

教育部重点实验室 2014 年年报

实验室名称：海洋生物遗传学与育种教育部重点实验室

学 科 分 类： 生命科学

依 托 单 位： 中国海洋大学

主 管 部 门： 教育部

通 讯 地 址： 山东省青岛市鱼山路 5 号

邮 政 编 码： 266003

联 系 人： 包振民

联 系 电 话： 0532—82031960

传 真： 0532—82031960

电 子 邮 件： zmbao@ouc.edu.cn

实验室基本信息

1、实验室名称：

海洋生物遗传学与育种教育部重点实验室(中国海洋大学)

Key Laboratory of Marine Genetics and Breeding

(Ocean University of China) , Ministry of Education

2、学科领域：生命科学

3、研究类别：应用基础研究

3、建设承担单位：中国海洋大学

4、单位负责人：于志刚

5、建设地点：青岛市鱼山路 5 号

目 录

| | |
|---------------------------------------|-----------|
| 实验室基本信息 | 2 |
| 一、实验室年度内开展的主要工作和运行费的使用情况 | 4 |
| 二、实验室工作纪要 | 6 |
| (一) 科研项目和经费 | 6 |
| (二) 科技成果 | 6 |
| (三) 队伍建设与人才培养 | 6 |
| (四) 开放与交流 | 7 |
| (五) 科技支撑条件建设 | 7 |
| (六) 运行管理工作 | 8 |
| 三、实验室年度主要科研进展 | 9 |
| 四、依托单位给予的支持 | 30 |
| 五、存在问题与下年度计划 | 30 |
| 六、附表、附件 | 32 |
| (一) 附表 | 32 |
| (二) 附件 | 56 |

一、实验室年度内开展的主要工作和运行费的使用情况

实验室 2014 年开展主要工作如下：

1、学科建设与科研情况

2014 年，实验室强化了学科建设，进一步凝聚了学科方向。实验室强化了研究平台能力的提升，使实验室主持承担国家重大项目的的能力得到明显增强。实验室共主持和参与各类课题达 50 余项，其中“973”项目 2 项，国家“十二五”“863”重大项目 1 项，“863”计划课题 10 项，国家支撑计划项目 3 项，国家科技重大专项 1 项，国家自然科学基金项目 21 项（其中重点项目 1 项），公益性科研专项 2 项，山东省良种工程重大课题 2 项，山东省科技重大专项 1 项。

实验室提出了 LASSO_GBLUP 育种值估计方法，进一步完善了扇贝全基因组选择育种技术，育成的高产抗逆“蓬莱红 2 号”栉孔扇贝获得新品种证书；实现了栉孔扇贝担轮幼虫和单环刺螠担轮幼虫体外长期继代培养，建立了适合担轮幼虫的体外继代培养体系；开展牙鲆性控育种研究，成功建立了牙鲆全雌和雌核发育技术体系；开展龙须菜良种选育工作，“鲁龙 1 号”龙须菜申报国家水产新品种；开展栉孔扇贝全基因组测序和龙须菜转录组分析工作，对重要功能基因进行克隆表达分析。2014 年实验室共发表学术论文 60 余篇，其中 SCI、EI 收录 45 篇；获得专利授权 8 项，其中日本专利 1 项，软件著作权证书 2 项，申请专利 5 项。

2、组织学术会议。2014 年 11 月 2 日，实验室主办了“基因组时代水生生物学及分子育种技术发展趋势研讨会”，邀请来自中国以及美国、挪威、日本等国家的 30 余位专家学者参会讨论，另有实验室 20 余名老师和其他单位人员参会。

3、国际交流与合作。实验室十分重视国际交流与合作，2014 年度邀请美国、德国、英国、挪威、日本等国际知名专家学者来实验室进行学术交流和合

究 8 人次，派出实验室骨干出国参加国际会议 10 余人次，派实验室 4 名骨干到国外知名科研院所进行访学。

4、实验室条件建设及宣传工作。2014 年度，在学校化学馆抗震加固工程基础上，对实验室进行了重新布局，改善了实验室公共平台的条件。实验室在 985 建设经费的大力资助下，购进了一批大型仪器设备，更新了实验室的研究条件，并对原有大型仪器设备进行了维修维护，使其能更好的为实验室科研服务。

二、实验室工作纪要

（一）科研项目和经费

2014 年度，实验室共主持和参与各类课题达 50 余项，其中“973”项目 2 项，国家“十二五”“863”重大项目 1 项，“863”计划课题 10 项，国家支撑计划项目 3 项，国家科技重大专项 1 项，国家自然科学基金项目 21 项（其中重点项目 1 项，优秀青年基金 1 项，新增 3 项），公益性科研专项 2 项，山东省良种工程重大课题 2 项，山东省科技重大专项 1 项，年到校经费达近 2000 万元。

（二）科技成果

1. 学术论文

2014 年度共发表学术论文 60 余篇，其中 SCI 收录 45 篇，总影响因子为 108.055。

2. 专利

2014 年度实验室共获得专利授权 8 项，其中日本专利 1 项，申请专利 5 项，获得软件著作权 2 项。

（三）队伍建设与人才培养

1. 队伍建设

2014 年引进 2 名青年教师。队伍现有 24 人，其中教授 11 人，副教授 7 人，高级工程师 1 人，包括山东省泰山学者特聘教授 2 人，山东省海外泰山学者特聘教授 1 人，国务院特殊津贴获得者 2 人，教育部新世纪人才 4 人，国家自然科学基金优秀青年科学基金获得者 1 人，专任教师中具有博士学位者 100%。

2. 人才培养

实验室重视人才培养工作，2014 年度招收博士研究生 14 名、硕士研究生 40 名；毕业博士生 12 名，硕士研究生 32 名（硕博连读 8 人）。2014 年在校研究生 185 名，其中硕士研究生 129 名、博士研究生 56 名。

（四）开放与交流

学术会议和交流

加强和国内外同行的学术交流，把实验室办成我国海洋生物技术领域对外交流的重要平台是实验室的建设目标之一。2014 年 11 月 2 日，实验室主办了“基因组时代水生生物学及分子育种技术发展趋势研讨会”，邀请来自中国以及美国、挪威、日本等国家的 30 余位专家学者参会讨论，另有实验室 20 余名老师和其他单位人员参会。2014 年度邀请美国、德国、英国、挪威、日本等国际知名专家学者来实验室进行学术交流和合作研究 8 人次，派出实验室骨干出国参加国际会议 10 余人次，派实验室 4 名骨干到国外知名科研院所进行访学。

（五）科技支撑条件建设

2014 年以实验室为主体，联合中国科学院海洋研究所、中国水产科学研究院黄海水产研究所、青岛农业大学、威海市海洋与渔业局和威海长青海洋科技股份有限公司联合申报的山东省“海水养殖良种培育与种业工程协同创新中心”获批立项建设；实验室与威海市科技局、威海市海洋与渔业局联合建设“海洋生物遗传育种中心”工作正在按计划顺利进行；国家发改委的农业基本建设项目“扇贝遗传育种中心”正在建设中，这些中心的建成将进一步为实验室的公共服务平台和支撑体系建设做出贡献。

作为海洋生物遗传学与育种实验室，实验室加强了在有实力的企业中建立基地的工作，与山东明波水产有限公司、海阳黄海水产股份有限公司建立了鲆鱼遗传育种基地，与山东寻山集团、大连獐子岛渔业集团股份有限公司建立了贝类遗传育种基地，并与山东寻山集团等单位发起成立海水产业科技创新联盟，与大连獐子岛渔业集团股份有限公司建立扇贝育种联合实验室，与青岛恒生源有限公司建立了仿刺参遗传育种基地。这些实验基地的建成，为实验室提供了良好的产业化基础。

（六）运行管理工作

实验室参照国家重点实验室和国外相应重点及开放公共实验室管理办法进行管理。建立一个高水平的研究平台，除建设必要的硬件条件外，更重要的是建立顺畅的管理运行机制和浓郁的学术气氛。

1、2011 年 6 月 4 日，教育部科技司组织专家在中国海洋大学对“海洋生物遗传育种”教育部重点实验室的建设情况进行了验收。在通过教育部科技司组织的验收后，实验室向教育部提交了实验室第一届学术委员会主任和实验室主任提名；教育部于 2011 年 12 月 20 日下发了实验室通过验收的通知，教育部科技司于 2012 年 1 月 10 日下发了“教育部关于教育部重点实验室主任和学术委员会主任聘任”的通知，在接到通知后，实验室按照通知精神，组建了实验室首届学术委员会。

2、实行实验室主任负责制和研究方向带头人责任制相结合的运行模式。成立了实验室管理委员会，由实验室主任、副主任和各方向学术带头人组成，并设置了专职实验室秘书。日常运行管理由实验室主任负责，各学科方向的教学和研究工作由各方向带头人负责。

3、整合现有资源，建立了共享研究平台，建立了研究平台和大型仪器设备有偿共享服务机制，所有大型仪器设备向校内外开放，提高了大型仪器设备的使用率、提高了社会服务能力和高水平成果产出能力。

4、设置专职实验技术人员负责管理实验室仪器设备的日常运行；建立和完善实验室管理制度、仪器设备管理和使用登记制度，所有大型仪器设备全部实行用前预约、用后填写使用情况记录方法，以便合理安排仪器运行时间、提高使用效率、追踪使用成果、及时发现问题和维护、维修。保障仪器设备的完好率和精度，提高仪器设备的使用效率和功能开发水平。

三、实验室年度主要科研进展

(一) 海洋生物分子遗传学与分子育种方向

1. 虾夷扇贝高密度连锁图谱的构建

课题组利用 2b-RAD 技术对虾夷扇贝 F2 家系进行了基因组 SNP 规模分型, 构建了高密度遗传连锁图谱。遗传图谱总长度为 2318.97cM, 基因组覆盖度 75%以上, 含有 19 个连锁群, 定位了 6012 个 SNP 标记; 每个连锁群的长度在 81.3 cM 和 361.4cM 之间, 连锁群平均长度为 128.8cM; 每个连锁群平均定位标记数目为 316 个, 标记平均间隔为 0.39cM (图 1)。

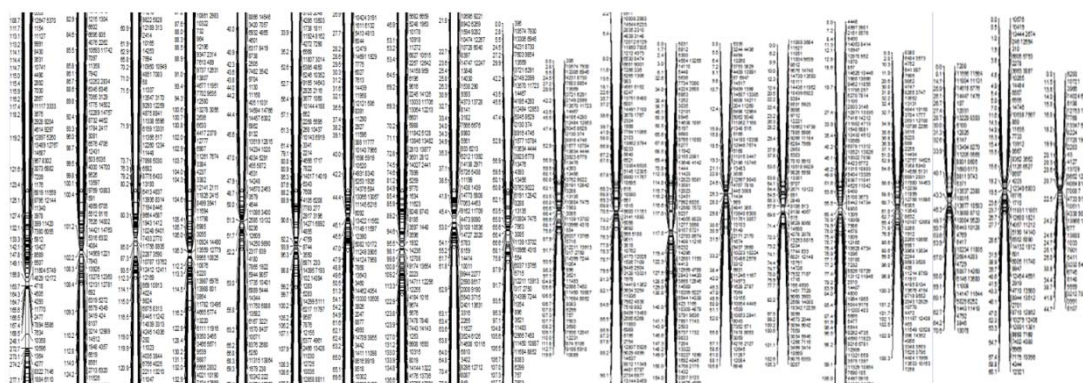


图 1. 虾夷扇贝高密度连锁图谱

2. 牙鲆高密度遗传连锁图谱的构建

本年度课题组继续开发牙鲆 SNP 标记, 利用高通量测序分型技术 (GBS) 方法已经获得高多态性单核苷酸多态性 SNP 标记 19000 个以上。基于以上大量 SNP、SSR 分子标记以及构建完成的牙鲆作图群体, 以 OneMap 软件进行了牙鲆高密度遗传连锁图谱的初步构建。构建的遗传连锁图谱含 24 个连锁群, 共 3643 个标记, 覆盖 1976.9cM, 平均图距 0.54cM。连锁群上标记的数目在 77 个到 211 个之间, 平均标记数为 152 个。根据 marker 序列, 97% 的 scaffold 序列可定位到连锁群上。

3. 扇贝全基因组选择育种技术平台建设

提出了 LASSO_GBLUP 育种值估计方法。位点表型效应和育种值估计的准确性是保证分子设计和全基因组选择育种效率的前提。为提高位点效应估计和育种值估计的准确性, 采用了 LASSO 算法, 从大量分型 SNP 中快速压缩提取出与性状有关的效应较大的 SNP, 并将这些 SNP 作为协变量; 微效基因部分采用 G 矩阵进行拟合。该方法同时考虑了主效

基因和微效基因对性状的贡献，经过模拟实验表明，LASSO_GBLUP 方法整体上优于目前国际上在畜牧育种中使用的 GBLUP 和 BayesB 方法（图 2）。相关软件已获软件著作权（登记号：2014SR013876）。

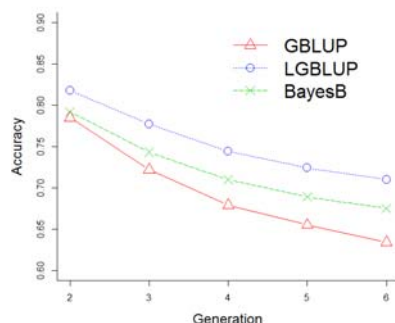


图 2. LASSO_GBLUP, GBLUP 和 BayesB 育种值估计准确性比较

评估了三种育种统计模型。借助扇贝家系内和家系间个体的全基因组 SNP 标记信息，课题组评估了不同基因组选择方法和模型对基因组预测的准确性，并获得与生长性状相关的 SNP 位点及候选基因。研究包括以下四个部分：

(1) 利用课题组研发的 2b-RAD 技术及 iML 分型算法，对扇贝两个全同胞家系和一个共享祖父的 F2 家系（3 个家系）共 349 个个体进行全基因组 SNP 标记的筛查和分型，利用全基因组来源的 2,346 个 SNP 标记对 3 个家系进行的系谱分析显示，3 个家系有明显的遗传差异。

(2) 借助全基因组来源的标记信息，使用 RR-BLUP、LASSO 和 BL 三种不同统计模型对生长相关性状利用不同的训练验证群体（家系内和家系间）进行了基因组选择准确性的评估，结果表明统计模型 RR-BLUP 和 BL 在家系间的基因组选择准确率较高，而在家系内模型 LASSO 的准确率略高于 RR-BLUP 和 BL（图 3）。

(3) 评估 RR-BLUP、LASSO 和 BL 三种不同统计模型在不同标记数目下基因组选择的准确性，结果表明与 BL 模型相比，RR-BLUP 和 LASSO 模型有较高的的准确率（图 4）。

(4) 鉴定与生长性状相关的 SNP 位点及候选基因。鉴别到 42 个与生长性状相关的 SNP 位点，其中有 4 个位点的检测率在使用 RR-BLUP 模型时的检测率达到 100%（图 5）。

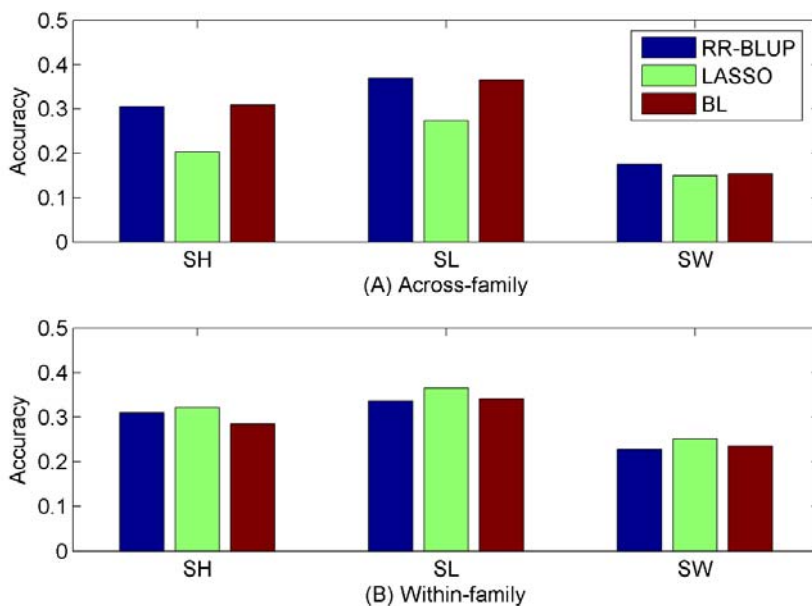


图 3. 使用 RR-BLUP、LASSO 和 BL 三种不同统计模型对生长相关性状在家系内和家系间的基因组选择准确性的评估。SH: 壳高; SL: 壳长; SW: 壳宽

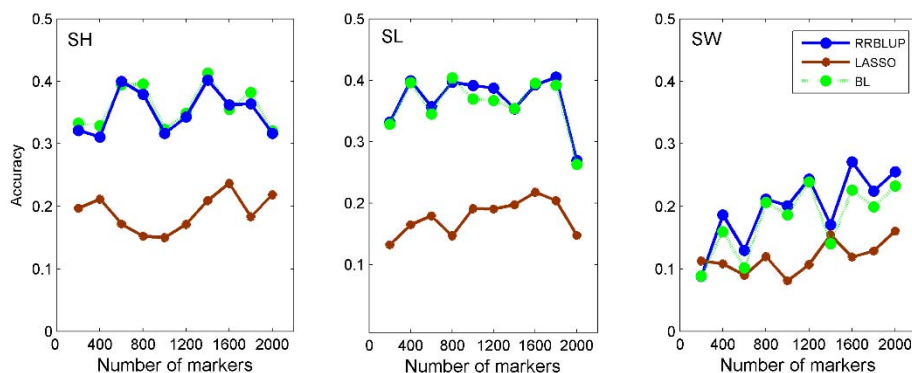


图 4. 不同标记密度对三种模型基因组选择准确性的影响

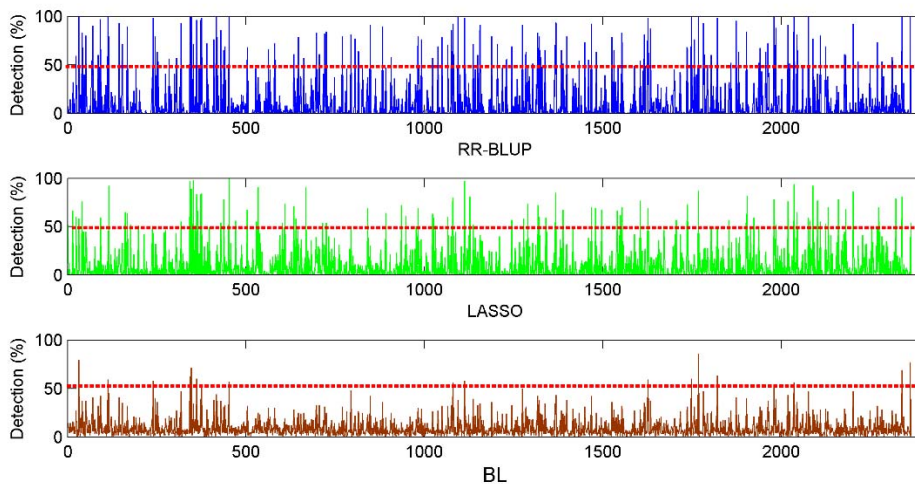


图 5. 使用 RR-BLUP、LASSO 和 BL 三种模型检测生长性状相关位点的检测率分布图。检测率超过 80% 的标记被认为是性状相关位点。

4. 扇贝优良品种选育工作

开展了栉孔扇贝优良苗种扩繁和群体选育工作，针对壳色、高产抗逆等性状进行定向选育。课题组在前期成功培育栉孔扇贝高产抗逆品种——“蓬莱红”的基础上，针对高产等性状并结合基因组信息，应用开发的分子育种技术，开展了“蓬莱红 2 号”的选育工作，目前已获得国家审定新品种证书（品种登记号分别为 GS-01-006-2013）。“蓬莱红 2 号”相对于基础群体“蓬莱红”以及野生对照组栉孔扇贝，具有生长速率快、成活率高等优势，表现出良好的生产性状和抗逆性能，为国内外第一个采用全基因组选择育种技术育成的良种，已在山东青岛、威海、烟台等地进行养殖推广。

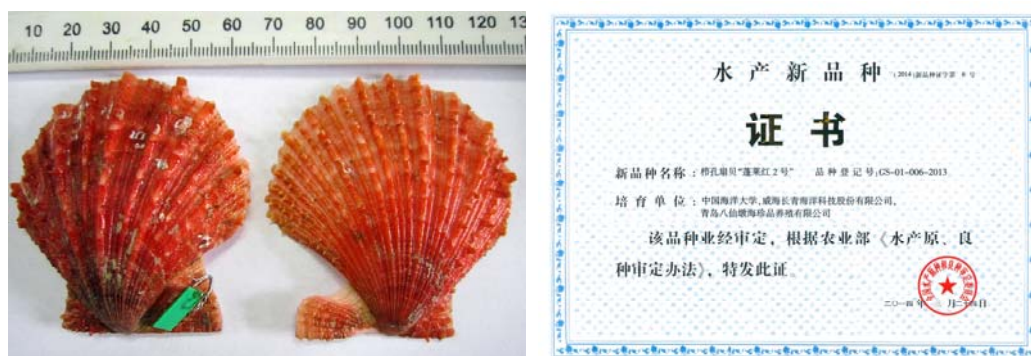


图 6. 蓬莱红 2 号栉孔扇贝新品种

(二) 海洋生物细胞遗传学与细胞工程育种

1. 建立了担轮幼虫稳定的体外继代（传代）培养体系

本年度在前期研究基础上，通过向培养基中添加因子以及优化各因子的添加比例等，使栉孔扇贝担轮幼虫在体外的存活时间和增殖能力较上一年度又有了进一步的提高。此外，本年度还扩大实验动物种类，尝试使用其他无脊椎动物担轮幼虫验证该培养体系的通用性，发现其对单环刺螠担轮幼虫和紫贻贝担轮幼虫也有同样的延长寿命和提高增殖能力的效果，并且在单环刺螠中的效果甚至好于贝类。本年度成功地建立了稳定的无脊椎动物担轮幼虫细胞原代和继代培养体系。

(1) 栉孔扇贝担轮幼虫继代培养

本年度春季（4 月底-5 月底）使用上一年度已经建立的栉孔扇贝担轮幼虫清洗、解离和培养条件启动原代培养，共启动了 12 个批次，其中 4 个批次出现了克隆并启动体外继代培养（图 7）。在继代培养中着重筛选培养基中的添加因子，尤其是组织提取液和卵黄提取液的添加量和比例等，提高了扇贝担轮幼虫体外继代培养细胞的活力和增殖能力；继代培养细胞在初期增殖旺盛，约 3-5 d 传代一次，这种情况可持续 6 代左右，之后，增殖速度逐渐减慢。目前这些幼虫细胞已在体外存活了约 160 d，传代次数达 21 代。

为了分析这些继代培养细胞的特征以及探知影响它们体外增殖能力的调控机制，本年度我们完成了 MTT 检测实验、启动了继代培养物的染色体组成分析和转录组水平筛选差异基因研究。MTT 检测结果显示，所选择的两个批次不同传代时间的继代培养细胞（526

批次的第 5、10 代细胞和 530 批次的第 6、12 代细胞) 的吸光值 (570 nm) 均显示早期细胞显著高于晚期细胞 (图 7), 表明早期继代培养细胞的增殖速度快于晚期继代培养细胞, 这与传代培养的观察结果是一致的。对继代培养物的染色体组成分析已经进行了 3 此方法摸索, 通过 4 个低渗液浓度梯度 (75、38、25、18 mM KCl) 的优化, 初步确定 38 mM KCl 为适宜的扇贝幼虫细胞低渗液; 使用 0.01%秋水仙碱处理继代培养的幼虫细胞, 目前尚未获得分散均匀、可分辨的染色体状态 (图 7)。下一步将针对秋水仙碱处理起始时间、持续时间等进行条件优化, 以期获得理想的染色体并完成染色体组成分析。为了探知引起扇贝幼虫细胞体外增殖减缓甚至停止的原因, 我们拟采用高通量测序技术, 分析和筛选其中的关键基因, 为后续的工作提供基础数据。目前已完成多个批次和不同代数继代培养细胞的收集和冻存, 现已启动了样本总 RNA 的提取工作。

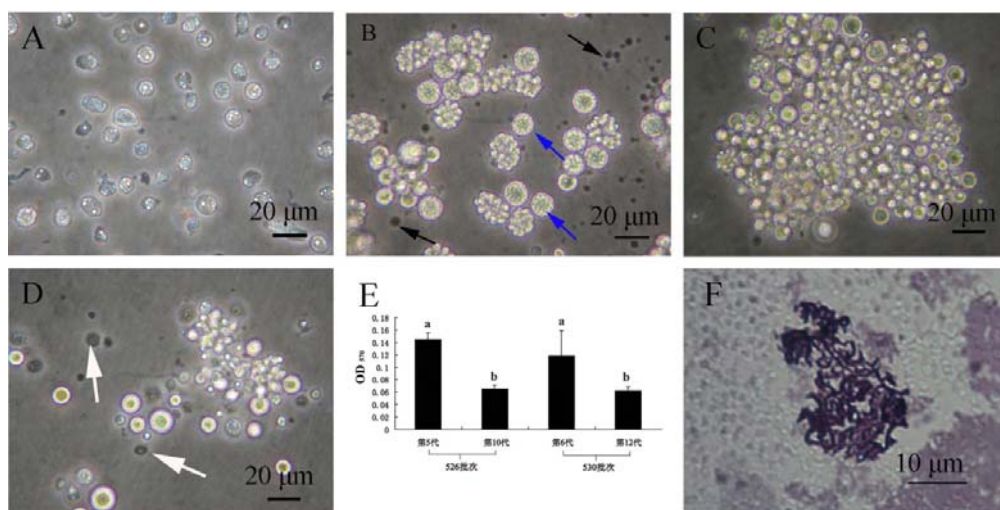


图 7. 栉孔扇贝担轮幼虫体外培养细胞及继代细胞特征检测

A. 原代培养 4 d 的担轮幼虫细胞; B. 刚出现克隆的细胞; C. 第 8 代担轮幼虫细胞; D. 第 21 代担轮幼虫细胞; E. MTT 检测不同代数的担轮幼虫继代培养细胞的增殖速率; F. 第 10 代担轮幼虫细胞的染色体组成分析。

(2) 单环刺螠担轮幼虫继代培养

使用栉孔扇贝担轮幼虫清洗、细胞分离和培养体系, 启动单环刺螠担轮幼虫原代培养, 通过筛选和优化添加因子及各因子比例, 确定这种向培养基中添加有效成分的途径同样也可以使单环刺螠幼虫细胞在体外进行增殖和延长细胞的存活时间。本年度秋季 (9 月下旬-10 月上旬) 陆续启动单环刺螠担轮幼虫细胞的原代培养, 共启动了 8 个批次, 其中 3 个批次 (924、925 和 107) 的原代培养物中出现克隆, 924 和 925 批次的继代培养细胞迄今已传代 16 和 14 代 (图 8), 107 批次由于污染严重仅传到第 3 代便舍弃了; 存活下来的两个批次细胞目前细胞增殖旺盛, 平均 3 d 传代 1 次, 已存活超过 50 d。

使用 DAPI 荧光染料检测第 7 和 10 代单环刺螠担轮幼虫体外培养细胞, 发现该体系中细胞的细胞核几乎占据了整个细胞的空间, 核质比极大 (图 8), 显示细胞处于低分化状态并具有增殖潜能。此外, 本年度还启动了单环刺螠染色体核型分析。通过低渗液筛选,

已确定 10 mM KCl 为适宜的低渗液，适宜的秋水仙碱处理条件正在筛选中。

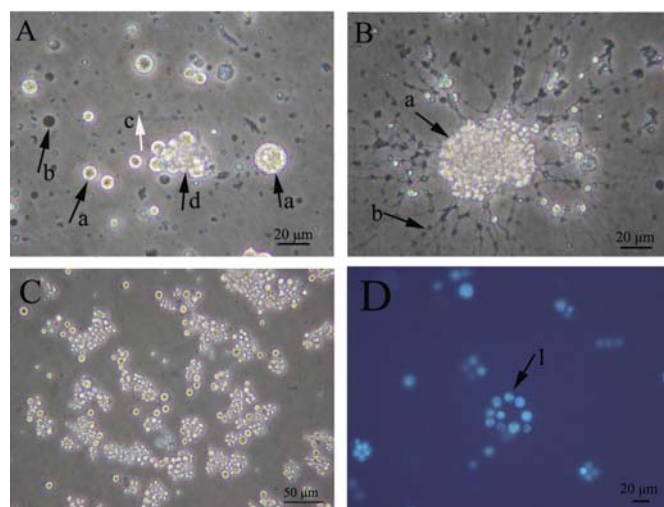


图 8.单环刺螠担轮幼虫的体外培养细胞

A.刚接种的原代细胞 a. 圆形透亮细胞; b. 圆形小黑色细胞; c. 体系中细菌; d. 接种初期聚集的细胞团;
B. 原代培养第 7 d 体系中出现克隆 a. 细胞团; b. 细胞贴壁伸出的丝状伪足; C. 第 7 代幼虫细胞; D. DAPI 显色的第 7 代幼虫细胞。

(3) 紫贻贝担轮幼虫继代培养

本年度 4 月上旬尝试启动了 1 个批次的紫贻贝担轮幼虫体外培养实验。实验体系与栉孔扇贝的完全一致。原代培养物中也出现了克隆，但遗憾的是体系中的克隆尚未达到规模的时候，由于出现污染而未能培养下去。但是早期的培养结果与栉孔扇贝同时期的状态类似，初步验证了担轮幼虫细胞培养体系的通用性。下一年度将进一步重复这个实验，并验证其有效性。

结论：通过上述物种担轮幼虫体外培养的结果，我们确定已初步建立了海洋无脊椎动物担轮幼虫体外长期继代培养体系，该体系为进一步实现海洋无脊椎动物永生细胞系的建立奠定了很好的基础。下一年度将再扩大培养其他无脊椎动物担轮幼虫的体外培养，进一步验证该体系的通用性，以期获得一个通用的担轮幼虫体外继代培养体系。

2. 牙鲆育种基础群体和家系选育

在过去连续进行牙鲆三代优良家系选育的基础上，课题组构建了重要生产性状遗传参数的精确评估模型，估计重要生产性状的遗传参数和育种值；评估育种目标性状的百分比加权。通过测量牙鲆家系中 3 月龄和 23 月龄牙鲆个体体质量、全长、体长、头长、体厚、体高等形态学指标，利用 SAS 8.2 软件对各性状间进行相关性分析和以形态性状为自变量对体质量的多元回归分析。在 3 月龄各形态性状中，体长对体质量的总的决定系数最大，其次为体高；在 23 月龄各形态性状中，全长对体质量的总的决定系数最大，其次为体高。3 月龄和 23 月龄形态性状对体质量的决定系数的总和分别为 $\Sigma d_1=0.9448$ 和 $\Sigma d_2=0.86495$ ，

表明影响 3 月龄和 23 月龄体质量的主要形态性状均已被纳入本研究中。

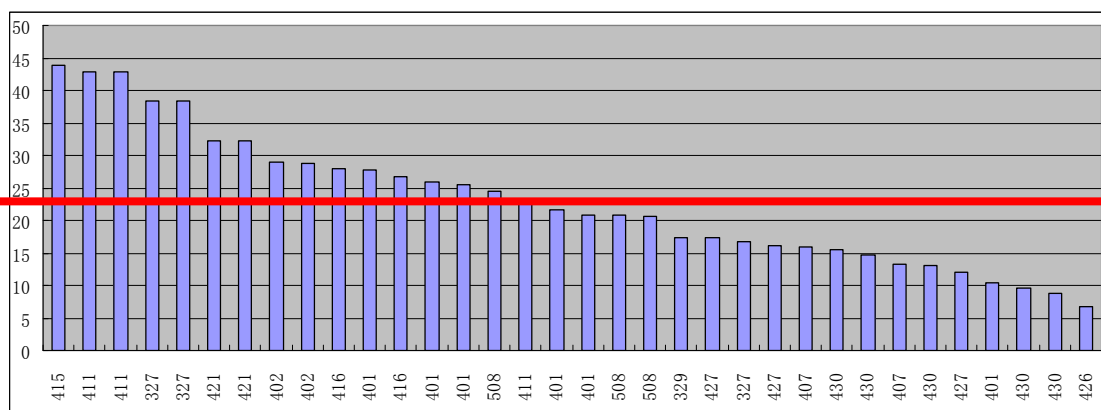


图 9. 牙鲆优良家系的选取

采用微卫星标记分析家系的遗传结构，采用物理标记区分混合养殖的家系，继续按照第三代家系构建的方案进行家系苗种培育，2014 年度在 2012、2013 年度培育 75 个家系的基础上，继续成功培育了第三代家系 30 个，各家系平均 1500 尾以上，健康状况良好。

3. 牙鲆性别控制育种研究

利用第二代家系的优良个体培育出雌核发育家系，课题组进行了全雌品系的建立和雌核发育家系的培育。建立全雌牙鲆苗种家系 10 个，每个家系苗种数量为 2000-3000 尾，利用多条伪雄鱼精液混合培育全雌品系 1 个，苗种数量 15000 尾以上，到 2014 年 7 月 5 日验收时苗种平均全长达 3.5cm；培育雌核发育家系 5 个，每个家系获得雌核发育个体 1200 尾以上，到验收时苗种平均全长 2.9cm。家系的培育应用了标准化的培育管理模式；并构建了家系遗传参数精确评估模型，估计重要生产性状的遗传参数及半同胞家系个体的育种值。2014 年 7 月 5 日本课题相关工作通过了中国海洋大学组织的有关专家现场验收，确认了上述全雌品系、家系及雌核发育家系的苗种培育结果。

4. 牙鲆精子介导方法转基因过程中外源 DNA 对精子的影响研究

课题组通过牙鲆精子与脂质体包裹的外源 DNA 孵育，摸索出精子介导过程中外源 DNA 对精子结构的影响。当精子与脂质体包裹的外源 DNA 孵育超过 50 分钟时，精子的完整性受到破坏，线粒体和顶体随着孵育时间的增加而破坏更严重。

表 1. 外源 DNA 对牙鲆精子活性的影响

| Combination of plasmid and sperm | Fertility rate (%) | | | | |
|-------------------------------------|-----------------------|------|------|------|------|
| | Incubation time (min) | | | | |
| | 0 | 10 | 15 | 30 | 50 |
| Untreated sperm | 90.3 | 90.0 | 87.2 | 83.5 | 80.2 |
| pEGFP-C1 plasmid/sperm | 90.1 | 50.1 | 33.4 | 0 | 0 |
| Lipo-Complex-pEGFP-C1 plasmid/sperm | 91.4 | 85.7 | 82.8 | 78.2 | 77.8 |

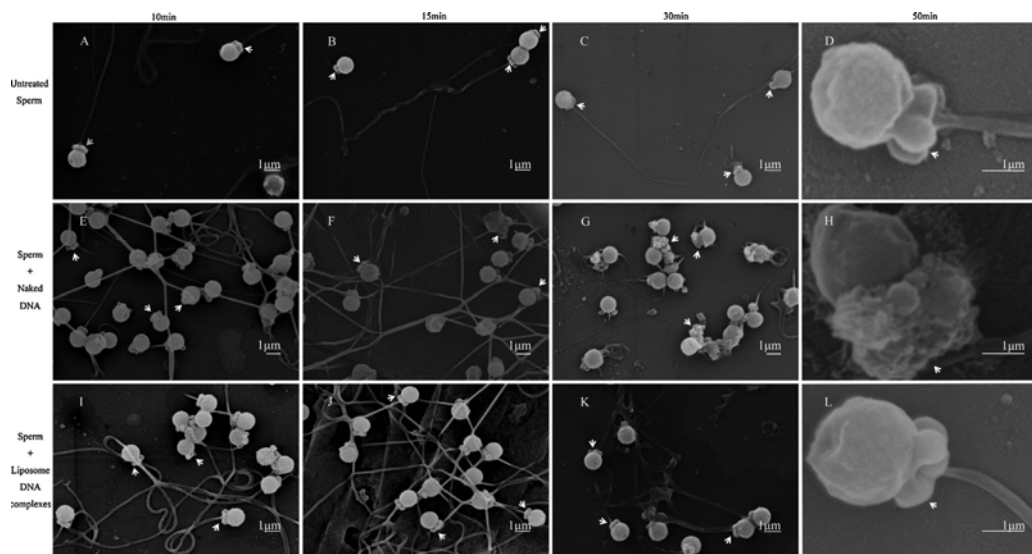


图 10. 外源 DNA 对精子形态的影响

5. 龙须菜生长发育特性研究

课题组研究了温度、光照强度、盐度、光周期对龙须菜 981 良种四分孢子放散量的影响。每个因素设置了 4 个水平，根据正交试验设计原理设计 L16 (4^5) 正交表进行试验。孢子放散的直观分析和方差分析确定 981 良种四分孢子放散的最佳条件为：温度 $25\text{ }^{\circ}\text{C}$ ，光照强度 $30\text{ }\mu\text{mol m}^{-2}\text{s}^{-1}$ ，盐度 35 psu，光暗周期 14/10 h L/D。其中，各因素的影响大小为：A（温度）>B（光照强度）>C（盐度）>D（光暗周期）。温度和光照强度对 981 良种四分孢子放散量有显著性影响 ($P<0.05$)。四分孢子放散量在温度为 $25\text{ }^{\circ}\text{C}$ 时最大，为 $4045\text{ g}^{-1}\text{FW/d}$ ，大概 10 倍于温度为 $15\text{ }^{\circ}\text{C}$ 时的四分孢子放散量 ($406\text{ g}^{-1}\text{FW/d}$)；在光照强度为 $30\text{ }\mu\text{mol m}^{-2}\text{s}^{-1}$ 时四分孢子放散量最大，随着光照强度的增加，四分孢子量显著下降。因此，四分孢子放散的最佳温度和光照强度为 $25\text{ }^{\circ}\text{C}$ ， $30\text{ }\mu\text{mol m}^{-2}\text{s}^{-1}$ 。盐度和光暗周期对 981 良种四分孢子放散量没有显著性影响 ($P>0.05$)。

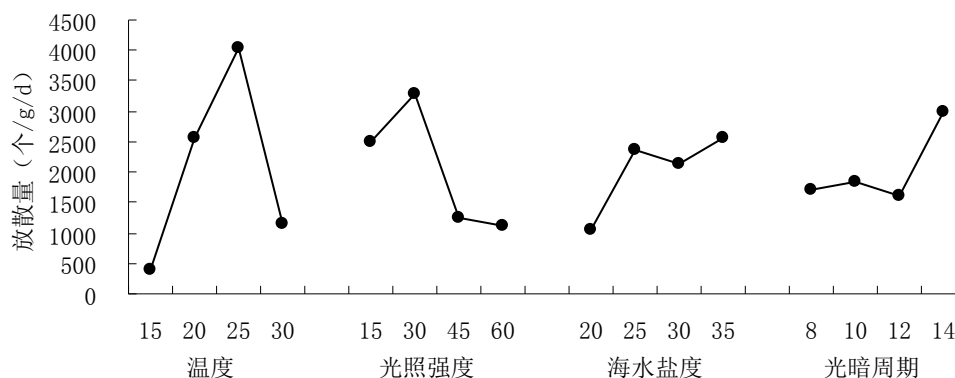


图 11. 四个环境因素与 981 四分孢子放散量的趋势图

课题组调查分析了 5 种与龙须菜生长相关的数量性状：鲜重 (FW)、主枝长 (FBL)、

茎粗 (SD)、分枝总数 (SBN) 和分枝总长 (SBL)。研究结果显示鲜重与其他 4 个性状呈线性相关趋势, 且为明显正相关性 ($P < 0.01$), 其中简单相关系数最大的为分枝总长, 最小的为分枝总数。鲜重与其他 4 个性状的多元逐步回归模型为: $Y_{FW} = -1.511 + 0.613X_{FBL} + 1.395X_{SD} - 0.615X_{SBN} + 0.651 X_{SBL}$, 该模型的相关系数 R^2 为 0.753, 说明自变量是影响鲜重的大部分因子。T 检验、F 检验、残差分析、多重共线性诊断及配对 T 检验的结果均表明主枝长、茎粗、分枝数、分枝总长在方程中具有统计学意义, 表明该模型构建过程的正确性以及所得模型的稳定性。另外, 利用构建好的模型计算所得的验证组龙须菜鲜重预测值, 和该组的观测值无显著性差异 ($P > 0.05$), 并且验证组鲜重观测值与模型预测值之间的变化趋势也非常一致 (图 12)。由此可见, 该方程可为育种学方法的解析和育种材料的筛选提供相关依据。

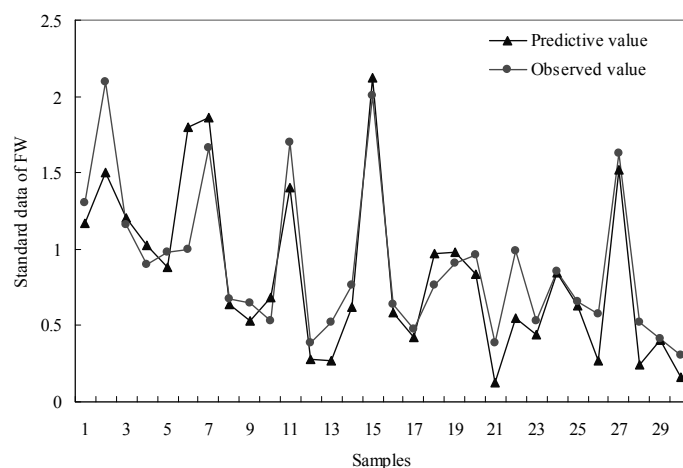


图 12. 验证组鲜重观测值与预测值的变化趋势图

通径分析结果表明分枝总长对鲜重的直接影响最大 (path coefficient=0.650), 且各生长相关性状与藻体鲜重间关系分析表明分枝总长和鲜重的简单相关系数最大, 是变异系数最高的性状。这说明分枝总长是影响藻体鲜重最主要的因素。因此, 在龙须菜育种和产业化过程中, 选择具有分枝总长较长的藻体作为育种和栽培材料有助于龙须菜的增产。

6. 新品系开发与示范推广

近几年培育的新品系“ZC”更名为“鲁龙1号”申报国家良种,“鲁龙1号”主要优点: 是在相同海区相同区域下养殖, 其生长明显比传统品种快, 养殖 28-35 天后, 平均簇长是传统品种的 1.5-2.9 倍; 藻红蛋白含量比传统品种增加了 11%以上; 藻体颜色更深且偏红 (图 13); 总蛋白含量比传统品种增加约 12%以上; 藻体长, 更有利于海上收割; 抗风浪, 从海区栽培试验来看, 相比龙须菜传统栽培品种在风浪大的外海区域脱苗情况更少,

即新品系更加抗风浪。本年度继续进行新品系的示范栽培与推广实验，在福建莆田与连江示范栽培 2000 亩，在福建莆田与山东乳山良种推广 1 万亩。

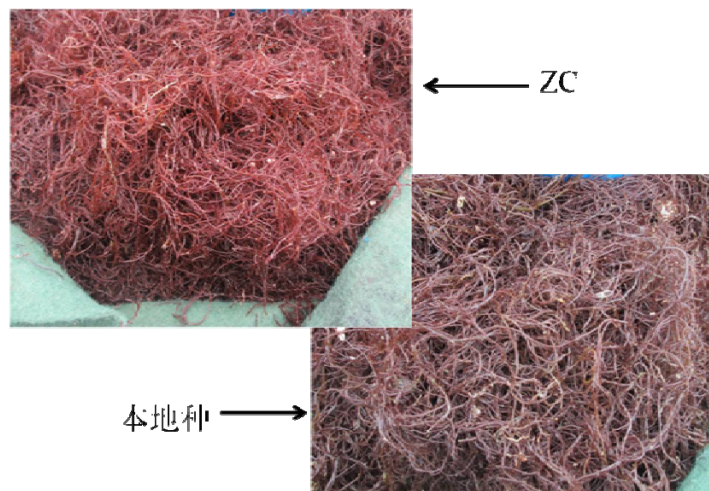


图 13. 藻体颜色对比

(三)、海洋生物基因组学与进化生物学

1. 栉孔扇贝全基因组测序及基因组学分析

(1) 栉孔扇贝全基因组序列图谱绘制

针对前期基因组评估得到的栉孔扇贝基因组高杂合 (~1.4%)、高重复 (61%) 等特性，建立了针对贝类复杂基因组的拼接策略，完成了栉孔扇贝基因组序列图谱的绘制。该策略借助超高深度的测序数据，根据测序深度差异将杂合区域分成两套 contig 来拼接。获得 contig N50 约为 21.5 Kb；最长 contig 达到 197,796 bp，总长度约 745 Mb；scaffoldN50 约 602 Kb，scaffold 总长度达 780 Mb (表 2)。利用部分测序数据、BAC 克隆序列、RNA-Seq 数据以及已知蛋白序列等与基因组比对情况的一致性评估结果显示，拼接得到的栉孔扇贝基因组序列对基因组和功能基因区的覆盖度分别到达 98% 和 99% 以上，获得了高质量的栉孔扇贝全基因组序列图谱。

表 2. 栉孔扇贝基因组组装结果

| | Length | | Number | |
|--------------------|-------------|---------------|---------|----------|
| | Contig (bp) | Scaffold (bp) | Contig | Scaffold |
| Total | 745,399,745 | 779,935,877 | 148,999 | 96,024 |
| Max | 197,796 | 6,017,065 | ~ | ~ |
| Number \geq 100 | - | - | 148,850 | 393,732 |
| Number \geq 2000 | - | - | 48,645 | 8,696 |
| N50 | 21,500 | 602,055 | 9,690 | 344 |

利用拼接得到的栉孔扇贝全基因组序列图谱,分析了栉孔扇贝基因组重复序列、非编码RNA和基因结构等的特征。重复序列预测结果显示,栉孔扇贝基因组中含有 32.07%的重复序列,其中串联重复序列约为92Mb,占基因组的11.3%,转座元件约为193Mb,占基因组的23.6%,具体分类及各种类型转座元件统计如表3。栉孔扇贝转座元件与Repbase数据库中已有转座元件的比对结果显示,其大部分的序列分歧度在10%以上(图14),表明重复序列数据库中的已有序列与栉孔扇贝转座元件序列同源性较差。非编码RNA预测结果表明,栉孔扇贝基因组中包含miRNA908个,rRNA75个,snRNA136个,以及tRNA 2,315个。

表3. 栉孔扇贝基因组转座元件统计结果

| 重复序列类型 | 重复序列长度 (bp) | 占基因组比例% |
|---------|-------------|---------|
| DNA | 55,031,192 | 6.74 |
| LINE | 35,551,234 | 4.35 |
| SINE | 18,331,236 | 2.25 |
| LTR | 4,243,926 | 0.52 |
| Other | 4,426 | 0.0005 |
| Unknown | 85,677,720 | 10.49 |
| Total | 192,745,545 | 23.61 |

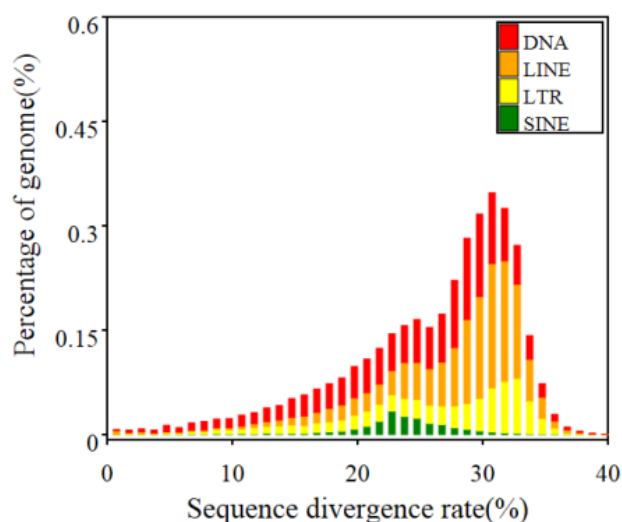


图14. 栉孔扇贝转座元件多态性分布

(2) 栉孔扇贝基因组结构功能特征分析

高质量的基因组序列图谱为栉孔扇贝基因的预测提供了良好的数据基础。为了保证基因结构预测的准确性和完整性，基因结构预测采用同源预测、从头预测和 RNA-Seq 数据预测三种方法整合的策略。预测扇贝基因组中共有 20,200 个基因，CDS 平均长度 1.3 Kb。平均每个基因含有 7 个外显子，外显子平均长度约 187 bp。将栉孔扇贝预测得到的蛋白编码基因集分别与 5 个蛋白数据库 (Swiss-Prot、TrEMBL、InterPro、Gene Ontology 和 KEGG) blastp 比对进行功能预测。其中在 Swiss-Prot、TrEMBL 和 InterPro 中分别有 13,917 个、17,079 个和 13,581 个栉孔扇贝基因可以得到功能注释，10,746 个基因被注释到 1 个或多个 GO 条目，11,145 个基因参与 KEGG 代谢通路。对 5 个数据库注释结果汇总后，共有 17,224 个基因在至少一个蛋白数据库中被功能注释，占栉孔扇贝全部基因集的 85.27%，2,976 个基因没有在已知蛋白公共数据库中找到同源序列 (表 4)。

表 4. 不同数据库功能注释基因数统计

| 数据库 | 注释基因数目 | 占总基因数比例(%) |
|-------------|--------|------------|
| Total | 20,200 | -- |
| Swissiprot | 13,917 | 68.90 |
| TrEMBL | 17,079 | 84.55 |
| KEGG | 11,145 | 55.17 |
| InterPro | 13,581 | 67.23 |
| GO | 10,746 | 53.20 |
| Annotated | 17224 | 85.27 |
| Unannotated | 2976 | 14.73 |

2. 龙须菜转录组学分析工作

(1) 序列分析和从头组装

分别提取不同培养条件下 20 种样品的总 RNA，利用 Illumina HiSeq™ 2000 对混合 RNA 样品进行转录组测序，去除接头及低质量序列后共获得 33,837,454 条 high-quality (HQ) reads，大约占 94%，其中碱基质量>20 (Q20) 和>30 (Q30) 分别占总体碱基数目的 99.99%和 87.95%。

基于高质量的序列，利用 Trinity 共组装得到 17,985 条 unigenes，其 N50 为 3,782 bp，平均 GC 含量~ 50.58%。图 13 展示了各 unigenes 长度大小分布情况，长度范围为 201 - 24,423 bp，平均的长度是 1409 bp，大约 31.92%和 21.46% unigenes 长度分别大于 1K 和 2K。正如所预期的，unigene 数目与组装其所用的 reads 成正相关的关系，但是当测序达到饱和时（本研究中为 1×10^7 reads），进一步地提高测序深度则不会发现更多的 unigene（图 16）。在 17,985 unigenes 中，大约 9984 个基因的覆盖率为 90.00-100%，约占总基因数的 55.5%。此外，86.0%基因的覆盖率超过 70%，而只有 3.3%的覆盖率低于 50%。这些结果表明 Illumina 的双末端测序能高效准确地捕获到龙须菜大部分的转录组。

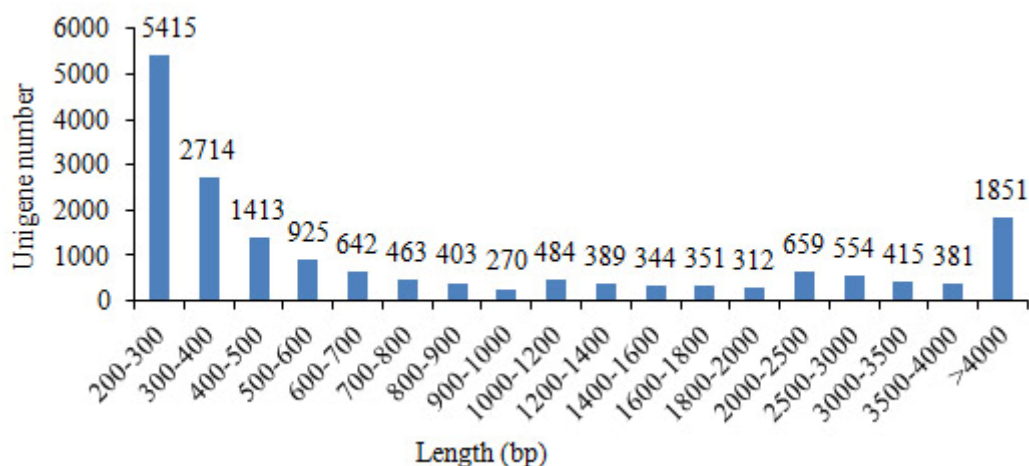


图 15. 龙须菜 unigenes 大小分布

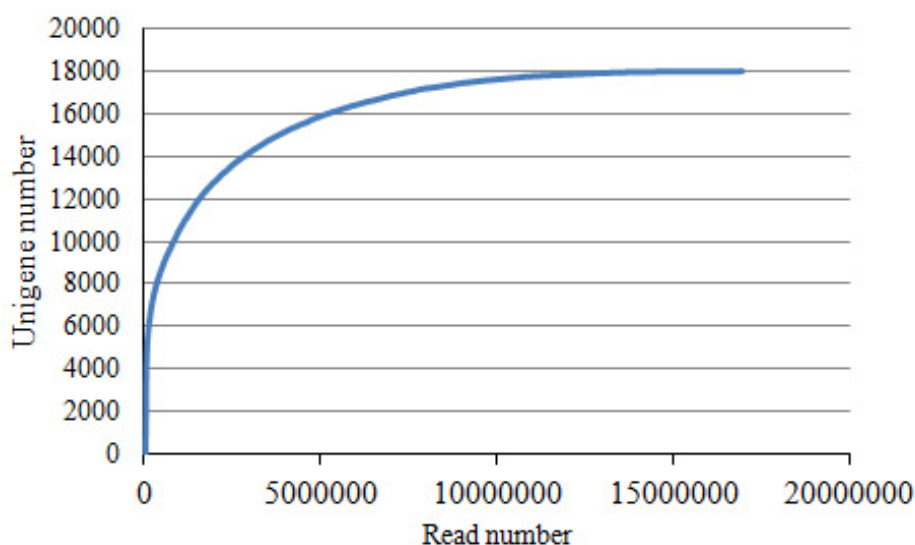


图 16. 龙须菜转录组测序的饱和分析

(2) 基因的功能注释

我们用多种互补的方法对 unigenes 进行了功能注释, 包括 Nr、GO、KOG、KEGG 和 UniProt 注释。结果表明, 在 17,985 条 unigenes 中, 共有 4,539 条 (25.2%)、2064 条 (11.5%)、3,136 条 (17.4%)、4,086 条 (22.7%) 和 3463 条 (19.3%) 分别在 Nr、KOG、KEGG 和 UniProt 数据库中比对上已知功能的基因, 经过过滤去冗余后总共 4999 (27.8%) 条 unigenes 成功注释上功能。35.6% 注释基因的长度大于 1000 bp, 而只有 21.9% 的注释基因长度小于 300 bp。按照 RPKM 值, 3,271 个基因被认为是高表达的 unigenes, 其中 1,393 (42.6%) 条已注释上功能。

(3) 转录组与基因组扫描数据的比较与分析

利用 Bowtie2 (version 2.1.0) 将所获得的 RNA-seq 数据与龙须菜扫描基因组进行比对, 在龙须菜转录组的 16,918,727 个 reads 中至少比对上 1 次扫描基因组注释序列的比率为 98.75%, 其中 >1 次的比例占到 16.22%, 所测得转录组与龙须菜基因组扫描组装序列相一致, 表明其可表征其基因的表达情况用于可变剪切的分析。基于龙须菜扫描测序的组装结果, 利用 Tophat-Cufflink 软件包共获得 4347 个转录异构体, 其中只有 162 个选择性剪接转录异构, 比例约为 3.7%; 参与可变剪切外显子的比例为 7.2%, 比例相对较低。

通过基因组扫描测序及转录组测序两种方法所预测的基因个数及其功能分类基本一致。在 GO 分类中, 一级分类如生物过程, 细胞成分及分子功能所占比例相当, 均为 1/3; 二级分类中最具代表性的功能节点完全相同。两种测序预测的基因均被归在 24 个 KOG 蛋白质家族中, 整体上各个分类节点基因的比例较为一致, 差值 <3%, 但在翻译, 核糖体结构和生物合成类群上相差 4%, 体现了龙须菜在转录后的翻译过程中表现要更为复杂。在基因组扫描测序中, 一般的功能预测最具代表性, 其次是翻译后修饰、蛋白质折叠、伴侣蛋白, 再次是信号转导机制, 但是各代表类群的基因个数差距不大。基因组扫描测序中共预测出 245 个 KEGG 代谢通路, 与转录组测序预测结果较为吻合 (289 个)。其中, 最大的一类均为代谢途径, 近占 ~2/5, 二级分类基本相同, 比例差值 <1%。各种功能分类的一致性进一步表明转录组测序用于表征龙须菜表达基因的有效性。

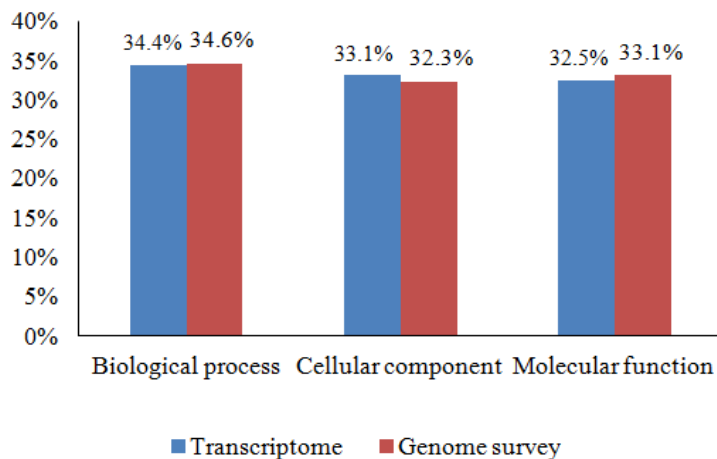


图 17. 转录组和基因组扫描测序中注释基因的 GO 分类比较

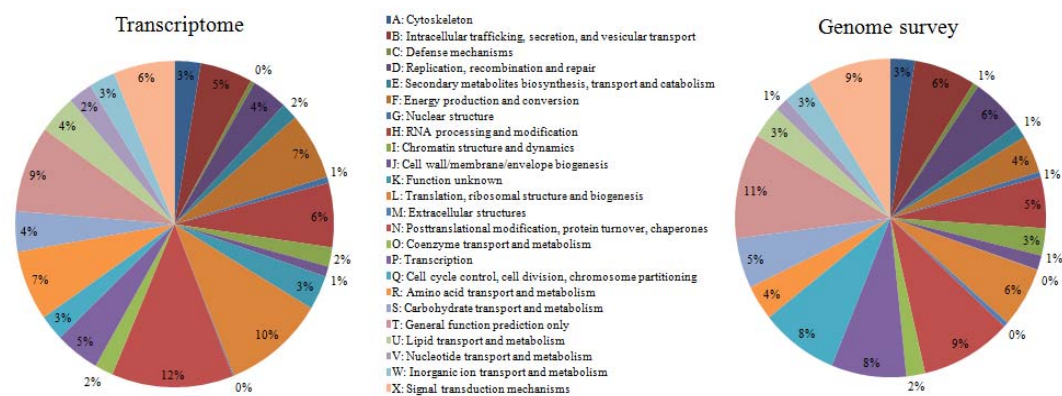


图 18. 转录组和基因组扫描测序中注释基因的 KOG 分类比较

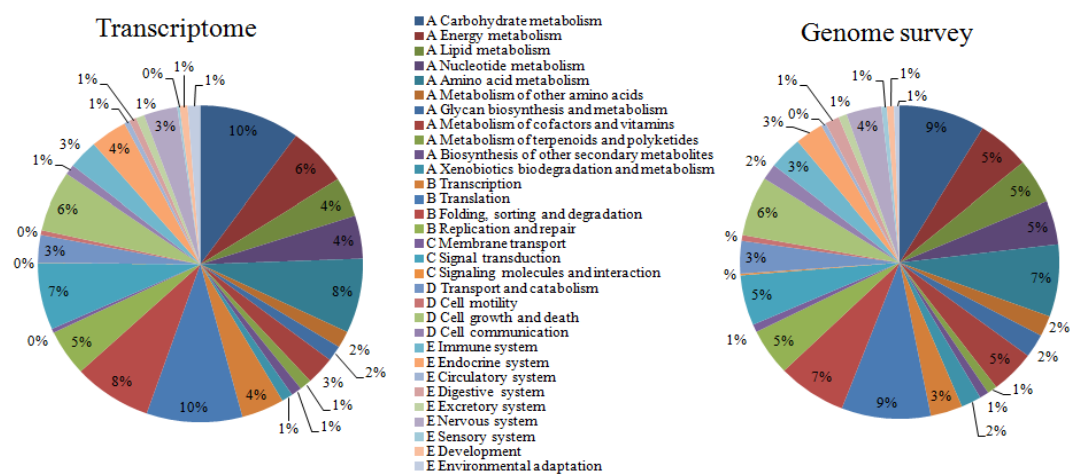


图 19. 转录组和基因组扫描测序中注释基因的 KEGG 分类比较。A: 代谢；B: 遗传信息处理；C: 环境信息处理；D: 细胞过程；E: 有机系统

3. 链状亚历山大藻的 miRNA 研究

miRNA 作为一类非编码小 RNA，通过碱基互补配对的方式与靶 mRNA 结合，促使 mRNA 的降解或抑制其翻译，从而在转录后水平调控基因表达。miRNA 在生物体内广泛存在，参与细胞增殖、凋亡、细胞分化、发育等多种生物学过程。为了解 miRNA 在链状亚历山大藻生长发育过程中的重要作用，课题组构建了链状亚历山大藻延迟期、对数期小 RNA 文库，得到 18-25nt 小 RNA 序列。结果表明长度为 24nt 的序列最富集，其次是 22nt，25nt 和 23nt，说明参与小 RNA 加工的酶的种类以及丰度可能有别于高等植物和动物（图 20）。

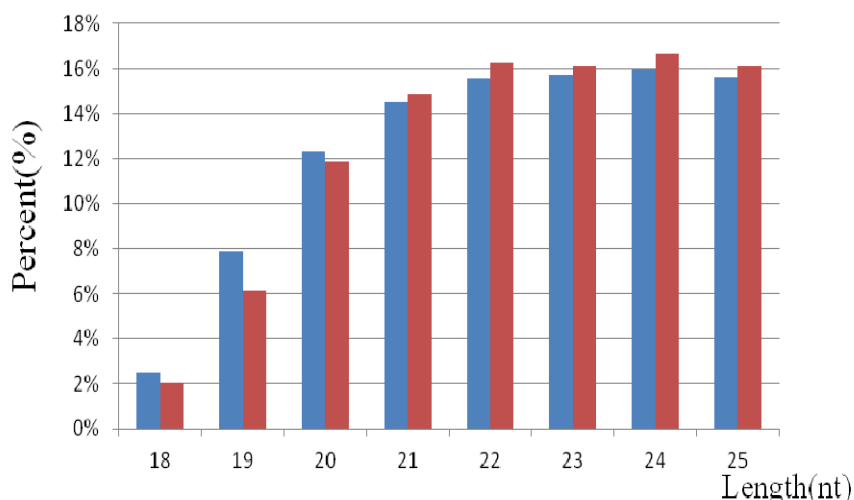


图 20. 链状亚历山大藻延迟期(蓝色)和对数期(红色)非编码小 RNA 长度分布

在两个生长时期中共得到 88 个已知 miRNA，可归为 31 个家族。比对得到 83 个 pre-miRNA。各个家族所含成员数目有较大差异，各个家族间表达量有很大的差异：其中 miR166 在两个文库中均表现了最高的表达量，分别是 1076、3738 个拷贝，推测该家族可能在链状亚历山大藻的生长中起重要调控作用；而有些家族如 miR1883、miR3522、miR1878 的表达量均小于 10 个拷贝。

miR535、miR820、miR529、miR1883、miR3522、miR2673、miR1878、miR2873 仅出现在对数期中，miR1862、miR1507、miR947 仅在延迟期出现，这些在不同生长时期特异表达的 miRNA 可能在链状亚历山大藻的生长调控相关。miR167 可能在链状亚历山大藻的快速增殖中发挥着一定的调节作用。miR159 在延迟期表达量为 99，对数期表达量为 411，miR159 在链状亚历山大藻的快速增殖中具有一定的调控作用。

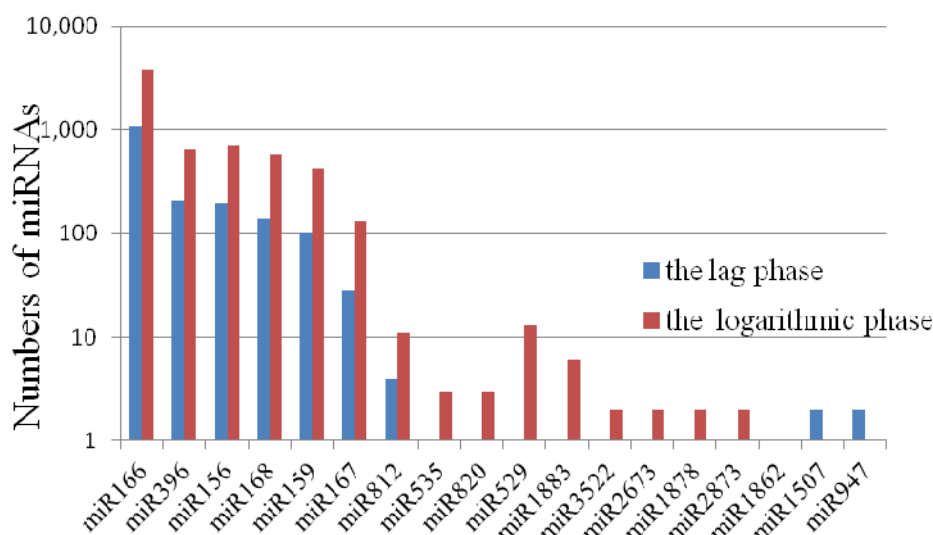


图 21. 链状亚历山大藻 miRNA 家族表达量分析

共预测到 15 个潜在的新颖 miRNA。对已知的以及预测的新颖 miRNA 进行差异显著性分析，共得到 12 个差异表达的 miRNA。以 P 值小于 0.01 为标准共得到 8 个显著性差异表达的 miRNA。所有 miRNA 对 U 有很强的偏好性。

表 5. 预测的链状亚历山大藻新颖 miRNA 的差异显著性分析

| miR_name | log2(fold_change) | pvalue(chi_square_2x2) | up/down |
|----------------|-------------------|------------------------|---------|
| osa-miR168a-5p | -2.06 | 0.0044 | down |
| tae-miR159a | -2.05 | 0.0202 | down |
| PC-5p-43924_26 | -1.11 | 0.0000 | down |
| zma-miR529-5p | $-\infty$ | 0.0452 | down |
| osa-miR2876-3p | $+\infty$ | 0.0027 | up |
| rgl-miR5139 | 1.12 | 0.0060 | up |
| PC-3p-456915 | 1.21 | 0.0003 | up |
| sbi-miR169c | 1.23 | 0.0294 | up |
| stu-miR169a-5p | 1.23 | 0.0294 | up |
| zma-miR169f-5p | 1.23 | 0.0294 | up |
| stu-miR171b-3p | 1.38 | 0.0248 | up |
| bdi-miR7732-3p | 1.79 | 0.0055 | up |

对差异表达的 miRNA 预测到 12288 个靶基因进行富集化分析，靶基因最富集的 Go terms 是 protein binding, membrane 相关蛋白。KEGG 注释结果显示靶基因主要富集的代谢通路是：酵母细胞周期，Ca²⁺信号通路，类固醇的生物合成代谢，不饱和脂肪酸，酪氨酸丙氨酸、苯基丙氨酸的生物合成等。

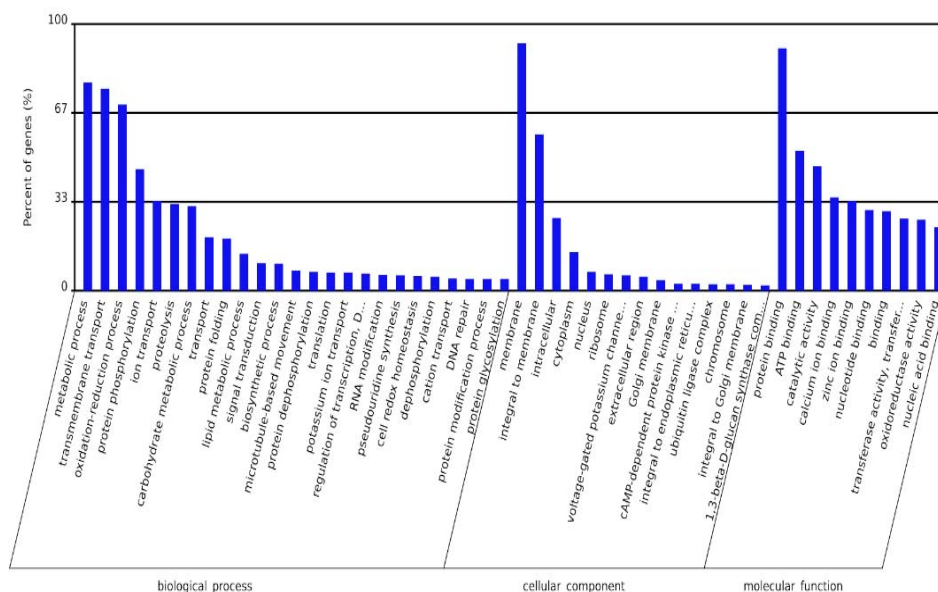


图 22. 链状亚历山大藻 miRNA 靶基因的 Go 注释

4. 重要功能基因克隆与表达分析

(1) 虾夷扇贝生产性状全基因组关联分析和 QTL 定位

课题组本年度开展了虾夷扇贝类胡萝卜素积累的全基因组关联分析, 结果显示, 与类胡萝卜素积累相关的位点集中在虾夷扇贝第 14 号连锁群。这些位点与类胡萝卜素积累的相关性进一步在 2008 年、2010 年和 2014 年取样的群体中分别得到验证 (图 23)。在置信区间范围内的基因中, 有四个串联重复的类胡萝卜素氧化酶基因, 分别命名为 *PyBCD1-1*、*PyBCD1-2*、*PyBCD2* 和 *PyBCD3*, 其中 *PyBCD1-1*、*PyBCD1-2* 序列完全相同。随后的表达分析显示, 四个基因中, *PyBCD3* 在富含类胡萝卜素虾夷扇贝组织中的表达量显著低于普通虾夷扇贝, 其它基因在两种扇贝间表达差异不显著。已有的研究表明, 类胡萝卜素氧化酶在类胡萝卜素代谢过程中, 可对类胡萝卜素进行对称和非对称加氧降解。*PyBCD3* 位于两种扇贝间差异位点富集区, 且在富含类胡萝卜素虾夷扇贝中低水平表达, 这些结果提示 *PyBCD3* 可能是调控扇贝类胡萝卜素积累的关键基因。

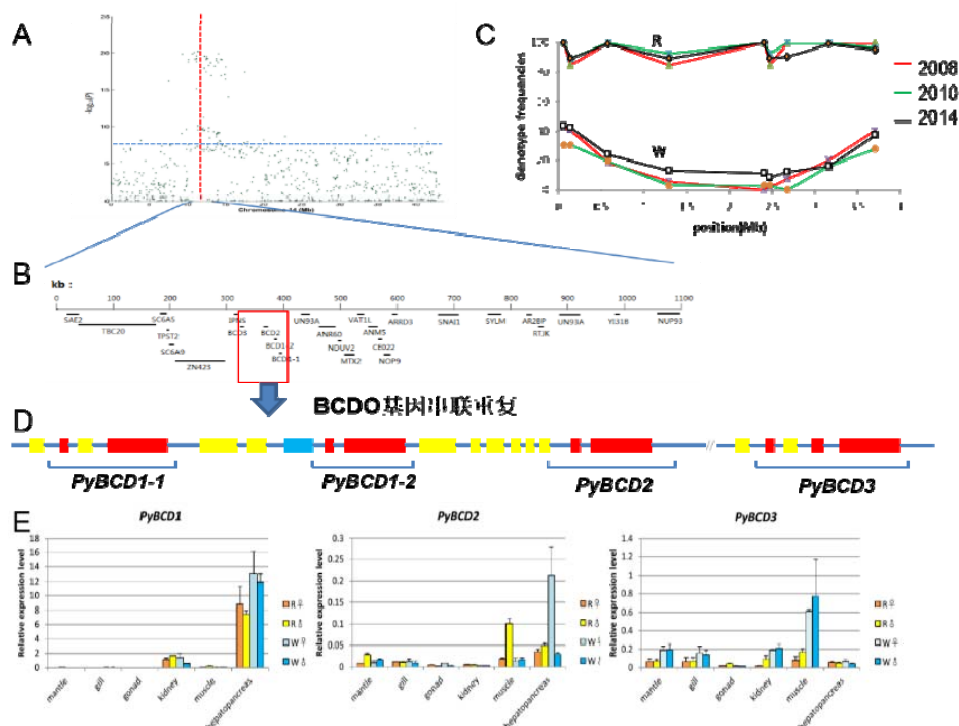


图 23. 虾夷扇贝类胡萝卜素积累全基因组关联分析及其 BCD 基因表达差异分析

(2) 虾夷扇贝生长性状重要调控基因 *Prop1* 的克隆与表达分析

通过对扇贝的生长性状开展 QTL 精细定位，发现位于 3 号连锁群的 QTL 与扇贝生长相关性最高、解释生长表型变异最大，并且连锁分析结合 GWAS 分析均支持这一结果。通过图位克隆，在这一 QTL 置信区间中找到了一个与生长调控高度相关的候选基因—*Prop1*。虾夷扇贝 *Prop1* 基因由 5 个外显子组成，存在两种剪接体 (*Prop1-1* 和 *Prop1-2*) (图 22)。分析 *Prop1* 基因在胚胎幼虫和成体中的表达模式，结果显示，*Prop1-1* 在检测的胚胎及幼虫发育时期 (卵、受精卵、2-8 细胞期、囊胚期、原肠胚期、担轮幼虫、D 型幼虫、壳顶初期、壳顶中期、壳顶后期、眼点幼虫和稚贝) 均有表达，在囊胚期表达量最高，在受精卵中表达量最低；*Prop1-2* 在除受精卵以外的时期均有表达，同样在囊胚期表达量最高，而在稚贝中最低 (图 25)。在成体的 13 种组织 (外套膜、鳃、性腺、肾、消化腺、平滑肌、横纹肌、眼、足、血、足神经节、脑神经节和脏壁神经节) 中，两种剪接体的表达有较大的区别：*Prop1-1* 在眼中不表达，在消化腺和血中的表达量较高，在其它组织中的表达量较低；相比之下，*Prop1-2* 在成体组织中有着较高的表达量，在眼、足和脏壁神经节中表达量较高，而在肾脏和消化腺中表达量较低。以上研究结果暗示两种剪接体可能在功能上有着较大的区别 (图 26)。

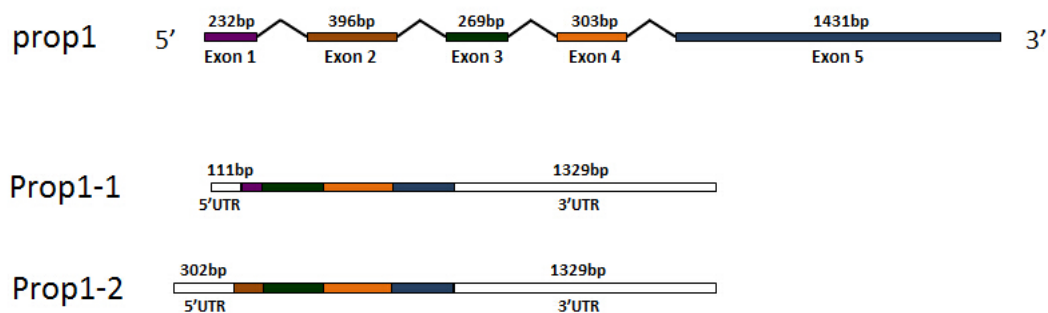


图 24. 虾夷扇贝 Prop1 基因结构图

Prop1-1 和 Prop1-2 分别为是 Prop1 基因的两种剪接形式

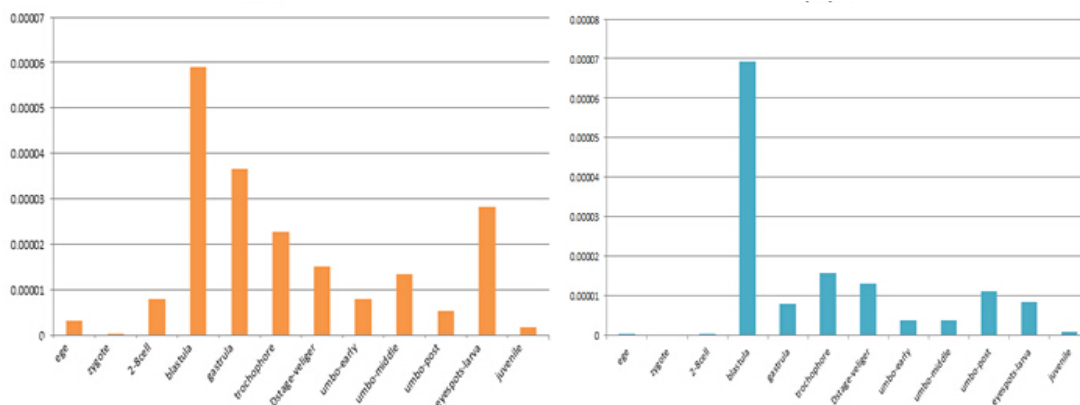


图 25. 虾夷扇贝 *Prop1-1* (左图) 和 *Prop1-2* (右图) 在胚胎幼虫不同发育时期中的表达模式：横坐标依次为卵、受精卵、2-8 细胞、囊胚期、原肠胚、担轮幼虫、D 型幼虫、壳顶初期、壳顶中期、壳顶后期、眼点幼虫和稚贝

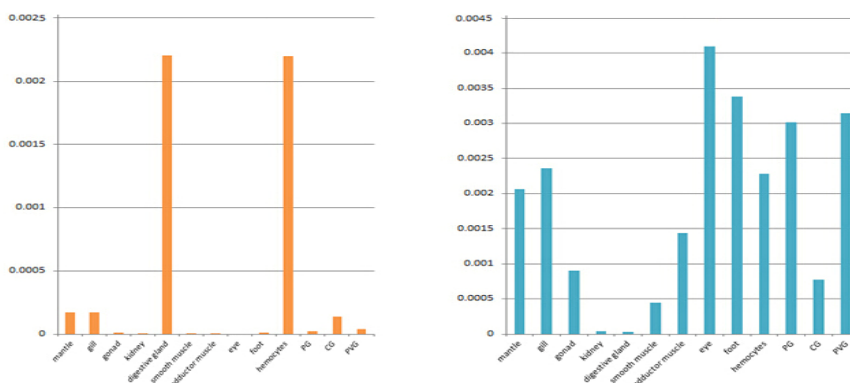


图 26. 虾夷扇贝 *Prop1-1* (左图) 和 *Prop1-2* (右图) 在成体各组织中的表达模式：横坐标依次为外套膜、鳃、性腺、肾脏、消化腺、平滑肌、横纹肌、眼、足、血、足神经节、脑神经节和脏壁神经节

(3) 牙鲆生产性状相关 QTL 的定位和相关基因结构与功能的研究

课题组在牙鲆生产性状相关 QTL 定位工作中, 利用已经构建好的牙鲆高温适应显著差异群体以及鳃弧菌病抗性差异群体, 进行了牙鲆生产性状相关分子标记的筛选, 获得了多

个生长及抗性相关基因，在这些基因中筛选到 200 余个 SNP 位点。并对牙鲆生产性状相关基因进行克隆和结构功能分析工作。

在抗逆方面，课题组克隆了抗逆相关基因 HSP70、Hsc70，阐明了其基因组结构特殊性，筛查发现 5 个 SNP 位点与牙鲆耐热抗逆性状具有显著相关性。

课题组克隆了 Toll 样受体信号通路中两个重要的信号分子肿瘤坏死因子受体相关因子 6 (TRAF) 和转化生长因子激活激酶 1 (TAK1) 以及三种与免疫相关的抗氧化基因 Trx1、TRP14 和 Prx1，进行分子结构特征分析，并采用实时荧光定量 PCR 检测其组织分布，其中 TRAF 与 TAK1 广泛表达于各个组织中，尤以心脏和肠道中表达量最高。体外免疫刺激试验表明，LPS、CpG ODN 和 poly I:C 可上调 TRAF6 与 TAK1 基因的表达；LPS、硫酸铜和过氧化氢可同样上调三个抗氧化基因的表达。

课题组扩增得到 Lysozyme 基因序列，经分析获得了 8 个 SNP 位点，并发现其与牙鲆鳃弧菌病抗病/易感具有相关性；同时筛查了多个基因的 SNP 位点与牙鲆抗病的相关性，共获得抗病相关性位点 48 个，其中高相关性位点 12 个，并运用高密度遗传连锁图谱进行 QTL 定位工作，并已将其中 4 个定位在图谱中。

抗病相关丝氨酸蛋白酶抑制剂基因

课题组在牙鲆丝氨酸蛋白酶抑制剂基因的编码区识别到 9 个 SNP 位点，在牙鲆丝氨酸蛋白酶抑制剂基因的 2605bp 的启动子序列识别出 28 个 SNP 位点。通过分析编码序列中 SNP 位点在抗病个体和易感个体分布情况，发现丝氨酸蛋白酶抑制剂基因的 SNP365A/G 位点可能与牙鲆抗鳃弧菌的能力密切相关，是牙鲆在抵抗病害的选择育种方面潜在的标记。

(4) 半滑舌鳎不同发育时期及不同组织的荧光定量 PCR 内参基因的筛选

适当的内参基因是正确运用实时荧光定量PCR技术分析目标基因表达量变化的前提。理想的内参基因应在不同的发育阶段、不同的组织器官和不同处理条件下均有稳定的表达。为筛选半滑舌鳎的内参基因，课题组运用荧光定量PCR的方法，评价了8个持家基因(18S, TUBA, B2M, ACTB, EF1A, GAPDH, RPL17 and UBCE) 在不同发育时期、不同组织以及不同处理条件下的表达情况。软件 (geNorm, BestKeeper and NormFinder) 分析表明，不同发育时期表达最为稳定的基因是GAPDH/B2M、GAPDH/18S和UBCE/GAPDH，然而18S/RPL17 被认为在不同组织中表达最为稳定，是作内参最适合的基因，此研究为半滑舌鳎基因表达的分析奠定了基础。

5. 水体赤潮生物分类检测及分析研究

本年度课题组利用分子生物学手段，开展了水体赤潮生物分类鉴定技术的研究，以进一步了解水体浮游植物的群落结构和海洋生态环境的变化，为赤潮的预防及生态环境的评

估提供科学依据。本研究对 37 株硅藻的 5 个候选条形码基因 (18S rDNA、ITS rDNA、COI、rbcL 和 UPA) 分别进行了测序和聚类分析, 以期了解各基因适用的分类和鉴定范围。遗传差异与碱基替换饱和性分析结果显示 18S 和 rbcL 基因相对保守, COI 和 ITS 基因的变异程度较高, 而 UPA 基因的变异程度低。聚类分析结果表明 18S rDNA 基因在较高和较低的分类单元中均表现出良好的分类能力; rbcL 基因可聚类较低的分类单元, 但不能聚类更高水平的分类单元; ITS 基因在海链藻目 *Thalassiosirales* 内的聚类中有优秀的表现; COI 基因能够将大多数 *Bacillariales* 目和 *Naviculales* 目的物种进行聚类分析。在测试的 5 个候选基因中, 18S rDNA 是唯一能够进行较高分类阶元聚类分析的基因, 而 rbcL、ITS 和 COI 更适合较低分类单元的系统发育分析和相近物种的区分。

四、依托单位给予的支持

海洋生物遗传学与育种教育部重点实验室立项建设以来, 学校把实验室建设纳入校“211 工程”和“985 工程”建设重点支持方向。学校将进一步强化实验室条件建设, 2014 年投入建设经费 600 余万元。在实验室通过验收后, 学校从“985 工程”建设资金中投入近千万元用于改善重点实验室的硬件条件, 目前方案经费已全部到位, 仪器设备已招标采购完成并已陆续到位。

五、存在问题与下年度计划

(一) 存在的问题:

1、高水平人才引进尚不顺畅, 人才是事业发展的首要条件, 面对学科的飞速发展, 引进高水平的年轻才俊是实验室面对的主要问题。如何和国家、部里和学校的人才团队建设计划衔接, 提供优良的工作生活条件, 实验室还需要进行大量细致, 乃至艰苦的工作。

2、实验室开放运行和内部管理机制需进一步完善。

(二) 下年度计划:

1、加强人才队伍建设，积极引进高水平人才，力争在创新团队建设有所突破。

2、在化学馆抗震加固工程基础上对现有的实验室各房间进行功能区分，整合现有资源，重新规划公共仪器共享平台的空间，设置功能室，使大型仪器设备按功能归类使用，并招聘专职仪器管理员进行。

3、进一步强化学科整合，凝练发展方向；加强管理机制建设，特别是实验室公共平台的管理，加强大型公用仪器平台建设，提高大型精密仪器利用率；完善网络平台和实验室网页建设；落实开放运行经费。

4、召开实验室第一届学术委员会第三次学术委员会会议，总结 2014-2015 年度工作，并对实验室运行、实验室研究方向和发展重点进行进一步讨论。

5、在海洋生物基因组学与生物信息学研发平台、分子育种关键技术和全基因组选择技术、海洋生物干细胞技术和借腹怀胎技术等方面取得突破性进展。

6、加强实验室已育成新品种的产业推广，进行规模化制种并对繁育技术进行标准化。

7、开展国际联合实验室的建设，增派优秀研究生到国外进行学术交流。

8、协同创新平台建设，紧跟教育部 2011 计划步伐，加强与国内科研院所的合作，加强产业合作；推动与威海市海洋与渔业局共建的“海洋生物遗传育种中心”的建设进程。

9、加强与国际高水平科研机构的学术交流，提高实验室的学术水平。召开实验室内部学术论坛，活跃实验室内部学术氛围。

六、附表、附件

(一) 附表

附表 1 在研项目清单

| 序号 | 类别 | 题目 | 编号 | 执行年限 | 主持参与 | 负责人 | 项目经费(万元) |
|-----|----------|------------------------|--------------|-----------------|------|-----|----------|
| 1. | 863 计划 | “海水养殖种子工程”项目 | 2012AA10A400 | 2012.01-2015.12 | 主持 | 包振民 | 16427 |
| 2. | 863 计划 | 贝类功能基因开发与利用 | 2012AA092204 | 2012.01-2015.12 | 主持 | 包振民 | 682 |
| 3. | 863 计划 | 海洋生物细胞分子育种关键技术 | 2012AA10A402 | 2012.01-2015.12 | 主持 | 张全启 | 1304 |
| 4. | 863 计划 | 基于全基因组信息的贝类遗传选育 | 2012AA10A405 | 2012.01-2015.12 | 主持 | 王师 | 1325 |
| 5. | 863 计划 | 海水养殖生物重要功能基因的发掘与研究 | 2012AA10A401 | 2012.01-2015.12 | 参与 | 张玲玲 | 265 |
| 6. | 863 计划 | 基于全基因组信息的鱼类遗传选育 | 2012AA10A403 | 2012.01-2015.12 | 参与 | 杨官品 | 96 |
| 7. | 863 计划 | 基于全基因组信息的藻类遗传选育 | 2012AA10A406 | 2012.01-2015.12 | 参与 | 刘涛 | 163.2 |
| 8. | 863 计划 | 重要鲆鲽鱼类良种培育 | 2012AA10A408 | 2012.01-2015.12 | 参与 | 于海洋 | 105.5 |
| 9. | 863 计划 | 主要养殖双壳贝类良种培育 | 2012AA10A410 | 2012.01-2015.12 | 参与 | 黄晓婷 | 216.58 |
| 10. | 863 计划 | 大型藻类的良种培育 | 2012AA10A411 | 2012.01-2015.12 | 参与 | 隋正红 | 341.24 |
| 11. | 863 计划 | 高值海珍品良种培育 | 2012AA10A412 | 2012.01-2015.12 | 参与 | 王扬帆 | 91.86 |
| 12. | 973 计划 | 贝类分子设计育种的关键技术研究 | 2010CB126406 | 2012.01-2014.08 | 主持 | 胡晓丽 | 244 |
| 13. | 973 计划 | 贝类 SNP 规模发掘与高密度遗传图谱的构建 | 2010CB126402 | 2012.01-2014.08 | 参与 | 黄晓婷 | 100.27 |
| 14. | 国家科技支撑计划 | 黄渤海区典型海湾复合养殖技术集成与示范 | 2011BAD13B06 | 2012.07-2014.12 | 参与 | 胡晓丽 | 127 |
| 15. | 国家科技支撑计划 | 黄渤海区海珍品底播增养殖技术集成与示范 | 2011BAD13B05 | 2011.01-2015.12 | 参与 | 黄晓婷 | 110 |
| 16. | 国家科技支撑计划 | 优良种质培育和健康苗种规模化繁育技术研究 | 2011BAD45B01 | 2011.09-2014.08 | 参与 | 黄晓婷 | 25 |

| | | | | | | | |
|-----|----------------|---------------------------------------|--------------|-----------------|----|-----|-----|
| 17. | 公益性科研专项 | 扇贝对虾加工关键技术与设备研发及扇贝养殖生态环境保障技术的应用与示范 | 201205031 | 2012.01-2016.12 | 参与 | 张玲玲 | 201 |
| 18. | 公益性科研专项 | 几种重要海洋药用生物种质资源发掘、保藏和利用 | 201205024-02 | 2012.01-2015.12 | 参与 | 杨官品 | 64 |
| 19. | 国家自然科学基金面上项目 | 嗜对虾细胞的高效报告基因病毒表达系统研究及其在转基因对虾上的应用 | 31472274 | 2015.01-2018.12 | 主持 | 郭华荣 | 85 |
| 20. | 国家自然科学基金面上项目 | 虾夷扇贝 Prop1 基因功能及表达调控研究 | 31472276 | 2015.01-2018.12 | 主持 | 胡晓丽 | 90 |
| 21. | 国家自然科学基金青年基金 | 外显子测序解析半滑舌鳎生长及雌雄生长差异关键调控基因 | 31402292 | 2015.01-2017.12 | 主持 | 贺艳 | 26 |
| 22. | 国家自然科学基金优秀青年基金 | 贝类功能基因组学与分子遗传育种 | 31322055 | 2014.01-2016.12 | 主持 | 王师 | 100 |
| 23. | 国家自然科学基金面上项目 | miR-430 和 miR-92 对鲆胚胎发育早期克氏泡中胞液流的网络调控 | 31372511 | 2014.01-2017.12 | 主持 | 齐洁 | 85 |
| 24. | 国家自然科学基金面上项目 | 龙须菜遗传连锁图谱的构建及其在育性控制研究中的应用 | 31372529 | 2014.01-2017.12 | 主持 | 隋正红 | 83 |
| 25. | 国家自然科学基金面上项目 | 参与单环刺螠应对环境硫化物的重要信号通路鉴定和功能分析 | 31372506 | 2014.01-2017.12 | 主持 | 张志峰 | 83 |
| 26. | 国家自然科学基金面上项目 | 条斑紫菜渗透压胁迫耐受相关 eQTL 定位及调控网络解析 | 31372517 | 2014.01-2017.12 | 主持 | 茅云翔 | 83 |
| 27. | 国家自然科学基金青年基金 | 虾夷扇贝重要经济性状的动态生长模型构建与动态 QTL 分析 | 31302182 | 2014.01-2016.12 | 主持 | 王扬帆 | 25 |
| 28. | 国家自然科学基金面上项目 | 虾夷扇贝自交家系近交衰退效应的遗传调控机制分析 | 31272656 | 2013.01-2016.12 | 主持 | 王师 | 85 |
| 29. | 国家自然科学基金面上项目 | 微绿球藻生长相变分子机制研究 | 31270408 | 2013.01-2016.12 | 主持 | 杨官品 | 82 |
| 30. | 国家自然科学基金面上项目 | 扇贝比较细胞遗传学研究 | 31270047 | 2013.01-2016.12 | 主持 | 黄晓婷 | 80 |

| | | | | | | | |
|-----|--------------|---------------------------------|----------------|-----------------|----|-----|-----|
| 31. | 国家自然科学基金面上项目 | 鲆鲽鱼类维持干细胞多能性相关转录因子基因的表达、示踪及功能研究 | 31272646 | 2013.01-2016.12 | 主持 | 王旭波 | 80 |
| 32. | 国家自然科学基金面上项目 | 底栖微藻垂直迁移特性对群落光合效率的影响 | 41276137 | 2013.01-2016.12 | 主持 | 杜国英 | 80 |
| 33. | 国家自然科学基金重点项目 | 养殖扇贝重要经济性状 QTL 精细定位及相关基因功能研究 | 31130054 | 2012.01-2016.12 | 主持 | 包振民 | 315 |
| 34. | 国家自然科学基金面上项目 | 基于转录水平的亚历山大藻赤潮爆发的分子机理研究 | 41176098 | 2012.01-2015.12 | 主持 | 隋正红 | 72 |
| 35. | 国家自然科学基金面上项目 | 引种日本皱纹盘鲍对我国本土种质资源遗传结构影响的研究 | 41176118 | 2012.01-2015.12 | 主持 | 胡晓丽 | 72 |
| 36. | 国家自然科学基金面上项目 | 栉孔扇贝应答高温胁迫的关键基因及其共表达网络分析 | 31172384 | 2012.01-2015.12 | 主持 | 张玲玲 | 62 |
| 37. | 国家自然科学基金面上项目 | 对虾细胞的分子重编程与永生性转化研究 | 31172391 | 2012.01-2015.12 | 主持 | 郭华荣 | 59 |
| 38. | 国家自然科学基金面上项目 | 鲆鲽鱼类原始生殖细胞和精原细胞识别的分子基础及其分离和鉴定 | 31172385 | 2012.01-2015.12 | 主持 | 张全启 | 58 |
| 39. | 国家自然科学基金青年基金 | 牙鲆转录组中鳗弧菌抗性相关的 SNP 筛查及关联分析 | 31101891 | 2012.01-2014.12 | 主持 | 于海洋 | 25 |
| 40. | 教育部博士点专项基金 | 栉孔扇贝生长抗逆性状的精细遗传解析 | 20120132130002 | 2013.01-2015.12 | 主持 | 包振民 | 40 |
| 41. | 教育部博士点专项基金 | 牙鲆生殖干细胞特异表达基因的克隆及表达载体构建 | 20120132110010 | 2013.01-2015.12 | 主持 | 张全启 | 12 |
| 42. | 教育部博士点专项基金 | 微拟球藻核倍性和繁殖方式确证 | 20110132110006 | 2012.01-2014.12 | 主持 | 杨官品 | 12 |
| 43. | 山东良种工程重大课题 | 优质抗病速生鱼类新品种选良 | | 2014-2017 | 主持 | 张全启 | 75 |
| 44. | 山东良种工程重大课题 | 高产扇贝的全基因组选择育种 | | 2014-2017 | 参与 | 包振民 | 40 |

| | | | | | | | |
|-----|----------------|-----------------------|--------------|-----------------|----|-----|-----|
| 45. | 山东省科技重大专项 | 重要海水养殖生物种质创制及疾病阻断制剂开发 | 2013CXC80202 | 2013.07-2015.07 | 参与 | 包振民 | 200 |
| 46. | 山东省自然科学基金 | 贝类分子遗传与育种 | JQ201308 | 2013.10-2016.10 | 主持 | 王师 | 50 |
| 47. | 山东省自然科学基金重点基金 | 亚历山大藻赤潮爆发的分子机理研究 | ZR2011DZ002 | 2011.07-2014.07 | 主持 | 隋正红 | 12 |
| 48. | 山东省自然科学基金重点基金 | 海洋微藻抗烟草病原菌活性物质的筛选 | ZR2011CM018 | 2011.07-2014.07 | 主持 | 杜国英 | 8 |
| 49. | 东省优秀中青年科学家奖励基金 | 对虾体外培养细胞的永生性转化研究 | BS2011SW054 | 2011.07-2014.07 | 主持 | 郭华荣 | 5 |
| 50. | 校南海项目 | 珊瑚的体外快繁与低温冻存技术研究 | 6 | 2012.01-2014.12 | 主持 | 郭华荣 | 10 |

附表 2 学术论文目录、SCI (EI) 论文目录

| 序号 | 论文名称 | 作者 | 期刊、卷期、时间 | 检索类型 (SCI、EI、 核心)、影 响因子 |
|----|--|---|--|----------------------------------|
| 1 | Sequencing-based gene network analysis provides a core set of gene resource for understanding thermal adaptation in Zhikong scallop <i>Chlamys farreri</i> | Xiaoteng Fu, Yan. Sun, Jing Wang, Qiang Xing, Jiajun Zou, Shi Wang, Xiaoli Hu, Lingling Zhang*, Zhenmin Bao | Molecular Ecology Resources.2014,14:184-198 | SCI, IF: 5.626 |
| 2 | Large-Scale Development of Gene-Associated Single-Nucleotide Polymorphism Markers for Molluscan Population Genomic, Comparative Genomic, and Genome-Wide Association Studies | Wenqian Jiao, Xiaoteng Fu, Jinqin Li, Ling Li, Liying Feng, Jia Lv, Lu Zhang, Xiaojian Wang, Yangping Li, Rui Hou, Lingling Zhang, Xiaoli Hu, Shi Wang*, Zhenmin Bao* | DNA Research. 2014. 21(2): 183-193 | SCI, IF:4.975 |
| 3 | High-Resolution Linkage and Quantitative Trait Locus Mapping Aided by Genome Survey Sequencing: Building Up An Integrative Genomic Framework for a Bivalve Mollusc | Wenqian Jiao, Xiaoteng Fu, Jinzhuang Dou, Hengde Li, Hailin Su, Junxia Mao, Qian Yu, Lingling Zhang, Xiaoli Hu, Xiaoting Huang, Yangfan Wang, Shi Wang*, Zhenmin Bao* | DNA Research. 2014. 21(1): 85-101 | SCI, IF: 4.975 |
| 4 | Characteristics of 17 β -hydroxysteroid dehydrogenase 8 and its potential role in gonads of the Zhikong scallop <i>Chlamys farreri</i> | Liu Jianguo, Zhifeng Zhang* , Xiaoshi Ma, Shaoshuai Liang, Dandan Yang. | The Journal of Steroid Biochemistry and Molecular Biology, 2014, 141:77-86 | SCI, IF: 4.049 |
| 5 | Sequencing and characterization of the half-smooth tongue sole (<i>Cynoglossus semilaevis</i>) transcriptome | Wenji Wang, Qilin Yi, Liman Ma, Xiaosu Zhou, Haitao Zhao, Xubo Wang, Jie Qi, Haiyang Yu, Zhigang Wang, Quanqi Zhang | BMC genomics, 2014,15:470. doi:10.1186/1471-2164-15-470 | SCI, IF: 3.986 |
| 6 | An intergrated genetic and cytogenetic map for Zhikong scallop, <i>Chlamys farreri</i> , based on microsatellite markers | Liyong Feng, Liping Hu, Xiaoteng Fu, Huan Liao, Xuan Li, Aibin Zhan, Lingling Zhang, Shi Wang, Xiaoting Huang*, Zhenmin Bao* | Plos One. 2014. 9(4): e92567 | SCI, IF: 3.534 |
| 7 | A Scallop IGF Binding Protein Gene: Molecular Characterization and Association of Variants with Growth Traits | Liyong Feng, Xue Li, Qian Yu, Xianhui Ning, Jinzhuang Dou, Jiajun Zou, Lingling Zhang, Shi Wang, Xiaoli | Plos One. 2014. 9(2): e89039 | SCI, IF: 3.534 |

| | | | | |
|----|---|---|---|--------------------------|
| | | Hu*, Zhenmin Bao* | | |
| 8 | Genome-Wide Analysis of DNA Methylation in Five Tissues of Zhikong Scallop, <i>Chlamys farreri</i> | Yan Sun, Rui Hou, Xiaoteng Fu, Changsen Sun, Shi Wang, Chen Wang, Ning Li, Lingling Zhang*, Zhenmin Bao | Plos One. 2014. 9(1): e86232 | SCI, IF: 3.534 |
| 9 | Sexually dimorphic expression of vasa isoforms in the tongue sole (<i>Cynoglossus semilaevis</i>) | Zhongkai Wang, Jinning Gao, Huayu Song, Xiaomeng Wu, Yan Sun, Jie Qi, Haiyang Yu, Zhigang Wang, Quanqi Zhang | Plos One. 2014, 9 (3): e93380 | SCI, IF: 3.534 |
| 10 | Reference Gene Selection for Quantitative Real-Time RT-PCR Normalization in the Half-Smooth Tongue Sole (<i>Cynoglossus semilaevis</i>) at Different Developmental Stages, in Various Tissue Types and on Exposure to Chemicals | Conghui Liu, Nian Xin, Yi Zhai, Liming Jiang, Jieming Zhai, Quanqi Zhang, Jie Qi. | Plos One. 2014, 9 (3):e91715 | SCI, IF: 3.534 |
| 11 | Expression characteristics of β -catenin as a potential upstream gene of Dax1 through canonical Wnt signal pathway in scallop <i>Chlamys farreri</i> gonad | Li Hailong, Zhifeng Zhang* , Ying Bi. | . Plos One 2014, 9(12): e115917 | SCI, IF: 3.534 |
| 12 | De novo assembly and characterization of the transcriptome of seagrass <i>Zostera marina</i> using Illumina paired-end sequencing | Fanna Kong*, Hong Li, Peipei Sun, Yang Zhou, Yunxiang Mao | PLoS One. 2014; 9(11): e112245 | SCI, IF: 3.534 |
| 13 | Proteomic analysis identifies proteins related to carotenoid accumulation in Yesso scallop (<i>Patinopecten yessoensis</i>) | Yueyue Zhang, Lingling Zhang, Jin Sun, Jianwen Qiu, Xiaoli Hu, Jingjie Hu, Zhenmin Bao* | Food Chemistry. 2014. 14: 111-116 | SCI, IF: 3.259 |
| 14 | Evaluation of cytotoxicity, genotoxicity and embryotoxicity of insecticide propoxur using flounder gill (FG) cells and zebrafish embryos | Manish Raj Pandey, Huarong Guo* | Toxicology in Vitro, 2014,28(3), 340-353 | SCI, IF: 3.207 |
| 15 | MIPS: a Calmodulin binding protein of <i>Gracilaria lemaneiformis</i> under heat shock | Xuan Zhang; Huiyue Zhou; Xiaonan Zhang* ; Le Gong; Hengyi Sun; Xuecheng Zhang | Marine Biotechnology (2014). DOI: 10.1007/s10126-014-9565-0. 2014 | SCI, IF: 3.152 |
| 16 | Identification of two secreted ferritin subunits involved in immune defense of Yesso scallop <i>Patinopecten yessoensis</i> | Yan Sun, Yueyue Zhang, Xiaoteng Fu, Ru Zhang, Jiajun Zou, Shi Wang, Xiaoli Hu, Lingling Zhang, | Fish & Shellfish Immunology. 2014. 37:53-59 | SCI, IF: 3.034 |

| | | Zhenmin Bao | | |
|----|---|--|--|--------------------------|
| 17 | Molecular characterization of heat shock protein 70 (HSP 70) promoter in Japanese flounder (<i>Paralichthys olivaceus</i>), and the association of Pohsp70 SNPs with heat-resistant trait | J. Qi , X.D. Liu , J.X. Liu , H.Y. Yu , W.J. Wang , Z.G. Wang , Q.Q. Zhang | Fish and Shellfish Immunology.2014,39 (2): 503–511 | SCI, IF: 3.034 |
| 18 | Characterization of kisspeptin system genes in an ovoviviparous teleost: <i>Sebasteschlegeli</i> | Huayu Song, Yan He, Liman Ma, Xiaosu Zhou, Jie Qi, Quanqi Zhang | General and Comparative Endocrinology, 2014,214:114-25. | SCI, IF: 2.674 |
| 19 | Detection of alternative splice and gene duplication by RNA-Seq in Japanese flounder, <i>Paralichthys olivaceus</i> | Wenji Wang, Jing Wang, Feng You, Liman Ma, Xiao Yang, Jinning Gao, Yan He, Jie Qi, Haiyang Yu, Zhigang Wang, Xubo Wang, Zhihao Wu and Quanqi Zhang | G3: Genes, Genomes, Genetics. 4 (December 2014): doi:10.1534/g3.114.012138 | SCI, IF: 2.511 |
| 20 | UV-irradiation mutation of tetraspores of <i>Gracilariopsis lemaneiformis</i> and screening of thermotolerant strains | Feng Fu, Zheng-hong Sui* , Wei Zhou, Jin-guo Wang, Lian-peng Chang, Shu-Fang Ci | J.Appl.Phycol.2014, 26 (1): 647-656. | SCI, IF: 2.492 |
| 21 | Relationship between gene expression of UDP-glucose pyrophosphorylase and agar yield in <i>Gracilariopsis lemaneiformis</i> (Rhodophyta) | Lianpeng Chang, Zhenghong Sui*, Feng Fu, Wei Zhou, Jinguo Wang, Kyoung Ho Kang, Shu Zhang, Jinhua Ma | Journal of Applied Phycology. DOI: 10.1007/s10811-014-0277-7 | SCI, IF: 2.492 |
| 22 | Peptidase: a novel member of a Calmodulin-binding protein of <i>Gracilaria lemaneiformis</i> under heat shock | Le Gong; Meijuan Gao; Xiaonan Zang* ; Xuan Zhang; Xuecheng Zhang | Journal of Applied Phycology. 2014. DOI: 10.1007/s10811-014-0280-z | SCI, IF: 2.492 |
| 23 | Selection of reference gene from <i>Gracilaria lemaneiformis</i> under temperature stress | Yan Ding, Hengyi Sun, Ran Zhang, Qin Yang, Yuantao Liu, Xiaonan Zang* , Xuecheng Zhang | Journal of Applied Phycology (2014).DOI: 10.1007/s10811-014-0423-2 | SCI, IF: 2.492 |
| 24 | Identification and characterization of a <i>Sox2</i> homolog in Japanese flounder (<i>Paralichthys olivaceus</i>) | Jinning Gao, Lin Fan, Likun Yang, Zhigang Wang, Haiyang Yu, Yan He, Jie Qi, Xubo Wang, Quanqi Zhang | Gene, 544: 165-176. DOI: 10.1016/j.gene.2014.04.062 | SCI, IF: 2.082 |
| 25 | Transcriptome <i>de novo</i> assembly sequencing and analysis of the toxic dinoflagellate <i>Alexandrium catenella</i> using the Illumina Platform | Shu Zhang, Zhenghong Sui, Lianpeng Chang, KyoungHo Kang, Jinhua Ma, Fanna Kong, Wei Zhou, Jinguo Wang, Liliang Guo, Huili Geng , Jie Zhong, | Gene 2014, 537: 285–293. DOI: 10.1016/j.gene.2013.12.041 | SCI, IF: 2.082 |

| | | QingxiaMa | | |
|----|--|---|--|--------------------------|
| 26 | Ubiquitin-Activating Enzyme and Ubiquitin-Conjugating Enzyme Genes Cloned from <i>Gracilaria lemaneiformis</i> and active under Heat Shock. | Guang-Qi Li, Xiao-Nan Zang* , Xue-Cheng Zhang, Ning Lu, Yan Ding, Le Gong and Wen-Chao Chen | Gene. 2014. 538 (1): 155-163.DOI: 10.1016/j.gene.2013.12.017 | SCI, IF: 2.082 |
| 27 | Molecular cloning and expression analysis of a new bilin lyase: the <i>cpcT</i> gene encoding a bilin lyase responsible for attachment of phycocyanobilin to Cys-153 on the β -subunit of phycocyanin in <i>Arthrospira platensis</i> FACHB314 | Ran Zhang, Xiao-Ting Feng, Fei Wu, Yan Ding, Xiao-Nan Zang* , Xue-Cheng Zhang, Ding-Yang Yuan, Bing-Ran Zhao | Gene (2014), http://dx.doi.org/10.1016/j.gene.2014.04.050 | SCI, IF: 2.082 |
| 28 | An effective method for collecting and storing seeds from <i>Zostera marina</i> (Eelgrass) in the Yellow Sea, China | Pan J, Jiang X, Li X, Han H, Zhang Z, Li Z, Yu S, Song S, Wu R, Jiang Y, Zhao N, Yang G | Restoration Ecology 2014, 22 (6): 716 – 722 | SCI, IF: 1.991 |
| 29 | Cloning, expression and promoter analysis of <i>vasa</i> gene in Japanese flounder (<i>Paralichthys olivaceus</i>) | Xiaomeng Wu, Zhongkai Wang, Jiajun Jiang, Jinning Gao, Jing Wang, Xiaosu Zhou, Quanqi Zhang | Comparative Biochemistry and Physiology, Part B 167: 41-50. DOI: 10.1016/j.cbpb.2013.06.004 | SCI, IF: 1.904 |
| 30 | Molecular cloning, expression profiles and promoter analysis of insulin-like growth factor binding protein-4 (IGFBP-4) in Japanese flounder (<i>Paralichthys olivaceus</i>) | Jing Wang, Jinning Gao, Wenji Wang, Liman Ma, Mengmeng Liu, Haiyang Yu, Zhigang Wang, Xubo Wang, Jie Qi and Quanqi Zhang | Comparative Biochemistry and Physiology, Part B 175: 41-52. DOI: 10.1016/j.cbpb.2014.06.007 | SCI, IF: 1.904 |
| 31 | Complete mitochondrial genome of <i>Pyropia yezoensis</i> : reasserting the revision of genus <i>Porphyra</i> | Fanna Kong, Peipei Sun, Min Cao, Li Wang, and Yunxiang Mao | Mitogenome DNA 2014, 25(5): 335-336 | SCI, IF: 1.701 |
| 32 | Characterization of the <i>Dmrt1</i> gene in the black rockfish <i>Sebastes schlegelii</i> revealed a remarkable sex-dimorphic expression | Ma L, Wang W, Yang X, Jiang J, Song H, Jiang H, Zhang Q, Qi J | Fish Physiol Biochem. 2014, 40(4):1263-74 | SCI, IF: 1.676 |
| 33 | The impact of exogenous DNA on the structure of sperm of olive flounder (<i>Paralichthys olivaceus</i>) | Xin N, Liu T, Zhao H, Wang Z, Liu J, Zhang Q, Qi J | Anim Reprod Sci. 2014, 149(3-4):305-10 | SCI, IF: 1.581 |
| 34 | Inhibitory effect of <i>Lycium barbarum</i> polysaccharides on cell apoptosis and senescence is potentially mediated by the p53 signaling | Xia G, Xin N, Liu W, Yao H, Hou Y, Qi J | Mol Med Rep. 2014, 9(4):1237-41 | SCI, IF: 1.484 |

| | pathway | | | |
|----|---|--|--|--------------------------|
| 35 | Variation of estradiol-17 β and testosterone levels correlated with gametogenesis in the gonad of Zhikong scallop (<i>Chlamys farreri</i>) gonad during annual reproductive cycle | Jianguo Liu, Zhifeng Zhang*, Litao Zhang, Xiaolong Liu, Dandan Yang, Xiaoshi Ma | Canadian Journal of Zoology (Can. J. Zool.), 2014, 92: 195–204 | SCI, IF: 1.346 |
| 36 | Gonadogenesis in scallop <i>Chlamys farreri</i> and <i>Cf-foxl2</i> expression pattern during gonadal sex differentiation | Xiaoling Liu, Yun Li, Jianguo Liu, Zhifeng Zhang* | Aquaculture Research, 2014, 1-4. DOI: 10.1111/are.12621 | SCI, IF: 1.32 |
| 37 | Preliminary comparison of quantification efficiency between DNA-derived dataset and cell-derived dataset of mixed diatom sample based on rDNA-ITS sequence analysis | Liliang Guo, Zhenghong Sui*, Shu Zhang, Yuan Liu, Qingwei Du | Biochemical Systematics and Ecology. 2014, 57: 183–190. DOI: 10.1016/j.bse.2014.08.026 | SCI, IF: 1.17 |
| 38 | Expression pattern of the <i>vitellogenin</i> gene in the zhikong scallop, <i>Chlamys farreri</i> , during ontogenesis | Yun Li, Dapeng Sun, Zhenkui Qin, Zhifeng Zhang* | Marine Biology Research, 2014, 10(9): 917-926 | SCI, IF: 1.134 |
| 39 | Development and identification of a SCAR marker related to male gametophyte of <i>Gracilariopsis lemaneiformis</i> based on AFLP technique | Zhou Wei, Ding Hongye, Sui Zhenghong*, Wang Zhongxia, Wang Jinguo. | Chinese Journal of Oceanology and Limnology. 2014,32(3): 522-526. | SCI, IF: 0.657 |
| 40 | Biomass and carbon storage of <i>Gracilariopsis lemaneiformis</i> (Rhodophyta) in Zhanshan Bay, Qingdao, China | Zhou Wei, Sui Zhenghong*, Wang Jinguo, Hu Yiyi, Kang Kyounggho, Oh Junyeong, Kim Sangchul, Huang Jianhui, Wang Pengyun | Chinese Journal of Oceanology and Limnology. DOI:10.1007/s00343-014-3305-1 | SCI, IF: 0.657 |
| 41 | Cytogenetic mechanisms on the aneuploidy and mosaicism in tetraploid Pacific oysters <i>Crassostrea gigas</i> (Thunberg) produced from eggs of triploids. | ZhengRui Zhang, Xinglian Wang, Quanqi Zhang and Standish K. Allen. Jr | J. Ocean Univ. China, 13 (1): 125-131. DOI: 10.1007/s11802-014-2318-x | SCI, IF: 0.558 |
| 42 | Preferential bivalent formation in tetraploid males of Pacific oysters <i>Crassostrea gigas</i> (Thunberg) | ZhengRui Zhang, Xinglian Wang, Quanqi Zhang and Standish K. Allen. Jr. | J. Ocean Univ. China, 13 (2): 297-302. DOI: 10.1007/s11802-014-2319-9 | SCI, IF: 0.558 |
| 43 | The isolation and characterization of calmodulin gene from <i>Alexandrium catenella</i> (Dinoflagellate) and its relationship with cell growth and heat stress | Wen Ruobing, Sui Zhenghong*, Bao Zhenmin, Zhou Wei, Wang Chunyan | <i>J. Ocean Univ. China</i> (Oceanic and Coastal Sea Research). 2014, 13(2): 290-296 | SCI, IF: 0.558 |

| | | | | |
|----|--|---|--|----------------|
| 44 | A Comparison of Different <i>Gracilariopsis lemaneiformis</i> (Rhodophyta) Parts in Biochemical Characteristics, Protoplast Formation and Regeneration | Wang Zhongxia, Sui Zhenghong*, Hu Yiyi, Meng Xi, Zhang Si, Pan Yulong, and Ju Hongri. | <i>J. Ocean Univ. China</i> (Oceanic and Coastal Sea Research).2014, 13 (4): 671-676 | SCI, IF: 0.558 |
| 45 | Characterization, Expression and Function Analysis of DAX1 Gene of Scallop (<i>Chlamys farreri</i> Jones and Preston 1904) During Its Gametogenesis. | Hailong Li, Jianguo Liu, Xiaoting Huang, Dan Wang, Zhifeng Zhang | Journal of Ocean University of China, 2014, 13 (4): 696-704 | SCI, IF: 0.558 |
| 46 | 静水压法人工诱导牙鲆 <i>Paralichthys olivaceus</i> (♀) × 圆斑星鲽 (<i>Verasper variegatus</i>) (♂) 杂交三倍体条件的探索 | 刘金相, 王旭波, 刘聪辉, 高金宁, 王忠凯, 王文基, 王志刚, 于海洋, 齐洁, 张全启 | 中国海洋大学学报, 2014, 42 (2) 41-47 | 中文核心 |
| 47 | 裂殖壶菌诱变选育及突变菌株性状分析 | 陈浩, 张学成, 臧晓南*, 杨钦, 周兵兵, 吴洪, 尹顺吉, 王琳 | 中国海洋大学学报. 2014, 44(sup.) 97-102. | 中文核心 |
| 48 | 节旋藻 cpcS 基因的克隆和功能研究 | 张冉, 冯小亭, 臧晓南*, 张学成 | 中国海洋大学学报. 2014, 44(sup.) 91-96. | 中文核心 |
| 49 | 龙须菜果孢子的紫外诱变及优势突变体的筛选 | 付峰, 隋正红*, 常连鹏, 周伟, 魏惠惠 | 中国海洋大学学报. 2014, 44(3): 50-56 | 中文核心 |
| 50 | 龙须菜 RSAP 标记分析及其 SCAR 标记的转化 | 王津果, 隋正红*, 周伟, 马金华, 张淑, 常连鹏 | 中国海洋大学学报, 2014, 44(4): 47-53 | 中文核心 |
| 51 | 龙须菜新品系 ZC 的生长和生理生化参数的测定及其 SCAR 标记的开发 | 王津果, 隋正红*, 周伟, 常连鹏, 张淑, 马金华, 张学成 | 中国海洋大学学报, 2014, 44(11): 37-44. | 中文核心 |
| 52 | 不同品系节旋藻乙酰辅酶 A 羧化酶基因的克隆比较 | 刘奇, 臧晓南*, 张学成 | 中国科技博览. 2014(27): 85-87. | 中文核心 |
| 53 | 龙须菜高温胁迫抑制性消减杂交文库的构建 | 丁艳;臧晓南*;张璇;顾颖慧;鹿宁;李广起;张学成;张璐;谈艳苗;闫爱婷 | 中国科技博览. 2014(26): 376-378 | 中文核心 |
| 54 | miRNAs 生物合成过程的调控 | 濮龙军, 王晶, 李鹏涛, 董振, 郭华荣 | 现代生物医学进展, 2014,20(14): 3988-3933. | 中文核心 |
| 55 | 酿酒酵母 rDNA 的结构及其介导整合影响因素研究进展. | 孙恒一, 臧晓南*, 张学成 | 武汉大学学报. 2014. 60(1): 37-44. | 中文核心 |
| 56 | 刀额新对虾原代淋巴细胞培养及其感染白斑综合征病毒(WSSV)的病理特征 | 国子娟, 王印庚, 荣小军, 廖梅杰, 郭华荣, 韩倩 | 水产学报 2014 (4), 140-148. | 中文核心 |
| 57 | POU III 基因的研究进展 | 李鹏涛, 郭华荣 | 科技研究, 2014, 9, 558 | 中文核心 |
| 58 | 关于提高《细胞工程》双语教学效果的体会 | 郭华荣 | 吉林省教育学院学报,2014 30 (3), 47-48 | 中文核心 |

| | | | | |
|----|---------------------------------------|-----------------------------------|-------------------------------|------|
| 59 | 殖壶菌 OUC88 及 10 个派生菌株 18S rRNA 基因克隆和分析 | 李清, 臧晓南*, 张学成, 宋晓金, 杨青 | 海洋科学. 2014, 38(1): 71-78. | 中文核心 |
| 60 | ISSR 标记在牙鲆 (♀) × 圆斑星鲽 (♂) 杂交子代中的分离方式. | 张正睿, 王兴莲, 张全启 | 海洋湖沼通报, 2014, 140(3): 110-117 | 中文核心 |
| 61 | 牙鲆家系耐热性状的初步研究 | 王志刚, 刘旭东, 刘寿堂, 银红梅, 刘金相, 于海洋, 张全启 | 海洋湖沼通报, 2014, 140(1): 101-107 | 中文核心 |

附表 3 专利及软件著作权情况

表 3.1 专利及软件著作权授权情况表

| 专利名称 | 专利授权号 | 类别 | 完成人 | 授权日 |
|--|-------------------|--------|-----|------------|
| 一种用于大规模、高通量基因分型的贝类 DNA 快速提取方法 | ZL 201310275266.2 | 发明专利 | 包振民 | 2014.12.17 |
| 一种饵料藻自动培养与投加方法 | ZL 201310277425.2 | 发明专利 | 包振民 | 2014.09.10 |
| 一种真核浮游植物多样性的快速高通量检测方法 | ZL 201310296262.2 | 发明专利 | 王师 | 2014.08.13 |
| 一种对虾细胞培养基 | ZL 201310162351.8 | 发明专利 | 郭华荣 | 2014.07.09 |
| 一种高通量全基因组 DNA 甲基化检测技术 | ZL 201310163085.0 | 发明专利 | 王师 | 2014.07.02 |
| 栉孔扇贝 TGF- β I 型受体基因及其 SNP 位点 | ZL 201210439861.0 | 发明专利 | 包振民 | 2014.06.18 |
| Breeding Method for Orange-Adductor-Muscle Scallop | 特许第 5543583 号 | 国际发明专利 | 包振民 | 2014.05.16 |
| 一种饵料藻自动培养与投加装置 | ZL 201310278454.0 | 发明专利 | 胡晓丽 | 2014.05.07 |
| 无需参考基因组的单核苷酸多态性 SNP 精准分型软件 V1.0 | 2014SR028449 | 软件著作权 | 王师 | 2014.03.10 |
| LASSO_GBLUP:基于区分主效基因和微效基因的基因组选择软件 V1.0 | 2014SR013876 | 软件著作权 | 胡晓丽 | 2014.02.07 |

表 3.2 专利申请情况

| 专利名称 | 专利申请号 | 类别 | 完成人 | 申请时间 |
|-----------------------------|----------------|------|------------------|------------|
| 一种虾夷扇贝生长性状相关的 SNP 位点及其检测和应用 | 201410035028.9 | 发明专利 | 包振民, 胡晓丽, | 2014.01.25 |
| 一种无抗生素标记的裂殖壶菌及其遗传转化方法 | 201410502278.9 | 发明专利 | 臧晓南, 张学成, | 2014.09.26 |
| 一种大量样本同时分型的方法 | 201410624588.8 | 发明专利 | 王师、焦文倩、包振民 | 2014.11.06 |
| 一种牙鲆精子介导转基因过程中保持精子活力的方法 | 201410624598.1 | 发明专利 | 齐洁;王振伟;辛念;张全启 | 2014.11.06 |
| 一种与牙鲆耐热性相关的 SNP 位点及其应用 | 201410623763.1 | 发明专利 | 张全启;刘金相;于海洋;王旭波; | 2014.11.06 |

附表 4 固定研究人员名单

| 研究方向 | 姓名 | 性别 | 职称 | 出生年月 | 学位 | 专业 |
|------------------|-----|----|-----|---------|----|---------------|
| 海洋生物分子遗传学与分子育种 | 包振民 | 男 | 教授 | 1961.12 | 博士 | 贝类分子遗传与育种 |
| | 杨官品 | 男 | 教授 | 1963.06 | 博士 | 藻类分子生物学 |
| | 隋正红 | 女 | 教授 | 1969.01 | 博士 | 藻类功能基因组学 |
| | 胡晓丽 | 女 | 教授 | 1970.07 | 博士 | 分子遗传学 |
| | 齐洁 | 女 | 教授 | 1972.11 | 博士 | 功能基因组学 |
| | 王扬帆 | 男 | 副教授 | 1979.10 | 博士 | 生物信息学 |
| | 杜国英 | 女 | 高工 | 1971.09 | 博士 | 藻类分子生物学 |
| | 焦文倩 | 女 | 讲师 | 1986.12 | 博士 | 扇贝基因组学与分子遗传育种 |
| | 陆维 | 女 | 实验师 | 1981.04 | 硕士 | 实验室管理 |
| 海洋生物细胞遗传学与细胞工程育种 | 张全启 | 男 | 教授 | 1962.04 | 博士 | 鱼类功能基因组学 |
| | 张志峰 | 女 | 教授 | 1964.01 | 博士 | 发育遗传学 |
| | 董波 | 男 | 教授 | 1973.10 | 博士 | |
| | 黄晓婷 | 女 | 副教授 | 1980.02 | 博士 | 分子细胞遗传学 |
| | 王旭波 | 男 | 副教授 | 1981.12 | 博士 | 细胞遗传学 |
| | 于海洋 | 男 | 副教授 | 1982.02 | 博士 | 鱼类功能基因组学 |
| | 王志刚 | 男 | 实验师 | 1980.01 | 硕士 | 实验室秘书兼管理 |
| 海洋生物基因组学与进化生物学 | 茅云翔 | 男 | 教授 | 1967.03 | 博士 | 藻类分子育种 |
| | 王师 | 男 | 教授 | 1979.10 | 博士 | 贝类基因组学 |
| | 郭华荣 | 女 | 教授 | 1970.01 | 博士 | 进化生物学 |
| | 孔凡娜 | 女 | 副教授 | 1978.05 | 博士 | 藻类分子育种 |
| | 张玲玲 | 女 | 副教授 | 1980.04 | 博士 | 分子遗传学 |
| | 王睿甲 | 男 | 副教授 | 1984.12 | 博士 | 棘皮动物基因组学 |
| | 贺艳 | 女 | 讲师 | 1983.05 | 博士 | 鱼类基因组学 |
| | 唐祥海 | 男 | 讲师 | 1979.07 | 博士 | 藻类基因组学 |

附表 5 研究生名单

| 序号 | 学生姓名 | 专业年级 | 学生类别 (硕博) | 导师 |
|-----|------|---------------|--------------|-----|
| 1. | 牟小雨 | 11 海洋生物学 | 硕士 | 包振民 |
| 2. | 李鹏涛 | 11 细胞生物学 | 硕士 | 郭华荣 |
| 3. | 李淑芬 | 11 遗传学 | 硕士 | 孔凡娜 |
| 4. | 封艳静 | 11 海洋生物学 | 硕士 | 刘涛 |
| 5. | 李天勇 | 11 海洋生物学 | 硕士 | 刘涛 |
| 6. | 王忍 | 11 海洋生物学 | 硕士 | 刘涛 |
| 7. | 曲洁琼 | 11 海洋生物学 | 硕士 | 刘涛 |
| 8. | 薛红凡 | 11 海洋生物学 | 硕士 | 茅云翔 |
| 9. | 辛念 | 11 海洋生物学 | 硕士 | 齐洁 |
| 10. | 张淑 | 11 海洋生物学 | 硕士 | 隋正红 |
| 11. | 于杰 | 11 遗传学 | 硕士 | 王师 |
| 12. | 张冉 | 11 海洋生物学 | 硕士 | 臧晓南 |
| 13. | 陈浩 | 11 生态学 | 硕士 | 臧晓南 |
| 14. | 丁艳 | 11 生物化学与分子生物学 | 硕士 | 臧晓南 |
| 15. | 龚乐 | 11 生物化学与分子生物学 | 硕士 | 臧晓南 |
| 16. | 刘奇 | 11 遗传学 | 硕士 | 臧晓南 |
| 17. | 刘蒙蒙 | 11 海洋生物学 | 硕士 | 张全启 |
| 18. | 杨晓 | 11 生物化学与分子生物学 | 硕士 | 张全启 |
| 19. | 梁少帅 | 11 细胞生物学 | 硕士 | 张志峰 |
| 20. | 韩田田 | 11 细胞生物学 | 硕士 | 张志峰 |
| 21. | 余小燕 | 12 生物工程 | 硕士 | 包振民 |
| 22. | 濮龙军 | 12 遗传学 | 硕士 | 郭华荣 |
| 23. | 王晶 | 12 生物工程 | 硕士 | 郭华荣 |
| 24. | 邹佳君 | 12 海洋生物学 | 硕士 | 胡晓丽 |
| 25. | 张铷 | 12 遗传学 | 硕士 | 胡晓丽 |
| 26. | 李若佼 | 12 海洋生物学 | 硕士 | 黄晓婷 |
| 27. | 郭忠玉 | 12 生物工程 | 硕士 | 黄晓婷 |
| 28. | 李红 | 12 海洋生物学 | 硕士 | 孔凡娜 |
| 29. | 官慎蕙 | 12 生物工程 | 硕士 | 孔凡娜 |
| 30. | 刘伟勋 | 12 生物工程 | 硕士 | 孔凡娜 |
| 31. | 韩晓娟 | 12 海洋生物学 | 硕士 | 茅云翔 |
| 32. | 张晓南 | 12 遗传学 | 硕士 | 茅云翔 |
| 33. | 刘田田 | 12 海洋生物学 | 硕士 | 齐洁 |
| 34. | 杨芳 | 12 海洋生物学 | 硕士 | 齐洁 |
| 35. | 耿慧利 | 12 海洋生物学 | 硕士 | 隋正红 |
| 36. | 郭伟华 | 12 生物工程 | 硕士 | 隋正红 |
| 37. | 胡依依 | 12 生物工程 | 硕士 | 隋正红 |
| 38. | 李彬彬 | 12 生物工程 | 硕士 | 隋正红 |
| 39. | 晶晶 | 12 生物工程 | 硕士 | 王师 |

| | | | | |
|-----|-----|---------------|----|-----|
| 40. | 窦怀乾 | 12 生物工程 | 硕士 | 王师 |
| 41. | 樊琳 | 12 细胞生物学 | 硕士 | 王旭波 |
| 42. | 丁海燕 | 12 海洋生物学 | 硕士 | 杨官品 |
| 43. | 付瑞雪 | 12 生物化学与分子生物学 | 硕士 | 于海洋 |
| 44. | 杨钦 | 12 遗传学 | 硕士 | 臧晓南 |
| 45. | 高梅娟 | 12 生物工程 | 硕士 | 臧晓南 |
| 46. | 袁俊青 | 12 海洋生物学 | 硕士 | 张全启 |
| 47. | 陈燕 | 12 海洋生物学 | 硕士 | 张全启 |
| 48. | 刘树人 | 12 海洋生物学 | 硕士 | 张志峰 |
| 49. | 李岳 | 12 海洋生物学 | 硕士 | 张志峰 |
| 50. | 杨丹丹 | 12 生物工程 | 硕士 | 张志峰 |
| 51. | 刘源涛 | 13 海洋生物学 | 硕士 | 臧晓南 |
| 52. | 刘国强 | 13 海洋生物学 | 硕士 | 茅云翔 |
| 53. | 王春丽 | 13 海洋生物学 | 硕士 | 齐洁 |
| 54. | 杜昕昕 | 13 海洋生物学 | 硕士 | 张全启 |
| 55. | 宁先会 | 13 海洋生物学 | 硕士 | 胡晓丽 |
| 56. | 李仰平 | 13 海洋生物学 | 硕士 | 王师 |
| 57. | 胡洪双 | 13 海洋生物学 | 硕士 | 张全启 |
| 58. | 刘伟 | 13 海洋生物学 | 硕士 | 张全启 |
| 59. | 杨立昆 | 13 海洋生物学 | 硕士 | 张全启 |
| 60. | 郭浩冰 | 13 海洋生物学 | 硕士 | 张玲玲 |
| 61. | 赵婀娜 | 13 海洋生物学 | 硕士 | 杜国英 |
| 62. | 刘源 | 13 微生物学 | 硕士 | 隋正红 |
| 63. | 吴非 | 13 遗传学 | 硕士 | 臧晓南 |
| 64. | 刘秀梅 | 13 遗传学 | 硕士 | 张全启 |
| 65. | 廖欢 | 13 遗传学 | 硕士 | 黄晓婷 |
| 66. | 张真 | 13 遗传学 | 硕士 | 茅云翔 |
| 67. | 周纳宇 | 13 遗传学 | 硕士 | 于海洋 |
| 68. | 曹晓菲 | 13 遗传学 | 硕士 | 徐涤 |
| 69. | 孔一凡 | 13 发育生物学 | 硕士 | 包振民 |
| 70. | 李学玉 | 13 发育生物学 | 硕士 | 张志峰 |
| 71. | 陆琼选 | 13 细胞生物学 | 硕士 | 郭华荣 |
| 72. | 马晓玉 | 13 细胞生物学 | 硕士 | 张志峰 |
| 73. | 梁翠翠 | 13 细胞生物学 | 硕士 | 郭华荣 |
| 74. | 董丹丹 | 13 细胞生物学 | 硕士 | 郭华荣 |
| 75. | 张晓娟 | 13 细胞生物学 | 硕士 | 郭华荣 |
| 76. | 梁思杰 | 13 生物化学与分子生物学 | 硕士 | 杨官品 |
| 77. | 杜青伟 | 13 生物化学与分子生物学 | 硕士 | 隋正红 |
| 78. | 魏惠惠 | 13 生物化学与分子生物学 | 硕士 | 隋正红 |
| 79. | 杨俊卿 | 13 生物化学与分子生物学 | 硕士 | 孔凡娜 |
| 80. | 王振伟 | 13 生物化学与分子生物学 | 硕士 | 齐洁 |
| 81. | 李暄 | 13 生态学 | 硕士 | 黄晓婷 |
| 82. | 岳舒 | 13 生物工程 | 硕士 | 茅云翔 |

| | | | | |
|------|-----|----------|----|-----|
| 83. | 刘峰 | 13 生物工程 | 硕士 | 臧晓南 |
| 84. | 周兵兵 | 13 生物工程 | 硕士 | 臧晓南 |
| 85. | 杨超 | 13 生物工程 | 硕士 | 汪小龙 |
| 86. | 任源源 | 13 生物工程 | 硕士 | 隋正红 |
| 87. | 宋彬彬 | 13 生物工程 | 硕士 | 张全启 |
| 88. | 王旭祥 | 13 生物工程 | 硕士 | 汪小龙 |
| 89. | 张正睿 | 14 遗传学 | 硕士 | 包振民 |
| 90. | 李玉强 | 14 发育生物学 | 硕士 | 包振民 |
| 91. | 于佳辰 | 14 细胞生物学 | 硕士 | 包振民 |
| 92. | 李天琪 | 14 生物工程 | 硕士 | 包振民 |
| 93. | 刘春蓉 | 14 遗传学 | 硕士 | 杜国英 |
| 94. | 闫红梅 | 14 细胞生物学 | 硕士 | 杜国英 |
| 95. | 陈学美 | 14 发育生物学 | 硕士 | 郭华荣 |
| 96. | 王玉 | 14 细胞生物学 | 硕士 | 郭华荣 |
| 97. | 林钰祺 | 14 生物工程 | 硕士 | 郭华荣 |
| 98. | 王姝玥 | 14 海洋生物学 | 硕士 | 胡晓丽 |
| 99. | 张梦燃 | 14 生物工程 | 硕士 | 胡晓丽 |
| 100. | 赵海龙 | 14 遗传学 | 硕士 | 孔凡娜 |
| 101. | 张玉玲 | 14 海洋生物学 | 硕士 | 孔杰 |
| 102. | 陈琼 | 14 海洋生物学 | 硕士 | 孔杰 |
| 103. | 张莹雪 | 14 生物工程 | 硕士 | 孔杰 |
| 104. | 王璐 | 14 海洋生物学 | 硕士 | 茅云翔 |
| 105. | 邢其坤 | 14 遗传学 | 硕士 | 茅云翔 |
| 106. | 王晓冉 | 14 微生物学 | 硕士 | 莫照兰 |
| 107. | 牛晶晶 | 14 海洋生物学 | 硕士 | 齐洁 |
| 108. | 汪波 | 14 细胞生物学 | 硕士 | 齐洁 |
| 109. | 商二磊 | 14 海洋生物学 | 硕士 | 隋正红 |
| 110. | 米萍 | 14 遗传学 | 硕士 | 隋正红 |
| 111. | 阙州 | 14 生物工程 | 硕士 | 隋正红 |
| 112. | 程陶然 | 14 海洋生物学 | 硕士 | 王师 |
| 113. | 杨志辉 | 14 微生物学 | 硕士 | 王师 |
| 114. | 刘平平 | 14 细胞生物学 | 硕士 | 王师 |
| 115. | 王佳 | 14 生物工程 | 硕士 | 王师 |
| 116. | 张薇 | 14 遗传学 | 硕士 | 王旭波 |
| 117. | 李培珍 | 14 遗传学 | 硕士 | 王旭波 |
| 118. | 王亚梅 | 14 生物工程 | 硕士 | 杨官品 |
| 119. | 王天翻 | 14 生物工程 | 硕士 | 杨官品 |
| 120. | 曹丹丹 | 14 细胞生物学 | 硕士 | 于海洋 |
| 121. | 张美激 | 14 海洋生物学 | 硕士 | 张玲玲 |
| 122. | 马晓丽 | 生态学 | 硕士 | 张玲玲 |
| 123. | 王慧贞 | 14 海洋生物学 | 硕士 | 张全启 |
| 124. | 刘小冰 | 14 海洋生物学 | 硕士 | 张全启 |
| 125. | 王梦珣 | 14 海洋生物学 | 硕士 | 张全启 |

| | | | | |
|------|-----|---------------|----|-----|
| 126. | 刘跃中 | 14 生物工程 | 硕士 | 张全启 |
| 127. | 周嶝 | 14 海洋生物学 | 硕士 | 张志峰 |
| 128. | 高贝贝 | 14 发育生物学 | 硕士 | 张志峰 |
| 129. | 白雅娇 | 14 发育生物学 | 硕士 | 张志峰 |
| 130. | 杜美荣 | 11 海洋生物学 | 博士 | 包振民 |
| 131. | 焦文倩 | 11 海洋生物学 | 博士 | 包振民 |
| 132. | 付晓腾 | 11 海洋生物学 | 博士 | 包振民 |
| 133. | 傅强 | 11 遗传学 | 博士 | 包振民 |
| 134. | 李昀 | 11 遗传学 | 博士 | 胡景杰 |
| 135. | 秦贞奎 | 11 遗传学 | 博士 | 胡景杰 |
| 136. | 马丽曼 | 11 海洋生物学 | 博士 | 茅云翔 |
| 137. | 周伟 | 11 海洋生物学 | 博士 | 隋正红 |
| 138. | 王文基 | 11 海洋生物学 | 博士 | 张全启 |
| 139. | 王晶 | 11 遗传学 | 博士 | 张全启 |
| 140. | 高金宁 | 11 遗传学 | 博士 | 张全启 |
| 141. | 刘建国 | 11 发育生物学 | 博士 | 张志峰 |
| 142. | 张立涛 | 11 细胞生物学 | 博士 | 张志峰 |
| 143. | 毛俊霞 | 12 海洋生物学 | 博士 | 包振民 |
| 144. | 孙妍 | 12 海洋生物学 | 博士 | 包振民 |
| 145. | 张璐 | 12 海洋生物学 | 博士 | 包振民 |
| 146. | 王忠凯 | 12 海洋生物学 | 博士 | 张全启 |
| 147. | 姜佳君 | 12 海洋生物学 | 博士 | 张全启 |
| 148. | 潘金华 | 12 生物化学与分子生物学 | 博士 | 杨官品 |
| 149. | 高峰涛 | 12 生物化学与分子生物学 | 博士 | 杨官品 |
| 150. | 孙恒一 | 12 生物化学与分子生物学 | 博士 | 隋正红 |
| 151. | 郭立亮 | 12 生物化学与分子生物学 | 博士 | 隋正红 |
| 152. | 李超 | 12 遗传学 | 博士 | 茅云翔 |
| 153. | 窦锦壮 | 12 遗传学 | 博士 | 包振民 |
| 154. | 田梅琳 | 12 遗传学 | 博士 | 包振民 |
| 155. | 曹敏 | 12 遗传学 | 博士 | 茅云翔 |
| 156. | 刘金相 | 13 海洋生物学 | 博士 | 张全启 |
| 157. | 王津果 | 13 海洋生物学 | 博士 | 隋正红 |
| 158. | 许光剑 | 13 遗传学 | 博士 | 包振民 |
| 159. | 李雪 | 13 遗传学 | 博士 | 包振民 |
| 160. | 邹丹丹 | 13 遗传学 | 博士 | 茅云翔 |
| 161. | 刘阳 | 13 遗传学 | 博士 | 茅云翔 |
| 162. | 张宁 | 13 生物化学与分子生物学 | 博士 | 杨官品 |
| 163. | 巩文静 | 13 海洋生物学 | 博士 | 隋正红 |
| 164. | 宋华玉 | 13 海洋生物学 | 博士 | 张全启 |
| 165. | 苗艳 | 13 遗传学 | 博士 | 包振民 |
| 166. | 邢强 | 13 遗传学 | 博士 | 包振民 |
| 167. | 于茜 | 13 遗传学 | 博士 | 包振民 |
| 168. | 孙佩佩 | 13 遗传学 | 博士 | 茅云翔 |

| | | | | |
|------|-----|---------------|----|-----|
| 169. | 马晓世 | 13 发育生物学 | 博士 | 张志峰 |
| 170. | 刘晓龙 | 13 细胞生物学 | 博士 | 张志峰 |
| 171. | 郭栗 | 13 生物化学与分子生物学 | 博士 | 杨官品 |
| 172. | 荀小罡 | 14 海洋生物学 | 博士 | 包振民 |
| 173. | 王静 | 14 遗传学 | 博士 | 包振民 |
| 174. | 赵亮 | 14 遗传学 | 博士 | 包振民 |
| 175. | 梁冰 | 14 遗传学 | 博士 | 茅云翔 |
| 176. | 徐奎鹏 | 14 遗传学 | 博士 | 茅云翔 |
| 177. | 胡依依 | 14 生物化学与分子生物学 | 博士 | 隋正红 |
| 178. | 彭冲 | 14 生物化学与分子生物学 | 博士 | 隋正红 |
| 179. | 窦怀乾 | 14 遗传学 | 博士 | 王师 |
| 180. | 朱颖 | 14 生物化学与分子生物学 | 博士 | 杨官品 |
| 181. | 林根妹 | 14 生物化学与分子生物学 | 博士 | 杨官品 |
| 182. | 李赞 | 14 海洋生物学 | 博士 | 张全启 |
| 183. | 赵海涛 | 14 海洋生物学 | 博士 | 张全启 |
| 184. | 梁少帅 | 14 发育生物学 | 博士 | 张志峰 |
| 185. | 季爱昌 | 14 细胞生物学 | 博士 | 张志峰 |

附表 6 学术委员会名单

| 职务 | 姓名 | 工作单位 | 学术专长 | 职务/职称 |
|-----|-----|------------------|----------|--------|
| 主任 | 徐 洵 | 国家海洋局第三海洋研究所 | 海洋生物技术 | 院士/研究员 |
| 副主任 | 管华诗 | 中国海洋大学 | 海洋生物技术 | 院士/教授 |
| 副主任 | 乔守怡 | 复旦大学 | 遗传学 | 教授 |
| 委员 | 刘占江 | 美国奥本大学 | 水生动物基因组学 | 教授 |
| 委员 | 相建海 | 中科院海洋研究所 | 海洋生物技术 | 研究员 |
| 委员 | 王清印 | 黄海水产研究所 | 海洋生物学 | 研究员 |
| 委员 | 张国范 | 中科院海洋研究所 | 遗传育种学 | 研究员 |
| 委员 | 郭希明 | 美国 Rutgers Univ. | 遗传育种学 | 教授 |
| 委员 | 苏永全 | 厦门大学 | 海洋生物技术 | 教授 |
| 委员 | 黄晓航 | 国家海洋局第一海洋研究所 | 分子生物学 | 研究员 |
| 委员 | 何建国 | 中山大学 | 分子生物学 | 教授 |
| 委员 | 李家乐 | 上海海洋大学 | 水产养殖 | 教授 |
| 委员 | 张全启 | 中国海洋大学 | 海洋动物遗传学 | 教授 |
| 委员 | 张士瑾 | 中国海洋大学 | 发育遗传学 | 教授 |
| 委员 | 包振民 | 中国海洋大学 | 遗传育种学 | 教授 |

附表 7 学术交流与合作一览表

| 序号 | 学术交流、合作名称(主题) | 专家学者 | 地点 | 时间 |
|----|---|---|--------------------|------------------|
| 1 | 学术交流“鱼耳石碳, 氧稳定同位素成分及其在渔业上的应用”和“贝壳碳酸盐岩的稳定同位素研究及海水酸化效应” | 美国 Makah Fisheries Management, 高永文研究员 | 海洋生物遗传学与育种教育部重点实验室 | 2014.01.06-12 |
| 2 | 学术交流-海洋模式动物海鞘脊索的发育与调控 | 日本理化学研究所神戸发育生物学中心国际特别研究员董波博士 | 海洋生物遗传学与育种教育部重点实验室 | 2014.06.18-21 |
| 3 | 学术报告- Mechanics of epithelial sheet folding | RIKEN Center for Developmental Biology 的 Shigeo Hayashi 教授 | 海洋生物遗传学与育种教育部重点实验室 | 2014.10.19 |
| 4 | 学术交流- Can artificial ocean alkalization protect tropical coral ecosystem from ocean acidification? | 德国亥姆霍兹海洋研究中心冯玉铭博士 | 海洋生物遗传学与育种教育部重点实验室 | 2014.10.29-30 |
| 5 | 学术访问 | 英国 The Laboratory, Marine Biological Association of the UK 的 Colin Brownlee 教授 | 海洋生物遗传学与育种教育部重点实验室 | 2014.10.27-11.2 |
| 6 | 学术交流-研究生沙龙 | 日本理化学研究所神戸发育生物学中心江涤博士 | 海洋生物遗传学与育种教育部重点实验室 | 2014.10.29-11.05 |
| 7 | 学术交流- Prioritizing animals for dense genotyping in order to impute missing genotypes of sparsely genotyped animals | Norwegian University of Life Sciences Department of Animal and Aquacultural Sciences 的于希江教授 | 海洋生物遗传学与育种教育部重点实验室 | 2014.11.03 |
| 8 | Alternative Methods of Sex Control in Rainbow Trout; Improving Genetic Selection Efficiency for Growth in Rainbow Trout | Troutlodge, Inc 的 Executive Vice-President, Mr. Jim Parsons | 海洋生物遗传学与育种教育部重点实验室 | 2014.11.06 |
| 9 | 访问学者 | 王旭波 副教授 | 美国哈弗医学院 | 2013.05-2014.05 |
| 10 | 访问学者 | 孔凡娜 副教授 | 美国加州大学洛杉矶分校 | 2013.10-2014.09 |
| 11 | 访问学者 | 黄晓婷 副教授 | 美国加州大学伯克利分 | 2014.02-2015.02 |

| | | | 校 | |
|----|---|--|----------|------------------|
| 12 | 合作研究 | 杜国英 高级工程师 | 法国拉罗谢尔大学 | 2014.06.15-09.07 |
| 13 | 国际会议 World Aquaculture Adelaide 2014 | 包振民教授、王师教授 | 澳大利亚阿德莱德 | 2014.06.05-14 |
| 14 | 第十六届欧洲生物技术大会 (16th European Congress on Biotechnology, ECB16) | 张志峰教授 | 英国爱丁堡 | 2014.07.13-19 |
| 15 | 4th Annual Next Generation Sequencing Asia Congress | 隋正红教授 | 新加坡 | 2014.10.06-09 |
| 16 | 中英海洋生物多样性领域双边研讨会 (NSFC-RSE Workshop on Marine Science and Biodiversity) | 茅云翔教授 | 英国爱丁堡 | 2014.10.20-22 |
| 17 | 实验室主办国际学术会议-基因组时代水生生物学及分子育种技术发展趋势研讨会 | 国内外共 30 余位专家学者参会讨论, 另有 20 余位室内及外单位人员参会 | 青岛市黄海饭店 | 2014.11.02 |
| 18 | 水产育种学术研讨会 | 包振民 | 江苏无锡 | 2014.02.25-27 |
| 19 | 《农业动物种业科技创新发展战略研究》启动会 | 包振民 | 山东青岛 | 2014.04.26 |
| 20 | 第 34 届国际动物遗传学大会 | 王扬帆, 邢强 | 陕西西安 | 2014.07.28-08.01 |
| 21 | 中国贝类学会理事会年会 | 包振民 | 内蒙古海拉尔 | 2014.08.04-06 |
| 22 | 山东遗传学会 2014 年学术年会 | 张全启、王旭波、于海洋、胡晓丽及 7 名研究生 | 山东日照 | 2014.08.13-15 |
| 23 | 中国鱼类学会 2014 学术研讨会 | 张全启、宋华玉 | 天津 | 2014.08.28-29 |
| 24 | 第九届国际基因组学大会 | 齐洁、王旭波、贺艳 | 深圳 | 2014.09.10-12 |
| 25 | 贝藻类育种专题组学术研讨会 | 包振民 | 江苏宁波 | 2014.11.16 |
| 26 | 水产科技发展论坛 | 包振民 | 盘锦 | 2014.12.11 |
| 27 | 第二届全国发育生物学大会 | 张志峰 | 兰州 | 2014.10.26-29 |

附件 8 年度开放运行费决算

2013 年度海洋生物遗传学与育种教育部重点实验室开放运行费决算表

| 科目 | 预算批复 (万元) | 实际支出(万 元) | 结余(万元) |
|-------------|--------------|--------------|--------|
| 1. 办公费、邮寄费等 | 3 | 4.21 | -1.21 |
| 2. 印刷费 | 1 | 1.16 | -0.16 |
| 3. 差旅、交通费 | 9 | 9.14 | -0.14 |
| 4. 材料费 | 3 | 2.78 | 0.22 |
| 5. 仪器维修费 | 5 | 7.08 | -2.08 |
| 6. 设备费 | 1 | 6.30 | -5.30 |
| 6. 会议费 | 13 | 8.02 | 4.98 |
| 7. 专家咨询和劳务费 | 5 | 1.3 | 3.70 |
| 合计 | 40 | 39.99 | 0.01 |

备注：该决算截止日期为 2014 年 12 月 26 日。

附件 9 大型仪器设备清单

| 序号 | 仪器名称 | 型号 | 公司 | 台件数 | 单价(万元) | 总价(万元) |
|----|---------------|-------------------------|-----------------------|-----|--------|--------|
| 1 | 激光显微切割系统 | LMD7000 | 德国徕卡 | 1 | 137.85 | 137.85 |
| 2 | 测序仪 | Miseq | Illumina 公司 | 1 | 104.52 | 104.52 |
| 3 | 核苷酸序列分析仪系统 | WAVE 3500HT | 美国 Transqeromit 公司 | 1 | 90.57 | 90.57 |
| 4 | 基因分析系统 | EP1 | 美国 Fluidigm 公司 | 1 | 82.96 | 82.96 |
| 5 | 基因分析仪 | CEQ8000 | 美国贝克曼有限公司 | 1 | 63.81 | 63.81 |
| 6 | 测序仪 | Ion Torrent | Applied Biosystems 公司 | 1 | 60 | 60 |
| 7 | 遗传分析系统 | 4300S | 美国 Licor 公司 | 1 | 59.85 | 59.85 |
| 8 | 个人化基因组测序仪 | PersonalGenomeMachine | 美国 ABI 公司 | 1 | 57.49 | 57.49 |
| 9 | 高性能并行计算服务器系统 | I840r-GP | 中国曙光信息产业股份有限公司 | 1 | 51 | 51 |
| 10 | 双通道光合系统测量仪 | Dual-PAM-100 | 德国 Walz 公司 | 1 | 46.79 | 46.79 |
| 11 | 超速冷冻离心机 | WX-cp100 | 日本日立公司 | 1 | 46.35 | 46.35 |
| 12 | 全自动微生物分析系统 | 62402 | 美国 BIOLOG 公司 | 1 | 42.53 | 42.53 |
| 13 | 液相色谱仪 | LC | 日本岛津制造公司 | 1 | 42.2 | 42.2 |
| 14 | 双色红外激光成像系统 | Odyssey | 美国 Li-Cor 公司 | 1 | 39.16 | 39.16 |
| 15 | 荧光定量 PCR 仪 | 7500 | 美国 ABI 公司 | 2 | 38.99 | 77.98 |
| 16 | 高速冷冻离心机 | J-301 | 美国贝克曼有限公司 | 1 | 36.49 | 36.49 |
| 17 | 实时荧光定量 PCR 系统 | LC480II | 瑞士 ROCH 公司 | 1 | 36.30 | 36.30 |
| 18 | 光学显微镜 | Imager A1 | 德国切斯 | 1 | 36.24 | 36.24 |
| 19 | 倒置荧光显微镜 | Ti-u | 日本尼康公司 | 1 | 30.44 | 30.44 |
| 20 | 高分辨溶解曲线分析仪 | LIGHT SCANNER96 | 美国 Idaho 公司 | 1 | 29.73 | 29.73 |
| 21 | 脉冲场电泳仪 | CHEF-mapper | 美国伯乐公司 | 1 | 27.43 | 27.43 |
| 22 | 高效液相色谱仪 | Chromaster Organizer | 日本 HITACHI 日立公司 | 1 | 27.33 | 27.33 |
| 23 | 发酵罐 | BIOSIAT B2 | 德国博朗公司 | 1 | 24.87 | 24.87 |
| 24 | 快速蛋白液相层析仪 | AKTA-FPLC | 瑞典 Bio-Sciences 公司 | 1 | 24.89 | 24.89 |
| 25 | 双向电泳系统 | SE600 | 美国 GE 公司 | 1 | 23.83 | 23.83 |
| 26 | 荧光定量 PCR 检测系统 | FQD-48A (A4) | 杭州博日科技公司 | 1 | 22 | 22 |

| | | | | | | |
|-----------|------------|----------------------|----------------|-----------|-------|---------|
| 27 | 高速冷冻离心机 | J-25 | 美国贝克曼有限公司 | 1 | 21.87 | 21.87 |
| 28 | 多功能酸标仪 | AppliedBiosystem7500 | 美国伯乐公司 | 1 | 19.52 | 19.52 |
| 29 | 光学生物显微镜 | E80J | 日本尼康公司 | 1 | 19.52 | 19.52 |
| 30 | 细胞遗传工作站 | KM3 | 英国 AI 公司 | 1 | 19.03 | 19.03 |
| 31 | 生物分析仪 | Agilent2100 | 美国安捷伦公司 | 1 | 18.75 | 18.75 |
| 32 | 连续光谱密度测定仪 | SPECTRA | 美国分析仪器公司 | 1 | 18.74 | 18.74 |
| 33 | 快速细胞分析仪 | CAZY TT | 瑞士 Roche 公司 | 1 | 18.02 | 18.02 |
| 34 | 高速冷冻离心机 | CR22G | 日本 HITACHI 公司 | 1 | 18.2 | 18.2 |
| 35 | 生物培养设备 | HXKS-PE | 大连汇新钛设备公司 | 3 | 17.67 | 53.01 |
| 36 | 双向凝胶电泳系统 | EPS601 | 美国通用电气公司 | 1 | 17 | 17 |
| 37 | 荧光显微镜 | BX51 | 日本 olympus 公司 | 1 | 16.96 | 16.96 |
| 38 | 台式高速冷冻离心机 | CR22GII | 日本日立公司 | 1 | 16.40 | 16.40 |
| 39 | 荧光显微镜 | E600-FL | 日本尼康光学(株) | 1 | 16.27 | 16.27 |
| 40 | 体视荧光系统 | C-SHG1 | 日本尼康公司 | 1 | 15.99 | 15.99 |
| 41 | 蛋白质纯化系统 | AKTA | 瑞典安玛西亚公司 | 1 | 15.65 | 15.65 |
| 42 | 高速冷冻离心机 | CR22GII | 日本 HITACHI 公司 | 1 | 15.6 | 15.6 |
| 43 | 荧光定量 PCR 仪 | FQD-96A | 杭州博日科技有限公司 | 1 | 15.4 | 15.4 |
| 44 | 凝胶成像系统 | AE-6931 FXCF | 日本 ATTO | 1 | 15.35 | 15.35 |
| 45 | 冻干机 | 6L Freezedry | 美国 LABCONCO 公司 | 1 | 15.25 | 15.25 |
| 46 | 荧光显微镜 | Eclipse 80i | 日本尼康 | 1 | 14.05 | 14.05 |
| 47 | 生物显微镜 | BX-51 | 日本 TKO 公司 | 1 | 13.86 | 13.86 |
| 48 | 体视显微镜 | SMZ1500 | 日本尼康 | 1 | 12.94 | 12.94 |
| 49 | 冷冻切片机 | CM1850 | 德国徕卡公司 | 1 | 12.47 | 12.47 |
| 50 | 大型摇床 | OSI-503D | 日本 EYELA 公司 | 1 | 12.46 | 12.46 |
| 51 | 水压机 | 5615-L | 日本大岳制作所 | 1 | 12.08 | 12.08 |
| 52 | 自动纯水系统 | Milli-RO30 | 法国密理博公司 | 1 | 10.72 | 10.72 |
| 合计 | | | | 55 | | 1777.72 |

(二) 附件

附件 1 在研项目批准通知复印件

附件 2 专利授权复印件

附件 3 发表 SCI 论文首页复印件