3* 均观察到一种等位基因 a 和一种基因型 aa;*Amy-1*、*Amy-4* 是多态座位,并且 4 个群体都观察到 a、b 两种等位基因和 ab 一种基因型(图 1-B)。

### 2.1.3 过氧化氢酶(CAT)

CAT 是四聚体酶,日本蠅的 4 个群体均观察到 3 个基因座位,其中 *Cat-3* 呈现多态,在大连群体中观察到 a、b 两种等位基因和 aa、ab 两种基因型,在莱州湾群体中观察到 a、b 两种等位基因和 ab、bb 两种基因型,在海州湾群体和象山群体中观察到 a、b 两种等位基因和 ab 一种基因型;*Cat-1* 和 *Cat-2* 两个基因座位在 4 个群体中都由等位基因 a 编码,只观察到一种基因型 aa(图 1-C)。

### 2.1.4 酯酶(EST)

EST 为单体或二聚体,在日本蠅中表现为单体类型,由 *Est-1* 和 *Est-2* 两个基因座位编码。其中 *Est-1* 基因座位为多态,在大连群体和象山群体中观察到 a、b 两种等位基因和 aa、ab 两种基因型,而在莱州湾群体和海州湾群体中观察到 a、b 两种等位基因和 ab、bb 两种基因型;*Est-2* 在 4 个群体中只观察到 1 种基因型 aa(图 1-D)。

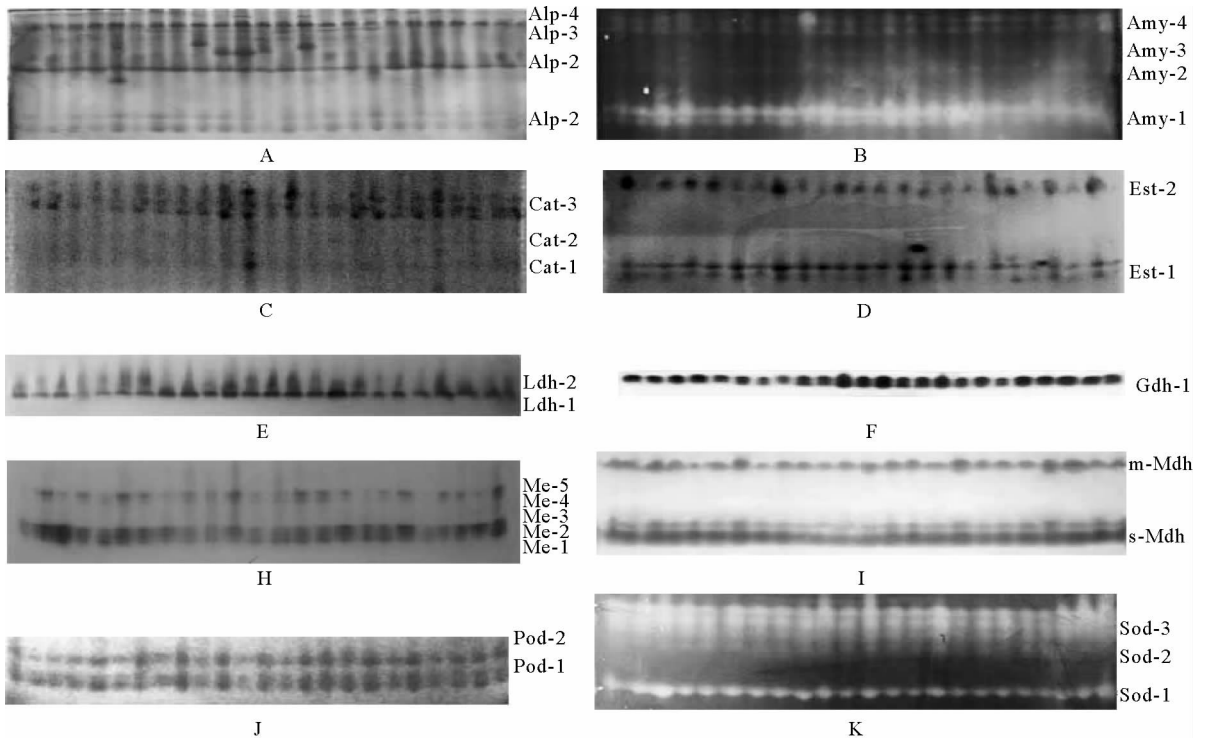


图 1 莱州湾群体同工酶电泳图谱

Fig. 1 Isozyme electrophoresis patterns of *C. japonica* in Laizhou Bay population

### 2.1.5 谷氨酸脱氢酶(GDH)

GDH 表现为四聚体、六聚体或八聚体,但在日本蠅 4 个群体中都只观察到一个基因座位,一种等位基因 a 和一种基因型 aa(图 1-F)。

### 2.1.6 乳酸脱氢酶(LDH)

LDH 为四聚体酶,在 4 个群体中均观察到两个基因座位:*Ldh-1* 和 *Ldh-2*。其中 *Ldh-2* 表现为多态,观察到 a、b 两种等位基因和 aa、ab、bb 三种基因型;*Ldh-1* 只观察到一种基因型 aa(图 1-E)。

### 2.1.7 苹果酸脱氢酶(MDH)

MDH 是二聚体酶,在 4 个群体中均能观察到线粒体型(m-*Mdh*)和细胞质型(s-*Mdh*)。两种类型各由一个基因座位编码,m-*Mdh* 在 4 个群体中只观察到一种等位基因 a 和一种基因型 aa;s-*Mdh* 表现为多态,4 个群体均观察到 a、b 两种等位基因和 ab 一种基因型(图 1-I)。

### 2.1.8 苹果酸酶(ME)

ME 只有四聚体类型,在 4 个群体中观察到 5 个基因座位,都只观察到一种等位基因 a 和一种基因型 aa(图 1-H)。

### 2.1.9 过氧化物酶(POD)

POD 为单聚体酶,4 个群体均观察到两个基因座位:*Pod-1* 和 *Pod-2*。两个基因座位全部表现为单态,均观察到一种等位基因 a 和一种基因型 aa(图 1-J)。

### 2.1.10 超氧化物歧化酶(SOD)

SOD 有二聚体和四聚体两种类型,在日本蠅中只表现为二聚体,4 个群体中均观察到 3 个基因座位:*Sod-1*、*Sod-2* 和 *Sod-3*。其中 *Sod-3* 基因座位为多态,均观察到 a、b 两种等位基因和 ab 一种基因型;*Sod-1* 和 *Sod-2* 两个基因座位在 4 个群体中均只观察到一种等位基因 a 和一种基因型 aa(图 1-K)。

## 2.2 4 个日本蠅野生群体的遗传参数

4 个群体的 10 种同工酶共检测到 28 个基因座位,其中 9 个呈现多态性。所测基因座位及其等位基因频率见表 3。

表 3 日本蠅 4 个地理群体实测基因座位及其等位基因

Table 3 Observed loci and allelic frequencies of enzymes in four populations of *C. japonica*

基因座位 Locus	等位基因 Allele	群体 Population			
		DL	LZ	HZ	XS
<i>s-Mdh-1</i>	a	1.000 0	1.000 0	1.000 0	1.000 0
<i>m-Mdh-1</i>	a	0.500 0	0.500 0	0.500 0	0.500 0
	b	0.500 0	0.500 0	0.500 0	0.500 0
<i>Sod-1</i>	a	1.000 0	1.000 0	1.000 0	1.000 0
<i>Sod-2</i>	a	1.000 0	1.000 0	1.000 0	1.000 0
<i>Sod-3</i>	a	0.500 0	0.500 0	0.500 0	0.500 0
	b	0.500 0	0.500 0	0.500 0	0.500 0
<i>Gdh-1</i>	a	1.000 0	1.000 0	1.000 0	1.000 0
<i>Cat-1</i>	a	1.000 0	1.000 0	1.000 0	1.000 0
<i>Cat-2</i>	a	1.000 0	1.000 0	1.000 0	1.000 0
<i>Cat-3</i>	a	0.541 7	0.479 2	0.500 0	0.500 0
	b	0.458 3	0.520 8	0.500 0	0.500 0
<i>Est-1</i>	a	0.562 5	0.479 2	0.479 2	0.625 0
	b	0.437 5	0.520 8	0.520 8	0.375 0
<i>Est-2</i>	a	1.000 0	1.000 0	1.000 0	1.000 0
<i>Me-1</i>	a	1.000 0	1.000 0	1.000 0	1.000 0
<i>Me-2</i>	a	1.000 0	1.000 0	1.000 0	1.000 0
<i>Me-3</i>	a	1.000 0	1.000 0	1.000 0	1.000 0
<i>Me-4</i>	a	1.000 0	1.000 0	1.000 0	1.000 0

续表 3

基因座位 Locus	等位基因 Allele	群体 Population			
		DL	LZ	HZ	XS
<i>Me-5</i>	a	1.000 0	1.000 0	1.000 0	1.000 0
<i>α-Amy-1</i>	a	0.500 0	0.500 0	0.500 0	0.500 0
	b	0.500 0	0.500 0	0.500 0	0.500 0
<i>α-Amy-2</i>	a	1.000 0	1.000 0	1.000 0	1.000 0
<i>α-Amy-3</i>	a	1.000 0	1.000 0	1.000 0	1.000 0
<i>α-Amy-4</i>	a	0.500 0	0.500 0	0.500 0	0.500 0
	b	0.500 0	0.500 0	0.500 0	0.500 0
<i>Pod-1</i>	a	1.000 0	1.000 0	1.000 0	1.000 0
<i>Pod-2</i>	a	1.000 0	1.000 0	1.000 0	1.000 0
<i>Ldh-1</i>	a	1.000 0	1.000 0	1.000 0	1.000 0
<i>Ldh-2</i>	a	0.833 3	0.854 2	0.895 8	0.979 2
	b	0.166 7	0.145 8	0.104 2	0.020 8
<i>Alp-1</i>	a	0.500 0	0.500 0	0.500 0	0.500 0
	b	0.500 0	0.500 0	0.500 0	0.500 0
<i>Alp-2</i>	a	1.000 0	1.000 0	1.000 0	1.000 0
<i>Alp-3</i>	a	0.500 0	0.520 8	0.625 0	0.500 0
	b	0.500 0	0.479 2	0.375 0	0.500 0
	b	0.375 0	0.479 2	0.500 0	0.500 0
<i>Alp-4</i>	a	1.000 0	1.000 0	1.000 0	1.000 0

根据表 3 的统计结果,计算得到 4 个日本蠅群体的多态座位百分数  $P$ 、平均每个座位的有效等位基因的数目  $A_e$ 、平均每个座位的观察杂合度  $H_o$  和预期杂合度  $H_e$  及遗传距离  $D$ , 如表 4 所示。

由表 4 可知,4 个日本蠅群体的多态座位百分数均为 32.14%, 平均每个座位的等位基因的有效数目为 1.283 0~1.297 9, 平均每个座位的观察杂合度为 0.273 8~0.278 3, 平均每个座位的预期杂合度为 0.146 2~0.155 6。

从表 5 中可看到 4 个群体的遗传相似度和遗传距离值。对角线上的部分表示各群体间的遗传相似度, 下面的部分表示各群体间的遗传距离。其中大连和莱州湾群体间的遗传距离值最小, 为 0.000 4, 莱州湾和象山群体的遗传距离最远, 为 0.001 8。

根据表 5 给出的遗传距离值,使用 UPGMA 方法进行聚类分析,结果见图 2。从图 2 可见,大连群体和莱州湾群体首先聚在一起,随后与海州湾群体聚为一支,最后与象山群体相聚。

表 4 日本蠅 4 群体的遗传参数

Table 4 Loci and allelic frequencies in four populations of *C. japonica*

遗传参数 Genetic parameter	群体 Population			
	DL	LZ	HZ	XS
$P(\%)$	32.14	32.14	32.14	32.14
$A_e$	1.297 9	1.297 2	1.289 6	1.283 0
$H_o$	0.275 3	0.273 8	0.273 8	0.278 3
$H_e$	0.155 6	0.154 9	0.151 5	0.146 2

表 5 4 个日本蠅地理群体间的遗传距离及遗传相似性系数

Table 5 Nei's genetic identity and genetic distance between populations of *C. japonica*

群体 Population	DL	LZ	HZ	XS
DL		0.999 6	0.998 8	0.998 4
LZ	0.000 4		0.999 5	0.998 2
HZ	0.001 2	0.000 5		0.998 9
XS	0.001 6	0.001 8	0.001 1	

### 3 讨论

#### 3.1 日本蠅 4 个地理群体的同工酶表达

同工酶是基因表达调控的直接或间接产物,具有明显的组织特异性和群体差异性。宋微微等

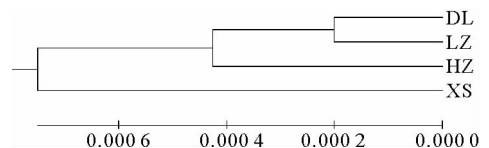


图 2 4 个野生日本蠅群体的 UPGMA 聚类  
Fig. 2 Cluster dendrogram of four populations of *C. japonica*

(2006)曾对日本鳎的同工酶进行了研究,分析了日本鳎的肌肉、眼球、鳃、心脏和肝胰腺5种器官或组织中LDH、ADH、MDH、ACP、AKP、GDH、R-AMY、 $\alpha$ -AMY、MEP、EST和SOD共11种同工酶的表达情况,发现日本鳎体内同工酶的表达具有明显的组织特异性。本研究是从群体遗传学角度对日本鳎的4个地理群体的10种同工酶进行了检测,结果表明,10种酶在肌肉组织中均有表达,且4个群体的酶谱表型基本相似,没有显示出个别群体具有特征酶带。试验共检测出28个基因座位,其中*m-Mdh-1*、*Sod-3*、*Cat-3*、*Est-1*、 $\alpha$ -*Amy-1*、 $\alpha$ -*Amy-4*、*Ldh-2*、*Alp-1*和*Alp-3*共9个座位表现为多态,可将这些座位作为遗传标记对日本鳎的遗传学进行研究。

### 3.2 日本鳎4个地理群体的亲缘关系及差异

群体的遗传距离值可以反映两群体间亲缘关系的远近,本研究中日本鳎的4个地理群体间的遗传距离较小( $D_{nei}=0.0005\sim0.0018$ ),遗传相似度较高( $I=0.9982\sim0.9996$ ),说明4个群体同属于日本鳎的不同地理群体,它们之间的差异属于种内差异(根井正利 1983)。另外,根据遗传距离值对4群体作了聚类分析,结果表明,渤海、黄海和东海海区的群体各分为一支,其中渤海湾的大连群体和莱州湾群体的遗传距离值最小,而莱州湾群体与象山群体的亲缘关系最远,这与宋春妮等(2011)对日本鳎4个野生群体的微卫星分析结果基本一致。刘必谦等(1998)在对4个不同地区的大连湾牡蛎*Ostrea talienwhanensis* Crosse进行研究时发现,相邻群体的遗传差异不明显,且遗传差异与地理位置有关,地理位置相距越远,遗传差异越明显。本研究结果与4个群体的地理位置相吻合,同时与之前的形态和生物学特征的研究结果一致。

### 3.3 日本鳎4个地理群体的遗传多样性

多态座位百分数、平均每个座位等位基因的有效数目、平均每个座位的观测杂合度和预期杂合度常被认为是评价群体生化遗传变异及其种质资源状况的4个重要参考指标。实验中所检测4个群体的多态座位均为32.14%,平均每个座位等位基因有效值为1.2830~1.2979,平均观察杂合度为0.2738~0.2783,预期杂合度为0.1462~0.1556。野泽(1994)对123种甲壳类进行研究,计算出其平均预期杂合度在0.040左右;Gao等(1998)研究结果表明,日本绒螯蟹*Eriocheir japonicus*和中华绒螯蟹*Eriocheir sinensis*的多态座位百分数分别为13.6%、18.2%,预期杂合度分别为0.021、0.034;随后樊祥国等(2009)对三疣梭子蟹*Portunus trituberculatus*的4个地理群体研究结果表明,三疣梭子蟹的多态座位百分数为20%~25%,平均每个座位等位基因的有效数目为1.080~1.116,平均观察杂合度为0.086~0.107,平均预期杂合度为0.021。相比较而言,日本鳎的4个群体遗传参数在亲缘关系较近的物种中处于较高水平,表明当前日本鳎的种质资源维持较好,具有较高的遗传多样性。

## 参 考 文 献

- 王春琳,蒋霞敏,陈惠群,薛良义,赵青松. 2000. 日本鳎繁殖生物学的初步研究 II. 雄性繁殖习性及胚胎发育. 东海海洋, 18(1): 44-47
- 王春琳,陈建青,叶晓园,王 武. 2005. 日本鳎的营养成分组成分析. 营养学报, 27(1): 81-84
- 王中仁. 1998. 植物等位酶分析. 北京: 科学出版社
- 刘必谦,戴继勋,喻子牛. 1998. RAPD标记在大连湾牡蛎种群研究中的应用. 青岛海洋大学学报, 28(1): 82-88
- 许星鸿,徐加涛,阎斌伦,徐国成,赵新生. 2009. 日本鳎人工育苗技术研究. 黑龙江水产, (5): 8-10
- 吕振明,李 焕,吴常文,樊甄姣,张建设. 2010. 中国沿海六个地理群体短蛸的遗传变异研究. 海洋学报, 32(1): 130-138
- 李 晨,马爱军,庄志猛,尤 锋. 2008. 星突江鳎同工酶的遗传多样性研究. 海洋水产究, 29(4): 1-6
- 宋微微,王春琳,宋超霞,母昌考. 2006. 日本鳎同工酶组织特异性及生化遗传分析. 水利渔业, 26(5): 17-20
- 宋春妮,李 健,刘 萍,陈 萍,高保全. 2010. 日本鳎形态性状对体重的影响效果. 大连海洋大学学报, 25(4): 365-369
- 宋春妮,李 健,刘 萍,陈 萍,高保全. 2011. 日本鳎4个野生群体遗传多样性的微卫星分析. 水产学报, 35(7): 985-991
- 沈 浩,刘登义. 2001. 遗传多样性概述. 生物学杂志, 18(3): 5-8
- 郑曙明,吴 青. 1994. 中华绒螯蟹同工酶的研究. 水生生物学报, 18(2): 183-185
- 杨玲玲,樊廷俊,丛日山,汤志宏,孙文杰,刘光兴,孟祥红,朱丽岩. 2008. 日本鳎酚氧化酶的分离纯化及其部分生物化学性质研究. 海洋科

学, 32(2): 28-35

胡能书, 万贤国. 1985. 同工酶技术及其应用. 长沙: 湖南科学技术出版社

俞存根, 宋海棠, 姚光展. 2005. 东海日本鳧的数量分布和生物学特性. 上海水产大学学报, 14(1): 40-46

高保全. 2007. 三疣梭子蟹4个野生群体遗传差异的同工酶分析. 见: 中国海洋大学硕士研究生学位论文

葛京盈. 2007. 菲律宾蛤仔4个野生群体的同工酶分析. 见: 中国海洋大学硕士研究生学位论文

曾呈奎, 相建海. 1998. 海洋生物技术. 济南: 山东科技出版社, 238-309

樊祥国, 高保全, 刘萍, 李健. 2009. 三疣梭子蟹4个野生群体遗传差异的同工酶分析. 渔业科学进展, 30(4): 85-89

根井正利. 1983. 分子群体遗传学与进化论. 王家玉译. 北京: 农业出版社, 169-203

野泽. 1994. 动物群体遗传学. 名古屋: 名古屋大学出版社, 329-331

Gao T, Watanabe S. 1998. Genetic variation among local populations of the Japanese mitten crab *Eriocheir japonica* De Haan. Fisheries Science 64 (2): 198-205

Miguel VA, Kazuhiko A, Tooru Y, Naoya H. 2003. Behavior of the Japanese rock crab *Charybdis japonica* towards two collapsible baited pots: Evaluation of capture effectiveness. Fisheries Science 69(4): 785-791

Nei M. 1972. Genetic distance between population. Am Nat 106: 283-292

Shaklee JB, Allendorf FW, Morizot DC. 1990. Genetic nomenclature for protein-coding loci in fish. Transactions of the American Fisheries Society 119: 2-15

Tudeal S, Garcia-Marin JL, Pla C. 1999. Genetic structure of the European anchovy, *Engraulis encrasicolus*, in the north-west Mediterranean. Journal of Experimental Marine Biology and Ecology 234: 95-109

Whitmore DG. 1990. Electrophoretic and isoelectric focusing technique in fisheries management. Boston: CPC Press, 28-30

## 《渔业科学进展》编辑部网上投稿启事

为充分利用网络资源,提高编辑办公和期刊出版效率,《渔业科学进展》编辑部已采用期刊网络化办公系统。该系统使投稿、审稿和编辑工作都在同一个网络平台上完成,可大大节省通讯时间,并规范编辑工作流程。同时,网络投稿将以更加友好的界面服务于广大作者,方便作者与编审之间的沟通,为您提供易查、易用、更加方便快捷的服务。

敬请作者访问黄海水产研究所网站(<http://www.ysfri.ac.cn>)的“《渔业科学进展》期刊网上投稿系统”。投稿程序请参看《渔业科学进展》网络化稿件处理系统投稿指南。

如有疑问,请致电 0532-85833580 陈严老师或 0532-85800117 王建坤老师咨询。也可发邮件到《渔业科学进展》编辑部咨询, E-mail: [chenyan@ysfri.ac.cn](mailto:chenyan@ysfri.ac.cn)。

《渔业科学进展》编辑部

2013年4月20日