

## 《海洋与湖沼》2010年第2期论文导读

赤潮异弯藻(*Heterosigma akashiwo*)对蒙古裸腹溞(*Moina mongolica*)和日本新糠虾(*Neomysis japonica*)的毒性影响

采用生物急性和慢性毒性实验的方法,研究了赤潮异弯藻对蒙古裸腹溞和日本新糠虾的毒性影响,并初步探讨了赤潮异弯藻导致二者较快死亡的机制。结果发现,赤潮异弯藻不仅对蒙古裸腹溞和日本新糠虾的存活有显著影响,而且使其个体变小、产卵前发育时间延长、总生殖量降低、平均存活时间缩短,种群数量增长受抑制。赤潮异弯藻很可能通过干扰蒙古裸腹溞和日本新糠虾正常的生理活动,而导致其快速死亡。

饥饿对大菱鲂(*Scophthalmus maximus*)雌核发育二倍体仔鱼前期生长的影响

针对饥饿对大菱鲂雌核发育二倍体仔鱼前期生长发育的影响进行研究,并对仔鱼的饥饿不可逆点进行了测定。结果表明,水温 14.5~16 的培育条件下,大菱鲂雌核发育饥饿仔鱼卵黄于 5~6 日龄消耗殆尽,油球 6~7 日龄消耗殆尽。常规二倍体饥饿仔鱼的卵黄和油球消耗规律、初次摄食率变化、PNR 点及全长生长与雌核发育仔鱼无显著差异。

南海小型底栖动物生态学的初步研究

对南海海域(17~21°N, 109~112°E)的小型底栖动物的生态特点进行了研究。结果表明,小型底栖动物的丰度自近岸向外海域呈递减趋势。研究海域小型动物的平均丰度与莱州湾和南黄海冬季的研究结果较接近,高于东、黄海,低于胶州湾和长江口。在分选的 17 个主要类群中,海洋线虫在丰度上占绝对优势(92.9%),多毛类(2.5%)和桡足类(1.5%)所占比例均较小。本海域的小型底栖动物和线虫的数量与沉积物中有机质含量呈显著正相关,与水深呈显著负相关。

象山港大型底栖动物群落特征

用物种丰富度指数、物种均匀度指数和物种多样性指数分析象山港大型底栖动物物种的多样性和群落种类的组成,研究象山港大型底栖动物群落结构。调查显示,象山港大型底栖动物不同采样站位之间物种丰富度指数( $d$ )、均匀度指数( $J$ )、辛普森多样性指数( $D$ )和香农-威纳多样性指数( $H'$ )差异皆高度显著。该海域大型底栖动物群落受到了严重的环境污染或者扰动,逐渐由一种或几种个体较小的种类占优势。

崇明东滩潮沟浮游动物数量分布与变动

根据 2008 年 4~12 月对上海市崇明岛东滩潮沟进行 4 个季节的浮游动物调查资料,研究了崇明东滩潮沟浮游动物的数量分布及变动。结果表明,调查区浮游动物总丰度较高,四季变化明显。受潮汐作用的影响,夏、秋、冬三

季落潮时丰度大于涨潮时,春季涨潮时丰度则大于落潮时。浮游动物在 6 条潮沟的平面分布不均匀。盐度是影响冬、春季涨潮时浮游动物总丰度分布的主要因子,水温则是影响夏、秋季涨潮时总丰度分布的主要因子。

基于线粒体 *COI* 基因的 DNA 条形码在石首鱼科(Sciaenidae)鱼类系统分类中的应用

采用 *COI* 基因特异扩增测序及与 GenBank 已有序列联配分析的方法,进行了石首鱼科 19 属 30 种鱼类 75 个 *COI* 基因片段的序列比较和系统进化研究。结果表明,石首鱼科鱼类该片的平均 GC 含量为 48.3%,其中第二密码子位点含量最高(51%~58.4%,平均 56.6%),第一密码子变化范围最大(27.6%~54.1%,平均 44.9%),第三密码子差别较小(41.6%~43.6%,平均 42.7%)。30 种石首鱼科鱼类种内遗传距离平均值为 0.006,种间为 0.210,种间遗传距离是种内的 35 倍。

大菱鲂(*Scophthalmus maximus*)选育家系的构建和培育技术研究

采用巢式设计方法和人工采卵授精技术,选取英国、法国、丹麦和挪威 4 个群体的大菱鲂进行定向交配,并对大菱鲂早期发育阶段苗种进行了环境标准化和一级、二级、三级数量标准化培育。结果表明,由于家系成功初始构建的不同步性,拉长了家系的培育时间,对同一发育阶段家系早期培育的同步性较差,导致对处于同一发育阶段、但在不同时期培育的家系所进行的环境标准化效果不好,每次数量标准化时,存在部分全同胞家系间数量差异显著。

半胱胺盐酸盐(CSH)对尼罗罗非鱼(*Oreochromis niloticus*)生长及生长轴相关基因表达的影响

采用腹腔注射方法,分析 CSH 对尼罗罗非鱼绝对生长率、特定生长率、肝体系数和肥满度的影响,并应用荧光实时定量 PCR 方法检测在注射 CSH 后不同时段尼罗罗非鱼垂体 GH、肝脏 GHR 和肝脏 IGF-I 基因的表达变化。结果表明,CSH 组尼罗罗非鱼的绝对生长率、特定生长率、肝体系数、肥满度均显著高于对照组( $P < 0.05$ ),CSH 可显著上调尼罗罗非鱼生长轴相关基因的表达,从而促进鱼类的生长。

三疣梭子蟹(*Portunus trituberculatus*) Pthyastatin 抗菌肽基因的克隆与表达分析

采用构建三疣梭子蟹血细胞全长 cDNA 文库的方法克隆了一个新型抗菌肽基因 Pthyastatin,并用荧光定量 RT-PCR 方法,进行 Pthyastatin 的表达研究。结果表明,Pthyastatin 前体由 16 个氨基酸残基的信号肽和成熟肽两部分组成,其中 Pthyastatin 成熟肽有两个结构域: N 端的富含 Pro/Arg 结构域和 C 端的包含 6 个保守 Cys 残基与对

虾抗菌肽 Penaeidins 同源的结构域,表明 Pthyastatin 属于对虾抗菌肽 Penaeidins 家族。

鳃弧菌(*Vibrio anguillarum*)侵染对青蛤(*Cyclina sinensis*)磷酸酶活性的影响

对成体青蛤分别用鳃弧菌和生理盐水注射,在感染后 3、6、12、24 和 36 h 分别取不同处理组的肝胰脏、鳃和闭壳肌组织,测定上述样品的碱性磷酸酶(ALP)及酸性磷酸酶(ACP)活性,分析鳃弧菌对青蛤体内免疫相关酶活性的影响。结果表明,鳃弧菌感染组的 ALP 与 ACP 活性从高到低依次为肝胰脏>鳃>闭壳肌,其中青蛤肝胰脏和鳃组织中 ALP 和 ACP 活性均有显著升高的趋势,并且在 12 h 时达到最高,与对照组差异显著( $P<0.05$ ),随后呈现下降趋势。

中国沿海长蛸(*Octopus variabilis*)自然群体线粒体 COI 基因遗传多样性研究

对我国沿海 5 个自然群体长蛸的线粒体细胞色素氧化酶亚基 I(COI)部分序列进行了测定和分析,经比对获得 658bp 核苷酸片段,AT 含量明显高于 GC 含量。5 个自然群体的长蛸中共发现 18 个变异位点,得到 15 个单倍型,包括 4 个共享单倍型。NJ 法和 UPGMA 法构建的分子进化树,5 个地理群体的长蛸聚为两个族群,大连、烟台群体聚为一族群,青岛、连云港和舟山群体聚为另一族群。

三亚河与三亚湾溶存  $N_2O$  分布特征与影响因素研究

在三亚河设置 24 h 观测连续站及采样站,同时采集大气、表层和底层海水样品,运用静态顶空气相色谱法对海水中溶存  $N_2O$  的浓度进行了测定。结果表明,三亚湾海水中溶存  $N_2O$  的浓度范围为 7.57~15.04 nmol/L,饱和度范围为 101.8%~202.2%,均处于过饱和状态,明显受到三亚河水人为污染的影响。三亚河和三亚湾都是大气  $N_2O$  的源。三亚河与三亚湾水体中  $N_2O$  主要来源于城市污水的影响。

长牡蛎(*Crassostrea gigas*)17 个 EST-SNP 标记的开发

利用长牡蛎已有的 EST 序列数据库,筛选得到候选 SNP 位点共计 1140 个。根据候选 SNP 位点共设计引物 82 组,通过片段长度差异等位基因特异性 PCR 的分型方法,在一野生群体中进行检测和验证,结果共有 17 个 SNP 候选位点显示多态性。通过基于 EST 数据库的 SNP 开发,可以有效弥补某些海洋生物因基因组学滞后影响 SNP 标记开发的现状。

细条天竺鱼(*Apogonichthys lineatus*)与黑鳃天竺鱼(*Apogonichthys arafurae*)耳石形态识别的初步研究

利用分别采自南海北部湾和渤海长岛海域的 119 尾细条天竺鱼和 57 尾黑鳃天竺鱼标本,以耳石长、耳石宽、周长、面积、矩形趋近率、充实度为基本形态学参数,结合傅立叶变换获得的形态特征变量,研究了两种天竺鱼耳石形态的差异。结果显示,利用耳石形态学特征变量对两种天竺鱼的判别分析成功率分别高达 82.5%和 88.2%,显示耳石形态学分析是天竺鱼鱼种识别的有力手段。

兔抗对虾白斑症病毒(WSSV)独特型抗体的制备及其特性分析

以前期已制备的抗 WSSV 囊膜蛋白单克隆抗体 4G9(Ab1)杂交瘤细胞生产小鼠腹水,腹水经辛酸-硫酸铵法、Protein G 亲和层析法纯化后,用以制备兔抗血清,所得血清经纯化得到粗提的兔抗 WSSV 独特型抗体(Ab2)。采用竞争酶联免疫吸附实验、间接免疫荧光法、斑点免疫印迹和蛋白免疫印迹等实验方法分析了 Ab2 特性,结果表明 Ab2 能识别 Ab1 并与 WSSV 竞争 Ab1 的抗原结合位点,是具有模拟 WSSV 特性的抗独特型抗体,由此推断这三个蛋白为 WSSV 在中国对虾血细胞膜上的结合蛋白。

海洋球石藻(*Emiliania huxleyi*)病毒硫氧还蛋白(TRX)基因的克隆及生物信息学分析

首次从海洋球石藻病毒(*Emiliania huxleyi* virus-EhV99B1)中克隆了硫氧还蛋白(Trx)基因(该序列已提交 GenBank,登录号: GU109280)。系统进化关系分析表明: EhV99B1-Trx 与 GenBank 中已报道的 EhV86-Trx (NC\_007346)有很高的同源性,核酸及其推导的氨基酸序列的同源性分别为 98%和 100%,而与其他物种的 Trx 序列同源性仅为 9.8%~18.8%。采用生物信息学方法和工具分析了 EhV99B1-Trx 蛋白的生化参数,预测了该蛋白的高级结构。

南黄海强壮箭虫(*Sagitta crassa*)的生活史特征

根据对胶州湾外一站位连续 1 年逐月采样所获得的资料,研究报道了南黄海强壮箭虫(*Sagitta crassa*)的生活史特征。研究结果表明,南黄海强壮箭虫共有 5 个世代,其中的夏-秋世代和秋-春 2 个世代的生长率较高。

黄东海二类水体春季表观光谱特性与表层悬浮体浓度反演模式

利用 Savitzky-Golay 滤波信号处理方法,分析了南黄海、北东海 2003 年春季水色遥感试验所取得的遥感反射率和表层悬浮体取样数据。所得统计反演模型较适合中等悬浮颗粒物含量水体,当水体 TSS 或 SS 过高或过低时,均会出现较大反演误差。

调控淹水对互花米草生理影响的研究

应用盐度为 8 的淹水,研究了互花米草生长期间的相关生理和生长参数对 0、25、50、75 和 100 cm 梯度淹水胁迫的响应。研究表明,低水位(<50 cm)淹水胁迫促进了其营养生长,对生殖生长无显著影响( $P>0.05$ );而高水位(50 cm)淹水胁迫能有效地抑制互花米草营养和生殖生长,是控制互花米草扩散的有效水位。

北冰洋次表层暖水形成机制的研究

分析了北冰洋加拿大海盆上层海水温度结构特征,针对在海冰覆盖区域普遍发生的次表层暖水现象,建立了冰海耦合的一维柱形模式,成功模拟了次表层暖水的垂向结构和形成机制,证明了太阳辐射加热和表层冷却是次表层暖水的成因。