

《海洋与湖沼》2010 年第 6 期论文导读

南移养殖的刺参(*Apostichopus japonicus*)cDNA 文库的构建及原肌球蛋白基因的研究

以南移养殖的刺参(*Apostichopus japonicus*)为实验材料,采用非均一化的 Oligo-dT 引物定向克隆技术构建了南移刺参混合组织的 cDNA 文库。结果表明, cDNA 文库的库容量为 2.2×10^7 cfu, 重组率达 95.8%, 平均插入片段长度 750bp 左右。克隆南移养殖的刺参原肌球蛋白(tropomyosin, Trp) cDNA 全长序列为 1112bp, ORF 编码 284 个氨基酸, 其预测蛋白的分子量为 33.27kDa。

大西洋庸鲽(*Hippoglossus hipoglossus* L.)精液脂肪酸分析及激素 GnRHa 诱导对其组成的影响

采用气相色谱检测的方法,进行大西洋庸鲽(*Hippoglossus hipoglossus* L.)精液脂肪酸组成分析及激素 GnRHa 诱导对其组成影响的研究。结果表明, 庸鲽精液中含有最高的脂肪酸种类为 22:6n-3, 其次为 16:0、20:5n-3; 激素诱导未对精液中脂肪酸组成产生显著影响。重要必需脂肪酸 DHA、EPA、AA 总量在激素诱导组与非诱导对照组样品间无显著差异。

斑点叉尾鲷(*Ictalurus punctatus*)源鲁氏耶尔森氏菌的分离鉴定及系统发育分析

从发病的斑点叉尾鲷(*Ictalurus punctatus*)肝脏和肾脏均分离到一高致病性的菌株(FF003), 感染该菌后斑点叉尾鲷表现为体表多处点状出血。在以该菌 16S rDNA 序列和 GenBank 数据库内同源性较高的细菌 16S rDNA 序列构建的系统发育树中, 分离菌 FF003 株与鲁氏耶尔森氏菌(*Yersinia ruckeri*)聚为一个分支, 结合形态和生理生化特点将其鉴定为鲁氏耶尔森氏菌。

鳊鱼(*Siniperca chuatsi*)脂肪酸去饱和酶和延长酶基因全长 cDNA 序列的克隆与分析

利用 RT-PCR 和 RACE 方法克隆得到鳊鱼(*Siniperca chuatsi*)肝脏中控制高不饱和脂肪酸合成的脂肪酸去饱和酶(FAD)和脂肪酸延长酶(ELO)基因的全长 cDNA 序列。系统进化分析显示其与南方蓝鳍金枪鱼和金头鲷的亲缘关系较近。鳊鱼 FAD 和 ELO 基因全长 cDNA 序列的获得可为进一步研究其 HUFA 合成能力及调控机理奠定基础。

海藻多糖植物空心胶囊体内生物利用度与生物等效性研究

采用三交叉、自身对照的方法,研究了 3 种药用空心胶囊的体内相对利用度,评估其生物等效性。结果显示,海藻多糖植物空心胶囊替代动物明胶空心胶囊并不影响人体内药物吸收;海藻多糖植物空心胶囊布洛芬胶囊剂与日本 Qualicaps 布洛芬胶囊剂(相对生物利用度 94.9%)、明胶布洛芬胶囊剂(相对生物利用度 97.5%)均具有生物等效性。

富硒海洋球石藻(*Emiliania huxleyi*)的培养及其硒蛋白的初步分离纯化

采用 $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ 分级盐析、DEAE-Sephacryl S-200 凝胶过滤层析方法,对球石藻(*Emiliania huxleyi*)硒蛋白进行了初步分离纯化。结果表明,海洋球石藻能在环境硒浓度极低的条件下大量吸收硒并将大部分无机硒转化为硒蛋白,海洋球石藻有望作为一种新的有机硒资源,对开发含硒安全性食品具有很大的应用潜力。

小黄鱼(*Larimichthys polyactis*)线粒体基因组结构与特征

采用长片段扩增策略,获得小黄鱼(*Larimichthys polyactis*)的线粒体基因组全序列。13 个蛋白质基因起始密码子均为 ATG。COI 基因的终止密码子为 AGA。在小黄鱼 mtDNA 中发现 2 个特殊发夹结构,一个是轻链复制起始区(OL)的发夹环,另一个假定发夹结构位于 ATP6 基因末端,这种二级结构可能与准确转录有关。

三角帆蚌(*Hyriopsis cumingii*)珍珠形成初期钙代谢的特征分析

采用生理生化及分子生物学方法,探讨三角帆蚌(*Hyriopsis cumingii*)珍珠形成初期钙的代谢特征。三角帆蚌珍珠的形成主要依赖于鳃和外套膜对钙的代谢,在此过程中酸、碱性磷酸酶以及钙调素起着重要的作用。可能依照钙调素基因上调表达、酸性和碱性磷酸酶激活、鳃和外套膜钙含量升高、珍珠生长的顺序来进行,植片后的第 8 天、15 天和 43 天是珍珠形成的关键期。

青蛤(*Cyclina sinensis*)溶菌酶基因在鳃弧菌(*Vibrio anguillarum*)刺激下的表达

利用构建的 SMART cDNA 文库和高通量测序方法,得到了青蛤(*Cyclina sinensis*)溶菌酶相关基因的全长,采用荧光定量 RT-PCR 方法分析了 c 型溶菌酶基因在鳃弧菌刺激下的表达变化。结果表明青蛤有 c 型溶菌酶和 i 型溶菌酶基因, c 型溶菌酶基因在青蛤的免疫应答中起重要的作用。

泥蚶(*Tegillarca granosa*)主要经济性状遗传参数的估算

采用巢式设计和人工控制授精方法构建了 19 个半同胞和 41 个全同胞泥蚶家系,研究了泥蚶(*Tegillarca granosa*)各发育阶段生长性状遗传力及性状间遗传相关和表型相关。结果表明,泥蚶家系间各个阶段生长性状均存在一定变异。早期稚贝遗传相关系数均达极显著水平,发育至后期遗传相关系数变小。

长牡蛎(*Crassostrea gigas*)与熊本牡蛎(*C. sikamea*)杂交的受精细胞学观察及子一代的生长比较

以长牡蛎(*Crassostrea gigas*)和熊本牡蛎(*C. sikamea*)为材料,进行了4个组合的杂交和自交实验。熊本牡蛎精子进入长牡蛎卵子后,激活卵子完成2次减数分裂,同时,精核出现了两次明显的体积膨大扩散过程。结果表明,幼虫阶段杂交后代的壳高、壳长均明显小于自交组;稚贝和成贝阶段,杂交组子一代在壳高、壳长和存活率3个生长指标上均小于自交组。

鱼类致病鲈鱼诺卡氏菌(*Nocardia seriolae*)的 LAMP 检测技术建立与应用

针对鲈鱼诺卡氏菌(*Nocardia seriolae*)16S~23S rRNA 基因内转录间隔序列设计了4条 LAMP 引物,建立的 LAMP 法具有高灵敏度。将该方法应用于乌鳢、大黄鱼、黄姑鱼组织样品检测,结果在16份组织样品中有7份检出自然感染的鲈鱼诺卡氏菌,分析表明,这是一种能快速、简易、特异、敏感地检测鱼类致病鲈鱼诺卡氏菌的诊断方法。

美国红鱼(*Sciaenops ocellatus*)、鲈鱼(*Lateolabrax maculatus*)、斜带髯鲷(*Hapalogenys nitens*)耐流性试验研究

采用续航游泳时间评测指标作为评测鱼类游泳能力的方法,对一龄美国红鱼(*Sciaenops ocellatus*)、鲈鱼(*Lateolabrax maculatus*)、斜带髯鲷(*Hapalogenys nitens*)的续航时间,美国红鱼的临界(游泳)速度以及水温对美国红鱼续航时间影响进行了初步研究。结果表明,美国红鱼耐流能力最强,三种鱼的续航时间与水流流速呈乘幂递减关系。温度对美国红鱼的游泳能力有显著的影响。

6 种鳗鲡(*Anguilla*)线粒体 DNA CO I 序列的比较研究

采用基因测序的方法,对6种鳗鲡(*Anguilla*)的 CO I 基因片段进行了 PCR 扩增和测序。结果表明6种鳗鲡 CO I 基因片段的长度都为652bp,4种碱基组成非常相似,并且 A+T 的含量都大于 G+C 的含量。非洲鳗鲡和欧洲鳗鲡 CO I 基因同源率为 91.72%,美洲鳗鲡与欧洲鳗鲡 CO I 基因同源率为 96.32%。

鲫鱼(*Carassius auratus*)slc7A8 基因分子特征及表达分析

采用 RT-PCR 和 RACE 技术克隆鲫鱼(*Carassius auratus*)slc7A8 基因的全长 cDNA 序列,对基因序列用生物软件对基因进行生物信息分析,用 Real-time PCR 方法检测基因在组织中的 mRNA 表达丰度。结果表明,鲫鱼组织中的 mRNA 表达丰度高低顺序为前肠、中肠、脑、后肠、肌肉、肾、鳃、心、肝脏。

海南红树林湿地沉积物耗氧及其相关因素

在海南省东寨港、亚龙湾青梅港和三亚河口红树林区,采用自行研制的沉积物耗氧量(SOD)测定装置,对红树林湿地 SOD 和相关环境因子进行研究。结果表明,红树林湿地沉积物耗氧主要分为瞬时耗氧阶段和渐缓耗氧阶段,红树林湿地沉积物能对其上覆水释放有机物并消耗水体中

的溶解氧,使水质变差,因此用红树林湿地处理城市污水可能导致生态恶化。

热带太平洋与热带大西洋海表温度主模态的相互作用

根据英国 Hadley 气候中心的海表温度资料和美国 NCEP/NCAR 中心的大气资料,研究了热带太平洋与热带大西洋海表温度主模态的相互作用。热带太平洋的 ENSO 可以导致大西洋 Niño 模态或经向偶极子模态,这主要是通过热带海洋-大气相互作用,或大气的太平洋-北美遥相关过程实现的。

小振幅海洋内波的演变、破碎和所致混合

利用基于谱方法和 MPI 并行运算的数值模式 Spectral Model,直接数值模拟了三维小振幅海洋内波的演变、破碎和所致湍流混合,指出导致其不稳定而破碎的为 PSI (parametric subharmonic instability)机制。

深澳湾海水养殖区水化因子的动态变化与水质评价

通过2007年1~12月连续12个航次对深澳湾内网箱养殖区、太平洋牡蛎养殖区以及龙须菜-太平洋牡蛎混养区域等不同养殖水体每月一次的监测结果,分析了该养殖海区 NH₄-N、PO₄-P 等主要水化因子的时空分布规律,并利用营养状态质量指数对深澳湾水体进行了水质评价。结果表明,深澳湾水域 NH₄-N、PO₄-P 的空间变化情况与地理位置和养殖活动有着很大的关系。

连云港近岸海域沉积物中重金属污染源及生态评价

采用等离子体发射光谱法、冷原子吸收法、原子荧光光谱法及灼烧法测定了连云港海州湾近岸表层沉积物中重金属和有机质的含量,利用主成分分析法研究了沉积物中重金属的来源,发现重金属主要有3个来源:工业和生活污水排放、农业灌溉水的排放、有机质降解。海州湾近岸海区沉积物质量污染严重,排污口海区的沉积物污染最为严重,连云港近岸海域沉积物对生物的负影响潜力为中度水平。

环境因子对南极菌 *Pseudoalteromonas* sp.S-15-13 多糖合成关键酶 UGD 基因表达的影响

以南极菌 *Pseudoalteromonas* sp.S-15-13 为材料,采用实时定量 PCR 的方法研究了温度、冻融循环及培养基中 NaCl、葡萄糖含量和 pH 对多糖合成关键酶基因 *ugd* 表达水平的影响。结果表明,低温有利于 *ugd* 的表达。

颗石藻 *Pleurochrysis carterae* 形成休眠体的环境诱因分析

利用实验生理生态学方法对 *Pleurochrysis carterae* 种群增殖过程中出现丝状体的环境诱因进行了研究,从营养胁迫、钙化抑制胁迫、低温胁迫以及外源 α -酮戊二酸的影响等几个方面,探讨了环境因子对 *P. carterae* 细胞休眠的诱导作用。结果表明,氮缺乏和氮限制会明显诱导丝状体的早期大量形成,即细胞快速进入休眠期。

(文/《海洋与湖沼》编辑部,编辑/张培新)