



中国水产学会  
热带水产动物健康养殖专业委员会  
2026 年学术年会

摘  
要  
集

中国·三亚

2026 年 3 月 27-29 日

## 目 录

第一章 水产动物营养与生理 .....	1
1. 鳄鱼产业发展报告 —— 健康养殖新理论与新技术应用 .....	2
2. Effects of dietary <i>Pulsatilla chinensis</i> (Bunge) Regel on <i>Mastacembelus armatus</i> growth and intestinal health.....	3
3. 热带鱼类健康养殖研究进展：从营养调控到生态系统管理 .....	4
4. Research Progress in Healthy Aquaculture of Tropical Fish: From Nutritional Regulation to Ecosystem Management .....	5
5. 生态综合种养模式对罗氏沼虾代谢及营养品质的影响 .....	6
6. 复合添加剂对豹纹鳃棘鲈生长、非特异性免疫、脂质代谢及肠道菌群的影响 .....	7
7. 方斑东风螺养殖池内环境特征及循环水流调控效果研究 .....	8
8. Analysis of metagenome and metabolome disclosed the mechanisms of <i>Dendrobium officinale</i> polysaccharide on DSS-induced ulcerative colitis-affected mice .....	9
9. Molecular cloning, phylogenetic analysis and functional characterisation of an Elov17 elongase from freshwater crustacean, crayfish ( <i>Procambarus clarkii</i> ).....	10
10. Integrative Multi-Omics Analysis of Magnesium-Mediated Mitigation of Nitrite Toxicity in <i>Litopenaeus vannamei</i> .....	11
11. 温度、盐度与 pH 对圆形臂尾轮虫背甲宽度的调控效应.....	12
12. 南美白对虾生长性状的全基因组关联分析及关键调控基因鉴定 .....	13
13. 循环水养殖系统资源节约型水产养殖的电力使用模式探究 .....	14
14. Exploring Electricity Use Patterns for Resource-Efficient Aquaculture in Recirculating Aquaculture Systems .....	15
15. 硒对玉足海参性腺发育及脂质代谢的影响 .....	16
16. 丁酸梭菌的分离筛选及对红螯螯虾的益生作用 .....	17
17. 饲料中添加富硒芽孢杆菌对红螯螯虾生长性能、肠道微生物、免疫功能的影响 .....	18
18. 饲料中添加家蝇酶解蛋白对克氏原螯虾生长及卵巢发育的影响 .....	19

19. The effect of adding housefly ( <i>Musca domestica</i> L.) enzymatic hydrolyzed protein to feed on the growth and ovarian development of <i>Procambarus clarkii</i> .....	20
20. 光周期胁迫对克氏原虾生长、卵巢发育、抗氧化能力、性激素含量及生殖相关基因表达的影响 .....	21
21. Effect of photoperiod stress on the growth, ovary development, antioxidant capacity, sex hormone content, and reproductive-related gene expression of red swamp crayfish ( <i>Procambarus clarkii</i> ) .....	22
22. 4-壬基酚对凡纳滨对虾毒性影响的蛋白组学分析 .....	23
23. FZD4 调节凡纳滨对虾黑色素合成抵御 4-壬基酚诱导的应激 .....	24
24. HPGDS 介导花生四烯酸代谢参与凡纳滨对虾抗 4-壬基酚胁迫的分子机制 .....	25
25. 饲料添加牛大力提取物对红螯螯虾生长、肌肉成分、免疫功能、肠道菌群和抗病力的影响 .....	26
26. 饲料添加高良姜提取物对红螯螯虾生长、肌肉成分、免疫力、肠道菌群和抗病力的影响 .....	27
27. 饲料添加博落回提取物对红螯螯虾生长、非特异性免疫、基因表达和抗胁迫能力的影响 .....	28
28. 噻虫嗪对红螯螯虾生长、组织结构、免疫力和肠道菌群的影响 .....	29
29. 溴氰菊酯对红螯螯虾生长、组织结构、免疫力和肠道菌群的影响 .....	30
30. 酶解棉籽蛋白对黄颡鱼幼鱼生产性能、消化吸收功能和肠道微生物组成的影响 .....	31
31. Effects of enzymatic cottonseed protein on growth performance, digestive and absorptive functions, and intestinal microbial composition of juvenile yellow catfish ( <i>Pelteobagrus fulvidraco</i> ) .....	32
32. 热锻炼诱导皱纹盘鲍获得性耐热能力形成中的代谢重构研究 .....	33
33. 低温胁迫对罗氏沼虾生长和肌肉营养代谢的影响 .....	34
34. 低温等离子体处理对冷藏罗非鱼风味演变的影响：激发态气体反应物种驱动的挥发性特征与气味品质研究 .....	35
35. Flavor evolution in refrigerated tilapia processed by cold plasma: Volatile profiles and odor quality driven by excitation gas-generated reactive species .....	36
36. 多组学分析揭示凡纳滨对虾( <i>Litopenaeus vannamei</i> )红色突变体的风味特征及其分子机制 .....	37

37. Analysis and Evaluation of Cadmium and Copper Contents in Commercially Available Shellfish.....	38
<b>第二章 水产动物病原与致病机理 .....</b>	<b>39</b>
38. 虾肝肠胞虫侵染凡纳滨对虾的组织病理及蛋白组学研究 .....	40
39. Histopathological and Proteomic Analysis of Shrimp <i>Litopenaeus vannamei</i> Infected with <i>Ecytonucleospora hepatopenaei</i> .....	41
40. Construction and optimization of a LAMP-based diagnostic platform for acute hepatopancreatic necrosis disease in <i>Penaeus vannamei</i> .....	42
41. Development of a recombinase polymerase amplification based rapid visual detection assay for acute hepatopancreatic necrosis disease.....	43
42. Development of a dye-based enzymatic recombinase amplification method for rapid and visual detection of acute hepatopancreatic necrosis disease.....	44
43. Development and validation of an RPA-CRISPR/Cas12a based platform for rapid and sensitive detection of Anguillid herpesvirus 1 .....	45
44. 对虾主要病原实用化检测技术体系的构建及优化 .....	46
45. 嗜水气单胞菌 Aerolysin 介导中华鳖肠道细胞焦亡的分子机制研究.....	47
46. Molecular Mechanism of <i>Aeromonas hydrophila</i> Aerolysin-Induced Pyroptosis in Chinese Softshell Turtle Intestinal Cells .....	48
47. 对虾主要疾病致病因子特异性纳米抗体的制备与评价 .....	49
48. Diverse biological roles of PhoP/PhoQ in <i>Pseudomonas plecoglossicida</i> : Impact on stress responses and virulence .....	50
49. Identification and Characterization of the PAAR-1 gene in <i>Pseudomonas plecoglossicida</i> : insights into bacterial phenotypes and host immune responses in Large Yellow Croaker ( <i>Larimichthys crocea</i> ).....	51
50. 核酸适配体 TNA1c 靶向卵形鲳鲹神经坏死病毒抑制病毒增殖的分子机制研究..	52
51. The role and mechanism of wza/wzc in the adaptation of <i>Vibrio harveyi</i> to fish surface mucus.....	53
52. Virus-host metabolic interaction: SGIV-induced protein lactylation suppresses viral propagation.....	54
53. 养殖虾蟹细菌性病害微生态防控 .....	55
54. 青蟹胞外囊泡与病毒感染信号转导 .....	56

55. T6SS-1 介导杀香鱼假单胞菌吞噬体逃逸及调控大黄鱼巨噬细胞免疫应答的机制研究 .....	57
56. Vvrr2: A new Vibrio ncRNA involved in dynamic synthesis of multiple biofilm matrix exopolysaccharides, biofilm structuring and virulence .....	58
57. 基于 PHAHx 纳米载体的石斑鱼 DNA 疫苗预防神经坏死病毒感染研究 .....	59
58. WSSV 调控对虾 ROS 促进病毒复制的机制 .....	60
59. 寄生虫在鱼类病害发生过程中的媒介作用研究 .....	61
60. Transcellular Breach of the Blood-Brain Barrier by Streptococcus agalactiae Triggers Severe Meningoencephalitis in Nile Tilapia .....	62
<b>第三章 水产动物免疫与生理调控 .....</b>	<b>63</b>
61. Decoding the immunomodulatory landscape of tilapia against Streptococcus agalactiae at single-cell resolution.....	64
62. 草鱼新型 IL-1 家族细胞因子 nIL-1F2 的鉴定与功能研究 .....	65
63. 硬骨鱼 IgM+类浆细胞：超越抗体分泌的功能特性 .....	66
64. 罗非鱼 Blimp-1 调控 IgM+ B 细胞发育的作用机制研究.....	67
65. Fish DHCR24 exerts pro-viral activity through Tollip-mediated autophagic degradation of STING-TBK1 axis .....	68
66. 黄斑蓝子鱼抗菌肽的筛选及功能初步研究 .....	69
67. 桑叶抗菌肽 Squ8 的抗菌活性与作用机制的研究 .....	70
68. 凡纳滨对虾 TRPA1 鉴定及其感知高温的分子机制 .....	71
69. 凡纳滨对虾短神经肽 sNPF 的鉴定及其免疫调节功能机制.....	72
70. 驼背鲈干扰素 IFN- $\gamma$ rel 通过 IRF1 发挥其抗细菌功能.....	73
71. CaIRF1 promotes antibacterial immune defense and acts as a Vaccine Adjuvant in Chromileptes altivelis.....	74
72. 丽鱼三代虫 Kunitz 型丝氨酸蛋白酶抑制剂鉴定及其免疫保护性评估.....	75
73. 凡纳滨对虾抗急性肝胰腺坏死病(AHPND)相关基因及其介导的免疫调控机制研究 .....	76
74. 秦岭细鳞鲑不同群体及性别间皮肤黏膜免疫特征研究 .....	77

75. 单宁酸抗石斑鱼虹彩病毒活性及其机制研究 .....	78
76. Single-Cell Full-Length Transcriptome Sequencing-Based Analysis of T Cell Differentiation and Alternative Splicing Heterogeneity in Orange-spotted Grouper ( <i>Epinephelus coioides</i> ) .....	79
77. Cis-regulatory variation at pla2g1b drives metabolic divergence underlying hypoxia tolerance in golden pompano.....	80
78. 凡纳滨对虾响应玻璃苗弧菌病的多组学分析 .....	81
79. 具备膜与 DNA 双靶向功能的 C 端多肽介导硬骨鱼类 I 型干扰素的非典型杀菌活性 .....	82
80. 秦皮和秦皮苷抗白斑综合征病毒活性及作用机制研究 .....	83
81. 许氏平鲉 TFPI-1 基因鉴定及其抗微生物功能研究.....	84
82. 豹纹鳃棘鲈不同颜色粪便菌群分析 .....	85
83. The NQO1 of Nile tilapia ( <i>Oreochromis niloticus</i> ) is involved in the oxidative stress induced by copper exposure .....	86
84. 石斑鱼两种重要无膜细胞器的比较分析 .....	87
85. Comparative Analysis of Two Important Membraneless Organelles in Epinephelus... ..	88
86. 山药多糖对鲤细胞铁死亡的调控作用 .....	89
87. 驼背鲈 Bcl-2 相关细胞死亡促进因子(Bad)的鉴定及其促凋亡与抗菌作用.....	90
88. 细长聚球藻 PCC7942 递送不同类型 CpG ODNs 对南美白对虾的免疫激活作用比较 .....	91
89. Coordinating metabolic reprogramming and exosome secretion: A dual role for SIRT1/HIF-1 $\alpha$ under Hypoxia in Golden Pompano.....	92
90. Molecular cloning and functional characterization of NQO1 in Nile tilapia ( <i>Oreochromis niloticus</i> ): a quinone oxidoreductase mitigating ammonia-induced oxidative stress .....	93
91. 解淀粉芽孢杆菌对石斑鱼虹彩病毒感染的干预及保护研究 .....	94
<b>第四章 水产动物遗传育种 .....</b>	<b>95</b>
92. 尼罗罗非鱼活性 Tc1/Mariner 转座子的鉴定及其潜在育种应用 .....	96

93. Identification of Active Tc1/Mariner Transposons in Nile Tilapia and Their Potential Applications in Breeding.....	97
94. 豹纹鳃棘鲈(Plectropomus leopardus)体色性状的基因组选择研究及应用 .....	98
95. 豹纹鳃棘鲈生殖调控机制及室内人工繁育研究 .....	99
96. 转录因子 mef2aa 在豹纹鳃棘鲈生长过程中功能探究.....	100
97. 紫海胆全基因组测序与不同地理种群的群体遗传学研究 .....	101

## **第一章 水产动物营养与生理**

## 鳄鱼产业发展报告 —— 健康养殖新理论与新技术应用

喻志林

海南鳄珍鳄鱼科技集团有限公司，海南，570000

**摘要：**为推动中国鳄鱼产业高质量可持续发展，本文通过梳理全球与中国鳄鱼养殖产业发展现状，分析国内鳄鱼产业技术革新路径与全产业链发展格局，剖析行业发展面临的核心瓶颈并提出突破对策，同时展望产学研融合背景下产业未来发展趋势。结果表明，中国已成为新兴鳄鱼养殖大国，2025 年市场规模达 47.3 亿元，存栏量 120 万条，且生态养殖、智能化管理等健康养殖技术体系已初步构建，全产业链向高附加值领域延伸趋势显著；但产业仍面临种质资源退化、技术标准缺失、环保压力加大、市场认知不足等问题。结论指出，通过加强良种繁育体系建设、完善行业标准、发展绿色生态养殖、强化市场科普培育，结合产学研深度融合推动科技成果转化，能有效突破产业发展瓶颈，助力中国鳄鱼产业实现标准化、品牌化、国际化发展。

**关键词：**鳄鱼产业；健康养殖；全产业链；产学研融合；可持续发展

## Effects of dietary *Pulsatilla chinensis* (Bunge) Regel on *Mastacembelus armatus* growth and intestinal health

Qiuxu Chen<sup>a</sup>, Jingyi Chen<sup>a</sup>, Tingyun Zhang<sup>a</sup>, Zhanmin Huang<sup>a</sup>, Hu Shu<sup>b</sup>, Meng Chen<sup>a,\*</sup>, Li Lin<sup>a,\*</sup>

a.Guangdong Provincial Water Environment and Aquatic Products Security Engineering Technology Research Center,

Zhongkai University of Agriculture and Engineering, Guangzhou 510225, China

b.School of Life Sciences, Guangzhou University, Guangzhou 511400, PR China

**Abstract:** This study investigated the effects of dietary supplementation with *Pulsatilla chinensis* (*P. chinensis*, PC) on the growth performance and intestinal health of *Mastacembelus armatus*. Fish were fed basal diets supplemented with 0, 150, 300, and 600 mg/kg PC for 8 weeks. The results showed that the 300 mg/kg PC group (PC-300) significantly improved weight gain rate (WGR) and specific growth rate (SGR), while reducing feed conversion ratio (FCR). At this level, intestinal morphology was enhanced, with improved villus structure and increased muscularis thickness. PC supplementation also enhanced antioxidant capacity (increased SOD, decreased MDA) and up-regulated the expression of inflammatory cytokines (IL-10, TNF- $\alpha$ ) and tight junction proteins (Occludin, Claudin-14, Claudin-15). Following *Aeromonas veronii* challenge, SOD activity initially increased and then declined, whereas MPO activity showed the opposite trend. The transcription levels of immune- and tight junction-related genes were significantly up-regulated in PC-fed fish. In the acetic acid-induced enteritis model, the PC300 group exhibited increased SOD and MPO activities, elevated cytokine expression, and reduced MDA levels. Intestinal muscularis thickness and tight junction gene expression were also significantly enhanced, indicating improved barrier function. Transcriptomic analysis revealed that dietary PC (300 mg/kg) improved intestinal health by regulating pathways related to mucosal immunity, tight junctions, antigen presentation, and FoxO signaling. These findings were validated by qRT-PCR analysis of 12 differentially expressed genes and ELISA quantification of three key proteins (HSP-70, IRS-2, and RAB13). Overall, dietary supplementation with 300 mg/kg PC effectively promotes intestinal health by improving morphology, antioxidant defense, immune response, and barrier integrity.

**Keywords:** *Pulsatilla chinensis*; *Mastacembelus armatus*; Growth; Intestinal Barrier; Immune Response

基金项目：广东省省级乡村振兴战略专项资金种业振兴项目(项目编号：2022-SPY-00-017)

通讯作者：陈萌，女，博士研究生，讲师，研究方向：水产动物健康养殖；Email:

zk2019\_chenmeng@163.com

通讯作者：林鑫，男，博士，教授，研究方向：水产动物健康养殖；Email: linli@zhku.edu.cn

## 热带鱼类健康养殖研究进展：从营养调控到生态系统管理

王瑞瑶，李兵辉，李娅柠

大连海洋大学水产与生命学院，大连，116023

**摘要：**系统总结热带鱼类健康养殖领域的最新研究进展，为热带水产养殖业的可持续发展提供理论参考。基于近年的相关研究成果，从营养调控、养殖系统优化、环境因子管理和病害防控等角度，综合分析热带鱼类健康养殖的关键技术与发展趋势。结果表明，功能性饲料添加剂(如紫色非硫细菌)可显著提升热带鱼类的生长性能、体色亮度及免疫抗病能力，在病原感染条件下存活率可提升 35%以上；生物絮团技术(BFT)与鱼菜共生系统(FLOCponics)的集成应用，可在维持水质稳定的同时显著提高鱼类增重率(如热带鳗鲡在 BAPs 系统中增重率达 70.61%，较流水系统提高 47.8%)；水温、溶解氧、pH 等环境参数的精准调控是保障热带鱼类繁殖性能和苗种质量的关键，智能调控系统可将育苗成活率提升至 85%以上。热带鱼类健康养殖需要因地制宜选择适宜技术，注重饲料营养、养殖管理和病害防控的协同配合，逐步推广成熟适用的集成技术。

**关键词：**热带鱼类；健康养殖；营养调控；环境管理

## **Research Progress in Healthy Aquaculture of Tropical Fish: From Nutritional Regulation to Ecosystem Management**

Wang Ruiyao, Li Binghui, Li Yaning

School of Fisheries and Life Science, Dalian Ocean University, Dalian, 116023, Liaoning

**Abstract:** [Objective] This paper systematically reviews the latest research progress in the field of healthy aquaculture of tropical fish, aiming to provide a theoretical reference for the sustainable development of the tropical aquaculture industry. [Methods] Based on relevant research findings from recent years, this study comprehensively analyzes the key technologies and development trends in healthy aquaculture of tropical fish from the perspectives of nutritional regulation, aquaculture system optimization, environmental factor management, and disease prevention and control. [Results] Research indicates that functional feed additives (e.g., purple non-sulfur bacteria) can significantly enhance the growth performance, body color brightness, and immune disease resistance of tropical fish, increasing survival rates by over 35% under pathogen infection conditions. The integrated application of Biofloc Technology (BFT) and FLOCponics systems can maintain water quality stability while significantly improving fish weight gain rates (e.g., the weight gain rate of tropical eels in BAPs systems reached 70.61%, a 47.8% increase compared to flow-through systems). Precise regulation of environmental parameters such as water temperature, dissolved oxygen, and pH is key to ensuring the reproductive performance and seedling quality of tropical fish, with intelligent control systems potentially increasing seedling survival rates to over 85%. [Conclusion] The healthy aquaculture of tropical fish requires the selection of appropriate technologies based on local conditions, focusing on the synergistic coordination of feed nutrition, aquaculture management, and disease prevention and control, and gradually promoting mature and applicable integrated technologies.

**Keywords:** Tropical fish; Healthy aquaculture; Nutritional regulation; Environmental management

## 生态综合种养模式对罗氏沼虾代谢及营养品质的影响

赵奕翔，汪蕾\*

华南师范大学生命科学学院，广东省广州市，510631

**摘要：**粮食安全是国家发展的基石，生态综合种养模式通过资源协同利用可提升农田经济效益，其中“稻虾共作”因综合效益突出成为主要推广模式之一。罗氏沼虾作为高经济价值的淡水虾种，在我国广东地区具备地区优势，但综合种养系统中肌肉品质形成机制尚不明确。本研究选取丝苗米-罗氏沼虾综合种养模式(IAAS 组)，以高密度池塘养殖罗氏沼虾模式(IFS 组)为对照，系统分析罗氏沼虾代谢和肌肉品质调控机制。结果显示，IAAS 组罗氏沼虾品质有显著提升，其肌肉灰分与粗脂肪含量显著增加( $P < 0.05$ )，蒸煮损失率与滴水损失率为对照组的 0.3-0.8 倍，肌肉弹性、咀嚼性显著提高( $P < 0.05$ )，硬度降低( $P < 0.05$ )；肌肉纤维直径及面积是对照组的 2 倍以上，肌纤维间隙显著低于对照组( $P < 0.05$ )；肌肉相关代谢基因(MyHC、Mstn、Cat L)及自噬相关基因(NF- $\kappa$ B、MAPK)表达量显著下调，AKT 显著上调( $P < 0.05$ )。另外在肌肉风味物质方面，两组中检出 10 种差异风味物质，IAAS 组包含有 Taurine 和 2,6-Diisopropylhydroquinone 等 IFS 组未检出的具有甜味或果香的风味物质，而 IAAS 组与 IFS 组均含有的苦味物质(如 3E,5E-Tridecadienoic acid)含量显著降低，脂肪香物质(如 Embelin)显著增加( $P < 0.05$ )；以上研究结果表明生态综合种养通过优化肌肉纤维结构、调控代谢基因表达及改善风味物质组成等方面提升罗氏沼虾品质，相较于高密度池塘养殖更具优势。该研究为稻渔系统优化提供理论依据，对推动生态农业可持续发展具有重要应用价值。

**关键词：**罗氏沼虾；稻渔综合种养；营养品质；风味物质

\*通讯作者：汪蕾，女，副教授，

资助项目：中央引导地方科技发展专项资金(2025B0202010040)；广东省自然科学基金项目优秀青年项目(2024A1515030234)。

## 复合添加剂对豹纹鳃棘鲈生长、非特异性免疫、脂质代谢及肠道菌群的影响

张伟浩<sup>1,2</sup>, 林新磊<sup>1,2</sup>, 时慧中<sup>1,2</sup>, 蔡岩<sup>1,2</sup>, 王世锋<sup>1,2\*</sup>

1.海南大学 海洋生物与水产学院, 海南海口 570228;

2.海南大学 海南省热带水生生物技术重点实验室, 海南海口 570228;

**摘要:** 为缓解工厂化循环水养殖系统中, 豹纹鳃棘鲈存在的免疫力低下、代谢紊乱及肠道疾病多发等问题, 本研究以豹纹鳃棘鲈为研究对象, 在循环水养殖系统(RAS)中, 将枯草芽孢杆菌、甘露寡糖与大蒜素进行复合搭配并添加至饲料中, 实验分 5 组, 包括对照组(投喂基础饲料, C 组), 枯草芽孢杆菌+甘露寡糖组(基础饲料添加  $1 \times 10^8$  CFU/g 枯草芽孢杆菌和 0.3%甘露寡糖, BM 组), 枯草芽孢杆菌+大蒜素组(基础饲料中添加  $1 \times 10^8$  CFU/g 枯草芽孢杆菌和 200mg/kg 大蒜素, BA 组), 甘露寡糖+大蒜素组(基础饲料中添加 200mg/kg 大蒜素和 0.3%甘露寡糖, MA 组)和枯草芽孢杆菌+甘露寡糖+大蒜素组(基础饲料中添加 0.3%甘露寡糖、200mg/kg 大蒜素和  $1 \times 10^8$  CFU/g 枯草芽孢杆菌, BMA 组), 结果显示, 与对照组相比, BMA 组特定生长率显著提高( $P < 0.05$ ), MA 组的肥满度 CF 显著提高; 血清酶活结果显示, MA 组、BM 组和 BMA 组的 SOD 和 HDL-C 显著高于对照组; 肠道菌群分析显示: MA 组肠道菌群丰富度显著高于对照组, BM 组肠道菌群结构更相似; 豹纹鳃棘鲈肠道菌群主要由后壁菌门(Bacillota)和假单胞菌门(Pseudomonadota)组成, 其中 MA 组和 BA 组肠道中厚壁菌门的丰度显著高于对照组( $P < 0.05$ )。综上, 枯草芽孢杆菌、甘露寡糖与大蒜素复配添加, 可有效改善豹纹鳃棘鲈高密度工厂化循环水养殖中的生长性能、免疫功能及肠道健康。

**关键词:** 豹纹鳃棘鲈; 枯草芽孢杆菌; 甘露寡糖; 大蒜素; 生长性能; 血清酶活

资助项目: 海南省自然科学基金(324CXTD423), 海南省科技人才创新项目 B 类(KJRC2023B22)

通讯作者: 王世锋, 男, 博士, 海南大学海洋生物与水产学院教授, 研究方向: 水产微生物生态与健康养殖, E-mail: shifeng\_15@163.com

## 方斑东风螺养殖池内环境特征及循环水流调控效果研究

王世锋<sup>1,2</sup>, 袁善恒<sup>1,2</sup>, 柯海珠<sup>1,2</sup>, 刘树昌<sup>1,2</sup>, 田溶瑞<sup>1,2</sup>, 周永灿<sup>1,2</sup>, 蔡岩<sup>1,2\*</sup>

1.海南大学 海洋生物与水产学院, 海南海口 570228;

2.海南大学 海南省热带水生生物技术重点实验室, 海南海口 570228;

**摘要:** 为了降低方斑东风螺养殖用水量且提高养殖池内水环境质量, 本研究通过对池内水环境理化指标、可培养细菌含量以及菌群结构等进行检测阐明池内水环境特征, 并构建池内半循环水养殖模式研究其对池内环境的调控效果, 结果发现: 传统离底铺沙流水养殖模式池内底水层 pH、DO、COD 和 NO<sub>3</sub>--N 含量显著低于表水层, NO<sub>2</sub>--N、NH<sub>4</sub>+ -N、TN-N 等显著高于表水层(P < 0.05); 沙层内可培养异养菌和弧菌含量均远高于表、底水层(P < 0.05); 16S rRNA 高通量测序显示, 在属水平上, 表水层中前五个优势菌属为弧菌属、交替单胞菌属(norank\_f\_Alteromonadaceae)、支原体属(Mycoplasma)、norank\_f\_Cryomorphaceae、噬甲基菌属(Methylophaga), 底水层与沙层中的前五个优势菌属相似, 均为弧菌属、鲁杰氏菌属、黄杆菌属(unclassified\_f\_Flavobacteriaceae)、红杆菌属等菌属; 可见东风螺养殖池内理化因子、可培养细菌和菌群组成等均存在分层现象。与传统离底铺沙流水养殖模式相比, 在方斑东风螺养殖池内安装循环水泵构建池内半循环水养殖模式后, 日换水量可降低 30%以上, 底水层溶解氧含量显著提高(P<0.05), 氨氮、亚硝酸盐和总氮含量显著降低(P<0.05); 沙层内弧菌含量显著降低, 异养菌与弧菌含量的比值显著升高 (P < 0.05); 16S rRNA 高通量测序显示, 在属水平上, 池内半循环水养殖模式显著提高沙层中鲁杰氏菌属 (Ruegeria)、伍斯菌属 (Woeseia) 丰度, 显著降低 norank\_o\_gammaproteobacteria、水杆菌属(Aquibacter)、Dinoroseobacter 等属丰度, 可见, 方斑东风螺池内半循环水养殖模式可调控池内养殖环境, 具有节水效果。

**关键词:** 方斑东风螺; 离底铺沙流水养殖模式; 水质; 微生物菌群

资助项目: 海南省自然科学基金(324CXTD423), 海南省重点研发项目(ZDYF2025XDNY123)

通讯作者: 蔡岩, 女, 博士, 海南大学海洋生物与水产学院, 研究方向: 水产微生物生态与健康养殖, E-mail: azsure\_caiyan@163.com

## **Analysis of metagenome and metabolome disclosed the mechanisms of *Dendrobium officinale* polysaccharide on DSS-induced ulcerative colitis-affected mice**

Xiaona Zeng<sup>a,b,c,d,e,1</sup>, Shengqiu Tang<sup>a,c,1</sup>, Xiaoying Dong<sup>a,c</sup>, Mengyue Dong<sup>b,d,e</sup>,  
Runlin Shao<sup>b,d,e</sup>, Ruiheng Liu<sup>b,d,e</sup>, Tong Li<sup>b,d,e</sup>, Xinheng Zhang<sup>b,d,e</sup>, Yung Hou Wong<sup>f,\*</sup>,  
Qingmei Xie<sup>b,d,e,\*\*</sup>

1. Guangdong Provincial Key Laboratory of Utilization and Conservation of Food and Medicinal Resources in Northern Region, Shaoguan University, Shaoguan 512005, PR China
2. State Key Laboratory of Swine and Poultry Breeding Industry & Heyuan Branch, Guangdong Provincial Laboratory of Lingnan Modern Agricultural Science and Technology, College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, PR China
3. Henry Fok School of Biology and Agriculture, Shaoguan University, Shaoguan 512005, PR China
4. Guangdong Provincial Key Lab of AgroAnimal Genomics and Molecular Breeding, College of Animal Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, PR China
5. Guangdong Engineering Research Center for Vector Vaccine of Animal Virus, Guangzhou 510642, PR China
6. Division of Life Sciences and the Biotechnology Research Institute, Hong Kong University of Science and Technology, Hong Kong, China

**Abstract:** Currently, there is no known cause for ulcerative colitis (UC), an inflammatory bowel disease that is difficult to treat. This assay aimed to investigate the protective effects and mechanisms of *Dendrobium officinale* polysaccharide (DOP) in mice with acute UC induced by dextran sulphate sodium (DSS). We found that DOP could improve weight loss, decrease the disease activity index (DAI), and regulate the release of interleukin 2 (IL-2), IL-4, IL-6, and IL-10 in DSS-induced acute UC mice. Additionally, DOP preserved the integrity of the intestinal barrier in UC mice by increasing goblet cell density and maintaining tight junctions. DOP significantly enhanced total antioxidant capacity (T-AOC), and reduced glutathione (GSH), nitric oxide (NO), and malondialdehyde (MDA) levels in the bloodstream. In terms of serum biochemistry, DOP markedly elevated levels of bilirubin (BIL), alkaline phosphatase (ALP), total bile acid (TBA), creatinine (Crea), and creative kinase isoenzyme (CKMB). Furthermore, DOP increased the relative abundance of Lactobacillales. DOP also improved intestinal health and stimulated the synthesis of potent anti-inflammatory and antiviral substances by regulating the metabolism of purines, prostaglandins, and leukotrienes. Therefore, DOP can be considered a functional dietary supplement for the treatment of UC, as it improves the condition of DSS-induced UC mice.

**Keywords:** *Dendrobium officinale* polysaccharide; DSS-induced ulcerative; metagenome; metabolome

第一作者: 曾小娜, 女, 博士, 讲师, 营养与免疫, 电话: 15915768084, E-mail: xiaona9916@163.com

## **Molecular cloning, phylogenetic analysis and functional characterisation of an Elovl7 elongase from freshwater crustacean, crayfish (*Procambarus clarkii*)**

Teng Li <sup>a,b,c</sup>, ZhiGang Yang <sup>a,b,c</sup>, YunFei Sun <sup>a,b,c</sup>, YongXu Cheng <sup>d</sup>, Qin Chen <sup>a,b,c</sup>\*

a. Key Laboratory of Exploration and Utilization of Aquatic Genetic Resources, Ministry of Education, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, People's Republic of China

b. Centre for Research on Environmental Ecology and Fish Nutrition of the Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China;

c. National Demonstration Center for Experimental Fisheries Science Education, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China

d. School of Marine Sciences, Ningbo University, Ningbo 315211, People's Republic of China

**Abstract** :[Objective] Elongation of very long-chain fatty acids (Elovl) proteins are crucial for the biosynthesis of long-chain polyunsaturated fatty acids (LC-PUFAs), yet the endogenous LC-PUFA synthesis in crustaceans remains poorly understood due to limited evidence for functional elongases. [Methods] In this study, we cloned and functionally characterized the Elovl7 gene from the red swamp crayfish (*Procambarus clarkii*). [Results] The cDNA contains an open reading frame of 1155 bp encoding a 384-amino acid protein, including five transmembrane domains and a conserved histidine box (HXXHH). Phylogenetic analysis revealed that *P. clarkii* Elovl7 clusters closely with crustacean homologs, forming a clade distinct from vertebrate Elovl7 proteins. Tissue expression profiling revealed ubiquitous expression, with the highest levels in the hepatopancreas and gills. Functional assessment of the heterologous expression in *Saccharomyces cerevisiae* demonstrated that *P. clarkii* Elovl7 efficiently elongates C18:1n-9 to C20:1n-9 and converts C18:2n-6 and C18:3n-3 to their corresponding C20 products, while showing no activity toward C20 or C22 PUFA substrates. [Conclusion] These findings provide molecular evidence for the involvement of Elovl7 in crustacean LC-PUFA biosynthesis, offering insights into lipid metabolic adaptation and potential applications in nutritional regulation in aquaculture.

**Keywords:** *Procambarus clarkii*; LC-PUFA; Elovl7; Tissue expression; Functional characterization

资助项目: This study was supported by the National Natural Science Foundation of China (No. 32273154), the earmarked fund for CARS-48.

第一作者: 李腾, 男, 博士研究生, 水产营养与饲料, LiTeng307@163.com

## **Integrative Multi-Omics Analysis of Magnesium-Mediated Mitigation of Nitrite Toxicity in *Litopenaeus vannamei***

Xuenan Li<sup>a</sup>, Xilin Dai<sup>a,b,c,\*</sup>

- a. National Demonstration Center for Experimental Fisheries Science Education, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China
- b. Key Laboratory of Freshwater Aquatic Genetic Resources, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China
- c. Shanghai Engineering Research Center of Aquaculture, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China

**Abstract:** Nitrite accumulation represents a major stressor in the intensive aquaculture of *Litopenaeus vannamei*. Increasing water salinity (by NaCl supplementation) is one of the conventional mitigation strategies. However, this study found that under conditions providing equivalent Cl<sup>-</sup> concentration, MgCl<sub>2</sub> was more effective than NaCl in alleviating nitrite toxicity. To elucidate the specific protective mechanism of magnesium ions (Mg<sup>2+</sup>), a stress experiment under an equimolar chloride background was designed, including NaCl and MgCl<sub>2</sub> treatment groups. Survival analysis, histopathology, oxidative stress indicators, and combined transcriptomic and metabolomic approaches were comprehensively employed for evaluation. The results demonstrated that, compared with the NaCl group, MgCl<sub>2</sub> treatment significantly improved shrimp survival, reduced hepatopancreatic tissue damage and apoptosis, and accelerated the clearance of nitrite *in vivo*. At the molecular level, the beneficial effect of Mg<sup>2+</sup> was primarily achieved through a dual synergistic pathway: First, it systematically up-regulated genes and metabolites related to cofactor biosynthesis, providing critical support for cellular metabolism under stress. Second, it directed adaptive reprogramming of the glycerophospholipid metabolism pathway, enhancing resistance to oxidative damage by stabilizing cell membrane structure. This coordinated regulation of metabolic support systems and membrane stability enabled the organism to manage oxidative stress via an economical and efficient "prevention-stabilization" mode, rather than passively activating high-energy-consuming antioxidant defenses. This study reveals, for the first time at both physiological and multi-omics levels, the unique cytoprotective mechanism of Mg<sup>2+</sup> against acute aquatic toxicants in crustaceans, providing an important theoretical foundation for developing novel and efficient nitrite mitigation strategies based on Mg<sup>2+</sup> regulation.

**Keywords:** *Litopenaeus vannamei*; nitrite stress; magnesium ions; multi-omics analysis; alleviation of toxicity

## 温度、盐度与 pH 对圆形臂尾轮虫背甲宽度的调控效应

杨凡<sup>1,2</sup>, 樊姿含<sup>1,2</sup>, 文鑫<sup>1,2</sup>, 骆剑<sup>1,2</sup>, 陈虎<sup>1,2</sup>

1.海南大学 海洋生物与水产学院, 海南海口 570228; 2.海南大学 三亚南繁研究院, 海南 三亚 572025

**摘要:** 为满足极小口裂海水鱼类幼体对超微型活饵的需求, 本研究以选育获得的超小型圆形臂尾轮虫(*Brachionus rotundiformis*)为对象, 评估温度 (21–34 °C)、盐度 (10‰–30‰)和 pH (6.6–9.0) 对带卵成体背甲宽度的影响。结果表明, 升温显著抑制体型增大, 高温组 (31–34 °C) 自第 2 天起持续降低背甲宽度, 最小达 78.93 μm; 升高盐度则促进体型增大, 高盐组 (25‰–30‰) 9 天内增幅达 10%–15%, 低盐组(10–15‰) 维持较小体型; 碱性环境 (pH 8.4–9.0) 促进体型增长, 低 pH (6.6–7.2) 可稳定抑制体型增大, 终点降低约 7%–8%。综合来看, 温度的短期调控作用最显著, 生产上推荐采用 30 °C、15‰和 pH 6.6, 以获得背甲宽度低于 80 μm 的超微型 SS 轮虫。

**关键词:** 超小型轮虫; pH; 盐度; 温度; 环境因子; 小型化

资助项目: 本文得到海南省种业实验室现代农业项目(B24H10033)支持。

通讯作者简介: 陈虎, 男, 博士, 副教授, 研究方向: 水产动物与营养, 手机号: 18981020074, 邮箱: huchen369@hainanu.edu.cn

## 南美白对虾生长性状的全基因组关联分析及关键调控基因鉴定

张鲁鹏<sup>1</sup>, 王浩<sup>1,2\*</sup>, 滕铭轩<sup>1</sup>, 赵倩倩<sup>1</sup>, 赵明洋<sup>1</sup>, 黄永裕<sup>1</sup>, 颜为桦<sup>1</sup>, 欧阳吉隆<sup>1</sup>, 包振民<sup>1,2,3</sup>, 曾启繁<sup>1,2,3\*</sup>

- 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, 572025;
- 2.海南省种业实验室, 海南三亚, 572025;
- 3.南方海洋科学与工程广东省实验室, 广东广州, 511458。

**摘要:** 生长性状是影响南美白对虾养殖效率和经济效益的核心指标, 但其遗传基础及关键调控基因仍有待深入解析。本研究旨在利用全基因组关联分析系统挖掘南美白对虾生长性状相关遗传位点, 并对关键候选基因进行功能验证。方法上, 以 996 尾南美白对虾为研究对象, 测定体长、体重和腹长等表型, 结合全基因组重测序与基因型填充获得 270 余万个高质量 SNP, 开展 GWAS 分析、QTL 定位及候选基因筛选; 同时通过 RNA 干扰和转录组分析验证关键基因功能。结果表明, 体长、体重和腹长均具有较高遗传力, 其中体长与其他性状相关性最强; GWAS 共鉴定到 30 个与体长显著相关的 SNP 位点, 定位到 LG2、LG25、LG26 和 LG37 上的 6 个 QTL, 筛选出 PDE11A、SAAL、IAO-like 等 26 个候选基因, 其中 LG37 区段信号最显著。RNA 干扰结果显示, 沉默 PDE11A 和 SAAL 后, 对虾体长和体重增长显著下降。研究表明, 南美白对虾生长性状具有清晰的遗传基础, PDE11A 和 SAAL 是调控生长的重要功能基因, 可为分子标记辅助选择和生长性状遗传改良提供重要理论依据与基因资源。

**关键词:** 南美白对虾; 生长性状; PDE11A; 共线性; RNA 干扰;

基金项目: 国家重点研发计划(2022YFD2400201)、海南省重点研发项目(ZDYF2024YJGG004)、海南省海南省种业实验室“揭榜挂帅”项目(B24YQ0009)。  
作者简介: 王浩, 男, 遗传学博士, 水产动物遗传学, 15964239385, E-mail: wanghao8732@ouc.edu.cn。

## 循环水养殖系统资源节约型水产养殖的电力使用模式探究

李兵辉<sup>1,2</sup>, 张天宇<sup>1,2</sup>, 王瑞瑶<sup>1,2</sup>

大连海洋大学, 辽宁大连, 116023

**摘要:** 循环水产养殖虽以节水和节地著称而被广泛采用, 但其能耗较高。然而, 关于其能源需求的系统性证据仍有限。本研究旨在识别、回顾并综合影响循环水产养殖电能消耗的关键因素及趋势, 并探讨其资源使用报告情况。研究选取了 2010 年至 2024 年间关于循环水产养殖能量使用的文献。通过回归和相关分析处理了与用水和喂养相关的能源使用信息, 并采用非参数检验考察了不同生产及数据因素对能耗的影响。与预期相反, 研究发现能源使用与水资源使用、喂养之间并无直接关系。相比之下, 运行密度较高的系统, 其能量运行效率高于低密度系统。此外, 商业系统的能耗低于科研系统, 淡水系统的运行效率高于盐水系统, 且养殖物种也会对能耗产生影响。本综述提供了对循环水产养殖电力使用的标准化评估。文献数据集的有限性及数据报告的异质性是主要局限。为构建可比的累积知识体系, 未来研究需采用更一致的指标, 以权衡系统能耗与其他资源消耗的关系。

**关键词:** 循环水产养殖; 电力使用; 运行效率; 资源权衡

## Exploring Electricity Use Patterns for Resource-Efficient Aquaculture in Recirculating Aquaculture Systems

Binghui Li<sup>1,2</sup>, Tianyu Zhang<sup>1,2</sup>, Ruiyao Wang<sup>1,2</sup>

Dalian Ocean University, Dalian 116023

**Abstract:**[Objective]Recirculating aquaculture systems (RAS) are increasingly adopted for their water- and land-saving benefits, yet they are associated with high energy consumption. However, systematic evidence regarding their energy requirements remains scarce. This study aims to identify, review, and synthesize current knowledge on the key factors and trends influencing electricity consumption in recirculating aquaculture, as well as to examine the reporting of resource use. [Methods]To this end, studies published between 2010 and 2024 on energy use in fish RAS were examined. Regression and correlation analyses were conducted to analyze energy use data in relation to water use and feeding. Non-parametric tests were employed to investigate the impact of various production and data-related factors on energy consumption. [Results]Contrary to expectations, the findings reveal no direct relationship between energy use, water use, and feeding. In contrast, systems operated at higher stocking densities exhibited greater energy efficiency compared to those with lower densities. Furthermore, energy consumption was lower in commercial RAS than in research systems, and freshwater systems operated more efficiently than saltwater systems. Energy use was also found to be influenced by the cultured species. A primary limitation of this study is the limited dataset on energy consumption in RAS available in the literature. [Conclusion] The heterogeneity of data reporting must be considered when interpreting these results and drawing general conclusions about the energy-resource trade-offs in RAS. Nevertheless, this review provides a standardized assessment of electricity use in recirculating aquaculture and its association with other resource use indicators. To support the development of comparable datasets for cumulative knowledge building, the adoption of more consistent metrics and greater coordination in data reporting is recommended.

**Keywords:** Recirculating aquaculture systems; Electricity use; Energy efficiency; Energy-resource trade-offs

## 硒对玉足海参性腺发育及脂质代谢的影响

刘筱蕾<sup>1</sup>, 陈龙<sup>1</sup>, 黄敏伟<sup>1</sup>, 胡俊茹<sup>1\*</sup>, 黄文<sup>1\*</sup>

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, 地区: 广州天河, 邮编: 510640

**摘要:** 本研究旨在探究硒对玉足海参性腺发育和脂质代谢的影响, 为玉足海参促性腺发育人工配合饲料的开发提供依据。在基础饲料中添加 0、0.8、2.0 mg/kg 亚硒酸钠, 开展 56 d 养殖试验。结果表明: 与对照组相比, 0.8 和 2.0 mg/kg 组体壁硒含量显著升高; 0.8 mg/kg 组雌性性腺指数显著升高、卵细胞直径显著增加, 而 2.0 mg/kg 组无显著差异。油红 O 染色显示两实验组卵巢脂质面积比率均显著高于对照组。代谢组学显示, 0.8 mg/kg 组雌性性腺代谢物显著富集于亚油酸代谢、甘油磷脂代谢等 12 个不饱和脂肪酸代谢及自噬途径; 雄性性腺代谢物显著富集于甘油磷脂代谢、胆固醇代谢、脂肪消化吸收等 11 个通路; 2.0 mg/kg 组雄性性腺代谢物显著富集于  $\alpha$ -亚麻酸代谢、甘油磷脂代谢、维生素消化吸收及鞘脂代谢等 20 个通路。综上所述, 饲料中添加 0.8 mg/kg 硒促进玉足海参性腺发育、影响多个脂质代谢通路富集, 利于脂质积累。

**关键词:** 硒; 玉足海参; 性腺发育; 脂质代谢

## 丁酸梭菌的分离筛选及对红螯螯虾的益生作用

张泽龙<sup>1#</sup>, 陈俊祥<sup>1,2#</sup>, 鲁耀鹏<sup>1</sup>, 张秀霞<sup>1</sup>, 郑佩华<sup>1</sup>, 李军涛<sup>1</sup>, 洗健安<sup>1,2\*</sup>

1. 中国热带农业科学院热带生物技术研究所, 海南省海洋生物资源功能性成分研究与利用重点实验室, 海南 海口 571101; 2. 河北农业大学海洋学院, 河北 秦皇岛 066000

**摘要:** 目的: 分离筛选具有良好益生性能的丁酸梭菌菌株, 并评价其对红螯螯虾生长、免疫及肠道健康的影响。方法: 从海南多地养殖环境中分离筛选丁酸梭菌, 并候选菌株进行基因组及代谢产物分析; 将不同浓度(0–2 g/kg)菌粉添加至饲料中, 开展 8 周养殖试验, 测定生长性能、消化酶活性、抗氧化与免疫指标、肠道菌群及代谢变化, 并通过攻毒试验评价抗病能力。结果: 筛选获得菌株 WF4-2, 具有良好安全性和较强产丁酸能力。添加 0.02 g/kg 显著提高红螯螯虾增重率和特定生长率, 增强消化酶活性, 显著提高 CAT、GPx 和 T-AOC 等抗氧化能力, 降低 MDA 含量, 并上调相关基因的表达水平; 肠道有益菌丰度提高; 添加丁酸梭菌组可显著提高螯虾在嗜水气单胞菌攻毒下的存活率。结论: 丁酸梭菌 WF4-2 可通过改善肠道菌群、增强抗氧化能力及免疫功能促进红螯螯虾生长并提高抗病力, 其适宜添加量为 0.002–0.02 g/kg。

**关键词:** 丁酸梭菌; 红螯螯虾; 益生菌; 免疫; 肠道菌群

资助项目: 农业农村部财政专项(NFZX2024); 中国热带农业科学院国家热带农业科学中心科技创新团队项目(CATASCXTD202416)。

洗健安, 男, 博士, 副研究员, 研究方向: 水产动物健康养殖。E-mail: xian-ja@163.com

## 饲料中添加富硒芽孢杆菌对红螯螯虾生长性能、肠道微生物、免疫功能的影响

张泽龙<sup>1#</sup>, 丁柯翔<sup>1,2#</sup>, 鲁耀鹏<sup>1</sup>, 张秀霞<sup>1</sup>, 郑佩华<sup>1</sup>, 李军涛<sup>1</sup>, 洗健安<sup>1,2\*</sup>

1. 中国热带农业科学院热带生物技术研究所, 海南省海洋生物资源功能性成分研究与利用重点实验室, 海南海口 571101; 2. 佳木斯大学生物与农业学院, 黑龙江 佳木斯 154007

**摘要:** 目的: 筛选具有较强富硒能力的芽孢杆菌, 并评价其对红螯螯虾生长、抗氧化、免疫及肠道微生态的影响, 明确适宜添加水平。方法: 从海南多地样品中取样分离菌株, 用含硒培养筛选富硒微生物, 进行分子鉴定并通过电镜和能谱验证其富硒特性。分别开展两个饲料养殖实验, 实验一设置对照组、未富硒芽孢杆菌组及富硒芽孢杆菌组, 实验二设置 0–0.8 mg/kg 不同添加水平的富硒芽孢杆菌菌粉, 测定生长性能、肌肉硒含量、抗氧化与免疫指标、肠道菌群及代谢组变化。结果: 筛选获得 1 株高效富硒的菌株 P33-12, 经分子鉴定为地衣芽孢杆菌。两个养殖实验均显示添加富硒芽孢杆菌显著提高红螯螯虾增重率和特定生长率, 促进肌肉硒沉积; 增强 GPx、CAT 和 T-AOC 等抗氧化能力, 降低 MDA 含量, 并改善免疫指标; 同时优化肠道菌群结构, 减少潜在致病菌; 代谢组分析显示差异代谢物主要富集于脂质和氨基酸代谢通路。结论: 富硒芽孢杆菌 P33-12 可通过改善抗氧化系统、免疫功能及肠道微生态促进红螯螯虾生长, 并提高虾体的硒含量, 其适宜添加量为 0.8 mg/kg, 可作为潜在功能性饲料添加剂。

**关键词:** 红螯螯虾; 富硒芽孢杆菌; 生长性能; 抗氧化; 肠道微生物; 代谢组学

资助项目: 农业农村部财政专项(NFZX2024); 中国热带农业科学院国家热带农业科学中心科技创新团队项目(CATASCXTD202416)。

洗健安, 男, 博士, 副研究员, 研究方向: 水产动物健康养殖。E-mail: xian-ja@163.com

## 饲料中添加家蝇酶解蛋白对克氏原螯虾生长及卵巢发育的影响

李军涛<sup>1#</sup>, 彭巧<sup>1,2#</sup>, 郑佩华<sup>1</sup>, 鲁耀鹏<sup>1</sup>, 张秀霞<sup>1</sup>, 张泽龙<sup>1</sup>, 洗健安<sup>1\*</sup>, 王长平<sup>2\*</sup>, 王冬梅<sup>1\*</sup>

1. 中国热带农业科学院热带生物技术研究所, 海南省海洋生物资源功能性成分研究与利用重点实验室, 海南海口, 571101; 2. 佳木斯大学生物与农业学院, 黑龙江佳木斯, 154007

**摘要:** 目的: 明确家蝇 (*Musca domestica* L., J) 酶解蛋白在克氏原螯虾 (*Procambarus clarkii*) 饵料中的适宜添加量, 为促进亲虾生长和卵巢发育的饵料配方提供参考依据。方法: 以克氏原螯虾专用饵料为基础饵料, 分别添加 8%、13%、18% 的家蝇酶解蛋白, 进行为期 8 周的养殖试验, 探究饵料中梯度添加家蝇酶解蛋白对克氏原螯虾生长性能、体成分、免疫相关酶活性及卵巢发育的影响。结果: 添加昆虫酶解蛋白组均显著降低了螯虾的终末体重 (FBW)、增重率 (WGR) 和特定生长率 (SGR) ( $P < 0.05$ ); 高水平添加组(18%)的粗蛋白和粗脂肪含量显著下降, 而灰分含量显著上升; 随着家蝇酶解蛋白添加量的增加, 克氏原螯虾的总抗氧化能力 (T-AOC)、溶菌酶 (LZM) 活性显著增加, 而丙二醛 (MDA) 显著下降; 此外各添加组螯虾的相对繁殖力 (RF) 均显著高于对照组, 8% 添加组螯虾的抱卵率 (ECR) 显著高于对照组。结论: 饵料中添加家蝇酶解蛋白会降低自身生长但会提高免疫酶活性, 并能够促进卵巢的发育。综合上述指标生产中的最适添加量为 8%。

**关键词:** 家蝇酶解蛋白; 克氏原螯虾; 生长性能; 免疫酶活性; 卵巢发育

资助项目: 海南省重点研发计划项目(ZDYF2022XDNY247); 社会公益类科研机构改革专项基金(ITBBQDF2023006); 中国热带农业科学院国家热带农业科学中心科技创新团队项目(CATASCXTD202416)

洗健安, 男, 博士, 副研究员, 研究方向: 水产健康养殖。E-mail: xian-ja@163.com

王长平, 男, 博士, 教授, 研究方向: 水生生物学。E-mail: wcp100200@163.com

王冬梅, 女, 硕士, 研究员, 研究方向: 水产健康养殖。E-mail: wangdongmei@catasitbb.cn

## **The effect of adding housefly (*Musca domestica* L.) enzymatic hydrolyzed protein to feed on the growth and ovarian development of *Procambarus clarkii***

Jun-tao Li<sup>1#</sup>, Qiao Peng<sup>1,2#</sup>, Pei-hua Zheng<sup>1</sup>, Yao-peng Lu<sup>1</sup>, Xiu-xia Zhang<sup>1</sup>, Ze-long Zhang<sup>1</sup>,  
Jian-an Xian<sup>1\*</sup>, Chang-ping Wang<sup>2\*</sup>, Dong-mei Wang<sup>1\*</sup>

1. Hainan Provincial Key Laboratory for Functional Components Research and Utilization of Marine Bio-resources, Institute of Tropical Biosciences and Biotechnology, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Haikou 571101, China; 2. College of Biology and Agriculture, Jiamusi University, Jiamusi 154007, China.

**Abstract:** [Objective]: This study aimed to determine the optimal inclusion level of housefly (*Musca domestica* L.) enzymatic hydrolyzed protein (EHP) in feed for *Procambarus clarkii*, in order to provide a reference for formulating diets that promote growth and ovarian development in the parent shrimp. [Methods]: A basal feed formulated for *P. clarkii* was supplemented with 8%, 13%, or 18% housefly EHP. An 8-week feeding trial was conducted to evaluate the effects of graded EHP levels on growth performance, whole-body composition, immune-related enzyme activities, and ovarian development of *P. clarkii*. [Result]: *P. clarkii* fed EHP-supplemented diets showed significantly lower final body weight (FBW), weight gain rate (WGR), and specific growth rate (SGR) compared with the control group ( $P < 0.05$ ). In the high-inclusion group (18%), whole-body crude protein and crude fat contents decreased significantly, while ash content increased. With increasing EHP levels, total antioxidant capacity (T-AOC) and lysozyme (LZM) activity were significantly elevated, whereas malondialdehyde (MDA) levels decreased. Furthermore, the relative fecundity (RF) was significantly higher in all EHP-fed groups than in the control, and the egg-carrying rate (ECR) was highest in the 8% inclusion group. [Conclusion]: Dietary supplementation with housefly enzymatic hydrolyzed protein, although reducing growth performance, enhanced immune-related enzyme activities and promoted ovarian development in *P. clarkii*. Based on a comprehensive evaluation of the measured indicators, an inclusion level of 8% is recommended for practical application.

**Keywords:** Proteolysis of *Musca domestica* L.; *Procambarus clarkii*; Growth performance; Immunoenzyme activity; Ovarian hypoplasia

## 光周期胁迫对克氏原虾生长、卵巢发育、抗氧化能力、性激素含量及生殖相关基因表达的影响

李军涛<sup>1#</sup>, 苏禹<sup>1,2#</sup>, 郑佩华<sup>1</sup>, 鲁耀鹏<sup>1</sup>, 张秀霞<sup>1</sup>, 张泽龙<sup>1</sup>, 洗健安<sup>1\*</sup>, 刘存歧<sup>2\*</sup>, 王冬梅<sup>1\*</sup>

1. 中国热带农业科学院热带生物技术研究所, 海南省海洋生物资源功能性成分研究与利用重点实验室, 海南海口, 571101; 2. 河北大学生命科学学院, 河北保定, 071002

**摘要:** 目的: 探究不同光周期胁迫下对克氏原螯虾生长及性腺发育的影响, 为找出能够促进亲虾生长和卵巢发育的最佳光照时间提供参考依据。方法: 将同批雌性克氏原螯虾分别置于光照时间 8L: 16D (即 8 小时光照和 16 小时黑暗)、10L: 14D、12L:12D、10L: 14D 和 16L: 8D 的光照环境下, 光照强度为 3000Lux, 进行为期 30 天的养殖试验, 探究不同光照周期对克氏原螯虾生长、卵巢发育、抗氧化能力、性激素含量及生殖相关基因表达的影响。结果: 不同光照时间对雌性克氏原螯虾的增重率 (WGR) 和特定生长率 (SGR) 和性腺成熟度 (GSI) 均无显著影响; 16L: 8D 试验组的性激素含量显著高于其他试验组 ( $P < 0.05$ ); 12L:12D、10L: 14D 和 16L: 8D 组的抗氧化酶活力显著低于对照组; 10L: 14D 和 16L: 8D 组的雌性克氏原螯虾雌二醇和孕酮含量显著高于对照组, qPCR 进一步验证了雌虾性腺中繁殖相关基因表达量与性激素含量呈正相关。结论: 提高光照时间对生长性能没有影响但会降低抗氧化能力, 并能够促进卵巢的发育。综合上述指标生产中的最适光照周期为 10L: 14D。

**关键词:** 克氏原螯虾; 光周期胁迫; 抗氧化能力; 卵巢发育

资助项目: 海南省重点研发计划项目(ZDYF2022XDNY247); 社会公益类科研机构改革专项基金(ITBBQDF2023006); 中国热带农业科学院国家热带农业科学中心科技创新团队项目(CATASCXTD202416)

洗健安, 男, 博士, 副研究员, 研究方向: 水产健康养殖。E-mail: xian-ja@163.com

刘存歧, 男, 博士, 教授, 研究方向: 生态学。E-mail: liucunqi@sina.com

王冬梅, 女, 硕士, 研究员, 研究方向: 水产健康养殖。E-mail: wangdongmei@catasitbb.cn

## **Effect of photoperiod stress on the growth, ovary development, antioxidant capacity, sex hormone content, and reproductive-related gene expression of red swamp crayfish (*Procambarus clarkii*)**

Jun-tao Li<sup>1#</sup>, Yu Su<sup>1, 2#</sup>, Pei-hua Zheng<sup>1</sup>, Yao-peng Lu<sup>1</sup>, Xiu-xia Zhang<sup>1</sup>, Ze-long Zhang<sup>1</sup>, Jian-an Xian<sup>1\*</sup>, Cun-qi Liu<sup>2\*</sup>, Dong-mei Wang<sup>1\*</sup>

1. Hainan Provincial Key Laboratory for Functional Components Research and Utilization of Marine Bio-resources, Institute of Tropical Biosciences and Biotechnology, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Haikou 571101, China; 2. College of Life Science, Hebei University, Baoding 071002, China.

**Abstract:** [Objective]: To explore the effects of different photoperiodic stresses on the growth and gonad development of *Procambarus clarkii*, and to identify the optimal light regime for promoting broodstock growth and ovarian development. [Methods]: Female *P. clarkii* from the same batch were reared for 30 days under photoperiods of 8L:16D (8 hours of light and 16 hours of darkness), 10L:14D, 12L:12D, 14L:10D, and 16L:8D (light intensity: 3000 lux). Growth performance, ovarian development, antioxidant capacity, sex hormone levels, and expression of reproduction-related genes were examined. [Results]: Photoperiod had no significant effect on weight gain rate (WGR), specific growth rate (SGR), or gonadosomatic index (GSI). The 16L:8D group showed significantly higher sex hormone levels than the other groups. Antioxidant enzyme activities were significantly lower in the 12L:12D, 14L:10D, and 16L:8D groups compared with the control. Estradiol and progesterone levels were significantly elevated in the 10L:14D and 16L:8D groups. qPCR analysis further confirmed that the expression of reproduction-related genes in the ovary was positively correlated with sex hormone content. [Conclusion]: Increasing the photoperiod did not affect growth performance but reduced antioxidant capacity and promoted ovarian development in female *P. clarkii*. Based on the evaluated indicators, a photoperiod of 10L:14D is recommended for production.

**Keywords:** *Procambarus clarkii*; Photoperiod stress; Antioxidant capacity; Ovarian development

## 4-壬基酚对凡纳滨对虾毒性影响的蛋白组学分析

郑佩华, 鲁耀鹏, 张秀霞, 张泽龙, 李军涛, 洗健安\*

中国热带农业科学院热带生物技术研究所, 海南省海洋生物资源功能性成分研究与利用重点实验室, 海南海口, 571101

**摘要:** 目的: 探究 4-壬基酚 (4-NP) 对凡纳对虾的毒性效应及分子机制。方法: 以凡纳滨对虾为对象, 开展急性毒性试验; 观察肝胰腺组织损伤情况并检测氧化应激水平; 多组学联合分析, 筛选差异表达蛋白 (DEPs) 与基因。结果: 4-NP 对凡纳对虾 48 h 和 96 h LC50 分别为 640.53 和 380.44  $\mu\text{g/L}$ 。4-NP 胁迫可引发肝胰腺损伤与氧化应激。蛋白质组共鉴定 6049 个蛋白, 胁迫 24 h 和 48 h 分别获得 1183、919 个 DEPs, 主要参与应激、免疫、发育等过程。蛋白组和转录组联合分析显示, 关键差异分子富集于溶酶体、细胞色素 P450 代谢等 9 条免疫、解毒及激素相关通路。PRM 验证 GPx 等 10 个蛋白表达趋势与蛋白组一致。结论: 4-NP 通过诱导氧化损伤、干扰免疫与解毒通路对凡纳对虾产生毒性, 为揭示甲壳类应对 4-NP 胁迫的分子机制提供了理论依据。

**关键词:** 4-壬基酚; 凡纳对虾; 毒性效应; 蛋白质组学

资助项目: 国家自然科学基金项目(32503154); 社会公益类科研机构改革专项基金(ITBBQDF2023006); 中国热带农业科学院国家热带农业科学中心科技创新团队项目(CATASCXTD202416)

洗健安, 男, 博士, 副研究员, 研究方向: 水产健康养殖。E-mail: xianjianan@catasitbb.cn

## FZD4 调节凡纳滨对虾黑色素合成抵御 4-壬基酚诱导的应激

郑佩华<sup>1#</sup>, 栾可儿<sup>1,2#</sup>, 鲁耀鹏<sup>1</sup>, 张秀霞<sup>1</sup>, 张泽龙<sup>1</sup>, 李军涛<sup>1</sup>, 王茜<sup>2\*</sup>,  
洗健安<sup>1\*</sup>

1. 中国热带农业科学院热带生物技术研究所, 海南省海洋生物资源功能性成分研究与利用重点实验室, 海南海口, 571101; 2. 海南大学海洋生物与水产学院, 海南海口 570228

**摘要:** 目的: 探究黑色素合成途径关键基因 Frizzled4 (FZD4) 在凡纳对虾抗逆境胁迫中的作用机制。方法: 克隆 FZD4 基因并进行生物信息学分析, 通过 RNAi 技术沉默 FZD4 及其配体 Wnt, 分析 4-壬基酚 (4-NP) 胁迫下黑色素合成相关基因、代谢产物及酶活性的变化。结果: FZD4 基因 cDNA 全长 3553 bp, 编码 592 个氨基酸; 在肌肉和肝胰腺中高表达, 氨氮和 4-NP 胁迫可显著诱导其表达。干扰 FZD4 或 Wnt 后, 4-NP 胁迫下对虾肝胰腺中黑色素合成关键基因 (FZD4、TCF、AC、CBP、Tyr1、Tyr2) 显著下调, ERK 和 RAS 基因上调; 黑色素、多巴脱羧酶、多巴胺、酪氨酸含量及酪氨酸酶活性显著下降。结论: FZD4 参与凡纳对虾抗 4-NP 胁迫过程, 并与 Wnt 协同调控黑色素合成途径, 为揭示对虾抗胁迫与免疫调控机制提供了理论依据。

**关键词:** Frizzled 4; 凡纳对虾; 黑色素合成; 环境胁迫

资助项目: 国家自然科学基金项目(32503154); 社会公益类科研机构改革专项基金 (ITBBQDF2023006); 中国热带农业科学院国家热带农业科学中心科技创新团队项目 (CATASCXTD202416)

王茜, 女, 博士, 教授, 研究方向: 水产生殖调控。E-mail: wangqian170@163.com

洗健安, 男, 博士, 副研究员, 研究方向: 水产健康养殖。E-mail: xianjianan@catasitbb.cn

## HPGDS 介导花生四烯酸代谢参与凡纳滨对虾抗 4-壬基酚胁迫的分子机制

郑佩华<sup>1#</sup>, 徐彤<sup>1,2#</sup>, 鲁耀鹏<sup>1</sup>, 张秀霞<sup>1</sup>, 张泽龙<sup>1</sup>, 李军涛<sup>1</sup>, 张丽敏<sup>2\*</sup>,  
洗健安<sup>1\*</sup>

1. 中国热带农业科学院热带生物技术研究所, 海南省海洋生物资源功能性成分研究与利用重点实验室, 海南海口, 571101;

2. 佳木斯大学生物与农业学院, 黑龙江佳木斯 154007

**摘要:** 目的: 探究花生四烯酸(AA)代谢通路关键基因造血前列腺素 D 合成酶(HPGDS) 在凡纳滨对虾抗环境胁迫中的作用机制。方法: 克隆 HPGDS 基因并进行序列分析; 通过 RNAi 技术沉默 HPGDS, 分析正常及 4-壬基酚(4-NP) 胁迫下 AA 代谢通路相关基因表达、代谢物含量及酶活力变化; 结合转录组与代谢组学联合分析。结果: HPGDS 基因 cDNA 全长为 835 bp, 在眼柄和肝胰腺中高表达, 4-NP 胁迫可显著诱导其表达。沉默 HPGDS 可重塑 AA 代谢网络, 激活免疫与抗氧化系统, 减轻 4-NP 诱导的炎症与氧化损伤。多组学表明, 差异基因与代谢物富集于溶酶体、药物代谢、AA 代谢等免疫解毒通路。结论: 本研究证实 HPGDS 参与对虾抗环境胁迫调控, 为揭示对虾免疫-氧化稳态机制提供理论依据。

**关键词:** 造血前列腺素 D 合成酶; 花生四烯酸代谢; 凡纳对虾; 分子机制

资助项目: 国家自然科学基金项目(32503154); 社会公益类科研机构改革专项基金(ITBBQDF2023006); 中国热带农业科学院国家热带农业科学中心科技创新团队项目(CATASCXTD202416)

张丽敏, 女, 硕士, 副教授, 研究方向: 水生生物学。

洗健安, 男, 博士, 副研究员, 研究方向: 水产健康养殖。E-mail: xianjianan@catasitbb.cn

## 饲料添加牛大力提取物对红螯螯虾生长、肌肉成分、免疫功能、肠道菌群和抗病力的影响

田俊峰<sup>1,2#</sup>, 鲁耀鹏<sup>1#</sup>, 徐驰<sup>1,2</sup>, 张泽龙<sup>1</sup>, 张秀霞<sup>1</sup>, 郑佩华<sup>1</sup>, 李军涛<sup>1</sup>, 于子航<sup>1,2</sup>, 郭慧<sup>2\*</sup>, 冼健安<sup>1\*</sup>

1. 中国热带农业科学院热带生物技术研究所, 海南省海洋生物资源功能性成分研究与利用重点实验室, 海南 海口 571101; 2. 广东海洋大学水产学院, 广东 湛江 524088

**摘要:** 目的: 研究饲料中添加牛大力提取物对红螯螯虾生长、肌肉成分、肠道菌群、免疫功能和抗病力的影响。方法: 将平均体重为 (0.87±0.06 g) 的红螯螯虾随机分为 6 组, 每组 3 个重复, 每个重复 40 尾螯虾。对照组饲喂基础饲料, 试验组分别饲喂含有 0.5、1、3、5、7 g/kg 的牛大力提取物饲料, 养殖 8 周。结果: 饲料添加牛大力提取物对螯虾的生长性能、消化能力和肝胰腺形态无显著性影响; 饲料添加牛大力提取物降低了肌肉粗脂肪含量, 提高了螯虾肝胰腺和血浆抗氧化和免疫酶活性, 但对螯虾肠道菌群无显著影响; 此外, 饲料添加 5-7 g/kg 牛大力提取物提高了螯虾在感染嗜水气单胞菌后的存活率。结论: 饲料添加 5-7 g/kg 的牛大力提取物可降低红螯螯虾肌肉脂肪含量, 增强其免疫功能和抗病力。

**关键词:** 红螯螯虾; 牛大力提取物; 生长性能; 肠道菌群; 免疫功能; 抗病力

资助项目: 海南省自然科学基金项目(324QN353); 中国热带农业科学院国家热带农业科学中心科技创新团队项目(CATASCXTD202416)。

郭慧, 女, 博士, 教授, 研究方向: 水产动物健康养殖。E-mail: guohuivivian@163.com

冼健安, 男, 博士, 副研究员, 研究方向: 水产动物健康养殖。E-mail: xian-ja@163.com

## 饲料添加高良姜提取物对红螯螯虾生长、肌肉成分、免疫力、肠道菌群和抗病力的影响

于子航<sup>1,2#</sup>, 鲁耀鹏<sup>1#</sup>, 徐驰<sup>1,2</sup>, 张泽龙<sup>1</sup>, 张秀霞<sup>1</sup>, 郑佩华<sup>1</sup>, 李军涛<sup>1</sup>, 田俊峰<sup>1,2</sup>, 郭慧<sup>2\*</sup>, 洗健安<sup>1\*</sup>

1. 中国热带农业科学院热带生物技术研究所, 海南省海洋生物资源功能性成分研究与利用重点实验室, 海南海口 571101; 2. 广东海洋大学水产学院, 广东 湛江 524088

**摘要:** 目的: 研究饲料中添加高良姜提取物对红螯螯虾生长、肌肉成分、肠道菌群、免疫功能和抗病力的影响。方法: 将平均体重为 (0.83±0.05 g) 的红螯螯虾随机分为 6 组, 每组 3 个重复, 每个重复 40 尾螯虾。对照组饲喂基础饲料, 试验组分别饲喂含有 0.5、1、3、5、7 g/kg 的高良姜提取物饲料, 养殖 8 周。结果: 饲料添加高良姜提取物显著增加了螯虾增重率和特定生长率并且提高了肌肉粗蛋白含量; 饲料添加 3-5 g/kg 高良姜提取物提高了螯虾抗氧化酶和免疫酶活性, 并且改变了肠道菌落结构, 增加有消化相关菌群数量; 此外, 饲料添加 3-5 g/kg 高良姜提取物提高了螯虾在感染嗜水气单胞菌后的存活率。结论: 饲料添加 3-5 g/kg 高良姜提取物可提高螯虾生长性能和免疫功能, 改善肠道菌群, 增强抗病力。

**关键词:** 红螯螯虾; 高良姜提取物; 生长性能; 肠道菌群; 免疫功能; 抗病力

资助项目: 海南省自然科学基金项目(324QN353); 中国热带农业科学院国家热带农业科学中心科技创新团队项目(CATASCXTD202416)。

郭慧, 女, 博士, 教授, 研究方向: 水产动物健康养殖。E-mail: guohuivivian@163.com

洗健安, 男, 博士, 副研究员, 研究方向: 水产动物健康养殖。E-mail: xian-ja@163.com

## 饲料添加博落回提取物对红螯螯虾生长、非特异性免疫、基因表达和抗胁迫能力的影响

鲁耀鹏, 郑佩华, 张泽龙, 张秀霞, 李军涛, 冼健安\*

中国热带农业科学院热带生物技术研究所, 海南省海洋生物资源功能性成分研究与利用重点实验室, 海南海口 571101

**摘要:** 目的: 研究饲料中添加博落回提取物对红螯螯虾生长、肌肉成分、非特异性免疫和抗胁迫能力的影响。方法: 将平均体重为  $(0.22\pm 0.02\text{ g})$  的红螯螯虾随机分为 6 组, 每组 3 个重复, 每个重复 40 尾螯虾。对照组饲喂基础饲料, 试验组分别饲喂含有 0.01、0.02、0.04、0.08、0.15 g/kg 的博落回提取物饲料, 养殖 8 周。结果: 饲料添加博落回提取物对螯虾的生长性能和肌肉成分无显著性影响; 饲料添加 0.04 g/kg 博落回提取物提高了螯虾抗氧化和免疫酶活性, 并诱导了抗氧化和免疫相关基因表达; 此外, 饲料添加 0.04 g/kg 博落回提取物提高了螯虾在微囊藻毒素胁迫下的存活率。结论: 饲料添加 0.04 g/kg 博落回提取物提高了红螯螯虾的抗氧化功能和免疫力, 增强螯虾的抗胁迫能力。

**关键词:** 红螯螯虾; 博落回提取物; 生长性能; 免疫功能; 抗胁迫能力

资助项目: 海南省自然科学基金项目(324QN353); 中国热带农业科学院国家热带农业科学中心科技创新团队项目(CATASCXTD202416)。

冼健安, 男, 博士, 副研究员, 研究方向: 水产动物健康养殖。E-mail: xian-ja@163.com

## 噻虫嗪对红螯螯虾生长、组织结构、免疫力和肠道菌群的影响

鲁耀鹏, 郑佩华, 张泽龙, 张秀霞, 李军涛, 洗健安\*

中国热带农业科学院热带生物技术研究所, 海南省海洋生物资源功能性成分研究与利用重点实验室, 海南海口 571101

**摘要:** 目的: 研究噻虫嗪胁迫对红螯螯虾生长性能、组织结构、免疫力和肠道菌群的影响。方法: 实验设置对照组 (0  $\mu\text{g/L}$ , Control 组)、低浓度组 (0.32  $\mu\text{g/L}$ , TA 组)、中浓度组 (0.97  $\mu\text{g/L}$ , TB 组) 和高浓度组 (2.43  $\mu\text{g/L}$ , TC 组), 每组设 5 个重复, 每个重复 15 只虾 (均重  $4.89 \pm 0.24 \text{ g}$ ), 胁迫周期为 30 d。结果: 噻虫嗪胁迫降低了红螯螯虾的增重率、特定生长率和存活率, 导致螯虾肝胰腺结构受损, 抗氧化能力下降, 但免疫酶活力和相关基因表达量上升; 此外, 噻虫嗪胁迫损害了螯虾肠道结构, 肠道消化能力下降, 肠道有益菌群丰度降低, 致病菌群丰度增加。结论: 噻虫嗪胁迫会抑制红螯螯的生长、破坏组织结构、降低抗氧化能力、扰乱肠道菌群平衡, 增加螯虾患病风险。

**关键词:** 红螯螯虾; 噻虫嗪; 生长性能; 肠道菌群; 免疫功能

资助项目: 海南省自然科学基金项目(324QN353); 中国热带农业科学院国家热带农业科学中心科技创新团队项目(CATASCXTD202416)。

洗健安, 男, 博士, 副研究员, 研究方向: 水产动物健康养殖。E-mail: xian-ja@163.com

## 溴氰菊酯对红螯螯虾生长、组织结构、免疫力和肠道菌群的影响

鲁耀鹏<sup>1#</sup>, 杨秀英<sup>1,2#</sup>, 张泽龙<sup>1</sup>, 张秀霞<sup>1</sup>, 郑佩华<sup>1</sup>, 李军涛<sup>1</sup>, 王茜<sup>2\*</sup>, 洗健安<sup>1\*</sup>

1. 中国热带农业科学院热带生物技术研究所, 海南省海洋生物资源功能性成分研究与利用重点实验室, 海南海口 571101; 2. 海南大学海洋生物与水产学院, 海南海口 570228

**摘要:** 目的: 研究溴氰菊酯胁迫对红螯螯虾生长性能、组织结构、免疫力和肠道菌群的影响。方法: 实验设置对照组(0  $\mu\text{g/L}$ , Control 组)、低浓度组 (0.004  $\mu\text{g/L}$ , DA 组)、中浓度组 (0.014  $\mu\text{g/L}$ , DB 组) 和高浓度组 (0.047  $\mu\text{g/L}$ , DC 组), 每组设 5 个重复, 每个重复 15 只虾 (均重  $2.60 \pm 0.50$  g), 胁迫周期为 28 d。结果: 溴氰菊酯胁迫降低了红螯螯虾的增重率、特定生长率和存活率, 导致螯虾肝胰腺结构受损, 抗氧化能力下降, 但免疫酶活力和相关基因表达量上升; 此外, 溴氰菊酯胁迫损害了螯虾肠道结构, 肠道菌群多样性下降, 有害菌群增加。结论: 溴氰菊酯胁迫会抑制红螯螯的生长、降低螯虾存活率、破坏组织结构、降低抗氧化能力、扰乱肠道菌群平衡。

**关键词:** 红螯螯虾; 溴氰菊酯; 生长性能; 肠道菌群; 免疫功能

资助项目: 海南省自然科学基金项目(324QN353); 中国热带农业科学院国家热带农业科学中心科技创新团队项目(CATASCXTD202416)。

洗健安, 男, 博士, 副研究员, 研究方向: 水产动物健康养殖。E-mail: xian-ja@163.com

## 酶解棉籽蛋白对黄颡鱼幼鱼生产性能、消化吸收功能和肠道微生物组成的影响

张广菊<sup>1</sup>, 姜维丹<sup>1</sup>, 吴培<sup>1</sup>, 刘杨<sup>1</sup>, 马耀斌<sup>1</sup>, 任红梅<sup>1</sup>, 金小琬<sup>1</sup>, 肖伟伟<sup>2</sup>, 李娅<sup>2</sup>, 周小秋<sup>1\*</sup>, 冯琳<sup>1\*</sup>

1. 四川农业大学动物营养研究所, 四川 成都, 611130; 2. 成都美溢德生物技术有限公司, 四川 成都, 610222

**摘要:** 酶解棉籽蛋白(ECP)是棉籽蛋白酶解产物, 含有功能性肽, 具有抗氧化和免疫调节特性。本研究考察了在蛋白水平降低 3%的饲料中添加 ECP 对黄颡鱼幼鱼生长性能、消化吸收功能、肠道顶端连接复合体 (AJC) 结构和肠道微生物组成的影响。试验选取 1260 条体重  $5.90 \pm 0.05$  g 的健康黄颡鱼幼鱼, 随机分为 7 个组, 分别饲喂以下饲料: 正常蛋白饲料(NP, CP42%), 低蛋白 (LP, CP39%) 添加不同水平 ECP (0、1、2、3、4 和 5%) 的饲料, 试验期为 10 周。结果表明: 饲料蛋白质水平降低 3%(从 42%降至 39%)破坏了肠道 AJC 结构, 降低了胃蛋白酶、脂肪酶、淀粉酶、糜蛋白酶、羧肽酶、碱性磷酸酶、 $\gamma$ -谷氨酰转肽酶和  $\text{Na}^+/\text{K}^+$ -ATP 酶活性, 消化吸收能力下降, 生长受阻。在 LP 中添加 2%ECP 增强了黄颡鱼幼鱼消化吸收功能, 提高了生产性能, 达到或超过正常蛋白组水平: (1)提高了消化吸收酶活性; (2)上调了小肽转运载体 PepT1 表达, 可能与其上调 PepT1 功能调控相关因子, 如 *nrf2*、*jak2*、*CDX2*、*SP1*、*NHE3* 和 *PDZK1* 表达有关; (3)改善了肠道 AJC 结构, 可能与其对 RhoA/ROCK 信号途径的调控有关; (4)增加了肠道梭菌门、厚壁菌门、鲸杆菌和不动杆菌属的相对丰度, 减少了螺旋体门、放线菌门、短螺旋体属和邻单胞菌属的相对丰度, 改善了肠道微生物组成。以增重率和糜蛋白酶为标识, 通过折线法分析, 黄颡鱼幼鱼低蛋白饲料中(CP39%)ECP 的最适添加量分别为 2.20%和 2.08%。

**关键词:** 酶解棉籽蛋白; 黄颡鱼; 消化能力; 顶端连接复合体; 肠道微生物组成

通讯作者: 周小秋, 男, 博士, 教授, 水产动物营养与饲料; 冯琳, 女, 博士, 教授, 水产动物营养与饲料。

基金项目: 国家自然科学基金杰出青年科学基金项目(32425056); 国家重点研发计划(2023YFD2400600); 四川省产业农业技术体系创新团队(SCCXTD-2024-15)。

## Effects of enzymatic cottonseed protein on growth performance, digestive and absorptive functions, and intestinal microbial composition of juvenile yellow catfish (*Pelteobagrus fulvidraco*)

Guangju Zhang<sup>1</sup>, Weidan Jiang<sup>1</sup>, Pei Wu<sup>1</sup>, Yang Liu<sup>1</sup>, Yaobin Ma<sup>1</sup>, Hongmei Ren<sup>1</sup>,  
Xiaowan Jin<sup>1</sup>, Weiwei Xiao<sup>2</sup>, Ya Li<sup>2</sup>, Xiaoqiu Zhou<sup>1\*</sup>, Lin Feng<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> Animal Nutrition Institute, Sichuan Agricultural University, Sichuan Chengdu, 611130, China;

<sup>2</sup> Chengdu Mytech Biotech Co., Ltd., Sichuan Chengdu, 610222, Sichuan, China

**Abstract:** Enzymatic cottonseed protein (ECP) is a protease hydrolysis product of cottonseed, containing functional peptides with antioxidant and immune regulatory properties. This study focused on how the growth performance, digestive and absorptive capacity, intestinal apical junction complex (AJC) structure, and intestinal microbial composition were affected by adding ECP to diet with a 3% protein reduction. A total of 1260 healthy juvenile yellow catfish weighing  $5.90 \pm 0.05$  g were randomly assigned to seven experimental groups, each consisting of three replicates. A normal-protein diet (NP, CP42%), and six low-protein diets (LP, CP39%) with differing amounts of ECP (0, 1, 2, 3, 4 and 5%) were respectively fed to fish for ten weeks. The results showed that 3% dietary protein level reduction (from 42% to 39%) disrupted the intestinal AJC structure, and reduced activities of pepsin, lipase, amylase, chymotrypsin, carboxypeptidase, alkaline phosphatase,  $\gamma$ -glutamyl transpeptidase and Na<sup>+</sup>/K<sup>+</sup>-ATPase, finally decreasing digestive and absorptive capacities and growth performance. Adding 2% ECP to the LP diet improved digestive and absorptive capacities and growth performance of juvenile yellow catfish, which reached or exceeded the levels in normal-protein diet group. 2% ECP enhanced the activities of digestive and brush border enzymes; upregulated the expression of peptide transporter 1 (PepT1), which might be related to the PepT1 function regulators, such as nrf2, jak2, CDX2, SP1, NHE3 and PDZK1; improved the intestinal AJC structure, which might be related to the changes of RhoA/ROCK signaling; and increased the relative abundance of beneficial bacteria, including Fusobacteria, Firmicutes, Cetobacterium and Acinetobacter, and decreased that of pathogenic bacteria, such as Spirochaetes, Actinomycetes, Brevinema and Plesiomonas, improving gut microbiota composition. Using weight gain rate and chymotrypsin as markers, the optimal addition levels of ECP in the low protein diet (CP39%) of juvenile yellow catfish were determined to be 2.20% and 2.08%, respectively.

**Keywords:** Enzymatic cottonseed protein; *Pelteobagrus fulvidraco*; Digestive capacity; Apical junctional complex; Gut microbiota composition

Corresponding author: Xiaoqiu Zhou, male, PhD, professor, aquatic animal nutrition and feed; Lin Feng, female, PhD, professor, aquatic animal nutrition and feed, E-mail:

Acknowledgments: National Science Fund for Distinguished Young Scholars of China (32425056), the National Key R&D Program of China (2023YFD2400600), Sichuan Innovation Team of National Modern Agricultural Industry Technology System (SCCXTD-2024-15).

## 热锻炼诱导皱纹盘鲍获得性耐热能力形成中的代谢重构研究

魏祎铭<sup>1,2</sup>, 游伟伟<sup>1,2\*</sup>

1. 厦门大学海洋与地球学院, 福建厦门 361000;

2. 海水养殖生物育种全国重点实验室, 福建宁德 352000;

**摘要:** 全球变暖对海洋变温动物的生存构成严峻挑战。皱纹盘鲍(*Haliotis discus hannai*)对温度变化高度敏感, 其生长、繁殖与存活均易受高温胁迫影响。本研究以皱纹盘鲍为对象, 探究热锻炼诱导获得性耐热能力形成的代谢重构机制。选取 18 月龄个体, 在 28 °C 下持续驯化 7 天后转入 22 °C 恢复, 对照组始终维持在 22 °C 水温。基于阿氏拐点温度(ABT)、热应激附着时间(HAD)及耗氧率(MO<sub>2</sub>)等指标系统评估耐热能力和生理状态。结果显示, 热锻炼组鲍的 ABT 显著高于对照组( $P < 0.01$ ), 表明短期持续热锻炼能有效提升皱纹盘鲍的生理耐热限度, 且未显著影响其有氧代谢水平。非靶向代谢组学分析共鉴定代谢物 4000 余种, 差异代谢通路主要涉及氨基酸代谢和脂类代谢。KEGG 富集结果表明, 能量代谢与抗氧化防御系统在获得性耐热能力形成过程中发挥关键作用。透射电镜和线粒体 DNA 拷贝数检测进一步证实, 热锻炼降低了鳃组织中线粒体数量。综上, 热诱导可通过代谢重构显著增强皱纹盘鲍的获得性耐热能力, 为提升其耐高温能力提供新思路。

**关键词:** 皱纹盘鲍; 获得性耐热; 代谢重构; 热驯化

资助项目: 广东省海洋牧场项目(2025-MRB-00-001), 福建省种业创新与产业化工程项目(2021FJSCZY02), 福建省区域发展项目(2024 N3008);

\*通讯作者, 游伟伟, 男, 博士, 教授, 主要从事贝类遗传育种研究, E-mail:wwyou@xmu.edu.cn

## 低温胁迫对罗氏沼虾生长和肌肉营养代谢的影响

杨惠慈, 庞璐瑶, 李雪男, 仇浩, 戴习林\*

上海海洋大学, 上海, 201200

**摘要:** 罗氏沼虾(*Macrobrachium rosenbergii*)是全球范围内最具经济价值的淡水养殖虾类之一。然而, 低温已成为制约产业可持续发展的关键因素之一, 为了解低温对罗氏沼虾的影响, 本研究评估了 40 天的低温对罗氏沼虾生长性能、酶活、基因表达、肌肉营养代谢的影响。结果发现: 低温降低了罗氏沼虾的成活率; 20 和 18 °C 组罗氏沼虾体重增长率和体长增长率显著降低( $P < 0.05$ ); 低温导致罗氏沼虾抗氧化酶活性增加, 以及 SOD、CAT、HSP70 和 HSP90 基因表达量增加; 导致 20 和 18 °C 组肌肉和鳃组织的 MDA 含量增加显著增加( $P < 0.05$ ); 低温影响了肌肉组织的营养成分, 导致肌肉组织的 DAA、EAA 含量显著降低,  $\Sigma n-3$  和  $\Sigma n-6$  脂肪酸含量显著降低( $P < 0.05$ )。结果表明, 低温影响了罗氏沼虾的生长性能, 并损害了罗氏沼虾的肌肉品质。

**关键词:** 罗氏沼虾; 低温胁迫; 生长性能; 营养代谢

资助项目: 上海市农业科技创新项目“耐氨氮速生型罗氏沼虾分子育种关键技术创新”[2025-02-08-00-12-F00056]

通讯作者: 戴习林, 男, 水产养殖系教授, 博士生导师, 上海市南美白对虾产业技术体系建设(2022-2026)首席专家, 主要研究方向: 甲壳动物增养殖、虾类遗传育种及养殖水环境调控, E-mail: xldai@shou.edu.cn

## 低温等离子体处理对冷藏罗非鱼风味演变的影响：激发态气体反应物种驱动的挥发性特征与气味品质研究

杨婷婷, 桑晓涵, 王媛媛, 夏光华, 张利铭\*, 王佳媚\*

海南大学食品科学与工程学院, 海南海口, 570228

**摘要:** 激发气体的组成是决定低温等离子体(CP)特性及其对食品品质影响的关键因素。本研究探究了低温等离子体处理对冷藏罗非鱼片挥发性风味特征及酶活性的影响。通过电子鼻和气相色谱-质谱联用分析, 共鉴定出 66 种挥发性化合物, 其中醛类(己醛、壬醛)和不饱和醇类(1-辛烯-3-醇)为主要风味贡献物质。高氧低温等离子体(GasC-CP)促进了脂质氧化, 使总醛含量增加 64%。相比之下, 低氧低温等离子体(GasA-CP)在增强风味与抑制异味之间实现了最佳平衡(第 8 天己醛香气活度值为 1.59)。正交偏最小二乘判别分析模型证实了处理特异性风味特征的存在, 低温等离子体处理既提升了理想风味化合物的含量, 又减少了微生物衍生的异味物质(吲哚、二甲基四硫醚)。相关性分析显示, 1-辛烯-3-醇与脂解酶之间存在显著负相关( $r = -0.89, P < 0.05$ ), 揭示了酶活性对风味形成的调控作用。此外, 低温等离子体处理显著改变了挥发性物质的时序动态变化规律: 在促进贮藏早期脂质来源醛类物质形成的同时, 持续抑制了微生物腐败标志物在整个冷藏期间的生成。这些发现证实了低温等离子体的双重功能——既能调控脂质氧化以丰富理想风味物质, 又能抑制腐败相关异味成分, 从而延长产品的感官货架期。本研究结果为应用低温等离子体技术提升冷藏水产品风味品质提供了科学依据。

**关键词:** 低温等离子体; 罗非鱼; 挥发性化合物; 脂质氧化; 风味调制

资助项目: 本研究得到了国家自然科学基金(32060568)、海南省国际科技合作与研究发展项目(GHYF2025009)和海南省重点研究项目(ZDYF2025GXJS193)的资助。

通讯作者简介: 王佳媚, 女, 中共党员, 海南大学食品科学与工程学院教授, 博士/硕士生导师, 主要从事食品非热杀菌保鲜技术方面的研究工作。张利铭, 女, 现为海南大学副研究员, 硕士生导师, 主要从事食品包装材料的制备与水产品加工贮藏方面的研究工作

## **Flavor evolution in refrigerated tilapia processed by cold plasma: Volatile profiles and odor quality driven by excitation gas-generated reactive species**

Tingting Yang, Xiaohan Sang, Yuanyuan Wang, Guanghua Xia, Liming Zhang\*, Jiamei Wang\*

School of Food Science and Engineering, Hainan University, Haikou, Hainan 570228

**Abstract:** The composition of excitation gases is crucial in determining cold plasma (CP) characteristics and its subsequent effects on food quality. This study investigated the impact of CP treatment on volatile flavor profiles and enzymatic activity in refrigerated tilapia fillets. Electronic nose and GC-MS analyses identified 66 volatile compounds, with aldehydes (hexanal, nonanal) and unsaturated alcohols (1-octen-3-ol) as dominant flavor contributors. High-oxygen CP (GasC-CP) enhanced lipid oxidation, increasing total aldehydes by 64%. In contrast, low-oxygen CP (GasA-CP) optimally balanced flavor enhancement and off-flavor suppression (hexanal OAV = 1.59 at 8 d). OPLS-DA modeling confirmed treatment-specific flavor profiles, with CP elevating desirable compounds and reducing microbial-derived off-flavors (indole, dimethyl tetrasulfide). Correlation analysis revealed a strong negative association between 1-octen-3-ol and lipolytic enzymes ( $r = -0.89$ ,  $P < 0.05$ ), highlighting enzymatic regulation of flavor development. Furthermore, CP treatment significantly altered the temporal dynamics of volatile formation, promoting early-stage lipid-derived aldehydes while sustaining suppression of microbial spoilage markers throughout refrigeration. These findings demonstrate CP's dual functionality: modulating lipid oxidation to enrich desirable volatiles, and inhibiting spoilage-related odorants, thereby extending sensory shelf-life. The results provide a scientific basis for applying CP technology to improve the flavor quality of refrigerated aquatic products.

**Keywords:** Cold plasma; Tilapia; Volatile compounds; Lipid oxidation; Flavor modulation

## 多组学分析揭示凡纳滨对虾(*Litopenaeus vannamei*)红色突变体的风味特征及其分子机制

赵倩倩<sup>1,2</sup>, 刘怡凤<sup>1,2</sup>, 王浩<sup>1,2</sup>, 曾启繁<sup>1,2</sup>, 胡景杰<sup>1,2</sup>, 包振民<sup>1,2</sup>, 孙玥<sup>1,2\*</sup>

1. 中国海洋大学海洋生命学院, 海洋遗传育种教育部重点实验室, 青岛 266003

2. 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, 三亚 572024

**摘要:** 本研究旨在探究凡纳滨对虾红色突变体与野生型在风味特征上的差异及其分子调控机制。通过电子舌技术对肌肉风味进行评价, 并结合非靶向代谢组学与转录组测序分析风味相关代谢物及基因表达差异, 同时利用分子对接方法验证关键风味肽与味觉受体之间的相互作用。结果表明, 红色突变体对虾的咸味和丰富性显著增强; 代谢组分析发现小肽是最主要的差异代谢物类型, 并筛选出三种与红色突变体风味相关的关键风味肽及其受体结合机制; 进一步的多组学联合分析表明, 甘氨酸-丝氨酸-苏氨酸代谢通路显著改变, 二甲基甘氨酸(DMG)的积累提示一碳代谢及氧化还原状态发生重编程。综上, 红色突变体风味增强主要由风味肽积累及氨基酸代谢重塑共同驱动, 本研究为虾类风味的分子基础提供了新见解, 并对虾品种的选育提供了重要的理论依据。

**关键词:** 凡纳滨对虾; 风味肽; 肽-受体相互作用; 代谢组学; 转录组学

**资助项目:** 本研究得到国家重点研发计划(2022YFD2400204)、国家自然科学基金(32302983)、山东省优秀青年科学家基金项目(海外, 2023HWYQ-066)和中央高校基本科研业务费专项资金(202312036)的资助。

**通讯作者:** 孙玥, 女, 博士, 副教授, 主要研究方向为抗体工程、蛋白质结构与功能。

## **Analysis and Evaluation of Cadmium and Copper Contents in Commercially Available Shellfish**

Gongshi Lin<sup>1,2</sup>, Yingpeng Li<sup>1</sup>, Yongxiang Zhong<sup>1</sup>, Haibin Huang<sup>1</sup>, Guobin Chen<sup>2\*</sup>, Lixing Huang<sup>1\*</sup>

1. Fisheries College, Jimei University, Xiamen, 361021, Fujian; 2. Xiamen Marine & Fisheries Research Institute, Xiamen 361008, Fujian

**Abstract:** Objective: To investigate the contamination levels of cadmium (Cd) and copper (Cu) in commercially available shellfish and provide a basis for safety evaluation and heavy metal pollution control. Methods: A total of 165 samples of six shellfish species (e.g., *Ostrea gigas* *tnunb*, *Meretrix meretrix*, *Ruditapes philippinarum*) were collected from wholesale markets and farms. Cd and Cu residues were determined using graphite furnace atomic absorption spectrometry following national standards (GB 5009.15-2023 and GB 5009.13-2017). Results: Both metals showed good linearity within the respective detection ranges, with correlation coefficients  $\geq 0.9995$ . The total detection rates of Cd and Cu were both 100%. Cd concentrations ranged up to 1.2 mg/kg, all within the GB 2762-2022 limits, though 34.8% of *O. gigas* *tnunb* and 5.0% of *M. meretrix* exceeded 0.5 mg/kg. Cu concentrations reached up to 59.8 mg/kg; 99.4% of samples complied with the NY 5073-2006 standard, while 26.1% of *O. gigas* *tnunb* exceeded 25.0 mg/kg, with one sample exceeding the regulatory limit. Conclusion: This study provides foundational data for the safety assessment of shellfish and offers insights for further research on the sources and accumulation patterns of heavy metal contamination.

**Keywords:** Shellfish; Cadmium; Copper; Health risk assessment; Assessment of quality

Funding: This work was supported by the National Natural Science Foundation of the China under contract No. 32173016.

通讯作者: 黄力行, 男, 教授, 博导, 研究方向: 水产微生物; E-mail: lixinghuang@jmu.edu.cn

## 第二章 水产动物病原与致病机理

## 虾肝肠胞虫侵染凡纳滨对虾的组织病理及蛋白组学研究

倪萃, 马瑛瑶, 石冰心, 王孟强\*

中国海洋大学三亚海洋研究院, 海南省三亚市崖州区, 572024

**摘要:** 内容为揭示虾肝肠胞虫(EHP)感染凡纳滨对虾的组织易感性、病理损伤特征及分子机制, 本研究综合运用实时荧光定量PCR、组织病理学染色及蛋白质组学技术进行分析。结果显示, EHP可侵染肝胰腺、胃、肠等多种组织, 眼柄适于活体检测, 并发现卵巢感染证据; 病理学观察表明胃、肝胰腺等组织损伤严重, 表现为炎症、坏死及纤维化, 且微孢子虫多富集于结缔组织与上皮细胞; 蛋白组学进一步揭示 EHP 显著影响肝胰腺蛋白表达, 富集于炎症、免疫及凋亡通路, 其中 Caspase 家族与自噬相关蛋白的显著上调提示宿主通过凋亡与自噬途径抵抗感染。研究结果为深入理解 EHP 致病机制及对虾疫病防控提供了重要依据。

**关键词:** 虾肝肠胞虫; 组织病理学; 蛋白组学; 凡纳滨对虾

**资助项目:** 本研究得到国家重点研发计划(2021YFD1200805)、南方海洋科学与工程广东省实验室(广州)人才团队引进重大专项(GML20220018)以及海南省科技人才创新项目(KJRC2023A02)的资助。

**通讯作者:** 王孟强, 男, 博士, 教授。主要从事水产动物病害防治与抗病分子育种研究, 近年来致力于水产养殖疾病快速诊断与免疫防治、水产动物抗病基因发掘与分子育种等方向。E-mail: wangmengqiang@ouc.edu.cn。

# **Histopathological and Proteomic Analysis of Shrimp *Litopenaeus vannamei* Infected with *Ecytonucleospora hepatopenaei***

Ni Ping, Ma Yingyao, Shi Bingxin, Wang Mengqiang\*

Sanya Oceanographic Institution, Ocean University of China, Yazhou District, Sanya, 572024, Hainan, China

**Abstract:** To elucidate the tissue susceptibility, pathological damage characteristics, and molecular mechanisms underlying *Enterocytozoon hepatopenaei* (EHP) infection in *Litopenaeus vannamei*, this study employed an integrated approach combining quantitative real-time PCR, histopathological staining, and proteomic analysis. The results demonstrated that EHP could infect multiple tissues, including the hepatopancreas, stomach, and intestine, with the eyestalk identified as a suitable tissue for non-lethal detection, and evidence of ovarian infection was also observed. Histopathological examination revealed severe damage in the stomach and hepatopancreas, characterized by inflammation, necrosis, and fibrosis, with microsporidia predominantly accumulating in connective tissues and epithelial cells. Proteomic analysis further indicated that EHP significantly altered the protein expression profile of the hepatopancreas, with enrichment in pathways related to inflammation, immunity, and apoptosis. Notably, the significant upregulation of Caspase family members and autophagy-related proteins suggested that the host may resist EHP infection through apoptotic and autophagic pathways. These findings provide important insights into the pathogenic mechanisms of EHP and offer a foundation for disease prevention and control in shrimp aquaculture.

**Keywords:** *Ecytonucleospora hepatopenaei*; histopathology; proteomics; *Litopenaeus vannamei*

**Funding:** This work was supported by the National Key Research and Development Program of China (2021YFD1200805), the PI Project of Southern Marine Science and Engineering Guangdong Laboratory (Guangzhou) (GML20220018), and the Science and Technology Talent Innovation Project of Hainan Province (KJRC2023A02).

Corresponding author: Wang Mengqiang, male, Ph.D., professor. His research primarily focuses on disease control and molecular breeding for disease resistance in aquatic animals. E-mail: wangmengqiang@ouc.edu.cn.

## **Construction and optimization of a LAMP-based diagnostic platform for acute hepatopancreatic necrosis disease in *Penaeus vannamei***

Junjiang Liu<sup>1,2</sup>, Lu Zhang<sup>1,2</sup>, Xin Jia<sup>1,2</sup>, Jinyu Yang<sup>1,2</sup>, Mengqiang Wang<sup>1,2,\*</sup>

1. Hainan Key Laboratory of Tropical Aquatic Germplasm (Hainan Seed Industry Laboratory), Sanya Oceanographic Institution, Ocean University of China, Sanya 572024, China
2. MOE Key Laboratory of Marine Genetics and Breeding, Shandong Key Laboratory of Marine Seed Industry (preparatory), and Qingdao Institute of Maritime Silk Road (Qingdao Institute of Blue Seed Industry), Ocean University of China, Qingdao 266003, China

**Abstract:** Acute hepatopancreatic necrosis disease (AHPND) poses a major threat to global shrimp aquaculture, especially impacting *Penaeus vannamei*. Given the high cost of prevention and the absence of effective treatments, the most efficient way to control AHPND is through early detection to quickly identify the pathogen. This study presents the development and optimization of a low-cost, portable diagnostic platform utilizing loop-mediated isothermal amplification (LAMP) for the rapid detection of AHPND. This platform integrates fluorescence detection with a smartphone-compatible device, providing a convenient and effective solution for on-site diagnosis. We also screened fluorescent nucleic acid dyes with optimal adaptability and developed an efficient, user-friendly tool to improve the performance of the isothermal amplification method. In addition, a deep learning-based infection detection algorithm was developed for automated diagnosis. The visualization technology showed high specificity and sensitivity for detecting AHPND in shrimp samples, with a detection limit of 1 copies/ $\mu$ L. These results highlight the potential of this method in resource-limited environments and provide a valuable tool for early detection and management of AHPND in shrimp aquaculture.

**Keywords:** *Penaeus vannamei*; Molecular diagnostics; Acute hepatopancreatic necrosis disease; Visualization; Deep learning

## Development of a recombinase polymerase amplification based rapid visual detection assay for acute hepatopancreatic necrosis disease

Junjiang Liu<sup>1,2</sup>, Liping Wang<sup>1,2</sup>, Xin Jia<sup>1,2</sup>, Qinxuan Li<sup>1,2</sup>, Lu Zhang<sup>1,2</sup>, Mengqiang Wang<sup>1,2,\*</sup>

1. Hainan Key Laboratory of Tropical Aquatic Germplasm (Hainan Seed Industry Laboratory), Sanya Oceanographic Institution, Ocean University of China, Sanya 572024, China
2. MOE Key Laboratory of Marine Genetics and Breeding, Shandong Key Laboratory of Marine Seed Industry (preparatory), and Qingdao Institute of Maritime Silk Road (Qingdao Institute of Blue Seed Industry), Ocean University of China, Qingdao 266003, China

**Abstract:** Acute hepatopancreatic necrosis disease (AHPND), caused by *Vibrio parahaemolyticus* harboring specific virulence plasmids, results in high mortality in *Litopenaeus vannamei* and leads to substantial economic losses in shrimp farming. No effective treatments are currently available for AHPND, so the development of rapid and accurate pathogen detection methods is essential for early detection of infected individuals, allowing for timely intervention to prevent large-scale outbreaks and ultimately reduce economic losses. Recombination polymerase amplification (RPA) is an ideal on-site detection method with the advantages of rapidity, high sensitivity, and low-temperature operation. The RPA visualization method primarily depends on gel electrophoresis, which increases complexity and requires advanced equipment, thus limiting its field applicability. Therefore, improving the RPA visualization technique is crucial for enabling on-site detection. This study systematically assessed 14 nucleic acid dyes for visualizing RPA assay results. Diamond Nucleic Acid Dye, at a 1000× concentration, exhibited excellent color contrast and fluorescence intensity, making it the optimal choice for RPA-based visualization. Using this dye, a highly sensitive, specific, and stable AHPND visualization detection method was developed. Specificity testing demonstrated the method's ability to effectively distinguish AHPND from other major shrimp pathogens (EHP, IHHNV, and WSSV). Sensitivity analysis revealed a detection limit of 1 copies/μL, underscoring its exceptional sensitivity. Stability testing confirmed that the detection system is resistant to interference as high as 800 ng of host DNA. The method was further validated using 80 real samples, achieving an accuracy rate of 91.25%, confirming the high reliability of this visualization approach for field applications. These results provide valuable guidance for selecting suitable nucleic acid dyes and strongly support the development of more efficient, simple, and accurate diagnostic methods in aquaculture and related fields.

**Keywords:** *Penaeus vannamei*; Molecular diagnostics; Acute hepatopancreatic necrosis disease; Recombinase polymerase amplification; Nucleic acid dyes

## Development of a dye-based enzymatic recombinase amplification method for rapid and visual detection of acute hepatopancreatic necrosis disease

Junjiang Liu<sup>1,2</sup>, Lu Zhang<sup>1,2</sup>, Xin Jia<sup>1,2</sup>, Mengqiang Wang<sup>1,2,\*</sup>

1. Hainan Key Laboratory of Tropical Aquatic Germplasm (Hainan Seed Industry Laboratory), Sanya Oceanographic Institution, Ocean University of China, Sanya 572024, China
2. MOE Key Laboratory of Marine Genetics and Breeding, Shandong Key Laboratory of Marine Seed Industry (preparatory), and Qingdao Institute of Maritime Silk Road (Qingdao Institute of Blue Seed Industry), Ocean University of China, Qingdao 266003, China

**Abstract:** Acute hepatopancreatic necrosis disease (AHPND) has become one of the most devastating threats to global shrimp farming, causing widespread economic losses. As there is currently no effective treatment, early detection plays a crucial role in preventing disease outbreaks. However, current diagnostic methods are often complex, expensive, and impractical for on-site use in resource-limited environments. In this study, we developed a visual detection method based on enzymatic recombinase amplification (ERA) combined with the Diamond Nucleic Acid Dye, offering a rapid, cost-effective, and high-sensitivity solution for AHPND detection. By optimizing the key parameters such as primer concentration, dye-to-ERA ratio, amplification temperature, and reaction time, we established optimal conditions that resulted in strong fluorescence signals and minimal background noise. The method demonstrated remarkable specificity for AHPND, with no cross-reactivity observed with other known pathogens. Additionally, the detection limitation was as low as  $5.27 \times 10^0$  copies/ $\mu\text{L}$ , and the technique maintained stable amplification even in the presence of 800 ng of interfering healthy shrimp DNA. The comparison with the gold standard nested PCR showed a high concordance rate of 84.6%, validating the reliability of this method for rapid field diagnosis. This method provides a promising alternative for early, on-site detection of AHPND in shrimp farming, offering a significant tool for controlling disease outbreaks and minimizing economic impact in the shrimp culture industry.

**Keywords:** *Litopenaeus vannamei*; Molecular diagnostics; Acute hepatopancreatic necrosis disease; Enzymatic recombinase amplification; Nucleic acid dyes

## **Development and validation of an RPA-CRISPR/Cas12a based platform for rapid and sensitive detection of Anguillid herpesvirus 1**

Bin Sun<sup>1</sup>, Qiang Chen<sup>1</sup>, Jun-qing Ge<sup>1,\*</sup>

1. Institute of Biotechnology, Fujian Academy of Agricultural Sciences, Fuzhou 350003, China

**Abstract:** Anguillid herpesvirus 1 (AngHV), an enveloped double-stranded DNA virus, is the causative agent of “mucus sloughing and haemorrhagic septicaemia” disease of eels, leading to significant economic losses to the eel farming industry in China. Due to the absence of commercially effective drugs and vaccines, early and accurate diagnosis of AngHV is critical for disease prevention and management. However, existing diagnostic methods are often time-consuming or necessitate specialized equipment. In this study, we developed a CRISPR-based detection platform that enables rapid and sensitive detection of AngHV, utilizing either fluorescent or lateral flow assay readouts. This platform combines recombinase polymerase amplification (RPA) and the CRISPR/Cas12a system, in which nucleic acid targets are amplified by RPA reaction and subsequently detected by Cas12a-mediated cleavage, producing an observable signal under blue/UV light or via a lateral flow strip (LFS). The platform can accurately detect AngHV within 30 min at 40 °C, exhibited no cross-reactivity with other common aquatic viral pathogens, and possesses a limit of detection as low as 50 copies/ $\mu$ L of AngHV. Additionally, thirty clinical eel samples were evaluated using conventional PCR, quantitative PCR (qPCR), and the RPA-CRISPR/Cas12a platform. The positive detection rate of the developed platform was consistent with that of qPCR and more sensitive than that of conventional PCR. Overall, the developed RPA-CRISPR/Cas12a detection platform offers a rapid, sensitive, and reliable tool for on-site diagnosis of AngHV, thereby contributing to improved disease surveillance and control strategies in eel aquaculture.

**Keywords:** Anguillid herpesvirus 1; RPA-CRISPR/Cas12a assay; Visual detection; Eel

资助项目：福建省公益项目(2023R1081),福建省农业科学院“5511”协同创新工程项目(XTCXGC2021013),国家自然科学基金(U24A20459)

\*通讯作者，葛均青，男，博士，研究员，主要从事水产经济动物绿色健康养殖，Tel: 15060001598，jqge@163.com

## 对虾主要病原实用化检测技术体系的构建及优化

张璐

中国海洋大学三亚海洋研究院，地区 海南省三亚市，邮编 572024

**摘要：**本研究利用酶促重组等温扩增(ERA)技术结合 TaqMan 荧光探针、SYBR Green 染液、侧流向试纸条(LFD)、CRISPR 技术，构建了凡纳滨对虾(*Litopenaeus vannamei*)主要病原的实用化检测体系。基于 one-step PCR、nested PCR 和 qPCR，确定了对虾主要病原的标准化检测体系。主要包含白斑综合征病毒(WSSV)、致急性肝胰腺坏死病(VpAHPND)或玻璃苗弧菌病(VpTPV)的副溶血弧菌、肝肠胞虫(EHP)、虹彩病毒(DIV1)等 10 种常见病原。基于 one-step PCR 或 nested PCR 方法，检测灵敏度达到 1 copy-101 copies。基于 qPCR 方法，检测灵敏度达到 2.4-102 copies。基于 ERA 结合 TaqMan 探针方法，检测灵敏度达到 2.3-102 copies。同时，利用 SYBR Green、LFD、CRISPR 优化了 ERA 方法的结果呈现方式，建立了 5 种病原的可视化快速检测方法。以上所有检测方法均可特异性地扩增靶位点。本研究建立了系统的对虾主要病原标准化和实用化检测体系，在对虾养殖病害防控中具有广泛的应用前景。

**关键词：**凡纳滨对虾；病原检测；等温扩增技术；PCR。

# 嗜水气单胞菌 Aerolysin 介导中华鳖肠道细胞焦亡的分子机制研究

戴发

浙江万里学院，浙江省宁波市鄞州区钱湖南路 8 号，邮编 315100

**摘要：**中华鳖是我国重要的水产养殖物种，其病害频发严重制约产业发展，其中嗜水气单胞菌导致的疾病问题尤为突出。细胞焦亡是宿主抵御病原的一种免疫应答方式，但其在爬行动物中的作用机制尚不清楚。申请人前期发现嗜水气单胞菌成孔毒素 Aerolysin 能够诱导中华鳖肠道成纤维样细胞焦亡。本项目以中华鳖为研究对象，通过免疫沉淀、质谱分析、酵母双杂交等方法明确 Aerolysin 的宿主受体为 PsTMPRSS2；通过蛋白剪切、结合模型分析、氨基酸位点突变等方法，揭示 PsTMPRSS2 剪切激活 Aerolysin 的机制；通过细菌基因敲除、基因干扰和过表达、钾离子荧光探针等方法，阐明 PsTMPRSS2 通过剪切激活 Aerolysin 诱导钾离子外流，进一步激活 PsNLRP3/PsCasp1/PsGSDMA 通路促进细胞焦亡的分子机制。本项目有望首次解析爬行动物细胞焦亡作用机制，为中华鳖炎症性病害防控提供理论基础和治疗靶点。

**关键词：**中华鳖；嗜水气单胞菌；成孔毒素；细胞焦亡

## **Molecular Mechanism of *Aeromonas hydrophila* Aerolysin-Induced Pyroptosis in Chinese Softshell Turtle Intestinal Cells**

Dai Fa

College of Biological and Environmental Sciences, Zhejiang Wanli University, Ningbo, 315100, Zhejiang;

**Abstract:** The Chinese softshell turtle (*Pelodiscus sinensis*) is an important aquaculture species in China. However, the frequent outbreak of diseases severely restricts the development of this industry, with infections caused by *Aeromonas hydrophila* being particularly prominent. Pyroptosis is a form of host immune response against pathogens, yet its underlying mechanism in reptiles remains largely unclear. In preliminary studies, the applicant discovered that Aerolysin, a pore-forming toxin secreted by *A. hydrophila*, can induce pyroptosis in intestinal fibroblast-like cells of the Chinese softshell turtle. Using the Chinese softshell turtle as the research model, this project employs immunoprecipitation, mass spectrometry analysis, and yeast two-hybrid screening to identify PsTMPRSS2 as the host receptor for Aerolysin. Furthermore, through protein cleavage assays, binding model analysis, and amino acid site-directed mutagenesis, the study aims to reveal the mechanism by which PsTMPRSS2 cleaves and activates Aerolysin. By utilizing bacterial gene knockout, gene knockdown and overexpression, and potassium ion fluorescent probes, the project will elucidate the molecular mechanism wherein PsTMPRSS2-mediated cleavage and activation of Aerolysin induces potassium ion efflux, which subsequently activates the PsNLRP3/PsCasp1/PsGSDMA pathway to promote pyroptosis. This project is expected to be the first to elucidate the mechanism of cell pyroptosis in reptiles, providing a theoretical foundation and therapeutic targets for the prevention and control of inflammatory diseases in the Chinese softshell turtle.

**Keywords:** *Pelodiscus sinensis*; *Aeromonas hydrophila*; Aerolysin; Pyroptosis

戴发，助理研究员，水产动物免疫与病害，主要围绕中华鳖的病害进行研究，研究内容包括中华鳖病原菌筛选、细菌致病机制以及中华鳖免疫机制等。联系方式：17815937477，daifa@zwu.edu.cn。

## 对虾主要疾病致病因子特异性纳米抗体的制备与评价

杨浩冉, 邵烁如, 王孟强\*

中国海洋大学三亚海洋研究院, 海南三亚崖州, 572024

**摘要:** 急性肝胰腺坏死病(AHPND)是影响对虾养殖的主要疾病之一。研究表明, 副溶血性弧菌的特定菌株 VpAHPND 由于携带可以编码 pirA、pirB 蛋白的 pVA1 质粒, 可以引起 AHPND, 由于其毒性较大, 病虾死亡率可达 70-100%。传染性皮下及造血组织坏死病毒(IHHNV)则是影响对虾养殖主要病毒中最小的病毒。IHHNV 基因组编码两个非结构蛋白 NSP1、NSP2 和一个衣壳蛋白 CP。IHHNV 的宿主较为广泛, 并且感染性较强, 感染 IHHNV 的对虾会出现死亡、生长缓慢等现象, 给对虾的养殖产业带来了极大的危害。随着我国对虾养殖场和海关疫病检测量的需求增加, 开发早期、快速、准确的诊断对虾 AHPND 及 IHHNV 的方法对对虾养殖的疾病预防具有重要意义, 其中基于抗原抗体结合的检测是一种很有吸引力的方法。纳米抗体的分子量仅为 15 kDa 左右, 相当于传统 IgG 的 1/10, 且具有较好的稳定性和特异性, 这些优点使纳米抗体在疾病诊断等方面具有广阔的应用前景。本研究针对两种对虾主要疾病分别采用两种途径制备纳米抗体: 针对 AHPND, 利用噬菌体淘选技术从羊驼天然纳米抗体文库中经过三轮淘选得到 13 种纳米抗体基因序列: VHH-A1~VHH-A3、VHH-B1~VHH-B10。而针对 IHHNV, 采用噬菌体淘选的方法同时对鲨鱼天然库和鲨鱼免疫库进行三轮淘选, 最终在鲨鱼天然库中淘选得到 3 个 vNAR 基因序列: CP-N-E1、NSP1-N-F9 和 NSP2-N-B5; 在鲨鱼免疫库中淘选得到 4 个 vNAR 基因序列: CP-I-C5、NSP1-I-F3、NSP2-I-B12 和 NSP2-I-H5。将所有淘选得到的纳米抗体进行原核表达与纯化, 随后进行 Western blot 鉴定, 结果显示纳米抗体条带单一, 特异性好。ELISA 亲和力实验结果显示, 纳米抗体均与对应抗原有一个良好的梯度结合效应。最后, 选择特异性和亲和力较好的纳米抗体结合胶体金制备可以检测对虾疾病的胶体金试纸条, 大大缩短了检测时间并降低了实验成本。

**关键词:** 凡纳滨对虾; 急性肝胰腺坏死病(AHPND); 传染性皮下和造血组织坏死病毒(IHHNV); 纳米抗体; 胶体金免疫层析试纸条

通讯作者介绍: 王孟强, 男, 博士学位, 教授, 主要研究方向为海洋生物先天免疫学, 邮箱: wangmengqiang@ouc.edu.cn

## Diverse biological roles of PhoP/PhoQ in *Pseudomonas plecoglossicida*: Impact on stress responses and virulence

Meiqin Mao<sup>1</sup>, Li He<sup>1</sup>, Xiangyang Lin<sup>2</sup>, Jianshao Wu<sup>2</sup>, Pan Wang<sup>3</sup>, Chuanzhong Zhu<sup>3</sup>,  
Qingpi Yan<sup>1\*</sup>

1. Fisheries College, Jimei University, Xiamen, 361021, Fujian;

2. Fisheries Research Institute of Fujian, Xiamen, 361000, Fujian;

3. Key Laboratory of Aquatic Functional Feed and Environmental Regulation of Fujian Province,  
Fujian Dabeinong Aquatic Sci. & Tech. Co., Ltd., Zhangzhou, 363500, Fujian

**Abstract:** *Pseudomonas plecoglossicida* is a pathogenic bacterium affecting aquatic animals, responsible for causing a highly fatal disease known as “Visceral White Spot Disease” in various economically important fish species, leading to significant economic losses. The two-component PhoP/PhoQ system plays a crucial role in bacterial responses to environmental stimuli and regulates the expression of virulence-related genes; however, its role in *P. plecoglossicida* has not been thoroughly studied. In this study, we constructed a *phoQ* gene deletion strain ( $\Delta$ phoQ) and a complemented strain (C- $\Delta$ phoQ) of *P. plecoglossicida* to explore the biological characteristics mediated by the *phoQ* gene and its impact on the host. Results indicated that, compared to the wild-type strain (NZBD9), the  $\Delta$ phoQ strain exhibited significant impairments in growth and swimming motility. The absence of the *phoQ* gene also affected the bacterium’s response to acidic conditions, low  $Mg^{2+}$  levels, and polymyxin B. Furthermore, RNA-seq analysis revealed that 486 genes were downregulated and 216 genes were upregulated in the  $\Delta$ phoQ strain compared to NZBD9. Among these, genes related to flagellar assembly, two-component systems, type III secretion systems, and bacterial chemotaxis were downregulated, while genes involved in ABC transport, magnesium ion transport, type VI secretion systems, and membrane permeability were upregulated. In artificial infection experiments, the  $\Delta$ phoQ strain showed significantly reduced virulence when infecting hybrid grouper (*Epinephelus fuscoguttatus*♀ × *E. lanceolatus*♂), with an LD50 value of  $3.931 \times 10^4$  CFU/mL. These results suggest that the PhoP/PhoQ system may play a key role in regulating the environmental adaptability and pathogenicity of *P. plecoglossicida*.

**Keywords:** *Pseudomonas plecoglossicida*; PhoP/PhoQ system; Deletion mutant; Environmental adaptability; Virulence

资助项目：本研究得到了国家自然科学基金(项目批准号：32373181)、福建省科技计划项目(项目批准号：2022L3059)以及福建省海洋与渔业产业高质量发展专项基金(项目批准号：FJHYF-L-2023-4)的资助。

第一作者介绍：毛美琴、女、博士研究生，研究方向：水产病害防控，联系电话：13489311035、E-mail：1319556719@qq.com

## Identification and Characterization of the PAAR-1 gene in *Pseudomonas plecoglossicida*: insights into bacterial phenotypes and host immune responses in Large Yellow Croaker (*Larimichthys crocea*)

Liu Ruoyu (刘若愚)<sup>1\*</sup>, Zhang Baoyu (张宝裕)<sup>1</sup>, Que Yousheng (阙有生)<sup>1</sup>, Chen Xinhua (陈新华)<sup>1\*</sup>

1. College of Marine Sciences, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, 350002, Fujian

**Abstract:** To investigate the role of the proline-alanine-alanine-arginine repeats protein gene PAAR-1 in the virulence of *Pseudomonas plecoglossicida* and its effects on host immune responses in large yellow croaker (*Larimichthys crocea*). PAAR-1 was identified as an effector gene within the T6SS-1 gene cluster. A mutant strain ( $\Delta$ PAAR-1) and a complementary strain (C- $\Delta$ PAAR-1) were constructed. Bacterial phenotypes, in vitro macrophage infection, in vivo infection, comparative transcriptome analysis, RT-qPCR validation, and apoptosis assays were performed. PAAR-1 was regulated and secreted by T6SS-1. Compared with the wild-type strain,  $\Delta$ PAAR-1 showed reduced biofilm formation, adhesion, antioxidant capacity, Hcp-1 secretion, and survival in macrophages. In vivo,  $\Delta$ PAAR-1 significantly reduced host mortality, bacterial colonization, and spleen nodule formation. Transcriptome analysis showed that PAAR-1 affected the host Toll-like receptor signaling pathway and apoptosis by upregulating TLR1, TLR2, and TLR5, while downregulating TLR3, TLR7, TLR8, TLR9, MyD88, and TRAF3. It also downregulated apoptosis-related genes, including AP-1, NF- $\kappa$ B, FAS-L, TNF $\alpha$ , and Caspase8. RT-qPCR confirmed these results, and apoptotic cell proportions were significantly lower in  $\Delta$ PAAR-1-infected cells. PAAR-1 is a key T6SS-1 effector gene in *P. plecoglossicida* that enhances bacterial virulence and promotes host cell apoptosis via the TLR–NF- $\kappa$ B pathway, providing a potential target for attenuated vaccine development.

**Keywords:** Large Yellow Croaker; *Pseudomonas plecoglossicida*; PAAR-1; Pathogenicity; Immune response

Fundings: Natural Science Foundation of Fujian Province (2022J01135), National Natural Science Foundation of China (32202995)

Liu Ruoyu (刘若愚), Male, Ph.D., Associate Professor, 18789095206, liuruoyu@fafu.edu.cn

## 核酸适配体 TNA1c 靶向卵形鲳鲹神经坏死病毒抑制病毒增殖的分子机制研究

覃向谋<sup>1</sup>, 李鹏飞<sup>1\*</sup>

1. 广西海洋科学院, 广西海洋实验室, 广西科学院, 广西水产生物技术与现代生态养殖重点实验室, 广西渔业重大疫病防控与高效健康养殖产业技术工程研究中心, 广西南宁, 530007

**摘要:** 【目的】针对卵形鲳鲹神经坏死病毒(GTONNV)缺乏有效防控手段的现状, 本研究基于前期筛选获得的特性性靶向 GTONNV 感染细胞的核酸适配体 TNA1 进行序列优化, 获得截短型适配体 TNA1c, 探究其靶向病毒的抗病毒作用机制, 为开发新型抗病毒功能制剂提供理论依据。【方法】采用 Cell-SELEX 技术筛选并获得特异性识别 GTONNV 感染细胞的适配体 TNA1, 经序列优化获得 TNA1c; 通过荧光显微镜、流式细胞术和荧光酶标仪验证 TNA1c 的靶向特异性; 利用 TCID50 和 qRT-PCR 检测 TNA1c 对病毒增殖、吸附及内化的影响; 综合运用亲和富集、凝胶阻滞实验(EMSA)、生物素 Pull-down 等技术鉴定 TNA1c 的靶标蛋白; 通过构建截短体突变体确定互作关键结构域; 采用免疫共沉淀(Co-IP)探究 TNA1c 对病毒蛋白 Cp 与宿主受体蛋白 ToHSC70/ToHSP90ab1 互作的调控机制。【结果】TNA1c 能够特异性识别 GTONNV 感染的 TOSP 细胞; TNA1c 处理显著抑制病毒吸附和内化过程, 降低病毒 RdRp 和 Cp 基因的 mRNA 表达水平及病毒滴度; TNA1c 直接靶向 GTONNV 衣壳蛋白 Cp, 且互作关键区域定位于 Cp 的 ARM 结构域(第 1-50 位氨基酸); TNA1c 通过竞争性结合 Cp, 特异性阻断 Cp 与宿主受体蛋白 ToHSC70 的相互作用, 而对 Cp 与 ToHSP90ab1 的结合无显著影响。【结论】本研究揭示了 TNA1c 通过靶向病毒衣壳蛋白 Cp, 干扰其与宿主受体 ToHSC70 结合, 进而抑制 GTONNV 入侵与增殖的分子机制, 为深入理解 GTONNV 感染机制提供了新视角, 也为基于核酸适配体的抗病毒药物研发提供了候选分子和作用靶点。

**关键词:** 核酸适配体; 卵形鲳鲹神经坏死病毒; 衣壳蛋白; 病毒受体

基金项目: 广西自然科学基金项目(2025GXNSFBA069436; 2025JJA130008)

第一作者: 覃向谋, 男, 博士, 助理研究员, 主要从事鱼类病毒致病机理与病害防控研究,

Tel: 13477038430, E-mail: qinxiangmou@163.com

## **The role and mechanism of wza/wzc in the adaptation of *Vibrio harveyi* to fish surface mucus**

Ziyan Du, Huirong Xiang, Zhe Zhang, Xiaoxu Zhang, Yingxue Qin

State Key Laboratory of Mariculture Breeding, Fisheries college of Jimei university, Xiamen 361021, China

**Abstract:** [Objective] *Vibrio harveyi* is an important opportunistic pathogen of marine animals, yet its adaptation strategies to host surface mucus are poorly understood. This study aims to investigate the role of wza/wzc in this process. [Methods] Preliminary transcriptomic analysis was performed to examine gene expression changes during *V. harveyi* adaptation to host mucus. Bioinformatic analysis was conducted on the homologous proteins Wza and Wzc in *V. harveyi* strain TS-628. Stable gene silenced strains wza-RNAi and wzc-RNAi were constructed, and their biological characteristics were compared with those of the wild-type strain. [Results] Transcriptomic analysis revealed significant upregulation of the Wza/Wzc pathway during *V. harveyi* adaptation to host mucus. Bioinformatic analysis showed that Wza shares 59.72% homology with the polysaccharide export protein of *Klebsiella pneumoniae*, while Wzc shares 48.09% homology with the tyrosine kinase protein Wzc of *Escherichia coli* O157:H7. Stable gene silencing of wza and wzc resulted in markedly reduced extracellular polysaccharide production, whereas autoaggregation, hydrophobicity, and biofilm-forming ability were significantly enhanced. [Conclusion] wza/wzc facilitate *V. harveyi* adaptation to host mucus mainly by participating in the synthesis and transport of capsular polysaccharide, thereby evading immune defenses in surface mucus and preparing for further colonization and dissemination.

**Keywords:** *Vibrio harveyi*; extracellular polysaccharide; wza/wzc; environmental adaptation

## **Virus-host metabolic interaction: SGIV-induced protein lactylation suppresses viral propagation**

Mingming Zhao<sup>1</sup>, Jiayi Li<sup>1</sup>, Pengfei Li<sup>1\*</sup>

1.Guangxi Academy of Marine Sciences, Guangxi Academy of Sciences, Guangxi Key Laboratory of Aquatic Biotechnology and Modern Ecological Aquaculture, Guangxi Engineering Research Center for Fishery Major Diseases Control and Efficient Healthy Breeding Industrial Technology, Guangxi, Nanning, P.R. China.

**Abstract:** The prevention and cure of Singapore grouper iridovirus (SGIV) was remained a challenging issue, primarily due to our limited understanding of the interaction mechanisms between SGIV and the host. This study investigated the metabolic and protein modification changes in grouper spleen (GS) cells following SGIV infection. SGIV infection induced significant lactate accumulation and up-regulated protein lactylation levels in GS cells at 12 hours post-infection. Transcriptomic analysis revealed that SGIV infection led to host cell metabolic reprogramming, characterized by marked up-regulation of oxidative phosphorylation-related genes alongside dysregulated immune modulation. Proteomic analysis further demonstrated that SGIV infection up-regulated proteins involved in stress-response and immunomodulatory signaling pathways (e.g., AMPK, HIF-1, TGF- $\beta$ ), while proteins associated with fundamental metabolic pathways were generally down-regulated. Lactyl-proteomic analysis showed that SGIV infection induced widespread lactylation modifications on key proteins, including CaM, MEK1/2, ERK1/2, Hsp90, Hsp70, etc., which indicated that lactylation plays a crucial role in systematically reprogramming host cell functions during viral infection. Functional experiments confirmed that exogenous lactate, at concentrations non-cytotoxic to GS cells, significantly inhibited SGIV replication and also exhibited broad-spectrum antibacterial activity. In summary, SGIV infection regulated host immune responses, metabolic adaptation, and signal transduction by remodeling lactate metabolism and inducing protein lactylation, while lactate itself possesses dual biological functions as both an antiviral and an antibacterial agent.

**Keywords:** SGIV; lactate accumulation; protein lactylation; antibacterial.

\* Corresponding author: Pengfei Li, Professor; mail: Pengfei Li, pfli2014@126.com ; Tel: 15676188062.

Acknowledgements: This work was financially supported by Natural Science Foundation of China (32373175), Natural Science Foundation of Guangxi (2022JJA130074). Guangxi Science and Technology Program (GUIKEFA[2024]102-2).

## 养殖虾蟹细菌性病害微生态防控

侯冬伟

海南大学海洋生物与水产学院，海口市，570228

**摘要：**水产养殖是大食物的重要组成部分，给我国居民提供了四分之一的动物来源蛋白。病害是水产养殖绿色发展的卡脖子问题；细菌性病害占水产动物病害种类的50%。我国虾蟹养殖产量全球第一，养殖虾蟹病害频发、新发病害层出不穷，造成了巨大经济损失。细菌性病害防控长期依赖抗生素；低抗、无抗养殖是水产养殖的必经之路。微生态防控是实现低抗无抗养殖的关键，存在两大亟需解决的问题，一是亟需建立病因鉴定新策略，二是亟需阐明病害发生的微生态机制。为解决水产养殖细菌性病害的病因及其生态防控这一重要科学问题和产业问题，本研究以对虾和拟穴青蟹重要细菌性病害为研究对象，建立了病因推断新策略、揭示了病害发生微生态机制、提出了病害的生态防控策略、建立了病害生态防控新模式。

**关键词：**细菌病；对虾；青蟹；微生态防控

## 青蟹胞外囊泡与病毒感染信号转导

龚焱

南昌大学生命科学学院，江西南昌，330031

**摘要：**程序性细胞死亡是宿主抵御病毒感染的重要途径，其调控机制一直是先天免疫研究领域的热点。近期多个学者研究发现，被 WSSV 病毒粒子直接感染的对虾细胞未发生凋亡，而周围未被感染的细胞却出现了剧烈的凋亡现象，至今针对这一发现尚无合理的解释。我们在青蟹中也发现了该现象，并以胞外囊泡为切入点，发现病毒感染时青蟹胞外囊泡可特异性包裹病毒来源核酸 wsv277，并将其递送至未被感染的宿主细胞，通过与靶细胞中 CBF 和 EF-1 $\alpha$  互作诱导血细胞凋亡；此外，还发现青蟹胞外囊泡可包裹病毒核酸 wsv271，并在靶细胞中与 Toll4 的 TIR 结构域互作，招募 MyD88 激活 P38-MAPK 级联反应，引起 PAD4 蛋白磷酸化和核转位，通过组蛋白-H3 瓜氨酸化修饰驱动类中性粒细胞释放胞外诱捕网及 NETosis 现象的发生。

**关键词：**胞外囊泡；青蟹；病毒核酸；信号转导；先天免疫

## T6SS-1 介导杀香鱼假单胞菌吞噬体逃逸及调控大黄鱼巨噬细胞免疫应答的机制研究

戈飞<sup>1</sup>, 张明明<sup>1</sup>, 叶浩达<sup>2</sup>, 周素明<sup>2</sup>, 庞胜美<sup>1</sup>, 严小军<sup>1</sup>, 陶震<sup>1\*</sup>

1. 浙江海洋大学水产学院, 浙江舟山 316022; 2. 宁波大学海洋学院, 浙江宁波 315211

**摘要:** 【目的】阐明 VI 型分泌系统-1(Type VI Secretion System-1, T6SS-1)在杀香鱼假单胞菌(*Pseudomonas plecoglossicida*)感染大黄鱼(*Larimichthys crocea*)巨噬细胞过程中的功能, 揭示其调控宿主免疫应答的分子机制。【方法】构建 T6SS-1 结构基因 *tssD-1* 缺失突变株( $\Delta$ *tssD-1*)及其染色体单拷贝回补株(C $\Delta$ *tssD-1*), 以野生株(WT)为对照, 采用庆大霉素保护实验测定胞内存活与增殖动力学; 运用洋地黄皂苷差速透化联合免疫荧光标记技术, 结合透射电子显微镜观察, 解析细菌亚细胞定位; 通过时序转录组测序(RNA-seq)及实时荧光定量 PCR 验证, 分析感染过程中宿主转录组的动态变化。【结果】与野生株相比,  $\Delta$ *tssD-1* 突变株虽可正常侵入 LYC-hk 巨噬细胞, 但丧失持续胞内增殖能力, 该表型在回补株中得以恢复; 差速透化与超微结构观察证实, T6SS-1 为细菌突破吞噬体膜屏障、实现胞质定位所必需; 转录组时序分析显示, 野生株与突变株感染在早期(0-2 h)诱导相似的促炎反应, 而在 4-8 h 呈现显著差异, 野生株特异性激活渗透应激标志基因 *lrre8a* 的表达。【结论】T6SS-1 是杀香鱼假单胞菌实现吞噬体逃逸和建立胞内复制生态位的关键毒力决定因子, 其介导的亚细胞定位转换与宿主特异性转录重编程密切相关, 为深入理解鱼类胞内病原菌的致病机制及开发靶向防控策略提供了理论依据。

**关键词:** 杀香鱼假单胞菌; VI 型分泌系统; 大黄鱼; 巨噬细胞; 吞噬体逃逸; 转录调控

资助项目: 国家自然科学基金(42376108)

通讯作者: 陶震, 博士, 教授, 研究方向: 水产动物疾病与微生物学, E-mail:taozhen123@zjou.edu.cn

## **Vvrr2: A new *Vibrio* ncRNA involved in dynamic synthesis of multiple biofilm matrix exopolysaccharides, biofilm structuring and virulence**

Hongyan Cai<sup>1</sup>, Lixing Huang<sup>\*1</sup>

1. Fisheries College, Key Laboratory of Healthy Mariculture for the East China Sea, Ministry of Agriculture, Jimei University, Xiamen, Fujian, PR China, 361000

**Abstract:** Objective: *Vibrio alginolyticus* is a major pathogenic bacterium affecting mariculture animals. Currently, antibiotic-based prevention and control strategies are prone to induce drug resistance and drug residues, which severely hinders the sustainable development of healthy mariculture. This study aimed to explore the regulatory functions of small non-coding RNAs (sRNAs) associated with *V. alginolyticus* biofilm formation, address the limitations of existing control methods, and provide theoretical support for the development of green technologies for healthy mariculture. Methods: Biofilms of *V. alginolyticus* at different developmental stages (e.g., 12 h and 24 h) were used as research subjects. High-throughput sequencing was employed to screen differentially expressed sRNAs, and the sRNA most closely associated with biofilm formation was designated as Vvrr2. Combined with quantitative real-time polymerase chain reaction (qRT-PCR), virulence phenotype assays, and Raman spectra techniques, the regulatory roles of Vvrr2 in bacterial virulence and biofilm formation were systematically investigated. Results: A total of 81 differentially expressed sRNAs were identified. Overexpression of Vvrr2 significantly impaired the biofilm-forming capacity of *V. alginolyticus*, delayed the maturation of its three-dimensional structure, and participated in the regulation of bacterial virulence by targeting genes such as *fliG* and *lps*. Conclusion: This study enriches the theoretical basis for the virulence regulation mechanism of *V. alginolyticus* and provides a solid foundation for the development of green and efficient strategies for the prevention and control of *V. alginolyticus* infections.

**Keywords:** *Vibrio alginolyticus* ; ncRNA ; Vvrr2 ; Virulence ; Biofilm formation

This work was supported by the National Natural Science Foundation of the China under contract No. 32173016.

通讯作者: 黄力行, 男, 教授, 博导, 研究方向: 水产微生物; E-mail: lixinghuang@jmu.edu.c

## 基于 PHAH<sub>x</sub> 纳米载体的石斑鱼 DNA 疫苗预防神经坏死病毒感染研究

刘欣欣, 陈萌萌, 刘红利, 贺子凯, 李博, 曹贞洁, 吴莹, 周永灿, 张晨\*, 孙云\*\*

海洋生物与水产学院, 海南大学, 570228

**摘要:** 神经坏死病毒(Nervous necrosis virus, NNV)仍是全球水产养殖业中导致重大经济损失的重要病原之一。尽管 DNA 疫苗展现出良好的应用前景,但其体内递送效率低、易被快速降解等问题仍限制了实际免疫效果。本研究采用双乳液-溶剂挥发法,将携带 NNV 衣壳蛋白(Capsid protein, CP)基因的质粒封装于聚羟基脂肪酸酯(Polyhydroxyalkanoate, PHAH<sub>x</sub>)纳米颗粒中,成功构建了一种新型 DNA 纳米疫苗(PHA@pCP)。所得纳米颗粒呈球状,平均粒径为 472.5 nm, Zeta 电位为-16.22 mV,并表现出良好的缓释特性,质粒累计释放量于第 25 天达到 92%以上。体外和体内实验结果均证实,抗原蛋白可在石斑鱼鳍细胞(GF-1)以及石斑鱼脾脏和肾脏组织中高效表达。生物安全性评价结果表明,该纳米疫苗具有较好的生物安全性,在 40 μg/mL 浓度疫苗处理后细胞存活率仍高于 90%,且对鱼体组织学结构及行为未见明显不良影响。通过腹腔注射 PHA@pCP 后,石斑鱼可产生强烈且持久的免疫应答,表现为多种关键免疫标志物,包括 CD4、CD8、MHC-I、MHC-II、TNF-α 和 IL-1β 的显著上调,同时诱导并维持较高水平的抗原特异性 IgM 抗体滴度。该抗体在血清 256 倍稀释条件下仍显示出较强的病毒中和活性。更为关键的是,NNV 攻毒试验证明该疫苗具有优异的保护效果:在免疫后 28 天攻毒进行攻毒,相对保护率最高可达 94.33%,显著优于裸质粒 pCP 组。同时,PHA@pCP 组攻毒鱼脑和眼组织中的病毒载量显著降低。综上所述,本研究结果表明,PHAH<sub>x</sub> 纳米载体是一种高效且安全的 DNA 疫苗递送载体,能够显著增强 DNA 疫苗对 NNV 的免疫保护效果,为石斑鱼 NNV 防控及可持续水产养殖提供了新策略。

**关键词:** 神经坏死病毒; DNA 疫苗; 聚羟基脂肪酸; 纳米颗粒; 石斑鱼

资助项目: 国家自然科学基金重点项目区域联合发展基金(U22A20534)和海南省科技人才创新项目(KJRC2023C38)。

\*通讯作者: 张晨, 男, 博士, 副研究员, 硕士生导师, 主要从事水产动物病害防控, Tel: 15829672717, E-mail: zhangchen@hannanu.edu.cn. 孙云, 女, 博士, 教授, 博士生导师。主要从事于热带水产健康养殖与病害控制。Tel: 13178909308, E-mail: ysun@hannanu.edu.cn.

## WSSV 调控对虾 ROS 促进病毒复制的机制

何洪慧<sup>1</sup>, 李朝政<sup>2\*</sup>, 陈义烘<sup>3\*</sup>, 何建国<sup>2\*</sup>

1. 海南大学海洋生物与水产学院, 海口 570228

2. 水产动物疫病防控与健康养殖全国重点实验室(中山大学), 广州 510275

3. 华南师范大学生命科学学院现代水产养殖科学与工程研究所, 广州 510631

**摘要:** 宿主活性氧(ROS)在抗病原体免疫中发挥关键作用。病毒为成功感染, 进化出可操纵宿主 ROS 逃逸宿主防御的能力, 但其分子机制未明。我们揭示了白斑综合征病毒(WSSV)通过其编码蛋白 wsv220 竞争性结合对虾 Keap1 (LvKeap1), 显著抑制 LvKeap1 对虾核因子 Nrf2(LvNrf2)的负调控作用, 促进 LvNrf2 入核。LvNrf2 入核后进一步上调葡萄糖-6-磷酸脱氢酶(LvG6PDH)的表达, 促进 NADPH 和谷胱甘肽(GSH)的生成, 从而有效清除感染引发的过量 ROS, 形成利于病毒复制的胞内环境。此外, WSSV 利用 LvNrf2 上调病毒极早期基因 wsv051, 建立正反馈回路进一步增强 wsv220 的表达。综上, WSSV 通过劫持 LvNrf2 通路调控宿主 ROS 动态, 并建立正反馈回路促进病毒复制。本研究揭示了病毒操纵宿主 ROS 动态的新机制, 为开发靶向 Nrf2 通路的抗病毒策略提供依据。

**关键词:** 白斑综合征病毒; 凡纳滨对虾; 活性氧; Nrf2 通路

## 寄生虫在鱼类病害发生过程中的媒介作用研究

陈劲松\*, 庄景裕, 李鑫涛, 赖德华, 黄盛丰\*

中山大学生命科学学院, 广州 510275

**摘要:** 寄生虫对养殖鱼类的危害具有多重性: 除直接致病外, 还可作为媒介传播细菌、病毒及小型寄生虫等其他病原体。这种协同作用常导致复合感染, 显著加剧疾病暴发与死亡率, 对水产养殖业构成严重威胁。近两年, 我国东南沿海地区网箱养殖的大黄鱼新发锥虫病, 流行面广, 致死率高, 给大黄鱼养殖业带来了巨大经济损失。经鉴定其病原为一种新型的鲫鱼锥虫广谱亚种(*Trypanosoma carassii spectrum*), 很可能来源于淡水鱼, 但是自发病以来其传播途径一直未查明。本研究对该锥虫的部分潜在媒介生物或中间宿主进行了实地调查与检测, 并利用实验室已建立的“*T. carassii spectrum*-大口黑鲈-菲牛蛭”实验模型对该锥虫的潜在传播途径进行了模拟实验。2025 年 8 月我们在福建宁德的调查显示, 本次网箱养殖的大黄鱼幼鱼发病, *T. carassii spectrum* 与鮨新本尼登虫的共感染率达到 100%, 并且通过 PCR 检测在部分鮨新本尼登虫的体内发现了 *T. carassii spectrum* 的痕迹, 我们后续的实验结果也表明, 鮨新本尼登虫可以在摄食宿主鱼血液的同时将 *T. carassii spectrum* 一同摄入体内; 除此之外, 本次发病的大黄鱼还有一些共感染的致病菌如哈维氏弧菌也在鮨新本尼登虫的体内被发现。2025 年 11 月福建漳浦养殖的云龙杂交石斑鱼爆发了鱼蛭病, 经鉴定病原为阿鲁加姆锡兰蛭(*Zeylanicobdella arugamensis*), 感染率达到 100%, 病鱼致死率超过 50%, 在该鱼蛭体内并没有发现锥虫, 但是有携带美人鱼发光杆菌亚种和哈维氏弧菌等致病菌。2026 年 1 月粤东饶平沿海网箱养殖的鞍带石斑鱼也发现有大型鱼蛭寄生, 经鉴定为冈湖蛭(*Limnotrachelobdella okae*), 同样在其体内只检测到了美人鱼发光杆菌等共感染的致病菌, 未检测到锥虫。在实验室中我们将 15 条菲牛蛭分别吸附到感染了 *T. carassii spectrum*(虫量达到 108/mL 以上) 的 15 条大口黑鲈身上, 之后将它们与 15 条做了标记的健康大口黑鲈混养, 期间菲牛蛭自然在带虫鱼与健康鱼之间转移, 混养 14 d 后, 血涂片镜检与 PCR 检测结果都显示有 6 条健康鱼感染了 *T. carassii spectrum*, 并且虫量已经达到 107/mL 以上; 另外我们直接将 *T. carassii spectrum* 注射入菲牛蛭体内, 发现其可以在菲牛蛭体内存活 24 h 以上, 而在盐度 25 的海水或者淡水中, *T. carassii spectrum* 会在几秒钟内迅速裂解死亡。综上所述, 我们推断在感染鱼的过程中, 本尼登虫和鱼蛭可以作为病原菌传播的媒介; 并且蛭类和本尼登虫能够接触到鱼类血液并携带 *T. carassii spectrum*, 是 *T. carassii spectrum* 的潜在传播媒介。

**关键词:** 三代虫; kunitz; 丝氨酸蛋白酶抑制剂; 免疫逃逸; 疫苗

# Transcellular Breach of the Blood-Brain Barrier by *Streptococcus agalactiae* Triggers Severe Meningoencephalitis in Nile Tilapia

Yanghui Chen<sup>a</sup>, Bei Wang<sup>a\*</sup>

a. Fisheries College of Guangdong Ocean University, Guangdong Provincial Key Laboratory of Aquatic Animal Disease Control and Healthy Culture & Key Laboratory of Control for Disease of Aquatic Animals of Guangdong Higher Education Institutes, Zhanjiang, China

**Abstract:** *Streptococcus agalactiae* causes devastating meningoencephalitis in Nile tilapia, yet how it breaches the blood-brain barrier (BBB) to establish CNS infection remains unknown. Using integrated in vivo and in vitro models, we provide the first ultrastructural evidence that GBS crosses the tilapia BBB via transcellular transcytosis—apical adhesion, caveolae-mediated internalization, intracellular trafficking, and basolateral release—while tight junctions remain intact. This initial breach triggers endothelial apoptosis, MMP-driven tight junction degradation, and a catastrophic neuroinflammatory storm characterized by massive cytokine induction (85-fold  $il1\beta$ , 42-fold  $tnfa$ , >800-fold  $il-8$ ), chemokine-driven leukocyte infiltration, and glial activation. The surface adhesin *Srr1* contributes critically to the adhesive step, with  $\Delta Srr1$  mutants exhibiting markedly reduced adhesion, invasion, and barrier disruption. These findings establish the first mechanistic model of bacterial neuroinvasion in a teleost host and identify *Srr1* as a potential target for controlling streptococcosis in aquaculture.

**Keywords:** *Oreochromis niloticus*; meningitis; blood-brain barrier; *Streptococcus agalactiae*;

Corresponding author: 王蓓, 女, 农学博士, 教授, 水生动物免疫与病害防, [wong19820204@126.com](mailto:wong19820204@126.com)

**Funding:** This work was funded by the project of Ministry of Science and Technology “Belt and Road” innovation talent exchange foreign experts project (DL202303009), the National Natural Science Foundation of China (Grant No. 32073006, 32002426), the Natural Science Foundation of Guangdong Province (No. 2022A1515010553), National Natural Science Foundation of China (No. 320023) and the Guangdong Basic and Applied Basic Research Foundation (2021A1515010956).

### 第三章 水产动物免疫与生理调控

## Decoding the immunomodulatory landscape of tilapia against *Streptococcus agalactiae* at single-cell resolution

Xue Zhai<sup>1,2,3,#</sup>, Minghao Zhang<sup>1,2,3,#</sup>, Kang Li<sup>4,#</sup>, Wei Li<sup>1,2,3,#</sup>, Xiaolong Li<sup>5</sup>, Wa Gao<sup>1,2,3</sup>, Zhaosheng Sun<sup>1,2,3</sup>, Dan Huang<sup>1,2,3</sup>, Songqian Huang<sup>1,2,3</sup>, Mingli Liu<sup>1,2,3</sup>, Zhichao Wu<sup>1,2,3</sup>, Jun Zou<sup>1,2,3</sup>, Liangbiao Chen<sup>1,2,3</sup>, Jialong Yang<sup>4\*</sup>, Peng Hu<sup>1,2,3,\*</sup>

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

3.Center for Aquacultural Breeding Research, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China

4.State Key Laboratory of Estuarine and Coastal Research School of Life Sciences, East China Normal University, Shanghai 200241, China

5.The State Key Laboratory of Grassland Agro-ecosystems, College of Pastoral Agriculture Science and Technology, Lanzhou University, Lanzhou, Gansu 730020, China

**Abstract:** *Streptococcus agalactiae* is a significant pathogen in both humans and animals, yet the immune cell subtype dynamics during infection remain poorly defined. Leveraging the high susceptibility and tractability of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*), 113,356 single immune cells are profiled from head kidney and spleen across multiple infection time points (0, 1, 5, 10, 75 days post-infection and 3 days post-reinfection). This single-cell transcriptomic and flow cytometry analyses revealed distinct activation and transition patterns among neutrophils, macrophages, T cells, and B cells. Neutrophils exhibited early transcriptional remodeling enriched in inflammatory and interferon gamma (IFN $\gamma$ ) signaling pathways. Cross-species integration identified a conserved IFN $\gamma$ -driven transition toward  $il8^+$  neutrophils. Furthermore, recombinant interleukin-8 (IL8) enhanced antibacterial responses in tilapia and human neutrophils, while inhibition of STAT1 reduced IL8 expression. IL8 stimulation increased phagocytosis and reactive oxygen species (ROS) production, supporting its role in neutrophil-mediated bacterial clearance. Together, these findings establish IFN $\gamma$ -IL8 as a conserved mechanism in vertebrate immunity and a potential target for antibacterial therapies.

**Keywords:** Neutrophils, IFN $\gamma$ -IL8, Antibacterial responses, Nile tilapia

资助项目：国家自然科学基金(2373113, 32341061, 32200414)

\*通讯作者，胡鹏，男，博士，教授，博士生导师，研究方向为鱼类功能基因组学及抗逆抗病育种，Tel: 13022156738, E-mail: phu@shou.edu.cn

## 草鱼新型 IL-1 家族细胞因子 nIL-1F2 的鉴定与功能研究

孙兆盛, 王俊亚\*, 邹钧\*\*

上海海洋大学水产与生命学院, 上海, 201306

**摘要:** 白细胞介素-1(interleukin-1, IL-1)家族是脊椎动物炎症反应的核心调控因子。在哺乳动物中, 该家族已鉴定出 11 个成员, 而硬骨鱼类中仅报道过 3 个: IL-1 $\beta$ 、IL-18 及鱼类特有的新型 IL-1 家族成员 nIL-1F/F1。本研究在草鱼(*Ctenopharyngodon idella*)中鉴定出一个新的 IL-1 家族细胞因子, 命名为 nIL-1F2。基因共线性和系统进化树分析发现, nIL-1f2 仅存于鲤科鱼类中, 且与 nIL-1f/f1 同源。草鱼感染 GCRV-II 后, nIL-1f2 在鳃和后肠中的表达显著上调; 激光共聚焦分析进一步显示, nIL-1F2 由病毒感染细胞产生, 且在感染组织中表达升高。此外, nIL-1F2 与 MCSFR 共定位, 提示单核/巨噬细胞是其主要的细胞来源。功能实验表明, nIL-1F2 可增强单核/巨噬细胞的吞噬活性, 并诱导促炎基因(Tnf- $\alpha$ 3、Il-8 和 inos)的表达。综上, 本研究鉴定了一个鲤科鱼类特有的新型 IL-1 家族促炎细胞因子 nIL-1F2, 为深入理解硬骨鱼类 IL-1 家族的进化与功能多样性提供了新见解。

**关键词:** 新型 IL-1 家族细胞因子; 草鱼; 炎症; 单核/巨噬细胞

资助项目: 国家自然科学基金(32373166 和 32030112)

通讯作者: 邹钧, 男, 博士, 教授, 从事鱼类免疫与抗病育种研究, jzou@shou.edu.cn

## 硬骨鱼 IgM<sup>+</sup>类浆细胞：超越抗体分泌的功能特性

吴丽婷\*, Carolina Tafalla\*, 叶剑敏\*

华南师范大学生命科学学院, 广东省广州市天河区, 广州 510631

**摘要:** B 细胞在接触抗原后启动向抗体分泌细胞(Antibody-secreting cells, ASCs)的分化进程, 先分化为浆母细胞, 最终形成长寿浆细胞。这类抗体分泌细胞特化于大量分泌抗体, 且通常丧失初始 B 细胞的其他功能。目前硬骨鱼类中该分化过程的研究尚不充分, 而已有研究表明硬骨鱼 B 细胞与哺乳动物 B1 固有亚群在功能和表型上具有诸多共性。基于此, 本研究以尼罗罗非鱼(*Oreochromis niloticus*)和虹鳟(*Oncorhynchus mykiss*)为模型, 进一步探究硬骨鱼抗体分泌细胞的功能特征。结果显示, 鱼类头肾中的 IgM<sup>+</sup>类浆细胞不仅具备强大的 IgM 分泌能力, 还兼具吞噬功能与抗原呈递, 且上述功能活性甚至高于初始 B 细胞。该类 IgM<sup>+</sup>类浆细胞可在体外存活 2 周并持续分泌 IgM。值得关注的是, 其功能性 B 细胞受体得以保留, 可对胸腺非依赖性模式抗原, 三硝基苯偶联脂多糖(TNP-LPS)产生应答, 同时使细胞对 B 细胞受体交联的反应性增强。本研究揭示了硬骨鱼 B 细胞的分化规律, 证实硬骨鱼类浆细胞除分泌免疫球蛋白外, 还保留其他表型特征, 可直接对抗原产生应答。上述发现提示硬骨鱼 B 细胞存在独特的分化模式, 可为阐明哺乳动物 B1 细胞、表达 IgM 的浆细胞等固有亚群的分化机制提供理论参考。

**关键词:** 硬骨鱼, IgM<sup>+</sup>浆细胞, 免疫保护, 先天-适应性免疫协同, 鱼类疫病防控

资助项目: 国家自然科学基金(32102827, 31972818), 中国博士后基金(2019M662959), 2022 年度华南师范大学国际(区域)合作与交流项目。

通讯作者: 吴丽婷, 女, 博士, 副研究员, 鱼类免疫学, 邮箱 ltingwu@m.scnu.edu.cn

叶剑敏, 男, 博士, 教授, 鱼类免疫学, 邮箱 jmye@m.scnu.edu.cn

Carolina Tafalla, 女, 博士, 教授, 鱼类免疫学, 邮箱 tafalla@inia.csic.es

## 罗非鱼 Blimp-1 调控 IgM+ B 细胞发育的作用机制研究

李炳喜, 孙华清, 何超丽, 叶剑敏\*

华南师范大学生命科学学院, 广东省广州市天河区, 邮编 510631

**摘要:** B 细胞是体液免疫的关键效应细胞, 在机体抵御病原菌感染中发挥重要作用。Blimp-1 是控制 B 细胞发育末端的“决定性开关”, 然而在硬骨鱼中 Blimp-1 调控 B 细胞发育的作用机制尚未明确。本研究以罗非鱼为硬骨鱼研究模型, 通过转录组学与 CUT&Tag 技术联合分析, 探究 Blimp-1 调控罗非鱼 IgM+ B 细胞发育的作用机制。结果表明, 罗非鱼 Blimp-1 在结构上与哺乳动物高度保守, 且能同时响应罗非鱼 TI/TD 体液免疫应答; TD 抗原相较于 TI 抗原能引起 IgM+ B 细胞更广泛的转录调控网络变化; 罗非鱼 Blimp-1 在 TI/TD 抗原诱导的 IgM+ B 细胞发育过程中主要结合位点富集在靶基因的内含子和基因间区, 且在基因体区域呈现覆盖转录起始位点至转录终止位点的宽峰分布特征; 最后耦合转录组与 CUT&Tag 数据, 筛选出 9 个同时参与 TI、TD 抗原诱导罗非鱼 IgM+ B 细胞发育的 Blimp-1 差异靶基因, 2 个 TI 抗原特异性结合靶基因, 1 个 TD 抗原特异性结合靶基因。综上所述, 本研究综合运用转录组与 CUT&Tag 技术, 从基因表达和转录调控双层面揭示了 Blimp-1 在两种免疫模式下的调控特征差异; 成功筛选出 Blimp-1 在 TI 和 TD 免疫下调控 IgM+ B 细胞响应的关键结合靶基因。本研究不仅为理解鱼类 B 细胞发育、分化与体液免疫调控提供了关键分子证据, 也为揭示脊椎动物体液免疫调控机制在进化过程中的分化趋势提供了新的理论支持。

**关键词:** 罗非鱼; IgM+ B 细胞; Blimp-1; 转录调控

基金项目: 国家自然科学基金青年基金项目(C类)(32303044), 广东省基础与应用基础科学研究基金(2024A1515010537)。

李炳喜, 男, 特聘副研究员, 博士, 研究方向为水产动物健康养殖。E-mail:

libingxi@m.scnu.edu.cn

通信作者: 叶剑敏, 男, 教授, 博士, 研究方向为水产动物健康养殖。E-mail:

jmye@m.scnu.edu.cn

## **Fish DHCR24 exerts pro-viral activity through Tollip-mediated autophagic degradation of STING-TBK1 axis**

Xinyi Ren<sup>1</sup>, Guimei Zhang<sup>1</sup>, Mengdi Yuan<sup>1</sup>, Linyong Zhi<sup>1</sup>, Qiwei Qin<sup>1,2</sup>, Xiaohong Huang<sup>1,2\*\*</sup>, Youhua Huang<sup>1,2\*</sup>

1 College of Marine Sciences, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

2 Nansha-South China Agricultural University Fishery Research Institute, Guangzhou 511464, China

**Abstract:** Cholesterol metabolism plays a significant role in regulating innate antiviral immunity during viral infection. However, the molecular mechanisms by which enzymes regulate the interferon signaling pathway are not well elucidated. Here, we investigated the potential function of the key enzyme in cholesterol synthesis, 3 $\beta$ -hydroxysteroid- $\Delta$ 24 reductase (DHCR24) from grouper (EcDHCR24) during Singapore grouper iridovirus (SGIV) infection. Upon incubation with SGIV, the expression level of EcDHCR24 was significantly up-regulated in grouper spleen (GS) cells. Interestingly, EcDHCR24 overexpression significantly enhanced SGIV proliferation in GS cells, consistent with its inhibitory effect on the mRNA level of IFN-stimulated genes (ISGs) in vitro. EcDHCR24 overexpression also reduced the expression levels of these ISGs expression induced by STING, TBK1, IRF3 and IRF7. Furthermore, as an endoplasmic reticulum localized protein, EcDHCR24 was identified to interact with STING and TBK1. Mechanistically, EcDHCR24 enhanced the degradation of STING and TBK1 through the autophagy-lysosome pathway in a dose-dependent manner. Of note, EcDHCR24 also interacted with toll-interacting protein (Tollip), and overexpression of EcTollip promoted EcDHCR24-mediated degradation of STING and TBK1. Collectively, our findings revealed that fish DHCR24 negatively regulated interferon activation through Tollip-mediated autophagic degradation of STING-TBK1 axis, that provided new insight into the mechanism by which DHCR24 regulated viral infection in fish.

**Keywords:** DHCR24; Iridovirus; Pro-viral; STING; Tollip; Autophagic degradation

资助项目：国家自然科学基金面上项目(32173007)和国家海水鱼产业技术体系(CARS-47-G16)。

通讯作者：黄友华，男，博士，研究员，水产动物病原感染致病机制及防控技术。电话：13824471907，E-mail: huangxh@scau.edu.cn。

## 黄斑蓝子鱼抗菌肽的筛选及功能初步研究

刘昊洋, 汪蕾\*

华南师范大学生命科学学院, 广东省广州市, 510631

**摘要:** 从 NCBI 数据库获取黄斑蓝子鱼(*Siganus oramin*)全基因组数据, 并基于该基因集构建本地 BLAST 数据库索引。采用 TBLASTN 程序, 以  $1e-5$  为 E 值阈值, 通过与来自 APD6 抗菌肽数据库的 3306 条已知抗菌肽序列进行序列相似性比对, 识别潜在的抗菌肽编码基因。编写 Python 脚本进一步筛选并去除冗余结果, 对剩余序列依据 APD6 数据库的分类体系进行系统分类与统计, 在黄斑蓝子鱼中共鉴定出 362 个潜在抗菌肽基因。参照 APD 数据库分类标准划分为 27 个功能类别, 统计分析显示: 组蛋白相关衍生肽(Histone-derived peptides)占比最高, 为总数的 18.3%; 其余主要类别包括神经肽(Neuropeptide)、防御素(Defensin)、肝表达抗菌肽 2(LEAP-2)、血清淀粉样蛋白 A(SAA)及趋化因子(Chemokine), 其占比均高于鉴定抗菌肽类别总数的 5%。选取其中 5 条具有潜在抗真菌活性并分布于表皮或肠道上皮的抗菌肽进行合成, 并通过抑菌实验验证了其对水霉及溶藻弧菌等水产病原菌的抑制作用。后续, 将进一步对这些抗真菌肽在保护黄斑蓝子鱼卵免受真菌感染方面的效果开展研究, 以期为提高蓝子鱼卵的孵化率找到可行的方法。

**关键词:** 黄斑蓝子鱼; 抗菌肽; 病原菌

\*通讯作者: 汪蕾, 女, 副教授, wanglei@scnu.edu.cn

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(NJTG-20260063); 广东省自然科学基金项目优秀青年项目(2024A1515030234)。

## 桑叶抗菌肽 Squ8 的抗菌活性与作用机制的研究

徐卓, 汪蕾\*

华南师范大学生命科学学院, 广东省广州市, 510631

**摘要:** 本研究通过液相色谱-质谱联用技术(LC-MS)从发酵桑叶中鉴定出一种新型抗菌肽 Squ8。该肽(氨基酸序列 RMGAGMAK, 分子量 820 道尔顿)具有  $\alpha$  螺旋结构、+2 净电荷、50%疏水性, 并对革兰氏阴性/阳性细菌表现出抗菌活性。与许多在极端温度或 pH 条件下易失活的抗菌肽不同, Squ8 在这些条件下仍能保持活性且溶血率低, 从而展现出优异的稳定性和安全性。此外, 它能靶向大肠杆菌的基因组 DNA, 通过独特的多靶点机制降低耐药风险。这些发现突显了 Squ8 作为开发抗菌药物或新型饲料添加剂的潜力候选物, 并为缓解抗生素滥用和耐药性提供了策略。

**关键词:** 发酵桑叶; 抗菌肽; 抗菌活性; 膜破裂

\*通讯作者: 汪蕾, 女, 副教授, wanglei@scnu.edu.cn

资助项目: 广东省自然科学基金项目优秀青年项目(2024A1515030234); 广东省重点领域研发计划项目(2026B0202170002)。

## 凡纳滨对虾 TRPA1 鉴定及其感知高温的分子机制

李苡萱, 由凯文, 钟宛清, 汪蕾\*

华南师范大学生命科学学院, 广东省广州市, 510631

**摘要:** 凡纳滨对虾 (*Litopenaeus vannamei*) 是广东省乃至全球养殖的重要对虾品种。由于全球变暖, 广东省夏季高温期水温可达 33 °C 以上, 可导致对虾应激引起的免疫力下降, 严重时可诱发大量死亡。TRPA1 作为钙离子通道, 因具有温度传感器的功能在哺乳动物和果蝇中已被广泛研究, 其不仅能敏锐感知有害的热刺激, 还在免疫反应的调节中扮演着重要角色。为探究凡纳滨对虾 TRPA1 感知高温和介导免疫反应的功能, 本研究首先从凡纳滨对虾中克隆获得 TRPA1 序列、分析其组织表达特征及其在 34 °C 高温应激后表达谱; 制备并纯化了其特异的多克隆抗体; 基于 Western blot、实时荧光定量 PCR 等探究了体内过表达和干扰 TRPA1 对肝胰腺细胞免疫反应的影响; 确定了 TRPA1 敲降影响对虾死亡率的规律; 最后采用流式细胞术分析 TRPA1 过表达和敲降对血细胞免疫的影响。结果显示: 1) 凡纳滨对虾 TRPA1 基因 CDS 序列长 2163 bp, 编码 721 个氨基酸, 具有大量位于 N 端结构域的锚蛋白重复序列和跨膜结构域典型结构特征; 2) TRPA1 在凡纳滨对虾不同组织中均有表达, 且在肌肉组织中表达最高; 3) 34 °C 高温应激和体内过表达后, TRPA1 在肝胰腺组织中的表达量显著上升; 4) 过表达 TRPA1 显著提高血细胞凋亡率、Ca<sup>2+</sup>、ROS 和 NO 水平, 而敲降 TRPA1 则反之。5) 过表达 TRPA1 可显著下调肝胰腺 Bcl-2、显著上调 Caspase1 和 Caspase2 的表达水平; 同时显著下调 Toll、Relish、TOR 和 Nrf2、CAT、SOD、HO-1 的表达水平, 显著提高 NF- $\kappa$ B、IL-1 $\beta$  的表达水平; 6) TRPA1 敲降后继续将机体施以 34 °C 高温应激, TRPA1 敲降组存活率显著高于对照组, 且敲降组可显著逆转上述过表达实验相关基因和蛋白的表达变化。以上研究表明, TRPA1 在凡纳滨对虾感知高温中发挥作用, 可为凡纳滨对虾养殖产业健康发展提供理论参考, 对拓展水产动物相应的靶向干预也将产生一定意义。

**关键词:** 凡纳滨对虾; TRPA1; 高温; 免疫功能

\*通讯作者: 汪蕾, 女, 副教授, wanglei@scnu.edu.cn

资助项目: 广东省自然科学基金项目优秀青年项目(2024A1515030234); 中央引导地方科技发展专项资金(2025B0202010040)。

## 凡纳滨对虾短神经肽 sNPF 的鉴定及其免疫调节功能机制

由凯文, 钟宛清, 汪蕾\*

华南师范大学生命科学学院, 广东省广州市, 510631

**摘要:** 神经内分泌系统在生物体的代谢、发育、免疫等生命过程中发挥重要的调节作用。近年来, 无脊椎动物中的神经与免疫系统间的互动机制引起了广泛关注。短神经肽 F (sNPF) 是由无脊椎动物神经元分泌的生物活性肽, 可调节无脊椎动物摄食、生殖、蜕皮等多项生理过程。凡纳滨对虾(*Litopenaeus vannamei*)是我国及广东省内重要的对虾养殖品种, 但其健康养殖长期遭受病害困扰。因此, 为确定凡纳滨对虾中 sNPF 及其受体 sNPF-R 介导的免疫调节功能及信号机制, 本研究首先从凡纳滨对虾中克隆了 sNPF 序列、分析其组织表达特征及其在溶藻弧菌等病原菌攻毒后的表达谱; 制备并纯化了 sNPF 小鼠多克隆抗体; 基于 Western blot、实时荧光定量 PCR 确定体内过表达 sNPF 后, 通过流式细胞术检测血细胞凋亡指数、Ca<sup>2+</sup>、一氧化氮、活性氧含量; 结合测定血清中 SOD、CAT、GPX 三种抗氧化酶活性结果综合分析 sNPF 对血细胞免疫反应的影响。结果显示: 1) 凡纳滨对虾 sNPF 基因 CDS 序列长 390bp, 编码 129 个氨基酸; sNPF-R 基因 CDS 序列长 1386bp, 编码 461 个氨基酸; 并且该受体蛋白属于 G 偶联蛋白受体; 2) sNPF 及 sNPF-R 在多种组织中均有表达, 在眼柄与腹神经节表达最高; 3) 溶藻弧菌、副溶血弧菌攻毒 24h 及高温应激后, sNPF 在肝胰腺的表达量显著上调; 4) 过表达 sNPF 可显著降低血细胞凋亡指数、Ca<sup>2+</sup>、一氧化氮、活性氧含量, 可有效降低溶藻弧菌攻毒后南美白对虾肝胰腺菌载量; 肝胰腺免疫通路关键基因 Toll、Dorsal、Relish、Crustin、抗菌肽相关基因 ALF1-5 的转录水平均出现显著上调。以上研究结果表明, sNPF 可有效感知外界病原菌入侵及环境胁迫并通过与受体结合后开启下游免疫信号通路, 提高对虾免疫力。同时, 本研究可为凡纳滨对虾体内神经-免疫调节网络的具体机制提供理论基础, 对提高凡纳滨对虾免疫力的干预靶点提供参考方向。

**关键词:** 凡纳滨对虾; 神经-免疫调节; 神经肽; sNPF

\*通讯作者: 汪蕾, 女, 副教授, wanglei@scnu.edu.cn

资助项目: 广东省自然科学基金项目优秀青年项目(2024A1515030234); 中央引导地方科技发展专项资金(2025B0202010040)。

## 驼背鲈干扰素 IFN- $\gamma$ rel 通过 IRF1 发挥其抗细菌功能

吴莹, 王子滔, 贺子凯, 王金阁, 陈宏, 曹贞洁, 张晨, 敖敬群, 周永灿, 孙云\*

海南大学海洋生物与水产学院, 海南海口, 570228

**摘要:** 目的: 哺乳动物II型干扰素家族仅包含 IFN- $\gamma$ , 而硬骨鱼还存在另一亚型 IFN- $\gamma$ rel。虽然 IFN- $\gamma$ rel 已被证实具有抗病毒作用, 但其在抗细菌免疫中的功能和机制尚不清楚。本研究旨在鉴定驼背鲈 IFN- $\gamma$ rel 基因 (Caifn- $\gamma$ rel) 并分析其抗细菌免疫功能。方法: 采用 PCR 克隆、荧光定量分析、吞噬实验、蛋白质印迹、过量/干扰表达及活体攻毒等方法进行研究。结果: 成功鉴定 Caifn- $\gamma$ rel 基因, 其开放阅读框为 564 bp, 编码 187 个氨基酸。Caifn- $\gamma$ rel 在各组织中均有表达, 在血液、肠道、鳃和肝脏中表达较高, 且哈维氏弧菌感染可显著上调其转录水平。功能研究表明, 重组蛋白 rCaIFN- $\gamma$ rel 可增强巨噬细胞吞噬活性、诱导 STAT1 磷酸化并促进免疫因子表达, 同时通过 IRF1 激活下游免疫基因。体内实验显示, 过量表达 CaIFN- $\gamma$ rel 可提高机体抗哈维氏弧菌感染能力, 而干扰其表达则降低宿主抗细菌感染能力。结论: CaIFN- $\gamma$ rel 在驼背鲈抗细菌免疫中发挥重要作用。

**关键词:** 驼背鲈; IFN- $\gamma$ rel; 吞噬活性; 抗细菌免疫

资助项目: 国家自然科学基金重点项目区域联合发展基金(U22A20534)和海南省科技人才创新项目(KJRC2023C38)。

\*通讯作者: 孙云, 女, 博士, 教授, 博士生导师。主要从事于热带水产健康养殖与病害控制。Tel: 13178909308, E-mail: ysun@hannanu.edu.cn

## **CaIRF1 promotes antibacterial immune defense and acts as a Vaccine Adjuvant in *Chromileptes altivelis***

Guotao Wang<sup>#</sup>, Ying Wu<sup>#</sup>, Jue Lin, Chen Zhang<sup>1</sup>, Zhenjie Cao, Jingqun Ao, Yongcan Zhou, Yun Sun<sup>\*</sup>

School of Marine Biology and Fisheries, Hainan University, Haikou, 570000, Hainan

**Abstract:** Interferon regulatory factor 1 (IRF1), a transcription factor featuring a unique helix–turn–helix DNA-binding domain, plays an essential role in the innate immune response of vertebrates by regulating the type I interferon signaling pathway and contributing to defense against viral and bacterial pathogens. In this study, we identified and characterized the IRF1 homolog from *Chromileptes altivelis* (CaIRF1). Structural analysis revealed that CaIRF1 possesses a conserved DNA-binding domain and an IRF association domain with high similarity to mammalian IRF1. CaIRF1 was constitutively expressed in multiple tissues, with highest expression in immune-related organs such as gill, spleen, and head kidney. Following infection with *Vibrio harveyi*, CaIRF1 expression was significantly upregulated in liver, spleen, and head kidney. Subcellular localization studies indicated that CaIRF1 is distributed in both the nucleus and cytoplasm, with a predominant nuclear presence. Functional analyses demonstrated that overexpression of CaIRF1 reduced bacterial loads *in vivo* and enhanced cell survival post-infection *in vitro*, whereas knockdown of CaIRF1 compromised antibacterial responses. Moreover, co-immunization with CaIRF1 improved immune parameters and increased survival rates after bacterial challenge, suggesting its potential utility as an immune adjuvant. Collectively, this study identifies CaIRF1 as a key regulator of antibacterial immunity in *C. altivelis* and underscores its promising application in the development of vaccine adjuvants for aquaculture.

**Keywords:** Interferon regulatory factor; Antibacterial Immune; Vaccine Adjuvant

This research was supported financially by the National Natural Science Foundation of China (U22A20534); Yun Sun; Female; PhD; Professor; Immunity and Disease Control in Aquatic Organisms; 13178909308; syshui207@126.com

## 丽鱼三代虫 Kunitz 型丝氨酸蛋白酶抑制剂鉴定及其免疫保护性评估

庄景裕, 骆磊, 黄盛丰, 陈劲松\*

中山大学生命科学学院, 广州 510275

**摘要:** 三代虫是养殖鱼类的常见病原, 对鱼苗危害尤其严重。我们在前期研究中发现宿主鱼血清与体表粘液中的补体对丽鱼三代虫具有明显的杀伤作用。Kunitz 蛋白是一种丝氨酸蛋白酶抑制剂, 已有研究表明寄生虫可以分泌 kunitz 蛋白来调节宿主丝氨酸蛋白酶(包括多种补体)活性, 以获得更好的生存。本研究首次在丽鱼三代虫中鉴定得到 Kunitz (GcKSI) 基因的 cDNA 全长, 通过原核表达获得重组蛋白 rGcKSI 并制备多克隆抗体, 对其基本功能与作为亚单位疫苗靶点的潜力进行了初步研究。GcKSI 基因 cDNA 全长 585bp, 可编码 140 个氨基酸, 预估分子量为 15.768 kDa, 包括一个 BPTI/Kunitz 家族丝氨酸蛋白酶抑制剂结构域, 以及一组胰蛋白酶相互作用位点, 另外在 N 端包含一个 17 个氨基酸残基的分泌蛋白信号肽。免疫组化结果表明, GcKSI 主要分布于丽鱼三代虫的口咽及肠道等部位。重组表达的 rGcKSI 蛋白活性良好, 对凝血酶和 FXa 因子具有显著抑制作用, 其中, 5 $\mu$ M rGcKSI 可以抑制 FXa 因子 70%以上的活性。随后的体外实验与在体感染实验均表明, rGcKSI 可以显著抑制罗非鱼血清或粘液中补体的活性, 从而明显减弱补体对于丽鱼三代虫的杀伤作用, 提升三代虫感染效率 50%以上。Western blot 结果表明 GcKSI 在丽鱼三代虫的总蛋白和排泄/分泌蛋白中均大量存在; qPCR 结果表明, 在体感染状态下的三代虫的 GcKSI 表达量, 要比水中游离状态下的三代虫中高出 5 倍以上, 说明在三代虫感染宿主鱼过程中 GcKSI 的分泌会显著增加。将 rGcKSI 通过腹腔注射的方式对罗非鱼进行两次免疫, 在第二次免疫后的第 7 天和第 14 天, 罗非鱼血清和体表粘液中的 IgM 含量均显著高于对照组; 在之后进行的三代虫感染实验中, rGcKSI 组的三代虫平均感染丰度极显著低于对照组 5 倍以上, 在高强度感染初期的死亡率相比对照组减少了 50%以上。综上所述, 丽鱼三代虫可能通过排泄/分泌 GcKSI 来抑制宿主鱼的补体活性, 从而帮助其实现免疫逃逸, 并且初步证实 GcKSI 具有作为三代虫疫苗靶点的潜力。

**关键词:** 三代虫; kunitz; 丝氨酸蛋白酶抑制剂; 免疫逃逸; 疫苗

## 凡纳滨对虾抗急性肝胰腺坏死病(AHPND)相关基因及其介导的免疫调控机制研究

闫佩宇<sup>a,b</sup>, 包振民<sup>a,b\*</sup>, 王孟强<sup>a,b\*</sup>

a 中国海洋大学海洋遗传与育种教育部重点实验室、山东省海洋种业重点实验室(筹)以及青岛海洋丝绸之路研究院(青岛蓝色种业研究院), 中国青岛 266003

b 中国海洋大学三亚海洋学院海南热带水产种质资源重点实验室(海南种业实验室), 中国三亚 572024

**摘要:** 在虾类养殖过程中, 急性肝胰腺坏死病 (AHPND) 是一种致命的弧菌病, 携带强毒质粒(pVA1)的副溶血性弧菌 (VpAHPND) 是导致急性肝胰坏死病 (AHPND) 的主要病原体之一。通常可导致虾类的死亡率达 100%, 其发病率高、范围广、危害大、带来的损失惨重。关于虾对弧菌病的抗性机制的研究仍然有限, 越来越多的研究表明, 培育对 AHPND 具有抗性的虾品种是最有效的方法。本研究首先通过对凡纳滨对虾 (*Litopenaeus vannamei*) 多个家系进行 VpAHPND 攻毒实验并连续多年混养选育, 最终确定了一对抗性家系与易感家系对虾。根据对抗性家系与易感家系对虾蛋白质组学的比较分析, 初步系统的阐明其对 VpAHPND 抗性不同的原因, 并筛选出三个与抗 AHPND 相关的蛋白造血因子 (Astakine)、围食膜类蛋白 (Peritrophin like 44)、半胱氨酸蛋白酶 (Legumain like 13)。此外, 通过对三个抗病相关基因进行 RNA 干扰, 重组蛋白的体内外功能验证实验, 从正反两个角度对其功能及介导的免疫调控机制进行解析。结果表明, 抗性家系对虾的这三种高表达差异蛋白在信号转导、细胞免疫和体液免疫的各个环节协同合作, 特别是共同对酚氧化酶原系统进行了有效刺激, 进而积极响应 VpAHPND 的刺激, 形成强大的防御模式抵御并清除病原, 提高了存活率。这些研究结果将有助于系统地分析虾对急性肝胰腺坏死病的抗性机制, 特别是已鉴定的差异表达蛋白可能成为潜在的抗性基因和调控元件, 为对虾的抗病育种提供分子标记。

**关键词:** 凡纳滨对虾(*Litopenaeus vannamei*); 急性肝胰坏死病(AHPND); 抗性家系; 易感家系;

资助项目: 中国国家重点研发计划(2022YFD2400201, 2021YFD1200805)、海南省科技人才创新项目(KJRC2023A02)。

## 秦岭细鳞鲑不同群体及性别间皮肤黏膜免疫特征研究

刘卓<sup>a,d</sup>, 王桢璐<sup>a,d</sup>, 郭星辰<sup>a</sup>, 刘鹏<sup>a</sup>, 王艺舟<sup>a</sup>, 李君轶<sup>b</sup>, 陈江凤<sup>a</sup>, 李宇<sup>c</sup>,  
姜海波<sup>a</sup>, 叶欢<sup>b</sup>, 邵俭<sup>a,d\*</sup>

a. 贵州大学动物科学学院渔业资源与环境保护实验室, 高原山地动物遗传育种与繁殖教育部重点实验室, 贵州 贵阳 550025;

b. 中国水产科学研究院长江水产研究所, 湖北 武汉 430223;

c. 陕西省水产研究与技术推广总站, 陕西 西安 710086;

d. 贵州大学特种水产研究所, 贵州 贵阳 550025

**摘要:** 秦岭细鳞鲑 (*Brachymystax tsinlingensis*) 是中国特有的陆封型冷水性鱼类, 其种群数量因栖息地退化与过度捕捞而急剧减少。在人工繁育过程中, 本研究团队观察到压力应激会损害其皮肤屏障功能, 致使水霉病和鳞片脱落病等疾病的易感性显著增加。鱼类皮肤黏液不仅是抵御外界病原体入侵的物理屏障, 还具备重要的免疫功能, 其免疫特性在不同繁育群体及性别间可能存在差异。为深入探究这一差异, 本研究采用 ELISA 法检测自然群体和子二代人工繁育群体皮肤黏液中关键炎症因子、免疫效应分子及抗氧化酶的表达水平, 包括溶菌酶、白细胞介素 6、白细胞介素 1 $\beta$ 、过氧化氢酶、超氧化物歧化酶和免疫球蛋白 M 等。结果表明: 自然群体皮肤黏液中溶菌酶与白细胞介素 6 水平显著高于子二代人工繁育群体; 而子二代群体则呈现更高的白细胞介素 1 $\beta$ 、过氧化氢酶及超氧化物歧化酶活性。同时, 群体间免疫球蛋白 M 水平亦存在显著差异。此外, 雌性个体的上述免疫指标水平普遍高于雄性。本研究首次揭示了秦岭细鳞鲑不同繁育群体及性别间皮肤黏液免疫特性的特异性差异, 为优化其人工繁育技术、制定针对性保护策略及促进遗传资源的可持续管理提供了科学依据。

**关键词:** 秦岭细鳞鲑; 子二代群体; 自然群体; 皮肤黏液; 黏膜免疫

基金项目: 国家自然科学基金项目(32002392); 贵州省教育厅青年科技人才成长项目(黔教技[2024]37); 农业农村部淡水生物多样性保护重点实验室开放课题项目(LFBC1109)。

作者简介: 刘卓, 女, 硕士研究生, 研究方向为渔业资源与环境。电话: 18083419122; E-mail: Liuzhuo9122@163.com

通信作者: 邵俭, 男, 博士, 副教授, 研究方向为渔业资源与环境保护。电话: 18892343085; E-mail: shaojian5098@163.com

## 单宁酸抗石斑鱼虹彩病毒活性及其机制研究

李晨奥<sup>1,2</sup>, 覃向谋<sup>1</sup>, 朱晓闻<sup>2\*</sup>, 李鹏飞<sup>1,2\*</sup>

1. 广西海洋科学院, 广西海洋实验室, 广西科学院, 广西水产生物技术与现代生态养殖重点实验室, 广西渔业重大疫病防控与高效健康养殖产业技术工程研究中心, 广西南宁, 530007; 2. 广东海洋大学水产学院, 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:** 石斑鱼虹彩病毒 (SGIV) 是严重威胁石斑鱼养殖业的重要病原, 目前仍缺乏有效的防治手段, 本研究探究了单宁酸对 SGIV 的抗病毒活性及其作用机制。在石斑鱼脾细胞(GS)中, 采用 CCK-8 法检测单宁酸的细胞毒性; 通过 qRT-PCR、Western blot 及结晶紫染色评估其抗 SGIV 效果。通过分别在病毒吸附、侵入和复制阶段给药, 结合 qRT-PCR 和流式细胞术分析单宁酸对 SGIV 感染不同阶段的影响。利用网络药理学分析单宁酸与 SGIV 感染的共同药物靶点, 通过 qRT-PCR 检测单宁酸对氧化应激通路、促炎因子及靶点基因表达的影响。在活体水平, 通过检测组织病毒载量验证单宁酸对石斑鱼的抗病毒效果。单宁酸在细胞水平呈浓度依赖性地抑制 SGIV 复制, 病毒感染前及感染后给药均表现出抑制效果。机制研究表明, 单宁酸能够直接阻断 SGIV 的吸附、侵入和复制过程。网络药理学分析提示, 单宁酸可能作用于氧化应激通路; 进一步验证发现, 单宁酸能促进抗氧化因子 Nrf2 和 GSH 的表达。网络药理学同时预测过氧化物还原酶 6(PRDX6)为单宁酸和 SGIV 感染的共靶点; 实验证实, 单宁酸处理能显著上调 PRDX6 的表达, 而过表达 PRDX6 则能抑制 SGIV 增殖。在体内外水平, 单宁酸处理均能有效回补 SGIV 感染对 PRDX6 表达的抑制作用。此外, 单宁酸在石斑鱼体内可显著降低石斑鱼肝脏和脾脏中的病毒载量。单宁酸可通过干扰 SGIV 的吸附、侵入及复制等关键感染步骤, 同时通过上调抗氧化酶 PRDX6 的表达, 从而抑制 SGIV 的增殖。本研究为基于天然产物开发水产病害防控策略提供了重要实验依据。

**关键词:** 单宁酸; 石斑鱼虹彩病毒; 抗病毒活性; 抗氧化途径; PRDX6

资助项目: 国家自然科学基金(U24A20464; 32373175); 广西科技项目(GUIKEFA (2024) 102-2)

通讯作者: 李鹏飞, 男, 博士, 研究员, 主要从事水产种苗高效繁育与生态健康养殖技术研究, Tel: 15676188062, E-mail: pfli2014@126.com

# Single-Cell Full-Length Transcriptome Sequencing-Based Analysis of T Cell Differentiation and Alternative Splicing Heterogeneity in Orange-spotted Grouper (*Epinephelus coioides*)

Zhiwen Wang<sup>1,\*</sup>

1. 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:** The orange-spotted grouper (*Epinephelus coioides*) is a high-economic-value mariculture species in China, whose healthy aquaculture development is severely constrained by pathogen-induced diseases. This study aims to elucidate the T cell immune response mechanisms at the molecular and cellular levels, screen candidate molecules for vaccine evaluation indicators and immunostimulants, providing theoretical support for disease prevention and control in this species and facilitating the high-quality development of its healthy aquaculture industry. This study employed traditional morphological observation, flow cytometry, and qRT-PCR to screen suitable immunogens. Single-cell full-length transcriptome sequencing technology was utilized to analyze T cell population differentiation and alternative splicing heterogeneity in three immune tissues: peripheral blood leukocytes (PBLs), head kidney, and spleen. Candidate molecules were screened through GO and KEGG enrichment analyses and subsequently validated for application. [Results] Hemocyanin (KLH) was selected as the immunogen. T cells from various tissues exhibited significant heterogeneity and could be classified into 5 major populations. Following KLH stimulation, immune cells showed time-dependent dynamic changes, with the spleen having the highest T cell abundance and population diversity. Alternative splicing levels in PBLs and head kidney leukocytes (HKLs) decreased post-stimulation, while they increased in the spleen. Candidate libraries for immunostimulants and T cell immune evaluation indicators were successfully constructed, and the feasibility of applying related molecules was validated. This study clarified the characteristics of T cell immune responses and the regulatory patterns of alternative splicing in orange-spotted grouper. The constructed candidate libraries provide a theoretical basis and technical support for its immune prevention and control, the development of novel vaccines, and aquatic animal health products.

**Keywords:** *Epinephelus coioides*; T cells; Immune response; Immune evaluation indicators; Immunostimulants

Project supported by Shenzhen Science and Technology Program(JCYJ20210324130014035)

汪志文, 男, 博士研究生, 讲师, 鱼类免疫学, 18207157252, wangzhiwen@gdou.edu.cn

## Cis-regulatory variation at pla2g1b drives metabolic divergence underlying hypoxia tolerance in golden pompano

Huijun Shen<sup>1</sup>, Jian Luo<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup> Hainan Seed Industry Laboratory, Sanya 572000, Hainan; <sup>2</sup> School of Marine Biology and Fisheries, Hainan University, Haikou 570228, Hainan

**Abstract:** To identify key regulatory nodes underlying lipid metabolic remodeling during hypoxia and to elucidate the role and mechanism of pla2g1b in hypoxia adaptation of golden pompano. Hypoxia-tolerant and hypoxia-sensitive populations were comparatively analyzed by integrating population genomics, transcriptomics, chromatin accessibility profiling, lipid metabolic assays, and RNAi-based functional perturbation. We systematically examined pla2g1b regulation, arachidonic acid (ARA) metabolic routing, lipid peroxidation, and mitochondrial damage under hypoxic stress. In the hypoxia-sensitive population, pla2g1b showed stronger hypoxia-induced expression, accompanied by preferential routing of ARA toward the lipoxygenase pathway, leading to increased accumulation of oxidized lipid metabolites (e.g., 15S-HETE) and elevated MDA levels. These changes were associated with decreased mitochondrial membrane potential and aggravated ultrastructural damage. Population genomic and epigenetic analyses further revealed that cis-regulatory variation in the pla2g1b promoter is closely associated with its differential hypoxia responsiveness. RNAi-mediated suppression of pla2g1b significantly reduced hypoxia-induced 15S-HETE accumulation, lipid peroxidation, and mitochondrial damage, and improved hypoxia survival. pla2g1b functions as a key regulatory node in hypoxia-induced metabolic reprogramming in golden pompano. Its primary role is to determine whether ARA is routed toward pro-oxidative oxylipid pathways, thereby modulating the amplification of mitochondrial stress and oxidative damage under hypoxia. These findings provide new insights into the mechanisms of hypoxia tolerance in fish and identify potential targets for breeding improvement.

**Keywords:** Golden pompano; Hypoxia tolerance; Lipid metabolism; Cis-regulatory variation; pla2g1b

资助项目：国家重点研发计划项目(2022YFD2400504)、海南省博士后科研启动基金(319782)及海南省自然科学基金青年基金(324QN212)。

通讯作者简介：骆剑, 男, 博士, 教授, 主要从事海水鱼生殖与遗传育种研究。E-mail: luojian@hainanu.edu.cn

## 凡纳滨对虾响应玻璃苗弧菌病的多组学分析

王艺霖, 王孟强\*

中国海洋大学三亚海洋研究院, 海南三亚崖州, 572024

**摘要:** 对虾玻璃苗弧菌病作为一种新型对虾疫病, 对我国凡纳滨对虾养殖产业构成巨大威胁。本研究通过全转录组测序和翻译组测序技术, 对健康对虾和染病对虾肝胰腺组织的基因表达谱进行了系统分析。通过生物信息学筛选, 在转录水平, 鉴定到 5371 个差异表达 mRNA、92 个 lncRNA、131 个 circRNA 和 43 个 miRNA。翻译组分析得到 668 个差异翻译基因及 465 个差异翻译效率基因。整合分析显示, 内吞作用、溶酶体、亚油酸代谢、甘氨酸, 丝氨酸和苏氨酸代谢等通路在感染后显著富集, 同时抗氧化系统及内质网蛋白加工相关基因呈现转录和翻译水平协同上调, 并且非编码 RNA 可能通过靶向通路相关基因参与精细调控。此外, 通过翻译组测序, 还检测出 46 个差异 sORF, 为揭示非编码区调控机制提供了新线索。研究表明, 对虾通过转录、翻译及非编码 RNA 多层次响应, 激活先天免疫、代谢重编程并增强抗氧化和损伤修复能力以抵御引起玻璃苗弧菌病的高致病性副溶血弧菌感染, 本研究为对虾抗玻璃苗弧菌病分子标记筛选及免疫防控策略开发提供了新见解。

**关键词:** 凡纳滨对虾; 玻璃苗弧菌病(TPV); 副溶血弧菌; 组学分析

通讯作者介绍: 王孟强, 男, 博士学位, 教授, 主要研究方向为海洋生物先天免疫学, 邮箱: wangmengqiang@ouc.edu.cn

## 具备膜与 DNA 双靶向功能的 C 端多肽介导硬骨鱼类 I 型干扰素的非典型杀菌活性

章涵<sup>1</sup>, 吴莹<sup>1</sup>, 郑小媛<sup>1</sup>, 王子滢<sup>1</sup>, 张晨<sup>1</sup>, 曹贞洁<sup>1</sup>, 敖敬群<sup>2</sup>, 周永灿<sup>1</sup>, 孙云<sup>1\*</sup>

1.海南大学海洋生物与水产学院, 海口, 570228

2.福建农林大学生命科学学院, 福州, 350002

**摘要:** [目的] 探讨驼背鲈新型 I 型干扰素(CaIFNi)在抗细菌感染中的作用及其核心结构域。[方法] 构建哈维氏弧菌感染模型, 评估 CaIFNi 过表达和敲降的体内抗感染功能; 制备重组蛋白及截短突变体, 分析其体内外抑菌作用; 合成其 C 端多肽(CaIFNi-18), 探究其体外抗菌活性, 并通过抗菌机制实验揭示其膜/DNA 靶向机制及其体内治疗效果。[结果] 体内过表达 CaIFNi 显著促进组织内细菌清除, 而敲降则加剧细菌定植。体外重组 CaIFNi 能直接结合并杀灭革兰氏阴性和阳性菌。其衍生肽 CaIFNi-18 作为新型广谱的抗菌肽, 通过引起细胞膜去极化、破坏膜完整性及结合 DNA 发挥杀菌作用, 并在体内展现出显著治疗效果。缺失该多肽区段的截短突变体完全丧失了全长蛋白的抗菌活性。[结论] 硬骨鱼 I 型干扰素具有非典型的直接杀菌功能, 其衍生肽 CaIFNi-18 不仅是极具潜力的抗菌候选物, 更是该蛋白发挥杀菌作用的不可或缺的核心功能区, 为水产养殖抗感染提供了新策略。

**关键词:** I 型干扰素; 驼背鲈; 抗菌肽; 杀菌机制; 核心功能区

\*通讯作者: 孙云, 女, 博士, 教授, 博士生导师, 主要从事海洋鱼类免疫机制、海洋病原菌致病机理、疫苗研发及生物免疫制剂等。

Tel: 13178909308, E-mail: syshui207@126.com.

## 秦皮和秦皮苷抗白斑综合征病毒活性及作用机制研究

罗松林, 黄爱国\*

广西大学海洋学院, 广西壮族自治区南宁市西乡塘区, 530004

**摘要:** 本研究旨在筛选具有抗白斑综合征病毒(WSSV)活性的天然产物, 并结合多组学技术解析其作用机制。通过体内外实验筛选中草药活性成分, 鉴定获得秦皮苷(Fraxin), 并系统评价其抗病毒效果。结果表明, Fraxin能够显著抑制WSSV复制、降低病毒载量并提高宿主存活率。微生物组学分析显示, Fraxin处理可显著调节肠道微生物群结构, 提高有益菌丰度并降低潜在致病菌比例, 促进微生态平衡; 代谢组学结果表明, 其可调控氨基酸代谢和脂质代谢相关途径, 从而改善宿主代谢状态并增强抗病毒能力。多组学联合分析进一步揭示, Fraxin通过调控肠道微生态与相关代谢物表达协同发挥抗病毒作用。综上, Fraxin具有良好的抗WSSV活性及作用机制, 为水产动物病毒病的绿色防控提供了重要理论依据。

**关键词:** WSSV; Fraxin; 天然产物; 抗病毒活性; 免疫调控

资助项目: 国家自然科学基金(42106133)

通讯作者: 黄爱国, 男, 理学博士, 副教授, 主要从事水生动物病害防控相关科研工作。

电话: 18700944250, E-mail: aiguo\_200891@126.com

## 许氏平鲉 TFPI-1 基因鉴定及其抗微生物功能研究

祝志姝, 陈紫玥, 井浩, 孙诺, 杨凯, 张敏

青岛农业大学海洋科学与工程学院, 青岛 266109

**摘要:** 组织因子途径抑制物 (TFPI) 是一种丝氨酸蛋白酶抑制剂, 有 TFPI-1 和 TFPI-2 两种形式, 其 C-末端在体内会自发断裂产生具有广谱抗菌活性的多肽。本研究旨在鉴定许氏平鲉 TFPI-1 (SsTFPI-1) 的序列和表达特征, 并分析其 C 末端衍生肽 TS20 的抗微生物功能。结果表明, SsTFPI-1 ORF 全长 867 bp, 编码 288 个氨基酸, 含一个信号肽、三个 Kunitz 结构域及一个低复杂度区域。其二级结构由  $\alpha$ -螺旋 (20.83%)、 $\beta$ -转角 (8.33%)、延伸链 (27.08%) 和无规则卷曲 (43.75%) 组成; SsTFPI-1 在受检组织中广泛表达, 其中在血液和鳃中表达量较高, 且经鳗利斯顿氏菌、杀鱼爱德华氏菌及 poly(I:C) 刺激后, SsTFPI-1 在脾脏或头肾中的表达量显著上调。亚细胞定位显示, SsTFPI-1 主要分布于 EPC 细胞质中, 且其 C 末端可在细胞内自发断裂; 进而对其抗微生物功能进行了分析, 结果表明 TS20 对藤黄微球菌具有明显的抗菌活性和良好的热稳定性; 其作用机制涉及破坏细菌细胞膜并进入胞内与核酸结合; 此外, TS20 可显著抑制 SVCV 对 EPC 细胞的侵染, 并降低 RBIV-C1 在大菱鲆体内的病毒载量。本研究揭示了 SsTFPI-1 在许氏平鲉免疫应答中的作用, 并证实了 TS20 具有作为抗微生物候选药物的应用潜力。

**关键词:** TFPI-1; 许氏平鲉; TS20; 抗菌机制; 抗病毒

## 豹纹鳃棘鲈不同颜色粪便菌群分析

林新磊<sup>1,2</sup>, 张伟浩<sup>1,2</sup>, 时慧中<sup>1,2</sup>, 蔡岩<sup>1,2</sup>, 王世锋<sup>1,2\*</sup>

1.海南大学 海洋生物与水产学院, 海南 海口 570228;

2.海南大学 海南省热带水生生物技术重点实验室, 海南 海口 570228;

**摘要:** 粪便是由未被消化吸收的食物残渣、肠道细菌、粘液及脱落的上皮细胞构成, 能够反映宿主肠道生理代谢状态。细菌占粪便干重的 30%-50%, 粪便菌群可作为反映宿主肠道菌群结构与功能的重要替代研究对象。在豹纹鳃棘鲈养殖生产中, 粪便呈白色、黄色或橙色常被视为肠炎发生的直观指征, 但目前关于不同颜色粪便的菌群组成差异及其与正常粪便菌群的比较研究仍较为缺乏。本研究对不同颜色粪便样品进行采集, 利用 16S rRNA 高通量测序技术, 分析粪便颜色与菌群结构的相关性。结果表明,  $\alpha$  多样性分析显示, 黑色粪便菌群 Chao、Shannon 等指数均高于白色、黄色及橙色粪便, 代表其物种多样性和丰富度高、群落结构稳定;  $\beta$  多样性分析显示, 黑色粪便菌群与其他三组有显著分离, 而白色、黄色、橙色三组粪便菌群结构相似度较高。物种组成分析显示, 不同颜色粪便共有的核心 ASV 为 53 个, 黑色粪便特有 ASV(2112 个)显著高于其他颜色粪便; 物种组成结构分析显示, 假单胞菌门为所有颜色粪便中的优势菌门, 厚壁菌门丰度在黑色粪便中显著提升; 在属水平上, 弧菌属和肠弧菌属的丰度在白色、黄色、橙色粪便中显著上升, 乳球菌属、芽孢杆菌属、梭菌属等菌属丰度在黑色粪便中显著升高, 而弧菌属和肠弧菌属丰度显著降低; LEfSe 结果进一步证实, 芽孢杆菌属、乳球菌属等有益菌在黑色粪便中显著富集, 弧菌属等潜在致病菌在白色、黄色、橙色粪便富集。综上, 本研究揭示了粪便颜色与肠道菌群结构密切相关, 黑色粪便菌群表现为有益菌富集、潜在致病菌抑制的健康状态, 为今后通过观察粪便颜色、指导石斑鱼肠道菌群调控及肠炎防控提供理论依据。

**关键词:** 豹纹鳃棘鲈; 粪便; 菌群组成

资助项目: 海南省自然科学基金(324CXTD423), 海南省科技人才创新项目 B 类 (KJRC2023B22)

通讯作者: 王世锋, 男, 博士, 海南大学海洋生物与水产学院教授, 研究方向: 水产微生物生态与健康养殖, E-mail: shifeng\_15@163.com

## **The NQO1 of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) is involved in the oxidative stress induced by copper exposure**

Jinyuan Feng<sup>1</sup>, Yu Chen<sup>1</sup>, Yanghui Chen<sup>1</sup>, Junliang Luo<sup>1</sup>, Yu Yu<sup>1</sup>, Bei Wang<sup>1</sup>, Amoah Kwaku<sup>1</sup>, Yu Huang<sup>1,\*</sup>, Jichang Jian<sup>1,\*</sup>

<sup>1</sup> Fisheries College of Guangdong Ocean University, Guangdong Provincial Key Laboratory of Aquatic Animal Disease Control and Healthy Culture & Key Laboratory of Control for Disease of Aquatic Animals of Guangdong Higher Education Institutes, Zhanjiang, China

**Abstract** : NAD(P)H dehydrogenase [quinone] 1 (NQO1) is an antioxidant enzyme that plays a key role in protecting cells from oxidative stress. However, studies on NQO1 under oxidative stress in Nile tilapia are relatively limited. In this study, NQO1 was overexpressed successfully, and its role under oxidative stress was analyzed. Overexpression of OnNQO1 can significantly reduce morphological damage and MDA accumulation in cells caused by CuSO<sub>4</sub> 5H<sub>2</sub>O exposure, and at the same time increase CAT activity. After pCDNA3.1-OnNQO1 was transfected into cells and stimulated by CuSO<sub>4</sub> 5H<sub>2</sub>O, the antioxidant gene (SOD) was significantly up-regulated, and the expressions of TRX and HSP70 were down-regulated. The expressions of inflammation-related factors (TGFβ, IL-1β), autophagy-related genes (P62), and immunity-related factors (P65) first decreased and then increased. In addition, the overexpression of OnNQO1 significantly reduced the apoptosis of TSE-04 cells, induced by CuSO<sub>4</sub> 5H<sub>2</sub>O, and the normal cells increased slightly. This discovery indicates that OnNQO1 may have the function of regulating antioxidation, inflammation and apoptosis in Nile tilapia under CuSO<sub>4</sub> 5H<sub>2</sub>O stress.

**Keywords**: Nile tilapia; NQO1; Oxidative stress; Copper exposure

Corresponding author : 黄瑜, 男, 农学博士, 副教授, 水生动物免疫与病害防, huangyu@gdou.edu.com

Funding: This work was supported by National Natural Science Foundation of China (No. 32573551) and Innovation Program in Postgraduate Education of Guangdong Ocean University (No. 202434).

## 石斑鱼两种重要无膜细胞器的比较分析

吴茜, 刘迹, 骆剑

海南大学三亚南繁研究院, 海南省三亚市崖州区, 邮编 572024

**摘要:** 前期研究关注斜带石斑鱼 tdrd-ddx-piwi 蛋白复合体在性别分化过程中的分子机制, 在此期间我们发现该蛋白复合体成员的表达定位均具有特异性定位在核周生殖颗粒和巴氏小体的特征。为探究这两种无膜细胞器在雌雄同体石斑鱼中的作用, 我们利用激光显微切割仪器分离这两种亚细胞结构, 随后进行 smart-seq 和 protein-seq 分析这两种结构在 RNA 和蛋白层面的异同。数据分析结果显示, 不同发育阶段的卵母细胞的两种亚细胞器在蛋白层面存在显著差异, 且筛选出多个关键基因, 并对其在两种结果中的亚细胞定位特征进行详细分析, 并勾勒两种亚细胞结构的动态变化特征。这些结果为我们分析评判石斑鱼性逆转过程中卵母细胞质量变化提供重要工具。

**关键词:** 石斑鱼; 无膜细胞器; 核周生殖颗粒; 巴氏小体

## **Comparative Analysis of Two Important Membraneless Organelles in Epinephelus**

Xi Wu, Ji Liu, Jian Luo

Hainan University Sanya Nanfan Research Institute, Yazhou District, Sanya City, Hainan Province,  
Postal Code 572024

**Abstract:** Previous studies focused on the molecular mechanisms of the TDRD-DDX-Piwi protein complex in the sex differentiation process of orange-spotted grouper. During this research, we discovered that the expression localization of members of this protein complex exhibits specific characteristics, being predominantly localized in perinuclear germ granules and Barr body. To investigate the roles of these two membraneless organelles in hermaphroditic tilapia, we utilized laser microdissection instruments to isolate these subcellular structures and subsequently conducted smart-seq and protein-seq analyses to compare their RNA and protein profiles. Data analysis revealed significant protein-level differences between the two subcellular organelles in oocytes at different developmental stages. Multiple key genes were identified, and their subcellular localization characteristics were thoroughly analyzed across both outcomes. Additionally, dynamic changes in these subcellular structures were characterized. These findings provide critical tools for evaluating oocyte quality alterations during sexual reversal in grouper.

**Keywords:** Grouper; Membrane-free organelles; Perinuclear germ granules; Barr body

## 山药多糖对鲤细胞铁死亡的调控作用

高峰, 孔祥会\*

河南师范大学水产学院 河南省水产动物疫病控制工程研究中心, 河南 新乡 453007

**摘要:** 嗜水气单胞菌(*Aeromonas hydrophila*)可引起鲤细菌性败血症, 致病过程中伴随有细胞铁死亡, 但嗜水气单胞菌如何引起细胞铁死亡, 其调控作用机制是什么? 目前在鱼类中并不清楚。本研究采用生物化学、细胞生物学、生物信息学等方法检测了鲤脾脏组织和 EPC 细胞中铁死亡相关因子(MDA、SOD、总铁、GSH、Fe<sup>2+</sup>和脂 ROS)的变化, 研究了铁死亡标志基因(CcPTGS2a、CcPTGS2a-like、CcTF-a、CcTF-b、CcTFR1a 和 CcTFR1b)的表达量, 并分析了鲤组织中嗜水气单胞菌的含量和鱼体存活率。结果显示, 与对照组相比, 嗜水气单胞菌刺激后鲤脾脏组织 Fe<sup>3+</sup>聚集, MDA、SOD 和总铁含量上升, GSH 含量下降, 铁死亡标志基因的 mRNA 和蛋白表达量上升。在 EPC 细胞中, 嗜水气单胞菌处理浓度为 1:1000 (细菌数:细胞), 处理时间为 12 h; 与对照组相比, 嗜水气单胞菌和 Erastin (铁死亡诱导剂)诱导线粒体损伤并降低膜电位, 促进 ROS 和脂 ROS 产生, 引起 Fe<sup>2+</sup>含量升高, 促进铁死亡标志基因 mRNA 和蛋白的表达量升高。添加铁死亡抑制剂 Fer-1 后, 可抑制嗜水气单胞菌诱导的脾脏组织病理变化、炎症反应及铁死亡相关因子的表达。同时研究发现, TFR1b 可通过泛素-蛋白酶体途径降解, TFR1b 在 240 位点突变(K240R)后 TFR1b 泛素化水平降低。此外, 为了研究鲤细菌性败血症的防治, 我们采用山药多糖进行处理, 发现山药多糖可有效防控嗜水气单胞菌诱导的鲤细菌性败血症, 研究结果显示山药多糖和 TFR1b-K240R 共同处理可减少鲤脾脏组织中嗜水气单胞菌的含量, 提高鲤的存活率, 从而抑制嗜水气单胞菌诱导的铁死亡和炎症反应。

**关键词:** 鲤; 铁死亡; 炎症反应; 嗜水气单胞菌; 山药多糖

资助项目: 河南省自然科学基金重点项目(232300421113)

\*通讯作者, 孔祥会, 教授, 研究方向为水产动物免疫和疾病防控。E-mail: xhkong@htu.cn

## 驼背鲈 Bcl-2 相关细胞死亡促进因子(Bad)的鉴定及其促凋亡与抗菌作用

张津荧, 刘兵洋, 孟琳涛, 游龙翔, 刘志如, 吴莹, 张晨, 周永灿, 陈柔雯, 曹贞洁\*, 孙云\*\*

海洋生物与水产学院, 海南大学, 570228

**摘要:** Bcl-2 相关细胞死亡促进因子(Bad)是仅含 BH3 结构域的 Bcl-2 家族促凋亡成员, 在哺乳动物线粒体凋亡中发挥关键作用。然而, 其在硬骨鱼类中的功能作用尚未完全阐明。本研究从驼背鲈(*Cromileptes altivelis*)中鉴定并表征了 Bad 同源蛋白(命名为 CaBad)。CaBad 完整编码序列长 504 bp, 编码 167 个氨基酸的蛋白质, 仅含一个保守的 BH3 结构域。CaBad 在健康驼背鲈中广泛表达, 在肝脏、脾脏和头肾等免疫相关组织中检测到最高转录水平。经哈维氏弧菌(*Vibrio harveyi*)攻毒后, CaBad 在肝脏、脾脏和头肾中的表达显著上调。亚细胞定位分析显示, CaBad 分布于驼背鲈脑细胞(CAB cell)细胞质和细胞核, 并在凋亡过程中表现出增强的线粒体转位。流式细胞术检测表明, CaBad 在哈维氏弧菌鞭毛蛋白 B(rFla B)刺激下促进 CAB 细胞的凋亡。这种促凋亡效应通过线粒体途径介导, 表现为线粒体膜电位丧失、DNA 片段化增加、Caspase 9 和 Caspase 3 激活, 以及细胞色素 c 和 p53 等关键促凋亡蛋白的上调。此外, CaBad 被发现可抑制 NF- $\kappa$ B 信号通路, 表现为 IKK $\alpha$  磷酸化受抑, 以及体外和体内 NF- $\kappa$ B 亚基和促炎细胞因子转录下调。此外, 体内感染实验显示 CaBad 过表达显著降低免疫组织中的细菌载量, 而 CaBad 敲低则导致细菌定植增加。综上所述, 我们的结果表明 CaBad 通过线粒体途径发挥保守的促凋亡功能, 并有助于驼背鲈的抗菌免疫, 为理解 BH3-only 蛋白在硬骨鱼类宿主防御中的作用提供了新见解。

**关键词:** 驼背鲈; Bad; 线粒体; 细胞凋亡; 抗菌免疫

资助项目: 国家自然科学基金(32303047)

\*通讯作者: 曹贞洁, 女, 博士, 副教授, 博士生导师, 主要从事热带鱼类病害与免疫防控, Tel: 15120646194, E-mail: czj203@126.com. 孙云, 女, 博士, 教授, 博士生导师, 主要从事热带鱼类病害与免疫防控, Tel: 13178909308, E-mail: syshui207@126.com.

## 细长聚球藻 PCC7942 递送不同类型 CpG ODNs 对南美白对虾的免疫激活作用比较

陈光, 王孟强\*

中国海洋大学三亚海洋研究院, 地区: 海南三亚, 邮编: 572024

**摘要:** 为解决凡纳滨对虾养殖规模不断扩大中出现的病害频发和抗生素滥用问题, 本课题组使用了一种免疫激活剂 CpG ODNs 来增强对虾免疫力和对抗感染的能力。通过将多种 CpG ODNs 构建到载体中大量制备并添加到饲料中饲喂对虾, 我们发现多种 CpG ODNs 可以显著提升对虾的抗氧化酶活, 激活免疫相关信息通路, 调节对虾肠道微生物群落结构。并构建出了一种效果突出的串联分子 CpG S1。另一项研究发现, 利用细长聚球藻作为载体递送 CpG ODNs 可以促进对虾生长延长作用时间, 并通过对不同种类 CpG ODNs 的深入比较, 发现了其多样化的免疫激活作用。综上所述, CpG ODNs 作为免疫激活剂有着高效、便捷、多样化的应用优势。

**关键词:** CpG ODNs, 细长聚球藻, 凡纳滨对虾, 免疫激活剂, 肠道微生物组

通讯作者: 王孟强, 教授, 博士生导师。长期从事海水养殖动物抗病机制及抗病分子育种研究。

## **Coordinating metabolic reprogramming and exosome secretion: A dual role for SIRT1/HIF-1 $\alpha$ under Hypoxia in Golden Pompano**

Yue Chen, Shan Ying Han

College of Marine Biology and Aquaculture, Hainan University, Hainan, 570000, Haikou;

**Abstract:** Dissolved oxygen is a critical environmental factor for aquatic animals, with hypoxia inducing metabolic adaptations. Golden pompano (*Trachinotus blochii*), an economically important but hypoxia-sensitive marine fish, serves as an ideal model for studying hypoxia-responsive mechanisms. Here, we combined hypoxia stress experiments, SIRT1 activation and inhibition assays, and high-throughput sequencing to elucidate the mechanisms by which SIRT1, HIF-1 $\alpha$ , and exosomal miRNA regulate metabolism under hypoxic stress at molecular and physiological levels. Hypoxia significantly reduced the NAD<sup>+</sup>/NADH ratio and suppressed SIRT1, while activating HIF-1 $\alpha$  and its downstream glycolytic genes (HK, PK, PFK, and LDHA). Concurrently, hypoxia enhanced exosome secretion and altered exosomal miRNA profiles. Key miRNAs, including miR-34a, let-7b, let-7i, miR-222a-3p, and miR-92b-3p, were identified as regulators of pyruvate metabolism and phospholipase D signaling pathways. Modulation of SIRT1 activity directly influenced HIF-1 $\alpha$  protein stability, exosome release, and metabolic gene expression. These results demonstrate that hypoxia triggers metabolic remodeling in golden pompano through the SIRT1/HIF-1 $\alpha$  pathway and exosomal miRNA-mediated regulation. SIRT1 acts as a redox sensor fine-tuning HIF-1 $\alpha$  activity, while hypoxia-induced exosomes and their miRNA cargo facilitate intercellular communication and systemic metabolic adaptation. These findings advance our understanding of the survival mechanisms and metabolic regulation of fish under hypoxia.

**Keywords :** Hypoxic stress; SIRT1/HIF-1 $\alpha$ ; Metabolism; Exosomes; MiRNA

资助项目：由国家自然科学基金(32202902)和海南省自然科学基金(324RC459)资助。

通讯作者：孙俊龙，副教授；研究方向：鱼类抗逆生理与育种。邮箱：

1988sunjunlong@sina.com。电话：18140090127

## **Molecular cloning and functional characterization of NQO1 in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*): a quinone oxidoreductase mitigating ammonia-induced oxidative stress**

Junliang Luo <sup>a</sup>, Yanghui Chen <sup>a</sup>, Jinyuan Feng <sup>a</sup>, Yu Yu <sup>a</sup>, Bei Wang <sup>a</sup>, Yu Huang <sup>a\*</sup>,  
Jichang Jian <sup>a\*</sup>

<sup>a</sup> Fisheries College of Guangdong Ocean University, Guangdong Provincial Key Laboratory of Aquatic Animal Disease Control and Healthy Culture & Key Laboratory of Control for Disease of Aquatic Animals of Guangdong Higher Education Institutes, Zhanjiang, China

**Abstract:** NAD(P)H dehydrogenase [quinone] 1 (NQO1) is a mammalian quinone oxidoreductase, which can react with cell antioxidants and nucleophiles and reduce cell damage. Although NQO1 has been widely studied in mammals, its research in aquatic animals is relatively limited, especially in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). In this study, we successfully cloned NQO1 (OnNQO1) of *O. niloticus* and studied its role in oxidative stress induced by ammonia exposure. The results showed that the open reading frame (ORF) of OnNQO1 was 882bp, encoding 293 amino acids, and its protein had NAD(P)H dehydrogenase [quinone] domain. The results of multi-sequence alignment, phylogenetic tree and motifs showed that OnNQO1 was clustered with *Maylandia zebra* and *Pelmatolapia mariae*. NQO1 was highly conserved in teleost and even mammals, but it was quite different from NQO1 in arthropods (crustaceans). OnNQO1 could be detected in 10 tissues of tilapia, with higher expression in liver and gill and lower expression in spleen. Ammonia exposure could significantly induce the expression of OnNQO1 in liver, gill, muscle, intestine, skin and head kidney of tilapia. Overexpression of OnNQO1 could significantly attenuate MDA accumulation triggered by ammonia exposure. Moreover, the overexpression of OnNQO1 could mitigate ammonia-induced oxidative stress by reducing inflammation-related genes, upregulating antioxidant-, autophagy-, and immune-related genes, and decreasing apoptosis. Therefore, the present findings are instrumental in enhancing our understanding of the role of NQO1 in teleost.

**Keywords:** Nile tilapia; NQO1; Oxidative stress; Ammonia exposure

Corresponding author: 黄瑜, 男, 农学博士, 教授, 水生动物免疫与病害防, huangyu@gdou.edu.cn。 简纪常, 男, 农学博士, 教授, 水生动物免疫与病害防, jianjc@gdou.edu.cn

Funding: This work was supported by National Natural Science Foundation of China (No. 32073006) and Natural Science Foundation of Guangdong Province (No. 2022A1515010553).

## 解淀粉芽孢杆菌对石斑鱼虹彩病毒感染的干预及保护研究

高艳侠<sup>a</sup>, 李鹏飞<sup>a\*</sup>

<sup>a</sup> 广西海洋科学院(广西红树林研究中心), 广西, 530007

**摘要:** 【目的】本研究旨在从石斑鱼肠道筛选出具有抗 SGIV 活性的芽孢杆菌, 对其进行鉴定和生物学特性研究, 为开发抗病毒制剂提供优质菌株储备。【方法】利用光学显微镜观察、结晶紫、实时荧光定量 PCR 技术、流式细胞术和 WB 等方法评估该菌代谢物对 SGIV 的抗病毒效果及作用机制。【结果】获得一株具有抗 SGIV 活性的芽孢杆菌 E35, 经形态学观察、生理生化和分子生物学综合鉴定其为解淀粉芽孢杆菌(*Bacillus amyloliquefaciens*)。该菌具有产淀粉酶、纤维素酶和蛋白酶的能力, 且具有较强的耐酸、耐盐和耐胆盐能力, 在 pH 4.0、60‰盐度和 0.2% 胆盐中均可生长; 对氟苯尼考、恩诺沙星等 20 中常见的抗生素敏感, 且具有良好的生物安全性。菌株 E35 代谢粗提物质量浓度 $\leq 0.5\text{mg/mL}$  时对石斑鱼脾脏细胞 (Grouper spleen cells, GS)活力和形态结构无显著影响, 且能以浓度依赖方式抑制 SGIV 感染。E35 粗提物可直接作用于病毒粒子, 显著下调衣壳蛋白基因(mcp)和囊膜蛋白基因(vp19)的表达( $p < 0.01$ )、进而降低病毒滴度( $p < 0.05$ )。此外, E35 粗提物能干扰 SGIV 感染的多个阶段(吸附、侵入与复制), 其中对吸附阶段最为显著。同时, E35 活菌投喂也具有抗 SGIV 效果, 能降低卵形鲳鲹死亡率, 且显著降低鱼体肝脏、脾脏和头肾等组织中病毒载量。综上, E35 及其代谢物对 SGIV 具有良好的抗病毒效果, 具有成为安全、高效的抗 SGIV 新型绿色生物渔药的潜力。

**关键词:** 新加坡石斑鱼虹彩病毒; 解淀粉芽孢杆菌; 抗病毒活性; 作用机制; 生物渔药

资助项目: 广西青年科学基金项目(C类)(2025JJB130066)、广西青年科技人才工程(GXYESS2025170)、国家自然科学基金(32373175)

\*通讯作者, 李鹏飞, 男, 博士, 研究员, 博士生导师, 主要从事水产高效健康养殖, Tel: 15676188062, E-mail: pfli2014@126.com.

## 第四章 水产动物遗传育种

## 尼罗罗非鱼活性 Tc1/Mariner 转座子的鉴定及其潜在育种应用

潘瑾岷, 董梦凡, 张栩焯, 焦吉苹, 李留洋, 黄斌琳, 孙乐斌, 陈前辉, 夏军红\*

中山大学生命科学学院 广东省广州市 510000

**摘要:** 转座子是广泛存在于真核生物基因组中的可移动遗传元件, 在基因组进化、基因调控及表型变异形成中发挥重要作用。本研究以尼罗罗非鱼(*Oreochromis niloticus*)为研究对象, 系统挖掘其基因组中的活性转座子并评估其应用潜力。基于全基因组序列, 利用 EDTA 和 RepeatMasker 等构建转座子 de novo 数据库并进行精细注释, 分析不同转座子家族的组成及扩增历史。通过系统发育分析与结构筛选, 鉴定出可能具有近期活性的 Tc1/Mariner 转座子家族。结合群体基因组数据分析其插入多态性, 并利用全长转录组数据验证转座酶表达。构建基于该转座子的递送系统, 在真核细胞系中进行功能验证发现其活性。研究表明尼罗罗非鱼基因组中存在潜在活跃的 Tc1/Mariner 转座子资源, 可为开发遗传标记和分子育种工具提供基础。

**关键词:** 尼罗罗非鱼; 转座子; 插入多态性; 转座活性; 分子育种

资助项目及编号: 本研究得到以下项目资助: 国家自然科学基金(No: 32373114)和广东省 2024 年乡村振兴战略专项资金(编号: 2024-spy-00-004)

通讯作者介绍: 1. 夏军红, 男, 博士, 教授, 主要研究方向为鱼类遗传育种, 电话: 18102258752, E-mail: xiajh3@mail.sysu.edu.cn

## Identification of Active Tc1/Mariner Transposons in Nile Tilapia and Their Potential Applications in Breeding

Jinmin Pan<sup>1</sup>, Junhong Xia<sup>1</sup>

1.School of Life Sciences, Sun Yat-sen University, Guangzhou, Guangdong 510000, China

**Abstract:** Transposable elements (TEs) are mobile genetic elements widely distributed in eukaryotic genomes and play important roles in genome evolution, gene regulation, and phenotypic variation. In this study, Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) was used as a model to systematically identify active transposons in its genome and evaluate their potential applications. Based on the whole-genome sequence, a de novo TE library was constructed and annotated using EDTA and RepeatMasker, followed by analyses of the composition and expansion history of different TE families. Through phylogenetic analysis and structural feature screening, a Tc1/Mariner transposon family with potential recent activity was identified. Population genomic data were further used to analyze insertion polymorphisms, and full-length transcriptome data were employed to verify the expression of the transposase. A transposon-based delivery system was subsequently constructed, and functional assays in a eukaryotic cell system demonstrated transposition activity. These results indicate the presence of potentially active Tc1/Mariner transposons in the Nile tilapia genome, which may provide valuable resources for the development of genetic markers and molecular breeding tools.

**Keywords:** *Oreochromis niloticus*; transposable elements; insertion polymorphisms; transposition activity; molecular breeding

## 豹纹鳃棘鲈(*Plectropomus leopardus*)体色性状的基因组选择研究及应用

张智浩, 王梦娅, 王纯, 谢金洋, 晏江平, 包振民, 汪波\*, 胡景杰\*

中国海洋大学三亚海洋研究院, 地区: 海南三亚, 邮编: 572024

**摘要:** 豹纹鳃棘鲈(*Plectropomus leopardus*)体色是影响其商品价值的重要经济性状, 但人工养殖条件下体色差异明显, 其遗传基础及分子育种方法仍有待深入研究。本研究对 516 尾豹纹鳃棘鲈开展全基因组重测序, 并通过群体结构和连锁不平衡分析评估群体遗传特征。进一步以黑/浅二元性状、投喂虾青素前后红色性状为表型开展全基因组关联分析(GWAS), 鉴定到多个与体色相关的显著关联位点, 并筛选获得一批候选基因。基于上述基因组数据, 分别采用等距取点法、单倍型区块法和 GWAS 筛选法构建不同规模的 SNP 子集, 并结合多种基因组预测模型开展基因组选择分析。结果表明, 三种 SNP 选点策略在不同体色性状的预测准确率上存在差异, 表现出不同的预测优势。本研究为东星斑高色泽品质育种提供重要的理论支撑与实践指导。

**关键词:** 豹纹鳃棘鲈; 全基因组关联分析; 基因组选择

通讯作者: 汪波, 男, 副教授/硕士生导师, 主要从事鱼类遗传与育种, 电话 15954868286, 邮箱 wb@ouc.edu.cn

胡景杰, 男, 教授/博士生导师, 主要从事鱼类遗传与育种, 电话 13681443506, 邮箱 hujingjie@ouc.edu.cn

本研究受国家重点研发计划(2022YD2400505), 三亚崖州湾科技城“崖州湾”菁英人才科技专项科研项目(SCKJ-JYRC-2024-73), 海南省博士后研究项目(101000-112255508)资助

## 豹纹鳃棘鲈生殖调控机制及室内人工繁育研究

刘明鉴<sup>1</sup>, 金超凡<sup>1</sup>, 丁晖<sup>1</sup>, 郑达<sup>1</sup>, 李佳航<sup>1</sup>, 周业永<sup>1</sup>, 郭庆然<sup>1</sup>, 包振民<sup>1,2,3,4</sup>, 汪波<sup>1,2\*</sup>, 胡景杰<sup>1,2,3,4\*</sup>

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 572000;

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 572000

4.南方海洋科学与工程广东省实验室, 广东 广州 510000)

**摘要:** 本研究围绕豹纹鳃棘鲈(*Plectropomus leopardus*)生殖调控机制及室内人工繁育关键技术开展系统研究。通过组织学观察、原位杂交和组学分析等技术, 系统解析其性腺发育规律及性别分化特征, 并结合光照和营养等环境因子调控实验, 探索促进亲鱼性腺成熟与繁殖的调控方法。结果表明, 东星斑在 4 月龄前性腺尚未分化, 但存在两类生殖干细胞, 在发育过程中雌雄生殖细胞同时存在, 最终仅一种生殖细胞占优势并发育为成熟精巢或卵巢。转录组分析显示, Wnt、Notch、FoxO 等信号通路在卵巢中显著富集, 而细胞周期、细胞凋亡及减数分裂相关通路在精巢中显著富集, 并筛选出与性别决定及生殖细胞发育相关的关键基因。环境调控实验表明, 蓝光促进卵母细胞发育, 绿光促进雄性生殖细胞发育, 营养强化(鲢鱼、鱿鱼等饵料)可促进亲鱼性腺成熟。综合调控条件下成功实现东星斑室内自然产卵, 亲鱼成熟率约 70%, 受精率约 95%, 孵化率超过 90%, 为其规模化、可控化人工繁育提供了重要技术基础。

**关键词:** 豹纹鳃棘鲈; 性腺发育; 生殖调控; 光照调控; 营养促熟; 人工繁育

资助项目及编号:十四五”国家重点研发计划项目课题一(2022YFD2400501), 海南省重点研发项目(ZDYF2023XDNY182), 海南省重点研发项目-冯家湾专项(B23H10002)。

通讯作者介绍:1.汪波, 男, 博士, 副教授, 主要研究方向为鱼类遗传育种, 电话:15954868286, E-mail:wb@ouc.edu.cn

2.胡景杰, 男, 博士, 教授, 主要研究方向为热带海洋生物遗传学、种质资源评价与开发、良种培育等, 电话:13681443506, E-mail:hujingjie@ouc.edu.cn

## 转录因子 *mef2aa* 在豹纹鳃棘鲈生长过程中功能探究

汤海占<sup>1</sup>, 金超凡<sup>1</sup>, 张童瑶<sup>1</sup>, 郑达<sup>1</sup>, 陈建美<sup>1</sup>, 翟中意<sup>1</sup>, 廖华琪<sup>1</sup>, 包振民<sup>1, 2, 3, 4</sup>, 汪波<sup>1, 2\*</sup>, 胡景杰<sup>1, 2, 3, 4\*</sup>

- 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 572000;
- 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 572000
- 4.南方海洋科学与工程广东省实验室, 广东 广州 510000)

**摘要:** 为探究 *mef2aa* 对豹纹鳃棘鲈肌肉生长的调控作用及机制, 本研究系统解析该基因的进化特征、表达模式及调控网络, 结合体内外功能验证明确其生物学效应。结果表明, ATAC-seq 显示其结合位点在不同生长阶段差异开放染色质峰中极显著富集, *mef2aa* 为豹纹鳃棘鲈肌肉生长核心候选基因, 与鲤形目鱼类该基因高度保守, 在快速生长个体肌肉高表达且蛋白定位于肌细胞核; 细胞过表达可促进肌细胞增殖, 体内敲降效率 55%, 显著影响幼鱼生长指标, 并下调 *pax7*、*myod* 等肌发生相关基因的 mRNA 与蛋白水平; DAP-seq 联合转录组鉴定出 2418 个直接靶基因, 富集于细胞周期等通路, 并筛选出其关键基因 *myoz2*、*capn3*。本研究证实 *mef2aa* 是豹纹鳃棘鲈肌肉生长的核心正向调控转录因子, 为解析鱼类肌肉生长调控网络及该鱼种分子育种提供了理论依据与基因靶点。

**关键词:** 豹纹鳃棘鲈; 转录因子; *mef2aa*; 肌肉生长; ATAC-seq; DAP-seq

资助项目及编号:十四五”国家重点研发计划项目课题一(2022YFD2400501), 海南省重点研发项目(ZDYF2024XDNY248)

通讯作者介绍:1.汪波, 男, 博士, 副教授, 主要研究方向为鱼类遗传育种, 电话:15954868286, E-mail:wb@ouc.edu.cn

2.胡景杰, 男, 博士, 教授, 主要研究方向为热带海洋生物遗传学、种质资源评价与开发、良种培育等, 电话:13681443506, E-mail:hujingjie@ouc.edu.cn

## 紫海胆全基因组测序与不同地理种群的群体遗传学研究

张佳 郭禹 秦传新\*

三亚热带水产研究院，海南省陵水县，572400

**摘要：**目的：为保护紫海胆种质资源并推动其人工育种，本研究旨在通过全基因组测序及群体遗传学分析，揭示其遗传特征与群体分化情况。方法：采用 PacBio 与 Hi-C 技术完成紫海胆全基因组组装与注释；结合比较基因组学分析其进化地位；通过形态学测量与重测序技术，对中国东南沿海多个地理群体进行遗传结构与多样性分析。结果：成功构建紫海胆染色体级别基因组(891.02 Mb)，注释 28,966 个基因，系统发育显示其与红海胆亲缘关系最近。形态学分析显示不同群体在多个性状上存在显著差异，但未达亚种分化水平。群体遗传学分析表明四个地理群体遗传多样性较低( $P_i$  值 0.001–0.007)，未形成明显遗传分区，基因流分析揭示部分群体间存在基因交流。结论：紫海胆基因组高质量组装为其遗传研究奠定基础，群体遗传结构显示各群体遗传差异小、多样性低，研究结果为紫海胆种质资源保护与分子辅助育种提供了重要理论依据。

**关键词：**紫海胆；全基因组测序；群体遗传学

资助项目：国家重点研发计划“海洋农业与淡水渔业科技创新”专项项目“南海岛礁渔业资源生态化开发技术”(2024YFD2401800)；广东省基础与应用基础基金海上风电联合基金重点项目“海上风电+海洋牧场综合布局优化与渔业生物高质量产出机制研究”(2023B1515250004)；2024 年第一批现代化海洋牧场产业创新技术项目“粤东现代化海洋牧场多营养层级综合增养模式构建与示范”(2024-MRI-001-01)

通讯作者：秦传新，男，博士，研究员，研究方向为海洋牧场技术、珊瑚礁生态功能、渔业资源生态化开发，电话：18925127968，E-mail: qincx@scsfri.ac.cn

