

# 东海海域口虾蛄种群遗传多样性

隋宥珍<sup>①</sup> 周永东<sup>①</sup> 卢占晖<sup>①</sup> 刘连为<sup>①②\*</sup>

① 浙江省海洋水产研究所 农业部重点渔场渔业资源科学观测实验站 浙江省海洋渔业资源可持续利用技术研究重点实验室  
舟山 316021; ② 浙江海洋学院 舟山 316022

**摘要:** 为准确掌握中国沿海口虾蛄 (*Oratosquilla oratoria*) 种群遗传结构、合理开发利用其资源, 采用线粒体 DNA (mtDNA) 细胞色素氧化酶 I (CO I) 序列分析方法检测东海海域 (庙子湖岛、南韭山、大陈岛、南麂岛) 口虾蛄种群遗传多样性, 并与黄渤海群体和南海群体进行比较分析 (基因序列来源于 GenBank)。经 PCR 扩增与测序获得 100 条 658 bp 的东海海域口虾蛄 CO I 基因序列, 基于这些序列分析得到的变异位点数、单倍型数、单倍型多样性指数与核苷酸多样性指数分别为 60、60、 $0.963 \pm 0.011$  和  $0.00594 \pm 0.00044$ , 分析认为东海海域口虾蛄具有较高的单倍型多样性和较高的核苷酸多样性。单倍型分子系统树、分子方差分析及两两群体间的遗传分化系数 ( $F_{st}$ ) 分析结果表明, 东海海域口虾蛄遗传变异主要来自于群体内 ( $F_{st} = -0.00778$ ,  $P > 0.05$ ), 各地理群体间遗传分化不显著,  $F_{st}$  值范围为  $-0.01653 \sim -0.00908$  ( $P > 0.05$ ), 它们可能进行了一定程度的基因交流; 通过与黄渤海群体及南海群体基因序列比较分析, 口虾蛄东海群体、黄渤海群体与南海群体遗传变异主要来自于群体间 ( $F_{st} = 0.84971$ ,  $P < 0.01$ ), 且单倍型分子系统树存在 2 个显著分化的单倍型类群。东海群体与黄渤海群体间存在显著的遗传分化 ( $F_{st} = 0.88458$ ,  $P < 0.01$ ), 而与南海群体间不存在显著的遗传分化 ( $F_{st} = 0.02044$ ,  $P > 0.05$ ), 这种遗传结构模式可能与历史上的气候变化及所处海域海洋环境条件相关。建议今后对中国沿海口虾蛄资源进行开发利用时, 将黄渤海群体看作一个管理单元, 东海群体与南海群体看作一个管理单元。

**关键词:** 口虾蛄; 遗传多样性; 线粒体 DNA; 细胞色素氧化酶 I 基因

**中图分类号:** Q953 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263 (2016) 02-291-10

## Genetic Diversity of Mantis Shrimp (*Oratosquilla oratoria*) Populations in the East China Sea

SUI You-Zhen<sup>①</sup> ZHOU Yong-Dong<sup>①</sup> LU Zhan-Hui<sup>①</sup> LIU Lian-Wei<sup>①②\*</sup>

① Scientific Observing and Experimental Station of Fishery Resources for Key Fishing Grounds, Ministry of Agriculture, Key Laboratory of Sustainable Utilization of Technology Research for Fisheries Resources of Zhejiang Province, Marine Fisheries Research Institute of

**基金项目** 浙江海洋学院“海洋科学”省重中之重学科开放课题 (No. 20140201), 浙江沿岸产卵场保护区调查 (浙财农[2014]277号), 海洋渔业资源可持续利用技术研究实验室能力提升项目 (No. 2015F10030), 海洋渔业资源可持续利用技术研究重点实验室完善 (二期) 项目 (浙财教[2014]134号), 浙江渔场主要渔业资源动态监测调查项目 (浙财农[2014]293号);

\* 通讯作者, E-mail: liulianwei1@163.com;

**第一作者介绍** 隋宥珍, 女, 硕士; 研究方向: 分子生态学; E-mail: shuichansui@126.com。

收稿日期: 2015-07-02, 修回日期: 2015-10-30 DOI: 10.13859/j.cjz.201602015

Zhejiang Province, Zhoushan 316021; ② Zhejiang Ocean University, Zhoushan 316022, China

**Abstract:** Mantis shrimp (*Oratosquilla oratoria*) is an important fishery species in coastal areas of China. To exploit and manage this species scientifically, it is necessary to investigate its genetic diversity and discuss its genetic structure. In this study, the method of sequences analysis of mitochondrial cytochrome oxidase subunit I (*CO I*) gene was used to reveal genetic variance of mantis shrimp from the East China Sea (including Miaozihu Island, Nanjiushan, Dachen Island and Nanji island Sea areas, and sample size of each location is 25). Comparative analysis with that of the Yellow Sea and Bohai Sea population and the South China Sea population (gene sequences were obtained from GenBank) was also studied. 658 bp of *CO I* partial sequences of mantis shrimp from the East China Sea were obtained by using PCR amplification and sequencing. The results showed that the number of variable site, haplotype, haplotype diversities and nucleotide diversities were 60, 60,  $0.963 \pm 0.011$  and  $0.00594 \pm 0.00044$  respectively in all sequences of four geographical populations from the East China Sea, which indicated that mantis shrimp was characterized by higher haplotype diversity and higher nucleotide diversity (Table 2). A shallow topology of haplotype neighbor-joining (NJ) tree showed no phylogeographic structure among four geographical populations from the East China Sea (Fig. 1). Analysis of molecular variance (AMOVA) suggested that the genetic variance mainly came from individuals within populations ( $F_{st} = -0.00778$ ,  $P > 0.05$ ) (Table 3). F-statistics ( $F_{st}$ ) among four geographical populations from the East China Sea showed that no significant genetic differentiations were detected ( $F_{st} = -0.01653$  to  $-0.00908$ ,  $P > 0.05$ ) (Table 4). It was supposed that gene exchange in some degree occurred among four geographical populations from the East China Sea. In contrast to gene sequences from the Yellow Sea and Bohai Sea population (30 sequences obtained from Genbank) and the South China Sea population (25 sequences obtained from Genbank), however, two significant distinct lineages was detected from haplotype neighbor-joining tree (Fig. 2), and analysis of molecular variance suggested the genetic variance mainly came from individuals among populations ( $F_{st} = 0.84971$ ,  $P < 0.01$ ) (Table 5). Significant genetic differentiations were detected ( $F_{st} = 0.88458$ ,  $P < 0.01$ ) between population from the East China Sea and population from the Yellow Sea and Bohai Sea, and the situation between population from the East China Sea and population from the South China Sea is the opposite ( $F_{st} = -0.02044$ ,  $P > 0.05$ ) (Table 6). The genetic structure pattern of mantis shrimp may be caused by marine environmental conditions or historical climate change. In conclusion, the Yellow Sea and Bohai Sea mantis shrimp should be considered as one stock, while the East China Sea mantis shrimp and the South China Sea mantis shrimp should be considered as one stock in their assessment and management based on this article.

**Key words:** Mantis shrimp, *Oratosquilla oratoria*; Genetic diversity; Mitochondrial DNA; Cytochrome oxidase subunit I

口虾蛄 (*Oratosquilla oratoria*) 广泛分布于俄罗斯、中国、日本、韩国、越南与澳大利亚近海, 并且在许多海域被商业性开发 (Kodama et al. 2009)。口虾蛄是我国沿海地区重要的渔业种类, 其中以黄渤海产量最大 (黄

梓荣等 2009, 潘国良等 2013, 刘修泽等 2014)。在东海, 自 20 世纪 90 年代以来, 近海主要经济鱼类资源的持续衰退促使了捕捞渔业中作业结构调整, 发展了以虾蟹类和虾蛄等底栖性种类为主捕对象的桁杆拖虾作业, 从而使

得虾蛄的捕捞量不断上升(卢占晖等 2013)。作为虾蛄中的优势种群,近年来,口虾蛄由于捕捞强度的增大与近海生态环境的破坏,自然资源日渐衰退,有关其增养殖技术的研究已有报道(阎斌伦等 2004,刘连为 2010)。口虾蛄资源保护与合理利用引起了广泛关注,而开展这些工作的基本前提是准确了解口虾蛄种群遗传多样性现状。目前,渤海(张代臻等 2010)、黄海(张代臻等 2013)、南海(黄映萍等 2011)的口虾蛄种群遗传多样性已有研究,采用的方法为线粒体DNA(mitochondrial DNA, mtDNA)细胞色素氧化酶 I (cytochrome oxidase subunit I, *CO I*) 基因序列分析。研究表明,口虾蛄渤海群体与黄海群体之间不存在显著的遗传分化,而黄渤海群体与南海群体之间存在显著的遗传分化。本文将采用 *CO I* 标记检测东海海域口虾蛄种群遗传多样性,并从 GenBank 上下载口虾蛄黄渤海群体与南海群体 *CO I* 序列,比较分析各群体间遗传差异,以期口虾蛄资源的可持续利用提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

实验材料采集于东海海域庙子湖岛(MZHD, 舟山)、南韭山(NJS, 宁波)、大陈岛(DCD, 台州)和南麂岛(NJD, 温州)4个海域,每个海域口虾蛄样本数量均为25个,现场取其肌肉组织固定于95%乙醇中,并长期保存在-20℃冰箱中备用。

### 1.2 方法

**1.2.1 基因组 DNA 提取** 采用 Genomic DNA Isolation Kit (福际生物技术有限公司)提取基因组 DNA,用 1.2% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 质量,紫外分光光度计检测 DNA 浓度。

**1.2.2 PCR 扩增与测序** PCR 扩增引物为 *CO I* F: 5'-GGT CAA ATC ATA AAG ATA TTG G-3'; *CO I* R: 5'-TAA ACT TCA GGG TGA CCA AAA AAT CA-3' (张代臻等 2010)。PCR 反应总体积为 25  $\mu$ l,其中 10  $\times$  PCR Buffer

2.5  $\mu$ l, *Taq* DNA 聚合酶 (5 U/ $\mu$ l) 0.2  $\mu$ l、dNTP (各 2.5 mmol/L) 2  $\mu$ l、上下游引物 (10  $\mu$ mol/L) 各 0.6  $\mu$ l、DNA 模板 20 ng、ddH<sub>2</sub>O 补足体积。PCR 扩增反应程序为,94℃ 预变性 3 min; 94℃ 变性 30 s, 49℃ 退火 45 s, 72℃ 延伸 45 s, 35 个循环; 72℃ 最后延伸 2 min。PCR 产物经 1.2% 琼脂糖凝胶电泳分离,琼脂糖凝胶纯化试剂盒(北京艾德莱生物科技有限公司)纯化后送至上海杰李生物技术有限公司进行双向测序。

### 1.2.3 数据分析

测序结果使用 ClustalX 1.83 (Thompson et al. 1997) 软件进行比对并辅以人工校对。采用 MEGA 4.0 (Tamura et al. 2007) 软件中的 Statistics 统计 DNA 序列的碱基组成,利用邻接法(neighbor-Joining, NJ)基于 Kimura 双参数(Kimura 2-parameter)模型构建单倍型分子系统树,系统树中节点的自举置信水平应用 Bootstrap (重复次数 1 000,分节点分支支持率小于 50%的省略)估计。单倍型数、单倍型多样性指数( $h$ )、核苷酸多样性指数( $\pi$ )、平均核苷酸差异数( $k$ )等遗传多样性参数由 DnaSP 4.10 (Rozas et al. 2003) 软件计算。利用 Arlequin 3.01 (Excoffier et al. 2005) 软件中 AMOVA (Analysis of Molecular Variance) 分析来检验口虾蛄的种群遗传结构,并计算群体间遗传分化系数(F-statistics,  $F_{st}$ )及其显著性(重复次数 1 000)。

## 2 结果

### 2.1 序列分析

经 PCR 扩增与测序,对所得序列进行校对和排序,获得 658 bp *CO I* 基因片段。所得序列共包含 60 个变异位点,其中多态简约位点 31 个。转换和颠换分别为 59 个和 1 个,无插入和缺失。A、T、G、C 碱基的平均含量分别为 27.11%、37.09%、18.79%、17.01%,其中 A + T 含量(64.20%)明显高于 G + C 含量(35.80%)。在所分析的 100 条序列中,共定义了 60 个单倍型,其中单倍型 H1、H2 与 H7



续表 1

单倍型 Haplotype	变异位点 Variable site	单倍型分布情况 Distribution of haplotype				
	11111111222222222222333333333333333344444444445555555556666 770056999900123334778900112234557788912456667990145667781122 030946036925192581140810362579580625754840365062440283790325	NJS	DCD	NJD	MZHD	<i>n</i>
H36	.....T.....A•T••		1			1
H37	.....A•.....T.....C•••C•••CA.....A•.....		1			1
H38	.....T.....C••A•G•.....			1		1
H39	.....G•.....A•G•.....			1	1	2
H40	.....G•.....			1		1
H41	.....G•.....A•.....			1		1
H42	.....T.....			1		1
H43	.....A•.....A•.....A•.....			1		1
H44	.....G•.....			1		1
H45	.....A•.....			1		1
H46	.....T.....C•.....A•.....			1		1
H47	.....T.....C••C••CA.....A•.....			1		1
H48	.....A•.....G•.....C•.....			1		1
H49	G•.....T.....				1	1
H50	.....C••G•.....				1	1
H51	.....A•.....T••G•.....C••T•.....				1	1
H52	••GT•.....T•.....GC•.....C•.....AT•.....				1	1
H53	.....T.....A•.....				1	1
H54	.....T.....C••G•.....C•.....A•.....				1	1
H55	.....G•.....G•.....				1	1
H56	.....A•.....G•.....				1	1
H57	.....G•.....G•T•.....C••C•.....A•.....				1	1
H58	.....T•A•.....A•.....				1	1
H59	.....AT•.....				1	1
H60	.....A•G•.....T•.....				1	1

NJS. 南韭山; DCD. 大陈岛; NJD. 南麂岛; MZHD. 庙子湖岛。

NJS represents Nanjiushan; DCD represents Dachen island; NJD represents Nanji island; MZHD represents Miaozihu island.

表 2 基于 *CO I* 序列得出的东海海域口虾蛄群体遗传多样性参数Table 2 Parameters of genetic diversity in mantis shrimp populations from the East China Sea based on *CO I* sequence

群体 Population	样本数量 Sample size	单倍型数 No. of haplotype	单倍型多样性指数 Haplotype diversity	核苷酸多样性指数 Nucleotide diversity	平均核苷酸差异数 Average nucleotide differences
庙子湖岛 Miaozihu island	25	17	0.937 ± 0.037	0.006 30 ± 0.000 36	4.147
南韭山 Nanjiushan	25	22	0.990 ± 0.014	0.005 79 ± 0.000 34	3.807
大陈岛 Dachen island	25	20	0.977 ± 0.019	0.006 61 ± 0.000 37	4.347
南麂岛 Nanji island	25	17	0.953 ± 0.026	0.005 19 ± 0.000 31	3.413
总计 Total	100	60	0.963 ± 0.011	0.005 94 ± 0.000 44	3.905

### 2.3 种群遗传结构

东海海域口虾蛄各地理群体的单倍型广泛分布在单倍型分子系统树上，不存在显著的谱系结构（图 1）。AMOVA 分析结果显示，遗传变异主要来自于群体内，东海海域口虾蛄不存在显著的遗传结构（表 3）。两两群体间的  $F_{st}$  值范围从 -0.016 53 到 -0.009 08，统计检验差异均不显著 ( $P > 0.05$ )，表明群体间存在高度

的遗传同质性（表 4）。

从 GenBank 上下载口虾蛄黄渤海群体（GenBank 登录号：KM197015 ~ KM197044）与南海群体 CO I 序列（GenBank 登录号：HQ621811 ~ HQ621829、FJ229782 ~ FJ229787），构建口虾蛄黄渤海群体、南海群体与东海群体单倍型分子系统树，单倍型分别为 HBH1 ~ HBH30、NH1 ~ NH17、H1 ~ H60，并对各群

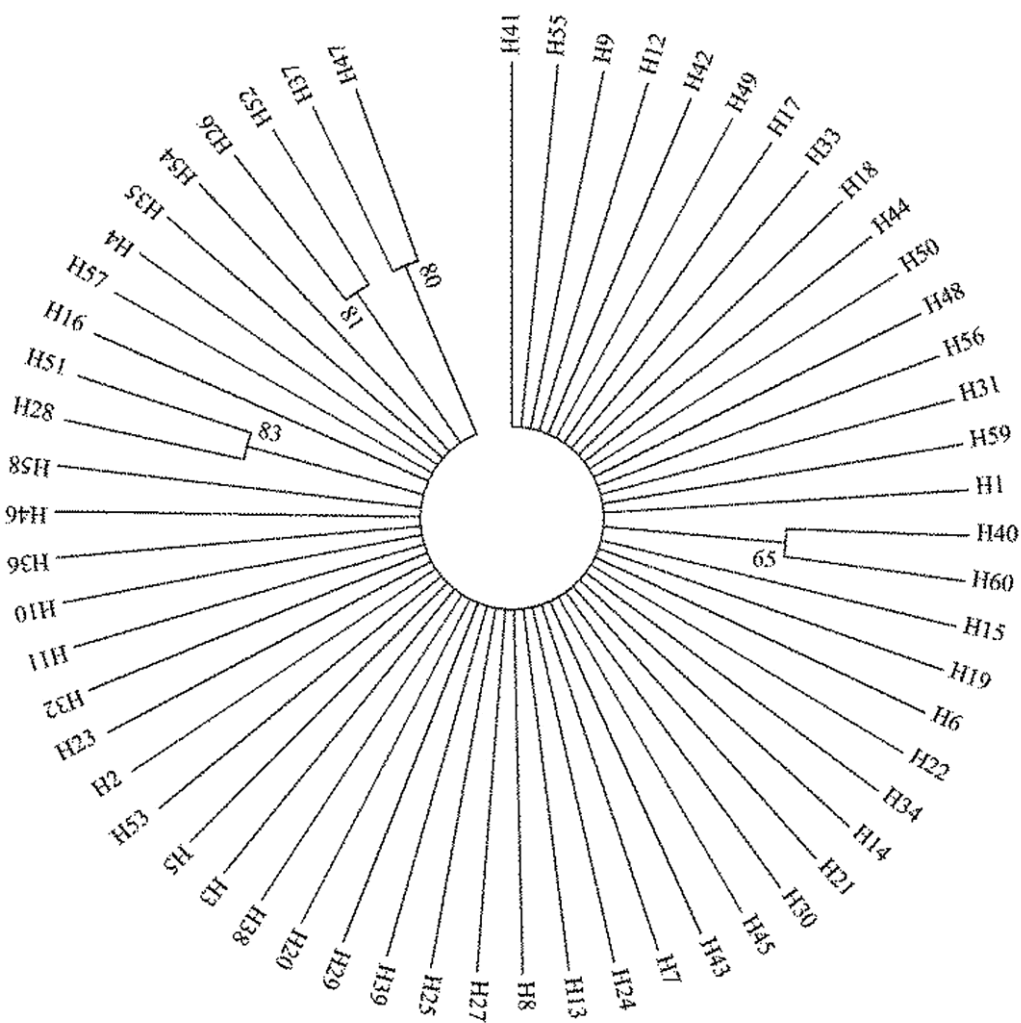


图 1 基于 CO I 序列构建的东海海域口虾蛄单倍型分子系统树

Fig. 1 Molecular phylogenetic tree of mantis shrimp from the East China Sea based on CO I sequences

H1 ~ H60 为东海海域口虾蛄单倍型，分节点上的数字为分支支持率 (%)。

H1 - H60 are haplotypes of mantis shrimp from the East China Sea, the figure before the partial node is the ratio of branch support (%).

表 3 基于 *CO I* 序列的东海海域口虾蛄群体 AMOVA 分析Table 3 AMOVA analysis of mantis shrimp populations from the East China Sea based on *CO I* sequences

变异来源 Source of variation	自由度 Degree of freedom ( <i>df</i> )	平方和 Sum of squares	变异组分 Variance components	变异百分数 Percentage of variation	遗传分化系数 F-statistics ( $F_{st}$ )
群体间 Among populations	3	4.780	- 0.015 23Va	- 0.78	- 0.007 78 ( $P > 0.05$ )
群体内 Within populations	96	189.520	1.974 17Vb	100.78	
总计 Total	99	194.300	1.958 93		

Va. 群体间方差组分; Vb. 群体内方差组分。

Va. Variance component among populations; Vb. Variance component within population.

表 4 基于 *CO I* 序列的东海海域口虾蛄群体间遗传分化系数 ( $F_{st}$ ) 分析Table 4 F-statistics ( $F_{st}$ ) analysis among populations of mantis shrimp from the East China Sea based on *CO I* sequences

群体 Population	南韭山 Nanjiushan	大陈岛 Dachen island	南麂岛 Nanji island	庙子湖岛 Miaozihu island
南韭山 Nanjiushan				
大陈岛 Dachen island	- 0.009 08 ( $P > 0.05$ )			
南麂岛 Nanji island	- 0.006 73 ( $P > 0.05$ )	- 0.009 06 ( $P > 0.05$ )		
庙子湖岛 Miaozihu island	- 0.001 38 ( $P > 0.05$ )	- 0.016 53 ( $P > 0.05$ )	- 0.003 15 ( $P > 0.05$ )	

体进行 AMOVA 分析与  $F_{st}$  分析。单倍型分子系统树显示, 所有单倍型聚为 2 个分支 (单倍型类群): 一支由所有的黄渤海群体单倍型组成, 另一支则由东海群体和南海群体所有的单倍型交错聚集而成, 并没有以不同的海域单独聚集 (图 2)。AMOVA 分析结果显示, 遗传变异主要来自于群体间, 3 个海域的口虾蛄具有显著的遗传结构 (表 5)。群体间  $F_{st}$  分析表明, 口虾蛄黄渤海群体与东海群体和南海群体间均存在显著的遗传分化 ( $P < 0.01$ ), 而东海群体与南海群体间不存在显著的遗传分化 ( $P > 0.05$ ) (表 6)。

### 3 讨论

物种的遗传变异越丰富, 对环境变化的适应能力越强, 反之, 更容易受到环境变化的影

响 (Boyle et al. 2005)。mtDNA 因具有结构简单、母系遗传、进化速率快、几乎不发生重组等特点, 而广泛应用于水产生物遗传变异检测, 其中 *CO I* 基因进化速率适中, 适合种群水平差异的检测 (刘云国 2009, Zhang et al. 2012)。东海海域口虾蛄 *CO I* 序列分析结果表明, 碱基 A + T 含量明显高于 G + C 含量, 符合 4 种核苷酸在线粒体基因组中分布不均一性的特点 (Brown 2000)。东海海域口虾蛄单倍型分析结果显示, 单倍型 H1、H2 与 H7 为南韭山、大陈岛、南麂岛与庙子湖岛 4 个群体所共有, 且具有这 3 种单倍型的个体数为 31 个, 占总数的 51.67%, 推测这 3 种单倍型可能是东海口虾蛄种群中较原始的单倍型类型。在遗传多样性水平方面, 通过与黄渤海群体、南海群体比较, 分析认为东海海域口虾蛄具有较高的单倍型多

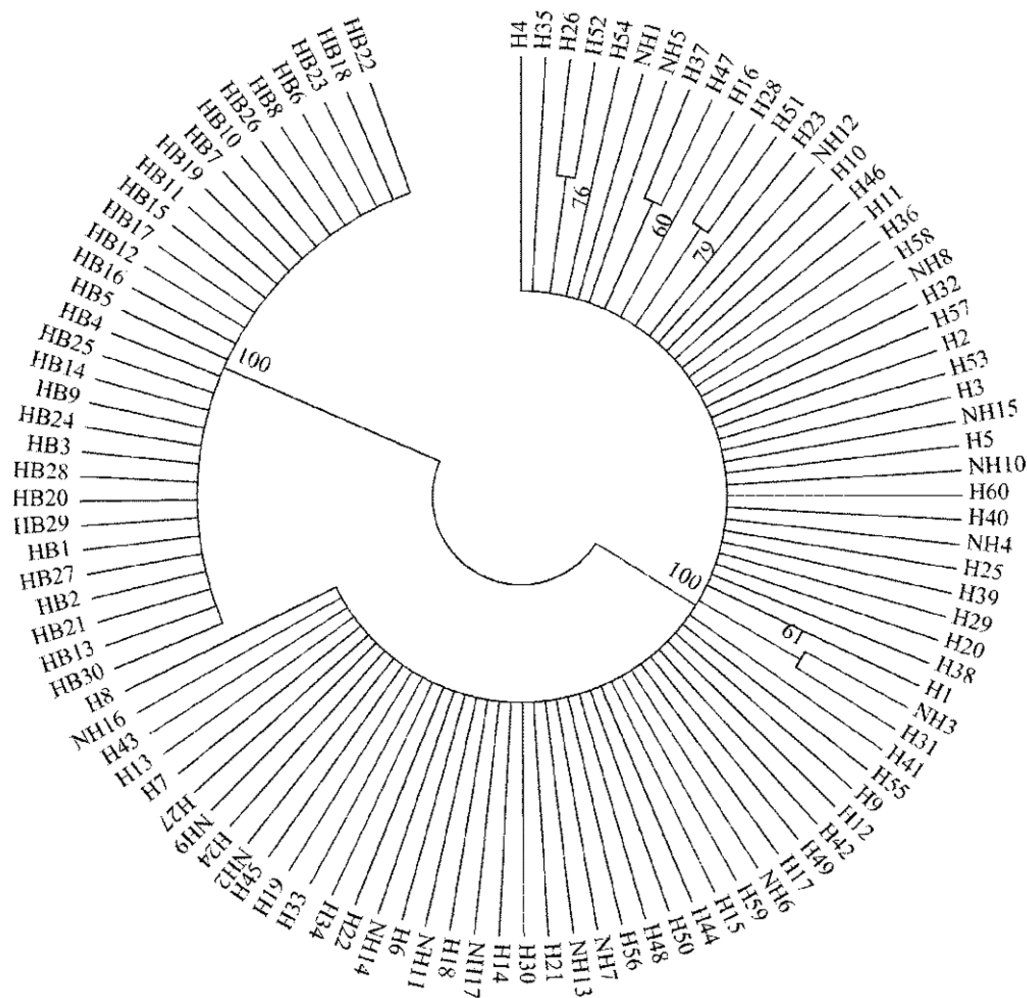


图 2 基于 CO I 序列构建的口虾蛄黄渤海群体、东海群体与南海群体单倍型分子系统树

Fig. 2 Molecular phylogenetic tree of mantis shrimp from the Yellow Sea and Bohai Sea population, the East China Sea population and the South China Sea population based on CO I sequences

H1 ~ H60 为东海海域口虾蛄单倍型, HB1 ~ HB30 为黄渤海海域口虾蛄单倍型, NH1 ~ NH17 为南海海域口虾蛄单倍型, 分节点上的数字为分支支持率 (%)。

H1 - H60, HB1 - HB30 and NH1 - NH17 are haplotypes of mantis shrimp from the East China Sea, the Yellow Sea and Bohai Sea and the South China Sea respectively, the figure before the partial node is the ratio of branch support (%).

样性和较高的核苷酸多样性, 但黄渤海群体与东海群体遗传多样性水平均低于南海群体, 这可能与黄渤海群体与东海群体所在海域生态环境及其所受到的捕捞压力较大相关 (张代臻等 2010, 黄映萍等 2011, 张代臻等 2013)。有研究显示, 海域生态环境的变化及捕捞压力加大可导致该渔业资源衰退, 种群遗传多样性水平

降低 (刘连为 2014)。

物种不同的进化历史、历史上气候变化及其所处的海洋环境条件共同塑造物种的系统地理格局 (Bahri-Sfar et al. 2000)。第四纪频繁的冰期-间冰期循环导致许多鱼类在日本海、东海与南海的分布范围内经历了明显的收缩与扩张, 形成不同的遗传结构模式 (韩志强 2008)。



表 5 基于 *CO I* 序列的口虾蛄黄渤海群体、东海群体与南海群体的 AMOVA 分析Table 5 AMOVA analysis of mantis shrimp from the Yellow Sea and Bohai Sea population, the East China Sea population and the South China Sea population based on *CO I* sequences

变异来源 Source of variation	自由度 Degree of freedom ( <i>df</i> )	平方和 Sum of squares	变异组分 Variance components	变异百分数 Percentage of variation	遗传分化系数 F-statistics ( $F_{st}$ )
群体间 Among populations	2	610.523	12.156 04Va	84.97	0.849 71 ( $P < 0.01$ )
群体内 Within populations	74	159.100	2.150 00Vb	15.03	
总计 Total	76	769.623	1.958 93		

Va. 群体间方差组分; Vb. 群体内方差组分。

Va. Variance component among populations; Vb. Variance component within population.

表 6 基于 *CO I* 序列的 3 个海域口虾蛄群体间遗传分化系数 ( $F_{st}$ ) 分析Table 6 F-statistics ( $F_{st}$ ) analysis among populations of mantis shrimp from three Sea areas based on *CO I* sequences

群体 Population	南海 The South China Sea	黄渤海 The Yellow Sea and Bohai Sea	东海 The East China Sea
南海 The South China Sea			
黄渤海 The Yellow Sea and Bohai Sea	0.885 91 ( $P < 0.01$ )		
东海 The East China Sea	- 0.020 44 ( $P > 0.05$ )	0.884 58 ( $P < 0.01$ )	

东海海域口虾蛄各地理群体间不存在显著的遗传分化, 表明口虾蛄进化历程中各地理群体间基因交流频繁。而东海海域口虾蛄与黄渤海群体存在显著的遗传分化, 2 个单倍型类群在地理上的分布频率存在明显的差异, 这可能由于第四纪冰期口虾蛄被长期分隔在日本海与东海这 2 个边缘海, 2 个群体间基因交流受到阻断, 间冰期群体发生扩张形成的 (肖永双 2010)。或者由于海洋中的物理障碍 (如海流) 阻断, 导致二者不能进行基因交流 (程娇 2013, Liu 2013)。通过 *CO I* 序列分析, 东海海域口虾蛄与南海群体不存在显著的遗传分化, 因此, 有必要采用多态性水平更高的分子标记 (如微卫星标记) 来确立二者的遗传分化程度。

根据本文的研究结果, 建议今后对中国沿海口虾蛄资源进行开发利用时, 将黄渤海群体看作一个管理单元, 东海群体与南海群体看作

一个管理单元。

## 参 考 文 献

- Bahri-Sfar L, Lemaire C, Hassine O K B, et al. 2000. Fragmentation of sea bass populations in the western and eastern Mediterranean as revealed by microsatellite polymorphism. *Proceedings of the Royal Society of London: Series B: Biological Sciences*, 267(1446): 929–935.
- Boyle P, Rodhouse P. 2005. *Cephalopods: Ecology and Fisheries*. Oxford, London: Blackwell Science, 452.
- Brown W M. 2000. *Evolution of Genes and Proteins*. London: Harvard University Press, 1–36.
- Excoffier L, Laval G, Schneider S. 2005. Arlequin (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 1: 47–50.
- Kodama K, Oyama M, Lee J H, et al. 2009. Interannual variation in quantitative relationships among egg production and densities of

- larvae and juveniles of the Japanese mantis shrimp *Oratosquilla oratoria* in Tokyo Bay, Japan. *Fisheries Science*, 75(4): 875–886.
- Liu J Y. 2013. Status of marine biodiversity of the China seas. *PLoS One*, 8(1): e50719.
- Rozas J, Sánchez-DelBarrio J C, Messeguer X, et al. 2003. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics*, 19(18): 2496–2497.
- Tamura K, Dudley J, Nei M, et al. 2007. MEGA4: molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution*, 24(8): 1596–1599.
- Thompson J D, Gibson T J, Plewniak F, et al. 1997. The Clustal\_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Research*, 25(24): 4876–4882.
- Zhang D, Ding G, Ge B, et al. 2012. Population genetic structure and historical demography of *Oratosquilla oratoria* revealed by mitochondrial DNA sequences. *Genetika*, 48(12): 1232–1238.
- 程娇. 2013. 西北太平洋两种鲎属鱼类的分子系统地理学研究. 青岛: 中国海洋大学博士学位论文.
- 韩志强. 2008. 三种海洋鱼类分子系统地理学研究. 青岛: 中国海洋大学博士学位论文.
- 黄映萍, 王莹, 苗素英. 2011. 粤东海域口虾蛄遗传多样性. *动物学杂志*, 46(2): 82–89.
- 黄梓荣, 张汉华. 2009. 南海北部陆架区虾蛄类的种类组成和数量分布. *渔业科学进展*, 30(6): 125–130.
- 刘连为. 2010. 口虾蛄生态育苗及酚氧化酶原基因的克隆与表达分析. 大连: 大连海洋大学硕士学位论文.
- 刘连为. 2014. 三种大洋性柔鱼类种群遗传结构及分子系统地理学研究. 上海: 上海海洋大学博士学位论文.
- 刘修泽, 郭栋, 王爱勇, 等. 2014. 辽东湾海域口虾蛄的资源特征及变化. *水生生物学报*, 38(3): 602–608.
- 刘云国. 2009. 水产生物 DNA 分子标记技术. 北京: 科学出版社, 59–62.
- 卢占晖, 薛利建, 张亚洲. 2013. 东海口足类 (Stomatopod) 种类组成和数量分布. *自然资源学报*, 28(12): 2159–2168.
- 潘国良, 张龙, 朱增军, 等. 2013. 浙江南部近岸海域春季口虾蛄 (*Oratosquilla oratoria*) 生物量的时空分布. *海洋与湖沼*, 44(2): 366–370.
- 肖永双. 2010. 西北太平洋五种海洋鱼类的分子系统地理学研究. 青岛: 中国海洋大学博士学位论文.
- 阎斌伦, 徐国成, 李士虎, 等. 2004. 虾蛄工厂化育苗生产技术研究. *淮海工学院学报: 自然科学版*, 13(1): 50–52.
- 张代臻, 丁鸽, 张华彬, 等. 2010. 渤海湾口虾蛄线粒体 CO I 基因的遗传多样性研究. *南京师大学报: 自然科学版*, 33(4): 80–83.
- 张代臻, 丁鸽, 周婷婷, 等. 2013. 黄海海域口虾蛄种群的遗传多样性. *动物学杂志*, 48(2): 232–240.