

5 个红鳍东方鲀养殖群体微卫星 DNA 遗传多态性分析

陆丽君¹ 马爱军^{1*} 王新安¹ 岳亮¹ 孟雪松²
翟介明³ 谭林涛⁴ 侯仕营⁴

(¹ 农业部海洋渔业可持续发展重点实验室 青岛市海水鱼类种子工程与生物技术重点实验室
中国水产科学研究院黄海水产研究所, 青岛 266071)

(² 大连天正实业有限公司, 116000)

(³ 莱州明波水产有限公司, 264500)

(⁴ 乳山市水产技术推广站, 261400)

摘要 对中国国内主要养殖区域红鳍东方鲀种质资源情况进行调查, 采用微卫星标记分析技术, 选用 20 对微卫星引物, 对国内来自不同养殖区的 5 个红鳍东方鲀养殖群体: 文登群体(WD)、莱州群体(LZ)、日本群体 1(J1)、日本群体 2(J2)、唐海群体(THQ), 进行遗传多样性分析。实验结果显示, 12 对引物具有多态性。5 个群体的等位基因数为 2~8 个不等; 平均观测杂合度分别为 0.27、0.26、0.18、0.25、0.20; 平均期望杂合度分别为 0.55、0.57、0.69、0.71、0.62; 平均多态信息含量排列顺序为 J2(0.65) > J1(0.63) > THQ(0.55) > LZ(0.51) > WD(0.48)。分析结果表明, 1) WD 和 LZ 群体间遗传距离最小, 为 0.233 6; LZ 与 J1 群体间遗传距离大, 为 0.624 2; 2) WD 群体遗传多样性为中度多态(0.25 < PIC < 0.5), LZ、J1、J2 以及 THQ 群体遗传多样性均为高度多态(PIC ≥ 0.5)。分析结果表明目前国内主要养殖区域红鳍东方鲀具有较高的遗传多样性, 有较好的遗传改良潜力。

关键词 红鳍东方鲀 养殖群体 微卫星 遗传多态性

中图分类号 S917 文献识别码 A 文章编号 1000-7075(2013)04-0027-07

Polymorphisms analysis of five populations of *Takifugu rubripes* with microsatellite

LU Li-jun¹ MA Ai-jun^{1*} WANG Xin-an¹ YUE Liang¹
MENG Xue-song² ZHAI Jie-ming³ TAN Lin-tao⁴ HOU Shi-ying⁴

(¹ Qingdao Key Laboratory for Marine Fish Breeding and Biotechnology, Key Laboratory of Sustainable Development of Marine Fisheries, Ministry of Agriculture, Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071)

(² Dalian Tianzheng Industrial Company Limited, 116000)

(³ Laizhou Mingbo Aquatic Company Limited, Yantai 264500)

(⁴ Rushan Fisheries Technical Extension Station, 261400)

ABSTRACT In order to determine the genetic diversity of *Takifugu rubripes* at five main

中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金(20603022012005)共同资助

* 通讯作者。E-mail: maaj@ysfri.ac.cn

收稿日期: 2012-06-20; 接受日期: 2012-10-30

作者简介: 陆丽君(1987-), 女, 硕士研究生, 主要从事海水鱼类遗传育种研究。E-mail: lulijun.1987@163.com

culture areas in China, twenty pairs of microsatellite primers were tested on populations from Wendeng (WD), Laizhou (LZ), Japanese 1 (J1), Japanese 2 (J2) and Tanghai (THQ). It was found that 12 pairs (60%) of the primers displayed polymorphism. The number of alleles of the five populations ranged from 2 to 8, and the average observed heterozygosity was 0.27, 0.26, 0.18, 0.25, 0.20, respectively; the average expected heterozygosity was 0.55, 0.57, 0.69, 0.71, 0.62, respectively; the order of polymorphism information content (PIC) was J2(0.65) > J1(0.63) > THQ(0.55) > LZ(0.51) > WD(0.48). The results showed that: (1) genetic distance between WD and LZ was 0.233 6, which was the lowest; the genetic distance between LZ and J1 was 0.624 2, which was the highest; (2) the genetic diversity of WD was moderate ($0.25 < PIC < 0.5$), while that of LZ, J1, J2 and THQ were relatively high ($PIC \geq 0.5$). The analysis showed that the genetic diversity of *T. rubripes* at China's main culture regions was very high, and therefore, the populations had relatively high potential for genetic improvement.

KEY WORDS *Takifugu rubripes* Cultured stocks Microsatellites
Genetic polymorphisms

红鳍东方鲀 *Takifugu rubripes* 隶属于鲀形目 Tetraodontiformes、鲀科 Tetradontidae、东方鲀属 *Takifugu*,是具有海江河游习性的底栖鱼类,以日本沿海为主要分布中心,在朝鲜半岛、俄罗斯也有分布,我国自然数量少,日趋罕见,主要分布在黄海、渤海和东海(雷霖霖等 2005;陈超等 2004;马爱军等 2011)。红鳍东方鲀肉质鲜美、富含蛋白质、营养价值高,已成为目前我国海水养殖鱼类的主要优良鱼种之一,其成鱼尤其畅销日本,是重要的创汇渔业对象(秦国民等 2008)。我国对红鳍东方鲀的育苗和养殖研究始于 20 世纪 80 年代,随着红鳍东方鲀繁育技术不断突破,养殖技术也日益成熟,并达到一定规模。养殖红鳍东方鲀初期主要用于出口日本,为了避免贸易争端,1996 年以后,进行日本红鳍东方鲀纯种卵的引进、育苗和养成研究。所以,目前国内养殖的红鳍东方鲀多数或为直接从日本引进受精卵的后代,或为从受精卵养殖的后代再繁殖的后代。

随着红鳍东方鲀的产业化养殖发展,迫切需要开展系统的红鳍东方鲀选种育种工作,培育优质苗种,以保障养殖产业健康发展。国外,2009 年日本学者古川聪史开展了红鳍东方鲀与高生长性状有关的遗传学及生物学的研究,利用染色体基因组信息,以期获得高增长性状的遗传基因从而缩短选育时间。国内学者研究了微卫星标记方法,分析部分红鳍东方鲀群体的遗传多样性(万玉美 2011)。黄海水产研究所课题组自“十二五”期间开展红鳍东方鲀的大规模家系选育技术研究。构建选育家系必须建立在对群体遗传背景充分了解的基础上进行。本研究选取了国内有代表性的主要养殖区域养殖场的红鳍东方鲀群体,采用微卫星 DNA 多态性检测技术,检测国内主要养殖区域的红鳍东方鲀群体的多态性,能够辅助红鳍东方鲀育种并且为种质鉴定提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

实验所用的 5 个红鳍东方鲀群体来自国内有代表性主要养殖区域养殖场,分别为山东威海文登市河豚养殖场群体,记为 WD;山东省烟台莱州市明波水产群体,记为 LZ;养殖于河北省唐山市唐海县于 2009 年从日本引进的受精卵孵化群体,记为 J1;养殖于辽宁省大连市天正水产于 2011 年从日本引进的受精卵孵化群体,记为 J2;唐海天正水产亲鱼群体,记为 THQ。对每个群体随机取样 30 尾,剪取少量尾鳍,于 -40°C 冰箱保存,样本详细信息见表 1。

表 1 取样信息
Table 1 Information of samples

样本名称 Sample name	样本数量 Number of samples (Mantissa) (尾)	取样日期 Sampling date(y-m)	样本平均体长 Average body length of samples (cm)	样本平均体重 Average weight of samples (g)
WD	30	2010-05	33.8±1.2	843.7±106.0
LZ	30	2010-05	21.4±1.6	215.4±38.9
J1	30	2010-11	22.0±1.5	225.0±35.4
J2	30	2011-05	1.10	0.10
THQ	30	2010-11	54.1±3.6	3 923.9±860.3

1.2 引物与试剂

微卫星引物由上海生工生物工程技术有限公司合成。DNA 提取试剂盒、dNTP、胰 RNA 酶、蛋白酶 K、*Taq* 酶等购自生物工程有限公司。

1.3 实验方法

1.3.1 基因组 DNA 的提取

取保存的尾鳍 30mg,用海洋动物基因组 DNA 提取试剂盒提取 DNA。检测所提取的 DNA 浓度和吸光度,将其稀释到 50ng/ μ l 保存待用。

1.3.2 引物合成及 PCR 扩增

根据古川聪史(2009)的研究,选取并合成 20 对微卫星引物。利用 30 个个体对 20 对引物进行预扩增,取扩增产物 5 μ l 进行 1%琼脂糖凝胶电泳,于凝胶成像分析仪上拍照观察。利用扩增结果具有多态性的引物进行再次扩增。

1.3.3 聚丙烯酰胺凝胶电泳检测

PCR 扩增反应产物,经变性,用 8%聚丙烯酰胺凝胶电泳检测,恒压 500V,电泳 2.5h 左右,经固定、漂洗、染色、显色之后,记录电泳结果。

1.4 数据处理与分析

利用 Popgene 32 Version 1.32 软件计算每个群体的遗传多样性指数。根据 Bostein 等(1998)的计算公式,计算多态信息含量。根据 Nei's 标准遗传距离,绘制聚类图。

2 结果

2.1 扩增结果具有多态性的引物

筛选结果表明,在 20 对微卫星引物中,共有 13 对引物在群体中能扩增出清晰可见的稳定条带,其中 12 对引物具有多态性(表 2),扩增产物片段在 123~355bp 之间。

2.2 聚丙烯酰胺凝胶电泳检测

Fms54 在部分群体扩增结果见图 1。凝胶电泳结果显示,12 对多态性引物中,Fms57、Fms89、Fms106 多态性最高,最多有 8 个等位基因,Fms54、Fms72、Fms66 最低,有等位基因两个。5 个群体中,WD 群体等位基因 2~6 个,平均为 3.6 个;LZ 群体 2~5 个,平均为 3.7 个;J1 群体 3~8 个,平均为 5 个;J2 群体 3~8 个,平均为 5.1 个;THQ 群体 2~8 个,平均为 3.8 个。5 个群体 12 个基因座位等位基因数见表 3。

表2 12对微卫星引物序列、重复序列及退火温度

Table 2 Sequence and its repeats of twelve microsatellite marker primers used in this study, and specific annealing temperature for PCR amplification

基因座 Locus	引物序列 Primer sequence (5'-3')	重复序列 Repetitive motif	片段长度 Length of fragments(bp)	退火温度 Annealing temperature(°C)
Fms32	ACACCGCTCAATGCAAACCTC AATGTGGCGGCTACTTTCAG	(GT) ₂₄ (GCCTGCT)(GT) ₁₂	148	61
Fms54	CAAATGTGTGAGGGCAGTTC CATTTCCAAGCGTGTCTCCT	(CA) ₃₂	328	63
Fms56	TGCAAAGTGAGGACATCTGG TCAGCCTTGCACATTTTACG	(GT) ₂₇	332	63
Fms57	CCAGCACAGGCACTTCAGAT ATTCTGAGCATCCGCATTGT	(CA) ₃₆	158	60
Fms58	TGGGTCCAGGTAAAAAGTCC AAATGAATGCACACCACAGC	(GT) ₃₂	327	63
Fms66	TTAATTGGACGTTGGCTTGC CACAAACAGGCTCGCACATA	(GT) ₃₀	323	61
Fms72	AAAACCATCCAGCACTCCAA TTGCAGCGATAAAAAGGAAG	(AC) ₂₄	325	62
Fms75	GGCTTTACCGAGGTGTTGAG TGGAATCTGTGCCCTCATCT	(CA) ₂₄	123	62
Fms89	CGTCATGATCCAACACAAGA CGCACACATACACGAGTTCA	(AATC) ₁₁ (ATCT) ₁₇	319	62
Fms90	CACGTAAACGAGCAACCAGA ACCTCCCTGTCTGATTGTG	(CA) ₂₀	154	60
Fms106	TCTACGGCGGACATCTCTTC CTCCGCGCTCTAAAAGTCAG	(GT) ₃₆	355	63
Fms118	ACTGGACCCTGTGTTGCTCT CCTCAGTGGTGCCAGTGTA	(CA) ₂₂	355	62

2.3 群体遗传多样性分析

在5个红鳍东方鲀群体中,检测到的有效等位基因(Ae),为1.29~6个不等,WD、LZ、J1、J2、THQ群体平均值依次为2.55、2.53、3.50、3.65、2.85;多态信息含量(PIC)在0.2~0.81之间,平均值依次为0.48、0.51、0.63、0.65、0.55。杂合度作为一个反映群体遗传变异的重要参数,其大小可以反映群体遗传变异的高低(谷晶晶等 2010)。实验所用5个红鳍东方鲀群体观测杂合度(H_o) 在0.00~0.78之间,平均值依次为0.27、0.26、0.18、0.25、0.20;无偏期望杂合度(H_e) 在0.23~0.85之间,平均值为0.55、0.57、0.69、0.71、0.62。具体各项指标见表4及表5。以上各群体的遗传多样性指标表明,WD群体的遗传多样性为中度多态水平,LZ、J1、J2以及THQ均为高度多态水平。几种统计参数在5个群体间有一定差异,但方差分析发现并未达到显著水平($P>0.05$)。

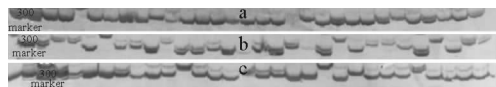


图1 Fms54在LZ、WD及THQ群体凝胶电泳(分别为a、b、c)
Fig. 1 Polyacrylamide gel electrophoresis of loci Fms54 in LZ, WD and THQ populations(indicated by a, b and c, respectively)

表 3 5 个红鳍东方鲀群体 12 个微卫星基因座的等位基因数

Table 3 Observed number of alleles of 12 microsatellite loci in five *T. rubripes* populations

基因座 Locus	WD(<i>n</i> =30)	LZ(<i>n</i> =30)	J1(<i>n</i> =30)	J2(<i>n</i> =30)	THQ(<i>n</i> =30)	最大 Max	平均 Ave
Fms32	4	3	4	3	3	4	3.4
Fms54	3	2	4	6	4	6	3.8
Fms56	3	5	5	4	3	5	4
Fms57	2	4	8	6	3	8	4.6
Fms58	4	4	4	5	3	5	4
Fms66	2	4	3	4	5	5	3.6
Fms72	3	3	5	4	2	5	3.4
Fms75	6	5	3	3	3	6	4
Fms89	4	3	7	6	8	8	5.6
Fms90	5	5	6	6	4	6	5.2
Fms106	2	3	6	8	4	8	4.6
Fms118	5	3	5	6	3	6	4
平均值 Mean	3.6	3.7	5	5.1	3.8		

表 4 5 个红鳍东方鲀群体 PIC 多态信息含量及有效等位基因数

Table 4 Polymorphism information content and effective number of alleles in five populations of *T. rubripes*

基因座 Locus	WD(<i>n</i> =30)		LZ(<i>n</i> =30)		J1(<i>n</i> =30)		J2(<i>n</i> =30)		THQ(<i>n</i> =30)	
	Ae	PIC	Ae	PIC	Ae	PIC	Ae	PIC	Ae	PIC
Fms32	0.48	2.17	0.41	1.99	0.50	2.22	0.46	2.08	0.45	2.04
Fms54	0.55	2.67	0.22	1.33	0.69	3.83	0.71	3.99	0.50	2.22
Fms56	0.33	1.58	0.65	3.35	0.68	3.74	0.53	2.57	0.57	2.80
Fms57	0.26	1.45	0.46	2.01	0.68	3.53	0.77	4.97	0.53	2.50
Fms58	0.69	3.79	0.57	2.65	0.62	3.13	0.69	3.83	0.54	2.64
Fms66	0.37	2.00	0.67	3.54	0.50	2.32	0.52	2.38	0.71	4.06
Fms72	0.26	1.40	0.41	1.84	0.64	3.26	0.60	2.94	0.37	1.95
Fms75	0.70	3.81	0.67	3.60	0.32	1.54	0.47	2.13	0.32	1.54
Fms89	0.63	3.17	0.56	2.72	0.80	5.57	0.73	4.24	0.81	6.00
Fms90	0.59	2.85	0.63	3.11	0.76	4.78	0.69	3.63	0.62	3.11
Fms106	0.20	1.29	0.26	1.40	0.73	4.33	0.81	5.82	0.52	2.33
Fms118	0.74	4.43	0.57	2.80	0.68	3.74	0.78	5.17	0.59	2.97
均值 Mean	0.48	2.55	0.51	2.53	0.63	3.50	0.65	3.65	0.55	2.85

表 5 期望杂合度及观测杂合度

Table 5 Expected heterozygosity and observed heterozygosity

基因座 Locus	WD(<i>n</i> =30)		LZ(<i>n</i> =30)		J1(<i>n</i> =30)		J2(<i>n</i> =30)		THQ(<i>n</i> =30)	
	He	Ho	He	Ho	He	Ho	He	Ho	He	Ho
Fms32	0.00	0.55	0.08	0.51	0.00	0.56	0.05	0.53	0.38	0.52
Fms54	0.58	0.64	0.29	0.25	0.46	0.75	0.25	0.77	0.00	0.56
Fms56	0.08	0.38	0.25	0.72	0.00	0.75	0.78	0.63	0.00	0.66
Fms57	0.00	0.32	0.08	0.51	0.25	0.73	0.04	0.82	0.08	0.61
Fms58	0.17	0.75	0.13	0.64	0.00	0.70	0.29	0.75	0.00	0.63
Fms66	0.52	0.51	0.75	0.73	0.00	0.58	0.00	0.59	0.00	0.77

续表 5

基因座 Locus	WD(n=30)		LZ(n=30)		J1(n=30)		J2(n=30)		THQ(n=30)	
	He	Ho	He	Ho	He	Ho	He	Ho	He	Ho
Fms72	0.08	0.29	0.04	0.47	0.25	0.71	0.00	0.67	0.67	0.50
Fms75	0.25	0.75	0.17	0.74	0.00	0.36	0.00	0.54	0.13	0.36
Fms89	0.58	0.70	0.70	0.65	0.08	0.84	0.00	0.78	0.58	0.85
Fms90	0.67	0.66	0.54	0.69	0.46	0.81	0.46	0.74	0.33	0.69
Fms106	0.26	0.23	0.08	0.29	0.54	0.79	0.71	0.85	0.21	0.58
Fms118	0.00	0.79	0.00	0.66	0.08	0.75	0.42	0.82	0.00	0.68
均值 Mean	0.27	0.55	0.26	0.57	0.18	0.69	0.25	0.71	0.20	0.62

2.4 聚类分析

鱼类的亲缘关系远近一般用遗传距离来表示(李明爽等 2008)。5个群体之间 Nei's 遗传距离及遗传相似度见表 6。WD 和 THQ 群体遗传距离最小,为 0.233 6; LZ 和 J1 群体遗传距离最大,为 0.624 2; WD 和 THQ 遗传相似度为 0.791 7,最大; LZ 和 J1 群体遗传相似度为 0.535 7,最小,表明两种分析方法得出的结果一致。用 Popgene 32 Version 1.32 绘制聚类图(图 2),如图 2 所示,WD 和 THQ 群体聚为一支, J1 和 J2 群体也聚为一支; WD 和 THQ 聚为一支后,再与 LZ 群体聚类,最后与 J1 和 J2 群体组成的一支聚类。

3 讨论

3.1 红鳍东方鲀基于微卫星标记的遗传多样性特点

早在 2006 年,国内已有学者开始对红鳍东方鲀基因组微卫星特征进行分析,利用软件查找出河豚基因组的全部微卫星序列,在约 365Mb 基因组中找到 49 674 个微卫星重复序列(崔建洲等 2006)。同年,郝君等(2006)也利用此方法,以大连天正实业有限公司以及大连水产学院实验室养殖的红鳍东方鲀群体为研究对象,经 20 对引物的扩增,得出两个群体的多态信息含量分别为 0.275 1 和 0.379 4,从而认定此群体遗传多样性较低。万玉美等(2011)将河北省水产研究所红鳍东方纯良种场的群体(包括引进的日本红鳍东方纯群体和该场选育的秦皇岛养殖群体)作为对象进行研究时,发现这两个群体遗传多样性较高,多态信息含量丰富,分别为 0.600 9 和 0.550 9,从而认为这两个群体具有较大的遗传改良和育种潜力。此外,崔建洲等(2005)对红鳍东方鲀野生群体、养殖群体、假睛东方鲀野生群体的遗传多样性进行了研究,发现红鳍东方鲀养殖群体遗传多样性显著降低(养殖群体 PIC 多态信息含量为 0.374 2,野生群体为 0.512 2)。以上研究结果的差异,一方面来自样本数量的不同,郝君等(2006)的实验分别是 4 尾和 6 尾,万玉美等分别是 96 尾和 48 尾,崔建洲等(2005)的每个实验群体分别为 50 尾;另一方面,样本来源及年限的不同,也是造成差异的原因。本研究对目前我国国内来自不同养殖区有代表性的 5 个红鳍东方鲀种群进行微卫星标记遗传多样性分析,研究显示,除 WD 群体(PIC=0.48)属于中度多态外,其余群体 PIC 值均高于 0.5,为高度多态水平。WD 群体 PIC 多态信息含量虽然低于 0.5,但接近 0.5,说明,用于本研究的 5 个红鳍东方鲀群体,总体多态性是高的,利于该物种的发展和进化的,利于开展选种育种工作。但是,本研究所用的群体数量毕竟有限,取样地点也不尽全面,因此对目前国内主要养殖区域的养殖群体的种质状况,也不能过分乐观。分析数据 J1 和 J2 这两个从日本引进的群体,

表 6 Nei's 标准遗传相似度及遗传距离

Table 6 Nei's genetic identity and genetic distance

群体 Population	WD	LZ	J1	J2	THQ
WD	****	0.608 4	0.591 0	0.609 5	0.791 7
LZ	0.496 8	*****	0.535 7	0.611 0	0.715 2
J1	0.525 9	0.624 2	*****	0.748 4	0.712 7
J2	0.495 0	0.492 6	0.289 9	*****	0.729 6
THQ	0.233 6	0.335 2	0.338 8	0.315 2	*****

注:对角线下为 Nei's 遗传距离,对角线上为 Nei's 遗传相似度

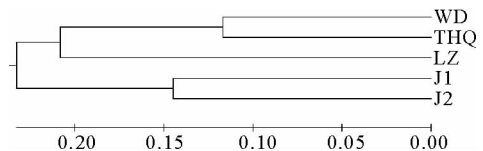


图 2 5 个红鳍东方鲀群体 UPGAMA 聚类

Fig. 2 Dendrogram of five populations of *T. rubripes* using UPGAMA for clustering

PIC值分别为0.63、0.65,高于WD和LZ群体,说明日本红鳍东方鲀群体比国内养殖群体遗传多样性高,这与我国目前养殖的红鳍东方鲀群体主要来自于日本有关。

3.2 等位基因频率和物种进化

本研究发现,在所有群体中,每个座位都有多于一个的等位基因,并且每个等位基因频率各不相同。有研究指出,微卫星的多态性能够反映物种的进化历史,群体中频率最高的等位基因是该物种中最原始、最保守的等位基因,其余的等位基因都是在进化过程中由该等位基因突变形成的(Nei *et al.* 2002)。由表4可以看出,每个座位的每个等位基因频率是不一样的,并且存在一个或者几个频率较高的位点,由此可以推断,这些位点为红鳍东方鲀中较为原始的位点。

3.3 遗传多样性和良种选育

本研究发现,实验所用5个红鳍东方鲀群体,WD群体遗传多样性为0.48,为中度多态,其余4个群体遗传多样性均达到高度多态,WD群体虽为中度多态,但是数值也已接近高度多态($PIC=0.5$),这说明,实验所用5个红鳍东方鲀群体总体遗传多样性是高的。因此,目前看来,国内主要养殖区域群体的种质资源较好。但是,本研究所用的群体数量毕竟有限,取样地点也不尽全面,因此对目前国内主要养殖区域的养殖群体的种质状况,也不能过分乐观。为保证我国红鳍东方鲀养殖产业持续、稳定、健康的发展,一方面,应该加强目前国内所有养殖区域的红鳍东方鲀种质资源的调查、取样、保存及遗传相关研究,彻底查清目前国内红鳍东方鲀所处的种质状态,做好资源保护、育种及扩种工作;另一方面,应该对红鳍东方鲀种质资源进行改良,避免种间混杂及种内近交,充分利用现有的优质资源,进行保种和选择育种,切实防止种质退化;另外,目前国内红鳍东方鲀的养殖群体主要来自日本,我们应该有计划地引进日本的不同的野生群体或野生繁育一代群体;再者,随着红鳍东方鲀国内市场的逐步开放,我国沿岸的红鳍东方鲀种质资源应得到关注,应尽早收集、整理、保存、分析并加以利用。

参 考 文 献

- 万玉美,王蕾,孙效文,李恒德,赵海涛,谭照君. 2011. 红鳍东方鲀两个群体的遗传结构及与经济性状的相关性分析. 淡水渔业, 41(5): 9-16
- 于宏,孙中之,陈超. 1997. 红鳍东方鲀鱼卵孵化和鱼苗实验. 上海水产大学学报, 6(4): 291-295
- 于宏,孙曙光,陈超. 2004. 红鳍东方鲀的纯种引进. http://www.cafs.ac.cn/new.asp?Resname=CAFS_ResearchAchievement&order=67
- 马爱军,王新安,刘圣聪,李伟业,陆丽君,陈超,孟雪松. 2011. 东方鲀属主要经济鱼种繁育养殖、育种和基因研究现状. 海洋科学, 35(11): 128-133
- 古川聪史. 2009. 红鳍东方鲀与高生长性状有关的遗传学及分子生物学的研究. 日本:东京大学学院农学生命科学研究科
- 史燕,吴孝兵,张方,晏鹏. 2003. 微卫星多态性检测技术及其在保护遗传学中的应用. 应用生态学报, 14(3): 461-464
- 申雪艳,杨官品,宫庆礼,顾谦群,崔建洲. 2005. 红鳍东方鲀与假睛东方鲀的微卫星DNA多态性分析. 高技术通讯, 15(12): 90-96
- 申雪艳,杨官品,宫庆礼,顾谦群,崔建洲. 2006. 红鳍东方鲀基因组微卫星特征分析. 中国海洋大学学报, 36(2): 249-254
- 孙效文,朱迎军,谷晶晶,孟雪松. 2010. 微卫星标记对红鳍东方鲀繁殖的指导应用及遗传分析. 水产科学, 29(9): 530
- 孙效文,孟雪松,郝君. 2006. 红鳍东方鲀微卫星DNA多态性初步分析. 上海水产大学学报, 15(1): 21-24
- 张晓军,陈翠珍,房海,秦国民,徐静,阎斌伦. 2008. 红鳍东方鲀病原杀对虾弧菌的主要生物学特性研究. 海洋与湖沼, 39(3): 228-233
- 李明爽,李法君,吴滢,洪脱,龚永生. 2008. 杂种优势预测研究进展. 中国农学通报, 24(1): 117-122
- 陈超,雷霖霖. 2005. 红鳍东方鲀养殖技术. 海水鱼类养殖理论与技术. 北京:中国农业出版社, 683-702
- Botstein D, White RL, Skolnick M. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. American Journal of Human Genetics 32: 314-331
- Nei M, Kumar S 著,吕宝忠,钟扬,高丽萍译. 2002. 分子进化与系统发育. 北京:高等教育出版社, 67-128
- O'Connell M, Wright JM. 1997. Microsatellite DNA in fishes. Reviews in Fish Biology and Fisheries 7: 331-363