

黄条鲷(*Seriola aureovittata*)染色体核型分析

史宝^{1,2} 刘永山^{1,3} 柳学周^{1,2,3①} 徐永江^{1,2}
李荣⁴ 宋雪松^{1,3} 周丽青^{1,2}

(1. 农业部海洋渔业可持续发展重点实验室 青岛市海水鱼类种子工程与生物技术重点实验室 中国水产科学研究院黄海水产研究所 青岛 266071; 2. 青岛海洋科学与技术国家实验室 海洋渔业科学与食物产出过程功能实验室 青岛 266071; 3. 上海海洋大学水产与生命学院 上海 201306; 4. 大连富谷水产有限公司 大连 116400)

摘要 以黄海北部沿海捕获的野生黄条鲷(*Seriola aureovittata*)为实验材料, 经过体内注射植物血细胞凝集素(PHA)和秋水仙素, 取头肾细胞, 经空气干燥法制片, Giemsa 染液染色后, 观察黄条鲷的染色体核型和特征。本研究分析了 21 条黄条鲷的 80 个中期染色体核型, 结果显示, 黄条鲷核型有 48 条染色体, $2n=48$ 占所观察分裂相的比例是 81.25%; 第 1 对染色体有次缢痕和随体。核型公式为 $2n=48=6sm+4st+38t$, 其染色体臂的数量为 54, 单倍体染色体总长度约为 51.97 μm 。黄条鲷染色体核型比较独特, 具有 3 对亚中部染色体和 2 对亚端部染色体; 不同于以往报道的其他鲷属鱼类的染色体核型特征。通过比较分析认为, 黄条鲷为进化上的高位类群中的特化类群。本研究为鲷属鱼类的细胞遗传学研究提供了基础资料, 并为黄条鲷种质资源保护及未来人工养殖等奠定基础。

关键词 黄条鲷; 染色体; 核型; 随体

中图分类号 TS201.4; S917.4 文献标识码 A 文章编号 2095-9869(2017)01-0136-06

黄条鲷(*Seriola aureovittata*), 中国沿海渔民俗称黄鲢牛、黄鲢子, 为全球性广泛分布的暖温性中上层大型洄游性鱼类。鲷属鱼类全世界共有 9 种, 广泛分布在太平洋、印度洋、大西洋、澳大利亚、南非、地中海等沿岸(王波等, 2005), 中国共有 3 种, 包括五条鲷(*Seriola quinqueradiata*)、高体鲷(*Seriola dumerili*)、黄条鲷, 其中, 黄条鲷在黄海、渤海、东海、南海均有分布, 是黄渤海区唯一自然分布的大型鲷属鱼类(孟庆闻等, 1995)。黄条鲷在种的分类单元包含 3 个体型相似、地理分布不同的种群: 加利福尼亚种群 *Seriola dorsalis* (California yellowtail); 亚洲种群 *Seriola aureovittata* (Asian yellowtail)和澳洲南部种群 *Seriola lalandi* (Southern yellowtail) (Chai *et al.*,

2009)。黄条鲷是具有潜力的商业养殖品种和垂钓消遣鱼类, 具有生长速度较快, 肉质鲜嫩、养殖产量高等优点, 深受广大消费者喜爱, 世界范围内消费需求不断增加, 市场前景广阔。目前, 澳大利亚、新西兰、日本等国家已开始进行黄条鲷的养殖技术研究(Nakada, 2008)。

染色体是生物发育、进化、遗传和变异的物质基础, 研究染色体的行为、数目、核型和带型等对于了解生物的遗传组成、遗传变异规律、发育机制、物种起源和亲缘关系、进化地位、分类及种族关系等都具有重要的参考价值(Amores *et al.*, 2014; 王绿洲等, 2015; Braasch *et al.*, 2016)。染色体核型图谱可为鱼类种质鉴定提供参考依据, 也是多倍体诱导、雌核发育、

* 中国水产科学研究院中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金(2016PT07)、青岛海洋科学与技术国家实验室鳌山科技创新计划专项项目(2015ASKJ02-03)和国家鲆鲽类产业技术体系(CARS-50)共同资助 [This work was supported by Central Public-Interest Scientific Institution Basal Research Fund, Chinese Academy of Fishery Sciences (No.2016PT07), the Aoshan S&T Innovation Project from Qingdao National Laboratory for Marine Science and Technology (2015ASKJ02-03), and China Agricultural Research System (CARS-50)] 史宝, E-mail: shibao@ysfri.ac.cn

① 通讯作者: 柳学周, 研究员, E-mail: liuxz@ysfri.ac.cn

收稿日期: 2016-08-16, 收修改稿日期: 2016-09-22

雄核发育、种间杂交和种内杂交研究的重要手段 (Martínez *et al.*, 2014; Molina-Luzón *et al.*, 2015; Khan *et al.*, 2000)。目前, 国内关于黄条鲷生物学及养殖方面的研究报道很少, 仅见姜大为等(2001)开展过黄条鲷室内越冬养殖实验, 对于黄条鲷核型分析的研究尚未见报道。本研究中, 对中国黄海北部海域黄条鲷的染色体核型进行了分析研究, 旨在探究黄条鲷遗传物质的特点, 为其种质鉴定、遗传资源保护、可持续利用提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

实验用鱼为 2015 年 8 月在黄海北部的海洋岛附近海域捕获的体长为 8–10 cm 的野生黄条鲷苗种, 经人工驯化后, 采用 10 m×10 m×8 m 的网箱在海上养殖 6 个月后, 转入室内工厂化养殖车间越冬; 养殖期间投喂鲜杂鱼饵料, 养殖水温为 16–28℃、盐度为 26–33、pH 为 8.0–8.3; 日投饵 2–3 次, 投饵量为鱼体重的 3%–6%。实验在大连富谷水产养殖有限公司进行, 实验共使用黄条鲷幼鱼 21 尾, 体重为 300–450 g, 体长为 30–35 cm, 体高为 7–8 cm。

1.2 染色体标本的制备

实验鱼麻醉后胸鳍基部注射植物血球凝集素 (PHA) (Sigma) 溶液 (0.7% 的生理盐水配制), 剂量为 20 μg/g (鱼体湿重)。注射后将实验鱼放回养殖池中, 用小型网箱与其他鱼隔开, 流水培育, 4–6 h 后在同一部位注射秋水仙素溶液 (0.7% 生理盐水配制), 剂量为 2.5 μg/g (鱼体湿重)。

注射秋水仙素 1 h 后用注射器抽取实验鱼血液, 在鱼死前解剖, 取头肾, 去掉其他杂质, 置于装有少许生理盐水的培养皿中, 用解剖剪反复剪碎后, 用纱布将细胞悬液过滤, 1000 r/min 离心 8 min, 收集细

胞。用生理盐水洗涤后, 用 0.075 mol/L KCl 溶液低渗处理 30 min, 1000 r/min 离心 8 min, 弃去低渗液。加入新鲜配制的预冷的卡诺氏固定液 (甲醇: 冰醋酸 = 3: 1) 固定 30 min, 再重复固定 2 次, 离心弃去固定液, 加入 400 μl 新鲜预冷的固定液。

将处理干净的载玻片和一块大理石在烘箱中烘至 65℃。滴片时先将大理石放在滴片的位置, 滴片高度为 120–130 cm, 玻片在室温下自然干燥后, 用 10% 吉姆萨染液 (pH=6.8) 染色 20 min, 蒸馏水冲洗后, 在室温下自然干燥。

1.3 核型分析

将染色体制片置于 Nikon ECLIPSE 80i 显微镜下观察, 选用染色体着色较好、着丝粒明显、无重叠的中期分裂相片子, 在油镜下选取 20 个染色体分散良好、长度适中的分裂相进行显微摄影。按 Levan 等 (1964) 提出的命名和分类标准, 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 ≥ 7.0。

2 结果与分析

2.1 染色体数目

在显微镜下选取 80 个分散良好的分裂相进行观察计数, 确定 $2n$ 值。通过核型分析得知, 黄条鲷染色体的众数为 48, 核型是 $2n=48$, 染色体臂数为 54。没有发现异型染色体, 但发现第 1 对染色体有随体和次缢痕。黄条鲷染色体的中期分裂相和核型图谱见图 1。观察、统计染色体的结果显示, 黄条鲷的染色体条数为 48 的分裂相有 65 个, 占比为 81.25%, 由此确定, 黄条鲷的染色体数目 $2n=48$ 。其他不同数目染色体核型结果见表 1。

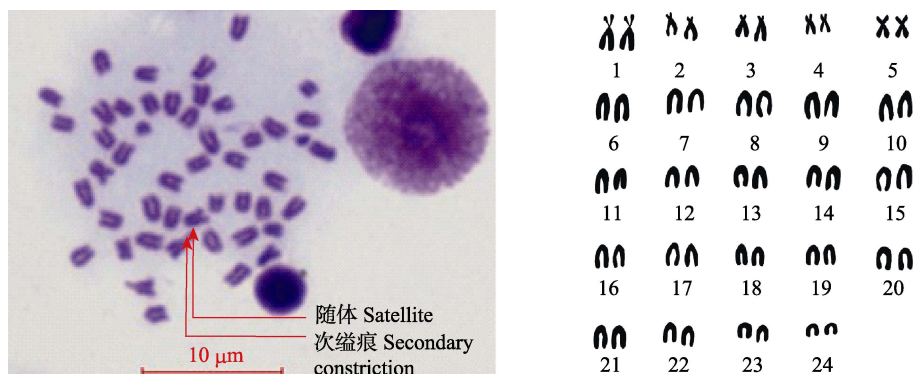


图 1 黄条鲷中期分裂相形态及核型图谱

Fig.1 Metaphase morphology and the karyotype map of *S. aureovittata*

表1 黄条鲫染色体频率分布

Tab.1 The frequency distribution of *S. aureovittata* chromosome

项目 Items	染色体数目 Number of chromosome				
	≤45	46	47	48	≥49
分裂相数目 Number of metaphase	4	6	3	65	2
所占百分比(%) Percentage of metaphase	5	7.5	3.75	81.25	2.5

2.2 染色体相对长度

通过测量与数据统计分析, 黄条鲫染色体臂长、

染色体长、臂比、相对长度、着丝粒指数及染色体类型见表2。由表2可知, 黄条鲫具有24对染色体, 其中有3对亚中部染色体, 臂比分别为 $2.07\pm 0.63(\text{sm})$ 、 $2.19\pm 0.20(\text{sm})$ 、 $1.82\pm 0.87(\text{sm})$; 有2对亚端部染色体, 臂比分别为 $3.82\pm 1.24(\text{st})$ 和 $4.83\pm 1.53(\text{st})$; 其余19对臂比为 ∞ , 为端部着丝点染色体。24对染色体相对长度逐渐递减, 各对相邻染色体之间相对长度差异不明显。染色体的相对长度最长为 $(5.16\pm 0.56)\%$, 属于亚中部着丝点染色体; 染色体的相对长度最短为 $(2.50\pm 0.23)\%$, 属于端部着丝点染色体。确定本研究黄条鲫的核型公式为 $2n=48=6\text{sm}+4\text{st}+38\text{t}$ 。

表2 黄条鲫染色体的相对长度及臂比值(平均值±标准差)

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

编号 No.	长臂长 Long arm(μm)	短臂长 Short arm(μm)	总长度 Total length(μm)	臂比 Arm ratio	相对长度 Relative length(%)	着丝粒指数 Centromeric index(%)	类型 Classification
1	1.81±0.09	0.87±0.03	2.68±0.09	2.07±0.63	5.16±0.56	32.46±5.40	sm
2	2.10±0.06	0.55±0.04	2.65±0.02	3.82±1.24	5.00±0.37	20.75±5.50	st
3	1.87±0.07	0.39±0.06	2.26±0.05	4.83±1.53	4.35±0.29	17.26±7.70	st
4	1.48±0.03	0.68±0.03	2.16±0.04	2.19±0.20	4.17±0.24	31.48±3.60	sm
5	1.29±0.02	0.71±0.05	2.00±0.04	1.82±0.87	3.86±0.22	35.50±6.00	sm
6	2.48±0.07	—	2.48±0.09	∞	4.69±0.56	—	t
7	2.45±0.06	—	2.45±0.07	∞	4.69±0.46	—	t
8	2.41±0.04	—	2.42±0.04	∞	4.63±0.21	—	t
9	2.39±0.05	—	2.39±0.05	∞	4.57±0.32	—	t
10	2.29±0.06	—	2.29±0.06	∞	4.50±0.37	—	t
11	2.26±0.07	—	2.26±0.07	∞	4.50±0.41	—	t
12	2.26±0.03	—	2.26±0.04	∞	4.38±0.24	—	t
13	2.23±0.02	—	2.23±0.02	∞	4.19±0.13	—	t
14	2.16±0.07	—	2.16±0.07	∞	4.19±0.42	—	t
15	2.16±0.07	—	2.16±0.07	∞	4.07±0.43	—	t
16	2.10±0.07	—	2.10±0.08	∞	3.88±0.42	—	t
17	2.06±0.05	—	2.06±0.05	∞	3.88±0.28	—	t
18	2.00±0.08	—	2.00±0.08	∞	3.88±0.46	—	t
19	1.97±0.03	—	1.97±0.03	∞	3.88±0.17	—	t
20	1.97±0.05	—	1.97±0.05	∞	3.81±0.29	—	t
21	1.97±0.05	—	1.97±0.06	∞	3.75±0.31	—	t
22	1.97±0.06	—	1.97±0.06	∞	3.69±0.36	—	t
23	1.84±0.05	—	1.84±0.05	∞	3.44±0.27	—	t
24	1.26±0.04	—	1.26±0.04	∞	2.50±0.23	—	t

3 讨论

本研究采用PHA注射法制备黄条鲫染色体核型图谱, 此方法直接进行体内腹腔注射, 不受季节、实

验条件限制, 实验设备简单、易操作, 制片周期短, 在6h内即可获得大量的中期分裂相, 效果良好。PHA与秋水仙素的剂量和效应时间不易把握, PHA作用时间过长或过短都不易得到较好的分裂相, 秋水仙素

浓度过大或作用时间过长会使染色体有不同程度的皱缩, 因此, 正确掌握不同实验鱼 PHA 和秋水仙素的浓度与作用时间是得到理想染色体标本的关键因素。王妍妍等(2009)在条斑星鲷(*Verasper moseri*)染色体核型研究中注射 PHA 剂量为 20 $\mu\text{g/g}$ (鱼体湿重), 本研究也尝试采用 20 $\mu\text{g/g}$ 的剂量, 作用时间 4–6 h 后注射秋水仙素, 秋水仙素作用时间为 1–1.5 h, 得到比较好的中期分裂相。

本研究黄条鲷的染色体核型图谱显示, 第 1 对染色体有明显的次缢痕和随体, 随体是染色体核型中的重要特征, 随体的存在更利于与其他染色体区分。但是, 在南澳大利亚黄条鲷染色体核型的研究中没有报道次缢痕和随体的存在(Chai *et al.*, 2009), 这为鉴定不同地理种群的黄条鲷提供了一个判定依据。这种细微差别有可能来源于实验手段或染色体结构重排程度等方面的差异, 需要通过进一步的细胞遗传学手段来予以证实。本研究得到黄海北部沿海黄条鲷的核型为 $2n=48=6sm+4st+38t$, 其中, 6 条为亚中部着丝粒染色体, 4 条为亚端部着丝粒染色体, 38 条染色体为端着丝粒染色体。本研究黄条鲷染色体与迄今为止已研究的 4 种鲷属鱼类[高体鲷、黑纹条鲷(*Seriolina nigrofasciata*)、五条鲷、澳洲南部黄条鲷]染色体数目相同, 均为 $2n=48$; 进一步分析发现, 高体鲷、五条鲷和澳洲南部黄条鲷的核型特征包含亚中部着丝粒染色体、亚端部着丝粒染色体和端着丝粒染色体; 黑纹条鲷只含有端着丝粒染色体(Vitturi *et al.*, 1986; Sola *et al.*, 1997; Tripathy *et al.*, 1988; Ida *et al.*, 1978; Chai *et al.*, 2009); 其中, 高体鲷、黑纹条鲷和五条鲷染色体均未发现有中部着丝粒染色体, 而南澳大利亚黄条鲷种群发现有 2 条中部着丝粒染色体, 本研究黄海北部沿海黄条鲷也未发现中部着丝粒染色体, 这可认为是不同地理种群的黄条鲷染色体核型特征上的另一个明显差异。

迄今为止, 所研究的大约 60% 的鲈形目鱼类具有 48 条端着丝粒染色体, 包括鲷科(Sparidae)、石首鱼科(Sciaenidae)、鲷科(Blennidae)、冰鱼科(Channichthyidae)、南极鱼科(Nototheniidae)、鲈科(Serranidae)(Galetti *et al.*, 2000)。在鲈科中, 报道了大约 85% 鱼类的核型为 $2n=48$, 但还有不到 30% 鱼类的核型为端着丝粒染色体(Chai *et al.*, 2009)。在鲈科的一些属中, 例如竹筴鱼属(*Trachurus*)染色体臂的数目变化比较大, 从 50–66 不等, 这表明鲈科鱼类的核型与鲈形目其他科鱼类的核型相比具有更丰富的多样性。染色体的多态性可能归因于群体隔离和遗传分

化(Galetti *et al.*, 2000)。研究报道鲈科中的鲷属鱼类染色体臂数目为 48–54, 高体鲷为 50、黑纹条鲷为 48、五条鲷为 50 (Vitturi *et al.*, 1986; Sola *et al.*, 1997; Tripathy *et al.*, 1988; Ida *et al.*, 1978), 本研究中, 黄海北部沿海黄条鲷的染色体臂数目为 54, 在鲷属鱼类染色体臂数目 48–54 之间。由以上分析可知, 鲷属鱼类染色体核型特征存在着明显的种间差异, 因此, 可以通过染色体核型分析进行鲷属鱼类的分类鉴定和种质标准的评定。鲈形目石鲷属的雄性斑石鲷(*Oplegnathus punctatus*)具有一条异形性染色体, 可能是性染色体 Y, 并推测其染色体的性别决定类型可能为 $X_1X_1X_2X_2/X_1X_2Y$ 型(薛蕊等, 2016)。本研究使用的不足 1 龄的黄条鲷幼鱼染色体核型图谱中没有找到与性别决定有关的异型染色体, 今后可在黄条鲷繁殖季节采集成熟的雌、雄鱼, 进一步采用染色体荧光原位杂交等染色方法阐明黄条鲷是否存在性染色体。

小岛吉雄(1979)在研究染色体时对真骨鱼类进行了划分, 提出了 3 个演化类群, 分别为低位类、中位类和高位类; 并且, 高位类群鱼在进化上处于上位, 其染色体数目越收敛, 中部和亚中部着丝粒染色体少, 端部和亚端部着丝粒染色体数目多(小岛吉雄, 1979; 李鹏飞等, 2007)。同时, 在分类阶元中端部着丝粒染色体多的种类为基本类群; 中部或者亚中部着丝粒较多为特化类群, 即染色体臂数越多的类群更特化(李树深, 1981)。本研究中, 黄海北部黄条鲷染色体数目 $2n=48=6sm+4st+38t$, 端部、亚端部着丝粒染色体数目为 42 条, 中部、亚中部着丝粒染色体数目为 6 条, 符合以上的类群判定标准; 黄海北部黄条鲷的染色体相对长度变化不大, 变化范围为 $(2.50 \pm 0.23)\%$ – $(5.16 \pm 0.56)\%$, 黄条鲷染色体的中期分裂相的核型图谱显示, 端着丝粒染色体 38 条, 染色体臂数目为 54, 因此, 黄海北部沿海黄条鲷属于高位中更为特化的类群。Ohara 等(2005)采用微卫星标记的方法构建了日本 2 种重要养殖鲷属鱼类五条鲷和黄条鲷遗传连锁图谱, 但是没有报道其进化地位。今后有必要对不同地理种群的鲷属鱼类深入分析其进化关系。

参 考 文 献

- Amores A, 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
- Braasch I, Gehrke AR, Smith JJ, *et al.* The spotted gar genome illuminates vertebrate evolution and facilitates human-teleost comparisons. *Nature Genetics*, 2016, 48(4): 427–437

- Chai XL, Li XX, Lu RM, *et al.* Karyotype analysis of the yellowtail kingfish *Seriola lalandi lalandi* (Perciformes: Carangidae) from South Australia. *Aquaculture Research*, 2009, 40(15): 1735–1741
- Ida H, Murofushi S, Fujiwara S, *et al.* Preparation of fish chromosomes by *in vitro* colchicine treatment. *Japanese Journal of Ichthyology*, 1978, 24(4): 281–284
- Galetti PM, Aguilar CT, Molina WF. An overview of marine fish cytogenetics. *Hydrobiologia*, 2000, 420(1): 55–62
- Jiang DW, Lin LL, Chen Y, *et al.* Indoor wintering and growth of *Seriola aureorivata* Temminck et Schegel. *Journal of Dalian Fisheries University*, 2001, 16(3): 223–227 [姜大为, 林乐玲, 陈勇, 等. 黄条鲷室内越冬及生长观察. 大连水产学院学报, 2001, 16(3): 223–227]
- Khan TA, Bhise MP, Lakra WS. Chromosome manipulation in fish—a review. *Indian Journal of Animal Science*, 2000, 70(2): 213–221
- Levan A, Fredga K, Sandberg A. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas*, 1964, 52(2): 201–220
- Li PF, Liu P, Liu XZ. Study on the karyotype of *Paralichthys lethostigma*. *Marine Fisheries Research*, 2007, 28(4): 26–30 [李鹏飞, 刘萍, 柳学周. 漠斑牙鲆染色体组型研究. 海洋水产研究, 2007, 28(4): 26–30]
- Li SS. Taxonomy of fish cell. *Science Trends of Biology*, 1981(2): 8–15 [李树深. 鱼类细胞分类学. 生物科学动态, 1981(2): 8–15]
- Martínez P, Viñas AM, Sánchez L, *et al.* Genetic architecture of sex determination in fish: applications to sex ratio control in aquaculture. *Frontiers in Genetics*, 2014, 5: 1–13
- Meng QW, Su JX, Miao XZ. Systematics of fishes. China Agriculture Press, 1995, 672 [孟庆闻, 苏锦祥, 缪学祖. 鱼类分类学. 北京: 中国农业出版社, 1995, 672]
- Molina-Luzón MJ, López JR, Robles F. Chromosomal manipulation in Senegalese sole (*Solea senegalensis* Kaup, 1858): induction of triploidy and gynogenesis. *Journal of Applied Genetics*, 2015, 56(1): 77–84
- Nakada M. Capture-based aquaculture of yellowtail. in *Capture-Based Aquaculture. Global Overview*. FAO Fisheries Technical Paper. No. 508 (ed. by Lovatelli A & Holthus PF), 2008, 199–215
- Ohara E, Nishimura T, Nagakura Y, *et al.* Genetic linkage maps of two yellowtails (*Seriola quinqueradiata* and *Seriola lalandi*). *Aquaculture*, 2005, 244(1–4): 41–48
- Ojima. Aquatic biology and genetic breeding. Tokyo: Water delivery press, 1979, 46–62. [小島吉雄. 水产生物及遗传育种. 东京: 水交出版社, 1979, 46–62]
- Sola L, Cipelli O, Gornung E, *et al.* Cytogenetic characterization of the greater amberjack, *Seriola dumerili* (Pisces: Carangidae), by different staining techniques and fluorescence *in situ* hybridization. *Marine Biology*, 1997, 128(4): 573–577
- Tripathy NK, Das CC. Karyotypes of five Indian Perciform fishes. *Copeia*, 1988(1): 231–233
- Vitturi R, Mazzola A, Macaluso M, *et al.* Chromosomal polymorphism associated with Robertsonian fusion in *Seriola dumerili* (Risso, 1810) (Pisces: Carangidae). *Journal of Fish Biology*, 1986, 29(5): 529–534
- Wang B, Sun PX, Dong ZF. Biological characteristics and breeding of yellowtail. *Fishery Modernization*, 2005(3): 18–20 [王波, 孙丕喜, 董振芳. 黄条鲷的生物学特性与养殖. 渔业现代化, 2005(3): 18–20]
- Wang LZ, Li L, Li T, *et al.* Karyotype of *Silurus lanzhouensis*. *Chinese Journal of Zoology*, 2015, 50(2): 272–276 [王绿洲, 李蕾, 李涛, 等. 兰州鲇染色体组型. 动物学杂志, 2015, 50(2): 272–276]
- Wang YY, Liu XZ, Xu YJ, *et al.* Study on the karyotype of *Verasper moseri*. *Progress in Fisheries Science*, 2009, 30(2): 8–13 [王妍妍, 柳学周, 徐永江等. 条斑星鲈染色体核型分析. 渔业科学进展, 2009, 30(2): 8–13]
- Xue R, An H, Liu QH, *et al.* Karyotype and AG-NORS in male and female of *Oplegnathus punctatus*. *Oceanologia Et Limnologia Sinica*, 2016, 47(3): 626–632 [薛蕊, 安皓, 刘清华, 等. 斑石鲷(*Oplegnathus punctatus*)雌、雄鱼核型及 Ag-NORS 带型分析. 海洋与湖沼, 2016, 47(3): 626–632]

(编辑 冯小花)

Study on the Karyotype of Yellowtail Kingfish (*Seriola aureovittata*)

SHI Bao^{1,2}, LIU Yongshan^{1,3}, LIU Xuezhou^{1,2,3}^①, XU Yongjiang^{1,2},
LI Rong⁴, SONG Xuesong^{1,3}, ZHOU Liqing^{1,2}

(1. Key Laboratory of Sustainable Development of Marine Fisheries, Ministry of Agriculture, Qingdao Key Laboratory for Marine Fish Breeding and Biotechnology, Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071; 2. Laboratory for Marine Fisheries Science and Food Production Processes, Qingdao National Laboratory for Marine Science and Technology, Qingdao 266071; 3. College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306; 4. Dalian Fugu Fishery Co., Ltd., Dalian 116400)

Abstract Karyological study is a useful tool in exploring evolutionary mechanisms of fish because it provided basic information on the number, size and morphology of chromosomes. In this study we characterized the karyotype and chromosomal characteristics of the yellowtail kingfish *Seriola aureovittata* by examining metaphase spreads from head kidney cells of one-year-old fish artificially bred from wild broodstock in the Dalian coast of China. Chromosome samples were prepared through *in vivo* injection of phytohemagglutinin (PHA), olchicine-air drying technique, and Giemsa staining. A total of 80 mitotic metaphases from 21 individuals were analyzed, and 65 spreads showed $2n=48$ chromosomes, which represented 81.25% of the observed metaphases. The relative size of the chromosomes in this subspecies varied from $(2.50\pm 0.23)\%$ to $(5.16\pm 0.56)\%$. The long arm, short arm, and total length of the first submetacentric chromosomes were $(1.81\pm 0.09)\ \mu\text{m}$, $(0.87\pm 0.03)\ \mu\text{m}$, and $(2.68\pm 0.09)\ \mu\text{m}$ respectively. Two pairs of subtelocentric chromosomes were found in this subspecies. The length of their short arms was $(0.55\pm 0.04)\ \mu\text{m}$ and $(0.39\pm 0.06)\ \mu\text{m}$, and that of the long arms was $(2.10\pm 0.06)\ \mu\text{m}$ and $(1.87\pm 0.07)\ \mu\text{m}$. The diploid consisted of 4 submetacentric, 6 subtelocentric, and 38 telocentric chromosomes, and the fundamental number of chromosome arms was 54. The first pair of chromosomes had secondary constriction and satellite. The karyotype formula for this species was determined to be $2n=48 = 6\text{sm} + 4\text{st} + 38\text{t}$. The total haploid chromosome length was approximately $51.97\ \mu\text{m}$. The fact that *S. aureovittata* has 3 pairs of submetacentric and 2 pairs of subtelocentric chromosomes distinguishes this species from other previously reported *Seriola* species. The comparison of karyotypes suggested that *S. aureovittata* might belong to an advanced and specific evolutionary group. Our study promoted the understanding of the specific karyotype evolution of the genus *Seriola*, and provided information on the polyploidy manipulation, hybridization, and sex control.

Key words *Seriola aureovittata*; Chromosome; Karyotype; Satellite

① Corresponding author: LIU Xuezhou, E-mail: liuxz@ysfri.ac.cn