

Doi: 10.11840/j.issn.1001-6392.2017.01.002

大黄鱼种质遗传多样性研究进展

贾超峰, 刘海林, 许津, 张志勇, 张志伟, 陈淑吟, 祝斐

(江苏省海洋水产研究所 江苏省海水鱼类遗传育种重点实验室, 江苏 南通 226007)

摘 要: 遗传多样性能有效反映大黄鱼的遗传变异, 是评判其进化和适应能力的重要标志。目前有关大黄鱼种质遗传多样性的研究已取得丰富的成果; 形态学、同工酶和 DNA 分子等相关研究的结果显示: 大黄鱼遗传多样性较低, 各群体间的遗传差异较小。综述了有关大黄鱼遗传多样性的研究进展, 并就大黄鱼种群的划分、种质资源的管理和恢复问题作了探讨, 以期为大黄鱼遗传育种和种质保护工作提供参考。

关键词: 大黄鱼; 遗传多样性; 种群划分; 资源恢复

中图分类号: S917.4

文献标识码: A

文章编号: 1001-6932(2017)01-0012-07

A review on the germplasm genetic diversity of large yellow croaker (*Larimichthys crocea*)

JIA Chao-feng, LIU Hai-lin, Xu Jin, ZHANG Zhi-yong, ZHANG Zhi-wei, CHEN Shu-yin, ZHU Fei

(Jiangsu Key Laboratory of Genetics and Breeding of Marine Fish, Jiangsu Marine Fisheries Research Institute, Nantong 226007, China)

Abstract: Genetic diversity can reveal genetic variation of the large yellow croaker (*Larimichthys crocea*), and is an important indicator to evaluate the evolution and adaptation ability of the species. Up to date, related studies (such as morphology, isoenzyme and DNA molecular markers etc.) on the genetic diversity of the large yellow croaker indicated a relatively lower genetic diversity at the population level and there were no obvious genetic differentiation among populations. The aim of this review is to present an update of the knowledge generated so far on different aspects of the genetic diversity, classification of populations and germplasm management of large yellow croaker. This information will expand our knowledge and may contribute to genetic breeding and conservation of the large yellow croaker.

Keywords: large yellow croaker; genetic diversity; classification of populations; resource management

大黄鱼 (*Larimichthys crocea*) 为主要分布于我国近海的暖水性洄游鱼类, 作为著名的“四大海产”之一, 在我国海洋鱼类经济产业中占重要地位。20 世纪 70 年代以后, 由于过度捕捞导致大黄鱼渔业资源量急剧减少 (徐开达等, 2007)。近年来人工育苗和养殖技术的推广, 使得大黄鱼成为我国最重要的海水养殖鱼类之一。2012 年全国大黄鱼养殖产量已达 9.5 万吨, 取得了显著的经济效益 (许益铵等, 2014)。与此同时, 人工养殖大黄鱼普遍出现了生长速度变慢、成鱼个体小型化、肉品

质下降、抗病能力减弱、性早熟等现象, 对大黄鱼养殖产业的健康发展造成不利影响, 这可能与养殖大黄鱼遗传多样性的降低有着重要关系 (Lacy, 1987), 大黄鱼种质资源的研究与保护迫在眉睫。

迄今为止, 有关大黄鱼的遗传多样性已从形态特征、生化特征和分子生物学特征等不同层面进行了较为全面的研究。特别是随着分子标记技术和测序技术的迅猛发展, 从分子水平上探究大黄鱼的遗传多样性已成为揭示大黄鱼群体遗传变异的主要途径。本文在收集相关研究文献的基础上, 综述了大

收稿日期: 2015-10-14; 修订日期: 2016-01-05

基金项目: 江苏省农业科技支撑-水产三新重大项目 (D2014-15); 南通市关键技术研究项目 (MS22015023); 江苏省公益科研院所能力提升项目 (BM2015017-3)。

作者简介: 贾超峰 (1988-), 男, 硕士, 研究实习员, 主要从事海水鱼类遗传育种研究。电子邮箱: chaofeng.124@163.com。

通讯作者: 张志勇, 研究员。电子邮箱: 13906292412@139.com。

黄鱼遗传多样性研究情况, 介绍了该领域的最新进展, 并对大黄鱼种群划分以及种质资源的管理和恢复等问题作了探讨。

1 大黄鱼遗传多样性研究

1.1 形态学研究

形态学方法是研究鱼类遗传多样性的传统途径, 具有简单、快速、直观的特点, 在当前大黄鱼种质鉴定和遗传育种等工作中依然扮演着不可替代的作用。通过对形态数据和框架数据进行多元分析, 建立量化判别, 较传统形态学研究方法可以获得更加准确的结果。丁文超等 (2009) 通过对传统形态学数据与框架数据进行综合分析, 比较了大黄鱼岱衢洋家系、官井洋家系和正、反交家系 4 个家系间的形态差异, 取得了与同工酶和 RAPD 遗传差异分析相一致的结果。尽管如此, 由于鱼类形态特征受到多种因素的影响, 形态学分析的结果往往难以准确反映遗传上的差异, 还需借用分子生物学等手段进行补充和验证。

1.2 同工酶研究

同工酶电泳技术具有简便、灵敏、快速等特点, 能够间接反映基因组水平的变异, 研究结果可以在物种或种群水平上进行比较研究, 在鱼类遗传多样性研究中应用较多。王军等 (2001) 采用 9 种同工酶对取自宁德官井洋和厦门火烧屿的大黄鱼养殖和野生群体 15 个基因座位进行分析, 发现野生群体有 3 个基因座位呈现出多态性, 而养殖群体仅在 IDDH-1 基因座位具有多态性, 野生群体存在着更丰富的遗传变异。陈锦等 (2010) 采用不连续聚丙烯酰胺凝胶电泳技术对采自福建的 2 个野生群体和 2 个养殖群体遗传结构的等位酶研究发现, 4 个群体间的遗传分化很低。

1.3 DNA 分子标记研究

DNA 分子标记技术可以从 DNA 水平上揭示生物的遗传多样性水平, 具有更高的多态性、灵敏性、稳定性和准确性, 已成为研究鱼类遗传多样性的主要手段。目前应用于大黄鱼遗传多样性研究的分子标记技术主要有: 随机扩增多态性 DNA (Random Amplified Polymorphic DNA, RAPD), 扩增片段长度多态性 (Amplified Fragment Length Polymorphism, AFLP), 简单重复序列 (Simple Se-

quence Repeats, SSR) 和 DNA 序列 (DNA Sequence) 标记等。

1.3.1 RAPD RAPD 技术的应用无需经过繁琐的开发过程, 费用低、效果好。与同工酶技术相比, RAPD 技术能检测到更多的谱带, 用于群体遗传多样性分析更加灵敏和准确 (李明云 等, 2004)。丁诗华等 (2006) 利用 RAPD 技术研究了大黄鱼岱衢洋选育群体和官井洋养殖群体的遗传多样性, 结果表明选育群体的遗传多样性水平低于养殖群体, 出现了种质衰退现象。黄勤等 (2007) 运用 RAPD 技术和 4 种 OPV 引物, 对采自福建平潭和罗源的 3 份养殖大黄鱼样品进行遗传多样性分析, 显示其中 2 个群体部分已知位点的基因型频率存在明显的差异, 表明养殖群体之间可以出现某种程度的遗传分化。

1.3.2 AFLP AFLP 分子标记技术克服了 RAPD 技术重复性差的弱点, 随着近年来研究人员对这一技术的不断完善和发展, AFLP 已成为最为有效的分子标记技术之一 (姚红伟 等, 2009)。王志勇等 (2002) 和刘洋等 (2015) 分别对官井洋地区的野生种群和养殖种群遗传多样性做了 AFLP 分析, 发现 2002-2015 年, 该地区野生和养殖群体多态位点比例分别从 76.6 % 和 69.9 % 下降至 63.93 % 和 63.11 %。娄剑锋等 (2015) 利用 AFLP 技术对岱衢洋大黄鱼人工繁育 F2 代与官井洋大黄鱼人工繁育多代的养殖群体遗传多样性比较显示, 前者具有更高的遗传多样性, 2 群体间出现了较为显著的遗传分化。

1.3.3 SSR SSR 标记具有分布广泛、多态性高、共显性遗传以及扩增稳定等优点, 被广泛应用于鱼类遗传育种和种质资源评定等众多研究领域。而开发出一批具有多态性的 SSR 引物则是 SSR 标记应用的基础, 传统的大黄鱼 SSR 开发方法主要有基因组文库法 (林能锋 等, 2005)、富集文库法 (Guo et al, 2005; An et al, 2005; Chang et al, 2009; 郝君 等, 2006; Ye et al, 2012; 林能锋 等, 2012)、EST 文库法 (Zhou et al, 2010; Ye et al, 2010), 研究人员分别采用这些方法筛选获得了 2 对、87 对和 22 对 SSR 引物。近年来, 随着测序技术的进步和成本的降低, 利用测序技术快速开发大黄鱼 SSR 正在成为一种新趋势 (Lü et al, 2013)。

随着一批高质量 SSR 引物的开发, SSR 标记在大黄鱼遗传多样性研究上的应用也越来越广泛。赵广泰等 (2010) 利用 13 个 SSR 标记研究了大黄鱼“官井洋优快 01”品系连续 4 代选育群体遗传多样性变化,发现随着选育的进行, F_1 到 F_4 代的期望杂合度 (H_e) 从 0.693 降至 0.581。Wu 等 (2011) 采用 SSR 标记对 1 个野生群体、4 个养殖群体和 1 个选育群体的遗传多样性比较结果也表明, 3 种群体的遗传多样性渐次下降, 即野生群体>养殖群体>选育群体。Wang 等 (2012) 对 5 个养殖群体和 3 个野生群体的遗传多样性研究结果显示, 养殖群体和野生群体的期望杂合度 (H_e) 分别为 0.462~0.571 和 0.591~0.649, 低于海水鱼类的平均水平 ($H_e=0.79$)。林能峰等 (2012) 采用 SSR 标记对大黄鱼种群遗传结构进行分析的结果表明, 大黄鱼不同群体间存在着较强的基因流。认为主要原因可能是人工养殖大黄鱼的原始亲本群体较小, 近亲繁殖现象较为严重以及在种苗生产和销售中存在相当频繁的跨地域交流。近年来, 一些新型 SSR 研究方法的应用, 大大提高了研究的效率和准确性。武祥伟等 (2011) 采用荧光标记 SSR (fSSR) 技术进行了大黄鱼亲子鉴定的研究。结果显示在使用 6 对引物的情况下, 大黄鱼 2 个种群的亲子鉴定率超过 99%。与常规的聚丙烯酰胺法相比, 该方法能检测更多的目的条带, 可重复性强, 检测效率为常规方法的 6~10 倍。除荧光标记技术外, SSR 多重 PCR 体系的建立 (李佳凯等, 2014) 也为 SSR 标记技术的广泛应用提供了便利。

1.3.4 DNA 序列标记 RAPD、AFLP、SSR 等标记均是以电泳谱带来反映结果, DNA 模板质量和谱带统计误差均会对结果的估算产生影响, 需用较多的引物扩增, 得出足够的统计数据才能更为真实的反映群体间的差异状况。而 DNA 序列标记能够直接反映种群的 DNA 遗传信息, 可以准确分析各群体的遗传多样性水平、群体间的系统分化和遗传差异程度, 成为群体遗传学和分子系统学研究的重要工具之一, 并已作为动物 DNA 条形码应用于物种鉴定领域 (Hebert et al, 2003)。

线粒体 DNA (mitochondrial DNA, mtDNA) 以其进化速率快、母系遗传等特点成为目前研究最多的序列标记。非编码的线粒体控制区 (D-Loop) 序列较编码区序列含有更为丰富的遗传变异, 更适

于大黄鱼遗传多样性的研究。毛勇等 (2010) 分析了闽-粤东族和岱衢族大黄鱼群体 47 个个体的 mtDNA 控制区基因序列, 共获得 10 个单倍型, 其中闽-粤东族 10 个, 岱衢族 3 个, 仅 Hap03 为共享单倍型, 并认为该单倍型为大黄鱼的祖先单倍型, 其他单倍型由其衍生而来。所有个体的平均单倍型多样性 (H_d) 为 0.470, 核苷酸多样性 (π) 为 0.006 50, 群体遗传变异处于较低水平。另外, 线粒体 CO I 基因由于进化速率适中, 在物种鉴定中应用广泛, 也常被用于群体间遗传差异分析。陈淑吟等 (2011) 利用线粒体 CO I 基因序列比较了江苏海域大黄鱼野生群体与浙江、福建养殖群体的遗传差异, 显示江苏野生大黄鱼遗传多样性高于后二者。Wang 等 (2013) 用线粒体 CO I 和 Cyt b 基因对采自东海和黄海 5 个群体进行了系统进化分析, 发现他们分属于 2 个进化分支, 其中 A 支的遗传多样性高于 B 支。

线粒体 DNA 的序列变异研究大都以直接测序的方式进行, 而核基因及其他基因组序列变异由于比例相对较低, 通过测序方式研究成本较高, 因此多以分别对特定单核苷酸多态性 (single nucleotide polymorphism, SNP) 分型的方式进行研究。SNP 分型方式也更加多样化, 并且正朝着更加简便、高效和低成本的方向发展。薛良义等 (2008) 和杨斌等 (2010) 分别采用 SSCP 和测序的方法研究了大黄鱼肌肉生长抑制素基因 (*MSTN*) 外显子 I 和外显子 II 遗传多态性, 显示 *MSTN* 基因外显子 II 在遗传过程更为保守, 但二者均低于 *MSTN* 基因 SSR 序列多态性。从功能基因中获得的 SNP 位点, 常常与生物特定表型性状间存在一定相关性, 在遗传育种和疾病控制方面具有更大的应用价值。Ni 等 (2012) 分别对浙江和福建 2 个大黄鱼养殖群体的 *GH* 基因进行 SSCP 分析后发现, 2 个群体在 *GH* 基因序列上分别存在 1 个 SNP 位点, 每个位点检测到 2 种基因型, 不同基因型个体表型性状存在显著差异。随着大黄鱼全基因组测序的完成 (Wu et al, 2014) 和 SNP 分型技术的进步, 大黄鱼 SNP 标记技术的应用正迎来一个飞速发展的时期。Jiang 等 (2015) 从大黄鱼全基因组序列中获得的 44 个 SNP 位点用于对浙江、福建、海南 3 个野生群体和 1 个福建养殖群体的遗传多样性分析, 4 个群体的期望杂合度 (H_e) 为 0.273~0.320, 多态信息含量

(*PIC*) 为 0.215~0.247, 处于较低水平, 海南群体与其余群体的遗传距离最远。此外, Wang 等 (2015) 和 Jiang 等 (2015) 采用 MassARRAY 技术从大黄鱼基因序列中分别筛选出了 15 和 42 个 SNP 位点, 这将为 SNP 标记技术在大黄鱼遗传多样性研究上的应用提供更多便利。

2 大黄鱼种群划分的探讨

目前国内对大黄鱼种群的划分还存在一些争议。20 世纪 60 年代徐恭昭等 (1962) 依据大黄鱼形态学和生态学特征的差别将中国沿海大黄鱼由北至南分成岱衢族、闽-粤东族和硃洲族 3 个地理种群, 此后的多数文献也采用这一划分。但形态学分析的结果受诸多因素的影响, 这种划分的准确性值得商榷。近年来, 越来越多的证据表明岱衢族和闽-粤东族大黄鱼应为同一个地理种群。徐兆礼等 (2011) 研究了大黄鱼的洄游路线并结合标志放流回捕数据, 认为台湾以北大黄鱼的不同群体间有随机混栖和生殖交流的情况, 岱衢族和闽-粤东族应为同一个种群, 即东-黄海种群。张其永等 (2011) 参考大黄鱼的分布范围、洄游路线和亲缘关系, 也得出了类似的结论。目前采用 RAPD (丁诗华等, 2006; 黄良敏等, 2007; 李明云等, 2004)、AFLP (Huang et al, 2012)、SSR (黄振远等, 2011; 王文文等, 2009)、线粒体 CO I 基因 (陈淑吟等, 2011) 等方法对岱衢族和闽-粤东族大黄鱼群体进行的遗传结构研究, 结果均显示这些群体间存在着广泛的基因流动, 遗传距离很近, 差异不大。而林能峰等 (2012)、Wang 等 (2014) 和 Jiang 等 (2015) 分别通过 SSR、mtDNA 控制区序列和 SNP 对硃洲族大黄鱼的研究结果则显示其遗传结构与岱衢族和闽-粤东族大黄鱼间存在一定差异。另外, 考虑到洋流在台湾海峡北部形成的天然屏障, 李明云等 (2013) 提出的将大黄鱼分为南黄海-东海和台湾海峡-南海 2 个地理种群可能更为合适。

值得注意的是, 大黄鱼在春秋两季均可产卵。徐恭昭等 (1963) 发现这两个季节产卵的大黄鱼性腺发育是不连续的, 认为是具有不同生殖期的 2 个群体, 即“春综”群体和“秋综”群体。关于这 2 种群体的分子生物学研究尚未见报道, 其真实身份

值得研究。刘必谦等 (2005) 发现大黄鱼有 2 种不同的耳石形态, 据此将大黄鱼分为 I 型与 II 型, 并通过 AFLP 分析验证了这一观点。此外, Wang 等 (2013) 用线粒体 CO I 和 Cyt *b* 基因对采自东海和黄海的 5 个群体进行的系统进化分析也发现, 这些群体分属于 2 个进化分支, 即 A 支和 B 支。上述研究中的大黄鱼 I 型和 II 型、A 支和 B 支即可能是徐恭昭所说的“春综”和“秋综”群体。然而, 以上研究间的关联性如何以及大黄鱼中是否真的存在彼此混栖的 2 个群体还需进一步研究。

3 大黄鱼种质资源的管理与恢复

开展大黄鱼人工增殖放流是增加、恢复其资源量的有效方法。一般而言, 放流一万尾大黄鱼苗, 一年即可产生 440 kg 的大黄鱼资源和 1 500 尾亲体, 第二年投入产出比可达 1:15 以上 (丁爱侠等, 2011)。得益于增殖放流措施的实施, 近年来自然海区大黄鱼资源量也在逐年增加, 2012 年大黄鱼捕捞量已达 7.1 万吨 (许益铨等, 2014), 取得了显著的经济、社会和生态效益, 大黄鱼资源恢复工作已取得阶段性成果。如何在现有种质资源条件下提高大黄鱼遗传多样性水平, 成为大黄鱼种质资源管理的下一目标。通过科学的育种手段和遗传管理操作, 有助于保持乃至提高物种的遗传多样性。Basiao 等 (1984) 的研究表明, 在科学而严格的遗传管理下, 尼罗罗非鱼 (*Oreochromis niloticus*) 经过 20 多年的养殖后仍能保持较高的遗传变异水平。

从线粒体控制区序列分析结果来看, 大黄鱼群体单倍型多样性 (H_d) 为 0.470, 核苷酸多样性 (π) 为 0.006 50 (Mao et al, 2010), 而在其近缘种小黄鱼 (*Larimichthys polyactis*)、棘头梅童鱼 (*Collichthys iucius*) 和鲢鱼 (*Müuy croaker*) 中, 单倍型多样性 (H_d) 和核苷酸多样性 (π) 分别为 0.999 3、0.934 7、0.993 3 和 0.012 33、0.017 50、0.009 70 (郑文娟等, 2012; 郑德锋等, 2011; Cheng et al, 2011)。大黄鱼群体遗传多样性水平明显偏低, 这对大黄鱼种质资源的恢复的确不利。通过加强遗传管理, 采取维持育苗亲本的适当数量、选择遗传变异高的个体进行人工繁殖、定期更换亲鱼、避免近交衰退等措施, 对大黄鱼种质遗传多样性的改善具有积极作用。李明云等 (2004) 认为象

山港养殖大黄鱼的遗传多样性高于官井洋养殖大黄鱼的主要原因,是在象山港大黄鱼的人工育苗过程中对亲本进行了选优,避免使用个体过小的亲鱼。丁诗华等(2006)的研究表明,岱衢族大黄鱼经过几代选育后,其基因多样性可能得到了改良。许益铵等(2014)的 SSR 分析结果显示,舟山市水产研究所耐低温 F_2 种群的有效等位基因数 (N_e)、观测杂合度 (H_o) 和期望杂合度 (H_e) 均高于另外 2 个网箱养殖群体。在“官井洋优快 01”品系选育过程中也发现,选育 F_2 代大黄鱼较 F_1 代表现出更高的遗传多样性(赵广泰等, 2010)。另外, Huang 等(2012)的研究显示闽-粤东族(♀)和岱衢族(♂)大黄鱼杂交子代的遗传多样性高于其父母本,说明种内杂交有可能改善后代遗传多样性。以上研究表明,在大黄鱼的人工繁育过程中实施科学的繁育和养殖管理措施是十分必要和行之有效的。2012 年,位于福建宁德的大黄鱼国家级原种场通过验收和批准,更是为大黄鱼种质资源的恢复提供了有力保障。

4 小结与展望

研究表明:1) 我国大黄鱼的遗传多样性处于一个相对偏低的水平;2) 养殖大黄鱼的遗传多样性较野生群体出现了一定程度的下降,不同养殖群体之间也可能产生遗传分化;3) 选育一般会导致遗传多样性的降低,但遗传背景较好、亲缘关系较远的个体的导入有可能改善育种群体的遗传状况;4) 岱衢族大黄鱼和闽-粤东族大黄鱼之间,以及野生和养殖群体之间均存在着广泛的基因流动,遗传差异不大。

作为一种生殖和季节性洄游鱼类,大黄鱼种群分布一直处于动态变化的状态,这为大黄鱼群体研究造成了困难。且由于受到研究方法、实验条件和研究材料不同等因素影响,大多数研究的重复性较差,且结果缺乏可比性。研究中尽可能使用多种方法进行分析,特别是采用重复性高的 SSR 标记与 mtDNA 序列标记结合的策略,并收集尽可能多的样本进行研究可提高结果的可靠性。此外,随着以多重 PCR 技术、毛细管电泳技术、新一代测序技术和 SNP 快速分型技术为代表的现代分子生物技术的快速发展和应用,大黄鱼遗传多样性研究正变

得越来越准确和快捷。同时,国内外在生物多样性原始数据的共享上所做的努力也将为更大尺度上的遗传研究提供便利(黄晓磊等, 2014)。大黄鱼全基因组测序工作的完成更将为大黄鱼遗传多样性研究、保护和恢复提供重大帮助。随着研究的深入,关于大黄鱼种群划分的争议,以及“春综”、“秋综”之谜都将迎刃而解。

参 考 文 献

- An H S, Cho K C, Park J Y, 2005. Eleven new highly polymorphic microsatellite loci in the yellow croaker, *Pseudosciaena crocea*. *Molecular Ecology Notes*, 5 (4) : 866–868.
- Basiao Z U, Taniguchi N, 1984. An investigation of enzyme and other protein polymorphisms in Japanese stocks of the tilapia *Oreochromis niloticus* and *Tilapia zillii*. *Aquaculture*, 38 (4) : 335–345.
- Chang Y M, Ding L, Wang W W, et al, 2009. Isolation and characterization of 11 microsatellite markers for the large yellow croaker, *Pseudosciaena crocea*. *Conservation genetics*, 10 (5) : 1405–1408.
- Cheng Y Z, Jin X X, Shi G, et al, 2011. Genetic diversity and population structure of miuy croaker populations in East China Sea revealed by the mitochondrial DNA control region sequence. *Biochemical Systematics and Ecology*, 39 (4) : 718–724.
- Guo W, Wang Z Y, Wang Y L, et al, 2005. Isolation and characterization of six microsatellite markers in the large yellow croaker (*Pseudosciaena crocea* Richardson). *Molecular Ecology Notes*, 5 (2) : 369–371.
- Hebert P D, Ratnasingham S, De Waard J R, 2003. Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 270 (Suppl 1) : 96–99.
- Huang Z Y, Wu C W, Su Y Q, et al, 2012. Assessment of genetic differentiation in the large yellow croaker, *Pseudosciaena crocea* Richardson, and its first hybrid filial generations with AFLP markers. *Gene*, 510 (2) : 189–192.
- Jiang L H, Chen Y J, Zhang J S, et al, 2015. Population structure of large yellow croaker (*Larimichthys crocea*) revealed by single nucleotide polymorphisms. *Biochemical Systematics and Ecology*, 63: 136–142.
- Jiang L H, Zhu A Y, Zhang J S, et al, 2015. Development of forty-two single-nucleotide polymorphism markers in large yellow croaker (*Larimichthys crocea*). *Journal of Genetics*, 94: e31–e34.
- Lacy R C, 1987. Loss of genetic diversity from managed populations: interacting effects of drift, mutation, immigration, selection, and population subdivision. *Conservation Biology*, 1: 143–158.
- Lü Z M, Li H M, Liu L Q, et al, 2013. Rapid development of microsatellite markers from the large yellow croaker (*Pseudosciaena crocea*) using next generation DNA sequencing technology. *Biochemical Sys-*

- tematics and Ecology, 51: 314–319.
- Ni J, You F, Xu J H, et al, 2012. Single nucleotide polymorphisms in intron 1 and intron 2 of *Larimichthys crocea* growth hormone gene are correlated with growth traits. *Chinese Journal of Oceanology and Limnology*, 30: 279–285.
- Wang L, Shi X F, Su Y Q, et al, 2012. Loss of genetic diversity in the cultured stocks of the large yellow croaker, *Larimichthys crocea*, revealed by microsatellites. *International Journal of Molecular Sciences*, 13 (5): 5584–5597.
- Wang L, Shi X F, Su Y Q, et al, 2013. Genetic divergence and historical demography in the endangered large yellow croaker revealed by mtDNA. *Biochemical Systematics and Ecology*, 46: 137–144.
- Wang P P, Xiao S J, Han Z F, et al, 2015. SNP discovery in large yellow croaker (*Larimichthys crocea*) using Roche 454 pyrosequencing sequencing platform. *Conservation Genetics Resources*, 7 (4): 777–779.
- Wang Z D, Chen C, Guo Y S, et al, 2014. High sequence variation and low population differentiation of mitochondrial control regions of wild Large yellow croaker in South China Sea. *Biochemical Systematics and Ecology*, 56: 151–157.
- Whitmore D H, 1990. Electrophoretic and isoelectric focusing technique in fisheries management. Boston: CPC Press, 28–30.
- Wu C W, Zhang D, Kan M Y, et al, 2014. The draft genome of the large yellow croaker reveals well-developed innate immunity. *Nature Communications*, 5: 5227–5233.
- Wu X W, Liu X D, Cai M Y, et al, 2011. Genetic analysis of farmed and wild stocks of large yellow croaker *Larimichthys crocea* by using microsatellite markers. *African Journal of Biotechnology*, 10 (30): 5773–5784.
- Ye H, Ren P, Zhao G T, et al, 2012. Isolation and characterization of polymorphic microsatellite loci in large yellow croaker, *Larimichthys crocea*. *Acta Oceanologica Sinica*, 31 (4): 149–153.
- Ye H, Wang X Q, Gao T X, et al, 2010. EST-derived microsatellites in *Pseudosciaena crocea* and their applicability to related species. *Acta Oceanologica Sinica*, 29 (6): 83–91.
- Zhou P, Zhang Z P, Wang Y L, et al, 2010. EST analysis and identification of gonad-related genes from the normalized cDNA library of large yellow croaker, *Larimichthys crocea*. *Comparative Biochemistry and Physiology Part D: Genomics and Proteomics*, 5 (2): 89–97.
- 陈慧, 陈武, 林国文, 等, 2007. 官井洋种群网箱养殖大黄鱼形态特征与生长式型. *海洋渔业*, 29 (4): 331–336.
- 陈锦, 黎中宝, 方秀, 等, 2010. 大黄鱼野生与养殖群体遗传结构的比较研究. *海洋科学*, 34 (2): 45–48.
- 陈淑吟, 徐士霞, 张志勇, 等, 2011. 大黄鱼野生群体与养殖群体遗传多样性研究. *海洋科学*, 35 (12): 82–87.
- 丁爱侠, 贺依尔, 2011. 岱衢族大黄鱼放流增殖试验. *南方水产科学*, 7 (1): 73–77.
- 丁诗华, 黄丽英, 张海琪, 等, 2006. 大黄鱼 (*Pseudosciaena crocea*) 岱衢洋选育群体和官井洋养殖群体的遗传差异分析. *海洋与湖沼*, 37 (1): 41–46.
- 丁文超, 李明云, 管丹冬, 等, 2009. 大黄鱼 4 个家系的形态差异分析. *宁波大学学报 (理工版)*, 22 (2): 185–190.
- 郝君, 孙效文, 梁利群, 等, 2006. 大黄鱼微卫星标记的富集与筛选. *中国水产科学*, 13 (5): 762–766.
- 黄良敏, 谢仰杰, 苏永全, 2007. 闽-粤东族与岱衢族养殖大黄鱼的遗传多样性研究. *厦门大学学报 (自然科学版)*, 45 (6): 836–840.
- 黄勤, 陈曦, 杨金先, 等, 2007. 福建养殖大黄鱼 (*Pseudosciaena crocea*) RAPD 标记及多态性调查. *福建农业学报*, 22 (2): 130–135.
- 黄晓磊, 乔格侠, 2014. 生物多样性数据共享和发表: 进展和建议. *生物多样性*, 22 (3): 293–301.
- 黄振远, 苏永全, 张建设, 等, 2011. 闽粤群和岱衢群养殖大黄鱼 (*Pseudosciaena crocea*) 及其杂交子代遗传差异的 SSR 分析. *海洋与湖沼*, 42 (4): 592–596.
- 李佳凯, 王志勇, 韦信键, 等, 2014. 大黄鱼微卫星多重 PCR 体系的建立及其应用. *水产学报*, 38 (4): 471–476.
- 李明云, 苗亮, 陈炯, 等, 2013. 基于种群生态学概念论大黄鱼种群的划分. *宁波大学学报 (理工版)*, 26 (1): 1–5.
- 李明云, 张海琪, 薛良义, 等, 2004. 网箱养殖大黄鱼遗传多样性的同工酶和 RAPD 分析. *中国水产科学*, 10 (6): 523–525.
- 林能锋, 苏永全, 丁少雄, 等, 2012. 大黄鱼群体遗传多样性的微卫星 DNA 分析. *福建农业学报*, 27 (7): 661–666.
- 林能锋, 许斌福, 曾红, 2005. PCR 法筛选大黄鱼微卫星 DNA. *福建畜牧兽医*, 27 (2): 7–8.
- 刘必谦, 董闻琦, 王亚军, 等, 2005. 岱衢族大黄鱼种质的 AFLP 分析. *水生生物学报*, 29 (4): 413–416.
- 刘洋, 武祥伟, 吴雄飞, 等, 2015. 大黄鱼 (*Larimichthys crocea*) 浙江岱衢族养殖群体与福建闽-粤东族群体遗传多样性分析. *西南大学学报 (自然科学版)*, 37 (8): 6–12.
- 娄剑锋, 雷世勇, 竺俊全, 等, 2015. 岱衢洋与官井洋大黄鱼养殖群体遗传多样性的 AFLP 分析. *海洋科学进展*, 33 (3): 361–366.
- 毛勇, 蒋秋芬, 曾华嵩, 等, 2010. 大黄鱼线粒体 DNA 控制区遗传多样性分析. *厦门大学学报 (自然科学版)*, 49 (3): 440–444.
- 田明诚, 徐恭昭, 余日秀, 1962. 大黄鱼形态特征的地理变异与地理种群问题, 北京: 科学出版社, 79–97.
- 王军, 全成干, 2001. 官井洋大黄鱼遗传多样性的 RAPD 分析. *海洋学报*, 23 (3): 87–91.
- 王文文, 常玉梅, 梁利群, 2009. 微卫星分析四个大黄鱼群体的遗传多样性. *水产学杂志*, 22 (2): 6–11.
- 王志勇, 邱淑贞, 2002. 福建官井洋大黄鱼 AFLP 指纹多态性的研究. *中国水产科学*, 9 (3): 198–202.
- 武祥伟, 刘贤德, 王志勇, 2011. iSSR 分析技术的建立及在大黄鱼 (*Larimichthys crocea*) 亲子鉴定中的应用. *海洋通报*, 30 (4): 419–424.
- 徐恭昭, 罗秉征, 王可玲, 1962. 大黄鱼种群结构的地理变异. *海洋科学集刊*, 2: 98–109.

- 徐恭昭, 田明诚, 郑文莲, 1963. 大黄鱼 *Pseudosciaena crocea* (Richardson) 的种族, 北京: 科学出版社, 39-46.
- 徐开达, 刘子藩, 2007. 东海区大黄鱼渔业资源及资源衰退原因分析. 大连水产学院学报, 22 (5): 392-396.
- 徐兆礼, 陈佳杰, 2011. 东黄海大黄鱼洄游路线的研究. 水产学报, 35 (3): 429-437.
- 许益铨, 柳敏海, 油九菊, 等, 2014. 舟山附近海域 3 个大黄鱼养殖群体遗传多样性的微卫星分析. 浙江海洋学院学报 (自然科学版), 33 (2): 140-146.
- 薛良义, 李婷, 孙升, 等, 2008. 大黄鱼肌肉生长抑制素基因外显子 I 遗传多态性分析. 水产科学, 27(10): 503-506.
- 杨斌, 薛良义, 叶秀丽, 等, 2010. 大黄鱼肌肉生长抑制素基因外显子 II 遗传多态性分析. 海洋通报, 29 (5): 554-559.
- 姚红伟, 袁霞, 付鑫, 等, 2009. AFLP 分子标记技术及其在水产动物中的应用. 现代渔业信息, 24 (7): 22-24.
- 张其永, 洪万树, 杨圣云, 等, 2011. 大黄鱼地理种群划分的探讨. 现代渔业信息, 26 (2): 3-8.
- 赵广泰, 刘贤德, 王志勇, 等, 2010. 大黄鱼连续 4 代选育群体遗传多样性与遗传结构的微卫星分析. 水产学报, 34 (4): 500-508.
- 郑德锋, 赵金良, 周文玉, 2011. 棘头梅童鱼线粒体控制区的序列变异与群体遗传结构. 渔业科学进展, 32 (2): 34-40.
- 郑文娟, 来育洪, 尤昕煜, 等, 2012. 舟山小黄鱼线粒体 DNA D-loop 区序列变异的遗传多样性分析. 动物学研究, 33 (3): 329-336.

(本文编辑: 袁泽轶)