

Doi: 10.11840/j.issn.1001-6392.2019.03.012

小黄鱼(♀)×大黄鱼(♂)杂交子代 遗传特征分析

程兴兴^{1,2,4}, 刘峰^{1,2}, 宋红彬^{1,3}, 田璐^{1,2},
陈睿毅^{2,4}, 楼宝^{2,4}, 徐冬冬^{2,4}

(1. 浙江海洋大学 海洋与渔业研究所, 浙江 舟山 316021; 2. 浙江省海洋水产研究所, 浙江 舟山 316021;
3. 浙江海洋大学 水产学院, 浙江 舟山 316021; 4. 浙江省海水增殖重点实验室, 浙江 舟山 316021)

摘 要: 通过对小黄鱼(♀)×大黄鱼(♂)杂交子代及其双亲染色体核型和线粒体 COI 基因序列的比较分析, 旨在对其杂交遗传特性进行研究。其中染色体核型分析表明: 小黄鱼的核型为 $2n = 6sm+42t$, $NF=54$; 大黄鱼的核型为 $2n = 2sm+22st+24t$, $NF=72$; 杂交子代为 $2n = 8sm+12st+28t$, $NF=68$ 。杂交子代和亲本在染色体数目上一致, 但在组型上存在差异, 可能是由于杂交过程中双亲染色体组发生了融合和重配。同时, 对杂交子代及其亲本 672bp 的 COI 基因同源序列进行分析, 表明杂交子代与其母本小黄鱼的序列几乎一致, 利用 Kitumra-2-Parameter-Distance 双参数模型分析显示杂交子代与小黄鱼的遗传距离为 0.011, 该数值接近其种内平均遗传距离。基于 COI 基因片段序列构建的系统树显示, 杂交子代与小黄鱼聚成一支。杂交子代在线粒体 COI 基因上表现出严格的母系遗传特征。

关键词: 大黄鱼; 小黄鱼; 杂交; 遗传特征

中图分类号: S917.4

文献标识码: A

文章编号: 1001-6932(2019)03-0327-07

Analysis on the genetic characteristics of *Larimichthys polyactis*(♀) × *Larimichthys crocea*(♂)

CHENG Xing-xing^{1,2,4}, LIU Feng^{1,2}, SONG Hong-bin^{1,3}, TIAN Lu^{1,2},
CHEN Rui-yi^{2,4}, LOU Bao^{2,4}, XU Dong-dong^{2,4}

(1. Marine and Fishery Research Institute of Zhejiang Ocean University, Zhoushan 316021, China; 2. Marine Fisheries Research Institute of Zhejiang, Zhoushan 316021, China; 3. College of Fisheries, Zhejiang Ocean University, Zhoushan 316021, China; 4. Key Laboratory of Mariculture and Enhancement of Zhejiang Province, Zhoushan 316021, China)

Abstract: By comparing the karyotype and mitochondrial COI gene sequences between the hybrids of the *Larimichthys polyactis* (♀) × *Larimichthys crocea* (♂) and their parents, the genetic characteristics of the hybrids were studied. The karyotype analysis showed that the karyotype of *L. polyactis* was $2n=6sm+42t$, $NF=54$; the karyotype of *Larimichthys crocea* was $2n=2sm+22st+24t$, $NF=72$, and the hybrid offspring was $2n=8sm+12st+28t$, $NF=68$. Hybrid offspring and their parents have same chromosome number, but karyotypic variation were observed, which could be attributed to fusion and rearrangement of the parental genome during the hybridization process. At the same time, the homologous sequence of the 672 bp COI gene of the hybrid progeny and their parents were analyzed, indicating that the sequence of the hybrid progeny was almost identical to that of the *L. polyactis*. The phylogenetic analysis was analyzed based on Kitumra-2-Parameter-Distance two-parameter model. The genetic distance between hybrid offspring and *L. polyactis* was 0.011, which was close to

收稿日期: 2018-10-26; 修订日期: 2018-12-19

基金项目: 国家自然科学基金 (41476127); 浙江省重点科技研发项目 (2016C02055-7; 2017C02013); 浙江省海洋水产研究所科技计划项目(2019F303)。

作者简介: 程兴兴 (1995-), 硕士研究生, 主要从事鱼类细胞遗传学研究。电子邮箱: 1131758473@qq.com。

通讯作者: 徐冬冬, 博士, 研究员。电子邮箱: xudong0580@163.com。

the average intraspecific genetic distance within the species. A phylogenetic tree was constructed based on the sequence of the COI gene fragment and showed that the hybrid and *L. polyactis* were clustered together. Hybrid offspring showed strict maternal inheritance on the mitochondrial COI gene.

Keywords: *Larimichthys crocea*; *Larimichthys polyactis*; hybridization; genetic characteristics

大黄鱼 (*Larimichthys crocea*) 与小黄鱼 (*Larimichthys polyactis*) 同属石首鱼科 (Sciaenidae)、黄鱼属 (*Larimichthys*), 为我国近海重要的经济鱼类, 同属著名的四大海产。但近些年来由于环境恶化和过度捕捞等原因, 大黄鱼和小黄鱼的自然资源出现不同程度的衰退, 其人工养殖已成为满足水产品需求的重要途径。然而, 养殖过程出现品质下降、性成熟提前等种质退化现象 (董闻琦, 2003; 楼宝等, 2016), 严重影响其产量和品质。为了更好地开发和利用大黄鱼和小黄鱼的种质资源, 浙江省海洋水产研究所通过小黄鱼与大黄鱼的杂交, 培育出小黄鱼 (♀) × 大黄鱼 (♂) 的杂交子代, 在养殖中发现其相较于双亲在耐低温、抗应激等方面具有明显优势 (刘阳阳, 2018)。因此, 杂交子代具有较高的研究价值和应用潜力。

杂交可能产生综合双亲优良性状的后代, 也可以增加后代的变异性和异质性, 产生某些双亲所没有的新性状, 出现可利用的杂交优势, 因此杂交广泛应用于鱼类品种改良的育种实践 (江小斌, 2013)。目前关于石首鱼科鱼类杂交的研究已有很多报道, 如大黄鱼 (♀) × 鲩状黄姑鱼 (*Nibea miichthioides*) (♂) (简林江等, 2013)、大黄鱼 (♂) × 黄姑鱼 (*Nibea albiflora*) (♀) (隋班良等, 2012)、大黄鱼 (♀) × 鲩鱼 (*Miichthys miiuy*) (♂) (王晓清等, 2008) 等。在对杂交优势应用的同时, 也需要严格种质管理。杂交子代的扩散会对自然资源造成诸多负面影响, 如降低物种多样性、破坏种质安全, 甚至发生与纯种的回交, 造成严重的遗传污染。因此开展鱼类杂交的管理, 准确鉴定杂交种质不仅对于杂交优势的应用具有重要价值, 也对养殖生态的安全以及生物多样性保护具有重要意义。

本研究通过对小黄鱼 (♀) × 大黄鱼 (♂) 杂交子代及其亲本染色体核型以及线粒体 COI 基因序列的分析, 明确杂交子代的遗传特征, 以期对杂交子代的种质应用和管理提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

实验用鱼取自浙江省海洋水产研究所试验场 (舟山)。小黄鱼和大黄鱼均由试验场自主培育, 小黄鱼 (♀) × 大黄鱼 (♂) 的杂交子代由人工授精获得, 杂交子代及小黄鱼和大黄鱼各取 10 尾 (体长 16~20 cm, 体重 80~110 g)。实验鱼运输到实验室后置于养殖水箱中暂养, 水温 18℃~22℃。

1.2 染色体核型分析

染色体制片应用林义浩的植物凝血素 PHA 体内注射法 (林义浩, 1982)。方法如下: 向实验鱼腹腔内注射 PHA 溶液, 剂量为 6 μg/g。12 h 后注射秋水仙素, 剂量为 2.5 μg/g。3 h 后断尾放血取样, 将其肾脏组织剪碎成细胞悬液。向细胞悬液中加入 0.075 mol/L KCl 溶液, 室温下低渗处理 30 min。利用卡诺氏固定液固定三次, 冷片法滴片干燥后染色后观察。

选取来自不同个体的 100 个分散良好的细胞分裂相, 用正置显微镜 (ZEISS, CX10) 进行观察和拍照。采用 imageJ 和 Excel 软件对 10 个数目完整、形态清晰的分裂相进行染色体相对长度和臂比的测量计算, 并按 Levan (1964) 的分类标准进行分类配对排列组型。

染色体相对长度 = (实测染色体长度 / 全部染色体长度总和) × 100

臂比值 (NF) = 染色体长臂长度 / 染色体短臂长度

1.3 COI 基因序列分析

采用酚氯仿法 (彭居俐等, 2009) 对背部肌肉组织进行基因组 DNA 提取, PCR 扩增引物序列 COI-F1: 5'-TCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC-3' 和 COI-F2: 5'-TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGA-ATCA-3' (辛俭等, 2014)。PCR 扩增采用 25 μL 反应体系: 1×PCR 缓冲液, 2×Taq PCR MasterMix,

1 $\mu\text{mol/L}$ 正反向引物, DNA 模板约 300 ng。反应程序为: 预变性 94 $^{\circ}\text{C}$, 5 min; 35 个循环, 每个循环包括 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s; 退火 52 $^{\circ}$, 30 s; 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 1 min; 最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 再延伸 10 min, 4 $^{\circ}\text{C}$ 保存, 经凝胶电泳确认其扩增效果。将 PCR 扩增产物送至上海生工生物公司测序。采用 NCBI 的 Blastn 工具 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast>) 对所获得的测序结果进行序列比对和分析, 验证所得序列是否为目的片段。应用 Clustal X 软件对获得的 COI 基因序列进行聚类 and 比对, 并辅以手工校正。采用 MEGA 3.1 软件计算序列的变异位点、碱基组成等参数, 并利用 Kitumra-2-Parameter-Distance 双参数模型计算遗传距离, 分别利用采用邻接法 (NJ) 和非加权组平均法 (UPGMA) (1 000 次重复抽样 bootstraps 检测) 构建分子系统进化树。

2 结果

2.1 染色体核型分析

2.1.1 染色体数目

分别对小黄鱼、大黄鱼及其杂交子代各 100 个细胞染色体中期分裂相进行观察统计, 染色体数目范围介于 46~48 条之间, 其中 48 条正常染色体出现频率最高, 小黄鱼、大黄鱼以及杂交子代的比例分别为 72%、81%、67% (表 1)。据此表明三种鱼的二倍体染色体数目均为 $2n = 48$ 。

2.1.2 染色体组成

各选取小黄鱼、大黄鱼以及杂交子代的 10 个形态良好的染色体中期分裂相, 对其染色体的相对长度和臂比进行测量计算 (表 2), 并进行分类配

表 1 小黄鱼、大黄鱼及小黄鱼 (♀) × 大黄鱼 (♂) 杂交子代染色体数目统计

染色体数目	<46	46	47	48	>48
小黄鱼	2(2%)	4(4%)	19(19%)	72(72%)	3(3%)
大黄鱼	0(0%)	8(8%)	8(8%)	81(81%)	3(3%)
小黄鱼(♀)×大黄鱼(♂)杂交子代	4(4%)	1(1%)	21(21%)	67(67%)	7(7%)

表 2 小黄鱼、大黄鱼及小黄鱼 (♀) × 大黄鱼 (♂) 杂交子代中期染色体相对长度

编号	小黄鱼			大黄鱼			杂交鱼		
	相对长度	臂比	类型	相对长度	臂比	类型	相对长度	臂比	类型
1	2.29±0.03	1.97±0.30	sm	3.62±0.21	1.77±0.34	sm	3.10±0.09	1.83±0.30	sm
2	2.80±0.06	2.36±0.41	sm	3.02±0.18	4.15±0.05	st	3.04±0.03	2.65±0.11	sm
3	2.65±0.09	2.29±0.08	sm	3.07±0.07	3.67±0.11	st	3.10±0.11	2.66±0.16	sm
4	5.45 ±0.24	∞	t	3.18±0.03	3.43±0.36	st	3.22±0.06	2.52±0.08	sm
5	4.79 ±0.21	∞	t	3.23±0.02	3.04±0.14	st	3.27±0.15	3.72±0.12	st
6	4.55 ±0.20	∞	t	3.36±0.11	3.04±0.29	st	3.43±0.15	2.65±0.43	st
7	4.49 ±0.17	∞	t	3.44±0.07	3.13±0.24	st	3.73±0.03	4.82±0.52	st
8	4.40 ±0.17	∞	t	3.54±0.08	3.14±0.13	st	3.99±0.10	4.51±0.56	st
9	4.24 ±0.15	∞	t	3.59±0.05	3.01±0.16	st	4.19±0.13	4.57±0.27	st
10	4.24 ±0.15	∞	t	3.67±0.05	3.01±0.04	st	4.41±0.07	4.08±0.41	st
11	4.22 ±0.06	∞	t	3.83±0.10	3.11±0.20	st	3.87±0.08	∞	t
12	4.17 ±0.12	∞	t	3.93±0.02	3.29±0.31	st	3.60±0.08	∞	t
13	4.11 ±0.06	∞	t	3.18±0.02	∞	t	3.24±0.11	∞	t
14	4.11 ±0.08	∞	t	3.01±0.10	∞	t	3.04±0.12	∞	t
15	4.03 ±0.11	∞	t	2.83±0.01	∞	t	2.95±0.04	∞	t
16	4.03 ±0.22	∞	t	2.76±0.06	∞	t	2.87±0.01	∞	t
17	3.94 ±0.17	∞	t	2.67±0.03	∞	t	2.67±0.11	∞	t
18	3.80 ±0.06	∞	t	2.63±0.12	∞	t	2.64±0.06	∞	t
19	3.79 ±0.11	∞	t	2.60±0.02	∞	t	2.59±0.03	∞	t
20	3.72 ±0.12	∞	t	2.49±0.02	∞	t	2.56±0.13	∞	t
21	3.63 ±0.13	∞	t	2.43±0.10	∞	t	2.46±0.11	∞	t
22	3.55 ±0.12	∞	t	2.35±0.11	∞	t	2.42±0.10	∞	t
23	3.54 ±0.10	∞	t	2.02±0.08	∞	t	2.25±0.07	∞	t
24	2.94 ±0.14	∞	t	1.88±0.11	∞	t	2.00±0.08	∞	t

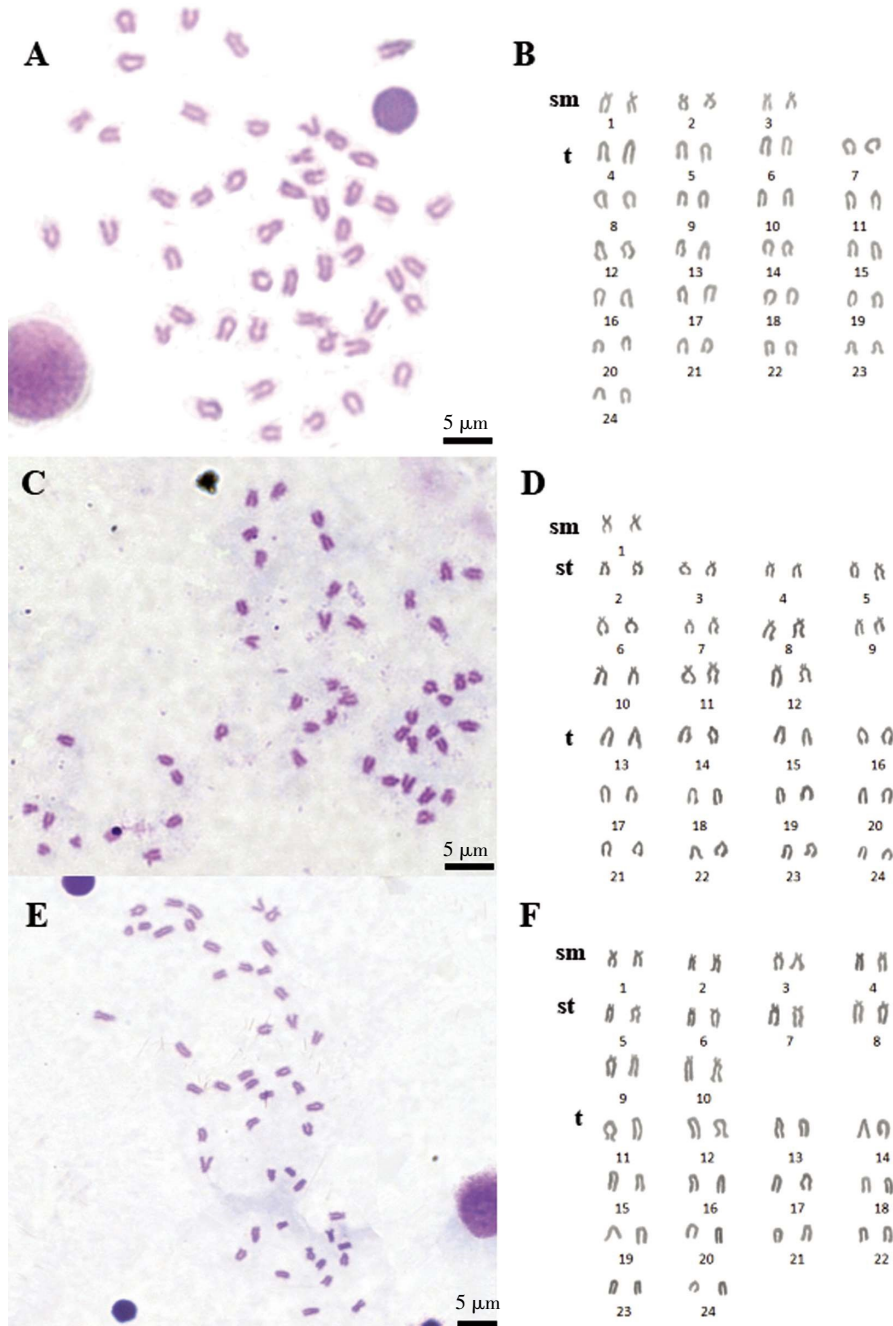
对获得三种鱼的核型图 (图 1)。小黄鱼核型公式为 $2n=6sm+42t$, $NF=54$; 大黄鱼为 $2n=2sm+22st+24t$, $NF=72$; 杂交子代核型公式为 $2n=8sm+12st+28t$, $NF=68$ 。

2.2 COI 基因序列分析

2.2.1 COI 基因序列特征

测序结果经比对和编辑后保留长度为 672 bp 的 COI 的部分同源序列, 编码 224 个氨基酸。结

果表明同种鱼的不同个体间的 COI 序列基本一致。不同种鱼序列对比共检测到变异位点 82 个 (12.2%), 其中单突变位 67 个, 保守位点 590 个。杂交鱼与小黄鱼的差异位点 9 个, 与大黄鱼的差异位点 79 个, 杂交鱼与小黄鱼的序列相似度为 98.66%, 与大黄鱼的序列相似度为 88.24%。结果表明杂交鱼与其母本的同源性相较其父本更高。小黄鱼的平均碱基组成为 $A=23.7\%$, $T=26\%$, $G=19.8\%$, $C=30.5\%$;



A, B 为小黄鱼; C, D 为大黄鱼; E, F 为杂交子代

图 1 小黄鱼 (♀) × 大黄鱼 (♂) 杂交子代及其亲本的中期分裂相及核型

大黄鱼 A=22.6%, T=27.4%, G=19.9%, C=30.1%。杂交子代碱基组成与小黄鱼碱基组成相一致。杂交子代及其亲本的 (G+C) 含量都接近 50%, 无明显差异和碱基偏向性。

2.2.2 种内和种间遗传距离和系统进化树

从 GenBank 下载同属于石首鱼科的鲢鱼 (*Milichthys miluy*, Mm, 登录号 HM447240.1)、棘头梅童

鱼 (*Collichthys lucidus*, Cl, 登录号 HM447239.1)、双棘原黄姑鱼 (*Protonibea diacanthus*, Pd, 登录号 EF528233.1) 的 COI 基因部分序列与本研究的三种鱼的基因进行系统进化分析, 采用双参数模型 Kimura-2-parameter 计算种间和种内遗传距离 (表 3)。

结果表明杂交子代与其母本小黄鱼的遗传距离

表 3 基于 COI 基因的六种鱼类的种间平均遗传距离

	小黄鱼	杂交子代	大黄鱼	双棘原黄姑鱼	鲢鱼	种内遗传距离
Lp						0.008
Lp×Lc	0.011					0.006
Lc	0.129	0.133				0.007
Pd	0.198	0.203	0.167			-
Mm	1.220	1.248	1.212	1.221		-
Cl	1.124	1.157	1.127	1.149	0.165	-

为 0.011, 低于 Hebert (2004) 提出的最大种内距离为 0.02 的标准差异, 在数值上更接近于平均种内遗传距离 0.007, 而与父本大黄鱼的遗传距离为 0.133, 远大于种内遗传距离。分别采用邻接法 (NJ) 和非加权组平均法 (UPGMA) 对该六种鱼构

建系统树。获得完全一致的拓扑结构 (图 2)。系统进化树显示, 母本小黄鱼和杂交子代所有个体聚在同一分支, 大黄鱼个体则聚为另外一簇, 以上结果表明杂交子代与其母本小黄鱼的 COI 基因进化水平极其相近。

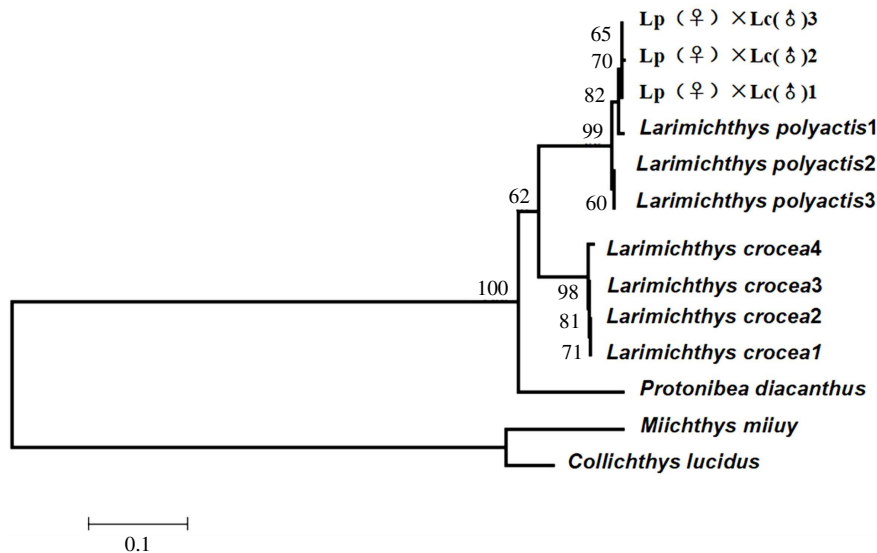


图 2 利用六种海水鱼的 COI 序列构建的系统进化树

3 讨论

为了区分和鉴别杂交后代, 研究中可以采用多种方法。形态观察区分是最直观的手段。但有些杂交子代, 尤其是种间杂交后代外部形态与其亲本极

其相似, 难以区分。所以研究中往往需要对其遗传特征展开研究。目前常用的分析方法主要有生化分析、染色体核型分析、流式细胞测定等手段 (郭诗照, 2011)。近些年来随着分子生物学的发展, 以 DNA 变异为基础的分子标记技术也广泛地应用于鱼类遗传特征的研究之中 (刘巧林, 2013)。为了

全面地反映杂交子代的特性,通常需要综合应用多种方法。本研究主要采用染色体核型和线粒体DNA标记对小黄鱼(♀)×大黄鱼(♂)的杂交子代进行种质鉴定。

染色体作为生物遗传物质的重要载体,其数目、结构的变化涉及大量遗传基因,直接影响到生物的形态和生理生化特性。关于大黄鱼、小黄鱼的核型研究有很多(王金星等,1994;全成干等,2000;邹曙明等,2003;娄剑锋等,2015;王德祥等,2006),不同的研究结果表明大黄鱼、小黄鱼的染色体数目均为48,但不同研究者的结果在组型存在差异。分析其原因:可能是由于不同地理群体的染色体存在多态现象以及实验方法的不同造成的;此外,两种鱼的染色体较小,造成区分端着丝粒染色体和亚端着丝粒染色体较困难。本研究通过雌性小黄鱼和雄性大黄鱼的种间杂交,获得了正常发育的杂交子代,核型分析结果表明杂交子代与亲代染色体数目均为48,从核型特征上看小黄鱼和大黄鱼分别有6条和2条亚中部染色体,而杂交子代拥有8条亚中部染色体,为其双亲之和;端着丝粒和亚端着丝粒染色体数目介于双亲本之间。由此可以推测,杂交子代的染色体是其父母本各一套染色体组成,但在遗传过程中存在明显变异。类似现象在其他鱼类杂交中也有报道,如鞍带石斑鱼(*Epinephelus lanceolatus*) (♂)和云纹石斑鱼(*Epinephelus moara*) (♀)杂交后代云龙斑,染色体数目与其亲本相同,但在杂交后代中出现了2对亲本不具有的亚中部着丝点染色体(成美玲;2018);团头鲂(*Megalobrama amblycephala*) (♀)×翘嘴鲌(*Erythroculter ilishaeformis*) (♂)杂交后代鲂鲌的染色体核型分析发现各杂种后代的染色体数目与亲本一致,但其核型却与亲本存在较大差异,并不是简单的由双亲本各提供一半染色体组合而成(郭丹丹,2017)。导致这一现象的原因尚不能确定,可能是杂交过程中染色体出现了罗伯逊易位、臂间倒位。杂交过程中染色体遗传物质的变化涉及大量基因的相互作用,探究更深层次的内容,还需结合其他分子细胞生物学技术。

线粒体基因是动物体内细胞核外的遗传信息系统,能够独立的转录RNA和翻译蛋白质,具有突变率高,进化速度快的特点,因而被广泛地运用到物种鉴定和进化水平的研究之中(武云飞等,

1999)。郑乐云(2014)利用COI、16SrDNA和Cytb等三种线粒体基因对云纹石斑鱼和赤点石斑鱼及其正反杂交子代进行遗传特征分析,结果发现杂交子代3个线粒体基因序列与母本基因序列的同源性都为100%。吴文化(2010)研究了11种养殖鲟鱼及杂交种线粒体DNA的COI基因序列,成功判断不同鲟鱼杂交子代的母本来源;李青等(2017)利用线粒体Cytb和COI基因比较了星斑川鲈、石鲈以及杂交子代F1的种质遗传特性,验证了杂交子代偏母系遗传的特性。大量研究都表明鱼类杂交子代的线粒体基因具有母系遗传规律。本研究的结果也验证了此观点,杂交子代与其亲本在基因特征、种内与种间遗传距离及其分子系统进化关系上均呈现明显的母系遗传。

综上所述,通过对小黄鱼(♀)×大黄鱼(♂)杂交子代及其亲本的染色体和COI基因的分析发现,其核外线粒体DNA序列严格按照母系遗传,而核内染色体遗传物质是其双亲的融合重组,符合正常的遗传规律,属于真正的杂交种。而且,本课题组还对小黄鱼(♀)×大黄鱼(♂)杂交子代进行了微卫星鉴定和流式细胞仪倍性检测,结果同样证明杂交后代是小黄鱼和大黄鱼杂交产生的后代(刘阳阳,2018)。本研究结果为石首鱼科鱼类杂交新品种的选育与种质鉴定提供了基础资料。

参 考 文 献

- Hebert P D, Stoeckle M Y, Zemplak T S, et al. 2004. Identification of Birds through DNA Barcodes. *PLoS Biology*, 2(10): e312.
- Levan A, 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas*, 52(2): 201-204.
- 成美玲, 田永胜, 吴玉萍, 等. 2018. 云纹石斑鱼(♀)×鞍带石斑鱼(♂)杂交后代染色体核型分析. *渔业科学进展*, 39(2): 67-75.
- 董闻琦. 2003. 浙江海区黄鱼属种群的遗传变异和种质研究. 宁波: 宁波大学.
- 郭丹丹. 2017. 鲂鲌杂交群体的染色体核型分析、草鱼重复基因 *fgf1* 克隆及鲫鱼 *HOX* 基因初步研究. 上海: 上海海洋大学.
- 郭诗照. 2011. 草鱼与鲌及其杂交子一代的形态、生长和遗传分析. 上海: 上海海洋大学.
- 简林江, 杨育凯, 刘贤德, 等. 2013. 大黄鱼(♀)与鲢状黄姑鱼(♂)杂交及其子代的遗传分析. *水产学报*, 37(6): 801-808.
- 江小斌. 2013. 斑鳢 *Channa maculata* (♀)×乌鳢 *C. argus* (♂)杂交子代及其亲本的遗传关系分析与鉴定. *福建水产*, 35(02): 93-99.
- 李青, 郑风荣, 关洪斌. 2017. 星斑川鲈、石鲈及其杂交一代(星斑川鲈♀×石鲈♂)的线粒体DNA序列比较分析. *渔业科学进展*, 38(2): 40-49.

- 林义浩, 1982. 快速获得大量鱼类肾细胞中期分裂相的 PHA 体内注射法. 水产学报, 6(3): 201-208.
- 刘巧林, 2013. 草鱼与赤眼鳟杂交 F1 遗传特征及对草鱼呼肠孤病毒抗性的研究. 长沙: 湖南农业大学.
- 刘阳阳, 2018. 小黄鱼与大黄鱼的种间杂交及 F1 代鉴定. 舟山: 浙江海洋大学.
- 娄剑锋, 雷世勇, 竺俊全, 2015. 岱衢洋大黄鱼染色体核型分析. 动物学杂志, 50(1): 148-152.
- 楼宝, 詹炜, 陈睿毅, 2016. 小黄鱼全人工繁育技术研究. 浙江海洋学院学报(自然科学版), 35(5): 361-365.
- 彭居俐, 王绪祯, 王丁, 等, 2009. 基于线粒体 CO1 基因序列的 DNA 条形码在鲤科鲷属鱼类物种鉴定中的应用. 水生生物学报, 33(02): 271-276.
- 全成干, 王军, 丁少雄, 2000. 大黄鱼染色体核型研究. 厦门大学学报(自然科学版), 39(1): 111-114.
- 隋班良, 蔡明夷, 刘颖, 等, 2012. 黄姑鱼 ♀ 与大黄鱼 ♂ 杂交试验与 AFLP 分析. 集美大学学报(自然科学版), 17(4): 241-246.
- 王德祥, 苏永全, 王世锋, 2006. 不同地理种群大黄鱼染色体核型的比较研究. 海洋学报(中文版), 28(6): 176-178.
- 王金星, 赵小凡, 王相民, 1994. 鲱形目和鲈形目七种鱼的核型分析. 动物学研究, 15(2): 76-79.
- 王晓清, 王志勇, 谢中国, 等, 2008. 大黄鱼(♀)与鲩(♂)杂交的遗传分析. 水产学报, 32(1): 51-57.
- 吴文化, 2010. 几种鲟鱼及杂交种 DNA 条形码研究及分子鉴别. 呼和浩特: 内蒙古农业大学.
- 武云飞, 康斌, 门强, 等, 1994. 西藏鱼类染色体多样性的研究. 动物学研究, 20(4): 258-264.
- 辛俭, 张玉荣, 等, 2014. 基于线粒体 16S rDNA 和 COI 基因探讨中国近海黄姑鱼类的分子系统进化关系. 海洋与湖沼, 45(2): 307-313.
- 郑乐云, 2014. 云纹石斑鱼和赤点石斑鱼杂交子一代线粒体相关基因的母性遗传特征分析. 上海海洋大学学报, 23(3): 351-358.
- 邹曙明, 李思发, 赵金良, 2003. 福建官井洋海区大黄鱼的染色体核型分析. 上海水产大学学报, 12(2): 84-86.

(本文编辑: 袁泽轶)