

栉孔扇贝消化盲囊细菌群落组成的季节变化分析

杨彩霞^{1,2}, 李赞², 张婧宇², 王崇明^{1*}

(1. 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 山东 青岛 266071;

2. 中国海洋大学教育部海水养殖重点实验室, 山东 青岛 266003)

摘要:为分析栉孔扇贝消化盲囊内细菌群落组成及其季节变化,于2009年6月—2010年6月(2月份除外)定期从青岛沙子口流清河湾扇贝养殖海区采集养殖的2龄栉孔扇贝,采用SDS方法提取消化盲囊的总DNA,并通过引物358f和907r采用PCR扩增细菌16S rDNA的V3~V5区序列,利用变性梯度凝胶电泳(denaturing gradient gel electrophoresis, DGGE)分离所得扩增序列。DGGE图谱显示,12个月份的样品共有不同位置的谱带11条,其中9条谱带作为共有谱带在所有月份的栉孔扇贝消化盲囊中均有分布,占总谱带数的81.82%,表明整个养殖季节栉孔扇贝消化盲囊内的细菌群落组成相对稳定。对11条DGGE条带进行切胶回收、PCR扩增、纯化、克隆后测序,其中9条谱带克隆测序成功。经BLAST比对搜索,结果显示9条序列与NCBI数据库中的序列相似性达97%~99%,所代表的细菌分别属于4大类群,变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、蓝细菌门(Cyanobacteria)和放线菌门(Actinobacteria);NCBI数据库中与其相近的细菌主要为马赛菌属(*Massilia*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)、微小杆菌属(*Exiguobacterium*)、聚球藻属(*Synechococcus*)、红球菌属(*Rhodococcus*)和未培养菌。

关键词:栉孔扇贝;消化盲囊;细菌群落;PCR-DGGE;

中图分类号:Q 938.8; S 966.2

文献标志码:A

水产动物消化系统内的细菌主要来自于摄食的饵料和周围的养殖水环境,进入体内的细菌与消化系统内环境通过一系列复杂的相互作用,能够适应的细菌存活下来。这些寄生的细菌既包括好氧及兼性厌氧细菌,也有专性厌氧细菌。有些寄居细菌可以分泌特殊酶类促进食物消化,在宿主的营养摄取方面具有积极作用;有些细菌能合成特殊物质,对进入体内的病原菌起到抑制作用,阻碍病原菌在宿主体内的快速繁殖;有些细菌通过提高宿主的综合免疫能力,增强宿主对各类病原及周围环境剧烈变化的抵抗和适应能力;也有些寄居菌则可能是一种条件致病菌,对宿主的健康具有潜在的危害^[1-4]。关于水产动物消化系统内细菌群落组成的研究已在鱼类^[5-6]、虾类^[7]、海参^[8]和贝类^[4,9]等多种动物上广泛开展,包括消化系统内细菌的组

成分析、环境因素与其细菌组成的关系以及部分细菌的分离和特性鉴定,这些研究为认识水产动物消化系统内细菌种类、组成及其变化特征和与宿主的健康关系奠定了理论依据。

水产动物消化系统内细菌群落组成的相关知识可以通过传统的培养方法获得,不同种类培养基的组合应用,可得到不同种类的细菌,从而较全面地反映消化系统内的细菌群落组成。但是,肠道内很多细菌为不可培养细菌,这使得平板分离培养的方法难以对消化系统内细菌的组成做到全面的分析。而PCR-DGGE技术则通过采用通用性的引物直接扩增细菌16S rDNA的V3~V5可变区序列,可以克服细菌不可培养的难题,能够对消化道内寄居细菌群落组成进行较为全面的分析。同时,该技术可对多个环境以及多个季节的

收稿日期:2012-03-16 修回日期:2012-07-20

资助项目:现代农业产业技术体系建设专项(CARS-48)

通讯作者:王崇明, E-mail: wangcm@ysfri.ac.cn

样品同时进行分析,为反映寄宿菌群落的遗传多样性和动态变化提供了可能,因此这一技术已被广泛用于食品^[10]、土壤^[11]、动物肠道^[12-13]和水环境^[14-16]等不同环境细菌群落多样性的研究。

栉孔扇贝 (*Chlamys farreri*) 是中国北方沿海主要的养殖贝类,具有重要的经济价值。扇贝是一种滤食性动物,仅根据食物大小及形态进行选择摄食^[17]。摄取的食物经过外套膜和鳃直接传输到消化盲囊,消化盲囊是贝类进行营养物质吸收与食物细胞内消化的主要功能器官^[18]。宋庆云等^[9]对青岛沿海 5 个采样点 4 个时间段栉孔扇贝和海湾扇贝 (*Argopecten irradians*) 消化盲囊内细菌总数进行了统计。而有关消化盲囊内细菌种类、组成及其季节变化还未见报道。本研究运用 PCR-DGGE 技术,对青岛沙子口流清河海区养殖栉孔扇贝消化盲囊内细菌群落组成的多样性进行了周年分析,并依据获得的分子信息,对消化盲囊内寄宿细菌的种类及其季节变化特点进行了比较,以期对栉孔扇贝细菌性病害的防治及养殖扇贝生态调控模式的优化提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 扇贝采集及消化盲囊内细菌总 DNA 的提取

2009 年 6 月—2010 年 6 月(2 月除外)定期采集青岛沙子口流清河湾扇贝养殖海区健康栉孔扇贝各 10 只,用 95% 酒精固定,运回实验室。

在超净工作台上取扇贝的消化盲囊组织(0.3~0.5 g),无菌蒸馏水冲洗 3 次,放入 10 mL 灭菌离心管中。消化盲囊总 DNA 提取采用 SDS 法^[19]。DNA 产物经 0.5 × TE 缓冲液过夜溶解后,紫外分光光度计测定 DNA 样品浓度和纯度,−20 °C 保存。

1.2 消化盲囊内细菌 16S rDNA V3 ~ V5 区 PCR 扩增及 DGGE 分析

以提取 DNA 为模板,扩增细菌 16S rDNA 的 V3 ~ V5 可变区序列,扩增反应条件和分析方法与文献^[16]相同。

将 DGGE 电泳分离得到的 DGGE 谱带切下并溶于 50 μL 无菌去离子水中,4 °C 过夜溶解。以此为模板进行 16S rDNA V3 ~ V5 区扩增。引物为不含 GC 夹的 358f(5'-CC TAC GGG AGG CAG CAG-3') 和 907r(5'-CCG TCA ATT CCT TTG AGT TT-3')。DGGE 条带的克隆与前报道

相同^[16]。阳性克隆交由生工生物工程(上海)有限公司测序。

1.3 系统发育树构建

测序所得的 DGGE 谱带序列经 BLAST (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) 在线比对后,挑选相似度最高的序列作为构建系统树的参考序列,用 MEGA 4.0 生物软件中的邻接法(Neighbor-Joining, NJ) 构建系统发育树,其中,Bootstrap 为 1 000 次重复。

2 结果

2.1 DGGE 指纹图谱分析扇贝消化盲囊细菌群落组成多样性

DGGE 图谱中谱带数能够反映细菌群落的多样性,谱带数越多表明细菌多样性越丰富。栉孔扇贝消化盲囊内细菌样品的 DGGE 电泳图谱显示(图 1),12 个月份的样品共有 11 条谱带,其中谱带 2、3、5、6、7、8、9、10、11 作为共有谱带在全年均有分布,占总谱带数的 81.82%。谱带 1(经测序后属于马赛菌属)只在 9、10、11 月存在,谱带 4(未成功完成测序)仅存在于 1 月份的扇贝消化盲囊内。结果显示,养殖海区栉孔扇贝消化盲囊内的细菌群落结构相对稳定。

2.2 16S rDNA V3 ~ V5 区序列及系统发育分析

将 11 条不同位置的谱带进行切胶回收,PCR 扩增,其中 9 条谱带成功完成克隆(图 1)。将 9 条序列进行测序,所得序列大小为 564 ~ 588 bp。BLAST 同源性分析表明,9 条序列与数据库中相应 16S rDNA 序列的最大相似性为 97% ~ 99% (表 1)。将 9 条序列与数据库中相应序列同时用于分析,构建 NJ 系统树,分析其亲缘关系。结果显示 9 条序列所代表的细菌归为 4 大类群: XHMNJ-1 与变形菌门中 β-Proteobacteria 亚门的蒂莫内马赛菌株系 97A4424 (*Massilia timonae* strain 97A4424) 亲缘关系相近, XHMNJ-2 和 XHMNJ-5 均与 δ-Proteobacteria 门的两种未培养菌亲缘关系相近, XHMNJ-3 和 XHMNJ-7 属于厚壁菌门,分别与芽孢杆菌属苏云金芽孢杆菌株系 BC32 (*Bacillus thuringiensis* strain BC32) 和微小杆菌属深海微小杆菌株系 GHA810 (*Exiguobacterium profundum* strain GHA810) 亲缘关系相近; XHMNJ-6 属于蓝细菌门,与聚球藻属的株系 WH8016 (*Synechococcus* sp. WH 8016) 亲缘关系相近; XHMNJ-9、10 和 11

属于放线菌门,分别与红球菌属的红平红球菌株系 BAC2162 (*Rhodococcus erythropolis* strain BAC2162)、连香树红球菌株系 DS30 (*Rhodococcus*

cercidiphylli strain DS30) 和束红球菌株系 JPLtot2-4 (*Rhodococcus fascians* strain JPLtot2-4) 亲缘关系相近(图 2)。

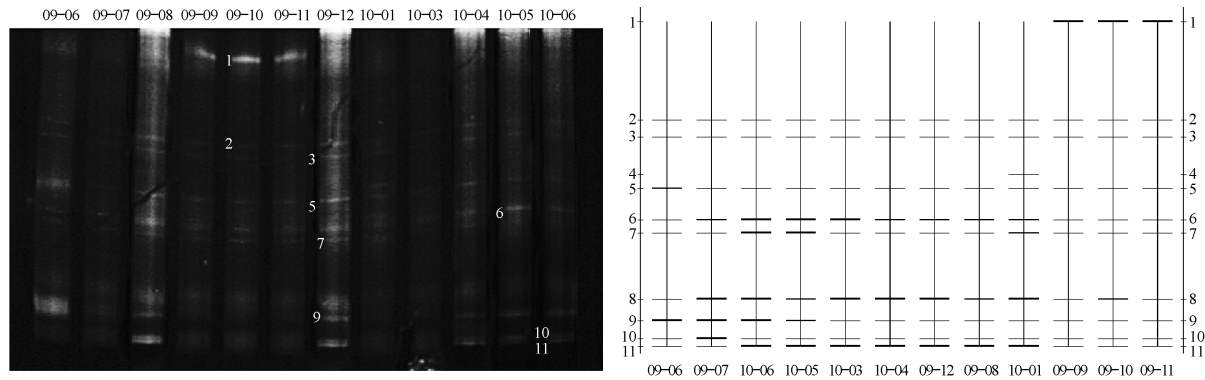


图 1 12 个月份栉孔扇贝消化盲囊细菌样品的 DGGE 分离图谱及分析示意图

09-06—10-06 表示 2009 年 6 月—2010 年 6 月(2 月除外)栉孔扇贝消化盲囊细菌样品,胶中数字代表测序谱带。

Fig.1 DGGE fingerprints of bacteria in 12 months' digestive diverticula of scallops

09-06 - 10-06 corresponded to June 2009 to June 2010 samples(except February) collected from digestive diverticula of scallops. Numbers in the gel marked were sequenced bands.

表 1 经 DGGE 分离获得的谱带序列与 GenBank 中序列的亲缘关系

Tab.1 Relationship between excised DGGE band sequences and other sequences in GenBank

条带 band no.	亲缘关系最近的序列 most closely related sequence	相似度/% similarity	归属类群 taxonomic group
XHMNJ-1	<i>Massilia timonae</i> strain 97A4424(AY157760.1)	99	Betaproteobacteria
XHMNJ-2	Uncultured delta Proteobacterium(FN689553.1)	97	δ-Proteobacteria
XHMNJ-3	<i>Bacillus thuringiensis</i> strain BC32(HM625829.1)	99	Firmicutes
XHMNJ-5	Uncultured delta Proteobacterium(FN689553.1)	97	δ-Proteobacteria
XHMNJ-6	<i>Synechococcus</i> sp. WH 8016(AY172834.1)	99	Cyanobacteria
XHMNJ-7	<i>Exiguobacterium profundum</i> strain GHA810(HM209745.1)	99	Firmicutes
XHMNJ-9	<i>Rhodococcus erythropolis</i> strain BAC2162(HM355749.1)	99	Actinobacteria
XHMNJ-10	<i>Rhodococcus cercidiphylli</i> strain DS30(EU834254.1)	99	Actinobacteria
XHMNJ-11	<i>Rhodococcus fascians</i> strain JPLtot2-4(DQ870746.1)	99	Actinobacteria

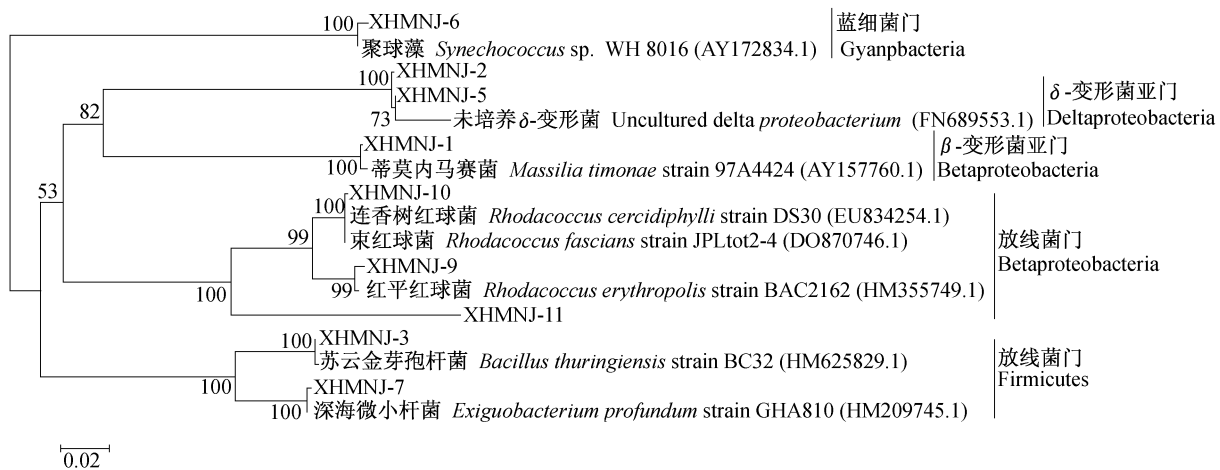


图 2 测序条带与其近源序列的亲缘关系分析

Fig.2 Phylogenetic tree based on sequenced bands and similar sequences from GenBank

3 讨论

实验采用 PCR-DGGE 技术对同一养殖海区 12 个月份 2 龄栉孔扇贝的消化盲囊内细菌群落组成进行了分析,其中所有月份均出现的谱带占总谱带数的 81.82%,表明栉孔扇贝消化盲囊内寄居的细菌种类及菌群结构相对稳定。通过序列比对分析,谱带 XHMNJ-1 与 β -变形菌亚门的马赛菌属 (*Massilia*) 细菌亲缘关系相近,仅在 9、10 和 11 月份出现,具有明显的季节性。这一季节性变化特点在不同海域的细菌群落组成研究中也存在^[20-21],同时本实验室对同一个及不同的扇贝养殖海区的研究中,也发现海区细菌群落组成具有季节性变化的现象^[16,22],分析认为环境因子和水温是主要影响因素。目前有关马赛菌属细菌的报道,分别从病人体内^[23]、饮用水^[24]、土壤^[25]和空气^[26]等环境中分离得到,但在海洋动物体内的报道尚属首次,具体原因还需进一步分析。谱带 XHMNJ-4 也具有明显的季节性,仅在 1 月份存在,但由于克隆失败,无法确定其所属类群。

对比同一养殖海区海水的细菌群落组成^[22],发现海水中的优势菌分别为变形菌门、拟杆菌门 (*Bacteroidetes*)、放线菌门和疣微菌门 (*Verrucomicrobia*);结合本研究结果可知,变形菌门和放线菌门同时是海区和扇贝消化盲囊内的优势细菌,而海区中并不具优势的厚壁菌门和蓝细菌门的细菌却是扇贝消化盲囊内的优势菌(表 2),这说明扇贝消化盲囊的细菌群落组成与海区细菌群落组成相比具有一定的差异。造成这一差异的原因可能有以下几方面:一方面,扇贝消化盲囊中的部分优势菌来源于摄食的藻类所富集的细菌;另一方面,扇贝消化盲囊对周围环境中的细菌的积累具有选择性,第三,蓝细菌可以作为扇贝饵料,可能是以饵料形式存在于扇贝消化盲囊内;第四,消化盲囊内环境与海水环境存在较大的差异,导致细菌群落组成不同。李彬等^[8]关于海参的研究也得到类似结果,施氏假单胞菌 (*Pseudomonas stutzeri*) 和巨大芽孢杆菌 (*B. megaterium*) 同时是海参养殖水环境中肠道中的优势菌,而海参肠道中的优势菌苏云金芽孢杆菌和灿烂弧菌 (*V. splendidus*) 却未在养殖水环境中出现。水产动物消化系统内的细菌主要来自于摄食的饵料和周围的养殖水环境,进入体内的细

菌与消化系统内环境通过一系列复杂的相互作用,能够适应的细菌存活下来,因此消化系统内细菌群落组成与环境中的存在一定差异。

表 2 青岛沙子口流清河栉孔扇贝养殖海区海水及消化盲囊细菌群落组成比较
Tab.2 The comparison of bacteria between scallop culture area and digestive diverticula in Liuqinghe sea area of Shazikou of Qingdao

细菌 bacteria	海区 ^[24] sea area	消化盲囊 digestive diverticula
α -变形菌亚门 α -Phaproteobacteria	35%	—
β -变形菌亚门 β -Proteobacteria	10%	11.11%
γ -变形菌亚门 γ -Proteobacteria	10%	—
δ -变形菌亚门 δ -Proteobacteria	—	22.22%
拟杆菌门 <i>Bacteroidetes</i>	25%	—
放线菌门 <i>Actinobacteria</i>	15%	22.22%
疣微菌门 <i>Verrucomicrobia</i>	5%	—
厚壁菌门 <i>Firmicutes</i>	—	11.11%
蓝细菌门 <i>Cyanobacteria</i>	—	33.33%

杨桂梅等^[5]发现投喂鲜活鱼虾与投喂人工配合饲料的暗纹东方鲀 (*Takifugu obscurus*) 肠道中的细菌群落组成存在差异。周志刚等^[6]发现海水鱼消化道菌群结构受到生长发育阶段、养殖环境及饵料变化等因素的影响。李彬等^[8]分析冬季刺参养殖环境与肠道内细菌群落时发现,肠道内优势菌组成与附着基的相似性更高。这些研究说明水产动物体内的细菌群落组成与养殖环境和食物种类有较大关系。本研究对同一养殖海区 12 个月栉孔扇贝消化盲囊内的细菌群落组成分析结果显示,消化盲囊内的细菌群落组成相对稳定,细菌多样性的季节变化并不明显。但是实际上,在养殖海区不同季节,扇贝食料的种类和多寡均会产生变化,这又说明栉孔扇贝消化盲囊内的细菌群落组成与其摄取的食物种类并不是一直密切相关,这一结果与已有的研究结果存在着较大的差异。

本研究对栉孔扇贝消化盲囊内细菌群落组成及其季节变化进行了初步研究,为今后更深入了解扇贝消化系统内细菌群落组成及生物疫苗的研发提供了理论基础。目前包括扇贝在内整个贝类消化盲囊及其肠道菌群多样性的研究还相当有限,需要进行广泛、深入的研究才可能准确反映贝类消化系统内细菌群落组成的普遍特征和变

化特点。

参考文献:

- [1] 温俊,孙笑非. 水产动物肠道微生态调控研究进展[J]. 饲料研究,2009,9:68-70.
- [2] 葛莉莉. 鱼类肠道菌群的研究概况[J]. 水利渔业,2006,26(4):17-20.
- [3] 丁丽,周维仁,章世元,等. 益生菌在水产上的应用及其对鱼类肠道菌群的影响[J]. 饲料工业,2009,30(20):27-30.
- [4] 蔡俊鹏,程璐. 九孔鲍消化道及养殖水体中异养细菌胞外产物的分析[J]. 微生物学通报,2006,33(3):70-76.
- [5] 杨桂梅,唐文乔,李会荣,等. 利用 PCR-DGGE 法分析暗纹东方鲀的弧菌菌落组成[J]. 上海水产大学学报,2006,15(3):257-263.
- [6] 周志刚,石鹏君,姚斌,等. 海水鱼消化道菌群结构研究进展[J]. 海洋水产研究,2007,28(5):123-131.
- [7] 李志勇,何丽明,吴杰,等. 基于 PCR-DGGE 基因指纹的对虾体内优势细菌组成分析[J]. 微生物学通报,2005,32(3):82-86.
- [8] 李彬,荣小军,廖梅杰,等. 冬季刺参养殖环境与肠道内细菌菌群的研究[J]. 海洋科学,2010,34(4):64-69.
- [9] 宋庆云,罗挽涛,王文兴,等. 扇贝的养殖环境及其体内的细菌学分析[J]. 黄渤海海洋,1997,15(3):26-30.
- [10] 付琳琳,曹郁生,李海星,等. 应用 PCR-DGGE 技术分析泡菜中乳酸菌的多样性[J]. 食品与发酵工业,2005,31(12):103-105.
- [11] Campbell J H, Clark J S, Zak J C, et al. PCR-DGGE comparison of bacterial community structure in fresh and archived soils sampled along a chihuahuan desert elevational gradient [J]. Microbiology Ecology, 2009,57:261-266.
- [12] 刘淮德,王雷,王宝杰,等. 应用 PCR-DGGE 分析南美白对虾肠道微生物多样性[J]. 饲料工业,2008,29(20):55-58.
- [13] 倪学勤,Joshua G,Hai Y,等. 采用 PCR-DGGE 技术分析蛋鸡肠道细菌种群结构及多样性[J]. 畜牧兽医学报,2008,39(7):955-961.
- [14] Lasse R, Grieg F S, Laura B F, et al. Bacterial community composition during two consecutive NE monsoon periods in the Arabian sea studied by denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) of rRNA genes [J]. Deep-Sea Research II, 1999, 46(6):1791-1811.
- [15] Lyautey E, Lacoste B, Ten-Hage L, et al. Analysis of bacterial diversity in river biofilms using 16S rDNA PCR-DGGE: methodological setting and fingerprints interpretation [J]. Water Research, 2005, 39: 380-388.
- [16] 杨彩霞,李贲,王娜,等. 应用 DGGE 技术分析桑沟湾贝藻混养海区细菌群落结构的季节变化[J]. 中国海洋大学学报:自然科学版,2011,41(增刊):129-134.
- [17] 王如才,王昭平. 海水贝类养殖学[M]. 青岛:中国海洋大学出版社,2008.
- [18] 绳秀珍,刘晓云,任素莲,等. 栉孔扇贝消化盲囊的组织学和组织化学的研究[J]. 青岛海洋大学学报,2001,31(3):361-367.
- [19] 张靖宇. 浮游微藻在 AVNV 流行传播中的作用分析[D]. 青岛:中国海洋大学,2010.
- [20] Schauer M, Balagué V, Pedrós-Alió C, et al. Seasonal changes in the taxonomic composition of bacterioplankton in a coastal oligotrophic system [J]. Aquatic Microbiology Ecology, 2003, 31:163-174.
- [21] Casamayor E O, Pedrós-Alió C, Muyzer G, et al. Microheterogeneity in 16S ribosomal DNA defined bacterial populations from a stratified planktonic environment is related to temporal changes and to ecological adaptations [J]. Applied and Environment Microbiology, 2002, 68:1706-1714.
- [22] 杨彩霞,王崇明,李贲,等. 应用 DGGE 技术分析流清河湾扇贝养殖海区细菌群落结构的季节变化[J]. 水产学报,2012,36(3):103-110.
- [23] Lindquist D, Murrill D, Burran W P, et al. Characteristics of *Massilia timonae* and *Massilia timonae*-like isolates from human patients, with an emended description of the species [J]. Journal of Clinical Microbiology, 2003, 41:192-196.
- [24] Gallego V, Sanchez-Porro C, Garcia M T, et al. *Massilia aurea* sp. nov., isolated from drinking water [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2006, 56:2449-2453.
- [25] Zhang Y Q, Li W J, Zhang K Y, et al. *Massilia dura* sp. nov., *Massilia albidiflava* sp. nov., *Massilia plicata* sp. nov. and *Massilia lutea* sp. nov., isolated from soils in China [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2006, 56: 459-463.
- [26] Weon H Y, Kim B Y, Son J A, et al. *Massilia aerilata* sp. nov, isolated from an air sample [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2008, 58:1422-1425.

Seasonal changes of bacterial community composition in digestive diverticula of scallops *Chlamys farreri*

YANG Cai-xia^{1,2}, LI Yun², ZHANG Jing-yu², WANG Chong-ming^{1*}

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

2. Key Laboratory of Mariculture, Ministry of Education, Ocean University of China, Qingdao 266003, China)

Abstract: The seasonal changes of bacteria community composition in digestive diverticula of 2 age scallops *Chlamys farreri* were studied. The scallop samples were collected every month since June 2009 to June 2010 (except Feb.) from Shazikou Liuqinghe sea area of Qingdao, which was the scallop culture area. The genomic DNA was extracted from digestive diverticula of scallop using SDS schizolysis method. Bacterial V3-V5 region of 16S rDNA was amplified with the 358f and 907r primers. Then, denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) was used to analyze and discriminate the amplified fragments. The DGGE fingerprint was analyzed by software Quantity One. The results showed that DGGE profiles exhibited 11 distinguishable bands, and 9 bands existed in all 12 months, the proportion of co-existed bands was 81.82%, the results indicated that the bacterial community composition was relatively stable in the digestive diverticula. Only 9 DGGE bands were successfully re-amplified, cloned, sequenced and aligned with BLAST. The result showed that the bacterial sequences shared high similarities (97% - 99%) with sequences logged on NCBI. And the 9 bands belong to 4 major groups: Proteobacteria, Firmicute, Cyanobacteria and Actinobacteria. The predominant bacteria species in digestive diverticula of scallops were *Massilia*, *Bacillus*, *Synechococcus*, *Exiguobacterium*, *Rhodococcus* and uncultured bacteria.

Key words: *Chlamys farreri*; digestive diverticula; bacteria community; PCR-denaturing gradient gel electrophoresis (PCR-DGGE)

Corresponding author: WANG Chong-ming. E-mail: wangcm@ysfri.ac.cn

欢迎订阅 2013 年《中国渔业质量与标准》

《中国渔业质量与标准》是由农业部主管、中国水产科学研究院主办的综合性学术刊物。本刊宗旨是：刊载我国渔业领域质量安全和标准等方面的政策法规、技术资讯及研究成果，搭建渔业质量与标准工作沟通交流的平台，提高渔业质量和标准水平，促进渔业可持续发展。主要收录水产品质量安全研究和标准研究等方面的具有创新性和学术价值的研究论文、综述等。内设栏目包括质量安全监管、渔业标准化、风险评估、学术研究、检验与检测、质量认证、学科建设、动态信息和国外研究等。

本刊为季刊，大 16 开，自办发行，每期定价 18.00 元，全年价 72.00 元，加邮费全年定价共计 80.00 元。凡需订阅本刊者，可直接与编辑部联系征订。

编辑部地址：北京丰台区永定路南青塔 150 号《中国渔业质量与标准》编辑部（邮编：100141）

联系人：孟娣 许玉艳

电话及传真：010 - 68690728

E-mail: cafsqs@cafs.ac.cn Website: www.fisheryqs.yywkt.cn