新质生产力赋能水产种业高质量发展

中国水产学会水产生物技术与遗传育种专业委员会
2024年学术年会

摘

要

集

中国·青岛

2024.11

目录

鲆鲽鱼类生殖细胞发育特征及其精原干细胞移植研究突破 1
半滑舌鳎抗细菌性病害的遗传基础与调控机制解析 2
温度胁迫下鱼类的性腺发育和性别转化：代谢调控和分子机制研究 3
大黄鱼体色性状调控机理与遗传解析 4
鱼类肌肉生长与调控机制 5
大口黑鲈种质资源与品种改良研究进展 6
企鹅珍珠贝黑色素合成机理研究 7
鲍鱼远缘杂种优势利用及杂种优势遗传解析 8
凡纳滨对虾基因组育种技术建立和“广泰 2 号”新品种培育 9
青蟹种间杂交研究进展 10
半滑舌鳎性别生长异形的脑单细胞多组学机制 11
全基因组关联研究（GWAS）和转录组分析揭示了乌鳢（*Channa argus*）的雄性性别决定区和候选基因 12
黄河鲤肌肉细胞系构建及其生物学特征 13
A novel IAG-MAG-VTG pathway regulating ovarian suppression in intersex red claw crayfish (*Cherax quadricarinatus*) 14
罗非鱼性别决定基因拷贝数对性别可塑性的影响 15
曼氏无针乌贼神经肽基因的挖掘及生理功能多效性探究 16
基于 IL-17 信号通路改造和几丁质膜缺失的鱼类肠道功能模型构建及其应用 17
Regulation of growth and development and metabolic adaptation mechanism in skeletal muscle of Chinese perch 18
瘦素调控半滑舌鳎卵生殖机能的分子机制研究 19
暗纹东方鲀在急性低氧胁迫下鳃和肌肉的转录组分析 20
牙鲆肠道 circRNA/lncRNA-miRNA-mRNA 调控网络的构建及其对肠道炎症反应调控作用 21
Nanog 基因对生殖干细胞发育分化的作用机制 22
The mechanisms whereby *nanog* gene regulates the development and differentiation of germ stem cells in aquatic animals 23
Ultra-low temperature cryopreservation and -80℃ storage of sperm from normal-male and pseudo-male *Siniperca chuatsi* 24
急性氨氮胁迫对乌苏里拟鲿（*Pseudobagrus ussuriensis*）精巢组织的影响 25
基于银鲳基因组揭示银鲳对水母的摄食偏好性及水母毒素的解毒机制 26

Noxo1a 通过调节 $O_2^{\bullet-}$产生调控鱼类抗寒的分子机制研究 27
半滑舌鳎响应鳗弧菌侵染的可变剪接调控 28
表观遗传修饰在牙鲆（*Paralichthys olivaceus*）雌雄性腺及分化中的作用研究..... 29
Differential activation of six galanin receptors by the spexin peptide in yellowtail kingfish (*Seriola lalandi*)..... 30
Proteomics and metabolomics analysis of American shad (*Alosa sapidissima*) liver responses to heat stress 31
Endocytosis of microbial pathogens by crustacean hemocytes is enhanced by mannose-modified hemocyanin 32
Effects of *Ulva prolifera* degradation on growth performance and antioxidant capacity of Japanese flounder (*Paralichthys olivaceus*) family..... 33
狭孔金线鲃种质资源收集与遗传评价 34
红鳍东方鲀生长性状的遗传力估计、*GHR*2 基因 SNPs 的筛选与分析 35
蓝色草金鱼新品系“北京蓝”的创制及其体色变化机制解析..... 36
长体鳜全基因组组装和分类地位的确证 37
渤海三疣梭子蟹（*Portunus trituberculatus*）分子标记辅助育种技术开发利用 38
大黄鱼多组学数据库构建及在遗传和育种中应用 39
Hemocyanin targets stress-induced damaged mitochondria to modulate mitophagy 40
Integrated time-series transcriptome and metabolomics reveal key metabolites and signaling pathways in the liver and spleen of American bullfrogs (*Aquarana catesbeiana*) involved in the response mechanism to *Elizabethkingia miricola* infection 41
Analysis of the molecular mechanisms involved in the regulation of carotenoid metabolism in koi carp (*Kohaku*) by *β*-carotene degradation genes 42
The co-administration of aromatase inhibitor/estradiol leads to male fate in the protogynous orange-spotted grouper, *Epinephelus coioides* 43
Grass carp (Ctenopharyngodon Idella) E3 ubiquitin ligase DTX4 regulates IFN antiviral response negatively by targeting IRF3/7 44
The mechanical force from the flowing water stimulates the melanophores formation in reared Japanese flounder *Paralichthys olivaceus* 45
Establishment and characterization of a gill cell line from Takifugu obscurus and transcriptome analysis of its gene expression profiles upon low temperature 46
Investigating transcriptomics and metabolomics differences offers insights into the mechanisms of muscular fat deposition in common carp (*Cyprinus carpio*)..... 47
银鲳低温适应分子机制研究 48
兰州鲇性别决定机制及性染色体的演化历程解析 49

乌鳢基因组图谱构建及重要经济性状解析 50
罗非鱼种间抗寒能力差异的遗传机制研究 51
不同凡纳滨对虾家系对低鱼粉高豆粕饲料的适应性研究 52
基于转录组和代谢组解析大口黑鲈饲料转化效率的调控机制 53
基于多组学分析揭示南方碱蓬耐盐机制 54
转录组和 BSA-seq 联合分析筛选大黄鱼（*Larimichthys crocea*）内脏白点病抗性相关基因研究 55
高 $NaHCO_3$ 碱度胁迫对淇河鲫生理、组织形态和转录组的影响 56
典型生境甲壳动物 Elovl6 基因在 LC-PUFA 合成中的功能及其转录调控机制研究 57
CRISPR/Cas9-mediated myostatin disruption elevates the expression of genes associated with myofiber composition and growth in *Exopalaemon carinicauda* 58
白斑狗鱼 *zpax4* 基因克隆、表达分析及基因敲除模型建立 59
基因组选择育种技术在小黄鱼生长和抗病性状遗传改良中的应用研究 60
鲟鱼基因组选择方法开发与优化策略研究 61
全雄马口鱼育种技术体系初步构建 62
大黄鱼（*Larimichthys crocea*）精原干细胞鉴定及移植研究 63
Deep learning for genomic selection of aquatic animals: A review 64
Developed oocytes generated completely *in vitro* from a novel established oogonial stem cell line of sterlet *Acipenser ruthenus* 65
中华鲟保护技术创新：借腹生殖获得中华鲟精子 66
凡纳滨对虾抗 AHPND 性状的全基因组关联分析 67
The compacted genome structure of *Caulerpa lentillifera* 68
Development and validation of a 40 K liquid SNP array for the mud crab (*Scylla paramamosain*) 69
斑节对虾早期发育转录谱及性别分化相关基因功能探究 70
Transcriptome of Early Development and Functional Study of Sex Differention Gene in Sex Differentiation of *Penaeus monondon* 71
施氏鲟精子超低温冷冻损伤机制的探究 72
The study on sperm cryoinjury in *Acipenser schrenckii* 73
红鳍东方鲀端粒到端粒（T2T）基因组组装 74
Genome wide association analysis reveals the genetic sites of heat resistance in largemouth bass (*Micropterus salmoides*) 75
Application of machine learning-based phenome selection for the selection of nutritional quality traits in freshwater fishes 76
大口黑鲈抗蛙虹彩病毒全基因组关联分析及其在抗病选育中的应用 77

Leptins regulate the migration, proliferation, apoptosis, and synthesis of sexual steroid in tongue sole (*Cynoglossus semilaevis*) ovarian cells 78
鲟鱼基因组选择方法开发与优化策略研究 79
Developed oocytes generated completely *in vitro* from a novel established oogonial stem cell line of sterlet *Acipenser ruthenus* 80
超雄大口黑鲈创制及全雄苗种规模化繁育 81
全基因组关联分析揭示大口黑鲈耐高温遗传位点 82
Genome wide association analysis reveals the genetic sites of heat resistance in largemouth bass (*Micropterus salmoides*) 83
Investigating transcriptomics and metabolomics differences offers insights into the mechanisms of muscular fat deposition in common carp (Cyprinus carpio) 84
基于机器学习的表型组选择在淡水鱼类营养品质性状选育上的应用 85
Application of machine learning-based phenome selection for the selection of nutritional quality traits in freshwater fishes 86
赤眼鳟 *vasa* 基因的克隆、表达特征分析及分子标记开发 87
海参纤维蛋白原相关蛋白(FREP)的进化动力学和功能多样性：综合基因组分析的见解 88
Evolutionary Dynamics and Functional Diversity of FREP in Holothuroidea: Insights from Comprehensive Genomic Analysis 89
半滑舌鳎 (*Cynoglossus semilaevis*) 抗内脏结节病遗传基础及基因组选择育种 90
基于转录组学和生化参数分析揭示虹鳟对低氧胁迫适应机制的研究 91
应用深度学习算法对皱纹盘鲍足肌中的类胡萝卜素含量进行快速无损估计 92
Potential roles of lipases and antioxidases on longevity under nutrient restriction in two *Argopecten* scallops with distinct lifespans 93
Genome sequencing reveals population structure and local adaptation of two ecotypes of *Coilia nasus* 94
Evolutionary divergence of subgenomes in common carp provides insights into speciation and allopolyploid success 95
银鲳对美人鱼发光杆菌的免疫响应及其免疫逃逸机理的初步探究 96
Transposon-related structural variations provide new insights into the hybrid compatibility in *Megalobrama amblycephala* × *Culter alburnus* 97
脂多糖刺激下栉孔扇贝外泌体对先天免疫的调控作用 98
Deciphering the molecular mechanism of heat tolerance trait in spotted sea bass (*Lateolabrax maculatus*) 99
The HMGBa-HSP70-ATF4-β axis restricts white spot syndrome virus infection in crayfish

..... 100
三种饵料生物对线纹海马早期生长与肠道结构的影响研究 101
Establishment and population genetic analysis of SNP fingerprinting of Chinese soft-shelled turtle (*Pelodiscus sinensis*) 102
Ferroptosis triggers C16 ceramide to enhance shrimp resistance against *V. parahaemolyticus* 103
Exploring of candidate genes related to visceral white-nodules disease resistance in *Larimichthys polyactis* 104
Molecular and Functional Characterization of α Chain of Interleukin-15 Receptor (*IL-15Rα*) in Orange-Spotted Grouper (*Epinephelus coioides*) in Response to *Vibrio harveyi* Challenge 106
LncRNA SARL/miR-205-z/*SOCS3* 信号轴通过负调控虹鳟免疫应答促进 IHNV 复制 107
单细胞转录组鉴定侏儒蛤原始生殖细胞并筛选其发生的关键调控基因 108
银鲳性别分化过程中幼年雌雄同体的发生及分子机制 109
The occurrence of juvenile hermaphroditism and its molecular mechanisms in the process of sex differentiation in silver pomfret 110
Identification and functional analysis of *fruitless1* gene in the mud crab *Scylla paramamosain* 111
花鲈抗鳜诺卡氏菌性状的基因组选择育种与分子机制研究 112
单环刺螠生长及五种抗逆性状的遗传参数估计 113
Genetic mechanism analysis related to cold tolerance of red swamp crayfish, *Procambarus clarkii* 114
测鱼宝：一种智能标准化测量鱼类体型指标与 PIT 记录系统 115
可变剪切和 WGCNA 联合分析发掘罗非鱼(*Oreochromis niloticus*)高温和低氧耐受关键基因 116
Alternative splicing and weight gene co-expression network reveal genes associated with temperature tolerance and hypoxia stress in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) 117
基于单细胞转录组图谱解析孔雀鱼受精前后卵巢基质细胞异质性 118
基于全基因组重测序的拟穴青蟹基因型填充准确性研究 119
Trace metal(loid)s contamination and their effects on lipid Composition in mud crab from Guangdong Province of China: A lipidomic approach 120
斑马鱼 *zpax4* 基因表达、定位分析及功能初探 121
半滑舌鳎 NPFF/NPFFR 系统鉴定、生殖生理功能及其作用机制研究 122
基于全基因组关联分析鉴定胡子鲇性别决定位点及其性别连锁分子标记的开发 123

基于比较基因组学鉴定拟穴青蟹性别决定区与性别决定重要候选基因 124
杂交河鲀（*Takifugu obscurus* ♀ × *Takifugu rubripes* ♂）生长及性别性状关联分析 125
金钱鱼响应急性碱胁迫的生理反应及其分子适应机制探究 126
Effect of temperature on steroidogenic gene expression during early gonadal differentiation in obscure puffer (*Takifugu obscurus*) 127
长期高温驯化下胡子鲇生理适应性与耐热性分子机制探究 128
流速对草鱼卵巢发育的影响 129
长期高温胁迫对菲律宾蛤仔莱州群体代谢及分子机制的研究 130
SREBP1/SCD/MUFA 信号轴介导的脂质重塑在拟穴青蟹响应低温胁迫中的作用机制研究 131
Hemocyanin restricts *Vibrio parahaemolyticus* infection via phenylalanine-tyrosine metabolism in *Penaeus vannamei* 132
Study on the molecular mechanism of SREBP1 regulate the gene expression of Elovl6 to participate in the LC-PUFA biosynthesis in *Scylla paramamosain* 133
Whole-genome resequencing provides insights into the genetic diversity and runs of homozygosity for mud crab (*Scylla paramamosain*) 134
Genome-wide QTL mapping and RNA-seq reveal genetic mechanisms behind discrepant growth traits in Pacific whiteleg shrimp, *Litopenaeus vannamei*..... 135
Transposable elements in crustaceans: diversity and genomic impact..... 136
西藏特有鱼类黑斑原鮡不同组织微生物群落特征及致病性研究 137
高原环境下不同养殖密度对三倍体虹鳟苗种生长性能及肠道健康 138
The effects of different aquaculture densities on the growth performance and intestinal health of *triploid rainbow trout* seedlings in high-altitude environments..... 139
大黄鱼（*Larimichthys crocea*）生精细胞的鉴定及周期性特征分析 140
小黄鱼抗内脏白点病相关位点的 QTL 定位及候选基因分析 141
Circtefb 及其母基因在牙鲆肌肉发育过程中的调控机制研究 142
投喂南极磷虾对红螯螯虾幼虾生长、生理生化、免疫及肠道菌群结构的影响 143
基于代谢组解析四指马鲛在低温胁迫下的适应机制 144
A comparative transcriptome analysis reveals the effects of letrozole and 17α-methyltestosterone on the expression of reproductive-related genes in golden pompano (*Trachinotus ovatus*) 145
基于深度学习与双目结构光三维重建的鲤鱼外形指标测量 146
人工诱导雌核发育红白锦鲤（*Cyprinus carpio* var. *koi*）的鉴定与分析 147
雌激素诱导翘嘴鳜（*Siniperca chuatsi*）雌性化的研究与应用 148
鳙体型差异个体转录组与 miRNA 的联合分析 149

大黄鱼自噬相关基因 ATG1 的序列分析及低温胁迫下组织表达分析 150
Sequence analysis of autophagy-related gene ATG1 and tissue expression analysis under low temperature stress in *Larimichthys crocea* 151
大口黑鲈高温耐受能力的遗传调控机制研究 152
无磷罗非鱼的创制 153
全基因组关联分析改善斑鳢 (*Channa maculata*) 生长性状基因组选择的潜力 154
Comparative analysis of the intestinal flora of *Siniperca chuatsi* at different growth stages under three feeding practices 155
罗非鱼性腺中性别二态性表达 CircRNA 的筛选和鉴定 156
半滑舌鳎组蛋白在精子发生中的功能研究 157
Nuclear Progestin Receptor is Essential for Female Fertility by Mediating Hif Signaling Pathway Nile tilapia (Ctenopharyngodon idellus) 158
Multi-omics reveals *Leiocassis longirostris* testis developmental dynamics 159
AMPD1 Regulates IMP Synthesis in Muscle of Hybrid Bream and its SNPs Associated with IMP Content 160
斑马鱼嗅觉受体基因 *ORA4* 在繁殖中的作用研究 161
UBX 调控 *Antp* 在拟穴青蟹幼体腹肢发育中作用机制研究 162
四种饲料对可口革囊星虫（*Phascolosoma esculenta*）生长、营养组成的影响研究... 163
四种饲料对可口革囊星虫（*Phascolosoma esculenta*）稚虫生长及代谢的影响 164
Hormonal regulation and environmental influences on ovarian development in crustaceans 165
OXCT1 基因在鱼类抗寒中的功能研究 166
基于转录组学和代谢组学探讨京尼平苷对红鳍东方鲀肝脏脂肪沉积作用的调控机制 167
Structure and function of vasa gene in gonad gametogenesis of Pacific abalone 168
Hemocyanin-dependent redox modulation shapes shrimp immune defense and *Vibrio* dynamics 169
Study on the mechanism of miR-1317 mediated *Abd-A* gene in regulating the growth of abdominal limbs of mud crab larva (*Scylla paramamosain*) 170
Multi-omics study of sex in greater amberjack (*Seriola dumerili*): identifying related genes, analyzing sex-biased expression, and developing sex-specific markers 171
高温应激对小黄鱼细胞凋亡相关基因的影响 172
Functions of two spliceosomes of the sex-determination gene *Dmrta2* during testis development of the mud crab *Scylla paramamosain* 173
鄱阳湖刀鲚与短颌鲚天然杂交体发现及生境履历分析 174

adcy5 突变影响罗非鱼色素合成、吸收及色素体运输 175
小黄鱼肝脏响应盐度胁迫的转录组比较分析 176
RNA 结合蛋白 Rbm46 在促进尼罗罗非鱼减数分裂起始中的功能与机制研究 177
酪氨酸酶基因家族调控豹纹鳃棘鲈黑色素形成的功能机制研究 178
IGF2 调控豹纹鳃棘鲈肌肉生长的功能及分子机制解析 179
17α-甲基睾酮诱导的罗氏沼虾性腺发育及肠道微生物分析 180
Effects of 17α-methyltestosterone on growth, sex differentiation, gonadal development and intestinal microbiome of *Macrobrachium rosenbergii* 181
卵形鲳鲹促性腺激素 β 亚基的克隆鉴定及其受雌二醇的调控 182
Effects of *Bacillus coagulans* on growth performance, digestive enzyme activity and intestinal flora of the juvenile fourfinger threadfin (*Eleutheronema tetradactylum*) 183
中华鳖 T2T 基因组研究 184
半滑舌鳎神经营养因子受体酪氨酸激酶 NTRK 家族及其配体基因的鉴定和表达模式分析 185
鱼类鳞片发育调控基因的筛选与功能研究 186
环境盐度对拟穴青蟹长链多不饱和脂肪酸合成的影响 187
膳食磷虾对豹纹鳃棘鲈体色的影响及调控机制解析 188
草甘膦暴露导致克氏原螯虾缺氧的分子机制研究 189
菲律宾蛤仔抗弧菌耐受性的转录组分析 190
Comprehensive analysis of pathology and miRNA-mRNA regulatory networks in the potential role of Ruditapes philippinarum against Vibrio anguillarum 191
Molecular Cloning of *LCP1* in Nile Tilapia (*Oreochromis niloticus*) and immune response against *Streptococcus agalactiae* stimulus 192
传统池塘与室内工厂化循环水养殖系统对 3-13 月龄大口黑鲈肌肉营养品质的影响. 193
半滑舌鳎等生殖干细胞分化调控机制及移植应用研究 194
大菱鲆 *figla* 基因的克隆及其在卵巢分化和早期发育过程中的表达分析 195
基于 BSA 全基因组重测序挖掘黄河鲤红体色性状相关候选基因 196
九肋鳖多脊椎性状形成分子机制解析 197
无磷罗非鱼的创制 198
利用微卫星标记和 *Cytb* 基因分析大鳍鳠的遗传结构 199
半滑舌鳎 NPFF/NPFFR 系统鉴定、生殖生理功能及其作用机制研究 200
Genetic analysis of global Atlantic salmon populations and development of a haplotype reference panel for genotype imputation 201
Genetic basis analysis and genome prediction of swimming performance traits in juvenile spotted sea bass (*Lateolabrax maculatus*) 202

Genome-wide identification of GH/PRL/SL family and their receptors 203
Dynamic changes in pigmentation-related gene expression during morphogenesis in *Plectropomus leopardus* revealed by comparative transcriptome analysis 204
Genetic insights into hypoxia tolerance in silver sillago (*Sillago sihama*) through QTL mapping and SNP association analysis 205
Decoding the role of *HIF-1α* in immunoregulation in *Litopenaeus vannamei* under hypoxic stress 206
Characterization and Phylogenetic Analysis of the Complete Mitochondrial Genome of Triplophysa microphthalma 207
Activation of mTORC1 signaling pathway by *SLC7A5* promotes the limb regeneration process of Chinese mitten crab, *Eriocheir sinensis* 208
中华绒螯蟹壳色色泽与内在品质以及 SNP 位点的关联分析 209
基于转录组分析的四指马鲛免疫应答机制初探 210
基于全基因组测序的四指马鲛基因组注释和系统发育分析 211
内皮素受体编码基因 *ednrb1a* 和 *ednrb2* 突变导致尼罗罗非鱼虹彩细胞缺失及黑/黄色素细胞数量减少 212
多营养层级综合养殖模式的应用现状及展望 213
热激转录因子 *hsf* 在半滑舌鳎性别分化中的功能研究 214
Study on the function of heat shock transcription factor *hsf* in sex differentiation of *Cynoglossus semilaevis* 215
凡纳滨对虾耐缺氧性状 QTL 定位及其候选基因的筛选 216
墨西哥湾扇贝与紫扇贝种间杂交后代杂种优势、遗传多样性和生育力的研究 217
Heterosis, genetic diversity and fertility of reciprocal hybrids between *Argopecten irradians concentricus* and *A. purpuratus* 218
基于转录组学和代谢组学联合解析豆粕干预下凡纳滨对虾肌肉生长发育的分子调控机制 219

鲆鲽鱼类生殖细胞发育特征及其精原干细胞移植研究突破

刘清华

1.中国科学院海洋研究所 中国科学院实验海洋生物学重点实验室, 山东 青岛 266071

2.水产品种质创制与高效养殖重点实验室，山东，青岛，266071

3.青岛海洋科学与技术试点国家实验室，山东青岛 266237；

摘要：鱼类生殖干细胞移植技术在种质资源保存、珍稀濒危物种繁育和细胞育种等方面具有巨大的潜力。在本研究中我们对鲆鲽鱼类，大菱鲆（菱鲆科）、牙鲆、大西洋牙鲆（牙鲆属））精原干细胞在科间、种间以及种内移植进行了系统的探索。从冷冻保存的牙鲆、大西洋牙鲆、大菱鲆整个精巢中分离纯化精原干细胞，荧光活体标记后移植到牙鲆三倍体仔鱼腹腔。荧光跟踪发现标记的供体细胞在移植后14天基本都迁移到了原始生殖嵴，并在50dpt整合到原始性腺；通过组织学鉴定显示在大菱鲆-牙鲆科间移植，在移植的受体中鉴定到了雄性或兼性嵌合体；通过原位杂交和免疫组化证明了嵌合体除了含有牙鲆早期的卵母细胞和雄性生殖细胞外，还含有大菱鲆精原和精母细胞；经过2-3年培育以及性腺发育成熟诱导，成功获得精液。通过电镜观察、qPCR、人工授精实验等进一步鉴定，获得了供体来源精子及并具备受精能力，嵌合体精液与大菱鲆卵子人工授精，获得大菱鲆的子代；对大西洋牙鲆-牙鲆和牙鲆-牙鲆移植后的嵌合体采集精液进行人工受精，受精率和孵化率与对照组差异不显著。

该研究实现了鲆鲽鱼类精原干细胞移植技术的突破。在同种异体以及种间移植获得嵌合体可正常发育成熟产生供体来源的功能正常的精子，其受精率和孵化率与对照差异不显著；并且首次在海水鱼类科间水平上上实现了精原干细胞移植，并且产生了供体来源的功能性精子，人工授精可获得子代。该技术的突破为珍稀濒危物种种质资源的保护以及干细胞育种技术在水产育种中的应用奠定了基础。

关键词：鲆鲽类、生殖细胞、精原干细胞、生殖干细胞移植

资助项目：国家自然基金；国家重点研发项目；山东省重点基金

*通讯作者，刘清华，研究员，主要从事海水鱼类繁殖发育与种质资源保存

E-mail:qinghualiu@qdio.ac.cn

半滑舌鳎抗细菌性病害的遗传基础与调控机制解析

沙珍霞[1,3*]，畅孟阳[1]，王宁宁[1]，谭苏旭[1]，史鲲鹏[1]，杨英明[2]，李仰真[2]，陈松林[2,3*]

1. 青岛大学生命科学学院，山东青岛 266071；
2. 中国水产科学研究院黄海水产研究所，山东青岛 266071；
3. 青岛海洋科学与技术试点国家实验室，山东青岛 266237；

摘要：近年来频发的细菌性病害如由海洋分枝杆菌（*Mycobacterium marinum*）造成的内脏结节病和鳗弧菌（*Vibrio anguillarum*）导致的弧菌病对海水鱼类产业造成了极大影响，深入解析抗病性状的遗传基础与调控机制对水产养殖业的可持续发展具有重要意义。我们以半滑舌鳎（*Cynoglossus semilaevis*）为研究对象，首先利用全基因组关联分析（GWAS）发现了 7 个抗内脏结节病相关的 SNP 位点，并注释到 *nfkbiab*、*tlr5*、*rela* 等 98 个抗病候选基因。通过群体 KASP 基因分型技术创制了 1 种组合分子标记，可用于半滑舌鳎抗病新品系选育。进一步，开展了基因组选择（GS）育种工作，使用计算出的最优 GS 策略（GBLUP，40K SNP 密度）计算各候选群体的基因组育种估计值并进行感染实验，结果显示 GEBV 排名前 10%的候选群体后代的抗病能力显著提高，死亡率相比对照组降低 15.2%，表明基因组选择育种的有效性。在调控机制解析方面，我们深入解析了蛋白酪氨酸磷酸酶 SHP-1 在个体和细胞水平的调控功能和机制。SHP-1 过表达显著降低了鳗弧菌感染后的死亡率，缓解了肝脏等组织的病理损伤，而抑制其表达则出现相反结果。在细胞水平上，SHP-1 过表达降低了巨噬细胞 M1 极化、吞噬和氧化应激水平，而 SHP-1 沉默则表现出相反的结果。SHP-1 抑制 TLR5-MYD88-NFκB 轴的激活/转导以及促炎细胞因子的分泌，进一步的机制研究表明，SHP-1 通过与 NFκB1 相互作用抑制其磷酸化和核转位，抑制 NFκB 信号传导从而控制鳗弧菌和脂多糖（LPS）引起的过度炎症和免疫反应。此外，我们还揭示了可变剪接和 N6-腺苷酸甲基化（m6A）等转录后调控机制在鳗弧菌感染后半滑舌鳎免疫调控中的重要性，发现了关键候选基因和调控通路。综上，我们系统研究了半滑舌鳎抗细菌病的遗传基础与调控机制，为控制水产细菌性病害提供了新的见解，为水产养殖业的健康可持续发展提供了重要资源和理论依据。

关键词：半滑舌鳎；细菌性病害；基因组选择育种；SHP-1；可变剪接；m6A

资助项目：国家重点研发计划（2022YFD2400401，2022YFD2400405）；山东省重点研发计划（2021LZGC028）；山东省院士专项（2023ZLYS02）；山东省自然科学基金青年基金（ZR2023QC259）

*通讯作者，沙珍霞，博士，教授，主要从事研究方向为水产生物技术与遗传育种、水生生物资源利用。E-mail: shazhenxia@163.com；陈松林，中国工程院院士，研究员，主要从事研究方向为水产生物技术与遗传育种。E-mail: chensl@ysfri.ac.cn

温度胁迫下鱼类的性腺发育和性别转化：代谢调控和分子机制研究

陈良标，鲁纪纲，李文豪

上海海洋大学水产种质资源发掘和利用教育部重点实验室

上海海洋大学水产生物育种中心

摘要：鱼类在适当的温度下才能启动卵子的成熟和正常繁殖。在很多鱼类中温度还能影响个体的性别分化。本实验室以斑马鱼为对象，研究了低温压力下卵子发育的代谢组学和转录组学的变化，鉴定出一条由胆汁酸介导的卵巢败育的信号传导的途径。本实验室以罗非鱼为研究对象，通过多组学联合分析，揭示其在高温雄性化的过程中表观遗传变化的规律以及对应的关键表观修饰酶。发现高温控制组氨酸去甲基化酶 kdm6bb mRNA 的剪切模式，改变其入核的潜能，从而改变性别分化途径的分子机制, 是对早些时候发表的高温导致罗非鱼雄性化分子机制的修正。

关键词: 鱼类，温度，性别分化，代谢组学，表观遗传

资助项目：(32130109)
*通讯作者，陈良标，教授，主要从事水产生物技术与遗传育种
E-mail: lbchen@shou.edu.cn

大黄鱼体色性状调控机理与遗传解析

陈仕玺*，黄晶

集美大学，福建厦门 361021；

摘要：大黄鱼（*Larimichthys crocea*）是我国重要的海水经济鱼类。大黄鱼的金黄体色已经成为其重要的经济性状，与其价格密切相关。本研究围绕其体色性状调控机理与遗传机制开展研究，取得以下重要成果：（1）揭示了大黄鱼“避光变黄，见光变白”的变色之谜，丰富了动物变色模式及机理；（2）解析了胡萝卜素积累的遗传机制，为新品种的培育提供了重要基因资源；（3）发现并初步探究了大黄鱼生物发光机理。研究成果不仅可丰富对水生动物体色变化的适应性机制的认识，也能为大黄鱼优良体色育种提供重要的基因资源。同时，基于上述基础研究成果所研发的大黄鱼夜晚捕捞照明设备，解决了产业上夜晚摸黑捕捞这一难题，取得了良好的社会和经济效益。

关键词: 大黄鱼；体色

资助项目：国家自然科学基金(U22A20528)；国家重点研发计划(2022YFD2401000)；

*通讯作者，陈仕玺，教授，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail: chenshixi@jmu.edu.cn

鱼类肌肉生长与调控机制

徐穗锋[1]，连伟澎[1]，石军[1,2*]

1. 华南农业大学，海洋学院，广东 广州 510642；

2. 岭南现代农业科学与技术广东省实验室，广东广州 510642

摘要：鱼类是人类获取动物蛋白的重要来源，其主要可食用部分为肌肉组织。鱼类水产养殖的本质即通过适宜的养殖条件和技术，促使鱼类肌纤维快速增殖和迅速肥大，达到肌肉快速生长、提高养殖生产效益目的。从发育生物学的角度，鱼类肌肉生长的实质为肌纤维增殖和肌纤维增粗，即肌细胞不断融合形成更粗更大肌管的过程；肌管进一步分化、组装并表达一类肌肉特异性蛋白，最终形成两种不同类型的肌纤维：白色肌肉 (快肌) 和红色肌肉 (慢肌) 组织。单核肌细胞形成多核肌纤维的过程与肌细胞融合基因 *mymk* 和 *mymx* 密不可分；两者任何一个缺失，都会造成严重的肌细胞融合缺陷，肌肉生长受阻。我们重点解析了肌细胞融合（生长）的：关键基因 (*mymk* 和 *mymx*) 、关键转录调控元件以及肌细胞融合决定因素等。以上研究有助于全面了解鱼类肌肉生长和发育的调控规律，对于促进养殖鱼类快速生长，提高经济效益有着重要应用指导意义。

关键词: 肌细胞生长，细胞融合，*mymk*，*mymx*

资助项目：国家重点研发计划 (2023YFD240203)；农业生物育种重大项目 (2023ZD04054)

*通讯作者，石军，教授，主要从事水产动物肌肉生长与遗传育种

E-mail: jshi@scau.edu.

大口黑鲈种质资源与品种改良研究进展

高风英[1, 2]，孙成飞[1, 2]，董浚键[1, 2]，张赫桐[1, 2]，张媛媛[1, 2]，叶星[1, 2*]

1. 中国水产科学研究院珠江水产研究所，广东广州 510380；
2. 农业农村部热带亚热带渔业资源利用与养殖重点实验室，广东广州 510380

摘要：本文研究了大口黑鲈种质资源遗传多样性，完成对我国多个大口黑鲈养殖种群、美国引进种群和台湾种群的种质评估，并对种质资源进行了较为全面的调查，完成了调查报告；构建了大口黑鲈首张染色体水平基因组图谱，并揭示了大口黑鲈淡水与咸淡水适应的分子遗传机制；研究了大口黑鲈遗传选育对基因组层面的影响研究及生长相关 SNP 位点筛选；研究了大口黑鲈“加得丰 1 号”生长和体型性状相关的 SNP 位点及相关基因；研究了大口黑鲈抗病性状的 SNP 位点及 QTL；开展了大口黑鲈和蓝鳃太阳鱼远缘杂交研究；开展了开口摄食与转食人工配合饲料期消化系统发育特征研究；大口黑鲈性控育种与性别调控机制研究：开展大口黑鲈性别决定、性别分化机制研究，发现大口黑鲈 Dmrt1 雌雄表达的二态性；大口黑鲈等鱼类 dmrts 基因家族的比较基因组学分析以及应用研究大口黑鲈“加得丰”新品系的培育研究。

关键词：大口黑鲈；种质资源；遗传连锁图谱；抗病相关 SNP 位点；性别调控

资助项目：中国水产科学研究院基本科研业务费资助（2023TD95），现代农业产业技术体系专项资金(CARS-46)

*通讯作者，叶星，研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail: gzyexing@163.com

企鹅珍珠贝黑色素合成机理研究

于非非

广东海洋大学，湛江，524088

摘要：企鹅珍珠贝（*Pteria penguin*）是培育优质海水珍珠的理想母贝，其黑色素含量对珍珠质色泽起决定作用。但贝类黑色素合成机理研究不足，不利于色泽调控和良种选育。课题组建立了深黑和灰白企鹅珍珠贝群体的转录组文库，筛选到*Tyr*、*Mitf*、*Creb2*、*Sox9*、*Pax3*、*Wnt*、*PKA*、*Dce*、*TCF*和*CBP*等黑色素合成基因的差异表达；利用RNA干扰技术，结合荧光定量、酶活分析和质谱色谱分析，从转录、酶活和黑色素含量三个方面验证了*Tyr*、*Mitf*和*Creb2*等多个基因的功能；进而通过启动子分析和双荧光素酶活性分析，解析了转录因子*Creb2*、*Mitf*和*Tyr*等基因的调控关系。从而建立了珍珠贝黑色素合成信号通路，揭示了贝类与脊椎动物黑色素合成机理的不同。本研究深化了贝类色泽形成理论研究，为培育稀有色泽珍珠贝新品种奠定了基础。

关键词：黑色素，企鹅珍珠贝，*Tyr*，*Mitf*，*Creb2*

作者简介：于非非，女，博士，教授，研究方向:贝类遗传育种， email: yufeifei2000@163.com

鲍鱼远缘杂种优势利用及杂种优势遗传解析

柯才焕[1,2*] 王怡[1,2] 肖起珍[1] 周明灿[1,2] 游伟伟[1,2] 骆轩[1,2]

1. 厦门大学海洋与地球学院，福建厦门 361102；

2. 海水养殖生物育种全国重点实验室，福建厦门 361102

摘要：本文介绍了远缘杂交种绿盘鲍和西盘鲍的性状优势及推广应用，以此为基础进一步对远缘杂交种进行拓展利用，解析种间杂种优势形成的遗传机制。一是研究了绿盘鲍三倍体（异源三倍体）的诱导方法和进行性状测评。利用化学诱导法，获得了异源三倍体近 100%倍化率的诱导条件，性状测评结果发现绿盘鲍三倍体的生长和足肌出肉率比对照组明显提高，具有较大的应用潜力。二是开展种间三元杂交研究。发现绿盘鲍与西氏鲍三元杂交的正反交的受精率都比较低，但能培育出杂交种；养殖比较实验结果发现三元杂交种的生长表现出中亲杂种优势，且种群体内个体分化明显，大个体和小个体比例均较高，为进一步选育提供了素材；正反交也都表现出耐高温中亲杂种优势，但耐低氧的杂种优势率为负值。三是开展远缘杂种优势遗传基础研究。组装了绿盘鲍和西盘鲍的单倍型基因组，以此为基础探究了绿盘鲍异源染色体重组后基因组 SNPs 和 InDels 的重组规律，发现绿盘鲍基因组的 SNPs 和 InDels 存在多态性、变异性和母本偏向性，推测与杂种优势形成有关；开展基于基因结构变异的耐高温性状全基因组关联分析及相关功能基因分析，发现耐高温相关基因的结构变异与杂种优势相关联。

关键词：种间杂交；三元杂交；三倍体；性状；杂种优势

资助项目：国家自然科学基金(32172961，32403007)；现代农业产业技术体系建设专项资金(CARS-49)；国家重点基础研究发展计划（2018YFD0901400）

*通讯作者，柯才焕，教授，主要从事贝类遗传育种研究

E-mail: chke@xmu.edu.cn

凡纳滨对虾基因组育种技术建立和“广泰 2 号”新品种培育

于洋[1]，鲍镇宁[1,2]，张晓军[1]，相建海[1,] 李富花[1,2*]

1. 中国科学院海洋研究所，山东省青岛市 266071

2. 中国科学院大学，北京市 100049

摘要：凡纳滨对虾养殖产业近年来饱受病害影响，其中由带 PirA/PirB 毒素质粒的副溶血弧菌引起的急性肝胰腺坏死综合症（AHPND）给对虾产业造成巨大损失。培育抗病品种是解决产业病害问题的重要途径，然后抗病性状选育准确率低，育种进展缓慢。全基因组育种等分子育种技术具有育种准确率高、遗传进展快的特点，尤其适合抗病以及品质等性状的选育。本研究构建了高通量表型测定-基因分型-育种决策的整套全基因组育种技术流程，为对虾抗病品种的高效培育提供了技术支撑。研究建立了凡纳滨对虾高、中、低密度系列 SNP 芯片，为全基因组选择提供了可靠分型工具；系统分析了对虾等水产动物全基因组育种的影响因素，确定了最佳全基因组育种标记密度；针对对虾基因组育种成本高的问题，提出并建立了基于 GWAS 标记的 GS 分析策略，并建立了机器学习的全基因组预测方法，显著提高了全基因组育种准确率。利用建立的全基因组育种技术，结合建立的抗 AHPND 性状标准化测试技术，历经 6 年选育培育出抗弧菌能力强、养殖成活率高的“广泰 2 号”新品种，该品种抗弧菌能力提高 33%以上，养殖成活率提高 20%以上。研究建立的全基因组育种技术为对虾高产、抗病、优质品种的培育奠定了技术基础，培育的抗病品种对推动对虾产业健康发展提供了良种支撑。

关键词: 凡纳滨对虾；全基因组育种；抗 AHPND 性状；广泰 2 号

资助项目：国家重点研发计划（2022YFD2400203）、中国科学院战略性先导科技专项（XDA24030105）、CARS-48 专项资金和泰山学者计划。

*通讯作者，李富花，博士，研究员，博导；主要从事甲壳动物遗传与免疫

E-mail: fhli@qdio.ac.cn

青蟹种间杂交研究进展

马洪雨*

汕头大学海洋生物研究所，汕头 515063

摘要：杂交育种是行之有效的育种技术之一，常被用于创制新种制，改良动植物性状。为探索青蟹杂交育种技术方法，解析杂交种的生物学特征和分子遗传学基础，本团队首先突破了青蟹种间生殖隔离，建立了种间杂交技术，获得了两种杂交组合（拟穴青蟹♀×锯缘青蟹♂；拟穴青蟹♂×锯缘青蟹♀），并在广东汕头、潮州、汕尾、阳江及福建漳州等地进行养殖示范。比较分析了杂交青蟹与双亲群体在胚胎发育、生长速度和抗副溶血弧菌等方面的差异，结果表明杂交青蟹均具有显著优势。为解析杂种优势的分子基础，绘制了高质量染色体级别基因组图谱和遗传连锁图谱，通过比较基因组学和 QTL 定位方法分析鉴定了性别连锁群和性染色体，明确了两者之间的线性排布规律。采用微卫星分子标记分析表明杂种青蟹（拟穴青蟹♂×锯缘青蟹♀）的群体遗传多样性高于纯种群体并与父本的亲缘关系较近；线粒体 COI 序列分析发现杂种个体的线粒体基因组具有与母本一致的遗传特征。研究成果为开展甲壳动物遗传育种研究提供了新思路，为培育海洋蟹类优质新品质奠定了理论和实践基础。

关键词：青蟹; 种间杂交; 生长速度; 抗菌能力

资助项目：广东省“特支计划”科技创新领军人才项目（2019TX05N067）；广东省科技创新战略专项项目（STKJ202209029）；广东省乡村振兴战略专项资金种业振兴项目（2022-SPY-00-014）

*通讯作者，马洪雨，男，博士，教授，博士生导师，主要从事海洋动物遗传育种与生物技术研究，Tel: 15917902158，E-mail: mahy@stu.edu.cn.

半滑舌鳎性别生长异形的脑单细胞多组学机制

王娜[1*]，朱颖[2]，李希红[1]，徐文腾[1]，陈张帆[1]，崔忠凯[1]，王佳林[1]，陈松林[1*]

1. 中国水产科学研究院黄海水产研究所，山东青岛 266071；

2. 青岛农业大学，山东青岛 266237；

摘要：性别异形特别是性别生长异形普遍存在于两性动物。近年来证据表明性染色体基因或环境因子等因素首先会引起脑和垂体等上游组织的性别差异，进而导致性别异形。为了研究脑在半滑舌鳎这一重要养殖鱼类的性别生长异形现象中的调控机制，我们利用 Chromium 单细胞多组学 ATAC +基因表达测序技术，绘制了半滑舌鳎雌、雄及伪雄鱼的脑组织的单细胞水平基因表达及染色质可及性图谱，在水产动物中首次实现了对同一细胞的基因表达及染色质开放状态的联合分析。细胞分群及注释发现半滑舌鳎脑组织包括神经元细胞、星形胶质细胞、少突胶质细胞、免疫细胞和红细胞五种细胞类群，其中的放射性胶质细胞被鉴定为神经元及胶质细胞分化的祖细胞。不同性别的表达趋势分析发现雄性脑细胞具有更快的神经传导速度和更强的细胞通讯概率，而雌性脑细胞则分泌更多的神经肽；这表明雄性可能耗费更多能量用于脑神经传导，导致用于个体生长的能量减少，而相反的，雌性则可能通过刺激垂体产生更多生长激素来实现个体快速生长。进一步结合细胞通讯分析，发现不同于哺乳类的 ghrh 基因，半滑舌鳎的 adcyap1b 基因是刺激垂体激素特别是生长激素分泌的关键神经肽，同时，来源于放射性胶质细胞的雌激素也参与这一过程。最后，基因表达和染色质可及性的联合分析揭示上游重要转录因子 SOXs、Neurod1 等可以通过调控特定基因的染色质开放状态调控脑不同细胞类型的分化和发育，其中 SOX5 可调控神经肽特别是 adcyap1b 的性别差异分泌过程。

关键词：半滑舌鳎；性别生长异形；脑；单细胞多组学 ATAC +基因表达；adcyap1b；SOX5

资助项目：国家重点研发计划课题（2022YFF1000303）；国家自然科学基金（32230107）；海水养殖生物育种与可持续产出全国重点实验室开放课题（BRESG202303）；山东省重点研发计划（2021LZGC028, 2023ZLYS02）；泰山学者青年专家项目（tsqn202211266）。

*通讯作者，王娜，研究员，主要从事鱼类细胞种质资源保存应用及功能基因组学研究；陈松林，院士、研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种 E-mail: wangna@ysfri.ac.cn; chensl@ysfri.ac.cn

全基因组关联研究（GWAS）和转录组分析揭示了乌鳢（*Channa argus*）的雄性性别决定区和候选基因

张晋[1]，刘海洋[2]，崔同心[3]，夏威威[1]，罗青[2]，费树站[2]，朱新平[2]，陈昆慈[2]，赵建[1,2,3]，欧密[2,*]

1. 上海海洋大学水产与生命学院，上海，201306;

2.中国水产科学研究院珠江水产研究所，广东广州，510380；

3. 浙江海洋大学水产学院，浙江舟山，310622

摘要：乌鳢（*Channa argus*）是中国重要的经济水产养殖品种。雌性和雄性在生长过程中表现出性别二形性，因此单性育种在水产养殖中具有重要价值。然而，人们对乌鳢的性别决定区和候选基因仍然缺乏足够的了解。本研究采用全基因组关联分析（GWAS）和转录组分析来鉴定性别决定基因组区域并开发性别特异性标记。研究利用 59 个个体（26 个雌性和 33 个雄性）进行了全基因组重测序，以确定性别决定基因组区域和性别特异性标记。通过重测序和后续处理，共获得了 1,087,459 个高质量 SNPs 和 159,324 个 InDels。通过 GWAS 和 *F*st 扫描确定了 270 个 SNP 和 31 个 InDels 具有性别二态性，可解释高达 98.97% 的表型变异。根据 GWAS 结果，开发了两个性别特异性 InDel 标记，可有效区分 XX 雌性、XY 雄性和 YY 超雄的遗传性别。此外，通过 GWAS 和 RNA-seq 结果，在性别决定区附近发现了三个与性别相关的候选基因，包括 *id2*、*sox11* 和 *rnf144a*，还需要进一步的研究阐明这些基因的功能。总之，利用全基因组重测序技术首次鉴定了性别决定区，两个性别特异性 InDel 标记支持乌鳢雄性异配 XX/XY 性别决定系统。这些发现有助于推动对乌鳢性别决定和全雄性繁殖的分子机制的研究，为了解硬骨鱼类的性别决定和性染色体的进化提供了新的视角。

关键词：乌鳢；全基因组关联分析；固定指数(Fst)；性别分子标记；候选基因

资助项目：财政部和农业部中国农业科研系统（CARS-46）、中国农业科学院中央公益性科研院所基础研究基金（2023TD37、2023SJHX2）、国家自然科学基金（32373127）、广东省乡村振兴战略专项资金（2022-SPY-00-016、2023-SJS-00-001）； 2024 年佛山市财政专项资金--广东省高水平农业科技示范市建设合作项目、广东省基础与应用基础研究基金（2024A1515030165）。

*通讯作者，欧密，副研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种 E-mail: om1990@prfri.ac.cn

黄河鲤肌肉细胞系构建及其生物学特征

刘天奇[1]，肖黄璇[1,2]，鲁翠云[1]，孙志鹏[1]，张可新[1]，郑先虎[1*]

1. 中国水产科学研究院黑龙江水产研究所，黑龙江哈尔滨 150070

淡水鱼类育种国家地方联合工程实验室，农业农村部淡水水产生物技术与遗传育种重点实验室，黑龙江哈尔滨 150070；

2. 上海海洋大学水产与生命学院，上海 201306

摘要：黄河鲤(*Cyprinus carpio haematopterus*)营养丰富、肉质优良，本研究构建了黄河鲤肌肉细胞体外分离、培养方法，并进行细胞系构建与鉴定。以 12-18 月龄黄河鲤背部肌肉为实验材料，采用酶消化法与机械破碎法相结合的方式对黄河鲤肌肉细胞进行分离，细胞传代培养至 30 代。确定该细胞最佳经济、快速培养条件为 28℃环境下，DMEM/F12（D/F）培养基中添加 10% FBS、1%L-谷氨酰胺和 1%鲤鱼血清。用 COI基因条码序列溯源确定该细胞系来源于鲤鱼；细胞系中关键肌源性因子 MYOD、MYOG、PAX7、DESMIN 均有表达；免疫荧光染色显示 MYOD 在细胞胞质及细胞核中均呈阳性；细胞系转染 pEGFP-N1 载体效率在 70%左右，显示该细胞系可用于外源基因表达研究。本研究所构建的黄河鲤肌肉细胞系生长快、生物学特征稳定，为探究黄河鲤高品质肉质成肌机理、保护黄河鲤种质资源提供基础。

关键词：黄河鲤；肌肉细胞；原代培养；细胞系；细胞鉴定

资助项目：中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(HSY2024Q12)；国家重点研发计划课题(2022YFD2400102)；国家自然科学基金项目(32072972)

*通讯作者，郑先虎，研究员，主要从事水产动物基因组与分子育种研究

E-mail: zhengxianhu@hrfri.ac.cn

A novel IAG-MAG-VTG pathway regulating ovarian suppression in intersex red claw crayfish (*Cherax quadricarinatus*)

CHEN Honglin[1*], OUYANG Miaofeng[1,2], ZHOU Huan[1,3], LIU Fangfang[1], CAI Huiyi[1], LOU Bao[1*]

1. State Key Laboratory for Managing Biotic and Chemical Threats to the Quality and Safety of Agro-products, Institute of Hydrobiology, Zhejiang Academy of Agricultural Sciences, Hangzhou 310021, China

2. Faculty of Life Sciences, Huzhou University, Huzhou 313000, China

3. Key Laboratory of Freshwater Aquatic Genetic Resources, Shanghai Ocean University, Ministry of Agriculture, Shanghai 201306, China

Abstract: The red claw crayfish (*Cherax quadricarinatus*) is a commercially and ecologically significant species that displays a unique intersex model with an ovotestis gonad and was identified to have functional testes and a vestigial ovary, which was inhibited by androgenic gland-specific insulin-like hormone (IAG), but the underlying molecular mechanisms are still unclear. In this study, the structure and transcriptomic profiles of ovotestis and female and male gonad was analysis and compared, 406 DEGs were identified, among which membrane-anchored AG-specific factor (*MAG*) exhibited significantly greater expression in ovotestis gonads than in male or female gonads. The localization of the MAG protein and IAG hormone in ovotestis suggested that MAG plays a role in the transport of the IAG hormone into oocytes and its intracellular localization. Furthermore, analysis of gene regulation relationship revealed that *IAG* positively regulates *MAG* expression, while *MAG* negatively regulates vitellogenin gene (*VTG*) expression, suggesting a novel *IAG-MAG-VTG* regulatory pathway associated with ovarian development, which may be related to the formation of ovotestis gonads in intersex red claw crayfish. These results will enhance the knowledge of *IAG*-related pathways in the female reproductive axis, as well as the mechanisms of sexual differentiation in crustaceans.

Keywords: intersex; ovotestis; ovarian suppression; IAG hormone; MAG.

资助项目：浙江省农业（水产）新品种选育重大科技专项（2021C02069-4）

*通讯作者，陈红林，副研究员，主要从事甲壳动物生物技术与遗传育种

E-mail: chenhonglin@zaas.ac.cn

罗非鱼性别决定基因拷贝数对性别可塑性的影响

柳兴永，戴生飞，周力，李明辉，王德寿*

西南大学生命科学学院，淡水鱼类与生殖发育教育部重点实验室，重庆北碚 400715

摘要：罗非鱼表现出明显的生长性二态性，通常雄性比雌性生长快且个体大。遗传全雄罗非鱼生产技术（genetic male tilapia, GMT）是生产全雄苗种最健康有效的方法。GMT 的关键在于获得可育 YY 超雄鱼和 YY 伪雌鱼。然而，前期研究表明诱导 YY 雄性变为伪雌鱼十分困难。即使有少数 YY 雄鱼被诱导为伪雌鱼，其育性也很低甚至不育。相比之下，XY 雄鱼很容易被诱导为伪雌鱼且可育。在尼罗罗非鱼（*Oreochromis niloticus*）中，抗穆勒试管激素（anti-Müllerian hormone，Amh）基因在 Y 染色体上的复制是其性别决定基因。XY 鱼分别携带一个拷贝的 Amhy 和 Amh，而 YY 鱼则携带两个 Amhy 拷贝但缺少 Amh 拷贝。负责性别决定的 Amhy 拷贝只在雄鱼性别决定阶段特异性表达，而调控生殖细胞招募和发育的 Amh 拷贝则主要在配子发生阶段表达。相比 XY 雄鱼，YY 雄鱼中 Amhy 的表达以及雄性性别决定通路关键基因 *dmrt1* 和 *gsdf* 的表达都显著升高。这些结果表明雄性 Y 染色体拷贝数（性别决定基因拷贝数）的增加导致 Amhy 的表达量升高。通过 luciferase 和 EMSA 等实验证实 Amhy 可以通过 Amhr2/Smads 信号通路抑制雌激素合成酶 *cyp19a1a* 的转录。YY 雄鱼难于诱导为伪雌鱼可能是过高的 Amhy 水平导致内源雄性通路基因表达过高，而对内源雌性通路基因特别是雌激素的抑制增强。基于此，我们采用抑制雄性通路基因的表达特别是抑制雄性激素的合成，同时添加外源雌激素诱导 YY 雄鱼性逆转，结果显著提高其雌性化率。为了进一步验证性染色体及性别决定基因拷贝数的增加会影响鱼类的性别可塑性，我们对 ZW 系统的奥利亚罗非鱼（*Oreochromis aureus*）以及奥尼杂交鱼进行了验证。分别进行了 ZZ 和 ZX 雄鱼的雌性化率，以及 WW 和 ZW 的雄性化率的比较分析。结果表明 ZZ 雄鱼比 ZX 雄鱼的雌性化率低，WW 雌鱼比 ZW 雌鱼的雄性化率低。进一步证实了性别决定基因拷贝数的增加会影响其性别可塑性。这一现象可能在拥有性染色体的硬骨鱼类中具有普适性，本研究有助于这些鱼类超雄 YY 维持系或者是超雌 WW 维持系的建立。

关键词：罗非鱼；性别决定基因；拷贝数；性别可塑性；雌雄通路

资助项目：国家自然科学基金(31630082，32102780，32072960)；国际(地区)合作与交流项目（31861123001）。

*通讯作者，王德寿，教授，博导，主要从事鱼类经济性状遗传解析与育种研究

E-mail: wdeshou@swu.edu.cn

曼氏无针乌贼神经肽基因的挖掘及生理功能多效性探究

迟长凤*，郑利兵，李双，周旭

浙江海洋大学 海洋科学与技术学院 海洋生物种质资源发掘利用国家地方联合工程研究中心 浙江舟山 316022

摘要：头足类是海洋生态系统中的关键物种，亦是海洋中最大、最具潜在价值的蛋白质资源之一，在海洋渔业特别是蓝色牧场中占据重要地位。曼氏无针乌贼曾是我国东海“四大海产”之一，但过度捕捞致使其野生资源濒临灭绝，而普遍存在的种质退化、病原体感染导致的免疫力低下和摄食依赖生物饵料等问题严重阻滞其人工养殖规模的推广和野生资源的修复与养护。神经肽是一类由神经内分泌组织分泌的小分子多肽，作为多样化、普遍存在的信号分子，在生物体的神经调节、生长、发育、生殖等生理活动中扮演重要角色。基于此，课题组多年来锚定神经肽为研究视角，以多种神经肽基因的挖掘为脉络，开展神经肽生理功能多效性的探究与验证，初步阐明神经肽广泛参与曼氏无针乌贼的生殖、免疫、摄食调控过程。研究结果为突破养殖中遇到的基础理论瓶颈问题，为推进曼氏无针乌贼野生资源修复与养护进程奠定理论基础。

关键词：头足类；曼氏无针乌贼；神经肽；生殖调控；神经内分泌免疫；摄食调控

资助项目：国家自然科学基金项目（31001109，31872547，32473136）；浙江省自然科学基金项目（LTGN24C190005，LY20C190007，LY15C190010）。

*通讯作者，迟长凤，教授，主要从事海洋生物资源发掘与保护开发利用工作。

E-mail: chicf@zjou.edu.cn

基于 IL-17 信号通路改造和几丁质膜缺失的鱼类肠道功能模型构建及其应用

黄盛丰[1,2*]，岳子瑞[1]，陈生晖[1]

1. 中山大学，水产动物疫病防控与健康养殖全国重点实验室，广东广州；

2. 南方海洋科学与工程广东省实验室（珠海），广东珠海

摘要：IL-17 信号通路在肠道黏膜的更新、修复及稳态维持中具有关键作用，并且是引发慢性肠炎的主要通路。近年来，IL-17 通路作为治疗自身免疫性疾病（如银屑病、脂肪肝和糖尿病）的重要靶点受到广泛关注。我们的研究表明，IL-17 通路源于经典神经营养因子通路与 TLR/IL-1R 通路通过结构域重组形成的嵌合通路，并在演化过程中多次发生结构域重排，导致该通路在不同动物类群中表现出不同的功能模式。特别是，鱼类 IL-17 通路因缺失死亡结构域，其激活能力下降至不足原来的 1%，功能也从“主要激活者”转变为“主指挥（调控）者”。我们通过人工结构域重排改造，恢复了斑马鱼 IL-17 通路的死亡结构域，构建了相应的转基因模型。利用该模型，我们发现上述改造不仅恢复了 IL-17 通路的激活能力，还提升了该通路的反应速度及仔鱼的抗菌能力。此外，最近的研究发现，鱼类保留了古老的肠道几丁质膜，而哺乳动物虽已失去此屏障，但通过摄入充足几丁质仍可显著增强其肠道健康并抵御肥胖。在此基础上，我们构建了首个鱼类肠道几丁质膜缺失模型，并基于该模型从反向遗传学角度初步解析了斑马鱼肠道几丁质膜的生理功能。上述两个斑马鱼模型的联合应用，不仅可为鱼类肠道功能研究提供新型工具，还可为养殖鱼类的肠道功能调控以及选种育种开发出新型靶点（参考文献：https://doi.org/10.1073/pnas.2400903121；https://doi.org/10.15252/embr.202256645）。

关键词: IL-17；几丁质；肠道；通路改造；结构域重排

资助项目：国家自然科学基金（31930084，31971107）

*通讯作者，黄盛丰，教授，主要从事鱼类免疫遗传学研究

E-mail: hshengf2@mail.sysu.edu.cn

Regulation of growth and development and metabolic adaptation mechanism in skeletal muscle of Chinese perch

ZHU Xin[1,2], ZENG Wei[1], MENG Yangyang[1], PAN Yaxiong[1,2], LI Honghui[1,2], CHU Wuying[1,2,*]

1. Hunan Provincial Key Laboratory of Nutrition and Quality Control of Aquatic Animals, College of Biological and Chemical Engineering, Changsha University, Changsha 410022

2. Hunan Engineering Technology Research Center for Amphibian and Reptile Resource Protection and Product Processing, Changsha University, Changsha 410022

Abstract: Understanding the molecular mechanisms of growth and development of skeletal muscle is helpful for selection breeding and optimizing fish farming practices. In recently years, we focused on the excellent meat quality characteristics of Chinese perch (*Siniperca chuatsi*), explored the core genes regulating the growth and development of muscle fibers from multiple dimensions such as genetic development, nutritional metabolism and biological rhythm. The myogenic regulatory factors play a pivotal role in proliferation and differentiation of myoblasts, while Myomaker promotes muscle fiber hypertrophy by promoting myoblasts fusion rather than proliferation. miR-214 induces the activation of satellite cells by regulating Hh signaling activity, and subsequently stimulates the proliferation, differentiation and fusion of myoblast in Chinese perch. The PI3K/AKT pathway plays a crucial role in maintaining the balance of metabolism in fish muscle, which in turn ensures normal muscle physiology and growth, while the circadian rhythm and its core clock genes regulate BCAA metabolism and muscle growth through the Clock-KLF15-Bcat2 pathway. These findings provide valuable insights into the complex interactions between pathways and factors in fish muscle growth, offering potential targets for enhancing muscle growth and quality in aquaculture.

Keywords: *Siniperca chuatsi*; skeletal muscle; molecular regulatory mechanism; metabolic homeostasis

---

资助项目：国家自然科学基金(U21A20263，32002370)

*通讯作者，褚武英，教授，主要从事鱼类肌肉发育与品质调控研究

E-mail: chuwuying18@163.com

瘦素调控半滑舌鳎卵生殖机能的分子机制研究

徐永江，蔡鑫，王滨，姜燕，崔爱君，柳学周

中国水产科学研究院黄海水产研究所，青岛，中国　266071

摘要：半滑舌鳎为我国主导养殖品种之一，年养殖产量 5000-8000 吨。近年来日益严重的养殖鱼性早熟现象成为制约产业可持续发展的瓶颈之一。硬骨鱼类性腺成熟过程依赖于能量获取和消耗分配平衡机制。探索了能量代谢信号分子--瘦素（leptin）及其受体对半滑舌鳎生殖机能调控的可能作用及机制，揭示了两种配体（leptin A、leptin B）与一种受体（leptin R）的结构、系统进化、时空表达特征；查明了肝脏细胞 leptin 及其受体对性类固醇激素诱导的应答过程及机制；构建了 leptin A 和 leptin B 的蛋白体外重组技术，获得了两种重组表达蛋白，验证了生物活性；摸清了重组半滑舌鳎 leptin A 和 leptin B 蛋白对离体孵育的脑、下丘脑以及卵巢中生殖与生长相关功能基因表达的影响，表明 leptin 及其受体基因对生殖与生长基因的表达均有显著的调控作用。探究了离体孵育和在体条件下 leptin 对脂肪代谢的调控作用及机制，建立了 leptin 与脂肪酸代谢及性类固醇激素调控生殖机能的联系，并对可能的通路进行了验证，为解析 leptin 及其受体调控半滑舌鳎生殖机能的信号通路提供了认识基础，为构建实用的养殖半滑舌鳎早熟调控技术提供了理论依据。

关键词：leptin、半滑舌鳎、早熟、生殖调控、脂肪代谢

基金项目：国家自然科学基金面上项目（No. 32072993）。

*徐永江，男，博士，研究员，博士生导师，主要从事鱼类生殖生理学与设施化养殖技术研究，Tel: 0532-85823368 / 15192719852，E-mail: xuyj@ysfri.ac.cn

暗纹东方鲀在急性低氧胁迫下鳃和肌肉的转录组分析

张华琨[1]，王秀利[1,2]

1.大连海洋大学，辽宁大连 116023；

2. 辽宁省河鲀良种繁育及健康养殖重点实验室，辽宁大连 116023

摘要：暗纹东方鲀（*Takifugu obscurus*）是我国主要的养殖鱼类。课题组对暗纹东方鲀（平均体重 91.6±22.9 g）进行了常氧（DO: 7.0 ± 0.2 mg/L）、低氧胁迫（DO: 0.9 ± 0.2 mg/L）和常氧恢复（DO: 7.0±0.2 mg/L，4 h，8 h，12 h，24 h）的试验，进行了鳃组织和肌肉组织的转录组测序与分析，结果表明：1、对急性低氧胁迫下鳃组织进行的转录组分析，（1）低氧组与常氧、复氧 4h、复氧 8 h、复氧 12 h、复氧 24 h 组中分别鉴定到 992、877、1561、1412 和 679 个差异表达基因，并有 56 个基因在这五个比较组中均显著表达；（2）DEGs 主要富集的 GO 条目有转化生长因子 β 受体的信号传导途径（TGF-β）、免疫应答、细胞过程的负向调节、DNA 结合转录因子的活性、序列特异性 DNA 结合和转录调节器活性，这些条目与生长发育、免疫反应、细胞凋亡有关；（3）DEGs 显著富集的 KEGG 通路主要有细胞粘附分子（CAMs）、细胞因子-细胞因子受体相互作用、VEGF 信号通路、MAPK 信号通路和钙信号转导途径等，这些通路上的差异基因主要参与到应激反应、免疫功能、血管生成和细胞凋亡等过程；（4）筛选到 *ccn1*、*ccn2*、*il-8*、*ccl20*、*ackr3* 是与免疫相关的基因，*bmp10*、*bambi*、*smad6*、*smad7* 是生长发育相关基因，*dusp1* 和 *ddit4 是*参与细胞凋亡过程的关键基因。2、对急性低氧胁迫下肌肉组织进行的转录组分析，（1）低氧组与常氧、复氧 4 h、复氧 8 h、复氧 12 h、复氧 24 h 组中分别鉴定到 1 287、941、1261、841 和 1453 个差异表达基因，并有 57 个基因在这五个比较组中均显著表达；（2）差异表达基因显著富集的 GO 条目有细胞骨架、催化活性、DNA 结合转录因子活性、免疫反应等，这些条目主要参与细胞的生长发育、脂质蓄积和炎症反应过程；（3）主要富集的 KEGG 通路有 ECM 受体相互作用、细胞因子-细胞因子受体相互作用、MAPK 信号通路等，这些通路上的差异基因主要在细胞损伤和能量代谢过程中发挥作用；（4）筛选到一些受低氧胁迫显著影响且与生长或免疫相关的基因，如 *bhlhe40*、*mybph*、*sik1*、*ltb4r*、*ccl20*、*ccl28*。

关键词：暗纹东方鲀，鳃组织，肌肉组织，低氧胁迫，转录组分析

资助项目：国家海水鱼产业技术体系岗位科学家专项（CARS-47）；大连市重点领域创新团队项目（2021RT07）

*通讯作者，王秀利，教授，主要从事河鲀生物技术与遗传育种

E-mail: xiuliwang417@sina.com

牙鲆肠道 circRNA/lncRNA-miRNA-mRNA 调控网络的构建及其对肠道炎症反应调控作用

修云吉[1*]，李英瑞[1,2]，苏琳[1]，李超[1]，周顺[1]

1.青岛农业大学，海洋科学与工程学院，山东青岛 266109；

2.南京师范大学，海洋科学与工程学院，江苏南京 210023；

摘要：牙鲆（*Paralichthys olivaceus*）俗称比目鱼、牙片、偏口，是我国北方地区重要经济鱼类。近年来，由于高密度集约化养殖发展，伴随种质退化，牙鲆疾病日趋严重，制约了养殖生产的发展。本研究旨在建立牙鲆肠道炎症模型，解析非编码 RNA（circRNA、lncRNA、miRNA）对牙鲆肠道炎症反应的调控作用及机制。基于全转录组学测序，绘制了牙鲆肠道全转录组图谱，构建牙鲆肠道 circRNA-miRNA-mRNA 及 lncRNA-miRNA-mRNA 调控网络。构建了 miR-144-5p-Hsp90α-NLRP3 信号通路，证实 miR-144-5p 通过靶向 Hsp90α 依赖型 NLR 信号通路调节牙鲆肠道炎症反应。miR-144-5p-Hsp90α-NLRP3 信号通路抑制牙鲆的抗菌免疫反应，促进迟钝爱德华氏菌（*Edwardsiella tarda*）侵染，miR-144-5p-Hsp90α 调控网络广泛存在于其他硬骨鱼和人类中。综上所述，我们首次构建牙鲆 circRNA/lncRNA-miRNA-mRNA 网络，解析 miR-144-5p-Hsp90α-NLRP3 信号通路对牙鲆肠道免疫的调控作用，为进一步研究牙鲆肠道免疫的分子机制和信号网络奠定重要理论基础。

关键词：牙鲆；肠道；免疫；非编码 RNA

资助项目：国家自然科学基金(32002421, 32073005)；山东省自然科学基金（ZR2019BC009）；青岛农业大学高层次人才培养项目(6651118016)；

*通讯作者，修云吉，副教授，主要从事鱼类免疫与疾病防控研究

E-mail: yunji16@qau.edu.cn

Nanog 基因对生殖干细胞发育分化的作用机制

徐红艳[1,2,3*]，朱中秋[1,2,3]，唐娜[1,2,3]，詹泽玉[1,2,3]

1. 西南大学水产学院，重庆市，402460

2. 西南大学西部科学城种质创制大科学中心，重庆市，402460

3. 西南大学教育部淡水鱼类生殖发育重点实验室，重庆市，402460

摘 要: NANOG 作为核心转录因子，在哺乳类胚胎干细胞发育分化及癌症发生的分子机制研究中已有深入的研究报道，但其对动物生殖干细胞发育分化的作用机制还不明确。本团队以水生动物（中华鳖、鱼类）生殖干细胞系为研究模型，对 Nanog 调控生殖干细胞发育分化的作用机制进行了探索。结果表明，在已培养建系的生殖干细胞 PSO（雌）、PST（雄）、Sg3（雄）中，持续过表达 Nanog 能显著提高细胞的生长速度与增殖能力。通过转座酶染色质可及性高通量测序技术（Assay for Transposase Accessible Chromatin sequencing, ATAC-seq）及 RNA-seq 的联合比较分析，发现 Nanog 过表达能促进生殖干细胞相关基因的转录活化及其开放染色质的建立，同时能抑制减数分裂相关基因的转录及其染色质的开放，进而阻止细胞分化的发生。特别是，通过 qPCR、WB 等方法进一步证实了 Nanog 主要通过上调 *dnd1* 等生殖干细胞因子的表达，并抑制 *dmc1* 等减数分裂因子的表达，来维持生殖干细胞的增殖及分化潜能。本研究为解析 *nanog* 基因对生殖细胞发育分化的作用机制奠定了基础。重要的是，相关研究结果为水生动物生殖细胞分离培养及定向分化研究提供了技术与理论基础。

关键词： *Nanog* 基因；生殖干细胞培养；基因调控；ATAC-seqs & RNA-seqs；水生动物。

资助项目： 国家自然科学基金(31873035)；中央高校基本业务费（SWU020014）；西部（重庆）科学城种质创制培育项目（2010423003）

*通讯作者，徐红艳，教授，博士生导师，主要从事水产动物生殖发育机制与遗传育种技术研究

E-mail: xhy20210104@swu.edu.cn

The mechanisms whereby *nanog* gene regulates the development and differentiation of germ stem cells in aquatic animals

Hongyan Xu[1,2,3*], Zhongqiu Zhu[1,2,3], Na Tang[1,2,3], Zeyu Zhan[1,2,3]

1. College of Fisheries, Southwest University, Chongqing 402460, China

2. Integrative Science Center of Germplasm Creation in Western China (CHONGQING) Science City

3. Key Laboratory of Freshwater Fish Reproduction and Development Ministry of Education,Chongqing,

Abstract: Nanog, as a pioneer transcription factor, has been well studied in regulating embryonic stem cells' development and carcinogenesis in mammals, however, its functions involved in germ stem cells' development and differentiation are still largely unclear. Here, we investigated the molecular mechanisms whereby the Nanog regulates the germ cells' development using the cultured germ stem cell lines (PSO, PST and Sg3) of aquatic animals. The results showed that, a continuous Nanog over-expression could significantly improve the cells' growth and proliferation. Moreover, through the combined comparative analysis of ATAC-seqs and RNA-seqs, it was found that Nanog over-expression activated the transcriptions and promoted establishment of opening chromatin of germ stem cells related genes, while Nanog over-expression suppressed the transcriptions and establishment of opening chromatin of meiotic genes, thus inhibited the cells' meiosis and differentiation. Especially, through the validation by qPCR and WB, it was showed that Nanog increased the expression of germ stem cell genes, including *dnd1,* and reduced meiotic genes expression, such as *dmc1*, to maintain the cells' potency of proliferation. The present study provides a basis for demonstrating the regulation mechanisms behind the germ cells' development and differentiation. More importantly, the findings of this study would benefit developing the techniques of germ stem cells' culture and committed differentiation in aquatic organisms.

Keywords: *Nanog*, *in vitro* culture of germ stem cells, gene regulation, ATAC-seqs & RNA-seqs, Aquatic animals

---

资助项目：国家自然科学基金(31873035)；中央高校基本业务费（SWU020014）；西部（重庆）科学城种质创制培育项目（2010423003）

*通讯作者，徐红艳，教授，博士生导师，主要从事水产动物生殖发育机制与遗传育种技术研究 E-mail: xhy20210104@swu.edu.cn

Ultra-low temperature cryopreservation and -80℃ storage of sperm from normal-male and pseudo-male *Siniperca chuatsi*

LIU Shuang[1,2,3], SU Yuqin[1,2,3], YI Huadong[1,2,3], LIU Xuange[1,2,3], CHEN Xiaoli[1,2,3], LAI Han[1,2,3], BI Sheng[1,2,3], ZHANG Yong[1,2,3], ZHAO Xiaopin[1,2,3], LI Guifeng[1,2,3]*

1. School of Life Sciences, Sun Yat-sen University, Guangzhou 510006, China
2. Guangdong Provincial Key Laboratory for Aquatic Economic Animals, Institute of Aquatic Economic Animals, School of Life Sciences, Sun Yat-sen University, Guangzhou 510006, China
3. Guangdong Provincial Engineering Technology, Research Center for Healthy Breeding of Important Economic Fish, Guangzhou 510006, China

Abstract: The purpose of this study was to evaluate the effects of ultra-low temperature cryopreservation and -80℃ storage of sperm from normal-male and pseudo-male mandarin fish (*Siniperca chuatsi*). In this study, sperm motility, plasma membrane integrity, mitochondrial membrane integrity, DNA integrity, fertilization, hatching rate and offspring growth were evaluated. After thawing, there was no significant difference in sperm motility and motility parameters of stripped sperm and testicular sperm of normal-males and pseudo-males. The motility of frozen sperm thawed in a 37℃ water bath was the highest, and there was no significant difference in the motility of frozen sperm of different tubes (n = 30) after thawing. The motility of frozen sperm of normal-males and pseudo-males were more than 60%, and the DNA fragmentation were less than 10%. The integrity of mitochondria and plasma membrane were higher than 84% and 75% respectively. There were no significant differences in plasma membrane, mitochondrial membrane integrity and DNA fragmentation between fresh sperm of normal-males and pseudo-males, nor between frozen sperm. The fertilization and hatching rate of normal-male frozen sperm were 65% and 85%, and values of pseudo-male frozen sperm were 57% and 83%, respectively. There was no significant difference in the body weight and length of offspring of frozen sperm between the normal-males and pseudo-males. The sperm motility, motility parameters and mitochondrial membrane integrity of the frozen sperm of normal-males and pseudo-males did not significantly decrease after -80℃ storage for 1, 3 and 5 days. The fertilization and hatching rate of normal-male and pseudo-male frozen sperm were still higher than 50% and 75%. Frozen sperm can successfully reproduce offspring after 5 days of -80℃ storage. The results indicated that testicular sperm of normal-male and pseudo-male *S. chuatsi* were successfully cryopreserved by ultra-low temperature cryopreservation, and the research of -80℃ storage showed that frozen sperm can be successfully stored for a short time at -80℃ which can provide a possibility for the dry ice transportation of frozen sperm.

Keywords: *Siniperca chuatsi*; Testicular sperm; Cryopreservation; Sperm storage

---

资助项目：Guangdong Province Key Field R&D Program Project (20200202); Guangdong Basic and Applied Basic Research Foundation (2019B1515120072); State Guides the Local Science and Technology Development Special Funding Project in 2021 (Construction of Germ plasm Resource Bank of *Micropterus salmoides* and *S. chuatsi* in Guangdong Province); Research in Spreading and Breeding Feedstuff of a New Breed of *S. chuatsi*× *Siniperca scherzeri* (Yuenong 2019A2); Results Transformation and Achievement Extension of *S. chuatsi*× *S. scherzeri*.

*Corresponding author at: Institute of Aquatic Economic Animals, School of Life Sciences, Sun Yat-sen University, No. 132, East Outer Ring Road, Guangzhou Higher Education Mega Center, Guangzhou 510006, China. E-mail address: liguif@mail.sysu.edu.cn

急性氨氮胁迫对乌苏里拟鲿（*Pseudobagrus ussuriensis*）精巢组织的影响

吕陈冉[1]，齐茜[1]，孙晓辉[2]，师顺[1]，刘亚娟[2]，杜鹃[2]，时梦甜[1]，吴文化[3*]

1. 河南科技大学 动物科技学院 洛阳 471023；

2. 洛阳市农业技术推广服务中心 洛阳 471000；

3. 中国水产科学研究院黑龙江水产研究所，哈尔滨 150076

摘要：为探究急性氨氮胁迫对乌苏里拟鲿（*Pseudobagrus ussuriensis*）精巢组织的影响，本研究以 1+乌苏里拟鲿为对象，进行水体中氨氮胁迫 48 h 试验（对照组（C），0 mg/L；胁迫组（T），50 mg/L），观察精巢的组织结构，并进行转录表达特征分析。结果表明：较对照组，胁迫组精巢支持细胞损伤，次级精母细胞数量大幅减少，精小叶出现空泡化。转录组结果显示，胁迫组较对照组有 821 个差异基因（different expression genes，DEGs）。在差异基因中，细胞免疫调节、溶酶体通路、吞噬体通路、类固醇合成通路被显著富集。类固醇合成通路中与雄激素合成相关的胆固醇侧链裂解酶（Cyp11a）等显著下调。研究表明，短期高浓度氨氮胁迫使乌苏里拟鲿精巢组织产生明显损伤，组织转录水平发生变化，与精子功能发生和维持相关的基因表达异常。

关键词：乌苏里拟鲿；氨氮胁迫；精巢组织；转录组

资助项目：国家自然科学基金项目（32002405）；河南省自然科学基金（182300410032）；乌苏里拟鲿的苗种培育及养殖示范推广（21011806）

***通讯作者：**吴文化（1973-），男，副研究员，主要从事水产育种和推广工作。

E-mail：13910822890@163.com

基于银鲳基因组揭示银鲳对水母的摄食偏好性及水母毒素的解毒机制

胡佳宝[1]，张友仪[1]，李渊博[1]，张曼[1]，李亚亚[1]，王亚军[1*]

1. 宁波大学海洋学院，宁波，315211

摘要：银鲳（*Pampus argenteus*），是我国“四大海产经济动物”之一，市场需求量巨大，但由于过度捕捞，其野生资源受到严重威胁，急需人工养殖填补。经 20 多年攻关，本研究团队实现银鲳规模化养殖和繁育。在此过程中发现，银鲳“从小”喜食水母（稚鱼期），并且特别喜欢摄食含有大量毒素的触手，但水母毒素的毒性极强，有些甚至是河豚毒素的 450 倍（如箱水母等）。为解释银鲳这种奇特的摄食行为，团队综合了 Illumina、PacBio-HiFi、ONT ultra-long 及 Hi-C 测序平台对银鲳雌雄鱼基因组进行深度测序并组装注释：其中雌鱼基因组大小为 536.33Mb，Contig N50 大小为 1.79Mb，Scafold N50 大小为 23.17 Mb。雄鱼基因组采用目前最高质量的 HiFi 测序技术，大小为 553.79Mb，其中 550.82 Mb 被锚定在 24 条 gap-free 染色体上；Contig N50 大小为 24.75Mb；共注释到蛋白编码基因 22,892 个，占总数的 98.1%；BUSCO 评估值高达 98.9%，Illumina 覆盖率达 99.39%。基于比较基因组发现，银鲳与蓝鳍金枪鱼进化关系较近。投喂银鲳水母后对其嗅囊、舌、脑及肠道微生物进行转录组或 16S 测序，发现水母投喂提高了嗅觉和味觉及食欲正调控相关基因的表达及 *Lactococcus* 等五种益生菌在肠道中的丰度。PLA2 是水母毒素的主要毒性蛋白之一。在银鲳基因组中鉴定到一个 PLA2 inhibitor（PLI），其结构域中两个 UPAR-LY6 结构可能与 PLA2 产生互作；互作模拟后发现与水母 PLA2 存在多个互作位点；通过 CO-IP 发现其与两个水母 PLA2 确实存在互作关系。组织表达分析发现，其在银鲳肝脏中表达量最高，在肌肉中表达量最低，因此构建了银鲳肝细胞和肌肉细胞细胞系。对这两种细胞系和 HEK293T 细胞进行水母毒素攻毒发现，细胞活性在肝细胞最高，其次为肌细胞和 293T 细胞，凋亡水平则与之相反。因此，在肝细胞中对 PLI 进行敲降后发现，细胞活性显著降低，凋亡水平显著提高；在肌细胞和 293T 细胞中过表达 PLI，细胞活性显著升高，凋亡水平显著降低，说明银鲳 PLI 对水母毒素有明显的抑制作用。综上，本文初步解析了银鲳进化地位及其喜爱及能够摄食水母的原因。

关键词：银鲳；基因组；水母；摄食

项目资助：2024 年度浙江省“尖兵领雁”研发攻关计划项目（2024C02006）；宁波市 2025 科技创新重大专项（2021Z003）；国家自然科学基金青年基金（42306114）

第一作者：胡佳宝，副研究员，鱼类健康养殖，hujiabao@nbu.edu.cn

*通讯作者：王亚军，教授，鱼类繁育与育种，wangyajun@nbu.edu.cn

Noxo1a 通过调节 $O_2^{\bullet-}$产生调控鱼类抗寒的分子机制研究

陈少雄[1]，张念[1]，宋桂丽[1]，龙勇[1*]

1.中国科学院水生生物研究所，湖北武汉 430072

摘要：活性氧（ROS）是指细胞在代谢过程中由分子氧产生的一大类氧化性分子，如超氧阴离子（$O_2^{\bullet-}$）和过氧化氢（H_2O_2）等。鱼体遭受低温胁迫后，ROS 的大量积累被认为是造成细胞和组织损伤，乃至个体死亡的关键原因。同时，$O_2^{\bullet-}$和 H_2O_2 也是重要的信号分子，调控多种生理功能。$O_2^{\bullet-}$不稳定，一经产生便在超氧化物歧化酶（SOD）的作用下被歧化为 H_2O_2，因此只能在局部发挥作用。H_2O_2 的化学性质稳定，对靶位点的特异性高，可扩散至更远的距离，是细胞内主要的氧化性信号分子。NADPH 氧化酶（Nox）是催化 ROS 产生的关键酶。Noxo1 是 Nox1 和 Nox3 的调节亚基，调控其产生 $O_2^{\bullet-}$的功能。斑马鱼具有 2 个 *noxo1* 基因，即 *noxo1a* 和 *noxo1b*，但仅 *noxo1a* 能被低温诱导表达。为研究 Noxo1a 通过介导 $O_2^{\bullet-}$的产生调控鱼类抗寒的功能和作用机制，我们建立了 *noxo1a* 的基因敲除斑马鱼（*Danio rerio*）突变体品系。研究发现，*noxo1a* 突变体仔鱼和成鱼的抗寒能力均显著低于野生型；遭受低温胁迫后，突变体脑和肝的组织损伤和细胞凋亡更加严重。敲除 *noxo1a* 显著降低低温暴露和暴露后恢复过程中斑马鱼仔鱼 $O_2^{\bullet-}$和 H_2O_2 的含量，而正常条件下突变体仔鱼的 $O_2^{\bullet-}$和 H_2O_2 的含量均高于野生型。在养鱼水中添加 0.1 mM 的外源性 H_2O_2 可完全拯救突变体仔鱼的低温敏感表型和低温暴露引起的 DNA 损伤，说明 Noxo1a 可通过影响 $O_2^{\bullet-}$和 H_2O_2 的产生调控鱼体抗寒能力。我们还通过 RNA-seq 和代谢组学分析研究了 Noxo1a 调控的抗寒相关遗传和代谢通路，发现 *noxo1a* 的缺失对暴露后恢复过程中的基因表达和低温暴露前的代谢物组成具有重要影响。其中 *foxq1a* 和 GSSG 为受 *noxo1a* 缺失影响的代表性抗寒相关基因和代谢物。本研究揭示了 Noxo1a 通过影响 ROS 产生调控鱼体抗寒能力建成的分子机制。

关键词：鱼类；抗寒；Noxo1a；$O_2^{\bullet-}$；H_2O_2

资助项目：国家自然科学基金（32273126，31772836）

*通讯作者，龙勇，副研究员，主要从事鱼类抗逆与应激分子机制研究

E-mail: longyong@ihb.ac.cn

半滑舌鳎响应鳗弧菌侵染的可变剪接调控

谭苏旭[1]，韩森[1]，沙珍霞[1*]

1. 青岛大学生命科学学院，山东青岛 266071

摘要：水产养殖在我国粮食安全中扮演重要角色。半滑舌鳎营养和商业价值高，然而其养殖业因细菌性病害等问题面临着前所未有的挑战。可变剪接（AS）是转录后调控的重要机制，参与生长、发育、繁殖和免疫等多种生物学过程。然而，其在半滑舌鳎细菌性免疫中的作用仍未知。在本研究中，我们分析了半滑舌鳎感染不同浓度鳗弧菌后 RNA 可变剪接的变化，并通过富集分析和不同转录本（剪接异构体）过表达实验研究其功能。RNA 剪接功能在差异可变剪接（DAS）基因中显著富集，与之前研究结果一致，即剪接因子本身经常进行可变剪接，从而在上游行使高效调控。与对照组相比，鉴定出不同感染组共享的 12 个免疫相关 DAS 基因，包括 *hp*、*c5* 和 *traf2b* 等。使用共享 DAS 基因触珠蛋白基因（*hp*）进行进一步的功能研究，发现可变剪接导致其两个转录本对应蛋白质发生结构域变化；其两个转录本在影响脂多糖（LPS）诱导的半滑舌鳎巨噬细胞/肝细胞炎症因子表达（*TNF-α*, *IL1-β*, *IL6* 和 *IL10*）、吞噬和呼吸爆发活性等方面表现出截然相反的作用，即外显子 3 跳跃型转录本 hp-E 的过表达增强了免疫因子的表达、吞噬和呼吸爆发活性，而包含型 hp-I 降低了免疫因子的表达、吞噬和呼吸爆发活性。除了细胞实验，通过静脉注射过表达质粒的个体实验也发现了同样的趋势，即鳗弧菌感染后，hp-E 过表达个体表现出增强的免疫因子表达，而 hp-I 抑制其表达。此外，与阴性对照组相比，hp-E 过表达增加了鳗弧菌导致的个体死亡率，而 hp-I 降低了死亡率，表明 hp-I 通过抑制过度的炎症/免疫反应来调控机体稳态。综上，利用生物信息学分析和细胞/个体水平的实验分析，本研究首次揭示了可变剪接在半滑舌鳎免疫中的重要作用和潜在机制，为进一步的功能和机制研究奠定了坚实基础，为水产养殖病害防控和抗病育种提供了新的思路。

关键词：鱼类；弧菌；免疫；可变剪接；触珠蛋白

资助项目：国家重点研发计划（2022YFD2400401）；山东省重点研发计划（2021LZGC028）；山东省院士专项（2023ZLYS02）

第一作者，谭苏旭，博士，讲师，主要从事鱼类基因组资源开发与利用、抗病育种和免疫机制解析等研究。E-mail: tansuxu@qdu.edu.cn

*通讯作者，沙珍霞，博士，教授，主要从事研究方向为水产生物技术与遗传育种、水生生物资源利用。E-mail: shazhenxia@163.com

表观遗传修饰在牙鲆（*Paralichthys olivaceus*）雌雄性腺及分化中的作用研究

王丽娟 [1,2]*，尤锋 [1,2]*
1. 中国科学院海洋研究所实验海洋生物学重点实验室，山东青岛 266071；
2. 青岛海洋科技中心海洋生物学与生物技术功能实验室，山东青岛 266237

摘要：许多鱼类呈现出显著的性别二态性，使性别决定与性腺分化成为发育生物学和遗传育种领域的研究热点。不同于高等脊椎动物，鱼类的性别决定与性腺分化具有高度可塑性，受到环境因素如温度的影响，而表观遗传修饰在此过程中发挥了关键作用。牙鲆（*Paralichthys olivaceus*）是我国重要海水养殖鱼类，雌性个体明显大于雄性，高温或雄性激素等环境因子处理直接影响雄性表型的形成。本研究系统分析了牙鲆雌雄性腺在 DNA、组蛋白和 RNA 水平上的表观遗传修饰差异，揭示了在性腺分化过程中表观遗传修饰水平及相关酶基因表达的动态变化，并探讨了其对性类固醇激素生成关键基因的调控作用。结果显示，牙鲆的 DNA 甲基化、组蛋白 H3K4me3 甲基化、RNA m6A 甲基化及 RNA 编辑在雌雄性腺之间具有显著差异，并在性腺分化期间呈现动态变化。DNA 甲基化对性激素合成关键酶基因 *cyp19a* 及其转录因子 *foxl2* 和 *dmrt1* 的启动子活性具有显著调控效应。此外，抑制 m6A RNA 去甲基化酶和 H3K4 甲基化酶显著改变了 *dmrt1* 和 *sox9a* 的表达水平。作为性腺分化关键基因，*foxl2*、*dmrt1* 和 *sox9a* 在调控性激素合成及性别表型形成中起到了重要作用，进一步利用重组蛋白的功能研究表明，这些基因可通过调控 *cyp19a* 的表达进而影响雌雄激素生成。在雌核发育的牙鲆鱼苗中注射重组 Dmrt1 蛋白后，雄性率显著增加，性别表型出现显著变化。以上研究揭示了表观遗传修饰在牙鲆雌雄性别表型形成中的重要性，为进一步解析海水鱼类性腺分化的分子机制提供了基础数据，也为其性别控制生产提供了理论依据。

关键词：牙鲆；表观遗传；雌雄性腺；性腺分化；转录因子

资助项目：国家重点研发计划项目（2022YFD2400402，2018YFD0900202）；国家自然科学基金（32373112、31772834、42376094）

*通讯作者，尤锋，研究员，主要从事海水鱼类生物技术与遗传育种
E-mail: youfeng@qdio.ac.cn

Differential activation of six galanin receptors by the spexin peptide in yellowtail kingfish (*Seriola lalandi*)

Bin Wang[1,2,*], Zhenfang Tian[1,2], Zhihua Yu[1,3], Aijun Cui[1,2], Yan Jiang[1,2], Hai Huang[4], Yongjiang Xu[1,2]

1. State Key Laboratory of Mariculture Biobreeding and Sustainable Goods, Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071, China

2. Laboratory for Marine Fisheries Science and Food Production Processes, Qingdao Marine Science and Technology Center, Qingdao 266237, China

3. Fisheries College, Ocean University of China, Qingdao 266003, China

4. Key Laboratory of Utilization and Conservation for Tropical Marine Bioresources, Ministry of Education, Hainan Tropical Ocean University, Sanya 572022, China

Abstract: Spexin (SPX1) is a novel neuropeptide composed of 14 amino acids and well conserved across vertebrates, and it has been implicated in various physiological functions via galanin receptor 2 (GALR2) and GALR3. However, the detailed signaling pathways mediating its actions in target cells are still largely unknown. Accordingly, we addressed this issue in the present study using yellowtail kingfish as a model. SPX1 significantly increased CRE-luc activity in COS-7 cells expressing its cognate receptors GALR2a and GALR2b, and this stimulatory effect was attenuated by two inhibitors of the PKA pathway. Similarly, an evident induction of SRE-luc activity was observed when COS-7 cells transfected with GALR1b, GALR2a, GALR2b, GALR type 1, or GALR type 2 were challenged with SPX1, and two blockers of the PKC pathway suppressed this stimulatory action. Moreover, SPX1 markedly elevated NFAT-RE-luc activity in COS-7 cells expressing GALR1a, GALR2a, or GALR2b, and this promotion was inhibited by two antagonists of the Ca^{2+} route. Overall, our results have revealed that activation of six yellowtail kingfish galanin receptors by the SPX1 peptide may occur with different downstream signaling events, which could account for its pleotropic functions.

Keywords: spexin; galanin receptor; signaling pathway; PKA; PKC; Ca^{2+}

资助项目：国家自然科学基金（32072949）

*通讯作者，王滨，副研究员，主要从事海水鱼类繁育理论与技术研究

E-mail: wangbin@ysfri.ac.cn

Proteomics and metabolomics analysis of American shad (*Alosa sapidissima*) liver responses to heat stress

Bingbing Feng[1, †], Mingkun Luo[2, †], Wenbin Zhu[2], Zhengyuan Liang[3], Wei Xu[1], Jianjun Fu[2], Linghong Miao[2], Zaijie Dong[2, 3, *]

1. Fisheries Technology Extension Center of Jiangsu Province, Nanjing, 210036, China.
2. Key Laboratory of Freshwater Fisheries and Germplasm Resources Utilization, Freshwater Fisheries Research Center of Chinese Academy of Fishery Sciences, Wuxi, 214081, China.
3. Wuxi Fisheries College, Nanjing Agricultural University, Wuxi, 214081, China.

Abstract: The dramatic changes in the global climate pose a major threat to the survival of many organisms, including fish. To date, the regulatory mechanisms behind the physiological responses of fish to temperature changes have been studied, and a comprehensive analysis of the regulatory mechanisms of temperature tolerance will help to propose effective strategies for fish to cope with global warming. In this study, we investigated the expression profiles of proteins and metabolites in liver tissues of American shad (*Alosa sapidissima*) corresponding to different water temperatures (24 ℃, 27 ℃ and 30 ℃) at various times (1-month intervals) under natural culture conditions. Proteomic analysis showed that the expression levels of the heat shock protein family (e.g. HSPE1, HSP70, HSPA5 and HSPA.1) increase significantly with temperature and that many differentially expressed proteins were highly enriched especially in pathways related to the endoplasmic reticulum, oxidative phosphorylation and glycolysis/gluconeogenesis processes. In addition, the results of conjoint metabolomics and proteomics analysis suggested that the contents of several important amino acids and chemical compounds, including L-serine, L-isoleucine, L-cystine, choline and betaine, changed significantly under high-temperature environmental stress, affecting the metabolic levels of starch, amino acid and glucose, which is thought to represent a possible energy conservation method for *A. sapidissima* to cope with rapid changes in external temperature. In summary, our findings demonstrate that living under high temperatures for a long period of time leads to different physiological defense responses in *A. sapidissima*, which provides some new ideas for analyzing the molecular regulatory patterns of adaptation to high temperature and also provides a theoretical basis for the subsequent improvement of fish culture in response to global warming.

Keywords: *Alosa sapidissima*, liver, heat stress, proteome, metabolome

---

资助项目： 江苏省种业振兴揭榜挂帅项目(JBGS〔2021〕131)；江苏现代农业产业技术体系建设项目（JATS〔2023〕333）

† These authors contributed equally

*通讯作者，董在杰，研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail: dongzj@ffrc.cn

Endocytosis of microbial pathogens by crustacean hemocytes is enhanced by mannose-modified hemocyanin

Jiaxi Li[1], Jude Juventus Aweya[1], Mingming Zhao[1], Zhihong Zheng[1], Defu Yao[1,*], Yueling Zhang[1,*]

1. Guangdong Provincial Key Laboratory of Marine Biotechnology, Institute of Marine Sciences, Shantou University, Shantou 515063, China

Abstract: The plasma component of crustaceans' hemolymph has a very high concentration of hemocyanin (over 90%) compared with hemocytes. However, the mechanisms keeping this huge concentration gradient and whether hemocytes internalize plasma hemocyanin remain unknown. Here we report that in *Penaeus vannamei*, under normal physiological conditions, hemocytes internalize some plasma hemocyanin via phagocytosis, clathrin-mediated endocytosis, and micropinocytosis, but this is enhanced during bacterial (*Vibrio parahaemolyticus, Vibrio alginolyticus*, *Staphylococcus aureus*, and *Streptococcus iniae*) and viral (White spot syndrome virus) challenge or upon stimulation with pathogen-associated molecular patterns. Posttranslational modification (PTM), especially mannosylation of hemocyanin mediated by the mannose receptor, further enhances hemocyanin binding with microbial pathogens and their endocytosis. These findings indicate that plasma hemocyanin is mainly internalized by hemocytes after undergoing PTM to enhance binding with microbial pathogens for endocytosis and intracellular clearance

Keywords: cellular immunity; crustaceans; posttranslational modification; hemocyanin; receptor-mediated endocytosis

资助项目：国家自然科学基金区域创新发展联合基金项目（No. U22A20536）

*通讯作者，章跃陵，博士，教授，博士生导师，主要从事对虾免疫生物学研究，Tel: 0754-86502580; 13592865628，E-mail: zhangyl@stu.edu.cn.

Effects of *Ulva prolifera* degradation on growth performance and antioxidant capacity of Japanese flounder (*Paralichthys olivaceus*) family

Yingming Yang [1,2], Wenlong Li [1], Run Wang [1], Dan Xu [3], Yadong Chen [1,2], Zhongkai Cui [1,2] and Songlin Chen [1, 2, *]

1. Key Laboratory for Sustainable Development of Marine Fisheries, Ministry of Agriculture, Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071, China

2. Laboratory for Marine Fisheries Science and Food Production Processes, Qingdao Laoshan Laboratory for Marine Science and Technology, Qingdao 266235, China

3. School of Ocean, Yantai University, Yantai 264005, PR China

Abstract: Massive macroalgae blooms, primarily caused by the overgrowth of Ulva prolifera (*U. proifera*) in the Yellow Sea of China, pose a severe risk to both marine organisms and the aquaculture industry. This study's aim was to evaluate the impact of *U. prolifera* degradation on the growth performance and antioxidant capacity of Japanese flounder (*Paralichthys olivaceus*) and select some potential Japanese flounder families (labeled 2101–2108, established by crossbreeding) tolerating *U. prolifera* degradation conditions. Thus, a 60-day *U. prolifera* exposure experiment was conducted. The results showed that the contents of Na, K, Mg, and Fe elements in the *U. prolifera* degradation water were significantly increased. The specific growth rate and survival rate of flounder were significantly decreased under the *U. prolifera* degradation condition, while the 2101 and 2103 flounder families showed a better growth performance compared with the positive control (PC) group. Moreover, the results showed that activities of total antioxidant capacity (T-AOC), transaminases, and alkaline phosphatase (AKP) in serum were significantly decreased, while the 2103 flounder family showed higher activities. Furthermore, *U. prolifera* degradation significantly increased superoxide dismutase (SOD) activity and glutathione (GSH) content while decreasing catalase (CAT) activity and malondialdehyde (MDA) content in the liver. Specifically, SOD and CAT activities of the 2103 flounder family were higher than the 2101 flounder family and PC group. In addition, the gill SOD and CAT activities of the 2103 flounder family were significantly higher than the PC group. Similarly, the antioxidant-related gene (*sod* and *cat*) expressions were synchronously upregulated or downregulated in the liver and gills in response to *U. prolifera* degradation. These results revealed that *U. prolifera* degradation decreased the growth performance and influenced the antioxidant capacity of Japanese flounder, while the 2103 flounder family had better advantages in the *U. prolifera* degradation condition. Therefore, the 2103 flounder family could be regarded as the potential flounder family tolerating *U. prolifera* degradation. The increased Fe content in the U. prolifera degradation water may be one of the main causes of the physiological alterations observed in Japanese flounder.

Keywords: *Ulva prolifera*; growth performance; antioxidant capacity; family; *Paralichthys olivaceus*

资助项目： 中央公益性科研院所基本科研业务费(2020TD20);山东省重点研发项目(2021LZGC028)；山东省泰山学者攀登计划

*通讯作者，陈松林，院士，研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail: chensl@ysfri.ac.cn

狭孔金线鲃种质资源收集与遗传评价

董鹏林

罗平县农业农村局

摘要: 本研究的目标是对狭孔金线鲃（Pseudobagrus truncatus）的种质资源进行彻底的搜集和遗传学评估。研究团队在多个地理区域进行了实地调查，搜集了来自不同种群的样本，并对其进行了形态学和分子标记分析。研究发现，狭孔金线鲃在形态学特征上存在显著差异，特别是在体长、体高和鳍条数目等方面。通过线粒体 DNA 和微卫星标记分析，本研究揭示了不同种群间的遗传多样性和亲缘关系。研究结果指出，特定地理区域的种群具有较高的遗传多样性，为种质资源的保护和利用提供了重要的科学依据。此外，通过聚类分析和主成分分析，进一步阐明了种群间的遗传结构。本研究为狭孔金线鲃的遗传资源管理及育种改良提供了理论支持，并为该物种的可持续发展奠定了坚实的基础。

关键词：狭孔金线鲃, 种质资源, 遗传评价, 形态学, 分子标记, 遗传多样性

Collection and genetic evaluation of germplasm resources

Dong Peng Lin

Luoping County Bureau of Agriculture and Rural Affairs

Abstract: The goal of this study is to complete the germplasm collection and genetic evaluation of barbus (*Pseudobagrus truncatus*). The research team conducted field surveys in several geographic areas, collected samples from different populations, and analyzed the morphological and molecular markers. It is found that there are significant differences in morphological characteristics, especially in body length, body height and fin bar number. Using mitochondrial DNA and microsatellite markers, this study revealed genetic diversity and relatedness among different populations. The results point out that the populations in specific geographical areas have high genetic diversity, which provides an important scientific basis for the conservation and utilization of germplasm resources. Furthermore, the genetic structure among the populations was further elucidated by cluster analysis and principal component analysis. This study provides theoretical support for the genetic resource management and breeding improvement of Barbus, and lays a solid foundation for the sustainable development of this species.

Key words: barbus, germplasm resources, genetic evaluation, morphology, molecular markers, genetic diversity

红鳍东方鲀生长性状的遗传力估计、*GHR*2 基因 SNPs 的筛选与分析

马文超[1]，仇雪梅[1,2]，王秀利[1,2]

1.大连海洋大学，辽宁大连 116023；

2. 辽宁省河鲀良种繁育及健康养殖重点实验室，辽宁大连 116023

摘要：红鳍东方鲀（*Takifugu rubripes*）是我国北方重要的海水养殖鱼类，是出口创汇的主要海珍品。通过家系育种的方法，构建并选育了三十多个全同胞家系，在 1、2、6、12、18 月龄时，测定了体重、体长和体全长等生长性状，并进行了生长性状的遗传力估计。以生长激素受体 2（Growth hormone receptor 2，GHR2）基因为生长性状的候选关键基因，利用红鳍东方鲀全同胞家系的生长性状测定值及对应的生物样本，采用 DNA 测序和最小二乘分析等方法，筛选 SNPs 并分析 SNPs 与生长性状的相关性。结果表明：（1）红鳍东方鲀 1 月龄的体重、体长和体全长的遗传力分别为 0.73、0.65 和 0.66；2 月龄的体重、体长和体全长的遗传力分别为 0.48、0.38 和 0.35；6 月龄的体重、体长和体全长的遗传力分别为 0.23、0.19 和 0.16；12 月龄体重、体长和体全长遗传力分别为 0.28、0.26、0.37；18 月龄的体重、体长和体全长的遗传力分别为 0.23、0.16 和 0.19；（2）除 12 月龄生长性状的遗传力高于 6 月龄和 18 月龄的遗传力外，随着红鳍东方鲀月龄的增加，这三个生长性状的遗传力估计值呈下降的趋势。12 月龄生长性状的遗传力可能受冬季越冬养殖的影响；（3）红鳍东方鲀 1、2、6、18 月龄的体重、体长和体全长等性状间的遗传相关、表型相关均为中高度正相关（R=0.74～0.98），但 12 月龄的体重与体长、全长的遗传相关较低（R=0.35～0.72），可能受越冬养殖的影响；（4）红鳍东方鲀 *GHR*2 基因上存在 11 个 SNPs，经方差分析、T 检验和多重比较，该基因的外显子上有 6 个 SNPs 与生长性状相关；（5）SNP1（T3672C）的 CC 基因型个体的体重、体长和体全长显著高于 TC 基因型和 TT 基因型的测定值（$p<0.05$）；SNP5（C5692T）与 SNP6（A5731G）、SNP11(C5978T）(在家系 6 连锁，同时突变）存在两种基因型（即三个 SNPs 位点形成两种双倍型），CC 基因型个体只有体重显著高于 CT 基因型的测定值（$p<0.05$），而在体长和体全长上差异均不显著；（6）SNP9（T5910C）和 SNP4（C5610T）连锁，同步突变）存在三种基因型（即形成三种双倍型），TT 型体重、全长显著高于 CC 型（$p<0.05$），而在体长上 TT 型＞TC 型＞CC 型（$p<0.05$）。

关键词：红鳍东方鲀，生长性状，遗传力估计，*GHR*2 基因，SNPs 分析

资助项目：国家海水鱼产业技术体系岗位科学家专项（CARS-47）；大连市重点领域创新团队项目（2021RT07）

*通讯作者，仇雪梅，教授，主要从事水生生物技术与遗传育种

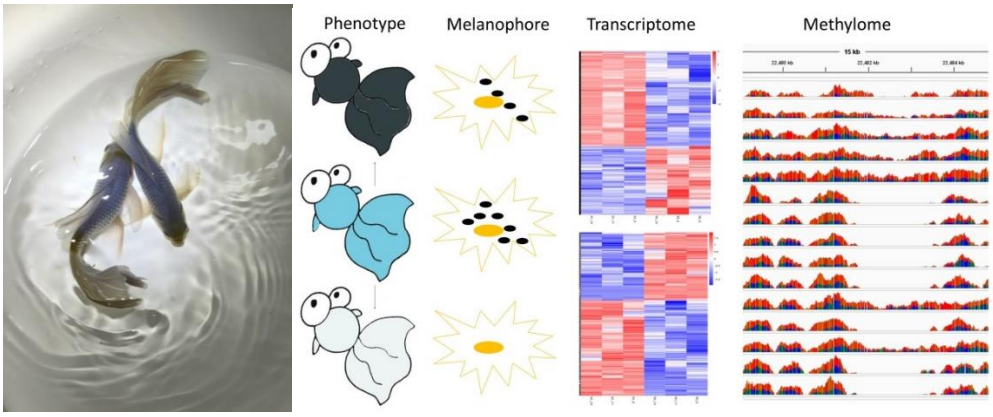
E-mail: xmqiu@dlou.edu.cn

蓝色草金鱼新品系“北京蓝”的创制及其体色变化机制解析

刘丽丽[1]，张蓉[1]，李绘娟[1]，王晓雯，朱华[1*]

1. 北京市农林科学院水产科学研究所，北京 100068

摘要：金鱼是从野生鲫鱼（*Carassius auratus*）驯化而来的观赏鱼类，起源于中国宋朝时期，时至今日遍及全球，形成草种、文种和蛋种等不同形态类型。草种金鱼体色通常为红色、红白、五花等，适应性强，易饲养。文种金鱼体色多样，色彩艳丽，尾型飘逸，抵抗力相对较差，养殖技术要求较高。我们以精品蓝文鱼和红色草种金鱼为亲本，经过连续 6 代选育，自主创制蓝色草金鱼新品系——“北京蓝”草金。“北京蓝”体表覆盖蓝色鳞片，阳光照耀下体色犹如十月北京的蓝天，体色稳定，尾型飘逸，适应性强，饲养简单。全基因组亚硫酸氢盐测序、转录组测序与透射电镜成像联合分析表明，金鱼蓝体色的形成主要依赖于黑色素细胞。细胞连接减弱，细胞骨架重组和囊泡运输驱动黑色素/黑素体在黑色素细胞内和胞间移动，可能是导致金鱼蓝体色向黑色或者白色动态变化的主要原因。



关键词：金鱼；体色；黑色素细胞；细胞骨架重组；囊泡运输；细胞连接

资助项目：北京市自然科学基金(6194032)；现代农业产业技术体系北京市创新团队(BAIC07-2022)

*通讯作者，朱华，博士，研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail: zhuhua@baafs.net.cn

长体鳜全基因组组装和分类地位的确证

姜敏[1,2]，马凤娇[2,3]，尹登花[2]，刘凯[1,2,3*]

1.上海海洋大学，上海，201306

2.中国水产科学研究院淡水渔业研究中心，农业农村部淡水渔业和种质资源利用重点实验室，江苏无锡，214081

3.南京农业大学，无锡渔业学院，江苏无锡，214081

摘要：长体鳜主要分布于我国东部水域，其种群数量稀少，处于易危状态。其前期相关研究工作薄弱，国内学者对其生物学及遗传学研究较少，这不利于其种质资源保护。为促进其繁育保护及资源养护研究，我们结合 DNBSeq 短读、PacBio HiFi 长读、Nanopore 超长读和 Hi-C 数据构建了其无缺口完整基因组。作为鳜类首个 T2T(端粒-端粒)高质量基因组，其大小为 717.34 Mb，contig N50 为 30.25 Mb，每条染色体由单个 contig 组成。共预测 26596 个基因，其中 87.97%的基因被功能注释。高精度基因组信息为深入了解其种质资源信息，对厘清鳜类的分类地位及进化研究提供了宝贵的资料，对其种质资源保护和利用具有重要意义。

关键词：长体鳜；染色体水平基因组组装；系统发育；分类地位

资助项目:中国水产科学研究院中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金资助(2023TD11)；长江干流江苏段水生生物资源监测(2021-SJ-110-04)

*通讯作者，刘凯，研究员，主要从事鱼类生态学及珍稀濒危物种保护

E-mail:liuk@ffrc.cne

渤海三疣梭子蟹 (*Portunus trituberculatus*) 分子标记辅助育种技术开发利用

康现江[1*]，段保华[1]，康彤旭[1]，万海付[1]，张晨[1]，张吉顺[1]，刘伟彪[1]，李书琴[1]，于跃[1]，李泽健[2]

1.河北大学生命科学学院，河北保定 071000；

2.黄骅市农业农村发展局，河北黄骅 061100

摘要：三疣梭子蟹 (*Portunus trituberculatus*) 是一种重要的水产养殖蟹类，广泛分布于中国的沿海水域，具有丰富的营养和较高的经济价值。然而，近年来，由于环境污染、过度捕捞和病害频发等因素导致三疣梭子蟹种质退化，资源减少，个体差异大。本研究利用转录组测序开发的微卫星标记（simple sequence repeats，SSRs）和简化基因组测序（GBS)开发的单核苷酸多态性标记(single nucleotide polymorphisms, SNPs)初步探明了渤海三疣梭子蟹群体结构以及较低的遗传多样性水平。此外，本研究利用混合分组分析技术（bulk segregant analysis，BSA）对三疣梭子蟹快慢生长组进行测序，鉴定到 294970 个 SNPs 和 1852 个显著差异基因。关联分析显示，11 个 SNPs 与三疣梭子蟹梭子蟹（体重、全甲宽、体高和体长）显著相关，其中 g.34272071 C>T 与体重显著相关 g.34241560 A>G 与 4 个生长性状均相关。富集分析表明，*Hmcn2*、*Rbm5*、*Akap13* 和 *Dyh1b* 基因参与三疣梭子蟹生长发育。本研究为阐明三疣梭子蟹生长性状的遗传机制提供了理论依据，并为良种繁育提供了重要标记。

关键词：三疣梭子蟹；SSR；SNP；BSA；生长性状

资助项目：河北省自然科学基金重点项目“渤海三疣梭子蟹野生群体的遗传多样性与良种选育”（C2016201249¾；河北省重点研发计划项目“特色水产现代种业科技创新团队”（21326307D）

*通讯作者，康现江，教授，主要从事水生生物资源利用与保护，细胞发育与分化及其应用，生物新技术在水产养殖业中应用。

E-mail: xjkang218@126.com

大黄鱼多组学数据库构建及在遗传和育种中应用

方铭[1*]，王志勇[1]，姜丹[1]

1. 集美大学水产学院，福建厦门 361021

摘要：大黄鱼是我国最重要的海水养殖经济鱼类之一，对抗病、抗逆、生长、肉质等经济性状的遗传选育是提高养殖经济效益的有效手段。分子选育与传统选育优势互补，在大黄鱼遗传改良中发挥了重要作用。但分子选育效果严重依赖于数据库的规模和质量。集美大学鱼类遗传育种团队经过 7 年时间积累建立了大型多组学数据库，该数据库包括表型组数据（抗内脏白点病、白鳃病、体表白点病、锥体虫病表型）、生长数据（体长、体重等）、屠宰性状（去脏重、肝脏重、性腺重等）、适应低鱼粉能力、肌肉脂肪酸含量（DHA、EPA 等 37 种脂肪酸）等 100 余个表型。该数据库共汇总了>1 万余尾大黄鱼表型数据，而且也对这些个体进行了全基因组重测序，挖掘了千万个 SNP 变异，全基因组关联分析发现了百余个 GWAS 位点。此外，为了在 GWAS 位点内鉴定导致表型变异的功能基因和遗传变异，我们还全面建立了包括肝脏、肌肉、脑等 8 个组织的转录组数据库，构建了全面的基因组调控变异图谱，通过该转录组数据库，我们在 GWAS 位点内预测了导致表型变异的因果基因，且利用转基因和基因编辑实验验证了部分基因对表型的作用。总之，我们构建了全面的大黄鱼多组学数据库，该数据库已被应用于大黄鱼多性状综合选育和功能基因挖掘等研究，也为大黄鱼精准选育提供必要支撑。

关键词：大黄鱼；多组学；GWAS；表达调控；分子选育

资助项目：国家海水鱼产业技术体系(CARS-47-G04)；国家科技部重点研发专项(2022YFD2401001，2018YFD0901201)

*通讯作者，方铭，教授，主要从事水产遗传育种、统计基因组学、数量遗传

E-mail:fangming618@126.com

Hemocyanin targets stress-induced damaged mitochondria to modulate mitophagy

Zhihong Zheng[1], Jude Juventus Aweya[1,3], Jiawei Cheng[1], Hejia Chen[1], Shiyuan Bao[1], Ruixue Hao[1], Defu Yao[1], Yongzhen Zhao[2], Xiuli Chen[2], Shengkang Li[1*], Yueling Zhang[1*]

1 Guangdong Provincial Key Laboratory of Marine Biotechnology, Institute of Marine Sciences, Shantou University, Shantou 515063, China

2 Guangxi Academy of Fishery Sciences, Guangxi Key Laboratory of Aquatic Genetic Breeding and Healthy Aquaculture, Nanning 530021, China

3 Department of Food and Human Nutritional Sciences, University of Manitoba, Winnipeg, MB, Canada

Abstract: Understanding the molecular mechanisms of redox homeostasis is crucial for elucidating cellular oxidative stress responses, particularly in marine invertebrates where these are less characterized. Here, we investigated the role of the respiratory protein hemocyanin in modulating reactive oxygen species (ROS) levels and mitochondrial integrity in penaeid shrimp hepatopancreas, a critical immune-metabolic organ. We demonstrate that hemocyanin is intricately involved in the redox system, where its knockdown alters the expression of antioxidant and pro-oxidant genes and increases mitochondrial ROS (mtROS) production. Depleted hemocyanin levels disrupt mitochondrial integrity and trigger oxidative stress indicators, indicating its essential role in redox homeostasis. Moreover, we reveal that hemocyanin directly interacts with mitochondrial proteins, particularly prohibitin, to induce mitophagy through its association with the autophagy-related protein LC3. These findings indicate a key role of hemocyanin as an antioxidative agent that modulates mitophagy and maintains cellular redox in response to stress conditions, which provides new insights into the antioxidative defense mechanisms in marine invertebrates.

Keywords: Oxidative-reductive system; mitochondrial damage; respiratory proteins; hemocyanin; crustaceans

---

资助项目：国家自然基金面上项目（No. 32202976）；国家自然科学基金区域创新发展联合基金项目（No. U22A20536）

*通讯作者，章跃陵，博士，教授，主要从事海洋生物分子免疫学与蛋白质组学；水产动物免疫与病害学，Tel: 0754-86502580 13592865628，E-mail: zhangyl@stu.edu.cn.

Integrated time-series transcriptome and metabolomics reveal key metabolites and signaling pathways in the liver and spleen of American bullfrogs (*Aquarana catesbeiana*) involved in the response mechanism to *Elizabethkingia miricola* infection

Peikui Yang[1*,2], JiaWei Lin[1], Qiongjun Zhao[1], Yuzhong Zheng[1,2], Xianghui Zou[1,2], Yanjie Sun[1], Yaqun Liu[1,2]

1. School of Life Science and Food Engineering, Hanshan Normal University, Chaozhou, 521041, China

2. Guangdong Provincial Key Laboratory of Functional Substances in Medicinal Edible Resources and Healthcare Products, Hanshan Normal University, Chaozhou, 521041, China

Abstract: *Elizabethkingia miricola* is a ubiquitous zoonotic environmental bacterial pathogen that can cause disease in humans and various animals. Explored the host response mechanism against *E. miricola* infection can facilitate to development of efficient control strategies. The American bullfrog (*Aquarana catesbeiana*) was infected with *E. miricola* and the changes of the transcriptomic and metabolomic levels in liver and spleen were analyzed at 0, 1, 2, and 3 d post-challenge. A total of 3818 and 4166 DEGs were identified in the liver and spleen transcriptomes, whereas 518 and 464 DAMs were found in the metabolomic data. Short time-series expression miner (STEM) analysis revealed 6 and 7 significant gene expression patterns in the liver and spleen samples, with many immune and lipid metabolism pathways altered at different time points, revealed by gene set enrichment analysis (GSEA). The metabolomic data revealed dysregulation of 86 and 75 pathways in the liver and spleen after *E. miricola* infection, many of which are involved in lipid, amino acid, and carbohydrate metabolism, and signal transduction. Using KEGG enrichment and STEM analysis, the glycerophospholipid pathway was found to be crucial in bullfrogs' antibacterial defense. This study, which used a multi-omics approach to evaluate the antibacterial response mechanisms of bullfrogs during *E. miricola* infection, revealed a complex regulatory network. Most importantly, the data indicates that bullfrog exhibits stage-specific immune and metabolic responses to counteract *E. miricola* infection.

Keyword: *Elizabethkingia miricola*; *Aquarana catesbeiana*; time-series; transcriptome; metabolomics; bullfrogs; liver; spleen

---

资助项目：广东省普通高校特色创新项目(2023KTSCX075)、广东省粤东药食资源功能物质与治未病研究重点实验室(2021B1212040015)。

*通讯作者，杨培奎，男，博士，助理研究员，主要从事水产动物分子免疫生物学研究，Tel: 13592865628，E-mail: peiky1004@163.com

Analysis of the molecular mechanisms involved in the regulation of carotenoid metabolism in koi carp (*Kohaku*) by *β*-carotene degradation genes

Mingkun Luo[2], Xiulan Shi[2], Xiaoyu Chen[2], Zaijie Dong[1,2*]

1. Key Laboratory of Freshwater Fisheries and Germplasm Resources Utilization, Freshwater Fisheries Research Center of Chinese Academy of Fishery Sciences, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Wuxi 214128, China.

2. Wuxi Fisheries College, Nanjing Agricultural University, Wuxi 214081, China.

Abstract： The Koi carp (*Cyprinus carpio* var. koi) is one of the world's most popular high-grade ornamental fish, and its market value and demand are directly determined by the quality of its skin color and pattern. We investigated the diversity and functional changes of the red and white skin cells of *kohaku* koi using single-cell RNA-seq technology. The differences in morphological characteristics and pigmentation content were observed using scanning electron microscopy and the Elisa test. Then, we focus on the *bcmo*1 and *bco*2 genes, which structural features, distribution, spatial-temporal expression levels and molecular regulatory mechanisms in the carotenoid metabolic network were investigated by RACE-PCR, family gene identification, immunohistochemistry, RNA interference, recombinant protein constructs, CRISPR/Cas9, transcriptome sequencing and exogenous carotenoid feeding. The results provide a molecular foundation for the analysis of two degradation enzyme genes involved in carotenoid metabolism in fish, as well as a theoretical basis for the subsequent selection and breeding of high-quality *Kohaku* koi.

Keywords： Koi carp; skin color; *β*-carotene genes; molecular mechanisms

资助项目：国家自然科学基金青年基金（32202924）；江苏省自然科学基金青年基金（BK20220227）

*通讯作者：董在杰，研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种
E-mail: dongzj@ffrc.cn

The co-administration of aromatase inhibitor/estradiol leads to male fate in the protogynous orange-spotted grouper, *Epinephelus coioides*

Minwei Huang [1, 3,] Xiaoying Chen[1, 3,] Huijie Lu[1], Kai Peng[1, 3], Jichen Zhao[1], Zhuohao Ruan[1], Yuping Sun[1], Jinlei Liu[3], Yong Zhang [2] and Wen Huang [1, 3, *]

1.Collaborative Innovation Center of Aquatic Sciences, Guangdong Key Laboratory of Animal Breeding and Nutrition, Institute of Animal Science, Guangdong Academy of Agricultural Sciences, Guangzhou 510640;

2．State Key Laboratory of Biocontrol and School of Life Sciences, Southern Marine Science and Engineering Guangdong Laboratory (Zhuhai), Guangdong Provincial Key Laboratory for Aquatic Economic Animals, Sun Yat-Sen University, Guangzhou 510275;

3．Guangdong Havwii Agricultural Group Co., Ltd, Zhanjiang, China.

Abstract: Groupers are hermaphroditic protogynous fish that develop ovary at the primary sex differentiation. However, the underlying endocrine mechanisms are not clearly understood. In this study, we systematically investigated the effect of AI (letrozole)-feeding, AI+17β-estradiol (E2)-feeding, AI-feeding withdrawal and AI+E2-feeding withdrawal during the ovary differentiation stage in the orange-spotted groupers, Epinephelus coioides. Both AI and AI+E2 feeding induced an impermanent sex reversal from immature ovaries to testes. The expression of cyp19a1a and foxl2 was suppressed, while the expression of cyp11b and dmrt1 was up-regulated in the AI and AI+E2 group. This suppression or activation effect on sex-related genes was disappeared response to the withdrawal of AI and AI+E2. Consistent with the expression pattern of sex-related genes, the serum 11-ketotestosterone level was upregulated in AI and AI+E2 group, and down-regulated in the AI withdrawal and AI+E2 withdrawal group. Finally, we tracing cell proliferation and apoptosis during the female-male-female sex reversal, and found that the apoptotic cells formed the efferent duct and then the male germ cells may origin from the cells surrounding it. Overall, our results suggested that the down-regulation of cyp19a1a resulting the increase of endogenous androgen led to male fate in the orange-spotted grouper regardless the supple-mentation of exogenous estrogen.

Keywords: endogenous hormones, *cyp19a1a*, aromatase inhibitor, sex differentiation, protogynous, Epinephelus coioides

---

资助项目：广东省农业科学院人才引进项目-青年科技骨干（R2022YJ-QG001），湛江市揭榜挂帅制项目石斑鱼种质创新与新品种培育(2021E05035)

*通讯作者，黄文，研究员，主要从事水产健康养殖与遗传育种 E-mail: huangwen@gdaas.cn

Grass carp (Ctenopharyngodon Idella) E3 ubiquitin ligase DTX4 regulates IFN antiviral response negatively by targeting IRF3/7

Lei Zhang, Zhao Xiang, Zhe Long, Hai-tai Chen, Tiao-Yi Xiao, Shu-Ting Xiong*

Abstract: Grass carp DTX4 is one of the five members of the ubiquitin E3 ligase Deltex (DTX) protein family, which has post-translational modifications on the protein, significantly affecting the stability and function of the protein. In this study, we report that grass carp DTX4 degrades IRF3/7 through targeted ubiquitination and plays a negative regulatory role in virus-induced induction of type I IFN. Functional analysis showed that overexpression of CiDTX4 significantly inhibited SVCV and GCRV-induced cellular antiviral response, thereby promoting viral replication (GCRV, SVCV). Mechanistically, we found that DTX4 inhibits IFN responses in RLR signaling channels and interacts with IRF3/7. Further studies showed that IRF3/7 mainly interacts with the WWE and RING domains and is degraded by ubiquitination. This study revealed the molecular mechanism by which grass carps DTX4 negatively regulates IFN response by targeting IRF3/7 protein degradation, providing a new understanding of the role of E3 ubiquitin ligase DTX4 in innate immune antiviral activity.

Keywors: *Ctenopharyngodon Idella*, E3 ubiquitin ligase, DTX4, IFN antiviral response, IRF3/7

This work was financially supported by Grants from the National Natural Science Foundation of China (32102782).

*Correspondence to: Dr. Shu-ting Xiong, No.1, Nongda Road, Furong District, Changsha City, Hunan Province 410128, China.

E-mail address: stxiong@hunau.edu.cn (Shu-ting Xiong).

The mechanical force from the flowing water stimulates the melanophores formation in reared Japanese flounder *Paralichthys olivaceus*

Yufeng Si[1,2], Changchen Ding[1], Hairuo Zhuang[1], Baolong Bao[*,1], Songlin Chen[2]

1.The Key Laboratory of Exploration and Utilization of Aquatic Genetic Resources, Shanghai Ocean University, Ministry of Education, Shanghai 201306, China

2.State Key Laboratory of Mariculture Biobreeding and Sustainable Goods, Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao, Shandong 266071, China

Abstract: Flatfish is an important mariculture fish in China with the ocular side mostly brown to black and the blind side white. Blind-side hypermelanosis phenomenon in factory farmed flatfish species *Paralichthys olivaceus* and *Cynoglossus semilaevis*, has become the bottleneck against the sustainable development of flatfish farming industry. In order to construct practical regulation and control technology, the underlying mechanism for this blind-side hypermelanosis should be clarified at first. In the present study, fast and slow flowing water were set up to explore the effects of currents on body color formation. The results showed that the number of melanocytes increased significantly in the ocular side of the skin and the hypermelanic blind skin, the color becomes significantly darker in both sides of the black skin under high speed water flow (0.2-0.4 m/s) compared with the micro speed water flow (0.01 m/s) after 50 days. Genes related to melanogenesis, mitf and tyrp1 were determined to increase in the fast flowing water group, and asip1 was determined to decrease in the treated group. The area of the darker skin of the hypermelanic blind side was decreased after high speed water flow treatment, with higher expression of mitf and asip1 in the whole ocular skin. Transcriptome sequencing was performed on the ocular skin, black blind skin and white blind skin. GO enrichment analysis highlighted the role of “Cellular ion transport”、“ion transport”、“Calcium ions mediate signal”. KEGG enrichment analysis highlighted the role of “arachidonic acid metabolism”, “ECM−receptor interaction”, “PPAR signal pathway” 、 “Retinol metabolism”, “folate metabolism”, suggesting that mechanoreceptors play an important role. Coherently, our studies have proved that the significant downregulation of asip1 gene, the significant upregulation of mitf, typr1 and trpv4 gene in the ocular skin and the hypermelanic blind skin. Our results provide new and valuable clues for understanding blind-side hypermelanosis phenomenon in flatfish, which may result from intracellular calcium ion concentration through TRPV4 in response to water flow mechanical force, and then calcium ion related signaling pathway affects melanocyte negative regulator asip1, thus regulating the formation of melanocytes and melanin production on the blind side of *Paralichthys olivaceus.*

Keywords: flatfish, body color, melanophore, blind-side hypermelanosis, water flow

---

资助项目：国家重点研发计划：鲆鲽类耐高温和速生新品种培育（2022YFD2400401）

*通讯作者，鲍宝龙，教授，主要从事鱼类基础生物学研究 E-mail: blbao@shou.edu.cn

Establishment and characterization of a gill cell line from Takifugu obscurus and transcriptome analysis of its gene expression profiles upon low temperature

WANG Jie[1], HAN Shuang[1], ZHANG Jingping[1], LUO Yuhao[1], WANG Youquan[1], CHEN Liangbiao [1*]

1 College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China

Abstract

The rapid development of *T. obscurus* aquaculture industry has been accompanied by disease and low-temperature stress, resulting in huge economic losses. Cell lines are used extensively in teleost physiology and pathology as the most cost-effective platform for *in vitro* research. *T.obscurus* gill cell line (named TOG) was established and characterized for the first time. TOG cells grew stably and were able to transfect and express exogenous genes. After the stimulation with lipopolysaccharide (LPS) and poly (I:C), the response of TOG cells to pathogen infection was similar to that *in vivo*, suggesting that TOG cells could be used as an *in vitro* platform to investigate fish immunology. Transcriptome analysis of TOG under low-temperature stress found that differentially expressed genes (DEGs) were significantly enriched in several immunological and energy metabolic pathways, and cold stress could disrupt the immune barrier and reduce immunity by downregulating the immune-related pathways. WGCNA revealed that the hub modules were both predominantly found in PPAR, NOD-like receptor and Toll-like receptor signaling pathway. Hub genes were identified in these two modules, including *mre11*, *clpb*, *dhx15*, *ddx18* and *utp15*. TOG cell line will become an effective *in vitro* tool for genetic and immunological researches, and our results would help us gain a deeper insight into the molecular mechanism of cold tolerance in teleost.

Keywords: *Takifugu obscurus*, Gill, Cell line, Low temperature, Immunology.

资助项目：国家自然科学基金 (32130109)

*通讯作者，陈良标，教授，主要从事鱼类抗逆基因的挖掘和利用和极地鱼类适应极端环境的遗传机制

E-mail: lbchen@shou.edu.cn

Investigating transcriptomics and metabolomics differences offers insights into the mechanisms of muscular fat deposition in common carp (*Cyprinus carpio*)

Kexin Zhang [1], Tianqi Liu [1], Zhipeng Sun, Cuiyun Lu, Rongbin Na, Yanchun Sun, Xianhu Zheng *

National and Local Joint Engineering Laboratory for Freshwater Fish Breeding, Heilongjiang River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Harbin, 150070, China

Abstract: With the global population increasing and lifestyle improving, the demand for high-quality nutritional aquatic foods has been rising. Muscle fat is a crucial nutritional index for evaluating the quality of fish flesh. However, the comprehensive and systematic understanding of the molecular mechanism underlying differences in muscle fat deposition remains insufficient. In this study, we integrated transcriptomics and metabolomics of selected samples with extremely high and low muscle fat in common carp (Cyprinus carpio), the major freshwater aquaculture fish in Asia, to identify critical genes, metabolites and metabolic pathways. We totally identified 204 differentially expressed genes (DEGs) and 1528 differentially accumulated metabolites (DAMs). Glycerolipid, glycerophospholipid and glyoxylate and dicarboxylate metabolisms were enriched through both transcriptomics and metabolomics. These lipid metabolism pathways may be regulated by some critical signal transduction pathways, including Extracellular matrix [ECM]-receptor interaction, mTOR signaling pathway and FoxO signaling pathway. Combined with the validation of gene expression and biochemical indices, a supposed regulatory network was established. To our knowledge, it is the first study to apply a multi-omics approach in fish with naturally different muscle fat to comprehensively elucidate the mechanism. This study could deepen our understanding of the molecular mechanism of muscle fat deposition and be helpful for improving the quality of fish.

Keywords: muscle fat deposition; molecular mechanism; aquatic food; multi-omics; regulatory network; *Cyprinus carpio*

资助项目：国家自然科学基金(32072972)；国家重点研发计划 (2022YFD2400102)；国家重点研发计划项目(2023YFD2400204)

*通讯作者，陈松林，院士，研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail: chensl@ysfri.ac.cn

银鲳低温适应分子机制研究

张曼[1,2,3]，唐梦珂[1,2,3]，邱榆蓓[1,2,3]，朱家杰[1,2,3]，胡佳宝[1,2,3]，王亚军[1,2,3,*]

1. 海洋生物技术与工程国家地方联合工程实验室，浙江宁波 315211；
2. 水产生物技术教育部重点实验室（宁波大学），浙江宁波 315211；
3. 浙江省海洋生物工程重点实验室，浙江宁波 315211

摘要：银鲳（*Pampus argenteus*）是我国重要的海水经济鱼类，本研究团队已解决人工繁育难题。推广过程中发现银鲳无法适应浙江以北地区的室外养殖模式，究其根本是因为无法自然越冬。因此，本团队自 2020 年起开展耐低温银鲳选育工作，通过群体选育得到低温 F3 代。但银鲳的低温耐受极限及分子机制尚不清楚。鉴于此，本研究首先通过降温及复温过程中的存活率构建回归曲线，确定银鲳的半致死温度为 7.09℃，分析整个过程中银鲳的生理生化及脂肪酸变化。结果表明低温下鳃组织出现病理变化及线粒体损伤；降温初期银鲳积累脂肪酸，到复温时脂肪酸大量消耗；低温积累的氧化应激和组织损伤无法在短期内恢复；其次，对银鲳的肌肉、肝脏和鳃进行转录组测序，结果显示低温下 MAPK 信号通路显著富集，该通路由 JNK、ERK 和 p38 构成，这 3 个关键酶受 DUSP 蛋白调控。因此，我们分析了银鲳的 *dusp* 基因家族，确定银鲳有 29 个家族成员。结合转录组表达量分析，选择银鲳的 *dusp1/5* 进行组织表达分布和功能验证；接着构建银鲳肝细胞系低温模型，对 *scd1*、*acsl*、*dusp1* 及 *dusp5* 基因进行干扰和过表达，通过检测细胞凋亡、基因及蛋白的表达量、脂滴染色等确定关键基因在低温下的功能及调控关系。结果表明，*scd1* 基因的表达与低温下的细胞凋亡呈负相关，该基因的表达可能通过 *srebp* 和 *pparγ* 共同调控。在变温细胞模型中干扰 *acsl* 基因，会影响脂滴的迁移和脂肪酸的利用。过表达 *dusp1* 和 *dusp5* 可降低 MAPK 信号通路中 JNK、ERK 和 P38 的表达，抑制细胞凋亡。最后，我们对银鲳低温耐受组和低温敏感组进行简化基因组（RAD-Seq）测序，筛选温度相关 SNPs 位。结果表明，低温耐受组获得 555 个候选基因，主要集中在 14 号染色体上，表明 14 号染色体可能与银鲳耐低温性状相关；通路富集分析与转录组结果一致，候选基因 SNPs 主要集中在 MAPK 信号通路，其中 RasGRP，AP1/c-fos 和 MAX 可作为候选分子标记用于后续验证。

关键词：银鲳，耐低温，分子机制，转录组，简化基因组[3]

资助项目：东海特色海水鱼规模化育苗与高效安全养殖技术研究(2024C02006)；宁波市科技创新 2025 重大专项(2021Z003)；

*通讯作者，王亚军，教授，主要从事鱼类分子育种与健康养殖；E-mail: wangyajun@nbu.edu.cn

兰州鲇性别决定机制及性染色体的演化历程解析

王焘[1,2]，巩高瑞[3]，梅洁[1,3*]，桂建芳[1*]，李熙银[1*]

1. 中国科学院水生生物研究所，湖北武汉 430072；
2. 广东海洋大学水产学院，广东湛江 524088；
3. 华中农业大学水产学院，湖北武汉 430070

摘要： 兰州鲇（*Silurus lanzhouensis*）又称黄河鲇，是黄河流域的特色经济鱼类，其雄性生长速率和个体大小显著大于雌性，在解析其性别决定机制基础上培育全雄群体，具有重要应用价值。首先，我们通过人工雌核生殖鉴定兰州鲇具有 XX/XY 雄性异配型性别决定系统，并开发 X 和 Y 染色体连锁的遗传标记；随后，通过偶发的具有 XY 基因型的雌雄同体鱼自交，获得了含有 YY 超雄子代自交家系，利用自交家系中的 YY 超雄鱼与野生型的 XX 雌鱼繁殖，获得了具有显著的生长优势（4 月龄体重提升 17.8%）的 XY 全雄群体；与传统路径相比，利用雌雄同体鱼自交培育全雄群体的技术路径避免了激素使用、提高了子代纯度、缩短了育种周期。在此基础上，对兰州鲇雌核生殖纯化的 XX 个体和自交纯化的 YY 个体进行了从头测序组装，构建出两套高质量的染色体水平基因组，从而获得了无嵌合的 X 和 Y 染色体序列；通过重测序和性染色体比较分析，鉴定到 24 号染色体为兰州鲇的性染色体，并在 Y 染色特异区域发现了一个性别决定候选基因 *amhr2y*；利用染色体原位杂交、表达模式分析和基因敲除等技术手段确定 *amhr2y* 为兰州鲇的性别决定基因；此外，对鲇属（*Silurus*）鱼类中的兰州鲇、南方大口鲇（*S. meridionalis*）和鲇（*S. asotus*）的性染色体进行详细的比较分析，揭示了鲇属祖先种 24 号染色体由于获得 *amhr2y* 发生了独立的性染色体起源，在南方大口鲇和兰州鲇中保留 24 号染色体为性染色体，而在鲇中发生了从 24 号到 5 号的性染色体转换事件；并且在鲇属性染色体在演化过程中发生了重复序列富集、基因聚集以及基因降解等现象。本研究揭示了鲇属性别决定基因起源、重复序列扩张、基因聚集和降解、性染色体转换等事件，展示了一个清晰的性染色体演化早期阶段的动态过程。同时，该研究开发的性染色体连锁标记、YY 超雄鱼、XX 和 YY 基因组，也为兰州鲇遗传育种尤其是全雄群体培育提供了理论和技术支撑。

关键词： 兰州鲇；鲇属；性别决定；性别控制育种；性染色体演化

资助项目： 中国科学院战略性先导科技专项（A 类）（XDA24030505）

*通讯作者，李熙银，研究员，研究方向为鱼类遗传学与鱼类遗传育种；E-mail: lixiyin@ihb.ac.cn

乌鳢基因组图谱构建及重要经济性状解析

孙冬磊[1]，温海深[1]，齐鑫[1]，李超[2]，李昀[1,*]

1. 海水养殖教育部重点实验室（中国海洋大学），山东 青岛 266003

2. 青岛农业大学，山东 青岛 266003

摘要：乌鳢（*Channa argus*）是我国重要的淡水经济鱼类，其生长速度快，营养价值高，分布范围较广。并且乌鳢极耐低氧，具有辅助呼吸器官——鳃上器，能够进行空气呼吸，在探究特殊器官的功能和进化起源中具有重要地位。首先，本研究利用 PacBio HiFi 测序和 Hi-C 技术构建了高质量雌性乌鳢染色体水平参考基因组，具有较高的完整性和连续性。基于此高质量基因组，通过比较基因组分析挖掘出 *mbl2*、*sftpd*、*vegfab*、*loxl2b* 等与鳃上器官结构功能相关候选基因，从基因组层面探究了乌鳢鳃上器官进化起源及其低氧耐受能力相关潜在机制。体色作为商品鱼类的重要经济性状，我们在养殖生产过程中发现了一种金黄色皮肤的突变品系—金乌鳢。利用全基因组重测序分析方法结合基因敲低以及表型挽救实验，确定了金乌鳢体色形成的根本原因为 *slc45a2* 无义突变，阐明了其体色突变分子调控机制，为鱼类成纤维细胞与黑色素细胞间的重要交互作用提供依据。并首次构建了乌鳢皮肤单细胞转录组图谱，从单细胞水平阐明两种体色乌鳢皮肤间的差异，探究了成纤维细胞异质性对黑色素合成的潜在调控机制。此外，乌鳢在生长上存在明显的性别二态性，雄性生长速度显著快于雌性。因此，全雄鱼育种将显著提高养殖效率。然而，其性别决定机制仍不清晰。通过 GWAS 与 Pool-seq 分析相结合的方法，将乌鳢和斑鳢的 SD 区间精确定位到<200 kb，并鉴定得到两个蛋白编码基因 *rnf144a* 和 *id2* 作为候选 SD 基因。同时鉴定出一个 4-5 kb 雄性特异片段，并基于此开发出首个可用于乌鳢和斑鳢及其杂交种性别鉴定的通用性别特异分子标记。本研究结果不仅能够助力于鳢科鱼类全基因组选择育种的研究进程，同时可以为硬骨鱼类的物种进化、低氧耐受、体色突变、性别决定等多方面研究提供理论参考依据。

关键词：乌鳢；基因组；白化；性别决定；分子标记

资助项目：山东省鱼类产业技术体系项目资助（SDAIT-12-03）

*通讯作者，李昀，女，教授，博士生导师，主要从事鱼类经济性状解析与分子育种研究

Tel：0532- 82031792，E-mail: yunli0116@ouc.edu.cn

罗非鱼种间抗寒能力差异的遗传机制研究

宋桂丽[1]，刘冉[1]，陈少雄[1]，李青[1]，崔宗斌[2]，龙勇[1*]

1. 中国科学院水生生物研究所，湖北，武汉 430072

2. 广东省科学院微生物研究所，广东，广州 510070

摘要：近年来，受气候变化影响，极端低温事件频发，严重影响罗非鱼等不耐低温鱼类的健康养殖。解析鱼类抗寒性状的遗传基础具有重要的理论和经济意义，但目前决定鱼类抗寒能力的关键基因及其表达调控机制尚不清楚。我们以亲缘关系相近但抗寒能力差异显著的奥利亚罗非鱼（*Oreochromis aureus*，BT）和尼罗罗非鱼（*O. niloticus*，NT）为对象，研究决定种间抗寒能力差异的遗传机制。致死低温暴露实验结果表明，研究所用 BT 的抗寒能力强于 NT。在 20℃适应后，BT 和 NT 的临界低温值与 28℃相比均显著降低，说明其均具有低温适应的能力。对 BT 和 NT 进行 28，20 和 12℃梯度降温处理后，在不同温度分别取脑组织，通过 Iso-seq 获得 27140 条 BT 和 34542 条 NT 的全长转录本序列，完善了对基因组序列的注释。通过 RNA-seq 分析鉴定到 *cirbpa* 和 *ddx3xa* 等种间共同的上调表达基因，以及 *rbm5* 和 *rbmx* 等下调表达基因。对本研究和斑马鱼（*Danio rerio*）低温暴露后的基因表达数据进行比较分析，鉴定到以 *nr1d2a*,*nr1d2b* 和 *per2* 为代表的 513 个核心抗寒相关基因（CRAGs）。CRAGs 在不同物种中均能被低温诱导表达，参与基因表达调控、信号转导和昼夜节律等生物学过程。通过对脑组织样本进行 ATAC-seq 和“足迹”分析，鉴定到 ATF3 和 FOS:JUN 二聚体等调控 CRAGs 表达的关键转录因子。从 RNA-seq 和 ATAC-seq 数据中，分别鉴定到 214,557 和 1,209,682 个种间变异位点，其中 5736 个变异位于转录因子结合位点中。此外，还发现 2 万余个影响可变剪接的变异,我们通过 Minigene splicing 分析证明了 *dend5a* 基因中 G/A 变异调控其可变剪接的功能。本研究结果对认识鱼类抗寒能力的遗传调控机制具有重要的意义。

关键词：罗非鱼；抗寒；基因；转录因子；遗传调控

资助项目：国家重点研发计划（2018YFD0900302）

*通讯作者，龙勇，副研究员，主要从事鱼类抗逆与应激分子机制研究

E-mail: longyong@ihb.ac.cn

不同凡纳滨对虾家系对低鱼粉高豆粕饲料的适应性研究

陈文淳[1,2]，彭凯[1]，黄敏伟[1]，赵吉臣[1]，陈晓瑛[1]，孙育平[1]，阮灼豪[1]，郭慧[2]，马艳平[3]，鲁慧杰[1,*]，黄文[1,2,*]

1 广东省农业科学院动物科学研究所，农业农村部华南动物营养与饲料重点实验室，广东省畜禽育种与营养研究重点实验室，广东 广州 510640

2 广东海洋大学，水产学院，广东 湛江 524088

3 广东省农业科学院动物卫生研究所，广东 广州 510640

摘要：本研究通过家系选择的方法筛选出适应低鱼粉高豆粕养殖的凡纳滨对虾(*Litopenaeus vannamei*)快速生长新品系。前期利用 15 对多态性较高的微卫星引物对构建的 15 个凡纳滨对虾全同胞家系进行群体遗传多样性和遗传结构分析。结果显示，15 个凡纳滨对虾全同胞家系平均观测杂合度(H_o)为 0.425-0.783，平均期望杂合度(H_e)为 0.403-0.572，遗传多样性适中。家系间主要分为 3 个类群，各家系间遗传分化系数(F_{st})为 0.112-0.278，群体间存在较大的遗传分化，可作为后续耐受低鱼粉高豆粕性状凡纳滨对虾家系选育的核心育种群体。选择其中 6 个遗传多样性丰富的家系进行耐低鱼粉高豆粕饲料生长性能测试，设置对照组(R0)饲喂正常鱼粉水平和试验组(R40)饲喂低鱼粉高豆粕水平饲料 60 d。结果表明：R40 组 POP1、POP2、POP15 家系的特定生长率分别比 R0 组极显著提高 0.43%、0.36%和 0.29%(p<0.001)，R40 组 POP14 家系的特定生长率比 R0 组显著提高 0.17%(p<0.05)，R40 组 POP4 和 POP12 家系的特定生长率比 R0 组无显著性差异(p>0.05)。在存活率方面，R40 组 POP2、POP4、POP14 和 POP15 家系比 R0 组高，POP1 和 POP12 两个家系比 R0 组低。实验筛选出在低鱼粉高豆粕饲料下生长较快速的家系 POP1、POP2 和 POP15 为豆粕耐受型家系，POP14、POP4 和 POP12 家系为豆粕敏感型家系。此外，豆粕敏感型和耐受型凡纳滨对虾家系间粗蛋白、水分、粗脂肪和粗灰分无显著差异（p>0.05）。在 R0 组中，敏感组家系较耐受组家系血清中 ALT、AST、ALB、CHO、HDL、LDL 有上升的趋势，但均无显著性差异(p>0.05)；ALP 和 TG 有下降的趋势，但均无显著性差异(p>0.05)。在 R40 组中，敏感组较耐受组家系血清中 ALT、ALB、CHO、HDL 和 LDL 有上升的趋势(p>0.05)，AST、ALP、TG 有所下降(p>0.05)。综上所述，不同凡纳滨对虾家系对低鱼粉高豆粕饲料的耐受性不同，存在显著的生长差异。本研究通过家系选择的方式筛选出遗传多样性适中和耐高豆粕的优良家系，，为选育凡纳滨对虾耐低鱼粉高豆粕性状家系提供理论基础。

关键词：凡纳滨对虾；家系选择；遗传多样性；耐高豆粕

资助项目：国家自然科学基金(32302977)；广东省基础与应用基础研究基金(2023A1515011066, 2023A1515010117)；广东省农业科学院协同创新中心项目(202138, XT202301)；广东省乡村振兴战略专项资金种业振兴项目(2024-SPY-00-006)；“十四五”广东省农业科技创新十大主攻方向“揭榜挂帅”项目(2022SDZG01)

*Corresponding author. E-mail: LU Huijie, luhuijie@gdaas.cn; HUANG Wen, huangwen@gdaas.cn

基于转录组和代谢组解析大口黑鲈饲料转化效率的调控机制

袁世杰，余道洋，彭伟，石西*，李学军

河南师范大学水产学院，河南新乡，453007

摘要：饲料转化效率（FCE）是衡量水产动物养殖效益的重要指标之一。为了探究水产动物 FCE 的调控机制，本研究以大口黑鲈（*Micropterus salmoides*）为研究对象，分别利用 RNA-seq 和 LC-MS/MS 技术对高 FCE 组和低 FCE 组的脑组织进行了转录组学和代谢组学分析。转录组分析结果显示，在两个组中共有 243 个差异表达基因（DEG），其中高 FCE 组中 169 个基因下调，74 个基因上调，其中 *nptx2b*、*pik3r5*、*zic1* 等可能与 FCE 的调控有关；KEGG 分析显示，差异基因显著富集在 Adrenergic signaling in cardiomyocytes 通路；GO 分析显示，高 FCE 组与低 FCE 组的差异基因主要富集在 podosome、superoxide-generating NADPH oxidase activator activity、superoxide metabolic process、sensory neuron axon guidance、regulation of synapse maturation 等过程。代谢组分析结果显示，两个组中的差异代谢物（DM）共有 151 个，其中高 FCE 组中上调的 DM 有 70 个，下调的 DM 有 81 个；高 FCE 组与低 FCE 组比较，显著富集的通路为 Amino acid metabolism、Lipid metabolism 等，表明氨基酸代谢和脂质代谢与大口黑鲈 FCE 的调控有关。转录组和代谢组的联合分析表明，两个组在核黄素和嘌呤代谢中表现出显著差异，说明这两种物质的代谢可能在 FCE 调控中发挥了重要作用。综上，本研究通过对不同 FCE 的大口黑鲈进行转录组和代谢组分析，挖掘出与 FCE 相关的 DEG 和 DM，从而为理解鱼类 FCE 的调控机制提供价值的参考信息，并为高 FCE 大口黑鲈的选择性育种提供理论依据。

关键词：大口黑鲈；转录组；代谢组；饲料转化效率；调控机制

资助项目：河南省高等学校重点科研项目（24A240004）；河南省大宗淡水鱼产业技术体系（HARS-22-16-G1）；河南省重点科技攻关项目（232102110001）.

*通讯作者，石西，男，博士，硕士生导师，从事水产动物遗传育种研究；E-mail: shixi@htu.edu.cn.

基于多组学分析揭示南方碱蓬耐盐机制

瞿印权[4]，高天翔[1]，朱北艳[1]，瞿才惠[1]，张秀梅[1*]
1. 浙江海洋大学水产学院，浙江 舟山 316022

摘要：南方碱蓬（*Suaeda australis*）作为典型的盐生植物，是我国南方海岸带生态系统中的重要物种。因此，明确南方碱蓬耐盐分子调控机制对其种质资源的保护及利用具有重要意义。本研究以南方碱蓬为材料，采用 PacBio HiFi 和 ONT Ultralong 测序技术，结合 Hi-C 测序辅助组装技术，获得高质量的基因组；并进行基因家族的扩张与收缩分析，筛选碱蓬属共享的耐盐性候选功能基因；结合生理生化、转录组、代谢组分析重点挖掘南方碱蓬盐响应通路相关候选基因，并进行功能验证。本研究获得南方碱蓬 Gap-free 级基因组，组装大小分别为 437.17 Mb，Contig N50 为 45.67 Mb，BUSCO 完整度为 97.9%，注释出 24,371 个蛋白质编码基因。另外，南方碱蓬基因组中鉴定出 204.45 Mb（组装基因组大小的 46.77%）重复序列。在不同盐浓度处理（ST1 和 ST2）下，南方碱蓬叶片中抗氧化酶（CAT、SOD、POD）的活性显著增加，同时丙二醛（MDA）和过氧化氢（H2O2）含量也显著升高，表明高盐胁迫条件下，南方碱蓬通过增强抗氧化系统来减轻氧化损伤。ST1 和 ST2 样本的转录组比较分析揭示了 2,434 个差异表达基因（DEGs），其中 1568 个基因上调，866 个基因下调。进一步进行 GO 和 KEGG 富集分析发现，DEGs 主要涉及抗氧化反应、渗透调节、信号转导及碳代谢等关键生物过程，并共鉴定出 146 个盐胁迫响应相关的转录因子，其中 *bZIP* 基因家族占比较大。此外，南方碱蓬基因组中鉴定出 44 个 *bZIP* 家族基因，并被分为 12 个 group，分布于 9 条染色体上。顺式调控元件分析表明，*bZIP* 启动子与厌氧诱导、转录起始和光响应密切相关。其中，一些 SabZIP 基因（如 *Sau08107*、*Sau08911*、*Sau11415*、*Sau16575* 和 *Sau19276*）在高盐条件下表达量较高。这些定位于细胞核的 *SabZIP* 基因在盐胁迫响应中起到正调控作用，特别是 SabZIP14、SabZIP26 和 SabZIP36 能够与下游盐胁迫响应基因的启动子区域结合并激活其表达。该研究为深入研究南方碱蓬盐胁迫响应的调控机制奠定基础。

关键词：南方碱蓬；基因组学；基因家族；盐胁迫

资助项目：国家重点研发计划重点专项(2023YFD2401903 号)；浙江省重点研发计划项目(2021C02047)；浙江省自然科学基金探索青年项目(LQ24D060004)

*通信作者：张秀梅，教授，博导，主要鱼类行为生态学和资源增殖生态学
E-mail: xiumei1227@163.com。

转录组和 BSA-seq 联合分析筛选大黄鱼（*Larimichthys crocea*）内脏白点病抗性相关基因研究

叶挺 [1]，刘峰 [1]，楼宝 [1*]

1. 浙江省农业科学院水生生物研究所，浙江杭州 310021；

摘要：内脏白点病是影响大黄鱼养殖产业发展的最主要病害之一。抗性品系的选育是从根本上解决大黄鱼病害的重要方式。然而，目前大黄鱼内脏白点病抗病机制仍不清楚，相关功能位点开发滞后。本研究通过使用变形假单胞菌人工感染 243 尾大黄鱼全同胞 F1 家系后，对存活时间极端差异的大黄鱼个体进行了全基因组重测序 BSA 定位和脾脏转录组学联合分析，并通过感染实验对候选基因进行了验证。在两个极端表型中鉴定出 5,576,771 个 SNPs，结合 SNP 频率差异、Eucildean 距离和 G 统计分析，在 Chr 02 和 Chr 24 上定位到 2 个稳定的 QTL，其中包含 278 个功能基因。转录组学分析筛选出了 4,061 个参与变形假单胞菌免疫响应的基因，其中 703 个基因影响了大黄鱼抗病性的差异。联合分析最终筛选出 12 个参与核心免疫响应相关的基因（$P < 0.05$），经验证后发现 *Phf11*, *Gk*, *PTK2B*,*Arhgef7*, *Ahr* 和 *NRP2* 等 6 个基因稳定表达且与大黄鱼对变形假单胞菌的抗性相关。我们的研究表明 BSA-seq 能促进大黄鱼抗病性遗传分析的进程，筛选出的抗性基因可用于进一步的研究阐明免疫反应的分子机制以及促进大黄鱼抗病性分子辅助育种。

关键词: 大黄鱼；内脏白点病；BSA；QTL；转录组

资助项目：浙江省农业新品种培育科技重大专项（2021C02069-1）

第一作者，叶挺，博士，助理研究员，主要从事海水鱼类遗传育种和重要经济形状分子机制解析

E-mail:15tye@stu.edu.cn

高 $NaHCO_3$ 碱度胁迫对淇河鲫生理、组织形态和转录组的影响

余道洋，陈思宇，江德泓，许佳慧，石西*，李学军*

河南师范大学水产学院，河南新乡，453007

摘要：淇河鲫（*Carassius auratus* var. Qihe）是河南省特有的名贵优质鱼类，具有较强的抗逆性，是盐碱水养殖的潜在发展对象，同时也可以作为研究鱼类盐碱胁迫机制的模式生物。本研究利用 40 mmol/L 和 80 mmol/L 的碱度对淇河鲫幼鱼进行 96 h 急性碱度胁迫实验，以淡水作为对照组，分析急性碱度胁迫对血清离子浓度、鳃肾组织 ATPase 活性及鳃组织形态结构的影响；同时，对处理 24 h 后高碱度组和对照组的鳃组织进行转录组测序分析。结果显示，碱度组血清中 Na^+、K^+、Cl^-浓度随着时间的推移均表现为先升后降的变化趋势，于 24 h 达到峰值且显著大于对照组（$P < 0.05$）；随着碱度的升高和时间的变化，肾中两种 ATPase 活性总体上均呈先降后升的变化趋势；高碱度胁迫导致鳃组织结构出现病理性症状，比如，鳃小片缩短或消失、鳃小片间距增宽、鳃丝血管细胞破损或脱落、氯细胞增生等。转录组测序结果显示，两个组中共鉴定出 2666 个差异表达基因，其中 1497 个基因上调，1169 个基因下调。功能注释结果显示，GO 成功注释了 6870 个基因，KEGG 成功注释了 2054 个基因。差异表达基因主要富集在蛋白质的消化和吸收、细胞因子-细胞因子受体相互作用、吞噬体、溶酶体、ECM-受体相互作用和 NF-kB 信号通路等方面。碱度胁迫下的差异表达基因主要涉及免疫、离子运输、渗透压调节、代谢等过程。综上所述，在急性碱度胁迫下，淇河鲫通过调节血清离子浓度和组织 ATPase 活性和鳃组织中渗透压调节和离子转运等相关调控基因的表达水平，以增强对高渗透环境的适应能力；然而，过高的碱度可能会超出机体自身的调节能力，从而对组织器官造成严重的损伤。

关键词：淇河鲫；碱度胁迫；生理；组织形态；转录组

资助项目：河南省高等学校重点科研项目（24A240004）；河南省大宗淡水鱼产业技术体系（HARS-22-16-G1）；河南省重点科技攻关项目（232102110001）.

*通讯作者，石西，讲师，从事水产动物遗传育种研究；E-mail: shixi@htu.edu.cn.

李学军，教授，从事水产动物遗传育种和种质资源研究，E-mail: xjli@htu.cn

典型生境甲壳动物 Elovl6 基因在 LC-PUFA 合成中的功能及其转录调控机制研究

袁野[51,2]，张佳佳[1,2]，马洪雨[1,2]*
1. 海洋生物技术与遗传育种实验室，汕头大学，汕头，515063；
2. 环南海地区重要海水养殖品种开发利用国际联合研究中心，汕头大学，汕头，515063

摘要：长链脂肪酸延长酶 6（Elovl6）是长链脂肪酸延长酶家族中的重要成员之一，是重要的长链脂肪酸合成反应的限速酶，也是动物机体内脂肪酸代谢的关键调控基因之一。研究发现典型生境甲壳动物包括中华绒螯蟹（淡水）、三疣梭子蟹（海水）和拟穴青蟹（广盐性）的 Elovl6 基因除具有延长 SFA 和 MUFA 的能力外，还均具有 C_{18} PUFA 底物的延长活性，能参与 LC-PUFA 的内源性合成。在此基础上，我们以拟穴青蟹为研究对象，探究青蟹 Elovl6 基因的转录调控机制。首先通过启动子截短结合双荧光素酶报告系统确定青蟹 Elovl6 基因的核心启动子区为-267~+167 bp；然后通过生物信息学软件预测到核心启动子区存在与关键转录因子 SREBP1 结合的两个转录结合位点（-172/-161 bp 和+41/+52 bp）；接着通过共转染 SREBP1 表达质粒与启动子报告质粒进果蝇 S2 细胞中，发现 SREBP1 对青蟹 Elovl6 基因启动子区具有正调控作用；之后构建转录结合位点缺失突变报告载体，将野生型、突变型分别与 pAC-SREBP1-V5/His 或 pAC-V5/His（对照）共转染进果蝇 S2 细胞中，发现 SREBP1 通过结合 AGTCAGGTGTC（-172～-161 bp）和 CGTCAGCTGCC（+41 ～ +52 bp）正调控 Elovl6 基因的表达。上述结果揭示拟穴青蟹 SREBP1 调控 Elovl6 基因表达参与拟穴青蟹 LC-PUFA 生物合成的分子机制，本研究对于阐明典型生境甲壳动物 LC-PUFA 合成的调控机理具有广泛的科学意义，不仅有助于探寻提高拟穴青蟹内源性 LC-PUFA 合成能力的调控靶点，而且对于实现青蟹饲料精准营养具有重要的理论意义和应用价值。

关键词：拟穴青蟹，LC-PUFA 生物合成，SREBP1，Elovl6，转录调控

资助项目：国家自然科学基金（42306125）；广东省自然科学基金（2022A1515110488）；汕头大学科研启动经费项目（NTF21050）

第一作者，袁野，讲师，硕士生导师，主要从事甲壳动物脂质营养学研究 E-mail：yeyuan@stu.edu.cn

*通讯作者，马洪雨，教授，博士生导师，主要从事海洋动物基因组与遗传育种学相关研究，E-mail: mahy@stu.edu.cn

CRISPR/Cas9-mediated myostatin disruption elevates the expression of genes associated with myofiber composition and growth in *Exopalaemon carinicauda*

BU Yuke[1], WANG Rongxiao[1], SUN Yuying[1], ZHANG Jiquan[1*]

[1] School of Life Sciences, Hebei University, Baoding 071002, China

Abstract: Myostatin (MSTN) is a member of the transforming growth factor-β (TGF-β) superfamily and inhibits muscle growth in vertebrates. However, there is disagreement about whether it inhibits or promotes muscle growth in crustaceans. Herein, the potential mechanism that *MSTN* (named *EcMSTN*) affects the growth of *Exopalaemon carinicauda* was conducted. Knocking out *EcMSTN* (*EcMSTN*-KO) by CRISPR/Cas9-mediated gene editing technology, hatching rate, survival rate and growth performance of *EcMSTN*-KO prawns were monitored. The results suggest *EcMSTN*-KO can significantly promote the growth of body length. The expression of genes associated with myofiber composition and growth, including myosin heavy chain 2 (*MHC2*) and myosin light chain 1 (*MLC1*), showed a highly significant increase ($p < 0.001$) in *EcMSTN*-KO compared with the wild-type (WT) siblings. In addition, the expression of ecdysone receptor (*EcR*), a molt-related gene, showed elevated ($p < 0.001$), while the expression of retinoid X receptor (*RXR*) and molt-inhibiting hormone (*MIH*) showed no significant difference ($p > 0.05$). The above studies indicate that EcMSTN acts as a negative regulator to inhibit the muscle growth of *E. carinicauda*, and has a promising application in crustacean gene editing breeding.

Keywords: myostatin; CRISPR/Cas9; gene editing; growth; *Exopalaemon carinicauda*

资助项目：国家自然科学基金面上项目（32373121, 32172954, 41876196），河北省重点研发计划（22323201D），河北省高等学校科学技术研究重点项目（ZD2022093），河北省自然科学基金面上项目（D2023201002, D2022201003）。

*通讯作者，张继泉，研究员，主要从事水产生物技术。

E-mail: zhangjiquan@hbu.edu.cn

白斑狗鱼 *zpax4* 基因克隆、表达分析及基因敲除模型建立

张俊杰 [1*]，刘璎慧 [1,2]

1. 新疆农业大学生命科学学院，新疆极端环境生物生态适应与进化重点实验室，新疆，乌鲁木齐，830052

2. 新疆农业大学动物科学学院，新疆，乌鲁木齐，830052

摘要：硬骨鱼类的卵细胞外围有一层相对较厚、呈纤维状且富有弹性的透明卵膜，又称透明带（ZP）。ZP 基因家族在生殖、胚胎发育方面具有其重要的功能。为探究 *zpax4* 基因在白斑狗鱼（*Esox lucius*）中潜在功能和作用机制，本研究利用 RACE 和普通克隆技术对白斑狗鱼 *zpax4* 基因的全长进行克隆；利用生物信息学进行了 Zpax4 蛋白理化性质、结构特点和系统进化分析；应用实时荧光定量 PCR 分析 *zpax4* 基因在白斑狗鱼 126 d、180 d、320 d 三个时期 8 个组织中的相对表达量；设计并筛选合适的 sgRNA，建立了白斑狗鱼 *zpax4* 基因的敲除模型，并对获得的 F0 代敲除嵌合体进行了组织切片观察。结果显示，白斑狗鱼 *zpax4* 基因全长 2771 bp，其中，5′-UTR 为 162 bp，3′-UTR 为 150 bp。*zpax4* 基因编码 811 个氨基酸。Zpax4 蛋白为稳定的亲水性酸性蛋白，蛋白 N 端有信号肽序列，靠近 C 端有 ZP 结构域，无跨膜区，存在 89 个磷酸化位点。多序列比对和进化树分析显示，白斑狗鱼 Zpax4 蛋白与其它 Zpax4 蛋白氨基酸序列相似性为 54.85%，功能结构域位置相对保守。实时荧光定量 PCR 结果显示，白斑狗鱼 *zpax4* 基因在三个时期的卵巢中都呈现为极显著（P＜0.01）表达，且表达量先增后减，此外，在 320 d 雄鱼的脑中也有一定量的表达。通过筛选得到合适的 sgRNA，并成功建立白斑狗鱼 *zpax4* 基因敲除模型，得到多种突变类型个体，缺失碱基数分别为 1、4、7、8。对 F0 代嵌合体鱼苗的进行组织切片分析，未发现表型异常。本研究获得了白斑狗鱼 *zpax4* 基因的完整序列并进行了生信分析，研究了其在三个不同时期中 8 个组织的基因表达量，筛选 sgRNA 并获得了白斑狗鱼 *zpax4* 基因敲除嵌合体，这些结果为深入研究白斑狗鱼 *zpax4* 基因的生物学功能奠定了基础。

关键词： 白斑狗鱼；*zpax4* 基因；基因克隆；表达特征；CRISPR/Cas9 技术

资助项目：新疆自然科学基金项目(2022D01A66)；国家自然科学基金项目(32260915)

*通讯作者，张俊杰，博士，副教授，主要从事鱼类生物学

E-mail:zhangjuji@sian.cn

基因组选择育种技术在小黄鱼生长和抗病性状遗传改良中的应用研究

刘峰[1,2*]，叶挺[1,2]，张天乐[1]，朱家杰[1]，刘浩文[1]，李倩[1]，刘四芳[1]，郭丹丹[1,2]，詹炜[1,2]，楼宝[1,2*]

1.浙江省农业科学院水生生物研究所，浙江杭州 310021;

2.全省近岸生物种质资源保护与利用重点实验室，浙江杭州 310021

摘要：小黄鱼与大黄鱼、带鱼和曼氏无针乌贼并称为我国传统“四大海产”，具有非常重要的经济价值。随着人工繁育和养殖关键技术的突破，小黄鱼逐渐成为新兴的养殖对象。针对小黄鱼种质资源挖掘相对薄弱及优良种质相对缺乏的现状，研究团队组装获得大小为 677.35Mb、contigN50 为 28.51M 的染色体水平小黄鱼基因组。通过对野生群体和养殖群体重测序山东威海、江苏吕四、浙江象山野生群体以及养殖群体的基因组重测序筛选高质量 SNP 位点，结合 QTL 定位和 GWAS 分析筛选获得的生长、性别、肌肉营养品质、耐温性等性状相关 SNP 位点，开发出了 100K 的 SNP 育种芯片，芯片平均检出率 98.75%，平均一致率 98.53%。利用深度学习和图像识别技术开发了小黄鱼生长性状表型高通量采集技术，实现 21 个生长表型指标的准确测定；同时通过测定人工感染病原菌后个体的存活时间和存活状态等指标综合评定小黄鱼抗内脏白点病性状表型。利用 SNP 育种芯片分型获得的基因型数据和生长、抗病表型信息，构建表型和基因型的遗传资源数据库。在此基础上，利用开发的具有 GBLUP、Bayes 和机器学习等算法分析功能的小黄鱼基因组选择育种分析平台，进行生长和抗病性状遗传评估，获得生长和抗病性状遗传力分别为 0.38~0.53 和 0.32~0.34，表现出较高的选育潜力。预测的生长性状 GEBV 可靠性为 0.64~0.65，明显高于基于 4 代系谱信息预测的 EBV 可靠性（0.55~0.57），显示出了基因组选择育种的高准确性。按照约 30%的留种率，根据 GEBV 筛选优良亲本繁殖后代，经比较发现，基因组选育 1 代个体生长速度较家系选育提高了约 5%，表明基因组选择育种较家系选育具有明显的优越性，研究结果对于小黄鱼良种培育及种业快速发展具有重要促进作用。

关键词：小黄鱼；基因组；SNP 芯片；生长；抗病；基因组选择育种

资助项目：国家自然科学基金项目(32102765)；浙江省重点研发计划项目(2021C02055)。

*第一作者：刘峰，副研究员，主要从事水产动物数量遗传与分子育种

E-mail:lengfeng0210@126.com.

鲟鱼基因组选择方法开发与优化策略研究

宋海亮，胡红霞*

北京市农林科学院水产科学研究所，北京 100068

摘要：鲟鱼是同源多倍体鱼类，经济价值与营养价值极高。由于鲟鱼性成熟晚，繁殖周期长，利用传统方法育种世代间隔长、效率低。随着测序技术的快速发展及成本的降低，在鲟鱼上开展基因组选择育种将大大缩短鲟鱼育种世代间隔，提高遗传进展。目前，基因组选择方法主要针对二倍体，缺乏针对同源多倍体物种的基因组选择方法。因此，本研究充分利用同源多倍体同一等位基因多个拷贝的加性效应、显性效应和上位效应，提出基于同源多倍体特征的鲟鱼基因组选择新方法（polyGBLUP）。分别利用模拟数据和实际数据对新方法进行系统验证，结果表明 polyGBLUP 比传统的 GBLUP 具有更高的预测准确性，当同源多倍体的倍性水平高时，其优势更加明显。另外，由于测序数据中存在大量的无效标记，直接利用测序数据影响了基因组预测准确性。本研究针对俄罗斯鲟怀卵量、卵色、生长性状，分别提出利用增量特征选择、LD+GWAS 以及同时考虑 SNP 和 InDel 标记的 LD+机器学习的策略可以提高基因组预测准确性。本研究为鲟鱼基因组选择的实施提供了方法支撑，也对其他水产动物开展基因组选择育种具有重要参考价值。

关键词：基因组选择；鲟鱼；同源多倍体；方法优化

资助项目：国家自然科学基金生物育种研究青年专项（32341059）、国家自然科学基金（32202915）、北京市自然科学基金（6222014）。

*通讯作者，胡红霞，女，博士，研究员，主要从事鱼类繁殖生理与内分泌研究，Tel: 13910775341，E-mail: huhongxiazh@163.com.

全雄马口鱼育种技术体系初步构建

许晓军*，牛宝龙，关文志，楼宝

浙江省农业科学院水生生物研究所，浙江杭州 310021

摘要：马口鱼（*Opsariichthys bidens*）是一种新兴的特色淡水鱼，近年来养殖业发展迅速。其生长性状具有显著的性别二态性，雄鱼成体质量高出雌鱼 50%以上，故全雄马口鱼新品种的培育具有重要的生产应用价值。经雌核发育技术确定马口鱼的性别决定为 XX/XY 型。通过对马口鱼全基因组测序、大规模雌雄重测序及 GWAS 分析，确定其 24 号连锁群为性染色体，并开发出性别鉴定分子标记。在此基础上，采用不同浓度的 DES 外源激素饲料对马口鱼苗进行伪雌诱导，发现 400ppm DES 可将 XY 型马口鱼苗逆转为生理雌性的伪雌鱼，伪雌诱导率达到 90%以上。利用伪雌鱼和正常雄鱼进行人工繁育，采用性别分子标记对其后代进行基因型鉴定，首批筛选出 85 尾 YY 超雄鱼。2024 年 5 月，首次使用 45 尾 YY 超雄马口鱼进行全雄马口鱼苗种繁育，共获得 116 万尾幼苗，随机抽取 48 尾苗种进行性别分子鉴定，XY 基因型为 100%。本研究初步建立了全雄马口鱼繁育技术体系，为全雄马口鱼新品种培育奠定了技术基础。

关键词：马口鱼；性别鉴定分子标记；伪雌鱼；超雄鱼；全雄马口鱼

资助项目：浙江省自然科学基金（LTGS23C040001）；衢州市重点科技攻关项目（2023K095）。

通讯作者：许晓军，博士，高级工程师，水产动物遗传育种

E-mail: xuxj@zaas.ac.cn

大黄鱼（*Larimichthys crocea*）精原干细胞鉴定及移植研究

杨　阳[1]，周逸楠[2], 俞烈超[3]，胡伟华[1]，陈睿毅[1]，徐冬冬[1]*

1. 浙江省海洋水产研究所，浙江舟山 316000；

2. 浙江海洋大学水产学院，浙江舟山 316000；

3.宁波大学海洋学院，浙江宁波 315000

摘要：大黄鱼作为我国重要的海水养殖鱼类，其遗传育种的理论研究与应用技术的集成对于新种质的创制具有重要意义。本研究系统分析了大黄鱼精子发生，开展了生殖干细胞移植研究，取得了以下进展：（1）生精细胞分类及鉴定：通过显微和亚显微结构观察，详细描述并鉴定了大黄鱼精子发生过程的 13 类生精细胞类型；进一步利用一组特异性抗体（VASA、PCNA、DMC1、NANOS2 和 GSDF），开发了一种基于高通量免疫组化技术，可以用于高效鉴别各类生精细胞，明确了 As 和 Apr 精原细胞可能是潜在的精原干细胞（SSCs）。（2）单细胞转录测序与调控机制：通过对不同发育时期精巢组织进行单细胞转录测序分析，挖掘了一系列生精细胞的特异性分子标记，揭示了生精细胞组成的季节周期性规律。同时还发现了一类特异的精原干细胞亚细胞类型，具有强烈的增殖活性，以糖酵解方式进行能量代谢。此外，研究揭示了性腺体细胞通过 NOTCH-JAG 信号通路调控精原干细胞的发育。（3）初步建立生殖干细胞移植体系：开展了以大黄鱼特异的精原干细胞为供体，集成白消安和三倍体诱导制备不育黄姑鱼成鱼为受体，开展了生殖干细胞移植工作。移植后成功检测到供体精原细胞的定植和存活，并在受体性腺中观察到大黄鱼生殖细胞的发育，初步建立了大黄鱼生殖干细胞移植体系。本研究为大黄鱼精子发生的细胞与分子机制研究提供了新见解，并为建立基于生殖干细胞移植的育种技术奠定了重要基础。

关键词：大黄鱼；精子发生；精原干细胞；生殖干细胞移植；三倍体黄姑鱼

资助项目：国家自然科学基金（32202925，31972785）；浙江省自然科学基金（LQ23C19001，LR21C190001）

*通讯作者，徐冬冬，研究员，主要从事海水鱼类遗传育种

E-mail: xudong0580@163.com

Deep learning for genomic selection of aquatic animals: A review

Yangfan Wang [a], Ping Ni[a], Qifan Zeng [a], Bo Wang [a], Zhenmin Bao [a], Jingjie Hu[a*]

[a] MOE Key Laboratory of Marine Genetics and Breeding, College of Marine Life Sciences, Ocean University of China, Qingdao 266003, China

Abstract

Genomic selection (GS) applied to the breeding of aquatic animals has been of great interest in recent years due to its higher accuracy and faster genetic progress than pedigree-based methods. The genetic analysis of complex traits in GS does not escape the current excitement around artificial intelligence, including a renewed interest in deep learning (DL), such as deep neural networks (DNNs), convolutional neural networks (CNNs), and autoencoders. This article reviews the current status and potential of DL applications in phenotyping, genotyping and genomic estimated breeding value (GEBV) prediction of GS. It can be seen from this article that CNNs obtain phenotype data of aquatic animals efficiently, and without injury; DNNs as single nucleotide polymorphism (SNP) variant callers are critical to have shown higher accuracy in assessments of genotyping for the next-generation sequencing (NGS); autoencoder-based genotype imputation approaches are capable of highly accurate genotype imputation by encoding complex genotype relationships in easily portable inference models; sparse DNNs capture nonlinear relationships among genes to improve the accuracy of GEBV prediction for aquatic animals. Furthermore, future directions of DL in aquaculture are also discussed, which should expand the application to more aquaculture species. We believe that DL will be applied increasingly to molecular breeding of aquatic animals in the future.

Keywords： Aquaculture, Aquatic animals, Breeding, Deep learning, Genomic selection, Future direction

---

资助项目：This research was funded by the Key R&D Project of Shandong Province (2022ZLGX01)

*通讯作者，胡景杰教授，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail: hujingjie@ouc.edu.cn

Developed oocytes generated completely *in vitro* from a novel established oogonial stem cell line of sterlet *Acipenser ruthenus*

SUN Ai [6,2], TIAN Zhaohui [1], HU Hongxia [*1,2]

[1] Fisheries Science Institute, Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences&Beijing Key Laboratory of Fishery Biotechnology, Beijing 100068, China

[2] Key Laboratory of Sturgeon Genetics and Breeding, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Hangzhou 311799, China

Abstract: Oogonial stem cells (OSCs) that generate fertilization-competent eggs *in vivo* have been identified in and isolated from adult human and mouse ovaries. But so far, mature oocytes produced from OSCs *in vitro* have not been broken through in all vertebrates. In this study, OSCs cell line from sexual mature sterlet *Acipenser ruthenus* ovaries was firstly established, charecterized, and purified. The cell line could be passaged steadily for more than one year *in vitro* and was identified to possess oogenic capacity. Under 3D culture conditions, sterlet OSCs performed asymmetric division and meiosis, and produced immature oocytes. And immature oocytes from OSCs could be induced to be fully-grown oocytes whose diameters reached to 70-250 μm. Besides, the endogenous synthesis of vitellogenin (Vtg) was preliminarily confirmed in these grown oocytes. In conclusion, sterlet OSCs could be passaged *in vitro* for generations and cultivated developed oocytes by 3D culture and induction.

Keywords: oogonial stem cells (OSCs); oocytes; *in vitro*; vitellogenin (Vtg); sturgeon

资助项目：北京市农林科学院创新能力建设项目（KJCX20230426）

*通讯作者，胡红霞，研究员，主要从事水产生物技术及遗传育种研究

E-mail: huhongxiazh@163.com

中华鲟保护技术创新：借腹生殖获得中华鲟精子

叶欢[1]，岳华梅[1]，杜浩[1]，危起伟[1]，李创举[1*]

1. 中国水产科学研究院长江水产研究所，湖北武汉 430223；

摘要：中华鲟为我国极度濒危物种，虽然其全人工繁殖技术已突破，但是性成熟亲本数量有限，制约了其繁殖后代的数量和增殖放流规模。因此，研发中华鲟物种保护新技术十分必要和迫切。生殖干细胞移植技术在珍稀濒危鱼类保护方面具有重要的应用前景。将冷冻保存 1 年的中华鲟精原干细胞移植到出膜 7-8 天长江鲟仔鱼，移植后 2 个月发现，供体嵌合率达 81.25%，且平均嵌合的供体精原干细胞的数目是受体内源生殖细胞的 2 倍。在随后的 2 个月，嵌合的供体精原干细胞在受体性腺增殖了 2-3 次。移植 5 年后，催产了 8 尾雄性受体长江鲟，得到了 7 尾受体鱼精子。经组织学和分子生物学研究发现，其中 5 尾受体产生了供体中华鲟精子，产生中华鲟精子的比例 3-84%。体外授精实验表明，产生的中华鲟精子具有正常的功能。在未来 2-3 年内，非常有望实现通过体型小且性成熟周期短的长江鲟代孕产生体型大且性成熟时间长的中华鲟的卵子，从而为中华鲟的物种保护提供新途径。

关键词：中华鲟；生殖干细胞移植；精子；回顾；展望

资助项目：国家重点研发计划子课题(2021YFD1200301)

*通讯作者，李创举，研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail: lcj@yfi.ac.cn

凡纳滨对虾抗 AHPND 性状的全基因组关联分析

段保华[1], 于洋[1], 鲍镇宁[1,2], 李富花[1*]

1. 中国科学院海洋研究所，山东青岛 266071；

2. 中国科学院大学，北京 100049

摘要：凡纳滨对虾(*Litopenaeus vannamei*)是最重要的对虾养殖品种之一，其养殖产量占我国对虾养殖产量的 90%以上。然而，由携带 PirA/B 质粒的副溶血弧菌(*Vibrio parahaemolyticus*)引起的急性肝胰腺坏死病(AHPND)对凡纳滨对虾养殖产业造成了巨大损失。本研究利用团队构建的凡纳滨对虾“中科芯 2 号”SNP 芯片，在凡纳滨对虾中对 1033 个 AHPND 抗性和易感个体进行基因分型，获得了 54,092 个高质量 SNPs (single nucleotide polymorphisms)。通过全基因组关联分析 (genome-wide association studies, GWAS) 鉴定到 10 个与对虾抗 AHPND 性状显著相关的 SNP 位点，这些显著位点分布在多条染色体上，说明抗性性状由多基因位点控制。在这些显著位点附近鉴定了多个候选基因，如 translocon-associated protein subunit alpha (*TRAPα*)、G protein-coupled receptor 125 (*GPCR125*)等，并在不同群体中进行了验证。本研究结果为解析凡纳滨对虾抗弧菌性状的遗传机制提供了重要线索，并为分子育种提供了重要标记。

关键词：凡纳滨对虾；AHPND；SNP；全基因组关联分析

资助项目：国家重点研发计划（2022YFD2400203）；中国科学院战略性先导科技专项（XDA24030105）；CARS-48 专项资金和泰山学者计划

*通讯作者，李富花，博士，研究员，博导；研究方向为甲壳动物遗传与免疫

E-mail: fhli@qdio.ac.cn

The compacted genome structure of *Caulerpa lentillifera*

Xiaoxiao Zou[1, 2]*, Jinhua Sun[3]，Jun Zhu[1, 2], Shixiang Bao[1, 2] *

[1]Institute of Tropical Bioscience and Biotechnology, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Haikou, 571101, P. R. China

[2]Hainan Provincial Key Laboratory for Functional Components Research and Utilization of Marine Bioresources, Haikou 571101, P. R. China

[3]Environment and Plant Protection Institute, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Haikou 571101, P. R. China

Abstract: *Caulerpa lentillifera*, also known as "sea grape", is a tropical seaweed widely distributed in the tropics and cultivated in several Asian countries for its high edible and economic value. Although the entire body of *C. lentillifera* is a giant single cell, the thalli consist of complex plant-like morphological structures such as grape-like fronds, horizontal stolons, and rhizoids. This makes *C. lentillifera* particularly interesting for studying the mechanisms of macroscopic structure formation and complex morphological differentiation independent of multicellularization. A genome of high quality and free from microbial contamination is essential for understanding the evolution of *C. lentillifera*. Here, we developed a two-step assembly strategy to generate the ~28.44 Mb symbiont-free genome assembly of the *C. lentillifera* nuclear genome. Comparative genomic analysis with Chlorophyta and model species from various taxa revealed that the *Caulerpa* lineage has a compact genome with high gene density, small intergenic regions, minimized intron size and very few transposable elements, which may serve as a strategy for *Caulerpa* species to occupy various environmental niches. Our results provide important insights into the extent to which the giant, multinuclear, unicellular *Caulerpa* lineage differs in its genome architectures from other Chlorophyta taxa and the evolutionary implications of this lineage for enhancing their adaptability and diversification.

Keywords: compact genome, symbiont-free genome assembly, green algae, *Caulerpa*

资助项目：国家自然科学基金(42206110)；国家重点研发计划“蓝色粮仓科技创新”专项（2018YFD0901503）

*通讯作者，邹潇潇，副研究员，主要从事热带藻类基因组学、藻类栽培与良种选育；E-mail: zouxiaoxiao@itbb.org.cn

Development and validation of a 40 K liquid SNP array for the mud crab (*Scylla paramamosain*)

YE Shaopan[1], ZHOU Xiyi[1], MA Hongyu[1]*

[7]Guangdong Provincial Key Laboratory of Marine Biotechnology, Shantou University, Shantou 515063, China

Abstract: Genomic selection (GS) has been widely implemented to accelerate the genetic improvement of important economic traits. Developing an efficient and reliable highthroughput genotyping tool is the premise and basis of implementing GS on the mud crab (*Scylla paramamosain*). In this study, based on polymorphic information content and evenly distribution on 49 chromosomes, a total of 40,352 SNPs was selected from the whole-genome resequencing data of 146 mud crabs from the southeast coast of China to develop a 40 K liquid SNP array (named "Xiexin No. 1") using the genotyping by target sequencing (GBTS) technology. The genotyping performance test showed that this SNP array had a high site polymorphism (over 92.70%) and individual calling rate (97.02%). Using this SNP array data, the genomic heritabilities were evaluated as 0.901 ±0.040, 0.584±0.081, 0.550±0.083, and 0.629 ±0.077 for body weight (BW), carapace length (CL), carapace length (CW), and body height (BH) in a cultured population (508 crabs). Most importantly, the prediction accuracy of GBLUP for BW, BH, CL, and CW were 0.512, 0.575, 0.569, and 0.549, with the unbiasedness values of 1.036, 1.038, 1.027 and 1.027. In conclusion, the "Xiexin No. 1" SNP array provides an efficient and reliable platform for high-quality genotyping, which would greatly promote the genetic studies and thus accelerate the genetic improvement of mud crabs.

Keywords: *S. paramamosain* , Liquid SNP array, SNP, Genomic selection

---

资助项目：广东省省级乡村振兴战略专项资金种业振兴项目（2022-SPY-00-014）；国家自然科学基金（32202916）；汕头大学科研启动经费项（No. NTF21023）。

第一作者：叶绍潘，男，博士，讲师，主要从事统计基因组学和数量遗传学相关研究，E-mail: spye@stu.edu.cn。

*通讯作者：马洪雨，男，博士，教授，博士生导师，主要从事海洋动物基因组与遗传育种学相关研究，Tel: 0754-86503471/15917902158（微信同号），E-mail: mahy@stu.edu.cn。

斑节对虾早期发育转录谱及性别分化相关基因功能探究

赵艺[1]，杨丽诗[1,2*]，周发林[1]，黄建华[1]，江世贵[1]，姜松[1]，李运东[1]，杨其彬[2]

1. 中国水产科学研究院南海水产研究所，农业农村部南海渔业资源开发利用重点实验室，广东广州 510300；

2. 三亚热带水产研究院，海南省深远海渔业资源高效利用与加工重点实验室，海南 三亚 572018

摘要：斑节对作为世界上第二大海水养殖对虾，具有性别二态性的发育特征，其性别决定机制及性别分化过程一直是渔业科学研究的热点问题之一。本研究建立了斑节对虾早期发育从受精卵到仔虾共计 16 个时期转录组数据库，数据分析显示整个无节幼体期检测到可变剪切的数量最高，提示其发生了重要的基因调控事件。相邻发育周期之间的基因表达发生了显著变化，如不同发育基因、通道基因，涉及多个生物代谢、合成、免疫途径，从而适应个体形态变化和复杂的海水环境。通过对差异表达基因和显著富集通路进行分析，挑选获得性别分化基因相关基因开展功能探究。通过生物信息学了解基因基本性质和结构域特征及进化关系。检测了性别分化基因在雌、雄对虾性腺中的不同模式表达，确定了外源雄激素浸浴后对雄性化因子表达的调控作用。使用 RNAi 技术对雄性化因子进行长期敲降，发现该因子不仅调控性激素水平，而且影响对虾生长和免疫。研究结果丰富了对虾的性别决定与分化机制的认识，为水产甲壳类动物性别控制技术提供有益科学数据，有助于对虾类性别控制与基因编辑等新兴研究领域的应用。

关键词：斑节对虾；性别分化；早期发育；转录组；雄性化因子

资助项目：国家现代农业产业技术体系 (CARS-48)；中国水产科学研究院中央级公益 性科研院基本科研业务费专项资金资助 (2020TD30)；海南省自然科学基金（324MS130）

*通讯作者，杨丽诗，博士，研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail:yangls2016@163.com

Transcriptome of Early Development and Functional Study of Sex Differention Gene in Sex Differentiation of *Penaeus monondon*

ZHAO Yi[1], YANG Lishi[1,2*], ZHOU Falin[1], HUANG Jianhua[1], JIANG Shigui[1], JIANG Song[1], LI Yundong[1], YANG Qibin[2]

1. South China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Key Laboratory of South China Sea Fishery Resources Exploitation & Utilization, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Guangzhou 510300;

2. Sanya Tropical Fisheries Research Institute, Key Laboratory of Efficient Utilization and Processing of Deep-Sea Fishery Resources of Hainan Province, Sanya 572018

Abstract: As the second largest marine aquaculture shrimp in the world, tiger shrimp *Penaeus monondon* has a developmental characteristic of sex dimorphism, and its sex determination and sex differentiation mechanism have always been a research hotspot of fisheries science . This study established a transcriptome database for early development of *Penaeus monondon*, including 16 stages from fertilized eggs to larvae. Data analysis showed that the highest number of variable splicing was detected in whole nauplious stages, indicating the occurrence of important gene regulatory events. The gene expression between adjacent developmental stage showed a significant changes of genes, such as some developmental and channel genes, involving multiple biological metabolic, synthetic, and immune pathways, which adapting to individual morphological changes and complex seawater environments. By analyzing differentially expressed genes and significantly enriched pathways, we selected sex differentiation related genes for functional research. We analyzed the basic properties, structural domains, and evolutionary relationships of the masculinization genes by bioinformatics. The different expression patterns of masculinization factor gene was found in the gonads of female and male shrimp, and the regulation by exogenous androgen was determined when immersion in it for a long time. Furthermore, the factor not only regulates sex hormone levels, but also affects growth and immunity of shrimps by knockdown it for a long-term using RNAi . The results benefited to understand the sex determination and differentiation mechanisms of shrimp, provide useful scientific data for sex control technology in aquatic crustaceans, and contribute to the application of new technology of sex control and gene editing in shrimp.

Keywords: *Penaeus monondon*; Sex differentiation; Early development; Transcriptome; Masculinization factor

资助项目：国家现代农业产业技术体系 (CARS-48)；中国水产科学研究院中央级公益 性科研院基本科研业务费专项资金资助 (2020TD30)；海南省自然科学基金（324MS130）
*通讯作者，杨丽诗，博士，研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种
E-mail:yangls2016@163.com

施氏鲟精子超低温冷冻损伤机制的探究

陈张帆[1,2,3*]，程鹏[1]，丁兰清[1]，胡谋[4]，陈松林[1,2,3*]

1. 海水养殖生物育种与可持续产出全国重点实验室，中国水产科学研究院黄海水产研究所，山东青岛 266071；

2. 青岛海洋科学与技术试点国家实验室，山东青岛 266237；

3. 山东省海洋渔业生物技术与遗传育种重点实验室，山东青岛 266071；

4. 杭州千岛湖鲟龙科技股份有限公司，浙江杭州 311701；

摘要：施氏鲟（*Acipenser schrenckii*）是我国最具经济价值的鲟鱼之一，对其精液进行冷冻保存可以提高种质资源利用与保护。为了解抗冻剂对施氏鲟精子冷冻保存效果的影响及其冷冻损伤机理，比较了添加不同浓度海藻糖和蔗糖作为冷冻保护剂的精子稀释液处理后施氏鲟精子冷冻复苏的活力、快速运动时间和寿命。结果表明，添加海藻糖的精子稀释液对施氏鲟精子的保护效果更好。通过对施氏鲟精子冷冻保存前后的超微结构观察，发现超低温冻存对施氏鲟精子的膜系统和细胞器（主要为线粒体和轴丝）造成损伤；此外，在冷冻复苏过程中，施氏鲟精子的能量代谢酶和抗氧化酶活性均显著下降，表明冷冻精子的生理功能受损、内环境稳定性下降、能量供给系统被破坏。在分子水平上，应用 4D Label-free 定量蛋白组学技术，在超低温保存前后的施氏鲟精子中，筛选到差异表达 1.5 倍以上的蛋白 200 个，注释到 63 条信号通路，主要涉及糖代谢、氨基酸代谢和细胞核膜运输等信号通路。差异十倍以上的蛋白参与精子应激反应、运动能力等生理过程，可作为进一步研究精子耐冻性的候选标志物。

关键词：施氏鲟；精子；超低温冷冻保存；冷冻损伤；差异蛋白

资助项目：国家重点研发计划（2022YFD2400103）；山东省重点研发计划（2021LZGC028）；山东省重点研发计划（住鲁院士团队支持项目）（2023ZLYS02）；山东省泰山学者攀登计划

*通讯作者，陈松林，院士，研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail:chensl@ysfri.ac.cn

The study on sperm cryoinjury in *Acipenser schrenckii*

CHEN Zhangfan[1,2,3,] CHENG Peng[1], DING Lanqing[1], HU Mou[4], CHEN Songlin[1,2,3*]

1. State Key Laboratory of Mariculture Biobreeding and Sustainable Goods, Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071

2. Qingdao National Laboratory for Marine Science and Technology, Qingdao 266237

3. Shandong Key Laboratory of Marine Fisheries Biotechnology and Genetic Breeding, Qingdao 266071

4. HangZhou Qiandaohu Xunlong Sci-tech Co., Ltd., Hangzhou 311701

Abstract: *Acipenser schrenckii*, commonly known as the Amur sturgeon, stands as a vital species in China's sturgeon industry due to its significant economic value. Cryopreservation of sperm emerges as a crucial technique for conserving and utilizing sturgeon germplasm resources, facilitating long-term storage of viable sperm. In this study, we added various concentration of trehalose or sucrose as cryoprotectants in the extender for sperm cryopreservation and compared the motility, fast movement, and duration between the treated groups and the control group (fresh sperm). Results showed that cryoprotectants containing trehalose had more significant protective effect on *A. schrenckii* semen. Through conservation on the ultrastructure of *A. schrenckii* semen, it was found that cryopreservation caused the disruption of membrane and organelles (mainly including mitochondria and flagellar fracture). Furthermore, the activities of enzymes involved in energy metabolism and the antioxidant activities significantly dropped, indicating the damages in psychological functions, intracellular environment, anti-oxidative system, and energy supplement of *A. schrenckii* semen during cryopreservation. At the molecular level, 200 differentially abundant proteins were delineated between fresh and freeze-thawed *A. schrenckii* semen by using 4D label-free quantitative proteomics. KEGG analysis showed that the differentially abundant proteins were enriched in 63 signal transduction pathways, mainly involved in sugar metabolism, amino acid metabolism, and nuclear membrane transportation. Proteins with more than 10-fold differential expression, involved in self-protection and sperm viability, could serve as candidate markers for *A. schrenckii* semen quality during freeze-thawing process.

Keywords: *Acipenser schrenckii*; sperm; cryopreservation; cryoinjury; differentially abundant protein

---

资助项目：国家重点研发计划（2022YFD2400103）；山东省重点研发计划（2021LZGC028）；山东省重点研发计划（住鲁院士团队支持项目）（2023ZLYS02）；山东省泰山学者攀登计划

*通讯作者，陈松林，院士，研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail:chensl@ysfri.ac.cn

红鳍东方鲀端粒到端粒（T2T）基因组组装

李仰真[1]，陈松林[1,2*]

1. 海水养殖生物育种与可持续产出全国重点实验室，中国水产科学研究院黄海水产研究所，山东青岛 266071

2. 海洋渔业科学与食物产出过程实验室，青岛海洋科学与技术中心，山东青岛 266237

摘要：红鳍东方鲀（*Takifugu rubripes*）凭借其小而紧凑的基因组和特殊的形态学特点，历来是脊椎动物发育、演化和比较基因组学等研究的模式动物。红鳍东方鲀是我国重要海水养殖鱼类，正在被作为水产组学育种的模式动物进行各类研究。本研究利用三代测序技术（PacBio HiFi 和 ONT ultra-long）结合二代测序技术（Hi-C 和 WGS）对同一尾野生红鳍东方鲀的样本进行高深度测序，进过初步组装、去污染、Hi-C 挂载、端粒修补、gap 填补和多轮纠错等组装策略，最终获得了端粒到端粒（T2T）基因组。共包含 22 条染色体，基因组大小为 390M，基于 BUSCO 评估的基因组完整性为 96.8%，k-mer N50 为 17.9M。此外，共鉴定到 16,541 个上游端粒和 35,440 个下游端粒，各条染色体着丝粒预测长度介于 230K 到 1.1M 之间。与 NCBI 发布的历史组装版本比对发现多个大结构变异。总之，红鳍东方鲀的首个 T2T 基因组为其基因组结构和演化历史研究提供了参考，同时为重要性状遗传解析和选择育种应奠定了基础。

关键词：红鳍东方鲀；基因组组装；T2T；端粒；着丝粒

资助项目：山东省重点研发计划（院士团队专项）（2023ZLYS02）；山东省泰山学者攀登计划

*通讯作者：陈松林，院士，研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail: chensl@ysfri.ac.cn

Genome wide association analysis reveals the genetic sites of heat resistance in largemouth bass (*Micropterus salmoides*)

Yan Zhou[1,2], Xiang Li[1,2], Liangbiao Chen[1,2*]

1. Key Laboratory of Exploration and Utilization of Aquatic Genetic Resources, Ministry of Education, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China

2. International Research Center for Marine Biosciences, Ministry of Science and Technology, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China

Abstract: Largemouth bass (*Micropterus salmoides*) is an important commercially cultured freshwater fish. High temperature is a common challenge encountered in the summer cultivation of largemouth bass. In this study, we conducted a genome-wide association study using general linear models and linear mixed models to identify significant single nucleotide polymorphisms (SNPs) and candidate genes associated with loss of equilibrium (LOE) and weight gain (WG) during high temperature challenge. We collected fin tissue from 353 individuals of largemouth bass exposed to high water temperature (37.5 ◦C) and performed whole-genome resequencing. Through association analysis, we successfully identified 10 SNPs and 38 candidate genes that were significantly associated with LOE, and 4 SNPs and 19 candidate genes that were significantly associated with WG. Using quantitative PCR and Western blot, we tested the expression of eight genes related to LOE in heat-sensitive and heat-tolerant individuals, and identified significant differences in the expression of the following five genes: Tmub2, Ngfr, Hgf, Hdac6, and Sypl. For WG, we assessed the expression of three candidate genes, among which Mrc2l displayed significant differences in expression between the high WG group and low WG group. We discuss the functions and potential biological processes of candidate genes for LOE and WG. Our results provide basic genetic information for breeding largemouth bass with high temperature tolerance.

Keywords: Largemouth bass; High temperature; growth; GWAS;

资助项目：国家重点研发计划(2022YFD2400801)；国家自然科学基金(32130109)
*通讯作者，陈良标，杰青，主要从事水产生物技术与遗传育种
E-mail: lbchen@shou.edu.cn

Application of machine learning-based phenome selection for the selection of nutritional quality traits in freshwater fishes

CAO Yiming[1]，LI Jiongtang[1*]，ZHANG Yan[1]

1.Chinese Academy of Fishery Sciences，Beijing 100141

Abstract: As an important part of the global aquaculture industry, the enhancement of nutritional quality traits of freshwater fishes is of great significance to meet the market demand and enhance the competitiveness of the industry. Traditional selection and breeding methods are characterized by long cycle time and low efficiency, which are difficult to meet the needs of the rapid development of modern aquaculture industry. In recent years, the rise of phenomics and machine learning technology has provided new ideas and methods for genetic breeding. Phenomics has a wide coverage, involves many physical and chemical properties, data polymorphism, timeliness, large data volume, high dimensionality, high complexity, high uncertainty and other characteristics. The phenotypic characteristics of organisms can be comprehensively analyzed by high-throughput technology. Machine learning, as an important part of artificial intelligence, has been a hot research topic in high-throughput in recent years. It is capable of efficiently processing and analyzing these large-scale data to uncover potential associations between genetic variants and phenotypes. The effective combination of freshwater fish phenotyping research and machine learning can not only expand the magnitude of phenotypic data, but also mine fish phenotypes from molecules, tissues, individuals to populations, and promote the rapid development of fish genetic breeding research. In this paper, we take the application of machine learning in freshwater fish phenotyping as the starting point, summarize the latest hotspots of machine learning in phenomics both at home and abroad, introduce the research results of machine learning in the selection and breeding of nutritional quality traits in freshwater fish, and discuss the future development trend of fish phenotyping and machine learning in genetic breeding.

Keywords: fish; machine learning; phenome; genetic breeding

资助项目：国家重点研发计划（2021YFD1200804，2023YFD240203），北京市自然科学基金（6212033）

*通讯作者，李炯棠，研究员，主要从事水产养殖遗传育种

E-mail: lijt@cafs.ac.cn

大口黑鲈抗蛙虹彩病毒全基因组关联分析及其在抗病选育中的应用

罗霞[1]，黎品红[1,2]，李子博[1,2]，林强[1]，付小哲[1]，梁红茹[1]，牛银杰[1]，马宝福[1]，李宁求*

1. 中国水产科学研究院珠江水产研究所，广州 510385；

2. 上海海洋大学生命科学学院，上海，201306

摘要：大口黑鲈（*Micropterus salmoides*）是我国重要水产养殖品种，2023 年产量超 88.8 万吨。大口黑鲈蛙虹彩病毒（largemouth bass ranavirus, LMBV）感染引起的病毒病危害严重，国内外目前尚无有效的治疗手段，成为制约大口黑鲈养殖业健康发展的瓶颈问题。抗病位点的定位研究和高抗病群体的选育成为大口黑鲈人工养殖可持续发展的重要策略。本研究通过全基因组关联分析（Genome wide association study，GWAS）筛选大口黑鲈抗蛙虹彩病毒性状相关的单核苷酸多态性位点（SNPs），共得到 2348 个与抗病性状相关的 SNPs 位点。将上述位点定位到大口黑鲈参考基因组序列中，对位于显著 SNP 位点 50 kb（上游 25 kb 和下游 25 kb）窗口大小内的基因组区域进行功能注释，共发现 1018 个与 LMBV 抗性相关的候选基因。进一步的 GO 和 KEGG 富集分析显示，MHCII, p38, MAPK 等 10 个候选基因分别与 IgA 产生途径和 FoxO 信号通路的肠道免疫途径相关。本研究所挖掘的大口黑鲈抗蛙虹彩病毒分子标记为抗病大口黑鲈新品系的选育奠定了基础，同时抗病候选基因的定位有助于深入剖析大口黑鲈抗蛙虹彩病毒的分子机制。

关键词：大口黑鲈；蛙虹彩病毒；全基因组关联分析；单核苷酸多态性位点；抗病基因

资助项目：广州市重点研发计划（2024B03J1263），广州市科技计划项目(2023A04J0713)，中国水产科学研究院中央级公益性科研院所基本科研业务费专项（2022SJ-SK3）

第一作者，罗霞，中国水产科学研究院珠江水产研究所，Tel：13926473859，E-mail: lxwenhao@163.com

*通讯作者，李宁求，博士，研究员，博士生导师，主要从事水产动物病害与免疫研究，Tel: 13533755943，E-mail: liningq@126.com

Leptins regulate the migration, proliferation, apoptosis, and synthesis of sexual steroid in tongue sole (*Cynoglossus semilaevis*) ovarian cells

Xin Cai[1], Yongjiang Xu[1*]

[11]Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071

Abstract: Leptin is an important hormone in mammals, which plays a key role in regulating reproduction and energy metabolism. However, there are relatively few studies on the function of leptin in reproductive regulation in fish, especially for species such as tongue sole (*Cynoglossus semilaevis*) with significant sexual dimorphism. Thus, in this study, we firstly exploited the basic function of tongue sole leptins, the migration and growth rate of ovarian cells were reduced after knocking down lepA and lepB in ovarian cells, while increasing the apoptosis rate. Then both rlepA and rlepB were proved to be combined with lepR to further exert functions by dual luciferase assay. Otherwise, rlepA was also proven to active AR, while rlepB could active GPER. Transcriptome sequencing showed that differentially expressed genes were mainly enriched in KEGG pathways related to membrane receptors, fatty acid synthesis, growth, etc when lepA and lepB were knocked down or additionally added *in vitro*. Similar results were also found *in vivo* when these two genes were knocked down. Additionally, the estradiol (E2) hormone was increased significantly *in vitro* and *in vivo* after knocking down lepB and genes related to E2 synthesis were also detected by RT-qPCR. Finally, based on the differentially expressed genes and the signaling pathways they participated in, we proposed a hypothesis about the signaling pathways in which leptin may be involved in ovarian cells. Take together, these results provide new insights into the role of leptin in the regulation of physiological functions such as ovarian growth and development.

Keywords: leptin; knock down; tongue sole; ovary; estradiol hormone

资助项目：国家自然科学基金(32072993, 32072949)；山东省重点研发计划“泰山产业专家计划”(2023TZXD050)；中国水产科学研究院基本科研业务费(2023TD51)；国家海水鱼产业技术体系(CARS-47)

*通讯作者，徐永江，研究员，主要从事海洋鱼类生殖生理学与繁殖技术 Email:xuyj@ysfri.ac.cn

鲟鱼基因组选择方法开发与优化策略研究

宋海亮，胡红霞*

北京市农林科学院水产科学研究所，北京 100068

摘要：鲟鱼是同源多倍体鱼类，经济价值与营养价值极高。由于鲟鱼性成熟晚，繁殖周期长，利用传统方法育种世代间隔长、效率低。随着测序技术的快速发展及成本的降低，在鲟鱼上开展基因组选择育种将大大缩短鲟鱼育种世代间隔，提高遗传进展。目前，基因组选择方法主要针对二倍体，缺乏针对同源多倍体物种的基因组选择方法。因此，本研究充分利用同源多倍体同一等位基因多个拷贝的加性效应、显性效应和上位效应，提出基于同源多倍体特征的鲟鱼基因组选择新方法（polyGBLUP）。分别利用模拟数据和实际数据对新方法进行系统验证，结果表明 polyGBLUP 比传统的 GBLUP 具有更高的预测准确性，当同源多倍体的倍性水平高时，其优势更加明显。另外，由于测序数据中存在大量的无效标记，直接利用测序数据影响了基因组预测准确性。本研究针对俄罗斯鲟怀卵量、卵色、生长性状，分别提出利用增量特征选择、LD+GWAS 以及同时考虑 SNP 和 InDel 标记的 LD+机器学习的策略可以提高基因组预测准确性。本研究为鲟鱼基因组选择的实施提供了方法支撑，也对其他水产动物开展基因组选择育种具有重要参考价值。

关键词：基因组选择；鲟鱼；同源多倍体；方法优化

资助项目：国家自然科学基金生物育种研究青年专项（32341059）、国家自然科学基金（32202915）、北京市自然科学基金（6222014）。

*通讯作者，胡红霞，女，博士，研究员，主要从事鱼类繁殖生理与内分泌研究，Tel: 13910775341，E-mail: huhongxiazh@163.com.

Developed oocytes generated completely *in vitro* from a novel established oogonial stem cell line of sterlet *Acipenser ruthenus*

SUN Ai [12,2], TIAN Zhaohui [1], HU Hongxia [*1,2]

[1] Fisheries Science Institute, Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences&Beijing Key Laboratory of Fishery Biotechnology, Beijing 100068, China

[2] Key Laboratory of Sturgeon Genetics and Breeding, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Hangzhou 311799, China

Abstract: Oogonial stem cells (OSCs) that generate fertilization-competent eggs *in vivo* have been identified in and isolated from adult human and mouse ovaries. But so far, mature oocytes produced from OSCs *in vitro* have not been broken through in all vertebrates. In this study, OSCs cell line from sexual mature sterlet *Acipenser ruthenus* ovaries was firstly established, charecterized, and purified. The cell line could be passaged steadily for more than one year *in vitro* and was identified to possess oogenic capacity. Under 3D culture conditions, sterlet OSCs performed asymmetric division and meiosis, and produced immature oocytes. And immature oocytes from OSCs could be induced to be fully-grown oocytes whose diameters reached to 70-250 μm. Besides, the endogenous synthesis of vitellogenin (Vtg) was preliminarily confirmed in these grown oocytes. In conclusion, sterlet OSCs could be passaged *in vitro* for generations and cultivated developed oocytes by 3D culture and induction.

Keywords: oogonial stem cells (OSCs); oocytes; *in vitro*; vitellogenin (Vtg); sturgeon

资助项目：北京市农林科学院创新能力建设项目（KJCX20230426）

*通讯作者，胡红霞，研究员，主要从事水产生物技术及遗传育种研究

E-mail: huhongxiazh@163.com

超雄大口黑鲈创制及全雄苗种规模化繁育

关文志*，许晓军，牛宝龙，楼宝

浙江省农业科学院水生生物研究所，浙江杭州 310021

摘要：培育单性化良种对大口黑鲈产业发展具有重要的经济价值，采用不同浓度的 DES 外源激素饲料对大口黑鲈鱼苗进行投喂，通过性别分子标记和性腺组织学鉴定伪雌鱼，研究发现 300ppm DES 可将 XY 大口黑鲈逆转为生理型雌性，性逆转率达到 90%以上。通过对关键基因表达—性激素水平—性腺发育调控网络进行分析，推测类固醇激素合成通路是其性反转的主要信号通路。随后，利用 XY 伪雌鱼和 XY 正常雄鱼配组，通过性别标记筛选获得了 249 尾 YY 超雄大口黑鲈。2024 年繁殖季节，利用 YY 超雄鱼与正常 XX 雌鱼配组，繁育了全雄大口黑鲈苗种 130 万尾，经检测后代 XY 基因型为 100%。本研究建立了超雄大口黑鲈培育及全雄大口黑鲈规模化繁育技术体系，为大口黑鲈良种选育提供了技术保障。

关键词：大口黑鲈；性逆转；YY 超雄鱼；全雄鱼

资助项目：国家重点研发计划项目课题（2022YFD2400803）。

通讯作者：关文志，博士，助理研究员，水产动物遗传育种

E-mail: gwzguan@163.com

全基因组关联分析揭示大口黑鲈耐高温遗传位点

周艳[1,2]，励翔[1,2]，陈良标[1,2*]

1. 水产种质资源发掘与利用教育部重点实验室，上海 201306；

2. 海洋生物科学国际联合研究中心，上海 201306

摘要：大口黑鲈（*Micropterus salmoides*）是一种重要的淡水养殖鱼类。夏季不耐高温是大口鲈鱼养殖经常遇到的难题。我们采用一般线性模型和线性混合模型进行了一项全基因组关联研究，确定了与高温下维持平衡的时间（37.5℃，LOE）和高温下体重增长（WG）这两项性状显著相关的单核苷酸多态性（SNPs）和候选基因。我们收集了 353 条大口鲈鱼的鳍组织，并进行了全基因组重测序。通过关联分析，我们成功鉴定了与 LOE 性状显著相关的 10 个 SNPs 和 38 个候选基因，以及与 WG 性状显著相关的 4 个 SNPs 和 19 个候选基因。我们利用定量 PCR 和 Western 印迹技术，检测了与 LOE 相关的 8 个基因以及与 WG 相关的 3 个基因的表达，其中 *Tmub2*、*Ngfr*、*Hgf*、*Hdac6* 和 *Sypl* 等基因在热敏感个体和热耐受个体中存在显著差异，*Mrc2l* 基因在高温快速生长组和慢速生长组存在显著差异。我们进一步讨论了 LOE 和 WG 候选基因的功能和潜在的生物学过程。我们的研究结果耐高温大口黑鲈新品种的培育提供了基础的遗传信息。

关键词：大口黑鲈；耐高温；生长；全基因组关联分析

资助项目：国家重点研发计划(2022YFD2400801)，国家自然科学基金(32130109)

*通讯作者，陈良标，杰青，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail: lbchen@shou.edu.cn

Genome wide association analysis reveals the genetic sites of heat resistance in largemouth bass (*Micropterus salmoides*)

Yan Zhou[1,2], Xiang Li[1,2], Liangbiao Chen[1,2*]
1. Key Laboratory of Exploration and Utilization of Aquatic Genetic Resources, Ministry of Education, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China
2. International Research Center for Marine Biosciences, Ministry of Science and Technology, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China

Abstract: Largemouth bass (*Micropterus salmoides*) is an important commercially cultured freshwater fish. High temperature is a common challenge encountered in the summer cultivation of largemouth bass. In this study, we conducted a genome-wide association study using general linear models and linear mixed models to identify significant single nucleotide polymorphisms (SNPs) and candidate genes associated with loss of equilibrium (LOE) and weight gain (WG) during high temperature challenge. We collected fin tissue from 353 individuals of largemouth bass exposed to high water temperature (37.5 ◦C) and performed whole-genome resequencing. Through association analysis, we successfully identified 10 SNPs and 38 candidate genes that were significantly associated with LOE, and 4 SNPs and 19 candidate genes that were significantly associated with WG. Using quantitative PCR and Western blot, we tested the expression of eight genes related to LOE in heat-sensitive and heat-tolerant individuals, and identified significant differences in the expression of the following five genes: Tmub2, Ngfr, Hgf, Hdac6, and Sypl. For WG, we assessed the expression of three candidate genes, among which Mrc2l displayed significant differences in expression between the high WG group and low WG group. We discuss the functions and potential biological processes of candidate genes for LOE and WG. Our results provide basic genetic information for breeding largemouth bass with high temperature tolerance.

Keywords: Largemouth bass; High temperature; growth; GWAS;

资助项目：国家重点研发计划(2022YFD2400801)；国家自然科学基金(32130109)

*通讯作者，陈良标，杰青，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail: lbchen@shou.edu.cn

Investigating transcriptomics and metabolomics differences offers insights into the mechanisms of muscular fat deposition in common carp (Cyprinus carpio)

Kexin Zhang 1, Tianqi Liu 1, Zhipeng Sun , Cuiyun Lu , Rongbin Na , Yanchun Sun , Xianhu Zheng *
National and Local Joint Engineering Laboratory for Freshwater Fish Breeding, Heilongjiang River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Harbin, 150070, China

Abstract: With the global population increasing and lifestyle improving, the demand for high-quality nutritional aquatic foods has been rising. Muscle fat is a crucial nutritional index for evaluating the quality of fish flesh. However, the comprehensive and systematic understanding of the molecular mechanism underlying differences in muscle fat deposition remains insufficient. In this study, we integrated transcriptomics and metabolomics of selected samples with extremely high and low muscle fat in common carp (Cyprinus carpio), the major freshwater aquaculture fish in Asia, to identify critical genes, metabolites and metabolic pathways. We totally identified 204 differentially expressed genes (DEGs) and 1528 differentially accumulated metabolites (DAMs). Glycerolipid, glycerophospholipid and glyoxylate and dicarboxylate metabolisms were enriched through both transcriptomics and metabolomics. These lipid metabolism pathways may be regulated by some critical signal transduction pathways, including Extracellular matrix [ECM]-receptor interaction, mTOR signaling pathway and FoxO signaling pathway. Combined with the validation of gene expression and biochemical indices, a supposed regulatory network was established. To our knowledge, it is the first study to apply a multi-omics approach in fish with naturally different muscle fat to comprehensively elucidate the mechanism. This study could deepen our understanding of the molecular mechanism of muscle fat deposition and be helpful for improving the quality of fish.

Keywords: muscle fat deposition; molecular mechanism; aquatic food; multi-omics; regulatory network; *Cyprinus carpio*

资助项目：国家自然科学基金(32072972)；国家重点研发计划 (2022YFD2400102)；国家重点研发计划项目(2023YFD2400204)
*通讯作者，陈松林，院士，研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种
E-mail: chensl@ysfri.ac.cn

基于机器学习的表型组选择在淡水鱼类营养品质性状选育上的应用

曹逸铭[1]，李炯棠[1*]，张研[1]

1. 中国水产科学研究院，北京 100141

摘要：淡水鱼类作为全球水产养殖业的重要组成部分，其营养品质性状的提升对于满足市场需求、增强产业竞争力具有重要意义。传统选育方法周期长、效率低，难以满足现代水产养殖业快速发展的需求。近年来，表型组学和机器学习技术的兴起为遗传育种提供了新的思路和方法。表型组学具有覆盖面广、涉及理化性质多,数据有多态性、时效性、数据量大和高维度、高复杂性、高度不确定性等特征。通过高通量技术全面解析生物体的表型特征。而机器学习作为人工智能的重要组成部分,是近年高通量方面的研究热点。能够高效处理和分析这些大规模数据，挖掘出潜在的遗传变异与表型之间的关联。淡水鱼表型研究与机器学习有效结合不仅可以扩大表型数据量级,还可以挖掘从分子、组织、个体到群体的鱼类表型,促进鱼类遗传育种研究快速发展。本文以机器学习在淡水鱼类表型研究中的应用为出发点，概述国内外最新机器学习在表型组学中的研究热点,介绍本研究利用机器学习在淡水鱼类营养品质性状选育上的研究成果，探讨鱼类表型与机器学习在遗传育种未来发展趋势。

关键词：鱼类；机器学习；表型组；遗传育种

资助项目：国家重点研发计划（2021YFD1200804，2023YFD240203），北京市自然科学基金（6212033）

*通讯作者，李炯棠，研究员，主要从事水产养殖遗传育种

E-mail:lijt@cafs.ac.cn

Application of machine learning-based phenome selection for the selection of nutritional quality traits in freshwater fishes

CAO Yiming[1]，LI Jiongtang[1*]，ZHANG Yan[1]

1. Chinese Academy of Fishery Sciences，Beijing 100141

Abstract: As an important part of the global aquaculture industry, the enhancement of nutritional quality traits of freshwater fishes is of great significance to meet the market demand and enhance the competitiveness of the industry. Traditional selection and breeding methods are characterized by long cycle time and low efficiency, which are difficult to meet the needs of the rapid development of modern aquaculture industry. In recent years, the rise of phenomics and machine learning technology has provided new ideas and methods for genetic breeding. Phenomics has a wide coverage, involves many physical and chemical properties, data polymorphism, timeliness, large data volume, high dimensionality, high complexity, high uncertainty and other characteristics. The phenotypic characteristics of organisms can be comprehensively analyzed by high-throughput technology. Machine learning, as an important part of artificial intelligence, has been a hot research topic in high-throughput in recent years. It is capable of efficiently processing and analyzing these large-scale data to uncover potential associations between genetic variants and phenotypes. The effective combination of freshwater fish phenotyping research and machine learning can not only expand the magnitude of phenotypic data, but also mine fish phenotypes from molecules, tissues, individuals to populations, and promote the rapid development of fish genetic breeding research. In this paper, we take the application of machine learning in freshwater fish phenotyping as the starting point, summarize the latest hotspots of machine learning in phenomics both at home and abroad, introduce the research results of machine learning in the selection and breeding of nutritional quality traits in freshwater fish, and discuss the future development trend of fish phenotyping and machine learning in genetic breeding.

Keywords: fish; machine learning; phenome; genetic breeding

资助项目：国家重点研发计划（2021YFD1200804，2023YFD240203），北京市自然科学基金（6212033）

*通讯作者，李炯棠，研究员，主要从事水产养殖遗传育种

E-mail:lijt@cafs.ac.cn

赤眼鳟 *vasa* 基因的克隆、表达特征分析及分子标记开发

黄玲，叶欢，岳华梅，李创举*

中国水产科学研究院长江水产研究所，农业农村部淡水生物多样性保护重点实验室，湖北武汉，430223

摘要：Vasa 是 DEAD-box (Asp-Glu-Ala-Asp)蛋白家族成员，在生殖细胞特异表达。已有的研究表明 *vasa* 基因为生殖细胞发育的关键调控因子，为研究赤眼鳟生殖细胞发育的分子调控机制，我们利用 cDNA 末端快速扩增技术(RACE)克隆了赤眼鳟 *vasa* 基因，cDNA 全长共 2687bp，5’UTR 和 3’UTR 分别为 100bp 和 532bp，开放阅读框(ORF)共 2055bp，编码 684 个氨基酸，具有 DEXDc 和 HELICc 功能结构域。赤眼鳟和草鱼 Vasa 氨基酸序列同源性高达 95.48%，系统发育进化树显示赤眼鳟和草鱼的亲缘关系很近。荧光定量结果显示，在赤眼鳟胚胎发育阶段，*vasa* 在未受精卵的表达量最高，随后表达量逐渐降低；不同组织的表达特征研究结果表明，*vasa* 仅在赤眼鳟性腺表达，且精巢的表达水平高于卵巢。胚胎整体原位杂交结果显示，赤眼鳟 *vasa* 最先于二细胞期的卵裂沟，随后分布在卵裂球四周，最后迁移至胚胎躯干生殖嵴形成的位置。性腺组织切片原位杂交结果显示，赤眼鳟和草鱼 *vasa* 为生殖细胞特异表达。通过比对赤眼鳟和草鱼 *vasa* 基因序列，设计得到物种特异性引物，PCR 结果证实了赤眼鳟特异性引物和草鱼特异性引物只能在各自性腺中扩增出目的条带。研究表明 *vasa* 可作为赤眼鳟和草鱼生殖细胞标记基因，开发分子标记能有效区分赤眼鳟和草鱼生殖细胞，为进一步探究 *vasa* 在赤眼鳟性腺发育方面的调控机制奠定基础，也为后续建立以赤眼鳟为受体的草鱼生殖干细胞移植提供技术支撑。

关键词：赤眼鳟、*vasa*、基因克隆、表达特征分析、生殖细胞标记

资助项目：中国水产科学研究院基本科研业务费专项(2022XT03)资助

*通讯作者，李创举，研究员，研究方向为鱼类分子遗传学 E-mail: lcj@yfi.ac.cn

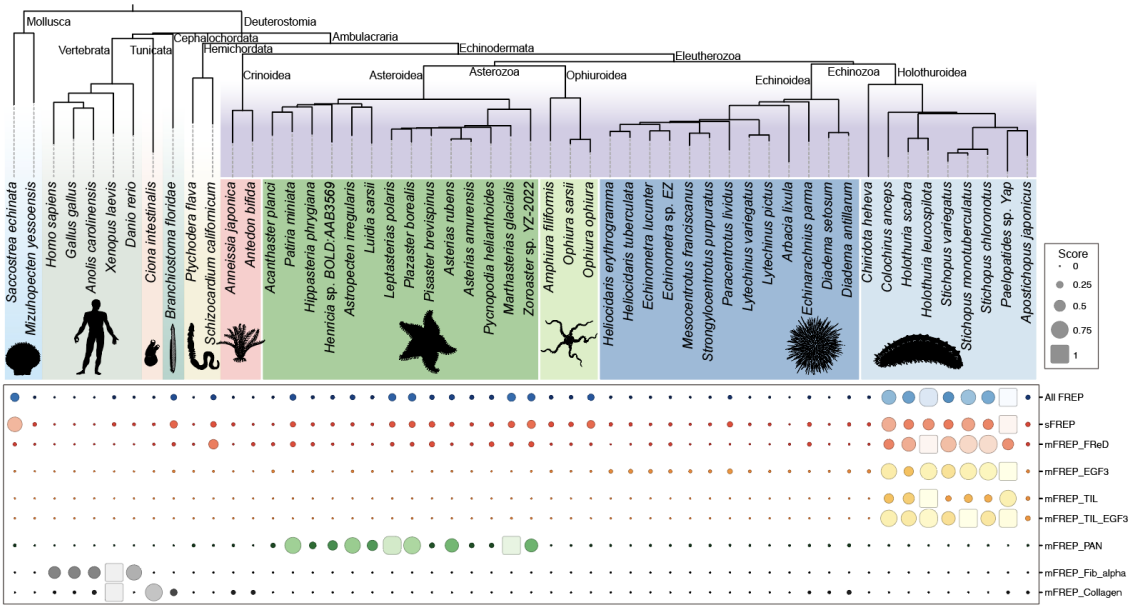
海参纤维蛋白原相关蛋白(FREP)的进化动力学和功能多样性：综合基因组分析的见解

李硕[1,2]，李晨[2]，韩圣磊[2]，陈恺宇[1]，李玮静[2]，姜淑泓[2]，廖端[2]，邵长伟[2*]，李成华[1*]

1. 宁波大学，浙江宁波 315000；

2. 中国水产科学研究院黄海水产研究所，山东青岛 266071；

摘要：纤维蛋白原相关蛋白 (FREP) 基因家族在多类生物的免疫反应中发挥重要作用，但其在无脊椎动物，尤其是海参纲中的进化动态仍缺乏系统性研究。无脊椎动物基因组注释的挑战常常掩盖了关键的进化特征。在本研究中，我们通过分析 1,006 个物种，发现了海参纲中 FREP 基因家族的显著扩张。这一扩张包括不同的单域 (sFREP) 和多域 (mFREP) FREP 簇，表明其功能存在多样性。系统发育分析进一步揭示了棘皮动物间的进化关系，且海参纲独特的基因组重排事件可能推动了 FREP 家族在海参谱系中的特异性扩张。此外，转录组表达分析表明，具有 TIL 结构域的特定 mFREP 在免疫防御中发挥重要作用。这些发现为揭示海参纲 FREP 基因家族扩张的进化机制提供了新视角。



关键词：纤维蛋白原相关蛋白；海参纲；基因家族扩张；免疫防御；基因组重排

资助项目：国家自然科学基金(32325050)；宁波大学 K.C. Wong Magna 基金

*通讯作者，李成华，研究员，主要从事海洋生物分子免疫学和病害防治等方面的研究 lichenghua@nbu.edu.cn；邵长伟，研究员，主要从事鱼类种质资源与遗传育种研究 shaocw@ysfri.ac.cn

Evolutionary Dynamics and Functional Diversity of FREP in Holothuroidea: Insights from Comprehensive Genomic Analysis

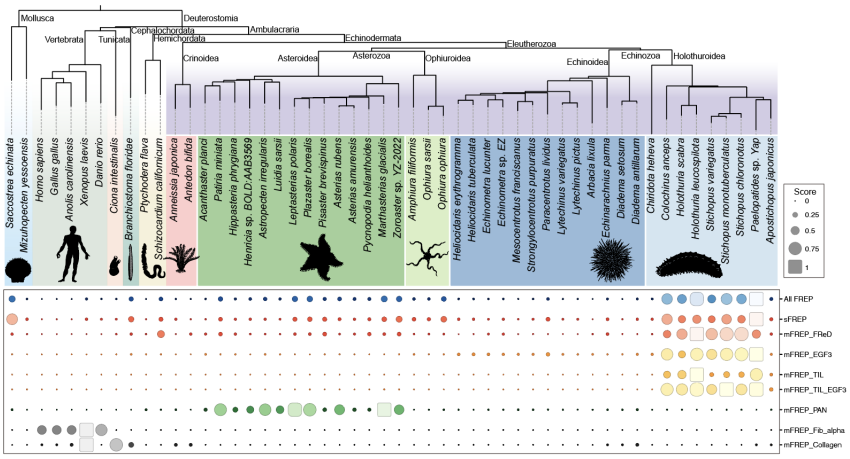
LI Shuo[1,2], LI Chen[2], HAN Shenglei[2], CHEN Kaiyu[1], LI Weijing[2], JIANG Shuhong[2], LIAO Duan[2], SHAO Changwei[2], LI Chenghua[1]

1. Ningbo University, Ningbo 315000

2. Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071

Abstract: The Fibrinogen-Related Protein (FREP) gene family is crucial in immune responses across diverse taxa, yet its evolutionary dynamics in invertebrates, particularly Holothuroidea, remain underexplored. Challenges in annotating invertebrate genomes often obscure key evolutionary phenomena. In this study, we analyzed 1,006 species and identified a significant expansion of FREP genes in Holothuroidea. This expansion includes distinct clusters of single-domain (sFREPs) and multi-domain FREPs (mFREPs), indicating functional diversification. Phylogenetic analysis revealed close relationships among echinoderms, with unique genomic arrangements in Holothuroidea likely driving this expansion. Transcriptome profiles further demonstrate that specific mFREPs with TIL domains are involved in immune defense mechanisms. These findings offer new insights into the evolutionary mechanisms behind FREP gene expansion in Holothuroidea.

Keywords: fibrinogen-related proteins; Holothuroidea; gene family expansion; immune defense; genome arrangements



资助项目：国家自然科学基金(32325050)；宁波大学 K.C. Wong Magna 基金

*通讯作者，李成华，研究员，主要从事海洋生物分子免疫学和病害防治等方面的研究 lichenghua@nbu.edu.cn；邵长伟，研究员，主要从事鱼类种质资源与遗传育种研究 shaocw@ysfri.ac.cn

半滑舌鳎（*Cynoglossus semilaevis*）抗内脏结节病遗传基础及基因组选择育种

畅孟阳[1]，史鲲鹏[1]，沙珍霞[1*]

1. 青岛大学生命科学学院，山东青岛 266000

摘要：半滑舌鳎（*Cynoglossus semilaevis*），是我国重要的海水养殖经济鱼类。近年来由海洋分枝杆菌（*Mycobacterium marinum*）造成的内脏结节病对产业的健康发展造成了重大影响。本研究利用全基因组关联分析（Genome-wide association studies，GWAS）、转录组测序（RNA-seq）和基因组选择（Genomics selection，GS）技术全面解析了半滑舌鳎抗内脏结节病遗传机制并应用于新品系的选育。在 Chr1 和 Chr12 上发现了 7 个抗病相关的 SNP 位点，并注释到等 98 个抗病候选基因，肝脏组织的转录组测序共筛选到了 2576 个差异表达基因，进一步锁定到了 nfkbiab、tlr5、rela 等 20 个抗病基因。此外通过群体 KASP 基因分型技术创制了 1 种组合分子标记，可应用于半滑舌鳎抗内脏结节病新品系的选育。通过构建参考群体和候选群体开展了基因组选择分析，基于存活状态和存活时间两种性状，利用 4,773,887 个高质量 SNP 对半滑舌鳎抗内脏结节病性状的遗传力估计值分别为 0.49 和 0.54。比较不同 GS 模型和 SNP 密度下的基因组预测精度表明，GBLUP 是最佳的 GS 模型，基于 GWAS 策略选择以 40K 密度得到的预测准确性基本接近所有 SNP 的预测准确性。使用所建立的最优 GS 策略，计算各候选群体的基因组育种估计值（Genomic estimated breeding value，GEBV）。感染实验结果显示，GEBV 排名前 10%的候选群体后代的抗病能力显著提高，死亡率相比对照组降低 16.2%。

关键词: 半滑舌鳎；全基因组重测序；GWAS；GS；KASP 分子标记

资助项目：国家重点研发计划(2022YFD2400405，2022YFD2400401)；山东省院士专项(2023ZLYS02)

*通讯作者，沙珍霞，教授，主要从事水产生物技术和遗传育种

E-mail: shazhenxia@163.com

基于转录组学和生化参数分析揭示虹鳟对低氧胁迫适应机制的研究

王琪[1]，黄进强[1*]，李永娟[2]，吴深基[1]，赵璐[1]，孙同振[1]，康玉军[1]，刘哲[1]

1. 甘肃农业大学动物科学技术学院，甘肃兰州 730070；

2. 甘肃农业大学理学院，甘肃兰州 730070

摘要：溶解氧（DO）是影响鱼类生存、行为、免疫和新陈代谢的关键环境因素。虹鳟（*Oncorhynchus mykiss*），作为一种全球重要的冷水鱼种，对低氧环境极为敏感。本研究旨在探讨中度和重度低氧（3.0±0.1 mg/L 和 4.5±0.1 mg/L）胁迫（0 h、4 h、8 h、12 h 和 24 h）和复氧（R12 h 和 R24 h）不同时间对虹鳟肌肉抗氧化、免疫和代谢相关酶活性的影响，并利用转录组测序和 qRT-PCR 技术鉴定关键基因的动态表达。结果显示，低氧胁迫下，抗氧化和免疫相关酶（T-SOD、CAT、T-AOC、ACP、AKP 和 ALT）活性在低氧胁迫下显著降低，并在复氧后逐渐恢复；MDA 含量在低氧胁迫下增加，复氧后降低；ACP 和 AKP 活性在低氧胁迫下显著降低。代谢相关酶（HK、PK、LPS、LDH、TG、LD 和 Glycogen）在低氧胁迫下显著增加，复氧后降低；LPS 活性在低氧 12 h 后降低。TP、PFK、SDH、AST、ALT、CHO 和 ATP 含量在低氧胁迫下降低，复氧后逐渐恢复；特别是在重度低氧 24 h 后，ATP 和 Glycogen 含量达到最低，随后在复氧时恢复。通过比较中度低氧 12 h（Tm12M）和重度低氧 12 h（Ts12M）与常氧条件（8.5±0.1mg/L）下的基因表达，共鉴定出 424 个差异表达基因（DEGs）。基因本体论（GO）和京都基因组百科全书（KEGG）富集分析显示，这些 DEGs 主要参与糖酵解/葡萄糖生成、氨基酸代谢、脂肪细胞因子信号转导、FoxO 信号转导和 mTOR 信号转导等生物学过程。基因集富集分析（GSEA）进一步确认了与低氧相关的通路被显著富集。蛋白质-蛋白质互作（PPI）网络分析识别出 20 个参与低氧应激反应的关键基因。qRT-PCR 动态表达分析证实了 *pargc1a*、*irs2*、*ddit4*、*pfkfb4* 和 *egln2* 在低氧应激过程中的显著上调，并在复氧过程中逐渐恢复。本研究不仅加深了对虹鳟低氧胁迫适应性反应的理解，而且为进一步探索鱼类对低氧胁迫的分子机制奠定了基础。

关键词：虹鳟；低氧胁迫；肌肉；生化指标；RNA-seq

资助项目：国家自然科学基金项目（32060823）；甘肃农业大学学科团队项目（GAU-XKTD-2022-23）资助。

*通讯作者，黄进强，教授，博士生导师，主要从事水产动物遗传育种与免疫学的教学和科研工作 E-mail: huangjinq@163.com

应用深度学习算法对皱纹盘鲍足肌中的类胡萝卜素含量进行快速无损估计

刘桂嘉[1,2]，吴晓勇[1,2]，游伟伟[1,2]，骆轩[1,2]，柯才焕[1,2*]

1.海水养殖生物育种全国重点实验室（厦门大学），福建厦门 361102；

2.福建省海洋经济生物遗传育种重点实验室，福建厦门 361102

摘要: 类胡萝卜素是水生生物体色和健康的重要色素。传统的类胡萝卜素含量测定方法具有侵入性、耗时且不适合水产养殖育种项目的大规模应用。在本研究中，我们应用深度学习算法，开发出基于色度值（*L**、*a**和 *b**）的无损模型，用于估测皱纹盘鲍足肌中的类胡萝卜素含量。从 344 个鲍鱼样本中提取类胡萝卜素，并通过超高效液相色谱-串联质谱（UPLC-MS/MS）进行定量分析。尽管 *a**色度维度与类胡萝卜素含量的个体相关性最高，但我们结合 *L**、*a**和 *b**的多维模型表现出更优异的性能和鲁棒性。经过 10 倍交叉验证，LSTM 模型在预测精度上表现最佳，具有最低的平均绝对误差（MAE）4.079，最高的决定系数（R^2）0.415，及相关系数 0.698。为便于实际应用并鼓励进一步研究，开发了用户友好的“基于色度的类胡萝卜素估算套件”（CCES）软件，提供了训练和预测模块。该软件允许用户使用其数据集来训练模型，实现对不同物种或特定育种项目的定制和适应性，提升了方法的实用性。研究结果表明，基于多维色度数据的深度学习模型能够提供鲍鱼类胡萝卜素含量的稳健且准确的预测。结合 CCES 软件，此方法为水产养殖中的选择性育种和质量控制提供了一个高效的工具，与传统方法相比，效率提高约 450 倍。这为研究人员和实践者实现无损、高效、精准的类胡萝卜素估测提供了支持，并具有在关注体色的其他物种中推广应用的潜力。

关键词：无损测评，LSTM，CNN，深度学习，类胡萝卜素含量

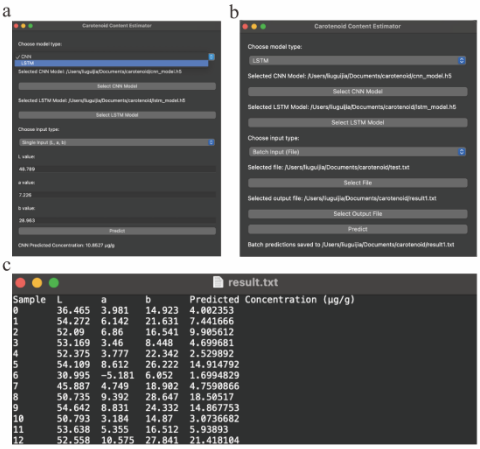


图: CCES 软件的图形界面和批量预测功能； (a) 使用 L*、a*和 b*值的单样本类胡萝卜素含量预测界面；(b) 多个输入样本的类胡萝卜素含量批量预测界面；(c) 输出文件以表格形式显示多个样本的预测类胡萝卜素浓度

资助项目: 国家自然科学基金（U22A20530）；福建省种业创新与产业化工程项目（2021FJSCZY02）；现代农业产业技术体系（CARS-49）

*通信作者，柯才焕，教授，主要从事底栖生物技术与遗传育种

E-mail: chke@xmu.edu.cn

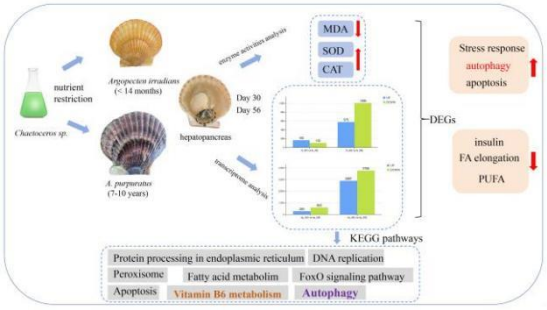
Potential roles of lipases and antioxidases on longevity under nutrient restriction in two *Argopecten* scallops with distinct lifespans

ZHAO Yang[1,3], WANG Chunde [1*], LU Xia [2*]

1 Research and Development Center for Efficient Utilization of Coastal Bioresources, Yantai Institute of Coastal Zone Research, Chinese Academy of Sciences, Yantai, Shandong 264003;
2School of Ocean, Yantai University, Yantai, Shandong, 264005;
3University of Chinese Academy of Sciences, Beijing, 100049

Abstract: Nutrient restriction (NR) extends lifespan in many species. High latitudes are characterized by cold-water temperature and food limitations, where bivalves may mimic NR like vertebrates, which could result in a prolonged life expectancy. The long-lived Peruvian scallop (7-10 years) distributes naturally at relatively higher latitudes than the annual bay scallop. However, the relationship and the mechanism underlying the food availability and lifespan are unclear in bivalves. In this study, the genetic response to NR was first investigated in bivalves with distinct lifespans. Peruvian scallops persistently responded to NR mainly via metabolic pathways, but that began to play roles in bay scallops after 56 days. Significant down-regulated expression of long-chain saturated fatty acid synthetase in both two scallops and increased expression of *SCD5* and *LIPN2* in Peruvian scallops might contribute to MUFA accumulation under NR. *SOD1* was more highly expressed in Peruvian scallops than in bay scallops under NR, and strong autophagy was detected only in Peruvian scallops. Peruvian scallops presented much lower MDA levels and higher SOD1 activities than bay scallops. These findings help us understanding the role of lipases and antioxidases in longevity of bivalves, and provided potential biomarkers for breeding long-lived larger scallops.

Keywords: Lipases; Antioxidases; Nutrient restriction; Longevity; *Argopecten* scallops



Graphical Abstract

资助项目：国家自然科学基金(42276147)；国家重点研发计划项目（国家重点研发计划项目）。

*通讯作者，王春德，研究员，主要从事贝类遗传育种；卢霞，副研究员，主要从事贝类寿命调控机制；E-mail: Chundewang2007@163.com；luxia_0202@163.com

Genome sequencing reveals population structure and local adaptation of two ecotypes of *Coilia nasus*

MA Fengjiao[1], WANG Hui [1], XU Pao [1,2], LIU Kai [1,2]

1.Wuxi Fisheries College, Nanjing Agricultural University, Wuxi, 214081, China.

2.Key Laboratory of Freshwater Fisheries and Germplasm Resources Utilization, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Freshwater Fisheries Research Center, Chinese Academy of Fishery Sciences, Wuxi, 214081, China.

Abstract: As a distinct ecotype of *Coilia nasus*, the freshwater resident *Coilia nasus taihuensis* is unable to exhibit anadromous behavior due to physical barriers and can grow and reproduce independently in freshwater habitats such as Taihu Lake. In order to perform a comprehensive analysis of genomic characteristics of *C. nasus taihuensis*, a freshwater resident individual from Taihu Lake was selected as the experimental subject for constructing the first complete, gap-free reference genome of *C. nasus taihuensis*. The results of genome assembly showed that a 0 gap *C. nasus taihuensis* genome with an assembly size of 834.09 Mb, a contig N50 of 35.45 Mb was obtained. The results collinearity analysis showed that the genomic sequences of *C. nasus* and *C. nasus taihuensis* were highly consistent (96.95%). Furthermore, the whole genomes were resequenced from 128 *C. nasus* individuals, including four anadromous populations (CN) and eight freshwater-resident populations (CNT), and a total of 25,101,336 high-quality SNPs were obtained. In-depth analyses of population structure and demography revealed that the CN and CNT populations form four separate clusters, with freshwater invasion of CNT populations occurring around 4.6 Ka. In addition, selective sweep analysis, utilizing *F*st and nucleotide diversity estimations, was conducted on CN and CNT populations. Enrichment analysis of selected genes showed significant enrichment of genes involved in ion transport, signal transduction, and metabolic process, which probably underlay differences in morphology, physiology and behavior between the anadromous and freshwater-resident *C. nasus*. This study provides insights concerning the population structure of an important anadromous fish and accumulates basic data for further studying the population genetics of *C. nasus*.

Key words: gap-free genome; genome resequencing; population structure; local adaptation

资助项目：中国水产科学研究院中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金资助(2023TD11)；江西省重点水域长颌鲚重要栖息地调查项目(NY2022-C0901)

*通讯作者，刘凯，研究员，主要从事长江下游流域渔业资源保护与利用，Liuk@ffrc.cn

Evolutionary divergence of subgenomes in common carp provides insights into speciation and allopolyploid success

CHEN Lin[1#], LI Chengyu[1#], LI Bijun[1#], ZHOU Xiaofan[2#], BAI Yulin[1], ZOU Xiaoqing[1], ZHOU Zhixiong[1], HE Qian[1], CHEN Baohua[1], WANG Mei[1], XUE Yaguo[3], JIANG Zhou[1], FENG Jianxin[4], ZHOU Tao[1], LIU Zhanjiang[5]*, XU Peng[1]*

1. Xiamen University, Xiamen, Fujian, 361102, China;
2. South China Agricultural University, Guangzhou, Guangdong, 510642, China
3. Henan Normal University, Xinxiang, Henan, 453007, China
4. Henan Academy of Fishery Science, Zhengzhou, Henan, 450044, China
5. Syracuse University, Syracuse, 13244, USA

Abstract: Hybridization and polyploidization have made great contributions to speciation, heterosis, and agricultural production within plants, but there is still limited understanding and utilization in animals. Subgenome structure and expression reorganization and cooperation post hybridization and polyploidization are essential for speciation and allopolyploid success. However, the mechanisms have not yet been comprehensively assessed in animals. Here, we produced a high-fidelity reference genome sequence for common carp, a typical allotetraploid fish species cultured worldwide. This genome enabled in-depth analysis of the evolution of subgenome architecture and expression responses. Most genes were expressed with subgenome biases, with a trend of transition from the expression of subgenome A during the early stages to that of subgenome B during the late stages of embryonic development. While subgenome A evolved more rapidly, subgenome B contributed to a greater level of expression during development and under stressful conditions. Stable dominant patterns for homoeologous gene pairs (HGs) both during development and under thermal stress suggest a potential fixed heterosis in the allotetraploid genome. Preferentially expressing either copy of a homologous gene at higher levels to confer development and response to stress indicates the dominant effect of heterosis. The plasticity of subgenomes and their shifting of dominant expression during early development, and in response to stressful conditions, provide novel insights into the molecular basis of the successful speciation, evolution, and heterosis of the allotetraploid common carp.

Keywords: allotetraploid; subgenome structural evolution; homoeologous expression; expression dominance shift; environmental adaptation

---

资助项目：国家重点研发计划（2019YFE0119000）；国家杰出青年科学基金（32225049）；国家自然科学基金(31872561)

*通讯作者，徐鹏，教授，主要从事鱼类遗传学与遗传育种 E-mail: xupeng77@xmu.edu.cn

银鲳对美人鱼发光杆菌的免疫响应及其免疫逃逸机理的初步探究

张友仪[1]，王亚军[1*]，胡佳宝[1]

1 宁波大学海洋科学学院，浙江宁波 315832

摘要：银鲳在高温季节病害频发，其中美人鱼发光杆菌（PDD）病是常见高致死率病害。本研究从染病银鲳分离获得高致病性菌株（YC211109），回归感染发现鱼体多脏器出血、组织坏死。银鲳组织转录组测序发现吞噬体相关信号通路显著富集且与抗原呈递相关基因表达下调。进一步分离银鲳单核-巨噬细胞，改良瑞氏染色发现该细胞的细胞核呈马蹄形且偏向一侧，具有呼吸爆发特征（氧/氮呼吸爆发）且流式结果显示具有较强吞噬能力。透射电镜发现 PDD 在细胞表面形成 5-20nm 孔道且在细胞内可见包裹菌的溶酶体膜破损，由此推测 PDD 可能分泌某类毒力因子破坏细胞膜结构。因此对 YC211109 进行基因组测序，其含有 3 个游离质粒，T3SS 效应蛋白预测 181 个，主要毒力因子为四种溶血素，其中 HlyA 为一类成孔毒素。采用 S17-1λpir 接合转移构建 $HlyA^-$PDD 突变株及 $EGFP^+$PDD 荧光菌株。$HlyA^-$PDD 突变株的溶血能力显著下降。$EGFP^+$PDD 分别感染小鼠和银鲳单核-巨噬细胞(RAW264.7\SP-Mφ),依赖感染时间梯度共定位溶酶体和 $EGFP^+$PDD，发现感染 24h 组溶酶体数量减少且菌与溶酶体信号分离。而在 $HlyA^-$PDD 突变株感染后该现象显著延后。因此推测 PDD 被单核-巨噬细胞吞噬后其分泌的成孔毒素可以破坏吞噬体膜，帮助细菌逃逸至胞质中性环境中。主要组织相容性复合体（MHC）对抗原的加工和递呈起重要作用，γ-干扰素诱导溶酶体硫醇还原酶（GILT）催化二硫键还原，展开天然蛋白抗原，并促进细胞蛋白酶进一步裂解，另外我们从银鲳高质量基因组中注释到一个缺失 motif 的 IFNγ。因此我们对这三类基因进行鉴定、克隆及表达，检测基因表达发现 PDD 感染后 MHC 与 GILT 的表达模式有相反趋势。并利用腺病毒对鱼体 GILT 干扰，发现 GILT 能协助 PDD 从溶酶体逃逸。综上，本研究初步探究银鲳对 PDD 的免疫响应及可能的免疫逃逸机制。

关键词：银鲳 免疫逃逸 巨噬细胞[13]

资助项目：国家重点研发计划（2022YFD2400100）；宁波市科技创新 2025 重大工程(2021Z003)
*通讯作者,王亚军，教授，主要从事鱼类健康养殖及分子育种，
Email:wangyajun@nbu.edu.cn

Transposon-related structural variations provide new insights into the hybrid compatibility in *Megalobrama amblycephala* × *Culter alburnus*

Songlin Cai[1,2,3#], Jun Wang[1,2,3#], Xin Hou[1,2,3], Xiaowen Chen[1,2,3], Chenghui Wang[1,2,3*]

1. Key Laboratory of Freshwater Aquatic Genetic Resources Certificated by the Ministry of Agriculture and Rural Affairs

2. National Demonstration Center for Experimental Fisheries Science Education

3. Shanghai Engineering Research Center of Aquaculture, Shanghai Ocean University, Shanghai, 201306, China

Abstract: The genetic mechanism underlying hybrid compatibility is a primary challenge in establishing lineages through distant hybridization in fish. This study investigated the potential influences of transposable elements (TEs) and structural variations (SVs) on the genome compatibility within hybrid population of *Megalobrama amblycephala* × *Culter alburnus*. Comparative genomic analysis revealed high collinearity between specific chromosome pairs of *M. amblycephala* and *C. alburnus* and uncovered extensive SVs, including numerous insertions and deletions as well as large-scale inversions, translocations, and duplications. Spatial association analysis showed these extensive genomic variations are possibly attributable to the activity of TEs. Transcriptomic analysis further indicated that TE-associated SVs play an essential role in regulating gene expression in hybrid offspring. Notably, genes that were upregulated and exhibited over-dominant expression patterns in the hybrids were highly enriched in biological processes such as homologous recombination and DNA repair, suggesting a potential mechanism that hybrids may employ to counteract the hybrid incompatibilities. Our findings provide valuable reference for the genetic basis of hybrid compatibility in distant hybridization of fish.

Keywords: Structural Variations; Transposable Elements; Distant Hybridization; Hybrid Compatibility

---

资助项目：国家自然科学基金(32373101)
*通讯作者，王成辉，教授，主要从事水产动物种质资源与种苗工程、遗传育种
E-mail: wangch@shou.edu.cn

脂多糖刺激下栉孔扇贝外泌体对先天免疫的调控作用

李胜文[1]，王孟强*

中国海洋大学，山东青岛 266100；

摘要：栉孔扇贝 (*Chlamys farreri*) 作为一种营养和经济价值较高的双壳贝类，在中国海水养殖业中占有重要地位。然而贝类养殖业疾病频发严重威胁产业的可持续发展，因此揭示贝类的先天免疫防御机制对其病害防治具有重要意义。外泌体作为细胞内部和细胞间的一种额外的通信媒介，以其运载的多种核酸和蛋白质等生物活性物质作为效应物参与生物体内的生命活动。贝类在响应外界刺激时，外泌体可能通过与免疫调控元件间的交互通信调节机体重要的先天免疫应答，其潜在的分子基础也有待发掘。为了全面地了解海洋生物先天免疫调控的分子机制，本研究首先采用超速离心法分别对无处理和脂多糖（LPS）刺激下栉孔扇贝血清中的外泌体进行分离鉴定。在此基础上，我们对栉孔扇贝在不同来源外泌体刺激后的血淋巴细胞进行了多组学分析，即 LPS 来源外泌体刺激组、无处理外泌体刺激组和 PBS 注射组。分别通过转录组学、MicroRNA 组学和 TMT 标记定量蛋白质组学分析探索栉孔扇贝的全局表达变化，解析基因表达模式并在转录、转录后和翻译水平上初步筛查了 LPS 来源外泌体刺激栉孔扇贝后介导先天免疫调控的关键元件，包括如 ULK1、ATG10、ATG3、ATG16L1、MID1、HIF-1α、CD38 和 Caspase3 等许多免疫相关基因/蛋白及发挥重要调控作用的 miRNAs，并且这些调控元件还参与了细胞过程、免疫应答、自噬、凋亡、代谢和应激等关键途径。此外，MicroRNA-mRNA 互作及 PPI 结果进一步表明在细胞通讯过程中，外泌体通过介导调控元件间的相互作用参与栉孔扇贝的先天免疫调节。本研究表明外泌体在海洋无脊椎动物的先天免疫防御机制中发挥核心调控作用，相关成果为从外泌体角度解读贝类免疫调控机制提供有效的理论数据，同时也为养殖贝类的病害防控和抗病育种提供新思路。

关键词：外泌体；栉孔扇贝；多组学分析；先天免疫

资助项目：国家重点研发计划课题，海水南美白对虾、扇贝优异种质资源精准鉴定（2021YFD1200805）

*通讯作者，王孟强，副教授，主要从事海水养殖动物抗病分子育种研究
wangmengqiang@ouc.edu.cn

Deciphering the molecular mechanism of heat tolerance trait in spotted sea bass (*Lateolabrax maculatus*)

LIU Cong[1,2], WEN Haishen[1,2], ZHANG Chong[1,2], ZHANG Yonghang[1,2], WANG Lingyu[1,2], SUN Donglei[1,2], LIU Mengqun[1,2], DONG Yani[1,2], LI Pengyu[1,2], ZHANG Kaiqiang[1,2], QI Xin[1,2], LI Yun[1,2,*]

1. Key Laboratory of Mariculture, Ministry of Education (KLMME), Ocean University of China, Qingdao 266003

2. Sanya Oceanographic Institution, Ocean University of China, Qingdao, 266100

Abstract: Spotted sea bass (*Lateolabrax maculatus*), widely farming in the China's coastal area, is a valuable fish species for aquaculture. Nevertheless, fluctuations in water temperature, particularly the significant increases during summer, threaten the survival and productivity of this species. Enhancing the heat tolerance of spotted sea bass is critical for ensuring the sustainable development of its aquaculture. In the present study, we assemblied a high-quality of reference genome. Based on that, a genome-wide association study (GWAS) was performed to explore the genetic basis underpinnings of heat tolerance in spotted sea bass. As shown in the results, 50 significantly associated genetic variants (31 SNPs and 19 InDels) were detected, 236 candidate genes were also annotated. Function enrichment analysis indicated that membrane category and membrane trafficking pathway play a major role in the heat stress response. Additionally, ten various genomic selection (GS) models and two selection strategies were used to evaluate the potential for genomic breeding. Furthermore, mRNA-miRNA integrated transcriptomic analysis were conducted to characterize changes in gene expression profiles in the muscle tissue under heat stress. Numerous differentially expressed genes (DEGs) and differentially expressed miRNAs (DEMs) were idenfified, generating 846 DEGs-DEMs negative regulatory pairs potentially associated with thermal response. Overall, our findings deepen the knowledge of the molecular mechanisms of heat tolerance and offers valuable information for the selection and breeding of heat-tolerant strains of spotted sea bass.

Keywords: *Lateolabrax maculatus*; Heat tolerance trait; GWAS; Molecular mechanism

---

资助项目：国家自然科学基金(NSFC, 32072947);国家重点研发计划(2022YFD2400503)；国家海水鱼产业技术体系(CARS-47-G06)

*通讯作者，李昀，教授，主要从事水产经济鱼类的遗传育种

E-mail: yunli0116@ouc.edu.cn

The HMGBa-HSP70-ATF4-β axis restricts white spot syndrome virus infection in crayfish

LAN Jiangfeng*, CAO Xiaotong

College of Veterinary Medicine, Shandong Provincial Key Laboratory of Zoonoses, Shandong Agricultural University, Taian, 271017, China

Abstract: Envelope viruses are the most threatening pathogens to eukaryotes. The search for target genes against envelope viruses is particularly important. The activating transcription factors (ATFs) regulate cancer proliferation, maintains cellular redox homeostasis, extends biological longevity and responds to viral stimuli. However, the mechanism of ATFs antiviral immunity, especially envelope viruses, is rarely reported. Two ATF4 homologs (ATF4-α and ATF4-β) with a difference of one β sheet (7 amino acids) were identified in crayfish. Further studies showed that ATF4-β was activated and significantly translocated into the nucleus after envelope virus white spot syndrome virus (WSSV) infection. During WSSV infection, host may recognize WSSV in some way (such as HMGBa recognizes WSSV by interacting with WSSV/VP28), and transmits the signal to cell, then HMGBa, HSP70 and ATF4-β interact each other in the cytoplasm, and promote nuclear translocation of ATF4-β. ATF4-β entered the nucleus to initiate the transcription of ATF4 and ALFs. In addition, ALF1 could bind to VP28 to inhibit virus assembly in the nucleus and reinfection. This study elucidated a novel mechanism of ATF4-β in anti-envelope virus immune responses, and ATF4 may be a potential target for disease prevention and control.

Key words: White spot syndrome virus, ATF4, anti-envelope virus immunity, antimicrobial peptides

---

资助项目：国家自然科学基金(32403072);国家重点研发计划(2022YFD2400703)；山东省现代农业技术体系-虾蟹体系。

*通讯作者，兰江风，教授， 博士生导师，山东农业大学动物医学院，主要从事虾蟹抗逆育种和疾病防控研究

E-mail: sjs15@163.com

三种饵料生物对线纹海马早期生长与肠道结构的影响研究

陈佳慧[1]，林嘉琪[1]，杨浩[1]，李桂峰[1]，张勇[1]，卢丹琪[1*]

1. 中山大学生命科学学院，广东广州 510275；

摘要：海马是传统中药材，在我国有悠久的药用历史。线纹海马（*Hippocampus erectus*）是目前我国主要海马养殖品种。然而，苗种存活率是制约海马行业规模化发展的重要因素。本研究采用安氏伪镖水蚤（*Pseudodiaptomus annandlei*）、卤虫（*Artemia*）、短角异剑水蚤（*Apocyclops royi*）三种常见饵料生物投喂初孵线纹海马，分别设为 Pa 组、A 组、Ar 组。实验结果显示，Ar 组 2-5 天死亡率急剧上升，72 h 达到 51.14%。A 组 7-11 天死亡率急剧上升，10 d 死亡率达到 55.37%。Pa 组实验结束时死亡率为 25.87%，显著低于其他两组（$P<0.0001$），同时 Pa 组体长体重极显著（$P<0.0001$）高于其他两组。对海马肠道菌群测序结果发现投喂短角异剑水蚤和卤虫的线纹海马肠道内条件致病菌 *Aeromonas veronii*、*Vibrio alginolyticus*、*Photobacterium ganghwense* 的丰度高于投喂安氏伪镖水蚤的线纹海马；投喂安氏伪镖水蚤的线纹海马，其肠道内有益菌群丰度更高。线纹海马 12 h，72 h 和 10 d 的肠道组织切片显示，三组线纹海马的肠道绒毛高度在 12 h 时出现显著差异（$P<0.05$），A 组在 72 h 开始出现黏膜下层萎缩并逐渐与粘膜层分离、肠道细胞胞内空泡化等病理现象。

综上，安氏伪镖水蚤能够提高线纹海马存活率及生长性能，并能够降低肠道条件致病菌丰度，提高益生菌优势地位，改善肠道菌群结构，促进海马肠道组织正常发育。

关键词：线纹海马；开口饵料；肠道微生物

资助项目：海马繁育及养殖关键技术研究与示范

*通讯作者，卢丹琪，副教授，主要从事水生生物抗菌免疫应答机制和水生生物健康养殖

E-mail: ludanqi@mail.sysu.edu.cn

Establishment and population genetic analysis of SNP fingerprinting of Chinese soft-shelled turtle (*Pelodiscus sinensis*)

LIANG Yixin[1], TIAN Peng[1], LU Yukuang[1], QIN Qin[1], WANG Zi'ao[2], XIONG Gang[2], WANG Xiaoqing[1*], HU Yazhou[1*]
[1] College of Fisheries, Hunan Agricultural University, Changsha 410128
[2] Hunan Biological and Electromechanical Polytechnic, Changsha 410128

Abstract: Chinese soft-shelled turtle (*Pelodiscus sinensis*) is an important aquaculture species in China. However, with the continuous development of *P. sinensis* cultures, problems related to germplasm degradation and population mixing have become increasingly prominent. This has seriously affected the protection and utilization of germplasm resources by *P. sinensis*. To broaden the understanding of the germplasm resources of *P. sinensis* and improve the efficiency of germplasm identification, Super-GBS sequencing technology was used to conduct population genetic analysis of *P. sinensis* samples from six different populations distributed in five provinces. As a result, 1,464,488 SNPs were identified. Genetic structure analysis revealed that the six *P. sinensis* populations could be divided into three sub-populations. The genetic differentiation coefficient of the DT and CY populations was very low (Fst=0.0088), indicating that differentiation had not yet occurred. Additionally, 15 KASP core markers for the identification of *P. sinensis* populations were developed using KASP typing technique for the first time. Genetic information can lay a foundation for the protection and utilization of germplasm resources by *P. sinensis*, and the fingerprinting database developed in this study provides a practical tool for authenticating *P. sinensis*.

Keywords: KASP, SNP, Fingerprint, Genetic structure analysis, *Pelodiscus sinensis*

资助项目：中华鳖种业工程项目

*通讯作者，王晓清，二级教授，主要从事特种水产动物遗传育种；胡亚洲，副教授，主要从事两栖爬行类水产动物免疫调控与遗传育种研究

E-mail: wangxiao8258@126.com；huyazhou@hunau.edu.cn

Ferroptosis triggers C16 ceramide to enhance shrimp resistance against *V. parahaemolyticus*

Zeyan Chen[1], Peiyi He[1], Chenglong Liu[1], Jude Juventus Aweya[2], Zhihong Zheng[1], Zhongyang Lin[1], Defu Yao[1], Xianliang Zhao[1,*], Yueling Zhang[1,*]

2. Guangdong Provincial Key Laboratory of Marine Biology and Department of Biology, Shantou University, Shantou, China

3. Department of Food and Human Nutritional Sciences, St. Boniface Hospital Research Centre, University of Manitoba, Winnipeg, Manitoba, Canada

Abstract: This study investigates the role of ferroptosis in enhancing antibacterial immunity in shrimp, specifically in response to *Vibrio parahaemolyticus*. We found that Erastin induces ferroptosis in shrimp hepatopancreas, which subsequently enhances shrimp survival and antibacterial immunity. Notably, the ferroptosis mechanism associated with *V. parahaemolyticus* involves ceramide synthesis, with acid sphingomyelinase (SMPD1) mediating the conversion of ceramide to modulate ferroptosis. Additionally, C16 ceramide was shown to exert antibacterial effects by promoting mitochondrial reactive oxygen species (ROS) production. Furthermore, plant-derived ceramide significantly enhances shrimp immunity against bacterial infections. These findings highlight the critical role of ferroptosis and ceramide metabolism in shrimp immune responses, which provides a new insight into the potential therapeutic potential of bacterial diseases in shrimp.

Keywords: Ferroptosis, Shrimp antibacterial immunity, Ceramide synthesis, Mitochondrial ROS, *Penaeus vannamei*

资助项目：国家自然科学基金区域创新发展联合基金项目（No. U22A20536）
*通讯作者，章跃陵，博士，教授，博士生导师，主要从事对虾免疫生物学研究，Tel: 0754-86502580 13592865628，E-mail: zhangyl@stu.edu.cn.
*通讯作者，赵贤亮，博士，副教授，主要从事水生病原微生物的耐药性及其疾病预防与控制，和水生动物免疫防御的分子机制的研究
Tel: 18738331210，E-mail: zxl830724@163.com

Exploring of candidate genes related to visceral white-nodules disease resistance in *Larimichthys polyactis*

ZHU Jiajie[1]，LIU Feng[2*]，YE Ting[2]，LOU Bao[2]

1 Key Laboratory of Applied Marine Biotechnology by the Ministry of Education, School of Marine Sciences, Ningbo University, Ningbo 315211, China

2 Institute of Hydrobiology, Zhejiang Academy of Agricultural Sciences, Hangzhou 310021, China

Abstract: Larimichthys polyactis is an economically extremely promising marine fishery species. Visceral white-nodules disease (VWND) caused by Pseudomonas plecoglossicida is one of the most prevalent and devastating diseases, resulting in huge losses for L. polyactis aquaculture. However, genetic resistance mechanisms to VWND remain elusive in this species. This study combined genome-wide association study (GWAS) and transcriptome analysis to unravel resistance loci and transcriptional regulation in L. polyactis. A total of 946 infected fish genotyped by 100 K lipid chips to obtain SNP information were used to identify VWND resistance candidate genes through GWAS. Following VWND infection of 200 fish, RNA-seq of liver tissues was performed on the resistant group (RL), sensitive group (SL), and control group (CL). GWAS identified 22 suggestive significantly associated single-nucleotide polymorphisms, annotated 60 candidate genes. Moreover, comparative transcriptional analysis showed that most differentially expressed genes (DEGs) in the intersection of RL vs CL and RL vs SL were significantly enriched in the immune-related pathways; most DEGs in the intersection of SL vs CL and RL vs SL were significantly enriched in autophagy-related pathways. Then, the potential candidate genes from GWAS were combined with the DEGs from RNA-seq, thus identifying seven key genes (i.e., *ddit4l*, *fam199x*, *mtmr7*, *slc7a2*, *gpr137*, *lonrf3*, and *sting1*) associated with resistance to VWND. The integration of GWAS and transcriptome analysis indicated that the activation of the *sting1*-mediated cyclic GMP-AMP synthase-stimulator of interferon genes signaling pathway may play a crucial role in VWND resistance. These findings deepen the available knowledge on molecular mechanisms of host genetic resistance to VWND and provide an important foundation for the selection and breeding of VWND-resistant L. polyactis.

Keywords: Larimichthys polyactis, Visceral white-nodules disease, GWAS,

Transcriptome, *Sting1*

资助项目：国家自然科学基金（32102765）；浙江省重点研发计划项目（2021C02055）
*通讯作者，刘峰，男，博士，副研究员，主要从事海水鱼类育种
E-mail: lengfeng0210@126.com

Molecular and Functional Characterization of α Chain of Interleukin-15 Receptor (*IL-15Rα*) in Orange-Spotted Grouper (*Epinephelus coioides*) in Response to *Vibrio harveyi* Challenge

Zhang Yilin[1], Yishan Lu [1*], Zhiwen Wang [1*]

1 Guangdong Provincial Key Laboratory of Aquatic Animal Disease Control and Healthy Culture, Key Laboratory of Control for Diseases of Aquatic Economic Animals of Guangdong Higher Education Institutes, College of Fisheries, Guangdong Ocean University, Zhanjiang 524088

Abstract: Interleukin-15 (IL15) is a proinflammatory cytokine that could induce the production of inflammatory cytokines. In this study, the α chain of the IL15 receptor of *Epinephelus coioides* (Ec-IL15Rα), a natural regulator of IL15, was identified, and immune response functions of fish were determined and characterized. Ec-IL15Rα contains a 720 bp open reading frame that encodes 239 amino acids, including four typical conserved cysteine residues with a highly conserved sushi domain. Ec-IL15Rα is closely related to *Epinephelus lanceolatus* and is the most clustered with teleost. Subcellular localization studies showed that Ec-IL15Rα was situated in the cytoplasm and cell membrane. Ec-IL15Rα was detected in 11 tissues, with the highest expression in the liver and blood. Meanwhile, the Ec-IL15Rα transcriptional levels substantially increased in nine tissues after *Vibrio harveyi* infection. Ec-IL15Rα was significantly up-regulated in HKLs by ConA, PHA, LPS and poly I:C stimulation. In vitro analysis, the recombinant protein of rEc-IL15Rα stimulates HKL proliferation and *IL1R*, *IL6R*, *IL10*, and *IL16* expression. Challenge experiments revealed that IL15Rα protein showed an increase of 6.67–10% survival protection rate after *V. harveyi* infection. This study provides a better understanding of the immune protection of IL15Rα in vertebrate fish.

Keywords: *IL15Rα*; *Vibrio harveyi*; orange-spotted grouper; HKLs; protein function

---

资助项目：Project supported by Shenzhen Science and Technology Program (JCYJ20210324130014035) and Sustainable Development Project of Shenzhen Science and Technology Program (KCXFZ20211020165547010).

*通讯作者，鲁义善，教授，主要从事水生动物病害与防控；汪志文，讲师，主要从事水生动物病害与防控

E-mail: fishdis@163.com (Y.L.); wangzhiwen@gdou.edu.cn (Z.W.)

LncRNA SARL/miR-205-z/*SOCS3* 信号轴通过负调控虹鳟免疫应答促进 IHNV 复制

赵璐[1]，黄进强[1,*]，李永娟[1,2]，吴深基[1]

1. 甘肃农业大学动物科学技术学院，兰州 730070

2. 甘肃农业大学理学院，兰州 730070

摘要：虹鳟（*Oncorhynchus mykiss*）是重要的冷水性鱼类，在世界各地广泛养殖，而传染性造血器官坏死病毒（IHNV）的爆发严重危害了虹鳟养殖业的健康发展。LncRNA 作为一种新的基因调控因子参与了多种生物学过程，但其对虹鳟抗病毒免疫反应的调控机制少见报道。在本研究中，我们通过 RNA-seq、qRT-PCR 以及过表达和抑制试验，分析了虹鳟皮肤感染 IHNV 后 48 hpi 与对照组的 lncRNA 图谱、lncRNA/miRNA/基因的表达水平以及 lncRNA SARL/miR-205-z/*SOCS3* 轴的调控机制。RNA-seq 分析确定了 12 个上调和 4 个下调的 DE lncRNAs，并确定了 12 个免疫相关的 ceRNA 网络，其中靶基因主要富集在 Toll 样受体、RIG-I 样受体、NOD 样受体和 p53 信号通路中。时空表达模式分析显示，lncRNA SARL、miR-205-z 和 *SOCS3* 的表达变化在多个时间点都呈现出一种 ceRNA 调控关系。进一步的体外细胞实验表明，lncRNA SARL/miR-205-z/*SOCS3* 之间存在靶向调控关系，且 lncRNA SARL 通过海绵吸附 miR-205-z 调控 *SOCS3*，从而在虹鳟的抗病毒免疫反应中发挥负调控作用。此外，miR-205-z 是虹鳟肝细胞增殖的正向调节因子，而共转染 *SOCS3* 可以减弱这种作用。在体内实验中，沉默 miR-205-z 可以显著增加 *SOCS3* 的表达，并降低下游基因 *JAK2*、*STAT1* 及抗病毒基因 *MX1* 的表达。*SOCS3* 的过表达能显著提高 IHNV 的拷贝数从而促进病毒复制。本研究有助于从转录后水平了解虹鳟抗病毒免疫应答的调控机制，并为 lncRNA-miRNA-基因相互作用、虹鳟抗病育种及疾病靶向药物治疗提供新的见解。

关键词：虹鳟；IHNV；RNA-seq；LncRNA SARL/miR-205-z/*SOCS3*

资助项目：国家自然科学基金（32360915，32460917）；甘肃农业大学学科团队项目（GAU-XKTD-2022-23）；甘肃农业大学“优羲人才”基金项目（GAUFX-02Y08）。

*通讯作者：黄进强，男，博士，教授，博士生导师，主要从事水产动物遗传育种与鱼类免疫学的教学和科研工作，E-mail: huangjinq@163.com.

单细胞转录组鉴定侏儒蛤原始生殖细胞并筛选其发生的关键调控基因

郭晓琳[1], 刘芳[1], 位慧兰[1], 赵凤[1], 张志峰[1],秦贞奎[*1]

1. 海洋生物遗传学与育种教育部重点实验室，中国海洋大学，山东青岛 266071

摘要：原始生殖细胞（PGCs）是所有生殖细胞的前体，是有性生殖动物实现种族繁衍的基础，筛选和鉴定 PGCs 发生的调控基因，对解析贝类生殖腺发生及发育的调控机理具有重要意义。本研究以贝类模式生物侏儒蛤（*Mulinia lateralis*）为研究对象，构建了其 PGCs 形成关键时期胚胎（囊胚、原肠胚、担轮幼虫、D 形幼虫）的单细胞转录组文库，以 *vasa* 基因作为生殖细胞的分子标记，筛选获得侏儒蛤生殖细胞谱系，在无监督聚类下绘制单细胞图谱；通过细胞群特征基因及 PGCs marker 表达分析，获得两个潜在的 PGCs 细胞群，并进一步结合 *nanos1* 基因筛选到成熟的 PGCs；对 PGCs 与体细胞进行基因差异表达分析，筛选了 *nanos1*、*gata4*、*piwi1* 等 5 个候选关键基因，并借助原位杂交技术系统分析了这些基因在不通过发育时期的的空间表达分布；通过 RNAi 技术对 *nanos1* 及 *gata4* 表达进行敲降，其胚胎 PGCs 数量在第 8 天显著减少，在 40 天时幼贝性腺显著减小，表明这两个基因为侏儒蛤 PGCs 发育的关键调控基因。综上所述，本研究绘制了侏儒蛤胚胎单细胞转录组图谱，聚类到 PGCs 潜在细胞群，并筛选得到调控 PGCs 发育的关键基因，为软体动物 PGCs 的鉴定及分离提供了重要依据，为解析海洋无脊椎动物的生殖细胞起源提供新的数据。

关键词：原始生殖细胞，单细胞转录组，侏儒蛤，*nanos1*

资助项目：国家自然科学基金(32070516)

*通讯作者，秦贞奎，中国海洋大学副教授，主要研究海洋动物生殖发育的分子机制

E-mail：qinzk@ouc.edu.cn。

银鲳性别分化过程中幼年雌雄同体的发生及分子机制

李亚亚[1]，袁明哲[1]，胡佳宝[1]，王亚军[1*]

1. 宁波大学海洋学院

摘要：银鲳（*Pampus argenteus*）是海洋经济鱼类中市场价格较高的鱼类之一，具有性别大小二态性，雌鱼的生长速度快于雄鱼，但是该物种的性别分化过程尚未得到研究。组织学研究显示，在性别分化初期全部个体分化出卵母细胞，随后部分个体发生 PN 卵泡的凋亡过程，分化为精巢，出现罕见的幼年雌雄同体期。转录组分析揭示精巢中卵母细胞的凋亡受到凋亡信号的调控，卵巢和精巢分化相关基因同时高表达是出现幼年雌雄同体的原因之一。此外，我们发现性别大小二态性出现于性别分化之前，进一步证据表明，性别分化关键时期雌鱼的脂代谢显著高于雄鱼，说明银鲳的性别分化可能和机体代谢相关。之后我们用添加豆油和鱼油的饲料分别投喂银鲳，鱼油组的雌性比例及体重更高，说明银鲳的性别分化受到营养的调控。此外，性激素也参与了银鲳的性别分化，其中 11-KT 在精巢的分化中起着关键作用。总之，本研究详细阐述了银鲳的性别分化过程及分子机制，为表现出幼年雌雄同体过程鱼类的性别分化提供了新的见解。

关键词： 性别分化; 雌雄同体; 细胞凋亡; 脂质; 银鲳

资助项目：银鲳“国信-1 号”工船养殖技术研究与产业化开发（812306910；东海特色鱼规模化育苗与高效安全养殖技术研究(522403520)；东海银鲳优良性状筛选及新品系选(532100570)

*通讯作者，王亚军，教授，主要从事海水鱼分子育种与健康养殖

E-mail: wangyajun@nbu.edu.cn

The occurrence of juvenile hermaphroditism and its molecular mechanisms in the process of sex differentiation in silver pomfret

Yaya Li[1], Mingzhe Yuan[1], Jiabao Hu[1], Yajun Wang[1]

1. College of Marine Sciences, Ningbo University

Abstract: Silver pomfret (*Pampus argenteus*) is one of the high-value marine economic fish species, exhibiting sexual size dimorphism, with females growing faster than males. However, the sex differentiation process in this species has not been extensively studied. Histological analysis shows that during the early stages of sex differentiation, all individuals develop oocytes, followed by apoptosis of some individuals' PN follicles, leading to the formation of testes and a rare juvenile hermaphroditic stage. Transcriptomic analysis reveals that the apoptosis of oocytes in the testes is regulated by apoptotic signals, and the simultaneous high expression of genes related to ovarian and testicular differentiation is one reason for the occurrence of juvenile hermaphroditism. Furthermore, we found that sexual size dimorphism appears before sex differentiation, with evidence indicating that lipid metabolism in females is significantly higher than in males during the critical period of sex differentiation, suggesting that sex differentiation in silver pomfret may be related to metabolic processes. Subsequently, we fed silver pomfret with diets supplemented with soybean oil and fish oil, and the fish oil group exhibited higher female ratios and body weights, indicating that nutritional factors influence sex differentiation. Additionally, sex hormones play a role in sex differentiation, with 11-KT being crucial for testicular development. In summary, this study provides a detailed description of the sex differentiation process and molecular mechanisms in silver pomfret, offering new insights into sex differentiation in fish exhibiting juvenile hermaphroditism.

Keywords: sex differentiation; hermaphroditism; apoptosis; lipids; *Pampus argenteus*

Funding projects: Research and industrialization development of silver pomfret "Guoxin No. 1" engineering vessel cultivation technology (812306910); research on scaled seedling cultivation and efficient, safe farming technology for East China Sea specialty fish (522403520); selection of superior traits and new strain selection of silver pomfret in the East China Sea (532100570).

*Corresponding author: Wang Yajun, Professor, mainly engaged in molecular breeding and health farming of marine fish.

E-mail: wangyajun@nbu.edu.cn

Identification and functional analysis of *fruitless1* gene in the mud crab *Scylla paramamosain*

ZHANG Mengqian[1], MA Hongyu[1*]

1. Guangdong Provincial Key Laboratory of Marine Biotechnology, Shantou University, Shantou 515063, China

Abstract: The *fruitless* (*fru*) gene plays a crucial role in the sex determination pathway and courtship behavior in many Arthropods, including insects and crustaceans. This study identified two *fru1* isoforms (*Sp-fru1a* and *Sp-fru1b*) in the mud crab (*Scylla paramamosain*). Sequence analysis revealed that the deduced amino acid sequences of *Sp-fru1a* and *Sp-fru1b* exhibited highly conserved domains of Fru proteins, containing BTB domain and C2H2-ZnF domain. In addition, *Sp-fru1a* and *Sp-fru1b* were suggestively originated from the same single genomic locus by genomic sequence analysis. Specifically, *Spfru1* pre-mRNA was alternatively spliced for *Sp-fru1a* and *Sp-fru1b* to include mutually exclusive exon 1-3 and exon 4-5, respectively. Temporal and spatial expression analysis demonstrated that the sexually dimorphic expression of *Spfru1* in fully developed gonads. The gene *Sp-fru1a* showed significantly higher expression in female gonads, while *Sp-fru1b* displayed male-specific manner in gonads. Moreover, the expression level of *Sp-fru1a* showed an increasing trend from the unmated state to three days after mating in female crabs while the expression of *Sp-fru1b* in male crabs increased from the unmated state to the pre-mated state, followed by a subsequent decrease to levels comparable to that in the unmated state. Our results indicated that *Spfru1* may play a role in both sex-specific character development and courtship behavior. In addition, RNA interference treatment demonstrated that knockdown of *Sp-fru1a* gene resulted in incomplete and fragmented egg cells, while decreased expression of *Sp-fru1b* led to a reduction in spermatozoa within some the seminiferous tubules. Taken together, this study presents the characteristic and function of *fru* gene in crabs, offering foundational insights for future investigations into the mechanism of sex determination in crabs.

Key words: *Scylla paramamosain*; *fruitless*; sex determination; gonad development; RNA interference

---

*通讯作者：马洪雨,教授，主要从事海洋动物基因组与遗传育种研究，E-mail: mahy@stu.edu.cn

花鲈抗鲡诺卡氏菌性状的基因组选择育种与分子机制研究

董雅妮[1]，李昀[1*]

1. 中国海洋大学海水养殖教育重点实验室，山东青岛 266003；

摘要：花鲈（*Lateolabrax maculatus*）是我国重要的海产经济鱼类，其年产量位居我国水产养殖业前列。随着花鲈养殖业的迅速发展，集约化养殖模式使细菌性疾病频繁爆发，造成了严重的经济损失，成为制约花鲈养殖产业可持续发展的主要瓶颈。鲡诺卡氏菌（*N.seriolae*）是导致鱼类诺卡氏病的主要病原体，该病具有潜伏期和病程较长、感染率和死亡率较高等特点。传统的药物治疗不仅容易产生药物残留，还可能增加病原菌的耐药性，因此迫切需要开展花鲈抗鲡诺卡氏菌性状的选育。近年来，随着高通量测序的发展，基因组驱动的现代育种技术为解决花鲈抗病选育提供了新的思路。本研究利用基因组选择（GS）技术，通过分析全基因组的遗传标记来评估个体的抗病潜力，从而筛选出抗病性强的潜在育种个体。此外，本研究通过结合转录组分析和全基因组关联分析（GWAS），从全基因组水平筛选与抗鲡诺卡氏菌相关的关键候选基因，并利用分子免疫学手段对候选基因和相关信号通路进行功能的探究，深入探讨花鲈抗诺卡氏菌的遗传和分子机制，为花鲈的抗病育种提供理论基础和技术支持。

关键词：花鲈；鲡诺卡氏菌；基因组选择育种；分子调控机制

资助项目：国家自然科学基金（32072947）；国家重点研发计划（2022YFD2400503）

*通讯作者，李昀，中国海洋大学水产学院教授，博士生导师。主要从事水产经济鱼类的遗传育种相关研究。

E-mail: yunli0116@ouc.edu.cn

单环刺螠生长及五种抗逆性状的遗传参数估计

张伟[1]，马玉彬[1*]

1. 中国海洋大学，山东青岛 266003

摘要：单环刺螠（*Urechis unicinctus*）个体肥大，肉味鲜美，富含蛋白质、人体必需氨基酸和纤溶酶、多肽、糖胺聚糖等多种生物活性物质，具有极高的营养和药用价值，入选了农业农村部 2022 年十大特色水产种质资源，人工养殖产业化前景广阔。然而，养殖产业中的繁育亲本主要依赖天然捕捞，没有经过系统选育，缺乏优良性状稳定遗传品系，严重影响其产量和质量。开展单环刺螠育种具有重要的意义，而遗传参数评估为单环刺螠育种提供关键依据。本文利用秦皇岛海域野生单环刺螠群体，采用巢式交配设计构建了含有 7 个父系半同胞家系的 20 个母系全同胞家系，估计了其生长性状（体重、体长、体宽）以及胁迫耐受性状（高盐、低盐、氨态氮、亚硝酸态氮和碱度）的遗传参数。结果显示在 100 日龄和 200 日龄条件下，其生长性状遗传力估计范围分别为 0.24±0.08~0.42±0.12 和 0.40±0.11~0.72±0.16，遗传相关范围分别为 0.43±0.21~0.87±0.07 和 0.43±0.20~0.79±0.09。高盐和低盐耐受性状的遗传力分别为 0.73±0.22 和 0.16±0.06，耐盐性和体重之间的遗传相关分别为 0.39±0.16 和 0.89±0.05。氨态氮和亚硝酸态氮耐受性状的遗传力分别为 0.21±0.08 和 0.66±0.18，两种无机氮耐受性和体重之间的遗传相关系数分别为 0.80±0.08 和 0.02±0.30。碱度耐受性状的遗传力为 0.14±0.06，其与体重之间的遗传相关系数为 0.97±0.02。本研究结果表明单环刺螠的生长性状均属于高等遗传力且性状之间呈高度遗传正相关，其在五种胁迫条件下的耐受性状遗传力在三种层次下均有分布且胁迫耐受性状均与体重之间具有正相关关系，可通过生长性状进行间接选育。本研究为单环刺螠育种工作提供有价值的信息。

关键词：单环刺螠；生长性状；胁迫耐受性状；遗传参数；选择育种

资助项目：国家自然科学基金(32170373)；山东省优秀青年科学基金(ZR2020YQ20)

*通讯作者，马玉彬，副教授，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail: mayubin@ouc.edu.cn

Genetic mechanism analysis related to cold tolerance of red swamp crayfish, *Procambarus clarkii*

ZHANG Jihu, CHEN Hongju, JI Xiangshan, ZHAO Yan*

1. Shandong Provincial Key Laboratory of Animal Biotechnology and Disease Control and Prevention, Shandong Agricultural University, Taian 271000

2. Key Laboratory of Efficient Utilization of Non-grain Feed Resources (Co-construction by Ministry and Province) of Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Shandong Agricultural University, Taian 271000

Abstract: In China, the red swamp crayfish (*Procambarus clarkii*), a notorious invasive species, has become an important economic freshwater species. In order to compare the genetic diversity and population structure of crayfish from northern and southern China, we collected 60 crayfish individuals from 4 crayfish populations in northern China and 2 populations in southern China for sequencing using 2b-RAD technique. Additionally, the whole genome sequence information obtained by 2b-RAD of 90 individuals from 2 populations in northern China and 7 populations in southern China were downloaded from NCBI. After quality control, a total of 25,371 SNPs were detected. Based on these SNPs, high genetic diversity was observed in the 15 crayfish populations in China. The principal component analysis in combination with Admixture and Neighbor-Joining tree analysis showed that the crayfish fell into two clusters corresponding to geographical regions. The integrated analysis of whole genome (FST and association analysis of climatic variables) and transcriptome data showed that two genes (*CETN4* and *CPEB2*) might play important roles during crayfish resistance to cold environment. This study reveals the genetic differentiation of crayfish populations in northern and southern China and provides clues to the genetic mechanism related to cold adaptation.

Keywords: *Procambarus clarkii*; genetic structure; cold environment resistance

资助项目：国家重点研发计划（2022YFD2400703）；山东省重点研发计划（2021LZGC027，2021CXGC010806）；山东省农业良种工程（2019LZGC013，2019LZGC020）

*通讯作者，赵燕，女，博士，副教授，硕士生导师，主要从事水产动物遗传育种，Tel: 0086-13562809213，E-mail: yzhao@sdau.edu.cn

测鱼宝：一种智能标准化测量鱼类体型指标与 PIT 记录系统

冯苗胜[1,2], 江鹏鑫[1,2], 曾俊嘉[1,2], 王宇航[1,2], 徐鹏[1,2,*]

1. 厦门大学海洋与地球学院, 福建省海洋经济生物遗传育种重点实验室, 福建厦门 361102；

2. 厦门大学，海水养殖生物育种全国重点实验室，福建厦门 361102；

摘要：水产养殖是农业的重要组成部分，已成为世界各国重要的优质蛋白质来源和粮食安全的重要保障。然而，随着全球气候变化、不合理的养殖规范等导致多种重要水产养殖品种种质退化。因此，水产养殖动物经济性状（体型指标）的遗传改良一直是国家与养殖户关注的焦点。然而，改良育种技术最重要的工作之一是获得高通量精准的个体表型（如体型指标）。现有鱼类个体表型获取大都靠手工测量，一些自动采集系统仅关注鱼类的体长和体高等少量信息且只针对特定鱼类。射频识别（RFID）技术与被动整合雷达标（PIT）技术广泛应用于鱼类群体中的个体识别。目前，科研工作者想要追踪获取个体型指标的变化，需要人工扫描获取 PIT ID 信息和测量体型性状，接着数据录入电脑人工进行 PIT ID 信息与体型指标的关联，这显然要消耗大量的人力、物力且存在人为误差。因此，构建智能化、标准化鱼类体型性状和 PIT ID 信息采集与记录系统具有重要的意义。本研究正是基于此开展的。为实现对多种鱼类、多种体尺性状的自动采集，本研究收集并标注了大量图像，包括近 7000 张各种电子秤图像和 10000 多张具有 15 个关键点的多种鱼类图像，然后基于深度学习模型进行训练，最终本研究在电子秤读数检测方面达到了 99.2%的平均精度，在 434 张多种鱼类图片测试中，模型预测的全长、体长和体高与手工测量对应结果的皮尔森相关系数均超过 0.99。总之，本研究可以自动、快速、准确的实现对大黄鱼、加州鲈、桂花鲈、鲤鱼、巴浪鱼、黄翅鱼、罗非鱼、黄骨鱼、鲫鱼等鲤形目和鲈形目鱼类的 15 种体尺性状、体重信息、PIT ID 信息采集和记录。

关键词：深度学习，鱼类表型测量，智能标准化，个体识别

资助项目：国家杰出青年科学基金项目 (32225049); 福建省海洋经济政产学研用金及学科联盟（FOCAL2023-0205）; 中国博士后科学基金（320595）; 宁德产学研合作项目（2023C001, 2023C003）。

*通讯作者，徐鹏，男，博士，教授，博士生导师，主要从事鱼类基因组资源开发与遗传育种研究 E-mail：xupeng77@xmu.edu.cn

可变剪切和 WGCNA 联合分析发掘罗非鱼(*Oreochromis niloticus*)高温和低氧耐受关键基因

励翔[1,2]，周艳[1,2]，陈良标[1,2*]

1. 水产种质资源发掘与利用教育部重点实验室，上海 201306；

2. 海洋生物科学国际联合研究中心，上海 201306

摘要：尼罗罗非鱼是中国重要的经济养殖鱼类。然而，中国南方省份夏季的水温常超过 34°C，并持续数周，限制了罗非鱼养殖业的发展。为探究罗非鱼在高温和缺氧条件下的适应机制，本研究对 18 条在不同水温（28°C、32°C 和 36°C）下长期驯化，并经历急性缺氧胁迫的罗非鱼进行了可变剪切分析和加权基因共表达网络分析（WGCNA）。结果表明，受可变剪切调控的基因在高温和缺氧胁迫应答中发挥关键作用。同时，通过 WGCNA 筛选出四个与长期高温耐受和急性缺氧密切相关的基因模块。对这些模块进行的 KEGG 和 GO 富集分析揭示，氨基酸合成与代谢通路在罗非鱼适应高温环境过程中至关重要，而内质网蛋白质加工通路在急性缺氧胁迫下发挥重要作用。此外，我们发现 *Bag6*、*Ddx3x* 可能是罗非鱼耐高温驯化的关键候选基因。这些发现为罗非鱼在高温和低氧水环境中的适应机制提供了新的见解。

关键词：可变剪切；加权基因共表达网络；罗非鱼；热胁迫；缺氧胁迫

资助项目：国家重点研发计划(2022YFD2400801)；国家自然科学基金(32130109)

*通讯作者，陈良标，杰青，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail: lbchen@shou.edu.cn

Alternative splicing and weight gene co-expression network reveal genes associated with temperature tolerance and hypoxia stress in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*).

Xiang Li[1,2], Yan Zhou[1,2], Liangbiao Chen[1,2*]

1. Key Laboratory of Exploration and Utilization of Aquatic Genetic Resources, Ministry of Education, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China

2. International Research Center for Marine Biosciences, Ministry of Science and Technology, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China

Abstract: Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) is a commercially valuable aquaculture breed in China. However, summer water temperature in southern Chinese provinces often exceeds 34°C for extended periods, creating challenges for sustainable production. This study investigated the genetic response of 18 tilapia acclimated to three different long-term water temperatures (28°C, 32°C, and 36°C) and subsequently exposed to acute hypoxic stress. Through alternative splicing analysis and weighted gene co-expression network analysis (WGCNA), we found that genes regulated by alternative splicing play a crucial role in responses to both thermal and hypoxic stress. WGCNA further identified four gene modules significantly associated with long-term heat tolerance and acute hypoxia stress. KEGG and GO enrichment analyses of these modules revealed that amino acid synthesis and metabolic pathways are pivotal in supporting tilapia adaptation to high temperatures, while the endoplasmic reticulum protein processing pathway appears essential in acute hypoxic conditions. Additionally, Bag6 and Ddx3x emerged as potential key genes linked to tilapia's acclimation to heat resistance. These findings offer valuable insights into the genetic mechanisms underlying Nile tilapia's adaptation to high-temperature and low-oxygen environments.

Keywords: alternative splicing; WGCNA; Nile tilapia; heat stress; hypoxia stress

资助项目：国家重点研发计划(2022YFD2400801)；国家自然科学基金(32130109)
*通讯作者，陈良标，杰青，主要从事水产生物技术与遗传育种
E-mail: lbchen@shou.edu.cn

基于单细胞转录组图谱解析孔雀鱼受精前后卵巢基质细胞异质性

李键爽 [1]，齐鑫 [1*]

1. 中国海洋大学水产学院鱼类繁殖生理与种子工程实验室，山东青岛 266003

摘要：孔雀鱼（*Poecilia reticulata*）营卵胎生繁殖，通过体内受精，胚胎体内发育的方式，保障了胚胎的健康生长。其中，卵巢基质为胚胎的生长发育提供了良好的环境，并发挥着十分重要的作用。为了进一步探究受精前后卵巢基质的细胞异质性及变化，本研究构建了孔雀鱼受精前后卵巢基质单细胞图谱，共鉴定到14种细胞类型，细胞互作传出作用强度，由内皮细胞转变为上皮细胞。同时，免疫细胞调控卵巢基质中血管生成、粘附、免疫调节等过程，以维持内环境稳态。为了进一步解析受精后细胞类群变化及异质性，对细胞类群进行了亚群鉴定，结果表明受精后各细胞类群通过调控血管生成、免疫响应等过程以维持胚胎的生长发育。通过构建细胞分化轨迹，发现上皮细胞分化程度降低，并向血管发生与免疫响应两个方向发展。此外，随着内皮细胞的不断分化，功能由与神经系统相关，向免疫相关，再向血管相关功能逐渐转变。该研究为探索孔雀鱼受精后卵巢基质细胞类型特异性改变提供理论依据，为深入解析卵胎生鱼类妊娠期卵巢内细胞间调控机制奠定基础。

关键词: 单细胞图谱；卵巢基质；孔雀鱼；受精前后

资助项目： 国家自然科学基金(32470555)

*通讯作者，齐鑫，教授，主要从事鱼类生殖生物学与内分泌学相关研究

E-mail:qx@ouc.edu.cn

基于全基因组重测序的拟穴青蟹基因型填充准确性研究

陈培勋[1]，叶绍潘[1]，马洪雨[1*]

1. 汕头大学理学院，广东汕头 515063

摘要：全基因组重测序（WGS）数据在现代遗传育种中有着无法替代的优势和作用，全基因组重测序数据不仅能够提高全基因组关联分析（GWAS）的检验功效，而且还能提高全基因组预测（WGP）的准确性。但是对成千上万个体进行全基因组测序的成本依旧太高，难以实现。其中基因型填充是解决该难题的方法之一。本研究使用人工养殖的野生拟穴青蟹群体（275 只）的 WGS 数据作为参考群体数据，并根据 40K 液相 SNP 芯片的核心和所有 SNP 位点，分别生成目标群体的 40K 和 400K 芯片数据，使用 Beagle5 和 Minimac4 开展拟穴青蟹基因型填充策略研究。使用填充后的基因型与真实基因型之间的基因型一致性来衡量基因型填充准确性。具体结果如下：1）发现随着参考群规模的增大（50～200），Beagle5 和 Minimac4 的填充准确性也随之升高，其中 Beagle5 为 0.676～0.723，Minimac4 为 0.705～0.789；2）通过 3 种不同方式：40K 直接填充至重测序数据、400K 直接填充至重测序数据以及 40K 填充至 400K 再填充至重测序数据进行填充，发现 400K 直接填充所获得的填充准确性最高 (Beagle5 和 Minimac4 的填充准确性分别为 0.887 和 0.907)；40K 间接填充次之(Beagle5 和 Minimac4 的填充准确性分别为 0.797 和 0.889)；40K 直接填充最低（Beagle5 和 Minimac4 的填充准确性分别为 0.760 和 0.827）。总的来说，拟穴青蟹基因型填充获取全基因组序列数据是可行的，不过最优基因型填充策略需要进一步的系统研究。

关键词：拟穴青蟹；基因型填充；全基因组重测序；SNP 芯片

资助项目：广东省省级乡村振兴战略专项资金种业振兴项目（2022-SPY-00-014）；汕头大学科研启动经费项（No. NTF21023）

*通讯作者：马洪雨，男，博士，教授，博士生导师，主要从事海洋动物基因组与遗传育种学相关研究

E-mail: mahy@stu.edu.cn

Trace metal(loid)s contamination and their effects on lipid Composition in mud crab from Guangdong Province of China: A lipidomic approach

Waqas Waqas[1,2,3,], Yuan Ye[1,2,3], , Hongyu Ma[1,2,3,*]
[1]Guangdong Provincial Key Laboratory of Marine Biotechnology, Shantou University, Shantou 515063, China
[2] International Joint Research Center for the Development and Utilization of Important Mariculture Varieties Surrounding the South China Sea Region, Shantou University, Shantou 515063, China
[3] STU-UMT Joint Shellfish Research Laboratory, Shantou University, Shantou 515063, China

Abstract: Trace metal(loid)s contamination is a serious health and ecological issue, due to the non-degradable nature and bioaccumulation in aquatic organisms. In aquatic organisms trace metal(loid)s result in oxidative stress via reactive oxygen species (ROS) production. ROS in turn leads to lipid peroxidation (LPO) which is used endpoint biomarker in exposure studies. However, there is no study on the implication of metal(loid)s toxicity including (LPO) on the whole lipidome of crustaceans from contaminated locations. Therefore, for the first time we applied the lipidome analysis of mud crab (*Scylla paramamosain*) and reported the association between lipids groups and 12 trace metal(loid)s from three major rivers (near to sea) in Guangdong province. The result displayed significant differences between male and female crabs' metal(loid)s ($P < 0.05$) and lipidome profiles. Female crabs were more susceptible to metal(loid)s pollution than male crabs. The lipidome profile of mud crab showed dysregulation of membrane lipids namely glycerophospholipids GP (52.33%), sphingolipids (11.9%), and increased energy storage lipids such as triacylglycerols (24.35%). Among the glycerophospholipids (GP) identified in our study, Phosphatidylethanolamine (PE) constituted 7.49%, Phosphatidylcholines (PC) 7.7%, Phosphatidylserine (PS) 6.98%, and Phosphatidylglycerol (PG) 5.31%. Sphingolipids, particularly carnitines (4.43%) and ceramides (>2.26%), were also notably abundant.In contrast, saccharolipids, specifically monogalactosyldiacylglycerol (MGDG), were present in minimal amounts (0.07%). Interestingly, female crabs exhibited significantly higher levels of both lipids and trace metal(loid)s compared to male crabs. Among the trace metal(loid)s[14] analyzed, copper (Cu), iron (Fe), and zinc (Zn) were found in greater concentrations than other selected metal(loid)s. Notably, Cu, Fe, and lead (Pb) showed a significant positive correlation with all lipid groups. These findings suggest that female crabs may be more susceptible to environmental contamination in aquatic ecosystems. Additionally these manifestations could also point out mitochondrial malfunctioning and endocrine disturbances, and they are in line with the documented activation of oxidative damage pathways in different species that receive metal(loid)s. Considering this, it is challenging to precisely relate differences across rivers and the sex of the organism to metal(loid)s, an additional rigorous testing strategy is necessary for comprehension of biochemical pathways. The study we conducted indicates that lipidomics provides an efficient simple way of evaluating and tracking organisms in habitats polluted with metal(loid)s.

Keywords: Metal(loid)s, Mud crab, contamination, toxicity, lipidomics,

*Correspondence: Prof. Hongyu Ma (Email: mahy@stu.edu.cn)
Guangdong Provincial Key Laboratory of Marine Biotechnology
Shantou University,243 Daxue Road, Shantou 515063, China
Tel: +86-754-86503471

斑马鱼 *zpax4* 基因表达、定位分析及功能初探

刘璎慧 [1,2]，张俊杰 [1*]

3. 新疆农业大学生命科学学院，新疆极端环境生物生态适应与进化重点实验室，新疆，乌鲁木齐，830052

4. 新疆农业大学动物科学学院，新疆，乌鲁木齐，830052

摘要：硬骨鱼卵母细胞被一种称为卵膜的结构所包围，该结构主要由透明带（ZP）蛋白组成。ZP 基因家族在生殖、胚胎发育方面都具有重要的功能。本研究对斑马鱼（*Danio rerio*）*zpax4* 基因序列进行生信分析和基因表达、定位分析，并利用 CRISPR/Cas9 技术在斑马鱼中建立 *zpax4* 基因突变品系，通过繁殖能力分析、卵巢组织学比较分析、受精卵电镜切片分析等方面探究 *zpax4* 功能缺失对雌性斑马鱼生殖的影响；进一步对野生型和突变体卵巢组织进行了转录组分析，以期探讨影响斑马鱼 *zpax4* 生殖的分子机制。结果显示，斑马鱼 Zpax4 蛋白编码 833 个氨基酸，为酸性亲水性蛋白，编码蛋白 N 端有信号肽序列，靠近 C 端有 ZP 结构域，无跨膜区。多序列比对和进化树分析显示，斑马鱼 Zpax4 蛋白与其它 Zpax4 蛋白氨基酸序列相似性较高，功能结构域位置相对保守。实时荧光定量 PCR 结果显示，斑马鱼 *zpax4* 基因只在卵巢中极显著（$P<0.01$）表达，且 3 个月的表达量高于 6 个月。对斑马鱼 *zpax4* 基因进行定位分析，发现其位于卵母细胞的卵膜上。成功获得缺失 5 个碱基类型的斑马鱼 *zpax4* 基因敲除品系，对比野生型，敲除品系的繁殖能力和受精卵孵化率都出现了下滑，组织切片结果显示，敲除品系的卵巢发育情况较差；受精卵电镜结果显示，敲除品系卵膜变薄；转录组结果显示，与野生型相比，共出现 232 个差异基因，其中 114 个基因上调，118 个基因下调，总共获得 232 个差异基因，分析推测该基因在细胞生长、分化及激素分泌等多个通路上发挥作用。研究结果为进一步深入研究斑马鱼 *zpax4* 基因的生物学功能提供了一定的理论依据。

关键词： 斑马鱼；*zpax4* 基因；CRISPR/Cas9 技术；表型分析；转录组分析

资助项目：国家自然科学基金项目(32260915)；新疆自然科学基金项目(2022D01A66)

*通讯作者，张俊杰，博士，副教授，主要从事鱼类生物学，E-mail:zhangjuji@sian.cn

第一作者，刘璎慧，硕士，E-mail:1269957426@qq.com

半滑舌鳎 NPFF/NPFFR 系统鉴定、生殖生理功能及其作用机制研究

刘翰林[1,2,3]，李瑞雪[1,2,4]，陈华谱[3]，徐永江[1,2]，姜燕[1,2]，崔爱君[1,2]，王滨[1,2*]

1. 海水养殖生物育种与可持续产出全国重点实验室（中国水产科学研究院黄海水产研究所），青岛 266071

2. 青岛海洋科技中心海洋渔业科学与食物产出过程功能实验室，青岛 266237

3. 广东海洋大学水产学院，湛江 524000

4.中国海洋大学水产学院，青岛 266003

摘要：NPFF 是 RFamide 神经肽家族成员之一，于 1985 年从牛脑提取物内源性肽中分离得到的。前期研究证明 NPFF 参与哺乳动物生殖行为调控，但是其在鱼类生殖生理功能中作用知之甚少。本研究从半滑舌鳎中克隆了 *npff* 及其两个受体 *npffr2-1* 和 *npffr2-2* 基因。NPFF 多肽前体具有 22 个氨基酸的预测信号肽，并含有两种成熟的 RF 酰胺肽，即 NPFF 和 NPAF。组织分布结果表明，*npff*、*npffr2-1* 和 *npffr2-2* 都在脑和垂体中高表达，但在其他外周组织中的表达水平相对较低。腹腔注射 NPFF 和 NPAF 多肽能够不同影响半滑舌鳎脑、垂体和卵巢中生殖相关功能基因的表达。为了进一步探究其作用机制，构建了 pcDNA3.1-NPFFR2-1 和 pcDNA3.1-NPFFR2-2 质粒，通过双萤光素报告分析系统及药理学研究发现，NPFF 和 NPAF 均能够促进转染了 NPFFR2-1 和 NPFFR2-2 的 COS-7 细胞中 CRE-luc 与 SRE-luc 的活性，而对 NFAT-RE-luc 的活性没有显著影响。综上所述，NPFF/NPFFR 系统能够在脑-垂体-卵巢水平影响半滑舌鳎的生殖生理功能，并且 PKA 和 PKC 通路参与其中。

关键词: NPFF；NPFFR2-1；NPFFR2-2；腹腔注射；细胞转染

资助项目：国家自然科学基金 (32072949)

*通讯作者，王滨，副研究员，主要从事海水鱼类繁育理论与技术研究

E-mail: wangbin@ysfri.ac.cn

基于全基因组关联分析鉴定胡子鲇性别决定位点及其性别连锁分子标记的开发

陈宇[1]，林星桦[1]，周大颜[2]，张玉蕾[1]，江东能[1]，陈华谱[1]，邓思平[1]，朱春华[1]，李广丽[1]，田昌绪[1,*]

1. 广东海洋大学水产学院，广东省名特优鱼类生殖调控与繁育工程技术研究中心，广东省水产动物病害防控与健康养殖重点实验室，广东湛江 524088

2. 广西壮族自治区水产引育种中心，广西南宁 530001

摘要：胡子鲇（*Clarias fuscus*）是中国南方广泛养殖的重要经济鱼类，具有适应性强、肉质细嫩和营养价值高等特点。在生长过程中，胡子鲇表现出明显的性别二态性，雄性在生长速率和体型上具有显著优势。然而，缺乏基因组资源和性别特异性标记限制了其遗传改良和单性育种的进程。本研究结合 MGI、PacBio 和 Hi-C 等技术，成功构建了胡子鲇的高质量染色体参考基因组。基因组总长度为 982.84Mb，contig N50 为 36.16Mb，共包含 28 条染色体，覆盖了 99.6%的单倍型组装，注释了 24,849 个蛋白编码基因。进一步，通过对 24 个雌性和 24 个雄性胡子鲇的重测序与关联分析，鉴定了两个 SNP 和一个 indel，这些变异集中于 chr13 的 252 bp 区域，并与性别显著关联。验证实验表明，SNP2995 在性别判定中完全连锁，雌性为 CC 基因型，雄性为 CA 基因型，符合 XX/XY 性别决定系统。连锁不平衡分析显示，X 和 Y 染色体之间的性别决定区存在重组抑制现象。此外，我们开发了雄性特异分子标记，在雌性中仅检测到 403bp 条带，而雄性则显示 403bp 和 255bp 两个条带。综上所述，本研究成功构建了胡子鲇的高质量染色体级基因组，并在 chr13 上鉴定了唯一与性别相关的 SNP，证实了其雄性异配性别决定系统（XX/XY）。本研究提供的基因组资源和性别连锁分子标记，为未来的分子育种和功能基因组学研究奠定了坚实基础。

关键词：胡子鲇；基因组；全基因组重测序；关联分析；性别分子标记

资助项目：广东省自然科学基金 (2021A1515010733，2019A1515110619)；广东省普通高校特色创新类项目(2023KTSCX042)；广西壮族自治区农业科技自筹项目(Z2019123)。

*通讯作者，田昌绪，副教授，主要从事水产动物遗传育种与基因组学

E-mail:tiancx@gdou.edu.cn

基于比较基因组学鉴定拟穴青蟹性别决定区与性别决定重要候选基因

麦颖仪[1] 叶绍潘[1] 马洪雨[1*]

1. 汕头大学广东省海洋生物技术重点实验室，广东汕头，515063

摘要：拟穴青蟹（*Scylla paramamosain*）作为关键水产经济物种，因其肉质鲜美、适应性强及快速生长特性，在全球养殖中占据重要地位。拟穴青蟹的生长性状展现出明显的性别二态性，即性成熟后的雌性个体往往大于雄性个体，且经济价值高。因此，深入研究拟穴青蟹的性别决定与性别分化机制，对拟穴青蟹性别控制技术开发与应用具有重要意义。本研究基于 421 野生拟穴青蟹的全基因组重测序数据通过全基因组关联分析（GWAS）和全基因组选择信号分析开展拟穴青蟹性别决定区域的精确定位及重要候选基因的鉴定。具体结果如下：（1）通过主成分分析（PCA）与群体结构分析，揭示了 421 只拟穴青蟹的遗传结构特征，结果显示这些样本可被明确划分为两个群体；（2）GWAS 发现与性别紧密相关的单核苷酸多态性（SNP）位点主要分布在 6 号染色体的两个区域，同时，在 1、4、15、17、23、47 号染色体上也存在少量分布；（3）通过对雌雄拟穴青蟹进行选择信号分析（*Fst*），进一步证实了 GWAS 分析得出的 Chr6:1.0 - 21.1 Mb 和 35.4 -35.5 Mb 区域内存在遗传分化差异，经基因组注释获得了 157 个重要候选基因（*Sox4*、*TATDN1*、*SSH3*、*STEAP4*、*MCTP2*、*CADPS2* 等基因），其中 *Sox4* 基因与性别相关。总的来说，本研究成果将为拟穴青蟹的性别控制研究提供一定的理论和参考依据。

关键词；全基因组重测序；性别决定；拟穴青蟹

第一作者：麦颖仪，女，硕士研究生，E-mail: 23yymai@stu.edu.cn。

*通讯作者，马洪雨，男，博士，教授，博士生导师，主要从事海洋动物基因组与遗传育种学相关研究，E-mail: mahy@stu.edu.cn。

杂交河鲀（*Takifugu obscurus*♀×*Takifugu rubripes*♂）生长及性别性状关联分析

王超宇[1]，高原野[1]，石硕[1]，姚云龙[1]，王耀辉[2]，孙侦龙[2]，赵哲[1]，史燕[1*]

1. 河海大学海洋学院海洋生物系，南京 210098；

2. 中洋种业（江苏）有限公司，海安 226000；

摘要：河鲀（*Takifugu*）是我国典型的经济鱼类，因其肉质鲜美、营养价值丰富而广受消费者喜爱。暗纹东方鲀（*T. obscurus*）是长江中下游地区的重要养殖经济鱼类，被誉为“长江三鲜”之一，但养殖过程中存在生长速度慢、养殖周期长等问题。为了改良种质，本研究利用杂交技术获得暗纹东方鲀（♀）和红鳍东方鲀（*T. rubripes*）（♂）的杂交子代河鲀（*Hybrid puffer*），通过生长性状研究构建了杂交河鲀的生长模型，并结合简化基因组测序、选择清除和全基因组关联分析等技术筛选了杂交河鲀生长调控及性别分化的候选调控区域、候选基因及 SNPs。养殖生长特性分析表明杂交河鲀可淡水繁育养殖，其外型与暗纹东方鲀难以区分，但头部和躯干的可量性状特征差异显著。生长数据对比分析表明杂交河鲀的体重/体长（$W=aL^b$）生长模型呈匀速增长（b≈3.0），特定增重率为 2.06%±0.10%，显著高于暗纹东方鲀的 1.87%±0.08%（$p<0.05$）；杂交河鲀的 Von Bertalanffy 生长模型为 $W_t=489.29\times[1-e^{-0.195(t+0.2)}]^{3.072}$（$R^2>0.99$），生长拐点为 167 日龄。通过生长性状相关遗传分析在 22 条染色体上鉴定出 215,288 个高质量 SNPs，从中筛选出 12 个与多个生长性状关联的 SNPs，以及 13 个与生长调控关联的基因组区域，并鉴定出 *wnt2*、*wnt5b*、*rnf213*、*itgav*、*ighm*、*atp6v1b2*、*pld1*、*inhba* 等生长调控候选基因。通过性别相关遗传分析筛选出 154 个与雌雄性别显著关联的 SNPs，其中 151 个（98.05%）位于 19 号染色体，从中鉴定出 *amhr2*、*gnrh2*、*nbl1*、*tgif1*、*stat2*、*cyp27b1*、*bmp7* 等性别分化关联候选基因。根据群体遗传分化系数推测出 6,860,001-6,920,000Mb 和 11,610,001-11,700,001Mb 两个性别分化关联候选区域，初步推测 19 号染色体的候选基因对杂交河鲀的性别分化具有重要调控作用，并基于性别连锁 SNP 构建了杂交河鲀遗传性别检测方法。本研究结果为深入探究杂交河鲀生长调控和性别分化分子机制奠定了基础，对河鲀的种质改良遗传机制研究和育种事业的发展具有重要意义。

关键词：杂交河鲀；生长模型；性别调控；基因；单核苷酸多态性

资助项目：江苏省种业振兴揭榜挂帅项目（JBGS [2021] 133）；国家重点研发计划（2018YFD0900200）；

*通讯作者，史燕，副教授，主要从事水产生物技术与遗传育种；E-mail: yshi@hhu.edu.cn

金钱鱼响应急性碱胁迫的生理反应及其分子适应机制探究

杨磊，韩彤，段存煜，陈宇，孔令维，施钢，朱春华，田昌绪*，李广丽*

广东海洋大学水产学院，广东省名特优鱼类生殖调控与繁育工程技术研究中心，广东省水产动物病害防控与健康养殖重点实验室，广东湛江，524088

摘要:金钱鱼（*Scatophagus argus*）作为一种典型的广盐性鱼类，具有较强的渗透压调节能力，是适合在盐碱水域大规模养殖的潜力物种。研究金钱鱼的碱性适应机制对于推动更多广盐性鱼类在盐碱水环境中的养殖具有重要意义。本研究将金钱鱼暴露于碱度为 30 mmol/L 的胁迫环境中，进行不同时间（0h、12h、24h、48h、72h、96h）的碱性胁迫处理，结合组织病理学、生化分析和转录组学方法，评估碱胁迫对金钱鱼鳃和肾脏组织的影响。组织学结果表明，金钱鱼鳃组织在不同时间点表现出不同程度的损伤，且长期碱胁迫导致泌氯细胞数量显著增加，鳃小片出现弯曲、排列不整以及基部肿胀膨大。随着胁迫时间的延长，金钱鱼肾脏组织的细胞核明显增大，细胞排列紊乱，间隙逐渐增大，部分细胞出现空泡变性，并伴有炎症浸润。生化分析结果显示，急性碱胁迫破坏了氧化还原平衡，导致肾脏和鳃组织中超氧化物歧化酶（SOD）和过氧化氢酶（CAT）活性下降，并在 96 小时时达到最低值；同时，谷胱甘肽过氧化物酶（GSH-Px）、酸性磷酸酶（ACP）、碱性磷酸酶（ALP）活性及丙二醛（MDA）浓度随着碱胁迫时间的延长逐步升高。转录组分析结果表明，急性碱胁迫显著改变了基因表达。鳃组织共鉴定出 513 个差异表达基因（DEGs），其中 292 个基因上调，221 个基因下调；肾脏组织共鉴定出 247 个 DEGs，其中 109 个基因上调，138 个基因下调。DEGs 的富集分析发现，鳃组织中药物代谢—细胞色素 P450 及其他药物代谢酶通路显著富集，此外，花生四烯酸代谢及精氨酸和脯氨酸代谢在金钱鱼适应碱胁迫过程中发挥了重要作用。肾脏中则富集了与免疫代谢相关的通路。综上所述，本研究表明急性碱胁迫对金钱鱼鳃和肾脏组织造成了损伤，诱导了氧化应激，并通过调节与免疫和代谢相关的基因表达及酶活性来应对碱性应激。本研究有助于进一步解析金钱鱼耐碱性的分子机制，为其在盐碱水环境中的养殖提供科学依据。

关键词：碱胁迫，金钱鱼，组织学，生化指标，转录组

资助项目：国家自然科学基金(32473155、32201420 和 32002367)；广东省普通高校特色创新类项目(2023KTSCX042)；湛江市科技计划项目(2022A01046)；农业农村部南海渔业资源开发利用重点实验室开放基金课题（FREU2024-05）。

*通讯作者，田昌绪，副教授，主要从事水产动物遗传育种与基因组学；李广丽，教授，主要从事水产经济动物繁殖生理与性别调控。E-mail: tiancx@gdou.edu.cn（田昌绪）；ligl@gdou.edu.cn（李广丽）。

Effect of temperature on steroidogenic gene expression during early gonadal differentiation in obscure puffer (*Takifugu obscurus*)

WANG Mengmeng[1], WANG Chaoyu[1], WANG Yifan[1], ZHAO Zhe[1], SHI Yan[1,*]

1. Jiangsu Province Engineering Research Center for Marine Bio-Resources Sustainable Utilization, College of Oceanography, Hohai University, Nanjing 210098, China.

Abstract: High or low temperature treatments are considered to influence gonadal development and sex differentiation in teleost fish, however, the mechanisms by which they affect these processes in obscure puffer (Takifugu obscurus) remain largely unknown. In this study, high-temperature (33℃) and low-temperature (15℃) treatments were applied to obscure puffer at 45 days post-hatching (dph). Gonadal status were compared between temperature-treated groups and a normal-temperature control group. The expression of genes involved in steroid hormone biosynthesis and sex differentiation were examined following temperature treatment. Histological observation of gonads revealed that low temperature inhibited ovarian development, while high temperature promoted it. Nevertheless, no significant impact of temperature on male gonadal development was observed. Under low-temperature treatment, the expression of genes in steroidogenic pathway, such as 3β-hsd, 17β-hsd1, 17β-hsd3, and 17β-hsd12a, was dramatically downregulated in female individuals after 30 and 45 days of treatment compare to the control group. In high-temperature treatment, genes like cyp17a1, 17β-hsd1, 17β-hsd3, and 17β-hsd8 were upregulated in females, whereas no notable changes were found in males. Additionally, the expression of female-associated genes was dropped over time under normal temperature, but it showed an initial increase followed by a decrease under low temperature. However, temperature treatment had minimal effect on the expression of male-associated genes. Overall, our data suggest that low temperature inhibit ovarian development and the expression of genes in steroidogenic pathway, while male individuals show limited sensitivity to temperature variations.

Keywords: *Takifugu obscurus*; temperature treatment; sex differentiation; gonadal development; steroidogenic genes

---

资助项目：江苏省种业振兴揭榜挂帅项目（JBGS [2021] 133）；国家重点研发计划（2018YFD0900200）

*通讯作者，史燕，副教授，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail：yshi@hhu.edu.cn

长期高温驯化下胡子鲇生理适应性与耐热性分子机制探究

段存煜，杨磊，陈宇，李晓龙，邓思平，陈华谱，朱春华，李广丽*，田昌绪*
广东海洋大学水产学院，广东省名特优鱼类生殖调控与繁育工程技术研究中心，广东省水产动物病害防控与健康养殖重点实验室，广东湛江 524088

摘要：气候变暖导致的水温升高对水生生态系统产生了显著影响。鱼类作为重要的水生物种，通常通过生理可塑性维持其正常生理功能。然而，当温度波动超过其耐受范围时，即使是像鲇形目这类抗逆性较强的物种，也会受到显著影响。本研究旨在探讨长期高温驯化下胡子鲇（*Clarias fuscus*）的生理适应性及其耐热机制。实验中，胡子鲇分别在常温（26℃，NT 组）和高温（34℃，HT 组）条件下养殖 90 天，并随后进行常温暂养、高温胁迫及温度恢复处理。通过检测急性高温胁迫前后及温度恢复后的肝脏和鳃的组织学、生化指标和转录组学特征，评估其生理反应。组织学分析发现，高温养殖 90 天后的胡子鲇肝脏组织出现了损伤现象，而鳃组织则发生了适应性重构。在 72 小时的急性高温处理后，NT 组的肝脏和鳃组织比 HT 组表现出更严重的热应激损伤，并且在恢复过程中恢复能力较差。生化分析结果表明，90 天的高温驯化改变了胡子鲇的免疫及氧化平衡。HT 组胡子鲇血清中碱性磷酸酶（ALP）和谷丙转氨酶（ALT）水平，以及肝脏和鳃中的过氧化氢酶（CAT）、超氧化物歧化酶（SOD）和谷胱甘肽过氧化物酶（GPX）活性，在各温度处理阶段均高于 NT 组，且丙二醛（MDA）含量较低。此外，急性热应激反应中，NT 组胡子鲇肝功能紊乱，未能产生足够的总胆红素（T-BIL），而 HT 组的天冬氨酸氨基转移酶（AST）活性则更易受影响。转录组分析结果显示，高温驯化引起了基因表达的显著变化。在急性高温胁迫下，NT 组肝脏和鳃中的差异表达基因（DEGs）数量显著高于 HT 组。对两组 DEGs 进行富集分析，发现肝脏中与蛋白质质控及脂质代谢相关的通路表现出显著差异，而鳃中则富集了免疫代谢和糖代谢相关通路。这些结果表明，高温驯化不仅引起了组织损伤，还促使胡子鲇在适应高温过程中调整了组织结构、免疫和氧化平衡、酶活性敏感性以及急性热应激的响应途径和强度。本研究为理解鱼类对温度变化的适应机制及未来水产养殖策略提供了理论依据。

关键词：高温驯化；急性热应激；组织病理学；氧化平衡；转录组学

资助项目：广东省自然科学基金 (2021A1515010733，2019A1515110619)，广东省普通高校特色创新类项目(2023KTSCX042)。

*通讯作者：田昌绪，副教授，主要从事水产动物遗传育种与基因组学；李广丽，教授，主要从事水产经济动物繁殖生理与性别调控。

E-mail: tiancx@gdou.edu.cn（田昌绪）；ligl@gdou.edu.cn（李广丽）

流速对草鱼卵巢发育的影响

舒婷婷[1,2]，杨菁[1,2]，俞兆曦[1,2]，肖衎[1,2]，黄红涛[1,2]，姜伟[1,2,*]，贾景怡[3]，殷战[3]

1. 中国长江三峡集团有限公司中华鲟研究所，湖北宜昌 443199；
2. 三峡工程鱼类资源保护湖北省重点实验室，湖北宜昌 443199；
3. 中国科学院水生生物研究所，湖北武汉 430070.

摘要：水利工程的生态运行对渔业资源的保护至关重要。流速会影响产漂流性卵鱼类的繁殖生态。探索流速对草鱼卵巢发育的影响，对于了解自然繁殖对生态水流的响应至关重要。本研究中，我们对流速刺激后的草鱼进行了组织学分析、生化分析，并检测了草鱼下丘脑-垂体-性腺轴中关键基因的转录情况。虽然流速刺激对草鱼卵巢发育特征无明显影响，但雌二醇和孕酮水平明显升高。*cyp17a1*、*cyp19a1a*、*hsd17b1* 的基因表达水平受到显著调控。此外，适当的流速刺激可以通过提高抗氧化酶的活性来改善机体健康状况。研究结果为水电工程生态运行和河流生态恢复提供了基础知识和数据支持。

关键词：草鱼；流速；卵巢；性激素；氧化应激

资助项目：国家重点研发计划项目(2022YFC3204200)；湖北省自然科学基金(2022CFB738，2024AFA036)

*通讯作者，姜伟，正高级工程师，主要从事长江流域生态调度、流域水生生态系统保护及修复等研究 E-mail:jiang_wei6@ctg.com.cn

长期高温胁迫对菲律宾蛤仔莱州群体代谢及分子机制的研究

吴思润[1,2]，贾建鑫[1,2],郭建宝[1,2],魏仁杰[1,2],向雪建[1]，刘洋[1,2*]

1.大连海洋大学水产与生命学院，大连 116023；

2.辽宁省贝类良种繁育工程技术研究中心，大连 116023

摘要：为了探究菲律宾蛤仔在不同温度梯度胁迫下的分子机制，本研究首先通过长期高温养殖实验测定菲律宾蛤仔的存活情况和能量代谢基本数据，随后选取了经历长期高温胁迫的菲律宾蛤仔鳃组织为样本，运用转录组测序技术，通过差异基因分析、基因集富集分析、WGCNA 共表达网络构建、Mufzz 时序性分析等多种方法对菲律宾蛤仔应对长期高温胁迫的机制进行了初步讨论，主要研究结果如下：

在蛤仔经历 28℃、30℃、32℃长期高温胁迫后，三个组别死亡率分别为 20%，40%，70%，对照组 18℃蛤仔未出现死亡个体。实验结果表明长期高温环境使蛤仔死亡率升高，并对其鳃组织结构造成损伤，免疫能力下降。细胞内代谢紊乱和组织损伤可能长期高温胁迫下是蛤仔死亡的主要原因。菲律宾蛤仔在经历 28℃、30℃长期高温胁迫后耗氧率仍然呈升高趋势，且存在显著差异，排氨率和氧氮比也随胁迫时间延长增高。在对其分子机制进行探究时，本研究通过转录组测序测定 28℃和 30℃下鳃组织升温前、急性高温胁迫后、长期高温胁迫后、复温后四个时间节点的基因表达变化，富集结果表明，在长期高温胁迫下，鳃组织可能通过抑制与免疫调节相关基因的表达减少耗能反应。而为了探索急性高温胁迫和长期高温胁迫的区别，本研究对其结果进行了整合分析，选取了 HSP 家族的 HSP70 基因表达量做了热图，对比两种胁迫模式，HSP 家族成员在急性高温胁迫条件下均显著上调且反应迅速，长期高温胁迫差异表达倍数降低。说明不同高温胁迫方式存在差异，机体应对高温机制是变动的。本研究以长期高温胁迫 35 天的菲律宾蛤仔鳃组织共 29 份转录组测序数据为基础，利用基因表达量和不同时间节点数据，通过 WGCNA 的方法，筛选了 27 个共表达模块，选取相关性高于 0.5 的四个模块，并对其进行了 KEGG 富集分析，结果显示高温对蛤仔脂质代谢和机体屏障、信号转导和遗传信息处理相关途径产生了影响。

关键词：菲律宾蛤仔、高温、鳃组织、呼吸代谢、转录组

* 通讯作者：刘洋，副教授，主要从事水产生物技术与遗传育种
liuyang@dlou.edu.cn.

SREBP1/SCD/MUFA 信号轴介导的脂质重塑在拟穴青蟹响应低温胁迫中的作用机制研究

陈咏仪[15,2]，袁野[1,2]*，马洪雨[1,2]

1. 海洋生物技术与遗传育种实验室，汕头大学，汕头，515063；
2. 环南海地区重要海水养殖品种开发利用国际联合研究中心，汕头大学，汕头，515063

摘要：不饱和脂肪酸的含量与去饱和酶基因的表达水平密切相关，SCD（硬脂酰辅酶 A 去饱和酶）是定位于内质网上的一种跨膜整合蛋白，是不饱和脂肪酸从头合成的关键限速酶，而脂肪酸从头合成是脂质重塑以及改变体内组织脂肪酸分布的一个重要途径。结果表明：SCD 基因的表达具有组织特异性，其在脑神经节、胸神经节和肝胰腺中的表达量显著高于其他组织；通过酵母外源表达系统结合互补实验，在油酸缺陷型酵母中导入拟穴青蟹 SCD 基因，探明了拟穴青蟹 SCD 具有去饱和硬脂酸为油酸的功能；接着采用肝胰腺离体组织培养及RNAi技术对SCD基因进行敲降，干扰24 h后，其基因表达水平显著降低（降低91.1%），离体肝胰腺组织中的油酸含量也显著降低；之后通过启动子截断结合双荧光素梅报告系统确定了 SCD 的核心启动子区，发现 SREBP1 能显著激活 SCD 的启动活性；然后构建了拟穴青蟹低温胁迫模型，在体实验的结果表明低温胁迫会诱导拟穴青蟹 SCD 基因高表达（升高 5.6 倍），低温组（15℃）青蟹肝胰腺、鳃、附肢肉及体肉中的 UFA 含量及 UFA/SFA 比值均显著高于常温组（25℃）；最后通过非靶脂质组学技术发现低温会显著上调肝胰腺磷脂酰胆碱 PC 和磷脂酰乙醇胺 PE 的含量，PC 和 PE 的 sn-2 位置上的不饱和脂肪酸含量显著上升。综上所述，拟穴青蟹可能通过上调关键转录因子 SREBP1 的表达水平，进而上调 SCD 基因的表达水平，增加机体组织中 MUFA 的含量，提高 UFA/SFA 比值，且还能进一步提升 PC 和 PE 等极性脂质分子的含量以及 sn-2 位置上的 UFA 含量，提高能量代谢水平，维持低温胁迫条件下的能量稳态，以抵御低温胁迫带来的不良影响。本项目将有助于我们深入理解甲壳动物响应低温胁迫的分子调控机制，为探寻提升甲壳动物低温适应性的调控靶点及方法提供参考。

关键词：拟穴青蟹，低温胁迫，SREBP1/SCD/MUFA 信号轴，转录调控，脂质重塑

资助项目：国家自然科学基金（42306125）；广东省自然科学基金（2022A1515110488）；汕头大学科研启动经费项目（NTF21050）

第一作者，陈咏仪，硕士研究生，从事青蟹 LC-PUFA 合成调控机制相关研究　E-mail：20yychen@stu.edu.cn

*通讯作者，袁野，讲师，硕士生导师，主要从事甲壳动物脂质营养学研究　E-mail：yeyuan@stu.edu.cn

Hemocyanin restricts *Vibrio parahaemolyticus* infection via phenylalanine-tyrosine metabolism in *Penaeus vannamei*

Yonghui Kong[1#], Zhuoyan Liu[1#], Yunyu Shi[1], Jiawei Cheng[1], Xianliang Zhao[1], Zhihong Zheng[1], Jude Juventus Aweya[1]*, and Yueling Zhang[1]*

1. Guangdong Provincial Key Laboratory of Marine Biotechnology, Institute of Marine Sciences, Shantou University, Shantou 515063, China

Abstract: Acute hepatopancreatic necrosis disease (AHPND) is the principal cause of major losses in the penaeid shrimp farm. Our recent research has revealed a low expression of hepatopancreas hemocyanin in *Penaeus vannamei* (*Pv*HMC) suffering from acute hepatopancreas necrosis disease in farm-raised specimens. In this study, the utilization of RNA interference (RNAi)-mediated knockdown of *Pv*HMC, we observed a significant decrease in hemocyanin expression level, resulting in a consequential down-regulation in phenylalanine and tyrosine content. Pathway analysis indicated that phenylalanine and tyrosine biosynthesis may be a potential pathway following *Pv*HMC knockdown. Furthermore, qPCR and LC-MS techniques were used to analyze the expression of related metabolic enzymes, L-dopa content and phenoloxidase (PO) activity in the phenylalanine-tyrosine metabolic pathway. For *Pv*HMC knockdown, the transcript levels of key enzymes in the phenylalanine-tyrosine metabolic, including *Pv*PAH, *Pv*TH, *Pv*TYR and *Pv*proPO were significantly increased, and the content of L-dopa and PO activity were also increased. Consistent with our expectations, exogenous phenylalanine and tyrosine down-regulated the expression of four key genes and PO activity. Similarly, after treatment with phenylalanine hydroxylase inhibitor 4-Chloro-DL-phenylalanine (PCPA) or tyrosine hydroxylase inhibitor 3-Iodo-L-tyrosine (3-IT) following *Pv*HMC knockdown, the content of phenylalanine or tyrosine were increased, but the expression of *Pv*PAH or *Pv*TH, the content of L-dopa and PO activity were significantly decreased. These results indicate that *Pv*HMC regulates phenoloxidase activity through phenylalanine-tyrosine metabolism. Moreover, by combining *Pv*HMC knockdown and *Vibrio parahaemolyticus* challenge, it was demonstrated that downregulation of *Pv*HMC limits the phenylalanine-tyrosine metabolic, thereby activating PO activity and enhancing the host's immune resistance to pathogen infection. This research provides new insights into the metabolic regulation function of *Pv*HMC during acute hepatopancreas necrosis disease.

Keywords: *Penaeus vannamei*, Hemocyanin, Phenylalanine-tyrosine metabolism, Phenoloxidase activity

---

资助项目：国家自然基金面上项目（No. 32073008）；国家自然科学基金区域创新发展联合基金项目（No. U22A20536）

*通讯作者，章跃陵，博士，教授，主要从事海洋生物分子免疫学与蛋白质组学；水产动物免疫与病害学，E-mail：zhangyl@stu.edu.cn

Study on the molecular mechanism of SREBP1 regulate the gene expression of Elovl6 to participate in the LC-PUFA biosynthesis in *Scylla paramamosain*

ZHANG Jiajia, YUAN Ye, MA Hongyu*

Guangdong Provincial Key Laboratory of Marine Biotechnology, Shantou University, Shantou 515063, China

Abstract: Elovl6 is one of the important members of the long-chain fatty acid elongase family, serves as an important rate-limiting enzyme for long-chain fatty acid synthesis reaction and one of the key regulatory genes involved in fatty acid metabolism in animal organisms. The previous study found that the Elovl6 gene of *Scylla paramamosain* not only has the ability to elongate SFA and MUFA, but also has the elongation activity of C_{18} PUFA substrate, which can be involved in the endogenous synthesis of LC-PUFA in mud crab. In order to investigate the transcriptional regulation mechanism of LC-PUFA synthesis, the core promoter region of the Elovl6 gene was firstly determined to be -267 ~ +167 bp by promoter truncation combined with a dual luciferase reporter system. Two transcription binding sites (-172/-161 bp and +41/+52 bp) in the core promoter region that bind to the key transcription factor SREBP1 was then predicted by bioinformatics software. After co-transfection of SREBP1 expression plasmid and promoter reporter plasmid into *Drosophila* S2 cells, it was found that SREBP1 positively regulated the promoter region of the Elovl6 gene. After that, we constructed a transcription binding site deletion mutant reporter vector and co-transfected wild type and mutant with pAC-SREBP1-V5/His or pAC-V5/His (control), respectively, and found that SREBP1 positively regulates Elovl6 gene expression by binding to the AGTCAGGTGTC (-172 ~ -161 bp) and CGTCAGCTGCC (+41 ~ +52 bp). The above results reveal the molecular mechanism by which SREBP1 regulates Elovl6 gene expression and participates in LC-PUFA biosynthesis in the mud crab. The present study is of broad scientific significance in elucidating the mechanism of LC-PUFA synthesis in crustaceans, which not only helps to explore the regulatory targets for improving endogenous LC-PUFA synthesis in mud crab, but also has important theoretical significance and application value in achieving the precise nutrition of mud crab.

Key words: *Scylla paramamosain*, LC-PUFA biosynthesis, SREBP1, Elovl6, Transcriptional regulation

---

资助项目：国家自然科学基金（42306125）、广东省自然科学基金（2022A1515110488）、汕头大学科研启动经费项目（NTF21050）
*通讯作者，马洪雨，教授，主要从事海洋生物技术与遗传育种
E-mail： mahy@stu.edu.cn

Whole-genome resequencing provides insights into the genetic diversity and runs of homozygosity for mud crab (*Scylla paramamosain*)

ZHOU Xiyi[1], YE Shaopan[1], MA Hongyu[1*]

1. Guangdong Provincial Key Laboratory of Marine Biotechnology, Shantou University, Shantou 515063, China

Abstract: Mud crab (*Scylla paramamosain*) is one of the most important economic aquaculture crustacean species in southeast Asia, especially in China. However, the catches of wild mud crabs declined sharply, because of overfishing and environmental pollution. Therefore, it is necessary to understand and update the genetic resource of mud crabs in time, which would provide appropriate guidelines for resource management and breeding programs. To understand the genetic diversity, population genetic structure, and runs of homozygosity (ROHs) of mud crab in southeast coast of China, a total of 146 mud crabs were collected from four coastal areas of southeast China for whole genome resequencing and 16,452,508 high-quality SNPs were obtained. Results showed that the heterozygosity of the mud crabs in different areas varied from 0.248 to 0.257, while the nucleotide diversity (π) ranged from 0.00157 to 0.00160. In addition, no significant genetic differentiation was found among the mud crabs from different areas through PCA, population structure and phylogenetic tree analysis. Besides, totally 47,142 ROHs were identified in 146 individuals, and over 60% of the ROHs had a length less than 0.1 Mb, and the average genomic inbreeding coefficient (F_{ROH}) was 2.93%, indicating a high level of genetic diversity. After the genome annotation of high-frequency SNPs (more than 50%) in ROHs, a total of 29 candidate genes were identified, which included two growth-related genes (*IARS* gene and *UNC79* gene) in chromosome 15. Overall, our results will provide useful knowledge to understand the genetic resource of mud crabs in southeast coast of China, and thus to improve the protection and utilization of germplasm resources in mud crabs.

Key words: whole genome resequencing; mud crabs; population structure; genetic diversity

---

资助项目：广东省省级乡村振兴战略专项资金种业振兴项目（2022-SPY-00-014）；汕头大学科研启动经费项（No. NTF21023）

第一作者：周浠仪，女，在校研究生，E-mail: 22xyzhou@stu.edu.cn

*通讯作者：马洪雨，男，博士，教授，博士生导师，主要从事海洋动物基因组与遗传育种学相关研究，E-mail: mahy@stu.edu.cn

Genome-wide QTL mapping and RNA-seq reveal genetic mechanisms behind discrepant growth traits in Pacific whiteleg shrimp, *Litopenaeus vannamei*

Bo Ma[1,2], Yang Liu[1,2], Xin Zhang[1,2], Peng Luo[1]*

1. South China Sea Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou, PR China

2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing, PR China

Abstract: *Litopenaeus vannamei* is an economically valuable shrimp species and growth-related traits are economically important traits in aquatic animals. We constructed a high-density genetic linkage map of L. vannamei. A total of 10,959 markers were used in the neutral genetic linkage map, with a total length of 5,246.22 cM and an average distance of 0.48 cM. Based on the genetic linkage map, we performed genome-wide QTL localization for 3 growth-related phenotypes, body weight (BW), body length (BL), and cephalothoracic armour length (CAL). Identified 9 QTLs related to growth traits located on 5 LGs in *L. vannamei*, explained 5.51%-9.65% of the phenotypic variance (PVE). In addition, RNA-seq was used to obtain 456 differentially expressed genes (DEGs) between the large group (LV-L) and small groups (LV-S). Combined the results of QTL and RNA-seq, 4 prominent candidate genes associated with growth traits were identified: *EnCht* (coding Endochitinase), *NAGase* (Beta-N-acetylaminoglucosidase), *Agrn* (Agrin), and *Fmo* (Flavin-containing monooxygenases). These genes play important roles in physiological activities of shrimps such as molting, muscle development, and immune stress. Our results provide deep insights into the molecular mechanisms behind the regulation of growth trait and the different growth performance in *L. vannamei* and further facilitate the marker-assisted selection (MAS) in the genetic breeding of the shrimp.

Keywords: *Litopenaeus vannamei*; genetic linkage map; SLAF-seq; QTL mapping; RNA-seq.

资助项目：国家重点研发计划(2023YFD2401701)；省乡村振兴战略专项资金种业振兴项目(2022-SPY-00-001)；广东省现代海洋牧业候选品种选育技术研究(2024-MRB-00-001).

*通讯作者，罗鹏，研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种. E-mail: luopeng@scsio.ac.cn

Transposable elements in crustaceans: diversity and genomic impact

Xiangjian Zeng[1,2,3], Wenqi Zhao[1,2,3], Yue Dong[1,2,3], Xiaowen Chen[1,2,3], Jun Wang[1,2,3], Chenghui Wang[1,2,3*]

1.Key Laboratory of Freshwater Aquatic Genetic Resources, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Shanghai Ocean University

2.National Demonstration Centre for Experimental fisheries Science Education, Shanghai Ocean University

3.Shanghai Engineering Research Center of Aquaculture, Shanghai Ocean University

Abstract: Transposable elements (TEs) are pivotal in driving genome evolution, playing a significant role in generating genetic diversity, modulating genome size, and inducing chromosome structural changes. Despite extensive research in model species, studies on TE evolution and structure in crustaceans are notably limited. This study offers an in-depth analysis of TEs diversity and their impact on genome structure and function of representative crustacean genomes. Our results revealed substantial variation in TE content among crustacean species, with levels ranging from 16.19% in *Daphnia pulex* to a high of 63.36% in *Procambarus clarkii*. Notably, species with larger genomes, such as *P. clarkii* and *Homarus americanus*, show a higher proportion of TEs, which implies that TE proliferation may be a major factor in the expansion of genome size. Analysis of sequence divergence across multiple TE subfamilies reveals two distinct peaks, suggesting that most crustacean species may have experienced at least two separate periods of TE expansion. The second peak, characterized by divergence rates between 0% to 5%, indicates a more recent episode of TE proliferation and implies potential ongoing activity. Furthermore, the molt stage-specific expression of TEs in *Eriocheir sinensis* throughout the molting process suggests that TEs may play a role in regulating this periodic event. Generally, these results deepen our understanding of the role of TEs in crustacean genome evolution and hint at their possible involvement in regulating biological processes within these species.

Keywords: Transposable Elements; Genome Evolution; TE Activity

资助项目：上海市农业科技创新项目（T2023210）
*通讯作者，王成辉，教授，主要从事水产动物种质资源与种苗工程、遗传育种
E-mail: wangch@shou.edu.cn

西藏特有鱼类黑斑原鮡不同组织微生物群落特征及致病性研究

武梦雨 [1,2]，张耀琼 [1,2]，王壮壮 [1,3,4]，王万良 [1,3,4]，周建设 [1,3,4*]

（[1] 西藏自治区渔业与种质资源利用重点实验室，拉萨 850032；[2] 广东海洋大学，广东湛江 524000；[3] 西藏土著鱼类繁育与利用技术工程研究中心，拉萨 850032；[4] 西藏自治区农牧科学院水产科学研究所，拉萨 850032）

摘要：为深入了解健康与病死黑斑原鮡不同组织微生物群落特征及致病性，本研究对健康和病死黑斑原鮡的不同组织进行了微生物的培养同时进行了 16S rRNA 测序，系统地分析了健康和病死黑斑原鮡不同组织的组织学差异、微生物群落特征及致病性。结果显示，健康和病死黑斑原鮡皮肤和鳃在病理分析上存在一定差异；健康和病死黑斑原鮡皮肤菌群之间 α 多样性指数存在显著差（P<0.05）；健康和病死黑斑原鮡鳃菌群在主坐标分析（PCoA）上存在显著差异（P<0.05）；健康和病死黑斑原鮡肠道、皮肤和鳃优势菌门均主要为厚壁菌门、拟杆菌门、变形菌门。OTUs 聚类分析结果表明，病死鱼不同组织中绿弯菌门、脱硫弧菌门、放线菌门、粘球菌门丰度较高，而嗜盐古菌门在健康鱼不同组织丰度较高。差异分析（LEfSe）发现，希瓦氏菌属仅在肠道中分布，在健康鱼丰度相对较高；病死鱼不同组织的气单胞菌属丰度均高于健康鱼。综上，气单胞属可能是主要致病菌之一，其结果可为系统了解黑斑原鮡不同组织菌群结构、健康养殖中疾病的定向防控提供科学依据。

关键字：黑斑原鮡；鳃；皮肤；肠道；高通量测序[16]

资助项目：西藏自治区重点研发计划（XZ202202ZY0002N）
*通讯作者，周建设，男，博士，副研究员，主要从事鱼类健康养殖与遗传育种，Tel:13232513114，
E-mail：zjianshe@163.com
第一作者，武梦雨，女，硕士，学生，主要从事鱼类健康养殖与遗传育种，Tel:18530290775，
E-mail：wmy1230222@163.com

高原环境下不同养殖密度对三倍体虹鳟苗种生长性能及肠道健康

张耀琼 [1]，武梦雨 [1]，王壮壮 [2,3,4]，王万良 [2,3,4]，周建设 [2,3,4*]

（1. 广东海洋大学，广东湛江 524000；2. 西藏自治区农牧科学院水产科学研究所，拉萨 850032； 3. 西藏自治区渔业与种质资源利用重点实验室，拉萨 850032；4. 西藏土著鱼类繁育与利用技术工程研究中心，拉萨 850032）

摘要：为探究高原环境下三倍体虹鳟苗种培育的最适养殖密度，本研究设置了三种不同养殖密度（低密度组（LD）100 尾/桶中密度组（MD）200 尾/桶；高密度组（HD）300 尾/桶），开展了为期 60 天的养殖试验。结果显示，LD 组终末体重（Wt）和特定生长率（SGR）显著高于 HD 组（$P<0.05$）；LD 组的存活率显著高于 HD 组（$P<0.05$）；不同养殖密度水体和肠道菌群 α 多样性存在一定差异；PCA 结果显示不同养殖密度水体和肠道菌群存在显著差异（$P<0.05$）；水体和肠道菌群中的优势菌门均为变形菌门（Proteobacteria）、厚壁菌门（Firmicutes）、拟杆菌门（Bacteroidetes）；HD 组和 MD 组假单胞菌属(*Pseudomonas*）占比显著高于 LD；共现网络分析显示，在三种不同养殖密度在 LD 组与 MD 组中共现网络显示出较高的平均度，说明 LD 组与 MD 组肠道菌群与水体菌群环境更为稳定。综上，高原环境下更适合低密度养殖，该结果为高原环境下三倍体虹鳟生态高效、健康养殖提供参考。

关键词：养殖密度；虹鳟；生长指标；水体；肠道菌群；共现网络

资助项目：国家特色淡水鱼产业技术体系项目（CARS-46）；

通讯作者，周建设，男，博士，副研究员，主要从事鱼类健康养殖与遗传育种,Tel:13232513114，E-mail：zjianshe@163.com。

第一作者，张耀琼，女，硕士，学生，主要从事鱼类健康养殖与遗传育种，Tel:15984487077，E-mail：15984487077@stu.gdou.edu.cn

The effects of different aquaculture densities on the growth performance and intestinal health of *triploid rainbow trout* seedlings in high-altitude environments

Zhang Yaoqiong [1], Wu Mengyu [1], Wang Zhuangzhuang [2,3,4], Wang Wanliang [2,3,4], Zhou Jianshe [2,3,4*]

(1. Guangdong Ocean University, Zhanjiang Guangdong 524000; 2. Tibet Academy of Agricultural and Animal Husbandry Sciences, Institute of Fishery Sciences, Lhasa Tibet 850032; 3. Key Laboratory of Fishery and Germplasm Resources Utilization of Xizang Autonomous Region, Lhasa Tibet 850032; 4. Xizang Indigenous Fish Breeding and Utilization Technology Engineering Research Center, Lhasa Tibet 850032)

Abstract: To investigate the optimal breeding density for *triploid rainbow trout* seedlings in high-altitude environments, this study set three different stocking densities (Low-Density group (LD) 100 fish/barrel, Medium Density group (MD) 200 fish/barrel, High-Density group (HD) 300 fish/barrel) and conducted a 60-day cultivation experiment. The results showed that the final body weight (Wt) and specific growth rate (SGR) of the LD group were significantly higher than those of the HD group ($P<0.05$). The survival rate of the LD group was significantly higher than that of the HD group ($P<0.05$). There are certain differences in the Alpha diversity of water bodies and gut microbiota among different aquaculture densities. The PCA results show significant differences ($P < 0.05$) in water and gut microbiomes between different aquaculture densities. The dominant phyla in both aquatic and intestinal microbiomes are Proteobacteria, Firmicutes, and Bacteroidetes. The proportion of *Pseudomonas* genera in HD and MD is significantly higher than that in LD. The co-occurrence network analysis showed that the co-occurrence network showed a higher average degree in LD and MD at three different aquaculture densities, indicating that the intestinal and aquatic microbiota environments in LD and MD were more stable. In conclusion, a low-density aquaculture is more suitable in plateau environments. This result provides a reference for ecological, efficient, and healthy aquaculture of *triploid rainbow trout* in plateau environments.

Key words: Stocking density; *Oncorhynchus mykiss*; growth indicators; water body; intestinal microbiota; co-occurrence network

---

资助项目：国西藏自治区科技计划项目（XZ202101ZY0003N）；国家特色淡水鱼产业技术体系项目（CARS-46）。

通讯作者，周建设，男，博士，副研究员，主要从事鱼类健康养殖与遗传育种,Tel:13232513114，E-mail：
zjianshe@163.com。
第一作者，张耀琼，女，硕士，学生，主要从事鱼类健康养殖与遗传育种，Tel:15984487077，E-mail：15984487077@stu.gdou.edu.cn

大黄鱼（*Larimichthys crocea*）生精细胞的鉴定及周期性特征分析

周逸楠[1]，杨阳[2]，胡伟华[2]，陈睿毅[2]，徐冬冬[2*]

1. 浙江海洋大学水产学院，浙江舟山 316000；

2. 浙江省海洋水产研究所，浙江舟山 316000

摘要: 大黄鱼，隶属于鲈形目石首鱼科黄鱼属，素有“国鱼”的美誉，是我国海水养殖业的重要品种。精子发生是鱼类繁殖过程中的关键环节，不仅在种群延续中发挥重要作用，也是配子操作育种等技术研究的核心内容。本研究通过显微和亚显微结构观察，详细描述并鉴定了大黄鱼精子发生过程的 13 类生精细胞，包括 4 类精原细胞（As，Apr，Adiff 和 B），5 类精母细胞（L/Z，P，D，M 和 SS），3 类精子细胞（ST1，ST2 和 ST3）和成熟精子。采用 4 种染色方法，将精巢分为 6 个时期（I-VI），并统计了各类生精细胞占比，揭示了精子发生的周期性规律。利用一组特异性抗体（VASA、PCNA、DMC1、NANOS2 和 GSDF），开发了一种基于高通量免疫组化技术，能够有效识别各类生精细胞，区分不同类型的精原细胞。尤其是通过本研究表明 As 和 Apr 精原细胞可能是大黄鱼潜在的精原干细胞（SSCs），在不同精巢发育阶段，这两类精原细胞具有不同的形态学特征和特异性抗体表达模式，揭示其在精巢周期性变化中的关键作用。本研究为理解季节性繁殖鱼类的精子发生提供了新的见解，并为大黄鱼繁殖以及基于生殖细胞移植实现的配子操作育种技术提供了重要的理论基础和工具。

关键词: 大黄鱼，精子发生，精原干细胞，生殖细胞移植，特异性抗体

资助项目: 国家自然科学基金（32202925，31972785）；浙江省自然科学基金（LQ23C19001，LR21C190001）

*通讯作者，徐冬冬，研究员，主要从事海水鱼类遗传育种

E-mail: xudong0580@163.com

小黄鱼抗内脏白点病相关位点的 QTL 定位及候选基因分析

李倩[1]，刘峰[2*]，楼宝[2*]

1 浙江海洋大学国家海洋设施养殖工程技术研究中心，浙江舟山，316022；

2 浙江省农业科学院水生生物研究所，浙江杭州，310021

摘要：近年来，水产养殖病害频发，由变形假单胞菌引起的内脏白点病是小黄鱼养殖过程中的主要病害之一。因此，解析与小黄鱼内脏白点病抗性相关性状的遗传位点及关键基因对小黄鱼的健康养殖至关重要。本研究利用小黄鱼 100K SNP 芯片进行 F1 全同胞家系个体基因分型，挖掘 SNP 位点，构建了小黄鱼高密度遗传连锁图谱，图谱总长度 1395.72cM，平均间隔 0.08cM，分布于 24 个连锁群。以感染后存活时间为抗病表型，通过 QTL 定位检测到位于 LG9 和 LG21 连个连锁群上的 13 个抗病相关的 QTL，注释到基因 169 个，通过功能富集分析筛选到 11 个抗病相关候选基因。利用 qPCR 测定上述基因在变形假单胞菌感染后表达情况，发现 *tat*、*pten*、*asah2*、*chmp1a*、*arg1*、*chmp2a*、*chmp6* 和 *map2k6* 均显著差异表达。选取显著差异表达的 *arg1* 和 *map2k6* 进行基因克隆，序列特征分析和感染变形假单胞菌后不同时间点的 mRNA 表达特征分析。生物信息学分析结果显示，*arg1* 基因为 CDS 序列 1032bp，编码 343 个氨基酸，分子量为 37.09kDa；*map2k6* 基因 CDS 序列长度 1005bp，编码 334 个氨基酸，分子量为 35.10kDa。qPCR 结果显示，*arg1* 在肝脏组织中 72h 表达量最高，随后下降，但仍然显著高于对照组；脾脏组织中 *arg1* 基因在 48h 表达量最高，随后下降至于对照组无显著差异水平。*map2k6* 基因在肝脏组织中 72h 表达量最低，随后上升，但仍显著低于对照组；脾脏组织中 *map2k6* 基因均无显著差异。以上结果表明，*arg1* 和 *map2k6* 基因能够显著响应变形假单胞菌的感染，在抗内脏白点病过程中发挥调节作用，为小黄鱼抗病分子机制解析奠定了重要基础。

关键词：小黄鱼；变形假单胞菌，遗传连锁图谱；内脏白点病；QTL 定位；基因

*资助项目：国家自然科学基金（32102765）；浙江省重点研发计划项目（2021C02055）

作者信息：李倩，浙江海洋大学国家海洋设施养殖工程技术研究中心，Tel:15769214836, E-mail: 473248976@qq.com.

通讯作者，刘峰，男，博士，副研究员，主要从事海水鱼类育种，Tel:13867203542, E-mail: lengfeng0210@126.com.

Circtefb 及其母基因在牙鲆肌肉发育过程中的调控机制研究

刘敏，王浩，汤恒泰，丁成楠，何峰*

中国海洋大学水产学院，山东青岛 266003

摘要：环状 RNA（circular RNA）是一类具有内源性调节功能的非编码 RNA，参与生物体的多种生命活动。有研究表明 circRNA 作为 miRNA 的分子海绵，竞争性与 miRNA 结合，从而调控骨骼肌的发育。然而 circRNA 在牙鲆骨骼肌发育过程中的调控机制尚不明确。根据前期牙鲆不同发育阶段的骨骼肌转录组数据，我们筛选得到一个重要的 circRNA-circtefb.其在 90 日龄和 24 月龄两个阶段的表达存在显著的差异。我们对其进行环形结构的特征鉴定，同时培养牙鲆肌细胞，使 circtefb 在牙鲆肌细胞中过表达以探究其对牙鲆肌细胞的增殖/凋亡调控作用。结果表明 circtefb 促进牙鲆肌细胞的凋亡。为探究 circtefb 是否通过与 miRNA 结合进而调控牙鲆肌细胞的生长，我们筛选得到与 circtefb 结合的 miRNA，novel-miR-598。通过双荧光素酶报告基因实验在过表达 circtefb 之后 novel-miR-598 的表达以及二者在牙鲆肌细胞中共表达之后肌细胞的生长确定其调控关系。Circtefb 的亲本基因为 tefb，我们的研究发现转录因子 klf15 可以正向调控 tefb 的转录，且 DNA 甲基化的多个甲基化位点的甲基化程度与 tefb 的表达呈负相关，我们将受到双重调控下的 tefb 转染至牙鲆肌细胞中，发现其可以促进牙鲆肌细胞的生长。这些结果的发现为牙鲆生长发育提供重要的理论支持，并从表观遗传的角度为遗传育种提供新的分子信息。

关键词：牙鲆；骨骼肌发育；环状 RNA；转录调控

资助项目：十四五国家重点研发计划（2022YFD2400401）；国家自然科学基金(31672642)；

*通讯作者，何峰，副教授，主要从事鱼类生理与表观遗传学

E-mail:hefengouc@ouc.edu.cn

投喂南极磷虾对红螯螯虾幼虾生长、生理生化、免疫及肠道菌群结构的影响

麦庄[1], 魏捷[2], 于凌云[2,*]
1. 浙江海洋大学渔业学院，舟山 316000；
2. 中国水产科学研究院珠江水产研究所 农业农村部热带亚热带水产资源利用与养殖重点实验室，
广东 广州 510380；

摘要：南极磷虾营养价值高，含有丰富的磷脂、虾青素、EPA 和 DHA，在作为饲料营养方面具有较广的前景。文章旨在研究投喂南极磷虾冰鲜肉对红螯螯虾幼虾生长性能、体成分、生理生化、免疫机能及肠道菌落的影响。设置了四种投喂组合，分别为：C（只饲喂基础饲料，对照组）、E1（每 3 天投喂一次南极磷虾，即 2d 基础饲料+1d 50%南极磷虾循环投喂）、E2（每两天投喂一次南极磷虾，即 1d 基础饲料+1d 50%南极磷虾循环投喂）、E3（每天投喂 50%南极磷虾）。结果表明，饲喂 10 周后，与对照组相比， E2 和 E1 组的增重率和特定生长率显著提高（$p<0.05$），且 E2 组的成活率最高。肌肉的脂肪酸分析发现 EPA 和 DHA 量与南极磷虾投喂量呈显著正相关，而与氨基酸组成无显著关系。在肌肉与虾壳的虾青素分析中发现 E2 组虾青素含量最高。此外，投喂南极磷虾显著提高了肝胰腺中胰蛋白酶、脂肪酶活（$p<0.05$），而抗氧化和免疫相关酶活无显著影响。基因检测结果证实，饲喂南极磷虾显著上调了与蜕皮和免疫等相关基因表达水平。此外，投喂南极磷虾鲜肉改变了红螯螯虾肠道菌群丰度，南极磷虾投喂组中 vibrio 丰度显著降低（$p<0.05$），E2 组中拟杆菌门（bacteoiduta）丰度显著增加（$p<0.05$），KGEE 显示投喂南极磷虾提升了红螯螯虾营养代谢功能。综上所述，每两天投喂一次南极磷虾鲜肉（E2）有助于提升红螯螯虾生长性能、消化酶活、免疫和蜕皮基因表达，改善肠道菌群组成。

关键词：南极磷虾；红螯螯虾；生长性能；肠道菌群；脂肪酸营养；

资助项目：广东省省级乡村振兴战略专项资金种业振兴项目（2022-SPY-00-008）；广东省基础与应用基础研究基金项目（2023A1515010297）

*通讯作者，于凌云，副研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail : wwe1367308606@qq.com

基于代谢组解析四指马鲅在低温胁迫下的适应机制

金敏旋[1]，郑安娜[1]，张卉娟[1]，王临娟[1]，张健东[1]，汤保贵[1]，黄建盛[1]，王忠良[1*]

1. 广东海洋大学水产学院，广东湛江 524088；

摘要：为探讨四指马鲅（*Eleutheronema tetradactylum*）对低温胁迫的响应机制，本实验将四指马鲅在低温（18℃）条件下饲养，比较分析肝脏组织在胁迫后第 7 和 14 天的氧化应激状态和组织结构情况，并利用 LC-MS 非靶向代谢组学技术进行组间差异代谢物筛选，确定与差异代谢物相关的关键代谢通路变化。结果显示，低温胁迫下超氧化物歧化酶（SOD）、过氧化氢酶（CAT）和谷胱甘肽过氧化物酶（GPx）的活性均呈现先上升后下降的趋势，丙二醛（MDA）含量在 7 天和 14 天均显著升高，且肝细胞出现不同程度的空泡化和核萎缩，表明低温胁迫对四指马鲅造成了氧化损伤。在低温胁迫下，7d 组鉴定出 87 种差异代谢物，主要富集于碳水化合物的消化和吸收、谷胱甘肽代谢和自噬等 6 条代谢通路；14d 组鉴定出 116 种差异代谢产物，主要富集于甘油酯代谢和脂肪的消化和吸收等 6 条代谢通路，表明，脂质代谢、糖类代谢和抗氧化系统在四指马鲅适应低温胁迫中发挥着重要作用。本研究结果为该鱼类应对低温胁迫的生理调节机制提供了见解。

关键词：四指马鲅；低温；氧化应激；代谢组学

资助项目：广东省现代化海洋牧场适养品种核心技术攻关项目（2024-MRB-00-001）

*通讯作者，王忠良，教授，主要从事水产经济动物功能基因与基因组学研究

E-mail: zhongliangwang@vip.163.com

A comparative transcriptome analysis reveals the effects of letrozole and 17α-methyltestosterone on the expression of reproductive-related genes in golden pompano (*Trachinotus ovatus*)

Zhou Qi[1], Chen Huapu[1*]

[1.] Guangdong Research Center on Reproductive Control and Breeding Technology of Indigenous Valuable Fish Species, Zhanjiang 524088

Abstract: Aromatase inhibitor letrozole (LZ) and 17α-methyltestosterone (MT) are commonly used for sex control breeding to induce female-to-male sex reversal in aquaculture. However, studies on the molecular regulatory mechanisms of LZ and MT are still limited. Here, we performed a comparative transcriptome analysis of hypothalamus, liver and gonad after 30 days of LZ and MT treatment in golden pompano (*Trachinotus ovatus*) with significant sexual size dimorphism. Transcriptome data showed that LZ treatment can promote the first meiotic division but inhibit the second meiotic division of the oocyte, and MT treatment promotes polyamine synthesis to induce oocyte apoptosis, both of which affect the trajectory of ovarian differentiation. However, LZ and MT have converse effects in sex hormone synthesis, LZ can inhibit estrogen metabolism but promote cholesterol synthesis by regulate *sqle*, *cyp3a40*, *ugt1a1*, *ugt2a1*, and *ugt2c1*, while MT promotes estrogen metabolism but inhibit the conversion of cholesterol to pregnenolone by regulate *cyp19a1*, *cyp1a*, and *hsd17b7*. This study provides a fundamental insight into the sex control breeding in golden pompano.

Key words: *Trachinotus ovatus*; transcriptome; letrozole; 17α-methyltestosterone

资助项目：水产品健康养殖模式的应用与示范，省科技创新战略专项资金项目,粤科函农字[2021]1056 号，2021/09-2023/08
*通讯作者，陈华谱，教授，主要从事鱼类生殖生长及性别调控
E-mail: chenhp@gdou.edu.cn

基于深度学习与双目结构光三维重建的鲤鱼外形指标测量

张成龙[1,2]，姚智磊[1,2]，陈红菊[1,2]，季相山[1,2*]

1. 山东农业大学山东省家畜种质创新与利用重点实验室，山东泰安 271017；

2. 山东农业大学农业农村部非粮饲料资源高效利用重点实验室，山东泰安 271017；

摘要：在鱼类育种领域，表型测量是评估和选择优良品种的关键步骤，传统的手工测量方法往往耗时且精度不高，为此，本研究旨在开发一种基于深度学习与双目结构光三维重建技术的鲤鱼外形指标测量系统，以提高表型测量效率和精度。该系统首先利用双目结构光相机获取鲤鱼的 RGB 图像与深度（D）；然后采用 Faster R-CNN 与 RTMDet 两种目标检测模型，对 RGB 图像中的鲤鱼进行精确的定位与识别；锁定鲤鱼对象后，进一步应用 RTMPose 关键点检测模型对 12 个预设的鲤鱼关键部位点进行检测；最后，将关键点与深度数据对齐，通过三维重建算法得到点云数据（RGBD），提取鲤鱼的体长、体高、体背高等表型的测地线距离。使用 64 张不同品种的鲤鱼图片对模型进行测试，结果显示，在鲤鱼个体目标检测时，Faster R-CNN 与 RTMDet 模型的平均精度 (AP) 分别达到 99.6 %与 86.4 %，平均召回率（AR）分别为 100 %与 89.4 %，这表明其能够准确地检测到所有不同品种的鲤鱼的边界框；在关键点检测中，关键点精度（PCK）为 97.79 %，曲线下面积（AUC）为 0.138，归一化均方误差（NME）为 0.08，显示该模型在关键点检测方面具有良好性能；此外，使用 NVIDIA GeForce RTX 2080 Ti 显卡在 33 轮的联合测试中仅用时 0.69s，表明该系统具有快速性和实时处理能力。综上所述，该系统能够高效、准确地测量鲤鱼的外形指标，为基因组选择和全基因组关联分析等育种研究的大规模表型测量提供了有力的技术支持，应用前景广泛。

关键词：水生生物；表型测量；目标检测；关键点检测；3D 结构光

资助项目：山东省重点研发计划（2021CXGC010806，2021LZGC027）；山东省现代农业产业技术体系（SDAIT-13-08）

*通讯作者，季相山，教授，主要从事水产遗传育种与健康养殖

E-mail: xsji@sdau.edu.cn

人工诱导雌核发育红白锦鲤（*Cyprinus carpio* var. *koi*）的鉴定与分析

陈小玉[1]，史秀兰[1]，罗明坤[2]，林凯[3]，郭珺[3]，董在杰[1,2*]

1. 南京农业大学无锡渔业学院，江苏无锡 214081

2.中国水产科学研究院淡水渔业研究中心，农业农村部淡水渔业与种质资源利用重点实验室，江苏无锡 214081

3.江苏启泓生态农业发展有限公司，江苏苏州 215416

摘要：锦鲤有“水中活宝石”“会游泳的艺术品”之称，具有很高的养殖价值。但养殖过程中需要不断地筛选才能获得具有高观赏价值的锦鲤成品，最终的养殖成品率往往较低，在养殖过程需要花费大量的人力物力，因此迫切需要一种技术以提高锦鲤的纯化速度。人工雌核发育是一种有效产生纯系的手段，在鱼类遗传分析以及性别控制等方面具有应用价值。在本研究中，我们使用经紫外线灭活遗传物质的团头鲂精子刺激红白锦鲤的雌核发育获得存活后代。为了确定后代是否为雌核发育鱼，我们运用品种特异的微卫星标记分析了锦鲤（JL）、团头鲂（TTF）与雌核发育子代（GJL）的微卫星图谱，结果显示 GJL 中没有来自团头鲂的条带。随后，又分析了 GJL 的染色体核型、DNA 含量以及 5S rDNA。综合以上实验结果，发现该雌核发育鱼为二倍体，有 50 对染色体，核型为 22m+34sm+22st+22t，均与 JL 保持一致。DNA 平均含量为 36.49 与 JL 的比值为 0.97，与 TTF 的比值为 1.3，可见与 JL 的 DNA 含量更为一致。该鱼 5S rDNA 基因包含两个片段（205bp、408bp），大小同样与 JL 一致。最后，我们通过制作性腺组织切片鉴定了 GJL 的性别。结果表明，GJL 并非全雌群体，有一定比例的雄性。总的来说，此次雌核发育锦鲤的获得为该观赏鱼的提纯复壮、遗传改良以及性别决定和性别控制研究奠定了基础。

关键词：雌核发育；锦鲤；微卫星；染色体核型；DNA 含量；5S rDNA

资助项目：国家自然科学基金青年基金（32202924）；江苏省自然科学基金青年基金（BK20220227）

*通讯作者：董在杰，研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail: dongzj@ffrc.cn

雌激素诱导翘嘴鳜（*Siniperca chuatsi*）雌性化的研究与应用

刘士琰[1]，李水生[1]，张勇[1]*

1. 中山大学生命科学学院，广东 广州 510275

摘要：翘嘴鳜（*Siniperca chuatsi*）是我国重要经济鱼类，其生长具有性别二态性。先前的研究表明，翘嘴鳜的性别容易受到外源性激素的影响，但其作用机制尚不完全清晰。因此，我们系统地研究了间接投喂下不同剂量的 E_2（0、200、400 和 600 mg/kg）对翘嘴鳜雌性化的影响。结果显示，200、400 和 600 mg/kg 的 E_2 处理浓度下都可实现翘嘴鳜雌性化诱导，其中伪雌鱼的比例分别为 40%、87%和 100%。对 600 mg/kg E_2 处理组伪雌鱼的性腺进行组织学切片追踪，结果显示在孵化后 60 - 150 天内，伪雌鱼性腺主要由卵原细胞和卵黄发生前卵母细胞组成，在孵化后 180 天时，伪雌鱼性腺内出现了卵黄发生早期卵母细胞。

随后，我们培育出了超雄翘嘴鳜鱼，基于 Illumina 测序平台完成了翘嘴鳜超雄鱼全基因组测序，并筛选出了四对 X-染色体特异性标记。伪雌鱼可育并且可正常雄鱼交配，我们在其后代雄鱼中进行了测交实验和生长数据统计。结果显示，超雄鱼在雄性中的占比为 26.83%，稍低于 33.33%的理论值，并且超雄鱼的体长和体重值显著低于正常雄鱼（$P < 0.0001$）。在 X-染色体分子标记筛选中，我们获得了 4 对有效的 X-染色体特异分子标记（Ma-XB1、Ma-XB2、Ma-XC1、Ma-XC2）。Ma-XB1、Ma-XB2、Ma-XC1 和 Ma-XC2，他们在雌鱼和雄鱼中分别可扩增出 935bp、1105bp、850bp 和 1146bp 的 X-染色体特异性条带，而在超雄鱼中均未扩增出相应条带。PCR 产物的 Sanger 测序结果显示，在雌性和雄性中扩增出的碱基序列与对应的 X-染色体特异性片段序列相一致，而超雄鱼扩增出的碱基序列与相应的序列完全不一致。

关键词：翘嘴鳜，雌激素，雌性化，分子标记

Key words: mandarin fish, estrogen, feminization, molecular marker

---

资助项目：广东省基础与应用基础研究基金（2019B1515120072），广州市科技规划项目（201904020043）

*通讯作者：张勇，教授，从事水生经济物种繁殖与育种，E-mail: lsszy@sysu.edu.cn

鳙体型差异个体转录组与 miRNA 的联合分析

邓玉婕[1]， 朱文彬[2]，傅建军[2]， 罗明坤[2]，王兰梅[2]， 梁政远[3]，董在杰[1,2*]

1. 上海海洋大学，水产种质资源发掘与利用教育部重点实验室，上海 201306；

2. 中国水产科学研究院淡水渔业研究中心，农业农村部淡水渔业与种质资源利用重点实验室，江苏无锡 214081；

3. 无锡瑞顺水产养殖科技有限公司， 江苏无锡 214000

摘要：为探究影响鳙(*Hypophthamichthys nobilis*)体型差异的分子机制，本实验以正常鳙个体(CK 组)和缩骨鳙(PG 组)为研究对象，进行转录组测序分析，结果共获得 25327 个 Unigenes 和 8325 个 miRNA，鉴定到 930 个差异表达基因(DEGs)和 146 个差异表达 miRNA (DEMs)，包括 473 个上调和 457 个下调基因，以及 44 个上调和 102 个下调 miRNA。对 DEGs 和 DEMs 的靶基因联合分析，获得了 140 个重复基因，功能富集到细胞周期(ko04110)、DNA 复制(ko03030)、黏着斑(ko04510)和 ECM 受体相互作用(ko04512)等信号通路。其中，鉴定到如 *exo*1、*mcm*4、*ccna*2、*smc*2 和 *ccna*2 等 16 个参与骨骼形成发育的基因，推测可能与鳙的体型差异形成有关。此外，通过 mRNA-miRNA 网络互作分析，挖掘到如 *apob*、*tgfbr2a* 和 *col2a1b* 等基因，miR-34a-5p、miR-252a 和 miR-6547-5p 等 miRNAs；分析它们可能在调控和维持鳙的体型中发挥作用。通过实时荧光定量 PCR(qPCR)实验，发现表达差异趋势与 RNA-Seq 和 sRNA-Seq 数据结果一致。本研究发现的 DEGs、DEMs 和富集到的代谢通路可能与鳙的缩骨体型差异存在关联，可为后续深入揭示鳙影响体型差异的分子机制提供基础数据。

关键词：鳙；体型；骨骼发育；差异表达基因；差异表达 miRNA

资助项目：国家大宗淡水鱼产业技术体系(CARS-45)；中国水产科学研究院淡水渔业研究中心基本科研业务费专项(2023JBFZ02, 2023JBFM07)

*通信作者，董在杰，研究员，从事鱼类遗传育种、繁殖及分子生物学研究
E-mail: dongzj@ffrc.cn

大黄鱼自噬相关基因 ATG1 的序列分析及低温胁迫下组织表达分析

王琳[1]，赵亭亭[1*]

1. 浙江海洋大学水产学院，浙江舟山，316000；

摘要：自噬(autophagy)广泛存在于真核细胞中，在机体生长发育和响应逆境胁迫中发挥了重要作用。为探究自噬相关基因（autophagy-related gene）ATG1 在大黄鱼（*Larimichthys crocea*）低温胁迫下的响应机制，本实验通过对 NCBI 数据库获得的大黄鱼 ATG1 基因序列进行生物特征分析，并采用实时荧光定量 PCR 的方法测定其在不同温度（18℃、16℃、14℃、12℃、10℃、8℃）处理下脑（B）、鳃（G）、头肾（HK）、肾脏（K）、心脏（H）、脾脏（SP）、肝脏（L）、肠（I）、肌肉（M）、皮肤（SK）10 个不同组织的表达水平。结果显示，大黄鱼自噬相关基因 ATG1 的 CDS 长度为 2715 bp，编码 904 个氨基酸，该基因编码的蛋白相对分子量为 99.43 kDa，预测等电点(pI)为 8.47。大黄鱼 ATG1 蛋白亚细胞定位显示可能是细胞核蛋白；信号肽预测显示，无信号肽和跨膜结构；潜在的互作蛋白有 BECN1、ATG13、repto、mtor、mlst18、ATG101、st18、ATG14、ATG2a、ATG2B 共 10 种。蛋白序列同源性比对显示大黄鱼 ATG1 蛋白具有高度一致性，在进化中具有一定的保守性；系统进化树分析显示，大黄鱼的自噬相关基因 ATG1 与条纹狼鲈 ATG1 亲缘关系最近。qPCR 结果显示，ATG1 基因在大黄鱼的 10 个组织中均有不同程度的表达。正常温度下，大黄鱼 ATG1 基因的表达量在肌肉组织中表达量最高,脾脏次之。低温胁迫下，大黄鱼 ATG1 基因的表达量在肌肉、脾脏、脑、肝脏组织中，随温度的降低呈先上升后下降再上升的趋势。而在肾、头肾、鳃、心组织中，ATG1 基因的表达量随温度的降低呈现下调模式。研究表明,ATG1 基因在大黄鱼响应低温胁迫中发挥重要作用，本实验将为大黄鱼 ATG1 基因在自噬过程中的分子调控机制提供理论参考。

关键词：大黄鱼；自噬相关基因 ATG1；序列分析；低温响应

资助项目：人才引进科研基金（JX6311032323）

*通讯作者，赵亭亭，讲师，研究方向海水鱼类分子育种

E-mail: 2022147@zjou.edu.cn

Sequence analysis of autophagy-related gene ATG1 and tissue expression analysis under low temperature stress in *Larimichthys crocea*

WANG Lin[1], ZHAO TingTing[1*]

1. Fisheries College, Zhejiang Ocean University, Zhoushan 316000

2.

Abstract: Autophagy is ubiquitously present in eukaryotic cells and plays a crucial role in the growth and development of organisms as well as in responding to adverse environmental stress. To explore the response mechanism of the ATG1 in *Larimichthys crocea* under low-temperature stress, this experiment retrieved the gene sequence of ATG1 in *Larimichthys crocea* from the NCBI database and analyzed its biological characteristics. The expression levels of ATG1 in ten distinct tissues (B: brain, G: gills, HK: head kidney, K: kidney, H: heart, SP: spleen, L: liver, I: intestine, M: muscle, SK: skin) were determined by real-time quantitative PCR at various temperatures (18℃, 16℃, 14℃, 12℃, 10℃, 8℃).The results showed that the CDS length of the autophagy related gene ATG1 was 2715 bp, encoding 904 amino acids, the relative molecular weight of the protein encoded by this gene was 99.43 kDa, and the predicted isoelectric point (pI) was 8.47. Subcellular localization of ATG1 protein in *Larimichthys crocea* shows that it may be nuclear protein. Signal peptide prediction showed no signal peptide and transmembrane structure. There are 10 potential interacting proteins: BECN1, ATG13, repto, mtor, mlst18, ATG101, st18, ATG14, ATG2a and ATG2B. Protein sequence homology comparison showed that ATG1 protein of *Larimichthys crocea* was highly consistent and conserved in evolution. Phylogenetic tree analysis showed that autophagy related gene ATG1 of *Larimichthys crocea* was closely related to striped bass. qPCR results showed that ATG1 gene was expressed in 10 tissues of *Larimichthys crocea* to varying degrees. At normal temperature, ATG1 gene expression of *Larimichthys crocea* was the highest in muscle tissue, followed by spleen. Under low temperature stress, the expression of ATG1 gene in muscle, spleen, brain and liver of *Larimichthys crocea* increased first, then decreased and then increased with the decrease of temperature. However, the expression of ATG1 gene in kidney, cephalic kidney, gill and heart tissues showed a down-regulated pattern with the decrease of temperature. The study indicates that the ATG1 gene plays a crucial role in the response of the *Larimichthys crocea* to low-temperature stress, and this experiment will provide a theoretical reference for the molecular regulatory mechanism of the ATG1 gene in the autophagy process.

Keywords: *Larimichthys crocea*；ATG1；sequence analysis；Low temperature response

资助项目：人才引进科研基金（JX6311032323）

*通讯作者，赵亭亭，讲师，研究方向海水鱼类分子育种

大口黑鲈高温耐受能力的遗传调控机制研究

谌海杰[1,2]，林仕梅[2]，龙勇[1*]

1.中国科学院水生生物研究所，湖北武汉 430072；

2.西南大学水产学院，重庆北碚 400715

摘要：大口黑鲈（*Micropterus salmoides*）是我国重要的经济鱼类之一，其具有多种优良性状，但抗高温能力较差。近年来，极端高温天气频发，给大口黑鲈的养殖造成严重影响。虽然已从大口黑鲈的组织中鉴定到大量响应高温刺激的基因和信号通路，但决定其高温耐受能力的遗传机制尚不清楚。本研究建立了基于动态高温暴露的致死积温法（LCT）量化大口黑鲈个体的高温耐受能力。并对在 28℃养殖的大口黑鲈群体进行动态高温暴露，当水温上升至 38℃时，分别取正常（在缸底部正常游泳，耐受组）和异常个体（上浮、游动缓慢、呼吸时鳃盖张大，敏感组）的脑和肝组织，研究组织结构和基因表达差异，以未进行处理的个体为对照组。研究发现，与耐受组相比，敏感组肝组织损伤更为严重，细胞凋亡信号更强（$p < 0.01$），但脑组织的结构和细胞凋亡程度无显著差异。通过 RNA-seq 鉴定了高温耐受能力不同个体间的差异表达基因，与耐受组相比，敏感组的脑组织中上调表达基因 474 个，下调表达基因 29 个；肝脏中上调表达基因 1772 个，下调表达基因 2501 个。脑和肝脏中的上调表达基因均显著富集于免疫系统过程，防御反应，对刺激的反应以及信号转导等生物学过程。KEGG 信号通路富集分析结果表明，脑的上调表达基因富集于细胞因子-受体相互作用和吞噬体等通路；肝脏的上调表达基因富集于糖酵解/糖异生和胰岛素信号传导等通路。敏感组脑和肝脏组织中 *hif1al*（缺氧诱导因子-1α）的高表达，及肝脏中糖酵解信号通路的激活说明发生了组织缺氧。进一步研究发现，敏感组鳃和血液的损伤程度均比耐受组严重。因此，遭受高温胁迫后大口黑鲈吸收和运输氧气的功能减弱，造成肝脏等重要器官发生组织缺氧和功能障碍，最终导致个体死亡。

关键词：大口黑鲈；高温耐受能力；组织损伤；基因表达；信号通路

资助项目：国家重点研发计划项目（2022YFD2400801）

*通讯作者，龙勇，副研究员，主要从事鱼类抗逆与应激分子机制研究

E-mail: longyong@ihb.ac.cn

无磷罗非鱼的创制

王雷辉，肖河生，陶文静，王德寿*

西南大学生命科学学院，淡水鱼类资源与生殖发育教育部重点实验室，西部（重庆）科学城种质创制大科学中心，重庆，400715

摘要：鱼类是人类重要的动物蛋白来源，然而鳞片的存在会增加鱼类的加工成本。罗非鱼肉质鲜美，蛋白质含量高，无肌间刺，是仅次于鲤科鱼类的世界上第二大养殖鱼类，镜鲤等无鳞天然突变体的存在为创制无磷罗非鱼提供了重要的参考。本研究首先通过茜素红染色探究了尼罗罗非鱼的鳞片发育过程，发现尼罗罗非鱼鳞片在受精后第 23 天左右开始形成，并在受精后 27 天左右发育完成。Ectodysplasin-A（EDA）是肿瘤坏死因子超家族的成员，在鳞片发育过程中具有重要作用，因此通过 RT-PCR 检测了 EDA 基因在尼罗罗非鱼各组织的表达水平，发现其在脑、皮肤、肾脏、肝脏、精巢、卵巢中均有表达，其中皮肤、卵巢、精巢中表达较高。整胚原位杂交结果显示 EDA 在鳞片着生的皮肤基质中高表达，并且 EDA 在罗非鱼 60 天、120 天、180 天以及 240 天鳞片转录组中不断上调。最后，通过 CRISPR/Cas9 基因编辑技术对尼罗罗非鱼的 EDA 基因进行突变，并建立纯合突变系，表型分析结果显示 EDA 突变会导致罗非鱼鳞片缺失。本研究创制了无鳞罗非鱼，同时也为探究鱼类鳞片发生及发育的分子机制提供了全新的模型，兼顾理论和应用价值。

关键词：EDA；尼罗罗非鱼；鳞片缺失；CRISPR/Cas9

基金项目：国家重点研发计划项目（No. 2022YFD1201600）、国家自然科学基金面上项目（No. 32373106、31872556）、中美（NSFC-NSF）生物多样性合作研究项目（No. 31861123001）、重庆市水产科技创新联盟（No. CQFTIU2024-08）。

*通讯作者，王德寿，男，博士，教授，博士生导师，主要从事罗非鱼经济性状遗传解析与育种研究，Tel: 023-68253005/13617606226，E-mail: wdeshou@swu.edu.cn.

全基因组关联分析改善斑鳢（*Channa maculata*）生长性状基因组选择的潜力

崔同心[1,2]，张晋[1,3]，欧密[1]，罗青[1]，费树站[1]，陈昆慈[1]，赵建[1,2,3]，刘海洋[1*]

1.中国水产科学研究院珠江水产研究所，广东广州，510380;

2. 浙江海洋大学水产学院，浙江舟山，310622;

3. 上海海洋大学水产与生命学院，上海，201306

摘要：斑鳢（*Channa maculata*）是我国重要的淡水经济鱼类，其生长性状是选择育种的核心。基因组选择（GS）已被证明是一种有效的育种方法，能够显著加快育种进程。在本研究中，我们使用 50K SNP 育种芯片对 790 尾斑鳢进行了基因分型，获得了 45,695 个高质量的 SNP。基于这些全基因组 SNPs，我们评估了其群体遗传结构和亲缘关系，并计算了体重和全长性状的遗传力，分别为 0.31 ± 0.07 和 0.29 ± 0.07。我们比较了四种基因组选择模型——GBLUP、BayesA、BayesB 和 BayesC 的预测能力，发现 GBLUP 模型对两个生长性状表现出不同的预测能力。此外基于全基因组关联分析（GWAS）筛选的 SNPs 可显著提高基因组选择的预测准确性。使用 GWAS 筛选的 SNPs 相比于使用所有 SNPs，体重性状的预测准确性可提高 35.90%，全长性状的预测准确性可提高 26.67%。此外，当采用随机选择的 SNPs 时，使用 1-3K 的 SNPs 即可达到与使用全部 SNPs 相似的预测效果。这些结果不仅强调了在斑鳢基因组中使用低密度 SNPs 的可行性，还突显了将 GWAS 与基因组选择在选择育种实践中的应用前景。本研究为斑鳢生长性状的基因组选择提供了重要的见解，也为基因组选择在水产物种中的应用提供了关键参考。

关键词：基因组选择、全基因组关联分析、生长性状、斑鳢

资助项目：财政部和农业部中国农业科研系统（CARS-46）、中国农业科学院中央公益性科研院所基础研究基金（2023TD37、2023SJHX2）、国家自然科学基金（32373127）、广东省乡村振兴战略专项资金（2022-SPY-00-016、2023-SJS-00-001）

*通讯作者，刘海洋,助理研究员，主要从事水产遗传育种

E-mail: hyliu@prfri.ac.cn

Comparative analysis of the intestinal flora of *Siniperca chuatsi* at different growth stages under three feeding practices

Yunyun Yan[1,2#], Fubao Wang[3#], Xiao Chen[1#], Junjian Dong[1], Fengying Gao[1], Hetong Zhang[1], Xing Ye[1], Chengbin Wu[2*], Chengfei Sun[1*]

1. Key Laboratory of Tropical and Subtropical Fishery Resources Application and Cultivation, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Pearl River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Guangzhou, Guangdong 510380, China
2. Ocean College, Hebei Agricultural University, Qinhuangdao 066000, China
3. Guangdong Special Aquatic Functional Feed Engineering Technology Research Center, Foshan Nanhai Jieda Feed Company, Ltd., Foshan Guangdong 528211, China

Abstract: The intestinal flora plays a key role in digestion and nutrient absorption, and its composition in fish can vary depending on feeding practices and growth stages. *Siniperca chuatsi* feeds on live bait throughout its life, and preliminary developments have been made for compound feed as an alternative to live bait in aquaculture. We investigated changes in the intestinal flora of *S. chuatsi* under three different feeding practices (live bait, compound feed, and mixed diet) at different growth stages by *16S rRNA* sequencing. A total of 4,220,390 valid sequences were obtained, clustered into 9,104 ASVs. The intestinal flora of *S. chuatsi* was dominated by Pseudomonadota, Firmicutes, and Bacteroidota. With growth, the α-diversity of the intestinal flora in the live bait group and mixed diet group significantly decreased ($p < 0.05$), while the α-diversity in the compound feed group did not change significantly ($p > 0.05$). There were no significant differences in α-diversity among the feeding practices at either one month or two months of age ($p > 0.05$). At three months of age, the α-diversity was significantly higher in the compound feed group compared to the mixed diet group or live bait group ($p < 0.05$). Functional prediction revealed that the carbohydrate metabolism pathway was most enriched in the compound feed group, while the amino acid metabolism pathway was most enriched in the live bait group. In the mixed diet group, both the amino acid metabolism and carbohydrate metabolism pathways were similarly enriched. A relatively high number of marker genera were observed in the compound feed group, of which *Stenotrophomonas* and *Cetobacterium* are potentially valuable in the application of feed additives for *S. chuatsi*. This study provides insights into the adaptation mechanisms of intestinal flora to compound feed, supporting diet domestication and the optimization of compound feed formulation for *S. chuatsi*.

Keywords: compound feed; live bait; intestinal flora; *16S rRNA* sequencing; *Siniperca chuatsi*

资助项目：国家重点研发计划（2023YFD2402900），国家自然科学基金（32002385, 32303030），国家现代农业产业技术体系（CARS-46），广东省重点领域研发计划项目（2021B0202020001），中国水产科学研究院基本科研业务费资助（2023TD95）

*通讯作者，孙成飞，副研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种
E-mail: scf@prfri.ac.cn

罗非鱼性腺中性别二态性表达 CircRNA 的筛选和鉴定

孙文政[1]，吴忧[2]，吴梦帆[1]，周林燕[1]，许建[1]，王德寿[2*]

1. 中国水产科学研究院 渔业工程研究所，北京 100141；

2. 西南大学 生命科学学院，重庆 400715

摘要：罗非鱼是世界性养殖鱼类，雄性比雌性生长快，罗非鱼性别决定与分化过程是雌雄通路中的转录因子、生长因子、类固醇激素等因子之间的相互拮抗过程。已有研究表明环状 RNA(CircRNA)可能作为 microRNA(miRNA)的海绵体结合 miRNA，进而调控靶向 mRNA 的表达。迄今为止，环状 RNA 在疾病发生和诊断等过程中发挥重要作用，但关于 CircRNA 参与鱼类性别分化调控的研究鲜有报导。为了进一步了解 CircRNA 在罗非鱼性腺分化中的作用，我们分别构建了 6 月龄罗非鱼精巢和卵巢的 6 个 CircRNA 文库，进行高通量测序筛选。结果显示，罗非鱼性腺中总共获得 6564 个 CircRNA，分别定位于罗非鱼的 22 条连锁群上。筛选鉴定出 226 个差异表达的 CircRNA（DEC），在精巢中高表达的有 108 个，卵巢中高表达的有 118 个。对这些 DEC 的来源基因进行 KEGG 分析发现，这些基因主要富集在 CAMP 信号通路和细胞粘附分子等。性别差异来源基因 DEC 主要富集在一系列性别分化通路，包括雌激素信号通路、卵母细胞减数分裂、代谢途径、类固醇激素生物合成等。我们重点关注了靶向性类固醇合成相关的几个 CircRNA 的网络通路，分别命名为 *circ-cyp19a1*-miR-7133-y-*cyp19a*、*circ-hsd3b7*-miR-100-y-*hsd3b7*、*circ-hsd17b12*-oni-miR-148-3p/oni-miR-727b-*hsd17b12* 和 *circ-cyp17a1-novel-m0296-5p/oni*-miR-148-3p-*cyp17a1*、*circ-dmrt2*-novel-m0194-5p-*dmrt2*、*circ-sox9*-novel-m0011-3p-*sox9*。综上，本研究初步揭示了 CircRNA 在罗非鱼性别分化过程中表达和功能，为深入研究鱼类性别分化的调控网络奠定基础。

关键词: 罗非鱼；CircRNA；性别二态性；性别分化

资助项目：罗非鱼性别决定细胞基础与性控技术研发(2023XT0201)

*通讯作者，王德寿，教授，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail: wdeshou@swu.edu.cn

半滑舌鳎组蛋白在精子发生中的功能研究

徐文腾[1,2*] 孙雪雪[1,2]

（1.中国水产科学研究院黄海水产研究所 海水养殖生物育种与可持续产出全国重点实验室
2.青岛海洋科技中心海洋渔业科学与食物产出过程功能实验室 山东 青岛 266071）

摘要：精子发生包括有丝分裂、减数分裂和精子形成 3 个阶段。精子发生过程中，会不断发生一系列时空特异性的表观遗传调控，其中组蛋白翻译后修饰（PTMs）已成为生殖专家的研究热点。组蛋白包括 H1、H2A、H2B、H3、H4 5 种，通常可以发生甲基化、磷酸化、乙酰化、泛素化等一种或多种 PTMs。但相比之下，组蛋白变体更容易被甲基化、磷酸化、乙酰化、泛素化修饰。同时,我们前期在半滑舌鳎雄鱼和伪雄鱼精巢中筛选出一系列基因，在转录本上存在差异，但蛋白序列的差异极小，而通过比较精巢磷酸化和泛素化蛋白，发现多个蛋白存在磷酸化和泛素化差异。在此基础上，雄鱼和伪雄鱼精巢中存在差异磷酸化和泛素化的组蛋白分别有 9 个和 12 个，但这些蛋白在翻译水平却无差异。为此，我们从中筛选出四个组蛋白基因 H1.1-like、H1.2-like、H3、H3.3-like 进行分析研究，克隆并验证了半滑舌鳎组蛋白 H1.1-like、H1.2-like、H3、H3.3-like 基因。H1.1-like、H1.2-like、H3、H3.3-like 基因的表达量在 2Y 时达到最高，表明其作用始于性腺发育后期。ISH 结果显示 H1.1-like、H1.2-like、H3、H3.3-like mRNA 主要定位于生殖细胞。siRNA 敲降后，tesk1、neurl3 表达下调，提示 H1.1-like、H1.2-like、H3、H3.3-like 基因可能在精子发生过程中起负调控作用，在雌鱼中的调控作用还有待研究。启动子活性验证表明 H1.1-like、H1.2-like、H3、H3.3-like 基因的启动子位于上游约 2000 bp 处，预测了几个与组蛋白相关的转录因子位点——YY1A、YY1B、C-JUN、JUNB，经验证其可能对 H1.1-like、H1.2-like、H3、H3.3-like 有负调控作用。原核表达显示其为可溶性蛋白，表达在上清。这些结果为半滑舌鳎性腺发育和精子发生的分子机制提供了遗传基础。

关键词：组蛋白 精子发生 组蛋白修饰 SIRNA 敲降 原核表达

资助项目：国家重点研发计划(2022YFD2400405)、国家自然科学基金项目(32072955)

*通讯作者，徐文腾，副研究员，Email: xuwt@ysfri.ac.cn

Nuclear Progestin Receptor is Essential for Female Fertility by Mediating Hif Signaling Pathway Nile tilapia (Ctenopharyngodon idellus)

XU Jian[1*], WU Zhuolin[1], ZHOU Linyan[1]

(1.Fisheries Engineering Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Beijing, China)

Abstract: Accumulating evidences suggested that the progestin, via nuclear receptor, plays a major role in fish ovulation. However, the underlying mechanisms of Pgr downstream signaling pathway involved in fish ovulation remain to be elucidated. In this study, the functions of Pgr in ovulation were investigated by using a *pgr*-null mutant line in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). Interestingly, abundant Pgr expression was detected in the follicular cells of ovary, and *in vitro* hCG incubation significantly induced Pgr expression in preovulatory follicles. Deficiency of Pgr resulted in ovarian hypertrophy and failure of ovulation with the decrease of *ptgs1* and *ptger4a* in the ovaries of adult female. Furthermore, abnormal decline of *lh* beta subunit gene expression in the pituitary, enhancement of serum DHP, testosterone and E2 level were found during spawning cycle in $pgr^{-/-}$ XX fish than $pgr^{+/+}$ fish. Interestingly, deficiency of Pgr led to a significant decrease of Amh expression under hCG treatment. Chip-qPCR results demonstrated the binding of Pgr to the promoter region of AMH. Finally, hCG treatments induced the significant up-regulation of Hif-Vegf, hba and hbcb genes expression in preovulatory follicles of ovaries of wild type female fish, indicating that hypoxia condition in the follicles might be indispensable for oocyte maturation and ovulation in fish. However, repression of LH-induced Hif-Vegf, hba and hbcb activation was observed in the ovary culture with hCG of $pgr^{-/-}$ fish, indicating that Pgr might be the critical mediator of LH-induced Hif-Vegf, hba and hbcb up-regulation to maintain hypoxia condition during ovulation. Taken together, our data demonstrated that Pgr deficiency led to anovulation which might result from the failure of hypoxia environment and decrease of AMH expression. Therefore, we hypothesized that Pgr is indispensable for fish ovulation by maintaining the hypoxia environment in pre-ovulatory follicular cells by stimulating Hif-vegf signaling pathway and AMH expression for folliculogenesis during spawning cycle.

Key words: Pgr; gene mutation; anovulation; Hypoxia

*通讯作者，许建，研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail: xu*@cafs.ac.cn

Multi-omics reveals *Leiocassis longirostris* testis developmental dynamics

Feng Qin [1], Gaohu Jun [1], Fan Liu [1], Hui Luo [1], Hua Ye [1,*]

1. Key Laboratory of Freshwater Fish Reproduction and Development (Ministry of Education), Key Laboratory of Aquatic Science of Chongqing, College of Fisheries, Southwest University, Chongqing 402460, China;

Abstract: The Chinese longsnout catfish (*Leiocassis longirostris*) is an important commercial freshwater fish in China. A comprehensive understanding of the mechanisms underlying testis development and spermatozoan ejaculation in this species can facilitate enhancements and refinements in artificial insemination techniques, ultimately leading to elevated fertilization and hatch rates. These outcomes are indispensable for fostering the growth of the fishery industry and satisfying market demands. However, current research on its testis development is limited to the morphological level. To enhance our understanding of the molecular regulatory mechanisms underlying the testis development of *L. longirostris*, we performed the integrated transcriptome and proteomics sequencing of the five stages of *L. longirostris* testes (Stage I to Stage V). Transcriptome analysis revealed that DEGs were involved in the TGF-beta signing pathway, MAPK signaling pathway, Wnt signaling pathway, ECM-receptor interaction, PI3K/Akt, etc. The specific roles of these DEGs in key biological processes such as germ cell proliferation, differentiation, meiosis, and spermatogenesis were also elucidated by GO functional enrichment analysis. Meanwhile, proteomics independently unveiled the dynamic alterations of DEPs within signaling pathways, encompassing the TGF-beta signaling pathway, the cell cycle, ubiquitin-mediated proteolysis, ECM-receptor interaction, and others.The GO enrichment analysis of DEPs supported that in DEGs. The combined analysis conducted in this study led to the identification of various potential regulatory factor. Notably, these include pcna, rps27a, cdc45, gins2, cdk1, and members belonging to the sox gene family. It also revealed genes specifically highly expressed in the testis at different developmental stages, such as wnt7a, pax6, and kiss1r. Our results could provide the basis for the investigation of the testicular development in *L. longirostris* and pivotal clues for elucidating the molecular mechanisms that govern the development of reproductive systems in fishes.

Keywords: *Leiocassis longirostris*, Testicular development, Transcriptome, Proteome

资助项目：国家重点研发计划(2022YFD2400903)；中国宜宾市双城合作科研资助项目(XNDX2022020004)；国家自然科学基金(32102831)；重庆市水产科学与技术创新重点项目(CQFTIU2024-09)

*通讯作者，叶华，教授，主要从事水产生物技术与遗传育种 E-mail: yhlh2000@126.com

AMPD1 Regulates IMP Synthesis in Muscle of Hybrid Bream and its SNPs Associated with IMP Content

Xu Zhehua[1,2], Xiao Qingqing[1,2], Liu Zhen[1,*], Mao Zhuangwen[1]

1 Fish Healthy Breeding Sub-center of State Key Laboratory of Freshwater Fish Developmental Biology, Hunan Provincial Key Laboratory of Nutrition and Quality Control of Aquatic Animals, Department of Biological and Chemical Engineering, Changsha University, Changsha, 410022, Hunan

2. State Key Laboratory of Developmental Biology of Freshwater Fish, College of Life Science, Hunan Normal University, Changsha 410081, PR China

Abstract: Inosine monophosphate acid (IMP) is an important umami substance in fish muscle. In the salvage synthesis pathway of IMP, *AMPD1* plays a key role for synthesis of IMP. To further investigate the relationship between single nucleotide polymorphisms (SNPs) in the *AMPD1* gene and IMP content in bream species, we obtained the full open reading frame (ORF) of 2160 bp for the *AMPD1* gene in hybrid bream (BBTB), encoding 719 amino acids. Homology analysis revealed that BBTB shares the highest homology of up to 99.9% with *Megalobrama amblycephala* (BSB). Phylogenetic tree analysis suggests that BBTB can be grouped with *Megalobrama amblycephala*, *Culter alburnus*, and *Ctenopharyngodon idellus*. Subsequent cellular experiments involved knockdown of *AMPD1* expression, which led to the suppression of IMP formation in BBTB muscle cells. To compensate for the reduced IMP synthesis due to *AMPD1* inhibition, the body may have activated the de novo IMP synthesis pathway to replenish IMP production. Sanger sequencing was employed for the identification and genotyping of single nucleotide polymorphisms (SNPs), uncovering four SNPs located in the 8th exon (g.9801 T>G), 16th exon (16920 T>C), and 3'UTR (g.16947 T>C, g.16984 G>T) of the gene from 100 bream individuals (50 BBTB and 50 BSB). Genetic polymorphism and correlation analysis demonstrated that all four SNPs are significantly associated with IMP content, with individuals of the homozygous genotype exhibiting significantly higher IMP content than those of the heterozygous genotype ($P<0.05$). Moreover, the proportion of homozygous genotypes in BBTB was significantly greater than in BSB ($P<0.05$). Additionally, three SNP loci (g.16920 T>C、g.16947 T>C and g.16984 G>T) showed strong pairwise linkage disequilibrium, and the homozygous haplotype TTG generated by these three SNPs had significantly higher IMP content than the heterozygous haplotype CCT. The findings indicate that the *AMPD1* gene positively regulates IMP synthesis in the muscle of BBTB and that there are SNPs associated with IMP content, suggesting its potential as a candidate gene for selecting and breeding bream with high IMP content.

Keywords: fish; muscle; inosine monophosphate acid; AMPD1; SNPs

资助项目：国家重点研发计划 (2022YFD2400600/2022YFD2400603)

*通讯作者，刘臻，教授，主要从事水生动物营养调控及健康养殖技术研究

E-mail: liuzhen_2015@sina.com

斑马鱼嗅觉受体基因 *ORA4* 在繁殖中的作用研究

田惠文，黄欣，关素华，杨惠敏，高泽霞，刘寒*

华中农业大学水产学院，农业农村部淡水生物繁殖重点实验室，湖北武汉 430070

摘要：嗅觉是鱼类感知外部环境的重要感官之一，在觅食、异性识别、繁殖和躲避捕食者等生命活动中发挥关键作用。本研究探讨了鱼类四大嗅觉受体基因家族之一的 ORAs（olfactory receptors related to class A GPCRs, ORAs）在其异性识别和繁殖中的作用。研究采用荧光定量 PCR 和整体原位杂交技术，明确了 *ORA4* 基因在斑马鱼不同组织和发育阶段的表达模式，通过构建 *ORA4* 基因的异源表达模型并结合免疫荧光和双荧光原位杂交技术筛选和鉴定出斑马鱼 *ORA4* 特异性结合的配体，进一步通过构建斑马鱼 *ORA4* 敲除模型（*ORA4*$^{-/-}$）研究其基因敲除后对斑马鱼繁殖行为的影响。结果表明，斑马鱼 *ORAs* 基因家族在斑马鱼的脑、嗅囊和性腺中均有表达，其中 *ORA4* 在斑马鱼幼鱼早期性腺细胞（5 dpf 和 10 dpf）中定位表达，也在性成熟的雄性斑马鱼性腺中显著高表达（$P<0.01$）。通过体外异源表达模型筛选，鉴定出前列腺素 E2（PGE_2）为 *ORA4* 的候选配体。pERK 免疫荧光和双荧光原位杂交结果显示，PGE_2 特异性激活了斑马鱼 *ORA4* 在嗅觉神经元中表达。行为学研究结果表明，*ORA4*$^{-/-}$斑马鱼产卵量相较于野生型显著降低（$P<0.01$），且雄性在繁殖行为中的追捕时间显著减少（$P<0.05$）。总之，本研究明确了斑马鱼 *ORA4* 特异识别的配体类型，证实了其在鱼类异性识别和繁殖中的关键作用，深化了对鱼类嗅觉识别机制的认知。

关键词：斑马鱼；嗅觉受体；ORAs；原位杂交；CRISPR/cas9

资助项目：国家自然科学基金项目（32273109），国家大宗淡水鱼类产业技术体系建设项目（CARS-45-01）

*通讯作者，刘寒，副教授，博士生导师，研究方向为水产动物遗传育种与繁殖

E-mail: liuhan@mail.hzau.edu.cn

UBX 调控 *Antp* 在拟穴青蟹幼体腹肢发育中作用机制研究

方保证[1] 张 银[1] 马洪雨[1*]

1. 汕头大学广东省海洋生物技术重点实验室，广东汕头，515063

摘要：拟穴青蟹 (*Scylla paramamosain*) 幼体发育过程中，腹肢的形成和发育是其变态发育中的关键生物学过程。腹肢的萌芽及进一步发育，不仅显著增强了幼体的运动和摄食能力，还扩大了其活动范围。然而，针对拟穴青蟹腹肢发育的分子调控机制研究较为匮乏。已有研究表明，Hox 基因 *Antp* 在甲壳类动物肢体发育中发挥重要作用，但其在腹肢形成中的具体功能及其上游调控因子的作用尚未不清晰。为此，本研究通过 RNA 干扰技术和分子生物学手段，探讨了 *Antp* 基因在拟穴青蟹腹肢发育中的功能及其上游调控机制，特别是 Ubx 转录因子对 *Antp* 的调控作用，旨在揭示腹肢发育的分子调控网络。首先，通过 RNAi 技术在腹肢发育的关键时期干扰 *Antp* 基因的表达，结果显示幼体腹肢发育迟缓且体积缩小，表明 *Antp* 在腹肢发育中起关键作用。随后，通过免疫组化和双荧光原位杂交技术，发现 *Ubx* 与 *Antp* 基因在蛋白和 mRNA 水平的表达位置高度重合，推测两者之间存在调控关系。最后，结合双荧光素酶报告系统和 ChIP-seq 技术进一步确认了 *Ubx* 与 *Antp* 的调控关系，结果表明 Ubx 转录因子与 *Antp* 基因结合，并对其产生负调控作用。本研究初步揭示了拟穴青蟹腹肢发育的分子调控机制，特别是 Ubx 对 Antp 的调控作用，为进一步探究甲壳类幼体发育的分子机制提供了理论依据和实验支持。

关键词：拟穴青蟹；腹肢发育；*Antp*；分子机制；调控

资助项目： 广东省基础与应用基础研究基金项目（2022A1515111151）

第一作者：方保证，男，硕士研究生，E-mail: 22bzfang@stu.edu.cn

通讯作者：马洪雨，男，博士，教授，博士生导师，主要从事海洋动物基因组与遗传育种学相关研究，E-mail: mahy@stu.edu.cn

四种饲料对可口革囊星虫（*Phascolosoma esculenta*）生长、营养组成的影响研究

刘彬辉[1]，张宁[2]，汤保贵[1*]

1. 广东海洋大学水产学院，广东湛江，524088

2. 广东海大集团股份有限公司，广东广州，511400

摘要:【目的】本研究旨在探讨不同饲料对可口革囊星虫（*Phascolosoma esculenta*）生长性能、体成分、脂肪酸和氨基酸组成以及生理生化特性的影响，以优化其养殖饲料配方。**【方法】**实验设置了四个处理组（CG、EG1、EG2、EG3），分别使用不同的饲料（发酵鸡粪、黄豆粉与玉米粉混合物、虾饲料、鳗鱼粉）。分别饲喂 60 天。通过监测增重率（WGR）、特定生长率（SGR）、体壁粗蛋白和脂肪含量、单不饱和及多不饱和脂肪酸组成、赖氨酸和异亮氨酸水平以及酸性磷酸酶（ACP）和碱性磷酸酶（AKP）活性等指标，评估饲料对星虫生长的影响。**【结果】**结果显示，EG2 组（虾饲料）的 WGR 和 SGR 显著高于其他三组（$P<0.05$），表明其对星虫生长的促进效果最佳。适宜的饲料蛋白质水平应在 17%-44%，碳水化合物水平应控制在 29%左右。体壁粗蛋白含量方面，CG 组和 EG1 组高于 EG2 和 EG3 组；而脂肪含量在各组间差异不大。单不饱和脂肪酸含量最高的是 CG 组，多不饱和脂肪酸含量最高的是 EG3 组。CG 组的芥酸含量显著高于其他组。赖氨酸水平为 0.86%时，ACP 和 AKP 活性较高；异亮氨酸水平在 0.26%时，GSH 水平和 CAT 活性较高。**【结论】**饲料中的蛋白质、碳水化合物、氨基酸水平及脂肪酸结构可以显著影响可口革囊星虫的生长性能和营养价值，为优化可口革囊星虫的养殖饲料配方提供了重要参考。

关键词：可口革囊星虫；饲料；体成分；酶活性

资助项目：广东省南美白对虾现代种业产业园（K22218）

*通讯作者，汤保贵，副教授，研究方向为水产动物养殖与遗传育种

E-mail: zjtbg@163.com

四种饲料对可口革囊星虫（*Phascolosoma esculenta*）稚虫生长及代谢的影响[1]

杨涵[1]，张宁[2]，张静[1]，汤保贵[1*]

1. 广东海洋大学水产学院，广东湛江，524088

2. 广东海大集团股份有限公司，广东广州，511400

摘要：可口革囊星虫（*Phascolosoma esculenta*），俗称泥丁，是一种经济价值，生态价值很高的新型水产养殖物种。为研究适宜可口革囊星虫生长的饲料，挑选养殖户常用的四种饲料即发酵鸡粪（CG）、黄豆、和玉米 1:1 混合粉（EG1）、虾饲料（EG2）和鳗鱼粉（EG3）来饲喂可口革囊星虫稚虫。结果表明，饲养 60 d 后，CG 组稚虫存活率显著低于其他饲料组($P < 0.05$)，其中 EG2 组稚虫存活率最高。EG2 组的增重率和特定生长率显著高于其他各组($P < 0.05$)。代谢组学分析表明，有 7 种代谢物存在显著差异(POS: 6;NEG: 1)。通路分析表明，15 条代谢通路涉及显著不同的代谢物(POS: 2;NEG: 13)，包括生物素代谢、视黄酸代谢、氧化磷酸化、丙酸盐代谢、硫代谢、柠檬酸循环（TCA 循环）、丙酮酸代谢、烟酸盐和烟酰胺代谢等。这些分析表明，两组的差异性代谢物主要集中在脂肪酸和氨基酸的代谢通路上，其中赖氨酸和棕榈酸的含量差异显著，影响脂肪的合成与积累，并且稚虫在 EG2 中的生物合成能力更强。本研究结果加深了我们对常用的四种饲料对可口革囊星虫稚虫生长性能影响的认识。

关键词：可口革囊星虫；生长性能；代谢组学；LC-MS

资助项目：广东省南美白对虾现代种业产业园（K22218）

*通讯作者，汤保贵，副教授，研究方向为水产动物养殖与遗传育种

E-mail: zjtbg@163.com

Hormonal regulation and environmental influences on ovarian development in crustaceans

Tariq Dildar[1], Hongyu Ma[1] *

1. Guangdong Provincial Key Laboratory of Marine Biotechnology, Shantou University, Shantou 515063, China

Abstract: The field of crustacean aquaculture is rapidly expanding globally, requiring a comprehensive understanding of their reproductive biology. This study delves into the complex environmental and physiological factors that regulate crustacean reproduction, with a particular emphasis on ovarian development. It highlights the crucial role of hormones and their intricate interactions, which allow crustaceans to adapt to diverse environmental conditions. Key environmental factors such as temperature, salinity, and photoperiod play crucial roles in reproductive success. Temperature is identified as the primary driver of gonadal maturation and oocyte development, while salinity significantly influences physiological processes like molting, oogenesis, and embryogenesis. Photoperiod, although less influential than temperature, impacts hormone regulation and vitellogenin synthesis. The hepatopancreas plays a vital role in storing and mobilizing energy reserves glycogen, lipids, and proteins which are essential for supporting vitellogenesis and oocyte maturation. Carotenoids, obtained through the diet, contribute to ovarian pigmentation, and protect developing oocytes through antioxidant activity. This comprehensive overview highlights the complex interplay of environmental conditions and internal energy reserves, emphasizing the importance of optimizing these factors for successful reproduction in crustaceans, both in natural environments and aquaculture.

Keywords: Embryogenesis; Ovarian maturation; Hepatopancreas; Vitellogenesis; Yolk proteins

第一作者：Tariq Dildar，E-mail: 21 tariq@stu.edu.cn
*通讯作者：马洪雨,教授，主要从事海洋动物基因组与遗传育种研究，E-mail: mahy@stu.edu.cn

OXCT1 基因在鱼类抗寒中的功能研究

张京平[1]，王洁[1]， 陈良标[1,2*]

1. 上海海洋大学水产与生命学院

2. 水产种质资源发掘与利用教育部重点实验室

摘要：琥珀酰辅酶 A:3-酮酸辅酶 A 转移酶 (3-oxoacid CoA-transferase 1, *OXCT1*) 定位于线粒体基质，是酮解的限速酶并参与生成乙酰辅酶 A 后进入三羧酸循环产生能量。通过对耐寒河鲀和不耐寒河鲀的 GWAS 分析发现 *OXCT1* 在两个群体中存在 SNP 突变。本研究对暗纹东方鲀 3-酮酸辅酶 A 转移酶 1（3-oxoacid CoA-transferase 1,*OXCT1*）基因编码区进行扩增以及氨基酸多重序列比对进行分析，对其组织分布和低温胁迫下的表达谱进行了分析。利用 CRISPR/Cas9 基因敲除技术构建 *OXCT1* 基因缺失的斑马鱼模型，研究了其在低温下的表型。然后构建 pTOL2-OXCT1-actin-EGFP 载体，利用显微注射技术获得了过表达 *OXCT1* 的转基因斑马鱼。结果表明：*OXCT1* 在暗纹东方鲀所有组织中均可检测到，低温胁迫下多组织表达量发生显著改变。*OXCT1* 敲除斑马鱼 F2 代纯合致死，降温后相对于野生型 $OXCT1^{+/-}$杂合子整体低温存活率更低，鳃和肝脏组织的组织损伤程度高，凋亡程度显著增加，同时通过 RT-PCR 分析脂质合成基因及凋亡相关基因表达发生改变。运动行为学实验发现：与 28℃相比，18℃低温下 WT 和 $OXCT1^{+/-}$斑马鱼的移动距离、平均速度和活跃度均降低，但 $OXCT1^{+/-}$斑马鱼均显著低于 WT 组。低温下过表达 *OXCT1* 转基因斑马鱼存活率增加，8℃低温胁迫后过表达斑马鱼鳃和肝脏组织的组织损伤程度低，凋亡程度显著低于野生型斑马鱼，行为学实验发现：与 28℃相比，18℃下过表达 *OXCT1* 斑马鱼无显著性改变。研究表明，*OXCT1* 基因是维持斑马鱼低温调控所需的重要基因，这为后续探究鱼类耐寒机制研究提供参考。

关键词：鱼类；*OXCT1*；低温耐受；基因敲除；过表达

资助项目： 国家自然科学基金重点项目（32130109）

*通讯作者，陈良标，教授，博士生导师，主要从事水产种质资源发掘 E-mail:lbchen@shou.edu.cn

基于转录组学和代谢组学探讨京尼平苷对红鳍东方鲀肝脏脂肪沉积作用的调控机制

孙浩然[1]，张俊杰[1*]

1. 新疆极端环境生物生态适应与进化重点实验室，新疆农业大学生命科学学院，新疆，乌鲁木齐，830052

摘要：脂肪是鱼类重要的营养素，饲料中添加适量的脂肪不仅可以节约蛋白原料,还可提升饲料效率,促进鱼体生长繁育。然而，过度使用高脂饲料易导致鱼体肝脏脂肪的过量沉积，引起组织损伤。本实验基于生理生化、组织学、转录组学和代谢组学探讨高脂饲料中添加京尼平苷对红鳍东方鲀（*Takifugu rubripes*）幼鱼生长和脂肪代谢的影响。实验选取 270 尾健康红鳍东方鲀幼鱼随机分为 3 组，每组设置 3 个重复，每个重复 30 尾鱼，分别投喂基础饲料（CON）、高脂饲料（HFD）以及添加 0.4g/kg 京尼平苷的高脂饲料（HFDG）。养殖红鳍东方鲀 8 周后，取样检测生长性能、血清生化指标和肝脏脂肪含量；对肝脏组织进行苏木素-伊红（HE）染色；收集肝脏组织进行转录组学和代谢组学检测，分析差异表达基因和差异代谢物，并对脂肪代谢相关基因表达量进行荧光定量分析。结果表明：京尼平苷显著降低了高脂饲料引起的红鳍东方鲀血清甘油三酯（TG）和总胆固醇（TC）水平，以及血清谷丙转氨酶（ALT）和谷草转氨酶（AST）活性；显著降低了肝脏粗脂肪、TC 和 TG 含量；降低了体成分粗脂肪含量。组织学结果显示京尼平苷显著减少了肝脏组织的空泡化。代谢组学分析显示京尼平苷影响了摄食高脂饲料红鳍东方鲀肝脏中 β-丙氨酸、牛磺胆酸和甘油二酯等代谢物的水平。转录组学分析表明京尼平苷的降脂作用与甘油酯信号通路、类固醇激素合成信号通路等密切相关；通过 qPCR 验证，京尼平苷对高脂饲料引起的肝脏脂肪合成相关差异基因（*lxr*、*srebp-1*、*fasn*、*acc* 等）和脂肪分解相关差异基因（*pparα*、*atgl*、*lpl* 等）mRNA 表达具有显著回调作用。综上所述，通过添加京尼平苷可调节甘油酯信号通路、减少脂质生成而抵消高脂饲料引起的这些不利影响。

关键词：红鳍东方鲀；京尼平苷；肝脏脂肪沉积；转录组学；代谢组学

资助项目：国家自然科学基金项目（32260915）；新疆自然科学基金项目（2022DO1A66）

*通讯作者，张俊杰，博士，副教授，主要从事鱼类生物学，E-mai:zhangiuii@sian.cn

Structure and function of vasa gene in gonad gametogenesis of Pacific abalone

LUO qi[1,2], KE caihuan[1,2*], GAO xiaolong[1,2*]

1. State Key Laboratory of Mariculture Breeding, Xiamen University, Xiamen, 361000

2. State Key Laboratory of Marine Environmental Science, Xiamen University, Xiamen, 361000

Abstract: Pacific abalone (*Haliotis discus hannai*) is a marine gastropod mollusc with significant economic importance in both global fisheries. However, studies exploring the gonad development of *Haliotis discus hannai* are limited. This study aimed to explore whether the vasa gene acted as a molecular marker for germ cells. Initially, the gene was successfully cloned. Then, a recombinant expression vector was constructed based on the Vasa protein. Subsequently, a polyclonal antibody was prepared using the purified recombinant protein. The enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) confirmed the titer of the antibody to be ≥512 K. The immunohistochemical analysis revealed that Vasa was widely expressed in germ cells. The specific expression of Vasa in the hermaphroditic gonads of abalone was assessed using western blotting to investigate the effects of different photoperiods (12L:12D, 24L:0D, 18L:6D, and 6L:18D) on the gonad development of abalone ($P < 0.05$), with higher expression levels observed in the ovarian proliferative and spermary maturing stages compared with other developmental stages ($P < 0.05$). Additionally, Vasa exhibited the highest expression in the gonad under a photoperiod of 18L:6D ($P < 0.05$). The findings might provide theoretical references for analyzing the differentiation pattern of abalone germ cells and the genetic improvement and conservation of germplasm resources.

Keywords: Gonad development; Pacific abalone; photoperiods; polyclonal antibody; Vasa

资助项目：国家自然科学基金（32273105, 32172961）；福建省种业创新与产业化项目（32273105）；国家重点研发计划（2018YFD0901401）；现代农业产业技术体系（CARS-49）。

*通讯作者，柯才焕，厦门大学特聘教授，主要从事水产生物技术与遗传育种；
*通讯作者，高霄龙，厦门大学特任研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种。
E-mail: chke@xmu.edu.cn

Hemocyanin-dependent redox modulation shapes shrimp immune defense and *Vibrio* dynamics

CHENG Jiawei[1], ZHANG Yueling[1*], ZHENG Zhihong[1*]

1. Guangdong Provincial Key Laboratory of Marine Biotechnology, Institute of Marine Sciences, Shantou University, Shantou 515063, China

Abstract: Redox reactions are essential for various biological processes, hence, maintaining redox homeostasis is critical for cellular health and host-microbe interactions, particularly in marine invertebrates, where these processes remain poorly understood. This study investigates the role of the respiratory protein hemocyanin in regulating redox-related genes, reactive oxygen species (ROS) levels in shrimp hemocytes, and its influence on immune function and hemolymph *Vibrio* abundance. Our results show that hemocyanin is crucial in the regulation of the redox system, as hemocyanin knockdown disrupts the expression of antioxidant (*Lv*POD and *Lv*GPX) and pro-oxidant (*Lv*XOX) genes, leading to elevated ROS levels in hemocytes. Additionally, we found that hemocyanin controls redox homeostasis in hemocytes through the p38-MAPK-c-Jun signaling pathway. Moreover, ROS levels regulated by hemocyanin via the MAPK pathway impacted on hemolymph *Vibrio* abundance. These findings highlight a crucial role of hemocyanin as an antioxidant that modulates redox balance in shrimp hemocytes, with significant implications for immune defense and microbial homeostasis, offering new insights into antioxidative mechanisms in marine invertebrates.

Keywords: Shrimp hemocyanin; Redox balance; ROS; p38-MAPK-c-Jun Pathway; Hemolymph microbiota

---

资助项目：国家自然科学基金联合基金(32202976，U22A20536)；广东省自然科学基金面上项目(2022A1515011149＆2024A1515011419)；广西自然科学基金面上项目(2023JJA130337)。

*通讯作者，章跃陵，博士，教授，博士生导师，主要从事对虾免疫生物学研究，Tel: 0754-86502580 13592865628，E-mail: zhangyl@stu.edu.cn.；

*通讯作者，郑志鸿，讲师，主要从事对虾免疫生物学研究，Tel: 13411956579，E-mail: zhengzh@stu.edu.cn.；

Study on the mechanism of miR-1317 mediated *Abd-A* gene in regulating the growth of abdominal limbs of mud crab larva (*Scylla paramamosain*)

SHI shihao[1],ZHANG Yin[1],MA Hongyu[1*]
1. Guangdong Provincial Key Laboratory of Marine Biotechnology, Shantou University, Shantou 515063.China

Abstract: Crustacean larval development is accompanied by significant changes in limb morphology, and elucidating the molecular regulatory mechanisms behind these changes is critical for understanding limb growth and development. Previous studies have shown that the Hox gene *Abd-A* is closely associated with the development of pleopods in *Scylla paramamosain* larvae, and its upstream regulatory factor miR-1317 binds to the 3'UTR region of *Abd-A*. The expression patterns of these two factors are negatively correlated at different stages of larval development. This study aims to investigate the regulatory mechanism of the miR-1317-*Abd-A* pathway in pleopod development. First, a dual-luciferase reporter assay combined with site-directed mutagenesis was used to confirm that miR-1317 binds to the 3'UTR of the *Abd-A* gene and exerts a negative regulatory effect. Next, whole-mount double-color fluorescence in situ hybridization was employed to detect the co-localization of miR-1317 and *Abd-A* in the abdominal region during the zoea III and IV stages, revealing the potential sites of function for the miR-1317-*Abd-A* pathway in larval abdominal development. Furthermore, through miR-1317 interference experiments during the critical period of pleopod growth, we observed that pleopod growth was enhanced, in contrast to the effects of *Abd-A* gene interference, indicating that the negative regulatory relationship between the two plays an important role in pleopod development. The findings of this study provide insights into the molecular mechanisms of *Abd-A* gene regulation in pleopod development in S. paramamosain larvae and offer a theoretical foundation and experimental support for further analysis of the regulatory mechanisms governing crustacean limb development.

Keywords: crustacean; genetic development process; abdominal limb growth; *Abd-A* gene; regulatory mechanism

*通讯作者：马洪雨，教授，主要从事海洋生物技术与遗传育种 E-mail：yeyuan@stu.edu.cn；mahy@stu.edu.cn

Multi-omics study of sex in greater amberjack (*Seriola dumerili*): identifying related genes, analyzing sex-biased expression, and developing sex-specific markers

Duo Li[1], Leilei Zeng[1], Weiwei Zhang[1], Qinghua Wang[1], Jinhui Wu[2], Chunhua Zhu[3,4], Zining Meng[1,*]

1. State Key Laboratory of Biocontrol/ China-ASEAN Belt and Road Joint Laboratory on Mariculture Technology/ Institute of Aquatic Economic Animals and Guangdong Provincial Key Laboratory of Aquatic Economic Animals, School of Life Sciences, Sun Yat-sen University, Guangzhou 510275, China

2. Agro-Tech Extension Center of Guangdong Province, Guangzhou 510520, China

3. Southern Marine Science and Engineering Guangdong Laboratory, Zhanjiang, 524025, China

4. Guangdong Research Center on Reproductive Control and Breeding Technology of Indigenous Valuable Fish, Species, Fisheries College, Guangdong Ocean University, Zhanjiang, 524088 China

Abstract: The greater amberjack (*Seriola dumerili*) is a valuable marine fish with significant breeding potential, but does not exhibit clear sexual dimorphism in morphology. Sex research and the development of sex identification technology are important for breeding purposes. Through genome-wide association analysis (GWAS), we identified one significant sex-related SNP and 18 candidate sex-related SNPs, then obtained one significant sex-related gene (*hsd17β1*) and 20 candidate sex-related genes (*hmbox1*, *ahcyl1*, *pdzd2*, etc.). Key sex-biased genes (*sox2*, *dmrt2*, *hsd17β3*, *rnf145*, *foxo3*, etc.) were identified in mature gonads by transcriptome analysis. These genes are important in greater amberjack sex determination and gonad development. In addition, we developed classical PCR and kompetitive allele-specific PCR (KASP) primers to identify the sex of greater amberjack, with an accuracy of 94.87% and 100%, respectively. The sex-specific markers can effectively determine the gender of greater amberjack and evaluate the sex ratio and reproductive potential of the breeding population.

Keywords: Seriola dumerili; sex-specific markers; sex determination

---

资助项目：广东海洋大学基金(030301022301)，广东省现代化海洋牧场适养品种核心技术攻关项目(2024-MRB-00-001)

*通讯作者：蒙子宁，副教授，主要从事鱼类种质分析、遗传育种工作，Email: mengzn@mail.sysu.edu.cn

高温应激对小黄鱼细胞凋亡相关基因的影响

刘四芳[1]，刘峰[2*]，楼宝[2*]

1 中国计量大学生命科学学院,浙江杭州 310018；
2 浙江省农业科学院水生生物研究所，浙江杭州，310021；

摘要：温度是影响鱼类生理功能的重要因素之一，高温会引发鱼体产生应激反应，影响鱼类的正常生长发育，甚至导致个体死亡。小黄鱼（*Larimichthys polyactis*）作为我国“四大海产”之一，具有非常重要的经济价值。为探究高温对小黄鱼肝脏内基因表达水平的影响。本实验对小黄鱼进行高温处理，取高温（32 ℃）处理后 6 h 及常温对照组（20 ℃）的肝脏进行转录组和蛋白质组测序分析，筛选到 5328 个差异表达基因（DEGs）和 198 个差异表达蛋白（DEPs），其中有 72 个基因在转录组和蛋白质组水平上均存在显著性差异表达，这些 DEGs/DEPs 主要富集在精氨酸生物合成（Arginine biosynthesis）、酪氨酸代谢（Tyrosine metabolism）、戊糖磷酸途径（Pentose phosphate pathway）、淀粉和蔗糖代谢（Starch and sucrose metabolism）以及内质网蛋白质加工（Protein processing in endoplasmic reticulum）等途径上，内质网应激是细胞凋亡的重要原因，对“内质网的蛋白质加工”途径上的基因进行筛选，选出内质网应激关键信号分子 *ire1α*、*eif2ak3* 及细胞凋亡相关基因 *chop* 进行高温胁迫不同时间小黄鱼肝脏中 mRNA 表达规律分析，结果显示，*ire1α* 随着 32 ℃高温处理时间的延长，呈先升高后下降的变化趋势，在 6 h 时表达量达到最高；说明 *ire1α* 在小黄鱼遭受高温胁迫过程中发挥了一定的调节作用。*eif2ak3* 和 *chop* 表达变化趋势一致，都是在达到 32℃的第 0 h 表达量最高，随着高温处理时间的延长，基因表达量逐渐下降，高温处理第 12 h 时，两基因的表达量均下降至与对照组无显著差异水平；推测 *eif2ak3-chop* 通路可能在高温应激响应的早期即开始发挥调节作用。本研究阐述了高温条件下，小黄鱼肝脏在基因表达水平的响应调节机制，研究结果为深入解析鱼类响应高温胁迫分子机制提供重要理论基础。

关键词：小黄鱼；高温应激；内质网应激；细胞凋亡相关基因

*资助项目：国家自然科学基金(32102765); 浙江省重点研发计划项目(2021C02055)
作者信息：刘四芳，中国计量大学生命科学学院，Tel:17630059810, E-mail: 1426883649@qq.com.
通讯作者，刘峰，男，博士，副研究员，主要从事海水鱼类育种，Tel:13867203542, E-mail: lengfeng0210@126.com.

Functions of two spliceosomes of the sex-determination gene *Dmrta2* during testis development of the mud crab *Scylla paramamosain*

ZHAO Zilin[1], CUI Wenxiao [1], Ma Hongyu [1]*

1. Guangdong Provincial Key Laboratory of Marine Biotechnology, Shantou University, Shantou 515063, China

Abstract: The *Dmrt* gene family is crucial for sex differentiation and gonadal development in animals, particularly in male gonads. This study identified the *Dmrta2* gene, which exhibits significant gender dimorphism and a high expression pattern in the testis of the mud crab, *Scylla paramamosain*. Our study reveals that the *Dmrta2* gene undergoes alternative splicing, resulting in two splice variants, *Dmrta2*-AS1 and *Dmrta2*-AS2, which show distinct expression patterns during testicular development. During the spermatogenic cycle, *Dmrta2*-AS1 reaches its highest expression level at the spermatozoa stage (T3), while *Dmrta2*-AS2 peaks at the spermatocyte stage (T2). Fluorescence in situ hybridization (FISH) results demonstrate that both spliceosomes are colocalized in the sperm matrix during the spermatogonia, spermatocyte, and spermatozoa stages. Additionally, they are colocalized in the acrosome during the spermatozoa stage. Functional analysis through knockdown experiments of *Dmrta2*-AS1 and *Dmrta2*-AS2 separately showed a significant reduction in the number of spermatozoa within the seminiferous tubules. These findings indicate that the two spliceosomes of *Dmrta2* are essential for proper testicular development in the mud crab, *Scylla paramamosain*. Our results suggest that the alternatively spliced forms of *Dmrta2* play pivotal roles in the regulation of spermatogenesis, thereby contributing to our understanding of the molecular mechanisms underlying testicular development in crustaceans.

Keywords: *Dmrta2*; Testicular development; Spermatogenesis; Decapod crustacean

---

资助项目：国家自然科学基金青年科学基金项(42206127)；广东省基础与应用基础研究基金省市联合基金-青年基金项目(2021A1515110514)；汕头大学科研启动经费项目(NTF22034)

第一作者：赵紫琳，女，在校研究生，E-mail: 22zlzhao@stu.edu.cn

*通讯作者：马洪雨，男，博士，教授，博士生导师，主要从事海洋动物基因组与遗传育种学相关研究，E-mail: mahy@stu.edu.cn

鄱阳湖刀鲚与短颌鲚天然杂交体发现及生境履历分析

孙中伟[1]，李乐康[2]，鲍宝龙[1*]

（1.上海海洋大学 水产与生命学院，上海 201306；

2.九江市农业科学院，江西 九江 332000）

摘要：刀鲚（*Coilia nasus*）与短颌鲚（*Coilia brachygnathus*）是两个形态相近的鲚属物种，上颌骨长度是区分成体刀鲚与短颌鲚的主要形态学特征，但难以对鱼苗进行区分。我们比较刀鲚与短颌鲚眼睛转录组发现刀鲚 *RH2A* 基因序列比短颌鲚多 6 个碱基（GAGTCG），可稳定区分刀鲚与短颌鲚成体和鱼苗，在鄱阳湖也发现有些个体能同时扩增出两条相差 6 碱基的 DNA 条带，经过测序验证后确定这类个体为刀鲚与短颌鲚的杂交体。杂交体可以根据上颌骨长度初步分为颌长与颌短个体，通过耳石微化学分析，发现杂交个体中存在跨河口洄游的颌长与颌短的个体。将该 *RH2A* 基因标记用于养殖刀鲚鱼苗的分型鉴定，同样发现存在短颌鲚与杂交体鱼苗，这说明在自然和养殖环境中，刀鲚与短颌鲚的杂交现象都是存在的。本研究首次发现存在天然的刀鲚与短颌鲚的杂交体并进行验证，且杂交体可以跨河口洄游，短颌鲚通过杂交影响长江刀鲚群体遗传多样性影响应引起高度重视。

关键词:刀鲚；短颌鲚；杂交体；分型鉴定；耳石微化学

基金项目：国家自然科学基金（32170514）、江西九江市科委项目

*通讯作者：鲍宝龙，上海海洋大学教授，发育生物学方向，E-mail：blbao@shou.edu.cn

adcy5 突变影响罗非鱼色素合成、吸收及色素体运输

李鹏，王德寿*

西南大学生命科学学院，淡水鱼类资源与生殖发育教育部重点实验室，

西部（重庆）科学城种质创制大科学中心，重庆，400715

摘要：动物的呈色是由色素细胞成色物质决定的，后者被一种囊泡状结构包裹，形成色素体，色素体向膜一侧运动，则色素细胞呈现分散状态，色素体向核一侧运动，则色素细胞呈现聚集状态。色素体的这种运动反应与细胞内环腺苷酸（cAMP）水平有关。而 cAMP 是由 α-促黑色素细胞激素（α-MSH）与黑素皮质素-1 受体（MCIR）结合后，激活下游腺苷酸环化酶（adenylyl cyclase, AC）催化合成。在本研究中，我们利用 CRISPR/Cas9 基因编辑技术，在尼罗罗非鱼（*Oreochromis niloticus*）中成功建立 *adcy5*$^{-/-}$ 纯合突变体，并进行表型分析，发现相较于野生鱼，突变体黑色素细胞、黄色素细胞以及红色素细胞均呈聚集状态，整体体色偏黄且无黑色竖纹。统计分析显示 *adcy5*$^{-/-}$与 WT 幼鱼和成鱼皮肤、鳞片及尾鳍的黑色素细胞数量无显著差异，说明 *adcy5* 突变并不影响黑色素细胞的增殖与存活。通过 Real-time PCR 检测 *adcy5*$^{-/-}$幼鱼和成鱼黑色素合成相关基因（*mitfa*、*tyrb*、*dct*）的表达水平，发现与 WT 相比，均显著降低。120 dpf（受精后天数，day post fertilization）时，对 WT 和 *adcy5*$^{-/-}$皮肤和尾鳍组织的黑色素及叶黄素含量进行测定，结果显示与 WT 相比，*adcy5*$^{-/-}$所选组织黑色素含量显著减少，叶黄素含量显著增加。因此，我们的研究表明 *adcy5* 在调节黑色素合成及色素颗粒分散中发挥了重要作用，同时也发现其在介导叶黄素吸收中的新作用。另外，本研究创制出的无黑色竖纹且体色偏黄的突变体，为后续创制罗非鱼体色改良新种质提供了有价值的指导。

关键词：*adcy5*；尼罗罗非鱼；黑色素合成；色素体分散；叶黄素

基金项目：国家重点研发计划项目（No. 2022YFD1201600）、国家自然科学基金面上项目（No. 32373106、31872556）、重庆市水产科技创新联盟（No. CQFTIU2024-08）。

*通讯作者，王德寿，男，博士，教授，博士生导师，主要从事罗非鱼经济性状遗传解析与育种研究，Tel: 023-68253005/13617606226，E-mail: wdeshou@swu.edu.cn.

小黄鱼肝脏响应盐度胁迫的转录组比较分析

刘浩文[1]，刘峰[2*]，楼宝[2*]

1 中国计量大学生命科学学院，浙江杭州，310018；

2 浙江省农业科学院水生生物研究所，浙江杭州，310021

摘要：水体盐度是影响鱼类生理功能的重要环境因子。为探究不同盐度对小黄鱼肝脏内基因表达水平的影响，本实验对小黄鱼进行高盐 (盐度为 34.5±0.4)、低盐 (盐度为 5.0±0.3) 胁迫，并取肝脏进行转录组学分析。结果表明，在 HS vs. CS 中共筛选到 1229 个、292 和 8 个差异表达基因 (DEGs) 、差异表达 lncRNA 和 lncRNA 靶向 DEGs；在 LS vs. CS 中共筛选到 945 个、184 个和 1 个 DEGs、差异表达 lncRNA 和 lncRNA 靶向 DEGs；在 HS vs. LS 中共筛选到 745 个、254 个和 1 个 DEGs、差异表达 lncRNA 和 lncRNA 靶向 DEGs。功能富集分析发现，HS vs. CS 组的 DEGs 显著富集于氨基酸代谢、PPAR 信号通路、氧化还原过程、蛋白质加工与转运、细胞凋亡、FoxO 信号通路、固有免疫应答、NOD 样受体信号通路、Toll 样受体信号通路、MAPK 信号通路等；而 LS vs. CS 组的 DEGs 显著富集于 TCA 循环、蛋白质加工与转运、NOD 样受体信号通路、细胞凋亡等通路，表明盐度胁迫条件下，小黄鱼肝脏中能量代谢、氧化应激、内质网应激、凋亡与自噬以及固有免疫应答等多个调控通路均参与机体调节。比较发现高盐度相较于低盐度小黄鱼体内所发生的响应调节过程所涉及到的机制更为复杂，表明小黄鱼对于不同盐度胁迫的响应机制存在一定差异。而在 lncRNA 靶向基因及靶向 DEGs 的功能富集中也出现与 DEGs 相近的功能通路。本研究系统阐述了盐度胁迫条件下，小黄鱼肝脏在基因表达水平的响应调节机制，为深入解析小黄鱼响应盐度变化的分子机制提供理论支撑。

关键词：小黄鱼; 肝脏; 盐度胁迫; 转录组; lncRNA

*资助项目：国家自然科学基金（32102765）；浙江省重点研发计划项目（2021C02055）
作者信息：刘浩文，男，硕士研究生，Tel:17609380840, E-mail: liuhaowenjy@qq.com.
通讯作者，刘峰，男，博士，副研究员，主要从事海水鱼类育种，Tel:13867203542, E-mail: lengfeng0210@126.com.

RNA 结合蛋白 Rbm46 在促进尼罗罗非鱼减数分裂起始中的功能与机制研究

李文博，柳兴永，代项燕，王德寿*

西南大学生命科学学院，淡水鱼类资源与生殖发育教育部重点实验室，西部（重庆）科学城种质创制大科学中心，重庆，400715

摘要： RBM 家族是指具有 RNA 识别基序（RRM）结构域的一类 RNA 结合蛋白，RNA 结合蛋白 46（RNA binding motif protein 46，Rbm46）是近年来新发现的一员，在小鼠的研究表明其促进了精原细胞有丝分裂向减数分裂的转变；而斑马鱼 *rbm46* 纯合突变体均发育成雄性且不育。由于斑马鱼早期发育要经过类卵巢阶段，因此对于 *rbm46* 在其他硬骨鱼类是否影响性别决定及在雌性生殖细胞减数分裂中的作用和机制还有待阐明。基于此，本研究在尼罗罗非鱼（*Oreochromis niloticus*）中开展了 *rbm46* 的时空表达模式分析及构建 *rbm46* 纯合突变系以进行功能分析。RT-PCR、qRT-PCR、转录组及原位杂交分析结果表明 *rbm46* 在精巢不同类型的生精细胞中特异表达，且高表达于初级和次级精母细胞；在卵巢中，*rbm46* 也特异表达于不同类型的雌性生殖细胞中，高表达于I、II时相卵泡。对三月龄 *rbm46* 纯合突变体性腺组织学分析发现，突变体精巢和卵巢体积相比野生型明显变小。突变体精巢中不同阶段的生精细胞缺失而呈现大量的空泡状结构，仅在边缘残存部分精原细胞。突变体卵巢中各时期的卵母细胞也大量缺失，仅存在少量的卵原细胞。这些结果表明 *rbm46* 不仅在罗非鱼生殖细胞的减数分裂中有重要作用，也表明其对生殖细胞的存活是必需的，但突变体后期是否会有部分生殖细胞能够继续发育还在研究中。此外，*rbm46* 突变导致生殖细胞缺失的原因和机制有待阐明。本研究加深了我们对 *rbm46* 在硬骨鱼类减数分裂中作用的认知，也有望通过控制该基因的表达实现养殖鱼类的育性控制。

关键词： *rbm46*；尼罗罗非鱼；减数分裂；细胞凋亡

资助项目： 国家重点研发计划项目（No. 2022YFD1201600）、国家自然科学基金面上项目（No. 32373106）、重庆市水产科技创新联盟项目（No. CQFTIU2024-08）

*通讯作者，王德寿，男，博士，教授，博士生导师，主要从事罗非鱼经济性状遗传解析与育种研究，Tel: 023-68253005/13617606226，E-mail: wdeshou@swu.edu.cn.

酪氨酸酶基因家族调控豹纹鳃棘鲈黑色素形成的功能机制研究

高欣[1,2]，王梦娅[1,2]，肖婕[1,2]，吴家怡[1,2]，王纯[1,2]，，汪波[1,2,3]，包振民[1,2,3]，胡景杰[1,2,3*]

1.中国海洋大学三亚海洋研究院,海南省热带水产种质重点实验室,海南三亚 572099;
2.中国海洋大学海洋生物遗传学与育种教育部重点实验室,山东青岛 266003;
3.海南省种业实验室，海南三亚 572025

摘要：豹纹鳃棘鲈（*Plectropomus leopardus*）野生个体体色鲜艳，呈现亮红色，全身布满蓝白色圆形斑点，在市场上受欢迎且需求量大。但其养殖个体体色暗淡，呈现黑色或棕色，严重影响其经济价值。因此，在人工养殖过程中维持鲜亮体色是当前豹纹鳃棘鲈水产养殖的重点问题。动物黑色素细胞的发生发育受黑色素合成相关基因的调控，其生物合成过程主要由酪氨酸酶（tyrosinase，TYR）和其相关蛋白酶调控。Mitf 是黑色素合成过程中的关键因子，能够通过直接与 tyr 基因家族启动子区 M-box 结构 E-box 区域 5'-CATGTG-3'序列结合，激活 TYR 的表达进而调控黑色素细胞发育，最终实现对体色的调控。本研究共鉴定到 5 个豹纹鳃棘鲈 tyr 基因家族成员，分别为 *tyr*、*tyr-like*、*tyrp1a*、*tyrp1b* 与 *tyrp2*，并通过荧光原位杂交揭示了 *mitfa* 与 *tyr-like* 的共定位现象最明显，进而通过双荧光素酶报告实验揭示了 *mitfa* 可能通过调控 *tyr*、*tyrp2* 以及 *tyr-like* 的转录活性来调控黑色素的形成，且 *tyr-like* 突变其启动子区第二个“E-box”区域（-131~-126bp）后，转录活性降低更为显著。此外，RNAi 抑制结果表明干扰 tyr 基因家族成员的表达均会显著降低皮肤中黑色素细胞的数量、密度及黑色素含量，其中 *tyr-like* 干扰组结果最为显著；进一步对 *tyr-like* 干扰组皮肤进行转录组分析发现，在 *tyr-like* 干扰组中下调的差异基因主要富集到的通路与黑色素合成相关，且与细胞凋亡相关的基因在 *tyr-like* 敲降组中显著上调，表明干扰 *tyr-like* 的表达影响了其皮肤黑色素的合成过程。综上，本研究深入解析了 tyr 基因家族在豹纹鳃棘鲈黑色素形成中的重要功能，对研究豹纹鳃棘鲈体色调控机理提供重要的理论依据。

关键词：豹纹鳃棘鲈；体色调控；酪氨酸酶基因家族；RNAi；黑色素合成

资助项目：山东省重大科技创新工程项目（2022ZLGX01）；海南省重点研发项目（ZDYF2021XDNY133）；海南省科技计划三亚崖州湾科技城自然科学基金联合项目（2021JJLH0074）。

*通讯作者，胡景杰，教授，主要从事海洋生物遗传育种与良种培育

E-mail: hujingjie@ouc.edu.cn

IGF2 调控豹纹鳃棘鲈肌肉生长的功能及分子机制解析

孙薏雯[1,2]，金超凡[1,2]，吴绍轩[1,2]，高玉瑞[1,2]，李培宇[1,2]，汪波[1,2,3*]，包振民[1,2,3]，胡景杰[1,2,3*]

1.中国海洋大学三亚海洋研究院, 海南省热带水产种质重点实验室, 海南 三亚 572099;

2.中国海洋大学海洋生物遗传学与育种教育部重点实验室, 山东 青岛 266003;

3.海南省种业实验室，海南三亚 572025

摘要：豹纹鳃棘鲈（*Plectropomus leopardus*），俗称东星斑，是我国重要的热带海水养殖经济鱼类之一。近年来，豹纹鳃棘鲈人工养殖过程中普遍存在生长速度缓慢且个体生长速度差异巨大的问题，严重影响了产业的健康发展。因此，解析豹纹鳃棘鲈生长的分子调控机制对指导生产和培育速生新品种具有重要意义。然而豹纹鳃棘鲈肌肉生长调控研究还较为薄弱，缺乏对关键调控基因的挖掘与功能解析。已有研究表明，类胰岛素生长因子 IGFs 已被证明是脊椎动物中影响肌肉生长发育的关键调控因子。本研究系统鉴定了豹纹鳃棘鲈 IGFs 成员：*igf1*、*igf2* 和 *igf3*，进一步应用生长差异群体分析鉴定出 *igf2* 为调控豹纹鳃棘鲈生长的潜在关键调控因子。si-IGF2 重组质粒进行活体投喂结果表明，投喂三十天后 si-IGF2 组肌肉中的新生肌纤维数量显著减少，且 si-IGF2 组中肌肉细胞增殖分化相关基因表达显著下调。同时，利用豹纹鳃棘鲈 IGF2 蛋白体外处理肌肉细胞后，细胞增殖速度显著提高，且增殖分化相关基因表达显著上调。si-IGF2 组和对照组肌肉转录组差异分析发现，*igf2* 主要通过影响糖代谢和脂代谢通路影响肌肉细胞增殖分化进而影响豹纹鳃棘鲈肌肉生长。本课题的研究有助于我们深入理解豹纹鳃棘鲈肌肉生长发育的分子调控机理，为水产养殖过程中加快其肌肉生长，达到增产增效的目的提供理论指导，同时也可以为其它鱼类的肌肉生长调控提供重要参考。

关键词：豹纹鳃棘鲈（*Plectropomus leopardus*）；类胰岛素生长因子 IGF2；肌肉细胞；生长；转录组

资助项目：“十四五”国家重点研发计划项目(2022YFD2400501)；海南省重点研发项目(ZDYF2024XDNY248)；海南省崖州湾科技城管理局重大科技项目(SKJC-2019-01-006)。

***通讯作者：**汪　　波，副教授，主要从事热带鱼类遗传与育种

胡景杰，教　　授，主要从事海洋生物遗传育种与良种培育

E-mail：wb@ouc.edu.cn; hujingjie@ouc.edu.cn

17α-甲基睾酮诱导的罗氏沼虾性腺发育及肠道微生物分析

刘付柏[1,2]、苏启遥[2]、洪坤浩[2]、魏捷[2]、王亚坤[2]、于凌云[2*]

1. 浙江海洋大学水产学院，浙江舟山 316022

2. 中国水产科学研究院珠江水产研究所，广东广州 510380

3.

摘要： 17α-甲基睾酮（MT）具有抑制卵巢、诱导精子发生的功能，在水产上已广泛用于鱼类的人工诱导性别逆转。本研究通过在基础饲料中添加不同浓度的MT，通过性别比例、组织学观察、生殖发育基因表达及肠道微生物多样性分析来评估饲料中添加 MT 对罗氏沼虾幼虾生长与性腺发育的影响。饲喂 60 天后，与其他组相比，1000 mg/kg MT 剂量的罗氏沼虾雄雌性别比例最高；而饲喂 150 天后，500 mg/kg MT 剂量雄雌性别比例转变为最高，而 1500 mg/kg MT 剂量的雄雌比例最低且精巢中的生殖细胞处于发育初期并发现性腺发育迟缓。肠道菌落分析发现：MT 的添加可显著提高罗氏沼虾肠道微生物的丰度并诱导了肠道微生物群落结构的显著变化。荧光定量分析证明：饲料中添加 MT 可以显著降低卵黄蛋白原（vitellogenin, *Vg*）、卵黄蛋白原受体（vitellogenin receptor, *Vgr*）和精子明胶酶（sperm gelatinase, *SG*）三个基因的表达水平 ($p < 0.05$)。本研究明确了饲料中添加 MT 对罗氏沼虾幼虾的生殖发育及肠道菌落的的影响，为甲壳类性别控制实施提供了的理论依据。

关键词：罗氏沼虾；甲基睾酮；性别分化；肠道微生物

资助项目：广东省省级乡村振兴战略专项资金种业振兴项目（2022-SPY-00-008）；广东省基础与应用基础研究基金项目（2023A1515010297）

*通讯作者，于凌云，副研究员，主要从事水产生物遗传育种

E-mail: lysnp@163.com

Effects of 17α-methyltestosterone on growth, sex differentiation, gonadal development and intestinal microbiome of *Macrobrachium rosenbergii*

LIUFU Bai, SU Qiyao[1,2], HONG Kunhao[2], WEI Jie[2], WANG Yakun[2], YU Lingyun[2*]

1.Zhejiang Ocean University, Zhejiang 316022

2.Pearl River Fisheries Research Institute,Guangzhou 510380

Abstract: The function of 17α-methyltestosterone (MT) includes the inhibition of ovaries and induction of spermatogenesis, making it widely used in fish for artificial sex reversal induction. In this study, various concentrations of MT were added to the basal diet to evaluate its effects on the growth and gonadal development of juvenile *Macrobrachium rosenbergii* through assessments such as sex ratio, histological observation, gene expression related to reproductive development, and analysis of intestinal microbial diversity. After a feeding period of 60 days, the group supplemented with 1000 mg/kg MT exhibited the highest sex ratio compared to other groups. Following a feeding period of 150 days, the group supplemented with 500 mg/kg MT had the highest sex ratio while the group supplemented with 1500 mg/kg MT had the lowest ratio; moreover, testicular germ cells were found to be in an early stage of development and gonad development was delayed. Intestinal colony analysis revealed that MT supplementation significantly increased intestinal microorganism abundance and induced notable changes in intestinal microbial community structure of *M. rosenbergii*. Related gene detection confirmed that dietary addition of MT can significantly reduce vitellogenin (Vg), vitellogenin receptor (Vgr), and sperm gelatinase (SG) gene expression levels ($p < 0.05$). This study provides insights into how dietary intake of MT affects reproductive development and intestinal microbiota in juvenile *M. rosenbergii* individuals, thereby offering a theoretical foundation for crustacean sex control implementation.

Keywords: *Macrobrachium rosenbergii*: 17α-methyltestosterone; Sex differentiation; Intestinal microbiota

---

资助项目：广东省省级乡村振兴战略专项资金种业振兴项目（2022-SPY-00-008）；广东省基础与应用基础研究基金项目（2023A1515010297）

*通讯作者，于凌云，副研究员，主要从事水产生物遗传育种

E-mail: lysnp@163.com

卵形鲳鲹促性腺激素 β 亚基的克隆鉴定及其受雌二醇的调控

黄春艳[1,2]，陈华谱[1,2,3*]，郭煜文[1,2]，王岩[1,2]，杨浩[1,2]，李广丽[1,2,3]

1. 广东省名特优鱼类生殖调控与繁育工程技术研究中心，广东 湛江 524088

2.广东省水产经济动物病原生物学及流行病学重点实验室，广东 湛江 524088；

3.广东海洋大学，水产学院，广东 湛江 524088

摘要：为评估 17β-雌二醇（E2，17β-estradiol）对卵形鲳鲹（*Trachinotus ovatus*）垂体组织中 *fshβ* 和 *lhβ* 基因表达的影响，进一步认识 GtH 与生殖轴的反馈调节机制。本研究通过克隆得到 *fshβ* 和 *lhβ* 基因的开放阅读框（ORF，open reading frame）序列，并收集卵形鲳鲹全组织进行 RNA 提取,使用实时荧光定量 PCR（qPCR，quantitative realtime PCR）分析 *fshβ* 和 *lhβ* 基因在不同组织中的表达水平。使用不同浓度 E2（0.1、1 和 10 μmol/L）体外培养卵形鲳鲹垂体组织 3、6 和 12 h 后，收集组织碎片进行 RNA 提取。最后使用含有 E2（10 μmol/L）和 ERs 拮抗剂（Fulvestrant、MPP dihydrochloride 和 Cyclofenil）体外培养卵形鲳鲹垂体组织，拮抗剂浓度均为为 1、10 和 100 μmol/L，6 h 后，收集组织碎片进行 RNA 提取。并使用 qPCR 分析 E2 处理后对其表达的影响。克隆得到的 *fshβ* ORF 长度为 363 bp，*lhβ* ORF 长度为 447 bp，qPCR 结果显示，*fshβ* 和 *lhβ* 基因在卵形鲳鲹的下丘脑-垂体-性腺轴（HPG，hypothalamus-pituitary-gonadal axis）显著表达，在垂体中的表达水平最高，其次是下丘脑和性腺；10 μmol/L E2 处理 6 h 后，GtH β 亚基基因的表达被极显著抑制。使用雌激素受体（ER，estrogen receptor）拮抗剂体外孵育卵形鲳鲹垂体组织后，三种拮抗剂均能够消除 E2 对 GtH β 亚基基因表达的抑制作用。GTH 在促进性腺发育和成熟过程中发挥重要作用，E2 负调控卵形鲳鲹 GtH β 亚基基因的表达。

关键词：卵形鲳鲹（Trachinotus ovatus）；促性腺激素（GtH）；雌激素受体（ER）；17β-雌二醇（E2）

基金项目：广东省重点领域研发计划（2021B0202020002）；湛江市科技计划（2022A01214）；阳江市科技计划（2022011, SDZX2023027，SDZX2021041）；广东省现代化海洋牧场适养品种核心技术攻关项目（2024-MRB-00-001）

通信作者：陈华谱（1983 年生），男；研究方向：鱼类生殖生长及性别调控；E-mail: chenhp@gdou.edu.cn

Effects of *Bacillus coagulans* on growth performance, digestive enzyme activity and intestinal flora of the juvenile fourfinger threadfin (*Eleutheronema tetradactylum*)

Anna Zheng[a], Jiaqin Hu[a], Shunmei Huang[d], Evodia Moses Mkulo[a], Minxuan Jin[a], Linjuan Wang[a], Huijuan Zhang[a], Baogui Tang[a], Hui Zhou[a], Bei Wang[a,c], Jiansheng Huang[a], Zhongliang Wang[a,b,c] *

a. College of Fisheries, Guangdong Ocean University, Zhanjiang, China
b. Agro-Tech Extension Center of Guangdong Province, Guangzhou, China
c. Guangdong Provincial Key Laboratory of Aquatic Animal Disease Control and Healthy Culture, Zhanjiang 524088, China, Zhanjiang, China
d. Zhuhai Longsheng Improved Fingerling Breeding Co., Ltd, Zhuhai, China

ABSTRACT The effects of *Bacillus coagulans* (BC) on growth performance, intestinal digestive enzyme activity, intestinal morphology, and intestinal flora of juvenile fourfinger threadfin (*Eleutheronema tetradactylum*) were investigated in the present study. Healthy juvenile *E. tetradactylum* with an initial body weight of 4.2 ± 0.5g were fed a basal diet sprayed with 1×108 cfu/g *B. coagulans* for 8 weeks. The differences in the feed conversion ratio, weight gain rate, specific growth rate, survival rate, and condition factor were significant ($P < 0.05$). In the experimental group, trypsin and amylase activities decreased significantly. Compared to the control group, the height of the intestinal villi was greater. Based on the function prediction analysis, the count values for the glycan biosynthesis, metabolism, and digestive system pathways were significantly increased in the experimental group ($P < 0.05$). These results indicate that dietary *B. coagulans* supplementation is effective in promoting the growth performance and intestinal health of juvenile *E. tetradactylum*.

Keywords *Eleutheronema tetradactylum*; *Bacillus coagulans*; Growth performance; Intestinal flora; Probiotics

资助项目：广东省现代化海洋牧场适养品种核心技术攻关项目（2024-MRB-00-001）

*通讯作者，王忠良，教授，主要从事水产经济动物功能基因与基因组学研究

E-mail: zhongliangwang@vip.163.com

中华鳖 T2T 基因组研究

赵如萍[1]，梁艺馨[1]，秦溱[1]，熊舒婷[1]，王晓清[1*]，胡亚洲[1*]

1. 湖南农业大学水产学院，湖南长沙 410128

摘要：中华鳖 (*Pelodiscus sinensis*) 作为是我国南方重要的名特优水产养殖品种，其肉质鲜美、营养丰富，广受消费者的青睐，具有较高的经济价值。但中华鳖的基础研究相对薄弱，缺乏高质量的全基因组信息，严重阻碍了中华鳖良种分子选育进程。因此，我们利用 PacBio HiFi 测序技术和 ONT ultra-long 测序技术对中华鳖 ZW 个体进行了全基因组测序，并结合 Hi-C 辅助组装技术获得中华鳖 T2T 水平的全基因组序列信息。最终挂载出 34 条染色体，同时成功鉴定出 Z 和 W 性染色体。然后经过 T2T 补洞和端粒延伸，组装出 34 条 0 gap 染色体。在 68 个端粒（34×2）中，成功组装出 63 个端粒。最后组装注释共识别到 21,124 个蛋白质编码基因，20,652 个基因（97.77%）在蛋白数据库中找到对应的功能注释。本研究为开展中华鳖经济性状的遗传解析、基因功能研究及分子育种等奠定了良好的理论基础。

关键词:中华鳖；T2T 基因组；功能注释；分子育种

资助项目：湖南省中华鳖种质创新研究与应用推广项目

*通讯作者，王晓清，二级教授，主要从事特种水产动物遗传育种研究；胡亚洲，副教授，主要从事两栖爬行类水产动物免疫调控与遗传育种研究

E-mail: wangxiao8258@126.com；huyazhou@hunau.edu.cn

半滑舌鳎神经营养因子受体酪氨酸激酶 NTRK 家族及其配体基因的鉴定和表达模式分析

王娜，王喆，张敏，石玉红

1. 中国水产科学研究院黄海水产研究所，山东青岛 266071；

2. 大连海洋大学，辽宁大连 116023

摘要：

半滑舌鳎（Cynoglossus semilaevis）是研究性别决定和性别生长异形机制的独特模型。前期转录组及 WGCNA 分析初步鉴定出与半滑舌鳎性别生长异形相关的 ntrk2 基因，哺乳动物中该基因是脑源性神经营养因子（bdnf）的受体，它的突变会导致肥胖及发育迟缓等疾病。为了深入理解 ntrk2 等基因在半滑舌鳎性别生长异形中的作用，本研究从全基因组水平开展了 ntrk 基因家族及其配体 bdnf 的成员鉴定、结构域及时空表达模式分析等。

本研究鉴定发现 6 个半滑舌鳎 ntrk 同源基因(ntrk1、ntrk2、ntrk2a、ntrk2b、ntrk3、ntrk3b)，分别位于半滑舌鳎的 6 条染色体上。其中，ntrk2 和 ntrk2a 亲缘关系较近，分别位于 w、z 性染色体上，并且与来自其他硬骨鱼的 ntrk2a 聚类。因此，我们将这两种蛋白分别命名为 ntrk2a-w 和 ntrk2a-z。相互作用网络预测结果显示，ntrk 可与 bdnf、NGFa、NGFb、FGFR 等生长发育相关的关键分子发生相互作用。定量 PCR 发现 ntrk2a-z 基因在雄性脑组织呈现高表达模式，ntrk2a-w 基因在雌性脑组织呈现较高表达。此外，本研究还探讨了 ntrk2 基因配体脑源性神经营养因子 bdnf 的结构，包含六个不同的转录本，并且在定量结果中显示脑组织中雄性表达高于雌性表达。本研究为深入分析 ntrk2 及其配体的功能提供了基础资料。

关键词: NTRK；半滑舌鳎；性别大小异形；BDNF

资助项目: 国家重点研发计划课题（2022YFF1000303）；山东省重点研发计划（2021LZGC028, 2023ZLYS02）；泰山学者青年专家项目（tsqn202211266）。

*通讯作者，王娜，研究员，主要从事鱼类细胞种质资源保存应用及功能基因组学研究；E-mail: wangna@ysfri.ac.cn

鱼类鳞片发育调控基因的筛选与功能研究

刘龙军，黄欣，高泽霞，刘寒*

华中农业大学水产学院，农业农村部淡水生物繁殖重点实验室，湖北武汉 430072

摘要：皮肤附属物是与皮肤表面相连的各种器官、组织或结构，在脊椎动物中包括毛发、汗腺、皮脂腺、羽毛、鳞片等。大多数硬骨鱼体表都覆盖大范围的鳞片，能降低外界对鱼体的伤害，同时与鱼类的运动、平衡、感知等方面密切相关。鱼鳞的发育过程十分复杂，并非由单个基因所调控，其分子调控机制尚不清晰。本研究通过有鳞鱼和无鳞鱼的比较基因组学分析，筛选出了有鳞鱼中鳞片发育相关候选基因，外胚层发育异常 A（Ectodysplasin A，eda）和骨形态发生蛋白 6（Bone morphogenetic protein 6，bmp6）。对代表性有鳞鱼和无鳞鱼的 *eda* 基因进行系统发育分析发现，该基因的结构在有鳞鱼和无鳞鱼之间差异较大。进一步，借助 CRISPR/cas9 基因编辑技术构建斑马鱼 *eda* 纯合突变体，形态学观察发现，$eda^{-/-}$ 斑马鱼鳞片几乎完全消失，同时还伴有鱼鳍畸形甚至消失、牙齿和鳃耙缺失、肌间刺长度减少等多种异常表型，但 $eda^{-/-}$突变体的体长与对照组相比无显著差异。实时荧光定量 PCR 结果显示，位于 Eda/Edar 信号通路上下游的基因，包括 *wnt10a*，*lrp6*，*edar*，*shha* 以及 *runx2b* 等基因在 $eda^{-/-}$突变体中的表达均显著下调。总之，本研究证实了 *eda* 是鱼类调控鳞片发育的关键基因，其突变会可能会导致有鳞鱼向无鳞鱼转变，但同时也影响其他骨骼的发育。

关键词：鳞片发育；比较基因组学；CRISPR/Cas9；*eda*

资助项目：国家大宗淡水鱼类产业技术体系建设项目（CARS-45-01）

*通讯作者，刘寒，副教授，博士生导师，研究方向为水产动物遗传育种与繁殖

E-mail: liuhan@mail.hzau.edu.cn

环境盐度对拟穴青蟹长链多不饱和脂肪酸合成的影响

庄丽[1,2]，袁野[1,2]，马洪雨[1,2*]

1. 汕头大学广东省海洋生物技术重点实验室，广东汕头，515063

2. 环南海地区重要海水养殖品种开发利用国际联合研究中心，汕头大学，汕头，515063

摘要：长链多不饱和脂肪酸（LC-PUFA）是生物生长发育过程中的必需脂肪酸，在能量储存、信号转导和膜流动性维持等方面具有重要作用。研究表明，不同生境和摄食习性的水生动物，其 LC-PUFA 内源性合成能力存在明显差异。环境盐度作为重要的环境因子之一，主要是通过调控 Fads 和 Elovls 基因的表达来影响 LC-PUFA 的合成。本研究旨在探究不同环境盐度对拟穴青蟹长链多不饱和脂肪酸 LC-PUFA 合成的影响，在不同盐度条件下（5 ppt，15 ppt 和 25 ppt）开展为期 4 周的养殖实验，结果表明环境盐度显著影响了青蟹肝胰腺的脂肪酸组成，25 ppt 盐度组青蟹肝胰腺的饱和脂肪酸含量显著高于 15 ppt 和 5 ppt 盐度组，而单不饱和脂肪酸、多不饱和脂肪酸和长链多不饱和脂肪酸含量则显著低于 15 ppt 和 5 ppt 盐度组。利用 qRT-PCR 技术检测 LC-PUFA 合成通路中的关键基因和关键转录因子的表达水平，结果显示 25 ppt 组青蟹肝胰腺 *elovl4*，*elovl5*，*elovl6*，*ecr* 和 *srebp1* 的表达量显著低于 15 ppt 和 5 ppt 组，*△6 fad* 在 25 ppt 组的表达量显著高于 15 ppt 和 5 ppt 组。上述结果初步表明，低盐会显著促进拟穴青蟹 LC-PUFA 合成相关基因的表达，显著提高肝胰腺中长链多不饱和脂肪酸的含量，这为后续探究环境盐度如何影响青蟹 LC-PUFA 合成能力的分子机制提供了研究基础和参考。

关键词：拟穴青蟹，环境盐度，LC-PUFA 内源性合成，Fads，Elovls

第一作者：庄丽，研究生，主要从事青蟹长链多不饱和脂肪酸合成相关研究

E-mail: 23lzhuang@stu.edu.cn

*通讯作者：马洪雨，教授，博士生导师，主要从事海洋动物基因组与遗传育种学相关研究

E-mail: mahy@stu.edu.cn

膳食磷虾对豹纹鳃棘鲈体色的影响及调控机制解析

吴家怡[1,2]，王梦娅[1,2]，王铭翊[1,2]，高欣[1,2]，王纯[1,2]，包振民[1,2,3]，汪波[1,2]，胡景杰[1,2,3*]

1. 中国海洋大学三亚海洋研究院, 海南省热带水产种质重点实验室, 海南 三亚 572099;

2. 中国海洋大学海洋生物遗传学与育种教育部重点实验室, 山东 青岛 266003;

3. 海南省种业实验室，海南三亚 572025

摘要：豹纹鳃棘鲈（*Plectropomus leopardus*）因其鲜艳的体色和鲜美的肉质而在沿海地区的人工养殖中备受青睐。但在人工养殖环境中，豹纹鳃棘鲈常呈现深褐色及浅粉色外观，造成其市场价值严重下降。近年来，国内外多个研究表明，红色的豹纹鳃棘鲈个体主要是类胡萝卜素的累积及黑色素的缺乏共同作用的结果。南极磷虾（*Euphausia superba*）富含磷脂和天然虾青素，对改善鱼类的脂质代谢和色素沉着至关重要。本研究以日粮中添加南极磷虾后出现体色分化的豹纹鳃棘鲈为研究对象，结合转录组测序技术及分子生物学技术，深入解析豹纹鳃棘鲈的体色调控机理。通过组织观察学发现，膳食南极磷虾能显著减少变红个体肝脏中空泡化和脂质积累以及皮肤中黑色素细胞的数量。综合分析体色差异豹纹鳃棘鲈的皮肤组织学特征以及色素含量测定结果得出，变红的豹纹鳃棘鲈个体皮肤中的黑色素细胞的含量显著低于未变红个体，而类胡萝卜素含量显著高于未变红个体。体色差异豹纹鳃棘鲈的肠道、肝脏和皮肤的转录组分析发现，肝脏中差异基因（DEGs）主要与类胡萝卜素的分解、代谢过程相关；肠道中的 DEGs 主要与类胡萝卜的吸收、转运过程相关；皮肤中的 DEGs 主要与类胡萝卜素的沉积过程相关。综上结果表明，红色个体肠道和肝脏对类胡萝卜素的吸收、转运和转化能力强于黑色个体，同时红色个体皮肤具有较强的类胡萝卜素的结合、积累能力。本研究系统解析了膳食磷虾导致豹纹鳃棘鲈体色表型变化的分子机制，对豹纹鳃棘鲈人工养殖和苗种培育过程中维持其稳定的红色体色具有实际意义。

关键词：豹纹鳃棘鲈；南极磷虾；皮肤；体色分化；类胡萝卜素

资助项目：“十四五”国家重点研发计划项目(2022YFD2400501)；海南省重点研发项目(ZDYF2021XDNY133)；三亚崖州湾科技城博士研究生科学研究基金项目(HSPHDSRF-2022-02-003)。

*通讯作者，胡景杰，教授，主要从事海洋生物遗传育种与良种培育

E-mail: hujingjie@ouc.edu.cn

草甘膦暴露导致克氏原螯虾缺氧的分子机制研究

牛瑞庚[1]，兰江风*
1. 山东农业大学动物医学院，山东泰安 271018

摘要：随着农作物与水产动物混合养殖模式的推广，水产动物面临更为频繁和严重的农药暴露风险。本研究使用草甘膦为农药刺激物，克氏原螯虾为动物模型，探索农药的使用对水产动物的影响及水产动物对农药的抗逆反应。通过行为学观察、病理分析和分子生物学实验等方法，发现草甘膦暴露对克氏原螯虾的健康状态造成一定程度的影响。草甘膦通过与直接克氏原螯虾血蓝蛋白结合，导致克氏原螯虾的缺氧。克氏原螯虾可以通过激活 MAPK 信号通路，促使 AP1 活化和入核水平增加，AP1 作为转录因子调控血蓝蛋白亚基的转录，从而提高血蓝蛋白的合成，缓解草甘膦带来的不利影响。本研究发现草甘膦暴露对动物损伤的分子靶标，并且揭示克氏原螯虾应对草甘膦暴露的机制，为水产养殖环境的处理及克氏原螯虾的品种选育提供理论参考。

关键词:草甘膦；克氏原螯虾；MAPK

资助项目： 国家重点研发计划(2022YFD2400703)，山东省现代农业技术体系-虾蟹体系。
*通讯作者，兰江风，教授， 博士生导师，山东农业大学动物医学院，主要从事虾蟹抗逆育种和疾病防控研究

E-mail: sjs15@163.com

菲律宾蛤仔抗弧菌耐受性的转录组分析

贾建鑫[1,2], 崔玉薇[1,2], 吴思润[1,2], 王瑞瑶[1,2], 李永超[1,2], 高昌盛[1,2]

1. 大连海洋大学，大连 116023

2. 辽宁省贝类良种繁育工程技术研究中心，大连 116023

摘要：菲律宾蛤仔（*Ruditapes philippinarum*）是我国海水养殖业的重要物种。然而近年来，菲律宾蛤仔的养殖受到了严重的限制。菲律宾蛤仔已经受到各种细菌病原体的不良影响。本研究利用 RT-PCR 技术筛选了对鳗弧菌攻击表现出不同水平抗性的菲律宾蛤仔，并使用 Illumina 测序平台进行了 RNA-seq。结果表明，鳗弧菌感染后，宿主免疫应答因子主要包括 C 型凝集素结构域、谷胱甘肽 S-转移酶 9、溶菌酶、甲基转移酶 FkbM 结构域、热休克蛋白 70 kDa、Ras-like 结合蛋白 RHO、C1q、F-box 和 BTB/POZ 结构域蛋白 zf-C_2H_2。测序结果与 qRT-PCR 验证基本一致，说明数据的准确性。此外，我们还发现鳗弧菌感染后，吞噬体途径中的凝集素基因表达水平显著升高，揭示了凝集素可能在鳗弧菌的免疫应答中起作用。通过分析菲律宾蛤仔的鳗弧菌抗性组和不抗性组，加深了我们对蛤仔中参与弧菌侵染相关抗性基因和关键通路的了解。本研究筛选出抗性的蛤仔表观遗传学状态可为选育良种蛤仔的提供新参考。

关键词：菲律宾蛤仔；鳗弧菌；RNA-seq 测序；分子机制；免疫反应

资助项目：大连市科技创新基金项目（2022JJ12SN054）。

作者简介：贾建鑫，男，硕士生，研究方向：贝类分子与遗传育种

E-mail: 1656021404@qq.com

Comprehensive analysis of pathology and miRNA-mRNA regulatory networks in the potential role of Ruditapes philippinarum against Vibrio anguillarum

JIA jianxin[1,2], WU Sirun[1,2], CUI Yuwei[1,2],WANG Ruiyao[1,2], GAO Changsheng[1,2], ZHANG Yunze[1,2], LI Yongchao[1,2], NIE Hongtao[1,2*],

1. Dalian Ocean University, Dalian 116023
2. Engineering and Technology Research Center of Shellfish Breeding in Liaoning Province, Dalian Ocean University, Dalian 116023

Abstract: Manila clam (*Ruditapes philippenarum*) is an important shellfish aquaculture product. The large-scale breeding of clams is often affected by *V. anguillarum* and causes large-scale death. However, the pathogenesis, immune response and metabolic pathway of *V. anguillarum* are still unclear. In this study, we found that the bacterial load in the hepatopancreas of *R. philippinarum* peaked at 2 d after *V. anguillarum* infection, and then gradually decreased, while the activity of lysozyme reached the peak at 12 h. Tissue section observation reveals that the infected hepatopancreas cells lost normal structure or necrosis. Additionally, six small RNA libraries were constructed using hepatopancreas of clams. A total of 15 differentially expressed (DE) microRNA (miRNA) were identified at 48 h after *V. anguillarum* infection, including 8 upregulated and 7 downregulated miRNAs. GO and KEGG enrichment results indicated the prediction of 48 known miRNAs and 127 new miRNAs, corresponding to 2,171 target genes. Functional annotations indicate significant changes in several signaling pathways, including endocytosis, bacterial recognition proteins, ubiquitin-mediated protein degradation, the FoxO pathway, and the mTOR pathway. The sequencing results were basically consistent with the qRT-PCR validation, indicating the accuracy of the data. This study provides a new idea to explore the immune regulation mechanism of shellfish after *V. anguillarum* infection, which brings important reference significance for modern immunological research.
Keywords: *Ruditapes philippinarum*; *Vibrio anguillarum*; High-throughput sequencing; Immune response

资助项目：大连市科技创新基金项目（2022JJ12SN054）。
* 通讯作者，聂鸿涛，教授，主要从事水产生物技术与遗传育种
E-mail: htnie@dlou.edu.cn.

Molecular Cloning of *LCP1* in Nile Tilapia (*Oreochromis niloticus*) and immune response against *Streptococcus agalactiae* stimulus

LI Wei-fu[1,2], YUAN Jia-yi [1,2], ZHANG Xiang-dong [1,2], WANG Zhi-wen[1,2], XIA Hong-li[1,2], LU Yi-shan[1,2*]

(1. Fisheries College of Guangdong Ocean University, Guangdong Provincial Key Laboratory of Aquatic Animal Disease Control and Healthy Culture, Zhanjiang 524088, China; 2. Shenzhen Institute of Guangdong Ocean University, Guangdong Provincial Engineering Research Center for Aquatic Animal Health Assessment, Shenzhen Public Service Platform for Evaluation of Marine Economic Animal Seedings，Shenzhen, 518120，China)

Abstract：【Objective】The *LCP1* gene plays a crucial role in the migration and activation of T and B cells, as well as in the activation of T cells, and it is a key player in the innate immune system of mammals. However, its function in fish has not been fully elucidated.【Method】The gene encoding *LCP1* from Nile tilapia was successfully cloned and named *OnLcp1*. Bioinformatics analysis was conducted on this gene, and its subcellular localization was determined. Dual luciferase reporter gene experiment was used to detect the impact of transcription factors such as NF-kB, STAT1, ISRE, IFN-1 and IFN-3 on promoter activity of *LCP1* gene. The expression pattern of *OnLcp1* mRNA in various tissues after the stimulation of *Streptococcus agalactiae* was studied using fluorescence quantitative PCR method.【Result】The results showed that *OnLcp1* comprised 1857 base pairs and encoded a 618-amino acid protein. The OnLcp1 protein contained EF-hand domains (calcium-binding domains) and two tandem actin-binding domains (actin-binding domains), with each actin domain containing two calmodulin homology (CH) domains. OnLcp1 was an extracellular protein without the transmembrane domain, and shared a highly similar three-dimensional structure with the human LCP1 protein, suggesting that its function may be conserved. In subcellular localization experiment, the *OnLcp1* was expressed in the cytoplasm of HEK-293T cells. Dual luciferase reporter gene experiment showed that the luciferase activity of *LCP1* gene promoter was significantly reduced in cells with overexpression of STAT1 ($p < 0.05$). *OnLcp1* was expressed in various tissues of healthy Nile tilapia, with the highest expression level in the spleen. After the stimulation of inactivated *S. agalactiae*, the expression of *OnLcp1* gene in immune organs significantly increased, indicating its potential involvement in the immune response against pathogenic bacteria.【Conclusion】 The result of this study will lay a strong foundation for the further research of LCP1 function in tilapia.

Keywords: Nile tilapia； *LCP1*； *Streptococcus agalactiae*； mRNA expression analysis

---

资助项目：广东省基础与应用基础研究基金（2021A1515110214）

通讯作者：鲁义善（1974-），男，教授，研究方向为水产经济动物病害防治。E-mail：fishdis@163.com

传统池塘与室内工厂化循环水养殖系统对 3-13 月龄大口黑鲈肌肉营养品质的影响

冯荻，王磊*

河南师范大学水产学院，新乡 453007

摘要：为揭示传统池塘（TP）与室内工厂化循环水养殖系统（RAS）养殖大口黑鲈（*Micropterus salmoides*）肌肉品质的差异。本实验对在两种养殖模式下养殖 10 个月的大口黑鲈肌肉的物理特性、营养成分和挥发性物质进行了比较分析。结果表明，在形体特征方面，两组在肥满度方面无显著差异（$P > 0.05$）。在物理特性方面， RAS组在咀嚼性、弹性、回复性等方面均显著高于TP组（$P < 0.05$），在肌纤维长径、短径、密度方面均极显著高于TP组（$P < 0.01$）。在肌肉营养成分方面， RAS组的灰分及粗蛋白含量均显著高于TP组（$P < 0.05$）；在脂肪酸含量方面， RAS组肌肉Σn－6 的含量显著低于TP组（$P < 0.05$），但Σn－3 、EPA（C20 : 5n－3）、DHA（C22 : 6n－3）含量均极显著高于TP组（$P < 0.01$）；在氨基酸含量方面，RAS组的谷氨酸、亮氨酸含量显著低于TP组， RAS组的组氨酸含量显著高于TP组（$P < 0.05$）。在挥发性物质方面，RAS组的（Z）-3-己烯-1-醇含量极显著高于TP组（$P < 0.01$），2-乙基己醇-M、2-乙基己醇-D、庚醛、丙酸异戊酯、1-辛烯-3-醇、环己酮、戊醛-M、3-甲基丁醛-M、丁醛、甲基吡嗪的含量极显著低于TP组（$P < 0.01$）。总之， RAS组的大口黑鲈肉质更紧致，粗蛋白含量更高且土腥味也更轻，TP组的Σn－6 及谷氨酸、亮氨酸含量更高，鲜味更重。结果表明，养殖模式会对大口黑鲈的物理特性、营养成分、挥发性物质产生较大影响，研究结果为今后室内工厂化循环水调控鱼类肌肉品质提供了参考。

关键词：大口黑鲈；传统池塘；工厂化循环水养殖系统；物理特性；肌肉品质

资助项目：国家自然科学基金（32102776）。

*通讯作者：王磊，男，博士，副教授，硕士生导师，主要从事循环水流速调控鱼类肌纤维形成机制的研究，Tel: 0373-3326530，E-mail: hnnuwl@163.com。

半滑舌鳎等生殖干细胞分化调控机制及移植应用研究

石玉红，张敏，王喆，王娜*

1. 海水养殖生物育种与可持续产出全国重点实验室（中国水产科学研究院黄海水产研究所），山东青岛 266071；

2. 浙江海洋大学水产学院, 浙江 舟山 316022

摘要：半滑舌鳎(*Cynoglossus semilaevis*)的雌鱼在早期生长过程中存在性逆转为伪雄鱼（ZW♀—ZW♂)的情况，其生长缓慢，制约半滑舌鳎养殖产业的发展。同时发现半滑舌鳎伪雄鱼中 W 精子不存活，而同属鲆鲽鱼类且也存在性逆转现象的大菱鲆目前实现了全雌苗种培育。本研究通过对四月龄半滑舌鳎雌鱼、雄鱼和伪雄鱼的性腺组织进行单细胞测序以此来探究 GSC 分化调控的机制；在性腺组织切片上用生殖干细胞标记基因 ddx4 作为抗体进行免疫荧光实验，同时对性腺组织切片染色观察；对四、五月龄半滑舌鳎性腺细胞进行体外培养，用 Percoll 密度梯度离心法进行分离纯化，密度层设为 10%、25%、35%、45%、50%，其中大量细胞在 35%密度层富集，在 25%和 45%密度层也有分布，进一步通过免疫荧光等实验确定生殖干细胞所在密度层和其数量；同时对初次性成熟半滑舌鳎雄鱼注射白消安，以此获得不育受体，为下一步生殖干细胞移植做准备。本研究针对半滑舌鳎性别决定及生殖发育过程的复杂性，从半滑舌鳎生殖干细胞（GSC）入手，对不同性别个体特别是伪雄鱼的分化调控机制进行研究，GSC 分离纯化及鉴定，GSC 移植技术建立优化等，以期揭示半滑舌鳎不同配子的分化调控机制，并为半滑舌鳎单性苗种培育研究提供新的思路。

关键词：半滑舌鳎，生殖干细胞，分化调控，移植

资助项目：泰山学者青年专家项目(tsqn202211266)；海水鱼类生产性状形成及调控网络研究(2022YFF1000303)

*通讯作者，王娜，研究员，研究方向为水产生物技术

E-mail: wangna@ysfri.ac.cn

大菱鲆 *figla* 基因的克隆及其在卵巢分化和早期发育过程中的表达分析

孙晓璇[1,2]，成路遥[1,3]，徐文腾[1]，刘新富[1]，张和森[4]，孟振[1*]

1. 中国水产科学研究院黄海水产研究所，山东青岛 266071；

2. 上海海洋大学水产与生命学院，上海 201306；

3. 浙江海洋大学水产学院，浙江舟山 316022；

4. 青岛通用水产养殖有限公司，山东青岛 266404

摘要：*Figla*（factor in the germ cell line alpha）是生殖细胞中特异性表达的转录因子之一，在鱼类卵巢发育中扮演着至关重要的角色，调控卵巢分化并抑制精子生成。为了明确大菱鲆 *figla* 基因序列及其在卵巢早期发育过程中的功能，本研究以全雌大菱鲆为实验对象，采用 cDNA 末端快速扩增（RACE）克隆获得大菱鲆 *figla* 基因的全长 cDNA 序列，并通过半定量 PCR、实时荧光定量 PCR（RT-PCR）、原位杂交（ISH）对其组织表达、卵巢早期发育过程中表达规律和表达定位进行了研究。结果显示，大菱鲆 figla 基因 cDNA 全长为 1006 bp，开放阅读框为 609 bp（150 bp-758 bp），共编码 202 个氨基酸，预测其分子量为 23 KD，理论等电点为 5.18；figla 在大菱鲆性腺中具有特异性表达，并且在卵巢中的表达水平高于精巢；在不同发育时期的卵巢中最早于孵化后 25 日龄(dph)检测到了 *figla* mRNA 的表达，并且该表达水平持续增加直至 120dph；此外，在原位杂交试验中观察到 figla mRNA 主要定位于卵母细胞内。*figla* 基因与大菱鲆卵巢分化和卵母细胞增殖密切相关，在促进卵泡发育和性腺分化方面起到关键作用。这些研究结果可为深入探索大菱鲆卵巢分化和发育的分子调控机制提供参考依据。开展 *figla* 基因功能研究不仅可以深化对鱼类性别决定和性腺发育机制的理解，还能为鱼类性别控制和养殖应用提供新思路和方法。

关键词：大菱鲆；*figla* 基因；基因克隆；卵巢分化

资助项目：国家重点研发计划课题(2022YFD2400402)、科技创新 2030（2023ZD0405505）和国家海水鱼产业技术体系(CARS-047)共同资助。

*通讯作者：孟振，副研究员，主要从事海水鱼类繁育。E-mail: mengzhen@ysfri.ac.cn

基于 BSA 全基因组重测序挖掘黄河鲤红体色性状相关候选基因

刘莹，王磊*

河南师范大学水产学院，新乡 453007

摘要：为了揭示黄河鲤（*Cyprinus carpio haematopterus*）同一家系中红体色变异的机制，本研究以同一水泥池养殖的同一家系正常体色与红体色的黄河鲤作为研究对象，通过混池分离分析法（Bulked segregant analysis,BSA）及全基因组重测序，将子代中具有极端表型的个体构建混池进行测序。对测序数据进行 SNP 检测后，通过连锁定位分析可知，连锁区域位于黄河鲤 25 号染色体上，跨度约为 10.1Mb，从 15,881,284bp 到 26,645,798bp。通过 GO 富集分析并结合文献调研，在此区域内共筛选出 4 个可能影响黄河鲤红体色产生的候选基因，分别为 *opn3*、*dkk1*、*vkind*、*lyst*。根据候选基因的突变位点设计特异性引物并对其 PCR 产物进行测序。结果发现，*opn3* 在红体色子代转录本 HHLG25g0668 对应的 cDNA8bp 处发生突变。在野生型个体中此位点 81.25%为 C，而在突变型中此位点均突变为 A，且对应蛋白的第 3 氨基酸由丝氨酸突变为酪氨酸。这表明 *opn3* 可能在黄河鲤红体色的发生中起到关键作用。研究结果为黄河鲤红体色相关基因的功能研究和新种质创新提供了理论依据。

关键词：黄河鲤；红体色；*opn3*；混池分离分析法；全基因组重测序

资助项目：国家自然科学基金(31602149)

*通讯作者，王磊，副教授，主要从事循环水流速调控鱼类肌纤维形成机制的研究，E-mail:hnnuwl@163.com。

九肋鳖多脊椎性状形成分子机制解析

姜澳[1]，王克峰[1]，秦溱[1]，王晓清[1*]， 胡亚洲[1*]

1. 湖南农业大学水产学院，湖南长沙 410128

摘要：本团队在湖南洞庭湖及沅江水域内开展中华鳖（*Pelodiscus sinensis*）种质资源调查, 发现中华鳖群体中存在“九肋鳖”,其占比为 2.2%-3.1%。九肋鳖背甲内胸椎数为 11 枚, 肋骨 9 对, 比常规中华鳖（下称八肋鳖）多 1 枚胸椎和 1 对肋骨。然而，中华鳖多脊椎性状形成原因仍不清晰。本研究利用高通量测序技术分别对一年龄八肋鳖、九肋鳖的骨骼样品进行转录组测序，以挖掘骨骼发育相关关键基因。结果显示，与八肋鳖相比，九肋鳖中 2,122 个基因差异表达，其中上调 920 个、下调 1,202 个。通过功能富集分析获得多个与骨骼肌发育相关的关键基因，包括 *SFRP2*、*ROCK2*、*PLCB4*、*WNT2B*、*CXXC4*、*NFATC4*、*NCOR2*、*MOSMO*、*ARRB1*、*PlCD3*、*PLA2G4B*、*HSPB1*、*PLA2G4E* 等。本研究为解析九肋鳖多脊椎性状形成分子机制及九肋鳖新品种培育提供了重要的理论基础。

关键词：中华鳖；多脊椎性状；转录组测序；差异表达基因

资助项目：湖南省中华鳖种质创新研究与应用推广项目

*通讯作者，王晓清，二级教授，主要从事特种水产动物遗传育种研究；胡亚洲，副教授，主要从事两栖爬行类水产动物免疫调控与遗传育种研究

E-mail: wangxiao8258@126.com；huyazhou@hunau.edu.cn

无磷罗非鱼的创制

王雷辉，肖河生，陶文静，王德寿*

西南大学生命科学学院，淡水鱼类资源与生殖发育教育部重点实验室，西部（重庆）科学城种质创制大科学中心，重庆，400715

摘要：鱼类是人类重要的动物蛋白来源，然而鳞片的存在会增加鱼类的加工成本。罗非鱼肉质鲜美，蛋白质含量高，无肌间刺，是仅次于鲤科鱼类的世界上第二大养殖鱼类，镜鲤等无鳞天然突变体的存在为创制无磷罗非鱼提供了重要的参考。本研究首先通过茜素红染色探究了尼罗罗非鱼的鳞片发育过程，发现尼罗罗非鱼鳞片在受精后第 23 天左右开始形成，并在受精后 27 天左右发育完成。Ectodysplasin-A（EDA）是肿瘤坏死因子超家族的成员，在鳞片发育过程中具有重要作用，因此通过 RT-PCR 检测了 EDA 基因在尼罗罗非鱼各组织的表达水平，发现其在脑、皮肤、肾脏、肝脏、精巢、卵巢中均有表达，其中皮肤、卵巢、精巢中表达较高。整胚原位杂交结果显示 EDA 在鳞片着生的皮肤基质中高表达，并且 EDA 在罗非鱼 60 天、120 天、180 天以及 240 天鳞片转录组中不断上调。最后，通过 CRISPR/Cas9 基因编辑技术对尼罗罗非鱼的 EDA 基因进行突变，并建立纯合突变系，表型分析结果显示 EDA 突变会导致罗非鱼鳞片缺失。本研究创制了无鳞罗非鱼，同时也为探究鱼类鳞片发生及发育的分子机制提供了全新的模型，兼顾理论和应用价值。

关键词：EDA；尼罗罗非鱼；鳞片缺失；CRISPR/Cas9

基金项目：国家重点研发计划项目（No. 2022YFD1201600）、国家自然科学基金面上项目（No. 32373106、31872556）、中美（NSFC-NSF）生物多样性合作研究项目（No. 31861123001）、重庆市水产科技创新联盟（No. CQFTIU2024-08）。

*通讯作者，王德寿，男，博士，教授，博士生导师，主要从事罗非鱼经济性状遗传解析与育种研究，Tel: 023-68253005/13617606226，E-mail: wdeshou@swu.edu.cn.

利用微卫星标记和 *Cytb* 基因分析大鳍鳠的遗传结构

侯彦岭[1]，叶欢[1]，岳华梅[1]，黄玲[1]，谢勇[2]，李创举[1*]

1.中国水产科学研究院长江水产研究所，湖北武汉 430223；
2.重庆市水产科学研究所，重庆 400020

摘要：为了解不同群体大鳍鳠遗传结构及其种质资源背景，采用 14 个多态性微卫星位点及线粒体细胞色素 b（*Cytb*）基因序列对来自 8 个不同群体共 195 尾大鳍鳠个体的遗传结构进行了初步研究。微卫星分析结果显示，8 个群体的等位基因数（Na）为 6.786~11.85，观测杂合度（Ho）为 0.697~0.830，群体间遗传分化系数（Fst）为 0.011~0.138。分子方差结果显示个体内部遗传变异（90%）是总变异的主要来源。基于遗传距离构建的 UPGMA 聚类图显示 5 个聚类支，YB、HH、YS 和 CQSS 各单独聚为一支，YC、SS、WH 和 NJ 四个群体聚为一支。基于贝叶斯的 Structure 聚类分析同样显示最有可能存在 5 个聚类，这与 UPGMA 聚类图显示一致。*Cytb* 基因序列分析结果显示，8 个群体单倍型数目（h）为 2~15，单倍型多样性（Hd）为 0.154~0.887，核酸多样性（π）为 0.0005~0.0108。群体结构分析显示，群体间发生了不同程度的分化，遗传分化系数为-0.01478～0.9137。群体中性检验 Tajima's*D*（-0.59467，P> 0.05）和 Fu's*Fs*（0.56621，P> 0.05）结果不显著，且错配分布图呈现多峰分布。研究结果将为大鳍鳠的遗传改良和种质资源管理等提供科学的参考依据。

关键词：大鳍鳠；微卫星；细胞色素 b（*Cytb*）基因；遗传多样性；种群结构

资助项目：国家重点研发计划子课题（2022YFD2400101）

*通讯作者，李创举，研究员，主要从事鱼类生殖发育与细胞工程研究

E-mail: lcj@yfi.ac.cn

半滑舌鳎 NPFF/NPFFR 系统鉴定、生殖生理功能及其作用机制研究

刘翰林[1,2,3]，李瑞雪[1,2,4]，陈华谱[3]，徐永江[1,2]，姜燕[1,2]，崔爱君[1,2]，王滨[1,2*]

1. 海水养殖生物育种与可持续产出全国重点实验室（中国水产科学研究院黄海水产研究所），青岛 266071

2. 青岛海洋科技中心海洋渔业科学与食物产出过程功能实验室，青岛 266237

3. 广东海洋大学水产学院，湛江 524000

4.中国海洋大学水产学院，青岛 266003

摘要：NPFF 是 RFamide 神经肽家族成员之一，于 1985 年从牛脑提取物内源性肽中分离得到的。前期研究证明 NPFF 参与哺乳动物生殖行为调控，但是其在鱼类生殖生理功能中作用知之甚少。本研究从半滑舌鳎中克隆了 *npff* 及其两个受体 *npffr2-1* 和 *npffr2-2* 基因。NPFF 多肽前体具有 22 个氨基酸的预测信号肽，并含有两种成熟的 RF 酰胺肽，即 NPFF 和 NPAF。组织分布结果表明，*npff*、*npffr2-1* 和 *npffr2-2* 都在脑和垂体中高表达，但在其他外周组织中的表达水平相对较低。腹腔注射 NPFF 和 NPAF 多肽能够不同影响半滑舌鳎脑、垂体和卵巢中生殖相关功能基因的表达。为了进一步探究其作用机制，构建了 pcDNA3.1-NPFFR2-1 和 pcDNA3.1-NPFFR2-2 质粒，通过双萤光素报告分析系统及药理学研究发现，NPFF 和 NPAF 均能够促进转染了 NPFFR2-1 和 NPFFR2-2 的 COS-7 细胞中 CRE-luc 与 SRE-luc 的活性，而对 NFAT-RE-luc 的活性没有显著影响。综上所述，NPFF/NPFFR 系统能够在脑-垂体-卵巢水平影响半滑舌鳎的生殖生理功能，并且 PKA 和 PKC 通路参与其中。

关键词: NPFF；NPFFR2-1；NPFFR2-2；腹腔注射；细胞转染

资助项目：国家自然科学基金 (32072949)
*通讯作者，王滨，副研究员，主要从事海水鱼类繁育理论与技术研究
E-mail: wangbin@ysfri.ac.cn

Genetic analysis of global Atlantic salmon populations and development of a haplotype reference panel for genotype imputation

Xiaofei Yu[1], Qifan Zeng[1], Yuxiang Liu[1], Bo Wang[1], Hendrik-Jan Megens[2], Lingzhao Fang[3], Jingjie Hu[1], Zhenmin Bao[1]

1. MOE Key Laboratory of Marine Genetics and Breeding, College of Marine Life Sciences, Ocean University of China, Qingdao, China

2. Animal Breeding and Genomics, Wageningen University & Research, Wageningen, the Netherlands.

3. Center for Quantitative Genetics and Genomics, Aarhus University, Aarhus, Denmark

Abstract

Atlantic salmon (*Salmo salar*) is one of the most recognized and economically important species within the Salmonidae family. Although genetic differences between farmed and wild salmon populations have been studied, variations across different geographic locations remain unclear. Genotype imputation is an effective method for acquiring a large number of genomic variants at a low cost. In this study, we identified over 40 million single nucleotide polymorphisms (SNPs) through whole-genome resequencing of 1499 individuals spanning 9 countries and 21 institutes. Linkage disequilibrium decay, nucleotide diversity and nucleotide diversity of Atlantic salmon populations from nine countries were estimated. To pinpoint potentially advantageous loci in Atlantic salmon, we analyzed selective sweeps by examining nucleotide diversity (θπ) and the fixation index (Fst) in a Chinese population (Guoxing). Using these high-coverage resequencing data, we constructed the most comprehensive haplotype reference panel for Atlantic salmon to date. This achievement promises to enable high-quality, cost-effective imputation methods. Our findings offer a robust toolkit and valuable insights for managing germplasm resources and guiding genome-driven breeding initiatives in Atlantic salmon.

Keywords: Global Atlantic salmon; Whole-genome resequencing; genetic parameters; Haplotype reference panel; Single nucleotide polymorphisms

---

资助项目：科技创新2030重大项目（2023ZD04055），山东省重点研发计划-重大科技创新工程（2022ZLGX01）

*通讯作者，包振民，院士，教授，专注于海洋生物遗传学与育种

Email：zmbao@ouc.edu.cn

Genetic basis analysis and genome prediction of swimming performance traits in juvenile spotted sea bass (*Lateolabrax maculatus*)

Hao Li [1], Chong Zhang [1], Haishen Wen [1], Xin Qi [1], Yani Dong [1], Cong Liu [1], Yonghang Zhang [1], Chunxiang Niu [1], Yun Li [1, 2, *]

1. Key Laboratory of Mariculture, Ministry of Education (KLMME), Ocean University of China, Qingdao 266003, China.

2. Sanya Oceanographic Institution, Ocean University of China, Sanya 572000, China.

Abstract： The swimming performance of fish is crucial for their survival, playing a significant role in enhancing disease resistance and facilitating stress recovery, particularly in aquaculture fish. Understanding the genetic basis of fish swimming performance is essential for its integration as a key trait in selection breeding programs, especially for deeper offshore aquaculture. Spotted sea bass, an economically important aquaculture fish species in China, exhibits euryhaline and eurythermic characteristics and has demonstrated substantial potential for deep-sea aquaculture. Therefore, in our study, the absolute critical swimming speed (a.U_{crit}) of juvenile spotted sea bass were assessed, ranging form 24.50 cm s^{-1} to 65.00 cm s^{-1}, and this range enabled the identification of individuals with superior and inferior swimming abilities within the test population. Based on whole-genome resequencing, genome-wide association studies (GWAS) were conducted for three phenotypes of swimming performance, identifying 25 associated SNPs and 85 candidate genes, indicating that it is a polygenetic trait influenced by multiple biological processes. The heritability estimates for a.U_{crit} and relative critical swimming speed (r.U_{crit}) were 0.21 ± 0.08 and 0.22 ± 0.08, respectively. Furthermore, the impact of various genomic selection (GS) models and SNP densities on prediction accuracy of swimming performance was evaluated using genomic prediction (GP). The SVM model is recommended for continuous trait prediction of swimming performance, especially when SNP densities ranges between 500 and 50K, as it provides more accurate, efficient and stable predictions. Our research further enhances the understanding of the genetic basis of fish swimming performance and holds promise for improving productivity in deep-sea aquaculture through genomic selection.

Keywords: Deeper offshore aquaculture; *Lateolabrax maculatus*; Swimming performance; GWAS; Genomic selection.

资助项目： 国家重点研发计划（2022YFD2400103）；国家海水鱼产业技术体系（CARS-47）

*通讯作者，李昀，教授，博士生导师，主要从事水产鱼类经济性状解析与遗传育种
E-mail: yunli0116@ouc.edu.cn

Genome-wide identification of GH/PRL/SL family and their receptors

Min Zhang，Zhangfan Chen, Yuhong Shi , Zhe Wang, Na Wang*
1. Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071

Abstract: The Chinese tongue sole (*Cynoglossus semilaevis*) is a marine flatfish of significant economic value, characterized by pronounced female-biased sexual size dimorphism (SSD). ScRNA-seq has revealed that sexual differences of cell number and gene expression within the PIT-1 lineage of the pituitary gland are essential for interpreting its female-biased SSD. Among hormones secreted by PIT-1 cell lineage, growth hormone (GH), prolactin (PRL), prolactin 2 (PRL2), and somatolactin (SL) comprise a gene family within the extensive superfamily of class-1 helical cytokines. To better understand the function of the gh/prl/sl family in teleost SSD, we identified the members of the gh/prl/sl family and their receptors at the genome-wide level. As a result, five genes from the gh/prl family (gh, sl, prl, prl-like, and prl2) and their receptors (ghra, ghrb, prlra, and prlrb) were identified from *C. semilaevis*. Their open reading frame sequences ranged from 603 to 762 bp and from 1334 to 1902 bp, encoding 200–253 amino acids, respectively. Phylogenetic and structural analyses revealed that the gh/prl family is clustered into five groups, while the receptors were clustered into four distinct groups. Interaction network predictions indicated that GH, PRL, and SL may interact to collectively contribute to individual growth and development. Additionally, the transcripts of the gh/prl family and their receptors exhibited varying abundances in the pituitary, brain, gonad, and liver of both female and male *C. semilaevis*, with most genes showing the highest abundance in the female pituitary. Furthermore, GH and SL were found to be maternally expressed. In situ hybridization revealed the presence of PRL, SL, and GH signals in the rostral pars distalis, pars intermedia, and proximal pars distalis regions of pituitary tissue. Notably, knockdown of *gh* gene by RNAi in *C. semilaevis* pituitary cell line resulted in the upregulation of PRL and SL. This study provided a foundation for further functional characterization of the gh/prl gene family, contributing to a deeper understanding of the growth and reproductive mechanisms in *C. semilaevis*.

Keywords: Gh/prl family receptors, growth hormone, prolactin, somatolactin-α, Chinese tongue sole *(Cynoglossus semilaevis*), pituitary.

资助项目： 农业生物育种重大专项（2023ZD0406），国家重点研发计划课题（2022YFF1000303）；国家自然科学基金（32230107）；山东省重点研发计划（2021LZGC028, 2023ZLYS02）；泰山学者青年专家项目（tsqn202211266）。

*通讯作者，王娜，研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail: wangna@ysfri.ac.cn

Dynamic changes in pigmentation-related gene expression during morphogenesis in *Plectropomus leopardus* revealed by comparative transcriptome analysis

Xi Liu[1], Huiqing Zhang[1], Kaixiang Zhang[1], Xianwu Deng[1], Changqing He[1], Huapu Chen[1,3,4], Guangli Li[1,3,4], Chunhua Zhu[1,2], Mouyan Jiang[1*]

[1]Fisheries College, Guangdong Ocean University, Zhanjiang, 524088, China

[2]Development and Research Center for Biological Marine Resources, Southern Marine Science and Engineering Guangdong Laboratory (Zhanjiang), Zhanjiang, 524006, China

[3]Guangdong Research Center on Reproductive Control and Breeding Technology of Indigenous Valuable Fish Species, Guangdong Ocean University, Zhanjiang, 524088, China

[4]Guangdong Provincial Engineering Laboratory for Mariculture Organism Breeding, Guangdong Ocean University, Zhanjiang, 524088, China

Abstract: *Plectropomus leopardus* is a valuable marine aquaculture fish, prized by consumers for its high nutritional value and gorgeous appearance. The economic significance of this species is largely influenced by its body color, prompting researchers to become increasingly interested in understanding the mechanisms behind its color formation. However, previous studies have mainly focused on the molecular mechanisms of body color formation during the adult stage of this species. In this study, it was observed that the body color of *P. leopardus* undergoes four distinct stages during early morphogenesis: transparent (PT), red (PR), red with spots (PRS), and brown with spots (PBS). The *L*a*b** values of skin at each stage differ significantly. The number and distribution of erythrophores and melanophores play a crucial role in determining the body colors of *P. leopardus*. Transcriptome analysis of the skin at these stages revealed multiple differentially expressed genes (DEGs) and signaling pathways related to pigmentation. These pigmentation-related DEGs can be categorized into carotenoid metabolism-related genes (e.g., *scarb1, ldlr, plin2, apod, ttc39b*, etc), melanin synthesis-related genes (e.g., *tyr, tyrp1, dct, pmel, slc7a11*, etc), and genes related to pigment cell development (*pnp, ednrb, csf1r1, sox10, bnc2*). GO and KEGG enrichment analysis indicated that processes like melanin synthesis (e.g., wnt signal pathway, melanogenesis, tyrosine metabolism, etc.), lipid metabolism (e.g., cholesterol metabolism, linoleic acid metabolism, arachidonic metabolism, fatty acid biosynthesis, etc.), and pigment cell development (e.g., pigment cell differentiation, cell development, etc.) are likely involved in the body color formation in *P. leopardus*. Finally, we proposed a hypothesis regarding carotenoid metabolism in erythrophores and melanin synthesis in melanophores of *P. leopardus* skin, drawing from existing research reports and transcriptome data. Overall, this study provides a new perspective on the molecular regulatory mechanisms of body color formation in *P. leopardus*, laying a theoretical foundation for molecular-assisted breeding of body color traits in this species.

Keywords: *Plectropomus leopardus*; Pigmentation; Carotenoid metabolism; Melanin synthesis; Pigment cell development

资助项目：广东省科技计划项目(2023B0202010016)；广东现代海洋牧场候选种育种技术研究项目(2024-MRB-00-001)

*通讯作者：蒋谋炎，副教授，从事鱼类分子遗传育种、鱼类性别控制育种和鱼类生殖发育调控等研究

Email: jiangmouyan@gdou.edu.cn

Genetic insights into hypoxia tolerance in silver sillago (*Sillago sihama*) through QTL mapping and SNP association analysis

YE Minghui[1,2], KONG Lingwei[1], JIAN Zhenghao[1], QIU Zhongqi[1], LIN Xinghua[1,2], ZHANG Yulei[1,2], HUANG Yang[1,2], LI Guangli[1,2], TIAN Changxu[1,2*]

1. Fisheries College, Guangdong Ocean University, Zhanjiang 524088

2. Guangdong Research Center on Reproductive Control and Breeding Technology of Indigenous Valuable Fish Species, Guangdong Provincial Engineering Laboratory for Mariculture Organism Breeding, Guangdong Provincial Key Lab of Pathogenic Biology and Epidemiology for Aquatic Economic Animals, Zhanjiang 524088

Abstract: Oxygen is vital for the survival, growth, development, and reproduction of organisms. This study investigates the genetic basis of hypoxia tolerance in the silver sillago (*Sillago sihama*), a species highly valued in aquaculture despite its traditional susceptibility to low oxygen environments. By employing quantitative trait locus (QTL) mapping and single nucleotide polymorphism (SNP) association studies, the study enhances our comprehension of the genetic factors involved in hypoxia tolerance. Six QTLs associated with hypoxia tolerance have been identified, spanning five distinct linkage groups. Enrichment analyses highlighted important biological processes and pathways, particularly those related to potassium ion transport and cytochrome P450-mediated drug metabolism, which play a critical role in responding to hypoxia stress. Seven candidate genes have been identified as relevant to hypoxia tolerance: *cyp20a1, mgst3b, kcnh2, cluh, adk, xdh,* and *slc19a2*. Notably, the SNP association analysis has identified 13 SNPs within the *mgst3b* gene, with five SNPs (*g.583T>C, g.611A>G, g.629T>A, g.633T>A, g.937A>G*) showing a significant association with hypoxia tolerance. This study sheds light on the molecular mechanisms underlying hypoxia tolerance and suggests potential genetic markers that could be used to enhance *S. sihama*'s ability to withstand hypoxic conditions through selective breeding, providing valuable insights for the improvement of sustainable aquaculture practices.

Keywords: *Sillago sihama*; Quantitative trait locus (QTL) mapping; Hypoxia tolerance; Glutathione S-transferase (GST); Single nucleotide polymorphisms (SNPs)

资助项目：广东省基础与应用基础研究基金项目（2021A1515010733），广东省教育厅项目（2023KTSCX042）。

第一作者，叶明慧，研究生，广东海洋大学，18475872948，E-mail: ymh868860@163.com

*通讯作者，田昌绪，副教授，主要从事鱼类分子遗传育种，E-mail: tiancx@gdou.edu.cn

Decoding the role of *HIF-1α* in immunoregulation in *Litopenaeus vannamei* under hypoxic stress

Jia L. Men[1], Yi J. Xue[1], Ying Fu[1], Xue Bai[1], Xiao B. Wang[1], Hai L. Zhou[1,2,3*]

1. School of Life and Health Sciences, Hainan University, Haikou, 570228, China
2. One Health Institute, Hainan University, Haikou, Hainan, 570228, China
3. State Key Laboratory of South China Sea Marine Resource Utilization, Hainan University, Haikou 570228, China

Abstract: Hypoxia poses a significant challenge to aquatic organisms, especially *Litopenaeus vannamei (L. vannamei)*, which play a vital role in the global aquaculture industry. Hypoxia-inducible factor 1α (HIF-1α) is a pivotal regulator of the organism's adaptation to hypoxic conditions. To understand of how HIF-1α affects the immunity of *L. vannamei* under hypoxic conditions, we conducted a thorough study involving various approaches. These included observing tissue morphology, analyzing the expression of immune-related genes, assessing the activities of immune-related enzymes, and exploring immune-related pathways. Our study revealed that RNA interference (RNAi)-mediated knockdown of HIF-1α markedly reduced HIF-1α expression in the gill (75 to 95%), whereas the reduction ranged from 2 to 43% in the hepatopancreas. Knockdown of HIF-1α resulted in increased damage to both gill and hepatopancreatic tissues in hypoxic conditions. Additionally, immune-related genes, including Astakine (AST), Hemocyanin (HC), and Ferritin (FT), as well as immune-related enzymes such as Acid Phosphatase (ACP), Alkaline Phosphatase (AKP), and Phenoloxidase (PO), exhibited intricate regulatory patterns in response to hypoxia stress following the knockdown of HIF-1α. Transcriptome analysis revealed that HIF-1α knockdown significantly impacts multiple signaling pathways, including the JAK-STAT signaling pathway, Th17 cell differentiation pathways, PI3K-Akt signaling pathway, ErbB signaling pathway, MAPK signaling pathway, chemokine signaling pathway, ribosomal pathways, apoptosis, lysosomes and arachidonic acid metabolism. These alterations disrupt the organism's immune balance and interfere with normal metabolic processes, potentially leading to various immune-related diseases. We speculate that the weakened immune response resulting from HIF-1 inhibition is due to the reduced metabolic capacity, and the existence of a direct regulatory relationship between them requires further exploration. This study greatly advances our understanding of the vital role that HIF-1α plays in regulating immune responses in shrimp under hypoxic conditions, thereby deepening our comprehension of this critical biological mechanism.

Keywords: *L. vannamei*; hypoxia; HIF-1α; immunity; RNA interference

资助项目：海南省科技专项资金(ZDYF2022SHFZ321); 海南省基础与应用基础研究计划 (NO. 2019RC077)

*通讯作者，周海龙，教授，主要从事海洋环境生物学

E-mail: zhouhl@hainanu.edu.cn

Characterization and Phylogenetic Analysis of the Complete Mitochondrial Genome of Triplophysa microphthalma

Ping Yang †, Wei Guo † , ChaoWei, XinWang, Yixuan Wang, Jia Wang*

Xinjiang Key Laboratory for Ecological Adaptation and Evolution of Extreme Environment Biology, College of Life Sciences, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China

Abstract: The complete mitochondrial genome has been extensively utilized in studies related to phylogenetics, offering valuable perspectives on evolutionary relationships. The mitochondrial genome of the fine-eyed plateau loach, Triplophysa microphthalma, has not attracted much attention, although this species is endemic to China. In this study, we characterized the mitochondrial genome of T. microphthalma and reassessed the classification status of its genus. The complete mitochondrial genome of T. microphthalma was 16,591 bp and contained thirty-seven genes, including thirteen protein-coding genes (PCGs), two ribosomal RNA genes (rRNAs), and twenty-two transfer RNA genes (tRNAs). All butone of the thirteen PCG shad the regular start codon ATG; thegenecox1started with GTG. Six PCGs had incomplete stop codons (T--). These thirteen PCGs are thought to have evolved under purifying selection, and the mitogenome shared a high degree of similarity with the genomes of species within the genus Leptobotia. All tRNA genes exhibited the standard clover-shaped structure, with the exception of the trnS1 gene, which lacked a DHU stem. A phylogenetic analysis indicated that T. microphthalma was more closely related to species within the genus Triplophysa than to those in Barbatula. The present study contributes valuable genomic information for T. microphthalma, and offers new perspectives on the phylogenetic relationships among species of Triplophysa and Barbatula. The findings also provide essential data that can inform the management and conservation strategies for T. microphthalma and other species of Triplophysa and Barbatula

Keywords: Triplophysa microphthalma; characterization; phylogenetic; complete mitochondrial genome

---

资助项目：资助项目：本研究得到了新疆维吾尔自治区教育厅所属高校基础研究经费的财政支持（编号：XJEDU2023P055）。

*通讯作者，王佳，高级工程师，主要从事动物基因组学及基因功能研究

E-mail: wangjia365@xjau.edu.cn

Activation of mTORC1 signaling pathway by *SLC7A5* promotes the limb regeneration process of Chinese mitten crab, *Eriocheir sinensis*

Jun Wang[1,2,3#], Yangyi Xu[1,2,3#], Chaoyang Guo[1,2,3], Xin Hou[1,2,3], Xiaowen Chen[1,2,3], Chenghui Wang[1,2,3*]

4. Key Laboratory of Freshwater Aquatic Genetic Resources Certificated by the Ministry of Agriculture and Rural Affairs
5. National Demonstration Center for Experimental Fisheries Science Education
6. Shanghai Engineering Research Center of Aquaculture, Shanghai Ocean University, Shanghai, 201306, China

Abstract: The role of mTORC1 signaling pathway in regulating limb regeneration process of the Chinese mitten crab (*Eriocheir sinensis*) remain largely unexplored. In this study, morphological and histological dynamics, profiling the spatio-temporal mRNA expression of mTORC1 pathway genes, and RNA interference of *SLC7A5* and *mTOR* genes were conducted to elucidate their roles in the limb regeneration process of this species. The results revealed that the key genes involved in the mTORC1 pathway exhibited dynamic expression patterns during limb regeneration. Furthermore, the *in situ* hybridization and RNAi experiments targeting the *SLC7A5* and *mTOR* genes indicated their pivotal roles in promoting the formation of the blastema, papilla, and ultimately, the regenerated limb. Moreover, RNAi targeting *SLC7A5* inhibited cell proliferation by downregulating genes associated with the mTORC1 signaling pathway, thereby hindering the formation of papillae and impeding the process of limb regeneration. Overall, our research has identified that *SLC7A5*-mediated regulation of mTORC1 pathway significantly impacts cell proliferation during the limb regeneration of the Chinese mitten crab. This discovery enhances our understanding of the role of mTORC1 signaling pathways in the process of limb regeneration.

Keywords: *Eriocheir sinensis*; Limb Regeneration; Cell Proliferation

资助项目：国家自然科学基金(32373101)
*通讯作者，王成辉，教授，主要从事水产动物种质资源与种苗工程、遗传育种
E-mail: wangch@shou.edu.cn

中华绒螯蟹壳色色泽与内在品质以及 SNP 位点的关联分析

张冰清[1,2,3]，陈慧帆[1,2,3]，侯鑫[1,2,3]，曾详健[1,2,3]，陈晓雯[1,2,3]
王军[1,2,3]，王成辉[1,2,3*]

1. 上海海洋大学, 农业农村部淡水水产种质资源重点实验室, 上海 201306;
2. 上海海洋大学, 水产科学国家级实验教学示范中心, 上海 201306;
3. 上海海洋大学, 上海水产养殖工程技术研究中心, 上海 201306

摘要：为研究中华绒螯蟹壳色色泽与内在品质以及 SNP 位点的关联，本研究测定了煮熟前后蟹壳、肝胰腺的色泽指标参数亮度(*L**)值、红度(*a**)值、黄度（*b**）值以及蟹壳和肝胰腺组织的类胡萝卜素含量，并进行了关联分析。同时研究了 *Scarb*1 基因 C432T 位点基因型与壳色色泽的关联。结果显示，中华绒螯蟹生壳 *L**值与熟壳 *a**值之间具有极显著的负相关关系，并且生壳 *L**值越小，蟹壳中所含的虾青素含量越高，煮熟后颜色更为鲜红。生肝 *L**值与熟肝 *a**值之间具有极显著的负相关关系，并且生肝 *L**值越小，肝胰腺中所含的总类胡萝卜素含量越高。生壳 *a**值与生肝 *a**值、生壳 *a**值与熟肝 *a**值、熟壳 *a**值与生肝 *a**值、熟壳 *a**值与熟肝 *a**值之间均不存在相关性，表明蟹壳和肝胰腺两个组织之间的红度(*a**)值不存在关联性。*Scarb1* 基因 C432T 位点的 CC 基因型的熟壳 *a**值显著高于 TC 和 TT 基因型（$P < 0.05$），且 *Scarb1* 的 CC 基因型在肝胰腺中的表达量显著高于 TT 基因型（$P < 0.05$）。本研究表明，中华绒螯蟹的壳色色泽与内在品质（煮熟后的蟹壳色泽）以及 *Scarb*1 基因 C432T 的基因型之间均存在显著的关联性，可通过生壳的色泽颜色一定程度上评估中华绒螯蟹的内在品质，且 *Scarb*1 的 C432T 位点可作为潜在的分子辅助育种标记。研究结果为中华绒螯蟹的品质调控以及壳色品质育种应用提供参考。

关键词：中华绒螯蟹；壳色；*Scarb*1；SNP 位点；品质育种

资助项目：上海市中华绒螯蟹现代农业产业技术体系建设项目(沪农科产字〔2024〕第 4 号)

*通讯作者，王成辉，教授，主要从事水产动物种质资源与种苗工程、遗传育种
E-mail：wangch@shou.edu.cn

基于转录组分析的四指马鲅免疫应答机制初探

王临娟[1]，张卉娟[1]，郑安娜[1]，金敏旋[1]，张健东[1]，汤保贵[1]
黄建盛[1]，王忠良[1*]
1. 广东海洋大学水产学院，广东湛江 524088

摘要：本研究利用 Illumina 高通量测序平台，对四指马鲅（*Eleutheronema tetradactylum*）感染哈维氏弧菌（*Vibrio harveyi*）前后的肠道（Cg-IN-VS-Ig-IN）和肝脏（Cg-LI-VS-Ig-LI）进行了转录组测序分析。结果显示，四个组共 12 个样本过滤低质量数据后，最后得到高质量的 reads 分别为 127500428 条、120460136 条、116489562 条、118590388 条。所有样本高质量的 reads 占原始序列的占比范围在 99.61%-99.71%。测序碱基质量值达到 Q20 以上水平的碱基数目及占 Clean Data 的百分比在 97.81%-98.48%之间，Q30 比例在 93.74%-95.46%之间，各样品 GC 含量在 46.81%-48.47%之间。在 Cg-IN-VS-Ig-IN 对比合集中共有 2783 个差异基因，其中上调基因 1831 个，下调基因 952 个；在 Cg-LI-VS-Ig-LI 对比合集中共有 4940 个差异基因，其中上调基因 2685 个，下调基因 2255 个。GO 分析表明，在 Cg-IN-VS-Ig-IN 对比合集中总共有 45 个功能亚类，其中 3 个 terms 被划分到细胞组分，分子功能 17 个 terms，生物学过程 25 个 terms；在 Cg-LI-VS-Ig-LI 对比合集中总共有 43 个功能亚类，其中 3 个 terms 被划分到细胞组分，分子功能有 16 个 terms，生物学过程有 24 个 terms。KEGG 富集分析显示，肠道转录组显著富集的免疫通路分别是凝血与补体级联反应信号通路和 IL-17 信号通路。参与肝脏免疫相关的 KEGG pathway 有 6 个，其中两个与肠道组织相同，分别是凝血与补体级联反应信号通路和 IL-17 信号通路 。另外 NOD 样受体信号通路、Toll and Imd 信号通路、RIG-I 样受体信号通路和 Toll 样受体信号通路是肝脏组织特有的。四指马鲅感染哈维氏弧菌后的比较转录组分析研究为后续四指马鲅免疫系统和防御机制研究提供了一定的数据和理论参考。

关键词：四指马鲅；哈维氏弧菌；RNA-Seq；转录组；免疫应答；

资助项目：广东省现代化海洋牧场适养品种核心技术攻关项目（2024-MRB-00-001）

*通讯作者，王忠良，教授，主要从事水产经济动物功能基因与基因组学研究

E-mail: zhongliangwang@vip.163.com

基于全基因组测序的四指马鲅基因组注释和系统发育分析

张卉娟[1]，王临娟[1]，金敏旋[1]，郑安娜[1]，张健东[1]，汤保贵[1]，黄建盛[1]，王忠良[1,*]

1. 广东海洋大学水产学院，广东湛江 524088；

摘要：四指马鲅 （*Eleutheronema tetradactylum*） 是一种广盐性鱼类，主要分布于印度至西太平洋海域，包括印度至东南亚各沿海，北至菲律宾，南至巴布亚新几内亚、澳大利亚北部等沿海。尽管染色体水平的四指马鲅基因组已在 NCBI 发布，但关于其基因组注释和进化分析还需进一步完善。为了对四指马鲅基因组注释和系统发育进行系统分析，本研究利用 SMRT 和 Hi-C 技术进行了基因组测序，组装了高质量的染色体水平的四指马鲅基因组。此基因组大小为 586.1 Mb，由 106 个重叠群组成，重叠群 N50 长度为 21.32 Mb。染色体 （26） 锚定率为 98.76%，共预测了 23,162 个蛋白质编码基因和约 18.24% 的重复序列。同时，系统发育分析结果显示四指马鲅与多鳞四指马鲅（*Eleutheronema rhadinum*）序列同源性最高，两者在大约 5.6 到 44.9 mya (million years ago) 之间从它们的共同祖先分化而来。高质量参考基因组测序和组装为四指马鲅的进化与遗传相关研究奠定了数据基础。

关键词：四指马鲅；全基因组；组装与注释；系统进化

资助项目：广东省现代化海洋牧场适养品种核心技术攻关项目（2024-MRB-00-001）

*通讯作者，王忠良，教授，主要从事水产经济动物功能基因与基因组学研究

E-mail: zhongliangwang@vip.163.com

内皮素受体编码基因 *ednrb1a* 和 *ednrb2* 突变导致尼罗罗非鱼虹彩细胞缺失及黑/黄色素细胞数量减少

吴晋芝，王德寿*

西南大学生命科学学院，淡水鱼类资源与生殖发育教育部重点实验室，西部（重庆）科学城种质创制大科学中心，重庆，400715

摘要：内皮素是由内皮细胞合成的血管调节因子，与内皮素受体结合发挥生理作用。在四足动物中，内皮素受体 b（endothelin receptor type B, *ednrb*）功能异常引起神经性巨结肠症以及黑色素细胞前体无法正常分化和迁移的研究较多。真兽类哺乳动物只有 *ednrb* 一个拷贝，其他四足动物大多有 *ednrb1* 和 *ednrb2* 两个拷贝。由于真骨鱼类的第三轮基因组复制，*ednrb* 基因在尼罗罗非鱼（*Oreochromis niloticus*）中有 *ednrb1a*、*ednrb1b* 和 *ednrb2* 三个拷贝，而 *ednrb1a* 与 *ednrb2* 在野生型个体皮肤和眼睛中有较高表达。为进一步探究 *ednrb* 在非模式鱼类体色形成中的功能，本研究利用 CRISPR/Cas9 技术建立了罗非鱼的 *ednrb*1$a^{-/-}$、*ednrb*2$^{-/-}$ 和 *ednrb*1$a^{-/-}$;*ednrb*2$^{-/-}$突变体。表型分析结果表明，罗非鱼 *ednrb*1$a^{-/-}$突变体虹彩细胞相对野生型显著减少，稚鱼期 *ednrb*2$^{-/-}$突变体虹彩细胞有所减少但发育后期与野生型无显著差异，而 *ednrb*1$a^{-/-}$;*ednrb*2$^{-/-}$突变体虹彩细胞几乎完全缺失，仅在虹膜处检测到少量虹彩细胞，同时黑/黄色素细胞数量也显著减少，躯体呈粉色透明状，内脏依稀可见。这与斑马鱼 *ednrb1a*$^{-/-}$突变体幼鱼期无表型而成鱼期黑色素细胞和虹彩细胞减少的表型不同，可能是因为斑马鱼在进化过程中发生了 *ednrb2* 的丢失。综上所述，*ednrb1a* 和 *ednrb2* 可能在尼罗罗非鱼的色素细胞发育过程中具有协同作用。尤其是对虹彩细胞的分化和发育而言，二者发挥着至关重要的调控效应。内皮素受体编码基因与罗非鱼透明的体色表型形成密切相关。通过本研究的开展有助于加深对 *ednrb* 在真骨鱼中的基因复制和进化的理解。

关键词：*ednrb*；尼罗罗非鱼；虹彩细胞；黄色素细胞；黑色素细胞

资助项目：国家重点研发计划项目（No. 2022YFD1201600）、国家自然科学基金面上项目（No. 32373106、31872556）、中美（NSFC-NSF）生物多样性合作研究项目（No. 31861123001）、重庆市水产科技创新联盟（No. CQFTIU2024-08）。

*通讯作者，王德寿，男，博士，教授，博士生导师，主要从事罗非鱼经济性状遗传解析与育种研究，Tel: 023-68253005/13617606226，E-mail: wdeshou@swu.edu.cn.

多营养层级综合养殖模式的应用现状及展望

吴陈阳[1]，马洪雨[1*]

1. 汕头大学广东省海洋生物技术重点实验室，广东汕头，515063

摘要：多营养层级综合养殖模式（Integrated Multi-Trophic Aquaculture, IMTA）是一种将生态理念与渔业养殖相结合的可持续养殖模式，为实现健康养殖提供了一种新的途径，对水产养殖业的健康发展具有重要意义。为了深入理解多营养层级综合养殖模式在水产养殖业的应用情况，文章梳理了多营养层级综合养殖模式的发展历程，概述了 IMTA 的主要养殖物种，包括鱼类、甲壳类、双壳类、棘皮类和藻类等；总结了陆基和海洋 IMTA，指出淡水和半咸水 IMTA 是陆基养殖模式的一部分，而海水和近海 IMTA 属于海洋 IMTA；概述了其在养殖环境、能量利用、经济效益和减少废物排放等方面的优势。目前，IMTA 在水体富营养化、饲料利用率等方面依然存在问题，未来应从水质调控技术、系统内各组分的互作关系和病害防治等方面加强研究。

关键词：多营养层级综合养殖模式；养殖模式；生态理念；可持续发展

资助项目：广东省渔业发展支持政策一般性转移支付资金项目（粤农农函[2022]1144 号）；广东省科技计划项目（2023B0202010024；KTP20210376）；广东省科技创新战略专项项目（STKJ202209029）。

第一作者：吴陈阳，男，硕士研究生，E-mail: 23cywu@stu.edu.cn。

通讯作者：马洪雨，男，博士，教授，博士生导师，主要从事海洋动物基因组与遗传育种学相关研究，E-mail: mahy@stu.edu.cn。

热激转录因子 *hsf* 在半滑舌鳎性别分化中的功能研究

徐文腾 [1,2*]　李志杰 [1,2]

（1. 中国水产科学研究院黄海水产研究所 海水养殖生物育种与可持续产出全国重点实验室
2.青岛海洋科技中心海洋渔业科学与食物产出过程功能实验室　山东　青岛　266071）

摘要：半滑舌鳎(*Cynoglossus semilaevis*)是我国特有的海水经济鱼类，具有明显的性别大小二态性，雌鱼的体重与生长速度远大于雄鱼，但高温可以诱导遗传雌鱼（ZW）性逆转为表型雄鱼，寻找感知温度的基因元件将为性别控制提供分子基础。在斑马鱼胚胎中，*hsf* 基因的表达模式决定了发育期间的热休克反应。本研究发现 5 个 *hsf* 基因（*hsf1*, *hsf2*, *hsf4*, *hsf5a*, *hsf5b*），它们在半滑舌鳎性腺各时期都有表达，在 7M 龄至 1Y 龄（性别分化和产生生长差异的关键时期）到达峰值，并且雌鱼的表达量普遍高于雄鱼。原位杂交发现，半滑舌鳎性腺内的 *hsf* 基因信号主要定位在生殖细胞中，其中在精巢中主要分布于精子，在卵巢中主要位于卵母细胞中，并且各时期卵母细胞均有表达。对半滑舌鳎进行高温刺激时发现，性腺中 *hsf* 基因表达量明显增加，并且与高温刺激时间成正比，雌鱼的表达量普遍高于雄鱼。在精巢细胞系中 siRNA 干扰后发现，*sox-9*、*neurl3*、*cyp19a* 、*dmrt1* 、*tesk1*、*foxl2* 表达量均有所变化，部分基因表达量变化显著；在卵巢细胞系中 siRNA 干扰后发现，*sox-9*、*neurl3*、*cyp19a* 、*dmrt1* 、*foxl2* 表达量均有所变化，部分基因表达量变化显著。我们推测，*hsf* 可能响应温度刺激并在性别分化中发挥重要作用，这些结果为深入理解半滑舌鳎性别分化机制提供分子基础。

关键词：半滑舌鳎；热激转录因子 *hsf*；性别分化；表达模式；siRNA 敲降

资助项目：国家自然科学基金(31530078，31730099)；青岛海洋科学与技术国家实验室鳌山卓越人才培养项目(2017ASTCPOS15)；山东省泰山学者攀登计划
*通讯作者，徐文腾，副研究员，Email: xuwt@ysfri.ac.cn

Study on the function of heat shock transcription factor *hsf* in sex differentiation of *Cynoglossus semilaevis*

Abstract: *Cynoglossus semilaevis* is a unique marine economic fish in China, which has obvious sex dimorphism. The female fish's weight and growth rate are much higher than that of the male fish, but high temperature can induce the genetic female fish (ZW) to turn into a phenotypic male fish. Searching for gene elements that sense temperature will provide molecular basis for sex control. In zebrafish embryos, the expression pattern of *hsf* gene determines the heat shock response during development. In this study, five *hsf* genes (*hsf1*, *hsf2*, *hsf4*, *hsf5a*, *hsf5b*) were found, which were expressed at all stages of gonad of *Cynoglossus semilaevis*, and reached the peak at the age of 7M to 1Y (the key period of sex differentiation and growth difference), and the expression level of female fish was generally higher than that of male fish. In situ hybridization showed that the *hsf* gene signal in gonad of *Cynoglossus semilaevis* was mainly located in germ cells, mainly distributed in sperm in testis and mainly located in oocytes in ovary, and was expressed in oocytes at all stages. When *Cynoglossus semilaevis* was stimulated by high temperature, it was found that the expression of *hsf* gene in gonad increased obviously, which was proportional to the time of high temperature stimulation, and The expression level of female fish is generally higher than that of male fish. After siRNA interference in testis cell line, it was found that the expression levels of *sox-9*, *neurl3*, *cyp19a*, *dmrt1*, *tesk1* and *foxl2* all changed, and the expression levels of some genes changed significantly. After siRNA interference in ovarian cell line, it was found that the expression levels of *sox-9*, *neurl3*, *cyp19a*, *dmrt1* and *foxl2* all changed, and the expression levels of some genes changed significantly. We speculate that *hsf* may respond to temperature stimulation and play an important role in sex differentiation. These results provide a molecular basis for further understanding the sex differentiation mechanism of *Cynoglossus semilaevis*.

Keywords: ***c****ynoglossus semilaevis*; heat shock transcription factor *hsf*; gender differentiation; expression mode; siRNA knockdown

资助项目：国家自然科学基金(31530078，31730099)；青岛海洋科学与技术国家实验室鳌山卓越人才培养项目(2017ASTCPOS15)；山东省泰山学者攀登计划
*通讯作者，徐文腾，副研究员，Email: xuwt@ysfri.ac.cn

凡纳滨对虾耐缺氧性状 QTL 定位及其候选基因的筛选

李夏雯，朱奕安，陈宇，段存煜，杨磊，张玉蕾，陈华谱，李广丽，田昌绪*

广东海洋大学水产学院，广东省名特优鱼类生殖调控与繁育工程技术研究中心，广东省水产动物病害防控与健康养殖重点实验室，广东湛江 524088

摘要：凡纳滨对虾（*Litopenaeus vannamei*）是全球水产养殖中重要的经济物种，其生长和存活受到养殖环境中缺氧条件的显著影响。本研究旨在揭示凡纳滨对虾缺氧耐受性的遗传基础，为提高养殖效率和可持续性提供科学依据。研究表明，南美白对虾 F_1 全同胞家系选育群体在缺氧耐受性上存在显著差异，且在溶解氧浓度为 0.4 mg/L 时，平均存活时间为 13 小时。通过对 200 个子代及其亲本进行全基因组测序，获得了 81,892 个标记，构建了一个包含 44 个连锁群、总长度为 5,386.79 cM 的遗传图谱。连锁群长度从 12.79 cM 至 196.86 cM 不等，平均为 122.43 cM，标记间距在 0.03 cM 至 0.61 cM 之间，最高和最低标记密度分别出现在 LG11 和 LG44。QTL 分析揭示了 8 个与缺氧耐受性相关的 QTLs，涵盖了 78 个基因，其中 13 个基因被鉴定为缺氧耐受性的候选基因。进一步对缺氧极耐受和极不耐受个体进行转录组（RNA-seq）分析，发现了 1,973 个差异表达基因，GO 和 KEGG 富集分析显示，这些基因参与了 DNA 修复、RNA 处理及氧化还原等多个重要生物过程。通过整合 QTL 与转录组数据，筛选出了 11 个在缺氧应激下差异表达的基因，并结合集群分离分析（BSR）确定了 4 个具有非同义突变的差异表达基因，这些基因与缺氧耐受性密切相关。这项研究不仅推进了对凡纳滨对虾缺氧耐受遗传机制的理解，而且为通过遗传改良增强缺氧抗性奠定了基础。

关键词：凡纳滨对虾；缺氧耐受；全基因组测序；QTL 定位；集群分离分析法

资助项目：广东省南美白对虾现代种业产业园项目(K22221)；广东省普通高校特色创新类项目(2023KTSCX042)。

*通讯作者，田昌绪，副教授，主要从事水产动物遗传育种与基因组学。

tiancx@gdou.edu.cn

墨西哥湾扇贝与紫扇贝种间杂交后代杂种优势、遗传多样性和生育力的研究

沈敏[1]， 王进京[2]， 陈荣杰[3]，吕廷晋[4]，陈洁宇[5]， 卢霞[2]
刘桂龙[6]，徐鑫[6]， 刘志刚[1]，邓岳文[1]， 宁军号[2,*]， 王春德[2,*]
1.广东海洋大学水产学院，广东湛江 524088；
2.中国科学院烟台海岸带研究所，海岸带生物资源高效利用研究与发展中心，山东烟台 264003；
3.莱州市海洋发展和渔业服务中心，山东烟台 261400；
4.烟台市海洋经济研究院，山东烟台 264003；
5.青岛第九中学，山东青岛 266426；
6.烟台海之春水产种业科技有限公司，山东烟台 264006

摘要：墨西哥湾扇贝（*Argopecten irradians concentricus*）是我国南方重要的双壳贝类养殖品种，然而养殖业对增长更快、体型更大的优质种质的需求一直在增加。为了改善这种扇贝的种质，本文在紫扇贝（PP）和墨西哥湾扇贝（SS）之间进行了种间杂交。结果表明，正反杂交后代发育正常，在生长和存活等重要生产性状上表现出显著的优势。收获时，SP 和 PS 的杂种优势分别为壳高 34.97 和 21.74、湿重 138.35 和 79.48、软体重 155.12 和 40.60、闭壳肌重 349.60 和 214.40。杂交组 PS 和 SP 的总重分别比自交组 SS 高 30.68%和 82.05%，闭壳肌重量高出 94.55%和 178.22%。形态学和分子学证据表明，PS 和 SP 是两种 *Argopecten* 扇贝之间的真正杂交后代。大多数杂交后代的性腺完全雌性化，并且在功能上是雄性不育的，只有 0.79-4.66%的卵子能够受精、孵化并产生正常的回交后代。本研究结果表明，紫扇贝和墨西哥湾扇贝之间的杂交可能为我国现有墨西哥湾扇贝种群的遗传改良提供一条有效的途径。

关键词：墨西哥湾扇贝；紫扇贝；种间杂种优势；遗传多样性；生育力

资助项目：中国国家自然科学基金（第 31972791 号和第 42276147 号）；山东省农业良种专项资金（第 2020LZGC016）；山东专项资金现代农业技术研究体系 （No.SDAIT-14）；山东省科技创新能力提升项目（2021TSGC1229）

*通讯作者，王春德，研究员，主要从事贝类遗传育种与增养殖
E-mail: chundewang2007@163.com

Heterosis, genetic diversity and fertility of reciprocal hybrids between *Argopecten irradians concentricus* and *A. purpuratus*

Min Shen[1], Jinjing Wang[2], Rongjie Chen[3], Tingjin LV[4], Jieyu Chen[5], Xia Lu[2], Guilong Liu[6], Xin Xu[6], Zhigang Liu[1], Yuewen Deng[1], Junhao Ning[2,*], Chunde Wang[2,]

1. College of Fisheries, Guangdong Ocean University, Zhanjiang, Guangdong, 524088, China

2. Research and Development Center for Efficient Utilization of Coastal Bioresources, Yantai Institute of Coastal Zone Research, Chinese Academy of Sciences, Yantai, Shandong, 264003, China

3.Laizhou Marine Development and Fishery Service Center, Laizhou, Shandong, 261400, China

4.Yantai Institute of Marine Economy, Yantai, 264003, China

5. Qingdao No. 9 HighSchool, Qingdao, Shandong 266426, China

6.Yantai Spring-Sea AquaSeed, Co., Ltd., Yantai 264006, China

Abstract: The bay scallop southern subspecies, *A. irradians concentricus*, is an important cultured bivalve in southern China. However, the demand for superior stocks with faster growth and larger size has been increasing. To improve the stock of this scallop, interspecific hybridization was carried out between *A. purpuratus* (PP) and *A. irradians concentricus* (SS). The results showed that both reciprocal crosses developed normally and exhibited significant heterosis in important production traits such as growth and survival. At harvest, the heteroses in the SP and PS cohorts were 34.97 and 21.74 in shell height, 138.35 and 79.48 in wet weight, 155.12 and 40.60 in soft-body weight, and 349.60 and 214.40 in adductor muscle weight, respectively. The crossbred cohorts PS and SP outperformed the purebred cohort SS by 30.68% and 82.05% in whole body weight, and by 94.55% and 178.22% in adductor muscle weight, respectively. Morphological and molecular evidence indicated that the derived offspring were true hybrids between the two *Argopecten* scallops. The gonads of most hybrids were fully feminized and functionally male-sterile, although only 0.79-4.66% of the spawned eggs were able to hatch and resulted in normal backcross offspring. The results from this study indicate that hybridization between *A. purpuratus* and *A. irradians concentricus* may provide a promising way for genetic improvement of existing *A. irradians concentricus* brood stocks in China.

Key words: *Argopecten purpuratus*; *A. irradians concentricus*; interspecific hybridization; heterosis; genetic diversity; fertility

---

Funding Project：National Natural Science Foundation of China (No. 31972791 and 42276147); Earmarked Fund for Agriculture Seed Improvement Project of Shandong Province (No. 2020LZGC016); Earmarked Fund for Shandong Modern Agro-Industry Technology Research System (No. SDAIT-14); Science and Technology Innovation Capacity Improvement Project of Shandong Province (2021TSGC1229)

* Corresponding author，Chunde Wang, Senior Research Associate, mainly engaged in shellfish genetic breeding and culture enhancement

E-mail: chundewang2007@163.com

基于转录组学和代谢组学联合解析豆粕干预下凡纳滨对虾肌肉生长发育的分子调控机制

田仁红[1,2]　彭　凯[2*]　鲁慧杰[2]　黄　文[2*]

1. 广东海洋大学水产学院，湛江 524088；

2. 广东省农业科学院动物科学研究所，广东省农业科学院水产协同创新中心，广东省畜禽育种与营养研究重点实验室，农业农村部华南动物营养与饲料重点实验室，广州 510640

摘要：（目的）探究豆粕干预下凡纳滨对虾肌肉生长发育的分子调控机制。（方法）本试验以凡纳滨对虾为研究对象，试验分为 C20 组（20%豆粕，n=4）、C35 组（35%豆粕，n=4），通过转录组和代谢组分析筛选差异表达基因和差异代谢物，之后联合 KEGG 富集分析，构建相关网络互作图。（结果）转录组结果表明，在 C20 组和 C35 组共发现有 910 个差异基因，其中 338 个基因上调，572 个基因下调。KEGG 分析表明，差异表达基因主要富集在内分泌系统、细胞过程以及信号转导等多种途径；代谢组结果表明，在 C20 组和 C35 组中共鉴定出 143 个差异代谢物，其中上调的有 89 个，下调的有 54 个。KEGG 通路分析表明，差异代谢物主要富集到碳水化合物代谢、核苷酸代谢、氨基酸代谢以及信号转导等多个途径；联合分析表明，差异表达基因与差异代谢物显著富集在核苷酸代谢、中心碳代谢、磷酸戊糖途径、甲状腺激素信号通路、哺乳动物雷帕霉素靶蛋白信号通路以及支链氨基酸（缬氨酸、亮氨酸和异亮氨酸）的生物合成中。（结论）显著差异表达基因和差异代谢物在上述代谢通路中起到了关键调控作用，可作为豆粕干预下凡纳滨对虾肌肉生长发育的潜在候选基因及代谢物，以期为探究豆粕干预下凡纳滨对虾肌肉生长发育的分子调控机制和对虾分子育种提供理论基础。

关键词：豆粕；凡纳滨对虾；转录组；代谢组；联合分析

资助项目：广东省农业科学院水产协同创新中心课题（XT202301）；科技部国家外国专家项目（G2023030042L）；广东省乡村振兴战略专项（2024-SPY-00-006、2022SDZG01）

作者简介：田仁红，硕士研究生，研究方向为对虾营养与育种。E-mail: 18184461756@163.com

**** 通讯作者：**彭凯，研究员，主要从事水产动物营养与饲料资源开发，E-mail: pengkai1016@126.com；黄文，研究员，主要从事水产育种与绿色健康养殖，E-mail: huangwen549@126.com