

文章编号: 1000-0615(2006)05-0640-07

黄姑鱼群体遗传多样性的 AFLP 分析

韩志强^{1,3}, 高天翔¹, 王志勇², 庄志猛³, 苏天凤⁴

(1. 中国海洋大学教育部海水养殖重点实验室, 山东 青岛 266003;

2. 集美大学水产学院, 福建 厦门 361021; 3. 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 山东 青岛 266071;

4. 中国水产科学研究院水产种质资源与养殖技术重点开放实验室, 广东 广州 510300)

摘要: 对青岛和厦门黄姑鱼群体的遗传多样性进行了 AFLP 分析, 5 对选择性引物在两个群体 47 个个体中, 共扩增出 461 个位点, 多态位点 265 个。青岛和厦门群体的多态位点比例、Nei 遗传多样性指数和 Shannon 遗传多样性指数分别为 51.70%、51.99%、0.1022、0.0996、0.1643、0.1622, 两个群体遗传多样性在同一水平上。基因分化系数 G_{st} 、Shannon 遗传多样性指数和 AMOVA 分析均显示黄姑鱼的遗传变异主要来源于群体内个体间, 而群体间无明显的遗传分化。群体的显性基因型频率分布和位点差异数分布显示两个群体有基本相同的群体遗传结构。结果表明, 黄姑鱼青岛和厦门群体间无明显的遗传差异, 群体间有明显的基因交流。

关键词: 黄姑鱼; AFLP; 遗传多样性

中图分类号: S 917 文献标识码: A

Analysis of genetic diversity of *Nibea albiflora* by AFLP markers

HAN Zhi-qiang^{1,3}, GAO Tian-xiang¹, WANG Zhi-yong², ZHUANG Zhi-meng³, SU Tian-feng⁴

(1. Key Laboratory of Mariculture, Ministry of Education, Ocean University of China, Qingdao 266003, China;

2. Fisheries College, Jimei University, Xiamen 361021, China;

3. Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071, China;

4. Key Laboratory of Fisheries Genetic Resources & Aquaculture, Chinese Academy of Fisheries Sciences, Guangzhou 510300, China)

Abstract: *Nibea albiflora* is a commercially important marine fish species, which is widely distributed in Chinese, Japanese and Korean waters. *Nibea albiflora* has been intensively studied in China, including its basic biological characteristics and artificial reproduction. However, very few studies on *N. albiflora* were focused on genetic diversity, which has become an obstacle to further researches on the protection, management, rational exploitation and sustainable utilization of *N. albiflora* resources. The yield of *N. albiflora* has declined quickly due to increased efficiency of capture techniques and the leap of catch intensity. The information of genetic diversities of different populations will give us theoretical guidance in breeding and genetic improvement. In this study, a new molecular technology, amplified fragment length polymorphism (AFLP) was used to analyze the genetic diversity and variation of two populations of *N. albiflora* from Qingdao and Xiamen sea areas. Procedures of AFLP analysis were essentially based on Vose *et al.* and Wang *et al.* A total of 47 individuals were studied using five primer combinations (E-AAC/M-CAG, E-AGG/M-CTT, E-AGG/M-CAG, E-AGC/M-CAT, E-AGC/M-CAG). AFLP bands were scored for presence (1) or absence (0) and transformed into 0/1 binary character matrix. AMOVA and mismatch distribution analysis were performed in Arlequin, Nei genetic diversity and

收稿日期: 2006-01-25

资助项目: 国家自然科学基金(30471329)、国家重点基础研究发展计划(2005CB422300)、中国水产科学研究院水产种质资源与养殖技术重点开放实验室开放基金(2004A005)

作者简介: 韩志强(1981-),男,山东滨州人,博士研究生,主要从事种群遗传学研究。Tel: 0532-82032063, E-mail: d6339124@163.com

通讯作者: 高天翔, E-mail: gaozhang@ouc.edu.cn

Shannon genetic diversity index were calculated in POPGEN. A total of 461 loci ranging in size from 60 bp to 550 bp were detected from 47 individuals, of which 265 were polymorphic. The number of bands per primer combination varied from 66 to 126 and the percentage of polymorphic bands per primer combination ranged from 52.58% to 62.70%. The proportion of polymorphic loci, the Nei genetic diversity and Shannon genetic diversity index of Qingdao and Xiamen populations were 51.70% and 51.99%, 0.1022 and 0.0996, 0.1643 and 0.1622, respectively. The results showed that the genetic diversity of these two populations was at the same level. G_{st} value, Shannon genetic diversity index and AMOVA analysis indicated that the genetic variation mainly came from individuals within populations and there was no significant genetic differentiation between populations. The UPGMA tree based on AFLP data supported this result and no distinct clade was detected. Mismatch distribution analysis and dominant gene frequency revealed that these two populations have the same genetic population structure. The results of AFLP analysis indicated that there is no significant genetic differentiation between two populations due to frequent gene flow. At present, the natural populations of marine fish, including *N. albiflora*, have been destroyed due to over exploitation and increasing marine pollution which caused the number of parent fish to be extremely diminished. These results provide information on the genetic structure of *N. albiflora*, which can be utilized to make informed management decisions. However, AFLP markers are inherited as dominant markers, further studies utilizing co-dominant markers are needed for a better understanding of the genetic diversity of this fish.

Key words: *Nibea albiflora*; amplified fragment length polymorphism (AFLP); genetic diversity

黄姑鱼 *Nibea albiflora* (Richardson) 属石首鱼科 Sciaenidae, 黄姑鱼属 *Nibea*, 为近海暖温性中下层经济鱼类, 分布于中国、朝鲜半岛和日本南部沿海, 是我国重要的经济鱼类^[1]。黄姑鱼营养丰富, 是我国传统渔业的主要捕捞对象。过度捕捞引起其自然资源的逐步枯竭, 资源量逐年减少。有关黄姑鱼的研究报道很少, 主要集中在胚胎、仔稚鱼发育和人工育苗等方面^[2-5], 在群体遗传学方面, 仅见日本学者对日本沿海和我国东海黄姑鱼的群体遗传结构进行了同工酶分析^[6], 尚未见有关我国其他海区黄姑鱼群体遗传学方面的报道。近年来我国福建、浙江沿海开展了黄姑鱼人工育苗和网箱养殖^[7], 因此有必要弄清野生黄姑鱼群体的遗传学多样性和种质资源状况, 从而促进黄姑鱼的资源保护和人工养殖的可持续发展。

AFLP 作为一种新型的分子标记技术, 兼有 RFLP 的可重复性和 RAPD 的简便性, 具有信息量大、灵敏度高、多态性丰富等优点, 在海洋生物中被广泛应用于遗传多样性分析、种质鉴定、遗传连锁图谱的构建及仔稚鱼鉴定等方面^[8-22], 迄今, 国内已有关于真鲷、大黄鱼、褐牙鲆、紫红笛鲷等几种海水鱼类遗传多样性的研究报道^[8-10, 14, 21], 本研究利用 AFLP 技术对青岛和厦门黄姑鱼两个群体的遗传多样性进行分析, 旨在为黄姑鱼的苗种繁育和人工养殖提供遗传学基础资料, 促进黄姑鱼种质资源的保护和人工养殖的健康发展。

1 材料与方法

1.1 材料

黄姑鱼野生群体样品分别于 2004 年 7 月和 10 月购自山东青岛小港码头和福建厦门市集美区农贸市场。样品运回实验室后, 取背部肌肉保存于 95% 酒精中, 青岛、厦门群体分别取 24 尾和 23 尾用于 AFLP 分析。

1.2 基因组 DNA 的提取和 AFLP 图谱的构建

采用蛋白酶 K 和苯酚/氯仿法提取基因组 DNA。参照 Vos 等^[22]和 Wang 等^[23]的方法构建 AFLP 图谱。5 对选择性引物组合为: E-AAC/M-CAG, E-AGG/M-CTT, E-AGG/M-CAG, E-AGC/M-CAT, E-AGC/M-CAG。

1.3 数据统计

首先将电泳图谱中扩增条带的有无转化为 0, 1 原始数据矩阵。采用两种方法对 AFLP 数据进行分析; 其一, AFLP 标记是显性标记, 依据原始数据矩阵统计总位点数、多态位点数, 计算显性基因型频率、Shannon 多样性指数和进行 AMOVA 分析等; 其二, 将每一个条带视为 1 个位点, 进行 Hardy-Weinberg 平衡假设, 计算群体的 Nei 遗传多样性指数、基因分化系数和统计位点差异数分布。统计的遗传学参数主要有:

显性基因型频率: $P_d = n_i/n$, 其中: n_i 为位点 i 上有带的个体数, n 为总个体数。

多态位点比例 (%): $P = \text{多态位点数}/\text{位点总数} \times 100$

遗传相似系数 : $S_{ij} = 2N_{ij} / (N_i + N_j)$ 其中 N_{ij} 为个体 i 与 j 共有的条带数量 ; N_i 、 N_j 分别为个体 i 与 j 各自具有的条带数量。

遗传距离 : $D = -\ln S$ 式中 S 为相似系数。

Shannon 多样性指数 H :群体内遗传多样性指数 : $H_0 = -\sum X_i \ln X_i / N$ 式中 X_i 表示位点 i 在某一个群体中的出现频率 , N 表示该群体中检测到的位点总数。 n 个不同群体内的平均多样性 : $H_{pop} = -\sum H_0 / n$, n 为所研究的群体数。 群体多样性 : $H_{sp} = -\sum X \ln X / n$, X 为位点 i 在 n 个群体中的总显性频率。 群体内及群体间遗传多样性所占的比例分别为 H_{pop} / H_{sp} 和 $(H_{sp} - H_{pop}) / H_{sp}$ 。

Nei 遗传多样性指数 h : $h_0 = 1 - \sum P_i^2$, P_i 为单个位点上的等位基因频率。

基因分化系数 G_{st} 是衡量群体间遗传分化的指标 ,为总群体平均杂合度 (h_s) 和各群体内平均杂合度 (h_t) 的函数 ,即 $G_{st} = 1 - h_s / h_t$ 。

利用 Arlequin 进行 AMOVA 分析和位点差异数分析 ,利用 POPGEN 1.32 计算 Nei 遗传多样性指数和 Shannon 信息指数 ,用 MEGA 3.0 软件构建 UPGMA 系统树。

2 结果

2.1 AFLP 扩增结果

利用 5 对选择性引物 ,在两个群体 47 个个体中共产生 461 条清晰的扩增条带 ,扩增片段的大小为 60 ~ 550 bp。 其中 ,多态片段为 265 条 ,多态位点比例为 57.48%。 不同引物的扩增结果间存在差异 ,产生的扩增条带从 66 到 126 不等 ,扩增出的多态条带范围为 38 ~ 79 条 ,多态检出率范围为 52.58% ~ 62.70% (表 1)。 可见 AFLP 多态检出率高 ,可提供丰富的遗传变异信息 ,是一种理想的检测遗传多样性的分子标记。 图 1 表示引物 E-AGC/M-CAG 与 E-AGC/M-CAT 在黄姑鱼群体中的扩增图谱。

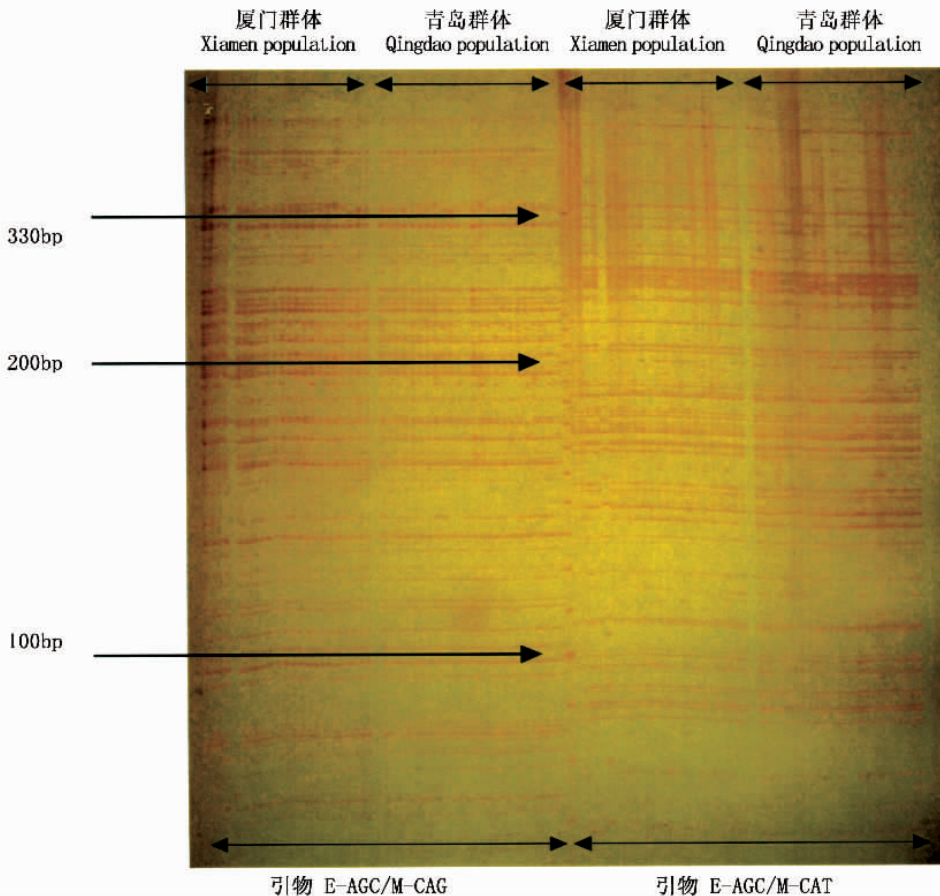


图 1 引物 E-AGC/M-CAG 和 E-AGC/M-CAT 在黄姑鱼群体中的扩增图谱

Fig.1 AFLP band patterns generated by primer combinations E-AGC/M-CAG and E-AGC/M-CAT in *Nibea albiflora*

表 1 不同引物的扩增结果

Tab.1 Number of bands generated by primer combinations

引物组合 primer combinations	总扩增位点数 no. of total loci	总多态位点数 no. of total polymorphic loci	多态位点数 no. of polymorphic loci		多态位点比例 percentage of polymorphism	
			青岛 Qingdao	厦门 Xiamen	青岛 Qingdao	厦门 Xiamen
E-AGC/M-CAG	94	54(57.45)	49	46	55.68	52.27
E-AGC/M-CAT	97	51(52.58)	47	42	51.09	47.91
E-AGG/M-CAG	78	43(55.13)	31	34	46.27	49.27
E-AGG/M-CTT	66	38(57.58)	28	32	50.90	51.61
E-AAC/M-CAG	126	79(62.70)	57	68	54.80	59.13
total	461	265(57.48)	212	222	51.70	51.99

2.2 黄姑鱼青岛群体与厦门群体的遗传多样性比较

5 对选择性引物在青岛和厦门两个群体中分别扩增出 410 个和 427 个位点,未发现群体间特异性位点,青岛群体和厦门群体平均多态位点比例分别为 51.70% 和 51.99%,青岛群体的 Nei 遗传多样性指数和 Shannon 多样性指数稍高于厦门群体(表 2),两个群体遗传多样性在同一水平上。群体内扩增位点的相似系数青岛群体为 0.9019,厦门群体为 0.8966,青岛群体内遗传相似度高于厦门群体,两群体间遗传相似系数和遗传距离分别为 0.8971 和 0.1086。由 Shannon 多样性指数估算的遗传变异有 95.3% 存在于群体内个

体间 4.7% 存在于群体间;基因分化系数 G_{st} 估算群体间的变异占总体变异的 3.11%; AMOVA 分析结果表明 97.94% 的遗传变异来源于群体内个体间,群体间无显著遗传分化(表 3)。图 2 是两个群体的显性基因型频率分布情况,把显性基因型频率划分为 10 个区间和位点频率为 0、1 两个关键点。结果显示,两个群体扩增位点基因型频率在不同区间分布呈现一定的规律性,反映了 2 个群体遗传结构的特点。从图 2 中可以看出,在 1% ~ 9% 和关键点 1 的基因型频率呈现峰值,两个群体的显性基因型频率分布基本一致,说明两个群体的遗传结构非常相近,但青岛群体显性基因型频率分布同厦门群体相比比较平稳。

表 2 黄姑鱼两个群体的遗传学参数

Tab.2 Parameters of genetic diversity for two populations of *Nibea albiflora*

群体 population	Nei 遗传多样性指数 Nei genetic diversity	Shannon 多样性指数 Shannon diversity index	群体内平均相似系数/ 群体内的平均遗传距离 average genetic similarity / average genetic distance	群体间相似系数/ 群体间遗传距离 genetic similarity between populations/ genetic distance between populations	基因分化系数 G_{st} coefficient of gene differentiations
青岛 Qingdao	0.1022	0.1643	0.9019/0.1033	0.8971/0.1086	0.0311
厦门 Xiamen	0.0996	0.1622	0.8966/0.1091		

表 3 黄姑鱼群体的 AMOVA 分析数据

Tab.3 Data derived from AMOVA of *Nibea albiflora*

变异来源 source of variation	自由度 df	方差总和 sum of squares	变异组分 variance components	所占比例 percentage of variation
群体间 between populations	1	40.558	0.5707	2.06
群体内 within populations	45	1221.868	27.1526	97.94
总计 total	46	1262.426	27.7233	100

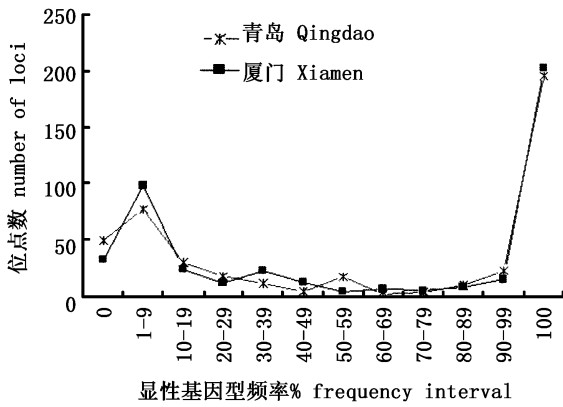


图2 扩增位点数在不同显性基因频率区间内的分布
 Fig.2 Distributions of amplified loci in different frequency intervals

2.3 黄姑鱼个体的聚类分析与位点差异数分析

利用 MEGA3.0 软件构建了黄姑鱼 47 个个体的 UPGMA 系统树(图 3),黄姑鱼个体不以地理群体分别聚类,无明显分支,说明群体间无明显遗传分化。利用 Arlequin 软件统计了个体间位点差异数频率分布(mismatch distribution),单个群体和所有个体位点差异数分布见图 4。两个群体位点差异数分布图都呈单峰型,并且峰值的差异位点数相同,说明个体间遗传距离频率分布基本相同,两个群体的遗传结构相似,两者间无明显地理分化。

3 讨论

AFLP 技术在水产动物遗传多样性分析中已广泛应用,但主要集中在贝类、对虾等主要无脊椎经济物种上[11,13,15-18]。黄姑鱼是重要的渔业资源,研究其种群遗传结构及其遗传多样性对黄姑鱼的种质资源保护具有重要意义。

实验用 5 对选择性引物在黄姑鱼 47 个个体共扩增出 461 条条带,每对引物平均扩增出 92.2 条条带和 53 条多态条带,AFLP 标记表现出丰富多态性和较高的灵敏度。黄姑鱼青岛群体多态位点比例低于厦门群体,但青岛群体 Nei 遗传多样性高于厦门群体,造成这种现象可能是由于青岛群体的位点频率分布比厦门群体平衡(图 2),而引起杂合度升高。比较两个群体的多态位点比例、Nei 遗传多样性指数和 Shannon 多样性指数,青岛群体同厦门群体的遗传多样性处于相同水平上。同已知鱼类 AFLP 数据比较发现,黄姑鱼群体的多态位点比例低于同科的大黄鱼官井洋野生

群体(76.6%)、养殖群体(69.2%~70.6%)及浙江岱衢族群体(55.80%)^[9,10],低于我国沿海真鲷的 3 个群体(64%~58.4%)^[8]和紫红笛鲷的野生群体(57.14%)^[12],但高于褐牙鲆的野生(46.18%)和

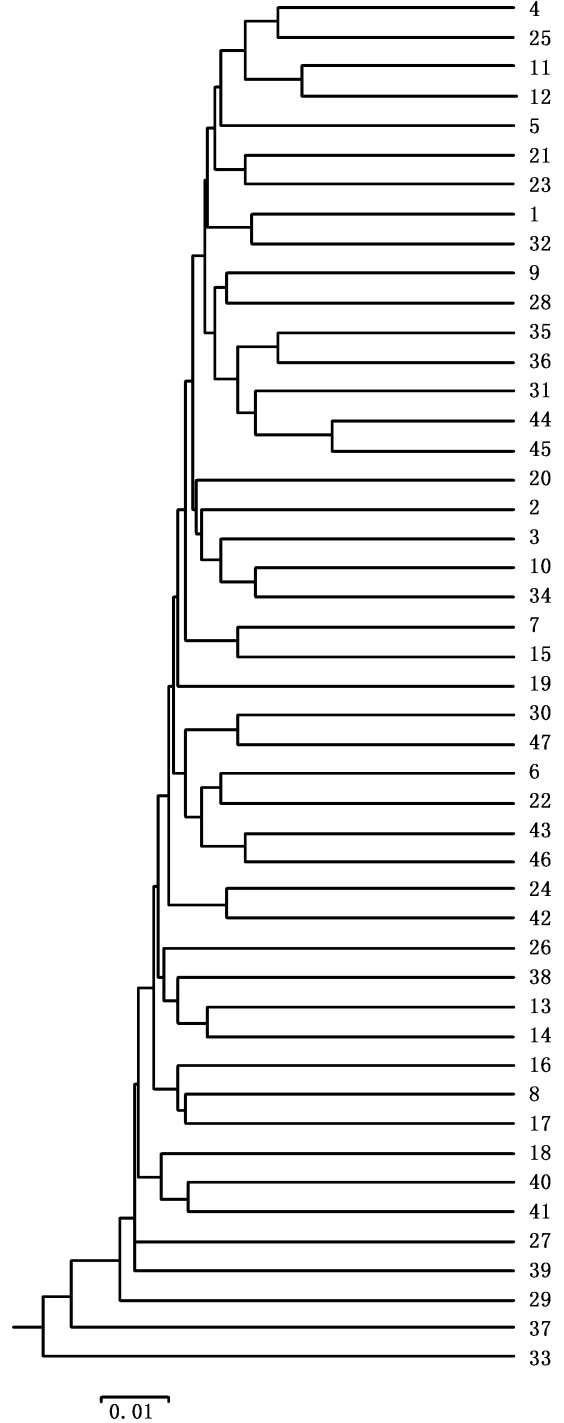


图3 黄姑鱼 47 个个体的 UPGMA 聚类树
 (1-24:青岛,25-47:厦门)
 Fig.3 UPGMA dendrogram of 47 individuals of *Nibea albiflora*
 (1-24:Qingdao,25-47:Xiamen)

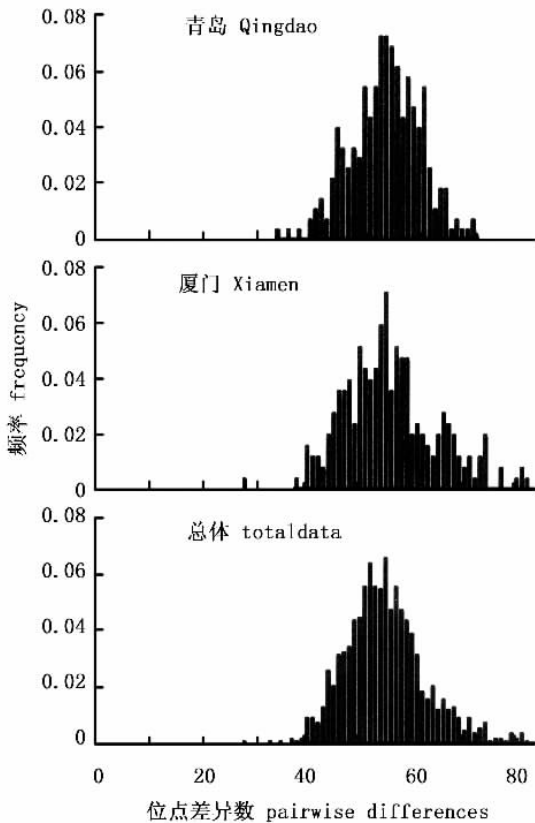


图4 黄姑鱼 AFLP 数据观测位点差异数分布图

Fig. 4 The observed pairwise differences of the AFLP data of *Nibea albiflora*

养殖群体(40.07%)^[14];黄姑鱼群体的多态位点比例高于斑点叉尾鮰部分养殖群体(18.6%)^[24]以及观赏鱼类金龙鱼(12.7%~15.6%)^[25]。比较结果表明黄姑鱼群体的遗传多样性处于中等的水平。

遗传变异有一定的大小和分布格局,种内遗传变异可以分为群体内和群体间的变异,保持这两种变异可以最大限度地降低地理群体的灭绝几率,维持物种的稳定^[26]。本文利用 G_{st} 、Shannon 遗传多样性指数和 AMOVA 分析 3 种方法分析了黄姑鱼遗传多样性的群体内和群体间的分布格局,结果显示黄姑鱼的遗传变异主要存在于群体内个体间,群体间无明显的遗传分化,说明群体间存在明显的基因交流。显性基因型频率分布图显示两群体的遗传结构相似,两个地理群体没有形成各自的遗传结构。生态学资料把黄姑鱼分为黄渤海和东海两个地理群,黄渤海的黄姑鱼季节性洄游明显,越冬场在济州岛附近的海域,3 月鱼群

向西北洄游,4 月份一部分鱼群到达青岛海域;东海黄姑鱼的洄游不甚明显,仅做深水区和浅水区之间的往返移动^[25]。黄姑鱼群体遗传分化较弱的原因可能是不同地理群体受海流(如黑潮、朝鲜暖流、对马暖流、中国近海沿岸流)影响显著造成的。同工酶结果显示黄姑鱼东海群体同日本濑户内海群体遗传距离很小($D = 0.001$),遗传分化不明显,这也说明黄姑鱼不同地理群体间遗传差异很小^[6]。

AFLP 标记是显性分子标记,不能区分杂合和纯合位点,在群体遗传结构分析方面有一定局限性,有必要运用其他分子手段如线粒体 DNA 序列分析、微卫星标记等对黄姑鱼群体遗传变异进行深入的研究。

在鱼类样品采集和实验中,得到集美大学陈政强副教授、中国海洋大学刘进贤博士和中国科学院水生生物研究所郭葳博士的帮助,在此表示感谢。

参考文献:

- [1] 朱元鼎,罗云林,伍汉霖. 中国石首鱼类分类系统的研究和新属新种的叙述[M]. 上海:上海科学技术出版社,1963. 50-51.
- [2] 雷霖霖,樊宁臣,郑澄伟. 黄姑鱼(*Nibea albiflora* Richardson)胚胎及仔、稚鱼形态特征的初步研究[J]. 海洋水产研究,1981,(2):77-84.
- [3] 陈超,徐延康,雷霖霖. 黄姑鱼人工育苗初步研究[J]. 水产科学,1989,(1):7-11.
- [4] 雷霖霖,陈超,徐延康,等. 黄姑鱼工厂化育苗技术研究[J]. 海洋科学,1992,11(6):5-10.
- [5] 孙忠,余方平,程国宝. 舟山近海黄姑鱼室内全人工育苗技术研究[J]. 浙江海洋学院学报,2005,24(1):27-47.
- [6] Menezes Maria R, Taniguchi N, Scki S. Degree of intraspecific genetic divergence and variability in three sciaenid species[J]. Japanese Journal of Ichthyology, 1990, 37(1):39-48.
- [7] 蔡厚才,林岩璇,陈传再. 南麂海区黄姑鱼网箱养殖技术研究[J]. 浙江海洋学院学报,2000,20(1):66-69.
- [8] 王志勇,王艺磊,林利民,等. 利用 AFLP 指纹技术研究中国沿海真鲷群体的遗传变异和趋异[J]. 水产学报,2001,25(4):289-293.
- [9] 王志勇,王艺磊,林利民,等. 福建官井洋大黄鱼 AFLP 指纹多态性的研究[J]. 中国水产科学,2002,23(3):198-202.
- [10] 刘必谦,董闻琦,王亚军,等. 岱衢族大黄鱼种质的 AFLP 分析[J]. 水生物学学报,2005,29(4):413-416.
- [11] 潘洁,包振民,赵洋,等. 栉孔扇贝不同地理群体的遗传多样性分析[J]. 高技术通讯,2002,12:78-82.

- [12] 张俊彬,黄良民. 紫红笛鲷遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 热带海洋学报, 2004, 23(5): 50-55.
- [13] 张雯,刘晓,张国范. 利用 AFLP 技术研究海湾扇贝不同养殖群体的遗传结构及其分化[J]. 高技术通讯, 2005, 15(4): 84-88.
- [14] 张全启,徐晓斐,齐洁,等. 牙鲆野生群体与养殖群体的遗传多样性分析[J]. 中国海洋大学学报, 2004, 34(5): 816-820.
- [15] 王志勇,柯才焕,王艺磊,等. 从 AFLP 指纹和标记基因序列看我国养殖的四种鲍的亲缘关系[J]. 高技术通讯, 2005, 15(12): 93-98.
- [16] 陈省平,包振民,潘洁,等. 4 种养殖扇贝的群体遗传多样性及特异性 AFLP 标记研究[J]. 海洋学报, 2005, 27(2): 160-164.
- [17] 王伟继,高焕,孔杰,等. 利用 AFLP 技术分析中国明对虾的韩国南海种群和养殖群体的遗传差异[J]. 高技术通讯, 2005, 15(9): 81-86.
- [18] 岳志芹,王伟继,孔杰,等. 用 AFLP 方法分析中国对虾抗病选育群体的遗传变异[J]. 水产学报, 2005, 29(1): 13-19.
- [19] Liu Y, Chen S, Li B, et al. Analysis of genetic variation in selected stocks of hatchery flounder, *Paralichthys olivaceus*, using AFLP markers[J]. Biochemical systematics and ecology, 2005 33 993-1005.
- [20] Coimbra M R M, Kobayashi K, Koretsugu S, et al. A genetic linkage map of the Japanese flounder *Paralichthys olivaceus*[J]. Aquaculture, 2003, 220 203-218.
- [21] 张俊彬,黄良民,陈真然. AFLP 技术在笛鲷的仔鱼鉴定及其分类学上的研究[J]. 海洋学报, 2005, 27(2): 165-171.
- [22] Vos P, Hogers R, Bleeker M, et al. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting[J]. Nucleic Acids Res, 1995, 23 4407-4414.
- [23] Wang Z Y, Tsoi K H, Chu K H. Applications of AFLP technology in genetic and phylogenetic analysis of penaeid shrimp[J]. Biochemical Systematics and Ecology, 2004, 32(4): 399-407.
- [24] Mickett K, Morton C, Feng J, et al. Assessing genetic diversity of domestic populations of channel catfish (*Ictalurus punctatus*) in Alabama using AFLP markers[J]. Aquaculture, 2003, 228: 91-105.
- [25] Yue G H, Li Y, Lim L C, et al. Monitoring the genetic diversity of three Asian arowana (*Scleropages formosus*) captive stocks using AFLP and microsatellites[J]. Aquaculture, 2004, 237 89-102.
- [26] Hedrick P W, Miller P S. Conservation genetics: techniques and fundamental[M]. Ecological Applications, 1992, 2 30-46.
- [27] 《中国渔业资源调查和区划》编辑委员会. 中国海洋渔业资源[M]. 杭州: 浙江科学技术出版社, 1988. 49-50.

欢迎订阅 2007 年《淡水渔业》

《淡水渔业》创刊于 1971 年,是中国水产学会主办,中国水产科学研究院长江水产研究所编辑出版的学术期刊。主要刊载渔业生物技术、渔业资源、渔业设施、渔业环境保护、水产养殖与增殖、水产生物病害、水产品加工利用等方面的科学实验和生产试验报告,少量刊登研究简报综述。关注参考或引用价值,突出学术热点和基础理论。

本刊为中国自然科学核心期刊,多次被评为全国优秀科技期刊。本刊立足水产,面向全国,适为教学、科研和生产服务,力求经典、权威、实用,是中国水产科技发展的一部活档案,是进行学术交流理想的平台,是水产学苑一本及时更新的通讯录。

欢迎水产相关高校、科研院所和技术推广部门的专业人员订阅和参考。

本刊为双月刊,大 16 开,80 页,国内外公开发行。国内统一刊号 CN 42-1138/S,邮发代号 38-32,国际标准刊号 ISSN 1000-6907。

本刊期定价 10 元,全年 6 期共 60 元。读者可采用两种方式订阅:①可在当地邮局订阅;②直接汇款到杂志社订阅。

通讯地址 湖北省荆州市江汉北路 41 号,邮政编码 434000

电话 (0716) 8129526,传真 (0716) 8130465

E-mail dsyy@chinajournal.net.cn