

## 《海洋与湖沼》2011年第1期论文导读

莱州湾口弱层结水体中沉积物再悬浮特征及其水平、沉降通量研究

利用 ADCP 回声强度反演得到了高分辨率的悬浮物时空分布,在详细分析潮流、波浪以及密度层结变化的基础上,指出以上诸因素是影响沉积物再悬浮的主要机制。潮流和波浪联合作用于底床使沉积物起动进入水体,而层结强度与位置的变化则是起动的沉积物能否有效再悬浮(进入水体中、上层)的调控机制。在波浪和层结的影响下,涨潮时更多沉积物再悬浮进入水体,使得一个半日潮周期内出现指向湾内的悬浮物水平净通量。由于密度层结抑制水体湍流扩散强度,阻碍层结界面处物质交换,导致悬浮物浓度垂向梯度增大,进而增大悬浮物沉降通量。

风暴潮数值模拟中风应力拖曳系数的伴随法反演研究

借助伴随同化方法,利用实测水位资料,对空间分布的风应力拖曳系数做了反演研究。同化实验结果表明,采用空间分布的风应力拖曳系数得到的模拟结果,明显优于将风应力拖曳系数取为常数和依照经验公式计算风应力拖曳系数时的模拟结果。对反演得到的风应力拖曳系数的初步分析表明,风应力拖曳系数与风速的关系不明确,无法得出确定的结论。

基于 3S 的荣成湾沿岸土地覆被变化及驱动力研究

运用 3S 技术对最近 40 年来荣成湾沿岸土地覆被动态变化及驱动力进行研究。该区海岸湿地土地覆被总面积和陆域土地覆被总面积变化不大,但其各自类型结构和分布均发生了显著调整,而且二者变化在时间上不同步。研究结果显示,最近 40 年来荣成湾沿岸陆域土地覆被变化与同期海岸湿地土地覆被变化关系不显著。

海洋微型底栖生物调查方法与操作规程

提出海洋微型底栖生物调查的关键技术和规程,包括采样和固定、底栖微藻和细菌调查技术以及底栖原生动植物调查技术,所涉方法与规程是海洋微型底栖生物调查行业标准的核心内容。本方法与规程适用于潮间带、浅海和深海等不同生境的海洋微型底栖生物调查以及利用微型底栖生物进行环境监测与评价。

长江口近海春季鱼类群落结构的多样性研究

根据 2007 年 5 月、2008 年 5 月和 6 月在长江口近海春季的底拖网调查资料,对该海域鱼类的种类组成、资源量变化、群落结构多样性及优势种类长度谱进行了分析。

带鱼(*Trichiurus haumela*)占据绝对优势,其渔获量均占总渔获量的 50% 以上,其他优势种类,除小黄鱼(*Pseudosciaena polyactis*)、刺鲳(*Psenopsis anomala*)、银鲳(*Pampus argenteus*)外,均为小型非经济种类。

人工养殖曼氏无针乌贼繁殖生物学特性研究

采用常规生物学方法和统计回归分析,研究了养殖曼氏无针乌贼(*Sepiella maindroni*)卵巢成熟系数的变化规律和个体生殖力与其主要形态指标之间的相互关系。乌贼春苗 100 日龄时卵巢成熟系数达到最高,秋苗 140 日龄时卵巢成熟系数达到最高。胴长是影响曼氏无针乌贼怀卵量的最重要指标。

刺参高温胁迫消减 cDNA 文库的构建与分析

以高温实验组为检测组(*tester*)、常温对照组为驱动组(*driver*),进行正向抑制性消减杂交;以常温组为 *tester*、高温组为 *driver*,进行反向消减杂交,成功构建了刺参(*Apostichopus japonicus*)正反双向差异消减文库。44 个克隆与已知基因序列高度同源,主要包括 3 个上调表达基因和 2 个下调表达基因;另外 5 个克隆为未知新基因序列。

半滑舌鳎血浆性类固醇激素表达与卵巢发育及温光调控的关系研究

采用放射免疫法等研究了人工养殖半滑舌鳎(*Cynoglossus semilaevis*)亲鱼卵巢的年周期发育中血浆中性类固醇激素的表达规律与性腺发育及温度和光周期调控的关系。半滑舌鳎属于非同步分批产卵类型,卵巢发育依据卵母细胞形态和组成划分为 5 期。性腺指数、肥满度、肝脏指数随性腺的年周期发育而呈现规律性变化。 $E_2$  表达水平与肝脏指数变化呈显著正相关关系。

整体原位杂交法研究斑马鱼胚胎发育过程中胸苷酸合成酶(TS)的表达

收集不同发育时期的斑马鱼(*Danio rerio*)胚胎,制备 DIG 标记的 TS 反义 RNA 探针,采用整体原位杂交方法研究 TS 基因在斑马鱼胚胎发育各期的时空表达状况。在所取样的各个阶段,TS 基因均有转录,但其部位不同,中囊胚过渡前后 mRNA 显现的部位仅存在于受精卵的动物极。

日本鳧微卫星位点的分离及遗传多样性分析

采用磁珠富集法,以生物素标记的(CA)<sub>12</sub>寡核苷酸为探针,构建了日本鳧(*Charybdis japonica*)基因组微卫星富集文库。9 个微卫星位点的等位基因数为 12~25;观察

杂合度和期望杂合度分别为 0.5806~0.9032 和 0.8383~0.9449; 9 个微卫星位点的 PIC 值为 0.8092~0.9259。筛选的 9 个微卫星位点可作为日本鳎遗传多样性、种群遗传结构等研究的理想分子标记。

#### 可口革囊星虫胚胎及幼虫发育研究

采用人工授精的方法获得受精卵, 在人工培育条件下观察了可口革囊星虫(*Phascolosoma esculenta*)胚胎及幼虫发育过程及其盐度和 pH 对胚胎发育的影响。可口革囊星虫胚胎及幼虫发育过程为受精卵 卵裂 囊胚 原肠胚 担轮幼虫 海球幼虫 稚虫。其幼虫发生模式属间接发生类型。

#### 生态因子对萱藻孢子体生长发育的影响

采用实验生态学方法, 研究了温度、光照、营养盐(N、P)对萱藻(*Scytosiphon lomentaria*)孢子体生长发育的影响。在 5~23 范围内, 温度越高, 越有利于萱藻孢子体的生长。9~17 是比较利于孢子囊产生的温度范围, 萱藻丝状体生长的最适 N、P 元素质量浓度分别为 40、8 mg/L。

#### 日本鳎对日本沼虾的捕食效应

采用捕食者-猎物间捕食效应研究方法, 研究了日本鳎(*Anguilla japonica*)对 3 种体长规格日本沼虾(*Macrobrachium nipponense*)的捕食效应。日本鳎对日本沼虾的捕食选择性仅表露于同一实验容器单元内日本沼虾体长规格组成差异较为悬殊的组别中; 日本鳎捕食日本沼虾的功能反应属 Holling- 型, 日本沼虾总体被捕食情形与各实验体长规格间无显著差异。

#### 半滑舌鲷群体遗传结构的研究

采用聚丙烯酰胺凝胶电泳技术对半滑舌鲷野生和养殖 4 个群体的遗传结构进行了比较研究。半滑舌鲷养殖群体遗传变异水平低于野生群体, 两个野生群体的多态位点百分数、观察杂合度、期望杂合度、平均有效等位基因数的平均值(分别为 21.275%、0.1177%、0.0854%和 1.1499%)分别高于两个养殖群体的平均值(分别为 18.75%、0.1156%、0.0741%和 1.1355%)。

#### 泥蚶精氨酸激酶的基因克隆与表达

利用 PCR 扩增技术, 从泥蚶(*Tegillarca granosa*)的 cDNA 文库中克隆出了精氨酸激酶基因, 并进行了原核表达。泥蚶的精氨酸激酶全长 1601bp, 包括 5'非翻译区(5'-UTR)序列 332bp, 3'非翻译区(3'-UTR)序列 246bp、1023bp 的开放阅读框序列(ORF), 编码 340 个氨基酸, 具有精氨酸激酶典型的酶活性部位氨基酸序列(CPTNLGT)。

#### 舟山渔场及邻近海域头足类种类组成和数量分布

根据 2006 年、2007 年 4 个季节在舟山渔场及邻近海域开展海洋生态系统综合调查所获得的头足类(Cephalopod)资料, 用渔获率作为头足类分布的数量指标, 分析了该海域的头足类种类组成、数量分布以及季节变化趋势。该海域头足类群落结构发生了很大的变化, 以往的优势种类日本无针乌贼已严重衰退, 从优势种类更替为浅海小型种类。

#### 南海海区鲮鱼 CO I 基因序列的遗传多样性分析

利用线粒体细胞色素 c 氧化酶 亚基(CO I)序列研究了南海海区鲮鱼(*Mugil cephalus*)群体的遗传多样性水平和遗传结构。通过 PCR 扩增与序列测定获得了长度为 621bp 的基因片段。在 35 个样品中共发现 47 处碱基变异, 35 条 CO I 序列共定义了 25 个单倍型, 存在 47 个多态性位点, 产生 49 个突变。南海海区鲮鱼种群具有较高的遗传多样性水平。

#### 邻苯二甲酸二乙酯(DEP)在罗非鱼体内代谢动力学和残留研究

采用反相高效液相色谱-紫外检测法, 测定了罗非鱼(*Oreochromis niloticus* × *O. aureus*)血浆、皮肤、肌肉、心肌和大脑中邻苯二甲酸二乙酯(DEP)含量, 并研究了 DEP 在罗非鱼体内代谢动力学和残留特征。罗非鱼灌服 DEP 后体内吸收较快, 吸收半衰期为 0.12 h, 分布半衰期为 0.27 h, 消除半衰期为 28.09 h。消除相对较缓慢。

#### 曼氏无针乌贼血蓝蛋白酚氧化酶样活性研究和相关功能单元片段的克隆

采用分光光度法对曼氏无针乌贼血蓝蛋白及相关功能单元(FUs)的酚氧化酶活性进行研究, 并获得该功能单元的序列信息。乌贼血蓝蛋白能氧化左旋多巴和邻苯二酚而不能氧化酪氨酸单酚, 说明该血蓝蛋白可能具有酚氧化酶活性, 并属于儿茶酚酶类; 曼氏无针乌贼血蓝蛋白酶解片段 FUg 的酶活特性显著区别于其他功能单元。

#### 使用反应器培养钝顶螺旋藻过程中细菌群落的组成变化

应用 PCR-DGGE 技术分析钝顶螺旋藻(*Spirulina plarensis*)培养过程中细菌种类组成, 发现在不同时期细菌群落组成变化明显。通过 DGGE 图谱中 18 条特征条带的克隆、测序及系统进化分析, 有 8 条序列与 变形菌纲序列相似, 3 条与拟杆菌纲序列相似, 2 条与 变形菌纲序列相似。 变形菌纲与拟杆菌纲的细菌为整个培养过程中的优势类群。

(文/《海洋与湖沼》; 编辑/谭雪静)