

《海洋与湖沼》2010年第1期论文导读

节织纹螺(*Nassarius hepaticus*)贝壳差异的 CO I 基因分析

挑选五种节织纹螺典型贝壳形态, 每种形态各5个个体, 研究了节织纹螺五种典型贝壳形态 CO I 基因序列及其分子系统发育。结果表明, 节织纹螺5种贝壳类型的齿舌形态基本一致, 但个体间齿列数和中央齿上缘小齿数有差异。以 CO I 基因序列计算的遗传距离和构建的系统发育树证实5种贝壳形态的25个个体同属于节织纹螺。

养殖黄颡鱼(*Pelteobagrus fulvidraco*)鮰爱德华氏菌(*Edwardsiella ictaluri*)的分离鉴定与生物学特性研究

从四川眉山与新津两地患红头病的养殖黄颡鱼体内分离到2株优势菌(CHNYC001与CHNYC002), 以腹腔注射与浸泡的方式进行人工感染试验, 证实其为养殖黄颡鱼红头病的病原菌。根据分离菌株的形态、生理生化特性, 结合16S rDNA序列测定(GenBank登录号分别为FJ766524、FJ766525)与系统发育分析, 将其鉴定为鮰爱德华氏菌(*Edwardsiella ictaluri*)。临床病理特征分析发现, 养殖黄颡鱼感染鮰爱德华氏菌临床上分为急性与慢性两种类型, 急性型主要表现为败血症的病变特征, 慢性型表现为头顶出血, 发红与溃疡的病变特征。

维生素 E 和硒互作对凡纳滨对虾(*Litopenaeus vannamei*)抗氧化系统的调节作用

采用二因素三水平设计试验, 用添加不同水平配比的VE和Se(mg/kg)的饵料投喂凡纳滨对虾, 研究VE和Se对体长3cm左右凡纳滨对虾体液抗氧化系统的影响。研究结果提示: 添加适量的VE和Se能显著提高对虾抗氧化能力, VE和Se对抗氧化系统具有随时间变化的动态调节作用, VE和Se之间存在交互作用。当在基础饵料中分别添加VE和Se在400mg/kg、0.4mg/kg时, 凡纳滨对虾机体抗氧化能力整体达到平衡, 能有效抵制氧自由基的损伤。

酪蛋白小肽和氨基酸对草鱼(*Ctenopharyngodon idella*)血液循环和组织蛋白质合成的影响

采用草鱼前肠灌注和³H-Tyr同位素标记方法, 进行酪蛋白小肽和氨基酸对草鱼血液循环和组织蛋白质合成的影响研究。结果表明, 草鱼血浆中总肽量和某些肽段肽量分别与草鱼肠道、肝脏和背肌组织蛋白质合成率有明显的正相关。肠道对酪蛋白小肽的迅速吸收和进入血液循

环中的某些小肽可能是促进草鱼组织蛋白合成的重要因素。

镉胁迫对大弹涂鱼(*Boleophthalmus pectinirostris*)血细胞遗传损伤的研究

应用单细胞凝胶电泳技术并结合外周血基因组DNA琼脂糖凝胶电泳, 研究了镉胁迫对大弹涂鱼外周血细胞的遗传损伤。结果表明: 镉对大弹涂鱼外周血细胞是遗传毒性而非细胞毒性, 并且产生的遗传损伤存在显著的剂量效应。DNA的损伤程度和污染胁迫之间存在着时间效应。DNA损伤可作为大弹涂鱼受镉胁迫时的生物指标。

萨罗罗非鱼(*Sarotherodon melanotheron*)与其它5种罗非鱼遗传多样性比较研究

根据已知罗非鱼相关基因序列设计了5对微卫星引物, 对萨罗罗非鱼、尼罗罗非鱼、以色列红罗非鱼、台湾红罗非鱼、奥地利罗非鱼和齐氏罗非鱼6种罗非鱼进行遗传多样性分析, 结果表明: 6种罗非鱼在5个微卫星座位上共发现22个等位基因和49种基因型, 萨罗罗非鱼、台湾红罗非鱼及齐氏罗非鱼的等位基因数和基因型数较少; 与另外5种罗非鱼相比, 萨罗罗非鱼的有效等位基因数(N_e)、平均杂合度期望值(H_e)和多态信息含量值(PI_C)都较低; 6种罗非鱼明显分为2支, 萨罗罗非鱼单独为一支, 另外5种罗非鱼聚为一支; 萨罗罗非鱼保种的主要问题是要特别防止近亲繁殖。

瓦氏黄颡鱼(*Pelteobagrus vachelli*)卵黄蛋白原的纯化、性质鉴定及ELISA检测方法的建立

腹腔注射 17β -雌二醇(E_2), 使瓦氏黄颡鱼雄鱼在7天内产生卵黄蛋白原(Vtg)。采用凝胶过滤和离子交换两种层析技术, 从 E_2 诱导的雄性瓦氏黄颡鱼血浆中分离、纯化出Vtg, 采用糖、磷、脂蛋白染色技术证明分离、纯化的蛋白为Vtg, 该Vtg在非变性条件下分子量约为240kDa, 在SDS变性条件下分子量约为143kDa。

体重和温度对华贵栉孔扇贝(*Chlamys nobilis*)耗氧率和排氨率的影响

采用室内实验生态学方法对华贵栉孔扇贝的耗氧率和排氨率进行了研究, 为华贵栉孔扇贝养殖容量的调查及生态生理的研究提供参考, 并可为海洋生态系统动力学和贝类能量学研究提供科学依据。结果表明, 在实验温度(13~33℃)范围内, 华贵栉孔扇贝的耗氧率(OR)和排氨率

(NR)与体重(W)都呈负相关。排氮率随温度的升高则呈持续升高趋势。方差分析表明, 体重、温度及二者的交互作用对华贵栉孔扇贝的耗氧率和排氮率均有极显著的影响($P < 0.01$)。华贵栉孔扇贝的日常代谢明显高于标准代谢, 耗氧率和排氮率平均值分别提高 29.9% 和 69.4%。

极地寡营养细菌(*Alteromonas stellipolaris* sp. nov.) 色素的提取及其理化性质的研究

以分离自南极海洋的寡营养细菌所产的褐色素为试验材料, 进行了该色素的提取和稳定性分析。结果表明, 色素粗品至少含有 3 种以上不同的褐色素, 该褐色素易溶于水 and 甲醇; 寡营养细菌褐色素在稳定性上呈现出一定优势, 具有作为一种天然色素资源的开发和应用价值。

我国东南沿海 5 个波纹巴非蛤(*Paphia undulata*) 地理群体的形态差异分析

采用聚类分析、主成分分析和判别分析 3 种分析方法, 对我国东南沿海 5 个野生波纹巴非蛤群体 10 个形态性状进行比较研究。结果表明, 广东东莞与福建厦门群体、广东湛江与海南海口群体的形态最为接近, 广西北海群体的趋异程度最大。Mantel 检验结果表明欧氏距离与地理直线距离无明显相关性($r = 0.0822, P = 0.3820$)。广西北海群体比较明显地与其它 4 个地方分开, 可能已生成一个新的亚种。

智利外海茎柔鱼(*Dosidicus gigas*)耳石外部形态特征分析

根据 2008 年 1~5 月智利外海茎柔鱼资源调查中随机采集的 663 尾样本(雌性 464 尾, 雄性 199 尾), 对其耳石形态特征进行观察与测量。观测表明, 茎柔鱼耳石具有长窄的吻区和宽大的翼区。对耳石 9 项形态参数进行主成分分析, 结果显示, 耳石总长(TSL)、吻侧区长(RLL)、翼区长(WL)可以作为耳石长度特征的代表, 最大宽度(MW)则可代表耳石宽度特征。

梅氏新贝尼登虫(*Neobenedenia melleni*)卵铁蛋白的 cDNA 克隆、原核表达及抗血清制备

从 cDNA 文库中获得了梅氏新贝尼登虫卵铁蛋白(NmYF)的编码序列。序列比较表明, NmYF 与卫氏并殖吸虫卵铁蛋白最相似, 氨基酸序列同源性为 23.7%。系统进化树分析表明, NmYF、卫氏并殖吸虫卵铁蛋白和鳞头槽绦虫卵铁蛋白形成了一个小的进化簇, 而体铁蛋白序列形成了一个大的进化簇, 揭示了卵铁蛋白和体铁蛋白间的差异以及进化上的相关性。构建了插入有全长 NmYF 基因开放

阅读框序列的原核表达质粒 pET-22b-NmYF, 转化大肠杆菌 BL21 pLys E 菌株, 经 IPTG 诱导表达后, SDS-PAGE 检测表明预期大小的目的蛋白大量表达。

缢蛏(*Sinonovacula constricta*)cDNA 文库的构建及肌动蛋白基因的研究

采用 SMART 技术构建缢蛏 cDNA 基因文库。并对 cDNA 文库的滴度、重组率和插入片段的大小进行了检测。结果表明, 该 cDNA 文库的滴度为 5.50×10^4 cfu/mL, 重组率为 92.5%, 插入片段的长度大多在 1kb 以上。得到肌动蛋白(actin)cDNA 的全长 1538bp, 开放阅读框(ORF)为 1131bp, 编码 376 个氨基酸, 其预测蛋白的分子量为 41.78kD, 等电点为 5.30。该氨基酸序列与其它物种的同源性大都在 90% 以上。

黑龙江黑河段水域藻类植物群落结构及其环境相关性的初步分析

在黑龙江黑河段水域设置了 6 个采集点, 同时进行藻类植物调查, 经鉴定共发现藻类植物 146 个分类单位, 包括 110 种 31 变种 5 变型, 分别隶属于 5 门 7 纲 15 目 31 科 57 属。对藻类植物的种类组成、优势度变化及其环境相关性进行了初步分析, 结果表明, 黑龙江黑河江段藻类植物的群落组成表现出种类多样性丰富, 群落结构复杂的特征; 藻类植物的个体丰度变化受水温变化的影响显著, 其分布也呈现明显的季节变化趋势。从优势种群看, 黑龙江黑河段水域的藻类植物主要为贫至中营养型水体的指示种类, 说明黑龙江黑河江段整体水域环境目前无显著污染, 处于贫至中营养状态。

刺参(*Apostichopus japonicus*)EST 序列中微卫星分布分析及其标记的筛选

利用微卫星查找软件对现已公布的 6632 条刺参 ESTs 的数据库中 2~6 个碱基重复单元组成的简单序列重复进行筛选, 进而对其微卫星的丰度和分布进行比较研究。共发现微卫星序列 416 个, 占整个 ESTs 数据库的 6.48%; 其中含双碱基重复序列 146 个, 数量最多, 占 ESTs 数据库中发现微卫星序列总数的 65.86%。对含有 SSR 位点符合微卫星引物设计的 EST 序列利用 Primer 软件结合人工方法设计合成引物 21 对, 其中 13 对有扩增产物且均为多态位点。

马氏珠母贝(*Pinctada martensii*)2 个地理群体杂交子代的杂种优势和遗传变异

采用马氏珠母贝的印度群体(II_0)和三亚群体(SS_0)的 2×2 双列式杂交获得了 4 组子代, 分析表明, 杂交组子代

IS₁ 和 SI₁ 在壳高、壳长、绞合线长、壳宽、壳重上都表现出杂种优势; IS₁ 在壳宽指数上表现出杂种优势, 而在总重和壳重指数上未表现杂种优势; SI₁ 在总重和壳宽指数上表现出杂种优势, 而在壳重指数上未表现杂种优势; SI₁ 在壳高、壳长、绞合线长和壳重上的杂种优势较 IS₁ 高, 差异极显著($P < 0.01$), 而 IS₁ 在壳宽上的杂种优势较 SI₁ 高, 差异极显著($P < 0.01$)。综合考虑杂种优势与遗传变异的结果, 确定三亚野生群体 × 印度养殖群体 杂交组合作为“珍珠贝育种规划 POBs”的主要育种方式。

曼氏无针乌贼(*Sepiella maindroni*)繁殖习性及其产卵场修复的研究

采用对比分析方法, 观察了曼氏无针乌贼的繁殖习性, 比较了不同产卵附着物的附卵效果, 选择典型产卵场(中街山列岛海区)进行附着物的调查。结果表明, 曼氏无针乌贼有较高等复杂的性行为, 有显著的求偶、争偶及雌雄搏斗现象, 乌贼交配对其余乌贼交配有诱导作用; 乌贼对附卵基有严格选择。增殖放流试验表明, 修复乌贼资源的可能性很大, 但在加大增殖放流工作的同时, 必须尽快开展产卵场生态环境修复尤其是产卵附着物修复工作。

海藻多糖复合胶成膜性研究

以海藻多糖与植物膳食纤维为主要材料, 形成一种海藻多糖复合胶(APPC), 采用传统硬壳空心胶囊生产的浸沾成型方法, 对该复合胶的成膜性能进行了研究。结果表明, 当 APPC 中海藻多糖和植物纤维素的配比为 8 : 92, 成膜胶液的成膜温度在 44~48 , 并在该温度下平衡反应 0.5~1.5h 时, 成膜效果较好。

流沙湾冬、春季大型海藻的微量元素分析

采用微波消解法和 AFA、ICP-MS 对流沙湾 2008 年冬春季 21 种大型海藻的微量元素进行了分析。结果表明, As、Cu、Pb、Cr、Se、Fe、Mn 在细江藨体内含量最高, Hg 在海蕴体内含量最高, Zn 在鼠尾藻体内含量最高, Cd 在石花菜体内含量最高, Ba 在海门冬体内含量最高。藻类对营养元素的富集要大于对毒性元素的富集。聚类分析结果显示细江藨的富集能力最强, 是多种重金属污染海域修复的首选生态环境材料。

非可培养状态哈维氏弧菌(*Vibrio harveyi*)复苏后生理特征及毒力相关基因表达

将哈维氏弧菌 SF1 接种在自然海水中低温诱导进入活的非可培养状态, 用添加营养物质后升温培养的方法进行复苏。用透射电镜观察不同状态哈维氏弧菌细胞形态和结构, 研究哈维氏弧菌复苏后对不良环境的抵抗力, 用 RT-PCR 检测丝氨酸蛋白酶基因 *Ser* 和 *rpoS* 基因的表达。结果表明, 进入 VBNC 状态的哈维氏弧菌由杆状变为球状, 体积比正常细胞小, 复苏后恢复正常形态且对紫外辐射, 热激的抵抗能力没有明显改变, 对高渗透压的抵抗力减弱, 而对冷激的抵抗力增强。复苏后的哈维氏弧菌对抗生素的敏感性没有改变。

2000~2005 年莱州湾盐度的变化及其主要影响因素

在考虑黄河入海径流量、降水、蒸发及与北黄海的水交换等因素的基础上建立了箱式模型, 并以此模型模拟了近年来莱州湾平均盐度的变化。模型分析结果得出, 近年来黄海入海径流量的变化不仅决定着莱州湾平均盐度的年际变化, 而且还主导着莱州湾月平均盐度的变化。

江苏南部海岸牡蛎礁演化的几何模型

提出了一个牡蛎礁演化模型, 由海平面波动过程、碎屑沉积物顶面高程、牡蛎礁垂直增长率、牡蛎礁顶部高程等 4 个模块构成, 可以显示牡蛎礁定殖、生长和最终被埋藏的演化历程。

牡蛎软体中抗菌蛋白的制备及活性研究

采用超滤法、聚丙烯酰胺凝胶电泳法、CM-Sepharose FF 阳离子交换柱层析法等对牡蛎软体中抗菌蛋白(Antibacterial protein, AP)进行分离纯化, 以透射电镜观察 AP 对大肠杆菌的作用, 提示 AP 可能通过作用于菌体细胞壁, 发挥其抗菌作用。

运用双特异分子探针技术对胶州湾 3 种硅藻的检测

利用本实验室首创的双特异分子探针技术对胶州湾常见的 3 种硅藻——旋链角毛藻 (*Chaetoceros curvisetus* Cleve)、尖刺拟菱形藻 (*Pseudo-nitzschia pungens* (Grunow ex Cleve) Halse) 和中肋骨条藻 (*Skeletonema costatum* (Greville) Cleve) 进行定性与定量分析。结果表明, 无论是对实验室样品还是自然样品进行检测, 本技术均有较好的适用性。