

国家标准

# 修订《大黄鱼》标准

编制说明

《大黄鱼》标准修订小组

二〇二四年三月

# GB/T 32755-2016 《大黄鱼》标准修订编制说明

## 一、工作简况（包括任务来源、制定背景、起草过程等）

### 1、修订背景和任务来源

大黄鱼 *Larimichthys crocea* (Richardson) 是我国特有的地方性海水鱼类，在我国及太平洋西部海洋渔业中均占有重要的地位。上世纪七十年代前大黄鱼全国平均年捕捞量约为 12 万吨，后因过度捕捞，资源急剧下降。1985 年开始攻关，1990 年获得大黄鱼人工繁育与养殖技术突破，1996 年实现了其养殖产业化。2022 年，大黄鱼年养殖产量达 25.76 万吨，占中国海水鱼类养殖产量的 13.38%，成为我国最大规模和最具特色的海水鱼养殖产业。

种业是农业的“芯片”，是国家战略性、基础性核心产业。2021 年中央全面深化改革委员会第二十次会议上审议通过了《种业振兴行动方案》，把种源安全提升到关系国家安全的战略高度，实现种业自立自强、种源自主可控。大黄鱼作为我国最大规模的海水养殖鱼类，区域特色与产业优势明显，发展大黄鱼种质创新与利用，是进一步提高大黄鱼产业竞争力和实现可持续发展的重要保障，也是保护我国大黄鱼种质资源的需要。

为保护我国大黄鱼种质资源，2016 年宁德市水产技术推广站、上海海洋大学等单位牵头制定了《大黄鱼》的种质标准（GB/T 32755-2016）。该标准主要给出了大黄鱼的名称与分类、主要形态构造特征、生长与繁殖、细胞和同工酶等遗传学特征和检测方法，为大黄鱼的种质资源保护与开发利用及养殖业的可持续发展发挥了积极作用。随着近年来对大黄鱼的群体遗传学和分子生物学研究的深入发展及其在生物种质鉴定方面的应用，同工酶检测等技术内容已无法满足大黄鱼种业创新发展的需求。对此，国内专家对《大黄鱼》的种质标准（GB/T 32755-2016）进行复审，提出采用先进的群体与分子生物学技术代替传统的同工酶种质检测技术对现有的大黄鱼种质标准进行修订，以保持大黄鱼种质标准的先进性。为此，2023 年 12 月，全国水产标准化技术委员会给福建省宁德市富发水产有限公司等单位下达了国家标准《大黄鱼》的修订工作。

### 2、主要起草过程

（1）2023 年 10-12 月标准立项前，项目组已进行了大黄鱼等种质创新与检测技术最新研究成果及相关技术资料的收集。

(2) 2023年12月，成立了标准起草小组，并制定工作计划和实施方案，明确任务分工和时间计划安排。学习有关政策法规，广泛收集有关标准和研究成果，包括GB/T 1.1—2020《标准化工作导则 第1部分：标准化文件的结构和起草规则》的规定，GB/T 18654.2《养殖鱼类种质检验 第2部分 抽样方法》，GB/T 18654.3《养殖鱼类种质检验 第3部分 性状测定》，GB/T 18654.4《养殖鱼类种质检验 第4部分 年龄与生长的测定》，GB/T 18654.6《养殖鱼类种质检验 第6部分 繁殖性能的测定》，GB/T 18654.12《养殖鱼类种质检验 第12部分 染色体组型分析》等标准以及国家和农业部有关质量管理规定、产业政策等素材。

(3) 2024年1月，完成标准草案的编写。

(4) 标准编制组收集了国内外相关资料，向科研、大学、检测中心、管理部门等单位进行了调查，并充分征求了科研、管理等相关部门人员的意见，在总结各方面意见的基础上确定了标准修改的技术内容，于2024年3月形成标准的征求意见稿。

### **3、协作单位及标准主要起草人任务分工**

#### **(1) 协作单位**

宁德市富发水产有限公司：海水养殖生物育种全国重点实验室的依托与运营单位。

集美大学：农业部大黄鱼遗传育种中心依托单位，参与的《大黄鱼人工养殖研究及产业化》获福建省科技进步一等奖。

福建农林大学：科技部大黄鱼种质创新与新品种培育主持单位。

宁德市水产技术推广站：大黄鱼养殖技术开发与推广的原创单位，主持的《大黄鱼人工养殖研究及产业化》获福建省科技进步一等奖。

宁德师范学院：国家海洋局海西海洋特色生物种质资源及生物制品开发公共服务平台依托单位。

宁德市渔业协会：“宁德大黄鱼”国家地理标志和国家驰名商标依托单位。上海海洋大学：原《大黄鱼》国家标准主要参与单位。

#### **(2) 标准主要起草人及分工协作**

标准主要起草人均来源于起草单位的长期从事大黄鱼养殖技术研究、产业开发、种质创新工作方面的主要技术骨干。主要人员及分工如下：

王艺磊、刘家富：负责调查研究、标准内容设计、标准草案起草和修改等全部工作；

张子平、刘招坤：参与标准内容的设计、标准草案的起草和修改等工作；  
韩坤煌、赵金良、谢芳靖、黄伟卿：参与意见征求、意见汇总工作；  
韩承义、翁华松：参与意见征求等工作。

## 二、国家标准编制原则、主要内容及其确定依据、修订前后技术内容的对比

### 1 标准制定的原则

1.1 遵循国家和农村农业部有关方针、政策、法规和规章，严格执行强制性国家标准和行业标准，按照 GB/T1.1—2020《标准化文件的结构和起草规则》的技术要求进行编制起草。编制说明按国家技术监督局“国家标准管理办法”第三章第十六条和《农业部国家（行业）标准的计划编制、制定和审查管理办法》第二章的基本要求而编写。

1.2 标准技术内容能反映我国大黄鱼种质资源科学研究成果。

1.3 标准操作性强，力求反映本行业的先进技术和特色做法，满足大黄鱼产业发展需要。

1.4 标准要有利于保证大黄鱼的种质检测与鉴定。

### 2 标准修订的主要内容和依据

#### 2.1 标准结构组成

本标准按照 GB/T 1.1—2020 标准化工作导则和水标委对水产生物种质标准修编订的有关要求编写。共十章，即：（1）范围；（2）规范性引用文件；（3）术语和定义；（4）学名与分类；（5）主要形态构造特征；（6）生长与繁殖特性；（7）细胞遗传学特性；（8）分子遗传学特征；（9）检测方法；（10）判定规则。相对原标准，增加“分子遗传学特征”章节技术内容。

#### 2.2 标准主要技术内容及制定依据

##### 2.2.1 学名与分类

原标准文件章节名称为“名称与分类”，本次修订按照统一的水产种标准编制要求，修改为“学名与分类”。经查阅大黄鱼的学名拉丁文和分类，发现原标准大黄鱼拉丁文的属名（*Larichthys*）编写有误，修改为*Larimichthys*；并在分类中增加了硬骨鱼纲（*Osteichthyes*）的描述。

##### 2.2.2 主要形态构造特征

根据编制组宁德师范学院黄伟卿等（2019）对宁德市不同海域的 720 尾不同月龄大黄鱼的主要外形特征、可数性状特征、可量性状特征和内部结构特征的测

定结果，除体色外，外形、可数性状和可量性状等外部形态特征与原标准一致，没有变化故未做修改。因大黄鱼体色与大黄鱼生长环境有密切关系，在不同光照条件下均可产生明显颜色差别，故在外部形态特征中删除对大黄鱼体色性状的描述。

另外，根据黄伟卿等（2021）研究表明闽-粤东族大黄鱼成鱼及其繁育子代的脊椎骨骨节数均存在着 25 个、26 个和 27 个 3 种情况。项目组也随机对部分个体进行观测，有发现少数个体脊椎骨总数为 27 个。因此，本次修订将内部结构中的脊椎骨总数从 25 个~26 个修改为 25 个~27 个，其他特征无变化，均未修改。

### 2.2.3 生长与繁殖特性

通过对720尾不同月龄大黄鱼的体长与体重数据的拟合，得出大黄鱼体长与体重关系式为 $W = 0.0222L^{2.9488}$  ( $R^2=0.9948$ )，生长系数 (b)  $2.9488 \approx 3$ ，表明大黄鱼生长呈现匀速生长（黄伟卿等，2019）。

此外，大黄鱼体长和体重实测数据受养殖环境条件的影响较大，对种质的鉴定检测意义不大，本标准删除了生长特性中对不同年龄组的体长与体重实测数据。

原标准大黄鱼的繁殖特性是根据刘家富等研究人员多年对大黄鱼资源调查与研究获得的数据（刘家富著：大黄鱼养殖与生物学，2013），近年来其繁殖特性未发现变化，本标准未进行修改。

### 2.2.4 细胞遗传学特性

第一版这部分的主要描述是：采用植物血球凝集素(PHA)-秋水仙素腹腔注射法进行大黄鱼染色体制备，确定大黄鱼的染色体数目为 $2n=48$ 。大黄鱼染色体全部为端部染色体 $2n=48t$ 。与其他研究资料相比，全成干等（2000）研究表明，大黄鱼染色体数为48，核型为 $2n=2st+46t$ 。吴建绍等（2001）研究大黄鱼染色体数目为48条，全部是端部着丝点染色体，核型为 $2n=48t$ 。王德祥等（2006）对不同地理群体大黄鱼染色体研究表明，岱衢族大黄鱼的染色体众数为48，核型公式为 $2n=48=6m+6sm+36t$ ；福建连江养殖区大黄鱼的染色体众数均为48，核型公式均为 $2n=48=6st+42t$ 。蔡明夷等（2012）对大黄鱼和与黄姑鱼杂交种及其亲本核型研究，大黄鱼与黄姑鱼染色体组均含有48条端部着丝粒染色体。由于对岱衢族的划分及其自然资源尚有争议，故未采纳吸收；而其他学者研究结果基本一致。农业部水产种质监督检验测试中心（广州）的验证结果表明，大黄鱼的

染色体数目为48，核型全部为端部着丝粒染色体。

近几年来，本次的编制小组参与单位集美大学王艺磊教授团队和福建农林大学张子平教授团队在2020年发表的文章（Zhao等，2020）和在2022年（王艺磊等）、2023年（姜永华等）获批的三件发明专利涉及到大黄鱼不同组织的染色体分析，进行了共400个分裂相的统计，得出的结果都是染色体众数为48，与原标准一致。因此本次修订保留了原标准关于大黄鱼染色体数目和组型特征的细胞遗传学内容。

### 2.2.5 分子遗传学特性

根据国内专家《大黄鱼》的种质标准（GB/T 32755-2016）复审意见“同工酶检测等技术，一些专家提出存在可重复性与稳定性差等问题，是已经过时淘汰的技术，建议用新的方法替代”，本次修订删除了原标准文件中采用同工酶检测方法的“生化遗传学特性”章节内容。

随着国内近年来对大黄鱼的群体遗传学和分子生物学的深入研究发展，同工酶检测等技术内容已无法满足大黄鱼种业创新发展的需求。大量研究表明，随着测序技术和生物信息学的发展，利用 DNA 序列进行物种鉴定的 DNA 条形码 (DNA Barcoding) 技术，能克服传统形态学分类存在的缺陷，为海洋鱼类的种质鉴定提供新方法。DNA 条形码技术是指利用一段能够代表物种的、短的、相对保守、容易扩增的、标准目的基因片段，实现物种快速、准确鉴定的技术。目前，线粒体细胞色素 C 氧化酶亚基(COI)基因被广泛用作 DNA 条形码的目的基因，从分子生物学角度为鱼类的鉴定分类和系统进化提供了可靠的依据。为此本次修订增加了分子遗传学特征章节，采用线粒体 COI 基因对大黄鱼进行鉴定，该技术方法稳定性好，是目前业内普遍认可的技术方法。

编制小组参与单位集美大学分别采用线粒体 COI 基因、D-loop 和 16S rRNA 的 DNA 条形码进行分析，结果表明 COI 碱基突变率较 D-loop 和 16S rRNA 低，稳定性较好，与将芝华等（2018）的结果一致，因此本标准选择了 COI 基因作为鉴定大黄鱼的标准分子方法。具体方法与步骤如下：

1) 总 DNA 提取：取大黄鱼的肌肉组织 100 mg，按照标准的酚-氯仿抽提法或者使用试剂盒进行 DNA 提取。

2) 引物序列：COI 正向引物：5'-TCGACTAATCATAAGATATCGGCAC-3'；COI 反向引物：5'-ACTTCAGGGTGACCGAAGAATCAGAA-3'。

3) PCR 扩增反应：反应体系为 25  $\mu$ L，其中 10 $\times$ PCR 缓冲液（含  $Mg^{2+}$ ） 2.5

μL, 2.5 mmol/L dNTP 2 μL, 5.0 U/μL Taq 聚合酶 1 μL, 10 μmol/L COI 正向引物和 COI 反向引物各 1 μL, 基因组 DNA 约为 25 ng, 加无核酸酶的双蒸水至 25 μL。PCR 参数包括 95 °C 预变性 3 min, 94 °C 变性 30 s, 56 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 30 s, 循环 35 次, 然后 72 °C 后延伸 5 min。

4) 测序: 扩增产物经琼脂糖凝胶电泳检测, 纯化后双向测序。

通过对 30 尾大黄鱼的 DNA 进行 COI 基因扩增和测序, 获得稳定的大黄鱼的线粒体 COI 基因片段的碱基序列如下 (640 bp):

```

TTTTGGTGCA   TGAGCCGGAA   TAGTGGGCAC   AGCCCTAAGT   CTCCTAATTC   50
GAGCAGAACT   AAGCCAGCCC   GGCTCACTTC   TCGGAGACGA   CCAGATTTTT   100
AATGTAATCG   TTACGGCACA   TGCTTTCGTT   ATAATCTTCT   TTATAGTAAT   150
ACCCGTTATA   ATTGGAGGGT   TCGGGAACTG   GCTTGTGCCT   TTAATAATTG   200
GCGCCCCCGA   CATAGCATTG   CCCC GAATGA   ATAACATAAG   CTTCTGGCTC   250
ATCCCCCTT   CTTTCCTACT   GCTCCTCGCC   TCATCAGGGG   TTGAAGCAGG   300
GGCCGGAACA   GGGTGGACAG   TCTACCCCC   GCTTGTGCTGA   AACCTGGCGC   350
ACGCAGGGCC   TTCAGTCGAC   TTAGCTATTT   TTTCCCTACA   CCTCGCAGGT   400
GTTTCTCAA   TCCTGGGGGC   CATCAACTTC   ATTACAACAA   TTATTAATAT   450
GAAACCCCC   GGCATCACCC   AATATCAAAC   ACCTCTGTTT   GTCTGAGCCG   500
TTCTAATTAC   AGCCGTCCTC   CTGCTGCTCT   CACTACCTGT   TTTAGCCGCC   550
GGCATCACAA   TGCTTTTGAC   TGACCGCAAT   CTGAATACAA   CTTTCTTCGA   600
CCCTTCGGGC   GGAGGCGATC   CCATCCTCTA   CCAACACCTA   640

```

5) 遗传距离计算

利用 Kimura 两参数模型 (Kimura2-parameter, K2P) 计算不同群体间两两遗传距离。种内 K2P 遗传距离应小于 1 %。

6) 大黄鱼与石首鱼科六种鱼的种间 K2P 遗传距离计算

从 NCBI 下载了石首鱼科黄鱼属的小黄鱼、黄姑鱼属的黄姑鱼、梅童鱼属的黑鳃梅童鱼和棘头梅童鱼、黑姑鱼属黑姑鱼和白姑鱼属的白姑鱼, 共六种鱼进行种间遗传距离 K2P 值的计算, 序列如下:

黄鱼属的小黄鱼

```

>NC_013754.1:5551-6190 Larimichthys polyactis mitochondrion, complete genome
TTTTGGTGCATGAGCCGGAATAGTGGGCACCGCCTAAGTCTCATTATTCGAGCAGAGCTAAGCCAGCCC
GGCTCGCTTCTCGGAGACGACCAGATTTTAAACGTAGTTGTTACGGCACATGCCTTCGTTATAATCTTCT
TTATAGTAATACCCGTAATAATCGGAGGGTTCGGAACTGACTCGTGCTTTAATAATTGGCGCCCCGA
CATAGCATTTCCCGAATAAATAACATAAGCTTCTGACTTATCCCCCTGCTTTCATTATGCTCGCAGCC
TCATCAGCGGTTGAAGCAGGGGCCGAACAGGGTGAACAGTCTACCCCCACTTGCTGGAAATCTCGCAC
ACGCAGGAGCTTCAGTCGACTTAGCCATTTTCGCTCTACACCTTGC GGGTGTCTCTTCAATCCTGGGGGC
CATCAACTTCATCACAACGATTCTTAACATAAAACCCCCGGCATAACCCAATACCAAACACCCCTGTTT

```

GTGTGATCCGTTCTGATTACAGCAGTCCCTCCTACTATCACTGCCCCGCCTAGCTGCCGGCATCACAA  
TGCTTTTAACAGACCGCAACCTCAACACAACCTTTTTTGACCCCTCAGGCGGAGGCGATCCCATCCTTTA  
TCAACACCTA

**黄姑鱼：石首鱼科的黄姑鱼属**

>NC\_015205.1:5561-6200 *Nibea albiflora* mitochondrion, complete genome  
TTTCGGTGCATGAGCCGAATAGTAGGCACAGCCCTGAGTCTACTAATCCGAGCAGAACTAAGTCAACCC  
GGCTCCCTCCTGGGGACGACCAAGTTTATAACGTAATTGTTACGGCACATGCATTGTCATAATTTTCT  
TTATGGTCATGCCGTCATGATCGGAGGCTTCGAAACTGGCTCGTACCCCTAATGATTGGGGCGCCCGA  
CATAGCATTTCTCGAATAAATAACATAAGCTTCTGGCTCCTCCCCCTCCTTCCTCCTCTGTTACT  
TCCTCAGGCGTTGAAGCGGGGCCGAACCGGGTGAACAGTATACCCCACTTGCTAGCAATCTGGCCC  
ACGCAGGGCCTCCGTCGATCTAGCCATCTTCTCCCTCCATCTCGCAGGGGTTTCTCTATTCTAGGGGC  
CATTAACCTTTATTACAACCATTATTAACATAAAACCCCTGCCATCACGCAATACCAGACGCCTCTGTTT  
GTATGAGCTGTCTAATTACAGCAGTTCTCTGCTCCTCTCCCTCCCTGTCTTAGCCGCGGTATTACAA  
TGCTTTTAACAGACCGCAACCTAAATACAACCTTTTTTGACCCTGCTGGCGGAGGTGACCCATTCTCTA  
TCAACACTTA

**黑鳃梅童鱼，石首鱼科梅童鱼属**

>NC\_014263.1:5551-6190 *Collichthys niveatus* mitochondrion, complete genome  
TTTTGGTGCATGAGCCGAATAGTGGGCACCGCCTGAGTCTCATTATTCGAGCAGAACTAAGCCAGCCC  
GGCTCGCTTCTCGGAGACGACCAGATTTTTAACGTAGTTGTTACGGCACATGCCTTCGTTATAATCTTCT  
TTATAGTAATACCCGTAATAATCGGAGGGTTCGAAACTGACTCGTGCCTTTAATAATTGGCGCCCCGA  
CATAGCATTTCCCGAATAAATAACATAAGCTTCTGACTTATCCCCCTGCTTTCATTATGCTCGCAGCC  
TCATCAGCGGTTGAAGCAGGGGCCGAACAGGGTGAACAGTCTACCCCACTTGCTGGAAATCTCGCAC  
ACGCAGGAGCTTCAGTCGACTTAGCCATTTTCGCTCTGCACCTTGCGGGTGTCTCTCAATCCTGGGGGC  
CATCAACTTCATACAACGATTCTTAACATAAAACCCCGGCATAACCAATACCAAACACCCCTGTTT  
GTGTGATCCGTTCTGATTACAGCAGTCCCTCCTACTATCACTGCCCCGCCTAGCTGCCGGCATCACAA  
TGCTTTTAACAGACCGCAACCTCAACACAACCTTTTTTGACCCCTCAGGTGGAGGCGATCCCATCCTTTA  
TCAACACCTA

**棘头梅童鱼：石首鱼科梅童鱼属**

>NC\_014350.1:5549-6187 *Collichthys lucidus* mitochondrion, complete genome  
TTTTGGTGCATGAGCCGAATAGTGGGCACAGCCCTAAGTCTTCTTATTCGAGCAGAGCTGAGCCAGCCC  
GGCTCACTTCTCGGAGACGATCAAATTTTTAACGTAATTGTTACGGCACATGCCTTCGTTATAATTTTCT  
TTATAGTAATGCCGTTATGATTGGAGGTTTCGAAACTGGCTGGTACCTTTAATAATTGGTGCCCCGA  
CATAGCATTTCCCGAATAAATAACATAAGCTTCTGACTCATCCCCCATCCTTCCTCCTGCTTTAACC  
TCATCAGGGGTTGAAGCGGGGCCGAACGGGTGGACAGTCTACCCCACTTGCTGGAAACCTTGCAC  
ACGCAGGGGCTTCAGTTGACTTAGCAATTTTTTCTCTCCACCTCGCAGGTGTATCCTCAATCCTGGGGGC  
TATTAACCTTATTACAACAATTATTAACATAAAACCCCGAGCTATTTCTCAATACCAAACACCCCTGTTT  
GTCTGAGCTGTCTCATTACAGCAGTGTACTATTACTCTCACTCCCTGTTTTAGCTGCCGGCATCACAA  
TGCTTCTAACAGATCGCAATCTCAATACGACCTTTTTGACCCCGCAGGCGGAGGCGACCCATCCTTTA  
TCAACACCT

**黑姑鱼：石首鱼科黑姑鱼属**

>NC\_035982.1:5561-6200 *Atrobucca nibe* isolate WL2017041201 mitochondrion, complete genome  
TTTTGGTGCATGAGCCGAATAGTGGGCACCGCCTAAGTCTCCTAATCCGAGCGGAACTAAGCCAACCC  
GGCTCCCTTATTGGAGATGACCAGATCTATAATGTAATCGTTACGGCCACGCCTTCGTTATAATTTTCT



TTATAGTAATGCCCGTTATAATCGGAGGGTTCGGAACTGACTCGTGCCCTAATGATCGGGGCCCCGA  
 CATGGCATTTCGCCGATAAATAACATGAGCTTCTGGCTTCTCCCCCTTCTTCTCCTACTCGTGACT  
 TCTTCAGGAGTTGAGGCAGGTGCCGGAACGGGTGAACAGTCTACCCCTCCGCTCGCCGAAACCTCGCAC  
 ACGCGGGGCTTCCGTTGACTTGGCCATCTTCTCCCTACACCTCGCAGGTGTTTCTCAATTCTAGGGC  
 CATCAACTTTATCACAACCATCGTTAACATAAAACCACCCGCCATCTCCAATACCAAACACCTTTATTT  
 GTCTGGGCCGTCCTAATTACAGCAGTCTCTGCTACTCTCACTTCTGTGTTTAGCTGCTGGCATTACAA  
 TGCTTCTAACAGATCGCAATCTCAACACAACCTTCTTCGACCCGGCAGGCGGAGGTGATCCTATCTTGTA  
 CCAACACTTA

白姑鱼:石首鱼科白姑鱼属

>NC\_015202.1:5561-6200 Pennahia argentata mitochondrion, complete genome  
 TTTTGGTGCATGAGCCGAATAGTAGGCACAGCCCTGAGTCTTCTAATCCGGGCAGAACTAAGCCAACCC  
 GGTTCCTTCTCGGGGACGATCAAATTTATAACGTCATCGTCACAGCCCATGCCTTTGTCATGATTTTCT  
 TTATAGTAATACCCGTTATGATCGGAGGTTTGGGAACTGACTTATCCCCTTAATAATCGGTGCCCCGA  
 CATAGCATTCCCCGAATAAACAATATGAGTTTCTGACTTCTTCCCCCTTCTTCTTCTTCTCCTAACT  
 TCTTCAGGTGTTGAAGCGGGAGCTGGAACAGGATGAACAGTCTACCCCCACTCGCTGGAAACCTCGCAC  
 ATGCAGGAGCCTCCGTCGACTTGGCCATCTTCTCCCTACACCTCGCAGGTGCTCTTCTATTCTGGGGC  
 TATCAACTTTATTACAACAATTATCAACATAAAACCCCTGCCATTTCTCAGTATCAGACACCCTTATTT  
 GTGTGGGCCGTCCTGATTACAGCAGTTCTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACTACT  
 TACTTTTAACTGATCGTAACCTAAACACAACCTTCTTCGACCCGGCAGGCGGGGAGATCCAATTCTTTA  
 CCAGCACTTA

通过计算，大黄鱼与这六种鱼的种间遗传距离 K2P 值如下：

种类	K2P 值
<i>Larimichthys polyactis</i>	0.116
<i>Nibea albiflora</i>	0.167
<i>Collichthys niveatus</i>	0.119
<i>Collichthys lucidus</i>	0.116
<i>Atrobucca nibe</i>	0.150
<i>Pennahia argentata</i>	0.188
种间遗传距离平均值	0.14
标准差	0.03
种间遗传距离	0.14±0.03

种间遗传距离大于 10%，说明用大黄鱼的 COI 序列可以准确用以大黄鱼的分子鉴定。

### 三、试验验证的分析、综述报告，技术经济论证，预期的经济效益、社会效益和生态效益

#### (一) 主要试验验证分析

标准编制组收集了国内有关渔业质量管理规定、产业政策，广泛收集水产种

质有关标准和大黄鱼种质资源最新研究成果，并充分征求了科研院所、推广、水产品质量监测、管理、行业协会等相关部门人员的意见，在总结各方面意见的基础上确定了标准的技术内容。

在标准草案的编写过程中，起草组查阅了大量的相关文献和专业书籍，充分考虑了沿海大黄鱼种质资源分布与特点，特别是近年来在大黄鱼种质资源研究的成果创新发展，在原有《大黄鱼》的种质标准（GB/T 32755-2016）的基础上，对大黄鱼种质检测与鉴定有关技术成果进行总结提升，具有较好的代表性和先进性。

## （二）综合报告

本标准制定任务下达以来，项目承担单位按照流程要求开展了标准制定工作，首先成立起草小组，化解任务分工，分头开展资料收集、实验分析等工作，经汇总和多次讨论形成了标准征求意见稿，可靠性严谨性较强。

## （三）技术经济论证

本标准涵盖了大黄鱼种质检测要求及判定规则，在技术指标的确定时，既考虑了最新的技术发展水平，也考虑了标准实施的可行性和经济上的合理性，符合目前大黄鱼种业发展的实际情况，具有较强的可操作性，便实施推广。

为进一步认证其技术与经济可行性，2024年3月，项目组从宁德海区随机挑选30尾大黄鱼，取肌肉样品，委托第三方有资质检测机构---珠江水产研究所农业部水产种质监督检验测试中心，按本标准的操作步骤（附录A：大黄鱼分子遗传学特性检测）对大黄鱼COI基因序列的准确性进行验证，出具的报告显示我们的COI序列是准确的。

## （四）预期经济、社会与生态效益

大黄鱼是我国特有的地方性海水鱼种质资源，在我国及太平洋西部海洋渔业中均占有重要的地位，成为我国最大规模和最具特色的海水鱼产业。2022年，养殖产量达25.77万吨，产值超百亿元。本标准的修订，将更好地保护我国大黄鱼的种质资源，促进其增养殖业可持续发展，同时为大黄鱼种质质量检测、行业质量监管提供更为科学的检测依据和有力技术支撑，经济和社会效益显著。

## 四、与国际、国外同类标准技术内容的对比情况，或者与测试的国外样品、样机的有关数据对比情况

目前，在国外未见同类标准发布，无相关的数据可以对比。

## 五、以国际标准为基础的起草情况，以及是否合规引用或者采用国际国外标准，并说明未采用国际标准的原因

目前未见相关国际标准。

## 六、与有关法律、行政法规及相关标准的关系

大黄鱼自然资源匮乏，急需对其种质资源进行合理保护。目前已制定了《大黄鱼》的种质标准（GB/T 32755-2016），但其有关技术内容已无法满足大黄鱼种业创新发展的需求。本标准起草小组修订大黄鱼标准，以《中华人民共和国标准化法》为依据，在符合 GB/T1.1-2020《标准化工作导则：第1部分：标准化文件的结构和起草规则》及相关指南和编写规则的基础上进行修订。在修订过程中，标准起草小组依据《水产苗种管理办法》中有关水产种质资源保护的相关规定和大黄鱼的现状确立了制定种质标准的物种；依据《水产原、良种审定办法》、《水产原良种场生产管理规范》和《水产养殖质量安全管理规定》确定大黄鱼样品采集原则；依据 GB/T 18654.2、GB/T 18654.3、GB/T 18654.4、GB/T 18654.6、GB/T 18654.12 分别完成本标准的抽样、形态结构特征与生长特性测定、繁殖特性的测定、细胞遗传学特性的测定和染色体组型分析。以上规范性引用文件指导本标准的顺利实施，实用性强。本标准与有关的现行法律、行政法规和相关标准相协调，没有矛盾。

## 七、重大分歧意见的处理经过和依据

无。

## 八、涉及专利的有关说明

无。

## 九、实施国家标准的要求，以及组织措施、技术措施、过渡期和实施日期的建议等措施建议

建议本标准作为推荐性标准，在大黄鱼养殖、繁育企业推荐使用本标准，规范企业生产行为，提高大黄鱼种质质量，保障大黄鱼产业可持续健康发展。

本标准发布后，建议：

1、由国家级水产种质检测机构对在建的大黄鱼国家级原、良种场，按标准定期进行检验。

2、各级大黄鱼育苗场的亲本或后备亲鱼必须引自国家指定的原种场和良种

场，严格把好亲鱼种质关。

本标准发布实施后，原标准 GB/T 32755-2016《大黄鱼》建议废止。

## 十、其他应予说明的事项

无。

## 参考文献：

- [1] 王艺磊, 钟照威, 姜永华, 张子平, 赵丽萍. 一种大黄鱼卵巢组织细胞系及其应用, 2022.9.23, 中国, ZL 2021 1 0272549.6
- [2] 王艺磊, 钟照威, 姜永华, 张子平, 赵丽萍. 一种大黄鱼精巢组织细胞系及其应用, 2022.9.23, 中国, ZL 2021 1 0272501.5
- [3] 王德祥, 苏永全, 王世锋, 等. 不同地理种群大黄鱼染色体核型的比较研究. 海洋学报, 2006, 28 (6): 176~178.
- [4] 中国科学院动物研究所,等. 南海鱼类志.北京: 科学出版社, 1962:411~412.
- [5] 辽宁省市场监督管理局.水产动物物种分子鉴定 COI、16S rRNA 分子标记法.辽宁省地方标准, DB21T\_3120~2019.
- [6] 孙利元, 杨天燕, 孟玮,等. 8 种石首鱼类线粒体基因组特征及分子系统进化分析. 海洋科学, 2017, 41, 48~54.
- [7] 全成干, 王 军, 丁少雄, 等. 大黄鱼染色体核型研究. 厦门大学学报( 自然科学版) , 2000, 39(1): 107~110.
- [8] 刘家富. 大黄鱼养殖与生物学. 厦门:厦门大学出版社, 2013
- [9] 朱元鼎, 罗云林, 伍汉霖. 中国石首鱼类分类系统的研究和新属新种的叙述.上海:上海科学技术出版社, 1963.
- [10] 朱元鼎 张春霖,等.东海鱼类志.北京: 科学出版社, 1963:284~285.
- [11] 朱元鼎,伍汉霖.福建鱼类志 (下卷) .福州:福建科学技术出版社,1985:101~136.
- [12] 吴建绍, 林琪, 曾志南. 大黄鱼 (*Pseudosciaena crocea*) 的染色体研究.福建水产, 2001, 4: 60~63.
- [13] 李祥云, 苗亮, 陈炯, 等. 基于种群生态学概念论大黄鱼种群的划分. 宁波大学学报(理工版), 2013, 26(1): 1~5.
- [14] 陈佳杰, 徐兆礼. 东、黄海大黄鱼种群划分与地理隔离分析. 中国水产科学, 2012, 19(2):

310~320.

- [15] 邹曙明, 李思发, 赵金良, 等. 福建官井洋海区大黄鱼的染色体核型分析. 上海海洋大学学报, 2002, 12 (2): 179~181.
- [16] 张其永, 洪万树, 杨圣云, 等. 大黄鱼地理种群划分的探讨. 现代渔业信息, 2011, 26(2): 3~8.
- [17] 张春霖, 等. 黄渤海鱼类调查报告. 北京: 科学出版社, 1955: 135~136.
- [18] 柳淑芳, 陈亮亮, 戴芳群, 等. 基于线粒体COI基因的DNA条形码在石首鱼科(Sciaenidae) 鱼类系统分类中的应用. 海洋与湖沼, 2010(2):223~232.
- [19] 姜永华, 钟照威, 王艺磊, 张子平, 黄文树, 冯燕. 一种大黄鱼体外诱导多能干细胞的方法 2023.11.21, 中国, ZL 2022 1 0192217.1
- [20] 徐恭昭, 田明城, 郑文莲, 等. 大黄鱼 *Pseudosciaena crocea* (Richardson) 的种族. 太平洋西部渔业研究委员会第四次全体会议文集. 北京: 科学出版社, 1962. 39~46.
- [21] 黄伟卿, 张 艺, 周逢芳, 等. 大黄鱼脊椎骨及其早期发育研究. 海洋科学, 2021, 45, 51~58.
- [22] 黄伟卿, 刘家富, 刘招坤, 等. 大黄鱼养殖技术. 青岛: 中国海洋大学出版社, 2019.
- [23] 蔡明夷, 刘贤德, 翁朝红, 等. 大黄鱼与黄姑鱼杂交 F1 及其双亲的核型分析. 集美大学学报(自然科学版), 2012, 17 (5): 321~326.
- [24] 蒋芝华, 丁棒棒, 王熠, 等. 石首鱼科海洋鱼类DNA条形码的构建. 核农学报, 2018, 32, 673~680.
- [25] 廖锐, 区又君, 勾效伟, 等. 黄唇鱼、大黄鱼、丁氏(鱼或)和棘头梅童鱼的形态差异和判别分析. 大连水产学院学报, 2009, 24(4): 305~310.
- [26] Zhao Liping, Zhong Zhaowei, Zhuang Daohua, Jiang Yonghua, Zou Pengfei, Wang Yilei, Zhang Ziping. Evidence of virus-responsive pathways in response to poly I: C challenge in a muscle cell line from large yellow croaker. Fish & Shellfish Immunology, 2020, 100: 179-185.