

# 黄姑鱼和日本黄姑鱼染色体核型的比较

耿 智<sup>1,2</sup> 徐冬冬<sup>1</sup> 楼 宝<sup>1\*</sup> 柴学军<sup>1</sup> 史会来<sup>1</sup> 毛国民<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>浙江省海洋水产研究所 浙江省海水增养殖重点实验室, 舟山 316100)

(<sup>2</sup>浙江海洋学院海洋科学学院, 舟山 316004)

**摘 要** 采用 PHA 体内直接注射法制备了黄姑鱼 *Nibea albiglora* 和日本黄姑鱼 *N. japonica* 肾组织的染色体制片, 并对两种鱼的核型进行了比较分析。结果表明, 黄姑鱼的核型公式为:  $2n=48t$ ,  $NF=48$ ; 日本黄姑鱼的核型公式为:  $2n=48t$ ,  $NF=48$ 。黄姑鱼染色体相对长度最长为  $5.94 \pm 0.33$ , 最短为  $3.06 \pm 0.20$ ; 日本黄姑鱼染色体相对长度最长为  $5.68 \pm 0.22$ , 最短为  $2.66 \pm 0.14$ 。收集文献报道的石首鱼科鱼类的核型研究资料, 包括双棘黄姑鱼 *N. diacanthus*、鲩状黄姑鱼 *N. miichthioides*、大黄鱼 *Pseudosciaena crocea* 的核型, 应用核型进化距离聚类分析方法研究了这 5 种石首鱼科鱼类的亲缘关系。结果表明, 黄姑鱼和双棘黄姑鱼以及鲩状黄姑鱼和日本黄姑鱼的亲缘关系较近, 大黄鱼与鲩状黄姑鱼的亲缘关系最远, 核型进化距离聚类分析在一定程度上反映了这 5 种鱼的亲缘关系和进化历程。

**关键词** 黄姑鱼 日本黄姑鱼 染色体 核型进化距离 聚类分析

**中图分类号** S932.5+1 **文献标识码** A **文章编号** 1000-7075(2012)05-0008-07

## Comparison on karyotype of chromosome in *Nibea albiglora* and *Nibea japonica*

GENG Zhi<sup>1,2</sup> XU Dong-dong<sup>1</sup> LOU Bao<sup>1\*</sup>  
CHAI Xue-jun<sup>1</sup> SHI Hui-lai<sup>1</sup> MAO Guo-min<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>Zhejiang Provincial Key Laboratory of Mariculture and Enhancement, Marine Fishery Institute of Zhejiang Province, Zhoushan 316100)

(<sup>2</sup>Marine Science College, Zhejiang Ocean University, Zhoushan 316004)

**ABSTRACT** The metaphase chromosomes of *Nibea albiglora* (Richardson) and *Nibea japonica* were obtained from kidney tissue by the method of PHA and colchicines injection, and the karyotype of these two fishes were analyzed. The results showed that both fishes had 48 telocentric chromosomes in the diploid, and the karyotype formula was  $2n=48t$ ,  $NF=48$ . The relative length of chromosomes ranged from  $3.06 \pm 0.20$  to  $5.94 \pm 0.33$  in *N. albiglora*, and from  $2.66 \pm 0.14$  to  $5.68 \pm 0.22$  in *N. japonica*. Karyotype data of Sciaenidae species in previous reports were also collected including *N. diacanthus*, *N. miichthioides* and *Pseudosciaena crocea*.

浙江省科技计划项目(2009C12081、2010F20006、2012C12907-8)、浙江省海洋与渔业局海域海岛项目(浙海渔计[2010]205)和国家 863 计划(2012AA10A413-5)共同资助

\* 通讯作者。E-mail: loubao6577@163.com

收稿日期: 2011-11-21; 接受日期: 2012-02-13

作者简介: 耿 智(1987-), 男, 硕士研究生, 主要从事鱼类细胞遗传学研究。E-mail: genglinian@126.com

The clustering analysis was carried out for karyotype evolutionary distance among *N. albiflora*, *N. japonica*, *N. diacanthus*, *N. miichthioide*, and *P. crocea*. The results showed that the relationship between *N. albiflora* and *N. diacanthus*, and between *N. japonica* and *N. miichthioide*, were relatively close based on karyotype evolutionary distance, and the largest karyotype evolutionary distance (0.064 8) were found between *N. miichthioide* and *P. crocea*. Results from the clustering analysis were consistent with the phylogeny based on the morphology of these species.

**KEY WORDS** *Nibeal albiflora* *Nibeal japonica* Chromosome  
Karyotype evolutionary distance Cluster analysis

黄姑鱼属 *Nibeal* 隶属于鲈形目 Perciformes、石首鱼科 Sciaenidae, 主要分布于印度洋和太平洋海域, 在我国沿海海域具有广泛分布, 是重要的海洋经济鱼类(朱元鼎等 1963)。据东海鱼类志记载, 中国近海黄姑鱼属包括黄姑鱼 *Nibeal albiflora*、日本黄姑鱼 *N. japonica*、鲩状黄姑鱼 *N. miichthioides*、浅色黄姑鱼 *N. coibor*、半花黄姑鱼 *N. semifascitata*、双棘黄姑鱼 *N. diacanthus* 和尖头黄姑鱼 *N. acuta* 共 7 种(朱元鼎等 1963)。但是, 此后不断有学者对黄姑鱼属的分类进行修正, 将双棘黄姑鱼更改为双棘原黄姑鱼 *Protonibeal diacanthus*, 日本黄姑鱼更改为日本银身鱼或 *Argyrosomus japonicus*, 鲩状黄姑鱼更改为厦门银身鱼或 *A. amoyensis*(庄平等 2006)。因此, 中国近海黄姑鱼属的分类还存在争议, 仍需进一步确定其分类地位。

染色体作为遗传物质的载体, 能在很大程度上反应物种的分化与形成过程、亲缘关系、演化途径及进化历史等(余先觉等 1989)。染色体组型的研究不仅对于海水鱼类分类学和系统发生研究有重要的意义, 而且对于基因定位、杂交育种以及多倍体育种等也有实际意义。全世界现存海水鱼类 13 000 多种, 已知染色体数目的不足 2%(Galetti *et al.* 2000), 分布在我国海域的鱼类有 3 000 多种, 目前已进行染色体数目和染色体组型研究的鱼类也仅有 77 种(卓孝磊等 2007), 约占 2.6%。石首鱼科鱼类中, 已报道核型的鱼类有双棘黄姑鱼(王世峰等 2003)、鲩状黄姑鱼(王德祥等 2002)、大黄鱼 *Pseudosciaena crocea*(邹曙明等 2003)、黄姑鱼(王金星等 1994; 喻子牛等 1995)、小黄鱼 *P. polyactis*(王金星等 1994)、美国红鱼 *Sciaenops ocellatus*(尤锋等 1998)、皮氏叫姑鱼 *Johnius belengeri*(王金星等 1994)。虽然黄姑鱼的核型已有报道, 但未对染色体的相对长度进行分析。

本研究对黄姑鱼和日本黄姑鱼的染色体核型进行分析, 并结合文献报道的其他黄姑鱼种类的双棘黄姑鱼(王世峰等 2003)、鲩状黄姑鱼(王德祥等 2002)以及大黄鱼(邹曙明等 2003)的核型, 分析它们的染色体相对长度计算核型似近系数和进化距离, 进而探讨黄姑鱼属鱼类的亲缘关系。本研究不仅为黄姑鱼今后的遗传育种提供参考依据, 也为黄姑鱼属鱼类的分类和系统进化研究提供细胞遗传学数据。

## 1 材料与方法

### 1.1 实验材料

实验所用的黄姑鱼、日本黄姑鱼于 2010 年 10~12 月均取自浙江省海洋水产研究所试验基地。用于研究的黄姑鱼 12 尾, 体重为 120~180 g, 包括 5 尾雄鱼和 7 尾雌鱼; 用于研究的日本黄姑鱼 11 尾, 体重为 95~150 g, 包括 4 尾雄鱼和 7 尾雌鱼。

### 1.2 实验方法

#### 1.2.1 有丝分裂染色体制备

采用稍加修改的 PHA 活体直接注射法制备染色体标本(林义浩 1982)。按 5 $\mu$ g/g 鱼体重活体注射 PHA 于腹腔内, 12 h 后按 2.5 $\mu$ g/g 鱼体重注射秋水仙素溶液, 2.5 h 后断尾放血, 10min 后取出肾脏并用生理盐水冲洗两次, 将肾脏剪碎后, 用 200 目尼龙纱布过滤细胞悬液至刻度离心管中, 加入 3ml 0.075mol/L 的 KCl

溶液于室温下低渗 30min,加入新制备的卡诺氏固定液[甲醇:冰乙酸(V/V)=3:1]1.5ml,4℃下预固定 10min,3 000r/min 离心 10min,除去上清液,加入卡诺氏固定液 4.5ml,室温下固定 45min,离心,反复 3 次。冷片法滴片,空气干燥过夜。干燥后的染色体标本用体积分数为 10%的 Giemsa 染液染色 20min,自然干燥后光学显微镜观察拍照。

### 1.2.2 核型分析

核型分析选取黄姑鱼和日本黄姑鱼的染色体中期分裂相各 50 个进行染色体计数,并各选出 10 个分散良好的中期分裂相进行染色体配对和长度测量,根据 Levan 等(1964)的标准进行核型分析。染色体相对长度计算公式:染色体相对长度=(实测单条长度×2/全部染色体长度总和)×100。利用测得的染色体相对长度,参考乔永刚等(2006)的方法,在 Excel 中绘制黄姑鱼和日本黄姑鱼的核型模式图。

### 1.2.3 核型进化距离的聚类分析

首先参考谭远德等(1993)的核型似近系数计算方法,计算出每两种鱼之间的核型似近系数  $\lambda$  值。

$$\lambda = \beta \cdot \gamma$$

式中, $\lambda$  为核型似近系数, $\beta$  为接近系数, $\gamma$  为相似系数, $x$  代表第  $k$  条染色体( $1 \leq k \leq n$ ), $i$  和  $j$  分别代表两个物种,计算公式如下:

$$\gamma_{ij} = \frac{\sum_{k=1}^n x_{ik} \cdot x_{jk} - (\sum_{k=1}^n x_{ik}) \cdot (\sum_{k=1}^n x_{jk}) \cdot \frac{1}{n}}{\sqrt{\sum_{k=1}^n (x_{ik} - \bar{x})^2 \cdot \sum_{k=1}^n (x_{jk} - \bar{x}_j)^2}}$$

$$\beta = 1 - \frac{d}{D}$$

式中, $D$  为和距, $d$  为合距,是内距( $d_i$ )与外距( $d_e$ )之积的平方根:

$$d = \sqrt{\sum_{k=1}^n |x_{jk}|}$$

$$d = \sqrt{d_i \cdot d_e}$$

$$d_i = \left| \sum_{k=1}^n |x_{ik} - x_{jk}| \right| \quad d_e = \left| \sum_{k=1}^n |x_{ik}| - \sum_{k=1}^n |x_{jk}| \right|$$

然后通过核型进化距离公式(吴昌谋 1996)算出两种鱼间的核型进化距离  $D_e$ :

$$D_e = -\ln \lambda$$

计算出两两间的核型进化距离后,利用 UPGMA 聚类分析法,通过 MEGA 3.1 软件作出聚类分析图。

## 2 结果

### 2.1 染色体数目的确定

在显微镜下对黄姑鱼和日本黄姑鱼各 50 个分裂相进行计数,统计结果见表 1。黄姑鱼和日本黄姑鱼的染色体众数均为 48,即  $2n=48$ ,雌鱼和雄鱼染色体数目无差异。

表 1 黄姑鱼和日本黄姑鱼染色体数目统计结果

Table 1 Chromosome number of *N. albiflora* and *N. japonica*

	2n			众数频率 Mo frequency (%)
	<48	=48	>48	
黄姑鱼 <i>N. albiflora</i>	4	42	4	84
日本黄姑鱼 <i>N. japonica</i>	8	39	3	78

### 2.2 染色体相对长度的分析

分别对黄姑鱼和日本黄姑鱼的 10 个良好的中期分裂相进行显微摄像,并统计染色体的相对长度和臂比(表 2)。按照 Levan 等(1964)提出的标准进行染色体配对(图 1、图 2)。黄姑鱼和日本黄姑鱼的染色体组型均为  $2n=48t$ , $NF=48$ 。分别对黄姑鱼和日本黄姑鱼的 24 对同源染色体按相对长度递减趋势进行编号,利用 Excel 软件制作黄姑鱼和日本黄姑鱼的染色体核型模式图(图 3)。黄姑鱼染色体相对长度最长为  $5.94 \pm 0.33$ ,最短为  $3.06 \pm 0.20$ ;日本黄姑鱼染色体相对长度最长为  $5.68 \pm 0.22$ ,最短为  $2.66 \pm 0.14$ 。

表 2 黄姑鱼和日本黄姑鱼染色体相对长度和臂比值

Table 2 Relative length and ratio of chromosomes of *N. albiflora* and *N. japonica*

序号 No.	黄姑鱼 <i>N. albiflora</i>			日本黄姑鱼 <i>N. japonica</i>		
	相对长度 Relative length	臂比 Arm ratio	类型 Type	相对长度 Relative length	臂比 Arm ratio	类型 Type
1	5.94±0.33	∞	t	5.68±0.22	∞	t
2	5.24±0.18	∞	t	5.25±0.17	∞	t
3	5.01±0.15	∞	t	5.10±0.09	∞	t
4	4.80±0.09	∞	t	4.89±0.16	∞	t
5	4.69±0.05	∞	t	4.85±0.12	∞	t
6	4.59±0.05	∞	t	4.77±0.16	∞	t
7	4.52±0.07	∞	t	4.61±0.08	∞	t
8	4.47±0.08	∞	t	4.53±0.07	∞	t
9	4.38±0.10	∞	t	4.43±0.07	∞	t
10	4.32±0.09	∞	t	4.38±0.05	∞	t
11	4.22±0.10	∞	t	4.31±0.05	∞	t
12	4.14±0.07	∞	t	4.28±0.04	∞	t
13	4.06±0.09	∞	t	4.23±0.04	∞	t
14	3.99±0.08	∞	t	4.17±0.04	∞	t
15	3.91±0.10	∞	t	4.04±0.07	∞	t
16	3.84±0.06	∞	t	3.90±0.06	∞	t
17	3.78±0.04	∞	t	3.78±0.08	∞	t
18	3.70±0.06	∞	t	3.66±0.09	∞	t
19	3.62±0.06	∞	t	3.57±0.11	∞	t
20	3.57±0.07	∞	t	3.44±0.12	∞	t
21	3.49±0.09	∞	t	3.30±0.12	∞	t
22	3.39±0.09	∞	t	3.15±0.14	∞	t
23	3.27±0.20	∞	t	3.04±0.17	∞	t
24	3.06±0.20	∞	t	2.66±0.14	∞	t

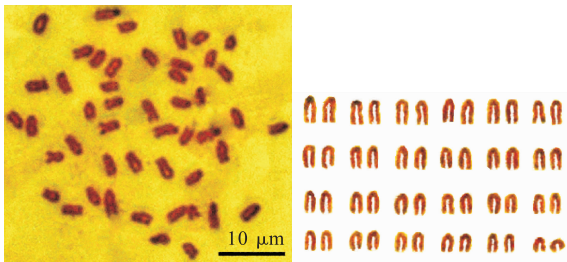


图 1 黄姑鱼染色体中期分裂相(左)和核型(右)  
Fig. 1 Metaphase chromosomes (left) and karyotype (right) of *N. albiflora*

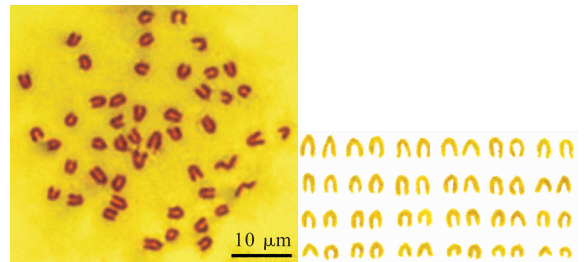


图 2 日本黄姑鱼染色体中期分裂相(左)和核型(右)  
Fig. 2 Metaphase chromosomes (left) and karyotype (right) of *N. japonica*

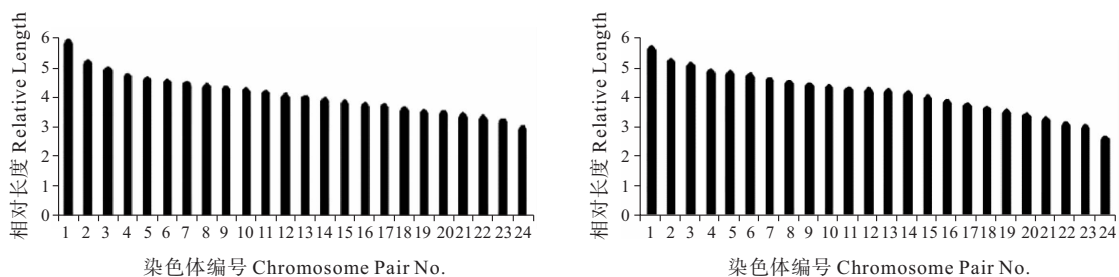


图3 黄姑鱼(左)和日本黄姑鱼(右)的核型模式

Fig. 3 The chromosome histogram of *N. albiflora* (left) and *N. japonica* (right)

### 2.3 核型进化距离的聚类分析

根据本研究中黄姑鱼和日本黄姑鱼的染色体相对长度,并结合文献报道的双棘黄姑鱼(王世峰等 2003)、鲢状黄姑鱼(王德祥等 2002)、大黄鱼(邹曙明等 2003)染色体的相对长度,计算出两两之间的核型似近系数和进化距离(表3)。这5种鱼类中大黄鱼与鲢状黄姑鱼的核型进化距离最大,为0.0648;黄姑鱼和双棘黄姑鱼进化距离最小,为0.0078。

表3 5种石首鱼科鱼类间的核型似近系数和进化距离

Table 3 The karyotype resemblance-near coefficient and evolutionary distance among 5 species of Sciaenidae

	黄姑鱼 <i>N. albiflora</i>	日本黄姑鱼 <i>N. japonica</i>	双棘黄姑鱼 <i>N. diacanthus</i>	鲢状黄姑鱼 <i>N. miichthioides</i>	大黄鱼 <i>P. crocea</i>
黄姑鱼 <i>N. albiflora</i>	—	0.020 6	0.007 8	0.019 0	0.040 8
日本黄姑鱼 <i>N. japonica</i>	0.979 6	—	0.008 4	0.011 8	0.052 0
双棘黄姑鱼 <i>N. diacanthus</i>	0.992 2	0.991 6	—	0.009 4	0.041 1
鲢状黄姑鱼 <i>N. miichthioides</i>	0.981 2	0.988 3	0.990 6	—	0.064 8
大黄鱼 <i>P. crocea</i>	0.960 1	0.949 3	0.959 8	0.937 2	—

注:左下区为核型似近系数;右上区为核型进化距离

Note: The left lower part in the table is karyotype resemblance-near coefficient, and the right upper part is it's evolutionary distance

根据表3中的5种鱼类间核型进化距离,采用UPGMA聚类分析法作出石首鱼科5种鱼核型进化距离的聚类图。黄姑鱼和双棘黄姑鱼聚为一支,日本黄姑鱼和鲢状黄姑鱼则聚为一支,而大黄鱼单独为一支(图4)。

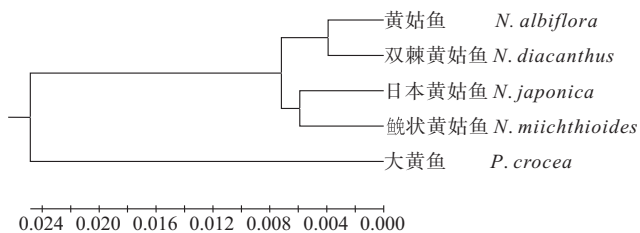


图4 5种石首鱼科鱼类的核型进化距离聚类

Fig. 4 The clustering result of evolutionary distance among 5 species of Sciaenidae

### 3 讨论

本研究对黄姑鱼和日本黄姑鱼的核型进行了分析。结果发现,黄姑鱼染色体组型为 $2n=48t$ , $NF=48$ ,染色体相对长度为3.06~5.94;日本黄姑鱼染色体组型为 $2n=48t$ , $NF=48$ ,染色体相对长度为2.66~5.68,二者核型公式相同,染色体的相对长度略有差异。石首鱼科中多种鱼类的核型已有报道,如王世锋等(2003)报道了双棘黄姑鱼染色体组型为 $2n=48t$ , $NF=48$ ,相对长度为2.69~5.73;王德祥等(2002)研究发现,鲢状黄姑鱼染色体组型为 $2n=48t$ , $NF=48$ ,相对长度为2.77~5.70;邹曙明等(2003)报道了大黄鱼染色体组型为 $2n=48t$ , $NF=48$ ,相对长度为3.96~

5.88。此外小黄鱼(王金星等 1994)、美国红鱼(尤 锋等 1998)、皮氏叫姑鱼(王金星等 1994)等鱼类的核型也有报道,它们的核型公式均为  $2n=48t$ ,  $NF=48$ 。国内学者已报道核型的 77 种海水鱼类中,核型为  $2n=48t$  的鱼类有 28 种,分布在 5 个目中(卓孝磊等 2007)。染色体组型为  $48t$  的核型广泛分布在海水鱼类中,可能为海水鱼类的原始核型(LeGrande 1975)。一般而言,真骨鱼类分为低位类、中位类和高位类 3 个演化类群,进化上越是处于上位,染色体越收敛,端部着丝粒染色体多,臂数少,在鱼类系统进化上属高位类(小島吉雄 1985)。在鱼类的核型演化过程中,大部分鱼类的核型可能是由原始类型特化形成的,染色体的变异可能是由于罗伯逊易位或染色体结构重排引起的。

根据染色体的相对长度或实际长度可以估算物种间核型进化距离,从而能够反映物种间的亲缘关系,这一方法与分子技术相结合的手段研究种群间的遗传变异,能够在一定程度上弥补 DNA 杂交、蛋白质序列分析、免疫学和电泳等技术的不足,为物种的分类和进化提供较为可靠的实验数据。我国学者利用核型似近系数聚类分析法分别分析了地方猪种(刘文忠等 1994)、牦牛品种(钟金城等 1994)、地方鸡种(徐 琪等 2004)、7 种负蝗(姚世鸿等 2005)的亲缘关系,结果表明,该方法分类结果基本与传统形态学分类相同。本研究结合已报道的双棘黄姑鱼、鲩状黄姑鱼和大黄鱼的染色体核型分析结果,利用核型的进化距离探讨了石首鱼科 5 种鱼类间的亲缘关系。结果发现,黄姑鱼和双棘黄姑鱼聚为一支,日本黄姑鱼和鲩状黄姑鱼则聚为一支,而大黄鱼单独为一支,聚类分析在一定程度上反映了这 5 种鱼的亲缘关系和进化历程。

在核型进化距离聚类分析图中,黄姑鱼和双棘黄姑鱼以及鲩状黄姑鱼和日本黄姑鱼的亲缘关系较近,大黄鱼与其他 4 种鱼的亲缘关系较远,这一结果可以从细胞遗传学上为黄姑鱼属鱼类的分类提供依据。核型进化距离聚类分析发现,黄姑鱼与双棘黄姑鱼的亲缘关系较近,而形态分类学认为双棘黄姑鱼不应归属于黄姑鱼属,可能因为海水鱼类的核型结构及其演化情况比较复杂,同一科属近缘种的核型不一定类似,甚至完全不同(李鹏飞等 2007);相反,不同目、科的某些种类不仅染色体数目,甚至染色体形态和分组组成都可能接近一致。目前,石首鱼科鱼类的核型报道较少,而且不同研究者报道的同种鱼类染色体核型存在差异的现象屡见不鲜,如邹曙明等(2003)、吴建绍等(2001)分别报道了大黄鱼核型为  $2n=48t$ ,  $NF=48$ ;全成干等(2006)报道了大黄鱼核型为  $2n=2st+46t$ ,  $NF=48$ ;王德祥等(2006)报道了岱衢族大黄鱼核型为  $2n=6m+6sm+36t$ ,  $NF=60$ ,闽粤东族养殖大黄鱼的染色体核型为  $2n=6st+42t$ ,  $NF=48$ 。

核型分析结果与鱼类形态分类学结论相矛盾的现象经常出现,因此,单纯利用核型进化距离构建的系统树可能不够严谨。近年来,国外学者对鱼类细胞遗传学的研究逐渐采用荧光原位标记方法替换传统的染色体研究方法,从而揭示染色体显微结构在进化上的变化。一般而言,染色体显微结构的变化要远远大于核型上的变化(Molina *et al.* 2007)。经过对一些鲈形目鱼类核型和染色体显微结构的研究,发现其虽普遍具有比较稳定的核型( $2n=48t$ ),但其显微结构却发生了较大的变异(Mazzei *et al.* 2006)。因此,结合分子生物学的研究方法对于揭示鱼类染色体进化具有重要的意义。

## 参 考 文 献

- 小島吉雄著,林义浩译. 1985. 鱼类细胞遗传学. 广州: 广东科技出版社
- 尤 锋, 刘 静, 徐 成. 1998. 美国红鱼的核型研究. 海洋科学, 22(2): 51~53
- 王世锋, 王德祥, 苏永全, 王 军. 2003. 双棘黄姑鱼染色体组型分析. 厦门大学学报(自然科学版), 42(5): 682~684
- 王德祥, 苏永全, 王世峰, 王 军. 2006. 不同地理种群大黄鱼染色体核型的比较研究. 海洋学报, 28(6): 176~178
- 王德祥, 王 军, 郭 丰, 梁君荣, 覃映雪. 2002. 鲩状黄姑鱼染色体核型的研究. 海洋科学, 26(11): 68~69
- 王金星, 赵小凡, 王相民, 田明诚. 1994. 鲱形目和鲈形目七种鱼的核型分析. 动物学研究, 15(2): 76~79
- 全成干, 王 军, 丁少雄, 苏永全, 么久刚. 2000. 大黄鱼染色体核型研究. 厦门大学学报(自然科学版), 39(1): 107~110
- 庄 平, 王幼槐, 李圣法, 邓思明, 李长松, 倪 勇. 2006. 长江口鱼类. 上海: 上海科学技术出版社
- 刘文忠, 周忠孝. 1994. 中国地方猪种间的核型似近系数. 养猪, (3): 34~36
- 乔永刚, 宋 芸. 2006. 利用 EXCLE 制作核型模式图. 农业网络信息, (10): 97~98
- 朱元鼎, 罗云林, 伍汉霖. 1963. 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
- 余先觉, 周 曦, 李渝成. 1989. 中国淡水鱼类染色体. 北京: 科学出版社

- 吴昌谋. 1996. 核型似近系数和进化距离的估计. 动物分类学报, 21(3): 338~344
- 吴建绍, 林 琪, 曾志南. 2001. 大黄鱼的染色体研究. 福建水产, 12(4): 60~63
- 邹曙明, 李思发, 赵金良, 蔡完其, 刘家福. 2003. 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, 12(2): 179~181
- 李鹏飞, 刘 萍, 柳学周. 2007. 漠斑牙鲆染色体组型研究. 海洋水产研究, 28(4): 26~30
- 林义浩. 1982. 快速获得大量鱼类肾细胞中期分裂相的 PHA 体内注射法. 水产学报, 6(3): 201~208
- 卓孝磊, 邹记兴. 2007. 我国海水鱼类核型及染色体显带研究进展. 热带海洋学报, 26(5): 73~80
- 姚世鸿, 谢爱林, 吴昌谋. 2005. 贵州 7 种负蝗核型似近系数的聚类分析. 贵州师范大学学报(自然科学版), 23(3): 4~7
- 钟金城, 陈智华, 张成忠. 1996. 牦牛品种(类群)间核型似近系数的聚类分析研究. 草食家畜, 92(3): 11~13
- 徐 琪, 陈国宏, 张学余, 李碧春, 吴信生, 刘 莉, 嵇宝华. 2004. 3 个地方鸡种的核型及其似近系数分析. 畜牧兽医学报, 35(4): 362~366
- 喻子牛, 孔晓瑜, 谢宗墉. 1995. 山东近海 21 种经济鱼类的核型研究. 中国水产科学, 2(2): 1~6
- 谭远德, 吴昌谋. 1993. 核型似近系数的聚类分析方法. 遗传学报, 20(4): 305~311
- Galetti, P. M., Aguilar, C. T., and Molina, W. F. 2000. An overview of marine fish cytogenetics. Hydrobiologia, 420(1): 55~62
- LeGrande, W. H. 1975. Karyology of six species of Louisiana flatfishes (Pleuronectiformes: Osteichthyes). Copeia, (3): 516~522
- Levan, A., Fredga, K., and Sandberg, A. A. 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. Hereditas, 52(2): 201~220
- Mazzei, F., Ghigliotti, L., Lecointre, G., Ozouf-Costaz, C., Coutancean, P., Detrich, W., and Pisano, E. 2006. Karyotypes of basal lineages in notothenioid fishes; the genus *Bovichtus*. Polar Biol. 29(12): 1 071~1 076
- Molina, W. F. 2007. Chromosomal changes and stasis in marine fish groups. Science Publishers, Enfield, 25: 373~377

## 《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

2012 年 10 月 20 日