

东方鲀属主要经济鱼种繁育养殖、育种和基因研究现状

Breeding and genetic research of major economic species of Fugu

马爱军¹, 陆丽君^{1,2}, 陈超¹, 王新安¹, 孟雪松³, 李伟业¹, 刘圣聪³

(1. 中国水产科学研究院 黄海水产研究所 青岛市海水鱼类种子工程与生物技术重点实验室, 山东青岛 266071; 2. 上海海洋大学 水产与生命学院, 上海 201306; 3. 大连天正实业有限公司, 辽宁大连 116011)

中图分类号: S968.1

文献标识码: A

文章编号: 1000-3096(2011)11-0128-06

鲀类是指硬骨鱼纲(Osteichthyes)、鲀形目(Tetraodontiformes)的一个鱼类类群。在南方,人们称它为“鸡泡鱼”、“气泡鱼”,在北方则称“河鲀”或“廷巴”。鲀类种类繁多,从太平洋至大西洋到处都有它们的踪迹^[1]。

东方鲀属鱼类在19世纪以前被混于鲀属中,20世纪以来被混于圆鲀属中,直到1952年,才以头骨、脊椎骨和背鳍条数目等特征为依据,成立了东方鲀属。东方鲀属鱼种是一类经济价值较高的水产品,其肉质洁白、细嫩,肉味鲜美,享有“鱼中之王”美称。在日本、韩国及中国沿海有广阔的开发利用前景,成鱼尤其畅销日本市场,是重要的创汇渔业对象^{[2]683}。

1 东方鲀属分类

东方鲀属鱼类隶属于鲀形目、鲀科(Tetraodontidae)、东方鲀属(*Takifugu*),约有19种^[3]。常见种类有红鳍东方鲀(*Takifugu rubripes*)、假睛东方鲀(*Takifugu pseudomus*)、黄鳍东方鲀(*Takifugu xanthopterus*)、菊黄东方鲀(*Takifugu flavidus*)、墨绿东方鲀(*Takifugu basilevskianus*)、网纹东方鲀(*Takifugu reticularis*)、紫色东方鲀(*Takifugu porphyreus*)、虫纹东方鲀(*Takifugu vermicularis*)、暗纹东方鲀(*Takifugu obscurus*)、双斑东方鲀(*Takifugu bimaculatus*)、豹纹东方鲀(*Takifugu pardalis*)、星点东方鲀(*Takifugu niphobles*)、铅点东方鲀(*Takifugu alboplumbeus*)、横纹东方鲀(*Takifugu oblongus*)、弓斑东方鲀(*Takifugu ocellatus*)、圆斑东方鲀(*Takifugu orbimaculatus*)、晕环东方鲀(*Takifugu coronoidus*),其中圆斑东方鲀以及晕环东方鲀是新种。在中国,常见的东方鲀属鱼类有红鳍东方鲀、暗纹东方鲀、黄鳍

东方鲀、假睛东方鲀及虫纹东方鲀,其中,红鳍东方鲀和暗纹东方鲀养殖量最大。

东方鲀属鱼类,一般体长在100~300 mm左右,大的可达630 mm以上。体亚长椭圆形,尾部稍侧扁。头宽而圆,每侧具2个鼻孔,鼻突起呈卵圆形。体侧具皮褶,体被小刺或光滑。背鳍1个,无鳍棘,具鳍条11~19,前方2~6鳍条不分支,臀鳍与背鳍相似,具鳍条9~16,前方1~6鳍条不分支;尾鳍圆形或截形,有时稍凹入。鳔呈卵圆形或椭圆形,有气囊。个体变异大,颜色花纹多种多样,有些种类不同大小个体的体色有变异。主要分布于中国、日本、朝鲜、苏联远东太平洋区、菲律宾及印度尼西亚,个别种达东非及澳大利亚^[2]。根据皮刺,可以初步鉴别中国东方鲀属鱼类^[1]。

[1] 皮肤不具皮刺

[1] 皮肤光滑,无皮刺和瘤……………紫色、虫纹东方鲀

[1] 皮肤无皮刺,具瘤状突起……………豹纹东方鲀

[2] 皮肤具皮刺

[2] 皮刺布满全身分布……………铅点东方鲀

[2] 背腹刺区在胸鳍前后相连接……………横纹东方鲀

[2] 背腹刺区在胸鳍前、眼后部相连接……………暗纹东方鲀

[3] 背腹刺区分离

收稿日期: 2010-10-22; 修回日期: 2011-03-27

基金项目: 青岛市重点实验室建设资助项目(09-2-2-22-jch)

作者简介: 马爱军(1971-),女,山东荣成人,研究员,主要从事海水鱼类繁育与遗传育种研究,电话: 0532-85835103, E-mail: maaj@ysfri.ac.cn

[3] 背刺区非舌状, 向后延伸绕背鳍至尾……星点、网纹东方鲀

[4] 背刺区舌状

[4] 皮刺细弱……………墨绿、弓斑东方鲀

[4] 皮刺强……………红鳍、假睛、菊黄、黄鳍、弓斑东方鲀

2 繁育养殖研究现状

中国对河鲀的育苗和养殖研究始于 20 世纪 80 年代初, 首先由黄海水产研究所在胶南基地开展了红鳍、假睛、铅点、黄鳍等多种东方鲀类的研究, 80 年代初, 河北、山东、浙江、江苏、上海等地陆续开展了铅点东方鲀、红鳍东方鲀、弓斑东方鲀, 假睛东方鲀及暗纹东方鲀、菊黄东方鲀、豹纹东方鲀的人工繁殖^[2]。中国从 20 世纪 90 年代开始规模化人工养殖河鲀鱼, 北方养殖品种以红鳍东方鲀为主, 年产量在 4 000 t 左右, 全部出口到日本和韩国; 淡水南方养殖品种以暗纹东方鲀为主, 年产量在 6 000 t 左右; 而天然捕捞的河鲀鱼大部分集中在浙江、福建、广东等地, 有各种河鲀品种, 年产量大约在 6 000 t 左右。由此可知, 全国河鲀鱼年总产量达 1.6 万余 t, 有些年份甚至超过 2 万 t。目前, 国内河鲀鱼养殖和加工规模较大的企业和国家级良种场主要有大连天正实业有限公司、大连富谷水产有限公司、江苏中洋集团、河北省水产研究所等。

3 东方鲀属主要经济种的育种及基因研究进展

3.1 红鳍东方鲀纯种培育

红鳍东方鲀在东方鲀属鱼类中是经济价值最高的一种, 在中、日、韩沿海都有分布, 但多年的分类学、生态学、繁育生物学研究以及海区调查资料显示, 在天然海区, 东方鲀属近缘类群杂交频率极高、人工杂交种群的大量繁育、养殖和放流增殖规模的不断扩大, 已经导致东方鲀类的种质混杂, 尤其对红鳍东方鲀而言, 中国的资源量小, 日本的资源量大。中国的红鳍和假睛两个相近种的栖息海区和繁殖季节相近, 极易发生种质混交, 为此日方怀疑中方红鳍东方鲀的种质不纯, 由此引发贸易纠纷日渐增多, 同时也给中国的河鲀养殖生产和市场稳定带来一系列的严重影响。为解决中国国内种质不纯、

养殖品种价格不高、出口受限制等问题, 1996 年由中国科学院黄海水产研究所陈超等^[4]承担农业部“948”项目, 引进日本红鳍东方鲀种群。项目进行采用 RAPD 技术, 发现日本种群的红鳍东方鲀和国内种群, 以及假睛东方鲀三者虽然亲缘关系较近, 但是有 DNA 水平上的差异。许多外部特征及生态生理方面和生长速度方面有不同。该项目取得了一些成果, 例如纯种引进技术的确立, 形成了全人工纯种育苗的大规模生产, 养殖国内尚属首次。其次, 开展分子水平和体内包埋技术的研究, 丰富了东方鲀遗传保护等相关资料。在已有的研究基础上, 目前迫切需要开展系统的红鳍东方鲀选种育种工作, 以防止种质退化。

3.2 红鳍东方鲀育种研究

日本开展了红鳍东方鲀与高生长性状有关的遗传学及生物学的研究。古川聪史^[5]认为从现在红鳍东方鲀的养殖现状看, 民间养殖者把生长速度和抗病性作为目标进行良种选育, 和其他的植物及陆上家畜选育相比, 红鳍东方鲀养殖时间比较短, 繁殖世代时间比较长, 需要 2~3 a, 建立经典式的育种需花费很长的时间和劳力。研究利用染色体基因组信息, 明确高增长性状的遗传基因, 这样就可以以性状优化为目标, 但是, 至今只知道 DNA 碱基排列不能直接进行育种。因为从碱基排列上只能知道染色体组中存在的遗传基因数和构成蛋白质的氨基酸的排列。但是蛋白质的机能、表达的环境条件、量、组织特异性等仍不清楚, 所以在育种的应用上需要知道这些信息, 为此对数量性状遗传基因(QTL)进行分析, 完善支配目的性状的基因座位, 有必要确定这个基因, 编写基因连锁图谱, 用 QTL 解析连锁图谱, 明确各种影响性状的基因在染色体上的位置, 对品种改良有很大的作用。

3.3 东方鲀属遗传多样性和亲缘关系研究

在遗传生物学相关开展了 DNA 分子标记, 如: RFLP、DNA 指纹技术、RAPD、AFLP、线粒体 DNA 标记技术、PCR-SSCP 等技术的应用于遗传多样性和亲缘关系等方面的研究。DNA 分子标记^[6]是以生物大分子脱氧核苷酸的多态性为基础的遗传标记, 它能够稳定遗传, 且遗传方式简单, 可以反应生物的个体和群体特征。它具有标记位点多、特异性强、标记稳定可靠、遗传信息量大、实验重复性强、不受生物的年龄、发育阶段、性别和养殖环境条件的

影响等特性,因此被广泛应用于基因定位、品种鉴定、资源评价、物种亲缘关系和系统演化分析、分子标记辅助选择等许多方面。

陈超等^[7]应用 RAPD 标记对东方鲀属(红鳍东方鲀、假睛东方鲀、暗纹东方鲀和从日本引进的红鳍东方鲀)进行种类鉴别及其聚类分析。聚类分析显示,中国红鳍东方鲀与日本红鳍东方鲀遗传距离最近,然后与假睛东方鲀聚类,最后与暗纹东方鲀相聚。结果说明,4 个群体的生物学特性存在差异,亲缘关系也存在远近,中国红鳍东方鲀和日本东方鲀可以视为不同的地理种群,而暗纹东方鲀,由于繁殖和生活习性等方面的差异,被认为是不同的种。开展此项研究可以为河鲀鱼种质资源鉴别和保护提供依据。崔建洲等^[8]对河鲀基因组微卫星分布特征进行研究,在大约 365Mb 基因组序列中共找到 49647 个微卫星序列,平均每隔 7351 个碱基就有一个。研究表明,与其他生物基因组中微卫星分布特征相比,河鲀基因组具有更高的简洁性,该研究将为河鲀微卫星标记、研究其群体多样性、进行不同基因组的比较研究提供基础。崔建洲等^[9]做了红鳍东方鲀和假睛东方鲀微卫星 DNA 多态性分析,实验群体为野生红鳍东方鲀群体、养殖红鳍东方鲀群体以及野生假睛东方鲀群体,利用红鳍东方鲀基因组序列设计引物、对不同地理种群和养殖群体进行多样性分析。实验结果为野生红鳍东方鲀和野生假睛东方鲀群体遗传距离最小,野生红鳍东方鲀群体和养殖红鳍东方鲀群体遗传距离最大,表明养殖群体的遗传多样性显著下降,应及早加强对其种质的保护。郝君等^[10]利用红鳍东方鲀微卫星标记对两个不同群体红鳍东方鲀的 DNA 多态性进行了分析。计算平均等位基因数、多态信息含量以及平均观测杂合度。实验结果显示两个群体的遗传多态性不高。郝君等^[11]利用 Tandem Repeats Finder 软件在红鳍东方鲀 BAC 数据库和 ESTs 数据库中查找微卫星标记。选取其中若干个序列设计引物,并将引物用于已知群体。实验结果表明,EST-SSRs 标记比 BAC-SSRs 标记的多态性低,EST-SSRs 标记比 BAC-SSRs 标记更适用于红鳍东方鲀群体分析和研究。钟建兴^[12]通过对菊黄东方鲀、双斑东方鲀及两者的正反杂交子代的 ISSR 标记分析,研究了 2 种子代群体之间以及子代群体与共享亲本个体之间的遗传关系。使用 10 个 ISSR 引物扩增,分析结果显示,杂交子代确为杂种,杂交子代不仅具有较高的遗传多样性,而且在与亲本个体和其他子

代群体间的遗传关系上表现出与种内交配子代的明显差异。另外,结果表明,杂交子代与两种亲本的遗传关系并不对等,表现出明显的倾向性,更偏向于母本一方。

3.4 基因组及基因相关研究进展

红鳍东方鲀的全基因组序列已经被发表,在脊椎动物人之后继续被发表序列信息的第二个动物就是红鳍东方鲀。池田大介^[13]表明,红鳍东方鲀基因组涵盖了 90%的非重复序列,红鳍东方鲀的染色体组作为脊椎动物染色体组的模型具有优秀的特征,此特征首先是红鳍东方鲀的染色体组长度约为 400 Mb。虽然约为人类的 1/8,但是大体上是含有同样数目的遗传基因。这是因为红鳍东方鲀染色体组重复排列很少,遗传基因间区域和内含子短。红鳍东方鲀染色体组与人类基因组结构相比结构紧凑,转录调控区处于遗传基因的附近,有利于分析。同时,红鳍东方鲀的转录调控区被证实在小家鼠和褐鼠等哺乳类也有此机能,这也是红鳍东方鲀可以作为模式生物来研究的原因。

3.4.1 白介素的基因克隆及序列分析

IL-2 是近年来新发现的一类细胞因子。王建平等^[14]根据 Bird 等发表的河鲀 IL-2 基因序列设计引物,通过 RT-PCR 方法扩增和克隆了红鳍东方鲀 IL-2 的核苷酸序列,该序列由 490nt 组成,编码 149 个氨基酸组成的前体蛋白。序列分析表明,红鳍东方鲀 IL-2 核苷酸序列和氨基酸序列与目前已知的其他物种 IL-2 的核苷酸及氨基酸的同源性分别位于 34%~44%和 24%~43%。遗传进化分析表明,红鳍东方鲀 IL-2 在遗传进化上具有其独立性。

另外,董伟仁^[15]也做了相关研究。主要是采用比较基因组学方法,在河鲀基因组中鉴定 IL-2 基因,得出该基因的一些特征,IL-2 为单拷贝基因,结构、染色体定位均和人等高等动物一致,但基因非常简洁。这样一些研究结果可以丰富鱼类基因组数据库,也为快速鉴定新的鱼类功能基因打下基础。

此外,Steve 等^[16]利用线性分析方法,对红鳍东方鲀 IL-2 基因进行了表征和表达分析。

Yasutoshi 等^[17]从 cDNA 文库中分离并鉴定与哺乳动物同源的红鳍东方鲀白介素 12 的亚基结构(IL-12 p35 以及 IL-12 p40),推测出红鳍东方鲀 IL-12 氨基酸序列与哺乳动物 IL-12 序列具有同源性(p35:50.4%~58%相似性,p40:51.2%~55.4%相似性)。

系统发育学也表明,红鳍东方鲀 IL-12 的 p35 和 p40 基因簇与哺乳动物具有同源性。红鳍东方鲀 IL-12 基因内含子小、结构紧凑,基因组成和小鼠类似。比较基因组学表明,人和鲀类 IL-12 基因的 p35 和 p40 都具有线性的保守区域,说明鲀类和人类 IL-12 的 p35 和 p40 基因具有同源性。IL-12 p35 mRNA 的在淋巴组织和一些非淋巴组织中表达,而 IL-12 p40 基因的表达几乎无处不在。在头肾和脾脏中,IL-12 p35 基因的表达由多聚次黄苷酸-胞苷酸(Poly I:C)诱导,而不是由脂多糖(LPS)诱导,但是 IL-12 p40 基因的表达由 Poly I:C 和 LPS 共同诱导。这些研究结果表明,IL-12 p35 mRNA 的合成,会调节机体的 IL-12 水平,同时发现 IL-12 可能参与对病毒的防御。该项研究是确定非哺乳动物类脊椎动物的 IL-12 亚基基因和基因特征的第一次报告。

Zou 等^[18]对红鳍东方鲀白细胞介素 10 的同源基因进行了特征描述、表达和启动子分析。Steve 等^[19]对红鳍东方鲀白细胞介素 6 的同源基因进行了表征和表达分析。Hiroki 等^[20]对红鳍东方鲀 7 个 IL-17 家族的基因进行了分离。

3.4.2 主要组织相容性复合体(MHC)序列克隆和分析

主要组织相容性复合体(Major Histocompatibility Complex, MHC)^[21]是由紧密连锁的高度多态的基因位点所组成的染色体上的一个遗传区域。MHC 基因编码细胞表面糖蛋白能结合和呈递内源抗原和外源抗原给 T 细胞受体。MHC 广泛地参与免疫应答的调节和控制,激发机体特异性免疫反应,在动物机体的免疫系统中发挥着极其重要的作用,并与许多疾病的抗性、易感性以及生产性能有密切的关系,对抗某些疾病起着重要的作用。MHC I 类分子分布在所有细胞核的表面,主要负责内源性抗原的加工和呈递,把多肽传递给 CD8⁺,激活毒性 T 细胞。

Brenner^[22]指出,红鳍东方鲀基因组结构非常紧凑,大约是其他哺乳动物的 1/7 到 1/8,但是大体上包含的基因数量相近,因此在脊椎动物基因研究上是一种很好的模式生物。红鳍东方鲀简洁的基因组使得复杂图谱的制作成为可能,并且也有助于在图谱上发现新的基因。Klein^[23]等根据系统命名法,针对不同种命名各自的 MHC 分子将河鲀的 MHC I 型分子克隆称为 MHC Furu。Marcos 等^[24]克隆出了约 600bp 的 MHC I 类分子的同源序列,方法大致为:首先提取红鳍东方鲀肾脏的 mRNA,合成 cDNA,进行

RACE 扩增和 RT-PCR 扩增,然后对产物进行纯化、克隆及测序分析。选取 4 个阳性克隆,测序。结果显示, Furu-I1、Furu-I2、Furu-I3、Furu-I4 序列的大小分别为 1712、1677、1673、1399bp,相应的编码区大小为 1107、1098、1011、864bp。所有的克隆都不完全一样,但是相似度极高,达到 93%~96%,氨基酸序列与其他哺乳动物的相似度也极高,说明存在高度多态性,这对 MHC I 类分子功能的研究有很大作用。基于红鳍东方鲀 MHC I 类分子 $\alpha 3$ 结构域构建的亲缘关系树表明,红鳍东方鲀在分类学上独立为一支。尽管 Furu-I1 和 Furu-I2 在同一个分支上,但是许多重要的区别还在其他保守区域中,推测它们也许是由两个不同的位点进行表达。4 个克隆的差异性(尽管很相似)表明,河鲀鱼在这个基因上存在多个、紧密关联的位点。总之,红鳍东方鲀具有大量的 MHC I 型基因,并且一部分在肾脏中表达,之前 Elaine 等^[25]对 MHC II 型 β 样序列进行了分析,表明在这种鱼中有着的一套抗原反应机制。对于这种基因的数量、多态性以及免疫学和进化上的问题还有待进一步研究。

3.4.3 线粒体基因的克隆及序列分析

邵爱华等^[26]利用提取纯化的暗纹东方鲀肝脏的 mtDNA 为模板,按红鳍东方鲀 mtDNA 序列设计合成特异引物进行 PCR 扩增,首次克隆并测定了暗纹东方鲀 mtDNA 的 ND1 亚基及其侧翼的 tRNA 基因。运用 DNA 分析软件,对暗纹东方鲀与 GenBank 中选取的几种同目的鱼类的相应序列进行比较分析,表明暗纹东方鲀与这些鱼类的各个相应基因具有较高的同源性。利用分子生物学相关软件,对暗纹东方鲀及其同目的 6 种鱼的 ND1 基因序列建立 NJ 和 MP 分子进化树,与传统的分类地位进行比较,结果表明与传统的分类地位基本吻合。利用红鳍东方鲀的 mtDNA 已知序列,合成引物来探讨暗纹东方鲀 mtDNA 基因的分子特征、种群结构,为后续研究可以提供参考。

张玉波^[27]通过联合多种东方鲀属鱼类的细胞色素 b 和 12S rRNA 基因序列研究了东方鲀属鱼类的系统发育关系。采用邻接法、最大简约法、最大似然法和 Bayesian 方法构建分子系统树,结果表明本属各鱼类物种的遗传距离比较接近,显示其物种间分化时间较短。

线粒体控制区 D-Loop 的序列变异速率较快,它是在亲缘关系较近的类群间系统发育关系研究中广

泛使用的,主要分子标记之一^[28]。张玉波^[29]利用东方鲀属鱼类的D-Loop基因序列对东方鲀属鱼类的系统发育关系进行研究,结果得出东方鲀属鱼类系一单系类群。

3.4.4 GH(生长激素)基因克隆及分析

严美姣等^[30]对两种东方鲀GH(生长激素)基因单核苷酸多态性进行了分析。主要是根据红鳍东方鲀生长激素基因全序列,设计引物,结合单链构象多态性技术和克隆技术对野生群体和养殖群体进行遗传多样性分析。这些多态性的存在为从分子水平上对东方鲀的鉴定提供了一定的依据。群体遗传结构分析结果表明,养殖群体的一些等位基因丧失造成遗传多样性显著下降,所以人们应当尽早加强对其种质的保护,以免丧失宝贵的资源。

黄军等^[31]以暗纹东方鲀肌肉、尾鳍为样品,提取基因组DNA,运用巢式PCR成功扩增了暗纹东方鲀生长激素基因Exon4(外显子4),还克隆出了Intron2(内含子2),并进行了多态性分析^[32]。

另外,黄军等^[33]也对东方鲀生长激素基因3'-UTR多态性进行了分析,同时,构建了东方鲀生长激素基因进化树,对遗传多样性进行了研究^[34]。

3.4.5 其他基因相关研究

巨噬细胞游走因子(MIF)是在有丝分裂素或抗原刺激后由单个核细胞分泌的细胞因子,能抑制活化巨噬细胞游走,促进巨噬细胞在炎症局部浸润、增生、活化,促进巨噬细胞释放多种炎症因子^[35]。金红建等^[36]采用生物信息学技术,成功地在红鳍东方鲀基因组中鉴定了MIF基因,为今后利用基因组信息资源和生物信息学快速克隆新的鱼类功能基因打下方法学基础,为进一步研究MIF基因功能提供了重要线索。

Wang等^[37]从5个不同的组织/器官的cDNA文库中选取11348个EST序列,其中的1097个序列被检测。结果表明,5个不同组织/器官的EST-SSRs标记存在差异。所有组织/器官中,三碱基重复类型最多,占67.74%,其中GCG重复类型在以下3个组织/器官中最多,即皮肤中80.2%,肠中83.3%,鳍中90.2%。二碱基重复类型数量仅次于三碱基重复类型数量,为13.58%,接着是四碱基重复类型,为12.38%,然后是六碱基重复类型,为5.34%,最后是五碱基重复类型。另外,最近研究表明,EST-SSRs序列在不同的组织/器官中的分布不是随机的,例如,三碱基重复在鳍中特别多,然后是皮肤和肠,四碱

基重复在肌肉中特别多,六碱基重复在任何器官/组织中的含量都很少。

4 前景与展望

4.1 养殖方面

为有效解决国内对河鲀鱼食用和减少河鲀鱼出口经济损失的影响,作为大连地区出口创汇的优势品种,河鲀鱼2009年受国际贸易寒流所困,年出口量缩减50%以上,商品鱼价格(人民币)也从16万元/t下降到6万元/t^[38]。中国大连水产品流通大会上,有企业呼吁适当放松“河鲀鱼禁食令”,并表示国内庞大的消费市场已经令河鲀鱼产业步入临界点。多年来中国禁止河鲀鱼在国内市场销售,而河鲀鱼在日本和韩国倍受欢迎。受日韩市场需求的影响,中国国内河鲀养殖业只能“看外国人的眼色”,从长远角度看,国家正确引导监督,建立健全各项政策法规,可以使河鲀鱼养殖、销售、加工等一系列产业健康发展。

4.2 遗传育种方面

东方鲀属鱼种是一类经济价值较高的水产品,并且在国内已有相当大的养殖规模,建议国家对东方鲀属主要经济种、特别是红鳍东方鲀和暗纹东方鲀等在国内最具食用价值的鱼种开展有计划的遗传育种有计划的长期支持,开展选择育种培育高产优质具有重要应用前景的红鳍东方鲀和暗纹东方鲀新品种,并开展低毒养殖技术研究及示范,以促进河鲀养殖产业的健康发展。在分子辅助育种技术研究方面,期望用QTL解析连锁图谱明确各种影响性状的基因在染色体上的位置,进而对品种进行改良;期望分子标记能用于辅助育种;期望克隆出更多更有意义的与重要性状相关的序列,例如与生长速率、抗性等相关的重要基因,并进行鉴定和表达等。

参考文献:

- [1] 李小川,林美娇.河豚鱼加工及利用[M].北京:中国农业出版社,1998.
- [2] 雷霖霖.海水鱼类养殖理论与技术[M].北京:中国农业出版社,2005.
- [3] 阳清发.河豚养殖与利用[M].北京:金盾出版社,2002.1-13.
- [4] 陈超,于宏,孙曙光,等.红鳍东方鲀的纯种引进[EB/OL].http://www.cafs.ac.cn/new.asp?Resname=CAFS_ResearchAchievement&order=67,2004-08-14.
- [5] 古川聪史.红鳍东方鲀与高生长性状有关的遗传学

- 及分子生物学的研究[D]. 日本: 东京大学学院农学生命科学研究科, 2009: 15-18.
- [6] 尹邵武, 黄海, 雷从改, 等. DNA 分子标记技术在海水鱼类遗传育种中的应用与展望[J]. 海南大学学报(自然科学版), 2007, 25(2): 194-197.
- [7] 陈超, 石拓, 孙曙光, 等. 应用 RAPD 标记对东方鲀属进行种类鉴别及其聚类分析[J]. 海洋水产研究, 2001, 22(3): 32-36.
- [8] 崔建洲, 申雪艳, 杨官品, 等. 红鳍东方鲀基因组微卫星特征分析[J]. 中国海洋大学学报, 2006, 36(2): 249-254.
- [9] 崔建洲, 申雪艳, 杨官品, 等. 红鳍东方鲀与假睛东方鲀微卫星 DNA 多态性分析[J]. 高技术通讯, 2005, 15(12): 1-7.
- [10] 郝君, 孙效文, 孟雪松. 红鳍东方鲀微卫星 DNA 多态性初步分析[J]. 上海水产大学学报, 2006, 15(1): 21-24.
- [11] 郝君, 孙效文, 孟雪松, 等. 红鳍东方鲀 BAC 数据库和 ESTs 数据库中微卫星的筛选与应用[J]. 大连水产学院学报, 2007, 22(2): 97-101.
- [12] 钟建兴, 钟然, 杨盛昌. 菊黄东方鲀和双斑东方鲀及其种间杂交子代的 ISSR 分析[J]. 台湾海峡, 2008, 27(2): 152-155.
- [13] 池田大介, 渡步终五. 红鳍东方鲀基因组组成分析[J]. 蛋白质、核酸及酶, 2004, 49: 2235-2241.
- [14] 王建平, 陈己刚. 红鳍东方鲀 IL-2 基因克隆及序列分析[J]. 上海水产大学学报, 2008, 17(4): 497-500.
- [15] 董伟仁, 邵健忠, 项黎新. 河豚白介素 2 基因鉴定及其生物学分析[J]. 浙江大学学报, 2006, 33(6): 688-694.
- [16] Steve B, ZOU J, Tomoya K. Characterisation and expression analysis of interleukin2(IL-2) and IL-21 homologues in the Japanese pufferfish, *Fugu rubripes*, following their discovery by synteny [J]. Immunogenetics, 2005, 56: 909- 923.
- [17] Yasutoshi Y, Ikunari K. Identification and characterization of *Fugu* orthologues of mammalian interleukin-12 subunits[J]. Immunogenetics, 2003, 55: 296-306.
- [18] Zou J, Melody S C, Chris J S. Characterisation expression and promoter analysis of an interleukin 10 homologue in the pufferfish, *Fugu rubripes*[J]. Immunogenetics, 2003, 55: 325-335.
- [19] Steve B, Zou J. Characterisation and expression analysis of an interleukin 6 homologue in the Japanese pufferfish, *Fugu rubripes*[J]. Developmental and Comparative Immunology, 2005, 29: 775-789.
- [20] Hiroki K, Tomoya K, Masahiro S. Isolation of seven IL-17 family genes from the Japanese pufferfish *Takifugu rubripes*[J]. Fish & Shellfish Immunology, 2010, 28: 809-818.
- [21] 李春梅, 张全启, 齐洁, 等. 鱼类 MHC 基因的研究概况[J]. Transactions of Oceanology and Limnology, 2009, 4: 39-44.
- [22] Brenner S, Elgar G, Sandford R, et al. Characterization of the pufferfish (*Fugu*) genome as a compact model vertebrate genome[J]. Nature, 1993, 366: 265 -268.
- [23] Klein J, Bontrop R E, Dawkins R L, et al. Nomenclature for the major histocompatibility complexes of different species: a proposal[J]. Immunogenetics, 1990, 31: 217-219.
- [24] Marcos T, Greg E, Sonoko H K O, et al. Molecular cloning of major histocompatibility complex class I cDNAs from the puffer fish *Fugu rubripes*[J]. Immunogenetics, 1998, 47: 170-173.
- [25] Elaine H, Lim S B. Sequence analysis of MHC class II β -like fragments in the pufferfish *Fugu rubripes*[J]. Immunogenetics, 1995, 42: 432-433.
- [26] 邵爱华, 薛峰, 陈葵, 等. 暗纹东方鲀线粒体 ND1 及其侧翼 tRNA 基因的克隆及序列分析[J]. 苏州科技学院学报, 2007, 24(4): 61-65.
- [27] 张玉波, 何舜平. 细胞色素 b 和 12SrRNA 基因序列变异与东方鲀属鱼类系统发育[J]. 科学通报, 2007, 52(11): 2 507-2 515.
- [28] 赵凯, 杨公社, 李俊兵, 等. 黄河裸裂尻鱼群体遗传结构和 *Cyt b* 序列变异.[J]. 水生生物学报, 2006, 30(2): 129-133.
- [29] 张玉波, 甘小妮, 何舜平. 线粒体 D-loop 序列变异与东方鲀属鱼类系统发育[J]. 水生生物学报, 2009, 33(4): 656-661.
- [30] 严美姣, 吴旭, 黄军. 两种东方鲀的 GH 基因单核苷酸多态性分析[J]. 水利渔业, 2008, 28(1): 38-42.
- [31] 黄军, 陈国宏, 许盛海, 等. 暗纹东方鲀基因组 DNA 提取及生长激素基因 Exon4 扩增[J]. 水利渔业, 2007, 27(3): 21-23.
- [32] 黄军, 陈国宏, 严美姣, 等. 东方鲀生长激素基因内含子 2 的克隆与多态性分析[J]. 遗传, 2007, 29(11): 1378-1384.
- [33] 黄军, 严美姣, 程金花, 等. 东方鲀生长激素基因 3'-UTR 多态性分析[J]. 生物技术, 2006, 16(5): 9-13.
- [34] 黄军, 陈国宏, 严美姣, 等. 东方鲀生长激素基因进化树构建及其遗传多样性研究[D]. 扬州: 扬州大学, 2007.
- [35] 侯桂华, 于敏, 李璐娜. 小鼠 MIF 在大肠杆菌中的表达及纯化[J]. 山东大学学报, 2003, 41(5): 469-471.
- [36] 金红建, 邵健忠, 项黎新. 红鳍东方鲀 MIF 基因的鉴定及生物信息学分析[J]. 水生生物学报, 2007, 31(1): 135-138.
- [37] Wang J Q, Lin H. Unigene derived SSR analysis for the *Fugu rubripes* and insights into the characteristics of EST-SSR distribution in tissues/organs[J]. Higher Education Press and Springer-Verlag Berlin Heidelberg, 2010, 4(1): 121-127.
- [38] 第一食品网. 出口受阻, 企业呼吁放松国内“河豚禁食令”. [EB/OL]. <http://www.foods1.com/content/782240/>, 2009-6-13.

(本文编辑: 谭雪静)