



主办单位：
中国水产学会

中国水产学会淡水养殖分会
2026 年学术年会

承办单位：
中国水产学会淡水养殖分会
上海海洋大学
云南农业大学
云南省水产学会
中国水产学会《水产学报》编辑部
《淡水渔业》编辑部

论文摘要集

云南·昆明
2026年8月

目录

专题一 主养鱼类种质创新和绿色养殖	1
线粒体介导的细胞器互作网络在鱼类肝脂代谢中的作用机制	2
The gut microbiota mediate lipid metabolism to regulate the growth rate of mandarin fish (<i>Siniperca chuatsi</i>).....	3
Characterization of the cpt1b Gene in Response to a Tributyrin-Supplemented Diet: Cloning, Tissue-Specific Expression, and Intestinal Metabolic Function in Mandarin Fish (<i>Siniperca chuatsi</i>)	4
Transcriptomic analysis reveals organ-specific adaptations in the gut-liver axis during diet domestication of mandarin fish (<i>Siniperca chuatsi</i>)	5
Comprehensive effects of cyclic starvation and refeeding on juvenile grass carp: growth, meat quality, enzyme activity, enteritis, and challenge by <i>Aeromonas</i> <i>hydrophila</i>	6
Study on Propagation of GCRV Genotype II in Serum-Free Full Suspension Culture of Grass Carp Trunk Kidney Cell Line.....	7
高抗性草鱼新种质“湘康 1 号”创制及其养殖性能评估	8
基于 CRISPR/Cas9 技术敲除草鱼 <i>myostatin b</i> 基因可促进生长性能与肌肉肥 大	9
<i>Pik3r1</i> 基因编辑重塑草鱼生长与脂质代谢	10
一种位于草鱼 19 号染色体上与草鱼体重相关的 SNP 分子标记及其应用	11
转录组与 WGCNA 分析揭示青鱼耐碱胁迫相关调控通路及关键基因	12
“大和草鱼”优良肉质和风味的指标分析	13
鲮鱼基因组微卫星标记开发及其在不同地理群体中的遗传多样性分析	14
CRISPR/Cas9 介导的 <i>myostatin b</i> 基因敲除促进鲮鱼生长和肌肉肥大	15
山东境内不同地理群体刀鲚 (<i>Coilia nasus</i>) 形态性状对体质量的影响分析	16
刀鲚单倍型基因组组装及生长相关性状选育基础研究	17
lncRNA MSTRG.7864.9-ISG15 信号轴介导吉富罗非鱼抗无乳链球菌的机制 研究	18
Expression and functional analysis of 3 beta-hydroxysteroid dehydrogenase type 7 (<i>hsd3b7</i>) in the ovarian development and maturation of Qi River crucian carp (<i>Carassius auratus</i>)	19
Integrated transcriptomic and metabolomic analysis of ovarian development reveals the reproductive toxicity of decabromodiphenyl ethane (DBDPE) in	

crucian carp (<i>Carassius auratus</i>).....	20
杂交、基因渐渗和多倍化在鲤科鱼类演化和育种中的作用	21
元江鲤与大鳞裂峡鲃杂交 F ₁ 代胚胎发育	22
不同水流胁迫对鲤生长、抗氧化、免疫及肠道消化功能的影响	23
一株鲫鱼源致病性希瓦氏菌(<i>Shewanella</i> sp.)XWfb1 生长特性、全基因组测序及比较基因组分析	24
水流训练及停流后养殖对鲤生长、糖脂代谢和肠道代谢特征的影响	25
新型溴系阻燃剂十溴二苯乙烷 DBDPE 暴露对鲤的毒性效应研究	26
聚苯乙烯微塑料通过肠-肝-肌肉轴抑制淇河鲫生长的分子机制	27
补偿性生长与正常生长调控淇河鲫 (<i>Carassius gibelio</i> var. <i>Qihe</i>) 肌肉发育的不同分子机制: 转录组学、组织学与生理学的整合分析	28
不同禁食-复喂策略对淇河鲫 (<i>Carassius gibelio</i> var. <i>Qihe</i>) 幼鱼生理生化指标以及生长性能的影响	29
肉桂醛抗鲫鱼维氏气单胞菌的效果及机制解析	30
乌鳢性别决定关键基因的鉴定及其功能机制研究	31
不同流速对大口黑鲈和青海湖裸鲤幼鱼肌肉发生及生理适应的影响	32
大口黑鲈抗病耐热育种的基础研究与应用转化	33
整合转录组学和蛋白质组学分析揭示了大口黑鲈感染异形锁钩虫后的鳃损伤与免疫反应	34
全基因组关联分析挖掘大口黑鲈蛙虹彩病毒抗性分子标记	35
大口黑鲈蛙虹彩病毒抗性相关结构变异的挖掘与分型	36
大口黑鲈幼鱼不同剩余采食量组间消化酶活性差异研究	37
大口黑鲈幼鱼不同剩余采食量组间肠道组织形态差异研究	38
运输前饲料添加壳聚糖通过调节抗氧化与炎症反应提高大口黑鲈幼鱼生理稳健性	39
团头鲂耐低氧关键基因发掘及分子标记开发	40
厚颌鲂 (♀) 与团头鲂 (♂) 杂交 F ₁ 代生物学特性的初步研究	41
团头鲂和翘嘴鲈人工远缘杂交体系耐低氧和生长优势遗传基础探究	42
过氧化物酶体增殖物激活受体 γ (PPAR γ)、固醇调节元件结合转录因子 2 (SREBF2) 与核受体亚家族 1H 成员 3 (NR1H3) 对饲料鳕硬脂酰辅酶 A 去饱和酶 1 (SCD1) 的转录调控机制	43
基于长春鳊性别鉴定体系构建的全雌育种技术开发	44
专题二 特种鱼类种质创新和绿色养殖	45

鱼类的“红色基因”及其调控机制解析	46
大黄鱼腹部内膜形成机制研究	47
Effects of gardenia pomace on growth, hepatic antioxidant capacity, and intestinal barrier function in large yellow croaker (<i>Larimichthys crocea</i>)	48
Exaptation of pectoral fins for olfaction in the spiny red gurnard (<i>Chelidonichthys spinosus</i>) through an ancient receptor	49
Chromosome-level genome assembly of <i>Decorus tungting</i> , an endemic cyprinid from China	50
黄鳝品质形成规律与多维度调控技术研究	51
玉米蛋白粉通过 GSTP1 介导的玉米黄素沉积改善黄颡鱼体色	52
BMP15 在日本鳗鲡 (<i>Anguilla japonica</i>) 卵巢发育不同时期的功能和机制解 析	53
丝尾鳢三个养殖群体种质资源特征分析	54
马口鱼 <i>mstn</i> 、 <i>runx2b</i> 和 <i>cyp17a1</i> 基因的表达特征及敲除体系构建	55
冷休克诱导泥鳅雄核发育的分子机制初步研究	56
叶尔羌高原鳅形态性状对性腺重的影响分析	57
黑斑高原鳅寄生胃瘤线虫的流行病学研究：时间动态与风险因素	58
不同光谱对锦鲤生长性能、体色及其分子调控的探究	59
CRISPR/Cas9 介导的 <i>mstnb</i> 基因敲除促进光唇鱼肌肉肥大并影响其肌肉营 养组成	60
长江鲟皮肤黑色素缺乏与免疫稳态的关联	61
热休克诱导全雌三倍体鲢的条件优化及倍性鉴定	62
氨氮胁迫通过多巴胺-神经肽 Y 通路对西伯利亚鲟幼鱼摄食的影响	63
氨氮胁迫损伤西伯利亚鲟嗅上皮造成嗅觉毒性的作用机制	64
短期日粮添加牛至精油缓解热应激引起的西伯利亚鲟食欲下降的作用机制	65
大西洋鲑特异性 RAA-LFD 快速检测体系的构建及应用	66
比较蛋白质组学揭示补体因子 H (CFH) 在虹鳟 (<i>Oncorhynchus mykiss</i>) 皮肤黏膜免疫屏障发育中的潜在作用	67
专题三 名特优物种种质创新和绿色养殖	68
大鲵 <i>NPY</i> 基因克隆、组织表达及促细胞增殖功能研究	69
武功山中国大鲵脑组织全长转录组测序及组学分析	70
大鲵生长抑素 (SST) 基因的分子特征与表达模式研究	71

P 物质通过 NK1R 受体介导的免疫调节及其在创面愈合中的功能研究.....	72
比较基因组研究揭示鳖科动物的单一起源	73
鳖科动物通用遗传性别鉴定技术的建立及应用	74
山瑞鳖不同地理群体杂交特征分析	75
Multi-omics and functional characterization of Toll-like receptor 4 in bullfrog (<i>Aquarana catesbeiana</i>) reveals its role in immune regulation and host defense	76
Comparative analysis of transcriptomics and metabolomics provides insights into the disease resistance mechanisms against <i>Aeromonas veronii</i> invasion in <i>Eriocheir sinensis</i>	77
The inducible nitric oxide synthase (iNOS) of <i>Eriocheir sinensis</i> exerts antibacterial effects through apoptosis	78
基于 CART 决策树的中华绒螯蟹耐碱性能快速分类筛选	79
中华绒螯蟹“江都 20”与“长江 2 号”扣蟹及成蟹生长、营养及免疫研究	80
Ovarian metabolomic profiling of hepatopancreatic necrosis syndrome-affected and healthy Chinese mitten crab (<i>Eriocheir sinensis</i>)	81
Hemocyanin regulates phosphatidylcholine metabolism to enhance ROS- mediated immunity in <i>Penaeus vannamei</i>	82
虾青素缓解微囊藻毒素诱导的红螯螯虾肝胰腺消化功能障碍：基于消化生 理与转录组学分析	83
日粮中添加虾青素对红螯螯虾氨氮胁迫的缓解效应	84
三种养殖模式下红螯螯虾生长性能、肌肉品质及抗氧化能力的比较	85
克氏原螯虾耐热与生长复合性状约束式基因组选择模型的构建与应用研究	86
克氏原螯虾性别标记的开发与 <i>Doublesex</i> 基因的原核表达	87
克氏原螯虾三个地理群体双列杂交组合的生长性能及杂种优势评价	88
克氏原螯虾 <i>HSP30c</i> 基因在高温胁迫响应及耐热性形成中的功能与遗传机制 研究	89
克氏原螯虾选育与未选育群体的生长性能、肌肉营养比较及出肉率相关性 分析	90
长牡蛎耐低盐性状的基因组选择育种研究进展与应用展望	91
三角帆蚌黑色素细胞分离、培养及生物特性鉴定	92
池蝶蚌的 <i>EGFR</i> 基因参与伤口愈合并促进细胞增值	93
梨形环棱螺 <i>Hsd17b2</i> 基因的鉴定及功能研究	94
Studies on the Early Growth and Gonadal Development Patterns of <i>Bellamya</i> <i>purificata</i>	95

稻鳅共作系统中投饵对种养生物产量、水质的影响	96
噬菌酯对稻鲫共作系统微生物群落的影响	97
光倒刺鲃源致病菌嗜水气单胞菌的分离鉴定、毒力因子及其耐药性分析 ..	98
骨骼肌 GLUT4 基因 RNA 干扰对乙酸提高黄鳝饲料糖利用效率的影响	99
专题四 水产养殖绿色转型与管理	100
北方野生淡水鱼类保护开发与利用研究进展	101
水桥湖三角帆蚌养殖环境效应与容量评估	102
热分层—低氧驱动水库鱼群生境压缩与空间聚集格局变化——以牛头山水库为例	103
异养硝化—好氧反硝化枯草芽孢杆菌 HL-1 的分离鉴定及脱氮特性	104
RM125 的基因组与代谢组学分析：碳水化合物、胞外多糖及乳酸合成机制解析	105
世界主要产区卤虫种群的群体遗传学研究、品系鉴定及物种分布模型构建	106
水产养殖绿色转型与智能管控关键技术集成研究	107
圆形养殖池曝气管配置对污物汇集与水体混合效率的影响	108
鲤鱼养殖中多营养层次综合养殖模式的环境、经济和社会可持续性研究 ..	109
长江流域大水面生态渔业资源：利用潜力、模式及机制	110
水产养殖户绿色技术采纳的影响因素研究	111
机制解耦：渔业诱导的磷限制抵消了深水水库中气候变暖的动力学放大效应	112
Effects of Spatial Constraint on Oxidative Stress During Individual Transport of <i>Larimichthys crocea</i> and Its Preliminary Mitigation.....	113
亚硝酸盐衍生活性氮物种靶向抑制细菌损伤修复提高 UVC 消毒效率.....	114

专题一

主养鱼类

种质创新和绿色养殖

中国水产学会淡水养殖分会 2026 年学术年会



摘要集

昆明|2026

线粒体介导的细胞器互作网络在鱼类肝脂代谢中的作用机制

奉广莉, 胡楠望, 赖晓红, 宋玉峰*

华中农业大学水产学院, 武汉, 430070

摘要: **目的:** 线粒体与内质网、脂滴等细胞器的互作是调控脂质稳态的核心途径, 为揭示鱼类肝脏脂代谢紊乱的分子机制, 探究线粒体介导的细胞器互作网络对鱼类肝脂沉积、脂肪酸氧化及脂质信号传导的调控作用, 为水产养殖脂肪肝防控提供理论依据。 **方法:** 以经济鱼类为研究对象, 构建高脂诱导肝脂代谢异常模型, 利用透射电镜观察细胞器超微结构, 结合分子生物学技术检测线粒体-内质网接触位点 (MAM)、脂滴-线粒体耦合关键蛋白及脂代谢通路基因的表达水平, 系统分析细胞器互作与肝脂代谢的关联机制。 **结果:** 高脂胁迫会破坏鱼类肝细胞线粒体结构完整性, 显著下调 Mfn2、GRP78 等关键互作蛋白表达, 抑制线粒体与内质网、脂滴的正常互作; 细胞器物质交换与信号传导受阻, 脂肪酸 β -氧化效率降低, 脂质分解受阻, 最终导致肝脏脂质异常蓄积、脂代谢紊乱。 **结论:** 线粒体介导的细胞器互作网络是维持鱼类肝脏脂代谢稳态的关键核心, 其功能失衡是诱发鱼类肝脂肪蓄积的重要诱因, 可作为调控鱼类肝脏健康、防控营养性脂肪肝的重要靶点。

关键词: 鱼类; 脂类营养; 线粒体; 细胞器互作

资助项目: 国家自然科学基金面上项目 (32273156)

通讯作者: 宋玉峰, 男, 博士, 副教授, 研究方向为水产动物营养与饲料, 手机号, 13349931007,

E-mail: syf880310@mail.hzau.edu.cn

The gut microbiota mediate lipid metabolism to regulate the growth rate of mandarin fish (*Siniperca chuatsi*)

Ran Cui, Xin Zhang*

Fisheries Science Institute, Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Beijing
100068, China

Abstract: Mandarin fish (*Siniperca chuatsi*) is an important freshwater aquaculture species in China, enhancing its growth performance is crucial for shortening culture cycles and optimizing industrial benefits. Gut microbiota, as an important participant in host growth regulation, has not yet been clearly linked to growth rate of mandarin fish. In this study, five fast-growing (FG) and five slow-growing (SG) mandarin fish reared in the same cage were used as targets. Using 16S rRNA sequencing combined with untargeted metabolomics, we analyzed the intestinal microbial composition, metabolite profiles, and their interaction patterns. Microbiome structure analysis revealed that Firmicutes and Proteobacteria were the core dominant phyla in the intestine of mandarin fish. LEfSe analysis identified Fusobacteria as significantly enriched in the FG group ($LDA > 3.0$, $P < 0.05$). At the genus level, relative abundances of potential probiotics Cetobacterium and Leuconostoc were higher in the FG group than SG group, respectively ($LDA > 3.0$, $P < 0.05$). Partial least squares discriminant analysis (PLS-DA) showed significant differentiation in metabolites between groups ($R^2Y = 0.992$, $Q^2 = 0.727$). A total of 150 differential metabolites were identified ($P < 0.05$, $VIP > 1.0$), with 123 upregulated in the FG group, mainly annotated as fatty acids, glycerophospholipids and sterols. KEGG pathway enrichment revealed that the FG group significantly enriched lipid metabolism pathways such as glycerophospholipid metabolism (ko00564), unsaturated fatty acid biosynthesis (ko01040), and steroid hormone biosynthesis (ko00140), while the SG group showed specifically enriched Foxo signaling pathway (ko04810). Spearman correlation analysis showed that Cetobacterium was significantly positively correlated with phosphatidylglycerol (PG, 22:5/18:0) and phosphatidylcholine (PC, 18:1E/2:0) ($r > 0.65$, $P < 0.05$). Leuconostoc exhibited a positive correlation with eicosapentaenoic acid (EPA, $r = 0.62$, $P < 0.05$) and a significant negative correlation with adenosine diphosphate (ADP, $r = -0.71$, $P < 0.01$). These findings suggest that dominant probiotics Cetobacterium and Leuconostoc may synergistically enhance host nutrient absorption and energy utilization efficiency by regulating membrane lipid structure, promoting fatty acid metabolism and steroid hormone synthesis, while inhibiting energy metabolism loss mediated by the Foxo pathway. This study provides new insights into the microbiota-metabolite interaction mechanisms regulating growth in mandarin fish, and offers a theoretical basis for the targeted development of growth-promoting probiotic formulations in aquatic animals.

Key words: *Siniperca chuatsi*; Growth rate; Gut microbiota; Lipid metabolism

资助项目：国家特色淡水鱼产业技术体系（CARS-46）

通讯作者：张欣（1973-），男，高级工程师，研究方向为淡水养殖，E-mail：

13901156204@163.com

Characterization of the *cpt1b* Gene in Response to a Tributyrin-Supplemented Diet: Cloning, Tissue-Specific Expression, and Intestinal Metabolic Function in Mandarin Fish (*Siniperca chuatsi*)

Yi Guo¹, Xiao Wei Gao^{2*}, Chun Guang Gong^{2,3*}

Hebei Agricultural University, Qinhuangdao 066003, Hebei, China

Abstract: Objectives: Tributyrin (TB), as a novel feed additive, holds broad market prospects and is crucial for promoting fish growth and maintaining intestinal health. We first identified the fatty acid metabolism-related gene *cpt1b* in the intestines of mandarin fish (*Siniperca chuatsi*) from the TB-supplemented group. Methods: A total of 600 mandarin fish (200.0 ± 5.0 g) were evenly allocated into three groups. The control group (C) received only the standard extruded feed, while the experimental groups were supplemented with tributyrin (TB) at concentrations of 500 mg/kg (T1 group) and 1000 mg/kg (T2 group), respectively. Results: Cloning yielded a 2364bp open reading frame (ORF) encoding 787 amino acids, with the gene possessing two conserved transmembrane domains. Phylogenetic analysis further indicated a close phylo-genetic relationship between largemouth blackbass (*Micropterus salmoides*) and mandarin fish. Tissue distribution and intestinal enzyme activity analyses revealed that supplementation with varying concentrations of TB upregulates *cpt1b* gene expression in different tissues, while modulating intestinal digestive enzyme and antioxidant enzyme activities. Conclusions: Our findings suggest a potential mechanism involving enhanced intestinal enzyme activity, reduced fat accumulation, increased expression of lipid oxidation-related genes, and accelerated TB degradation in the intestine.

Key words: *Siniperca chuatsi*; *cpt1b*; tributyrin; molecular cloning

资助项目: National Natural Science Foundation of China, China (Grant No. 32303030); the Anhui Higher Education Scientific Research Project (Grant No. 2022AH052864); Science Research Project of Hebei Education Department, China (Grant No. BJK2024012); the Natural Science Foundation of Hebei Province, China (GrantNos. C2025204051, C2021204089, 22326320D, and 236Z6701G)

通讯作者: Xiao-Wei Gao (X-W, Gao), hyxygaoxw@hebau.edu.cn, Tel.: +86-0335-3150103; 12 Chun-Guang Gong (C-G, Gong), gongcg2005@163.com

Transcriptomic analysis reveals organ-specific adaptations in the gut-liver axis during diet domestication of mandarin fish (*Siniperca chuatsi*)

Hao-Yu Li¹, Zhi-Guang Hou¹, Yi-Huan Xu¹, Cheng-Bin Wu¹, Zun-Li Qi¹, Xiao-Wei Gao¹, Chun-Long Zhao², Xin Zhao*, Li-Han Zhang*

1. Hebei Agricultural University, Qinhuangdao 066003, Hebei, China

2. Hebei Academy of Ocean and Fishery Sciences, Qinhuangdao 066200, Hebei, China

Abstract: The mandarin fish (*Siniperca chuatsi*) is a high-value carnivorous species whose exclusive reliance on live prey hinders sustainable aquaculture. This study aimed to uncover the systemic adaptation mechanisms to formulated feeds; A 30-day longitudinal feeding domestication was conducted with three phases: live feed (LF), dead fish mixture (DM), and artificial diet (AD). Liver and gut transcriptomes were analyzed using comparative transcriptomics and weighted gene co-expression network analysis; During the initial LF vs. DM transition, a coordinated stress response was activated in the gut-liver axis, with up-regulation of transcription factors (*jun*, *fosab*) in MAPK and Toll-like receptor pathways. Upon AD adaptation (AD vs. DM), metabolic reprogramming occurred: lipid metabolism genes (*fads2*, *fabp2*) were up-regulated in the gut, while inflammatory stress (MAPK pathway genes) was down-regulated in the liver. WGCNA confirmed functional specialization, with key gene modules shifting from stress/immune responses to nutrient metabolism and homeostasis; Dietary domestication in mandarin fish involves temporally coordinated and organ-specialized adaptations in the gut-liver axis, providing crucial molecular insights for improving feed acceptance in this species.

Key words: Mandarin fish (*Siniperca chuatsi*); Feed domestication; Gut-liver axis; Transcriptomics

Comprehensive effects of cyclic starvation and refeeding on juvenile grass carp: growth, meat quality, enzyme activity, enteritis, and challenge by *Aeromonas hydrophila*

Qian Cong ^{a,1}, Xin-Zhan Meng ^{a,1}, Yiwen Li ^{a,1}, Yubang Shen ^a, Xiaoyan Xu ^{a,*}, Jiale Li ^{a,b,**}

^a Key Laboratory of Freshwater Aquatic Genetic Resources, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Shanghai Ocean University, Shanghai, China

^b Center for Aquacultural Breeding Research, Shanghai Ocean University, Shanghai, China

Abstract: Grass carp is the most widely farmed freshwater species globally, but its long cultivation cycle limits commercial production. Compensatory growth offers a strategy to accelerate growth and reduce costs. This study investigated the effects of cyclic starvation-refeeding on juvenile grass carp. Fish subjected to 1 day of starvation followed by 6 days of feeding exhibited super-compensatory growth and significantly higher final body weight than continuously fed controls. No adverse changes were observed in muscle texture or amino acid content. Histology analysis showed no damage to intestinal villi, while digestive enzymes (amylase, lipase, trypsin) significantly increased in the 1-2 day starvation groups. Most immune indicators remained stable, although IL-10 expression increased and TNF- α , IL-8, and IL-15 levels decreased. Notably, resistance to *Aeromonas hydrophila* was maintained. These findings suggest that short-term cyclic starvation is a safe and efficient approach to improve growth performance without compromising product quality, providing a promising model for innovative aquaculture practices.

Key words: Grass carp; Hunger; Refeeding; Growth; Enteritis

资助项目：农业生物育种重大专项（2025ZD0408100）

通讯作者：李家乐，男，博士，教授，研究方向为水产动物种质资源与种苗工程，15692165501，

E-mail: jlli@shou.edu.cn

Study on Propagation of GCRV Genotype II in Serum-Free Full Suspension Culture of Grass Carp Trunk Kidney Cell Line

Yingying Wang, Xiudong Guo, Shucheng Zheng, Xubing Mo, Yingying Li, Jiyuan Yin, Qing Wang *

Key Laboratory of Fishery Drug Development, Ministry of Agriculture and Rural Affairs,
Guangdong Provincial Key Laboratory of Aquatic Animal Immunology and Sustainable
Aquaculture, Pearl River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences,
Guangzhou, Guangdong province, 510380, China

Abstract: Grass carp reovirus genotype II (GCRV-II), the principal causative agent of grass carp hemorrhagic disease, requires efficient propagation systems for virological research and vaccine production. However, adherent cell culture systems are limited by difficulties in scaling up and strong serum dependence. In this study, grass carp trunk kidney (CITK) cells were adapted to serum-free suspension culture via low-serum adaptation, monoclonal screening, and formula optimization. A serum-free medium, CITK-506, enabled the adaptation of a stable suspension cell line, CITK-S, which maintained viability above 95% and reached a maximum cell density of $1.98 \pm 0.31 \times 10^7$ cells/mL. The cells exhibited favorable cryopreservation and recovery performance. Using this culture system, propagation conditions for GCRV-II HN2407 were established, yielding a viral copy number of $10^{(7.49 \pm 0.22)}$ copies/ μ L. Compared with conventional adherent and roller bottle cultures, the suspension system increased viral yield and shortened the production cycle. These findings provide a strong foundation for serum-free production of fish viral vaccines.

Key words: CITK cells; serum-free culture; suspension culture; GCRV-II; grass carp reovirus; viral propagation

资助项目: 国家重点研发计划 (2024YFD2401100); 广州市科技计划项目 (2024B03J1301)

通讯作者: 王英英, 女, 博士, 研究员, 研究方向为水产病害防控, 电话: 13710526251,

E-mail: eagles5257@prfri.ac.cn

高抗性草鱼新种质“湘康1号”创制及其养殖性能评估

吕钊^{1,2,3}, 王红权^{1,2,3}, 肖调义^{1,2,3*}

1.湖南农业大学, 长沙 410128; 2.岳麓山实验室, 长沙 410128; 3.湖南省特色水产资源利用工程技术研究中心, 长沙 410128

摘要:七十年来, 草鱼出血病的持续危害与抗病优良品种的匮乏, 始终是制约我国草鱼养殖业健康可持续发展的核心瓶颈。为破解该育种难题, 本研究采用 ELISA、Western blot 等技术, 系统检测长江草鱼原种亲本血清中 C3、Bf、MBL、LZM 等先天性免疫分子的表达水平, 证实长江草鱼亲本群体的先天性免疫分子表达存在显著个体多样性。研究依据先天性免疫分子综合表达水平, 将亲本群体划分为高表达 (A 组, 前 20%)、中等表达 (B 组, 20%~80%)、低表达 (C 组, 后 20%) 三个组别, 通过组内繁育获得对应子代群体。草鱼呼肠孤病毒人工感染试验结果表明, B 组子代草鱼感染后的存活率较对照组提升 1 倍以上, 证实基于血清“适中免疫”指标开展亲本选育, 可有效获得高抗病性草鱼子代。本研究对 1521 尾长江草鱼亲本开展全基因组重测序, 筛选获得 300 余万个高质量 SNP 位点; 通过 LD 衰减、群体结构及遗传多样性分析发现, 石首与长沙两地草鱼亲本群体存在显著的遗传背景差异。两大群体联合分析结果显示, 草鱼“适中免疫”性状的形成, 主要与神经调控、离子信号转导、免疫应答及细胞结构与代谢调控等功能模块密切相关。肝脏代谢组学分析共鉴定出 93 种 B 组选育子代与普通草鱼的差异代谢物, 其中 L-谷氨酸在 B 组子代中显著上调, 并参与多条核心调控通路, 可作为草鱼抗病能力的关键指示代谢物。规模化养殖对比试验表明, B 组选育子代的饲料系数、特定生长率均优于普通草鱼子代, 整体养殖成活率与总产量显著提升。综上, 选育先天性免疫分子表达水平适中的草鱼亲本, 可培育出抗病能力更强、生长性状更优异的优良子代。本研究结果可为草鱼抗病定向育种提供全新的理论依据与高效的技术路径。

关键词: 草鱼; 草鱼出血病; 抗病育种; 免疫分子表达水平; 亲本选择

资助项目: 无

通讯作者: 肖调义, 男, 教授, E-mail: tiaoyixiao@hunau.edu.cn

基于CRISPR/Cas9技术敲除草鱼*myostatin* b基因可促进生长性能与肌肉肥大

孙田洋¹, 孟新展¹, 李亚茹¹, 张洪泉¹, 何锐涛⁴, 何锐聪⁴, 刘铁钢⁵, 吕汶姚¹, 徐晓雁¹, 沈玉帮¹, 任建峰^{*1,2}, 李家乐^{*1,3}

1. 上海海洋大学 农业农村部淡水水产种质资源重点实验室, 上海 201306; 2. 上海海洋大学 水产种质资源发掘与利用教育部重点实验室, 上海 201306; 3. 上海海洋大学 水产动物育种研究中心, 上海 201306; 4. 广州市建波鱼苗场有限公司, 广州 510220; 5. 吉林省水产科学研究院, 长春 130033

摘要: 肌肉生长抑制素 (MSTN) 作为脊椎动物骨骼肌生长的保守负调控因子, 是提升水产养殖生产力的重要靶点。本研究运用 CRISPR/Cas9 核糖核蛋白 (RNP) 复合物对草鱼 (*Ctenopharyngodon idella*) 的 *mstnb* 基因进行敲除。通过将五个靶向 *mstnb* 外显子 1 的单链向导 RNA (sgRNA) 与 Cas9 蛋白共同注射至单细胞期胚胎, 在 F0 嵌合体个体中实现了 62.0–97.8% 的编辑效率, 群体整体编辑效率达 67.1%。孵化后 7 个月, *mstnb* 基因敲除 (KO) 鱼群体重较对照组增加 17.5%, 体宽增长 8.8%, 体高提高 7.6%。组织学分析显示其肌纤维显著肥大。KO 鱼群肝脏脂质与糖原蓄积减少, 提示代谢效率改善。虽然肌肉氨基酸组成未发生显著改变, 但观察到 ω -3 多不饱和脂肪酸 (如 EPA 和 DHA) 含量轻微下降。本研究证明 *mstnb* 基因敲除能在不显著影响肉品质的前提下促进生长与肌肉发育。

关键词: *mstnb*; 草鱼; 基因编辑; 肌肉肥大; 脂质与糖原代谢

资助项目: 农业生物育种重大项目 (2023ZD0405406)

通讯作者: 任建峰, E-mail: jfren@shou.edu.cn; 李家乐, E-mail: jlli@shou.edu.cn

***Pik3r1*基因编辑重塑草鱼生长与脂质代谢**

吕汶姚¹, 孟新展¹, 孙田洋¹, 陈语轩¹, 李惟中¹, 盛滔¹, 从乾¹, 俞巧珍¹, 何锐涛⁴, 何锐聪⁴, 沈玉帮¹, 任建峰¹, 邱军强¹, 桂朗¹, 徐晓雁^{*1}, 李家乐^{*1,3}

1. 上海海洋大学 农业农村部淡水水产种质资源重点实验室, 上海 201306; 2. 上海海洋大学 水产种质资源发掘与利用教育部重点实验室, 上海 201306; 3. 上海海洋大学 水产动物育种研究中心, 上海 201306; 4. 广州市建波鱼苗场有限公司, 广州 510220

摘要: 草鱼 (*Ctenopharyngodon idella*) 是全球重要的淡水养殖鱼类, 但生长性能和肝脏脂质沉积问题制约产业发展。PI3K/AKT/mTOR 通路是调控生长和代谢的核心信号轴, 其调节亚基 *p85α* 由 *Pik3r1* 编码。本研究旨在揭示 *Pik3r1* 在草鱼生长和脂质代谢中的调控功能, 为分子育种提供新靶点。本研究将 300 尾草鱼幼鱼饲养 10 周后, 选取快速生长组和缓慢生长组进行背肌转录组测序, 通过 PPI 网络分析锁定 *Pik3r1* 为候选基因。设计靶向 SH3 结构域的 sgRNA, 利用 CRISPR/Cas9 技术显微注射草鱼受精卵, 获得 F0 嵌合突变体 (*Pik3r1*-MUT)。通过测量、组织切片和 qRT-PCR 分析生长表型及分子机制, *Pik3r1*-MUT 鱼体重增加 51.8%, 体长增加 13.5%。肌肉呈现肌纤维肥大 (+22.50%) 与增生 (+18.90%) 并存的双重表型。肝脏脂质减少 67.7%, 伴 *PPARα* 和 *CPT1A* 上调、*FASN* 和 *ACCI* 下调。PI3K/AKT/mTOR 通路激活, 生肌因子表达升高。*Pik3r1* 是草鱼生长和脂质代谢的关键调控节点, 其功能破坏将能量从肝脏脂质储存重分配至肌肉蛋白合成, 实现生长与代谢健康的同步提升。该基因可作为草鱼分子育种的潜在靶点。

关键词: 草鱼; *Pik3r1*; CRISPR/Cas9; 肌肉生长; 脂质代谢

资助项目: 农业生物育种重大专项 (2025ZD0408100)

通讯作者: 徐晓雁, E-mail: xyxu@shou.edu.cn; 李家乐, E-mail: jlli@shou.edu.cn

一种位于草鱼19号染色体上与草鱼体重相关的SNP分子标记及其应用

荣智昊¹, 沈玉帮¹, 李家乐^{1*}

¹ 上海海洋大学 农业农村部淡水水产种质资源重点实验室, 上海 201306

摘要: 草鱼 (*Ctenopharyngodon idella*) 是我国产量最高的淡水养殖鱼类, 但其传统选育周期长、易受环境影响, 且现有生长相关分子标记覆盖不足, 制约了良种选育效率。所以本研究基于全基因组重测序与 QTL 定位, 在草鱼 19 号染色体上筛选到一个与生长性状显著关联的 SNP 位点 SNP3403, 并开发了特异性扩增引物 (上游引物: 5'-ACAAAACAGAAGTAAAGCAG-3'; 下游引物: 5'-AGGTCATGTTACCACCAG-3')。以长江雄鱼与珠江雌鱼种内杂交的草鱼群体为材料 (n=514), 采集尾鳍样本提取基因组 DNA, 经 PCR 扩增及一代测序分型, 结合体重、体长表型进行关联分析。分析得到的结果表明, SNP3403 存在 GG、AA 和 AG 三种基因型, A 等位基因频率为 0.56; AG 基因型个体的体重 ($224.412 \pm 111.122\text{g}$) 和体长 ($20.855 \pm 3.203\text{cm}$) 均显著优于 AA 基因型个体 ($193.626 \pm 105.886\text{g}$, $19.942 \pm 3.003\text{cm}$) ($P < 0.05$), 为生长优势基因型。因此该分子标记可在幼鱼阶段 (体重约 200g) 完成基因型筛选, 将选育周期缩短 50% 以上。通过本研究可以证明 SNP3403 可作为草鱼生长性状的有效分子标记, 其配套分型体系简便稳定, 适用于草鱼快速生长品系的早期定向选育。

关键词: 草鱼; 生长; 分子标记; 选育

资助项目: 国家现代农业产业技术体系 (CARS-45)

通讯作者: 沈玉帮, E-mail: ybshen@shou.edu.cn; 李家乐, E-mail: jlli@shou.edu.cn

转录组与WGCNA分析揭示青鱼耐碱胁迫相关调控通路及关键基因

赵鹏程¹, 吴伟¹, 郭加民¹, 陶陈东¹, 沈玉帮^{1*}

¹上海海洋大学 农业农村部淡水水产种质资源重点实验室, 上海 201306

摘要: 为阐明青鱼耐碱性胁迫的分子机制, 设置 0、5、35 和 50 mmol/L 碱度处理 60 d, 开展转录组测序、差异表达、功能富集、加权基因共表达网络分析及 qRT-PCR 验证。在 3 个比较组中鉴定到 1227、1803 和 2554 个 DEGs, 3 个比较组共有 174 个 DEGs, 主要富集于氯离子跨膜转运、三羧酸循环、mTOR 信号通路、糖酵解/糖异生、补体和凝血级联、细胞色素 P450 介导的代谢以及内吞作用等功能和通路。WGCNA 获得 22 个共表达模块, 筛得 *atp6v0cb*、*clcn2c*、*ipmka*、*LOC127520426*、*dut* 和 *cdkn2c* 6 个候选枢纽基因。结果表明, 长期碱性胁迫可诱导青鱼幼鱼鳃部产生协调的转录响应, 涉及离子与酸碱平衡、能量代谢、免疫防御、氧化还原稳态及细胞周期调控等多个生物学过程, 为候选基因的功能验证及耐碱分子育种提供了理论基础。

关键词: 青鱼; 碱胁迫; 鳃; 转录组; 加权基因共表达网络分析

资助项目: 国家现代农业产业技术体系 (CARS-45)

通讯作者简介: 沈玉帮, 男, 博士, 教授、博士生导师, 主要从事草鱼和青鱼种质资源与遗传育种研究; 电话: 021-61900438; E-mail: ybshen@shou.edu.cn

“大和草鱼”优良肉质和风味的指标分析

骆嘉禧² 刘进¹ 邓政¹ 周瑛^{1,2,3} 余建波^{1,2,3} 蒋文平⁵ 吕钊^{1,2,3} 肖调义^{1,2,3} 胡旭东^{1,2,3,4,*}

1.湖南农业大学水产学院, 湖南长沙 410128; 2.岳麓山实验室, 湖南长沙 410128; 3.湖南农业大学湖南工程技术研究中心, 湖南长沙 410128; 4.湘阴县水产科学研究所; 5.益丰原生态大和鱼产业发展有限公司, 湖南长沙, 410000

摘要:“大和草鱼”是湖南耒阳特有国家地理标志养殖品种, 肉质细嫩、风味清甜。为探究其优良肉质与风味的形成机制, 本研究对比分析了“大和草鱼”与普通池塘养殖草鱼的肌肉营养成分、肉质特性, 并同步检测其养殖水体的常规水质及微量元素指标。结果表明: 大和草鱼肌肉粗脂肪含量显著更高, 灰分含量显著更低 ($P<0.05$); 其饱和脂肪酸、单不饱和脂肪酸、多不饱和脂肪酸及 EPA+DHA 含量均极显著优于普通草鱼 ($P<0.01$); 肌肉钙、磷、铁矿物质含量与关键质构指标也显著更高 ($P<0.05$), 且肌肉矿物质特征与养殖环境水质检测结果高度契合。风味物质分析显示, “大和草鱼”较高的酯类物质含量可赋予鱼肉甜香、酒香, 有效掩盖鱼腥味。综上, “大和草鱼”综合营养品质与肉质风味显著优于普通草鱼, 其优良性状与独特养殖环境密切相关, 为通过调控养殖微环境改良鱼类肉质品质提供了重要理论支撑。

关键词: 草鱼; 营养成分; 脂肪酸; 矿物质元素; 质构特性

资助项目: 湖南省自然科学基金会 (2024JJ6247); 岳麓山实验室人才计划 (2024RC2024); 湖南省教育厅科研基金 (24B0225); 耒阳大和草鱼标准化养殖技术研究横向开发项目 (xczx-2025808)

通讯作者: 胡旭东, 男, 博士, 讲师, 从事鱼类分子生物学研究, E-mail:huxudong@hunau.edu.cn

鲮鱼基因组微卫星标记开发及其在不同地理群体中的遗传多样性分析

何柔梦¹, 徐晓雁^{1,2,3}, 孟新展¹, 陆昊¹, 郭加民¹, 唐合平¹, 吕汶姚¹, 周洁¹, 何锐涛⁴, 何锐聪⁴, 李家乐^{1,2,3}

1.上海海洋大学 农业农村部淡水水产种质资源重点实验室, 上海 201306; 2.上海海洋大学 水产养殖工程技术研究中心, 上海 201306; 3 上海海洋大学 水产科学国家级实验教学示范中心, 上海 201306; 4.广州市建波鱼苗场有限公司, 广东 广州 510220

摘要: 为开发适用于中国鲮鱼 (*Cirrhinus molitorella*) 群体遗传学研究的分子标记并评估其种质资源现状, 本研究基于全基因组测序数据对微卫星 (SSR) 位点进行了系统筛选与特征分析。全基因组扫描共鉴定出 349,117 个 SSR 位点, 其中二核苷酸重复类型最为丰富 (41.48%), 其次为复合型 SSRs (18.89%)、三核苷酸 (17.00%)、四核苷酸 (8.64%)、五核苷酸 (2.71%) 和六核苷酸 (0.12%)。本研究随机选取并合成 120 对引物进行验证, 最终筛选获得 12 个多态性高且可稳定扩增的 SSR 标记。利用该体系对来自广西、广东和海南的 5 个地理群体进行遗传多样性分析。结果显示, 12 个位点均为高度多态 ($PIC = 0.779 \pm 0.154$); 各群体期望杂合度 (He) 介于 0.754 至 0.811 之间, 显示出较高水平的遗传多样性。分子方差分析 (AMOVA) 表明, 遗传变异主要来源于群体内 (94%), 群体间存在中等程度的遗传分化 ($F_{ST} = 0.057$)。聚类分析和 STRUCTURE 分析 (最优 $K = 3$) 揭示了不同地理群体间存在显著的遗传结构差异。本研究开发的新型 SSR 标记及遗传数据, 为中国鲮鱼的种质资源保护、评估与利用提供了重要的科学依据。

关键词: 鲮鱼; 微卫星; 多重 PCR; 遗传多样性; 遗传分化; 种质资源

资助项目: 现代农业产业技术体系 (CARS-45-03)

通讯作者: 李家乐, E-mail: jlli@shou.edu.cn

CRISPR/Cas9介导的*myostatin b*基因敲除促进鲢鱼生长和肌肉肥大

周洁¹, 俞巧珍¹ 徐晓雁^{*1,2}, 李家乐^{*1,3}

1.上海海洋大学 农业农村部淡水水产种质资源重点实验室; 上海 201306; 2.广州市建波鱼苗场有限公司, 广州 510220

摘要: 肌肉生长抑制素 (myostatin, MSTN) 是脊椎动物骨骼肌生长中一种重要的负调控因子。本研究采用 CRISPR/Cas9 技术, 对鲢鱼 (*Cirrhinus molitorella*) *mstnb* 基因进行靶向敲除。通过将 3 条靶向 *mstnb* 第二外显子的单向导 RNA (sgRNA) 与 Cas9 蛋白共同注射至单细胞期胚胎, 成功构建 *mstnb* 基因编辑 F0 代嵌合体, 群体编辑阳性率达到 42.5%。在 12 月龄阶段, 与野生型对照组相比, *mstnb* 敲除鱼表现出明显的生长优势, 体长、体高、体宽及体重分别提高 4.1%、8.3%、9.8%和 20.1%。组织学分析显示, KO 组骨骼肌肌纤维平均横截面积和直径显著增加, 而单位面积内肌纤维数量显著减少, 表明 *mstnb* 缺失后骨骼肌生长主要表现为肌纤维肥大。进一步的 RNA-seq 分析共鉴定 1452 个差异表达基因, 其中 1209 个上调、243 个下调。GO 和 KEGG 富集分析显示, 差异表达基因主要涉及蛋白水解、细胞黏附以及脂质代谢相关通路。综上, 本研究在鲢鱼中建立了 *mstnb* 基因编辑模型, 并表明 *mstnb* 缺失能够促进鲢鱼生长及骨骼肌肥大。研究结果进一步支持了 *mstnb* 在硬骨鱼骨骼肌生长中的保守负调控作用, 并为理解鱼类骨骼肌生长调控及后续分子育种研究提供了参考。

关键词: *mstnb*; 鲢鱼; 基因编辑; 转录组

资助项目: 现代农业产业技术体系 (CARS-45-03)

通讯作者: 李家乐, E-mail: jlli@shou.edu.cn; 徐晓雁, E-mail: xyxu@shou.edu.cn

山东境内不同地理群体刀鲚 (*Coilia nasus*) 形态性状对体质量的影响分析

和飞¹, 张龙岗¹, 孟庆磊¹, 任鹏², 王晓璇², 胡新艳³,

赵金山⁴, 安丽¹, 孙福岳¹, 朱树人^{1*}

1.山东省淡水渔业研究院, 山东济南, 250013; 2.东营市海洋发展研究院, 山东东营, 257091; 3.山东省渔业发展和资源养护总站, 山东济南, 250013; 4.东营市惠泽农业科技有限公司, 山东东营, 257091

摘要: 为探究影响山东境内 3 个不同地理群体刀鲚体质量的主要形态性状, 本研究以在黄河口、东平湖及微山湖水域所采集的 168 尾野生刀鲚为对象, 测量其体质量 (Y)、全长 (X1)、体长 (X2)、体高 (X3)、头高 (X4)、头长 (X5)、眼后头长 (X6)、躯干长 (X7)、尾长 (X8)、吻长 (X9)、眼径 (X10)、尾柄高 (X11) 共 12 个生长性状, 并进行相关分析、多元回归分析、通径分析及灰色关联度分析。结果表明: 黄河口群体刀鲚平均体质量最大 ($90.58 \pm 8.95\text{g}$) 且变异系数最小 (9.88%), 东平湖和微山湖群体刀鲚平均体质量较小 (分别为 $59.05 \pm 13.76\text{g}$ 、 $39.90 \pm 13.68\text{g}$), 但体质量变异系数更高 (23.30%、34.29%), 显示出更大的选择潜力, 这种差异可能由“生境”履历、捕捞强度及群体年龄结构组成等多重因素造成。通径与决定系数分析明确, 影响东平湖群和微山湖群体体质量的核心性状为体长和体高; 经多元回归分析构建体质量最优回归方程, 其中东平湖群体最优回归方程为 $YDPH = -131.143 + 0.488X_2 + 1.604X_3$ ($R^2 = 0.877, P < 0.01$), 微山湖群体最优回归方程为 $YWSH = -80.976 + 0.241X_2 + 1.808X_3$ ($R^2 = 0.949, P < 0.01$)。灰色关联分析显示东平湖、微山湖群体两群体与体质量关联度最高的前四位性状均包含全长、体长、体高和头高。所建立黄河口群体最优回归方程拟合度 R^2 仅为 0.455, 且灰色关联分析与通径分析、相关分析结果差异较大, 需进一步补充关键性状并验证。综合分析表明, 体长和体高是影响东平湖、微山湖群体体质量的核心性状, 黄河口群体灰色关联分析与通径分析结果存在差异, 后续可纳入“体宽”等关键性状, 并结合框架形态度量学等方法进一步挖掘影响体质量的关键性状。本研究结果可为山东境内刀鲚资源保护及良种选育提供基础数据。

关键词: 刀鲚; 形态性状; 体质量; 通径分析; 灰色关联度分析

资助项目: 山东省淡水渔业研究院科研创新人才基金项目 (DSY2024KC03); 山东省鱼类产业技术体系淡水鱼养殖岗位 (SDAIT-12-09); 东营市人才工程项目

通讯作者: 朱树人, 男, 博士, 副研究员, 研究方向: 水产动物遗传育种, 联系电话: 18953165708, E-mail: zhshr229@163.com

刀鲚单倍型基因组组装及生长相关性状选育基础研究

于跃¹, 高泽霞*, 万世明*

华中农业大学, 地区: 中国 湖北 武汉, 邮编: 430070

摘要: 刀鲚 (*Coilia nasus*), 又称长江刀鱼, 是长江流域最具经济价值和文化符号的水产品之一。刀鲚的野生资源骤降, 导致其身价飞涨, 在持续的市场需求下, 刀鲚的人工繁育体系迅速建立, 但长期以来, 尚未对其进行过系统的遗传选育基础研究。目前, 存在包括群体生长变异、群体卵巢异步发育等问题限制了其产业的规模化发展。因此, 我们以刀鲚单倍型基因组组装为基础, 整合 GWAS 与 RNA-seq 联合分析, 挖掘与生长等重要经济性状显著关联的遗传位点和候选基因, 并解析相关产业问题的遗传基础, 以期协同高效提升刀鲚的产量与种质。主要研究结果为, 我们构建刀鲚雌、雄样本共四个高质量端粒水平单倍型基因组图谱, 发现了一条高度压缩的 W 染色体, 首次从分子层面证实了刀鲚 ZZ/ZW 型性别决定系统; 通过 GWAS 分析鉴定到 14 个刀鲚生长表型关联 SNP 位点, 其中 11 个位点在独立群体中得到验证, 锁定了生长调控相关的 5 个关键候选基因及 mTORC1 通路; 定位到 39 个刀鲚卵巢发育相关的 SNP 位点及一个显著信号峰, 并锚定 *cpne5a* 为显著信号峰的主效基因, 揭示了 HPG 轴激素信号、细胞外基质重构等多途径协同调控刀鲚卵巢发育的潜在遗传机制。本研究通过解析生长、卵巢发育性状的遗传基础, 开发实用性遗传标记, 旨在为培育刀鲚优良品系奠定坚实的理论基础与技术支持。

关键词: 刀鲚; 单倍型基因组; 生长; 卵巢发育; GWAS

资助项目: 国家重大科技项目 (2022YFD2400900/2022YFD2400904)、湖北省重点研发项目 (2022BBA008 和 2021BBA233)、武汉市科学技术局生物育种项目 (2022021302024854)、镇江金山英才计划等项目资助

通讯作者: 高泽霞, E-mail: gaozx@mail.hzau.edu.cn; 万世明, E-mail: wansm@mail.hzau.edu.cn

lncRNA MSTRG.7864.9-ISG15信号轴介导吉富罗非鱼抗无乳链球菌的机制研究

李留洋，夏军红*

中山大学生命科学学院，广东省广州市，510275

摘要：吉富罗非鱼(*Gift tilapia*)是我国广泛养殖的鱼类之一，具有适应性强、食性广、肉质鲜美等特点。随着规模化、集约化养殖的推广，加之饲养管理不规范与养殖水体污染日益严重，导致各种疾病发生，影响养殖产量。无乳链球菌(*Streptococcus agalactis*)感染可诱发罗非鱼细菌性疾病。因此，开展吉富罗非鱼免疫相关基因的挖掘及其功能解析研究工作，探究和阐述吉富罗非鱼的免疫调控机制，对于罗非鱼无乳链球菌病的防治工作具有潜在的应用价值。本论文针对 lncRNA MSTRG.7864.9 和 ISG15 进行后续功能分析，发现在染病罗非鱼体内的 lncRNA MSTRG.7864.9 表达显著下调，同时，其靶基因 ISG15 显著上调；进一步研究表明，lncRNA MSTRG.7864.9 可通过调控 ISG15 表达，进而影响其与 Tolls 和 PRRs 家族的部分样受体蛋白互作，从而影响下游免疫相关通路的活性以及炎症因子的表达。本研究初步揭示了 lncRNA MSTRG.7864.9 介导的吉富罗非鱼抗无乳链球菌免疫调控机制，不仅补充了罗非鱼先天免疫调控的分子基础，也为罗非鱼无乳链球菌病的防控策略研发提供了潜在的分子靶点与理论支撑。

关键词：吉富罗非鱼；无乳链球菌；lncRNA；炎症反应

资助项目：国家自然科学基金(No: 32373114)；广东省 2024 年乡村振兴战略专项资金(2024-spy-00-004)

通讯作者：夏军红，男，教授，研究方向为鱼类分子育种，E-mail: xiajunh3@mail.sysu.edu.cn

Expression and functional analysis of 3 beta-hydroxysteroid dehydrogenase type 7 (*hsd3b7*) in the ovarian development and maturation of Qi River crucian carp (*Carassius auratus*)

Limin Wu, Yongjing Li, Yufeng Xu, Xi Shi, Xuejun Li *

College of Fisheries, Henan Normal University, Xinxiang 453007, P.R. China

Abstract: steroid hormones are vital for ovarian development and maturation. The enzyme 3 β -hydroxysteroid dehydrogenase 7 (*hsd3b7*) catalyzes the conversion of 3 β -hydroxy of 7 α -hydroxycholesterol into a ketone and form 7 α -hydroxy-4-cholesten-3-one, which may affect steroidogenesis. However, its specific functions in ovarian development of fish remain unclear. In this study, we cloned a *hsd3b7* gene from the Qi River crucian carp (*Carassius auratus*) and generated a polyclonal antibody against it. During ovarian development and maturation, the expression level of *hsd3b7* peaked at 150 days after hatching (dah) and remained stable until 720 dah, exhibiting specific expression in both gonadal germ cells and somatic cells. We subsequently knocked down the *hsd3b7* gene for 30 days by injecting the double-stranded RNA (dsRNA) into the ovaries during the previtellogenesis stage. Following this, ovarian development was significantly inhibited, resulting in the majority of oocytes remaining in phase II. Additionally, there was a notable decrease in the expression of the germ cell marker genes (*vasa* and *piwil*) and cell proliferation-related genes (*pcna* and *ki-67*). Furthermore, the expression of genes associated with steroid hormone synthase and lipid accumulation, as well as the levels of E2 and total cholesterol in serum were all affected in specific manners. Our findings suggest that *hsd3b7* might plays a regulatory role in ovarian development and maturation by influencing steroid hormone synthesis and lipid metabolism. This study provides a foundation for addressing the issues of precocious maturation in Qi River crucian carp.

Keywords: Qi River crucian carp, *hsd3b7*, Ovarian development and maturation, hormone synthesis, lipid metabolism

资助项目: 河南省现代农业产业技术体系 (HARS-22-16-G1); 河南省科技攻关项目 (成品油价格调整对渔业补助项目)

通讯作者: 李学军, 教授, 主要从事水产动物资源普查与遗传育种, E-mail: xjli@htu.edu.cn

Integrated transcriptomic and metabolomic analysis of ovarian development reveals the reproductive toxicity of decabromodiphenyl ethane (DBDPE) in crucian carp (*Carassius auratus*)

Changchang Xu, Yuqi Li, Limin Wu, Xuejun Li*

College of Fisheries, Henan Normal University, Xinxiang 453007, P.R. China

Abstract: As the main substitute for decabromodiphenyl ether (BDE-209), the additive flame retardant decabromodiphenyl ethane (DBDPE) is easily released into the environment and frequently found in global freshwater habitats, causing worries over its ecological risks. Despite documented reproductive endocrine-disrupting effects on animals, how DBDPE affects ovarian development and related molecular mechanisms are poorly understood. In this study, freshwater crucian carp (*Carassius auratus*) were exposed to environmentally relevant concentrations of DBDPE (0.1, 1, and 10 µg/L) for 90 days. Ovarian tissue histopathological examination, brain and gonad transcriptomics, and brain metabolomics were integrated to systematically investigate the effects and underlying mechanisms. Histological analysis revealed that DBDPE significantly accelerated ovarian development. After 45 days exposure, there were more stage II oocytes in the DBDPE groups; after 90 days exposure, the proportions of stage III and IV oocytes in the 10 µg/L group were markedly higher than those in the control group. Integrated transcriptomic and metabolomic analyses showed that renin–angiotensin system-related metabolites were significantly upregulated, along with a concurrent increase in angiotensin receptor gene expression in both brain and gonadal tissues, suggesting that the angiotensin signaling pathway mediates DBDPE-induced acceleration of ovarian maturation. This study provides the first evidence that environmentally relevant concentrations of DBDPE can disrupt the ovarian developmental rhythm in crucian carp, manifesting as accelerated maturation, and highlights its potential endocrine-disrupting effects.

Keywords: Decabromodiphenyl ethane (DBDPE); Crucian carp (*Carassius auratus*); Ovarian development; Angiotensin signaling pathway; Endocrine disruption

资助项目: 河南省现代农业产业技术体系 (HARS-22-16-G1); 河南省科技攻关项目 (成品油价格调整对渔业补助项目)

通讯作者: 李学军, 教授, 主要从事水产动物资源普查与遗传育种, E-mail: xjli@htu.edu.cn

杂交、基因渐渗和多倍化在鲤科鱼类演化和育种中的作用

王冲¹, 谷雪蝶¹, 张博^{1,4}, 罗煜翔¹, 唐颖¹, 韦廷楚^{1,4}, 贺羽¹,
张纯², 周毅², 陶敏², 刘启智², 殷琦丰⁵, 刘少军², 李艳¹, 张亚平^{1,3,4},
罗静^{1,4,5*}

1.云南大学生命科学学院、生态与环境学院, 生物交叉技术创新中心, 云南昆明 650500, 中国 2.湖南师范大学生命科学学院, 多倍体鱼繁殖与育种技术教育部工程研究中心, 岳麓山实验室, 湖南长沙 410081, 中国 3.中国科学院昆明动物研究所, 遗传进化与动物模型全国重点实验室, 云南昆明 650223, 中国 4.西南联合研究生院, 云南昆明 650092, 中国 5. 云南高原土著鱼类研究院, 云南昆明 652115, 中国

摘要: 现有的研究表明, 鲤科鱼类多个支系的演化历程不符合二分叉树状结构的特征。本团队研究通过整合鲤科鱼类演化生物学、基因组学与育种领域的多种证据, 识别杂交潜力较高的演化支系, 并评估其在水产遗传改良中的应用价值。网状演化的证据包括: 基因树与物种树之间的拓扑冲突、支系特异性基因流信号, 以及已报道天然杂交体系分布。随后, 我们对比两类杂交后演化路径——伴随基因渐渗的同倍体杂交与杂交后多倍化, 并探讨二者对鲤科鱼类现有格局的贡献。我们的研究发现: 鲤科鱼类中, 杂交、基因渐渗与多倍化共同塑造了其遗传变异、重塑支系分化格局, 这种格局为选育优良种质资源提供究竟从哪些类群中选取提供了理论支持。综上, 我们已初步构建出一套预测分析框架, 整合系统发育、细胞遗传学与多组学信息, 用以评估物种杂交潜力、杂交后代基因组稳定能力, 并筛选具备应用前景的亲本种质资源。

关键词: 杂交育种; 基因渐渗; 多倍化; 网状演化

资助项目: 无

通信作者: 罗静, 女, 教授, E-mail: jingluo@ynu.edu.cn

元江鲤与大鳞裂峡鲃杂交F₁代胚胎发育

何梦婷, 李舒楠, 马兴右, 李雅娟, 武祥伟

1.云南农业大学动物科学技术学院, 云南 昆明 650201

摘要: 为探究大鳞裂峡鲃与元江鲤远缘杂交 F₁代的可存活能力, 进行了正交(大鳞裂峡鲃♀×元江鲤♂)与反交(元江鲤♀×大鳞裂峡鲃♂)试验。结果显示, 反交受精率(49.37%)显著高于正交(41.77%, $P<0.05$), 但孵化率(17.79%)低于正交(25.05%); 正交仔鱼 2~3 d 内全部死亡, 反交畸形率 17.67%。两组胚胎均经历 7 阶段 21 时期, 正交发育较快(囊胚期显著), 出膜时间介于亲本间, 呈母本效应。反交 20 日龄仔鱼体长(2.0 ± 0.18)cm, 显著大于大鳞裂峡鲃仔鱼(0.82 ± 0.17)cm, 具生长优势。以元江鲤为母本的反交组在受精、存活与生长方面更具优势, 为鲤科鱼类种质创新提供新路径。

关键词: 大鳞裂峡鲃; 元江鲤; 远缘杂交; 胚胎发育; 杂种优势

资助项目: 云南省“兴滇英才支持计划”(XDYC-QNRC-2023-0423)

通讯作者: 武祥伟, 博士, 副教授, E-mail: xwwu@ynau.edu.cn

不同水流胁迫对鲤生长、抗氧化、免疫及肠道消化功能的影响

刘莹, 王硕, 冯荻, 王梦娇, 许宇悦, 王磊*

河南师范大学水产学院, 河南新乡, 453007

摘要: 本研究探讨了不同水流胁迫对鲤 (*Cyprinus carpio*) 的生长、血清生化指标、肝脏抗氧化能力及肠道消化功能的影响。将 360 尾初始体重为 63.47 ± 28.75 g 的鲤随机分为 4 组: 对照组 (CG, 0 bl/s)、低流速组 (LF, 1 bl/s)、中流速组 (MF, 2 bl/s) 和高流速组 (HF, 3 bl/s)。先进行 12 周水流胁迫, 再停流养殖 12 周。结果表明, 水流胁迫显著提高了鲤的生长性能和消化效率。LF 组的天冬氨酸氨基转移酶 (AST) 和丙氨酸氨基转移酶 (ALT) 水平显著降低 ($P < 0.05$), 而 MF 组的总蛋白 (TP) 和碱性磷酸酶 (ALP) 水平则显著升高 ($P < 0.05$)。皮质醇 (COR) 水平随流速增加而逐渐升高, HF 组的水平显著高于 CK 组 ($P < 0.05$)。肝脏抗氧化能力方面: LF 组过氧化氢酶 (CAT) 和总抗氧化能力 (T-AOC) 均有所增加 ($P < 0.05$), 而 HF 组谷胱甘肽过氧化物酶 (GSH-Px) 活性则有所下降 ($P < 0.05$)。在水流停止后的恢复阶段, CK 组与 HF 组之间的 COR 和 GSH-Px 水平无显著差异。综上所述, 适度的水流胁迫 (1~2 bl/s) 可增强鲤的肝脏抗氧化能力和免疫功能, 而较高的水流胁迫 (3 bl/s) 虽能促进生长, 但会诱发应激、损害免疫功能并增加患病风险。本研究为优化鲤在养殖循环水养殖系统 (RAS) 中的水流参数提供了依据。

关键词: 鲤; 水流; 抗氧化能力; 免疫; 肠道消化

资助项目: 国家自然科学基金项目 (31602149)

通讯作者: 王磊, 男, 博士, 副教授, 硕士生导师, 主要从事循环水流速调控鱼类肌纤维形成机制的研究, 电话: 0373-3326530, E-mail: wanglei201912@htu.edu.cn

一株鲫鱼源致病性希瓦氏菌(*Shewanella* sp.)XWfb1生长特性、全基因组测序及比较基因组分析

赵彦华^{1*}, 孙立², 姜虎成¹, 薛晖¹

1 江苏省淡水水产研究所, 南京 210017; 2 江苏海洋大学, 连云港 222005

摘要:【背景】从江苏金坛一养殖场患病鲫鱼中分离到一株主要致病菌希瓦氏菌 XWfb1。【目的】研究希瓦氏菌 XWfb1 菌株的生长特性, 解析菌株 XWfb1 的全基因组信息, 基于基因组数据解析其进化地位, 挖掘其毒力与耐药基因分布特征, 为阐明致病机制及耐药风险防控提供理论依据。【方法】观察对比希瓦氏菌 XWfb1 的生长曲线和环境胁迫下的生长特性。结合 Illumina 和 PacBio 平台对 XWfb1 进行全基因组测序, 利用混合组装策略完成基因组拼接, 进行基因预测、功能注释并采用 PCR 验证关键基因表达; 通过系统发育树和比较基因组学分析其进化关系。【结果】希瓦氏菌 XWfb1 对短期热激耐受能力良好, 可以适应中高盐度环境[3% (w/v) NaCl], 基因组总长度为 5 036 139 bp, GC 含量 45.31%, 包含 4 282 个编码基因和 138 个非编码基因。功能注释显示各数据库分别注释基因 4 282(NR)、1 476(GO)、3 544(COG)、2 408(KEGG)和 2 660(SWISS)个。系统发育分析表明, XWfb1 与 *S. oncorhynchi* Z-P2 亲缘关系最近(ANI 值 97.39%, DDH 值 87.5%), 基因组共线性分析显示其与近缘种存在局部重排现象。PCR 验证确认关键毒力基因 *lon*、*luxS*、*dksA*、*hem* 和 *fur* 均呈现高表达特征, 并检出耐药基因 *mcr-4* 和 *Sul1*。【结论】通过全基因组测序结果和比较基因组学分析, 菌株 XWfb1 可能属于鲑鱼希瓦氏菌(*S. oncorhynchi*), 目前此菌种 GenBank 仅有 4 株基因组数据, 本研究丰富了水产微生物资源库, 并揭示了其以运动性和免疫调控为主的毒力特征及多重耐药风险, 为水产致病菌的分子机制研究及精准防控提供了重要遗传学基础。

关键词: 鲫鱼; 全基因组测序; 希瓦氏菌; 基因注释; 比较基因组

资助项目: 国家大宗淡水鱼产业技术体系 (CARS-45)

通讯作者: 赵彦华, (1986-), 女, 副研究员, 研究方向为水生动物病害防控, Tel: 025-86581573,

E-mail: njzhaoyanhua@163.com

水流训练及停流后养殖对鲤生长、糖脂代谢和肠道代谢特征的影响

刘莹, 王梦娇, 许宇悦, 冯荻, 王硕, 王磊*

河南师范大学水产学院, 河南新乡, 453007

摘要: 本研究探讨前期水流训练及停流后对养殖鲤生长、糖脂代谢和肠道代谢特征的影响。将 360 尾鲤随机分为对照组及 1、2、3 bl/s 水流组, 训练 12 周后停流养殖 12 周; 选取特定生长率最高的 3 bl/s 与对照组, 测定糖脂代谢酶活、肌糖原及相关基因表达, 并开展粪便非靶向代谢组分析。结果显示, 水流训练显著提高鲤特定生长率, 3 bl/s 组最高; 停流后组间差异消失。第 12 周, 3 bl/s 组肠道酸性磷酸酶 (ACP) 活性升高、肌糖原降低, 粪便非靶向代谢组筛出 468 个差异代谢物 (DEMs)。第 24 周, 3 bl/s 组肠道 (PC)、血清己糖激酶 (HK) 和丙酮酸激酶 (PK) 活性显著降低 ($P < 0.05$), 血清卵磷脂胆固醇酰基转移酶 (LCAT) 活性显著升高 ($P < 0.05$), 脂代谢相关基因 *fabp2* 上调、*acaca* 下调, 粪便非靶向代谢组筛出 332 个 DEMs, 主要富集于胰高血糖素信号 (ko04922)、ABC 转运体 (ko02010) 和胰岛素分泌通路 (ko04911) 等通路。水流训练可促进鲤阶段性生长, 并在停流后持续影响糖脂代谢和肠道代谢特征。

关键词: 鲤; 水流训练; 糖脂代谢; 非靶向代谢组

资助项目: 国家自然科学基金项目 (31602149)

通讯作者: 王磊, 男, 博士, 副教授, 硕士生导师, 主要从事循环水流速调控鱼类肌纤维形成机制的研究, 电话: 0373-3326530, E-mail: wanglei201912@htu.edu.cn

新型溴系阻燃剂十溴二苯乙烷 DBDPE 暴露对鲤的毒性效应研究

李煜琦, 吴利敏, 李学军*

河南师范大学水产学院, 新乡 453007

摘要: 十溴二苯乙烷 (Decabromodiphenyl ethane, DBDPE) 作为一种新型溴代阻燃剂, 使用量和产量逐年上升, 已成为全球范围内广泛存在的新兴污染物, 在大气、水体、土壤、生物介质等中都有检出, 其环境安全问题备受关注。本研究以鲤 (*Cyprinus carpio*) 作为实验对象, 探究不同浓度 (0.1 μ g/L, 1 μ g/L, 10 μ g/L) DBDPE 暴露对鲤各组织的影响。结果表明, DBDPE 暴露导致肠、鳃、肝、肾组织损伤, 随着浓度的增加, 损伤加重。此外, 对肠道进行微生物多样性测序分析, 发现 DBDPE 暴露改变了鲤肠道菌群组成。有益菌丰度显著降低 ($P<0.05$)。通过 PICRUST2 预测的功能分布, 发现菌群中与氨基酸转运与代谢, 能量产生与转换和碳水化合物转运与代谢等相关代谢途径丰度升高。综上所述, DBDPE 暴露会引起鲤各组织器官的不同程度损伤, 改变肠道菌群组成。研究结果将为 DBDPE 对鱼类的毒性效应研究提供一定的理论依据。

关键词: 十溴二苯乙烷; 毒性效应; 损伤; 肠道菌群; 鲤

资助项目: 河南省现代农业产业技术体系 (HARS-22-16-G1); 河南省科技攻关项目 (成品油价格调整对渔业补助项目)

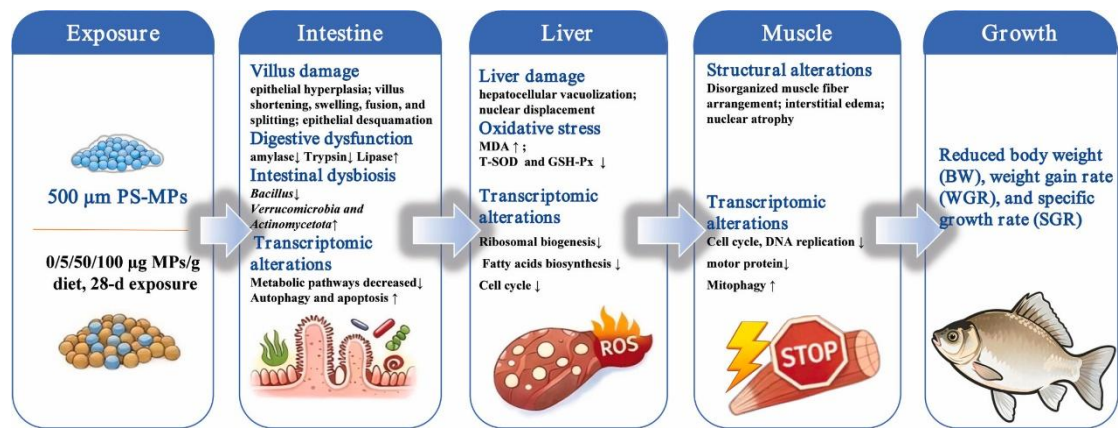
通讯作者: 李学军, 教授, 主要从事水产动物资源普查与遗传育种, E-mail: xjli@htu.edu.cn

聚苯乙烯微塑料通过肠-肝-肌肉轴抑制淇河鲫生长的分子机制

靳玉娇¹, 吕灵¹, 王延志¹, 李学军¹, 吴丽敏¹, 李永婧*

¹ 河南师范大学水产学院, 河南 新乡, 453007

摘要: 微塑料 (MPs) 作为新兴环境污染物, 对淡水经济鱼类的跨组织毒性及生长抑制机制尚不明确。本研究选取 500 μm 聚苯乙烯微塑料 (PS-MPs) 拌饲投喂淇河鲫 (*Carassius gibelio* var. Qihe) 28 天, 探究其对肠-肝-肌肉轴的系统性影响。为了模拟涵盖环境相关浓度范围, 本实验设置 4 个浓度梯度: 对照组 (0 $\mu\text{g/g}$ 饲料) 及低、中、高剂量组 (5、50、100 $\mu\text{g/g}$ 饲料)。结果显示, PS-MPs 呈剂量依赖性抑制鱼类生长, 高浓度组体重、增重率及特定生长率显著下降。组织病理学检测发现肠绒毛萎缩、肝细胞空泡变性及肌纤维结构紊乱; 生化分析表明肝脏出现氧化应激、肠道消化酶活性失调; 16S rRNA 测序显示肠道菌群失调, 有益菌减少、条件致病菌富集。转录组分析揭示肠与肝脏中自噬及凋亡通路激活, 肌肉中细胞周期、DNA 复制及运动蛋白相关基因广泛下调。综上, PS-MPs 可通过破坏肠道稳态、诱导肝脏氧化损伤并抑制肌肉生长相关分子通路, 进而阻碍淇河鲫正常生长。本研究为微塑料污染对水产养殖的风险评估提供了一定的理论依据。



关键词: 聚苯乙烯微塑料; 淇河鲫; 肠-肝-肌肉轴; 肠道菌群; 氧化应激

资助项目: 国家自然科学基金项目 (32403004); 河南省现代农业产业技术体系专项资金 (HARS-22-16-G1); 河南省水产种业关键技术研究专项

通信作者: 李永婧, 女, 博士, 讲师, 硕士生导师, 主要从事水产动物遗传育种研究。E-mail:

liyongjing@htu.edu.cn; 手机: 15560228731

补偿性生长与正常生长调控淇河鲫（*Carassius gibelio* var. Qihe）肌肉发育的不同分子机制：转录组学、组织学与生理学的整合分析

吕灵¹, 靳玉娇¹, 王延志¹, 李煜琦¹, 李学军¹, 吴利敏¹, 李永婧^{1*}

¹河南师范大学水产学院 河南新乡, 453007

摘要：硬骨鱼类肌肉生长受遗传与营养信号协同调控，但正常生长、饥饿诱导的生长抑制及补偿性生长三者间的区分机制尚不明确。本研究以淇河鲫（*Carassius gibelio* var. Qihe）为实验对象，设置 14 天饥饿后恢复投喂 14 天（补偿性生长组）与连续投喂 28 天（正常生长组）两种处理。采用形态学、生理学与转录组学整合分析方法，比较正常生长（C28 vs. C14）、饥饿抑制（F14 vs. C14）及补偿性生长（F28 vs. F14）三种生长模式的差异。结果表明：正常生长以肌纤维直径增大、糖原蓄积及细胞周期调控因子、运动蛋白与收缩组分上调为特征；饥饿则导致肌纤维显著萎缩、糖原耗竭，伴肝脏代谢酶（ALT、LDH）活性降低及糖酵解、脂质代谢、氨基酸生物合成通路全面抑制。恢复投喂后，补偿性生长可快速修复肌肉结构与生理功能，但其转录组特征并非饥饿状态的简单逆转，亦未回归正常生长程序，而是呈现独特的调控模式，表现为马达蛋白组装及胰岛素/AMPK 信号通路的优先激活。尤为重要的是，脂肪酸代谢基因在恢复投喂后仍持续受抑，提示存在代谢记忆效应。本研究揭示了淇河鲫不同生长模式特异的分子调控策略，为水产养殖中饥饿-再投喂策略的优化提供了理论依据。

关键词：禁食-再投喂；淇河鲫；补偿性生长；肌肉转录组；代谢重塑

资助项目：国家自然科学基金（32403004）；河南省农业科学研究系统专项基金（HARS-22-16-G1）；河南省水产种业重点科技攻关项目

通讯作者：李永婧，女，博士，讲师，硕士生导师，主要从事水产动物遗传育种研究。电话：15560228731，E-mail: liyongjing@htu.edu.cn

不同禁食-复喂策略对淇河鲫 (*Carassius gibelio* var. *Qihe*) 幼鱼生理生化指标以及生长性能的影响

王延志¹, 靳玉娇¹, 吕灵¹, 李煜琦¹, 李学军¹, 李永婧^{1*}

1.河南师范大学水产学院 河南新乡, 453007

摘要: 补偿性生长是鱼类重要的适应性响应, 对提升水产养殖投喂效率具有重要潜力。为筛选淇河鲫 (*Carassius gibelio* var. *Qihe*) 幼鱼最优禁食-复喂投喂策略, 阐明其补偿生长调控机制, 本研究将 2 月龄淇河鲫分为 4 组, S0 组 (连续投喂 28 天)、S2 组 (4 个周期, 每个周期禁食 2 天、复喂 5 天)、S4 组 (禁食 4 天、复喂 24 天) 及 S8 组 (禁食 8 天、复喂 20 天), 系统比较不同投喂模式下生长性能、肌肉组织形态、生化响应及肌肉转录组特征。结果显示, 经过 28 天的养殖实验, S4 组体长、体重显著高于其余各组, 呈现超补偿生长。组织学分析进一步表明, S4 组肌肉生长主要与肌纤维增生相关。不同投喂模式亦诱导肝脏抗氧化酶与代谢酶活性、肠道消化酶活性发生特异性改变。转录组分析揭示, 补偿性生长过程中叉头框 O (FoxO) 信号通路显著富集, 血清/糖皮质激素调节激酶 1 (sgk1) 及胰岛素受体底物 1 (irs1) 等关键基因被预测在该过程中发挥重要作用。综上, 禁食 4 天后复喂 24 天为诱导淇河鲫幼鱼补偿性生长的最优策略。本研究为阐明补偿性生长的形态、生理及分子基础提供了新见解, 并为该物种高效可持续投喂策略的制定奠定了科学基础。

关键词: 补偿生长; 淇河鲫; 酶活性; 肌肉转录组; FoxO 信号通路

资助项目: 国家自然科学基金 (32403004); 河南省农业科学研究系统专项基金 (HARS-22-16-G1); 河南省水产种业重点科技攻关项目

通讯作者: 李永婧, 女, 博士, 讲师, 硕士生导师, 主要从事水产动物遗传育种研究。电话: 15560228731, E-mail: liyongjing@htu.edu.cn

肉桂醛抗鲫鱼维氏气单胞菌的效果及机制解析

吴俣，朱霞，王璐，杨移斌*

中国水产科学研究院长江水产研究所，武汉，430000

摘要：为探究肉桂醛对引起鲫鱼败血症、出血性腹水等疾病病原的抑制作用，通过测定其对维氏气单胞菌的最小抑菌浓度(MIC)、最小杀菌浓度(MBC)和时间杀菌曲线、DNA 和蛋白质泄漏检测以及生物被膜等，系统分析了肉桂醛对病原菌的抑制作用及其机制。结果显示，肉桂醛对维氏气单胞菌 MIC 和 MBC 值均为 0.25 μ g/mL，在 MIC 浓度下，肉桂醛在 3 小时内可完全杀死病原菌。与对照组相比，肉桂醛处理组细菌细胞体外 DNA 和蛋白质泄漏量显著上升($P<0.05$)，且抑制其生物被膜形成等。人工感染试验表明与对照组相比，饲喂含有肉桂醛的处理组能减少彭泽鲫感染维氏气单胞菌后的死亡量，抑制 *TNF- α* 、*IL-1 β* 、*L-10*、*TGF- β 1* 炎症因子 mRNA 的表达($P<0.05$)。总之，肉桂醛能通过破坏维氏气单胞菌生物膜结构，促使细胞体内 DNA 及蛋白质泄漏，加速细菌死亡，并且通过降低鱼体的炎症反应，减少鱼体感染病原菌后死亡量。

关键词：肉桂醛；维氏气单胞菌；鲫鱼；抗菌机制

资助项目：国家重点研发计划（2023YFD2400705），中国水产科学研究院中央级公益性科研院所基本科研业务费专项（2023TD47）

通讯作者：杨移斌，男，副研究员主要从事鱼病害与免疫研究，E-mail: yangyb1988@126.com

乌鳢性别决定关键基因的鉴定及其功能机制研究

孙超男¹, 孙冬磊¹, 王威驰¹, 齐鑫^{1,2}, 温海深^{1,2}, 李昀^{1,2,*}

1. 中国海洋大学 水产学院, 青岛 266003

2. 山东省海水绿色养殖与智慧渔业重点实验室, 青岛 266003

摘要: 乌鳢 (*Channa argus*) 是我国重要的淡水养殖经济鱼类, 养殖年产量已超过 60 万吨。乌鳢雄性个体生长速度显著快于雌性, 因此解析其性别决定机制对于开展全雄育种和提高养殖经济效益具有重要意义。本研究表明, 乌鳢具有雄性异配型 (XX/XY) 性别决定系统, 通过遗传关联分析将乌鳢的性别决定区间定位于 18 号染色体约 190 kb 的基因组区域, 并在该区域内鉴定出性别决定候选基因 *id2* (Inhibitor of DNA binding 2, DNA 结合抑制蛋白 2)。表达谱分析数据表明 *id2* 在乌鳢性腺分化过程中呈现显著的雌性偏好性表达模式。利用 CRISPR-Cas9 技术对 *id2* 进行基因敲除, XX 纯和突变体表现为卵巢向精巢的性逆转。同时, 在性别分化关键期 (6-40dph) 进行 *id2* 的体内敲降实验, 当 XX 个体中 *id2* 的表达水平降至 XY 个体的内源表达水平以下时, 其卵巢可完全逆转为精巢。此外, *id2* 的体外过表达及敲降均可显著改变 *dmrt1*、*wt1*、*hsd17b1* 等雌雄性别分化通路相关基因的表达。上述结果共同证实 *id2* 在乌鳢性别决定中的关键作用。为进一步解析 *id2* 雌性偏向性表达的上游调控机制, 基于高质量单倍型基因组组装, 鉴定到一段 2.5 kb 的 Y 染色体特异性非编码插入序列。Hi-C 分析结果显示, 在 XY 雄鱼中该插入序列与 *id2* 启动子间形成跨度约 100 kb 的染色质环; 而在 XX 雌鱼和 XY 伪雌鱼中发生明显的拓扑重构。上述结果提示, Y 染色体特异性非编码插入可能通过远程染色质互作抑制 *id2* 的转录, 形成其雌性高、雄性低的性别偏向性表达模式, 进而决定乌鳢的性别。本研究系统鉴定并验证了乌鳢性别决定关键基因 *id2*, 揭示了 Y 染色体特异性非编码序列介导其远程调控的潜在机制, 为乌鳢性别控制育种提供了理论依据及关键分子靶点。

关键词: 乌鳢; 性别决定; *id2* 基因; 基因编辑; 非编码调控

资助项目: 国家自然科学基金 (32503169), 中国博士后科学基金 (2025M783170, GZC2025005), 山东省自然科学基金 (ZR2024QC027), 山东省渔业产业技术体系 (SDAIT-12-03)

通讯作者: 李昀, 教授, 研究方向为鱼类基因组与鱼类遗传育种, E-mail: yunli0116@ouc.edu.cn

不同流速对大口黑鲈和青海湖裸鲤幼鱼肌肉发生及生理适应的影响

胡一帆¹, 徐来¹, 刘巧¹, 倪钰琦¹, 颜浩骁¹, 都雪¹, 赵柳兰¹, 杨淞^{1, 2}

¹ 四川农业大学 水产学院, 成都, 611130; ² 水产健康与智慧养殖四川省重点实验室

摘要:【目的】比较流速对大口黑鲈 (*Micropterus salmoides*) 和青海湖裸鲤 (*Gymnocypris przewalskii*) 幼鱼肌肉发生的影响。【方法】分别设置 0–2.4 和 0–3.6 BL/s 梯度, 训练 60 d, 测定生长、肌肉结构、生长信号、抗氧化和能量代谢指标。【结果】大口黑鲈在 1.2 BL/s 下增重和肌纤维肥大最明显, 2.4 BL/s 时 MuRF1、Atrogin-1 和 ROS 升高; 青海湖裸鲤在 2.4 BL/s 下增重率最高, IGF-AKT/mTOR 促合成和脂氧化增强, 3.6 BL/s 下摄食与生长下降, FoxO 相关分解、糖酵解及氧化损伤增强。【结论】流速对肌肉生长存在物种特异的适宜区间; 适度流速促进合成代谢与结构重塑, 过高流速则因能量和氧化负荷抑制生长。

关键词: 流速训练; 肌肉生长; 大口黑鲈; 青海湖裸鲤; 能量代谢

资助项目: 四川省自然科学基金 (编号: 2024NSFSC2069) 和四川省淡水鱼创新团队 (编号: SCCXTD-2026-15)

通讯作者: 杨淞, 男, 博士, 教授, 水产动物健康养殖与鱼类抗逆选育研究, 电话: 13882435610,

E-mail: ysys210@hotmail.com

大口黑鲈抗病耐热育种的基础研究与应用转化

胡鹏*

上海海洋大学水产种质资源发掘与利用教育部重点实验室，水产与生命学院，上海 201306

摘要：大口黑鲈（*Micropterus salmoides*）是我国淡水养殖的重要经济物种，年产值超百亿元，被誉为“第五条家鱼”。然而，大口黑鲈虹彩病毒（Largemouth bass ranavirus, LMBV）病与全球变暖加剧的热应激，已成为制约产业绿色发展的两大瓶颈。目前，抗病抗逆性状的遗传调控的分子机制尚不清晰，苗种期高效筛选手段缺失，严重阻碍品种培育。本研究构建 LMBV 感染与高温胁迫模型，联合染色体构象捕获（4C-seq）、染色质可及性（ATAC-seq）及单细胞多组学分析技术，绘制含 716 个互作位点的病毒-宿主三维互作图谱，并锁定 Stat1、Sp1 等 35 个枢纽转录因子，其可能介导跨物种染色质互作从而促进病毒复制。体内 LNP-siRNA 靶向抑制 Sp1/Cebpa 可显著增强抗病毒能力。高温胁迫下，枢纽因子 Sp1、Atf4 等调控内质网应激与细胞凋亡相关基因，结合高通量 CRISPR 筛选，鉴定出影响高温耐受性的候选因子。上述结果为抗病耐热育种提供了候选靶标。此外，我们研发便携式塘口病原快检检测，并融合大数据与物联网构建数字化评估系统，形成从分子靶标挖掘、功能验证到个体抗性表型快速评估的育种体系，为大口黑鲈抗性分子育种提供理论依据与实用工具。

关键词：大口黑鲈；虹彩病毒病；高温耐受；表观遗传调控；精准育种

资助项目：国家自然科学基金青年育种专项（32341061）；国家重点研发青年科学家项目（2023YFD2402100）

通讯作者：胡鹏，男，博士，教授，研究方向为鱼类功能基因组学与育种，E-mail: P.H. (phu@shou.edu.cn)

整合转录组学和蛋白质组学分析揭示了大口黑鲈感染异形锁钩虫后的鳃损伤与免疫反应

王子予^{a,b}, 龚佳奇^{a,b}, 曾庆添^c, 王帅^{a,b}, 李宁求^c, 余小飞^{a,b}, 赵大显^{a,b*}

^a南昌大学生命科学学院, 江西 南昌 330031; ^b水产种质创新与利用江西省重点实验室, 江西 南昌 330031; ^c中国水产科学研究院珠江水产研究所, 广东 广州 510145

摘要: 异形锁钩虫 (*Onchocleidus dispar*) 是一种寄生于养殖大口黑鲈 (*Micropterus salmoides*) 鳃部的单殖吸虫, 其大量寄生会严重破坏鳃丝结构, 诱发呼吸功能障碍和渗透压失衡, 已成为制约大口黑鲈健康养殖的重要病害之一。本研究建立共栖实验感染模型, 以表征异形锁钩虫感染后大口黑鲈的鳃组织损伤, 并探究其转录组和蛋白质组应答。组织病理学检查显示, 感染鱼鳃组织出现明显病变, 包括上皮细胞增生、鳃小片融合、炎性细胞浸润、鳃小片基部水肿和充血, 以及上皮坏死与脱落。RNA 测序共鉴定出 1,497 个差异表达基因 (DEGs), 其中上调 846 个、下调 651 个; 定量蛋白质组学共鉴定出 308 个差异表达蛋白 (DEPs), 其中上调 113 个、下调 195 个。功能富集分析表明, DEGs 和 DEPs 主要涉及免疫应答、溶酶体、吞噬体、细胞凋亡、细胞因子-细胞因子受体相互作用、NF- κ B 信号通路及 PPAR 信号通路。进一步采用 qRT-PCR 和平行反应监测 (PRM) 分别验证了部分基因和蛋白质的表达模式, 结果支持组学数据的可靠性。综上, 本研究系统揭示了异形锁钩虫感染相关的大口黑鲈鳃组织损伤及宿主分子应答, 并提示炎症调控、细胞死亡、吞噬体-溶酶体活性和代谢重塑可能参与大口黑鲈与异形锁钩虫的相互作用过程。

关键词: 大口黑鲈; 异形锁钩虫; 鳃损伤; 转录组学; 蛋白质组学

资助项目: 江西省重点研发计划项目 (20243BBH81025)

通讯作者: 赵大显, 男, 博士, 教授, 博士生导师, 主要从事水产动物良种繁育与健康养殖,

电话: 13707086753, Email: zhaodaxian@ncu.edu.cn

全基因组关联分析挖掘大口黑鲈蛙虹彩病毒抗性分子标记

徐悦，马瑞君，贾志霖，陈栋才，张猛*

河南师范大学水产学院，河南新乡，453007

摘要：大口黑鲈蛙虹彩病毒（Largemouth Bass Ranavirus, LMBV）感染已成为影响大口黑鲈（*Micropterus salmoides*）养殖产业发展的重要因素。个体间抗 LMBV 能力差异为抗病群体选育提供了遗传基础，挖掘相关遗传变异并筛选分子标记对抗病选育具有重要意义。然而，目前大口黑鲈抗 LMBV 相关遗传位点及候选分子标记资源仍较为有限。本研究采用 LMBV-23PY 毒株开展攻毒试验，根据攻毒后个体存活状态划分抗病组和易感组，并随机选取 146 尾个体开展全基因组重测序分析，其中包括 72 尾易感个体和 74 尾抗病个体。基于 SNP、InDel 和结构变异（structural variants, SVs）等多类型遗传变异开展全基因组关联分析，筛选与抗 LMBV 性状相关的候选遗传标记位点。结果显示，共获得 39 个潜在抗 LMBV 相关候选标记位点，包括 26 个 SNP 位点、6 个 InDel 位点和 7 个 SV 位点。本研究从 SNP、InDel 和 SV 三个层面筛选获得大口黑鲈抗 LMBV 候选分子标记资源，为进一步解析抗 LMBV 性状遗传基础及开展抗病群体选育提供了理论依据和候选标记资源。

关键词：大口黑鲈蛙虹彩病毒；分子标记；全基因组关联分析；群体选育

资助项目：浙江省淡水水产研究所（农业农村部淡水渔业健康养殖重点实验室）开放课题（ZJK202505）

通讯作者：徐悦、女、硕士在读、研究方向为大口黑鲈种质资源、17895485338、E-mail: happyxyl@163.com

大口黑鲈蛙虹彩病毒抗性相关结构变异的挖掘与分型

徐悦, 贾志霖, 陈栋才, 马瑞君, 申亚伟, 张猛*

河南师范大学水产学院, 河南新乡, 453007

摘要: 大口黑鲈蛙虹彩病毒 (Largemouth Bass Ranavirus, LMBV) 是危害大口黑鲈 (*Micropterus salmoides*) 养殖产业的重要病毒性病原, 感染后可导致较高死亡率并造成严重经济损失。不同遗传背景个体对 LMBV 的抗病能力存在显著差异, 挖掘抗性相关遗传变异并开发分子标记, 对于抗病品种选育具有重要意义。本研究选取家系个体开展 LMBV-23PY 攻毒试验, 根据攻毒后个体存活状态进行抗病性评价, 将死亡个体定义为易感组, 存活个体定义为抗病组。从易感组和抗病组中分别随机选取 10 尾个体开展全基因组重测序分析, 并基于结构变异 (structural variants, SVs) 基因型信息开展全基因组关联分析, 筛选潜在抗 LMBV 相关候选 SV 位点。进一步综合考虑 SV 片段长度特征及 PCR 分型可行性, 筛选适用于低成本检测的候选标记。结果显示, 共获得 8 个潜在抗 LMBV 相关 SV 候选位点, 其中 7 个位点成功开发 PCR 分型标记。本研究基于家系攻毒群体开展了大口黑鲈抗 LMBV 相关结构变异挖掘及分型标记开发, 为后续群体验证及分子标记辅助育种提供了候选标记资源。

关键词: 大口黑鲈蛙虹彩病毒; 结构变异; 家系选育; 标记分型

资助项目: 浙江省淡水水产研究所 (农业农村部淡水渔业健康养殖重点实验室) 开放课题 (ZJK202505)

通讯作者: 徐悦、女、硕士在读、研究方向为大口黑鲈种质资源、17895485338、E-mail: happyxyl@163.com

大口黑鲈幼鱼不同剩余采食量组间消化酶活性差异研究

马瑞君⁴, 贾志霖^{1,2}, 徐悦¹, 高炯¹, 申亚伟¹, 乔志刚¹, 张猛^{1,2,*}

1. 河南师范大学水产学院, 河南新乡, 453007

2. 济源市宏基鲟鳇养殖有限公司, 河南济源, 459018

摘要: 为探究不同剩余采食量 (Residual Feed Intake, RFI) 组间大口黑鲈 (*Micropterus salmoides*) 幼鱼的胃和肠道消化酶活性差异, 本研究通过单网箱养殖获取 326 尾大口黑鲈幼鱼的 RFI 表型, 并根据 RFI 表型值选取高 (HRFI, RFI 值最大, n=8)、中 (MRFI, RFI 值最接近 0, n=8)、低剩余采食量 (LRFI, RFI 值最小, n=8) 三组幼鱼, 测定其胃和肠道消化酶活性。结果发现, 三组幼鱼胃中胃蛋白酶、 α -淀粉酶和脂肪酶活性均无显著差异; 肠道方面, 胰蛋白酶活性在三组间差异显著: 前肠表现为 LRFI 组显著高于 HRFI 组和 MRFI 组 ($P<0.05$); 中肠表现为 HRFI 组显著低于 MRFI 组和 LRFI 组 ($P<0.05$); 后肠则表现为 HRFI 组显著高于 MRFI 组和 LRFI 组 ($P<0.05$); 三组幼鱼前肠和后肠的脂肪酶和 α -淀粉酶活性均无显著差异。结果表明, 不同 RFI 组幼鱼胃部主要消化酶活性无明显差异, 而肠道胰蛋白酶活性变化可能参与不同 RFI 表型形成。LRFI 组幼鱼较高的前肠胰蛋白酶活性可能有助于其蛋白质消化能力提升, 并为高饲料利用效率提供一定生理依据, 相关结果可为大口黑鲈 RFI 性状的遗传改良提供理论参考。

关键词: 剩余采食量; 大口黑鲈; 消化酶活性; 胃; 肠道

资助项目: 河南省科技攻关 (262102110075); 河南省科技副总 (HNFZ20251518)

通讯作者: 马瑞君, 女, 硕士在读, 研究方向为大口黑鲈饲料效率性状遗传改良、13419876018、

E-mail: 15139457675@163.com.

大口黑鲈幼鱼不同剩余采食量组间肠道组织形态差异研究

马瑞君⁵, 徐悦¹, 贾志霖^{1,2}, 马逍¹, 陈栋才¹, 申亚伟¹, 乔志刚¹, 张猛^{1,2,*}

1. 河南师范大学水产学院, 河南新乡, 453007

2. 济源市宏基鲟鳇养殖有限公司, 河南济源, 459018

摘要: 肠道组织形态与鱼类消化吸收能力密切相关, 是评价肠道功能的重要指标之一。然而, 不同剩余采食量 (Residual Feed Intake, RFI) 大口黑鲈 (*Micropterus salmoides*) 幼鱼间肠道组织结构差异尚不明确。基于此, 本研究以单网箱养殖群体为材料, 测定 326 尾大口黑鲈幼鱼的 RFI 表型, 从中筛选高 (HRFI, RFI 值最大, $n=8$)、中 (MRFI, RFI 值最接近 0, $n=8$)、低剩余采食量 (LRFI, RFI 值最小, $n=8$) 三组幼鱼, 制作前肠、中肠及后肠组织切片, 比较不同 RFI 组幼鱼各肠段肌层厚度、绒毛长度与绒毛宽度差异。结果显示, 前肠方面, MRFI 组肌层厚度显著低于 HRFI 组和 LRFI 组 ($P<0.05$), LRFI 组绒毛长度和宽度均显著高于 HRFI 组 ($P<0.05$); 中肠方面, 三组幼鱼肌层厚度存在显著差异, 表现为 MRFI 组显著高于 HRFI 组和 LRFI 组 ($P<0.05$), LRFI 组绒毛长度显著高于 HRFI 组和 MRFI 组 ($P<0.05$), MRFI 组绒毛宽度显著高于 HRFI 组和 LRFI 组 ($P<0.05$); 后肠方面, LRFI 组肌层厚度和绒毛宽度均显著高于 HRFI 组和 MRFI 组 ($P<0.05$)。综上, 不同 RFI 组大口黑鲈幼鱼肠道组织形态存在明显差异, 其中 LRFI 组表现出较长的前肠绒毛以及较厚的后肠肌层等组织结构特征, 提示其肠道结构可能更有利于营养物质吸收, 并为较高饲料利用效率提供一定组织形态学依据。本研究从肠道组织形态角度揭示了大口黑鲈 RFI 性状差异的潜在生理基础, 为后续开展高饲料利用效率性状选育提供参考。

关键词: 剩余采食量; 大口黑鲈; 肠道; 形态

资助项目: 河南省科技攻关 (262102110075); 河南省科技副总 (HNFZ20251518)

通讯作者: 马瑞君, 女, 硕士在读, 研究方向为大口黑鲈饲料效率性状遗传改良、13419876018、

E-mail: 15139457675@163.com

运输前饲料添加壳聚糖通过调节抗氧化与炎症反应提高大口黑鲈幼鱼生理稳健性

赵洪峥，常羽林，王畅，何钰云，赵艺然，董怡晨，黄旭雄，钟国防*

上海海洋大学水产与生命学院，上海 201306

摘要：运输应激是导致幼年大口黑鲈鱼苗损失的重要因素。探索安全高效的抗应激营养策略对绿色水产养殖具有重要意义。本研究旨在探究壳聚糖作为幼年大口黑鲈鱼运输前营养添加剂的适宜添加量及其抗应激保护机制。共制备了五组饲料，壳聚糖添加量分别为 0 至 10.0 g/kg，并连续投喂幼鱼 56 d。从中筛选出最佳添加水平，将 0 和 5.0 g/kg 两组进行 12 h 模拟运输应激处理，检测其生长、消化、抗氧化及免疫指标，并分析 Nrf2-Keap1 和 NF- κ B 通路相关基因的表达情况。结果表明，5.0–7.5 g/kg 的壳聚糖显著改善了幼鱼的生长性能和免疫功能；在运输应激条件下，5.0 g/kg 组的血清丙二醛（MDA）水平显著降低，抗氧化酶活性更稳定，有效抑制了促炎因子的过度诱导，减轻了氧化损伤和炎症反应。研究表明，在饲料中添加 5.0 g/kg 壳聚糖可通过调节抗氧化和炎症信号通路来减少运输应激造成的损害，可作为绿色水产养殖中一种高效的运输前营养调控措施。

关键词：壳聚糖；大口黑鲈；运输应激；免疫反应；嗜水气单胞菌

资助项目：无

通讯作者：钟国防，男，农学博士，高级工程师，研究方向为水产动物营养与饲料科学，电话：15692165176，E-mail: gfzhong@shou.edu.cn

团头鲂耐低氧关键基因发掘及分子标记开发

谢瑞琳¹, 郭焕娣¹, 罗媛媛¹, 黄文², 阮灼豪², 刘文生^{1*}

1. 华南农业大学 海洋学院, 2 广东省农业科学院动物科学研究所, 广州 510642

摘要: 团头鲂是我国重要淡水经济养殖鱼类, 养殖过程中因水体溶解氧波动导致的低氧胁迫常造成严重经济损失, 制约产业高质量发展。本研究以团头鲂为对象, 通过构建急性低氧胁迫模型 ($DO=0.3\pm0.1$ mg/L), 以鱼体腹部翻转 (LOE) 为评价指标, 筛选获得低氧敏感群体 (HS) 与低氧耐受群体 (HT)。基于 Illumina 高通量测序平台, 对脑垂体、脑、鳃及肝胰脏组织开展转录组学与代谢组学联合分析, 共获得差异表达基因 5461 个, 筛选出 *nos2*、*hif1a*、*epo*、*vegfa*、*hmox1*、*hiflan*、*gapdh*、*eno3*、*trib3*、*cpt1a*、*fscn1*、*ldlr* 等与低氧应答密切相关的关键基因。首次发现团头鲂脑垂体在低氧胁迫下 *vegfa*、*nos2*、*hmox1*、*hiflan*、*eno3*、*fscn1* 等基因表达差异极显著, 提示脑垂体在低氧应答调控中发挥重要作用; KEGG 富集分析表明 HIF-1 信号通路被显著激活。多组学联合分析首次揭示, 低氧胁迫下鳃组织中甲状旁腺激素通路被激活, 推测其通过促进钙离子调节气体分泌功能增加鱼鳔浮力, 参与“浮头”行为的调控。通过 Sanger 测序在 *gapdh* 基因中鉴定出 5 个外显子 SNPs 位点 (CM032046.1-14321011 C/T、CM032046.1-14321746 G/A、CM032046.1-14321966 G/A、CM032046.1-14323457 C/T、CM032046.1-14323789 C/A), 在 *trib3* (CM032054.1-14318996-/GTT) 和 *eno3* (CM032057.1-1664597-/CCGACC) 中各鉴定出 1 个 InDel 位点, 上述位点在低氧敏感与耐受群体间的基因型频率和等位基因频率均呈极显著差异。单倍型分析确定 DCGCTGD 为耐低氧优势单倍型 (OR=1.416, 95%CI:1.051–1.911), DCGCTGI、ICGCTGI 为低氧敏感关联单倍型 (OR=0.504、0.159), 可为团头鲂耐低氧新品种分子选育提供科学依据。

关键词: 团头鲂; 耐低氧; 多组学联合分析; SNP; 单倍型

资助项目: 国家重点研发计划项目“鳊鱼种质改良与优质耐低氧新品种培育” (2022YFD2400602)

通讯作者: 刘文生, 男, 博士, 教授, 研究方向为水产动物遗传育种与健康养殖, E-mail: wslu@scau.edu.cn

厚颌鲂（♀）与团头鲂（♂）杂交F₁代生物学特性的初步研究

刘文峰^{1,2}, 侯文旭¹, 刘霞¹, 罗辉¹, 叶华^{1,*}

1.西南大学水产学院, 重庆 402460; 2.西南大学宜宾研究院, 四川宜宾 644000

摘要: 厚颌鲂 (*Megalobrama pellegrini*) 与团头鲂 (*Megalobrama amblycephala*) 均为鲤科鲂属高经济价值养殖鱼类。为创制具有杂交优势的鲂属类鱼种, 本研究以厚颌鲂为母本 (♀)、团头鲂为父本 (♂) 进行人工杂交育种。初步研究分析杂交F₁代的生长、肉质、肠道菌群及分子调控机制。结果显示: 在20.5°C水温下, 杂交F₁代 (HT) 与厚颌鲂自繁组 (HH) 胚胎发育时序基本一致, 但HT组出膜时间略晚, 畸形率显著高于HH组 ($P<0.05$); 90日龄时HT组体高、头长等形态指标均显著优于HH组 ($P<0.05$), 湿重为HH组的1.56倍。肌肉营养成分分析表明, 杂交F₁代的粗蛋白含量显著高于HH组 ($P<0.05$), 其必需氨基酸、呈味氨基酸含量及n-3 PUFA总量均具显著优势 ($P<0.05$)。16S rRNA测序显示, HT组肠道菌群物种丰富度和多样性显著低于HH组 ($P<0.05$), 两组菌群结构存在显著分离, HT组变形菌门相对丰度显著高于HH组 ($P<0.05$), 厚壁菌门相对丰度较低。转录组与代谢组联合分析共筛选出497种差异代谢物与2359个显著差异表达基因, 二者共同富集于蛋白质消化与吸收、钙信号通路、cAMP信号通路等通路; 通过相关性分析筛选得到*scarb1*、*gnpnat*、*slc2a2*等与关键代谢物显著相关的核心调控基因。本研究从生长、肉质营养、肠道菌群与分子水平初步揭示了厚颌鲂 × 团头鲂杂交F₁代的生长优势及潜在调控网络, 为鲂属鱼类杂种优势的遗传解析提供了重要候选靶点与理论依据。

关键词: 厚颌鲂 (♀) × 团头鲂 (♂) 杂交F₁代; 形态差异; 肌肉品质; 16S rRNA; 转录组-代谢组联合分析

资助项目: 长江上游特有鱼类厚颌鲂的繁养技术集成 (XNDX2022020004)

通讯作者: 叶华, 博士, 教授, 硕士生导师, 主要开展水产动物遗传育种相关教学和科研工作, E-mail: yhlh2000@126.com

团头鲂和翘嘴鲌人工远缘杂交体系耐低氧和生长优势遗传基础探究

王冲¹, 谷雪蝶¹, 张博^{1,4}, 罗煜翔¹, 周毅², 陶敏², 刘启智², 刘少军^{2*}, 李艳^{1*}, 张亚平^{1,3,4*}, 罗静^{1,4,*}

1.云南大学生命科学学院、生态与环境学院, 生物交叉技术创新中心, 云南昆明 650500, 中国; 2.湖南师范大学生命科学学院, 多倍体鱼繁殖与育种技术教育部工程研究中心, 岳麓山实验室, 湖南长沙 410081, 中国; 3.中国科学院昆明动物研究所, 遗传进化与动物模型全国重点实验室, 云南昆明 650223, 中国; 4.西南联合研究生院, 云南昆明 650092, 中国

摘要: 远缘杂交结合回交是水产种质定向改良的重要途径。合作单位湖南师范大学刘少军院士团队以团头鲂和翘嘴鲌为亲本进行杂交, 杂交子代再与团头鲂回交, 培育出国家级水产新品种杂交翘嘴鲌, 兼具生长与耐低氧优势, 但其双亲遗传重组规律及优势性状形成机制尚不明确。本研究完成杂交与回交子代的染色体水平单倍型基因组组装, 明确基因组亲本来源组成; 解析回交群体祖源结构, 鉴定 73 个跨个体偏倚共享的翘嘴鲌来源保留片段, 富集生长、代谢与应激相关候选基因; 转录组分析显示回交子代表达背景趋近团头鲂, 超亲本高表达基因富集到 HIF-1 信号通路, 与耐低氧优势密切相关; 联合表观组筛选出 *kdm4ab*、*prkg1a* 等调控生长的关键基因。综上, 本研究系统揭示了回交子代的遗传与表观调控基础, 为水产杂交育种机制解析与种质改良提供了重要数据支撑。

关键词: 团头鲂 × 翘嘴鲌; 远缘杂交; 回交; 表达重塑; 表观调控

资助项目: 无

通信作者: 罗静, 女, 教授, E-mail: jingluo@ynu.edu.cn

过氧化物酶体增殖物激活受体 γ (PPAR γ)、固醇调节元件结合转录因子2 (SREBF2) 与核受体亚家族1H成员3 (NR1H3) 对饲料鳊硬脂酰辅酶A去饱和酶1 (SCD1) 的转录调控机制

赵伟旭, 徐异桓, 张丽晗, 赵欣, 高肖微, 吴成宾*

河北农业大学, 河北秦皇岛, 066000

摘要: 依据前期转录组分析结果, 为探究功能性转录因子对 *scd1* 表达的调控作用, 本研究克隆鉴定长度为 1837 bp 的 *scd1* 启动子, 并构建一系列报告质粒用于启动子活性分析。同时, 分别检测摄食活饵料 (LF) 与人工配合饲料 (AD) 的鳊肝脏中 3 种关键转录因子过氧化物酶体增殖物激活受体 γ (PPAR γ)、固醇调节元件结合转录因子 2 (SREBF2) 及核受体 1H3 (NR1H3) 的 mRNA 与蛋白表达模式, 解析三者的调控功能。研究结果显示: 相较于摄食活饵料组, 摄食人工配合饲料的鳊肝脏中 PPAR γ 与 SREBF2 在 mRNA 和蛋白水平均呈高表达, 而 NR1H3 表达下调。*scd1* 基因启动子分析结果表明, PPAR γ 与 SREBF2 能够提升含有顺式作用元件的启动子片段活性, NR1H3 则发挥抑制作用。电泳迁移率变动分析 (EMSA) 证实, 上述三种转录因子均可特异性结合 *scd1* 启动子上对应的顺式作用元件。本研究阐明了 PPAR γ 、SREBF2 与 NR1H3 调控 *scd1* 基因表达的转录机制, 为揭示鳊适应人工饲料的分子机理提供理论依据。

关键词: 鳊鱼; 硬脂酰辅酶 A 去饱和酶 1; 启动子特征; 调控机制

资助项目: 国家自然科学基金 (32303030); 河北省自然科学基金 (C2021204089; V1654588161890, 236Z6701G); 河北省高等学校科学技术研究项目 (BJK2024012); 河北省淡水养殖创新团队名优特种类繁育及绿色高效养殖 (HBCT2023230205)

通讯作者: 吴成宾, 男, 博士, 副教授, 水产动物遗传育种与基因工程, E-mail: hyxywcb@hebau.edu.cn

基于长春鳊性别鉴定体系构建的全雌育种技术开发

徐文涛¹, 杨智景¹, 冯亚明¹, 顾海龙^{1,*}

¹江苏省农业科学院泰州农科所, 江苏泰州, 225300

摘要: 为开发长春鳊早期性别鉴定的特异性分子标记组合, 建立灵活适配不同场景的性别筛查方法, 并结合雌核发育技术探索全雌制种路径, 实现全雌化养殖提供技术支撑, 本研究以自主选育的鳊新品种为材料, 选取 40 尾性成熟后经解剖验证性别的长春鳊个体 (♀20+♂20), 剪取鳍条组织提取基因组 DNA。Illumina NovaSeq 6000 平台全基因组重测序(深度≥30×), GATK 检测 SNP 和 InDel 变异, 筛选雌雄个体间完全分化的遗传变异。针对候选标记设计特异性引物, 对 100 尾孵化后 40 天的鱼苗进行性别鉴定, 养殖至性成熟后解剖验证准确率。另在育种场对 1000 尾一月龄鱼苗开展大规模筛查应用验证。2026 年 6 月在靖江市滨江水产良种场开展人工雌核发育实验, 以鲫鱼、鲤鱼、鳊鱼异源精子和长春鳊同源精子经紫外灭活后诱导雌核发育, 冷休克法抑制第二极体排出。结果表明: (1) 获得两个完全分化的 SNP 标记和一个完全分化的 InDel 标记: SNP-Mt1 (Chr01:39702644, ♀T/T、♂A/A) 和 SNP-Mt2 (Chr01:39702659, ♀C/C、♂G/G) 紧密连锁于同一区域, InDel-Mt (Chr02:16356306, 雄性含 11bp 插入 GTCCAAGTGTG) 独立分布于另一染色体。(2) 100 尾鱼苗验证显示, InDel 标记雌性仅出现~219bp 条带、雄性出现~219bp 和~230bp 两条条带 (共显性), 两个 SNP 标记与性别完全对应, 100 尾个体养殖至性成熟解剖验证, 鉴定准确率达 100%。(3) 1000 尾一月龄鱼苗大规模筛查中, 仅用 InDel 标记琼脂糖凝胶电泳法 2 天完成, 筛选 472 尾雌性, 随机 100 尾验证准确率 100%。(4) 同源长春鳊精子灭活+冷休克组受精率 42.3%、孵化率 41.1%、畸形率 3.87%, 首次证实长春鳊雌核发育二倍体诱导可行; 异源精子组受精率均<12%, 主要受生殖隔离限制。成功开发“双 SNP+一 InDel”长春鳊性别关联组合标记, 三个标记均与性别完全连锁, 双标记验证准确率达 100%, 已申请专利保护并制定企业标准。InDel 标记可通过琼脂糖凝胶电泳快速检测, 操作简便、成本低, 完全适配育种场大规模应用。同源精子雌核发育实验初步建立了长春鳊全雌诱导技术路径, 为鳊新品种全雌规模化制种奠定了基础。

关键词: 长春鳊; 性别鉴定; SNP 标记; InDel 标记; 雌核发育; 全雌育种

资助项目: 泰州市 2025 年种业研发攻关项目

通信作者: 顾海龙, 男, 博士, 水产遗传育种, 电话: 13365207968, E-mail: 20142208@jaas.ac.cn

专题二

特种鱼类

种质创新和绿色养殖

中国水产学会淡水养殖分会 2026 年学术年会



摘要集

昆明|2026

鱼类的“红色基因”及其调控机制解析

黄得来¹, David Parichy²

¹浙江大学, 动物科学学院, 浙江 杭州, 310058

²弗吉尼亚大学生物系, 美国弗吉尼亚 夏洛茨维尔, 22904

摘要: 【目的】探讨鱼类红色素合成及红黄色素细胞分化的调控机制并建立红黄体色改良技术。【方法】以观赏鱼珍珠鲌 (*Danio albolineatus*) 为对象, 分析红黄体色的呈色物质, 通过转录组学分析红黄色素细胞差异表达基因并验证其功能。

【结果】发现类胡萝卜素虾青素和玉米黄素分别是主要的红、黄色素。鉴定了合成虾青素的加酮酶cyp2ae2和bdh1a, 通过转基因令黄色的斑马鱼 (*Danio rerio*) 变红。此外, 骨形成蛋白BMP信号在黄色素细胞中被激活。敲除编码BMP共受体的基因rgmb可以阻止黄色素细胞发育, 得到“全红色”性状。【结论】本研究揭示了以珍珠鲌为代表的鱼类中红黄体色的化学、细胞和遗传基础, 建立了通过转基因或基因编辑获得“全红色”性状的技术体系, 为鱼类养殖和体色育种提供了新的理论和技术支持。

关键词: 体色; 类胡萝卜素; 珍珠鲌; 加酮酶; BMP 信号; 基因编辑

资助项目: NIH, R35 GM122471

通讯作者: 黄得来, 男, 农学博士, 浙江大学“百人计划”研究员, 电话: 15700084761, E-mail: delaihuang@zju.edu.cn

大黄鱼腹部内膜形成机制研究

姜洲^{1,2}, 李宁^{1,2}, 陈琳^{1,2}, 周涛^{1,2*}, 徐鹏^{1,2*}

1. 厦门大学海洋与地球学院, 福建厦门 361101;

2. 海水养殖生物育种全国重点实验室, 福建厦门 361101

摘要: 解析器官形成及功能, 对于深入理解鱼类生长发育的复杂调控机制至关重要。鱼类腹部内膜作为生理健康的重要指标, 长期以来被忽视。大黄鱼 (*Larimichthys crocea*) 是我国重要的海水养殖品种, 但其腹部内膜形成缺陷常伴随鱼苗高死亡事件的发生。早期研究发现与其他鱼类相比, 大黄鱼腹部内膜形态结构具有明显差异。因此, 本研究通过划分大黄鱼腹部内膜形成时期, 借助切片技术解析其结构组成。再结合单细胞转录组技术绘制大黄鱼腹部内膜单细胞转录图谱, 锚定腹部内膜形成的关键基因范围。最后联合重测序、转录组和分子试验技术定位到腹部内膜形成的关键基因 *mal*。本研究通过阐释大黄鱼腹膜形成机制, 明确组织功能, 进而可能为了解鱼类腹膜发育的共性机制和大黄鱼产业中腹膜形成差异导致鱼苗死亡问题提供理论参考。

关键词: 大黄鱼; 腹部内膜; 组织形成, 调控机制

资助项目: 国家杰出青年科学基金“鱼类遗传学与遗传育种” (32225049)

通讯作者: 徐鹏, 男, 教授, 主要从事水产遗传与遗传育种 E-mail: xupeng77@xmu.edu.cn;

周涛, 男, 副教授, 主要从事水产遗传与遗传育种 E-mail: zt@xmu.edu.cn

Effects of gardenia pomace on growth, hepatic antioxidant capacity, and intestinal barrier function in large yellow croaker (*Larimichthys crocea*)

Ruyu Huang^a, Zhiqiang Cheng^a, Weikai Zheng^a, Dongling Zhang^{a,*}

^a Key Laboratory of Healthy Mariculture for the East China Sea, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Jimei University, Xiamen, China

Abstract: This study aimed to evaluate the effects of dietary gardenia pomace (a by-product of gardenia fruit after gardenia oil extraction) on the growth, health status, and intestinal function of juvenile large yellow croaker (*Larimichthys crocea*) with an initial body weight of 31.70 ± 1.16 g. Four diets were tested: a control group and three groups supplemented with 0.3%, 0.6%, or 0.9% of the extract over an 84-day trial. Growth performance, serum biochemistry, hepatic antioxidant and intestinal digestive enzyme activities, intestinal histomorphology, gut microbiota, and inflammatory cytokine expression were assessed on days 42 and 84. Results showed that 0.6% and 0.9% supplementation significantly improved survival, weight gain, specific growth rate, and feed conversion ratio ($P < 0.05$). Supplemented fish exhibited improved serum biochemical parameters, enhanced antioxidant capacity, and increased intestinal digestive enzyme activities. Intestinal histomorphology improved, with shallower crypt depth and greater villus height. Gut microbiota shifted from Pseudomonadota to Bacillota, with increased Leuconostoc abundance. Inflammatory cytokines were downregulated in the liver and spleen by day 84. In conclusion, dietary supplementation with gardenia pomace extract promotes growth, enhances antioxidant capacity and intestinal function, reshapes gut microbiota, and modulates immune status in juvenile large yellow croaker. The optimal supplementation level was 0.6-0.9%, with 0.9% preferred for short-term growth and 0.6% recommended for long-term culture.

Keywords: gardenia pomace, large yellow croaker, growth, antioxidant activities, gut microbiota.

资助项目：厦门市科技补助项目资助（2024CXY0320）

通讯作者：张东玲，女，副教授，博导，研究方向：鱼类遗传育种；E-mail：zhangdongling@jmu.edu.cn

Exaptation of pectoral fins for olfaction in the spiny red gurnard (*Chelidonichthys spinosus*) through an ancient receptor

Lisen Li¹, Deqian Fan¹, Chenglong Zhu¹, Zhuoya Liu¹, Wenji Huang², Peidong Xin¹, Huishan Yue¹, Mengying Li³, Yufei Wang³, Wenjie Xu¹, Jiangmin Zheng¹, Ye Li¹, Ziwei Yu¹, Jianzhong Ling³, Qiang Qiu¹, Wen Wang¹, Chenguang Feng¹, Xiaojing Song³, Kun Wang^{1,4}

1. Shaanxi Key Laboratory of Qinling Ecological Intelligent Monitoring and Protection, School of Ecology and Environment, Northwestern Polytechnical University, Xi'an, 710072, Shanxi; 2. Shanghai Fisheries Research Institute, Shanghai Fisheries Technical Extension Station, Shanghai, 200433; 3. East China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Shanghai, 200090; 4. Laboratory for Marine Biology and Biotechnology, Qingdao Marine Science and Technology Center, Qingdao, 266237, Shandong.

Abstract: The emergence of highly specific fins, among most fish that own the conventional unpaired (median fins) and two pairs of fins, is regarded as an innovative survival strategy during fish evolution. The spiny red gurnard serves as a representative model for studying the exaptation of fins, which have acquired new functions such as sensory perception. Through genome sequencing and single-cell RNA-seq data, we identified a bony fish-originated olfactory receptor gene homologues expressed in a subset of epithelial cells of spiny red gurnard's fin ray. Molecular interaction analyses suggested that the interaction between this encoded protein and betaine, formed through two key lysine residues, may occur on the epithelial cell membrane. Behavioral assays further demonstrated more sensitive response in spiny red gurnard to betaine compared to other benthic fish. Our findings highlight the potential role of ancient genes in driving exaptation through site mutations and recruitment to specific regions, providing new insights into the molecular mechanism of fin ray's sensory adaptations in fish.

Key words: Paired fins; Fish; Evolution; Genetic mechanism

资助项目: National Key Research and development Program of China (2022YFC3400300), the National Natural Science Foundation of China (32122021, 32370452, 32100367), the Postdoctoral Fellowship Program of CPSF (GZC20233518), the Fundamental Research Funds for the Central Universities (G2022KY05107), NWPU Scientific Research Initiation Grant (23GH02027), and the Financial Fund of the Ministry of Agriculture and Rural Affairs, China (125C0505)

通讯作者: Dr. Lisen Li is an associated professor at the Southwest University. He is a member of the China Society of Fisheries. He is also a peer reviewer for Science China Life Sciences, BMC genomics, etc

Chromosome-level genome assembly of *Decorus tungting*, an endemic cyprinid from China

Xuan Xie^{1,2†}, Li Zou^{1,2†}, Fan Chen^{3†}, Zaiquan Zhang⁴, Linmei Han^{1,2}, Xing Xiang⁵,
Siqi Li^{1,2,6}, Zhonggui Xie^{2,7*}, Zhiqiang Liang^{1,2*}

1.Hunan Fisheries Research Institute and Aquatic Products Seed Stock Station, Hunan Academy of Agricultural Sciences, Changsha, 410153, China; 2.Yuelushan Laboratory, Changsha, 410128, China; 3.Department of Neurosurgery, Tangdu Hospital of Fourth Military Medical University, Xi'an, 710038, China; 4.Huaihua Tianling Nature Protection Company, Huaihua, 418200, China; 5.Animal Husbandry and Aquatic Products Center of Hongjiang District, Huaihua, 418200, China; 6.College of Fisheries, Hunan Agricultural University, Changsha, 410128, China; 7.Hunan Academy of Agricultural Sciences, Changsha, 410153, China

†These authors contributed equally to this work: Xuan Xie, Li Zou, Fan Chen

Abstract: [Objective] *Decorus tungting* is a vulnerable, endemic cyprinid species of conservation significance, historically abundant in Dongting Lake but now suffering severe population declines due to overfishing and river modifications. However, no genome assembly has been reported for *D. tungting*, limiting insights into its genetic diversity, adaptive potential, and effective conservation management; [Methods] we assembled the first chromosome-level genome of *D. tungting* using PacBio HiFi long-read sequencing, Illumina short-read polishing, and Hi-C chromatin interaction mapping; [Results] The 1.14 Gb assembly has a contig N50 of 6.04 Mb and a scaffold N50 of 44.81 Mb, with 99.31% of sequences anchored to 25 chromosomes. Repetitive elements span 574.36 Mb, accounting for 50.28% of the genome. We annotated 24,835 protein-coding genes and 7,312 non-coding RNAs, with BUSCO completeness score of 97.1% in genome mode and 92.7% in protein mode, supporting assembly accuracy and annotation integrity; [Conclusion] This high-quality genome assembly of *Decorus tungting* provides a foundational resource for genetic diversity, adaptive evolution, and evidence-based conservation.

Key words: Chromosome-level genome assembly; *Decorus tungting*; Hi-C; genome

资助项目: the Fund for Native fish breeding, the Aquatic Industry Technology System Project of Hunan Province (HN2024), Aquatic Seed Industry Plan of Department of Agriculture and Rural Affairs of Hunan Province (HNAP2024), and Yuelushan Laboratory Talent Program (2024RC2014)

通信作者: Liang Zhiqiang, Male, PhD, Research Professor. Research field: Fish Genetic Breeding and Healthy Aquaculture. Email: liangzhiqiang@163.com

黄鳢品质形成规律与多维度调控技术研究

杨航^{1,2,3}, 袁泉^{1,2}, 吕巍巍^{1,2}, 黄伟伟^{1,2}, 张禹宁^{1,2}, 周文宗^{1,2*}

¹上海市农业科学院, 生态环境保护研究所, 上海 201403; ²农业农村部稻渔综合种养生态重点实验室(上海市农业科学院), 上海 201403; ³上海市农业科学院, 食品营养与健康研究中心, 上海 201403.

摘要: (目的) 系统比较不同来源(野生与养殖)、养殖模式(网箱、循环水、稻渔共作)、养殖周期及气候带对黄鳢肌肉品质的影响, 并探究饲料添加剂和生态净养等调控措施的效果, 为黄鳢品质提升提供科学依据。(方法) 采用营养组分分析、组学、肠道菌群测序及稳定同位素溯源等技术, 分别开展野生与养殖比较、三种养殖模式对比、不同龄期和不同气候带样本分析; 同时设计饲料添加蚕豆、杜仲叶、月桂酸单甘油酯及不同盐度净养试验, 综合评价肌肉品质指标。(结果) 野生黄鳢粗蛋白、鲜味氨基酸及 n-3 脂肪酸含量和肌肉硬度显著高于养殖; 稻渔共作模式使氨基酸组成和肠道有益菌群优于传统模式; 温带黄鳢 EPA、DHA 及呈味物质含量最高, 质地最佳; 稳定同位素 LDA 模型可实现 92% 的地理溯源准确率。饲料添加蚕豆提升鲜味但降低矿物质和 DHA; 杜仲叶和月桂酸单甘油酯显著增加胶原蛋白、鲜味氨基酸及不饱和脂肪酸; 生态净养(盐度 5~10‰, 14~21 天) 有效降低土腥味、改善质地, 且营养损失最小。结论: 黄鳢品质受遗传、环境、营养和养殖管理多重调控, 通过优化养殖模式、精准饲料添加和短期生态净养, 可在保持营养前提下显著提升食用品质, 为产业提质增效提供可行路径。

关键词: 黄鳢; 肌肉品质; 养殖模式; 营养调控; 生态净养

资助项目: 国家特色淡水鱼产业体系(CARS-46); 上海市农业科学院卓越团队项目(2025-031)

通讯作者: 杨航(1992—), 男, 博士, 副研究员, 主要从事水产动物营养相关研究研究工作。

E-mail: yanghangqu@foxmail.com

玉米蛋白粉通过GSTP1介导的玉米黄素沉积改善黄颡鱼体色

李国勇¹, 雷皓宇¹, 余岸艮¹, Mette Sørensen³, 韩冬², 罗智¹, 刘翠⁴, 巩玉龙^{1,*}

¹ 华中农业大学水产学院, 武汉, 430070; ² 水产品种创制与高效养殖全国重点实验室, 中国科学院水生生物研究所, 武汉, 430072; ³ 诺德大学生物科学和水产养殖学院, 博德, 挪威; ⁴ 湘湖实验室, 杭州, 311231

摘要: 体色异常影响水产品价值, 但鱼类色素沉积的机制尚不明确。本研究以玉米蛋白粉 (CGM) 为天然色素来源, 探究了黄颡鱼关键色素的沉积机制。结果表明, 饲料中添加 20%CGM 显著改善了黄颡鱼背部和腹部的黄蓝轴色值和色度。代谢组分析发现, CGM 显著促进黄颡鱼皮肤中的玉米黄素和叶黄素沉积, 且玉米黄素增加幅度最高。通过纯色素饲喂实验, 我们证实玉米黄素沉积足以改善黄颡鱼背部和腹部皮肤的黄蓝色轴和色度值。进一步实验表明, CGM 可显著上调皮肤 ApoE 和 GSTP1 蛋白水平 (增加 27%)。亲和力实验揭示, ApoE 将玉米黄素转运至细胞内, 与 GSTP1 结合, 进而完成色素沉积过程。因此, 本研究明确了玉米黄素介导的黄颡鱼皮肤色素沉积的机制, 为提升水产物外观品质提供了准确的调控靶点。

关键词: 色素沉着; 玉米黄素; GSTP1; 黄颡鱼; 玉米蛋白粉

资助项目: 国家重点研发计划项目 (2024YFD2402001); 国家自然科学基金 (32403039)

通讯作者: 巩玉龙, 男, 博士, 副研究员, 水产动物营养代谢, 电话: 13437159527, E-mail: gongyl@mail.hzau.edu.cn

BMP15在日本鳗鲡 (*Anguilla japonica*) 卵巢发育不同时期的功能和机制解析

慈雨婷¹, 左陈鹏¹, 景潇¹, 赵梓伊¹, 张渲晗¹, 齐鑫¹

中国海洋大学海水养殖教育部重点实验室, 山东青岛, 266003

摘要: BMP15 是 TGF- β 超家族成员, 其在本鳗鲡卵泡发育中的功能及阶段特异性机制尚不明确。本研究制备重组 BMP15, 通过体内外实验解析其机制。体内, BMP15 联合激素显著提高性腺指数、卵母细胞面积和血清 VTG; 多组学显示其促进合成代谢、脂质积累、稳态维持并抑制早熟, 协同促进卵黄发生。体外, BMP15 激活 Smad1/5/8 信号。RNA-seq 在卵黄发生前期 (PV) 和卵黄发生中期 (MV) 阶段分别鉴定 154 和 420 个 DEGs, 均涉及 TGF- β 、mTOR 及紧密连接通路, 但功能阶段特异: PV 阶段促进卵泡生长所需的合成代谢和结构建立, MV 阶段侧重基质重塑和应激平衡。BMP15 在 PV 期上调 *fshr* 表达并增强 FSH 诱导的 cAMP 生成, 而在 MV 期相反。综上, BMP15 通过阶段特异性调控 FSH 信号及微环境, 协调卵泡发育与成熟。

关键词: 日本鳗鲡; BMP15; 卵黄发生; 阶段特异性

资助项目: 国家自然科学基金项目 (TGF- β s 调控日本鳗鲡卵子发生及其分子机制, 32270556)

通讯作者: 齐鑫, 男, 博士, 教授, 研究方向: 鱼类生殖内分泌, 电话: (+86) 0532-82031792,

E-mail: qx@ouc.edu.cn

丝尾鳢三个养殖群体种质资源特征分析

宁瑛琪, 祝骏贤, 翟刚, 祁文龙, 高菲菲, 陈海港, 刘毅辉, 张俊杰*, 李伟*
新疆农业大学生命科学学院, 新疆 乌鲁木齐 830052; 中国水产科学研究院珠江水产研究所, 广东 广州 510380

摘要: 本研究旨在了解丝尾鳢养殖群体种质资源特征, 为其遗传改良及选择育种提供数据支撑。以广东高要 (GY) 和云南 (YNC、YNP) 三个养殖群体为对象, 系统测定并分析其形态性状、肌肉营养成分、抗氧化能力和遗传多样性。结果表明, 形态上, GY 群体与 YNC、YNP 群体具有显著差异 ($P<0.05$, 下同) 其头长/全长显著小于 YNC、YNP 群体而体长/全长、体高/全长显著大于两群体, 且 GY 群体与 YNC、YNP 群体中有 3 项性状差异系数大于 1.28, 初步说明 GY 群体与两群体在部分形态性状上已出现较大分化。肌肉营养成分上, YNC 和 YNP 群体的粗蛋白、必需氨基酸及 n-3 多不饱和脂肪酸含量显著高于 GY 群体, YNC 群体的鲜味氨基酸和氨基酸总量显著高于 GY 群体, 且三个群体均达到了 FAO/WHO 理想蛋白标准。抗氧化能力上, YNP 群体的 SOD 含量最高, YNC 和 YNP 群体的 CAT 含量显著高于 GY 群体, 三个群体间 T-AOC 含量差异显著且 YNC 群体的含量最高。遗传多样性上, 三个养殖群体的多态性信息含量 (PIC) 为 0.120~0.205, 近交系数 (F_{HOM}) 分布在 -0.168~0.0179, 两两群体间的遗传分化指数 (F_{st}) 为 0.033~0.115, 基因流 (N_m) 为 1.924~7.326。在全基因组水平上, 三个养殖群体总体上可划分为 YNC 和 YNP、GY 群体两大类。综上所述, GY 群体在形态上与 YNC、YNP 群体差异显著, 其体长更长头长更小具有形态优势, YNC 和 YNP 群体的综合营养价值及抗氧化能力优于 GY 群体。GY 群体与 YNC、YNP 两群体具有中等水平的遗传分化。本研究为丝尾鳢种质资源的精准评价和选育策略制定提供了基础数据。

关键词: 丝尾鳢; 形态特征; 肌肉营养成分; 抗氧化能力; 遗传多样性

资助项目: 国家重点研发计划重点专项青年科学家项目 (2022YFD2401800); 龟鳖遗传育种创新团队项目 (2023TD38); 中国—东盟海洋合作基金 (CAMC-2018F)。

通信作者: 张俊杰 (1973—), 男, 博士, 副教授, 鱼类生物学, 电话: 15999135172, E-mail: zhangjuji@sina.cn; 李伟 (1984—), 女, 博士, 副研究员, 水产种质资源与遗传育种研究, 电话: 15013083966, E-mail: liwei@prfri.ac.cn

马口鱼 *mstn*、*runx2b* 和 *cyp17a1* 基因的表达特征及敲除体系构建

林盛杰^{1,2}, 徐海晶^{1,2}, 殷洁^{1,2}, 卢腾阳^{1,2}, 吕欣雨^{1,2}, 洪旒^{1,2,*}, 李名友^{1,2,*}

1. 上海海洋大学水产与生命学院, 水产种质资源发掘与利用教育部重点实验室 上海 201306; 2. 上海海洋大学水产与生命学院, 农业农村部淡水水产种质资源重点实验室, 上海 201306

摘要: 为解析马口鱼 (*Opsariichthys bidens*) 肌肉生长、肌间刺形成及生殖发育的分子调控机制, 并为培育高肌肉产量、少肌间刺和不育新品系提供理论依据, 本研究克隆并分析了马口鱼 *mstn*、*runx2b* 和 *cyp17a1* 的基因序列, 系统检测了其组织表达模式、细胞定位及初步功能。采用逆转录聚合酶链式反应 (RT-PCR)、原位杂交和 CRISPR/Cas9 基因编辑等技术开展实验。结果表明, *Obmstn* 主要在脑和肌肉中表达, 在肌肉中定位于肌纤维间隙; 其突变 F0 代个体表现出背部肌肉隆起和肌肉量增加的类双肌表型。*Obrunx2b* 在肌肉中的表达较强, 在脑、心脏和卵巢中的表达较弱; 马口鱼肌间刺于孵化后 30 天左右开始形成, 成鱼肌间刺数量为 102~107 根, *Obrunx2b* 突变 F0 代个体的肌间刺数量减少。*Obcyp17a1* 在性腺中特异性表达, 且主要表达于性腺体细胞, 突变 F0 代个体表现出第二性征发育不明显。综上, *Obmstn*、*Obrunx2b* 和 *Obcyp17a1* 可能分别参与马口鱼肌肉生长、肌间刺发育及生殖发育调控, 本研究为阐明马口鱼相关经济性状的分子调控机制提供了基础资料, 并为培育高肌肉产量、少肌间刺及不育新品系提供了潜在分子靶点。

关键词: 马口鱼; *mstn*; *runx2b*; *cyp17a1*; CRISPR/Cas9

资助项目: 国家自然科学基金面上项目, 马口鱼生殖干细胞基因编辑与移植研究、32373130, 2024/01-2027/12

通讯作者: 李名友, 男, 博士, 现任上海海洋大学水产与生命学院水产生理与医学系研究员。主要以青鳉为模式从事鱼类生殖细胞发育、性别决定和性别分化以及其调控机制及其操作的研究, 建立方法学, 并将其应用于水产经济鱼类育种研究。主要包括以下三个方面: (1) 鱼类干细胞研究; (2) 鱼类生殖细胞研究; (3) 鱼类遗传育种。E-mail: myli@shou.edu.cn

洪旒, 女, 博士, 现任上海海洋大学水产与生命学院水产生理与医学系研究员。主要利用斑马鱼和青鳉研究生物早期发育过程与发育机制。主要研究方向为生殖细胞命运决定机制的研究。E-mail: nhong@shou.edu.cn

冷休克诱导泥鳅雄核发育的分子机制初步研究

李太成, 李川, 要美慧, 杨悦瑶, 李逸帆, 王伟, 周贺*

大连海洋大学水产与生命学院, 辽宁省北方鱼类应用生物学与增养殖重点实验室, 辽宁大连, 116023

摘要: 为探究冷休克诱导泥鳅 (*Misgurnus anguillicaudatus*) 雄核发育的分子机制, 本研究以天然二倍体泥鳅为材料, 通过 0°C 冷休克处理受精卵 60min 诱导获得雄核发育单倍体, 通过显微镜连续观察对照组与冷休克组胚胎发育进程, 记录各胚盘期、卵裂期、囊胚期等关键时间节点, 分别在受精后 60、70 和 80min 收集对照组与冷休克组的胚胎进行转录组测序分析。结果显示: 冷休克组受精率 (87.96%)、孵化率 (0.51%) 及 7 天成活率 (0.00%) 均极显著低于正常对照组 ($P < 0.01$), 但染色体检测与微卫星鉴定成功诱导出高比例单倍体, 单倍体率均超 88%。细胞学观察显示, 冷休克组胚胎发育周期显著延长并表现出典型单倍体综合征, 受精后 60 min 雌核与第二极体滞留于胚表面, 至 70 min 时一同释放。对受精后 60、70 和 80 min 的不同倍性胚胎进行转录组测序分析发现, 差异表达基因在受精后 60、70 和 80 min 分别达 1573、2367 和 3503 个, 以下调基因为主, 且显著富集于孕酮介导的卵母细胞成熟、细胞周期及卵母细胞减数分裂等核心通路。选取通路中减数第二次分裂相关的关键基因表达量进行检测, 在受精后一同释放的关键时期, 单倍体胚胎中 *Anapc11*、*Cdk1* 及 *Mad21l* 的表达量显著升高, 而 *Apc* 和 *Bub1bb* 等 12 个关键基因的表达量则显著降低, qRT-PCR 验证趋势与转录组结果高度一致。因此, 本研究初步明确了冷休克诱导泥鳅雄核发育的分子机制, 可为解析鱼类雄核发育的研究提供理论依据。

关键词: 泥鳅; 冷休克; 雄核发育; 差异表达基因; 信号通路

资助项目: 国家重点研发计划“蓝色粮仓科技创新重点专项 (2018YFD0900200)

通讯作者: 周贺 (1985-), 女, 副教授, 博士, 研究方向为水产遗传育种, E-mail:

zhouhe@dlou.edu.cn

叶尔羌高原鳅形态性状对性腺重的影响分析

胡令辉，陈生熬

塔里木大学生命科学与技术学院，新疆，阿拉尔，843300

摘要：通过探究叶尔羌高原鳅 (*Triplophysa yarkandensis*) 形态性状与性腺重的关系，为亲鱼选育提供参考。测定 1~4 龄叶尔羌高原鳅的性腺重 (Y)、体质量 (X_1)、体长 (X_2)、头长 (X_3)、吻长 (X_4)、体高 (X_5)、体宽 (X_6)、眼径 (X_7)、眼间距 (X_8) 和尾柄长 (X_9) 等 10 项生物学性状，利用相关分析、通径分析和多元回归等方法，筛选出影响性腺重的主要形态性状，建立了回归方程。结果表明：(1) 不同年龄的叶尔羌高原鳅 Y 与形态性状的显著相关不同，且数量随年龄增长而减少。(2) 通径分析显示， X_1 、 X_2 、 X_5 和 X_6 等形态性状对 Y 的直接作用和间接作用较大，且这些形态性状的直接作用均小于间接作用。(3) 多元回归分析拟合出叶尔羌高原鳅形态性状 (X) 与性腺重 (Y) 回归方程，1 龄： $Y_{雄} = -0.171 - 0.007X_1 + 0.002X_2 + 0.005X_5 + 0.003X_6$ 和 $Y_{雌} = -1.346 + 0.307X_1 - 0.004X_2 + 0.060X_5 + 0.051X_6$ ；2 龄： $Y_{雄} = -0.014 + 0.003X_1 + 0.0001X_2 + 0.000X_5 + 0.001X_6$ 和 $Y_{雌} = 0.421 + 0.295X_1 - 0.022X_2 + 0.031X_5 + 0.011X_6$ ；3 龄： $Y_{雄} = -0.064 - 0.006X_1 + 0.001X_2 + 0.004X_5 - 0.002X_6$ 和 $Y_{雌} = 0.699 + 0.192X_1 - 0.053X_2 + 0.136X_5 + 0.100X_6$ ；4 龄： $Y_{雄} = -0.374 + 0.088X_1 - 0.053X_2 + 0.119X_5 + 0.266X_6$ 。研究表明：叶尔羌高原鳅亲鱼选育时，可将体质量作为关键性状，其次关注体长、体高和体宽等形态性状辅助选育。本研究丰富了叶尔羌高原鳅基础生物学数据，为其亲鱼选育提供预选形态性状，促进种质资源保护。

关键词：叶尔羌高原鳅；性腺重；形态性状；通径分析

资助项目：兵团科技局重点领域科技攻关计划(2025AB008)；“天山英才”(2023TSYCCX0128) 共同资助

通讯作者：陈生熬，男，博士，教授，渔业资源与环境，13657576029，E-mail: chenshengao@163.com

黑斑高原鳅寄生胃瘤线虫的流行病学研究：时间动态与风险因素

何雨晴，陈莫楠，喻朝豪，王鑫，李鑫洋，郭威*

新疆农业大学生命科学学院，新疆维吾尔自治区乌鲁木齐市，830052

摘要：胃瘤线虫 (*Eustrongylides* sp.) 在自然鱼类种群中的流行病学特征尚不清晰，尤其在寒环境下研究极为有限。本研究以中国西北高寒湿地特有鱼类黑斑高原鳅 (*Triplophysa strauchii*) 为对象，系统调查该寄生虫的感染动态。于 2025 年 4 月至 11 月，每月采集样本，共获 720 尾鱼。采用核糖体 ITS 序列对寄生虫幼虫进行分子鉴定，并利用 Hurdle 模型分析宿主体长、性别及月份对感染风险（优势比 OR）和感染强度（发病率比 IRR）的影响。结果表明，总体感染率为 21.8%，平均感染强度为 (4.36 ± 6.83) 条/尾。感染动态呈现两个季节性高峰：春季高峰以高感染强度为特征，夏末次高峰则表现为中等感染率但强度较低。体长是预测感染风险（OR = 1.916/cm, 95% CI: 1.232–2.977）和感染强度最稳定的因子，且体长与月份的交互作用显著（体长×5 月：IRR = 4.847, $P = 0.005$ ；体长×11 月：OR = 0.418, $P = 0.005$ ），表明体长效应受季节调节。本研究为高寒湿地寄生虫传播规律提供了基础认识，并揭示了鱼类食用所潜在的公共卫生风险。

关键词：黑斑高原鳅；胃瘤线虫；流行病学；感染动态

资助项目：新疆维吾尔自治区重点研发计划项目（2025B02020-2-5）；自治区高校基本科研业务费项目（XJEDU2023P055）

通讯作者：郭威（1989—），男，博士，讲师，鱼类寄生虫学与水域生态学，18040598471，

E-mail: guowei612@xiau.edu.cn

不同光谱对锦鲤生长性能、体色及其分子调控的探究

罗明坤¹, 朱文彬¹, 董在杰^{1*}

1.中国水产科学研究院淡水渔业研究中心, 农业农村部淡水渔业与种质资源利用重点实验室, 江苏无锡 214000

摘要: 光照是水产养殖中的关键环境因子, 直接影响养殖动物的生长、繁殖、体色及生物节律。然而, 在锦鲤 (*Cyprinus carpio* var. *koi*) 养殖中, 光谱组成常被忽视或随意选择。本研究以火鲤品种为研究对象, 系统探究了不同 LED 光谱(红、蓝、黄、白)及自然光(对照)对其生长性能、体色及相关分子调控的影响。结果显示: 白光组养殖 30 天后, 增重率与特定生长率显著低于对照组 ($P < 0.05$); 养殖 60 天后, 黄光、白光和红光组的丰满度显著降低 ($P < 0.05$), 而蓝光组显著升高 ($P < 0.05$)。不同光谱对背部、腹部和鳍条色度影响显著, 其中蓝光组显著提升了亮度 (L 值)。皮肤组织切片显示, 各光谱组背部表皮和真皮层增厚、细胞排列更紧密。蓝光组养殖 30 天和 60 天, 皮肤叶黄素含量显著升高 ($P < 0.05$); 蓝光、红光和黄光组 30 天 β -胡萝卜素含量显著升高 ($P < 0.05$)。蓝光组转录组分析显示, 差异表达基因富集于核糖体生物合成、氧化磷酸化、肌肉收缩等通路, 体色和生长相关基因 (*bco1*、*mitf*、*igfbp1*、*lef1* 等) 显著上调 ($P < 0.05$)。互作调控网络揭示, 环境信息处理通路主要依托钙离子、MAPK 及 TGF- β 信号通路形成协同网络, 其中钙离子通路介导快速细胞应答, MAPK 与 TGF- β 通路调控长期发育功能, 三者协同介导火鲤光照适应、生长代谢与色素生成。研究系统阐明了不同光谱对火鲤生长与体色调控规律, 揭示了光照介导鱼类色素合成与生长发育的核心分子通路, 为优化火鲤养殖光照环境、提升观赏鱼品质与生产效率提供了理论依据。

关键词: 火鲤; 光谱; 生长; 体色

资助项目: 国家自然科学基金项目 (32202924); 中国水产科学研究院淡水渔业研究中心基本科研业务费专项 (2025JBFM05)

通讯作者: 董在杰, 研究员, 从事水产动物遗传育种研究, dongzj@ffrc.cn

CRISPR/Cas9介导的mstnb基因敲除促进光唇鱼肌肉肥大并影响其肌肉营养组成

姜珊^{a,1}, 李亚茹^{a,1}, 王逸飞^{a,1}, 孙田洋^a, 沈玉帮^a, 李家乐^a,

刘宇婷^b, 汪勇翔^c, 林衍峰^{d,*}, 李福贵^{e,*}, 任建峰^{a,*}

^a上海海洋大学 农业农村部淡水水产种质资源重点实验室, 上海 201306; ^b吉林省水产科学研究院, 长春 130033; ^c安徽省黄山市水产站, 黄山 245099; ^d休宁县水产站, 黄山 245400; ^e江西农业大学 动物科学技术学院, 南昌 330045

摘要: 光唇鱼 (*Acrossocheilus fasciatus*) 俗称溪石斑, 隶属于鲃亚科、光唇鱼属, 是一种溪流性小型经济鱼类, 自然分布于浙江和安徽两省山区, 兼具食用和观赏价值。近年来已发展为我国南方山区重要的名特优经济鱼类, 但其生长速度偏慢、良种缺乏等问题仍制约产业高质量发展, 亟需开展遗传改良研究。肌肉生长抑制素 (myostatin, MSTN) 作为 TGF- β 超家族成员, 对骨骼肌发育发挥保守的负调控作用, 是生长性状改良的重要候选靶基因。本研究利用 CRISPR/Cas9 技术对光唇鱼 *mstnb* 基因进行定向敲除, 旨在探究其对肌肉生长及营养品质的影响。结果显示, F₀ 代幼鱼中基因编辑效率高达 85.7%。在 27 月龄时, 携带 *mstnb* 嵌合突变的 F₀ 代成鱼呈现典型的双肌表型, 其体重、体宽和体高分别较对照组显著增加 22.07%、18.13%和 13.02% ($P<0.05$)。在可稳定遗传的 F₁ 代中, 突变个体的肥满度较对照组提高 36.1% (11 月龄), 肌纤维横截面积增大 29.2% (5 月龄), 表明该生长优势具有可遗传性。初步营养成分分析表明, F₁ 代突变鱼肌肉中的总氨基酸及必需氨基酸含量均呈上升趋势, 而脂肪酸组成基本保持稳定。综上所述, 敲除 *mstnb* 可有效促进光唇鱼肌肉生长、改善体型指标, 并可能对肌肉氨基酸积累产生积极影响。本研究支持 *mstnb* 作为光唇鱼分子育种的优选靶点, 并为深入认识 MSTN 信号在鱼类中的多效性功能提供了初步证据, 同时为光唇鱼属及近缘经济鱼类的精准育种提供了方法参考。

关键词: 肌肉生长抑制素; 基因编辑; 光唇鱼; 肌肉肥大; 营养组成。

资助项目: 国家重点研发计划项目 (2022YFD2400102); 赣州市现代种业 (渔业) 发展——“水产特色品种示范推广”项目 (GGYYZYGG-2024-01); 休宁县农业农村局资助项目

通讯作者: 任建峰, 副研究员, 从事水产动物遗传育种研究, 电话: 15618063186; E-mail:

jfren@shou.edu.cn

长江鲟皮肤黑色素缺乏与免疫稳态的关联

汪斌，杨飞，喻召雄，张雪玲，吕沛琪，张忠良，周波，唐妮*

四川省农业科学院水产研究所（四川省水产研究所），成都，611731

摘要：长江鲟是国家一级保护动物，野生种群现已灭绝，其人工繁育中出现了白化和灰色体色个体，尚不清楚色素缺失的分子机制。本研究整合组织学、转录组学和定量 PCR 技术，旨在探究该物种的体色变异及其伴随的免疫变化。三种体色变种的转录组分析揭示了核心黑色素生成基因（如 *PMEL*、*TYR*、*TYRP1*、*DCT*、*SLC45A2*）广泛下调，表明黑素体形成、黑色素合成及胞内转运受损。色素缺失与免疫相关基因表达的系统性变化同步发生：吞噬体通路基因下调，而促炎基因上调，呈现出病原防御相关基因表达降低而炎症介质相关基因表达升高的规律。以上结果揭示了长江鲟皮肤黑色素缺乏与免疫功能障碍之间的机制关联，对长江鲟保护与饲养管理具有重要意义。

关键词：长江鲟；白化；免疫失调；黑色素；皮肤

基金项目：国家自然科学基金青年基金项目（32302972）；四川省自然科学基金面上项目（2026NSFSC0140）

通讯作者：唐妮（1992-），女，博士，助理研究员，长江上游珍稀鱼类保护，E-mail: sautangni1992@163.com

热休克诱导全雌三倍体鲢的条件优化及倍性鉴定

冯智园, 何雨倩, 刘奇, 朱阳光, 温秋果, 于淼*

河南师范大学水产学院, 河南 新乡 453007

摘要: 本研究旨在优化全雌三倍体鲢的热休克诱导参数, 并采用不同倍性鉴定方法筛选出三倍体, 为全雌三倍体鲢的制备提供技术依据。以伪雄鲢为父本、全雌鲢为母本获取受精卵, 分别设置不同的诱导温度和诱导时间, 同时采用流式细胞仪和染色体核型分析方法进行仔鱼倍性检测, 通过统计各组的受精率、孵化率、存活率与三倍体率, 综合筛选出制备全雌三倍体鲢的最适诱导条件。结果显示, 全雌三倍体鲢的诱导率明显受处理温度和处理持续时间等因子的影响, 热休克诱导全雌三倍体鲢的最优条件为: 在 26°C 水温下, 受精 5 min 后, 将受精卵在 38°C 热休克条件下, 持续处理 1 min, 其三倍体率可达 40%, 同时其受精率、孵化率与存活率在处理组均是最高, 并与对照组差异不显著 ($P>0.05$)。剪取仔鱼鳍条制备细胞悬液进行流式细胞分析可快速鉴定出三倍体, 同时通过活体注射法制作染色体标本进行染色体核型分析, 发现二倍体鲢的染色体数目为 58, 三倍体鲢的染色体数目为 87, 两种倍性鉴定方法结果相符, 表明流式细胞仪结合核型分析可作为鲢三倍体精准鉴定的可靠技术路径。实验结果为鲢多倍体育种提供了生物学基础数据。

关键词: 鲢 (*Silurus asotus*); 热休克; 全雌三倍体; 流式细胞仪; 核型分析

资助项目: 河南省高等学校重点科研项目 (23A240002); 河南省科技攻关项目 (232102110002)

通讯作者: 冯智园, 男, 研究生, 主要从事鱼类遗传育种相关研究, 电话: 15936571370,

E-mail: 15936571370@163.com

氨氮胁迫通过多巴胺-神经肽Y通路对西伯利亚鲟幼鱼摄食的影响

孙慧敏, 陈德芳, 张亚林, 李志琼, 张鑫*

四川农业大学水产学院, 水产健康与智慧养殖四川省重点实验室, 成都, 611130

摘要: 高氨氮是水产养殖关键环境胁迫因子, 显著抑制鱼类摄食, 但作用机制尚不清楚。为探究氨氮抑制摄食的机制, 本研究将西伯利亚鲟暴露于 0、5、10 和 15 mg/L 氨氮中 21 天, 通过组织病理学观察、单细胞转录组测序、空间转录组测序及免疫荧光共定位等技术, 探究其抑制鱼类摄食的机制。结果显示, 长期氨氮胁迫导致西伯利亚鲟幼鱼下丘脑损伤, 神经递质 DA、5-HT 和 Ach 含量显著增加, GABA 含量显著减少, 进一步检测分析氨氮胁迫主要通过扰 DA 信号通路及食欲因子表达抑制摄食: DA 信号通路因子 *comt*、*drd1-3*、*pkc*、*c-fos* 和 *pka* 表达量均显著增加, 而 *ac5* 表达量显著下降; 促食欲因子 *npv* 和 *agrp* 表达量显著下调, 抑食欲因子 *pomc*、*cart* 和 *crf* 表达量显著上调; 相关性分析结果显示, *drd1* 与 *npv* 的关系最为密切, 提示二者可能是氨氮胁迫摄食抑制的核心调控靶点。单细胞转录组测序鉴定出 18 个细胞亚群, 空间转录组测序划分 21 个细胞聚类, 解析了 15.00 mg/L 氨氮胁迫下下丘脑细胞类型的空间分布特征。并从中筛选出关键的 DA 受体 *drd1*, 主要在 T cells 和 Neurons3 细胞中发挥作用; 联合分析表明 *drd1* 在调控通路中发挥主要作用。免疫荧光共定位结果显示, 下丘脑中可清晰定位到 DRD1 与 NPY 信号, 且显著增加 DA 表达, 降低 NPY 表达, 提示氨氮胁迫主要通过 DA-NPY 通路抑制摄食, 且该调控作用主要由 DRD1 介导完成。综上, 氨氮胁迫主要通过 DRD1-NPY 通路抑制西伯利亚鲟幼鱼摄食。本研究结果为阐明氨氮胁迫环境下神经递质-食欲因子通路调控鱼类摄食的分子机制奠定基础, 为鲟健康养殖与环境调控提供理论依据。

关键词: 西伯利亚鲟; 氨氮胁迫; 摄食调控; 下丘脑; 多巴胺-神经肽 Y 通路

资助项目: 国家自然科学基金科学基金项目 (No. 32302972), 天府峨眉计划 (No. 2283)

通讯作者: 张鑫, 男, 博士, 副教授, 研究方向为冷水鱼健康养殖、水产动物环境生理毒理学, 电话: 18728159847, E-mail: zhangxinscn@163.com

氨氮胁迫损伤西伯利亚鲟嗅上皮造成嗅觉毒性的作用机制

张鑫*, 赵思琦, 孙慧敏, 陈德芳, 张亚林, 李志琼

四川农业大学水产学院, 水产健康与智慧养殖四川省重点实验室, 成都, 611130

摘要: 氨氮是常见的水环境因子, 对鱼类嗅觉系统具有潜在危害, 但作用机制尚不清楚。本研究探究 0、5、10 和 15 mg/L 氨氮胁迫 21 天对西伯利亚鲟幼鱼嗅觉功能的损伤及毒性机制。嗅觉行为学结果显示, 氨氮导致鲟幼鱼对食物信号的吸引力降低, 削弱对危险信号的回避反应, 且剂量依赖性抑制嗅电图的电位幅值。嗅上皮 H&E 染色显示高氨氮诱发组织空泡化、炎细胞浸润, 阿利新蓝核固红染色发现杯状细胞的数量显著增加。嗅上皮 RNA-Seq 挖掘到抗氧化、炎症因子、凋亡和嗅觉受体等 DEGs, KEGG 通路显著富集到了凋亡通路。嗅上皮 ROS 免疫荧光信号显著升高, CAT、SOD 和 GSH-Px 活性和 MDA 含量显著增加, 抗氧化通路相关因子的基因表达量亦显著变化。炎症因子 *il-6* 和 *tnf- α* 显著下调, *il-10* 和 *tgf- β* 在 5 和 10 mg/L 氨氮组显著下调, 而在 15 mg/L 氨氮组显著上调。TUNEL 染色结果显示氨氮造成嗅上皮细胞凋亡, 线粒体途径促凋亡基因 *bcl2* 和抑凋亡基因 *bax* 均显著下调, 死亡受体途径 *fas* 和 *fadd* 显著上调。嗅觉受体 *or1073*、*odr131-2*、*or6n1* 和 *or2at4* 显著上调, 嗅觉信号传导基因 *Golf α* 和嗅觉标记蛋白 *omp* 表达量在 15 mg/L 氨氮组显著上调, 免疫荧光检测发现 OMP 荧光强度显著增加。Na⁺/K⁺-ATP 酶和 Ca²⁺-ATP 酶活力显著降低, 神经递质 5-HT、DA、Ach 和 GABA 含量显著变化, 且 Ach 与离子酶活力呈显著正相关, 表明 Ach 是氨氮损伤嗅觉传导的关键神经递质。综上, 氨氮通过损伤嗅上皮组织结构, 损伤嗅觉感觉神经元, 干扰嗅觉信号传导对西伯利亚鲟产生嗅觉毒性。

关键词: 氨氮胁迫; 西伯利亚鲟; 嗅上皮; 嗅觉信号传导; 嗅觉毒性

资助项目: 国家自然科学基金科学基金项目 (No. 32302972), 天府峨眉计划 (No. 2283)

通讯作者: 张鑫, 男, 博士, 副教授, 研究方向为冷水鱼健康养殖、水产动物环境生理毒理学, 电话: 18728159847, E-mail: zhangxinscny@163.com

短期日粮添加牛至精油缓解热应激引起的西伯利亚鲟食欲下降的作用机制

李佳玫^a, 唐妮^b, 陈德芳^a, 张亚林^a, 李志琼^{a*}, 张鑫^{a*}

^a 四川农业大学水产学院, 水产健康与智慧养殖四川省重点实验室, 成都, 611130

^b 四川省农业科学院, 水产研究所, 成都, 610066

摘要: 气候变暖导致鱼类高温应激, 引起摄食下降甚至停食, 尤其对冷水性鱼类西伯利亚鲟(简称西鲟)幼鱼的影响更为严重。为探究预防高温抑制幼鱼摄食的作用机制, 本研究采用先饲喂 0、0.5、1、1.5、2 g/kg 共 5 个牛至精油日粮 7 天后, 再热应激 3、6、12、24、48 h 的方式。结果表明, 热应激均显著降低摄食率、血清甘油三酯、谷丙转氨酶升高及高密度脂蛋白, 损伤下丘脑, 下调促食欲基因 *NPY* 表达, 上调抑食欲基因 *POMC* 表达。添加牛至精油后, 可缓解血清生化指标的异常, 修复下丘脑损伤、恢复幼鱼摄食。其中 1.5 g/kg 可显著缓解热应激 12 h 后的摄食下降, 而对更长时间的高温应激效果不显著。利用添加 1.5 g/kg 牛至精油后热应激 12 h 组进行转录组测序, 筛选出 13 个关键差异基因, 其中核心基因为 *REDD1* 与 *MNK2*, 主要富集于 mTOR 和 MAPK 通路。Western blot 结果表明, 牛至精油可有效缓解热应激引起的 mTOR 通路上游靶点 AMPK 的磷酸化水平的上升, 并下调的 S6K 磷酸化。同时促进 MAPK 通路 ERK 的磷酸化, 并抑制 P38 与 JNK 的磷酸化。综上, 1.5 g/kg 牛至精油可通过 REDD1/mTOR 与 MNK2/p-ERK/MAPK 通路协同, 缓解热应激 12 h 引起的西鲟幼鱼摄食下降。

关键词: 西伯利亚鲟; 热应激; 摄食调控; 牛至精油; mTOR/MAPK 信号通路

资助项目: 四川省自然科学基金 (24NSFSC0754), 天府峨眉计划 (No.2283), 雅安市科技成果转化项目 (24CGZH0018)

通讯作者: 李志琼, 女, 教授, 研究方向为冷水鱼健康养殖、水产动物营养与饲料科学, 电话: 15183516076, E-mail: lizhiqiong454@163.com; 张鑫, 男, 博士, 副教授, 研究方向为冷水鱼健康养殖、水产动物环境生理毒理学, 电话: 18728159847, E-mail: zhangxinscny@163.com

大西洋鲑特异性RAA-LFD快速检测体系的构建及应用

徐雅芸^{1,2}, 朱心怡^{1,2}, 陈佳宜^{1,2}, 鲁卓^{1,2}, 桂朗^{1,2*}

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

2 农业部淡水水产种质资源重点实验室, 上海海洋大学, 上海, 201306

摘要: 大西洋鲑 (*Salmo salar*) 是一种高经济价值养殖品种, 但其市场常因虹鳟等廉价相似鱼种的掺假而受损。为此, 本研究建立了一种基于线粒体 *nadh2* 基因的快速等温检测方法。通过特异性引物和探针的设计与筛选, 结合 PCR 和重组酶介导等温扩增 (Recombinase Aided Amplification, RAA) 结合琼脂糖凝胶电泳 (AGE) 筛选优化, 通过 RAA 扩增产物与侧流层析试纸条 (Lateral Flow Dipstick, LFD) 联合实现可视化结果分析。所建立的 RAA-LFD 体系能够在 41°C, 20min 条件下明确区分大西洋鲑与银鲑、虹鳟、高白鲑及草鱼, 具有良好的特异性, 无交叉反应。该方法反应温度低、耗时短、对模板纯度要求不高, 且无需精密温控设备。该技术成本低廉、操作简便, 为市场监管、物种鉴定和食品安全控制提供了有前景的实用工具。

关键词: 大西洋鲑; RAA-LFD; 物种鉴定

资助项目: 利用变性泡介导链交换扩增(SEA)技术低廉快速鉴定大西洋鲑 (S202510264015)

通讯作者: 桂朗, 女, 博士, 教授, 研究方向为病害防控及快速检测及养殖鱼类育种, E-mail:

lgui@shou.edu.cn

比较蛋白质组学揭示补体因子H（CFH）在虹鳟（*Oncorhynchus mykiss*）皮肤黏膜免疫屏障发育中的潜在作用

邓承城¹, 李廷尧¹, 袁明喜¹, 张耀芝¹, 陈鹏耕¹, 徐革锋², 宋凯歌¹, 杨淞¹, 赵柳兰^{1*}

1. 四川农业大学水产学院, 四川 成都 611130

2. 中国水产科学研究院黑龙江水产研究所, 黑龙江哈尔滨 150070

摘要: [目的] 揭示虹鳟不同发育时期皮肤黏膜屏障的变化特征及潜在分子机制, 筛选关键候选蛋白。[方法] 选取虹鳟 3 个规格体重分别为 0.06 ± 0.01 kg, 0.50 ± 0.13 kg, 和 2.39 ± 0.29 kg, 结合组织学和蛋白质组学分析皮肤黏膜屏障变化, 并开展功能富集及 PPI 子网络分析。[结果] 皮肤 F_{2.39} 组表皮厚度显著增加, 尾部黏液细胞密度在 F_{0.06} 组最高 ($p < 0.5$), 腹部各时期均保持较高密度。蛋白组分析共鉴定 10,731 种蛋白, 皮肤与黏液蛋白功能呈明显阶段性变化, 黏液功能由代谢调控向黏蛋白屏障构建及免疫防御转变。PPI 分析筛选 15 个免疫相关候选蛋白, 其中 CFH 为关键 Hub 蛋白。[结论] 虹鳟皮肤黏膜屏障随发育皮肤黏膜屏障发生结构和功能改变, 分析鉴定 CFH 可能参与其免疫屏障发育及疾病防御。

关键词: 虹鳟; CFH; 皮肤黏膜; 免疫屏障

资助项目: 四川省淡水鱼创新项目 (SCCXTD-2026-15)

通讯作者: 赵柳兰, 女, 博士, 教授, 研究方向为从事水产动物健康养殖研究, E-mail: zhaoliulan2007@163.com

专题三

名特优物种 种质创新和绿色养殖

中国水产学会淡水养殖分会 2026 年学术年会



摘要集

昆明|2026

大鲵 NPY 基因克隆、组织表达及促细胞增殖功能研究

王鑫嫻¹, 丁雪梅¹, 曾小英¹, 陈春福¹, 李佳倩¹, 张浩¹, 洪一江^{1, 2}, 彭扣

^{1, 2*}

¹ 南昌大学生命科学学院, 江西 南昌 330031; ² 水产种质创新与利用江西省重点实验室,

江西 南昌 330031

摘要: 本研究旨在探究大鲵 (*Andrias davidianus*) 神经肽 Y 的分子特征及生物学功能, 通过高通量转录组数据结合 RACE 技术克隆大鲵 NPY 基因全长 cDNA 序列, 运用实时荧光定量 PCR 检测 NPY 在多种组织中的相对表达量; 构建 pET-32a- NPY 原核表达载体并优化诱导表达条件; 利用 CCK-8 法检测重组 NPY 前体蛋白及人工合成成熟肽 (10、100、1000 nM) 对 HEK293T 细胞的增殖影响。研究结果显示, 脑组织中 NPY 表达最高, 胰、肾、肺中度表达。原核表达获得可溶性重组蛋白。前体蛋白无促增殖作用, 而 10、100、1000 nM 成熟肽可通过 $NPY1R$ 显著促进细胞增殖 ($P < 0.05$)。本研究阐明大鲵 NPY 分子特征, 证实成熟肽经 $NPY1R$ 促细胞增殖, 为功能研究和饲料添加剂开发提供依据。

关键词: 大鲵; 神经肽 Y; 原核表达; 细胞增殖

资助项目: 吉安市自然科学基金 (20244-018670) 资助; 2025 年吉安市“百博百企”专项资助 (20255-122159); 江西省自然科学基金资助 (2024SSY04061); 江西省现代农业 (名特优水产品) 产业技术体系建设专项资金 (JXARS-15-龟鳖健康养殖岗); 国家重点研发计划子任务课题资助 (2023YFD2401804)

通讯作者: 彭扣, 男, 博士, 副教授, 水产动物遗传育种及健康养殖, E-mail: pengkou@126.com

武功山中国大鲵脑组织全长转录组测序及组学分析

丁雪梅¹, 曾小英¹, 陈春福¹, 王鑫嫻¹, 洪一江^{1, 2}, 彭扣^{1, 2*}

1 南昌大学生命科学学院, 江西 南昌 330031; 2 水产种质创新与利用江西省重点实验室,
江西 南昌 330031

摘要: 中国大鲵是现存最大的两栖动物, 具有重要科学、生态和经济价值, 但脑组织转录组信息匮乏。本研究旨在利用第三代测序技术构建其脑组织全长转录组参考基因集并开展组学分析。基于 PacBio Sequel 平台和单分子实时测序技术, 首次获得中国大鲵脑组织全长转录组数据。共鉴定出 58,590 条单基因簇 (unigene), 平均长度 2,633 bp, N50 为 3,025 bp; 其中 48,784 条在 NR、KEGG 等数据库中获功能注释, 分别有 31,419、29,364 和 46,376 条归类于 KOG、GO 和 KEGG。此外, 还鉴定出 58,698 个蛋白编码区、3,266 个转录因子、8,521 个潜在长链非编码 RNA 及 39,057 个简单重复序列 (SSR) 标记。本研究构建的高质量参考基因集将为中国大鲵基因组学和系统发育分析奠定基础。

关键词: 中国大鲵 (*Andrias davidianus*); 全长转录组; 脑组织; 转录因子; 长链非编码 RNA; SSR 标记

资助项目: 吉安市自然科学基金 (20244-018670) 资助; 2025 年吉安市“百博百企”专项资助 (20255-122159); 江西省自然科学基金资助 (2024SSY04061); 江西省现代农业 (名特优水产品) 产业技术体系建设专项资金 (JXARS-15-龟鳖健康养殖岗); 国家重点研发计划子任务课题资助 (2023YFD2401804)

通讯作者: 彭扣 (1980-), 男, 副教授, 博士, 研究方向为水产分子免疫, E-mail: pengkou@126.com

大鲵生长抑素（SST）基因的分子特征与表达模式研究

丁雪梅¹，王鑫娴¹，曾小英¹，陈春福¹，洪一江^{1,2}，彭扣^{1,2*}

1 南昌大学生命科学学院，江西 南昌 330031；2 水产种质创新与利用江西省重点实验室，
江西 南昌 330031

摘要：生长抑素（SST）是调控动物生长激素释放、参与神经内分泌调控的关键功能基因。为明确大鲵 SST 基因的分子特征与生物学功能，揭示其生长调控机制，本研究开展基因克隆与功能分析研究。本研究结合高通量转录组数据与 RACE 技术克隆大鲵 SST 基因全长 cDNA，通过生物信息学分析其蛋白结构与进化特征，并检测该基因在大鲵不同组织中的表达规律。结果显示，大鲵 SST 基因 cDNA 全长 997 bp，编码 116 个氨基酸的亲水不稳定酸性前体蛋白，含 24 个氨基酸信号肽。该基因与两栖类物种亲缘关系最近，且在大鲵脑组织中高表达，肠、胃、心、肺组织次之，其余组织表达量极低。本研究明确了大鲵 SST 基因的结构、表达模式及生物学活性，为解析其生长调控机制、开展分子辅助育种提供理论依据。

关键词：中国大鲵（*Andrias davidianus*）；SST 基因；生物信息学分析；表达模式；生长调控

资助项目：江西省自然科学基金（20242BAB25399）；江西省现代农业（名特优水产品）产业技术体系建设资金（JXARS-15-龟鳖健康养殖岗）；国家重点研发计划子任务课题（2023YFD2401804）

通讯作者：彭扣，男，博士，副教授，水产动物遗传育种及健康养殖，E-mail: pengkou@126.com

P物质通过NK1R受体介导的免疫调节及其在创面愈合中的功能研究

陈春福¹, 曾小英¹, 丁雪梅¹, 王鑫娴¹, 洪一江^{1, 2}, 彭扣^{1, 2*}

1.南昌大学生命科学学院, 江西 南昌 330031; 2.水产种质创新与利用江西省重点实验室,
江西 南昌 330031

摘要:【目的】本研究旨在探究 P 物质 (SP) 及神经激肽受体 1 (NK1R) 在中华鳖 (*Pelodiscus sinensis*) 免疫应答与皮肤损伤修复过程中的作用机制, 以期完善中华鳖免疫调控与皮肤伤口愈合的分子机理, 为相关病害防控与创面修复研究提供理论依据。【方法】本研究克隆获得中华鳖 *PsTAC1* 与 *PsTACR1* 基因, 通过生物信息学技术完成基因序列比对与系统进化分析, 并利用 qPCR 技术检测基因组织表达特征。同时构建嗜水气单胞菌胁迫模型与皮肤创口修复模型, 结合 SP 干预处理, 采用 HE 染色、免疫组化及实时荧光定量 PCR 技术, 系统检测各组织病理形态、NK1R 蛋白分布及免疫、增殖相关基因的表达变化规律。【结果】序列分析表明, *TAC1*、*TACR1* 氨基酸序列在物种间高度保守, 与爬行动物同源性最高。组织表达结果表明, *PsTAC1* 与 *PsTACR1* 基因在中华鳖脑组织中呈现高表达。功能验证结果显示, SP 可缓解嗜水气单胞菌胁迫所致的中华鳖肝组织出血损伤, 抑制 *IL-1 β* 、*IL-6* 等炎症基因的异常激活; 同时可上调创口组织 NK1R 蛋白表达, 提前诱导 *CDK4*、*PCNA* 等增殖相关基因表达, 有效加速皮肤伤口愈合进程。【结论】SP 可双向调控中华鳖的炎症响应与皮肤损伤修复过程, 是介导中华鳖免疫调节与创口愈合的关键功能性因子, 有望为中华鳖养殖病害防控、损伤修复机制研究及相关免疫调控机制的探究提供新的思路。

关键词: 中华鳖; P 物质; 神经激肽 1 受体; 免疫调控; 伤口愈合

资助项目: 国家重点研发计划子任务课题 (No.2023YFD2401804); 江西省水产育种联合攻关项目(jxsczy202601); 江西省中华鳖品种选育联合攻关项目; 江西省现代农业 (名特优水产品) 产业技术体系建设专项资金项目 (No.JXARS-15-龟鳖健康养殖岗); 江西省现代种业 (渔业) 发展项目 (No.2024yyzygg-03); 江西省现代农业 (特种水产) 产业技术体系建设专项资金项目 (No.JXARS-10-育种与龟鳖养殖岗); 江西省农业 (南丰县龟鳖) 科技综合体建设项目 (丰府字[2024]49 号); 江西省自然科学基金 (20242BAB25399)

通讯作者: 彭扣, 男, 博士, 副教授, 水产动物遗传育种及健康养殖, E-mail: pengkou@126.com

比较基因组研究揭示鳖科动物的单一起源

祝骏贤, 陈辰, 洪孝友, 纪利芹, 刘晓莉, 魏成清, 朱新平, 李伟*

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

摘要: 性别是生命科学领域的热点, 性染色体起源是性别研究的起点。龟鳖目在动物系统进化中处于承前启后的特殊进化地位, 其种类繁多、性别决定方式多样, 被认为是从 ESD 过渡到 GSD 的特殊类群。因此, 鳖科动物为揭示龟鳖类 ZW 型性染色体起源和演化, 以及性别决定机制解析提供了一个理想模型。本研究完成了中华鳖(*Pelodiscus sinensis*)染色体级别基因组组装, 整合中华鳖、山瑞鳖(*Palea steindachneri*)、角鳖(*Apalone spinifera*)及珍珠鳖(*Apalone ferox*)的全基因组测序数据, 以及中华鳖胚胎发育各时期的转录组数据, 系统比较分析表明, 鳖科动物中存在一个保守的 ZW 型性别决定系统, 据此重建了其原始性染色体的结构模型。研究结果为中华鳖性别决定机制的研究提供了新的视角, 为鳖科动物性染色体的起源和演化提供了基础数据, 也为鳖科动物从 ESD 到 GSD 演化提供了有力的基因组证据。尤为重要的是, 该研究还为鳖科动物的单一起源假说提供了新的线索。

关键词: 鳖科; 比较基因组; 性染色体演化; 种质资源评价; 物种保护

资助项目: 国家重点研发计划重点专项青年科学家项目(2022YFD2401800); 国家自然科学基金青年科学基金项目(32102792); 中国水产科学研究院龟鳖遗传育种创新团队项目(2023TD38); 中国-东盟海洋合作基金(CAMC-2018F)

通讯作者: 李伟, 副研究员, 主要从事龟鳖遗传育种与养殖技术研究, E-mail: liwei@prfri.ac.cn

鳖科动物通用遗传性别鉴定技术的建立及应用

祝骏贤, 陈辰, 纪利芹, 洪孝友, 刘晓莉, 魏成清, 朱新平*, 李伟*

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

摘要: 生长性状是水品种遗传改良最有价值的经济性状之一, 因此由性别所造成的生产性能差异对水产养殖业具有重要意义, 是推动水产动物性控育种研究的重要原动力。鳖科动物雌雄生长具有性别二态性, 而开发性别标记是揭示性别决定机制、鉴定性别决定关键基因和实现性控育种的先决条件, 将极大推动具有性别生长优势的单性苗种培育进程。本研究开发了一套准确、高效的工作流程, 用于筛选具有 ZW 或 XY 性别决定系统物种的性别特异性序列。基于该流程, 对中华鳖、山瑞鳖、角鳖和珍珠鳖进行全基因组重测序和混池测序, 经过两轮比对和筛选, 最终在中华鳖、山瑞鳖、角鳖和珍珠鳖中获得 2299 条、2341 条、2533 条和 2416 条雌性特异性片段, 基于该特异性片段开发获得 7 对、2 对、2 对和 2 对性别特异性引物, 并在不同养殖群体的 PCR 验证中, 准确率均为 100%。将不同鳖科动物的性别特异性片段比对到中华鳖基因组中, 鉴定得到共有的性别特异性片段 125 条。基于共有片段, 开发获得 2 对通用性别特异性引物, 并在中华鳖、山瑞鳖、角鳖和珍珠鳖的群体验证中, 准确率为 100%。此外, 该通用性别特异性引物还能准确鉴定鼋、小头鳖、箱鳖、沙鳖、马蹄鳖和东北鳖的遗传性别。该研究结果建立了性别特异性序列筛选的新方法, 揭示鳖科动物存在一个保守的 ZW 型性别决定系统, 为鳖科动物性别决定机制的研究、性控育种和濒危物种保护提供了关键技术支撑。

关键词: 鳖科动物; 遗传性别鉴定技术; 性别决定; 性控育种; 濒危物种保护

资助项目: 国家自然科学基金青年科学基金项目 (32102792); 广东省农业农村厅种业振兴项目 (2022-SJS-00-00, 2022-SPY-00-015); 中国水产科学研究院龟鳖遗传育种创新团队项目 (2023TD38); 中国-东盟海洋合作基金 (CAMC-2018F)

通讯作者: 李伟, 副研究员, 主要从事龟鳖养殖技术与设施研究, E-mail: liwei@prfri.ac.cn
朱新平, 研究员, 主要从事龟鳖种质资源与遗传育种研究, E-mail: zhuxinping@prfri.ac.cn

山瑞鳖不同地理群体杂交特征分析

马兴右, 李舒楠, 何梦婷, 武祥伟*

云南农业大学动物科学技术学院, 云南 昆明 650201

摘要: 山瑞鳖 (*Palea steindachneri*) 是国家二级保护野生动物, 兼具经济与生态价值。组装了染色体水平的 T2T 基因组, 大小为 2.2 Gb, 挂载 33 条染色体, BUSCO 为 98.9%。基因组重复序列占比 50.01%, 其中反转录转座子 (LINEs, 15.67%) 与 DNA 转座子 (16.10%) 在古老进化时期 (15%-20%分歧度) 发生了显著爆发, 驱动了鳖类基因组结构的重塑与适应性演化。云南澜沧江群体线粒体遗传多样性极低 ($\pi=0.00076$), 繁殖力与成活率逐代显著下降, 呈近交衰退。引入广西群体杂交, F1 代的核苷酸多样性显著提升, 基因组连续性纯合片段 (ROH) 与近交系数 (FROH) 大幅降低; GO 与 KEGG 富集分析进一步揭示, 杂交有效清除了与免疫缺陷及细胞凋亡相关通路的纯合有害基因型, 显著富集了 Wnt、mTOR 等生长发育及免疫防御关键通路, 具有生长与存活杂种优势。本研究首次组装了山瑞鳖的高质量基因组, 并证明了不同地理群体杂交是缓解近交衰退的有效策略。

关键词: 山瑞鳖; 杂交; 基因组; 近交衰退; 杂种优势

资助项目: 国家自然科学基金 (32360912)

通讯作者: 武祥伟, 博士, 副教授, E-mail: xwwu@ynau.edu.cn

Multi-omics and functional characterization of Toll-like receptor 4 in bullfrog (*Aquarana catesbeiana*) reveals its role in immune regulation and host defense

Peikui Yang^{a,b*}, Liyan Yang^a, Xiaobin Wu^a, Xianghui Zou^{a,b}, Yaqun Liu^a, Ruixuan Wang^a, Yuzhong Zheng^{a,b}

a. School of Life Science and Food Engineering, Hanshan Normal University, Chaozhou, 521041, China; b. Guangdong Key Laboratory of Functional Substances and Health Products from Medicinal Edible Resources, Hanshan Normal University, Chaozhou, 521041, China

Abstract: Bacterial diseases pose significant challenges to bullfrog aquaculture, yet the role of Toll-like receptor 4 (TLR4) in the American bullfrog (*Aquarana catesbeiana*) remains unclear. In this study, the TLR4 gene homolog (*AcTLR4*) in *A. catesbeiana* was cloned and functionally characterized. The 2391 bp open reading frame encodes a 796 amino acid protein containing conserved leucine-rich repeat (LRR), transmembrane, and Toll/interleukin-1 receptor (TIR) domains. Phylogenetic analysis grouped *AcTLR4* with amphibian homologs. Expression analysis showed that *AcTLR4* is widely distributed across tissues and is significantly regulated in the liver, spleen, and intestine following infection with *Elizabethkingia miricola*, *Citrobacter freundii*, and *Aeromonas hydrophila*. Functional assays demonstrated that RNA interference-mediated silencing of *AcTLR4* significantly downregulated inflammasome-related genes (*AcNLRP3*, *AcASC*, *AcCaspase-1*, *AcIL-1 β* , and *AcIL-18*), whereas overexpression enhanced their expression. Additionally, *AcTLR4* knockdown increased host mortality following *E. miricola* infection. Integrated transcriptomic, untargeted metabolomic, and intestinal microbiome analyses further revealed that *AcTLR4* silencing disrupted immune responses, metabolic balance, and gut microbial composition, thereby facilitating pathogen colonization. These findings highlight the crucial role of *AcTLR4* in coordinating immunity, metabolism, and microbiota homeostasis, providing a theoretical basis for improving disease resistance in bullfrog aquaculture.

Key words: Toll-like receptor 4; *Aquarana catesbeiana*; innate immunity; inflammasome; multi-omics; transcriptomics; metabolomics; gut microbiota

资助项目: 广东省普通高校特色创新项目 (2024KTSCX104)

通讯作者: 杨培奎, 讲师, 主要从事水产动物病害免疫研究, E-mail: peiky1004@163.com

Comparative analysis of transcriptomics and metabolomics provides insights into the disease resistance mechanisms against *Aeromonas veronii* invasion in *Eriocheir sinensis*

Yanan Wei^{1,2}, Cong Yan¹, Longlong Fu³, Yanming Sui¹, Xiumei Xing³, Linlan Lv^{1,*},
Hucheng Jiang^{2,*}

1. College of Marine and Biological Engineering, Yancheng Institute of Technology, Yancheng, 224051, China; 2. Freshwater Fisheries Research Institute of Jiangsu Province, Nanjing, 210017, China; 3. Nanjing Gucheng Lake Chinese Mitten Crab Industry Technology Research Institute Co., Ltd, Nanjing, 211300, China

Abstract: [Objective] This study aims to elucidate the molecular mechanisms underlying the resistance of *Eriocheir sinensis* against *Aeromonas veronii* invasion, revealing the innate immune and metabolic regulatory networks in intestinal tissues, thereby providing theoretical support for disease-resistant breeding of *E. sinensis*; [Methods] Disease-resistant and susceptible groups of *E. sinensis* under *A. veronii* stress were established, and intact intestinal tissues were collected. Single-omics differential analysis and O2PLS-based multi-omics integration were performed using RNA-seq transcriptomics and LC-MS/MS untargeted metabolomics, followed by RT-qPCR validation of key differentially expressed genes; [Results] Transcriptomic profiling identified 236 differentially expressed genes (159 up-regulated and 77 down-regulated), with key immune recognition and response genes, such as SVWC, MFAP4-like, Integrin, and Hemocyanin—significantly up-regulated, alongside marked enrichment in pathways including Lectins and NF-κB. Metabolomic profiling detected 362 differentially accumulated metabolites (204 up-regulated and 158 down-regulated), which were significantly enriched in purine metabolism, glyoxylate and dicarboxylate metabolism, and arachidonic acid metabolism. Integrated multi-omics analysis further revealed the synergistic activation of core homeostatic pathways, including steroid hormone biosynthesis, drug metabolism-cytochrome P450, and ABC transporters; [Conclusion] Disease-resistant *E. sinensis* successfully resist pathogen stress through a synergistic network encompassing enhanced innate immune recognition, metabolic energy compensation, endocrine regulation, and xenobiotic detoxification defenses. This study provides a crucial theoretical foundation and candidate biomarkers for marker-assisted selection (MAS) in breeding disease-resistant *E. sinensis*.

Key words: *Eriocheir sinensis*; *Aeromonas veronii*; Transcriptomic; Metabolomic; Disease resistance

资助项目: 河蟹优质高产抗逆多性状新基因挖掘与优异种质创新 (BE2023301)

通讯作者: 姜虎成、男、博士、副研究员、水生动物疫病防控与健康养殖, 18112999787, hcjiang@163.com

The inducible nitric oxide synthase (iNOS) of *Eriocheir sinensis* exerts antibacterial effects through apoptosis

Linjie Li¹, Wenxing Huang¹, Yingying Han¹, Xuemei Cheng¹, Jing huang¹, Daxian Zhao^{1*}

¹ Key Laboratory for Aquatic Germplasm Innovation and Utilization of Jiangxi Province, School of Life Sciences, Nanchang University, Jiangxi 330031, China

Abstract: Inducible nitric oxide synthase (iNOS) is a key molecule in the invertebrate innate immune system. However, its precise mechanism of action remains poorly understood. In this study, iNOS expression was significantly induced following challenge with *Aeromonas hydrophila*. After RNA interference and iNOS inhibitor treatment, the bacterial content in the hemolymph significantly increased, confirming the involvement of iNOS in antibacterial defense. Mechanistic studies revealed that iNOS activation is associated with nuclear translocation of p65, and that alterations in iNOS expression affect the expression levels of integrins, MAPK, and PI3K-Akt signaling pathways. Upon activation, iNOS not only elevates the levels of NO and ROS but also induces apoptosis, thereby exerting its antibacterial effects. Collectively, these findings indicate that iNOS plays a significant role in the antibacterial immunity of crustaceans and provide new insights into the host defense mechanisms of invertebrates.

Key words: *Eriocheir sinensis*; Nitric oxide synthase; Apoptosis; Antibacterial activity

资助项目: 国家自然科学基金 (32160870)

通讯作者: 赵大显, 男, 博士, 教授, 博士生导师, 主要从事水产动物良种繁育与健康养殖,

电话: 13707086753, Email: zhaodaxian@ncu.edu.cn

基于CART决策树的中华绒螯蟹耐碱性能快速分类筛选

和飞, 王锡荣, 孟庆磊, 张龙岗, 巩志宏, 刘亚苓, 冯绣云, 董学飒, 刘羽清, 安丽

山东省淡水渔业研究院, 山东济南, 250013

摘要: [目的]为建立中华绒螯蟹耐碱胁迫能力的快速评估及筛选方法, 解决传统碱胁迫实验耗时费力、破坏性强且难以规模化应用的问题。[方法]本研究以 204 只山东地区养殖 2 龄雌性中华绒螯蟹为对象, 进行 60 mmol/L 的 NaHCO_3 碱胁迫实验, 并测量头胸甲长 (CL)、头胸甲宽 (CW)、体重 (BW) 共 3 项性状指标, 以经标准化处理得到的头胸甲长/头胸甲宽 (X_1)、体重/头胸甲长 (X_2)、体重/头胸甲宽 (X_3) 3 个性状比例参数作为输入特征, 以耐碱等级为输出目标, 通过 SPSS 软件构建 CART 决策树耐碱等级分类筛选模型。[结果]不同耐碱等级群体的表型指标及性状比例参数存在显著差异, 强耐碱群体 X_1 显著低于弱耐碱群体, X_2 、 X_3 则显著高于弱耐碱群体; 构建的 CART 决策树模型整体准确率达 60.78%, Kappa 系数为 0.41, 模型对强耐碱个体的精确率高达 82.14%, 可满足实际育种筛选的精准性需求; 从模型中提取出 3 条仅依赖 X_1 、 X_2 的强耐碱个体筛选规则, 分别对应“头胸甲宽体基础型”“头胸甲宽体过渡型”和“体质量代偿型”共 3 类强耐碱个体, 置信度分别达 76.92%、83.33%和 88.89%, 形成覆盖全面、置信度高的筛选体系。验证试验表明, 按规则筛选的个体在碱胁迫下存活率 ($73.33\% \pm 5.77\%$) 显著高于不符合规则个体 ($26.67\% \pm 5.77\%$), 进一步证实模型可靠有效。[结论]本研究构建的 CART 决策树模型仅需常规形态测量即可实现中华绒螯蟹强耐碱个体的快速无损筛选, 操作简便、现场适用性强, 为盐碱水养殖中华绒螯蟹的定向育种提供了实用工具, 也为其他水生生物抗逆性状的快速评估提供了方法参考。

关键词: 中华绒螯蟹; CART 决策树; 耐碱能力; 形态比例特征; 快速分类筛选

资助项目: 山东省农业良种工程 (2024LZGC024); 国家重点研发计划 (2023YFD2401005)

通讯作者: 安丽, 从事淡水水生生物遗传育种研究, E-mail: ali325@163.com

中华绒螯蟹“江鄱20”与“长江2号”扣蟹及成蟹生长、营养及免疫研究

黄晶¹, 李琳洁¹, 黄文星¹, 程雪梅¹, 范洪祥¹, 付浩霖¹, 龚佳奇¹, 赵大显

^{1*}

¹南昌大学生命科学学院水产种质创新与利用江西省重点实验室, 江西 南昌, 330031

摘要: 本研究系统比较了中华绒螯蟹(*Eriocheir sinensis*)“江鄱 20”与“长江 2 号”在扣蟹及成蟹阶段的生长、营养及免疫性能差异, 以评估“江鄱 20”的选育效果。主要对“江鄱 20”扣蟹 (T0 期) 进行生长指标、营养成分、抗氧化酶活性以及检测并进行肌肉转录组测序分析; 以及成蟹不同蜕壳期 (按照褪壳次数分为 T1-T3 期) 生长指标、营养成分以及抗氧化酶活性分析。生长指标结果显示, “江鄱 20”扣蟹 (T0 期) 的平均体质量以及 (T0-T1 期) 增重率、特定生长率均高于“长江 2 号”但差异不显著 ($P > 0.05$); “江鄱 20”成蟹 (T1-T3 期) 平均体质量均高于“长江 2 号”, 其中 T2 期达到极显著水平 ($P < 0.0001$)。“江鄱 20” (T1-T2 期) 增重率显著更高 ($P < 0.05$), 但“长江 2 号” (T2-T3 期) 增重率及特定生长率都显著更高 ($P < 0.001$)。营养成分检测分析发现, “江鄱 20”扣蟹 (T0 期) $n-3$ 与 $n-6$ 多不饱和脂肪酸总量比值 ($\Sigma n-3/\Sigma n-6$) 极显著高于“长江 2 号” ($P < 0.0001$), 而二十碳五烯酸 (EPA) 含量则显著低于后者 ($P < 0.01$); “江鄱 20”成蟹 (T2 期) $\Sigma n-3/\Sigma n-6$ 比值仍显著高于“长江 2 号” ($P < 0.01$), 但 EPA 含量依然极显著低于后者 ($P < 0.0001$)。同时, “长江 2 号”的甜、鲜味氨基酸含量略高 (无显著差异), 其粗蛋白 ($P < 0.0001$)、粗脂肪 ($P < 0.001$) 均显著高于“江鄱 20”, 两者灰分含量无显著差异。抗氧化酶活测定显示, “江鄱 20”扣蟹 (T0 期) 的 GSH-Px、CAT 活性均显著高于“长江 2 号” ($P < 0.01$), SOD 和 T-AOC 活性略高, MDA 含量略低; “江鄱 20”成蟹 (T1、T2 期) 的 GSH-Px、CAT 活性仍显著占优 ($P < 0.01$), SOD、MDA 与 T-AOC 水平均高于“长江 2 号”, 其中 SOD 活力在 T1 期出现显著性差异 ($P < 0.01$)。综上, “江鄱 20”扣蟹在脂肪酸不饱和度及抗氧化能力方面具有优势; 成蟹阶段则在生长性能、脂肪酸组成、常规营养及抗氧化能力方面表现更优。上述结果初步表明, “江鄱 20”的选育策略具有积极的改良潜力。

关键词: 中华绒螯蟹; 扣蟹; 成蟹; 生长性能; 营养品质; 抗氧化能力; 转录组

资助项目: 国家重点研发计划 (2023YFD2401800)

通讯作者: 赵大显, 男, 博士, 教授, 博士生导师, 主要从事水产动物良种繁育与健康养殖,

电话: 13707086753, Email: zhaodaxian@ncu.edu.cn

Ovarian metabolomic profiling of hepatopancreatic necrosis syndrome-affected and healthy Chinese mitten crab (*Eriocheir sinensis*)

Yameng Song¹, Yongxu Cheng^{2,*}

1.School of Fisheries, Xinyang Agriculture and Forestry University, Xinyang, China; 2.School of Marine Sciences, Ningbo University, Ningbo, China

Abstract: Chinese mitten crab (*Eriocheir sinensis*) is an economically valuable freshwater cultured crustacean in China, and its aquaculture industry plays a crucial role in the sustainable development of national freshwater aquaculture. In recent years, with the continuous expansion of farming scale and the deterioration and complexity of aquaculture environments, Hepatopancreatic Necrosis Disease (HPND) has emerged as a major restrictive factor limiting the healthy development of the *E. sinensis* aquaculture industry. This disease can cause a mortality rate of up to 40% - 50% in cultured crabs, resulting in substantial economic losses to the crab farming industry. The hepatopancreas and muscle are the primary damaged tissues in HPND affected crabs, which are not only core immune organs but also the main edible tissues of crustaceans. To date, most relevant studies have focused on the effects of abiotic factors on HPND occurrence; nevertheless, the underlying pathogenic and regulatory mechanisms of this disease remain poorly understood. To further elucidate the metabolic responses induced by HPND, the present study employed untargeted metabolomics to characterize ovarian metabolic profiles in HPND-infected and healthy *E. sinensis*. Differential metabolites were screened through intergroup difference analysis and systematic bioinformatics analysis, followed by metabolic pathway enrichment analysis. A total of 1335 differential metabolites were successfully identified, which were predominantly enriched in multiple key metabolic pathways, including amino acid biosynthesis, tryptophan metabolism, as well as alanine, aspartate and glutamate metabolism. Collectively, this study reveals the metabolic regulatory mechanism by which HPND interferes with ovarian metabolic homeostasis in *E. sinensis* at the molecular level. These findings provide a solid theoretical foundation for improving the prevention and control of HPND and offer a novel research perspective for the development of comprehensive disease control strategies in *E. sinensis* aquaculture.

资助项目: 中国国家重点研究发展计划(2023YFD2401001); 国家虾蟹产业技术体系 (China Agriculture Research System, CARS-48)

通讯作者: 宋亚猛 (1994-), 男, 讲师, 研究方向为甲壳动物营养生理, E-mail: sym2025210004@163.com; 成永旭, 教授, E-mail: chengyongxu@nbu.edu.cn

Key words: *Eriocheir sinensis*; Hepatopancreatic Necrosis Syndrome; metabolomics

Hemocyanin regulates phosphatidylcholine metabolism to enhance ROS-mediated immunity in *Penaeus vannamei*

Yunyu Shi¹, Yonghui Kong¹, Shiyuan Bao¹, Yuqing Zhou¹, Jiawei Cheng¹, Zhihong Zheng¹, Yongzhen Zhao², Xianliang Zhao^{1*}, Yueling Zhang^{1*}

1. Guangdong Provincial Key Laboratory of Marine Biotechnology, Institute of Marine Sciences, Shantou University, Shantou 515063, China 2. Guangxi Academy of Fishery Sciences, Guangxi Key Laboratory of Aquatic Genetic Breeding and Healthy Aquaculture, Nanning 530021, China

Abstract: Objective: Acute Hepatopancreatic Necrosis Disease (AHPND) is one of the most severe threats to global shrimp aquaculture. Recent studies report a significant reduction in hepatopancreas hemocyanin levels in *Penaeus vannamei* (PvHMC) by AHPND. Methods: To investigate the functional implications, we performed Gas Chromatography-Mass Spectrometry (GC-MS)-based metabolomics and found that PvHMC knockdown caused a marked accumulation of phosphatidylcholine (PC). qPCR and ELISA analyses further showed that PvHMC suppression upregulated PvCPT1, a key enzyme in PC synthesis. Co-immunoprecipitation (Co-IP) confirmed a direct interaction between PvHMC and PvCPT1, indicating that PvHMC regulates PC metabolism by binding to PvCPT1. Results: Functional assays demonstrated that exogenous PC supplementation significantly increased reactive oxygen species (ROS) production, whereas simultaneous knockdown of PvHMC and PvCPT1 reduced plasma PC levels and ROS activity. Under pathogenic challenge, PC administration inhibited *Vibrio parahaemolyticus* (*Vp_{AHPND}*) proliferation by enhancing intracellular ROS-mediated antimicrobial responses, ultimately improving shrimp survival. Conclusion: PvHMC regulates PC metabolism to modulate ROS levels, strengthening shrimp's immune defense against pathogenic infections. These findings reveal a novel metabolic regulatory role of PvHMC in response to *Vp_{AHPND}* infection and suggest potential strategies for controlling AHPND in shrimp aquaculture.

Key words: *Penaeus vannamei*; Acute Hepatopancreatic Necrosis Disease (AHPND); Hemocyanin; Phosphatidylcholine; ROS

资助项目: National Natural Science Foundation of China (U22A20536)

通讯作者: Xianliang Zhao, Associate Professor; Research interests mainly focus on Shrimp Immunity and Disease Management; E-mail: xlzhao1@stu.edu.cn; Yueling Zhang, Professor, Doctoral supervisor; Research interests mainly focus on Shrimp Immunity and Disease; E-mail: zhangyl@stu.edu.cn

虾青素缓解微囊藻毒素诱导的红螯螯虾肝胰腺消化功能障碍：基于消化生理与转录组学分析

李垚, 李西雷*

安徽农业大学动物科技学院, 安徽省 合肥市, 230036

摘要: 虾青素是甲壳动物重要的膳食类胡萝卜素, 具有抗氧化和抗应激作用。本研究探讨了饲料添加虾青素对微囊藻毒素 (microcystin-LR, MC-LR) 诱导的红螯螯虾 (*Cherax quadricarinatus*) 肝胰腺消化功能障碍的保护作用及其机制。红螯螯虾分别饲喂含虾青素 0、100、200、300、400mg/kg (即有效虾青素浓度 0、3、6、9 或 12 mg/kg) 的饲料 60 d。经生长性能评估后, 选取对照组和 6 mg/kg 虾青素组的红螯螯虾, 以 150 μ g/kg 体重的剂量暴露于 MC-LR 24 h, 组别设置为: 基础饲料饲喂组 (即对照组) (C)、虾青素饲料饲喂组 (A)、基础饲料饲喂联合 MC-LR 暴露组 (R)、虾青素饲料饲喂联合 MC-LR 暴露组 (AR)。结果显示, 在 R 组中, MC-LR 暴露会影响肝小管的组织结构, 使 B 细胞数量减少并伴随液泡萎缩, 导致 R 细胞空泡化不均匀, F 细胞分布紊乱, 此外, R 组胰蛋白酶活性显著降低 ($P < 0.05$), 脂肪酶和淀粉酶活性也呈下降趋势。而 AR 组中膳食虾青素维持了消化上皮细胞数量, 减少了异常空泡化, 并显著提高红螯螯虾肝胰腺中胰蛋白酶、脂肪酶和淀粉酶的活性 ($P < 0.05$)。转录组分析表明, 在 R 组中, MC-LR 暴露会抑制参与内质网蛋白质加工、蛋白酶体以及蛋白质消化与吸收通路的相关基因表达。在 AR 组中, 膳食虾青素则不同程度地恢复了这些关键基因的表达, 从而支持蛋白质折叠、质量控制、错误折叠蛋白清除和营养物质转运。综上, 膳食虾青素可缓解 MC-LR 诱导的肝胰腺消化功能障碍和蛋白质稳态紊乱, 并为其在红螯螯虾中的保护作用提供了机制依据。

关键词: 红螯螯虾; 虾青素; 微囊藻毒素; 消化; 转录组

资助项目: 无

通讯作者: 李西雷, 男, 博士, 副教授, 硕士生导师, 主要从事水产动物种质资源与遗传育种研究, E-mail: xlli@ahau.edu.cn

日粮中添加虾青素对红螯螯虾氨氮胁迫的缓解效应

刘贝尼, 李西雷*

安徽农业大学动物科技学院, 安徽省 合肥市, 230036

摘要: 氨氮胁迫易损害甲壳类鳃组织并对水产养殖构成严重威胁。本研究系统评估了饲料中虾青素在红螯螯虾 (*Cherax quadricarinatus*) 中应对氨氮胁迫的保护作用及其分子机制。前期 8 周的饲养试验表明, 200 mg/kg 饲料为最佳虾青素补充剂量。因此, 本研究采用四种处理条件进行氨氮胁迫: 对照组 (即基础饲料饲喂组) (C)、虾青素饲料饲喂组 (A)、基础饲料饲喂+氨氮胁迫组 (N) 以及虾青素饲料饲喂+氨氮胁迫组 (AN)。结果显示: 与 C 组相比, N 组耗氧速率增加, 血淋巴中 Na^+ 含量减少、 K^+ 和 L-LD 含量增加, 鳃和肝胰腺出现组织损伤及线粒体功能障碍。然而, AN 组耗氧量和血淋巴离子平衡恢复, 鳃组织 15N 含量降低, 组织损伤缓解, 线粒体膜电位得到恢复。此外, AN 组 CAT、GSH-Px、 Na^+/K^+ -ATPase 活性显著提高, $\text{IL-1}\beta$ 、TNF- α 显著降低。转录组分析证实, 由虾青素介导的保护作用主要富集于 IL-17 信号通路、PPAR 信号通路以及脂肪酸代谢通路。综上, 通过膳食补充虾青素, 可有效减轻红螯螯虾体内氨氮毒性, 其机制包括协调的代谢调控、抗氧化/免疫增强以及线粒体保护。本研究为甲壳类动物应激管理提供了一种有价值的营养策略。

关键词: 红螯螯虾; 虾青素; 氨氮胁迫; 肝胰腺; 转录组

资助项目: 无

通讯作者: 李西雷, 男, 博士, 副教授, 硕士生导师, 主要从事水产动物种质资源与遗传育种研究, E-mail: xlli@ahau.edu.cn

三种养殖模式下红螯螯虾生长性能、肌肉品质及抗氧化能力的比较

付浩霖¹, 侯佳浩¹, 李小勇^{2*}, 邱桂萍², 张锦波², 裴建明²

刘文玉³, 谢颖², 张明辉³, 赵大显^{1*}

1.南昌大学 生命科学学院/水产种质创新与利用江西省重点实验室, 江西 南昌 330031; 2.江西省农业技术推广中心, 江西 南昌 330046; 3.吉安市农业农村产业发展服务中心, 江西吉安 343000

摘要: 为探究池塘精养、稻虾共生和莲虾共生三种模式下红螯螯虾 (*Cherax quadricarinatus*) 综合养殖效果, 本研究开展了为期 84 d 的生产养殖试验。每种模式设 3 个重复单元, 放养密度均为 3000 尾/亩。养殖结束后, 测定每种模式红螯螯虾生长性能、肌肉常规营养成分、氨基酸组成、脂肪酸组成、肝胰腺抗氧化酶活性及经济效益。结果表明: 莲虾组增重率、含肉率和肥满度显著高于池塘组 ($P<0.05$), 稻虾组和莲虾组肝胰腺指数显著高于池塘组 ($P<0.05$); 池塘组肌肉粗脂肪含量显著高于莲虾组 ($P<0.05$), 粗蛋白含量略低于另外两种模式但差异不显著 ($P>0.05$); 稻虾组和莲虾组总氨基酸、必需氨基酸、鲜味氨基酸含量均显著高于池塘组 ($P<0.05$); 池塘组多不饱和脂肪酸 (PUFA) 含量显著低于稻虾组和莲虾组 ($P<0.05$); 稻虾组和莲虾组总抗氧化能力 (T-AOC) 和超氧化物歧化酶 (SOD) 活性显著高于池塘组, 丙二醛 (MDA) 含量显著低于池塘组 ($P<0.05$); 经济效益以莲虾组最高 (15784.6 元/亩), 稻虾组次之, 池塘组最低。综上, 综合种养模式 (莲虾组与稻虾组) 能显著改善红螯螯虾肌肉营养品质、提升抗氧化能力及经济效益。

关键词: 红螯螯虾; 养殖模式; 生长性能; 肌肉品质; 抗氧化能力; 经济效益

资助项目: 国家重点研发计划课题 (2023YFD2401802); 江西省渔业种业项目 (2024yyzytg-05); 江西省农牧渔业科研指导性课题 (202445); 江西省名特优水产品产业技术体系 (JXARS-15)

通讯作者: 赵大显, 教授, 博士生导师, 研究方向为水产良种繁育与健康养殖研究, E-mail: zhaodaxian@ncu.edu.cn

克氏原螯虾耐热与生长复合性状约束式基因组选择模型的构建与应用研究

王秋金¹, Romaric Iko¹, 贾亮¹, 白志毅^{1*}

1. 上海海洋大学 农业农村部淡水水产种质资源重点实验室, 上海市浦东新区, 201306

摘要: 本研究针对克氏原螯虾 (*Procambarus clarkii*) 稻田养殖中高温胁迫、生长缓慢、体型失衡以及复合性状选择的权重分配难题, 开发了一套复合性状约束式基因组选择 (GS) 模型。以 600 尾参考群体与 200 尾选育群体为基础, 利用“海龙芯 1 号”50K SNP 芯片完成基因分型。全基因组关联分析 (GWAS) 发现 16 个生长与 44 个耐热显著相关位点, 且遗传相关低, 表型调控位点相互独立, 具有良好的复合性遗传改良基础。育种模型比较表明, GBLUP 模型对生长性状和 ABT 的预测准确性在 0.88~0.94 之间, 可作为 GS 的基础模型。SNP 筛选及多性状选择策略优化显示, GWAS 择优法可显著降低 65% 以上的核心标记数量, 并提升预测准确性。根据育种目标, 模型将性状划分为耐热性状、7 个核心经济性生长性状和 3 个头胸甲限制性状, 基于遗传相关矩阵与方向向量, 采用二次规划求解最优指数权重。引入渴望参数 α 调控耐热权重、 λ 控制抑制强度, 通过拐点效率系数评估边际收益, 确保各性状均处于高效增益区, 构建三维帕累托评分函数几何合成总分, 机器搜索最优成本惩罚因子 γ 与平衡惩罚系数 β 。最优解下, ABT 权重为 0.205, 核心生长性状总权重为 0.534, 头胸甲限制性状总抑制权重 0.261, 头胸甲增益约束 27.20%~33.56%, 生长性状相对增益平均保持 76.11%, ABT 增益为未约束的 1.98 倍。选育后代验证显示生长性状提升 17.3%~79.5%, ABT 提高 2.24°C, 耐热存活时间延长 36%, 头胸甲长占比缩小约 5%。本研究建立了大数据驱动下的复合性状约束基因组选择育种技术体系, 为甲壳类动物复合育种的遗传改良提供理论参考。

关键词: 克氏原螯虾; 基因组选择; 复合性状育种模型; 生长性状; 耐热性状

资助项目: 上海市科技创新行动计划 (23N11900300)

通讯作者: 白志毅 (1978-), 男, 博士, 教授, 研究方向为贝类虾类遗传育种, E-mail: zybai@shou.edu.cn

克氏原螯虾性别标记的开发与*Doublesex*基因的原核表达

刘艺¹, Romaric Iko¹, 贾亮¹, 白志毅^{1*}

1.上海海洋大学 农业农村部淡水水产种质资源重点实验室, 上海市浦东新区, 201306

摘要: 克氏原螯虾 (*Procambarus clarkii*) 是我国重要的经济水产动物, 其雌雄个体在生长速率与市场价值上存在显著差异, 性别控制育种对提升养殖效益具有重要意义。本研究旨在开发稳定的性别特异性分子标记, 并探究克氏原螯虾 *Doublesex* 基因 (*PcDsx*) 在性别分化中的功能, 为全雌或全雄单性养殖提供技术支撑。本研究利用全基因组关联分析 (GWAS) 对实验室已有的 SNP 芯片数据进行深度挖掘, 筛选与性别显著关联的位点, 并通过更换不同地理群体中进行卡方检验验证, 结果获得 59 个性别显著相关位点, 显著性 SNPs 主要位于基因组 (GCA_020424385.2) 第 38 号染色体, 其中分子标记 SNP26150 判别率达到 100%。同时, 克隆 *PcDsx* 基因的编码区, 构建了 pET-32a 原核表达载体, 通过优化诱导条件发现在 15°C 诱导 18h、IPTG 终浓度为 0.6mmol/L 时蛋白表达量最高, 并对蛋白进行纯化以获取高纯度重组蛋白。本研究有望揭示 *PcDsx* 在甲壳动物性别决定中的调控网络, 并为后续开展克氏原螯虾 *PcDsx* 基因的功能研究奠定了重要的理论基础。

关键词: 克氏原螯虾; 分子标记; *Doublesex*; 原核表达

资助项目: 上海市科技创新行动计划 (23N11900300)

通讯作者: 白志毅 (1978-), 男, 博士, 教授, 研究方向为贝类虾类遗传育种, E-mail: zybai@shou.edu.cn

克氏原螯虾三个地理群体双列杂交组合的生长性能及杂种优势评价

张继虎¹, 王永震¹, 张成龙¹, 季相山¹, 赵燕^{1*}

1. 山东农业大学, 农业农村部非粮饲料资源高效利用重点实验室 (部省共建), 泰安, 山东, 271000

摘要: 【目的】比较白洋淀、微山湖和高邮湖 3 个地理群体双列杂交组合的综合表现, 评价其杂交利用潜力并筛选优势组合。【方法】构建 6 个正反交组合和 3 个自交组合, 分别开展低温、常温和高温养殖试验, 测定体质量、增重率、特定生长率、饲料系数及主要腹部形态性状, 并进行一般配合力、特殊配合力、中亲优势、超亲优势和正反交效应分析。【结果】白洋淀♀×高邮湖♂在低温和常温条件下增重表现较优, 其体质量中亲优势和超亲优势分别为 6.18%和 5.27%, 体质量较反交提高 13.32%; 白洋淀♀×微山湖♂在高温条件下终末体质量、增重率和特定生长率最高, 高邮湖♀×微山湖♂的饲料系数最低。不同亲本组合的特殊配合力、腹部形态及正反交效应表现出明显的性状和性别差异, 高邮湖亲本总体一般配合力较好。【结论】三个地理群体间存在较丰富的杂交潜力, 不同组合的优势具有明显的温度、性状、性别和杂交方向特异性, 为克氏原螯虾优势组合选配及耐低温、快长新品系的培育提供依据。

关键词: 克氏原螯虾; 双列杂交; 生长性能; 杂种优势; 配合力

资助项目: 国家重点研发计划 (2022YFD24007)

通讯作者: 赵燕, 教授, 主要从事水产遗传育种研, E-mail: yzhao@sda.edu.cn

克氏原螯虾 *HSP30c* 基因在高温胁迫响应及耐热性形成中的 功能与遗传机制研究

宾祐¹, 王秋金¹, 刘艺¹, 白志毅^{1*}

1. 上海海洋大学 农业农村部淡水水产种质资源重点实验室, 上海市浦东新区, 201306

摘要: 本研究旨在探究小分子热休克蛋白基因 *HSP30c* 在克氏原螯虾 (*Procambarus clarkii*) 高温胁迫响应及耐热性形成过程中的作用机制。通过基因克隆、生物信息学分析、qRT-PCR 表达检测、RNA 干扰功能验证以及 SNP 遗传变异分析等方法, 对 *HSP30c* 基因结构特征、表达模式、功能作用及其与耐热性相关的遗传基础进行了系统研究。结果表明, 克氏原螯虾 *HSP30c* 基因全长 1262bp, 开放阅读框 (ORF) 为 555bp, 编码 184 个氨基酸, 预测蛋白含有保守的 α -结晶结构域。*HSP30c* 基因在克氏原螯虾多个组织中均有表达, 其中在心脏组织中的表达水平最高。高温胁迫条件下, 耐热选育群体和普通群体中 *HSP30c* 表达量均显著 ($P < 0.05$) 升高, 但耐热群体表现出更快速和更强烈的表达响应, 且恢复速度更快。进一步通过 RNA 干扰沉默 *HSP30c* 基因发现, *HSPRNAi* 处理显著 ($P < 0.05$) 降低了个体最高临界耐热温度 (Critical thermal maximum, cTmax)、耐热性 (Upper thermal tolerance, UTT) 和的阿伦尼乌斯拐点温度 (Arrhenius break temperatures, ABT), 表明 *HSP30c* 在维持克氏原螯虾高温适应能力中发挥重要作用。基于高通量测序和群体遗传分析, 在 *HSP30c* 基因区域共筛选获得多个 SNP 位点和单倍型, 且耐热选育群体中优势单倍型显著富集, 提示 *HSP30c* 基因区域可能受到耐热人工选择压力。综上所述, *HSP30c* 基因通过调控高温胁迫响应、影响个体热耐受能力, 并结合基因区域内有利遗传变异的积累, 共同参与克氏原螯虾耐热性形成过程。*HSP30c* 基因的表达调控及遗传多态性可能是影响不同群体热胁迫适应能力差异的重要分子基础, 可为克氏原螯虾耐热品种选育及分子标记辅助育种提供理论依据。

关键词: 克氏原螯虾; *HSP30c*; 耐热

资助项目: 上海市科技创新行动计划 (23N11900300)

通讯作者: 白志毅 (1978-), 男, 博士, 教授, 研究方向为贝类虾类遗传育种, E-mail:

zybai@shou.edu.cn

克氏原螯虾选育与未选育群体的生长性能、肌肉营养比较及出肉率相关性分析

范洪祥¹, 侯佳浩¹, 涂尔祺¹, 龚佳奇¹, 付浩霖¹,

李琳洁¹, 王子予¹, 赵大显^{1*}

1.南昌大学 生命科学学院/水产种质创新与利用江西省重点实验室, 江西 南昌 330031

摘要: 为系统对比克氏原螯虾选育与未选育群体的生长性能、肌肉营养及出肉率差异, 并分析出肉率与形态性状和质量性状的相关性, 本研究开展了选育与未选育群体生长对比试验, 为期一个月, 试验过程中每两个星期测量生长性状, 实验结束后解剖获取腹部肌肉, 同时采用 Pearson 相关分析法分析全长、体长、头胸甲长、头胸甲宽、头胸甲高、腹部长、尾扇长、螯长、螯宽、步足长、步足宽、腹甲各节长和腹甲各节宽等形态可量性状以及体质量、腹部重、腹部肌肉重、螯质量等质量性状与出肉率的相关性。结果显示, 生长方面, 克氏原螯虾选育群体的终末体重、增重率和特定生长率均极显著高于未选育群体 ($P<0.001$)。营养方面, 选育群体粗蛋白含量显著低于未选育群体 ($P<0.05$), 粗脂肪含量极显著低于后者 ($P<0.001$), 而灰分和水分含量无显著差异; 氨基酸组成中仅丙氨酸含量存在显著差异 ($P<0.05$), 其余氨基酸及脂肪酸各组份均无统计学差异。相关性分析显示, 出肉率与螯长、螯宽、螯质量及螯体质量比呈高度负相关 ($r\geq 0.70$), 与体长呈中度正相关, 与头胸甲性状无显著关联; 腹甲第 1 节宽、第 5 节宽呈负相关。综上, 选育群体在生长速度和出肉率上具有显著优势, 螯大小可作为出肉率选育的辅助指标, 该品系具备良好的选育推广潜力。

关键词: 克氏原螯虾; 选育; 生长性能; 出肉率; 营养组成; 相关性分析

资助项目: 无

通讯作者: 赵大显, 教授, 博士生导师, 研究方向为水产良种繁育与健康养殖研究, E-mail:

zhaodaxian@ncu.edu.cn

长牡蛎耐低盐性状的基因组选择育种研究进展与应用展望

李兵辉^{1,2}, 张天宇^{1,2}, 王瑞瑶^{1,2}

1. 大连海洋大学, 辽宁大连 116023

摘要: 长牡蛎 (*Crassostrea gigas*) 是我国重要海水养殖贝类, 气候变化、极端降雨、河口径流增加及养殖海区盐度快速波动, 使低盐胁迫成为制约其苗种成活、养殖稳产和海区拓展的重要环境因子。长牡蛎耐低盐性状在家系间存在显著表型差异, 其遗传力处于低至中等水平, 说明该性状具有可选择改良潜力; 相关 GWAS 研究揭示其多基因遗传基础, 并鉴定到涉及氧化代谢、跨膜运输和免疫防御等过程的候选位点和基因。由于耐低盐性状通常需要低盐胁迫挑战和存活记录, 表型测定成本高、周期长, 且易受发育阶段、环境条件和群体结构影响, 仅依赖传统表型选择难以实现早期精准选种。基因组选择以全基因组 SNP 标记为基础, 通过建立含准确低盐耐受表型和基因型信息的参考群体, 利用 GBLUP、Bayes 类模型或 ssGBLUP 等方法估计个体基因组育种值, 可在候选亲本尚未接受低盐挑战前完成早期选择, 并兼顾低盐耐受、生长、存活和繁殖力等多性状综合改良。结合长牡蛎已有基因组资源、低覆盖度全基因组测序及基因型填充技术, 未来可进一步构建低成本标记 panel, 优化跨世代、跨海区的预测模型, 解析基因组与环境互作, 建立“低盐挑战表型测定—全基因组分型—育种值预测—亲本选配—新品系验证”的闭环育种体系。该策略有望提升长牡蛎低盐环境适应性和养殖稳定性, 为贝类抗逆良种创制与水产种业高质量发展提供技术支撑。

关键词: 长牡蛎; 耐低盐; 基因组选择; 基因组育种值; 抗逆育种

资助项目: 辽宁省兴辽英才青年拔尖人才 (2025XLYD)

通讯作者: 李兵辉, 男, 硕士研究生, E-mail: 1920910572@qq.com

三角帆蚌黑色素细胞分离、培养及生物特性鉴定

罗秋霞¹, 王贺¹, 白志毅^{1,2*}

1. 上海海洋大学水产与生命学院, 农业农村部淡水水产种质资源重点实验室, 上海 201306; 2. 上海海洋大学水产与生命学院, 上海市水产动物良种创制与绿色养殖协同创新中心, 上海 201306

摘要: 为构建一种三角帆蚌 (*Hyriopsis cumingii*) 外套膜原代黑色素细胞体外分离培养技术方法, 并探究其生物学特性和体外育珠的可行性。采用胰蛋白酶消化法对三角帆蚌外套膜组织进行消化, 采用密度梯度离心富集较高浓度的原代黑色素细胞。试验期间, 观察其细胞形态; 对体外培养的细胞进行特征分析; 多巴染色法鉴定酪氨酸酶活性; 采用细胞计数监测细胞的增殖活力。结果: 经胰蛋白酶消化联合密度梯度离心, 成功获得高纯度原代黑色素细胞; 细胞贴壁后呈圆形; 多巴染色呈阳性, 胞体呈棕黑色, 表明酪氨酸酶活性良好; 细胞在体外可短期增殖。结论: 本研究成功建立了一套稳定、高效的外套膜黑色素细胞分离与短期内培养体系, 所获细胞保持了典型的形态特征与酪氨酸酶活性, 为三角帆蚌黑色素细胞功能研究及体外育珠探索提供了可靠的技术平台。

关键词: 三角帆蚌; 外套膜; 黑色素细胞; 组织培养; 酪氨酸酶;

资助项目: 国家重点研发计划 (2022YFD2400105); 国家现代农业产业技术体系 (CARS-49)

通讯作者: 白志毅, 男, 博士, 教授, 研究方向: 水产动物种质资源与苗种工程; E-mail: zybai@shou.edu.cn

池蝶蚌的*EGFR*基因参与伤口愈合并促进细胞增值

曾小英¹, 陈春福¹, 王鑫嫻¹, 丁雪梅¹, 洪一江^{1, 2*}, 彭扣^{1, 2*}

1 南昌大学生命科学学院, 江西 南昌 330031; 2 水产种质创新与利用江西省重点实验室,
江西 南昌 330031

摘要:【目的】探究池蝶蚌 (*Sinohyriopsis schlegelii*) 表皮生长因子受体 (*EGFR*) 同源基因 (*HsEGFR-1/2*) 在伤口愈合中的表达模式及其对细胞增殖的调控作用, 明确其参与创伤修复的分子机制。【方法】构建池蝶蚌外套膜创伤模型, 利用 qRT-PCR 检测创伤后 20 d 内血细胞及外套膜中 *HsEGFR-1/2* 的 mRNA 动态表达。通过 RNA 干扰 (RNAi) 技术筛选有效干扰靶点, 检测基因沉默后愈合相关标志基因 (*HsKi67*、*HsCCND*、*HsCDKN1*) 的表达变化。同时, 克隆 *HsEGFR-1* 的 CDS 序列、*HsEGFR-2* 的部分 CDS 序列并构建 p3xFLAG-Myc-CMV 真核过表达载体, 转染 HEK-293T 细胞后经 Western Blot 验证蛋白表达, 采用 CCK-8 法分析过表达及不同浓度 EGF 配体 (0 nM~1 μ M) 处理对细胞增殖活力的影响。【结果】创伤后, 血细胞及外套膜中 *HsEGFR-1/2* mRNA 表达水平在愈合周期内均显著升高, 且均在创伤后 3 d 达峰值。筛选获得最优干扰链 *EGFR1*-dsRNA3 (干扰效率: 血淋巴 52%、外套膜 52%) 和 *EGFR2*-dsRNA3 (干扰效率: 血淋巴 85%、外套膜 65%), 单次注射有效干扰时长约 2 d。沉默 *HsEGFR* 后, *HsKi67* 与 *HsCCND* 表达显著受抑, 而 *HsCDKN1* 持续异常高表达, 且 *HsEGFR2* 的调控作用强于 *HsEGFR1*。成功构建真核过表达载体, Western Blot 显示重组蛋白在 HEK-293T 细胞中正确表达 (约 36 kDa 和 55 kDa)。CCK-8 结果表明, *HsEGFR-1* 过表达显著促进细胞增殖, 且该效应可被外源性 EGF 以浓度依赖性方式增强 (1 μ M 时最显著); 而 *HsEGFR-2* 过表达在各浓度 EGF 处理下均未显示促增殖作用。【结论】*HsEGFR-1/2* 均参与池蝶蚌伤口愈合的早期分子响应, 其中 *HsEGFR-2* 在体内调控作用更显著, 但 *HsEGFR-1* 是介导 EGF 依赖性细胞增殖的主要功能受体, 而 *HsEGFR-2* 可能为缺乏完整功能结构域的变体, 无法激活增殖信号通路。本研究为阐明贝类 EGFR 家族的功能分化及伤口愈合机制提供了重要依据。

关键词: 池蝶蚌; *EGFR* 基因; RNA 干扰; 伤口愈合; 细胞增值

资助项目: 江西省自然科学基金 (20242BAB25399); 江西省现代农业 (名特优水产品) 产业技术体系建设资金 (JXARS-15-龟鳖健康养殖岗); 国家重点研发计划子任务课题 (2023YFD2401804)

通讯作者: 彭扣, 男, 博士, 副教授, 水产动物遗传育种及健康养殖, E-mail: pengkou@126.com

梨形环棱螺*Hsd17b2*基因的鉴定及功能研究

张誉伶¹, 缪煜琳¹, 顾洋¹, 汪桂玲^{1,2,3,*}

1.上海海洋大学 农业农村部淡水水产种质资源重点实验室, 上海, 201306; 2.上海海洋大学 上海水产养殖工程技术研究中心, 上海, 201306; 3.上海海洋大学 水产动物遗传育种中心上海市协同创新中心, 上海, 201306

摘要: 梨形环棱螺作为我国特有的可食用淡水螺类, 具有非常可观的经济价值。17 β -HSD2 是性类固醇激素代谢的关键酶, 而性类固醇激素在软体动物生殖过程中发挥重要作用。为探究 *Hsd17b2* 基因在梨形环棱螺 (*Bellamya purificata*) 性腺发育中的功能, 本研究克隆获得其 cDNA 序列, 开放阅读框长 1146 bp, 编码 381 个氨基酸, 编码蛋白包含短链脱氢酶/还原酶超家族保守基序 (如 TGxxxGxG、YxxxK、PGxxxR) 及变异型 PGxxxE。组织表达分析显示, *Hsd17b2* 基因在性腺中表达量最高, 且精巢表达显著高于卵巢 ($P < 0.01$), 精巢为主的性别二态性表达模式在幼螺不同月龄及成螺性腺各发育阶段中持续存在, 不同的是, 幼螺 2.5 月龄时卵巢中该基因的表达量最高且显著高于精巢 ($P < 0.01$)。原位杂交中阳性信号定位于精巢滤泡壁、精母细胞和精细胞, 卵巢中未检出明显信号。RNAi 敲低 *Hsd17b2* 基因后性类固醇激素合成通路中的 *Stard3*、*Cyp17a1* 基因表达上调, 性激素水平发生变化; 而注射 17 β -雌二醇或 17 α -甲基睾酮可快速上调性腺中 *Hsd17b2* 基因的表达。上述结果表明, *Hsd17b2* 基因在梨形环棱螺性腺类固醇激素代谢中发挥关键作用, 且受外源性性激素的快速反馈调控。

关键词: 梨形环棱螺; *Hsd17b2* 基因; 性腺发育; RNA 干扰

资助项目: 国家重点研发计划 (2022YFD2400700); 国家自然科学基金 (32072975)

通讯作者: 汪桂玲, 女, 博士, 教授, 水产动物遗传育种, 15317905262, E-mail: glwang@shou.edu.cn

Studies on the Early Growth and Gonadal Development Patterns of *Bellamya purificata*

Yang Gu, Yuling Zhang, Huohong Lv, Zhengxin Li, Guiling Wang*

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

Abstract: [Objective] *Bellamya purificata* is prized for its tender meat and rich nutritional value, making it an important economic freshwater snail species in China. However, research on this species started relatively late, its early growth and development patterns as well as the critical period for sex differentiation remain unclear, which has constrained the development of the industry. [Methods] In this study, morphological and histological observations were employed to examine the gonadal differentiation and development processes in juvenile snails, to elucidate their growth and development patterns, and to stage the development of mature gonads. Additionally, ELISA was used to detect changes in sex steroid hormone contents during gonadal development. [Results] The results showed that sex differentiation begins at 15 days of age, is completed by 2 months of age, and the gonads reach full maturity at 3 months of age. Growth data indicated that the fastest growth occurs within the first month of age, with shell width, shell height, and total wet weight reaching peak growth rates, which then decline significantly during gonadal differentiation and development to maturity. Based on gonadal histological characteristics, the developmental process was divided into three stages. Hormonal assays revealed that estradiol and testosterone levels increased significantly during gonadal development, suggesting their potential involvement in regulating gonadal maturation. [Conclusion] This study clarifies the early growth patterns of *B. purificata*, identifies the critical period for sex differentiation, and establishes the staging of gonadal development, thereby enriching the theoretical foundation of its reproductive biology and providing a reference for artificial breeding and aquaculture practices.

Keywords: *Bellamya purificata*; Growth performance; Sex differentiation; Gonadal development; Steroid hormones

资助项目: “十四五”国家重点研发计划 (2022YFD2400700)

通讯作者: 汪桂玲, 女, 博士, 教授, 从事淡水贝类性别决定机制, 种质资源遗传多样性和分子标记辅助育种的研究工作, Tel: 15692165262, E-mail: glwang@shou.edu.cn

稻鳅共作系统中投饵对种养生物产量、水质的影响

王文军¹, 徐文强¹, 冯敏², 王自蕊¹, 边建民², 陈小荣², 贺浩华²,

周秋白^{1*}, 余传启^{1,2*}

1.江西省教育厅特种水产健康养殖重点实验室, 江西农业大学, 江西 南昌 330045; 2.教育部作物生理生态与遗传育种重点实验室, 江西农业大学, 江西 南昌 330045

摘要:【目的】为探明稻鳅共作系统中投饵对水稻（早籼 14）、泥鳅（大鳞副泥鳅）产量及水质的影响。【方法】试验分为 4 组，分别为单稻+化肥、单鳅+饵料、稻鳅+饵料、稻鳅+化肥。【结果】稻鳅共作组泥鳅的增重率显著高于单鳅组，同时，稻鳅共作组抽穗期水稻剑叶叶绿素含量、结实率显著高于单稻组；此外，稻鳅共作显著降低水中氨氮含量。【结论】稻鳅共作可提升种养生物产量，改善系统水质。

关键词: 稻鳅共作；投饵；产量

资助项目: 国家特色淡水鱼产业技术体系（CARS-46）；江西省名特优水产品产业技术体系（JXARS-15）

通讯作者: 周秋白，男，博士，教授，水产动物健康养殖，电话：13065180718，E-mail: zhouqiubai@163.com；余传启，男，博士，讲师，稻鱼共作，电话：18816898283，E-mail: yucq@jxau.edu.cn

啞菌酯对稻鲫共作系统微生物群落的影响

滕泓波¹, 周琳珺², 贾睿^{1,2}, 侯治然^{1,2}, 李冰^{1,2}, 朱健^{1,2*}

1.南京农业大学无锡渔业学院, 江苏无锡, 214081; 2.中国水产科学研究院淡水渔业研究中心, 农业农村部稻渔综合种养生态重点实验室, 江苏无锡, 214081

摘要: 为探究稻渔综合种养中农药施用对稻渔共作系统的影响, 本研究以鲫鱼作为研究对象, 设置空白对照组 (不施用啞菌酯) 和实验组 (水体中初始浓度为 200 μ g/L) 对鲫鱼进行为期 28 天的胁迫实验。结果显示, 水体微生物中假单胞菌门 (*Pseudomonadota*) 比例下降, 放线菌门 (*Actinomycetota*) 比例上升; 鲫鱼肠道微生物中实验组由假单胞菌门 (*Pseudomonadota*)、放线菌门 (*Actinomycetota*)、疣微菌门 (*Verrucomicrobiota*)、浮霉菌门 (*Planctomycetota*) 和蓝细菌门 (*Cyanobacteriota*) 共同构成优势菌群, 而对照组菌群组成高度单一, 假单胞菌门 (*Pseudomonadota*) 占据绝对主导地位, 其他菌门丰度均较低; 土壤微生物各优势菌群无显著变化。结果表明, 施用啞菌酯显著改变了稻渔共作系统中水体、鲫肠道微生物的群落结构, 但对土壤微生物优势类群影响不显著。

关键词: 稻渔共作; 啞菌酯; 微生物; 鲫鱼; 生态风险

资助项目: 渔农综合种养创新团队 (2023TD64)

通讯作者: 朱健, 男, 研究员, 研究方向为水产健康养殖与渔农综合种养, E-mail: zhuj@ffrc.cn

光倒刺鲃源致病菌嗜水气单胞菌的分离鉴定、毒力因子及其耐药性分析

康美如^{1,3}；黄雅贞^{1,3}；廖丽玫^{1,3}；梁岳坤²；胡重华^{1,3}；闫一峰^{1,3}；温旭^{1,3}；
刘斌^{1,3}；张乐乐^{1,3}；曾庆祥^{1,3}；张家海^{1,3*}

1. 赣州市畜牧水产研究所，江西赣州 341401；2. 河南师范大学水产学院，河南新乡
453007；3. 赣州市特种水产繁育与健康养殖重点实验室，江西赣州 341401

摘要：为明确引发光倒刺鲃（*Spinibarbus caldwelli*）爆发性疾病的致病原及其致病潜能与耐药表型。本研究采集患病刺鲃病灶组织，分离得到病原菌 GZAH01，开展形态学观察、系统发育树与基因组测序分析对其进行鉴定；PCR 扩增法检测病原毒力基因；K-B 纸片扩散法测定其抗生素药物敏感性。该菌株为革兰氏阴性菌，菌体呈杆状、两端钝圆，无芽孢，菌落淡黄色、质地黏稠， β 溶血。16S rRNA 与 *gyrB* 基因进化树分析显示菌株 GZAH01 与嗜水气单胞菌（*Aeromonas hydrophila*）具有较高的同源性；基因组测序表明其序列总长 4 735 860 bp，GC 含量 61.45%，无质粒，ANI 分析和 dDDH 分析显示其与 *A. hydrophila* subsp. *hydrophila* ATCC 7966^T 相似度分别为 97.01%和 74.1%。菌株 GZAH01 携带 *act*、*aer*、*alt* 等 10 种常见毒力基因，基于 VFDB 数据库预测显示含毒力基因 635 个。抗生素药物敏感性测定结果显示其对青霉素、氨苄西林等 6 种常用抗生素表现出耐药性，对四环素类、氨基糖苷类和多肽类等抗生素表现敏感，基于 ResFinder 预测显示菌株含采用酶促灭活方式对 β - 内酰胺类药物产生耐药性的 3 个基因。综上所述，引发光倒刺鲃疾病爆发的病原菌 GZAH01 鉴定为嗜水气单胞菌，具有广谱抗生素药物耐药性和多种毒力因子。研究结果为特种鱼类（如光倒刺鲃）生产养殖中的细菌性病害综合防控、精准用药以及耐药性管控提供试验依据。

关键词：光倒刺鲃；嗜水气单胞菌；基因组分析；毒力因子；耐药性

资助项目：赣州市科技计划（赣南科学院科技专项）项目（赣市科发〔2025〕23 号）：“刺鲃源拮抗嗜水气单胞菌的益生菌分离及其益生特性研究”、“全雄马口鱼引种及高效养殖技术研究”；2023 年度江西省渔业种业联合育种攻关项目（赣农渔函〔2022〕32 号）：“刺鲃联合育种及产业化推广应用”

通讯作者：张家海，男，学士，正高级水产师，特色水产淡水养殖与水生动物病害防治，896956386@qq.com

骨骼肌GLUT4基因RNA干扰对乙酸提高黄鳝饲料糖利用效率的影响

黄屏屏，刘盛林，王泽曦，王涛，徐梓易，余晨，王自蕊，余传启，朱雯璐*，
周秋白*

江西农业大学动物科学技术学院，江西农业大学特种水产研究所，江西 南昌 330045

摘要：【目的】本试验探讨骨骼肌 GLUT4 基因在乙酸提高黄鳝饲料糖利用效率中的作用。【方法】试验分为 5 组，分别为正常饲料（20%小麦粉）+PBS、高糖饲料（32%小麦粉）+PBS、高糖+0.3%乙酸钠饲料+PBS、高糖+0.3%乙酸钠饲料+GLUT4-siRNA、高糖+0.3%乙酸钠饲料+NC。【结果】高糖组的饲料效率显著高于正常组，乙酸钠可显著提高饲料效率，同时显著降低血清葡萄糖含量；GLUT4-siRNA 显著抑制骨骼肌葡萄糖摄取，同时显著降低骨骼肌中肌糖原含量。【结论】骨骼肌 GLUT4 基因在乙酸提高黄鳝饲料糖利用效率中发挥关键作用。

关键词：乙酸；GLUT4；饲料糖利用效率

资助项目：国家特色淡水鱼产业技术体系（CARS-46）；江西省自然科学基金项目 20252BAC200426；江西省名特优水产品产业技术体系（JXARS-15）

通讯作者：周秋白，男，博士，教授，水产动物健康养殖，13065180718，zhouqiubai@163.com；

朱雯璐，女，博士，讲师，水产动物基础学，18819267041，zwl@jxau.edu.cn

专题四

水产养殖

绿色转型与管理

中国水产学会淡水养殖分会 2026 年学术年会



摘要集

昆明|2026

北方野生淡水鱼类保护开发与利用研究进展

骆小年

大连海洋大学 辽宁大连 116023

摘要：为了更好的利用北方野生淡水鱼类种质资源，综述了近些年北方野生淡水鱼类保护开发与利用的研究进展，以典型的亚冷水性土著鱼类拉氏鲮和马口鱼为例，详述了其研究方法和其产业应用现状和前景，同时对其他鱼类的开发进行了简要综述，结果表明：北方野生淡水鱼类种质资源有很高的育种价值、食用价值和观赏价值，北方野生淡水鱼类大多属亚冷水性和冷水性鱼类，其水温适应性机理和良种选育是未来重点研究方向。

关键词：北方野生淡水鱼；拉氏鲮；马口鱼；水温；良种选育

资助项目：无

通讯作者：骆小年，男，研究员，Email: luoxiaonian@dlou.edu.cn

水桥湖三角帆蚌养殖环境效应与容量评估

宋婉怡, 王程欣, 白志毅*

上海海洋大学 农业农村部淡水水产种质资源重点实验室, 上海 201306

摘要: 为探究安徽省铜陵市水桥湖三角帆蚌 (*Hyriopsis cumingii*) 养殖对水体生态环境的影响并科学评估其养殖容量, 本研究于 2024 年 12 月至 2025 年 9 月对该湖泊开展了 4 次水环境调查与原位实验, 测定水体理化指标、叶绿素 a (Chl-a)、初级生产力、浮游植物生长率、微型浮游动物摄食率及 1 龄和 2 龄三角帆蚌滤水率, 并采用 Dame 指标法和 Herman 模型评估养殖容量。结果表明: 水桥湖总氮、总磷、叶绿素 a 含量季节变化极显著 ($P < 0.001$), 空间分布差异不显著; 养殖区初级生产力显著低于非养殖区 ($P < 0.05$)。三角帆蚌滤水率受年龄和温度双重影响, 2 龄蚌滤水率 ($10.78 \pm 1.52 \text{ L} \cdot \text{h}^{-1}$) 显著高于 1 龄蚌 ($4.17 \pm 1.77 \text{ L} \cdot \text{h}^{-1}$) ($P < 0.01$), 二者均在 6 月达到峰值。浮游植物生长率和微型浮游动物摄食率 6 月峰值期分别为 0.88、0.94 d^{-1} 。Dame 指标法显示, 水桥湖初级生产时间 (1.94 d) 远小于贝类滤水时间 (22.04 d), 浮游植物更新快于现有贝类种群的滤食消耗, 表明当前养殖规模 (4.00×10^6 粒) 尚未超过系统承载阈值; Herman 模型估算的单位面积养殖容量 ($17.61 \pm 13.07 \text{ ind./m}^2$) 高于现有养殖密度 (0.61 ind./m^2)。两种评估方法从系统能量平衡与单位面积阈值两个维度均表明当前养殖密度低于环境承载上限, 因此, 建议以容量较低月份为依据, 结合水质和三角帆蚌生长动态调整养殖密度, 以实现湖泊生态保护与渔业生产的协同可持续发展。本研究为水桥湖三角帆蚌生态化调控与容量优化提供了科学依据, 也为富营养化湖泊滤食性贝类养殖容量评估提供了方法参考。

关键词: 三角帆蚌; 滤水率; Dame 指标; Herman 模型; 养殖容量

资助项目: 国家重点研发计划 (2022YFD2400105); 国家现代农业产业技术体系 (CARS-49)

通讯作者: 白志毅, 男, 博士, 教授, 研究方向: 水产动物遗传与育种; 手机: 15692165019; E-mail: zybai@shou.edu.cn

热分层—低氧驱动水库鱼群生境压缩与空间聚集格局变化 ——以牛头山水库为例

叶雨昕^{1,2#}, 邱志伟^{1,2#}, 姜渠浩^{1,2}, 史沛铄^{1,2}, 蔡依婷^{1,2}, 刘越^{1,2}, 刘其根^{1,2*}

1. 上海海洋大学农业农村部鱼类营养与环境生态研究中心, 上海 201306; 2. 上海海洋大学农业农村部淡水水产种质资源重点实验室, 上海 201306

摘要: 为揭示季节性热分层及深水低氧对水库鱼群垂向生境与水平聚集格局的影响, 2025 年 2、5、10 和 11 月在牛头山水库开展水声学航测和水温—溶解氧剖面监测, 以垂向质心和 80%核心分布区间表征垂向生境变化, 构建零模型检验鱼群对低氧水层的占用是否低于随机期望, 并以累积斑块强度量化水平聚集热点。结果表明, 四个月份鱼群垂向分配结构差异显著 ($p=0.001$); 分层期垂向质心中位数由混合期的 12.19 m 变浅至 7.54 m, 核心分布区间同步收缩。3 mg/L 阈值下, 鱼群对低氧水层的占用总体低于随机期望。河库过渡带 S3 在 4 次调查中均为主要热点, 聚集强度与水深呈倒 U 型关系, 并随低氧亏缺增强呈下降趋势。研究表明, 热分层诱发的深水低氧不仅压缩鱼群垂向可利用生境, 还可能推动鱼群在不同热—氧条件的空间斑块间重新分配, 为分层期鱼类栖息地监测和低氧风险识别提供依据。

关键词: 热分层; 深水低氧; 水声学; 生境压缩; 鱼群空间分布

资助项目: 2024—2025 年牛头山水库生态调查及保水渔业研究项目 (项目编号: XDJL-2024008-1)

通讯作者: 刘其根, 男, 博士, 教授; 研究方向: (1) 淡水湖泊、水库富营养化及其控制的生态学、渔业或养殖水域生态修复理论与技术; (2) 水产动物的分子生态学、生理生态学、水域生态系统生态化学计量学、营养动力学和食物网相互作用及其关联机制; (3) 生物入侵生态学和水产生物资源保护生态学; (4) 生态养殖技术 (多营养级综合养殖模式) 与综合养殖生态工程; (5) 湖泊、水库鱼类增养殖理论与技术等, 电话: 18601732200; E-mail: qgliu@shou.edu.cn

异养硝化—好氧反硝化枯草芽孢杆菌HL-1的分离鉴定及脱氮特性

靳子言¹, 黄炜¹, 姜昊辰¹, 赵燕¹, 季相山^{1*}

¹ 山东农业大学, 农业农村部非粮饲料资源高效利用重点实验室(部省共建), 泰安, 山东, 271000

摘要: 【目的】筛选适用于循环水养殖系统高溶氧环境的高效脱氮菌株, 并系统评价其脱氮特性及应用潜力。【方法】从大口黑鲈循环水养殖系统生物滤池滤材中分离菌株 HL-1, 采用 16S rRNA 基因测序和系统发育分析进行鉴定; 设置氨氮、亚硝酸盐氮、硝酸盐氮单一氮源及混合氮源体系, 结合脱氮动力学、硝酸还原酶和亚硝酸还原酶活性测定及好氧、厌氧氮平衡分析其脱氮特征; 采用 Box-Behnken 响应面法优化脱氮培养条件, 并以豆粕和葡萄糖为关键因子优化菌粉发酵配方, 开展喷雾干燥制粒。【结果】HL-1 鉴定为枯草芽孢杆菌。好氧条件下, $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 $\text{NO}_2^-\text{-N}$ 在 24 h 内分别由 3.0 mg/L 降至 0.10 mg/L 和 0, $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 呈先升后降趋势。硝酸还原酶和亚硝酸还原酶活性分别为 0.131 ± 0.003 和 0.200 ± 0.005 U/(mg protein)。好氧条件下气态氮占 76.75%~81.70%, 胞内同化氮占 1.27%~2.07%, 而厌氧条件下气态氮仅占 0.29%~2.31%。最适脱氮条件为 160 r/min、C/N=15、28 °C 和初始 pH 7.0, 验证 TN 去除率达 87.6%。菌粉发酵配方的预测最优值为豆粕 2.01 g/L、葡萄糖 1.75 g/L, 以麦芽糊精为载体, 经喷淋塔喷雾干燥制粒后, 成品菌粉活菌数达到 2×10^{11} CFU/g。【结论】HL-1 具有较强的异养硝化—好氧反硝化能力及良好的发酵制剂化潜力, 可作为循环水养殖系统生物强化脱氮的候选菌株。

关键词: 好氧反硝化; 枯草芽孢杆菌; 氮平衡; 发酵; 响应面优化

资助项目: 山东省农业良种工程(2024LZGC024); 山东省现代农业产业技术体系(SDAIT-13)

通讯作者: 季相山, 男, 教授, 主要从事水产育种与健康养殖研究, E-mail: xsji@sdau.edu.cn

RM125的基因组与代谢组学分析：碳水化合物、胞外多糖及乳酸合成机制解析

荣桢，徐异桓，王家玉，张丽晗，赵欣，高肖微，吴成宾*

河北农业大学，河北秦皇岛，066000

摘要：融合魏斯氏菌 RM125 分离自饲料鳊鱼肠道组织。本研究结合全基因组测序、代谢组学检测与表型试验，系统解析该菌株的遗传背景、碳水代谢通路、胞外多糖(EPS)生物合成途径及其益生潜力。菌株 RM125 基因组一条大小为 2.29 Mb 的环状染色体。基因组分析定位到一套完整的低聚木糖降解基因簇 (xynB、xylA、xylB)，该基因簇可将低聚木糖逐级分解生成 5 - 磷酸 - D - 木酮糖。非靶向代谢组结果显示，该菌株胞内、胞外代谢活动旺盛，乳酸为最主要的代谢终产物。表型试验表明：该菌株胞外多糖合成能力优异；对卡那霉素存在耐药性外，对绝大多数抗生素均表现敏感。综上，融合魏斯氏菌 RM125 具备完善的碳水代谢系统与胞外多糖合成能力，且拥有良好的益生特性。

关键词：魏斯氏菌；益生特性；全基因组测序；饲料鳊

资助项目：国家自然科学基金（32303030）；河北省自然科学基金（C2021204089；V1654588161890,236Z6701G）；河北省高等学校科学技术研究项目（BJK2024012）；河北省淡水养殖创新团队名优特种类繁育及绿色高效养殖（HBCT2023230205）

通讯作者：吴成宾，男，博士，副教授，水产动物遗传育种与基因工程，E-mail: hyxywcb@hebau.edu.cn

世界主要产区卤虫种群的群体遗传学研究、品系鉴定及物种分布模型构建

许青南¹, 李科¹, 韩学凯^{12*}

1. 天津科技大学海洋与环境学院, 天津, 300457; 2. 西藏自治区农牧科学院水产科学研究所, 拉萨, 850002

摘要: 为解析世界主要产区卤虫群体遗传结构, 建立品系鉴定体系并预测潜在适生区。对 29 个种群开展 SLAF-seq, 基于 SNP 分析群体结构、遗传多样性、分化、基因流和历史动态; 采用 MaxEnt 预测当前及未来适生区, 并将核心 SNP 转化为 KASP 标记, 结合表型数据构建指纹图谱。结果为获得 53 万余个 SNP, 将 29 个种群划分为 9 个遗传类群; 孤雌群体遗传多样性高于两性群体, 类群间分化显著。年平均气温、最冷月最低温度和最干季降水量是关键分布因子, 未来适生区总体南移并显著缩小。12 个 KASP 标记可鉴定 27 个品系。本研究揭示了主要产区卤虫的群体遗传特征, 建立了品系鉴定方法, 为种质资源保护和利用提供依据。

关键词: 卤虫; 群体遗传; SNP 指纹图谱; 物种分布模型; 品系鉴定

资助项目: 国家自然科学基金项目 (32460154); 中国博士后科学基金 (2023MD734227)

通讯作者: 韩学凯, 男, 博士, 助理研究员, 研究方向为水产动物遗传育种和卤虫群体遗传学, 电话: 13042278008, E-mail: hanxk@tust.edu.cn

水产养殖绿色转型与智能管控关键技术集成研究

黄赛*

玉溪农业职业技术学院，云南省玉溪市红塔区，653106

摘要：目的：针对水产养殖面临种苗成活率低、养殖污染风险高、智能化水平不足及土著资源退化等问题，本研究旨在构建覆盖“种—养—管—护”全链条的绿色智能生产体系。方法：采用家系选育结合应激激素调控技术提升种苗抗逆性；研发多营养层级循环水养殖模式，耦合生物絮团与植物滤器进行水质原位净化；部署水下轻量化卷积神经网络（CNN）模型，实现投喂量动态决策与早期病害视觉识别；同时，对两种区域性濒危土著鱼类开展人工驯养繁育及遗传多样性监测。结果：结果显示，种苗变态期成活率提升 22.6%，养殖尾水氨氮与亚硝酸盐分别降低 41.3%和 37.8%；AI 摄食强度识别准确率达 93.6%，疾病预警响应时间缩短至 4.8 秒；土著鱼类人工催产受精率突破 82%，放流后自然种群资源标志重捕估算增长约 17.5%。结论：研究表明，良种选育、生态耦合、数智感知与本土种质保护的多维融合策略，可显著提升养殖效能与环境兼容性，为水产养殖业高质量发展提供系统性技术支撑，但土著种类的商业化需严格遵循遗传保护准则。

关键词：水产种苗；绿色养殖；人工智能；循环水系统；土著鱼类保护

资助项目：无

通讯作者：黄赛，女，讲师，研究方向为水产养殖工程，电话：19061930638，E-mail：
794302803@qq.com

圆形养殖池曝气管配置对污物汇集与水体混合效率的影响

黄铭尧¹, 崔璨², 程浩然³, 冯德军^{1*}

1.浙江海洋大学国家海洋设施养殖工程技术研究中心, 舟山, 316022; 2.浙江海洋大学水产学院, 舟山, 316022; 3.浙江海洋大学船舶与海运学院, 舟山, 316022

摘要:【目的】曝气管布置于池底会同时影响循环水养殖池 (RAS) 的污物汇集与水体混合性能, 但以往研究多聚焦曝气性能本身, 缺乏对曝气管形状与安装位置综合影响的系统评估。本研究旨在探究曝气管形状 (弧形、盘形、线形) 与位置 ($d = r$ 、 $1/2r$) 对性能的影响。【方法】在圆形 RAS 池中开展实验: 采用饲料颗粒模拟固体废物, 加入墨水以可视化流场, 并通过空间分布均匀度对混合性能进行定量评估。【结果】无曝气条件下, 曝气管的物理存在会影响污物汇集, 但对水体混合影响甚微; 曝气条件下, 将曝气管置于 $d = 1/2r$ (而非 $d = r$) 可获得更高效的污物汇集与更好的水体混合。污物汇集性能排序为弧形>盘形>线形, 水体混合性能排序为线形>弧形>盘形。【结论】推荐将弧形曝气管置于 $d = 1/2r$ 位置以实现最优综合性能。这些发现为曝气装置的选型与布置提供了有价值的基础性认识, 为水产养殖工程提供了初步的实践指导。

关键词: 曝气管; 循环水养殖系统 (RAS); 废物收集; 水体混合; 气泡羽流

资助项目: 国家自然科学基金 (32273189) 资助

通讯作者: 冯德军, 研究员, 从事海洋养殖工程研究, E-mail: fengdj@zjou.edu.cn

鲤鱼养殖中多营养层次综合养殖模式的环境、经济和社会可持续性研究

李兵辉^{1,2}, 张天宇^{1,2}, 王瑞瑶^{1,2}

大连海洋大学, 辽宁大连, 116023

摘要: 尽管已有研究表明, 多营养层次综合养殖 (integrated multi-trophic aquaculture, IMTA) 在鲤鱼池塘养殖中具有改善水质、提高资源利用效率和降低环境负荷的潜力, 但传统鲤鱼单养或简单混养模式仍是主要生产方式。因此, IMTA 在削减残饵、粪便及氮磷营养盐排放、提升养殖系统稳定性和促进绿色发展方面的作用尚未得到充分发挥。本文以鲤鱼养殖为对象, 分析 IMTA 模式在环境、经济和社会可持续性方面的应用潜力。通过对鲤鱼与滤食性鱼类、水生植物、底栖动物等组合养殖模式进行梳理, 结果表明, IMTA 可有效促进营养物质循环利用, 降低养殖尾水污染风险, 并改善池塘生态环境; 经济方面, 该模式可提高单位水体综合产出和养殖收益; 社会方面, 有助于推动绿色水产品生产和生态养殖技术推广。研究认为, IMTA 是传统鲤鱼养殖向绿色高效养殖转型的重要模式。

关键词: 多营养层次综合养殖; 鲤鱼养殖; 营养物质循环; 绿色高效养殖

长江流域大水面生态渔业资源：利用潜力、模式及机制

向伟健¹，刘子飞^{2*}

1.上海海洋大学 经济管理学院，上海 201306；2.中国水产科学研究院，北京 100141

摘要： **目的：**阐明长江十年禁渔背景下长江流域大水面生态渔业的演变特征、资源利用潜力、模式及实现机制。**方法：**基于 2011—2024 年 15 省湖泊、水库、河沟养殖面积和产量数据，运用 LMDI 分解产量变化因素，并构建“精准机会”法开展分省、分水域、分期间和分情景评估。**结果：** (1)大水面生态渔业呈“扩张—收缩—恢复性增长”特征；2021 年以来呈恢复性增长，至 2024 年产量为 285.11 万吨。(2)禁渔背景下长江流域大水面资源利用具有政策和技术可行性。(3)长期来看，长江流域大水面渔业资源潜力较大，未来产量有望较 2024 年增 50%-78%。**结论：**可因地制宜采用五类利用和“六定”利用策略，构建政府、企业、渔民、社区及村集体的协同机制，完善政策边界、科技支撑和利益共享机制。

关键词：长江流域；大水面生态渔业；长江十年禁渔；资源潜力；利用机制

资助项目：无

通讯作者：刘子飞，男，博士，研究员，主要从事渔业经济与政策、资源与环境经济、海洋经济与碳汇研究，电话：13391637696，E-mail: liuzifei05@163.com

水产养殖户绿色技术采纳的影响因素研究

张 浩，姜启军*

上海海洋大学经济管理学院，上海，201306

摘要: [目的]为识别水产养殖户绿色技术采纳的主要影响因素及群体差异。[方法]基于 2024 年国家特色淡水鱼产业技术体系在 20 个重点养殖省份采集的 437 份养殖户调查数据，采用有序 Probit 模型和调节效应模型，考察组织合作与互联网使用对绿色技术采纳的影响及其内在机理。[结果]组织合作与互联网使用均显著促进绿色技术采纳，互联网使用显著强化组织合作的促进作用；市场导向类组织的促进效应最强，同业协作类次之，行业公共类组织的直接效应未通过显著性检验。异质性分析发现，相关促进效应在 60 岁及以下养殖户中更明显，低学历养殖户获得的边际激励更强。[结论]应完善养殖户组织化服务体系，推动互联网工具与线下组织协同，并根据年龄和教育程度实施差异化绿色技术推广。

关键词: 绿色养殖技术；技术采纳；组织合作；互联网使用；淡水养殖

资助项目: 国家社会科学基金项目（编号：22BGL274）；现代农业产业技术体系建设专项（编号：CARS-46）

通讯作者: 姜启军，男，江苏连云港人，博士，教授，研究方向：渔业经济与管理，E-mail: qjjiang@shou.edu.cn

机制解耦：渔业诱导的磷限制抵消了深水水库中气候变暖的动力学放大效应

郝雷，姜渠浩，刘其根*

上海海洋大学，农业农村部淡水水产种质资源重点实验室，上海，201306

摘要：气候变暖可加剧水库富营养化，但长期渔业管理能否通过强化营养限制缓冲这一效应尚不清楚。我们结合千岛湖 2010—2025 年深度加权观测、渔业记录和简约的 Monod–Arrhenius 模型开展分析。捕捞每年估算输出 20.48 t 总磷，并与系统的强磷限制状态相伴。低磷条件下，系统对磷限制的敏感性提高约 76%，而升温引起的叶绿素 a 绝对增量减小；这一衰减模式也沿水库纵向营养梯度呈现。情景模拟显示，当前叶绿素 a 低于风险阈值，而高磷与极端高温叠加使其越过阈值。结果表明，持续磷亏缺限制了升温增强的生长潜力向实际浮游植物生物量的转化，生态保水渔业可能为提升深水水库的气候韧性提供一种基于自然的管理策略。

关键词：气候惩罚效应；保水渔业；磷限制；化学计量制动效应；深水水库

资助项目：国家重点研发计划（项目编号：2023YFD2400900）

通讯作者：郝雷，男，博士研究生，研究方向水域生态学，电话：15366558635，E-mail:

haolei111@126.com

Effects of Spatial Constraint on Oxidative Stress During Individual Transport of *Larimichthys crocea* and Its Preliminary Mitigation

Sunzhaocong Lan^a, Jiahui Wang^a, Xiaoqing Lei^a, Dejun Feng^{a,b}, Fukun Gui^a,
Guangyang Zhang^{a,b,*}, Xunmeng Li^{a,b,*}

a National Engineering Research Center for Marine Aquaculture, Zhejiang Ocean University,
Zhoushan 316022, China; b Pingyang Institute of Science and Technology Innovation, Pingyang
325400, China

Abstract: The transportation of live fish is a critical process in aquaculture. Spatial constraint represents a major stressor during live fish transport, yet its physiological impacts and mitigation strategies remain insufficiently understood. In this study, we investigated the effects of spatial constraints on the water quality, physiological responses, and liver metabolism of *Larimichthys crocea*, (hereafter referred to as *L. crocea*) during simulated individual transport, and evaluated the potential for relief through gradual cooling. To better elucidate underlying physiological mechanisms, liver metabolomic profiling was incorporated to characterize metabolic alterations under spatial constraint stress. The results showed that spatial constraint significantly accelerated water quality deterioration, manifested as an increase in ammonia nitrogen, nitrite, and turbidity, and a decrease in pH. These changes are accompanied by increased respiration frequency, shortened survival time, damage to gill structure, and intensified oxidative stress and immune damage. Metabolomic analysis revealed that spatial constraint induced significant metabolic reprogramming in the liver, particularly affecting energy metabolism and oxidative stress-related pathways, including glutathione metabolism, fatty acid β -oxidation, and organic acid metabolism. Importantly, gradual cooling effectively alleviates these adverse effects. Compared with the untreated conditions, gradual cooling treatment significantly reduced respiration frequency, delayed water quality deterioration, and prolonged survival time. The potential mechanisms may be related to metabolic rate inhibition, reduced oxygen consumption, decreased ammonia excretion, and weakened oxidative stress. In addition, gradually lowering the temperature avoids acute cold shock, allowing fish to maintain physiological homeostasis during transport. In summary, spatial constraints are a key factor exacerbating stress during the individual live fish transport, whereas gradual cooling provides an effective and practical strategy to improve fish welfare and survival during transport.

Keywords: *Larimichthys crocea*; Spatial constraint; Live transport; Physiological response; Gradual cooling

资助项目: 国家自然科学基金项目 (32503264); 国家重点研发计划项目 (2025YFE0113200)

通讯作者: 张广洋, 男, 博士, 助理研究员, 硕士生导师, 主要从事养殖环境底质与大黄鱼活体运输, 电话: 13602286146, E-mail: zhangguangyang_xj@163.com

亚硝酸盐衍生活性氮物种靶向抑制细菌损伤修复提高UVC消毒效率

徐聚臣¹, 戴欣汝¹, 王洁¹, 侯杰^{1,2,3*}, 何绪刚^{1,2,3*}

1.华中农业大学水产学院, 湖北武汉 430070; 2.农业农村部水产养殖设施工程重点实验室, 湖北武汉 430070; 3.长江经济带大宗水生生物产业绿色发展教育部工程研究中心, 湖北武汉 430070

摘要: [目的] 针对养殖尾水 UVC 消毒过程中细菌光复活和暗修复导致消毒效率降低的问题, 构建亚硝酸盐强化 UVA-UVC 协同消毒策略, 提升养殖尾水微生物安全控制水平。[方法] 以大肠杆菌、嗜水气单胞菌、金黄色葡萄球菌和枯草芽孢杆菌为对象, 评价 UVA/NO₂⁻预处理对 UVC 消毒后细菌修复的抑制效果, 并在养殖尾水中验证其应用潜力。结合活性物种分析、ATP 含量测定、关键代谢酶活性及修复基因表达分析, 解析其作用机制。[结果] 在 NO₂⁻ (1.0 mg·N·L⁻¹) 和 UVA (612 mJ·cm⁻²) 条件下, UVA-UVC/ NO₂⁻ 处理可将细菌光复活和暗修复降低至 6% 和 3% 以下, 并在养殖尾水中保持良好增效效果。机制研究表明, ONOO⁻/HOONO 和 NO₂• 是主要活性物种, 其通过抑制三羧酸循环关键酶活性, 降低 ATP 生成, 进一步下调 *recA*、*phr* 等修复相关基因表达, 从而阻断细菌损伤修复。[结论] 亚硝酸盐强化 UVC 消毒通过靶向抑制细菌修复过程, 有效提高养殖尾水消毒效率, 为养殖水环境病原风险控制提供了一种高效、低剂量和可持续的新策略。

关键词: 养殖尾水; 紫外杀菌; 修复机制; 亚硝酸盐。

资助项目: 国家重点研发计划 (2024YFE0112200); 国家自然科学基金 (32172977); 湖北省重点研发计划 (2023BBB007); 中国农业研究体系专项资金 (CARS-45-23)

通讯作者: 何绪刚, 男, 博士, 二级教授, 研究方向为设施渔业与鱼类健康养殖, 电话: 15827118986, E-mail: xgh@mail.hzau.edu.cn