

《海洋与湖沼》2012 年第 2 期论文导读

Bohaisea-9145 海洋耶氏酵母碱性脂肪酶基因的克隆、异源表达和重组酶学性质

采用基因重组和分子生物学相关技术,对海洋耶氏酵母(*Yarrowia lipolytica*)Bohaisea-9145 海洋低温碱性脂肪酶(*Y. lipolytica* Bohaisea-9145, LipYp)基因 *lipYp* (1116bp) 克隆,并在巴斯德毕赤酵母(*Pichia pastoris*)中进行了异源真核表达研究。结果表明,阳性重组子经摇瓶发酵 54 h 后上清液酶活力达到 1956U/mL。发酵液经两步纯化得到在 SDS-PAGE 上显示为单一条带的重组脂肪酶。

华贵栉孔扇贝壳色与闭壳肌颜色遗传规律的研究

采用自交、正反杂交和卡方检验方法对华贵栉孔扇贝(*Chlamys nobilis*)的桔黄色与枣褐色等 2 个壳色和黄色与白色等 2 个闭壳肌颜色的遗传规律进行了研究。结果表明,华贵栉孔扇贝贝壳颜色和闭壳肌颜色均属质量性状,受基因控制,可以遗传,不受环境影响;贝壳桔黄色表型对枣褐色表型为显性;闭壳肌白色表型对黄色表型为显性。

环境因子对萱藻丝状体孢子放散的影响

在实验室条件下,以本实验室保存的萱藻(*Scytosiphon lomentaria*)丝状体为材料,研究了温度(7~27)、光照强度[18~126 $\mu\text{mol}/(\text{m}^2 \cdot \text{s})$]和丝状体生物量(0.1~1.6 mg/mL)对萱藻孢子放散的影响。结果显示:12 最适宜萱藻孢子的放散,72 $\mu\text{mol}/(\text{m}^2 \cdot \text{s})$ 为刺激萱藻孢子放散的最佳光照条件,萱藻丝状体生物量过低和过高均会抑制孢子的放散。

基于线粒体 COIII 基因分析厚壳贻贝养殖群体遗传多样性

基于线粒体 DNA 的 CO 基因序列对中国沿海厚壳贻贝(*Mytilus coruscus*)3 个养殖群体的遗传多样性和遗传结构进行了分析。由 PCR 扩增获得 23 个个体的 CO 基因 787bp 的部分序列,其多态性遗传参数统计显示,23 个个体共检出 21 个单倍型,总群体单倍型多样性指数(*Hd*)为 0.978,3 个群体均显示出较丰富的遗传多样性。

无乳链球菌三重 PCR 快速检测方法的建立与应用

应用已报道的无乳链球菌(*Streptococcus agalactiae*)*cpsL* 基因高度保守序列的引物作为阳性对照引物,经反应条件和反应体系参数优化,建立一种检测无乳链球菌的三重 PCR 方法,并应用本三重 PCR 方法检测 40 尾人工感染罗非鱼(*Oreochromis niloticus*)样本和 22 尾临床上收集的疑似无乳链球菌感染鱼样本。结果表明,所建立的三重 PCR 方法具有良好特异性。

两种四角蛤蜊壳内色品系选育初探

采用通径分析原理及个体间随机交配的方法,进行了两种壳内色四角蛤蜊(*Macra veneriformis*)的形态性状差异及品系选育研究。结果表明,两种壳内色四角蛤蜊除

颜色不同外,其他形态性状间无显著差异($P>0.05$);两者的 4 个数量性状之间的相关系数均达到极显著水平($P<0.01$),但影响质量性状的主要形态性状并不相同。

深海热液区化能自养菌氢酶对环境因子的响应特点

以深海热液区化能自养菌(*Caminibacter profundus*)为对象,采用扫描电镜和化学能谱分析,研究了菌株表面形态和矿物元素沉积;同时研究了菌株生长、甲基紫精(MV)还原的氢酶活性及膜结合的类型 I NiFe 氢酶基因(*hynL*)表达对盐度、pH 和温度几种环境因子变化的响应特点。结果表明,深海热液区化能自养菌通过调控 *hynL* 的表达,调整菌株的能量代谢,维系菌株的生长繁殖。

光唇鱼胚胎及仔、稚鱼的发育

采用干法授精方法获得受精卵,在人工培育条件下观察了光唇鱼(*Acrossocheilus fasciatus*)胚胎及仔、稚鱼发育过程。结果表明,光唇鱼受精卵呈圆球形,沉性、弱黏性。在水温 23~25 下,胚胎发育历时 46 h 45 min,经历了胚盘形成、卵裂、囊胚、原肠胚、神经胚、器官形成和孵化等阶段。在水温 24~27 下,仔、稚鱼发育历时 22 d;22 日龄稚鱼全身被鳞,进入幼鱼期。

菲律宾蛤仔漆酶型酚氧化酶的纯化及特性分析

采用非变性电泳结合特异性底物发色方法从菲律宾蛤仔(*Ruditapes philippinarum*)血细胞中分离出一种酚氧化酶,研究了该酶的酶促反应动力学参数,金属离子、抑制剂对酶活的影响。结果表明,分离获得的酚氧化酶分子量约为 563kDa;酶的活性可被抑制剂抗坏血酸、二乙基二硫代氨基甲酸钠(DETC)、半胱氨酸、亚硫酸钠、柠檬酸、乙二胺四乙酸二钠(EDTA)、叠氮钠和硫代尿素等抑制。

镉诱导长江华溪蟹心肌细胞凋亡的研究

采用急性毒性实验方法,研究了不同浓度氯化镉处理不同时间对长江华溪蟹(*Sinopotamon yangtsekiense*)心肌细胞凋亡的影响。结果表明,低浓度组及染毒时间较短时镉对心肌的影响不明显,但随着染毒浓度的增加和时间的延长,心肌出现空泡变性、玻璃样变性、炎细胞浸润等病理现象,这可能与心脏组织的特殊性、不同组织对镉的积累量不同有关。

脊尾白虾 ferritin 基因克隆及表达分析

采用 RT-PCR 及 RACE 技术获得了总长度为 755bp 的脊尾白虾(*Exopalaemon carinicauda*)ferritin 基因 cDNA 序列。该基因序列 5'和 3'的非编码区分别为 112bp 和 146bp,开放阅读框 497bp,命名为 Ecfer 基因。利用 Neighbor-joining 法构建系统进化树分析结果表明,Ecfer 基因氨基酸序列与无脊椎动物中的甲壳动物聚为一支(同源性为 64%~67%)。

香鱼排卵后卵内油球、酶活、丙二醛及受精率、孵化率的变化

以香鱼(*Plecoglossus altivelis*)卵母细胞为研究对象,采用观察卵内油球、有关酶的活力以及卵的受精率和孵化率等变化的方法,研究了香鱼卵母细胞长时效演化的相关机理。结果表明,随着香鱼卵在腹腔内保存时间的延长,卵内油球直径逐渐增大;随着油球和酶活的变化,卵子质量逐渐下降,表现为受精率和孵化率的降低。

Cd^{2+} 与 Zn^{2+} 的联合效应对马氏珠母贝受精率的影响

采用中心组合设计和响应曲面法在实验室条件下研究了 Cd^{2+} 与 Zn^{2+} 对马氏珠母贝(*Pinctada martensii*)受精率的影响。结果表明, Cd^{2+} 与 Zn^{2+} 两因子对马氏珠母贝受精率的一次效应影响极显著($P<0.01$); Cd^{2+} 与 Zn^{2+} 两因子一次互作效应极显著($P<0.01$)。经响应曲面法分析,随着 Cd^{2+} 与 Zn^{2+} 浓度的增加受精率呈降低趋势。

刺网选择性对鱼类表型性状的选择作用研究

应用数值模拟方法,模拟了一个具有一定体长特征的鱼类种群,利用具有多项选择参数(曲线标准差 σ ,最适体长 l_0 ,选择性因素 R_0)的刺网曲线对其进行长期捕捞作用,并在去除捕捞的情况下探讨这种影响的稳定性。结果表明,刺网捕捞作业长期作用于鱼类种群,会对种群体长组成产生深远的影响,开发率(E)越大,效果越明显。

围垦对长江口横沙东滩大型底栖动物群落的影响

采用生态学的方法,选择了长江口横沙东滩成陆区、促淤区和自然潮滩3种生境,研究了围垦对其大型底栖动物的影响。结果显示,在横沙东滩共发现大型底栖动物28种。大型底栖动物的年均丰度为促淤区>成陆区>自然潮滩,而年均生物量为促淤区>自然潮滩>成陆区,3种生境大型底栖动物的丰度和生物量与其种类组成有关。

基于28S rRNA基因片段的翼形亚纲系统发育的初步研究

采用从GenBank下载的翼形亚纲(Bivalvia: Pteriomorpha)11个总科80个种类的28S部分序列,对翼形亚纲11个总科贝类进行系统发育关系研究。翼形亚纲各总科内各种间的遗传距离为0.01~0.14,明显小于各总科间的遗传距离。构建了包括4目11总科的翼形亚纲分类系统。

铜锈环棱螺生物扰动对藻华水体沉积物微生物群落结构的影响

应用磷脂脂肪酸(PLFAs)法测定了不同密度铜锈环棱螺(*Bellamya aeruginosa*)生物扰动下沉积物表层微生物群落结构的变化。结果表明,含螺处理组PLFAs总生物量有了明显的升高,且与底泥总有机碳含量变化趋势有很高的相关性。主成分分析(PCA)显示,低、高密度螺处理下沉积物的微生物群落结构与对照组相似,而中密度螺下处理组使沉积物微生物群落结构产生明显变化。

条斑紫菜耐高温品系的筛选及特性分析

采用 $^{60}Co-\gamma$ 射线诱变和高温胁迫处理条斑紫菜

(*Porphyra yezoensis*)野生品系(WT),进行了耐高温品系的选育研究。结果表明,在18和22组,所选育的耐高温品系(TM-18)和WT品系的壳孢子存活率无显著差异,但在24和25组,TM-18与WT相比,壳孢子存活率分别提高了274%和296%,畸形苗率分别下降了286%和161%,假根发生率分别提高了151%和429%。

许氏平鲉CYP19B基因cDNA克隆及在生殖周期中的表达分析

从许氏平鲉(*Sebastes schlegeli*)脑组织中克隆到细胞色素P450芳香化酶(P450aromB)(CYP19B)基因核心功能区cDNA。结果表明,许氏平鲉CYP19B主要功能区片段编码369个氨基酸,包括I-螺旋区、Ozol's肽区及部分芳香化酶特异性保守区。RT-PCR分析表明,CYP19B在雌鱼和雄鱼各组织中表达情况不同,在雌鱼中表达较丰富,但是两者都在性腺和脑中有表达,且脑中的表达量高于性腺。

中国东南沿海厚壳贻贝4个群体线粒体16S rRNA序列及遗传结构分析

采用16S rRNA基因测序技术,对中国东南沿海4个地理群体的厚壳贻贝(*Mytilus coruscus*)遗传结构及遗传变异进行研究。结果表明,中国东南沿海厚壳贻贝群体具有较高的遗传多样性水平。遗传结构检测结果表明,舟山群体、温州群体、宁德群体间的遗传距离小,遗传分化系数(F_{st})为-0.0141~0.0059,群体内部无显著分化($P>0.05$)。

静水压力诱导牙鲆四倍体的条件优化

采用静水压力抑制受精卵第一次卵裂的方法,进行了诱导牙鲆(*Paralichthys olivaceus*)四倍体的研究。结果表明,将受精卵从受精后70 min开始用55 MPa的压力处理6 min后,正常仔鱼孵化率最高达到15.6%,此时的四倍体诱导率也最高达到63.3%。流式细胞仪检测和红细胞长径测量结果显示,处理组幼鱼中四倍体约占13.3%,说明四倍体培育成功。

河流弧菌对大黄鱼鳃黏液黏附特性研究

采用间接ELISA法(最低检测值约 10^4 cfu)研究不同培养条件、不同培养阶段、抗体处理、营养饥饿等对河流弧菌(*Vibrio fluvialis*)黏附作用的影响。结果表明,经TSB培养的菌体的黏附作用极显著强于TSA培养的菌体的黏附作用($P<0.01$);河流弧菌能很好地黏附于大黄鱼(*Pseudosciaena crocea*)黏液,黏附量随菌浓度升高而增大并符合饱和黏附动力学: $y = 0.1782\ln(x) - 1.6923$ ($R^2 = 0.9810$)。

虎斑乌贼胚胎发育及孵化历期观察

采捕虎斑乌贼(*Sepia pharaonis*)野生卵群进行室内培育,采用显微成像系统观察其胚胎发育过程,并详细描述各发育期的特征。结果显示:虎斑乌贼卵长径(30.7 ± 2.4)mm,短径(13.4 ± 1.3)mm。贼胚胎发育过程共分为卵裂、囊胚期、原肠期、器官芽原基出现、眼色由无色到黑色等30期,探讨了主要器官(眼、漏斗等)的发生变化过程。

(文/《海洋与湖沼》;编辑/谭雪静)