

DOI: 10.3724/SP.J.1118.2012.00963

秦皇岛海域野生牙鲆群体遗传多样性分析

马晓冰^{1,2}, 王桂兴², 刘海金³, 姜秀凤²

1. 上海海洋大学 水产与生命学院, 上海, 201306;

2. 中国水产科学研究院 鲆鲽类育种功能实验室, 北戴河中心实验站, 河北 秦皇岛, 066100;

3. 中国水产科学研究院 资源与环境研究中心, 北京 100141

摘要: 用 18 对多态性微卫星标记对采自秦皇岛海域的 90 尾野生牙鲆(*Paralichthys olivaceus*)进行遗传分析。18 个微卫星位点共检测出 161 个等位基因; 各位点等位基因数为 7~11 个, 平均为 8.9; 有效等位基因为 3.7~8.0, 平均有效等位基因为 5.9; 各个位点多态信息含量为 0.69~0.86, 平均值为 0.80; Shannon 多样性指数平均值为 1.9; 观测杂合度(H_o)值为 0.33~0.87, 平均值为 0.64; 期望杂合度为 0.74~0.89, 平均期望杂合度(H_e)为 0.84。 χ^2 检验表明, 18 个位点中有 9 个的等位基因分布偏离了哈迪温伯格平衡($P < 0.05$)。研究结果表明, 秦皇岛海域野生牙鲆群体遗传信息含量丰富、等位基因分布均匀, 遗传多样性较高, 但是, 存在 Hardy-Weinberg 不平衡现象。

关键词: 牙鲆; 微卫星标记; 遗传多样性

中图分类号: S93

文献标志码: A

文章编号: 1005-8737-(2012)06-0963-07

牙鲆(*Paralichthys olivaceus*)属于鲽形目、鲽亚目、牙鲆科、牙鲆属。牙鲆广泛分布于俄罗斯远东地区、日本、韩国和中国沿海, 是重要的经济鱼类。由于捕捞强度的增加和环境污染的加剧, 牙鲆资源显著减少。在渤海不但不能形成渔汛, 而且在近岸产卵场捕获的繁殖群体也很少。近年, 随着养殖技术的进步, 牙鲆已经成为人工养殖对象。为了增殖资源, 20 世纪 90 年代中国开始把牙鲆作为增殖放流对象, 向渤海投放牙鲆鱼苗。随着放流牙鲆数量的增多, 放流群体对固有群体遗传多样性的影响成为人们担心的问题。因此在 DNA 水平阐明野生牙鲆群体遗传结构, 分析其遗传多样性的变化, 对保护牙鲆种质资源具有重要意义。

微卫星 DNA 标记在基因组中数量多、分布均匀, 具有多态信息含量高和重复性好等特点, 而

广泛应用于群体遗传多样性的研究中。使用微卫星标记对牙鲆野生和养殖群体的遗传多样性研究不乏报道。日本学者 Sekino^[1]使用 11 个微卫星引物分析野生牙鲆群体和养殖群体遗传多样性, 发现养殖群体的遗传杂合度低于野生群体; 王伟等^[2]使用 10 对微卫星引物对 1 个养殖群体和 1 个野生群体的遗传多样性进行比较分析; 刘国云等^[3]、刘海金等^[4]、邵长伟等^[5]使用微卫星标记分别对多个养殖群体进行遗传多样性分析。由于累代养殖的进行, 亲本规模缩小, 近亲繁殖现象严重, 亲鱼群体的遗传多样性降低。随着放流工作的连年开展, 放流鱼不断增加, 放流鱼的遗传质量及对野生群体的影响日益引起人们关注。多位研究者论及养殖鱼的逃逸是影响野生群体的主要原因, 并推测将对自然群体的遗传多样性产生重大影响。但是, 近年对中国近海野生牙鲆群体遗传多样性

收稿日期: 2011-12-13; 修订日期: 2012-02-07.

基金项目: 农业部公益性行业科研专项(200903005; 200903046-07); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金项目(2009C012).

作者简介: 马晓冰(1983-), 男, 硕士研究生, 主要研究方向鱼类遗传育种. E-mail: maxiaobing1122@163.com

通信作者: 刘海金(1951-), 研究员, 博士生导师, 研究方向鱼类遗传育种. E-mail: liuhaijin2005@126.com

的现状却鲜见报道。

位于渤海湾中部的秦皇岛海域虽然牙鲆资源也在减少,但是每年春季仍可捕获数百尾性腺发育成熟而前来产卵的亲鱼。本研究以 2009 年在秦皇岛海域捕获的野生牙鲆为材料,利用多态性较高的微卫星标记进行分析,以求准确地描述野生群体的遗传结构,真实反映野生资源的现状,为正确评价野生牙鲆群体的遗传多样性提供基础数据。

1 材料与方法

1.1 样本来源与牙鲆基因组 DNA 提取

野生牙鲆从秦皇岛河东寨渔港收集,系用定置张网在附近海域捕获的。经外部鉴定,腹面全部白色,没有任何黑化痕迹的视为野生个体,而或多或少带有黑斑等黑化痕迹的视为放流个体而排除在外。样本体质量 1 800~4 700 g,全长 40~70 cm,计 90 尾。样本剪取尾鳍(0.1~0.2 g),使用苯酚/氯仿法提取 DNA,溶于 1×TE 中(pH8.0),4℃保存备用。

1.2 牙鲆基因组 DNA 微卫星分析

选取 Coimbra、Sekino^[6-7]等开发的 18 对引物,由上海生工公司合成,引物序列及退火温度见表 1。PCR 反应总体积为 15 μL,含 1 μL 模板 DNA,10 pmol 引物,100 μmol/L dNTPs,1.5 mmol 的 Mg^{2+} ,13.5 μL PCR 反应缓冲液,5 U/μL 的 TaqDNA 聚合酶 0.1 μL。PCR 反应中,首次循环前 94℃预变性 3 min,然后 94℃变性 30 s,每对引物的实际退火温度反应 30 s,72℃延伸 1 min,共 25 个循环;最后一个循环结束后 72℃延伸 10 min。PCR 反应结束后,加入 4 μL 溴酚蓝,然后经 8% 的非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳后,银染显色。电泳结果用 Gel-Pro Analyzer 4.5 凝胶分析软件分析确定 PCR 产物片段大小。据产物片段大小进行基因分型。

1.3 数据统计分析

利用 Popgene32 软件分析分型结果,统计各位点等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、Shannon 信息指数(S_i)、观测杂合度(H_o)、期望杂

合度(H_e)和多态信息含量(PIC);分别通过计算各个位点遗传平衡偏离指数(d)^[8]、遗传分化系数(F_{is})^[9]和 χ^2 检验^[10]统计分析了群体的 Hardy-Weinberg 遗传平衡状态。

2 结果与分析

图 1 为引物 Poli1TUF 扩增结果,18 个微卫星座位共扩增出 161 个等位基因。表 2 中所列为各个位点上遗传多样性参数。等位基因数为 7~11 个,平均 8.9 个;有效等位基因为 3.7~8.0,平均有效等位基因为 5.9;Shannon 指数(S_i)1.7~2.6,平均为 1.9;观测杂合度(H_o)为 0.41~0.88,平均值为 0.64;杂合度期望值(H_e)为 0.74~0.89,平均为 0.84;多态信息含量 0.69~0.86,平均值为 0.80。Hardy-Weinberg 遗传平衡分析结果见表 3,其中遗传平衡偏离指数(d),在 18 个微卫星位点中有 7 个明显偏离的遗传平衡,遗传分化系数(F_{is})有 8 个位点明显处于杂合子过量状态($F_{is}>0.1$), χ^2 检验结果表明各个微卫星座位中有 9 个位点显著偏离遗传平衡($P<0.05$)。

3 讨论

多态信息含量(PIC)是衡量遗传位点遗传信息含量高低的一个指标,数值大则说明遗传信息含量高,当 $PIC>0.5$ 时,为高度多态性座位^[12]。本研究选用的微卫星位点的多态信息含量平均值为 0.80,说明这些位点多态信息含量非常高,适合应用在需要可以负载较高遗传信息含量位点的遗传多样性研究中。本研究所用群体各个位点平均等位基因数为 8.9 个,说明该群体的遗传信息含量比较丰富。Shannon 指数是反映等位基因分布均一性的一个指标,一般分布在 1.5 到 3.5 之间,数值越高,等位基因分布越均匀^[11]。该群体各个位点的 Shannon 指数平均值为 1.9,说明该群体等位基因分布较均匀。杂合度反映了微卫星座位在群体中的遗传变异程度,杂合度越高,表明群体内遗传多样性就越高,遗传变异程度就越大,反之则群体内遗传变异程度就小^[13]。本研究的 18 个微卫星座位的平均观测杂合度为 0.64,平均期

表 1 引物信息
Tab. 1 Information of Primers

位点 locus	连锁群 link- age group	引物序列(5'–3') primer sequence(5'–3')	重复序列 repeat sequence	退火温度/°C annealing temperature	GenBank 登录号 GenBank assession no.
<i>Poli1TUF</i>	12	F:GATCTCTGGCTGAGTCAGCG R:TGAGTGTGAAGCCAAAGGC	(CA) ₃₉	52	AB037977
<i>Poli2TUF</i>	22	F:ACAATAGGATGCAGCTGCCT R:AAGCGCAAATTGTTATTCCG	(CA) ₂₅	57	AB037978
<i>Poli9TUF</i>	5	F:GATCTGCAGAAACACACACTCA R:GCGAGTTCTTCCTCAAATGC	(CA) ₂₀	62	AB037980
<i>Poli9-8TUF</i>	15	F:GAGAGACAGAAGGTCGTCAACGGTA R:ACAAAGACCACGATGCAAAGTGAC	(CA) ₁₂	64	AB037989
<i>Poli13TUF</i>	3	F:CACCTCCAGGTTCTACAGTCG R:TCCTGCACAGAGGATGAAAA	(CA) ₂₇	60	AB037982
<i>Poli18TUF</i>	3	F:CACGCACACACAAGCTCC R:CGTGGGGTGAGGTTATGG	(CA) ₁₄	57	AB037983
<i>Po25ATUF</i>	16	F:AGTCAGGTTTCAGGCCACTG R:CAGAAGTGTTGTCGCAGGAA	(GATG) ₁₀	60	AB046749
<i>Poli39TUF</i>	16	F:GGCCTTGTTGTGTCTGTGA R:ACCGAATGTGAATCTGAAAA	(CA) ₃₁	60	AB459333
<i>Poli58TUF</i>	--	F:GCCCCTCACTGAGACTGACA R:CAAGGTATAGAGCATGAGCAGGC	(CA) ₁₁ (GA) ₂ GC(GA) ₉	52	AB037988
<i>Poli104TUF</i>	11	F:GCCGCTCGCTGTTTCTCTC R:ACTGCTCCTCTTTGTGTCG	(CA) ₃₇	60	AB459342
<i>Poli107TUF</i>	6	F:TGGAAGAGATGTGCACTTGACTGTC R:AACTGTCACCTCTGAGTGGACCG	(CA) ₂₇	60	AB037990
<i>Poli121TUF</i>	15	F:ACTGCATGCATAACCAACAGTGTGT R:GGCTGAATTATTTGGAGCAGAAGGT	(CA) ₁₁	60	AB037993
<i>Poli123TUF</i>	20	F:TATCTGACCAGAACTGGAGGGTCTG R:GCGTGTGCATTTCGATATACATTTTG	(CA) ₃₅	64	AB037994
<i>Poli141TUF</i>	14	F:TATGCACAGTTTGAATGGGTGAATG R:TATGACTTCCAGTACGACGTGGTGA	(CA) ₃₂	52	AB086537
<i>Poli174TUF</i>	11	F:TAGAAACTGGCCTTCATGGTGTCTC R:ATGTCAGAGTTTGAAAGCAGCAACC	(CA) ₁₉	60	AB459445
<i>Poli80TUF</i>	--	F:TTCTGCATAATGAATGCAGTCCTC R:ACACGGCATGCAAATTACTACAGT	(CA) ₆ (T) ₂ (CA) ₁₆	54	AB057729
<i>Poli182TUF</i>	9	F:CAGTCAACACGGACTTCATCCTGAG R:TGAACACCTTTGAAAGACACCTTGA	(CA) ₂₈	60	AB459453
<i>Poli193TUF</i>	23	F:CTCCCAACTGAAGTGGATTGTGTTT R:GTACACCAAACCAAGCTCAGTCAT	(CA) ₂₁	60	AB459463

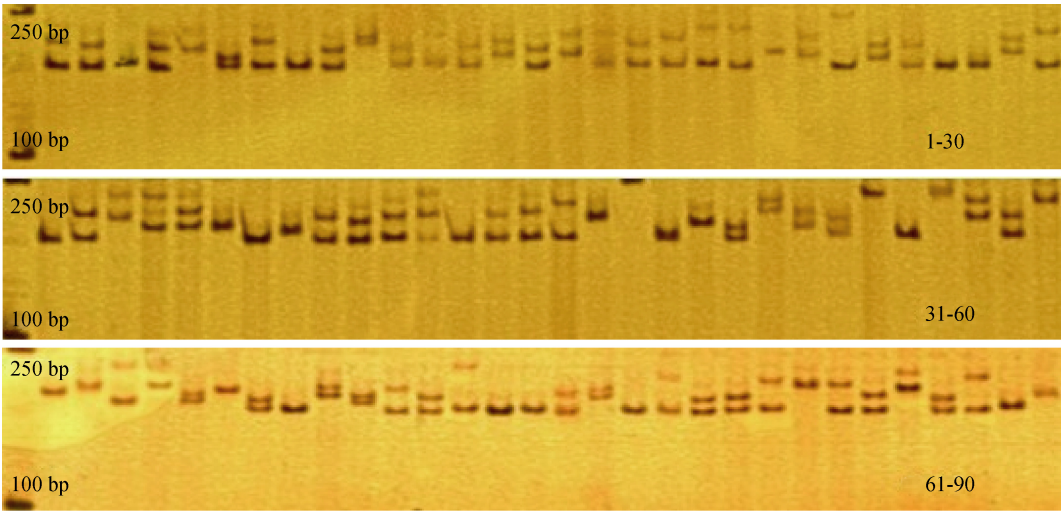


图 1 引物 *P1TUF* 扩增结果
Fig.1 Amplification results of primer *P1TUF*

表 2 秦皇岛海域野生牙鲆群体的遗传多样性参数
Table 2 Genetic diversity parameters of Qinhuangdao wild flounder population

位点 locus	等位基因 N_a	有效等位基因数 N_e	Shannon 指数 S_i	观测杂合度 H_o	期望杂合度 H_e	多态信息含量 PIC
<i>P9TUF</i>	10	8.00	2.16	0.53	0.89	0.86
<i>P9-8TUF</i>	7	3.70	1.48	0.53	0.74	0.69
<i>P13TUF</i>	8	4.38	1.73	0.41	0.78	0.74
<i>P18TUF</i>	9	6.74	2.03	0.87	0.87	0.84
<i>P25ATUF</i>	8	5.04	1.77	0.59	0.81	0.77
<i>P39TUF</i>	9	4.84	1.88	0.81	0.81	0.78
<i>P104TUF</i>	8	5.06	1.77	0.39	0.82	0.77
<i>P107TUF</i>	9	6.40	1.99	0.75	0.86	0.83
<i>P121TUF</i>	11	7.21	2.11	0.81	0.88	0.85
<i>P123TUF</i>	11	7.61	2.19	0.63	0.88	0.86
<i>P141TUF</i>	11	6.96	2.12	0.74	0.87	0.84
<i>P174TUF</i>	8	7.31	2.03	0.69	0.88	0.85
<i>P182TUF</i>	8	6.22	1.91	0.58	0.85	0.82
<i>P193TUF</i>	10	5.98	2.02	0.69	0.85	0.81
<i>P1TUF</i>	10	4.97	1.95	0.81	0.81	0.78
<i>P2TUF</i>	7	5.43	1.80	0.81	0.83	0.79
<i>P58TUF</i>	8	4.96	1.79	0.53	0.81	0.77
<i>P80TUF</i>	9	4.44	1.76	0.33	0.79	0.75
平均值 mean	8.9	5.9	1.9	0.64	0.84	0.80

望杂合度为 0.84, 说明秦皇岛海域野生牙鲆群体的遗传多样性处于较高水平。

在目前已经发表的有关牙鲆群体遗传结构分析的文献中, 刘云国等^[3]、刘海金等^[4]和邵长伟等^[5]

分析的群体均为养殖群体(表 4), 而 Sekino^[1]、王伟等^[2]分析的有野生群体。通过比较可以看出, 黄海牙鲆的平均等位基因为 6.7, Sekinio 报道的日本牙鲆为 16.5, 而秦皇岛牙鲆为 8.9, 处于中等状态; 从

表 3 秦皇岛海域野生牙鲆群体的 18 个微卫星位点的 Hardy-Weinberg 平衡参数
Tab. 3 Hardy-Weinberg equilibrium parameters of 18 microsatellite loci in Qinhuangdao wild flounder population

位点 locus	遗传平衡偏离指数 d	遗传分化系数 F_{is}	P
<i>P9TUF</i>	-0.40	0.39	0.00
<i>P9-8TUF</i>	-0.28	0.27	0.10
<i>P13TUF</i>	-0.48	0.47	0.00
<i>P18TUF</i>	0.01	-0.02	0.20
<i>P25ATUF</i>	-0.27	0.26	0.01
<i>P39TUF</i>	0.01	-0.02	0.31
<i>P104TUF</i>	-0.53	0.52	0.00
<i>P107TUF</i>	-0.13	0.01	0.00
<i>P121TUF</i>	-0.07	0.06	0.59
<i>P123TUF</i>	-0.08	0.27	0.01
<i>P141TUF</i>	-0.05	0.13	0.03
<i>P174TUF</i>	-0.21	0.20	0.08
<i>P182TUF</i>	-0.02	0.31	0.01
<i>P193TUF</i>	-0.19	0.17	0.06
<i>P1TUF</i>	0.00	-0.02	0.71
<i>P2TUF</i>	-0.02	0.00	0.05
<i>P58TUF</i>	-0.05	0.04	0.06
<i>P80TUF</i>	-0.08	0.07	0.00
平均值 mean	-0.23	0.22	-

杂合度来看, 秦皇岛群体的观测杂合度要低于日本群体和黄海群体, 但期望杂合度却高于二者; 从多态信息含量来看, 秦皇岛牙鲆高于日本和黄海野生群体。

Hardy-Weinberg 遗传平衡是群体内基因频率和基因型频率保持平衡的重要检验尺度^[14], χ^2 检验发现 18 个微卫星位点中有 9 个位点处于不平衡状态, 遗传平衡偏离指数和遗传分化系数分析结果显示, 有 7 个位点偏离遗传平衡, 8 个位点处于杂合子过量状态。分析表明整个群体已轻微处于遗传不平衡状态。这种遗传不平衡也存在于其他海域的牙鲆野生群体中, 在尤锋等^[15]、王蕾等^[16]、Sekino 等^[1]研究的野生群体中都存在偏离遗传平衡现象。Hardy-Weinberg 平衡定律表明自然群体总是趋向于遗传平衡状态, 由于人为原因如捕捞、放流等导致的野生群体遗传平衡偏离, 最终会导致野生群体等位基因丢失、遗传多样性遭到破坏。但是, 对于 Hardy-Weinberg 平衡指数, 各个物种是否存在差异, 就牙鲆来讲, 多少为适宜尚不得而知。

表 4 各种牙鲆群体的遗传多样性指数比较
Tab. 4 Genetic diversity parameters comparison between different Japanese flounder groups

群体 group	平均等位基因数 A	观测杂合度 H_o	期望杂合度 H_e	平均多态信息含量 PIC	文献来源 reference source
秦皇岛野生群体 QinHuangdao wild group	8.9	0.64	0.84	0.80	本研究 this study
日本野生群体 Japan wild group	16.5	0.79	0.81	0.86*	[1]
黄海野生群体 HuangHai wild group	6.7	0.92	0.81	0.76*	[2]
日本养殖群体 Japan cultured group	4.8	0.39	0.60		[5]

注: “*”表示根据相关文献数据计算所得。
Note: “*” means calculated according to related literature data.

与养殖群体比较, 野生群体的各项指标均高得显著(表 4)。对于养殖群体遗传多样性指数低的原因, 可能主要是现在各育苗场的产卵群体一般为人工养殖的后代, 无法回避近亲繁殖, 亲鱼更换频率低, 且野生牙鲆补充普遍很少。因此, 增加野生亲鱼的数量, 定期更换产卵亲鱼, 尤其是增加野生牙鲆将是提高放流牙鲆遗传多样性的第一

步。秦皇岛海域野生牙鲆群体是一个遗传信息含量丰富、等位基因分布比较均匀, 具有较高遗传多样性水平的野生牙鲆群体, 仍可以做一个种质资源宝库。利用野生牙鲆作为放流亲鱼可以改善放流群体的遗传多样性, 也是保护自然种群遗传多样性的有效途径。对于野生牙鲆群体的遗传特性应该持续观察下去。

参考文献:

- [1] Sekino M, Hara M, Taniguchi N. Loss of microsatellite and mitochondrial DNA variation in hatchery strains of Japanese flounder *Paralichthys olivaceus*[J]. Aquaculture, 2002, 213: 101–122.
- [2] 王伟, 尤锋, 高天翔. 山东近海牙鲆自然和养殖群体 10 个微卫星基因座位的遗传多态性分析[J]. 海洋与湖沼, 2004, 35(6): 530–537.
- [3] 刘云国, 陈松林, 李八方, 等. 牙鲆养殖群体遗传变异的微卫星标记研究[J]. 海洋水产研究, 2005, 26(5): 27–33.
- [4] 刘海金, 朱晓琛, 杨立更, 等. 牙鲆 5 个养殖群体的遗传多样性分析[J]. 中国水产科学, 2008, 15(1): 30–37.
- [5] 邵长伟, 廖小林, 田永胜, 等. 牙鲆 3 个养殖群体遗传结构的微卫星分析[J]. 渔业科学进展, 2009, 30(1): 30–46.
- [6] Coimbra M, Kobayashi K, Koretsugu S, et al. A genetic linkage map of the Japanese flounder[J]. Aquaculture, 2003, 220(1): 203–218.
- [7] Sekino M, Hara M. Application of Microsatellite Markers to Population Genetics Studies of Japanese Flounder *Paralichthys olivaceus*[J]. Mar Biotech, 2001, 3: 572–589.
- [8] Botstein D, White RL, Skolnick M. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms[J]. Am J Hum Genet, 1980, 32(3): 314–331.
- [9] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals[J]. Genetics, 1978, 89: 583–590.
- [10] Licc. J Population Genetics[M]. Chicago: University of Chicago Press, 1955: 300–412.
- [11] 徐成, 王可玲, 张培军. 鲈鱼群体生化遗传学研究[J]. 海洋与湖沼, 2000, 32(3): 249–253.
- [12] McDonald, John Wiley. Space, Time and Life[M]. Seattle: University of Washington Press, 2003: 109–120.
- [13] 乔利英, 袁亚男. 微卫星标记遗传多样性的度量指标及影响因素[J]. 中国畜牧兽医, 2010, 37(1): 101–111.
- [14] Stark A E. A clarification of the Hardy-Weinberg Law[J]. Genetics, 2006, 174: 1695–1697.
- [15] 尤锋, 王可怜, 相建海, 等. 山东近海褐牙鲆自然与养殖群体生化遗传结构及其遗传变异的比较分析[J]. 海洋与湖沼, 2001, 32(5): 512–520.
- [16] 王蕾, 张立冬, 万玉梅, 等. 褐牙鲆微卫星标记的筛选及遗传结构分析[J]. 遗传, 2009, 32(10): 1057–1064.

Genetic diversity analysis of the offshore Japanese flounder (*Paralichthys olivaceus*) population within Qinhuangdao, China

MA Xiaobing^{1,2}, WANG Guixing², LIU Haijin³, JIANG Xiufeng²

1. College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 200090, China;

2. Functional Laboratory of Flounder Breeding, Beidaihe Research Center, Chinese Academy of Fishery Science, Beijing 100141, China;

3. Environment and Resource Center, Chinese Academy of Fishery Science, Beijing 100141, China

Abstract: With the increase of fishery exploitation and environmental pollution, the stocks of Japanese Flounder (*Paralichthys olivaceus*) are becoming significantly reduced. Fish culture and artificial hatching will have to play a greater role in providing flounder sources. Germplasm degradation within fish culture and the effects of artificial hatches on the wild group are becoming an increasing concern. Therefore, analysis of the genetic diversity status of the wild flounder group at the DNA level is very important for protection of flounder germplasm resources. In this study, in order to provide the basic data to correctly evaluate the flounder germplasm resources and the genetic diversity of the wild group, 18 high level polymorphism microsatellite markers were used to screen a wild flounder group including 90 samples, captured in 2009 at the Qinhuangdao offshore area, Hebei Province, China. A total of 161 alleles were detected. Allele number in all 18 loci ranged from 7–11, with an average of 8.9. Effective allele number ranged from 3.7–8.0, with an average of 5.9. Polymorphism information content ranged

from 0.69–0.86, with an average of 0.80. The mean Shannon information index was estimated to be 1.9. The minimum observed heterozygosity was 0.33 and the maximum was 0.64 with the mean being 0.64. The minimum expected heterozygosity was 0.74, the maximum was 0.89 and the mean was 0.84. A total of nine loci were proved significantly deviated from the Hardy-Weinberg Equilibrium by the χ^2 test ($P < 0.05$). The results indicated that the offshore flounder population within Qinhuangdao is a valuable germplasm resource, rich in genetic information, and had an even allele distribution and a relatively high level of genetic diversity. As a measure of protecting the natural genetic diversity of the flounder population, reducing the impact of released groups on wild groups in an effective way and improving genetic diversity of the flounder group in the open sea, breeding fries for artificial hatches using wild flounders as brood-stocks is suggested. Because of the limited resource, brood-stocks in most hatcheries consisted largely of cultured flounders and a small number of wild flounders. Therefore, periodically changing spawn brood-stocks and increasing the number of wild brood-stocks will be the first step to increase the genetic diversity of released flounder groups, thereby reducing the impact of the hatch flounders being releasing to the open sea on wild flounder groups.

Key words: *Paralichthys olivaceus*; flounders; microsatellite marker; genetic diversity

Corresponding author: LIU haijin. E-mail: liuhaijin2005@126.com

《水产学报》2013 年征订启事

《水产学报》是由中国科协主管、中国水产学会主办、科学出版社出版的以反映我国水产科学技术成果为主的学术类核心期刊(中国科学引文数据库 CSCD 核心库和中国科学技术信息研究所核心库),中国科协“精品科技期刊示范项目”资助期刊,中信所“中国百种杰出学术期刊”。创刊于 1964 年,是中国水产科学研究领域历史最为悠久的刊物之一,是促进中国水产科学研究发展、加强国际间学术交流、展示中国水产科学领域最新科研成果与研究进展的重要平台。本刊主要刊载水产基础研究、水产养殖和增殖、渔业水域环境保护、水产品保鲜加工与综合利用、渔业机械仪器等方面的论文和综述。

本刊为月刊,每期 160 页,每期订价 49.00 元,全年订价 588.00 元。国内统一刊号:CN 31-1283/S,国际标准刊号:ISSN 1000-0615,国内邮发代号:4-297,国外发行代号:M-387。读者可在当地邮局办理订阅,破季、漏订或补订均可直接与编辑部联系。个人订户可享受 6 折优惠。

编辑部地址:上海市临港新城沪城环路 999 号 201 信箱(邮编:201306)

联系人:张美琼 电话:021-61900228, 传真:021-61900227

E-mail: mqzhang@shou.edu.cn; jfc@shou.edu.cn Website: www.scxuebao.cn