

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2010.00555

# DNA 技术在海洋食品物种鉴定中的应用

张丽<sup>1</sup>, 张良<sup>2</sup>, 刘书成<sup>2</sup>, 张义军<sup>3</sup>, 韩艺<sup>4</sup>

1. 广东海洋大学农学院, 湛江 524025;
2. 广东海洋大学食品科技学院, 湛江 524025;
3. 河南省内黄县安乡农业服务中心, 安阳 456300;
4. 河南省鹿邑县畜牧局, 周口 477200

**摘要:** 随着分子生物学技术的发展, 海洋食品物种鉴定方法由原来的蛋白质水平深入到了 DNA 水平。目前应用于海洋食品物种鉴定的 DNA 技术主要是 FINS(Forensically informative nucleotide sequencing)、PCR-RFLP 和物种特异性 PCR 标记技术等, 能够实现对新鲜、冰冻、腌制或灌装食品物种进行鉴定, 而对混合样本的鉴定及量化分析是尚待解决的一个问题。基因数据库对物种鉴定的影响也越来越大, 是海洋加工食品物种鉴定可利用的另一种重要信息资源。文章综述了 DNA 技术在海洋食品物种鉴定中的应用研究进展, 并展望 DNA 技术在海洋食品检测中的发展趋势。

**关键词:** DNA 技术; 海洋食品; 物种鉴定

## DNA-based methods for identification of seafood species

ZHANG Li<sup>1</sup>, ZHANG Liang<sup>2</sup>, LIU Shu-Cheng<sup>2</sup>, ZHANG Yi-Jun<sup>3</sup>, HAN Yi<sup>4</sup>

1. Agricultural College, Guangdong Ocean University, Zhanjiang 524025, China;
2. College of Food Science and Technology, Guangdong Ocean University, Zhanjiang 524025, China;
3. Anxiang Agricultural Service Center, Neihuang County, Anyang 456300, China;
4. Luyi Farming Bureau, Henan Province, Zhoukou 477200, China

**Abstract:** With the development of molecular biotechnology, methods for identification of seafood species are developed from protein to DNA. At present, the main DNA-based methods for species identification are FINS, PCR-RFLP, and specific-PCR, which have been used to identify the species of fresh, frozen, and pickled or canned seafood. However, qualitative and quantitative methods for identification of the mixed seafood species remain to be resolved. The gene databases play an important role in identifying species and are valuable information resources for identification of seafood species. In this paper, recent progresses of major DNA-based methods for identification of seafood species are reviewed and the perspectives of this field are discussed.

**Keywords:** DNA biotechnology; seafood; species identification

由于海洋食品具有较高的营养价值, 近些年来国际上海洋食品的消费逐渐上升。一些商家为了追求高的商业利润, 便在海洋加工食品中掺假造假,

以低价海洋食品代替高价海洋食品出售, 一方面大大损害了消费者的利益, 另一方面也造成了不正当的商业竞争。为杜绝此类现象的发生, 国际上很多

收稿日期: 2009-09-27; 修回日期: 2010-01-03

基金项目: 广东海洋大学博士启动基金项目(编号: 0712130)资助

作者简介: 张丽(1976-), 女, 讲师, 博士, 研究方向: 生物技术与动物育种。E-mail: [zhangli761101@163.com](mailto:zhangli761101@163.com)

通讯作者: 刘书成(1977-), 男, 副教授, 博士, 研究方向: 水产食品学。E-mail: [Lsc771017@163.com](mailto:Lsc771017@163.com)

国家都制定了标签法,规定在海洋食品标签中明确海洋食品的种类和来源<sup>[1]</sup>。然而,掺假造假的判定和标签制度的有效实施,必须建立在快速、准确的海洋食品物种鉴定的基础上。在海洋食品加工中,物种的原始可识别形态特征消失,这使得物种的鉴别变得相对困难。因此,迫切需要一些灵敏的和可靠的检测方法来鉴定加工海洋食品的物种来源。

目前,海洋食品物种的鉴定方法主要有两种。一种是蛋白质鉴定方法,该法主要采用等电聚焦电泳、毛细管电泳、酶联免疫吸附、高效液相色谱等技术<sup>[1,2]</sup>,这些技术通常适用于新鲜或冰冻组织,而海洋食品在加工过程中的处理,蛋白质的生化特性及结构完整性都被破坏,因此对于海洋加工食品不能使用这些技术;虽然酶联免疫吸附法(ELISA)可以分析经过高温灭菌后的产品,该法也已被用于许多鱼种的鉴定,但不足的是该方法在区分十分相近物种时,还需要挖掘更多新的抗体来吸附特异蛋白质<sup>[3]</sup>。另一种是基于DNA技术的分子生物学方法,利用DNA技术进行物种鉴别比蛋白质技术具有更高的特异性、灵敏度和可靠性,其原因主要有:(1)DNA比蛋白质的耐热性强,尽管DNA分子在加工过程中存在降解,但仍能提取出小片段的DNA<sup>[4]</sup>;(2)由于遗传密码的简并性及非编码区的存在,DNA能提供更多信息;(3)DNA技术不受组织类型、年龄及状态等因素的影响。因此,利用DNA技术鉴别加工海产品比传统技术更具有优势。目前,基于DNA技术的分子生物学方法在鉴定海洋加工食品物种方面已成为研究的热点。本文主要从DNA序列、分子标记技术、DNA芯片及其他技术、网络DNA信息资源等方面综述其在鉴别海洋加工食品物种中的应用,并展望了其发展趋势。

## 1 海洋食品物种鉴定中用到的 DNA 序列

利用DNA技术鉴定海洋加工食品基本上都是以PCR扩增为基础,因此DNA原材料、目标DNA片段的完整性、基因组变异率及序列长度等性状是重要的决定因素。但是海洋食品在加工过程中通常经过加热、高压、辐射等处理,DNA发生断裂,可供提取的DNA减少,因此选择合适的分析基因是实现海洋食品物种鉴定的关键因素。一般在对经过深加工的海洋食品进行鉴定时,选择的基因片段应尽量

在 300 bp 以下。目前在海洋食品物种鉴定中选择的DNA类型有:(1)线粒体DNA。mtDNA的环状结构使其具有更好的耐热性和相对高的丰度,使mtDNA在海洋加工食品物种鉴定中一般作为首选。其中,应用最为普遍的是Cyt b基因,已经被用于鉴别鳀科(Engraulidae)<sup>[5]</sup>、鳕科(Gadous)<sup>[6]</sup>、鲽形目(Pleuronectiformes)<sup>[7]</sup>、鳗属(Anguilla)<sup>[8]</sup>和鲭亚目(Scombroidei)等<sup>[9]</sup>。此外,线粒体Cyt b及其相邻的tRNA序列区域(tRNA<sup>Glu</sup>-Cyt b)<sup>[10]</sup>、12S rRNA基因、16S rRNA基因<sup>[11]</sup>、调控区(D-loop)、细胞色素氧化酶亚基 基因(Cytochrome oxidase subunit, COX)以及COX和ATPase之间的侧翼区(ATCO)<sup>[12]</sup>均已用于海洋食品的物种鉴定;(2)核基因。用于鉴定的核DNA序列主要有5S rRNA基因、p53基因、ITS2位点(The nuclear ribosomal internal transcribed spacer 2 locus)、18S rRNA基因、 $\alpha$ -actin基因和主要组织相容性复合体II  $\beta$ 1基因。如:5S rRNA基因已经被用作鉴定鲭、鳕、鲑(Salmonidae)和鲛(Selachii)等幼虫或卵的冷冻或罐装食品<sup>[13,14]</sup>。

对于生鲜和冷冻等粗加工的海洋食品,由于DNA降解相对较少,可以使用传统的DNA提取方法或根据情况稍作调整;对于深加工的海洋食品如罐头,可根据加工过程中所使用的配料,选择合适的DNA提取方法<sup>[4]</sup>,以保证获得质量较好的DNA。

总之,海洋食品物种的鉴别一般选择mtDNA的相关序列为研究对象,其次是核基因序列。此外,微卫星标签已被用作大量海洋物种系统发育的研究,目前还没有广泛应用于海洋食品物种的鉴别研究。而基于重复DNA序列的多态性、多基因家族是另一类可利用的资源<sup>[1]</sup>。如肌动蛋白多基因家族,已被用来鉴定多种脊椎动物种类。肌动蛋白基因家族各基因编码序列、内含子序列长度及数量的差别有望用于海洋食品物种鉴定。

## 2 分子标记技术在海洋食品物种鉴别中的应用

据报道,目前鉴定海产品的DNA技术90%是RFLP、FINS或物种特异性PCR的研究。

### 2.1 FINS(Forensically informative nucleotide sequencing)

FINS第一次由Bartlett and Davidson于1992年

提出<sup>[15]</sup>。利用FINS鉴定物种,首先对特异DNA片段进行PCR扩增,获得待检样品的DNA序列,然后利用种系发生分析方法将该序列与数据库中相关序列进行比对,与待检样本具有最小遗传距离或最少核苷酸替代数序列的物种,表明待检样本属于该种群或与其亲缘关系最近。该方法的优势在于:不受种内多态性的影响;能鉴定亲缘关系较近的物种;可以直接判断食品中未知成分的种属来源。其缺点是由于使用了通用引物,食品混合物中通常有多种成分被同时扩增,会造成测序结果的杂乱,因此该方法不适用于混合物的鉴定。

由于FINS是基于核苷酸序列替换,DNA片段的选择尤其重要,这些片段要求高的种间变异及低的种内变异。通常选择线粒体Cyt b基因进行FINS<sup>[6]</sup>。该方法已经成功的用于鉴定多种海洋食品,包括新鲜、冰冻、腌制或灌装的鲑、鳕、鲱(*Clupeiformes*)、沙丁鱼、凤尾鱼、头足类产品。此外,利用该技术分析16S rRNA基因,可以区分多种新鲜、冷冻或加工的头足类动物<sup>[16]</sup>。

## 2.2 限制性片段长度多态性(Restriction fragment length polymorphism, RFLP)

利用PCR-RFLP进行物种鉴定,首先需要对目标DNA片段进行PCR扩增,然后选择能识别及剪切特异DNA序列的限制性内切酶切割扩增片段,通过琼脂糖凝胶电泳获得不同物种的限制性酶切片段图谱。该方法花费低,操作简单,适宜常规的实验室分析,已被广泛应用于海洋食品物种鉴定研究。

PCR-RFLP技术鉴定海洋食品物种一般选用线粒体Cyt b基因<sup>[17]</sup>,已经用于鉴定的鱼类有鲭亚目、比目鱼、鳕和鲑等。此外,利用该技术通过分析其他序列也有许多成功地例子<sup>[11,18,19]</sup>,如:核5S rRNA鉴定鲭;p53、线粒体16S rRNA及COX鉴定大西洋鲑(*Salmo salar*);线粒体16S rRNA鉴定带鱼(*Trichiurus lepturus*);COX III和ATPase基因间的间隔序列鉴定鲭亚目;线粒体12S rRNA基因鉴定格陵兰大比目鱼(*Hippoglossus Stenolepis*)中的比目鱼(*Pleuronectiformes*)<sup>[20,21]</sup>。这些研究结果显示,PCR-RFLP适用于分析亲缘关系近的物种和含多种物种的样本,包括新鲜、冰冻和经历不同程度加工的样本,甚至高温灭菌样本。

虽然PCR-RFLP在物种鉴定中已成为一个重要的方法,但也存在诸多缺点。首先,主要是对种内变异,由于密码子的简并性,同一物种不同个体可能存在不同的限制片段酶切图谱;其次,海洋食品加工过程中DNA的降解也可能导致出现酶切片段的多态性。因此,同一物种的大量个体必须经过分析,确定其在目标位点是否存在种内多态性,或者对至少两个限制性位点进行分析,以防误判。

## 2.3 其他分子标记技术

有文献报道,利用单链构象多态性(Single-strand conformation polymorphism, SSCP)技术分析线粒体Cyt b基因序列的变异鉴定鲑、沙丁鱼、鲱、鳕、金枪鱼、鲳(*Katsuwonus pelamis*)和鲟(*Acipenseridae*)<sup>[22]</sup>。但是SSCP分析法比RFLP的条件要求更高,PCR-SSCP的高灵敏性也要求其具有更高的可重复性,在同等条件下两次分析没有差异,且基准样品与未知样本必须总在同一凝胶上电泳。SSCP既能分析小DNA片段(接近100 bp),亦能检测混合样本。随机扩增多态性DNA(Random amplified polymorphic DNA, RAPD)和扩增片段长度多态性(Amplified fragment length polymorphism, AFLP)这两种标记技术目前主要用于海洋生物群体遗传图谱绘制<sup>[23,24]</sup>,尚未用于物种鉴定。随着研究的深入和扩展,这些技术都有可能用于鉴定海洋加工食品的物种来源,以期建立准确的鉴定方法。

## 3 DNA 芯片及其他技术在海洋食品物种鉴别中的应用

近几年,一些研究尝试将生物芯片技术应用于海洋食品物种鉴定。Kochzius等<sup>[25]</sup>以16S rDNA为目标序列,制作了可鉴定11种鱼的DNA芯片。虽然该芯片对混合物的检测还需要进一步研究,但在将芯片技术用于水产品鉴定的研究中做了非常有意义的探索。目前该研究组计划制备能同时鉴定50种鱼的芯片。DNA芯片结合了PCR的灵敏度和芯片杂交的特异性,是食品成分鉴定的有效方法。目前,DNA芯片在海洋食品物种鉴定中处于定性研究的阶段,尚没有定量分析的报道。

Itoi等<sup>[26]</sup>利用TaqMan探针进行成功地区分了2类鳕。TaqMan探针是基于SNPs (Single nucleotide

polymorphism)设计,具备物种特异性。在PCR过程中,通过探针的荧光强度显示差异,从而证实物种存在与否,可用于新鲜样本和加工处理样本。Hird等<sup>[27]</sup>于2005年首次报道利用Real-time PCR技术定量分析鱼类DNA和罐头肉制品,对含量在7%的成分能够检出,表明研究人员已经开始利用DNA技术对海洋食品成分进行量化分析。

#### 4 网络 DNA 信息资源在鉴别海洋食品物种来源中的应用

海洋食品物种的鉴定也能从数据库的发展中受益。目前,大多数食品中生物种类分析依赖于GenBank数据库。近年来,许多在线资源已经被专门用于海洋食品的鉴定研究,如表1所示。鱼类生命条码资料库(The consortium for the barcoding of life, FISHBOL)已经建立了至少4500种海洋及淡水物种的条形码,主要是利用线粒体*Cyt b*和*COX*基因信息。鱼类百科全书(The regulatory fish encyclopedia, RFE)详细收集了美国94种重要的商品鱼类信息,每种鱼的具体数据特征在网上可随时查询,包括完整鱼体和鱼片的高分辨率影像、地理学、分类学、命名法的信息以及预期的IEF蛋白质谱带和分析技术。除了蛋白质谱带外,该机构正在着手公布这些鱼的物种特异性DNA谱带和序列信息。Yancy等<sup>[28]</sup>最近报道,鱼类百科全书正在完善的72种鱼的DNA *COX* 条码,也可作为一个鉴定资源,并且这些信息是经过严格的实验验证,能用于商品样本。鱼类溯源数据库(Fishtrace database)将位于不同染色体位置 and 不同进化率的基因联合(例如线粒体*Cyt b*和视紫红质基因)提供多种鱼类的详细信息,鱼类溯源数据库所用的DNA信息比研究*COX* 序列长,以增加物种鉴定的有效性。欧洲、中东和非洲食品与饮料

技术中心(AZTI-Tecnalia)建立了关于重要商品鱼种的线粒体序列信息的数据库,包括5科:Engraulidae、Gadidae、Merlucciidae、Scombridae和Zeidae。该数据库可以提供至少700个线粒体DNA不同区域的序列,包括*Cyt b*、D-loop、16S rRNA、12S rRNA和tRNA-Val;另外,还提供一个核DNA位点(Tropomyosine)的序列信息。AZTI-Tecnalia正在开发DNA序列相应的质粒标准品用于鉴定海洋食品。此外,诸如鱼类起源遗传学鉴定数据库(Genetics for identification of fish origin)的建立都将为海洋食品物种鉴别提供更多的信息。

美国食品安全及应用营养中心(Center for food safety and applied nutrition, CFSAN)汇总了美国国内以及进口海产品名称,并在线公布,以供查询(<http://www.cfsan.fda.gov/~frf/rfe0.html>)。

#### 5 结语与展望

国际上利用DNA技术鉴别海洋食品物种来源已经有了大量的研究,这为判定海洋食品掺假造假提供了技术支持,其中一些方法有较强的实用性,已经或可能作为海洋食品鉴定的标准方法。但是,关于鉴别海洋食品物种来源的研究还面临许多困难。首先,据估计全世界人们消费的海洋食品有两万余种,鉴别方法主要是利用蛋白质和DNA多态性,现有的分析技术常建立于物种特有的指纹图谱之上,而很多物种具有相似的指纹图谱,或者同一物种的个体因种内变异而显示不同的指纹图谱,这使得鉴别变得异常复杂;其次,海洋食品加工过程中蛋白质发生变性及DNA部分降解,使加工海产品的分析方法变得尤为困难;第三,海洋食品加工过程中通常会加入植物油、各种添加剂和调味料等,这些物质一方面会影响DNA的有效提取,另一方面可能会

表1 鱼类及海产品品种鉴定网络资源

在线资源	靶 DNA	网址
鱼类生命条码资料库	线粒体 <i>COX</i> 基因	<a href="http://www.fishbol.org/">http://www.fishbol.org/</a>
鱼类百科全书	线粒体 <i>COX</i> 基因	<a href="http://www.cfsan.fda.gov/~frf/rfe0.html">http://www.cfsan.fda.gov/~frf/rfe0.html</a>
鱼类溯源数据库	线粒体 <i>Cyt b</i> 和 rhodopsin 基因	<a href="http://www.fishtrace.org">http://www.fishtrace.org</a>
欧洲、中东和非洲食品与饮料技术中心	<i>Cyt b</i> , D-loop, 16S RNA, 12S RNA, tRNA-Val 和 tropomyosine 基因	<a href="http://www.azti.es/dna database">http://www.azti.es/dna database</a>
鱼类起源遗传学鉴定数据库	微卫星 DNA 等	<a href="http://fishgen.jrc.it/welcome.php3">http://fishgen.jrc.it/welcome.php3</a>



在 PCR 扩增过程中起到抑制剂的作用, 因此, 在物种鉴定之前, 要对 DNA 的提取进行优化, 以保证提取出足够量的 DNA, 并且减少或消除 PCR 抑制剂, 这些限制条件使 DNA 相关技术在食品行业中的应用变得相对 艰难。

目前, 利用 DNA 技术鉴别海洋食品物种的技术方法上还存在诸多挑战, 如: 对高度加工及混合物产品 DNA 的修复; 建立更简便, 快捷和廉价的分析方法; 能同时对食品中品种繁多的物种进行鉴定以及对混合样本的鉴定及量化分析等。因此, 基因芯片、芯片实验室、定量实时 PCR 技术以及物种特异性引物多重 PCR 技术等可能在将来海洋食品物种来源鉴定中发挥作用。此外, 基因数据库收集整理的各种海洋食品物种的信息, 对海洋加工食品鉴定的影响将越来越大。

#### 参考文献(References):

- [1] Moretti VM, Turchini GM, Bellagamba F, Caprino F. Trace ability issues in fishery and aquaculture products. *Vet Res Commun*, 2003, 27(Suppl. 1): 497–505.[\[DOI\]](#)
- [2] Civera T. Species identification and safety of fish products. *Vet Res Commun*, 2003, 27(Suppl. 1): 481–489.[\[DOI\]](#)
- [3] Woolfe M, Primrose S. Food forensics: using DNA technology to combat misdescription and fraud. *Trends Biotechnol*, 2004, 22(5): 222–226.[\[DOI\]](#)
- [4] Chapela MJ, Sotelo CG, Perez-Martin RI, Pardo MA, Perez-Villareal B, Gilardi P, Riese J. Comparison of DNA extraction methods from muscle of canned tuna for species identification. *Food Control*, 2007, 18(10): 1211–1215.[\[DOI\]](#)
- [5] Santaclara FJ, Cabado AG, Vieites JM. Development of a method for genetic identification of four species of anchovies: *E. encrasicolus*, *E. anchoita*, *E. ringens* and *E. japonicus*. *Eur Food Res Technol*, 2006, 223(5): 609–614.[\[DOI\]](#)
- [6] Calo-Mata P, Sotelo CG, Perez-Martin RI, Rehbein H, Hold GL, Russell VJ, Pryde S, Quinteiro J, Rey-Mendez M, Rosa C, Santos AT. Identification of gadoid fish species using DNA based techniques. *Eur Food Res Technol*, 2003, 217(3): 259–264.[\[DOI\]](#)
- [7] Sotelo CG, Calo-Mata P, Chapela MJ, Perez-Martin RI, Rehbein H, Hold GL, Russell VJ, Pryde S, Quinteiro J, Izquierdo M, Rey-Mendez M, Rosa C, Santos AT. Identification of flatfish (*Pleuronectiforme*) species using DNA-based techniques. *J Agric Food Chem*, 2001, 49(10): 4562–4569.[\[DOI\]](#)
- [8] Rehbein H, Sotelo CG, Perez-Martin RI, Chapela-Garrido MJ, Hold GL, Russell VJ, Pryde S, Santos AT, Rosa C, Quinteiro J, Rey-Mendez M. Differentiation of raw or processed eel by PCR-based techniques: restriction fragment length polymorphism analysis (RFLP) and single strand conformation polymorphism analysis (SSCP). *Eur Food Res Technol*, 2002, 214(2): 171–177.[\[DOI\]](#)
- [9] Teletchea F, Maudet C, Hanni C. Food and forensic molecular identification: update and challenges. *Trends Biotechnol*, 2005, 23(7): 359–366.[\[DOI\]](#)
- [10] Akasaki T, Yanagimoto T, Yamakami K, Tomonaga H, Sato S. Species identification and PCR-RFLP analysis of cytochrome *b* gene in cod fish (order *Gadiformes*) products. *J Food Sci*, 2006, 71(3): C190–195.
- [11] Chakraborty A, Aranishi F, Iwatsuki Y. Molecular identification of hairtail species (*Pisces: Trichiuridae*) based on PCR-RFLP analysis of the mitochondrial 16S rRNA gene. *J Appl Genet*, 2005, 46(4): 381–385.
- [12] Chow S, Nohara K, Tanabe T, Itoh T, Tsuji S, Nishikawa Y, Uyeyanagi S, Uchikawa K. Genetic and morphological identification of larval and small juvenile tunas (*Pisces: Scombridae*) caught by a mid-water trawl in the western Pacific. *Bull Fish Res Agen*, 2003, (8): 1–14.
- [13] Clarke SC, Magnussen JE, Abercrombie DL, McAllister MK, Shivji MS. Identification of shark species composition and proportion in the Hong Kong shark fin market based on molecular genetics and trade records. *Conserv Biol*, 2006, 20(1): 201–211.[\[DOI\]](#)
- [14] Moran P, Garcia-Vazquez E. Identification of highly prized commercial fish using a PCR-based methodology. *Biochem Mol Biol Educat*, 2006, 34(2): 121–124.[\[DOI\]](#)
- [15] Bartlett SE, Davidson WS. FINS (forensically informative nucleotide sequencing): a procedure for identifying the animal origin of biological specimens. *Biotechniques*, 1992, 12(3): 408–411.
- [16] Chapela MJ, Sotelo CG, Calo-Mata P, Perez-Martin RI, Rehbein H, Hold GL, Quinteiro J, Rey-Mendez M, Rosa C, Santos AT. Identification of cephalopod species (*Ommastrephidae* and *Loliginidae*) in seafood products by forensically informative nucleotide sequencing (FINS). *J Food Sci*, 2002, 67(5): 1672–1676.[\[DOI\]](#)
- [17] Pepe T, Trotta M, di Marco I, Cennamo P, Anastasio A, Cortesi ML. Mitochondrial cytochrome *b* DNA sequence variations: an approach to fish species identification in processed fish products. *J Food Protect*, 2005, 68(2): 421–425.
- [18] Carrera E, Garcia T, Cespedes A, Gonzalez I, Fernandez A, Asensio LM, Hernandez PE, Martin R. Identification of smoked Atlantic salmon (*Salmo salar*) and rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) using PCR-restriction fragment length polymorphism of the *p53* gene. *J AOAC Int*, 2000,

- 83(2): 341–346.
- [19] Aranishi F, Okimoto T, Izumi S. Identification of gadoid species (*Pisces, Gadidae*) by PCR-RFLP analysis. *J Appl Genet*, 2005, 46(1): 69–73.
- [20] Cespedes A, Garcia T, Carrera E, Gonzalez I, Fernandez A, Asensio L, Hernandez PE, Martin R. Genetic differentiation between sole (*Solea solea*) and Greenland halibut (*Reinhardtius hippoglossoides*) by PCR-RFLP analysis of a 12S rRNA gene fragment. *J Sci Food Agric*, 2000, 80(1): 29–32. [\[DOI\]](#)
- [21] Comesana AS, Abella P, Sanjuan A. Molecular identification of five commercial flatfish species by PCR-RFLP analysis of a 12S rRNA gene fragment. *J Sci Food Agric*, 2003, 83(8): 752–759. [\[DOI\]](#)
- [22] Rehbein H, Sotelo CG, Perez-Martin RI, Chapela-Garrido MJ, Hold GL, Russell VJ, Pryde S, Santos AT, Rosa C, Quinteiro J, Rey-Mendez M. Differentiation of raw or processed eel by PCR-based techniques: restriction fragment length polymorphism analysis (RFLP) and single strand conformation polymorphism analysis (SSCP). *Eur Food Res Technol*, 2002, 214(2): 171–177. [\[DOI\]](#)
- [23] Ali BA, Huang TH, Qin DN, Wang XM. A review of random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers in fish research. *Rev Fish Biol*, 2004, 14(4): 443–453. [\[DOI\]](#)
- [24] Zhang J, Cai Z. Differentiation of the rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) from Atlantic salmon (*Salmo salmar*) by the AFLP-derived SCAR. *Eur Food Res Technol*, 2006, 223(3): 413–417. [\[DOI\]](#)
- [25] Kochzius M, Nölte M, Weber H, Silkenbeumer N, Hjörléifsdóttir S, Hreggvidsson GO, Marteinson V, Kappel K, Planes S, Tinti F, Magoulas A, Garcia Vazquez E, Turan C, Hervet C, Campo Falgueras D, Antoniou A, Landi M, Blohm D. DNA Microarrays for Identifying Fishes. *Mar Biotechnol*, 2008, 10(2): 207–217. [\[DOI\]](#)
- [26] Itoi S, Nakaya M, Kaneko G, Kondo H, Sezaki K, Watabe S. Rapid identification of eels *Anguilla japonica* and *Anguilla anguilla* by polymerase chain reaction with single nucleotide polymorphism-based specific probes. *Fish Sci*, 2005, 71(6): 1356–1364. [\[DOI\]](#)
- [27] Hird HJ, Hold GL, Chisholm J, Reece P, Russell VJ, Brown J, Goodier R, MacArthur R. Development of a method for the quantification of haddock (*Melanogrammus aeglefinus*) in commercial products using real-time PCR. *Eur Food Res Technol*, 2005, 220(5–6): 633–637. [\[DOI\]](#)
- [28] Yancy HF, Zemlak TS, Mason JA, Washington JD, Tenge BJ, Nguyen NT, Barnett JD, Savary WE, Hill WE, Moore MM, Fry FS, Randolph SC, Rogers PL, Hebert PDN. Potential use of DNA barcodes in regulatory science: applications of the Regulatory Fish Encyclopedia. *J Food Prot*, 2008, 71(1): 210–217.

## • 综合信息 •

# 北方遗传资源的保护与利用研讨会即将召开

中国遗传学会拟于 2010 年 8 月 6-11 日在呼和浩特市召开主题为“北方遗传资源的保护与利用”研讨会,就近年来国内外遗传学最新研究进展和我国北方遗传资源保护与利用进行研讨和交流。

1. 大会邀请的报告人有: 许智宏(中国科学院院士), 杨焕明(中国科学院院士), 朱祯(中科院遗传发育所), 陈受宜(中科院遗传发育所), 袁慧军(解放军总医院), 季静(天津大学), 康春生(天津医科大学), 朱延明(东北农业大学), 董英山(吉林省农业科学院), 李庆伟(辽宁师范大学), 赵卫东(河南农业大学), 畅志坚(山西省农业科学院), 王迎春(内蒙古大学), 东方阳(河北科技师范学院), 李琰(河北医科大学)等。

2. 主办单位: 中国遗传学会、黑龙江省遗传学会、吉林省遗传学会、辽宁省遗传学会、内蒙古遗传学会、北京市遗传学会、天津市遗传学会、河南省遗传学会、河北省遗传学会、山西省遗传学会

3. 承办单位: 内蒙古自治区科学技术协会、内蒙古大学生命科学学院

4. 征文内容: 遗传资源的保护与利用、医学遗传学、动物遗传学、植物遗传学、微生物遗传学、分子遗传学及基因组学等领域的研究进展。论文摘要(500—1000 字)或全文, 格式参考《国际遗传学杂志》稿约。征文截止日期: 2010 年 7 月 10 日。部分大会报告和分组报告从提交的论文摘要中选取。

5. 组织委员会: 安锡培, 柯扬, 李明刚, 哈斯阿古拉, 王迎春, 肖飞, 畅志坚, 黄占景, 赵彦艳, 王兴智, 傅松滨, 赵卫东, 王树玉, 侯占铭, 富伟能, 李凤霞, 白静, 胡彦民, 沈银柱, 陈德富, 刘文忠

6. 大会秘书组: 王长城、侯占铭、白静、李绍武、肖明杰。

7. 会议费用(不包括考察费): 遗传学会会员 800 元、学生 600 元、非会员 900 元, 住宿、交通自理。

8. 联系人: 内蒙古遗传学会 侯占铭, 电话: 0471-4305399, E-mail: houzhm@yahoo.com.cn

中国遗传学学会 王长城, 电话: 010-64889611, E-mail: ccwang@genetics.ac.cn