

基于线粒体 DNA Cyt *b* 序列的双齿围沙蚕群体遗传多样性分析

邓园¹ 宋娜¹ 刘名² 高天翔¹

(1. 中国海洋大学海洋生物多样性与进化研究所, 青岛 266003; 2. 山东省海洋生物研究院, 青岛 266002)

POPULATION GENETIC ANALYSIS OF PERINEREIS AIBUHITENSIS BASED ON THE MITOCHONDRIAL DNA CYT *B*

DENG Yuan¹, SONG Na¹, LIU Ming² and GAO Tian-Xiang¹

(1. Institute of Evolution & Marine Biodiversity, Ocean University of China, Qingdao 266003, China; 2. Marine Biology Institute of Shandong Province, Guizhou Road 47, Qingdao 266002, China)

关键词: 双齿围沙蚕; Cyt *b*; 群体遗传结构; 遗传多样性; 群体扩张

Key words: *Perinereis aibuhitensis*; mtDNA Cyt *b*; Genetic structure; Genetic diversity; Population expansion

中图分类号: Q346.5 文献标识码: A 文章编号: 1000-3207(2014)03-0597-05

双齿围沙蚕(*Perinereis aibuhitensis*)俗称红虫, 隶属于多毛纲(Polychaeta)、沙蚕亚科(Nereidinae)、围沙蚕属(*Perinereis*), 是我国潮间带河口泥沙滩上的优势种, 体大且肥, 可做饵料, 也是我国沿海河口增殖种类之一。该种为热带、亚热带的广布种, 分布于韩国、泰国、菲律宾、印度、印度尼西亚以及我国近海^[1]。近年来随着沙蚕的捕捞量增大及环境变化, 导致沙蚕资源逐渐匮乏, 影响到其资源的可持续利用与发展^[2]。

分子标记是物种遗传差异的表现, 可以用来有效检测物种遗传多样性和遗传结构^[3, 4]。在所有的分子标记中, 线粒体 DNA 具有严格遵守母系遗传、几乎不发生重组、进化速度快等特征, 已被广泛应用于种间水平和种内水平物种遗传多样性及遗传结构研究^[5]。而线粒体 DNA Cyt *b* 在无脊椎动物中, 具有较高的核苷酸替代速率, 是研究群体水平遗传多样性比较理想的分子标记^[6]。目前为止, 线粒体 DNA Cyt *b* 基因已被应用于刺沙蚕属(*Neanthes*)、荷沙蚕属(*Hediste*)、*Marenzelleria* 等海洋多毛类的遗传多样性和遗传结构的研究^[7, 8]。除此之外, DNA 序列中的多态数量和分布模式也可为推测种群历史提供动态信息, 进而探讨其产生和维持的机制^[6, 9]。

到目前为止, 对双齿围沙蚕的研究主要集中在其生

活史、性腺发育的组织学、生态和生态因子对其早期发育的影响等方面^[10-13]。种群遗传学方面仅有 Liu, *et al.* 基于线粒体 DNA *CO* 部分片段研究了双齿围沙蚕 4 个群体的遗传多样性及遗传结构现状^[14], 蒋霞敏等进行了双齿围沙蚕遗传多样性的随机扩增多态分析^[15]。迄今, 未见其他关于双齿围沙蚕遗传多样性研究的报道。开展双齿围沙蚕种质资源遗传学研究对合理保护及开发这一重要经济物种具有极其重要的意义。

多毛纲大多数沙蚕种类在性成熟时, 在一定时期内同步地离开栖息地, 由底栖起浮于海面游动以排精放卵, 此生习性称为群浮^[16]。双齿围沙蚕的群浮现象多出现在每年的 4 月下旬至 10 月下旬, 雌雄虫常相伴做圆形的旋转游动, 在旋转缠绕过程中排精放卵。沙蚕的群浮保证精卵相遇而受精, 自由浮游的沙蚕幼虫, 可随潮流或海流达远而广的分布^[1]。沙蚕的群浮现象可能会影响多毛类群体的遗传结构及遗传多样性^[7]。本研究基于线粒体 DNA Cyt *b* 分子标记对来自中国东营和青岛的双齿围沙蚕进行遗传学研究, 以阐明其群体遗传结构和遗传多样性现状, 探讨其产生原因和维持机制, 为双齿围沙蚕的资源保护及合理的资源开发提供基础资料和科学依据。

收稿日期: 2013-9-24; 修订日期: 2013-12-28

基金项目: 海洋公益性行业科研专项(201305043; 201405010); 山东省海洋与渔业厅科技计划项目资助

作者简介: 邓园(1987—), 女, 河南省汤阴县人, 硕士; 主要从事水生生物系统发育与遗传多样性研究。E-mail: 765071558@qq.com

通信作者: 高天翔, E-mail: gaozhang@ouc.edu.cn

1 材料与方法

1.1 样品采集与保存

于 2011 年 8 月在山东青岛近海潮间带采集双齿围沙蚕野生群体 34 个个体, 于 2012 年 5 月在山东东营近海潮间带采集双齿围沙蚕野生群体 31 个个体。经形态鉴定以后, 取样品体节肌肉于 95% 的酒精中保存备用。选择多齿围沙蚕(*Perinereis nuntia*)作为外群进行遗传学分析。

1.2 DNA 提取与 PCR 扩增

取双齿围沙蚕肌肉组织约 100 mg 采用传统的酚-氯仿方法提取基因组 DNA, 将乙醇沉淀后的基因组 DNA 溶解于 100 μ L 双蒸水溶液中, 4 $^{\circ}$ C 保存备用^[6]。双齿围沙蚕的 Cyt *b* 序列扩增引物为 Cyt *b*F(5'-GGWTAYGTWYTWCCTGGRGGWCARAT-3')和 Cyt *b*R(5'-GCRTAWGCRAAWARRAARTAYCAYTCWGG-3')^[17], PCR 反应体系总体积为 25 μ L, 其中包括: 10 $\times$ PCR 缓冲液 2.5 μ L, dNTP 2 μ L (200 μ mol/L); 两种引物个 1 μ L (10 pmol/ μ L); *Taq* DNA 聚合酶 0.15 μ L (5 U/ μ L); 模板 DNA 1 μ L; 加双蒸水至总体积 25 μ L。PCR 反应条件如下: 94 $^{\circ}$ C 预变性 5min, 然后进行 35 个循环, 每个循环包括 94 $^{\circ}$ C 变性 45s, 50 $^{\circ}$ C 退火 45s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 45s, 最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 10min。所有的 PCR 反应均在 Eppendorf (Mastercycler 5333) 扩增仪上进行^[18]。

取 1.5 μ L PCR 产物用 1.5% 的琼脂糖凝胶进行电泳检测, 对于扩增效果良好的样品进行回收。回收时用 1.5% 的琼脂糖凝胶, 150V 电压电泳分离, 用小量胶回收试剂盒(上海华舜生物工程有限公司)进行回收和纯化。将纯化后的产物送往上海桑尼生物科技有限公司进行测序, 为保证所测序列的准确性, 每个样品均进行双向测序。

1.3 数据分析

对两个群体的序列用 DNASTar(DNASTARInc)软件进行比对, 并辅以人工校正; 用 MEGA4.1 软件分析两群体的碱基组成、变异位点、转换/颠换值; 运用 PAUP 和

Modeltest 软件计算得到适合双齿围沙蚕 Cyt *b* 片段的核苷酸最佳替换模型; 采用 PAUP 软件, 以多齿围沙蚕为外群, 构建双齿围沙蚕邻近关系树。采用 Arlequin3.0 软件计算群体遗传学参数: 单倍型多样性(*h*)、核苷酸多样性(*n*)和两两序列比对平均核苷酸差异数(*k*); 进行确切 *P* 检验, 并计算两个群体间的 *F_{st}* 值检验群体遗传分化。采用中性检验和核苷酸不配对分布分析两种方法检测群体历史动态, 上述两种方法均在 Arlequin3.0 软件中完成。

2 结果

对双齿围沙蚕东营和青岛共 65 个个体进行 PCR 扩增得到长度为 375 bp 的序列片段, 基于 Cyt *b* 序列对两个群体进行比较分析结果显示: 青岛群体 34 个个体共检测到 20 个多态位点, 这些多态位点共定义了 20 处核苷酸替换, 包括 18 处转换和 2 处颠换, 共定义了 20 个单倍型; 东营群体 31 个个体共检测到 13 个多态位点, 这些多态位点共定义了 13 处核苷酸替换, 包括 9 处转换和 4 处颠换, 共定义了 14 个单倍型。青岛群体的单倍型多样性、核苷酸多样性以及两两序列比较的平均碱基差异数均大于东营群体(表 1)。两个群体的 A+T 碱基含量(63.7%)都明显大于 C+G 含量(36.4%), 且无明显差异。通过 PAUP 和 Modeltest 软件计算得到双齿围沙蚕最佳替换模型为 HKY+I+G(*I*=0.8821, *G*=1.0392)。

以多齿围沙蚕为外群, 基于双齿围沙蚕青岛和东营群体 Cyt *b* 序列构建的邻接关系树可以看出, 青岛和东营群体个体相互混杂, 且有共享单倍型, 两群体的单倍型都广泛的分布在单倍型的邻接关系树上, 没有明显的分支与之对应(图 1)。两个群体之间的遗传分化指数 *F_{st}* 值为 0.0175, 统计检验 *P* 值为不显著(*P*=0.0966), 表明两个群体之间的遗传差异不显著, 确切 *P* 检验的结果表明两群体存在随机交配的现象(*P*=0.1182)。

表 1 双齿围沙蚕的遗传多样性参数
Tab.1 Molecular diversity indices for *P. aibuhitensis* based mtDNA Cyt *b*

遗传多样性参数 Molecular diversity indices	东营 Dongying	青岛 Qingdao	总计 Total
个体数 Samples size	31	34	65
序列长度 Sequence length	375	375	375
变异位点 Variable sites	13	20	27
转换/颠换 Transitions/transversions	9/4	18/2	23/4
单倍型 Haplotype numbers	14	20	30
核苷酸多样性 Nucleotide diversity	0.0049 $\pm$ 0.0032	0.0064 $\pm$ 0.0039	0.0057 $\pm$ 0.0035
单倍型多样性 Haplotype diversity	0.8688 $\pm$ 0.0425	0.9376 $\pm$ 0.0254	0.9067 $\pm$ 0.0246
两两序列比较的平均碱基差异数 Mean pairwise nucleotide differences	1.8516 $\pm$ 1.0910	2.4117 $\pm$ 1.3421	2.1644 $\pm$ 1.2162

双齿围沙蚕核苷酸不配对分布呈单峰状态(图 2), 且观测值没有明显偏离模拟值, F_s 和 D 中性检验的结果与核苷酸不配对分布分析的结果也是一致的 ($Tajima' D = -1.9136$, $P=0.005$; $F_s = -27.0956$, $P=0.0000$), 都显著偏离中性, 提示双齿围沙蚕经历过近期群体扩张事件。核苷酸不配对分布的峰值 τ 提供了一个估算群体大致发生扩张的时间, 将每百万年 2%—5% 的 Cyt b 进化速率应用于本研究^[19], 基于核苷酸不配对分布的 τ 值($\tau=2.62109$)计算得到双齿围沙蚕群体扩张时间在 130000—69000YBP。

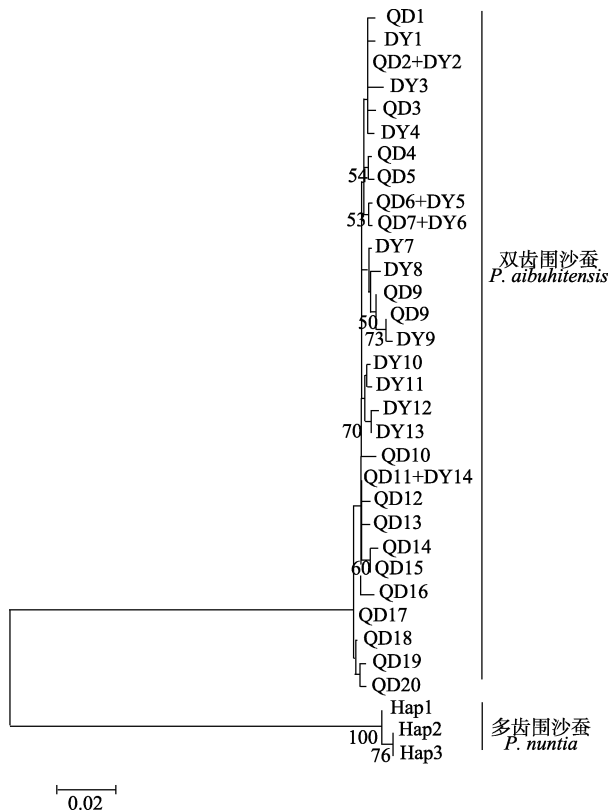


图 1 以多齿围沙蚕为外群构建的双齿围沙蚕 Cyt b 单倍型邻接关系树

Fig. 1 Neighbor-joining tree for control region haplotypes of *P. aibuhitensis* and *P. nuntia* served as an outgroup

各分支上的数字为重抽样分析得到的大于 50% 的支持率
Bootstrap supports of >50% in 1000 replicates were shown

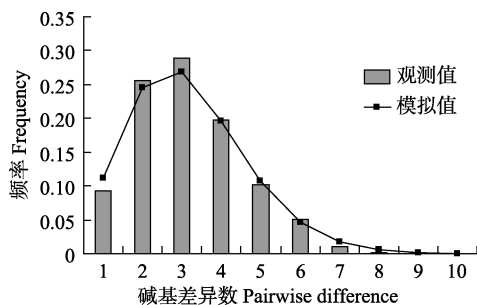


图 2 双齿围沙蚕线粒体 Cyt b 单倍型核苷酸不配对分布图

Fig. 2 Mismatch distribution analyses of nucleotide of mtDNA Cyt b genes for *P. anbutitensis* populations

3 讨论

物种遗传多样性水平的高低与其适应能力、生存能力和进化潜力存在密切的相关性^[6, 19]。物种遗传多样性越高或遗传变异越丰富, 对环境变化的适应能力就越强^[20]; 反之, 具有较低遗传多样性的物种则更容易受到环境变化的影响^[6, 21]。目前, 对一些海洋无脊椎动物研究表明, 海洋无脊椎动物的幼体发育模式和浮游能力对其遗传结构及其遗传多样性的影响也是非常显著的^[22, 23]。因此对物种遗传多样性的研究, 除了可以研究物种的进化历史, 也可以为分析物种的进化潜力和预测物种发展动向提供重要的依据^[6]。

更新世冰期剧烈的气候变化对很多物种的分布范围造成了巨大影响^[3-6], 冰期海平面下降而成为陆地, 冰盛期海平面下降了约 120—140 m, 中国沿海的浅海陆架区也因海平面下降而成为陆地, 将亚洲大陆与太平洋隔离^[24-26]。双齿围沙蚕的栖息地环境受到了极大的影响, 在其分布范围内栖息地急剧缩减, 随着间冰期的气温回升和海平面上升, 双齿围沙蚕可能发生群体扩张事件^[6], 而核苷酸不配对分布的单峰也提示双齿围沙蚕可能经历了近期的群体扩张事件。本研究中双齿围沙蚕发生群体扩张事件的时间在 130000—69000YBP, 这一时间处于晚更新世冰期, 提示更新世冰期的气候变化对双齿围沙蚕的数量和分布可能产生过影响^[6]。

除历史因素的影响, 多毛类的生活史特征对其群体遗传多样性及遗传结构的影响也是很重要的。Breton, *et al.* 基于线粒体 DNA CO 和 Cyt b 分析了北半球分布的两种沙蚕 (*Neanthes virens* and *Hediste diversicolor*), 结果显示沙蚕的群浮现象及浮游期影响其种群的遗传结构^[7]。双齿围沙蚕在性成熟之后会变成异沙蚕体, 并从底栖生活改为浮游, 快速游动一定时间后, 产卵排精。双齿围沙蚕的群浮周期与水温、潮汐和昼夜变化等外界条件紧密相关^[11]。这些外界条件都可以间接的影响双齿围沙蚕不同地理群体之间的基因交流。自由浮游的沙蚕幼虫, 可随潮流或海流达远而广的分布^[1]。且双齿围沙蚕的的异沙蚕体多出现在每年夏季风盛行时^[27], 沙蚕幼虫在中国沿岸流的输送下, 由北向南广泛分布。因此, 海洋环流对双齿围沙蚕群体之间的基因交流有很重要的作用。研究得出青岛群体的双齿围沙蚕的单倍型多样度和核苷酸多样性略高于东营群体, 这与青岛胶州湾的复杂的地形地貌以及海流状况可能存在一定关系^[14]。

在 Liu, *et al.* 的研究中, 基于线粒体 CO 序列在 4 个地理群体的 93 个个体中, 共检测到 26 个单倍型。在本研究中, 基于线粒体 Cyt b 序列在 2 个地理群体的 65 个个体中共检测到 30 个单倍型。提示双齿围沙蚕的线粒体 Cyt b 片段可能较 CO 片段更敏感, 更适合用于群体遗传分化研究^[7, 8]。

总之,更新世冰期的气候变化对现有双齿围沙蚕的群体遗传结构产生了重要的影响,而幼体的扩散能力促进了不同群体间的基因交流。随着资源的开发利用,双齿围沙蚕可能会承受较大的采捕压力,本研究对其制定合理的管理策略提供了一定的理论依据^[26]。

参考文献:

- [1] Sun R P, Yang D J. Fauna Sinica, Invertebrate. In: Annelida, Polychaeta (II), Nereidida, vol.33 [M]. Beijing: Science Press. 2004, 30—41 [孙瑞平, 杨德渐. 中国动物志. 环节动物门, 多毛纲, 沙蚕目. 北京: 科学出版社, 2004, 30—41]
- [2] Yang D Z, Zhou Y B, Liu X W, *et al.* The artificial breeding technology integration and industrial developments of *Perinereis aibuhitensis* [J]. *Chinese New Technologies and Products*, 2011, **18**: 239—240 [杨大佐, 周一兵, 刘晓薇, 等. 双齿围沙蚕人工繁育、养殖的技术集成和产业化开发. 中国新技术新产品, 2011, **18**: 239—240]
- [3] Englbrecht C C, Freyhof J, Nolte A, *et al.* Phylogeography of the bullhead *Cottus gobio* (Pisces: Teleostei: Cottidae) suggests a pre-Pleistocene origin of the major central European populations [J]. *Molecular Ecology*, 2000, **9**(6): 709—722
- [4] Whitehead A, Anderson S L, Kuivila K M, *et al.* Genetic variation among interconnected populations of *Catostomus occidentalis*: implications for distinguishing impacts of contaminants from biogeographical structuring [J]. *Molecular Ecology*, 2003, **12**(10): 2817—2833
- [5] Weng Z H, Xie Y J, Xiao Z Q, *et al.* Molecular identification of the taxonomic status of *Sinonovacula rivularis* and genus *Sinonovacula* using mitochondrial CO I and 16S rRNA fragments [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2013, **37**(4): 684—690 [翁朝红, 谢仰杰, 肖志群, 等. 线粒体 CO I 和 16S rRNA 片段确定近江蛭和缢蛭属的分类地位. 水生生物学报, 2013, **37**(4): 684—690]
- [6] Song N, Song L, Gao T X, *et al.* Comparative analysis of genetic diversity of *Synechogobius ommaturus* based on the mitochondrial DNA control region [J]. *Journal of Fisheries of China*, 2011, **35**(3): 321—326 [宋娜, 宋林, 高天翔, 等. 斑尾复虾虎鱼群体遗传多样性比较分析. 水产学报, 2011, **35**(3): 321—326]
- [7] Breton S, Dufresne F, Desrosiers G, *et al.* Population structure of two northern hemisphere polychaetes, *Neanthes virens* and *Hediste diversicolor* (Nereididae), with different life-history traits [J]. *Marine Biology*, 2003, **142**(4): 707—715
- [8] Blank M, Bastrop R. Phylogeny of the mud worm genus *Marenzelleria* (Polychaeta, Spionidae) inferred from mitochondrial DNA sequences [J]. *Zoologica Scripta*, 2009, **38**(3): 313—321
- [9] Chen H, Yin W, Fu C C. Cryptic species and evolutionary history of *Boleophthalmus pectinirostris* complex along Northwestern Pacific coast [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2014, **38**(1): 75—86 [陈卉, 殷维, 傅萃长. 西北太平洋海岸带大弹涂鱼复合体的隐存种与进化历史. 水生生物学报, 2014, **38**(1): 75—86]
- [10] Gu X Y, Jiang M X, Zheng Z M, *et al.* Biological characteristics of *Perinereis aibuhitensis* (Grube) and status of its utilization [J]. *Modern Fisheries Information*, 2002, **17**(8): 33—34 [顾晓英, 蒋霞敏, 郑忠明, 等. 双齿围沙蚕 (*Perinereis aibuhitensis* Grube) 的生物学特征和开发利用现状. 现代渔业信息, 2002, **17**(8): 33—34]
- [11] Hong X Y, Tan K F. A study on the life history of *Perinereis aibuhitensis* (Grube) and the morphology of the mature maternal body [J]. *Journal of Fisheries of China*, 1982, **6**(2): 165—171 [洪秀云, 谭克非. 双齿围沙蚕的研究——生活史及异沙蚕体形态研究. 水产学报, 1982, **6**(2): 165—171]
- [12] Fan G Z, Zheng P Y, Zhong H Y, *et al.* A histological study on the development of the female gonad of *Perinereis aibuhitensis* (Grube) [J]. *Journal of Zhengjiang College of Fisheries*, 1983, **6**(2): 16—17 [范广钻, 郑佩玉, 钟惠英, 等. 双齿围沙蚕 *Perinereis aibuhitensis* Grube 雌性生殖腺发育的组织学研究. 浙江海洋学院学报 (自然科学版), 1983, **6**(2): 16—17]
- [13] Liu M H, Jiang X M, Zhang Y J. Study on the embryonic and larval development of *Perinereis aibuhitensis* [J]. *Marine Fisheries Research*, 2005, **2**(26): 13—17 [柳敏海, 蒋霞敏, 张永靖. 双齿围沙蚕胚胎及幼体发育的研究. 海洋水产研究, 2005, **2**(26): 13—17]
- [14] Liu H J, Liu M, Ge S S, *et al.* Population structuring and historical demography of a common clam worm *Perinereis aibuhitensis* near the coasts of Shandong Peninsula [J]. *Biochemical Systematics and Ecology*, 2012, (44): 70—78
- [15] Jiang X M, Liu M H, Fu F Y, *et al.* Genetic diversity in *Perinereis aibuhitensis* by RAPD analysis [J]. *Journal of Ningbo University*, 2006, **19**(2): 166—172 [蒋霞敏, 柳敏海, 符方尧, 等. 双齿围沙蚕遗传多样性的随机扩增多态 DNA (RAPD) 分析. 宁波大学学报 (理工版), 2006, **19**(2): 166—172]
- [16] Jiang X M, Zheng Z M. Observation on the swarming behavior of *Perinereis aibuhitensis* [J]. *Chinese Journal of Zoology*, 2002, **37**(5): 54—56 [蒋霞敏, 郑忠明. 双齿围沙蚕群浮现象的初步观察. 动物学杂志, 2002, **37**(5): 54—56]
- [17] Boore J L, Brown W M. Mitochondrial genomes of *Galathea*, *Helobdella*, and *Platynereis*: sequence and gene arrangement comparisons indicate that Pogonophora is not a phylum and Annelida and Arthropoda are not sister taxa [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2000, **17**(1): 87—106
- [18] Cheng J. Molecular Phylogeography of Two *Scomber* Species in Northwestern Pacific [D]. Doctoral dissertation. Ocean University of China, Qingdao, 2013, 60—61 [程娇. 西北太平洋两种鲈属鱼类的分子系统地理学研究. 中国海洋大学, 2013, 60—61]
- [19] Gillooly J F, Allen A P, West G B, *et al.* Metabolic rate cali-

- brates the molecular clock: reconciling molecular and fossil estimates of evolutionary divergence [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2005, **102**: 140—145
- [20] Sohis P S, Soltis D E. Genetic variation in endemic and widespread plant species: examples from *Saxifragaceae* and *Polystichum* [J]. *Aliso*, 1991, **13**(1): 215—223
- [21] Huenneke L F. Ecological implications of genetic variation in plant populations [A]. In: Falk D A, Holsinger K E (Eds.), *Genetics and Conservation of Rare Plants* [C]. New York, Oxford University Press, 1991, **13**: 31—44
- [22] Crisp D J. Genetic consequences of different reproductive strategies in marine invertebrates [A]. In: Battaglia B, Beardmore J A (Eds.), *Marine Organisms: Genetics, Ecology and Evolution* [C]. New York, Plenum Press, 1978: 257—273
- [23] Kyle C J, Boulding E G. Comparative population genetic structure of marine gastropods (*Littorina* spp.) with and without pelagic larval dispersal [J]. *Marine Biology*, 2000, **137**(5—6): 835—845
- [24] Tamaki K, Honza E. Global tectonics and formation of marginal basins-role of the western Pacific [J]. *Episodes*, 1991, **14**(3): 224—230
- [25] Xu X, Oda M. Surface-water evolution of the eastern East China Sea during the last 36,000 years [J]. *Marine Geology*, 1999, **156**(1): 285—304
- [26] Song N. Molecular Phylogeography of Two Marine Fishes in Northwestern Pacific and Application of Molecular Marker in Fishery Stock Enhancement of *Paralichthys olivacens* [D]. Doctoral Dissertation. Ocean University of China, Qingdao, 2011, 64—65 [宋娜. 西北太平洋两种海洋鱼类的分子系统地理学研究及分子标记在褐牙鲆增殖放流中的应用. 中国海洋大学, 2011, 64—65]
- [27] Yuan Y C, Su J, L, Zhao J L. A single layer model of the continental shelf circulation in the east china sea [J]. *Acta Oceanologica Sinica*, 1982, **1**(4): 1—11 [袁耀初, 苏纪兰, 赵金三. 东中国海陆架环流的单层模式. 海洋学报 (中文版), 1982, **1**(4): 1—11]

《水生生物学报》编辑委员会

EDITORIAL BOARD OF ACTA HYDROBIOLOGICA SINICA

主 编 Chief Editor 桂建芳 GUI Jian-Fang

副主编 Associate Editor 解绶启 XIE Shou-Qi

委 员 Members (以姓氏拼音为序)

蔡庆华	CAI Qing-Hua	曹文宣	CAO Wen-Xuan	常剑波	CHANG Jian-Bo
陈家宽	CHEN Jia-Kuan	陈宜瑜	CHEN Yi-Yu	陈毅峰	CHEN Yi-Feng
高坤山	GAO Kun-Shan	何舜平	HE Shun-Ping	洪云汉	HONG Yun-Han
胡征宇	HU Zheng-Yu	李文鑫	LI Wen-Xin	李钟杰	LI Zhong-Jie
林浩然	LIN Hao-Ran	刘建康	LIU Jian-Kang	刘永定	LIU Yong-Ding
麦康森	MAI Kang-Sen	聂 品	NIE Pin	曲久辉	QU Jiu-Hui
宋立荣	SONG Li-Rong	唐启升	TANG Qi-Sheng	王 丁	WANG Ding
吴灶和	WU Zao-He	吴振斌	WU Zhen-Bin	相建海	XIANG Jian-Hai
肖 伟	XIAO Wei	谢 平	XIE Ping	谢小军	XIE Xiao-Jun
熊邦喜	XIONG Bang-Xi	熊思岳	XIONG Si-Yue	徐旭东	XU Xu-Dong
杨先乐	YANG Xian-Le	于 丹	YU Dan	余其兴	YU Qi-Xing
游 力	YOU Li	张奇亚	ZHANG Qi-Ya	朱作言	ZHU Zuo-Yan

Harald Rosenthal (德国)

编辑部 Editorial office 杜新征 DU Xin-Zheng 余 茜 YU Xi 叶文娟 YE Wen-Juan