

《海洋与湖沼》2011年第6期论文导读

东海混浊海域悬沙浓度的三维数值模拟及与观测的比较

借助 ECOMSED 模式进行了东海混浊水海域三维悬浮泥沙运输的数值模拟,其中水动力模拟中考虑了潮汐、海流(包括黑潮,长江径流等)及风场的作用,运输模型中考虑了黏性泥沙的絮凝、黏性和非黏性泥沙的再悬浮等过程。结果显示:悬沙浓度在水平分布上由近岸向外海浓度降低,123°E 以东浓度低于 10 mg/L。泥沙高值区分布在长江口及杭州湾海域。

夏季长江口东北部上升流海域的生态环境特征

基于 2006 年 7 月 18~23 日对长江口东北部海域的大面调查,重点分析和探讨了长江口东北部海域的上升流现象及生态环境特征。结果显示:在 122°~123°E, 32.3°~33.7°N 的海域范围内存在着较为明显的下层高盐冷水抬升的现象。伴随着冷水的上升运动,对 DO、营养盐以及 Chl.a 的平面和断面分布均存在一定的影响。DO、营养盐和 Chl.a 的分布特征较好地佐证了长江口东北部海域存在上升流现象。

南海东北部深水海域大振幅内孤立波 SAR 遥感仿真研究

使用基于连续分层海洋模型的 GK-dV 方程,在南海东北部深水海域进行了大振幅内孤立波传播模拟,模拟输出内孤立波振幅 91.0 m,半波宽度 262.0 m。然后使用新建立的基于连续分层海洋模型的内孤立波 SAR 遥感仿真模型进行了内孤立波反演,反演出内孤立波半波宽度 251.5 m,相对输入误差为 4.0%,比旧模型的 34.2%有了较大改进。

后赤潮过程中现场水样的三维荧光光谱特征分析

对发生在青岛近岸水域的后赤潮过程中赤潮藻密度、藻种鉴别的同时,对现场水样的三维荧光光谱进行了测量,获得了一套有关三维特征荧光数据。分析结果表明,当海水中生物密度达到或接近赤潮密度时,激发转折波长在 260 nm,荧光转折波长在 245 nm;在非赤潮区,激发转折波长和荧光转折波长也稍高于赤潮区的值;当激发波长为 410 nm,荧光波长等于激发波长。

东海深海蟹类 1 新记录种——凹背熟盾蟹

在整理中国科学院海洋生物标本馆收藏的蟹类标本时,经形态分类学方法发现中国海宽甲蟹科(Chasmocaricidae)1 深海新记录种——凹背熟盾蟹(*Hepthopelta cribrorum*)。标本采自东海 850 m 海底。凹背熟盾蟹以往仅有 1 雄性个体(正模)采自日本相模湾,作者首次报道此稀有种的雌性个体,并提供了鉴别特征及详细图片。

龙须菜中多种植物激素的 GC-MS 检测及对氮胁迫的响应
以海洋红藻龙须菜(*Gracilaria lemaneiformis*)为材料,

建立了 5 种内源性植物激素吲哚乙酸(IAA)、脱落酸(ABA)、茉莉酸(JA)、水杨酸(SA)、肉桂酸(RA)的 GC-MS 微量检测方法,并运用该方法初步研究了龙须菜中 5 种植物激素对不同浓度氮胁迫的响应规律。结果表明,最优的实验条件为:样品用正丙醇:水:HCl(2:1:0.002)提取,HLB 固相萃取柱纯化,三甲基硅烷基重氮甲烷衍生化,GC-MS 分析测定。

大弹涂鱼窒息点及昼夜代谢规律

在水温 25 °C 时,采用封闭静水式和封闭流水式装置测定了大弹涂鱼(*Boleophthalmus pectinirostris*)的窒息点及其昼夜代谢规律。结果表明:大弹涂鱼的窒息点为 0.71 mg/L;其标准代谢(SM)和常规代谢(RM)随体质量的增加而降低,不同规格处理组昼夜变化规律相同,即夜间代谢强于白天,但不同处理组 SM ($F=35.247, P<0.01$)和 RM ($F=4.679, P<0.01$)差异均极显著。

秋茄和无瓣海桑红树人工林消波效应量化研究

采用野外监测的方法对海南东寨港三江湾秋茄(*Kandelia candel*)和无瓣海桑(*Sonneratia apetala*)红树人工林的消波效应进行了量化研究。结果表明:裸露海滩的消波作用较弱,红树林的消波作用显著。总体来说,波浪在经过秋茄林 50 m 后,1/10 波高、1/3 波高和平均波高分别减低 46.3%、46.4%和 46.1%,在经过无瓣海桑林 50 m 后分别减低 30.1%、29.6%和 28.8%。

基于多测点 LA-ICPMS 的耳石核区元素指纹分析技术及其在鱼类群体识别中的实证研究

构建了多测点激光剥蚀取样(LA)-ICPMS 元素分析-剥蚀点显微结构验证的耳石核区元素指纹分析技术,以此进行了 5 个鱼类群体(辽东湾、渤海湾、黄河口、胶州湾及长江口群体)识别的实证研究。结果发现:耳石核区 Sr:Ca 和 Ba:Ca 比值是有效识别各地理群体的元素指纹,基于二者的各群体判别成功率在 46.2%~92.3%,总体判别成功率为 72.7%,表现出其较强的群体识别能力。

中国鲎雌激素相关受体基因的克隆与分析

采用 RT-PCR、RACE、Genome Walking 等方法从中国鲎(*Tachypleus tridentatus*)克隆得到了雌激素相关受体基因的 cDNA 全长及基因组 DNA 序列,命名为 ttERR,并采用生物信息学方法对其序列和编码的蛋白质的理化性质、分子系统进化关系等进行预测和推断。结果表明:ttERR 基因由 10 个内含子和 11 个外显子组成,属于核受体超家族第三亚族。

曼氏无针乌贼 β -肌动蛋白基因的 cDNA 全长克隆与序列分析

采用 RT-PCR 和快速扩增 cDNA 末端技术首次克隆了曼氏无针乌贼(*Sepiella maindroni*) β -肌动蛋白基因的

cDNA 全序列, 该序列全长为 2000 bp, 由长 197bp 的 5' 非翻译区、669 bp 的 3' 非翻译区和 1134 bp 的开放阅读框组成。曼氏无针乌贼 β -actin 氨基酸序列与其他动物的相似性高达 97%。

企鹅珍珠贝主要经济性状对体质量的影响效果分析

采用多元线性回归和通径分析方法, 研究企鹅珍珠贝(*Pteria penguin*)主要经济性状对体质量的影响效果。结果表明: 6 个性状间的相关系数均达到极显著水平($P < 0.01$); 通径分析表明: 各经济性状对体质量的直接影响效果为软体部质量(0.726) > 壳长(0.146) > 壳高(0.107) > 闭壳肌质量(0.058) > 壳宽(0.049)。采用逐步回归方法, 建立了壳长、壳高、闭壳肌质量和软体部质量对体质量的最优回归方程。

长心卡帕藻表达序列标记分析

分别采用 BlastX 和 Blast2go 软件对 453 条非冗余的长心卡帕藻(*Kappaphycus alvarezii*)EST 序列进行匹配分析和 GO 注释。结果表明: 有 281 条序列与蛋白数据库中序列匹配, 有 132 条序列被归属为 3 个子本体: 分子功能、生物学过程和细胞组成。采用 GCUA 软件, 进行长心卡帕藻基因密码子偏倚性的研究。结果表明其密码子偏倚性与其他红藻差别较大。

水产品主要过敏原的模拟胃液消化实验的条件优化

采用 SDS-PAGE 和免疫印迹方法, 通过体外模拟消化实验分析水产品主要过敏原原肌球蛋白(TM)和小清蛋白(PV)的消化特性, 研究酶/蛋白的比值、pH 值对模拟胃液(SGF)消化过敏蛋白稳定性的影响。结果表明: 提高胃蛋白酶的相对量使甲壳类水产品 TM 从消化稳定性转变成消化不稳定性, 但是 TM 具有较强的消化稳定性。

南极衣藻谷胱甘肽还原酶基因的原核表达及其条件优化

采用 RT-PCR 技术克隆南极衣藻(*Chlamydomonas* sp. ICE-L)GR 基因 ORF 全长 cDNA, 然后经酶切、连接等步骤构建其原核表达载体, 并对其表达的诱导时间、IPTG 浓度、温度进行了优化, 以期获得大量的酶蛋白。结果表明: 将构建的原核表达载体 pET-GR 导入大肠杆菌 BL21, 可以高效表达融合蛋白; 且表达的蛋白均以包涵体的形式存在。

云纹石斑鱼早期发育阶段的摄食与生长特性

采用随机取样实验生态学方法, 对人工培育的云纹石斑鱼(*Epinephelus moara*)的仔、稚、幼鱼各发育阶段的形态特征及摄食变化状况进行了观察和描述。结果表明: 云纹石斑鱼仔、稚鱼生长期间, 分别以牡蛎(*Crassostrea*)幼体、轮虫、卤虫为饵料, 幼鱼摄食配合饲料。形态学数据测量结果表明, 云纹石斑鱼仔、稚、幼鱼的全长、体质量和日龄三者之间存在相关关系。

黄鳍鲷两种生长激素受体的 cDNA 克隆及组织表达分析

采用 RT-PCR 方法克隆了黄鳍鲷(*Sparus latus*)两种生长激素受体(GHR)的 cDNA 序列, 序列分析表明: GHR1 开

放阅读框为 1935bp, 共编码 645 个氨基酸, GHR2 开放阅读框为 1749bp, 共编码 583 个氨基酸, GHR1 与 GHR2 的氨基酸同源性为 36.7%。GHR1 和 GHR2 在分子结构上存在显著差异, GHR1 胞外域有 7 个半胱氨酸残基而 GHR2 只有 6 个; GHR1 胞内域有 9 个酪氨酸残基而 GHR2 只有 5 个, 两者的结构差异表明两者可能具有不同的生物学功能。

不同精制方法对鱿鱼墨黑色素的微观形态、光谱特征及金属元素的影响

采用扫描电镜、光谱分析和元素分析法, 进行了胃蛋白酶水解法、高速离心法和酸水解法精制的鱿鱼(*Ommastrephes bartrami*)墨黑色素颗粒形态、紫外可见光谱、红外光谱及金属元素含量的研究。结果表明: 酸水解法破坏了鱿鱼墨黑色素的颗粒结构; 3 种不同精制方法所得的鱿鱼墨黑色素在 220 nm 附近均有强吸收。不同精制方法对鱿鱼墨黑色素自身的不同金属元素含量具有降低和富集效应。

大菱鲆胚胎发育的形态学和组织学研究

采用显微镜和连续切片技术, 观察了大菱鲆(*Scophthalmus maximus*)胚胎发育阶段的形态学和组织学特征。结果表明: 大菱鲆胚胎发育主要经历 6 个时期。胚胎在 64 细胞期出现纬裂, 分裂球分化为外层的包被层和内部的深层细胞; 多细胞期形成卵黄胞体层; 低囊胚期形成囊胚腔。受精后 26 h 30 min 胚盾出现。胚盘下包 65% 时, 头突出现; 下包 90% 时, 神经索和体节形成; 下包完全时, 脊索原基形成。

UV-B 辐射对强壮前沟藻和等鞭金藻种间竞争的影响

采用共培养的方法, 研究了 UV-B 辐射对不同起始密度强壮前沟藻(*Amphidinium carterae*)和等鞭金藻(*Isochrysis galbana*)种间竞争的影响。结果表明: 在单养时, 随着起始密度的增加, 2 种微藻在生长过程中进入指数生长期和平台期的时间逐渐缩短, 所达到的最大种群密度都依次降低。在混养时, 当接种比例为 A:I=1:4 和 A:I=1:1 时, 等鞭金藻在种间竞争中占有优势; 当接种比例为 A:I=4:1 时, 强壮前沟藻占有优势。

文蛤铁蛋白的重组表达及其组织表达特征分析

构建了文蛤(*Meretrix meretrix*)铁蛋白的重组表达质粒 pGEX-4T-1-MmeFer, 在大肠杆菌(*Escherichia coli*)中获得了重组蛋白, 经酶解和质谱鉴定该蛋白为重组文蛤铁蛋白(rGST-MmeFer)。利用 rGST-MmeFer 制备了兔抗文蛤铁蛋白的多克隆抗体, 进而利用 Western blot 的方法对文蛤铁蛋白的组织表达分布进行了研究。结果表明, 铁蛋白在文蛤各组织中均有分布, 其中消化腺中表达量最高, 足中表达量最低。

(文/《海洋与湖沼》; 编辑: 谭雪静)