



新疆農業大學

中国水产学会水产生物技术与遗传育种  
专业委员会2026年学术年会

论文集

2026年7月30日-8月2日

新疆·乌鲁木齐

## 目 录

|                                                                                                                                                                        |    |
|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| Development of fish embryonic stem cell lines as biotechnological tools for basic and applied studies of interest in aquaculture .....                                 | 1  |
| Development of Single-Cell Epigenomic Technologies in Fish and Mechanistic Dissection of Stress and Disease Resistance .....                                           | 3  |
| 大黄鱼适应无鱼粉饲料和提高饲料效率育种技术研究进展 .....                                                                                                                                        | 4  |
| 对虾抗性性状的分子基础和育种技术创新及应用 .....                                                                                                                                            | 5  |
| 无肌间刺草鱼新种质创制与多组学揭示遗传调控基础 .....                                                                                                                                          | 6  |
| 脂肪酸脱饱和酶（fads2）与免疫调控基因：欧洲鲈（ <i>Dicentrarchus labrax</i> ）鱼油替代及抗逆分子育种的候选靶点与研究展望 .....                                                                                    | 8  |
| 光学传感助力鱼类非接触式表型解析：赋能精准水产养殖 .....                                                                                                                                        | 9  |
| 升温打破金鱼鳞片再生的时序协调性 .....                                                                                                                                                 | 10 |
| 整合显性效应的鲟鱼基因组选配研究 .....                                                                                                                                                 | 11 |
| 中间球海胆幼体骨骼发生的形态学过程及转录组学研究 .....                                                                                                                                         | 12 |
| Pathogenic Characteristics of <i>Vibrio atlanticus</i> Infection in <i>Strongylocentrotus intermedius</i> and the Immune Transcriptomic Response of Coelomocytes ..... | 13 |
| 大西洋弧菌感染中间球海胆的致病特征及体腔细胞免疫转录响应分析 .....                                                                                                                                   | 14 |
| 虾夷扇贝非编码 RNA 介导内质网应激响应高温胁迫的分子调控机制 .....                                                                                                                                 | 15 |
| Molecular regulatory mechanism of non-coding RNA mediating ER stress in response to thermal stress in <i>Patinopecten yessoensis</i> .....                             | 16 |
| 海水鱼盾纤毛虫疫苗研制 .....                                                                                                                                                      | 18 |
| 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 .....                                                                                                                                        | 19 |
| Genomic Selection for Low-Salinity Tolerance in the Pacific Oyster ( <i>Crassostrea gigas</i> ): Research Progress and Application Prospects .....                     | 20 |
| AI 赋能的水产智能育种：许氏平鲉优良性状精准选育技术体系构建 .....                                                                                                                                  | 21 |
| Molecular responses of intestinal non-coding RNAs in the sea urchin <i>Strongylocentrotus intermedius</i> under chronic high-temperature stress .....                  | 22 |
| 中间球海胆肠道非编码 RNA 在长期高温胁迫下的分子响应 .....                                                                                                                                     | 24 |
| 鱼类智能育种体系的构建及其研究进展 .....                                                                                                                                                | 26 |
| 大黄鱼抗内脏白点病性状的 GWAS 定位与肝脏时序转录组整合解析 .....                                                                                                                                 | 27 |
| 水产生物种质资源评价与保护研究进展 .....                                                                                                                                                | 28 |
| Chromosome-level genome assembly of the sea urchin <i>Glyptocidaris crenularis</i> .....                                                                               | 29 |
| 饥饿胁迫对中间球海胆生长发育及糖脂代谢影响 .....                                                                                                                                            | 30 |

|                                                                                                                                                                     |    |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| Integrated transcriptomic and proteomic analyses of reproductive capacity disparities in the whelk <i>Neptunea cumingii</i> .....                                   | 31 |
| 模型与标记密度对大黄鱼抗内脏白点病性状基因组预测准确性的影响 .....                                                                                                                                | 33 |
| 基于生态系统服务与最优产出策略的海洋牧场效益评估 .....                                                                                                                                      | 34 |
| Assessment of Marine Ranching Benefits Based on Ecosystem Services and Optimal Output Strategy .....                                                                | 35 |
| Gut Microbiota-Host Co-metabolism Reveals the Growth-Promoting Mechanisms of <i>Lactobacillus plantarum</i> in Sea Cucumber ( <i>Apostichopus japonicus</i> ) ..... | 36 |
| 不同游泳训练强度对虹鳟鱼海水适应生理响应的影响及其在苗种高质量培育中的应用潜力 .....                                                                                                                       | 38 |
| Study on Physiological Responses and Transcriptional Regulation of <i>Strongylocentrotus intermedius</i> Under Salinity Stress .....                                | 39 |
| 盐度胁迫下中间球海胆生理响应与转录调控研究 .....                                                                                                                                         | 41 |
| An investigation on the optimal dietary protein for juvenile <i>Neptunea arthritica cumingii</i> : Growth, digestive enzyme activity, and liver metabolism .....    | 42 |
| Comparative Analysis of the Acidic Polysaccharide of Sea Cucumber ( <i>Apostichopus japonicus</i> ) in Different Aquaculture Patterns .....                         | 43 |
| 不同养殖模式刺参酸性多糖的比较分析 .....                                                                                                                                             | 44 |
| 温度胁迫下幼鱼许氏平鲉性格分型、集群行为与先天免疫应答规律研究 .....                                                                                                                               | 45 |
| 新双四倍体异育银鲫生长优势群体的性能解析 .....                                                                                                                                          | 46 |
| 投饵与不投饵对稻田养殖红福瑞鲤 2 号和福瑞鲤 2 号肌肉营养成分及品质特性的影响 .....                                                                                                                     | 47 |
| Compound feed promotes growth and maintains gut homeostasis in the Chinese spiny frog ( <i>Quasipaa spinosa</i> ): A 720-day feeding trial .....                    | 48 |
| Isolation, identification, and whole genome analysis of <i>Vibrio chagasii</i> , A pathogenic bacterium in <i>Crassostrea angulata</i> .....                        | 49 |
| 厦门文昌鱼的物种组成和体型分布：基于 COI 条形码的证据 .....                                                                                                                                 | 51 |
| 福建牡蛎三倍体与二倍体不同生长时期的生物学特征及存活率差异分析 .....                                                                                                                               | 52 |
| Development of a PEI-coated SWNTs Nanocarrier for efficient delivery of CRISPR/Cas9 in early embryos of <i>Litopenaeus vannamei</i> .....                           | 53 |
| 四指马鲛 ( <i>Eleutheronema tetradactylum</i> ) 的性腺性别分化：成熟性腺的组织学特征及转录组学见解 .....                                                                                         | 54 |
| 盐度对四指马鲛 ( <i>Eleutheronema tetradactylum</i> ) 的生长、存活、组织结构、渗透调节及抗氧化能力的影响 .....                                                                                      | 55 |
| 舒氏猪齿鱼胚胎发育及胚后特征观察 .....                                                                                                                                              | 56 |
| Combined transcriptomic and proteomic analysis reveals molecular response to skin wound in cobia ( <i>Rachycentron canadum</i> ) .....                              | 57 |

|                                                                                                                                                                             |    |
|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| 白斑狗鱼伪雄鱼的表现遗传调控机制分析研究 .....                                                                                                                                                  | 58 |
| Morphological characterization and transcriptome analysis of vertebral malformation in cobia ( <i>Rachycentron canadum</i> ) .....                                          | 60 |
| 基于代谢组学的四指马鲛 ( <i>Eleutheronema tetradactylum</i> ) 对低温胁迫的适应机制分析 .....                                                                                                       | 61 |
| 四指马鲛 ( <i>Eleutheronema tetradactylum</i> ) 稳传心脏细胞系的建立与应用 .....                                                                                                             | 62 |
| 转录组分析揭示四指马鲛 ( <i>Eleutheronema tetradactylum</i> ) 脑和鳃的渗透压调节与低盐适应机制 .....                                                                                                   | 63 |
| 多鳞四指马鲛 ( <i>Eleutheronema rhadinum</i> , Jordan & Evermann, 1902) 的全基因组组装 .....                                                                                             | 64 |
| 胡子鲇性别决定的分子基础与性控育种研究 .....                                                                                                                                                   | 65 |
| 基于转录组分析四指马鲛 ( <i>Eleutheronema tetradactylum</i> ) 感染哈维氏弧菌的免疫应答 .....                                                                                                       | 66 |
| 四指马鲛 ( <i>Eleutheronema tetradactylum</i> ) TRAF 基因家族的分子特征与表达分析 .....                                                                                                       | 67 |
| 四指马鲛 ( <i>Eleutheronema tetradactylum</i> ) 的近端粒到端粒基因组组装 .....                                                                                                              | 68 |
| 凝结芽孢杆菌对四指马鲛幼鱼 ( <i>Eleutheronema tetradactylum</i> ) 生长性能、消化酶活性及肠道微生物群的影响 .....                                                                                             | 69 |
| 解淀粉芽孢杆菌对石斑鱼虹彩病毒感染的干预及保护研究 .....                                                                                                                                             | 70 |
| 表儿茶素抗石斑鱼虹彩病毒作用研究 .....                                                                                                                                                      | 71 |
| 海水鱼无特定病原 SPF 苗种全工厂标准化培育技术 .....                                                                                                                                             | 72 |
| 肝脏转录组揭示了细点石斑鱼 ( <i>Epinephelus cyanopodus</i> ) 对哈维氏弧菌的免疫应答机制 ..                                                                                                            | 73 |
| Analysis of Genetic Diversity in Speckled Blue Grouper ( <i>Epinephelus cyanopodus</i> ) Based on Whole-Genome Resequencing Technology .....                                | 74 |
| 肝脏转录组分析揭示急性低氧应激下赤点石斑鱼 ( <i>Epinephelus akaara</i> ) 的生理响应机制 ..                                                                                                              | 75 |
| 基于全基因组重测序的网纹刺鲀 ( <i>Mastacembelus favus</i> ) 性别特异性标记开发及 XY 性别决定系统鉴定 .....                                                                                                  | 76 |
| 热带条件下鹤顶红金鱼的繁殖特性 .....                                                                                                                                                       | 77 |
| 石斑鱼生殖干细胞命运调控机制与生殖细胞移植技术研究 .....                                                                                                                                             | 78 |
| 方斑东风螺饲料效率性状的精准表型测定、遗传定位与多组学解析 .....                                                                                                                                         | 79 |
| Identification of Body Color-Related QTLs in Leopard Coral Grouper ( <i>Plectropomus leopardus</i> ) Based on GWAS and the HSV Color System .....                           | 80 |
| 多组学联合分析三疣梭子蟹肌肉生长调控机制研究 .....                                                                                                                                                | 81 |
| miR-200a/miR-141 在锦鲤红色体色中的调控机制研究 .....                                                                                                                                      | 82 |
| The down-regulation of miR-200a subfamily inhibits red coloration through chromatophores apoptosis and aberrant pigmentation in koi carp ( <i>Cyprinus carpio</i> L.) ..... | 83 |
| <i>nppc</i> 在大口黑鲈卵巢发育中的表达和功能研究 .....                                                                                                                                        | 85 |
| 不同水流强度对黄河鲤鱼生长、生理健康和肌肉品质的影响研究 .....                                                                                                                                          | 86 |

|                                                                                                                                                                                                 |     |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|
| Expression and functional analysis of 3 beta-hydroxysteroid dehydrogenase type 7 (hsd3b7) in the ovarian development and maturation of Qi River crucian carp ( <i>Carassius auratus</i> ) ..... | 87  |
| 大口黑鲈 <i>MsAFP-IIb</i> 基因克隆、系统进化及表达分析 .....                                                                                                                                                      | 88  |
| 大口黑鲈幼鱼不同剩余采食量组间生长、肉质、生理生化及氧化应激指标的差异研究 .....                                                                                                                                                     | 89  |
| 大口黑鲈抗蛙虹彩病毒相关候选标记和基因挖掘 .....                                                                                                                                                                     | 90  |
| Heritable absolute DHA content enables selective breeding for enhanced n-3 LC-PUFA in common carp ( <i>Cyprinus carpio</i> L.) .....                                                            | 91  |
| 杂交鲟(达氏鲟♀×施氏鲟♂)繁殖力差异群体间卵巢代谢组分析 .....                                                                                                                                                             | 93  |
| 有机硒通过 NRF2/GPX4 相关抗氧化防御缓解达氏鲟幼鱼热应激相关肠道损伤和菌群失调 .....                                                                                                                                              | 94  |
| WW 型超雌小体鲟成活受限的生理与分子机制 .....                                                                                                                                                                     | 95  |
| 基于多组学分析川陕哲罗鲑水霉感染机制 .....                                                                                                                                                                        | 96  |
| Establishment and Characteristics of the Spermatogonial Stem Cell Line from the Yellow River Carp( <i>Cyprinus carpio haematopterus</i> ) .....                                                 | 97  |
| IFN3 重组蛋白诱导的 ISGs 转录组特征分析 .....                                                                                                                                                                 | 98  |
| 草鱼干扰素刺激基因鉴定及 ISG58 抗 GCRV 功能机制研究 .....                                                                                                                                                          | 99  |
| CiATG13 induces autophagy to upregulate CiHSP70 and promote GCRV replication: a molecular target for breeding hemorrhagic disease-resistant grass carp .....                                    | 100 |
| CiOXR1 restricts GCRV infection by suppressing oxidative stress, apoptosis and immune signaling: a candidate gene for molecular breeding of disease-resistant grass carp .....                  | 101 |
| 基于血清免疫指标的草鱼亲本选择及子代性能评估 .....                                                                                                                                                                    | 103 |
| Characterization of a collagen-secreting fibroblast model from the calipash of <i>Pelodiscus sinensis</i> : insights into quality traits .....                                                  | 104 |
| 基于多维功能评价的埋头鲤精子冷冻保存策略优化 .....                                                                                                                                                                    | 106 |
| 小口白甲鱼 ( <i>Onychostoma lini</i> ) 全人工繁殖技术研究 .....                                                                                                                                               | 107 |
| The study on artificial reproduction technology of <i>Onychostoma lini</i> .....                                                                                                                | 108 |
| Multi-omics reveals gut microbiota shifts and hepatic metabolic - immune alterations in “short-leg” malformed frog ( <i>Pelophylax nigromaculatus</i> ) .....                                   | 110 |
| Reproductive Biological Characteristics and Early Development of <i>Siganus fuscescens</i> .....                                                                                                | 112 |
| GPR143 mediates the brain vacuolation caused by RGNNV in grouper .....                                                                                                                          | 113 |
| CRISPR/dCas9 介导的 akt2 组蛋白乙酰化编辑调控斑马鱼 TORC1 信号和葡萄糖摄取 .....                                                                                                                                        | 114 |
| DNA 甲基化编辑调控 <i>mstnb</i> 基因表达促进斑马鱼肌肉生长研究 .....                                                                                                                                                  | 115 |
| Cdk1 haploinsufficiency triggers premeiotic endoreplication and unreduced sperm formation via Cdk2/Ccne1-Fzr1a pathway in a teleost fish, loach .....                                           | 116 |
| 瘦素及饲料脂肪水平对半滑舌鲷生长和卵巢发育的调控研究 .....                                                                                                                                                                | 118 |

|                                                                                                                                                                                           |     |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|
| 转录组分析揭示 17 $\alpha$ -甲基睾酮调控钝吻黄盖鲮生长的作用机制 .....                                                                                                                                             | 119 |
| 刺参出皮率性状相关功能基因挖掘与分子标记鉴定 .....                                                                                                                                                              | 120 |
| miRNA 介导三疣梭子蟹氨氮胁迫响应的调控机制研究 .....                                                                                                                                                          | 121 |
| 金虎杂交斑三倍体生物学特性分析及生长优势性状形成的分子机制研究 .....                                                                                                                                                     | 122 |
| 石斑鱼杂交育种进展及杂交生长优势解析 .....                                                                                                                                                                  | 123 |
| 鱼类耐受低氧的遗传与代谢机制解析 .....                                                                                                                                                                    | 123 |
| Differential activation of their cognate receptors by NPFF and GnIH peptides in the half-smooth tongue sole ( <i>Cynoglossus semilaevis</i> ) .....                                       | 125 |
| 脑 GABA 神经元来源的 <i>adcyap1b</i> 是调控半滑舌鳎垂体 gh 等激素分泌的重要因子 .....                                                                                                                               | 127 |
| Advances in Fish Gene Editing .....                                                                                                                                                       | 128 |
| CRISPR/Cas9 技术在海水鱼类细胞系基因编辑中的应用 .....                                                                                                                                                      | 129 |
| Genetic Architecture and Genomic Selection for Tolerance to Fermented Soybean Meal in Turbot ( <i>Scophthalmus maximus</i> ) .....                                                        | 130 |
| 盐碱水环境下凡纳滨对虾养殖的关键离子调控与优化策略 .....                                                                                                                                                           | 131 |
| 大菱鲆 IGFBP3a 重组蛋白生理功能研究 .....                                                                                                                                                              | 132 |
| Functional characterization of recombinant turbot IGFBP3a in <i>Escherichia coli</i> .....                                                                                                | 133 |
| 大菱鲆卵子特征及其影响因素研究 .....                                                                                                                                                                     | 134 |
| Characteristics and influencing factors of egg quality in turbot ( <i>Scophthalmus maximus</i> ) .....                                                                                    | 135 |
| Transcriptomics and Proteomics Reveals the Glycogen and Lipid Metabolism Regulating Glycogen Level in Mantle of Jinjiang Oyster ( <i>Crassostrea ariakensis</i> ) .....                   | 137 |
| A transcriptome analysis revealing the molecular mechanism of light intensity-driven color variation in the skin of Chinese giant salamander ( <i>Andrias davidianus</i> ) .....          | 139 |
| 水池塘中美洲鳗鲡 ( <i>Anguilla rostrata</i> ) 雌鱼自发性成熟的研究 .....                                                                                                                                    | 140 |
| Immunological function of LcApoM-AGPRP in large yellow croaker .....                                                                                                                      | 141 |
| The <i>phoQ</i> gene of <i>Pseudomonas plecoglossicida</i> influences the immune response in <i>Epinephelus fuscoguttatus</i> ♀ × <i>Epinephelus lanceolatus</i> ♂ during infection ..... | 142 |
| 美洲鳗鲡性早熟现象的神经内分泌机制的初探 .....                                                                                                                                                                | 143 |
| 多组织表达数量性状位点图谱解析 —— 驱动大黄鱼精准分子选育 .....                                                                                                                                                      | 144 |
| 黑鲷种质挖掘与新品种创制 .....                                                                                                                                                                        | 145 |
| 银鲳鱼种质资源利用研究进展 .....                                                                                                                                                                       | 146 |
| 基于转录组分析挖掘麦穗鱼生长、性别相关候选基因 .....                                                                                                                                                             | 147 |
| COI 和 16S rRNA 基因序列的大鳞副泥鳅种群遗传多样性分析 .....                                                                                                                                                  | 148 |
| 太子参提取液对大黄鱼免疫相关基因差异表达的影响研究 .....                                                                                                                                                           | 149 |
| 彭泽鲫肌间骨发育规律及肌间骨发育相关基因的表达分析 .....                                                                                                                                                           | 150 |

|                                                                                                                                                              |     |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|
| 大口黑鲈越冬期低温适应的生理响应与肝脏转录组分析 .....                                                                                                                               | 151 |
| 大西洋鲑全球基因组资源构建及遗传育种应用 .....                                                                                                                                   | 152 |
| Application of Cryopreservation Techniques in Aquaculture Breeding .....                                                                                     | 153 |
| 急性高碱胁迫对半滑舌鳎肝脏生理及分子代谢的影响 .....                                                                                                                                | 154 |
| 半滑舌鳎重要经济性状的遗传基础与调控机制解析 .....                                                                                                                                 | 155 |
| 急性氨氮胁迫下草鱼生理生化响应及表观遗传调控机制研究 .....                                                                                                                             | 156 |
| <i>mdfi</i> 基因编辑促进草鱼肌肉生长的功能与机制解析 .....                                                                                                                       | 157 |
| 整合基因组学与多组织转录组解析草鱼耐低氧关键位点及通路 .....                                                                                                                            | 158 |
| 草鱼 miR-181b 是协调肌肉生长与免疫平衡的关键节点 .....                                                                                                                          | 159 |
| Evolutionary conservation of the <i>dmrt</i> gene family and sex-biased <i>dmrt2a</i> expression during pseudo-male testis differentiation in flatfish ..... | 160 |
| 基于三系配套技术创制全雄大黄鱼研究进展 .....                                                                                                                                    | 161 |
| 大黄鱼腹部内膜形成机制研究 .....                                                                                                                                          | 162 |
| 大黄鱼抗刺激隐核虫病种质创制与遗传评价 .....                                                                                                                                    | 163 |
| 双棘原黄姑鱼性别决定与性别分化遗传基础及应用研究 .....                                                                                                                               | 164 |
| 巨大普里斯特氏菌 BZ-95 的同化硝酸盐还原作用及其应用 .....                                                                                                                          | 165 |
| 单细胞转录组测序分析尼罗罗非鱼遗传性 XY 雄鱼与高温诱导 XX 伪雄鱼性腺基因表达的差异 .....                                                                                                          | 166 |
| 克氏原螯虾与大口黑鲈精准育种智能辅助平台研发与应用 .....                                                                                                                              | 167 |
| 耐低温、快长克氏原螯虾优良新品系培育及重要性状遗传解析 .....                                                                                                                            | 168 |
| 大黄鱼体型性状形成的 TGF $\beta$ 信号轴调控机制解析 .....                                                                                                                       | 169 |
| 白斑综合征病毒调控对虾磷酸戊糖途径促进自身增殖的分子机制研究 .....                                                                                                                         | 170 |
| Hexosamine biosynthesis drives hemocyanin O-GlcNAcylation to potentiate antibacterial immunity in shrimp .....                                               | 171 |
| Dephosphorylation at Ser548 regulates hemocyanin-derived antibacterial peptides and immune defense in <i>Penaeus vannamei</i> .....                          | 172 |
| Mannose-modified hemocyanin enhances pathogen endocytosis by crustacean hemocytes .....                                                                      | 173 |
| Hemocyanin controls <i>Vibrio</i> levels in hemolymph by modulating intracellular ROS via p38 MAPK .....                                                     | 174 |
| Hemocyanin modulates ferroptosis through a HSP90-dependent antioxidant function in shrimp .....                                                              | 175 |
| 激光加热技术辅助翘嘴鲌胚胎冷冻保存技术研究 .....                                                                                                                                  | 176 |
| Systematic enhancer mapping and functional analysis in zebrafish with optimized CRISPR interference .....                                                    | 177 |
| Identification of CUBN as a key gene associated with coloration in Chinese mitten crab .....                                                                 | 179 |

|                                                                                                                                             |     |
|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|
| A conserved regulatory mechanism of melanocyte proliferation in vertebrates .....                                                           | 180 |
| A transposable element-derived Scarb1 promoter allele drives carotenoid pigmentation loss in common carp .....                              | 181 |
| 大菱鲆个体饲料转化率差异形成的组织学和生理学分析 .....                                                                                                              | 182 |
| 赖氨酸去乙酰化通过 ACO2-K658 调控罗非鱼碳酸盐胁迫下线粒体功能与铁死亡 .....                                                                                              | 183 |
| Yolk lipids coordinate fish egg quality and the endogenous-to-exogenous nutrient source transition                                          | 184 |
| GRP75 介导线粒体-内质网膜耦联结构调控鱼类低氧胁迫下 Ca <sup>2+</sup> 依赖性 ROS 积累与铁死亡 .....                                                                         | 185 |
| 线粒体功能重塑与水产动物抗逆适应：从环境胁迫到细胞稳态 .....                                                                                                           | 186 |
| 杂交黄颡鱼“江黄 2 号”生长性能、消化及肌肉代谢特性 .....                                                                                                           | 187 |
| 新疆高盐碱水域两种虾类的营养成分及品质评价 .....                                                                                                                 | 189 |
| Comparative analysis of the toxic effects of microplastics and nanoplastics on <i>Triplophysa yarkandensis</i> .....                        | 190 |
| 伊犁裂腹鱼种质遗传评价与耐盐碱育种研究 .....                                                                                                                   | 191 |
| 克孜勒苏河鱼类种群空间异质性研究及其生境健康评价 .....                                                                                                              | 192 |
| 叶尔羌高原鳅不同种群盐碱适应生理特征与种质资源评价 .....                                                                                                             | 193 |
| Comparative morphological analysis of <i>Gymnodiptychus dybowskii</i> from different regions in the Arid Northwest of Xinjiang, China ..... | 194 |
| 新疆盐湖卤虫源乳酸菌资源挖掘与饵料强化效果研究 .....                                                                                                               | 195 |
| 盐碱胁迫下斑重唇幼鱼耐受性的研究 .....                                                                                                                      | 196 |
| 金鱼 MC4R 家族调控生长与脂质分布的功能研究 .....                                                                                                              | 197 |
| sox10b 突变导致尼罗罗非鱼蓝绿色体色形成的机制 .....                                                                                                            | 199 |
| 厚颌鲂（♀）与团头鲂（♂）杂交 F1 代生物学特性的初步研究 .....                                                                                                        | 200 |
| Amhy/Amhr2y-mediated sex determination in teleosts depends on the conserved Alk3-Smad5 signaling axis .....                                 | 201 |
| Deficiency of SSTR2a promotes body growth through GH/IGFs axis and metabolism in tilapia                                                    | 202 |
| 四川华鲮早熟快繁种质创制 .....                                                                                                                          | 203 |
| fgf20 突变对罗非鱼鳍及鳞片发育的影响 .....                                                                                                                 | 204 |
| 基于线粒体与核基因组联合分析的吐鲁番鲢系统位置及分类地位研究 .....                                                                                                        | 205 |
| 盐度胁迫下河鲈幼鱼多组织生理响应及多组学联合分析 .....                                                                                                              | 206 |
| 基于近 T2T 基因组的全基因组重测序解析西太公鱼群体遗传结构及博斯腾湖引种优化策略 .....                                                                                            | 207 |
| 鱼类水霉病病原菌的分离鉴定 .....                                                                                                                         | 208 |
| 季节性食性变化对白斑狗鱼肠道微生物与代谢功能的影响 .....                                                                                                             | 209 |

|                                                                                                                                                                                              |     |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|
| 新疆地区鱼源摩根氏菌的全基因组特征及中药体外抑菌活性分析 .....                                                                                                                                                           | 210 |
| Gut microbiota composition and metabolomic profiles of wild and captive Northern Pike ( <i>Esox lucius</i> ) .....                                                                           | 211 |
| A high-confidence structural variant discovery and validation workflow for aquaculture genomics and breeding .....                                                                           | 212 |
| Genome-wide characterisation of the myosin light chain gene family in Chinese perch ( <i>Siniperca chuatsi</i> ) and its expression patterns in muscle fibre types and injury response ..... | 213 |
| 经济鱼类骨骼肌生长与代谢的分子调控机制探索 .....                                                                                                                                                                  | 214 |
| 基于基因组 Survey 数据的短尾蛇鳗遗传特征初探 .....                                                                                                                                                             | 215 |
| 两种养殖模式对褐菖鲉生理机能及肠道菌群的影响比较研究 .....                                                                                                                                                             | 216 |
| 横带髯鲷幼鱼对急性盐度胁迫的行为和生理响应 .....                                                                                                                                                                  | 217 |
| Development Process from Larva to Subadult of Anji Salamander ( <i>Hynobius amjiensis</i> ) and Its Facing latent disease hazards .....                                                      | 218 |
| 甲壳动物中维生素 E 合成及代谢机制研究进展 .....                                                                                                                                                                 | 219 |
| Integrated miRNA-mRNA transcriptomic analysis of hepatopancreas reveals molecular mechanisms in <i>Macrobrachium rosenbergii</i> under graded nitrite stress .....                           | 220 |
| 虾源凝结芽孢杆菌功能评价及在虾类良种选育中的应用 .....                                                                                                                                                               | 221 |
| 基于 DIA-PRM 蛋白质组学解析罗氏沼虾抗 DIV1 分子机制及抗性育种标志物筛选 .....                                                                                                                                            | 222 |
| 来曲唑处理时长对雌性黄姑鱼性腺分化的影响 .....                                                                                                                                                                   | 223 |
| 大黄鱼伪雄鱼诱导、精子发生与冻存保存的研究 .....                                                                                                                                                                  | 224 |
| 黄姑鱼伪雌鱼诱导技术优化及超雄鱼培育的初步研究 .....                                                                                                                                                                | 225 |
| 岱衢族大黄鱼抗病性状基因组选择育种研究 .....                                                                                                                                                                    | 226 |
| Oogonial transplantation enables female-biased progeny production in <i>Sebastes schlegelii</i> .....                                                                                        | 227 |
| 花鲈遗传育种研究进展 .....                                                                                                                                                                             | 228 |
| Reference Population Optimization for Genomic Selection in Zhikong Scallop ( <i>Chlamys farreri</i> ) .....                                                                                  | 229 |
| 乌鳢体色和性别决定遗传机制解析 .....                                                                                                                                                                        | 230 |
| 低氧下组蛋白 H3K9 甲基化对牙鲆鳃组织细胞凋亡作用机制的研究 .....                                                                                                                                                       | 231 |
| Alkbh5a 调控 m <sup>6</sup> A 甲基化激活 tonebp1 促进虹鳟海水环境适应的机制研究 .....                                                                                                                              | 232 |
| Zglp-1 is a novel essential transcriptional regulator for sex reversal in zebrafish .....                                                                                                    | 233 |
| The role of ladderlectin in spermatogenesis and ovarian sperm storage in the black rockfish ( <i>Sebastes schlegelii</i> ) .....                                                             | 234 |
| 基于 SNP 和单倍型信息的凡纳滨对虾生长性状 GWAS 分析 .....                                                                                                                                                        | 235 |
| 基于人工智能的对虾育种关键技术研究 .....                                                                                                                                                                      | 236 |
| 基质金属蛋白酶介导胶原解聚引发海参自溶机制 .....                                                                                                                                                                  | 237 |

|                                                                                                                                                                                                        |     |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----|
| Ultra-fast generation of all-female grass carp via transplantation of female germline stem cells into zebrafish .....                                                                                  | 238 |
| 鲤鱼高温次发性性逆转及性腺体细胞可塑性研究 .....                                                                                                                                                                            | 239 |
| 基于多组学分析的草鱼抗 GCRV 基因筛选及功能初步分析 .....                                                                                                                                                                     | 240 |
| Mechanism analysis of improving reproductive traits in recombinant doubled haploid Japanese flounder ( <i>Paralichthys olivaceus</i> ) .....                                                           | 241 |
| 牙鲆生殖干细胞关键技术研究进展及种质资源保护应用 .....                                                                                                                                                                         | 242 |
| Exploring the potential regulation mechanisms of host-microbiome comprehensive interactions on growth traits in <i>Cyprinus carpio</i> .....                                                           | 243 |
| 草鱼密度胁迫下抗逆生理与多组学解析助力水产健康养殖 .....                                                                                                                                                                        | 244 |
| 转录组分析揭示蓝光诱导大口黑鲈生长性能提升的潜在分子机制 .....                                                                                                                                                                     | 245 |
| Integrated transcriptomic and metabolomic analyses reveal metabolic reprogramming and energy allocation strategies in spotted sea bass <i>Lateolabrax maculatus</i> under cold stress .....            | 246 |
| Mstnb 在尼罗罗非鱼肝脏多不饱和脂肪酸合成中的功能研究 .....                                                                                                                                                                    | 247 |
| Effects of Different Drying Methods on Amino Acids, Sterols, Macroelements and Trace Elements in <i>Hippocampus erectus</i> .....                                                                      | 248 |
| Identification of genes related to rapid growth of giant grouper based on self-cross population of hulung hybrid grouper .....                                                                         | 249 |
| 性腺基因组与黄鳝性转变相关联 .....                                                                                                                                                                                   | 250 |
| The gonadal matrisome and its correlation with sex change in the ricefield eel <i>Monopterus albus</i> .....                                                                                           | 251 |
| 神经坏死病毒感染斑马鱼模型及其早期神经与髓鞘损伤特征 .....                                                                                                                                                                       | 252 |
| <i>scd</i> 敲除通过抑制脂质合成降低草鱼脂质沉积 .....                                                                                                                                                                    | 253 |
| The pangenome of <i>Acanthopagrus</i> provides genomic variation evidence for genetic diversity .....                                                                                                  | 254 |
| Development of CRISPR/Cas9 based precision genome editing tools in grouper <i>in vitro</i> and <i>in vivo</i> .....                                                                                    | 255 |
| Phylogenetic conservation and reorganization of brain cell types across vertebrate evolution ....                                                                                                      | 256 |
| Fish SIK2 drives antiviral synergy by activating TBK1-related and NF- $\kappa$ B signaling to restrict OGNNV infection <i>via</i> phase separation .....                                               | 257 |
| 斜带石斑鱼 ZNFX1 作为新型核酸受体抑制 NNV 增殖的机制研究 .....                                                                                                                                                               | 258 |
| 尖塘鳢良种创制与性控、配合饲料适配育种技术研究 .....                                                                                                                                                                          | 259 |
| 罗氏沼虾 Mrpiwi2 基因的表达特征、功能分析及 CRISPR/Cas9 基因编辑研究 .....                                                                                                                                                    | 260 |
| 抗菌肽 Sparanegtin 对罗氏沼虾生长、抗氧化、免疫及抗病的影响研究 .....                                                                                                                                                           | 261 |
| Integrated morphological, histological, physiological, and metabolomic analyses reveal the role of photoperiod in regulating the growth and molting of juvenile <i>Macrobrachium rosenbergii</i> ..... | 262 |
| 甲基法尼酯暴露后红螯螯虾肝胰腺的性别二态性及雌雄同体特异性转录响应 .....                                                                                                                                                                | 263 |

|                                      |     |
|--------------------------------------|-----|
| 铜暴露对罗氏沼虾生长、免疫、抗氧化能力及肠道微生物的毒性影响 ..... | 264 |
| 鳖科动物比较基因组研究 .....                    | 265 |
| 鳖科动物通用遗传性别鉴定技术的建立及应用 .....           | 266 |
| 鱼类色素细胞发育多样性与视觉环境适应的遗传机制研究 .....      | 267 |
| 白乌鳢性别连锁 DNA 标记的筛选与鉴定 .....           | 268 |
| 博斯腾湖西太公鱼的消化道结构和食性及肠道菌群研究 .....       | 269 |
| DON 通过 G6PD 重编程核苷酸代谢抑制石斑鱼生长 .....    | 271 |

## Development of fish embryonic stem cell lines as biotechnological tools for basic and applied studies of interest in aquaculture\*

MUÑOZ-CUETO José A.<sup>1,3,\*\*</sup>, VERGÈS-CASTILLO Alba<sup>1,3</sup>, PENDÓN Carlos<sup>2,4</sup>,  
MARTÍN-ROBLES Águeda J.<sup>2,3</sup>

<sup>1.</sup> *Department of Biology, Faculty of Marine and Environmental Sciences, University of Cádiz, 11510 Puerto Real (Cádiz), Spain*

<sup>2.</sup> *Section of Biochemistry and Molecular Biology, Department of Biomedicine, Biotechnology and Public Health, Faculty of Sciences, University of Cádiz, 11510 Puerto Real (Cádiz), Spain*

<sup>3.</sup> *University Institute for Marine Research (INMAR), Campus of International Excellence for the Sea (CEIMAR), The European University of the Seas (SEA-EU), 11510 Puerto Real (Cádiz), Spain*

<sup>4.</sup> *Institute of Biomolecules (INBIO), Faculty of Sciences, Campus of International Excellence in Agri-Food (ceiA3), University of Cádiz, 11510 Puerto Real (Cádiz), Spain*

**Abstract:** Living organisms are continually subjected to cyclical variations, whether daily, monthly or yearly, in environmental factors such as light or temperature. In fish, as in other vertebrates, the photoperiod and the light spectrum affect important processes such as development, growth, intake, metabolism or reproduction, both in wild and cultured animals. The studies carried out in the laboratory have highlighted the experimental complexity and ethical issues associated with the use of live animals in research. For this reason, there is a need to generate new *in vitro* biotechnological tools to complement studies previously carried out *in vivo* or *ex vivo*, in compliance with the 3Rs rule. The main objective of this study was the development of monoclonal embryonic stem cell lines of the gilthead seabream, *Sparus aurata*, as a tool to study and characterize the different components of the circadian system (synchronizing factors or *input*, molecular clock or *pacemaker*, overt rhythms or

---

\*This work was funded by a grant from Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades/Agencia Estatal de Investigación and FEDER-EU (PID2021-123640OB-C22) to JAM-C and AJM-R. AV-C was an FPI fellow (PRE2018-085642) funded by Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades/Agencia Estatal de Investigación and FEDER-EU.

\*\*Corresponding author, Email: munoz.cueto@uca.es

*output*) during the development of this species. These basic studies have provided valuable information on the functioning of the circadian system in embryonic cells of *Sparus aurata*, which may be of great interest for understanding the effects of environmental factors such as light (and its cycles and spectrum), on processes of a markedly rhythmic nature such as cell differentiation, development, growth, metabolism, stress, feeding, reproduction, as well as on other processes of interest in the aquaculture of this species. This information may also be of great relevance for further studies on developmental biology, environmental physiology and chronobiology of other fish species of basic and aquaculture interest.

**Keywords:** embryonic stem cell lines, circadian rhythms, photoperiod, light spectrum, opsins

# Development of Single-Cell Epigenomic Technologies in Fish and Mechanistic Dissection of Stress and Disease Resistance\*

Peng Hu\*\*

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

**Abstract:** Understanding fish stress tolerance and disease resistance requires tools that can resolve regulatory mechanisms at single-cell and functional levels. Our work develops and applies single-cell epigenomic, new transcriptomic, and enhancer-perturbation approaches to study fish development, environmental adaptation, and antibacterial immunity. We contributed to Joint-snhmC-seq for single-cell 5mC/5hmC profiling, optimized CRISPR interference in fish for functional enhancer analysis, and developed embryonic new transcriptome analysis to distinguish maternal RNAs from newly synthesized zygotic transcripts. Using this approach, we identified maternal factors that improve embryo survival under cold stress conditions. We further applied single-cell immune profiling in Nile tilapia and discovered a conserved IFN $\gamma$ -IL8-induced antibacterial neutrophil state that enhances bacterial killing. Mechanistically, we identified PRMT2-mediated histone methylation as an epigenetic regulator of antibacterial immunity. Together, these studies establish a technology-driven framework for dissecting regulatory mechanisms of fish resistance traits and provide new foundations for precision improvement of stress and disease resistance in aquaculture species.

**Keywords:** Single-Cell Epigenomics, CRISPR interference, Cold stress, Disease

---

\*资助项目: 国家自然科学基金(2373113, 32341061, 32200414) , 十四五国家重点研发计划青年科学家项目 (2023YFD2402100), 国家级高层次人才计划

\*\*通讯作者, 胡鹏, 教授, 博士生导师, 研究方向为鱼类功能基因组学及抗逆抗病育种.

E-mail: phu@shou.edu.cn

## 大黄鱼适应无鱼粉饲料和提高饲料效率育种技术研究进展\*

王志勇\*\*

集美大学水产学院，农业农村部东海海水健康养殖重点实验室，福建 厦门 361021

**摘要：**鱼粉资源短缺是制约我国海水鱼类养殖可持续发展的关键瓶颈。大黄鱼作为我国养殖产量最大的海水经济鱼类之一，对鱼粉依赖度高，开展适应无鱼粉饲料品系的遗传选育具有重要产业意义。近年来，本团队致力于适应无鱼粉饲料及高饲料效率大黄鱼遗传改良技术研究，在以下方面取得重要进展：（1）个体适应性差异研究方面，发现大黄鱼个体间对无鱼粉无鱼油饲料的适应性存在显著差异，初始体重极差 $\leq 10\%$ 的鱼苗用无鱼粉无鱼油饲料喂养 9~10 周，同组个体体重极差扩大到 3.3~4.6 倍，生长快个体在 HUFA 合成相关基因（*Elovl1*、*Elovl5*、*Elovl6*、*Δ6-Fad*）表达及脂肪酸组成上均优于生长慢个体；（2）饲料效率测定技术方面，设计新型体表标签结合视频记录技术，成功实现群养条件下个体摄食量和饲料效率的批量测定，发现个体间饲料效率差异巨大（饲料系数 1.21~128.73），且部分个体在相近摄食量下增重率存在极显著差异；（3）遗传选育方面，通过基因组选择技术选育出“耐粗饲”品系，其在低鱼粉饲料下生长速度、肌肉 PUFA 和 HUFA 含量、肠道消化酶活性及肝脏抗氧化能力均显著优于普通大黄鱼；（4）分子机制研究方面，利用 GWAS 鉴定出 11 个与饲料效率显著相关的 SNP 位点及 *cadm3*、*galnt9* 等候选基因，并通过转录组、蛋白质组、代谢组及肠道微生物组等多组学分析，揭示了脂质代谢、能量代谢、炎症调控及肠道菌群等在大黄鱼适应无鱼粉饲料中的关键作用，发现 *Ahsg*、*acsl3*、*fads2* 等关键基因及 *tpil*、*fdps* 等枢纽基因。

综上所述，大黄鱼对无鱼粉饲料的适应性和饲料效率均具有较大的遗传改良潜力，通过遗传选育结合多组学辅助的分子育种技术，有望培育出适应无鱼粉饲料的高效养殖新品种，推动大黄鱼养殖业的绿色可持续发展。

**关键词：**大黄鱼；无鱼粉饲料；饲料效率；基因组选择；多组学

---

\*资助项目：国家自然科学基金重点项目(321030110)，农业生物育种重大项目(2023ZD0405502)，国家海水鱼产业技术体系(CARS-47-G04)。

\*\*通讯作者，王志勇，教授，博士生导师，研究方向为水产生物遗传育种与生物技术。

E-mail: zywang@jmu.edu.cn

## 对虾抗性性状的分子基础和育种技术创新及应用\*

李富花\*\*, 于洋, 相建海

中国科学院海洋研究所, 山东省青岛市 266071

**摘要:** 凡纳滨对虾是世界养殖的对虾种类, 在我国水产养殖中占有重要地位。池塘养殖作为我国对虾养殖的主要模式, 养殖过程中易受病原和环境因子的共同影响导致病害爆发, 随着全球气候变化和极端天气频发的影响加剧, 对高抗对虾种苗的需求更加迫切。解析对虾抗病及抗逆分子机制, 培育抗病、抗逆的高抗良种是破解产业难题的关键途径。本团队近年来聚焦对虾对细菌性或病毒性疾病的抗性以及对环境因子如盐度等耐受性问题, 开展了对虾抗性性状遗传解析、精准育种技术建立和高抗品种培育的理论和技术研究, 取得了重要进展。对已完成的凡纳滨对虾基因组图谱进行了升级, 获得了更高质量的全基因组图谱, 为重要经济性状的精准解析和全基因组育种提供了重要数据基础。针对对虾淋巴器官在对虾清除病原中的重要作用, 系统解析了淋巴器官抵御病原感染的细胞学基础, 为阐释对虾抗病的分子机制提供了新认知; 阐释了免疫和代谢通路在对虾抗病中的重要作用, 鉴定了高可信度的抗病分子标记, 为对虾抗病育种提供了重要参考; 获得了对虾耐高盐基因和标记, 阐释了对虾耐高盐性状的调控网络, 系统解析了对虾抗病和抗逆的遗传基础; 针对抗病抗逆性状育种准确率低的问题, 团队研发了凡纳滨对虾“中科芯 2 号”(10K)、“中科芯 3 号”(1.5K) 等系列基因芯片, 建立了分子标记辅助育种和基因组选择育种技术, 并应用标记辅助选育培育出对虾耐高盐新品种“渤海 1 号”, 其高盐(>55) 养殖条件下的成活率和生长速度分别提高 14% 和 10% 以上; 首次在对虾中应用全基因组育种技术培育出抗弧菌新品种“广泰 2 号”, 其抗弧菌能力和养殖成活率较对照组分别提升 33% 和 20% 以上。相关研究成果不仅丰富了对虾抗病、抗逆的理论体系, 同时成功实现基础理论的产业化转化, 推动了基础研究与产业应用的融合, 为破解对虾养殖业病害和环境胁迫适应性难题提供了切实可行的技术方案与优良种质支撑。

---

**\*资助项目:** 国家自然科学基金(31830100)、国家重点研发计划项目(2022YFD2400203)、CARS-48 专项资金和泰山学者计划。

**\*\*通讯作者,** 李富花, 博士, 研究员, 博导; 主要从事甲壳动物遗传与免疫

Email: fhli@qdio.ac.cn

## 无肌间刺草鱼新种质创制与多组学揭示遗传调控基础\*

刘俊岐<sup>1</sup>, 高泽霞<sup>1\*\*</sup>, 万世明<sup>1\*\*</sup>

1. 华中农业大学水产学院, 湖北武汉, 430070

**摘要:** 草鱼 (*Ctenopharyngodon idellus*) 是世界上水产养殖产量最大的淡水经济鱼。鱼片中存在的大量肌间刺 (IB) 严重限制了其消费选择和深加工。本研究首先解析了草鱼 IBs 的发生发育特征, 确定了 IBs 骨化的关键时期是在 15 dph - 40 dph 之间。通过对草鱼 *runx2b* 进行基因编辑, 成功构建了具有 *runx2b* 突变的 F<sub>0</sub> 代群体, 进而培育出完全没有 IBs 的 F<sub>1</sub> 和 F<sub>2</sub> 代群体。Micro-CT 结果显示, IBs 缺失不影响其他骨骼的形成和骨组织密度, 以及脂肪和肌肉体积的比例 ( $P > 0.05$ )。综合评价有/无 IBs 草鱼的肌肉营养特性。结果表明, 两组肌肉水分、粗蛋白、粗脂肪、氨基酸、脂肪酸、总糖、胶原蛋白等营养物质含量均无显著差异 ( $P > 0.05$ )。整合转录组、蛋白质组和代谢组数据分析发现无 IBs 草鱼肌肉中  $Ca^{2+}$  信号通路及运动相关基因的表达发生变化, 表明其在肌肉收缩能力方面的适应性增强。相关数据的获取为无 IBs 鱼类的品质评价提供了重要参考, 无 IBs 草鱼新品系对改善其种业和加工业发展现状提供具有巨大动力。

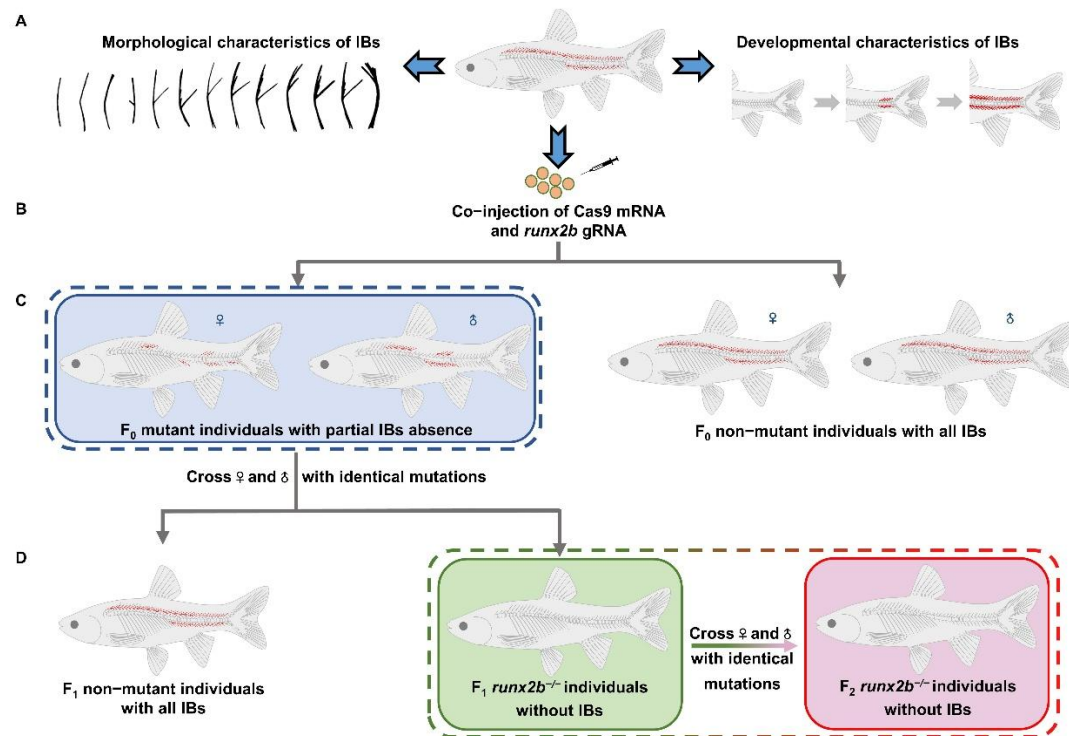
**关键词:** 草鱼; 肌间骨; *runx2b*; 遗传改良; 肌肉品质;

---

**\*资助项目:** 本研究由国家自然科学基金 (32330108, 32425054)、国家农业研究系统专项资金 (CARS-45-01)、中央高校基本科研业务费专项资金 (2662023SCQD002)、湖北省重大科研项目 (2023BBA001) 资助。

**\*\*通讯作者,** 高泽霞, 邮箱: gaozx@mail.hzau.edu.cn; 万世明: wansm@mail.hzau.edu.cn.

附图（所有权隶属于华中农业大学湖北洪山实验室高泽霞团队，如有窃取，后果自负）：



# 脂肪酸脱饱和酶 (*fads2*) 与免疫调控基因：欧洲鲈 (*Dicentrarchus labrax*) 鱼油替代及抗逆分子育种的候选靶点与研究展望\*

徐悦<sup>1,2\*\*</sup>

1. 白俄罗斯国家科学院大学，白俄罗斯 明斯克 220072

2. 葡萄牙海洋与环境跨学科研究中心，葡萄牙 马托西纽什 4450-208

**摘要：**海水肉食性鱼类（如欧洲鲈 *Dicentrarchus labrax*）对膳食 n-3 长链多不饱和脂肪酸(n-3 LC-PUFA)高度依赖，其根本原因在于由脂肪酸脱饱和酶(*fads2*)与延长酶(*elovl*)构成的内源合成通路活性低下，这一遗传层面的“瓶颈”制约着低鱼油饲料的可行性。已有研究表明，降低膳食 LC-PUFA 或升高养殖温度可在转录水平诱导 *fads2* 表达，但 mRNA 上调往往不能等比例转化为 FADS2 酶活与组织 LC-PUFA 积累，提示存在转录后与代谢层面的限速环节，是分子育种值得攻关的关键靶点。与此同时，膳食脂质的分子形式（甘油三酯与乙酯）及热应激会重塑组织脂肪酸表型，并联动调控免疫与应激相关基因网络（如 *il-1β*、*tnf-α*、*cox-2*、*nf-kb*、*hsp70*、*hsp90* 及谷胱甘肽相关氧化还原基因），将营养—环境信号与免疫稳态、抗逆能力相耦联。本文以欧洲鲈为例，从遗传与分子调控的视角综述上述营养—温度—基因互作的研究进展，并提出：系统解析 *fads2/elovl* 通路的遗传变异与调控元件、鉴定抗逆与免疫相关功能基因及分子标记，并与基因组选择、分子设计育种和基因组编辑相结合，有望培育内源 LC-PUFA 合成能力增强、耐热抗逆的优良种质，为降低鱼油依赖、发展气候适应型绿色健康养殖与水产种业高质量发展提供新质生产力支撑。

**关键词：**脂肪酸脱饱和酶 (*fads2*)；n-3 LC-PUFA 内源合成；免疫-应激基因调控；抗逆分子育种；欧洲鲈

---

\*资助项目：葡萄牙科学技术基金会 (FCT) “Zero-Waste Omega-3: 可持续水产饲料绿色标签解决方案”项目 (2023.13017.PEX)。

\*\*通讯作者，徐悦，高级讲师，主要从事水产营养与脂质代谢、抗逆与免疫分子调控研究。

E-mail: xuyuesabrina99@gmail.com

## 光学传感助力鱼类非接触式表型解析：赋能精准水产养殖\*

吝 凯\*\*

北京市农林科学院水产科学研究所，北京市

**摘要：**鱼类表型精准解析是连接基因型与重要经济性状的关键环节，也是推动水产养殖向精准化、智能化和可持续发展的重要技术支撑。本文围绕非接触式鱼类表型测量研究进展，系统梳理了数字表型研究范式及其在精准水产养殖中的应用价值。报告重点介绍了二维成像、RGB-D 成像、三维成像以及鬼成像等多维光学感知技术体系，并从形态表型、行为表型和外观表型三个方面总结了鱼类体尺体重估算、三维重建、摄食行为、游泳行为监测、体色纹理评价、病害识别与颜色表型测量等典型应用。结合近二十年相关研究的文献计量分析，指出当前鱼类非接触式表型测量研究仍以实验室和半受控环境为主，商业化养殖场景中的规模化应用仍然不足。针对水下图像退化、姿态变化与遮挡、数据异构与标注缺乏、模型泛化能力不足、计算资源与实时性受限，以及表型数据与基因组信息融合不足等关键瓶颈。本文进一步展望了高效灵活表型采集平台、轻量化实时处理、迁移学习与小样本学习、多模态融合、新型表型量化和标准化开放数据集等未来发展方向。研究认为，构建开放、智能、可扩展的鱼类表型分析技术体系，将为鱼类精准育种、健康养殖和产品质量控制提供重要支撑。

**关键词：**鱼类；非接触式表型；光学传感；数字表型；智能养殖

---

\***资助项目：**国家自然科学基金（32202996），北京市自然科学基金（6232013）、北京市农林科学院青年基金(QNJ202401)

\*\***通讯作者：**吝凯，副研究员，主要从事鱼类表型智能化测量研究。

E-mail: linkai@baafs.net.cn

## 升温打破金鱼鳞片再生的时序协调性\*

刘丽丽<sup>1</sup>, 白景文<sup>1</sup>, 朱华<sup>1\*\*</sup>

1. 北京市农林科学院水产科学研究所, 北京市 100068

**摘要:** 鱼类鳞片再生是典型的器官型再生过程, 依赖炎症、细胞增殖与基质重塑的精确时序协调, 但其动态分子调控网络及对温度的阶段性响应机制尚不清楚。本研究以观赏金鱼 (*Carassius auratus*) 为实验材料, 采用单侧侧线区拔鳞损伤模型, 构建常温再生 (Regen, 24 °C) 和适度升温 (Heat, 26 °C) 两个处理组在 5 个再生时间点 (D0、D1、D3、D5、D7) 的 RNA-seq 时间序列转录组数据集, 系统解析鳞片再生早期的转录动态特征。差异表达分析共鉴定 1839 个差异表达基因, 四阶段时序程序分析表明金鱼鳞片再生依次经历 D1 代谢激活与屏障重建、D3 炎症免疫应答、D5 细胞增殖爆发和 D7 细胞外基质 (ECM) 重塑与成熟四个连续阶段。Mfuzz 模糊 C 均值时间序列聚类将差异基因划分为 6 个时序模块, 揭示 Hippo 信号通路在 D5/D7 转变共享模块中显著富集, 提示其介导增殖向 ECM 重塑的阶段转换。升温处理显著提前并持续激活细胞周期和 DNA 复制程序, 主要表现为 Heat 组从 D1 即显著激活, 同时显著抑制 ECM 重塑, 形成增殖-ECM 时序解偶联的非对称加速模式, 呈现早期加速、晚期减速特征。加权基因共表达网络分析 (WGCNA) 鉴定 21 个共表达模块, 揭示升温导致增殖模块提前激活、炎症模块延长、ECM 模块延迟, 从共表达网络水平系统提示再生过程中可能存在增殖与 ECM 重塑之间资源竞争, 升温条件下资源优先分配至增殖过程, 导致基质合成受损。Masson 三色染色从细胞水平独立验证了上述分子层面的发现, Regen 组呈现成纤维细胞浸润, 黏液细胞出现, 鳞片形成细胞聚集, 细胞回退的清晰时序; Heat 组则表现为细胞分化提前和活性期延长, 为增殖提前、基质延迟时序重组提供了细胞水平证据。本研究提出温度介导的再生时间解偶联模型, 揭示环境因子通过差异调控再生阶段重塑再生时间进程的机制, 为理解变温水生动物组织再生的环境可塑性提供新思路, 并为观赏鱼体表修复调控和养殖环境优化提供理论依据。

**关键词:** 金鱼; 鳞片再生; ECM 重塑; 时序解偶联; 温度调控

\*资助项目: 北京市农林科学院创新能力建设专项 (KJCX20261411)

\*\*第一作者, 刘丽丽, 副研究员, 主要从事水产生物技术与遗传育种。

E-mail: liulili@baafs.net.cn

## 整合显性效应的鲟鱼基因组选配研究\*

宋海亮, 胡红霞\*\*

北京市农林科学院水产科学研究所, 北京 100068

**摘要:** 鲟鱼经济价值与营养价值极高, 提升其遗传改良效率对产业发展具有重要意义。针对当前育种中对非加性效应利用不足的问题, 本研究基于 1,018 尾俄罗斯鲟个体的全基因组重测序数据 (含 971 尾参考群体和 47 尾候选亲本), 获得 8.22 百万高质量 SNP 标记, 系统评估显性遗传效应在基因组预测与选配中的作用。分别构建基因组最佳线性无偏预测模型 (GBLUP) 与包含显性效应的扩展模型 (GDBLUP), 对鱼子酱产量、鱼子酱颜色和体重性状进行遗传参数估计与基因组预测评估。结果表明, 两类模型预测准确性整体相近, 分别为 0.367 (产量)、0.541 (颜色) 和 0.322 (体重)。在此基础上, 构建整合加性与显性效应的基因组选配 (Genomic Mating, GM) 框架, 用于亲本组合优化与后代期望表型预测。结果显示, 引入显性效应后, 鱼子酱产量与颜色的后代期望表现得到提升, 而体重性状无变化。与随机交配及基因组选择相比, 基因组选配策略在各性状上均表现出更优的后代遗传潜力, 增益范围为 0.0168-0.7388。模拟分析进一步表明, 对于受显性效应影响的性状, 整合显性遗传信息的基因组选配能够获得更优的群体遗传进展。本研究证明显性效应在鲟鱼基因组选配中具有重要利用价值, 为高价值水产动物的精准育种与遗传改良提供了理论依据与方法支持。

**关键词:** 基因组选配; 鲟鱼; 显性效应; 后代期望表型

---

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

\*\***通讯作者,** 胡红霞, 女, 博士, 研究员, 主要从事鱼类繁殖生理与内分泌研究。

Tel: 13910775341, E-mail: huhongxiazhang@163.com.

## 中间球海胆幼体骨骼发生的形态学过程及转录组学研究\*

程怡婧<sup>1,2</sup>, 张嘉益<sup>1,2</sup>, 范翼辰<sup>1,2</sup>, 类延飞<sup>1,2</sup>, 邓雅杰<sup>1,2</sup>, 刘佳琪<sup>1,2</sup>,

韩泠姝<sup>1,2</sup>, 赵冲<sup>1,2</sup>, 常亚青<sup>1,2</sup>, 丁君<sup>1,2\*\*</sup>

(1. 农业农村部北方海水增养殖重点实验室, 大连海洋大学, 辽宁 大连 116023

2. 辽宁省北方水产种质资源与遗传育种重点实验室, 大连海洋大学, 辽宁 大连 116023)

**摘要:** 为解析中间球海胆 (*Strongylocentrotus intermedius*) 骨片发育过程与分子调控特征, 本研究采用形态学观察与比较转录组学技术, 对比分析了其胚胎期(囊胚期、原肠胚期)与幼体期(六腕、八腕幼体期)的骨骼发育过程。形态学观察显示, 中间球海胆三辐射骨针始于原肠胚期; 八腕幼体期为骨骼形态重塑关键期, 部分骨针发生节点断裂与分支交联, 新生的三辐射晶体进一步发育为管足、棘刺和壳板等立体网状骨片。比较转录组分析表明, 囊胚至原肠胚期差异表达基因以下调为主, 幼体通过抑制基础代谢通路集中能量, 上调 *COL2A1* 等细胞外基质基因与 *calm* 基因, 驱动早期骨针的线性矿化。六腕至八腕幼体期, 骨骼发育转为多通路协同调控模式。 *calmodulin-like* 基因显著上调以促进区域化钙沉积; *COL2A1* 与编码交联酶的 *P4HA1* 基因下调, 从而降低基质刚性与线性纤维比例。研究表明, 中间球海胆骨骼发育重心由早期骨针的线性发育, 逐步转向八腕幼体期的多样化骨片发育。本研究描绘了海胆骨片发育的形态与转录特征, 验证了早期骨针调控机制的普适性, 为解析变态期骨骼发育的分子机制提供了基础数据。

**关键词:** 中间球海胆; 骨针发育; 骨片发育; 转录组

---

**\*资助项目:** 国家自然科学基金(项目编号: 32373109); 辽宁省“兴辽人才计划”项目(XLYC2202001); 大连星海湾实验室技术基金(DLJWSF202401); 辽宁省科学技术厅(项目编号: 2023JH1/10200007)

**\*\* 通讯作者,** 丁君, 教授, 主要从事水产动物遗传与育种研究。

E-mail: dingjun1119@dlou.edu.cn;

第一作者, 程怡婧, 硕士研究生, 研究方向为生物育种。

E-mail: chengyijing0@163.com

# Pathogenic Characteristics of *Vibrio atlanticus* Infection in *Strongylocentrotus intermedius* and the Immune Transcriptomic Response of Coelomocytes\*

DENG Yajie<sup>1,2,3</sup>, CAO Lina<sup>1,2,3</sup>, TIAN Ye<sup>1,2,3</sup>, LIU Jiaqi<sup>1,2,3</sup>, ZHANG Jiayi<sup>1,2,3</sup>, SU Hang<sup>1,2,3</sup>, HAN Lingshu<sup>1,2,3</sup>, CHANG Yaqing<sup>1,2,3</sup>, DING Jun<sup>1,2,3\*\*</sup>

1. Agriculture Department Key Laboratory of Mariculture & Stock Enhancement in North China Sea, Dalian 116023

2. Liaoning Provincial Key Laboratory of Northern Aquatic Germplasm Resources and Genetics and Breeding, Dalian 116023

3. Technology Foundation of Dalian Xinghaiwan Laboratory, Dalian 116034

**Abstract:** To elucidate the pathogenic mechanism of black mouth disease caused by *Vibrio atlanticus* in *Strongylocentrotus intermedius*, sea urchins from Dalian, China, were investigated by pathogen isolation, experimental infection, histopathology, immunofluorescence, and coelomocyte RNA sequencing. The disease occurred mainly in spring and autumn at 16-20 °C and was associated with high mortality. Sixty-five bacterial strains were isolated from 160 diseased individuals, including 59 *Vibrio* strains, with *V. atlanticus* predominating. Experimental infection reproduced peristomial membrane blackening, spine loss, and reduced activity. Histopathology revealed intestinal mucosal ulceration, villus necrosis, disruption of the gonadal nutritive phagocyte network, and germ-cell degeneration. Strong immunofluorescence signals appeared in the gonads at 24 h and in both the intestine and gonads at 96 h, identifying the gonads as an early target tissue. Differentially expressed genes were enriched in phagosome, glutathione metabolism, TGF- $\beta$ , and Wnt pathways. Overall, *V. atlanticus* caused tissue injury and induced immune stress and metabolic reprogramming, with these pathways potentially affecting infection outcomes. This study deepens our understanding of the pathogenic mechanisms underlying black mouth disease from the perspectives of histopathological damage, tissue tropism, and transcriptional regulation.

**Key words:** *Strongylocentrotus intermedius*; *Vibrio atlanticus*; black-mouth disease; histopathology; tissue tropism; transcriptome

---

\*资助项目: 国家自然科学基金面上项目 (3237210416); 辽宁省科技厅农业重大专项 (项目编号: 2023JH1 / 10200007); 辽宁省“兴辽人才计划”领军人才项目 (XLYC2202001); 大连星海湾实验室示范性项目 (Dljswsf202401)

\*\*通讯作者, 丁君, 博士, 教授, 主要从事水产动物遗传育种与健康养殖。

E-mail: dingjun1119@dlou.edu.cn;

第一作者: 邓雅杰, 硕士研究生, 研究方向为水产动物遗传育种与健康养殖。

E-mail: dengyajie0220@163.com

## 大西洋弧菌感染中间球海胆的致病特征及体腔细胞免疫转录响应分析\*

邓雅杰<sup>1,2,3</sup>, 曹丽娜<sup>1,2,3</sup>, 田野<sup>1,2,3</sup>, 刘佳琪<sup>1,2,3</sup>, 张嘉益<sup>1,2,3</sup>, 苏航<sup>1,2,3</sup>, 韩冷姝<sup>1,2,3</sup>, 常亚青<sup>1,2,3</sup>, 丁君<sup>1,2,3\*\*</sup>

1.农业农村部北方海水增殖重点实验室, 辽宁大连 116023;

2.辽宁省北方水产种质资源与遗传育种重点实验室, 辽宁大连 116023;

3.大连星海湾实验室, 辽宁大连 116034

**摘要:** 为明确大西洋弧菌 (*Vibrio atlanticus*) 引发中间球海胆 (*Strongylocentrotus intermedius*) 黑嘴病的致病机制, 本研究对辽宁大连地区患病海胆开展了流行性调查、细菌性病原分离鉴定、人工感染、组织病理学观察、间接免疫荧光动态追踪及体腔细胞转录组测序。结果显示, 研究调查地区的中间球海胆黑嘴病多发于春秋季度 (水温约为 16-20 °C), 并且发病后死亡率较高。夏季发病少, 死亡率低; 冬季散在发病, 海胆发病后死亡率低; 从 160 只患病海胆中共分离到 65 株细菌, 其中 59 株为弧菌属, 大西洋弧菌为优势分离菌; 人工攻毒可复现围口膜黑化、棘刺脱落及活动减弱等典型症状; 组织病理学显示, 感染个体肠道黏膜发生溃疡、肠绒毛坏死溶解, 性腺营养吞噬细胞网状结构破坏并伴生殖细胞退行性改变; 间接免疫荧光动态追踪揭示, 攻毒后 24 h 性腺中已出现强阳性信号, 96 h 时肠道与性腺均呈现强信号, 表明性腺是病原早期侵染的关键靶组织; RNA-seq 分析显示, 差异基因显著富集于吞噬体、谷胱甘肽代谢、TGF- $\beta$  及 Wnt 等信号通路。综上, 大西洋弧菌可对中间球海胆造成明确的组织损伤, 并诱导体腔细胞发生以免疫应激与代谢重编程为特征的转录应答, 其中 TGF- $\beta$ 、Wnt 及吞噬体相关通路可能参与调控不同感染结局。研究从组织病理、病原嗜性与转录调控层面深化了对黑嘴病致病机制的认识。

**关键词:** 中间球海胆; 大西洋弧菌; 黑嘴病; 组织病理; 组织嗜性; 转录组

**\*资助项目:** 国家自然科学基金面上项目 (3237210416); 辽宁省科技厅农业重大专项 (项目编号: 2023JH1/10200007); 辽宁省“兴辽人才计划”领军人才项目 (XLYC2202001); 大连星海湾实验室示范性项目 (DLjswsf202401)。

**\*\*通讯作者,** 丁君, 博士, 教授, 主要从事水产动物遗传育种与健康养殖。

E-mail: dingjun1119@dlou.edu.cn

第一作者: 邓雅杰, 硕士研究生, 研究方向为水产动物遗传育种与健康养殖。

E-mail: dengyajie0220@163.com

## 虾夷扇贝非编码 RNA 介导内质网应激响应高温胁迫的分子调控机制

杭雲娜<sup>1</sup>, 庞玉明<sup>1</sup>, 王昱涵<sup>1</sup>, 王许波<sup>1</sup>, 田莹<sup>1</sup>, 宋坚<sup>1</sup>, 郝振林<sup>1</sup>, 丁君<sup>1</sup>, 毛俊霞<sup>1\*</sup>, 常亚青<sup>1\*\*</sup>

1. 大连海洋大学, 水产与生命学院, 农业农村部北方海水增养殖重点实验室, 辽宁大连

116023

**摘要:** 虾夷扇贝是我国北方重要的养殖贝类, 近年来, 夏季高温引发虾夷扇贝大规模死亡, 对虾夷扇贝养殖产业造成了巨大的经济损失。为探究虾夷扇贝响应高温胁迫的分子调控机制, 本研究利用全转录组学技术进行虾夷扇贝响应高温胁迫的 ncRNA 的鉴定及表达谱变化分析, 筛选获得了虾夷扇贝响应高温胁迫的重要候选基因及 ncRNA, 构建了 lncRNA/circRNA 介导的 ceRNA 调控网络。两种类型 ceRNA 调控网络靶基因的功能富集分析发现, 内质网应激相关功能和通路在两个网络中最显著富集, 表明了其在虾夷扇贝高温响应的重要功能。进一步, 利用 qRT-PCR 技术和双荧光素酶报告基因检测技术对内质网应激相关 ceRNA 网络的关键基因 *PyGRP78*、*PyHSP70* 及其互作 ncRNAs (lncRNAs: TCONS\_00059462; circRNA: circRNA\_03087; miRNAs: miR-279a-3p、miR-new270) 的互作机制进行了验证。结果显示, *PyGRP78*、*PyHSP70* 随着胁迫时间增长呈现先升高后降低的表达趋势, TCONS\_00059462、circRNA\_03087 存在与其一致的表达趋势, 而 miR-279a-3p、miR-new270 与各基因的表达趋势相反; 序列互作预测及双荧光素酶报告基因检测进一步验证了各类型 RNA 间的互作关系。以上结果表明 TCONS\_00059462 可与 miR-279a-3p 结合调控 *PyGRP78* 和 *PyHSP70* 的表达, TCONS\_00059462 可与 circRNA\_03087 竞争性结合 miR-new270 共同调控 *PyGRP78* 和 *PyHSP70* 的表达。本研究证明了 ncRNA 通过 ceRNA 机制调控内质网应激而在虾夷扇贝响应高温胁迫中发挥了关键作用, 为虾夷扇贝高温响应的分子调控机制研究提供了重要线索, 为扇贝耐高温性状分子育种奠定了理论基础。

**关键词:** 虾夷扇贝; 高温胁迫; 非编码 RNA; ceRNA; 内质网应激反应

**\*资助项目:** 国家重点研发计划 (2022YFD240302); 辽宁省科技厅应用基础研究计划 (2025JH2/101330187); 辽宁省教育厅基本科研项目 (LJ212410158060)

**\*\*通讯作者,** 毛俊霞, 副教授, 主要从事贝类分子遗传与育种。E-mail: maojunxia@dlou.edu.cn; 常亚青, 教授, 主要从事水产动物养殖与遗传育种, E-mail: changlab@hotmail.com

## **Molecular regulatory mechanism of non-coding RNA mediating ER stress in response to thermal stress in *Patinopecten yessoensis***

Yunna Hang<sup>1</sup>, Yuming Pang<sup>1</sup>, Yuhan Wang<sup>1</sup>, Xubo Wang<sup>1</sup>, Ying Tian<sup>1</sup>, Jian Song,  
Zhenlin Hao<sup>1</sup>, Jun Ding<sup>1</sup>, Junxia Mao<sup>1\*</sup>, Yaqing Chang<sup>1\*</sup>

*1. Key Laboratory of Mariculture & Stock Enhancement in North China's Sea, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, College of Fisheries and Life Sciences, Dalian Ocean University, Dalian 116023, China.*

**Abstract:** Yesso scallop, *Patinopecten yessoensis*, is an important aquaculture mollusk in the north of China. In recent years, high temperatures in summer have caused large-scale deaths of Yesso scallops, resulting in huge economic losses to the Yesso scallop aquaculture industry. To explore the molecular regulatory mechanism of Yesso scallops in response to thermal stress, this study used whole-transcriptome technology to identify ncRNAs and analyze the changes in their expression profiles in Yesso scallops under thermal stress. Important candidate genes and ncRNAs of Yesso scallops in response to thermal stress were screened, and a ceRNA regulatory network mediated by lncRNA/circRNA was constructed. Functional enrichment analysis of the target genes of the two types of ceRNA regulatory networks found that endoplasmic reticulum (ER) stress-related functions and pathways were the most significantly enriched in both networks, indicating their important functions in the high-temperature response of Yesso scallops. Further, the interaction mechanisms of the key genes *PyGRP78*, *PyHSP70*, and their interacting ncRNAs (lncRNAs: TCONS\_00059462; circRNA: circRNA\_03087; miRNAs: miR-279a-3p, miR-new270) in the ER stress-related ceRNA network were verified using qRT-PCR technology and dual-luciferase reporter gene detection technology. The results showed that the expression of *PyGRP78* and *PyHSP70* first increased and then decreased with the increase of stress time. TCONS\_00059462 and circRNA\_03087 had the same expression trend, while miR-279a-3p and miR-new270 had the opposite expression trend. Sequence interaction prediction and dual-luciferase reporter gene detection further verified the interaction relationships among different types of RNAs. The above results indicated that TCONS\_00059462 can bind to miR-279a-3p to

regulate the expression of *PyGRP78*, *PyHSP70*, and TCONS\_00059462 can competitively bind to miR-new270 with circRNA\_03087 to jointly regulate the expression of *PyGRP78* and *PyHSP70*. This study proves that ncRNAs play a key role in the thermal stress response of Yesso scallops by regulating ER stress through the ceRNA mechanism, providing important clues for the study of the molecular regulatory mechanism of Yesso scallops in response to thermal stress and laying a theoretical foundation for the molecular breeding of heat-resistant traits in scallops.

**Keywords:** Yesso scallop, thermal stress, ncRNA, ceRNA, ER stress response

---

**\*资助项目:** 国家重点研发计划 (2022YFD240302); 辽宁省科技厅应用基础研究计划 (2025JH2/101330187); 辽宁省教育厅基本科研项目 (LJ212410158060)

**\*通讯作者,** 毛俊霞, 副教授, 主要从事贝类分子遗传与育种

E-mail: maojunxia@dlou.edu.cn

常亚青, 教授, 主要从事水产动物养殖与遗传育种

E-mail: changlab@hotmail.com

## 海水鱼盾纤毛虫疫苗研制\*

黎睿君\*\*, 孙清美慧, 吴柄辰, 孟晓宇, 倪鑫鹏, 赵庚彤, 王晓航

大连海洋大学水产与生命学院, 辽宁大连, 116023

**摘要:** 盾纤毛虫对海水鱼——大菱鲆、红鳍东方鲀和大黄鱼等工厂化养殖带来严重危害。目前, 该病防治主要采用药物治疗方式, 然而药物的频繁使用会导致严重耐药反应, 对生态环境、鱼体以及人类自身也会造成重大影响。鱼类疫苗的研究与应用有助于保护生态和食品安全, 具有广阔的应用前景和经济价值。本研究开展了盾纤毛虫疫苗研究工作, 针对辽宁地区海水鱼类盾纤毛虫病流行病原水滴伪康纤虫, 基于鱼粉改良培养基, 建立了盾纤毛虫的纯化培养方法, 构建了水滴伪康纤虫的冷冻复苏方法, 虫株冷冻保藏 12 周仍具有较强活力; 分析比较了连续传代水滴伪康纤虫的毒力变化, 筛选到 163 个与盾纤毛虫毒力变化相关蛋白, 建立了盾纤毛虫毒力复壮方法; 分别制备的水滴伪康纤虫全虫和总膜蛋白疫苗免疫大菱鲆 28 天后, 经过体表擦伤攻毒感染, 大菱鲆在 48 小时的相对减虫率分别达到 71%、74%, 表明该疫苗可有效减少盾纤毛虫在鱼体伤口感染。本研究作为盾纤毛虫病的防控提供了新方案, 同时为海水鱼寄生虫疫苗研制提供了参考。

**关键词:** 海水鱼、盾纤毛虫、寄生虫、疫苗

---

\*资助项目: 国家重点研发项目课题(2023YFC2812102)

\*\*通讯作者, 黎睿君, 副院长, 教授, 主要从事水产动物寄生虫病防控与免疫学研究

E-mail: liruijun@dlou.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<sup>1,2</sup>, 张天宇<sup>1,2</sup>, 王瑞瑶<sup>1,2</sup>

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动, 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

## **Genomic Selection for Low-Salinity Tolerance in the Pacific Oyster (*Crassostrea gigas*): Research Progress and Application Prospects**

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

*1.Dalian Ocean University, Dalian 116023*

**Abstract:** The Pacific oyster (*Crassostrea gigas*) is a major aquaculture shellfish species, but increasing precipitation, freshwater runoff and rapid salinity fluctuations in estuarine farming areas have made low-salinity stress a critical constraint on seed survival, culture stability and site expansion. Recent studies indicate significant family variation and low-to-moderate heritability for low-salinity tolerance in *C. gigas*, suggesting that this trait can be improved by selective breeding. Genome-wide association analyses further support a polygenic genetic architecture and have identified candidate loci and genes associated with oxidative metabolism, transmembrane transport and immune defence. Because low-salinity tolerance is usually measured through challenge tests and survival records, phenotyping is costly, time-consuming and sensitive to developmental stage, environmental conditions and population structure. Genomic selection provides an effective strategy for early and accurate selection by combining genome-wide SNP markers with reference populations carrying reliable low-salinity phenotypes. Genomic estimated breeding values can be predicted using GBLUP, Bayesian models or ssGBLUP, enabling candidate broodstock to be ranked before challenge testing and allowing simultaneous improvement of low-salinity tolerance, growth, survival and reproductive performance. With the availability of oyster genome resources, low-coverage whole-genome sequencing and genotype imputation, future work should focus on constructing cost-efficient marker panels, improving cross-generation and cross-environment prediction, evaluating genotype-by-environment interactions and establishing an integrated breeding pipeline from challenge phenotyping and genotyping to GEBV prediction, optimal mating and strain validation. Genomic selection is expected to accelerate the development of low-salinity-tolerant oyster lines and support sustainable shellfish aquaculture.

**Keywords:** Pacific oyster; *Crassostrea gigas*; low-salinity tolerance; genomic selection; genomic estimated breeding value

# AI 赋能的水产智能育种：许氏平鲈优良性状精准选育技术体系构建\*

林圣凯<sup>1\*\*</sup>

1. 大连海洋大学水产与生命学院，辽宁 大连，116023

**摘要：**许氏平鲈（*Sebastes schlegelii*）是我国北方海水养殖和海洋牧场增殖放流的重要经济鱼类，具有生长性能好、肉质品质优、市场认可度高等特点。然而，当前许氏平鲈良种选育仍面临表型测定效率低、遗传信息利用不足、多性状协同选育难度大以及环境适应性评价体系不完善等问题，限制了其良种化和规模化养殖发展。随着人工智能、生物信息学和高通量组学技术的发展，AI 赋能水产智能育种为许氏平鲈优良性状精准选育提供了新的技术路径。本研究围绕许氏平鲈生长、抗逆、品质和行为适应等重要经济性性状，提出构建“表型精准采集—多组学数据整合—智能算法建模—优良个体筛选—育种决策优化”的智能育种技术体系。首先，利用机器视觉、图像识别和自动化监测技术，对许氏平鲈体长、体重、体型、摄食行为、游泳活性和群体分布等表型信息进行快速、无损和连续采集，提高传统人工测量的效率与准确性。其次，结合基因组、转录组、代谢组及肌肉营养品质等多维数据，筛选与生长速度、环境适应、抗病抗逆和肉质品质相关的关键分子标记和候选基因。进一步引入机器学习、深度学习和基因组选择模型，建立重要经济性性状预测模型，实现对候选亲本和苗种个体的综合评价。AI 赋能的智能育种体系能够突破传统经验育种周期长、选择效率低和性状评价单一的局限，有助于实现许氏平鲈从单一性状选育向多性状协同选育转变，从表型选择向“表型—基因型—环境型”综合选择转变。该体系的建立不仅可为许氏平鲈良种选育、苗种质量提升和海洋牧场增殖放流提供技术支撑，也可为冷温性海水鱼类智能化育种模式构建提供参考。

**关键词：**人工智能；智能育种；许氏平鲈；机器视觉；多组学

---

\*作者，林圣凯（2002-），男，硕士研究生，研究方向：许氏平鲈育种

E-mail: 984795310@qq.com。

## Molecular responses of intestinal non-coding RNAs in the sea urchin *Strongylocentrotus intermedius* under chronic high-temperature stress\*

LIU Jiaqi<sup>1,2,3</sup>, HUANG Jingli<sup>1,2,3</sup>, DENG Yajie<sup>1,2,3</sup>, ZHANG Jiayi<sup>1,2,3</sup>, LIU Kexin<sup>1,2,3</sup>, Han Lingshu<sup>1,2,3</sup>, SUN Junxiao<sup>1,2</sup>, ZHAO Chong<sup>1,2,3</sup>, DING Jun<sup>1,2,3\*\*</sup>

*1 Liaoning Provincial Key Laboratory of Northern Aquatic Germplasm Resources and Genetics and Breeding, Dalian, 116023, Liaoning, China*

*2 Agriculture Department Key Laboratory of Mariculture & Stock Enhancement in North China Sea, Dalian, 116023, Liaoning, China*

*3 Dalian Xinghai Bay Laboratory, Dalian, 116034, China*

**Abstract:** Ocean warming and recurrent marine heatwaves are intensifying thermal stress in cold-water mariculture organisms, including the commercially valuable sea urchin *Strongylocentrotus intermedius*, whose summer survival and intestinal homeostasis are particularly vulnerable to chronic thermal exposure. Non-coding RNAs (ncRNAs) are key post-transcriptional regulators of thermal responses, yet intestinal ncRNA-mediated networks in sea urchins remain unclear. Here, lncRNA, miRNA, and mRNA profiles were systematically analyzed in intestinal tissues of *S. intermedius* exposed to 15 °C (optimal temperature), 20 °C (mild stress), and 25 °C (heat stress) by high-throughput sequencing. LncRNA-miRNA-mRNA regulatory and ceRNA networks were constructed across temperature treatments. High-temperature exposure affected regulatory processes related to energy metabolism, endoplasmic reticulum (ER) homeostasis, protein quality control, and intestinal immunity. Differential expression analysis identified 5 DE miRNAs and 289 DE lncRNAs in heat

---

\*资助项目: 国家自然科学基金(32373109); 辽宁省“兴辽人才计划”项目(XLYC2202001); 辽宁省科技厅重大农业项目(2023JH1/10200007); 辽宁省科技计划联合项目(2024-BSLH-032); 大连星海湾实验室示范性项目(Dljswsf202401)。

\*\*通讯作者, 丁君, 教授, 研究方向为水产动物遗传育种与健康养殖。

E-mail: dingjun1119@dlou.edu.cn

第一作者, 刘佳琪, 硕士研究生, 研究方向为水产养殖。

E-mail: liujiaqidlou@163.com

stress vs optimal temperature, 20 DEmiRNAs and 199 DElncRNAs in heat stress vs mild stress, and 27 DEmiRNAs and 236 DElncRNAs in mild stress vs optimal temperature. At 25 °C, downregulated miR-10174-y targeted *calu* and *cryab*, while miR-182, miR-2008, and miR-143-y may regulate *hsp110*, *cryab*, *pdia4*, and *calu*. Three heat-associated ceRNA axes, MSTRG.7462-miR-10174-y-*calu*, EVM0008332-miR-10174-y-*cryab*, and EVM0010365-miR-183-z-*ahsa1*, were linked to ER stress and protein folding. At 20 °C, miR-8-y and EVM0000376-miR-8-y-mRNA axes involving *CYC*, *slc36a4*, *PSMA4*, *PSMC4*, and *ATG7* may modulate energy metabolism and protein homeostasis. This study provides new insights into the post-transcriptional regulatory mechanisms underlying thermal resilience in *S. intermedius* and contribute to a broader understanding of cold-water echinoderm responses to ocean warming.

**Keywords:** *Strongylocentrotus intermedius*; intestinal tissue; long-term high-temperature stress; non-coding RNA

## 中间球海胆肠道非编码 RNA 在长期高温胁迫下的分子响应\*

刘佳琪<sup>1,2,3</sup>, 黄景莉<sup>1,2,3</sup>, 邓雅杰<sup>1,2,3</sup>, 张嘉益<sup>1,2,3</sup>, 刘可欣<sup>1,2,3</sup>, 韩泠姝<sup>1,2,3</sup>, 孙俊霄<sup>1,2</sup>, 赵冲<sup>1,2,3</sup>, 丁君<sup>1,2,3\*\*</sup>

1 农业农村部北方海水增养殖重点实验室, 大连海洋大学, 辽宁大连 116023

2 辽宁省北方水产种质资源与遗传育种重点实验室, 大连海洋大学, 辽宁大连 116023

3 大连星海湾实验室, 辽宁大连 116034

**摘要:** 海洋变暖与持续性海洋热浪加剧了冷水养殖生物的热应激损伤, 其中具有重要经济价值的中间球海胆 (*Strongylocentrotus intermedius*) 为典型代表, 其夏季存活率与肠道内环境稳态对长期热应激尤为敏感。非编码 RNA 是生物热响应过程中关键的转录后调控因子, 但目前海胆肠道中非编码 RNA 介导的调控网络机制尚不明确。本研究通过高通量测序技术, 系统分析了最适温度 15 °C (对照组)、轻度热胁迫 20 °C、重度热胁迫 25 °C 条件下中间球海胆肠道组织的长链非编码 RNA (lncRNA)、微小 RNA (miRNA) 及信使 RNA (mRNA) 表达谱, 构建了不同温度处理组的 lncRNA-miRNA-mRNA 调控网络与内源竞争 RNA (ceRNA) 调控网络。结果显示, 高温胁迫显著影响了与能量代谢、内质网稳态维持及肠道免疫功能相关的分子调控过程。差异表达分析结果显示: 重度热胁迫组与对照组相比, 筛选得到 5 个差异表达 miRNA (DEmiRNA)、289 个差异表达 lncRNA (DElncRNA); 重度热胁迫组与轻度热胁迫组相比, 筛选得到 20 个差异表达 miRNA、199 个差异表达 lncRNA; 轻度热胁迫组与对照组相比, 筛选得到 27 个差异表达 miRNA、236 个差异表达 lncRNA。在 25 °C 高温胁迫条件下, 下调表达的 miR-10174-y 可靶向调控 *calu* 与 *cryab* 基因, miR-182、miR-2008 及 miR-143-y 可对 *hsp110*, *cryab*, *pdia4* 和 *calu* 基因发挥调控作用。本研究筛选出三组热胁迫相关 ceRNA 调控通路, 分别为 MSTRG.7462-miR-10174-y-*calu*、

**\*资助项目:** 国家自然科学基金 (32373109); 辽宁省“兴辽人才计划”项目 (XLYC2202001); 辽宁省科技厅重大农业项目 (2023JH1/10200007); 辽宁省科技计划联合项目 (2024-BSLH-032); 大连星海湾实验室示范性项目 (DLjswsf202401)

**\*\*通讯作者,** 丁君, 教授, 研究方向为水产动物遗传育种与健康养殖

E-mail: dingjun1119@dlou.edu.cn

第一作者, 刘佳琪, 硕士研究生, 研究方向为水产养殖

E-mail: liujiaqidlou@163.com

EVM0008332-miR-10174-y-*cryab* 及 EVM0010365-miR-183-z-*ahs1*, 上述通路均与内质网应激及蛋白质折叠过程密切相关。在 20 °C 轻度热胁迫条件下, miR-8-y 及 EVM0000376-miR-8-y-mRNA 调控通路可通过调控 *CYC*, *slc36a4*, *PSMA4*, *PSMC4*, 和 *ATG7* 基因, 参与调节机体能量代谢与蛋白质稳态过程。本研究阐明了中间球海胆热适应性的转录后调控分子机制, 为揭示冷水棘皮动物对海洋升温的响应机制提供新的理论依据。

**关键词:** 中间球海胆; 肠组织; 长期高温胁迫; 非编码 RNA

## 鱼类智能育种体系的构建及其研究进展

刘奇<sup>1</sup>, 闫红伟<sup>1</sup>, 沈旭芳<sup>2</sup>, 周鸣川<sup>3</sup>, 麻志宏<sup>3</sup>, 刘鹰<sup>3\*</sup>

1. 大连海洋大学, 辽宁大连 116023;

2. 宁波大学, 浙江宁波 315832;

3. 浙江大学, 浙江杭州 310058;

**摘要:** 水产养殖业是保障食品安全、提供优质动物蛋白的重要产业,我国鱼类养殖产量长期位居世界首位。良种选育是推动水产养殖高质量发展的核心动力。近年来,随着人工智能、物联网、高通量组学等技术的快速迭代,传统鱼类育种长期依赖经验判断、表型测量效率低、选育周期长、性状改良精准度不足的痛点逐步得到破解,智能技术与水产育种的深度融合成为行业突破种业瓶颈的核心方向。不同于作物、畜牧领域相对成熟的智能育种落地路径,鱼类育种长期受水下环境复杂、个体数量大、性状难观测、养殖环境异质性强等特殊条件制约,智能育种体系的构建需要突破更多专属技术难关。本文总结了作物和畜牧等领域的智能育种体系的构建经验,结合团队前期在鱼类多维表型研究、基因编辑智能化平台建设等方面取得的一系列研究成果,提出搭建适配鱼类养殖场景的专属智能育种框架。

**关键词:** 鱼类; 智能育种体系; 构建; 研究进展

---

**资助项目:** 国家自然科学基金 (62576312); 海南省种业实验室科技计划项目 (B24H10035).

\*通讯作者, 刘鹰, 教授, 主要从事设施水产养殖环境工程与智能装备研究

E-mail: 13953208976@163.com/liuyingzju@zju.edu.cn

## 大黄鱼抗内脏白点病性状的 GWAS 定位与肝脏时序转录组整合解析

刘伟泉<sup>1,2</sup>, 王瑞<sup>1,2</sup>, 叶挺<sup>2</sup>, 朱家杰<sup>2</sup>, 刘四芳<sup>2</sup>, 楼宝<sup>2\*</sup>, 刘峰<sup>2\*</sup>

1. 大连海洋大学海洋科技与环境学院, 辽宁大连 116023

2. 浙江省农业科学院水生生物研究所/全省近岸生物种质资源保护与利用重点实验室, 浙江杭州 310021

**摘要:** 大黄鱼是我国重要的海水养殖鱼类, 内脏白点病的频繁爆发是制约其产业可持续发展的主要疾病之一。为系统解析大黄鱼抗内脏白点病的遗传基础及感染特征, 本研究整合全基因组关联分析 (GWAS) 与感染后时序肝脏转录组数据, 旨在定位抗病相关位点并筛选关键候选基因。以 2701 尾人工感染个体的存活时间及存活状态为表型, 基于团队研发的 40K SNP 芯片进行基因分型获得 36913 个高质量 SNP, 分别采用 GLM、LMM 和 FarmCPU 三种模型进行关联分析, 并引入主成分 (PC1-PC3)、养殖桶效应及亲缘关系矩阵以校正群体结构及家系关系。时序转录组方面, 以感染后 0、24、48、72、96 和 120 h 的肝脏组织为材料进行转录组测序, 综合应用差异表达基因鉴定、maSigPro 时序分析、Mfuzz 聚类及 WGCNA 共表达网络分析等方法, 解析感染动态响应特征。结果显示, GWAS 共检出 347 个显著 SNP, 经去冗余合并及多模型严格筛选后确定 15 个高可信抗病相关位点, 在 lead SNP  $\pm 100$  kb 区域注释到 141 个候选基因。时序转录组分析获得 16902 个有效表达基因; DESeq2 LRT、pairwise DEG 和 maSigPro 分别鉴定到 12506、9911 和 2265 个感染响应基因; Mfuzz 聚类获得 6 种典型时序表达模式, WGCNA 进一步识别 turquoise、blue 和 brown 三个核心共表达模块。多证据整合分析发现, 141 个候选基因中分别有 61、45 和 11 个获得 LRT、pairwise DEG 和 maSigPro 的时序表达证据支持; 进一步整合 GWAS 与上述多类时序证据, 最终筛选出 *ITIH2* (*Lcro20G01660*)、*KANK3* (*Lcro09G02870*) 和 *PSMA5* (*Lcro03G10290*) 等 11 个核心候选基。综上, 本研究构建了大黄鱼抗内脏白点病候选基因的多证据筛选框架, 为抗病遗传机制解析和分子育种提供了重要参考。

**关键词:** 大黄鱼; 内脏白点病; GWAS; RNA-seq; WGCNA; 候选基因

**资助项目:** 浙江省水产新品种选育重大科技专项课题 (No.2021C02069-1)

\*通讯作者, 刘峰, 副研究员, 主要从事水产动物遗传育种与健康养殖

E-mail: lengfeng0210@126.com

## 水产生物种质资源评价与保护研究进展\*

马琳琳<sup>1\*\*</sup>

1. 大连海洋大学水产与生命学院, 辽宁大连 116023

**摘要:** 水产生物种质资源是保障水产养殖业可持续发展和生物多样性保护的重要基础。随着水产养殖规模不断扩大, 部分水生生物种质资源面临遗传多样性下降、资源退化等问题, 加强种质资源评价与保护已成为水产种业发展的重要内容。本文围绕水产生物种质资源评价与保护展开论述, 介绍了种质资源的概念及其在水产养殖中的重要作用, 分析了当前我国水产生物种质资源保护面临的主要问题, 并总结了资源调查、种质保存、原位保护和异位保护等主要保护措施。同时, 对未来水产生物种质资源保护的发展方向进行了展望, 提出应进一步完善资源调查体系, 加强种质资源库建设, 推动资源保护与开发利用协调发展, 为水产养殖业高质量发展和生态环境保护提供坚实保障。

**关键词:** 水产生物; 种质资源; 资源评价; 资源保护; 可持续发展

---

**\*资助项目:**

**\*\*通讯作者:** 马琳琳(2003—), 女, 硕士研究生, 研究方向: 生态环境保护 手机: 18174602468

E-mail: 1982434946@qq.com

## Chromosome-level genome assembly of the sea urchin *Glyptocidaris crenularis*\*

SUN Junxiao<sup>1, 2, 3</sup>, HAN Lingshu<sup>1, 2, 3</sup>, ZHAO Chong<sup>1, 2, 3</sup>, LIU Yang<sup>1, 2, 3</sup>,  
CHANG Yaqing<sup>1, 2, 3</sup>, DING Jun<sup>1, 2, 3\*\*</sup>

1. Key Laboratory of Mariculture & Stock Enhancement in North China's Sea, Ministry of  
Agriculture and Rural Affairs, Dalian Ocean University, Dalian 116023

2. Key Laboratory of Northern Aquatic Germplasm Resources and Genetic Breeding in Liaoning  
Province, Dalian Ocean University, Dalian 116023

3. Liaoning Province Aquatic Germplasm Resources Protection and Utilization Engineering  
Research Center, Dalian Ocean University, Dalian 116023

**Abstract:** The sea urchin *Glyptocidaris crenularis*, is the only species of genus *Glyptocidaris* (family Phymosomatidae), distributed in the northern Yellow Sea of China and in parts of the Sea of Japan. As a major edible sea urchin species, it attracts significant research attention due to the nutritional and economic values. In this study, the genome of *G. crenularis* was constructed by using Illumina short read, Pacbio length read and Hi-C sequencing technology. The genome consists of 22 chromosomes, which is different from sea urchins within the family Strongylocentrotidae (*Strongylocentrotus intermedius*, *Hemicentrotus pulcherrimus*, and *Mesocentrotus franciscanus*) and the family Echinometridae (*Anthocidaris crassispina*) all possess 21 chromosomes number. The sequence length is 772.09 Mb, and Scaffold N50 length is 33.67 Mb. A total of 18965 genes were annotated, 94.72% of which were functionally annotated. The genome provides valuable genomic resources for the genetic analysis of important economic traits of *G. crenularis* and the evolution analysis of sea urchin species.

**Keywords:** *Glyptocidaris crenularis*; genome survey; Hi-C; genome assembly; chromosome-level genome;

---

\*资助项目: 国家自然科学基金(项目编号: 32373109); 辽宁省科学技术厅重大农业项目(项目编号: 2023JH1/10200007); 辽宁省“兴辽人才计划”项目(项目编号: XLYC2202001); 国家重点研发计划(项目编号: 2018YFD0901600)。

\*\*通讯作者, 丁君, 教授, 研究方向为水产动物遗传育种, E-mail: dingjun1119@dlou.edu.cn, 第一作者, 孙俊霄, 讲师, 研究方向为水产动物遗传育种, E-mail: sunjunxiao@dlou.edu.cn

## 饥饿胁迫对中间球海胆生长发育及糖脂代谢影响\*

王姮, 李浩文, 李菲, 丁君, 常亚青\*\*

大连海洋大学农业农村部北方海水增养殖重点实验室, 辽宁大连 116021

**摘要:** 气候变化和海底荒漠化会导致水产动物面临食物匮乏以及饥饿胁迫, 我国北方地区重要的养殖经济物种中间球海胆也会面临相同的饥饿胁迫影响。研究证明饥饿对棘皮动物海胆生长、性腺发育有延迟作用, 但对其性腺发育过程中糖脂代谢及分子机制的研究却鲜有报道。因此本研究以中间球海胆(*Strongylocentrotus intermedius*)为研究对象, 探究饥饿胁迫对其生长性状、性腺发育及糖脂代谢的影响。结果表明, 中间球海胆在经过 60 天的饥饿后, 性腺重量与性腺指数 GSI 显著降低, 延缓性腺发育进程, 且卵巢对饥饿胁迫更为敏感。中间球海胆性腺中共检测出 9 种单糖和 28 种脂肪酸, 其中单糖中含量较高的是葡萄糖和甘露糖, 饥饿胁迫会显著降低其葡萄糖, 而鼠李糖与核糖含量会显著增加; 脂肪酸中含量较高的是豆蔻酸(C14:0)、EPA 和芥酸甲酯(C22:1n9), 饥饿胁迫后二十碳烯酸含量显著增加, 十四碳烯酸(C14:1)和棕榈油酸(C16:1)含量显著降低。转录组分析显示, 饥饿后卵巢差异基因数量与表达量显著高于精巢, 卵巢主要为糖酵解、脂肪酸代谢等相关基因显著上调, 而精巢主要为细胞结构等相关基因显著下调。本研究为解析棘皮动物海胆的糖脂代谢及其分子调控机制提供理论基础, 有助于揭示水产动物适应饥饿或营养不足胁迫的生理生态学对策, 为海胆养殖实践提供理论指导。

**关键词:** 中间球海胆; 饥饿胁迫; 糖脂代谢; 转录组测序

---

\*资助项目: 国家自然科学基金青年科学基金项目(32002414); 辽宁省科学技术厅面上项目(2025-MS-178)

\*\*通讯作者, 常亚青, 教授, 主要从事水产养殖

E-mail: yqchang@dlou.edu.cn

# Integrated transcriptomic and proteomic analyses of reproductive capacity disparities in the whelk *Neptunea cumingii*\*

Peiyang Wang<sup>1</sup>, Wenjing Cai<sup>1</sup>, Ming Li<sup>2</sup>, Ying Tian<sup>1</sup>, Xubo Wang<sup>1</sup>, Junxia Mao<sup>1</sup>,  
Jing Zhao<sup>3\*\*</sup>, Zhenlin Hao<sup>1\*\*</sup>

1. Dalian Ocean University, College of Fisheries and Life Sciences, Huanghai Campus, Shahekou  
District, Dalian City 116000, China

2. Zhangzidao Group Co. Ltd, Dalian 116001, China

3. Modern Agriculture Service Center, Dalian 116001, China.

**Abstract:** Objective: To investigate the molecular regulatory mechanisms underlying reproductive capacity differences in the whelk *Neptunea cumingii* using integrated transcriptomic and proteomic approaches. Design: Comparative RNA-seq transcriptomics and TMT-based quantitative proteomics analysis of gonadal tissues from individuals with contrasting reproductive outputs. Subjects: Wild *N. cumingii* adults (n = 400) collected from Changhai, Liaoning Province, China, classified into high-fecundity (Group G) and low-fecundity (Group D) groups based on spawning metrics during the reproductive season. Main Outcome Measures: Differentially expressed genes (DEGs) and differentially expressed proteins (DEPs), functional pathway enrichment, phenotypic trait correlations with fecundity, and multi-omics integration of regulatory networks. Results: A total of 87 DEGs (58 upregulated, 29 downregulated) and 282 DEPs were identified between the two groups. Wet weight and shell height were identified as effective phenotypic indicators for fecundity ( $r = 0.68$  and  $r = 0.59$ , respectively). Functional enrichment analysis revealed that the FoxO, Wnt, and TGF-beta pathways were the key signaling axes modulating cell proliferation, differentiation, and antioxidative stress responses. Multi-omics

---

\*资助项目: 辽宁省科技重大专项(2025JH1/11700001)and(2024JH1/11700010); This study was supported by the Joint Research Project of Liaoning Provincial Science and Technology Program (2024JH2/102600076); 辽宁省“兴辽英才计划”科技创新团队项目; 辽宁省长海县海螺科技特派团。

\*\*通讯作者, 郝振林, 大连海洋大学; 赵静, 现代农业服务中心

E-mail: [haozhenlin@dlou.edu.cn](mailto:haozhenlin@dlou.edu.cn)

E-mail: 663184@qq.com

integration identified a core regulatory network comprising six key molecules (MIB1, GCLC, EZH2, AKT, beta-Catenin, and SMAD3) that synergistically regulated reproductive capacity through a ubiquitination-antioxidative stress-epigenetics mechanism. Conclusions: The integrated proteotranscriptomic analysis revealed that the FoxO, Wnt, and TGF-beta signaling pathways form the core regulatory network governing reproductive capacity in *N. cumingii*. The identified molecular hubs provide candidate biomarkers for molecular-assisted selective breeding strategies to enhance seed supply in this commercially important gastropod species.

**Keywords:** *Neptunea cumingii*; Reproductive capacity; Transcriptomics; Proteomics; Molecular mechanisms

## 模型与标记密度对大黄鱼抗内脏白点病性状基因组预测准确性的影响

王瑞<sup>1,2</sup>, 刘伟泉<sup>1,2</sup>, 叶挺<sup>2</sup>, 朱家杰<sup>2</sup>, 刘四芳<sup>2</sup>, 楼宝<sup>2\*</sup>, 刘峰<sup>2\*</sup>

1. 大连海洋大学海洋科技与环境学院, 辽宁大连 116023

2. 浙江省农业科学院水生生物研究所/全省近岸生物种质资源保护与利用重点实验室, 浙江杭州 310021

**摘要:** 大黄鱼是我国重要的海水经济鱼类, 变形假单胞菌引起的内脏白点病是其养殖业面临的主要疫病之一, 常造成重大经济损失。为系统评估大黄鱼抗内脏白点病性状的遗传改良潜力, 本研究以 2872 尾经人工感染个体的存活时间为目标性状, 基于自主开发的 40K 育种芯片对样本进行基因分型, 经质控后获得 40,366 个高质量 SNP 标记, 在此基础上全面比较了 GBLUP、BayesA、BayesB、BayesC、BayesLasso、LightGBM、RKHS、XGBoost 和随机森林 (RF) 共 9 种分析模型的预测性能, 并进一步探究了不同 SNP 标记密度及低密度 SNP 挑选策略 (等间距挑选、随机挑选和基于 GWAS 的 P 值挑选) 对基因组预测准确性的影响, 旨在为该性状精准育种方案的设计提供理论依据。结果表明: (1) 不同标记密度下, GBLUP 估计的抗病性状遗传力介于 0.07-0.27 之间, 表明标记密度对方差组分估计具有显著影响; (2) 在等间距、随机和基于 GWAS 的 P 值三种 SNP 挑选策略下, 预测准确性分别在 6k、8k 和 1k SNP 标记数量时达到峰值, 其中, 基于 GWAS 的 P 值挑选策略在各标记密度水平下的预测准确性均显著高于另两种策略 ( $P < 0.05$ ); (3) 通过整合 GBLUP 与 Bayes 系列方法所得 SNP 效应值, 并与基于 GWAS 的 P 值策略筛选的 1k SNP 子集取交集, 共鉴定到 85 个与抗病性相关的重叠 SNP 位点, 上下游 50 kb 区域注释获得 314 个候选基因, KEGG 富集分析显示这些基因显著富集于破骨细胞分化、吞噬体及胰岛素抵抗等 9 条信号通路, 从功能层面为基于 GWAS 的 SNP 挑选策略获得更高预测准确性提供了遗传学解释。综上, 本研究系统揭示了分析模型及标记密度对大黄鱼抗病性状基因组预测准确性的影响, 证实了基于 GWAS 的 SNP 挑选策略的可行性与有效性, 研究结果可为水产动物抗病分子育种方案的优化提供参考。

**关键词:** 大黄鱼; 抗内脏白点病; 基因组选择育种; SNP 标记; 分析模型

**资助项目:** 浙江省水产新品种选育重大科技专项课题 (No.2021C02069-1)

\*通讯作者, 刘峰, 副研究员, 主要从事水产动物遗传育种与健康养殖

E-mail: lengfeng0210@126.com

## 基于生态系统服务与最优产出策略的海洋牧场效益评估

吴闯闯<sup>1</sup>

1. 大连海洋大学水产与生命学院, 辽宁 大连, 116023

**摘要:** 海洋牧场作为“蓝色粮仓”战略的核心载体, 兼具生态保育、渔业供给与社会服务多重功能, 但其综合效益评估长期偏重经济产出, 忽视了生态与社会维度的非市场价值, 且缺乏动态最优管理策略。本研究以联合国《千年生态系统评估》(MA) 框架为基础, 构建涵盖供给服务(渔业产出)、调节与支持服务(碳汇、水质净化、生物多样性维持)及文化服务(休闲旅游、科研教育、社区就业)的“生态-经济-社会”三维综合评价体系, 突破单一经济核算局限。在此基础上, 引入渔业资源管理中的 Schaefer 与 Fox 剩余产量模型, 利用天津大神堂、河北祥云湾和山东莱州湾三处典型海洋牧场的渔业时间序列数据(产值、努力量及生物量密度), 同步估算最大经济产量(MEY)及其对应的最优捕捞努力量, 为区域差异化管理提供双模型验证基础。目前, 三维评估框架已完成指标设计与基础数据获取(完成度 90%); 双模型参数拟合与 MEY 测算正有序推进(完成度 40%), 并针对种间交互影响及成本数据缺失问题, 提出了分组建模与实地访谈相结合的应对方案。预期成果将进一步耦合生态服务价值与 MEY 配额调控、承载力红线预警及三产融合策略, 形成“底线约束—市场调节—产业引导”的政策闭环。本研究的创新点在于将非市场生态价值量化纳入最优产出决策, 实现了生态经济学与渔业管理模型的有机融合, 为海洋牧场可持续运营提供可落地的评估工具与管理范式。

**关键词:** 海洋牧场; 生态系统服务; 最大经济产量(MEY); 剩余产量模型; 综合效益评估

## **Assessment of Marine Ranching Benefits Based on Ecosystem Services and Optimal Output Strategy**

Wu Chuangchuang<sup>1\*\*</sup>

*1. College of Fisheries and Life Science, Dalian Ocean University, Dalian 116023, Liaoning, China*

**Abstract :** Marine ranching delivers fishery, ecological, and social benefits, yet conventional assessments neglect non-market values and optimal management. Based on the UN Millennium Ecosystem Assessment framework, we build a three-dimensional evaluation system covering provisioning, regulating/supporting, and cultural services. Using Schaefer and Fox surplus production models with time-series data from three Chinese ranching sites, we estimate Maximum Economic Yield (MEY) and optimal fishing effort. Framework design is 90% complete; MEY modeling is 40% in progress, with solutions for interspecific interactions and cost data gaps via field interviews. Outcomes will couple ecosystem service values with MEY quotas, carrying capacity red-lines, and industrial integration, forming a “constraints-market-guidance” policy loop. This innovation integrates ecological economics into fishery management, offering a practical sustainability tool.

**Keywords:** marine ranching; ecosystem services; Maximum Economic Yield (MEY); surplus production model; comprehensive benefit assessment

## Gut Microbiota-Host Co-metabolism Reveals the Growth-Promoting Mechanisms of *Lactobacillus plantarum* in Sea Cucumber (*Apostichopus japonicus*)\*

XU Jing<sup>1</sup>, Ji Shengnan<sup>1</sup>, Cai Zhenyu<sup>1</sup>, Chang Yaqing<sup>1</sup>, WANG Luo<sup>1\*\*</sup>

*1. Key Laboratory of Northern Aquatic Germplasm Resources and Genetic Breeding in Liaoning Province, Dalian Ocean University, Dalian 116023*

**Abstract:** *Lactobacillus plantarum* has the potential to improve intestinal microbial homeostasis, enhance immune function, and regulate host metabolism. To investigate the growth-promoting mechanisms, 450 sea cucumber (*Apostichopus japonicus*) were fed a basal diet as the control group (C) or diets supplemented with 1.50% (T1), 2.00% (T2), 2.50% (T3), or 3.00% (T4) *L. plantarum* for 60 days. The results showed that the weight gain rate and specific growth rate were significantly increased in all supplementation groups compared with the control group ( $P < 0.05$ ). The optimal growth-promoting effect was observed in the T2 group, with a weight gain rate of  $108.55 \pm 0.42\%$  and a specific growth rate of  $1.22 \pm 0.09\% \text{ d}^{-1}$ . In addition, *L. plantarum* supplementation enhanced nonspecific immune enzyme activities in the coelomic fluid, increased intestinal digestive enzyme activities, and improved intestinal villus morphology. High-throughput sequencing revealed that *L. plantarum* increased the richness and diversity of the gut microbiota, reduced the relative abundance of potential pathogens such as *Vibrio*, and enriched potentially beneficial genera, including *Ralstonia*, *Bacillus*, *Lactobacillus*, and *Lutibacter*. Metabolomic analysis detected 1,026 metabolites and identified 303 differential metabolites, which were mainly enriched in purine metabolism,  $\beta$ -alanine metabolism, alanine, aspartate and glutamate metabolism, and protein digestion and absorption. Correlation analysis showed that *Ralstonia* was significantly associated with  $\beta$ -alanine and citric acid, whereas *Lutibacter* was significantly and positively correlated with betaine aldehyde and betaine. Collectively, *L. plantarum* may promote the growth of *A. japonicus* by

---

\*资助项目: 辽宁省“兴辽英才计划”项目(XLYC2403015); 辽宁省科技计划联合计划项目(2024JH2/102600081)

\*\*通讯作者, 王苹, 教授, 主要从事水产养殖微生态研究

E-mail: wangluo@dlou.edu.cn

reshaping the gut microbiota, enhancing digestive, absorptive, and nonspecific immune functions, and regulating key metabolic pathways, thereby establishing a coordinated “microbiota-functional enzymes-metabolites-growth performance” regulatory network.

**Keywords:** sea cucumber (*Apostichopus japonicus*); *Lactobacillus plantarum*; growth; gut microbiota; host metabolism

## 不同游泳训练强度对虹鳟幼鱼海水适应生理响应的影响及其在苗种高质量培育中的应用潜力\*

杨贺翔<sup>1\*\*</sup>

1. 大连海洋大学水产与生命学院, 辽宁 大连, 116023

**摘要:** 虹鳟 (*Oncorhynchus mykiss*) 是我国冷水鱼养殖的重要经济种类, 优质苗种培育和淡海水接力养殖适应能力提升是推动冷水鱼种业高质量发展的关键环节。游泳训练作为一种非药物、生态化的养殖调控方式, 可通过改善鱼体运动能力和生理调节状态, 提高苗种环境适应潜力。本研究以虹鳟幼鱼为对象, 设置静水组、 $0.5 \text{ BL} \cdot \text{s}^{-1}$ 、 $1 \text{ BL} \cdot \text{s}^{-1}$ 和  $2 \text{ BL} \cdot \text{s}^{-1}$ 不同游泳训练强度, 比较淡水训练阶段及 3 d 海水驯化后虹鳟幼鱼生长体况、IGF 水平、鳃/肠  $\text{Na}^+/\text{K}^+-\text{ATPase}$  活性及血清  $\text{Na}^+$ 、 $\text{Cl}^-$ 浓度变化, 探讨游泳训练对虹鳟幼鱼海水适应能力的调控作用。结果显示, 不同游泳训练强度对虹鳟幼鱼生长体况影响有限。淡水阶段及海水驯化后, 各处理组体长、体重和肥满度均未表现出显著差异。淡水条件下, 各处理组 IGF 水平无显著差异; 经 3 d 海水驯化后,  $2 \text{ BL} \cdot \text{s}^{-1}$ 组 IGF 水平显著高于静水组, 表明较高强度游泳训练可能影响海水驯化后的生长相关内分泌响应。在渗透压调节指标方面, 淡水阶段各处理组鳃 NKA 活性存在显著差异, 其中静水组显著高于  $2 \text{ BL} \cdot \text{s}^{-1}$ 组; 海水驯化后,  $1 \text{ BL} \cdot \text{s}^{-1}$ 组鳃 NKA 活性显著高于静水组。相比之下, 淡水阶段和海水驯化后各处理组肠道 NKA 活性均无显著差异。海水驯化后, 血清  $\text{Na}^+$ 和  $\text{Cl}^-$ 浓度均表现出显著组间差异, 其中  $1 \text{ BL} \cdot \text{s}^{-1}$ 组  $\text{Na}^+$ 浓度显著低于静水组,  $2 \text{ BL} \cdot \text{s}^{-1}$ 组  $\text{Cl}^-$ 浓度显著高于  $0.5$  和  $1 \text{ BL} \cdot \text{s}^{-1}$ 组。综合来看, 短期不同强度游泳训练未显著改变虹鳟幼鱼生长体况, 但可影响海水驯化后的鳃部离子转运活性、血清离子稳态及 IGF 水平。其中,  $1 \text{ BL} \cdot \text{s}^{-1}$ 训练组在海水驯化后表现出较高的鳃 NKA 活性和较低的血清  $\text{Na}^+$ 水平, 提示适宜强度游泳训练可能有助于增强虹鳟幼鱼海水适应过程中的离子调节能力。研究结果可为虹鳟优质苗种培育、淡海水接力养殖前期驯化及冷水鱼种业高质量发展提供生理学依据和技术参考。

**关键词:** 虹鳟; 游泳训练;  $\text{Na}^+/\text{K}^+-\text{ATPase}$ ; 离子稳态; 苗种培育

\*\*通讯作者, 杨贺翔 (2002-), 男, 硕士研究生, 研究方向: 鱼类行为学

E-mail: 1322903496@qq.com

## Study on Physiological Responses and Transcriptional Regulation of *Strongylocentrotus intermedius* Under Salinity Stress\*

YU Jinge<sup>1,2</sup>, YE Qi<sup>1,2</sup>, DENG Yajie<sup>1,2</sup>, WAN Jidong<sup>1,2</sup>, ZHANG Haoyang<sup>1,2</sup>, HUANG Ying<sup>1,2</sup>, LI Shufeng<sup>1,2</sup>, HAN Lingshu<sup>1,2,3</sup>, SUN Junxiao<sup>1,2</sup>, ZHAO Chong<sup>1,2,3</sup>, DING Jun<sup>1,2,3\*\*</sup>

*1.Key Laboratory of Mariculture & Stock Enhancement in North China's Sea, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Dalian Ocean University, Dalian, Liaoning 116023, PR China*

*2.Liaoning Provincial Key Laboratory of Northern Aquatic Germplasm Resources and Genetics and Breeding, Dalian Ocean University, Dalian, Liaoning 116023, PR China*

*3.Dalian Xinghai Bay Laboratory, Dalian, 116034, PR China*

**Abstract:** Salinity critically affects the survival and physiological homeostasis of marine echinoderms. This study investigated salinity stress responses in large and small *Strongylocentrotus intermedius* through 72 h acute and 28 d long-term salinity exposure, integrating physiological, biochemical and whole-transcriptome analyses to reveal their adaptive and molecular regulatory mechanisms.

Extreme salinity reduced sea urchin survival and righting capacity, with small individuals exhibiting higher tolerance and longer LT<sub>50</sub>. Under long-term stress, coelomic fluid ions (Na<sup>+</sup>, K<sup>+</sup>, Mg<sup>2+</sup>, Cl<sup>-</sup>) fluctuated initially then recovered. Elevated intestinal Na<sup>+</sup>/K<sup>+</sup>-ATPase, alanine aminotransferase and glutamine synthetase activities indicated enhanced amino acid metabolism, which provided energy and osmoprotectants for osmoregulation.

Transcriptome data revealed more drastic transcriptional changes under low salinity than high salinity, and small individuals possessed more complex regulatory networks.

---

\*资助项目: 辽宁省科学技术厅重大农业项目 (2023JH1/10200007); 辽宁省自然科学基金 (2024-BSLH-030); 辽宁省“兴辽人才计划”项目 (XLYC2202001); 大连星海湾实验室科技基金 (Dljswsf202401)。第一作者, 于金戈, 硕士研究生, 研究方向为水产养殖, E-mail: yujinge0209@163.com

\*\*通讯作者, 丁君, 教授, 主要从事水产动物遗传与育种研究  
E-mail: dingjun1119@dlou.edu.cn

Differentially expressed genes were enriched in metabolism, *cAMP* and calcium signaling pathways. Upregulated *CLCA1* and *SLC38A2* maintained ionic and osmotic balance. The identified circRNA-miRNA-mRNA ceRNA network modulates Ang1, *SCNN1B* and *CPT1* to control water exchange, Na<sup>+</sup> homeostasis and fatty acid oxidation for energy supply.

Persistent excessive salinity disrupts these adaptive mechanisms, causing irreversible physiological damage. This study elucidates the physiological and multi-omic regulatory mechanisms of *S. intermedius* salinity tolerance, providing key theoretical support for sea urchin aquaculture water quality management and stress-resistant germplasm screening.

**Keywords:** *Strongylocentrotus intermedius*; salinity stress; transcriptomics; ceRNA network; osmoregulation

## 盐度胁迫下中间球海胆生理响应与转录调控研究\*

于金戈<sup>1,2</sup>, 叶琪<sup>1,2</sup>, 邓雅杰<sup>1,2</sup>, 万济东<sup>1,2</sup>, 张昊阳<sup>1,2</sup>, 黄荣<sup>1,2</sup>, 李树枫<sup>1,2</sup>, 韩  
泠姝<sup>1,2,3</sup>, 孙俊霄<sup>1,2</sup>, 丁君<sup>1,2,3\*\*</sup>

1.大连海洋大学水产与生命学院, 农业农村部北方海水增养殖重点实验室, 辽宁大连 116023;

2.辽宁省北方水产种质资源与遗传育种重点实验室, 辽宁大连 116023;

3.大连星海湾实验室, 辽宁大连 116034;

**摘要:** 盐度是影响海洋棘皮动物存活与生理稳态的关键环境因子。本研究以大小规格不同的中间球海胆为研究对象, 通过 72 小时急性盐度胁迫与 28 天长期盐度胁迫实验, 结合生理生化检测和全转录组测序分析, 探究其应对盐度胁迫的生理适应及分子调控机制。极端盐度环境会降低海胆的存活率与翻正能力, 小规格个体具备更长的半数致死时间与更强的抗逆恢复能力。长期胁迫下, 海胆体腔液中的  $\text{Na}^+$ 、 $\text{K}^+$ 、 $\text{Mg}^{2+}$ 、 $\text{Cl}^-$  呈现先紊乱波动、后恢复稳定的动态变化。肠道钠钾 ATP 酶、谷丙转氨酶、谷氨酰胺合成酶活性显著升高, 表明机体氨基酸代谢增强, 为渗透调节提供了充足的能量与渗透保护物质。转录组分析结果显示, 低盐胁迫引发的转录组重编程幅度远高于高盐胁迫, 且小规格海胆的应答调控网络更为复杂。差异表达基因主要富集于代谢过程、环磷酸腺苷及钙离子信号通路。*CLCA1* 与 *SLC38A2* 基因上调表达, 维持机体离子与渗透稳态。研究构建的 circRNA-miRNA-mRNA, ceRNA 调控网络, 可靶向调控 *Ang1*、*SCNN1B*、*CPT1* 等关键基因, 协同调控机体水分交换、抑制钠离子过量内流, 并促进脂肪酸氧化供能。当盐度胁迫持续超出机体耐受阈值时, 上述适应机制将失衡失代偿, 最终造成不可逆的生理损伤。本研究系统阐明了中间球海胆耐受盐度胁迫的生理适应与多组学分子调控机制, 为海胆养殖水质调控优化、抗逆种质筛选提供了重要的理论依据。

**关键词:** 中间球海胆; 盐度胁迫; 转录组学; ceRNA 网络; 渗透调节

**\*资助项目:** 辽宁省科学技术厅重大农业项目 (2023JH1/10200007); 辽宁省自然科学基金 (2024-BSLH-030); 辽宁省“兴辽人才计划”项目 (XLYC2202001); 大连星海湾实验室科技基金 (Dljswsf202401)

**\*\* 通讯作者,** 丁君, 教授, 主要从事水产动物遗传与育种研究。E-mail: dingjun1119@dlou.edu.cn; 第一作者, 于金戈, 硕士研究生, 研究方向为水产养殖, E-mail: yujinge0209@163.com

## **An investigation on the optimal dietary protein for juvenile *Neptunea arthritica cumingii*: Growth, digestive enzyme activity, and liver metabolism<sup>\*</sup>**

Hongye Zhang<sup>1</sup>, Xian Li<sup>1</sup>, Kaiyuan Jiang<sup>1</sup>, Peiyang Wang<sup>1</sup>, Liang Tang<sup>1</sup>, Junxia Mao<sup>1</sup>, Ying Tian<sup>1</sup>, Xubo Wang<sup>1</sup>, Rantao Zuo<sup>1</sup>, Zhenlin Hao<sup>1</sup>

*1. Dalian Ocean University, College of Fisheries and Life Sciences, Huanghai Campus, Shahekou District, Dalian City 116000, China*

**Abstract:** The whelk *Neptunea arthritica cumingii* is an economically important gastropod in northern China, prized for its high nutritional value. Current aquaculture largely depends on natural baits, while knowledge of the species' nutritional requirements and formulated diets remains limited. We conducted a 90-day feeding trial to evaluate the effects of graded dietary protein levels on growth performance, digestive enzyme activities and hepatic metabolism of juvenile *N. arthritica cumingii* (initial weight  $12.96 \pm 0.13$  g) and to estimate the optimal dietary protein requirement. Six isocaloric diets (P1–P6) containing 25, 30, 35, 40, 45 and 50% crude protein (fish meal and casein as protein sources) were compared with a mussel control (P0). Juveniles fed 40% protein exhibited the highest weight gain rate (WGR =  $31.96 \pm 2.19\%$ ) and specific growth rate (SGR =  $0.31 \pm 0.02\%/d$ ), together with increased trypsin and lipase activities relative to the control ( $P < 0.05$ ). Quadratic regressions of WGR and SGR estimated an optimal protein range of ~37–40%. Comparative hepatic metabolomics (P0 vs P4) detected 306 differential metabolites (163 downregulated, 143 upregulated) and enrichment of the TCA cycle, glycolysis/gluconeogenesis, pentose phosphate and galactose metabolism pathways; notable metabolites included N-acetyl-D-glucosamine, betaine, L-carnitine and phenylalanine. Balanced dietary protein (~37–40%) improved growth, digestive efficiency and hepatic metabolic homeostasis, supporting the development of cost-effective formulated diets to replace natural baits in *N. arthritica cumingii* aquaculture.

**Keywords:** *Neptunea arthritica cumingii*; Dietary Protein; Growth; Digestive Enzymes; Hepatic Metabolomics; Optimal Requirement

---

**\*资助项目:** 辽宁省科技计划联合计划 (2024JH2/102600076); 辽宁省科技特派团 (2025JH5/10400055); 辽宁省科技重大专项 (2024H1/11700010)

**\*\*通讯作者,** 郝振林, 教授, 主要从事水产生物技术与遗传育种, E-mail: haozhenlin@dlou.edu.cn

## Comparative Analysis of the Acidic Polysaccharide of Sea Cucumber (*Apostichopus japonicus*) in Different Aquaculture Patterns\*

ZHAO Mai<sup>1,2</sup>, FAN Yichen<sup>1,2</sup>, DENG Yajie<sup>1,2</sup>, SONG Chengao<sup>1,2</sup>, YANG Qi<sup>1,2</sup>, SUN Junxiao<sup>1,2</sup>, ZHAO Chong<sup>1,2,3</sup>, CHANG Yaqing<sup>1,2,3\*</sup>, DING Jun<sup>1,2,3\*</sup>

1.Key Laboratory of Mariculture & Stock Enhancement in North China's Sea, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Dalian Ocean University, Dalian, Liaoning 116023, PR China

2.Liaoning Provincial Key Laboratory of Northern Aquatic Germplasm Resources and Genetics and Breeding, Dalian Ocean University, Dalian, Liaoning 116023, PR China

3.Dalian Xinghai Bay Laboratory, Dalian, 116034, PR China

**Abstract:** To assess effects of aquaculture pattern and geographic environment on nutritional quality of sea cucumber (*Apostichopus japonicus*), we compared 12 populations from the Yellow–Bohai Seas and Fujian coast. After ANCOVA adjustment for body-wall weight, bottom sowing yielded higher acidic polysaccharide content ( $40.43\% \pm 0.66\%$ ) than pond ( $35.21\% \pm 1.35\%$ ) or cage culture ( $34.24\% \pm 1.39\%$ ) ( $P < 0.001$ ). Bottom sowing also showed higher protein, glutamic acid, glycine, arginine and alanine, whereas pond culture had more iron and manganese. Phenotypic traits weakly correlated with polysaccharide content, indicating no single trait can proxy for quality. Geographically, Yellow Sea populations had higher protein, glutamic acid and glycine ( $P < 0.001$ ), while Bohai Sea (Wafangdian pond) populations accumulated more iron and manganese ( $P = 0.002 - 0.009$ ); Fujian Xiapu populations were intermediate. A significant interaction between geographic environment and aquaculture pattern suggested that premium areas amplify the benefits of bottom sowing. Overall, bottom sowing enhances acidic polysaccharide, crude protein and selected amino acids, whereas pond culture enriches minerals. This study provides a theoretical basis for quality evaluation standards under different aquaculture patterns.

**Keywords:** *Apostichopus japonicus*; aquaculture pattern; acidic polysaccharide; nutritional quality; geographic differentiation

\*资助项目：辽宁省科学技术厅重大农业项目（2023JH1/10200007）；辽宁省自然科学基金（2024-BSLH-030）；辽宁省“兴辽人才计划”项目（XLYC2202001）；大连星海湾实验室科技基金（Dljswsf202401）；

\*\* 通讯作者，丁君，教授，主要从事水产动物遗传与育种研究。E-mail:dingjun1119@dlou.edu.cn；常亚青，教授，主要从事水产动物遗传与育种研究。E-mail:yqchang@dlou.edu.cn

## 不同养殖模式刺参酸性多糖的比较分析\*

赵迈<sup>1,2</sup>, 范翼辰<sup>1,2</sup>, 邓雅杰<sup>1,2</sup>, 宋成奥<sup>1,2</sup>, 杨淇<sup>1,2</sup>, 孙俊霄<sup>1,2</sup>, 赵冲<sup>1,2,3</sup>, 常亚青<sup>1,2,3\*</sup>, 丁君<sup>1,2,3\*</sup>

1.大连海洋大学水产与生命学院, 农业农村部北方海水增养殖重点实验室, 辽宁大连 116023;

2.辽宁省北方水产种质资源与遗传育种重点实验室, 辽宁大连 116023;

3.大连星海湾实验室, 辽宁大连 116034;

**摘要:** 为明确养殖模式与地理环境对刺参营养品质的差异影响, 本研究比较了来自黄渤海及福建沿岸的 12 个刺参群体。经协方差分析 (ANCOVA), 底播增殖群体组酸性多糖含量 ( $40.43\% \pm 0.66\%$ ) 显著高于池塘养殖 ( $35.21\% \pm 1.35\%$ ) 与网箱养殖 ( $34.24\% \pm 1.39\%$ ) ( $P < 0.001$ ); 底播增殖组蛋白质、谷氨酸、甘氨酸、精氨酸、丙氨酸含量亦较高, 池塘养殖组铁、锰矿物元素积累量最高。表型性状与酸性多糖呈显著弱相关, 表明单一表型难以准确评判营养品质。从地理来看, 黄海沿海群体 (獐子岛、海洋岛、西霞口) 蛋白质、谷氨酸及甘氨酸含量均值相对较高, 渤海沿海群体 (瓦房店池塘) 铁、锰含量均值相对较高, 东海沿海整体处于中间水平, 地理环境与养殖模式存在显著协同效应, 提示优质产区可以强化底播增殖的品质优势。研究表明, 底播增殖更有利于刺参酸性多糖、粗蛋白与部分氨基酸积累, 池塘养殖则有利于矿物元素富集。本研究为不同养殖模式下仿刺参品质评价标准的建立提供了理论依据。

**关键词:** 刺参; 养殖模式; 酸性多糖; 营养品质; 地理分化

---

\***资助项目:** 辽宁省科学技术厅重大农业项目 (2023JH1/10200007); 辽宁省自然科学基金 (2024-BSLH-030); 辽宁省“兴辽人才计划”项目 (XLYC2202001); 大连星海湾实验室科技基金 (Dljswsf202401)

\*\* 通讯作者, 丁君, 教授, 主要从事水产动物遗传与育种研究. E-mail:dingjun1119@dlou.edu.cn; 常亚青, 教授, 主要从事水产动物遗传与育种研究. E-mail:yqchang@dlou.edu.cn

## 温度胁迫下幼鱼许氏平鲈性格分型、集群行为与先天免疫应答规律研究

赵庆臣<sup>1</sup>

1. 大连海洋大学水产与生命学院, 辽宁大连 116023;

**摘要:** 全球海水温度波动加剧, 制约北方岩礁鱼类养殖产业发展, 为筛选耐高温抗逆种质, 本实验设置 16°C (对照组)、22°C、26°C 三个温度梯度, 开展为期 28 d 的温度胁迫试验; 通过新环境探索试验完成个体性格划分, 观测集群距离、集群同步性等集群行为指标, 检测肝脏抗氧化酶、溶菌酶等先天免疫指标, 分析温度-鱼类个性-免疫水平之间关联。结果表明: 高温环境下, 大胆型个体占比显著上升, 鱼群集群松散, 集群同步性下降; 高温组 SOD、LZM 活性先升高后降低, 长期高温抑制先天免疫能力; 胆小个体免疫应激反应显著高于大胆个体 ( $P<0.05$ )。结论: 鱼类个性特征可以作为抗逆种质筛选参考指标, 为许氏平鲈耐高温新品种选育、近海牧场环境适配养殖提供基础数据。

**关键词:** 许氏平鲈; 温度胁迫; 行为个性; 集群行为; 先天免疫

---

作者简介: 赵庆臣 (2001-), 男, 硕士研究生, 研究方向: 海洋牧场鱼类行为与生理生态, 手机: 18369078009, E-mail: zqc078009@163.com

## 新双四倍体异育银鲫生长优势群体的性能解析\*

李修喆, 曾高雄, 胡振禧, 陈度煌, 廖梦香, 樊海平, 吴斌, 薛凌展\*\*

福建省淡水水产研究所, 福州, 350002

**摘要:** 鱼类中普遍存在个体生长性能差异现象, 这与遗传背景、环境适宜能力、消化吸收能力等因素密切相关。为系统解析新双四倍体(8n)异育银鲫生长优势群体的形成机制, 本研究以8n异育银鲫为研究对象, 对比分析生长较快群体(OW组)与较慢群体(UW组)的形态学指标、肠道组织结构, 肠道消化酶活性及肠道微生物群落结构差异。结果显示: 8n异育银鲫生长优势群体在以上各项指标中呈现出较好特性。形态学分析表明, OW组各形态学指标均显著高于UW组( $P<0.05$ ), 其中体重、体长、全长较UW组分别提升了200.47%、24.76%、58.07%; 转录组测序分析结果显示, OW组体内生长代谢相关通路(如生长激素释放激素、成纤维细胞生长因子调控通路及能量代谢通路)中关键编码基因的表达水平显著高于UW组( $P<0.05$ ); 肠道消化酶活性检测结果显示, OW组脂肪酶、胰蛋白酶和淀粉酶活性较UW组分别提升了402.34%、48.93%和395.42%; 肠道形态结构分析结果显示, OW组肠道绒毛高度、绒毛宽度和肌层厚度较UW组分别提升了136.48%、99.37%和18.85%; 肠道菌群结构分析结果显示, OW组与UW组肠道微生物组成相似度较高, 但各自的优势菌群存在明显差异, 其中OW组优势菌群为可促进机体生长的不动杆菌属(*Acinetobacter*)。本研究从基因表达、蛋白活性、组织结构、微生物群落等不同层面系统解析了新双四倍体异育银鲫生长优势群体的生长调控机制, 为新品系的进一步选育提供理论指导。

**关键词:** 异育银鲫; 生长表型; 肠道消化能力; 微生物群落; 转录调控

---

\*资助项目: 福建省促进海洋与渔业产业高质量发展专项资金项目(FJHYF-L-2025-1); 福建省科技计划项目(2024R1014003); 福建省海洋与渔业综合服务专项资金项目(FJHY-YYKJ-2025-2-1); 国家大宗淡水鱼产业技术体系福州综合试验站(CARS-45-40)。

\*\*通讯作者, 薛凌展, 博士, 副研究员, 研究方向: 水产养殖与遗传育种, E-mail: xlz5872@163.com

## 投饵与不投饵对稻田养殖红福瑞鲤 2 号和福瑞鲤 2 号肌肉营养成分及品质特性的影响

廖梦香<sup>1</sup>, 傅晨莹<sup>2</sup>, 薛凌展<sup>1</sup>, 陈度煌<sup>1</sup>, 董在杰<sup>3</sup>, 朱文彬<sup>3</sup>, 郭泽镔<sup>2</sup>, 樊海平<sup>2\*</sup>

1.福建省淡水水产研究所, 福建 福州 350002;

2.福建农林大学食品科学学院, 福建 福州 350002;

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

**摘要:** 为探究投饵与不投饵对稻田养殖新选育品系“红福瑞鲤 2 号”和新品种“福瑞鲤 2 号”肌肉营养成分及品质特性的影响。对二者进行为期 60 天的投饵与不投饵稻田养殖试验, 即命名为不投饵-红福瑞鲤 2 号组 (CR)、不投饵-福瑞鲤 2 号组 (CF)、投饵-红福瑞鲤 2 号组 (TR)、投饵-福瑞鲤 2 号组 (TF), 通过检测肌肉基本营养成分、矿物元素、氨基酸组成、脂肪酸组成和质构特性, 评价各组鱼体肌肉的营养价值和品质特性。结果显示, TR 组鱼肌肉粗蛋白含量和粗脂肪含量显著高于其他 3 组 ( $P<0.05$ ); 4 组鱼肌肉均含有丰富的常量元素和微量元素, 以钾元素含量最高; 鱼肌肉中共检测出 17 种氨基酸, 其中含量最高的为谷氨酸, TR 显著高于其他组 ( $P<0.05$ )。TF 和 TR 的 EAAI (92.42%和 93.75%) 均显著高于 CF 和 CR ( $P<0.05$ ); TF 和 TR 的  $W_{\Sigma EAA}/W_{\Sigma TAA}$  和  $W_{\Sigma EAA}/W_{\Sigma NEAA}$  更优于 CF 和 CR, 且 4 组均符合 FAO/WHO 理想模式中优质蛋白质的标准。测定出的 22 种脂肪酸中, TF 和 TR 的 EPA+DHA、 $\Sigma MUFA$ 、 $\Sigma PUFA$  均分别高于 CF 和 CR ( $P<0.05$ )。结果表明, 不管是否投饵, 稻田养殖模式下, 红福瑞鲤 2 号的硬度、内聚性、胶黏性、咀嚼性等指标均显著高于福瑞鲤 2 号; 而相较于不投饵, 稻田投饵养殖可显著改善红福瑞鲤 2 号与福瑞鲤 2 号的肌肉营养与品质, 其中又以红福瑞鲤 2 号的肉质提升效果最佳。总体而言, 稻田投饵养殖红福瑞鲤 2 号优势明显, 具有较高的开发潜力。

**关键词:** 红福瑞鲤 2 号; 福瑞鲤 2 号; 稻田养殖; 投饵; 营养成分; 质构分析

**资助项目:** 国家大宗淡水鱼产业技术体系项目 (CARS-45-40); 2023 年福建省海洋服务与渔业高质量发展专项 (FJHY-YYKJ-2023-2-6)。

**作者简介:** 廖梦香, 助理农艺师, 从事水产养殖与遗传育种研究. E-mail: 360878796@qq.com

**通信作者:** 樊海平, 研究员, 从事水产养殖病害研究. E-mail: fanhaiping16@163.com

## Compound feed promotes growth and maintains gut homeostasis in the Chinese spiny frog (*Quasipaa spinosa*): A 720-day feeding trial\*

ZHAO Ji<sup>1</sup>, JIANG Pengxin<sup>2</sup>, ZENG Gaoxiong<sup>1</sup>, LIAO Mengxiang<sup>1</sup>, LI Wensheng<sup>1</sup>, LIN Shengjie<sup>3</sup>, HUANG Zhen<sup>4</sup>, WU Bin<sup>1</sup>, LAI Mingyong<sup>1</sup>, XUE Lingzhan<sup>1\*</sup>

1. Laboratory of Aquaculture and Breeding, Freshwater Fisheries Research Institute of Fujian, Fuzhou 350002, China

2. Biotechnology Research Institute, Fujian Academy of Agricultural Sciences, Fuzhou 350011, China

3. College of Fisheries and Life Sciences, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China

4. School of Pharmacy, Fujian University of Traditional Chinese Medicine, Fuzhou 350122, China

**Abstract:** The Chinese spiny frog (*Quasipaa spinosa*) is commonly reared on live mealworm larvae, a practice that limits farming efficiency and scalability. This study evaluated whether compound feed can replace mealworms without compromising growth, intestinal function, or gut microbial homeostasis. Adult frogs were fed mealworms (JA) or compound feed (JB) for 720 days. Twelve morphometric traits, intestinal histology, digestive enzyme activities, antioxidant status, and gut microbiota based on 16S rRNA sequencing were compared. Frogs in the JB group showed significantly higher values for 11 of 12 morphometric traits, including body weight and snout-vent length. Intestinal length increased, whereas eight intestinal histomorphological indices and the activities of trypsin, alpha-amylase, and lipase were unchanged. Glutathione peroxidase activity was higher in JB ( $P < 0.01$ ), while catalase, superoxide dismutase, malondialdehyde, and total antioxidant capacity did not differ. Alpha diversity remained stable, although beta diversity indicated diet-dependent community restructuring. *Cetobacterium*, *Peptostreptococcaceae*, and *Terrisporobacter* characterized the JB microbiota, whereas *Lactobacillus*, *Lactococcus taiwanensis*, *Pediococcus*, and *Demequina* were enriched in JA. Compound feed therefore promoted superior long-term somatic growth while preserving intestinal structure, digestive capacity, antioxidant balance, and microbial diversity. These findings support compound feed as a safe and effective alternative to mealworms for sustainable captive culture of *Q. spinosa*.

**Keywords:** *Quasipaa spinosa*; compound feed; growth performance; intestinal health; gut microbiota

---

\*资助项目: 福建科学技术厅(2026R1014004); 福建省海洋与渔业局(FJHY-YYKJ-2025-2-4); 福建省自然科学基金杰青项目(2023J06027)

\*\*通讯作者, 薛凌展, 副研究员, 主要从事水产生物繁殖与育种, mail: xlz5872@163.com

## Isolation, identification, and whole genome analysis of *Vibrio chagasii*, A pathogenic bacterium in *Crassostrea angulata*\*

GE HUI, WU Qisheng, NING Yue, GUO Xiang, WU Liyun, LIN Shiyu,

LIN Xiangyang, LIN Qi\*

*Fisheries Research Institute of Fujian, Key Laboratory of Cultivation and High-value Utilization  
of Marine Organisms in Fujian Province, Xiamen 361013, China*

**Abstract:** The process of isolating and purifying pathogenic microorganisms began with the plate separation method, which ensured the purity of the samples. Rigorous identification procedures were then carried out, including detailed morphological, physiological and biochemical analyses, followed by molecular biology techniques for greater precision. Additionally, genome sequencing was performed to gain insights into the genetic makeup of these pathogens, and drug sensitivity testing was conducted to determine their resistance or susceptibility to various therapeutic agents. The investigation revealed significant findings on the pathogenic strain M05 isolated from diseased oysters. The strain, which has a short rod morphology, was successfully isolated and purified. Its identification was comprehensive, involving not only a visual examination of its appearance but also a thorough analysis of its physiological and biochemical characteristics. In addition, 16S rRNA gene sequencing confirmed its classification as *Vibrio chagasii*. A crucial step in validating its pathogenicity was the regression infection test, which showed that the M05 strain could indeed induce disease and lead to the death of oyster larvae. Genomic sequencing analysis provided further insights into the virulence of the M05 strain. The presence of virulence genes such as the colonisation factor *AcfB*, haemolysin and the type II secretion pathway gene *EpsD*, which facilitate bacterial invasion and infection. On the other hand, numerous resistance genes were also identified in the genome and plasmid of the bacterial strain. These resistance genes posed a challenge

---

\*资助项目: 现代农业产业技术体系建设专项(nycyt-49); 国家海洋水产种质资源库项目; 福建省海洋服务与渔业高质量发展专项(FJHY-YYKJ-2024-1-13)

\*\*第一作者, 葛辉, 副研究员, 主要从事海洋经济动物养殖技术、疾病防控免疫学相关研究  
mail: 717764449@qq.com

in the treatment of infections caused by this strain. Drug sensitivity testing revealed that the M05 strain is relatively sensitive to antibiotics such as ciprofloxacin, tigecycline, and carbapenem, but highly resistant to antibiotics belonging to the penicillin, aminoglycoside, and penicillin, aminoglycoside, and cephalosporin classes. This information is crucial for developing effective treatment strategies against infections caused by *V.chagasii*.

**Keywords:** aquaculture; *Crassostrea angulate*; *Vibrio chagasii*; genome-wide analysis; drug sensitivity analysis

## 厦门文昌鱼的物种组成和体型分布：基于 COI 条形码的证据\*

郭香，宁岳，巫旗生，叶军，葛辉\*，游远新\*

福建省水产研究所/福建省海洋生物增殖与高值化利用重点实验室，福建厦门 361013

**摘要：**文昌鱼具有重要的科研和经济价值，为有效保护其种质资源，需对其从遗传及形态上进行精确调查。基于 DNA 条形码技术，结合 GenBank 数据库中的 COI 序列，对厦门黄厝海域文昌鱼的物种组成进行了系统分析。共检测 48 尾文昌鱼样本，获得长度为 492 bp 的 COI 序列片段。经 GenBank 数据库 BLAST 同源性比对及系统发育树构建，结果显示：日本文昌鱼 37 条（占 77%），白氏文昌鱼 11 条（占 23%）。以上结果说明，厦门黄厝海域文昌鱼群体为混合群体，由日本文昌鱼和白氏文昌鱼共同组成，其中日本文昌鱼为当前优势种。该发现更新了以往认为该海域以白氏文昌鱼为主的传统认识，同时提示两种文昌鱼之间可能存在生态位分化。形态分析显示，厦门文昌鱼群体以中大型个体为主，日本文昌鱼群体中大型个体占 37.8%，白氏文昌鱼群体中大型个体占 27.3%。AMOVA 方差分析表明，两种文昌鱼的体长与体重均值均无显著差异（ $P>0.05$ ）。本研究结果为厦门海域文昌鱼资源的针对性保护与管理提供了科学依据。

**关键词：** 厦门；文昌鱼；COI 条形码；体型分布；物种组成

---

\*资助项目：国家海洋水产种质资源库（2025）；福建省海洋服务与渔业高质量发展专项资金项目（FJHY-YYKJ-2024-1-13）；福建省水产研究所科技引领专项（2024KJYL01、2025KJYL01）

\*\*通讯作者，葛辉，副研究员，从事水产生物疾病防治研究 E-mail:717764449@qq.com；游远新，高级工程师，从事海域海岛资源开发与保护研究。E-mail:389479823@qq.com

## 福建牡蛎三倍体与二倍体不同生长时期的生物学特征及存活率差异分析

巫旗生, 宁岳, 祁剑飞, 郭香, 叶军, 吴丽云, 葛辉\*

(福建省水产研究所, 福建省海洋生物增殖与高值化利用重点实验室, 福建省海洋生物资源开发利用协同创新中心, 福建 厦门 361013)

**摘要:** 系统评估福建牡蛎三倍体和二倍体的生物学特征差异, 明确福建牡蛎三倍体的产业化养殖优势。本研究以福建牡蛎三倍体组(3N 组)和二倍体组(2N 组)为对象, 系统比较了 3N 组和 2N 组在幼虫期、稚贝期及成贝期的生物学特征和存活率差异, 并计算了三倍体优势率( $T_d$ )。幼虫期, 3N 组在壳高、壳长上表现出显著的生长优势, 而孵化率及存活率显著低于 2N 组( $P<0.05$ ); 稚贝期, 3N 组壳高、壳长均显著高于 2N 组( $P<0.05$ ), 两组间存活率无显著差异( $P>0.05$ ), 均保持在 89%以上; 成贝期, 3N 组在生长和存活上均显著优于 2N 组( $P<0.05$ ), 其中体质量优势尤为突出, 三倍体优势率( $T_d$ )达 32.80%~127.57%。福建牡蛎三倍体在整个养殖周期内具有显著生长优势, 且在成贝期兼具高存活率, 有效弥补了福建牡蛎二倍体个体小、肥满度差的缺陷, 是适宜大规模高品质牡蛎规模化生产的理想品种。

**关键词:** 福建牡蛎; 三倍体; 二倍体; 幼虫; 稚贝; 成贝

---

**资助项目:** 国家贝类产业技术体系项目(CARS-49); 国家海洋水产种质资源库(2026); 福建省科技计划省属公益类项目(2023R1055); 福建省海洋服务与渔业高质量发展专项资金项目(FJHY-YYKJ-2024-1-13)

\*通信作者, 葛辉, 副研究员, 主要从事海洋经济动物疾病防控研究, 717764449@qq.com

## Development of a PEI-coated SWNTs Nanocarrier for efficient delivery of CRISPR/Cas9 in early embryos of *Litopenaeus vannamei*\*

Jia L. Men<sup>1,2</sup>, Jian H. Xiang<sup>3</sup>, Hai L. Zhou<sup>1\*</sup>

1. School of Life and Health Sciences, Hainan University, Haikou 570228;

2. School of Biology and Food Engineering, Fuyang Normal University, Fuyang 236037;

3. Institute of Oceanology, Chinese Academy of Science, Qingdao 266071

**Abstract:** Cultivation of superior varieties is the key to maintaining the sustainable development of the *Litopenaeus vannamei* (*L.vannamei*) industry. CRISPR/Cas9 technology represents a generation of genetic breeding technology based on gene editing. However, the conventional delivery strategy of CRISPR/Cas9 components could not be used due to the particular physiological traits and practical difficulties of *L. vannamei* embryos. We designed and established polyethylenimine (PEI)-coated nanoparticles with carboxylated SNWTs core to safely deliver CRISPR/Cas9 plasmids into early embryos for target gene editing. The results showed that the transfection efficiency of this strategy was 36%, which was approximately 4-fold higher than the efficiency of the classical lipid transfection method. The transcription factor Pax6, which has notable effects on early embryonic eye development, provides clear phenotypic proof for this strategy. Unnatural base alterations were found in up to 20% of transfected embryos. This study establishes a foundation for the application of CRISPR technology in *L. vannamei* and provides an innovative approach for large-scale gene function studies in aquaculture.

**Keywords:** *Litopenaeus vannamei*, Nanocarrier, CRISPR/Cas9 gene editing, Transfection, Early embryos

---

\*资助项目: 国家自然科学基金(42377273),海南省科技专项基金(ZDYF2022SHFZ321), 海南省基础与应用基础研究计划(自然科学)(高层次人才项目)(2019RC077), 海南省研究生创新研究项目(Qhyb2022-44)

\*\*通讯作者, 周海龙, 教授, 主要从事海洋动物遗传发育, E-mail: zhouhl@hainanu.edu.cn

## 四指马鲛 (*Eleutheronema tetradactylum*) 的性腺性别分化： 成熟性腺的组织学特征及转录组学见解

Evodia Moses Mkulo<sup>1</sup>, Lukman Iddrisu<sup>1</sup>, Salifu Ibrahim<sup>1</sup>, 黄建盛<sup>1</sup>, 王临娟<sup>1</sup>, 郑安娜<sup>1</sup>, Happiness Moses Mwemi<sup>1</sup>, 金敏旋<sup>1</sup>, 张卉娟<sup>1</sup>, 汤保贵<sup>1</sup>, 马骞<sup>1</sup>, Kwaku Amoah<sup>1,2</sup>, 王蓓<sup>1,2</sup>, 王忠良<sup>1,2,3,\*</sup>

1. 广东海洋大学水产学院, 广东湛江 524088

2. 广东省水生动物病害防控与健康养殖重点实验室, 广东湛江 524088

3. 广东省海水鱼科技创新中心, 广东湛江 524088

**摘要:** 硬骨鱼类的表型可塑性是一种引人注目的进化策略, 使其能够适应环境变化, 但性腺分化与性逆转的分子机制尚不完全清楚。四指马鲛 (*Eleutheronema tetradactylum*) 隶属于马鲛科 (Polynemidae), 为雄性先熟雌雄同体鱼类, 是研究性腺转化相关基因和分子的理想模型。本研究通过雄性和雌性性腺的 *de novo* 转录组测序, 鉴定参与性别分化的关键调控基因及通路。一共获得 12,034 个差异表达基因 (DEGs), 其中在精巢与卵巢间有 7,567 个上调、4,467 个下调。GO 注释和 KEGG 富集分析显示, 类固醇激素生物合成是性腺分化的关键通路。本研究筛选出多个新的性别偏向性 DEGs, 包括精巢偏向基因 *nefl*、*rfesd* 和 *gpatch8*, 以及卵巢偏向基因 *ift57*、*hoxb5a*、*naxd* 和 *tgfbr3*。此外, 还鉴定出精巢特异性基因簇 (如 *dnah7*、*tspan1*、*hsa8*、*dnah3*、*dnah6*、*dnah17*、*myo10*、*kcnq3*、*dnaaf11*、*rtase*、*dmrt1*、*smc11b*、*slc44a5b*、*tex11*、*cyp51*) 和卵巢偏向性基因 (如 *cd9*、*zp2*、*ccnp*、*cldnd*、*znf622*、*tc1a*、*hsd17b7*、*foxl2*、*sox3*、*sox19a*), 凸显了它们在性腺分化中的关键作用。本转录组研究深入揭示了四指马鲛繁殖适应性的分子基础, 为水产养殖、保护生物学和进化生物学等学科提供了新见解。

**关键词:** 四指马鲛; 先雄性雌雄同体; 性腺转录组; 性别偏向基因

**资助项目:** 广东省普通高校重点领域专项项目 (科技服务乡村振兴) (2023ZDZX4011), 广东现代海洋牧场适养品种核心技术攻关项目 (2024-MRB-00-001)。

\*通讯作者, 王忠良, 教授, 主要从事四指马鲛 (马友鱼) 遗传育种与养殖模式研究

E-mail: wangzl@gdou.edu.cn

## 盐度对四指马鲛 (*Eleutheronema tetradactylum*) 的生长、存活、组织结构、渗透调节及抗氧化能力的影响

陈宗发<sup>1,2</sup>, 刘伟彬<sup>1</sup>, 郑安娜<sup>1</sup>, 金敏旋<sup>1</sup>, 黄舜梅<sup>3</sup>, 赵丽娟<sup>4</sup>, 汤胜亮<sup>3</sup>, Evodia Moses Mkulo<sup>1</sup>, 王临娟<sup>1</sup>, 张卉娟<sup>1</sup>, 卢境恒<sup>1</sup>, Happiness Moses Mwemi<sup>1</sup>, 汤保贵<sup>1,5</sup>, 周辉<sup>1</sup>, 王蓓<sup>1,6</sup>, 黄建盛<sup>1,5</sup>, 王忠良<sup>1,4,5,\*</sup>

1. 广东海洋大学水产学院, 广东湛江 524088; 2. 广东省农业技术推广中心, 广东广州 510000; 3. 广东省海水鱼科技创新中心, 广东湛江 524000; 4. 广东水生动物病害防控与健康养殖省级重点实验室, 广东湛江 524000

**摘要:** 本研究旨在探讨盐度对四指马鲛 (*Eleutheronema tetradactylum*) 幼鱼生长、存活、组织形态、渗透调节、代谢及抗氧化应答的影响。实验在可控养殖条件下设置 0、5、10、15、20、25、30 和 35 PSU 共 8 个盐度处理, 每个处理 3 个重复, 每重复 20 尾幼鱼 (平均全长  $16.43 \pm 0.87$  cm, 平均体质量  $35.71 \pm 1.067$  g), 于 500 L 圆柱形缸中饲养 30 d。于第 0、1、10、20、30 天测定血浆渗透压、离子浓度及鳃  $\text{Na}^+/\text{K}^+$ -ATP 酶 (NKA) 活性, 同时评估存活率、生长参数及鳃、肠道和肾脏的组织病理变化, 并检测血浆乳酸 (LD)、甘油三酯 (TG)、葡萄糖 (GLU)、总超氧化物歧化酶 (SOD)、谷胱甘肽过氧化物酶 (GSH-Px)、总抗氧化能力 (T-AOC) 和丙二醛 (MDA) 水平。结果显示, 0PSU 组存活率显著低于其他盐度组 ( $P < 0.05$ ), 高盐 (30、35PSU) 组特定生长率、增重率和日增重均显著降低 ( $P < 0.05$ ), 鳃、肠和肾等渗透调节组织出现明显病理改变。盐度还显著影响了 NKA 活性、血浆渗透压及离子浓度, 等渗点约为 10.88PSU。代谢指标 LD、TG 和 GLU 随盐度升高呈先降后升趋势, 10PSU 组 SOD 活性显著高于 30 和 35PSU 组 ( $P < 0.05$ ), T-AOC 呈“U”型响应, GSH-Px 随盐度升高而下降 (35PSU 尤为显著,  $P < 0.05$ ), MDA 无显著变化 ( $P > 0.05$ )。综上, 四指马鲛属于广盐性鱼类, 在较低盐度 (5~10 PSU) 下生长最佳, 高盐 (30~35PSU) 则抑制生长并削弱抗氧化防御能力。本研究不仅揭示了该物种对盐度的特异性敏感性, 也为优化养殖实践、降低代谢成本和缓解氧化应激提供了可操作的参考依据。

**关键词:** 四指马鲛; 盐度; 生长; 渗透调节; 新陈代谢

**资助项目:** 广东省普通高等院校重点领域专项 (科技服务乡村振兴) (2023ZDZX4011), 广东省现代化海洋牧场适养品种核心技术攻关项目 (2024-MRB-00-001)。

\*通讯作者, 王忠良, 教授, 主要从事四指马鲛 (马友鱼) 遗传育种与养殖模式研究, E-mail: wangzl@gdou.edu.cn

## 舒氏猪齿鱼胚胎发育及胚后特征观察

高佳豪<sup>1,2</sup>, 杨少森<sup>1,2</sup>, 高 进<sup>3</sup>, 陈海茹<sup>1</sup>, 赵艳飞<sup>2</sup>, 张 宁<sup>1</sup>, 吴锦辉<sup>\*2</sup>, 董忠典<sup>\*3,4</sup>

1. 广东海洋大学水产学院, 南海水产经济动物增养殖重点实验室, 广东 湛江 524088; 2. 广

东省农业技术推广中心, 广东 广州, 510000;

3. 海南省海洋与渔业科学院 海南 海口 571126;

4. 广东省水产动物病害防控与健康养殖重点实验室, 广东 湛江 524088

**摘要:** 为阐明舒氏猪齿鱼 (*Choerodon schoenleinii*) 胚胎发育与胚后发育特征。利用显微镜对人工繁育获得的舒氏猪齿鱼受精卵、0-14 DPH (days post hatch, 孵化后的天数) 仔鱼以及 30、45 和 60 DPH 稚幼鱼进行形态观察, 记录胚胎发育阶段、器官形成过程及仔稚鱼形态变化特征。结果显示, 舒氏猪齿鱼受精卵呈圆形、透明、具单油球, 直径为  $(1012 \pm 24) \mu\text{m}$ 。在水温 25-27 °C 条件下, 于受精后 24 h 13 min 完成孵化。神经胚阶段于受精后 8 h 出现, 随后胚轴延长, 器官原基逐渐形成。初孵仔鱼全长为  $(2881.5 \pm 279.5) \mu\text{m}$ , 卵黄囊于孵化后约 3 d 完全吸收, 仔鱼进入由内源营养向外源营养转换的关键时期。4-14 DPH 期间, 仔鱼眼部、消化道及鳍结构逐渐分化, 12 DPH 开始可见红色素细胞沉积, 14 DPH 色素分布增多; 30-60 DPH 阶段表现出明显体长增长、体表色素逐步沉积加深及运动器官持续分化发育等特征。舒氏猪齿鱼胚胎发育可划分为受精卵期、胚盘形成期、卵裂期、囊胚期、原肠胚期、神经胚期、器官形成期和孵化出膜期 8 个阶段, 共 26 个时期。在水温 25-27 °C 条件下, 受精卵约 24 h 完成孵化, 仔鱼约 3 DPH 完成卵黄囊吸收, 30-60 DPH 阶段体表色素沉积加深, 鳍条和运动器官进一步分化。本研究明确了舒氏猪齿鱼早期发育的主要形态节点, 可为受精卵孵化管理、开口饵料投喂和苗种培育提供基础资料。

**关键词:** 舒氏猪齿鱼; 受精卵; 胚胎发育; 胚后发育

**资助项目:** 2025 年度广东省现代化海洋牧场适养品种核心技术攻关项目 (2025-MRB-00-001); 广东海洋大学水产优青项目; 广东海洋大学本科生创新创业项目 (CXTD2023)

\*通信作者: 董忠典, 副教授, 从事鱼类生殖生理与遗传育种研究, E-mail: zddong@gdou.edu.cn; 吴锦辉, 高级工程师, 从事工厂化循环水育苗技术研究, E-mail: wjhin@sina.com

## **Combined transcriptomic and proteomic analysis reveals molecular response to skin wound in cobia (*Rachycentron canadum*)\***

Wei jie Guo, Qian Ma\*

*College of Fisheries, Guangdong Ocean University, Zhanjiang 524088*

**Abstract:** This study aim to fill the knowledge gap on skin responses to partial-thickness wounds, a condition often resulting from abrasion in cobia aquaculture. Histological analysis showed a 14-day repair process after skin wounding, with features including largely abraded epidermis and partially retained residual tissue. The repair process involved neo-epidermis re-establishment across the wound surface, abundant mucous cells in the regenerated epithelium, mature granulation tissue re-filling, granulation tissue remodeling, collagen fiber rearrangement, and synchronous structural repair. Additionally, skin samples collected at one and five days post-wounding were subjected to RNA sequencing to profile mRNA expression patterns. Given that cobia produces exceptionally abundant skin mucus, we employed liquid chromatography-tandem mass spectrometry (LC-MS/MS) to analyze dynamic changes in mucus proteins across the wound recovery phase. Subsequently, we conducted an integrated transcriptomic and proteomic analysis, which respectively identified 827/6196 differentially expressed genes and 1003/1135 differentially expressed proteins. KEGG enrichment analysis of the multi-omic dataset highlighted key pathways, including the NF- $\kappa$ B signaling pathway and the proteasome-mediated ubiquitin-dependent protein catabolic process.

**Keywords:** *Rachycentron canadum*; skin wound; transcriptome; proteome

---

\*资助项目: 国家重点研发计划项目 (2022YFD2401203)

\*\*通讯作者, 马骞, 教授, 主要从事鱼类生物学、增养殖及遗传育种, E-mail: maq@gdou.edu.cn

## 白斑狗鱼伪雄鱼的表现遗传调控机制分析研究\*

张俊杰<sup>1, 2\*</sup>, 王者兰<sup>1, 2</sup>, 肖谦<sup>1, 2</sup>, 付新楠<sup>1, 2</sup>, 李思彤<sup>1, 2</sup>, 徐佳庆<sup>1, 2</sup>

新疆农业大学生命科学学院, 新疆农业大学新疆特色水产研究中心, 新疆乌鲁木齐, 830052

**摘要:** 白斑狗鱼 (*Esox lucius*) 属鲑形目狗鱼科, 广布于北美及欧亚北部淡水流域, 我国仅自然分布于新疆额尔齐斯河流域, 是当地重要的本土经济鱼类和特色养殖品种。该物种具有显著的生长二态性, 雌鱼体型更大、性成熟更晚、寿命更长, 且存在性逆转现象——部分遗传型雌鱼可逆转为功能型伪雄鱼。目前其性别分化与性逆转的表现遗传调控机制仍不明确。本研究以白斑狗鱼雌鱼 (F)、正常雄鱼 (M) 和伪雄鱼 (NM) 为材料, 对性腺组织进行全基因组 DNA 甲基化 (WGBS) 和全转录组测序, 结合独立与联合分析, 系统解析性别分化及性逆转的分子机制。结果如下:

(1) **全基因组甲基化分析**获得 361.48 Gb 有效数据, 三种样本均以 mCG 为绝对主导类型 (占比>98.5%), mCHG 和 mCHH 合计不足 1.5%, BSP 实验验证数据可靠。CG 序列为性别相关差异甲基化的主要区域。伪雄鱼甲基化模式与正常雄鱼高度趋同, 而与雌鱼差异显著, 提示性逆转伴随甲基化向雄性方向重塑。筛选出性别相关差异甲基化基因, 富集于 MAPK、Wnt 等信号通路, 表明 DNA 甲基化可能通过调控转录因子活性及这些通路参与性别分化。

(2) **全转录组分析**每个样本平均获得约 13.62 Gb 高质量 clean reads, RT-qPCR 验证数据可靠。差异表达分析显示, 伪雄鱼与正常雄鱼的 mRNA 及 ncRNA 表达谱高度趋同, 而雌鱼与两者差异显著, 证实性逆转过程发生了雄性方向的转录重编程。进一步筛选获得性别相关候选基因及通路, 并构建了伪雄鱼性逆转相关的 ceRNA 调控网络, 揭示 ncRNA 在性逆转中的潜在调控作用。

(3) **联合分析**发现, F vs M 和 F vs NM 两组中甲基化水平与基因表达量显著关联的基因总数显著多于 M vs NM 组, 且基因体区域的关联基因数高于启动子区, 表明基因体甲基化对表达的调控作用更为突出。伪雄鱼与正常雄鱼的表现调控模式高度一致, 而与雌鱼存在全局性差异, 推测性逆转是 CG 甲基化介导、

**\*资助项目:** 国家自然科学基金项目 (32260915); 新疆维吾尔自治区重点研发项目子课题 (2025B02020-1-1)。

**\*\*通讯作者,** 张俊杰, 副教授, 主要从事新疆冷水鱼基因组学及繁育研究研究。  
E-mail: zhangjuji@sian.cn

沿雄性发育通路进行的有序表观重编程。通路富集方面，F vs M 与 F vs NM 共同显著富集于 MAPK、Wnt 等性别分化经典保守通路；两组各自特有的富集通路分别对应正常雌雄分化和性腺重编程的特异性生物学需求，而 M vs NM 对比中未发现显著富集通路，进一步证实伪雄鱼已完全获得雄性的分子表型。最终筛选获得多个与性别相关的关键关联基因。

此外，CYP17A1 基因的 cDNA 克隆与生物信息学分析显示其编码蛋白具有典型细胞色素 P450 结构域，qRT-PCR 组织表达谱表明其在性腺中高表达，暗示其可能参与性类固醇合成调控，具体功能有待后续验证。

**关键词：** 白斑狗鱼；全基因组甲基化；全转录组；伪雄鱼；性别分化

## **Morphological characterization and transcriptome analysis of vertebral malformation in cobia (*Rachycentron canadum*)**

HUANG Dihao, MA Qian\*

*College of Fisheries, Guangdong Ocean University, Zhanjiang 524088*

**Abstract:** Vertebral malformations adversely affect locomotion, growth, and survival in fish. Using micro-CT, X-ray, clear and double staining, and paraffin sectioning, we characterized vertebral malformations in larval, juvenile, and young cobia (*Rachycentron canadum*). Well-arranged vacuolated cells are crucial for maintaining the flexural stiffness and mechanical strength of the vertebral column during early development stages; malformed vertebrae exhibit vacuole reduction or collapse, centrum fusion, and distorted neural and haemal arches. Furthermore, we conducted RNA sequencing to analyze gene expression in both malformed and normal vertebrae. The results indicated that 129 genes were differentially expressed in the malformed vertebrae. GO enrichment analysis of these DEGs revealed that the top 20 significantly enriched functions all belong to the biological process class, specifically in including cell-cell signaling, glucose homeostasis, and multiple functions related to calcium regulations. Furthermore, KEGG pathway enrichment analysis indicated that the DEGs were significantly enriched in pathways including ECM-receptor interaction, MAPK signaling pathway, calcium signaling pathway, and insulin secretion. These results reveal candidate gene profiles linked to vertebral malformations and advance our understanding of skeletal malformation mechanisms in fish.

**Keywords:** *Rachycentron canadum*; skeletal malformation; micro-CT imaging; clear and double staining; early development

---

**资助项目:** 国家自然科学基金 (32373153)

\*通讯作者, 马骞, 教授, 主要从事鱼类生物学、增养殖及遗传育种

E-mail: maq@gdou.edu.cn

## 基于代谢组学的四指马鲛 (*Eleutheronema tetradactylum*) 对低温胁迫的适应机制分析

金敏旋<sup>1</sup>, 郑安娜<sup>1</sup>, Evodia Moses Mkulo<sup>1</sup>, 王临娟<sup>1</sup>, 张卉娟<sup>1</sup>, 汤保贵<sup>1</sup>, 周辉<sup>1</sup>, 王蓓<sup>1,2</sup>, 黄建盛<sup>1</sup>, 王忠良<sup>1,2,3,\*</sup>

1. 广东海洋大学水产学院, 广东湛江 524088;

2. 广东省水生动物病害防控与健康养殖重点实验室, 广东湛江 524088;

3. 广东省农业科技推广中心, 广东广州 510520

**摘要:** 温度是影响鱼类生长、发育、代谢及整体生理性能的关键环境因子。四指马鲛 (*Eleutheronema tetradactylum*) 是具有重要经济价值的鱼类, 但其对长期低温胁迫的分子响应机制尚不明确。本研究将实验鱼持续暴露于 18 °C 恒温环境中, 分别于第 7 天和第 14 天采集肝脏, 利用液相色谱—质谱联用 (LC-MS) 代谢组学及常规生化分析, 检测抗氧化状态、肝脏组织学和代谢物谱。结果显示, 持续低温胁迫下, 肝脏中超氧化物歧化酶 (SOD)、过氧化氢酶 (CAT) 和谷胱甘肽过氧化物酶 (GPx) 活性呈先升后降趋势; 氧化损伤标志物丙二醛 (MDA) 水平在胁迫 7 d 和 14 d 后显著升高。肝组织病理学观察显示肝细胞出现不同程度的空泡化和核固缩, 提示氧化损伤。代谢组学分析在第 7 天和第 14 天分别鉴定出 87 个和 116 个差异表达代谢物; 通路富集分析表明, 碳水化合物消化吸收、谷胱甘肽代谢和甘油酯代谢等通路发生显著改变。上述结果表明, 细胞膜流动性调节、能量代谢、自噬及抗氧化防御机制在四指马鲛适应低温胁迫中发挥关键作用。本研究为揭示四指马鲛对低温的分子和生理适应机制提供了重要参考, 凸显了肝脏中保护性抗氧化应答的激活及代谢通路的重编程。

**关键词:** 代谢组学; 低温; 抗氧化应答; 肝脏代谢; 四指马鲛

---

**资助项目:** 广东省现代化海洋牧场适养品种核心技术攻关项目 (2024-MRB-00-001), 广东省普通高校重点领域专项 (科技服务乡村振兴) (2023ZDZX4011)

\*通讯作者, 王忠良, 教授, 主要从事四指马鲛 (马友鱼) 遗传育种与养殖模式研究

E-mail: wangzl@gdou.edu.cn

## 四指马鲛 (*Eleutheronema tetradactylum*) 稳传心脏细胞系的建立与应用

李育浩<sup>1,2</sup>, 陈杨慧<sup>1,2</sup>, 张洪瑞<sup>1,2</sup>, 黄瑜<sup>1,2</sup>, 简纪常<sup>1,2</sup>, 王蓓<sup>1,2\*</sup>, 王忠良<sup>1,2,3,4\*</sup>

1. 广东海洋大学水产学院, 广东湛江 524088;

2. 广东省水产动物病害防控与健康养殖重点实验室, 广东湛江 524088;

3. 广东省农业技术推广中心, 广东广州 510500;

4. 广东省海洋渔业技术创新中心, 广东湛江 524088

**摘要:** 本研究旨在建立四指马鲛细胞系旨在提供非模式经济鱼类细胞模型的研究体系, 为后续深入开展基因功能解析与种质改良研究开辟新路径。以四指马鲛心脏组织为研究对象, 采用蛋白酶消化法进行原代培养, 并对该细胞系进行细胞系鉴定与基础应用。使用不同培养条件对细胞系进行生长条件筛选, 冻存细胞后检测复苏率, 并对细胞系进行核型分析与细胞来源鉴定。使用 Lipo3000 试剂对细胞系进行转染, 分别配制 3 种含不同浓度重金属的培养基对细胞系进行重金属敏感性测试, 并研究细胞系对两种不同的细菌的敏感性。目前该细胞系已稳定传至 70 代 (命名为 EtH), 该细胞系为正常二倍体 ( $2N=26$ ), 冻存复苏后存活率达 81.3% 以上; 最适生长条件为 L-15 培养基、10% 胎牛血清 (FBS)、28℃ 培养温度。细胞转染效率约 16%, 对锰、铬、铜 3 种重金属表现出剂量依赖性毒性敏感, 对无乳链球菌和诺卡氏菌均敏感。EtH 细胞系具有相对稳定的遗传性, 冻存后仍保持较高的存活率, EtH 细胞系可作为重复使用的研究工具。该细胞系对不同种类重金属与细菌展现出特异敏感性, 在环境污染物监测和毒理学领域以及四指马鲛等鱼类病害学相关实验中具备良好应用潜力。通过脂质体转染法成功导入 pEGFP-N1 质粒, 更精准检测出 EGFP 基因约 16% 的表达率。因此, 该细胞系可以作为研究外源性基因的体外研究工具。相较于当前鱼类细胞系研究中“偏向模式物种”的现状, 本研究填补了四指马鲛的“专属”细胞系的空白, 丰富了非模式经济鱼类细胞模型的研究体系, 为后续基因功能解析与种质改良提供了可落地的研究路径。

**关键词:** 四指马鲛; 心脏细胞系; 重金属毒性; 转染; 细菌敏感性

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

\*通讯作者, 王忠良, 教授, 主要从事四指马鲛 (马友鱼) 遗传育种与养殖模式研究

E-mail: [wangzl@gdou.edu.cn](mailto:wangzl@gdou.edu.cn)

## 转录组分析揭示四指马鲛 (*Eleutheronema tetradactylum*) 脑和鳃的渗透压调节与低盐适应机制

刘伟彬<sup>1</sup>, 陈宗发<sup>1</sup>, 卢境恒<sup>1</sup>, 汤保贵<sup>1</sup>, 周晖<sup>1</sup>, 王蓓<sup>1,2</sup>, 黄建盛<sup>1</sup>, 李静<sup>1\*</sup>,  
王忠良<sup>1,2,3\*</sup>

1. 广东海洋大学水产学院, 广东湛江 524000;

2. 广东省水产动物病害防控与健康养殖重点实验室, 广东湛江 524000;

3. 广东省农业技术推广中心, 广东广州 510000

**摘要:** 中枢神经系统与外周器官之间的分子协同作用是鱼类具有广盐性的基础。本研究阐明了重要水产养殖品种——四指马鲛 (*Eleutheronema tetradactylum*) 在长期 (30 天) 低盐度 (5 盐度对比 25 盐度对照组) 驯化过程中, 其脑和鳃所采取的独特适应策略。研究发现, 两者的组织特异性可塑性存在明显的两极分化: 脑部保持了极高的转录稳定性, 仅有 10 个差异表达基因 (DEGs); 而鳃部则经历了广泛的重构, 含有 702 个差异表达基因。功能富集分析显示, 鳃部的差异表达基因主要集中在离子转运和代谢重构上, 其中  $\text{Na}^+\text{-Cl}^-$  共转运蛋白基因 (*slc12a10*) 和催乳素受体基因 (*prlr*) 显著上调, 同时水通道蛋白-1 基因 (*aqp1*) 显著下调 ( $\log_2\text{FC} = -5.97$ )。这表明鳃部采取了一种协同策略, 即在增强离子吸收的同时, 将水通透性降至最低。相比之下, 脑部的微弱响应主要表现为关键神经内分泌激素的表达上调, 包括生长激素 (*gh*)、催乳素 (*prl*) 和阿黑皮素原 (*pomc*), 提示存在一种自上而下的调控级联反应。整合通路分析表明, PI3K-Akt 和 JAK-STAT 信号通路是连接中枢激素信号与外周生理调节的核心枢纽。这些结果表明, 四指马鲛的广盐性是通过一种高效的调控机制实现的: 转录高度稳定的脑部提供精准的内分泌指令, 进而协调鳃部开展强烈的后天外周重构。本研究破译了中枢-外周 (脑-鳃) 轴在渗透压调节中的分子基础, 并为水产养殖中低盐耐受性品种的遗传改良提供了丰富的候选基因库。

**关键词:** 四指马鲛; 渗透压调节; 转录组学; 离子转运; 神经内分泌调节; 盐度适应

---

**资助项目:** 广东省现代化海洋牧场适养品种核心技术攻关项目 (2025-MRB-00-001)

\*通讯作者, 李静, 博士, 主要从事四指马鲛抗逆/抗病育种研究

王忠良, 教授, 主要从事四指马鲛 (马友鱼) 遗传育种与养殖模式研究

E-mail: lijing2025@gdou.edu.cn (李静), [wangzli@gdou.edu.cn](mailto:wangzli@gdou.edu.cn) (王忠良)

## 多鳞四指马鲛 (*Eleutheronema rhadinum*, Jordan & Evermann, 1902) 的全基因组组装

卢境恒<sup>1</sup>, 张卉娟<sup>1</sup>, 刘伟彬<sup>1</sup>, 王临娟<sup>1</sup>, 郑安娜<sup>1</sup> 金敏旋<sup>1</sup>, 张健东<sup>1</sup>, 汤保贵<sup>1</sup>,  
王蓓<sup>1</sup>, 黄建盛<sup>1</sup>, 李静<sup>1</sup>, 王忠良<sup>1,2,3\*</sup>

1. 广东海洋大学水产学院, 广东湛江 524088;

2. 广东省水生动物疾病防控与健康养殖重点实验室, 广东湛江 524088;

3. 广东省海水鱼科技创新中心, 广东湛江 524088

**摘要:** 多鳞四指马鲛 (*Eleutheronema rhadinum*, Jordan & Evermann, 1902) 是东亚特有物种, 分布于中国、日本及越南北部沿海水域。该物种具有很高的市场价值, 同时也是一个重要的经济物种, 在沿海和近岸水域被广泛捕捞, 用于商业和休闲目的。尽管其具有重要的生态和经济意义, 但多鳞四指马鲛的直系亲属关系和系统发育在很大程度上仍未知。本研究采用 PacBio SMRT 测序与 Hi-C 技术进行了全基因组测序, 构建了高质量的染色体级基因组组装图谱。组装的基因组大小为 585.27 Mb, 重叠群 N50 长度为 24.22 Mb。染色体 (26) 锚定率为 99.73%, 总共预测出 23,090 个蛋白质编码基因, 约 18.53% 的重复序列。该高质量参考基因组为未来研究多鳞四指马鲛及相关鱼种进化生物学、基因功能和遗传改良提供了宝贵的资源。

**关键词:** 多鳞四指马鲛; 基因组组装; 系统进化

---

**资助项目:** 广东省普通高校重点领域专项项目 (科技服务乡村振兴) (2023ZDZX4011)

\*通讯作者, 王忠良, 教授, 主要从事四指马鲛 (马友鱼) 遗传育种与养殖模式研究

E-mail: wangzl@gdou.edu.cn

## 胡子鲇性别决定的分子基础与性控育种研究

田昌绪<sup>1,2\*</sup>, 陈宇<sup>1,2</sup>, 叶明慧<sup>1,2</sup>, 孔令维<sup>1,2</sup>, 林星桦<sup>1,2</sup>, 周大颜<sup>3</sup>, 江东能<sup>1,2</sup>,  
石红娟<sup>1,2</sup>, 蒋谋炎<sup>1,2</sup>, 邓思平<sup>1,2</sup>, 朱春华<sup>1,2</sup>, 陈华谱<sup>1,2</sup>, 李广丽<sup>1,2</sup>

1. 广东海洋大学水产学院, 广东湛江 524088;

2. 广东省名特优鱼类生殖调控与繁育工程技术研究中心, 广东湛江 524088;

3. 广西壮族自治区水产引育种中心, 广西南宁 530001

**摘要:** 胡子鲇 (*Clarias fuscus*) 是我国南方重要的淡水经济鱼类, 雄鱼生长速度显著快于雌鱼, 创制全雄品系是提升其养殖效益的关键。本研究采用多组学整合策略与基因编辑技术, 系统解析了胡子鲇性别决定的分子基础并构建了性控育种体系。首先, 基于 PacBio 和 Hi-C 技术成功组装了高质量染色体水平的雌 (XX, 982.84 Mb)、雄 (XY, 944.09 Mb) 双基因组, 分别注释出 24,849 和 23,345 个蛋白编码基因。其次, 通过全基因组重测序与遗传图谱 QTL 定位, 将性染色体锁定为 LG13 (chr13), 并在该染色体的性别决定区间内精确定位到与表型性别紧密连锁的突变位点 (*amhr2* c.1406C > A), 证实其特异等位基因 *amhr2*<sup>A</sup> 在精巢分化前 (16 dah) 即特异激活; 同时开发出基于 MGB 探针和等位基因特异性 PCR 的早期遗传性别鉴定技术。随后, 成功构建了高效率的 CRISPR/Cas9 基因编辑体系, 靶向敲除 *amhr2* 导致 XY 个体完全向雌性逆转, 性腺形成典型卵巢腔并伴随雄性基因下调及雌性基因上调, 确证 *amhr2* 为胡子鲇雄性分化的核心启动因子。最后, 明确了胡子鲇“雌先雄后”的性腺发育规律, 在性别决定与分化敏感窗口期利用外源激素成功诱导产生可育的 XY 伪雌鱼, 通过与野生型雄鱼交配及分子标记辅助选择获得 YY 超雄鱼群体, 建立了胡子鲇全雄品系创制的技术体系。本研究阐明了胡子鲇性别决定的分子机制, 为鲇形目鱼类性控育种与规模化单性养殖提供了核心靶点与关键工具。

**关键词:** 胡子鲇; 性别决定基因; 基因组; 分子标记; 全雄育种

**资助项目:** 广东省自然科学基金 (2026A1515011409, 2025A1515012346, 2019A15151106 19);  
广东省普通高校科研类项目 (2023KTSCX042)

\*通讯作者, 田昌绪, 男, 博士, 副教授, 博士生导师, 主要从事水产动物遗传育种研究 E-mail:  
tiancx@gdou.edu.cn

## 基于转录组分析四指马鲛 (*Eleutheronema tetradactylum*) 感染哈维氏弧菌的免疫应答

王临娟<sup>1</sup>, 张卉娟<sup>1</sup>, 金敏旋<sup>1</sup>, 郑安娜<sup>1</sup>, 卢境恒<sup>1</sup>, 刘伟彬<sup>1</sup>, 张建东<sup>1</sup>, 汤保贵<sup>1</sup>, 黄建盛<sup>1</sup>, 王蓓<sup>1,2</sup>, 王忠良<sup>1,2,3,4\*</sup>

1. 广东海洋大学水产学院, 广东湛江 524088;

2. 广东省水生动物病害防控与健康养殖重点实验室, 广东湛江 524088;

3. 广东省海水鱼科技创新中心, 广东湛江 524088;

4. 广东省农业科技推广中心, 广东广州 510500

**摘要:** 四指马鲛 (*Eleutheronema tetradactylum*) 是一种具有重要经济价值的鱼类, 养殖生产中常因细菌性疾病尤其是哈维氏弧菌 (*Vibrio harveyi*) 造成重大经济损失。在本研究中, 我们采用 RNA 测序 (RNA-seq) 技术, 分析了四指马鲛感染哈维氏弧菌后肠道和肝脏的转录组响应, 并比较了对照组 (Cg) 与感染组 (Ig) 在肠道 (Cg-IN 与 Ig-IN) 和肝脏 (Cg-LI 与 Ig-LI) 中的差异。结果显示基因表达发生了显著变化: 肠道中检测到 2783 个差异表达基因 (DEGs, 其中 1831 个上调, 952 个下调), 肝脏中检测到 4940 个差异表达基因 (其中 2685 个上调, 2255 个下调)。KEGG 通路分析表明, 两种组织中均显著富集了与免疫相关的通路。在肠道中, 富集程度最高的通路是补体和凝血级联反应以及 IL-17 信号传导通路。在肝脏中, 除补体和凝血级联反应以及 IL-17 信号传导通路外, 还检测到另外四条免疫相关通路, 包括 NOD 样受体信号传导、Toll 和 Imd 信号传导、RIG-I 样受体信号传导以及 Toll 样受体信号传导通路。这些与免疫相关的信号通路凸显了四指马鲛对哈维氏弧菌感染所做出的协调免疫应答。此外, 对 9 个与免疫相关的差异表达基因 (DEGs) 进行的 qPCR 验证证实了 RNA-seq 数据的准确性, 两种方法观察到的表达模式一致。对四指马鲛哈维氏弧菌感染的转录组比较分析, 为进一步研究四指马鲛的免疫系统和防御机制提供了宝贵的数据和理论见解。

**关键词:** 四指马鲛; 哈维氏弧菌; 转录组; RNA 测序; 免疫应答

---

**资助项目:** 普通高校重点领域专项 (科技服务乡村振兴) (2023ZDZX4011), 广东省现代化海洋牧场适养品种核心技术攻关项目 (2024-MRB-00-001)

\*通讯作者, 王忠良, 教授, 主要从事四指马鲛 (马友鱼) 遗传育种与养殖模式研究

E-mail: wangzl@gdou.edu.cn

## 四指马鲛 (*Eleutheronema tetradactylum*) TRAF 基因家族的分子特征与表达分析

王临娟<sup>1</sup>, 潘逸霏<sup>1</sup>, 张卉娟<sup>1</sup>, 金敏旋<sup>1</sup>, 郑安娜<sup>1</sup>, 卢境恒<sup>1</sup>, 刘伟彬<sup>1</sup>, 张建东

<sup>1</sup>, 汤保贵<sup>1</sup>, 黄建盛<sup>1</sup>, 王蓓<sup>1,2</sup>, 王忠良<sup>1,2,3\*</sup>

1. 广东海洋大学水产学院, 广东湛江 524088

2. 广东省水生动物病害防控与健康养殖重点实验室, 广东湛江 524088;

3. 广东省海水鱼科技创新中心, 广东湛江 524088;

4. 广东省农业科技推广中心, 广东广州 510520

**摘要:** 肿瘤坏死因子受体相关因子 (TRAFs) 最初被鉴定为连接 TNF 受体与下游信号级联的接头蛋白, 随后被发现是多种受体家族的关键信号转导分子, 调控广泛的生物学过程。目前已在哺乳动物中鉴定出 7 个 TRAF 成员 (TRAF1~7), 并明确其在介导先天免疫反应中的重要作用。然而, 四指马鲛 (*Eleutheronema tetradactylum*) TRAF 在先天免疫中的功能意义尚不清楚。本研究在四指马鲛中鉴定了 8 个 TRAF 基因, 分别命名为 *EtTRAF2a*、*EtTRAF2b*、*EtTRAF2-like*、*EtTRAF3*、*EtTRAF4a*、*EtTRAF5*、*EtTRAF6* 和 *EtTRAF7*。全面序列分析显示, 所有 EtTRAF 均具有保守的结构特征, 包括 C 端 MATH 结构域和 N 端 RING 结构域, 其中 EtTRAF7 在 C 端还独有 7 个 WD40 重复结构域。通过实时荧光定量 PCR (qPCR) 进行的组织分布分析表明, 8 个 *EtTRAF* 基因在 8 种健康组织 (皮肤、肝脏、脑、鳃、脾脏、肾脏、心脏和肠道) 中均呈组成型表达, 且在肝脏和鳃中转录水平显著较高。此外, 脂多糖 (LPS) 刺激可显著调控 *EtTRAF* 表达的时序模式。综上所述, 本研究对四指马鲛 TRAF 的系统性分析为其在抗病原先天免疫防御中的潜在作用提供了重要见解, 并为未来开展硬骨鱼类 TRAF 介导信号传导的功能研究奠定了基础。

**关键词:** 四指马鲛; TRAF; 脂多糖; 免疫应答

**资助项目:** 广东省普通高校重点领域专项 (科技服务乡村振兴) (2023ZDZX4011), 广东现代化海洋牧场适养适养品种核心技术攻关项目 (2024-MRB-00-001)

\*通讯作者, 王忠良, 教授, 主要从事四指马鲛 (马友鱼) 遗传育种与养殖模式研究

E-mail: wangzl@gdou.edu.cn

## 四指马鲛 (*Eleutheronema tetradactylum*) 的近端粒到端粒基因组组装

张卉娟<sup>1</sup>, 潘逸霏<sup>1</sup>, 缪本勋<sup>1</sup>, 王临娟<sup>1</sup>, 郑安娜<sup>1</sup>, 金敏旋<sup>1</sup>, 张建东<sup>1</sup>, 汤保贵<sup>1</sup>, 王蓓<sup>1,2</sup>, 黄建盛<sup>1</sup>, 李静<sup>1</sup>, 庄棣华<sup>3</sup>, 王忠良<sup>1,2,4\*</sup>

1. 广东海洋大学水产学院, 广东湛江 524088;

2. 广东省水生动物疾病防控与健康养殖重点实验室, 广东湛江 524088;

3. 香港鱼类学会, 中国香港;

4. 广东省海水鱼科技创新中心, 广东湛江 524000

**摘要:** 四指马鲛 (*Eleutheronema tetradactylum*) 是一种广盐性鱼类, 分布于印度-西太平洋海域, 从波斯湾至澳大利亚。然而, 高质量基因组资源的缺乏限制了我们在进化、保护和水产养殖等领域的基因组水平研究。本研究利用 Pacific Biosciences (PacBio) 高保真 (HiFi) 测序、Oxford Nanopore Technologies (ONT) 超长读长和 Hi-C 染色质构象捕获技术, 首次完成了四指马鲛的近端粒到端粒 (T2T) 基因组组装。最终组装大小为 585.38 Mb, 包含 83 个 contigs, contig N50 为 22.14 Mb, 98.76% 的序列被锚定到 26 条染色体上。我们注释了 22,362 个蛋白编码基因, 并鉴定出重复序列占基因组的 18.09%。该高质量 T2T 组装在连续性和完整性上较已有基因组有显著提升, 为加速四指马鲛的遗传研究、推进分子育种及制定保护策略提供了宝贵资源。

**关键词:** 四指马鲛; 近端粒到端粒 (T2T) 基因组; PacBio HiFi 测序; ONT 超长读长; Hi-C 染色质构象捕获

**资助项目:** 广东省普通高校重点领域专项项目 (科技服务乡村振兴) (2023ZDZX4011)

\*通讯作者, 王忠良, 教授, 主要从事四指马鲛 (马友鱼) 遗传育种与养殖模式研究

E-mail: wangzl@gdou.edu.cn

## 凝结芽孢杆菌对四指马鲛幼鱼 (*Eleutheronema tetradactylum*) 生长性能、消化酶活性及肠道微生物群的影响

郑安娜<sup>1</sup>, 胡佳钦<sup>1</sup>, Evodia Moses Mkulo<sup>1</sup>, 金敏旋<sup>1</sup>, 王临娟<sup>1</sup>, 张卉娟<sup>1</sup>, 汤保贵<sup>1</sup>, 周辉<sup>1</sup>, 王蓓<sup>1,2</sup>, 黄建盛<sup>1</sup>, 王忠良<sup>1,2,3\*</sup>

1. 广东海洋大学水产学院, 广东湛江 254088;

2. 广东省水产动物病害防控与健康养殖重点实验室, 广东湛江 524088;

3. 广东省农业科技推广中心, 广东广州 510520

**摘要:** 本研究探讨了凝结芽孢杆菌 (*Bacillus coagulans*) T-21 对四指马鲛 (*Eleutheronema tetradactylum*) 幼鱼生长性能、肠道消化酶活性、肠道形态及肠道微生物群的影响。将初始体重为  $4.2 \pm 0.5$  g 的健康四指马鲛幼鱼喂食喷洒了  $1 \times 10^8$  cfu/g 凝结芽孢杆菌的基础饲料八周, 并测定了幼鱼的生长参数、肠道消化酶活性、HE 染色的肠道切片以及肠道微生物群。结果显示, 实验组与对照组 (喂食基础饲料) 之间的饲料转化率差异极显著 ( $p < 0.01$ ), 而增重率、特定生长率、存活率和体况因子的差异均显著 ( $p < 0.05$ )。在实验组中, 胰蛋白酶和淀粉酶活性显著降低, 但两组之间的脂肪酶活性无显著差异。与对照组相比, 实验组鱼类的肠绒毛更长, 但肠道微生物群落多样性及属水平的微生物物种在两组间未见显著差异 ( $p > 0.05$ )。根据功能预测分析, 实验组中糖类生物合成、代谢及消化系统通路的计数值显著增加 ( $p < 0.05$ )。然而, 其他功能通路的计数未见显著差异 ( $p > 0.05$ )。这些结果表明, 在饲料中添加凝乳芽孢杆菌有助于提高四指马鲛幼鱼的生长性能和肠道健康。

**关键词:** 四指马鲛; 凝结芽孢杆菌; 生长性能; 肠道菌群; 益生菌

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

\*通讯作者, 王忠良, 教授, 主要从事四指马鲛 (马友鱼) 遗传育种与养殖模式研究

E-mail: wangzl@gdou.edu.cn

## 解淀粉芽孢杆菌对石斑鱼虹彩病毒感染的干预及保护研究

高艳侠, 李鹏飞\*

广西海洋科学院 (广西红树林研究中心), 广西 530007

**摘要:** 本研究旨在从石斑鱼肠道筛选出具有抗 SGIV 活性的芽孢杆菌, 对其进行鉴定和益生特性评估, 为开发抗病毒制剂提供优质菌株储备。利用光学显微镜观察、结晶紫、实时荧光定量 PCR 技术、流式细胞术和 WB 等方法评估该菌代谢物对 SGIV 的抗病毒效果及作用机制。结果表明, 芽孢杆菌 E35 具有抗 SGIV 活性, 经形态学观察、生理生化和分子生物学综合鉴定其为解淀粉芽孢杆菌 (*Bacillus amyloliquefaciens*)。菌株 E35 具有产淀粉酶、纤维素酶和蛋白酶的能力, 且具有较强的耐酸、耐盐和耐胆盐能力, 在 pH 4.0、40‰盐度和 0.2%胆盐中均可生长; 对氟苯尼考、恩诺沙星等 20 中常见的抗生素敏感, 且具有良好的生物安全性。菌株 E35 代谢粗提物质量浓度  $\leq 0.5\text{mg/mL}$  时对石斑鱼脾脏细胞 (Grouper spleen cells, GS) 活力和形态结构无显著影响, 且能以浓度依赖方式抑制 SGIV 感染。E35 粗提物可直接作用于病毒粒子, 显著下调衣壳蛋白基因(*mcp*)和囊膜蛋白基因 (*vp19*) 的表达 ( $p < 0.01$ )、进而降低病毒滴度 ( $p < 0.05$ )。此外, E35 粗提物能干扰 SGIV 感染的多个阶段 (吸附、侵入与复制), 其中对吸附阶段最为显著。同时, E35 活菌投喂也具有抗 SGIV 效果, 能降低卵形鲳鲹感染死亡率, 且显著降低鱼体肝脏、脾脏和头肾等组织中病毒载量。综上, E35 及其代谢物对 SGIV 具有良好的抗病毒效果, 具有成为安全、高效的抗 SGIV 新型绿色生物渔药的潜力。

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

---

**资助项目:** 广西青年科学基金项目 (C 类) (2026GXNSFBA00640001); 广西青年科技人才工程 (GXYESS2025170); 国家自然科学基金 (32373175)

\*通讯作者, 李鹏飞, 男, 博士, 研究员, 博士生导师, 主要从事水产高效健康养殖

Tel: 15676188062, E-mail: pfli2014@126.com

## 表儿茶素抗石斑鱼虹彩病毒作用研究

黄琳, 李鹏飞\*

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

**摘要:** 石斑鱼虹彩病毒 (Singapore grouper iridovirus, SGIV) 是石斑鱼养殖业中危害性极强的病毒性病原之一, 给石斑鱼养殖业造成重大经济损失。目前暂未有商品化的药物应对 SGIV 的感染。为了寻找高效抗 SGIV 的药物, 本研究探究了黄酮类化合物表儿茶素 (Epicatechin, EC) 在 SGIV 感染中的作用及其作用机制。研究首先通过光学显微镜观察、细胞活力检测及免疫荧光实验确定 EC 在细胞中的安全工作浓度, 再利用结晶紫染色、实时荧光定量 PCR 等方法评估 EC 在细胞水平的抗 SGIV 效果, 并通过活体实验进一步验证 EC 的抗病毒效果。然后通过实时荧光定量 PCR、流式细胞术等分析 EC 抗 SGIV 的直接和间接作用机制。结果发现, EC 在体外和体内均对 SGIV 具有浓度依赖性的抗病毒作用, 它能提高感染 SGIV 石斑鱼幼鱼的存活率, 降低石斑鱼幼鱼脾脏和肝脏组织中的病毒载量。EC 可通过与 SGIV 病毒粒子相互作用, 干扰 SGIV 感染细胞过程中的侵入和复制阶段抑制 SGIV 的感染。此外, EC 还能够上调干扰素系统相关基因 (IFN、TRAF6、ISG15、IRF3、IRF7、TLR9 和 myd88) 的表达, 下调与炎症相关基因 TNF- $\alpha$  和 IL1- $\beta$  的表达, 并抑制 SGIV 诱导的细胞凋亡发挥抗 SGIV 的作用。综上, EC 对 SGIV 具有良好的抗病毒效果, 具有成为高效抗 SGIV 候选药物的潜力, 本研究为开发用于 SGIV 预防和控制的环境友好型渔药提供了理论基础。

**关键词:** 表儿茶素; 石斑鱼虹彩病毒; 抗病毒活性; 抗病毒机制

---

**资助项目:** 国家自然科学基金项目 (32373175), 广西杰青基金项目 (2024GXNSFFA010017)

\*通讯作者, 李鹏飞, 男, 博士, 研究员, 博士生导师, 从事水产高效生态养殖技术的研究

Tel: 15676188062, E-mail: [pfli2014@126.com](mailto:pfli2014@126.com)

## 海水鱼无特定病原 SPF 苗种全工厂标准化培育技术

李鹏飞\*, 黄琳, 高艳侠, 余庆, 刘明珠

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

**摘要:** 水产病毒性病害是制约海水鱼类苗种繁育与健康养殖的核心瓶颈。传统抗病毒药物存在抗病毒谱窄、靶向性差、细胞毒性高及递送效率低等共性缺陷, 全球迄今无水产专用抗病毒药物获批上市。因此, 开发新型广谱抗病原药物并构建系统化防控体系, 是产业转型升级的迫切需求。

核酸适体作为新一代靶向识别分子, 具有高亲和力、高特异性、可程序化修饰及低成本合成等优势。在前期研究中, 本团队基于 AHTS 技术, 分析了  $\geq 1000$  种药用植物及活性成分的抗病毒效果, 发现了八角、肉桂、绿茶、酸枣仁等一系列抗病毒效果显著的药用植物及活性成分。随后, 以核酸适体技术为核心, 融合现代药学递送策略与功能材料学, 研发出抗海水鱼病毒靶向给药技术, 基于该技术构建“名优海水鱼苗种全工厂标准化智慧培育技术体系”。该体系在实时监测种苗病害基础上, 利用抗石斑鱼病毒的靶向给药技术, 精准清除活体病毒, 获得石斑鱼无特定病原种苗(SPF)。

该体系集成病原快速检测预警、靶向抗病毒干预、养殖环境智能管控及标准化生产工艺, 实现全链条智慧化管控, 将石斑鱼等名优海水鱼苗种 30 天的孵化成活率提高至 70%、标粗成活率突破性提升至 90%以上, 成功破解无特定病原(SPF)苗种全工厂化、规模化培育的重大难题。该成果荣获广西科技进步二等奖 1 项, 授权发明专利 52 件, 完成 4000 余万元重大科技成果转化, 为我国渔业高质量发展和“一带一路”水产科技合作提供了有力技术支撑。

**关键词:** 苗种培育; 核酸适体; 靶向给药; 标准化智慧培育; SPF

---

**资助项目:** 国家自然科学基金项目(32373175); 国家重点研发计划项目(2022YFD2401200); 广西杰青基金项目(2024GXNSFFA010017)

\*通讯作者, 李鹏飞, 男, 博士, 研究员, 博士生导师, 从事水产苗种繁育与高效生态养殖技术的研究

E-mail: pfli2014@126.com

## 肝脏转录组揭示了细点石斑鱼 (*Epinephelus cyanopodus*) 对哈维氏弧菌的免疫应答机制

陈巧怡<sup>1</sup>, 高阿龙<sup>1</sup>, 黄玉坤<sup>1</sup>, 胡雪勤<sup>1</sup>, 吴锦辉<sup>2</sup>, 舒琥<sup>1\*</sup>

1. 广州大学, 生命科学学院, 广东广州 510006;

2. 广东省农业技术推广中心, 广东广州 510520

**摘要:** 细点石斑鱼 (*Epinephelus cyanopodus*) 是一种重要的经济鱼类, 其口感鲜美、营养丰富倍受消费者喜爱。随着集约化养殖模式的推广, 养殖过程中问题频发, 例如高密度养殖环境下未消耗的食物和粪便的积累导致病原菌的爆发, 使鱼类疾病频发, 严重限制了养殖产业的可持续发展。本研究通过将低氧 6 h 后耐受的石斑鱼进行复氧处理, 分别注射等体积的 PBS 缓冲液 (RC 组) 和  $1 \times 10^5$  CFU/mL 哈维氏弧菌 (*Vibrio harveyi*) (RI 组), 处理时间为 0、3、6、12、24、48、72 h (RC0-72, RI0-72), 检测攻毒后石斑鱼免疫应答、细胞凋亡基因在免疫组织的表达情况, 探究免疫相关通路的作用的机制。肝脏转录组共鉴定出 10,085 个与免疫应答相关的 DEGs, 其中 RI3 和 RI6 组鉴定出较多 DEGs。KEGG 通路富集分析表明, DEGs 主要富集在攻毒后 3 h 和 6 h, 这些通路主要和免疫反应、细胞凋亡和修复相关。关键的通路有 PI3K-Akt、Toll 样受体、细胞凋亡、p53、cAMP、FoxO、MAPK 信号通路等。这些通路上的 DEGs 主要参与细胞凋亡的调控 (*bax*, *bcl2*, *casp3*, *casp9*), 激活炎症反应 (*cxcl2*, *cxcr1*, *il1b*, *irf3*, *irf4*), 使机体在应激环境下保持细胞稳态。肝脏、头肾的 qRT-PCR 结果显示攻毒 3 h、6 h 后, 凋亡、炎症相关基因显著表达; 抗氧化 (SOD、CAT、GSH-Px)、免疫应答 (ACP、AKP、AST、ALT) 相关酶在攻毒 3 h、6 h 后显著表达, 这些结果可以认为 3-6 h 是细点石斑鱼免疫应答关键时间。

**关键词:** 细点石斑鱼; 哈维氏弧菌; 转录组; 免疫反应; 细胞凋亡

**资助项目:** 广东省现代化海洋牧场适养品种核心技术攻关项目 (NJTG-20260058, NJTG-20240390)

作者简介, 陈巧怡, 硕士研究生, 研究方向: 鱼类生理学。E-mail: 846874609@qq.com

\*通讯作者, 舒琥, 教授, 博导, 博士。E-mail: shuhu001@126.com

**资助项目:** 中国博士后科学基金(2025M772603); 广东现代化海洋牧场候选物种育种技术研究(2025-MRB-00-001, NJTG-20260058); 中国-东盟渔业资源保护与开发利用项目(CAMC-2018F); 国家自然科学基金(No. 42177262)

## **Analysis of Genetic Diversity in Speckled Blue Grouper (*Epinephelus cyanopodus*) Based on Whole-Genome Resequencing Technology**

HU Xueqin<sup>1</sup>, HUANG Yukun<sup>1</sup>, ZHENG Xiyin<sup>1</sup>, WU Jinhui<sup>2</sup>, HAN Chong and SHU Hu<sup>1\*</sup>

1. Key Laboratory of Conservation and Application in Biodiversity of South China, School of Life Sciences, Guangzhou University, Guangzhou 510006

2. Agro-Tech Extension Center of Guangdong Province, Guangzhou 510520

**Abstract:** To assess the current genetic status of cultured populations of the speckled blue grouper (*Epinephelus cyanopodus*) in China and to provide a scientific basis for the selective breeding of superior strains, this study utilized single nucleotide polymorphism (SNP) loci screened via whole-genome resequencing technology to analyze the genetic diversity and population genetic structure of 90 *E. cyanopodus* samples collected from six cultured populations in southeastern China. Comprehensive evaluation of various genetic diversity parameters indicated that all populations exhibited moderate genetic diversity with minor differences among them. Population structure analysis revealed weak genetic differentiation among populations, suggesting that anthropogenic introduction and translocation practices may be the primary factors contributing to the unclear population genetic structure. Additionally, this study identified a number of key genes associated with energy metabolism, muscle development, and environmental adaptation. The findings provide important theoretical foundations for the broodstock selection and scientific aquaculture of *E. cyanopodus*.

**Keywords:** *Epinephelus cyanopodus*; SNP; aquaculture genetics; population structure

---

\*通讯作者, 舒琥, 教授, 主要从事经济鱼类繁殖育种研究

E-mail: 15918723146@163.com; shuhu001@126.com

## 肝脏转录组分析揭示急性低氧应激下赤点石斑鱼 (*Epinephelus akaara*) 的生理响应机制

黄玉坤<sup>1</sup>, 陈巧怡<sup>1</sup>, 胡雪勤<sup>1</sup>, 吴锦辉<sup>2</sup>, 高阿龙<sup>1\*</sup>, 舒琥<sup>1\*</sup>

1. 广州大学生命科学学院, 广东广州 510006;

2. 广东省农业技术推广中心, 广东广州 510520

**摘要:** 赤点石斑鱼 (*Epinephelus akaara*) 是亚太地区水产养殖业中具有较高商业价值的养殖品种之一。然而赤点石斑鱼在集约化养殖和活鱼运输过程中普遍存在急性低氧现象, 这严重阻碍了赤点石斑鱼养殖业的快速发展。本研究对赤点石斑鱼低氧 ( $0.6 \pm 0.1 \text{ mg/L}$ ) 1、3、6 和 9 h 后的肝脏组织进行了转录组测序。KEGG 富集分析显示, 在低氧处理组 (Hy6 和 Hy9) 中, IL-17、HIF-1、TNF 和 PI3K/Akt 等关键信号通路显著富集。qRT-PCR 结果显示, 在急性低氧处理 6 h 和 9 h, 肝脏和脑中与能量代谢、免疫反应和细胞凋亡相关的基因发生了显著变化。此外, 三种代谢相关酶 (GLU、LDH 和 PK) 和两种免疫相关酶 (ALT 和 AKP) 均在 6 h 和 9 h 发生显著变化, 表明 6–9 h 是赤点石斑鱼生理应激的关键时期。综上所述, 这些结果表明赤点石斑鱼通过调节能量代谢、免疫反应和细胞凋亡来介导机体对低氧胁迫的耐受和适应。本研究丰富了赤点石斑鱼适应急性低氧的调控机制, 并有助于耐低氧赤点石斑鱼品系的选育。

**关键词:** 赤点石斑鱼; 低氧; 转录组测序; 肝脏

---

**资助项目:** 中国博士后科学基金(2025M772603); 广东现代化海洋牧场候选物种育种技术研究 (NJTG-20260058, NJTG-20240390); 中国 - 东盟渔业资源保护与开发利用项目 (CAMC-2018F); 国家自然科学基金(No. 42177262)

\*通讯作者, 舒琥, 教授, 博导, 主要从事经济鱼类繁殖育种研究

E-mail: shuhu001@126.com

## 基于全基因组重测序的网纹刺鲃 (*Mastacembelus favus*) 性别特异性标记开发及 XY 性别决定系统鉴定

张立南, 陈一漫, 盛浩, 韩崇, 舒琥\*

广州大学生命科学学院, 广东广州 510006

**摘要:** 网纹刺鲃(*Mastacembelus favus*)是一种具有较高经济价值和水产养殖潜力的淡水鱼类。然而,其性别决定机制尚不明确,严重制约了其单性养殖和性别控制育种的发展。为解决这一问题,本研究利用二代测序技术初步构建了雌性和雄性参考基因组,并对 4 尾雌鱼和 4 尾雄鱼进行了全基因组重测序。通过序列比对分析,共鉴定到 69 条雄性特异性序列,总长度约为 44.5 kb。基于这些序列,共开发了 2 个基于 PCR 的性别特异性分子标记(W5 和 W14),能够在亲本及人工繁育的子代群体中 100%正确验证遗传性别,证明了网纹刺鲃为雄性异配(XY)性别决定系统。尽管这两个标记在近缘种大刺鲃(*Mastacembelus armatus*)中并不通用,但相关的雄性特异性序列表现出极高的保守性。总之,本研究为网纹刺鲃的遗传性别鉴定提供了可靠的分子工具,这些工具将有助于单性养殖和性别控制育种计划的实施,同时也为刺鲃属鱼类的性别决定和性染色体演化研究提供了新的见解。

**关键词:** 网纹刺鲃; 全基因组重测序; 性别特异性分子标记; 大刺鲃

---

**资助项目:** 2024 年省级乡村振兴战略种业振兴项目(2024-SPY-00-016,2022-SPY-00-017); 广东省科技计划项目(2019B030316022); 中国-东盟海上合作基金(CAMC-2018F)资助

\*通讯作者, 舒琥, 广州大学生命科学学院, 教授, 博导, 主要从事鱼类遗传育种

E-mail: shuhu001@126.com

## 热带条件下鹤顶红金鱼的繁殖特性

樊炽杨<sup>1</sup>, 鲁青瑶<sup>1</sup>, 莫业鸿<sup>1</sup>, 叶鼎<sup>1,2\*</sup>

1. 海南大学 海洋生物与水产学院, 海南海口 570228;

2. 淡水渔业海南省工程研究中心, 海南海口 570228

**摘要:** 鹤顶红金鱼 (*Carassius auratus cv. Red Cap Oranda*) 属于鲤科, 鲫属, 是一种鲤科观赏鱼类。为探究热带气候条件下鹤顶红的繁殖特性, 并为将其打造为鲤科鱼类通用借腹生殖代孕受体鱼奠定科学基础, 本研究在海南开展了系统性的性腺发育与繁殖生物学观测。结果表明: (1) 鹤顶红金鱼在海南约 6 月龄即可达性成熟, 且在追踪期内持续维持性腺成熟状态, 打破了温带地区的季节性繁殖模式; (2) 雌鱼周期性产卵, 产卵间隔在 3~15 天, 多数为 5 天, 短于温带条件下的产卵间隔; (3) 雄鱼在与雌性分开饲养条件下, 在追踪期内维持成熟精子发生, 但体表追星缺失, 提示成熟精子发生与追星形成在热带条件下发生解耦; (4) 在 5—6 月繁殖高峰期对 45 尾雌鱼 (每 2 d 全群触诊) 与 20 尾雄鱼 (每月挤精) 进行密集观测, 数据统计显示: 单次产卵量  $1459 \pm 881$  粒, 精液体积  $147.3 \pm 93.7 \mu\text{L}$ , 成熟精子比例  $86.9\% \pm 7.6\%$ , 孵化率  $68.2\% \pm 20.5\%$ 。上述结果表明, 利用海南热带气候可实现鹤顶红金鱼的高效扩繁与种质供应, 为建立基于鹤顶红代孕的鲤科鱼类种质保存和扩繁提供了关键基础数据与理论支撑。

**关键词:** 鹤顶红金鱼; 热带气候; 繁殖特性

---

资助项目: 国家重点研发计划课题 (2023YFF0724602)

\*通讯作者, 叶鼎, 教授; 研究方向: 鱼类高效繁育与遗传育种

E-mail: yeding@hainanu.edu.cn

## 石斑鱼生殖干细胞命运调控机制与生殖细胞移植技术研究

姜高伟<sup>1</sup>, 叶鼎<sup>1</sup>, 孙永华<sup>1,2,3\*</sup>

1. 海南大学海洋生物与水产学院, 海南海口 570228;

2. 水产品种创制与高效养殖全国重点实验室, 湖北洪山实验室, 中国科学院水生生物研究所, 湖北武汉 430072;

3. 中国科学院大学现代农业科学学院, 北京 100049

**摘要:** 鞍带石斑鱼 (*Epinephelus lanceolatus*) 是重要的名贵海水鱼类, 也是石斑鱼杂交育种的关键父本。然而, 该物种具有雌雄同体现象, 雄性亲本获得困难, 严重制约种业发展。本研究围绕鞍带石斑鱼性别分化机制与生殖干细胞移植技术开展系统研究。首先, 构建了性腺发育精细图谱, 明确其具有典型的双雄型雌雄同体现象, 但原发雄性性成熟早于雌性。2 龄为原发雄性发育的关键窗口, 约 38% 个体可直接发育为原发雄性。RNA 测序鉴定出由 *dmrt1*、*amh*、*gsdf*、*inha* 和 *igf3* 为核心组成的原发雄性发育关键调控网络。单分子荧光原位杂交和单细胞转录组分析显示, *zbtb26* 与 *dmrt1* 在生殖干细胞及性腺体细胞中共表达。双荧光素酶报告和染色质免疫共沉淀实验表明, *Zbtb26* 可结合 *dmrt1* 启动子预测基序区域, 并以剂量依赖方式激活其转录, 提示其可能参与生殖干细胞分化和原发雄性形成。在移植技术方面, 本研究完成了 *nanos2* 基因鉴定、表达分析及特异性抗体制备, 依托生殖干细胞超低温冻存库, 构建了涵盖生殖干细胞精准识别、长期保存、复苏与高效制备的一体化技术体系。此外, 进一步建立了石斑鱼胚胎显微注射、基因敲除和转基因技术, 构建了基于 *dnd1* 敲除的不育受体制备技术, 并在多种鱼类中开展生殖干细胞移植, 获得初步定植。综上, 本研究深化了对鞍带石斑鱼雌雄同体形成及生殖干细胞调控机制的认识, 为构建基于生殖干细胞移植和基因编辑的前沿育种体系奠定了理论与技术基础。

**关键词:** 鞍带石斑鱼; 原发雄性; 性别分化; 生殖干细胞; 生殖干细胞移植

资助项目: 国家重点研发计划(2024YFD2402500); 海南省重点研发计划(ZDYF2024XDNY 256); 国家自然科学基金(32560892); 海南大学科研启动基金(XJ2400010825)

\*通讯作者, 孙永华, 研究员, 主要从事鱼类生殖细胞发育与前沿育种技术研究

E-mail: [yhsun@ihb.ac.cn](mailto:yhsun@ihb.ac.cn)

## 方斑东风螺饲料效率性状的精准表型测定、遗传定位与多组学解析

朱妍云<sup>1</sup>, 李梦洋<sup>1</sup>, 吴江雄<sup>1</sup>, 刘春胜<sup>1,2</sup>, 王爱民<sup>1</sup>, 顾志峰<sup>1,2</sup>, 於锋<sup>1,2\*</sup>

1. 海南大学海洋生物与水产学院, 海南海口 570228;

2. 海南大学三亚南繁研究院, 海南三亚 572022

**摘要:** 饲料效率是决定方斑东风螺 (*Babylonia areolata*) 养殖成本和遗传改良效益的核心经济性性状, 但个体摄食量难以连续、规模化量化, 限制了该性状的遗传解析与育种利用。本研究构建了可在个体隔离与群体养殖模式间切换的模块化测评系统, 单批次可完成 500 只以上个体的独立饲养、精准投喂和连续追踪。以 315 只海南养殖群体为对象开展 60 d 测定, 获得 285 只个体的完整生长与摄食表型, 计算日摄食量、饲料效率比 (feed efficiency ratio, FER) 和剩余采食量 (residual feed intake, RFI) 等指标。FER 为  $0.321 \pm 0.047$ , RFI 为  $0.007 \pm 2.022$ ; FER 与平均日增重、壳高及湿重特定生长率呈显著正相关, 与日摄食量呈弱负相关, 表明饲料效率差异主要体现为单位摄食投入所获得的生长收益不同。基于匹配的有效表型与全基因组重测序数据, 采用校正群体结构的混合线性模型对 7 个相关性状开展全基因组关联分析, 初步获得 20 个候选区域, 涉及 15 个候选基因。进一步选取高、低 FER 极端个体, 开展肠道组织学、肠道微生物组、肝胰腺非靶向代谢组和 DIA 蛋白质组分析。初步结果表明, 高、低效率个体在肠道组织结构、部分微生物类群及宿主营养代谢相关分子特征方面存在差异, 涉及营养物质转运、氨基酸和小肽代谢、蛋白水解调控及组织结构维持等过程。本研究构建了“精准表型测定—遗传定位—极端表型多组学解析”的研究链条, 为方斑东风螺高饲料效率种质筛选、候选标记开发及新品系选育提供基础。

**关键词:** 方斑东风螺; 饲料效率; 精准表型; 遗传定位; 多组学

---

**资助项目:** 海南省重点研发(ZDYF2026XDNY173), 海南省自然科学基金(323QN197), 海南省现代农业产业技术体系(HNARS-10-Z03)

\*通讯作者, 於锋, 副教授, 主要从事贝类遗传育种与逆境生物学研究  
电话: 18759231721; E-mail: fengyu2022@hainanu.edu.cn

## Identification of Body Color-Related QTLs in Leopard Coral Grouper (*Plectropomus leopardus*) Based on GWAS and the HSV Color System

YANG Yang<sup>1,2,3</sup>, WANG Tong<sup>3</sup>, ZENG Leilei<sup>3</sup>, LUO Fuli<sup>2</sup>, CHEN Zhennian<sup>2</sup>, CHEN Jingfang<sup>1,4\*</sup>, MENG Zining<sup>3</sup> and LIU Xiaochun<sup>3</sup>

1. College of Fisheries and Life Science, Hainan Tropical Ocean University, Sanya 572000

2. Key Laboratory of Tropical Marine Fish Germplasm Innovation and Utilization, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Hainan Engineering Research Center for Germplasm Innovation and Utilization, Hainan Chenhai Aquatic Co., Ltd., Sanya 572025

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

4. Yazhou Bay Innovation Institute, Sanya 572025

**Abstract:** Body color is an important economic trait for leopard coral grouper, as it directly affects market price. In order to improve the traits in leopard coral grouper, the regulatory mechanism of body color is essential to explore. In the research, the QTLs associated with body color in leopard coral grouper were detected using genome-wide association study analysis with a mixed population. Meanwhile, the HSV (Hue, Saturation, Value) color model was employed to quantify leopard coral grouper body color as continuous variables. In the results, four candidate genes associated with body color were found; these genes were involved in chromatophore distribution, contraction and dilation, carotenoid oxidation, pigment cell proliferation and development, and immune-related processes.

**Keywords:** *Plectropomus leopardus*; body color; GWAS

---

资助项目：海南省“南海新星”科技创新人才平台项目（NHXXRCXM202374）

\*通讯作者，陈静芳，讲师，主要从事鱼类遗传育种

mail: chenjf@hntou.edu.cn

## 多组学联合分析三疣梭子蟹肌肉生长调控机制研究

康现江\*, 康彤旭, 张晨, 张吉顺, 万海付, 崔晓东

河北大学生命科学学院, 河北保定 071000

**摘要:** 三疣梭子蟹 (*Portunus trituberculatus*) 是我国重要的海水养殖经济蟹类, 体重是决定养殖效益的核心性状, 且个体间体重差异主要源于肌肉湿重。为系统解析肌肉生长发育的调控机制, 本研究以第四代全同胞家系极端生长群体为材料, 整合转录组、蛋白质组和代谢组开展多组学分析, 并结合组织学观察、群体关联分析和 RNAi 功能验证进行系统解析。组织学观察显示, 快速生长群体的肌纤维横截面积 ( $2428.83 \pm 1461.56 \mu\text{m}^2$ ) 及线粒体丰度 ( $6.12 \text{ 个}/\mu\text{L}$ ) 均显著高于对照组 ( $944.64 \pm 444.53 \mu\text{m}^2$  和  $1.64 \text{ 个}/\mu\text{L}$ ), 增幅达 1.57 倍与 2.73 倍 ( $P < 0.05$ ), 提示肌肉增殖与线粒体氧化供能是生长优势的核心基础。分子层面, 生长期与成熟期呈现动态调控特征: 前者共筛选出 899 个差异基因 (集中于糖酵解与 PI3K-Akt 轴) 及 273 个差异蛋白 (富集于 DNA 复制与核糖体通路); 后者则鉴定到 446 个差异基因 (细胞粘附与 PPAR 信号) 及 127 个差异蛋白 (Notch 与 AMPK 通路)。代谢组学进一步锁定 148 种差异代谢物, 其中快速生长组内与脂肪酸氧化相关的长链酰基肉碱及其限速酶系统 (CPT 家族成员) 的转录水平均协同上调。群体关联分析显示定位到一个与体重及全甲宽显著关联的 SNP ( $P < 0.05$ )。靶向沉默该限速酶基因致使群体平均体重较对照下降 5.84% ( $148.34 \pm 37.85 \text{ g}$  vs  $157.54 \pm 31.62 \text{ g}$ ,  $P < 0.05$ ); 而外源性补充该长链酰基肉碱代谢物则使体重显著提升 29.26% ( $203.63 \pm 23.09 \text{ g}$  vs  $157.54 \pm 31.62 \text{ g}$ ,  $P < 0.05$ )。本研究通过多组学联合分析, 系统揭示了能量代谢、细胞增殖及信号转导协同调控蟹类肌肉生长的分子网络, 并筛选出与生长性状显著关联的 SNP 及关键基因靶点。本研究为三疣梭子蟹分子标记辅助育种及功能性饲料开发提供了理论依据。

**关键词:** 三疣梭子蟹; SNP; 肌肉生长; 多组学

**资助项目:** 河北省重点研发计划项目 (21326307D)

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

E-mail: xjkang@126.com

## miR-200a/miR-141 在锦鲤红色体色中的调控机制研究

单雅诗, 王乐楠, 魏佳豪, 田雪

河南师范大学水产学院, 河南新乡 453007

**摘要:** miR-200a/miR-141 是 miR-200 亚家族成员之一, 已被鉴定在皮肤中保守表达, 参与胚胎皮肤发育和器官形成。尽管已有研究证实 miR-200a/miR-141 可影响角质形成细胞增殖参与表皮稳态的调控, 但 miR-200a/miR-141 在红黄色素细胞增殖和体色形成中的功能尚不清楚。为了解析 miR-200a/miR-141 在锦鲤红色体色中的调控机制, 我们首先检测了 miR-200a/miR-141 的时空表达模式。随后, 通过体内敲低和 RNA-seq 技术, 分析红色体色与转录组变化之间的关系; 并采用 TUNEL 和免疫组化实验进一步阐明了 miR-200a/miR-141 在锦鲤红色体色形成中的关键作用。结果显示, miR-200a/miR-141 在富含黄色素细胞和红色素细胞的组织中高表达。抑制 miR-200a/miR-141 后, 黄色素细胞和红色素细胞数量显著减少, 类胡萝卜素和蝶啶色素水平也随之下落, 导致色素减退和颜色表型变浅。与色素细胞分化和色素合成相关的基因在 miR-200a/miR-141 antagomir 处理后也表现出下调趋势。相反, 包括转化生长因子 $\beta$  (*tgf- $\beta$* ) 和泛素结构域蛋白 2 (*ubtd2*) 在内的促凋亡基因在 miR-200a/miR-141 抑制后显著上调。TUNEL 与色素细胞标志物的共定位进一步证实, miR-200a/miR-141 缺失触发了细胞凋亡, 导致黄色素细胞和红色素细胞减少, 最终使红色体色变浅。本研究揭示了 miR-200a/miR-141 在红黄色素细胞增殖和色素沉着中的关键作用, 抑制 miR-200a/miR-141 会破坏色素细胞稳态, 导致颜色表型变异。该研究不仅对阐明 miR-141-3p 在硬骨鱼类体色形成中的调控机制具有重要意义, 也为鱼类体色的遗传改良探索提供了潜在途径。

**关键词:** miRNAs; 体色; 鱼类; 红黄色素细胞

资助项目: 国家自然科学基金 (31402294, 32273149); 河南省农业农村厅水产种业科技攻关项目

\*通讯作者, 田雪, 副教授, 主要从事水产动物遗传育种

E-mail: tianxue@htu.cn

## **The down-regulation of miR-200a subfamily inhibits red coloration through chromatophores apoptosis and aberrant pigmentation in koi carp (*Cyprinus carpio* L.)**

Wang Lenan, Shan Yashi, Wei Jiahao, Tian Xue

*College of Fisheries, Henan Normal University, Xinxiang 453007*

**Abstract:** miR-200a/miR-141 as a member of miR-200 family have been identified conservatively expressed in skin involving in embryonic skin development and organogenesis. Although miR-200a/miR-141 regulate epidermal homeostasis by influencing keratinocyte proliferation, the functions of miR-200a/miR-141 in chromatophores proliferation and coloration are still unknown. To address this issue, we firstly detected the spatio-temporal expression pattern of miR-200a/miR-141. Then, in vivo knockdown and RNA-seq were performed to investigate the relationship between color phenotype and transcriptomic alterations. TUNEL and immunohistochemistry assays were employed to further illustrate the critical role of miR-200a/miR-141 in koi carp coloration. The results showed that miR-200a/miR-141 was highly expressed in the tissues with abundant xanthophores and erythrophores. Inhibition of miR-200a/miR-141 significantly decreased the numbers of xanthophores and erythrophores, as well as the levels of carotenoid and pteridine pigments, which resulted in hypopigmentation and a lighter color phenotype. The expression of genes associated with chromatophore differentiation and pigment synthesis also exhibited similar trend following the miR-200a/miR-141 antagomir treatment. In contrast, the proapoptotic genes, including transforming growth factor beta (*tgf- $\beta$* ) and ubiquitin domain-containing protein 2 (*ubtd2*), were dramatically upregulated after miR-200a/miR-141 suppression. The TUNEL and chromatophore marker co-localization further demonstrated that miR-200a/miR-141 absence triggered apoptosis, leading to a decline in xanthophores and erythrophores. Our

---

资助项目：国家自然科学基金（31402294, 32273149）；河南省农业农村厅水产种业科技攻关项目

通讯作者，田雪，副教授，主要从事水产动物遗传育种

E-mail: tianxue@htu.cn

findings revealed the essential role of miR-200a/miR-141 in chromatophore proliferation and pigmentation, especially in xanthophores and erythrophores. Inhibition of miR-200a/miR-141 disrupts the chromatophore homeostasis, leading to color phenotypic variation. This study is not only crucial for elucidating the regulatory mechanisms of miR-200a/miR-141 in teleost pigmentation but also for exploring potential genetic improvements for fish color.

**Keywords:** miRNAs; coloration; fish; xanthophores/erythrophores

## *nppc* 在大口黑鲈卵巢发育中的表达和功能研究

方佳英<sup>1</sup>, 王月颖<sup>1</sup>, 张紫涵<sup>1, 2</sup>, 赵宇龙<sup>1, 2</sup>, 于智鑫<sup>1, 2</sup>, 李承悻<sup>1, 2</sup>, 刘慧芬<sup>1\*</sup>

河南师范大学水产学院, 河南新乡 453007

**摘要:** 大口黑鲈是我国重要的淡水经济养殖鱼类, 其产卵类型为分批不同步产卵, 繁殖周期较长。目前, 鱼类卵母细胞减数分裂成熟的研究机制尚不完全清楚。研究表明, C 型利钠肽 (C-type natriuretic peptide, NPPC) 是利钠肽家族的一员, 在哺乳动物卵母细胞减数分裂阻滞中发挥关键作用, 在硬骨鱼类中的功能及分子调控机制仍尚不明确。本研究通过 qRT-PCR 检测 *nppc* 及其受体基因 (*npr1*、*npr2*、*npr3*) 在大口黑鲈不同发育时期卵巢中的表达模式, 结果显示, *nppc* 及其受体基因 (*npr1*、*npr2*、*npr3*) 均在卵黄蛋白原合成期 (IVm) 表达量最高。细胞孵育实验显示, Nppc 重组蛋白孵育后, 卵母细胞中 *npr2* 与 *wee1* 表达量显著上调 ( $P < 0.05$ ), 减数分裂成熟相关基因 *cdk1*、*ccnb1*、*ccnb2*、*ccnb3*、*pde3a* 及 *cdc25b* 显著下调 ( $P < 0.05$ )。ELISA 检测显示卵母细胞内 cGMP 含量显著升高 ( $P < 0.05$ ), 说明 CNP-NPR2-cGMP 是调控大口黑鲈卵母细胞减数分裂阻滞的关键因子。为进一步解析 *nppc* 基因在大口黑鲈卵巢发育中的功能, 通过 RNAi 技术干扰 *nppc* 基因的表达。组织学分析显示, *nppc*-siRNA 组卵母细胞数量减少, 初级生长期 (II 期) 卵母细胞占比显著降低 ( $P < 0.05$ )。转录组测序分析显示, 差异表达基因主要富集于雌激素信号通路 (Estrogen signaling pathway)、卵巢类固醇生成 (Ovarian steroidogenesis)、cGMP-PKG 信号通路 (cGMP-PKG signaling pathway)、视黄醇代谢 (Retinol metabolism)、钙信号通路 (Calcium signaling pathway)、Wnt 信号通路 (Wnt signaling pathway)、cAMP 信号通路 (cAMP signaling pathway)、MAPK 信号通路 (MAPK signaling pathway)、细胞凋亡等信号通路。TUNEL 检测显示, *nppc*-siRNA 组颗粒细胞出现明显的凋亡信号。综上所述, *nppc* 在大口黑鲈卵母细胞中维持减数分裂阻滞, 通过调控 cGMP 相关信号通路影响卵巢发

育。本研究为深入探究 *nppc* 在大口黑鲈卵巢发育中的功能提供了重要基础, 同时也为揭示分批不同步产卵鱼类的生殖发育分子调控机制提供了一定理论参考。

**关键词:** 大口黑鲈; *nppc*; 卵巢发育; RNA 干扰

**资助项目:** 国家自然科学基金(32202899)

通讯作者, 刘慧芬, 副教授, 主要从事鱼类性别决定与分化、鱼类性腺发育及遗传育种

E-mail: huifen\_liu@126.com

## 不同水流强度对黄河鲤生长、生理健康和肌肉品质的影响研究

王磊\*, 冯荻, 刘莹, 王硕, 王梦娇, 许宇悦

河南师范大学水产学院, 河南新乡 453000

**摘要:** 为系统研究不同水流强度对黄河鲤 (*Cyprinus carpio haematopterus*) 生长性能、生理健康、肌肉品质及分子调控机制的影响, 并评估停止水流后的持续效应。本研究选取 480 尾初始体重为 60 g 左右的黄河鲤, 随机分为对照组 (3 cm/s) 和 1、2、3 bl/s (体长/秒) 水流处理组, 进行 12 周持续水流养殖后停止水流 12 周。测定其生长性能、血清生化、肝胰脏抗氧化、肠道消化酶、组织学指标及肌肉理化特性; 对 3 bl/s 组与对照组进行肌肉转录组、全基因组重亚硫酸盐测序及 qPCR 验证。结果表明, 3 bl/s 组特定生长率和增重率最高, 脏体比最低, 但停流后生长差异消失。生理上, 1 bl/s 和 2 bl/s 增强了黄河鲤抗氧化能力 (CAT、T-AOC) 和免疫力, 降低了转氨酶; 3 bl/s 提高了脂肪酶活性和肠绒毛长度, 但也提高了皮质醇和肝脏促炎基因表达, 提示过度应激。1 bl/s 提高肌纤维密度、持水力及有益脂肪酸 ( $\Sigma$  PUFA、EPA+DHA) 含量; 3 bl/s 组总氨基酸和香甜型挥发物最高, 停流后仍保持氨基酸质量优势。分子机制方面, 3 bl/s 诱导肌肉能量代谢网络 (糖酵解、丙酮酸代谢等通路) 重塑, 并伴随启动子区 DNA 甲基化修饰及候选基因 *LOC109094644* 和 *bcor11* 的差异表达。研究为循环水养殖系统水流参数优化、黄河鲤肌肉品质提升及遗传育种研究提供了理论和实践依据。

**关键词:** 黄河鲤; 水流; 生长; 生理; 肌肉品质; 表观遗传

---

**资助项目:** 国家自然科学基金 (31602149)

\*通讯作者, 王磊, 副教授, 主要从事循环水养殖鱼类健康养殖及遗传育种研究

E-mail: hnnuwl@163.com

## **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*)**

WU Limin, LI Yongjing, XU Yufeng, SHI Xi, LI Xuejun\*

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

**Abstract:** Steroid hormones are vital for ovarian development and maturation. The enzyme 3 $\beta$ -hydroxysteroid dehydrogenase 7 (*hsd3b7*) catalyzes the conversion of 3 $\beta$ -hydroxy of 7 $\alpha$ -hydroxycholesterol into a ketone and form 7 $\alpha$ -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 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

# 大口黑鲈 *MsAFP-IIb* 基因克隆、系统进化及表达分析

徐悦, 马瑞君, 马道, 韩雨晴, 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:** 为探究大口黑鲈 (*Micropterus salmoides*) *MsAFP-IIb* 基因的分子特征、系统进化关系及低温响应规律, 本研究克隆并鉴定了大口黑鲈抗冻蛋白基因 *MsAFP-IIb*, 并对其序列特征、系统进化关系及组织表达模式进行了分析。结果显示, *MsAFP-IIb* 基因开放阅读框 (ORF) 全长 534 bp, 编码 177 个氨基酸。序列比对和系统进化分析表明, *MsAFP-IIb* 氨基酸序列与太阳鱼科小口黑鲈 (*Micropterus dolomieu*) AFP-IIb 相似性最高, 亲缘关系最近。实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 检测 14 种组织表达谱发现, *MsAFP-IIb* 基因在大口黑鲈 14 个组织中均有表达, 其中胃组织表达量最高, 性腺中表达量最低。进一步比较常温 (22 °C)、16 °C 和 10 °C 低温胁迫条件下 *MsAFP-IIb* 基因在不同组织中的表达变化, 结果显示, 与常温组相比, 低温处理显著诱导 *MsAFP-IIb* 基因 mRNA 表达水平升高, 表明该基因具有明显的低温诱导表达特征, 可能参与大口黑鲈抵御低温胁迫的调节过程。综上, *MsAFP-IIb* 为低温诱导型抗冻蛋白候选基因, 其表达特征为进一步解析鱼类抗冻分子机制及探索大口黑鲈胚胎低温保存应用提供了理论依据。

**关键词:** 大口黑鲈; *MsAFP-IIb*; 抗冻蛋白; 低温适应

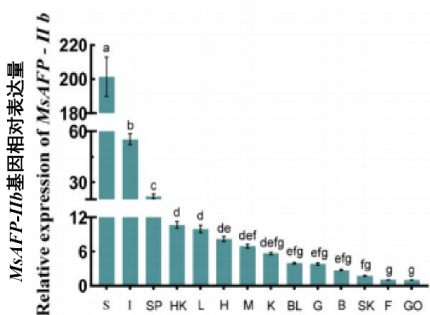


图1 *MsAFP-IIb* 的组织表达分析  
注: S (胃); I (肠); SP (脾); HK (头肾); L (肝); H (心脏); M (肌肉); K (体肾); BL (血液); G (鳃); B (脑); SK (皮肤); F (鳍); GO (性腺); 不同小写字母表示差异显著 ( $P<0.05$ )。

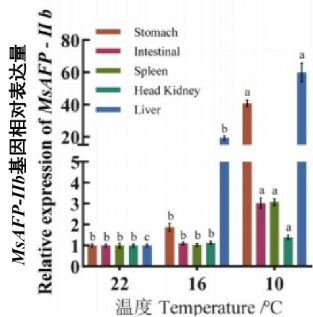


图2 不同水温下 *MsAFP-IIb* 的表达变化  
注: 将对照组基因表达量设为 1; 不同小写字母表示差异显著 ( $P<0.05$ )。

**资助项目:** 基金项目: 国家自然科学基金 (32102776)

第一作者, 徐悦, 女, 硕士在读, 研究方向为大口黑鲈种质资源

E-mail: happyxyl@163.com.

## 大口黑鲈幼鱼不同剩余采食量组间生长、肉质、生理生化及氧化应激指标的差异研究

马瑞君<sup>1</sup>, 贾志霖<sup>1,2</sup>, 徐悦<sup>1</sup>, 申亚伟<sup>1</sup>, 乔志刚<sup>1</sup>, 张猛<sup>1,2,\*</sup>

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:** 为探究大口黑鲈幼鱼不同剩余采食量 (RFI) 组间的生长、肉质等指标差异, 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 表型值选取了高 (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,  $n=8$ ) 组的幼鱼进行生长、肉质等指标差异分析。发现三组幼鱼的实验初始体重、增重率、脏体比、肝体比、肠体比初始和终末肥满度均无显著差异, HRFI 组幼鱼实验终末体重显著低于 LRFI 组 ( $P<0.05$ )、而 MRFI 组幼鱼终末体重与 HRFI 和 LRFI 组均无显著差异; 三组幼鱼肌肉的水分、灰分、粗脂肪和粗蛋白均无显著差异; HRFI 组幼鱼血清中甘油三酯和总胆固醇显著低于 LRFI 组 ( $P<0.05$ )、白蛋白显著高于 MRFI 组 ( $P<0.05$ ), 三组幼鱼血清中谷丙转氨酶、谷草转氨酶、总蛋白指标均无显著差异; 三组幼鱼肝脏的总抗氧化能力  $\text{HRFI}>\text{LRFI}>\text{MRFI}$  ( $P<0.05$ ), HRFI 组幼鱼肝脏的总超氧化物歧化酶显著低于 MRFI 和 LRFI 组 ( $P<0.05$ )、MRFI 和 LRFI 组间无差异, MRFI 组鱼肝脏的碱性磷酸酶显著高于 HRFI 和 LRFI 组 ( $P<0.05$ )、HRFI 和 LRFI 组间无差异, 结果表明大口黑鲈幼鱼 RFI 于生长、肌肉肉质等性状不相关, 幼鱼可能通过调整自身代谢 (如甘油三酯、总胆固醇和抗氧化能力) 重编码以实现不同饲料利用效率, 相关结果可为大口黑鲈 RFI 性状遗传改良提供理论参考。

**关键词:** 剩余采食量; 相关性; 大口黑鲈; 能量代谢

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

第一作者, 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

E-mail: 15139457675@163.com

## 大口黑鲈抗蛙虹彩病毒相关候选标记和基因挖掘

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) 是危害大口黑鲈 (*Micropterus salmoides*) 养殖产业的重要病毒性病原, 但不同个体抗病能力差异的遗传机制尚未解析。探究大口黑鲈抗 LMBV 性状的遗传物质并挖掘候选标记和基因, 本研究采用 LMBV-23PY 毒株开展攻毒试验, 结合全基因组重测序和全基因组关联分析方法筛选抗 LMBV 相关遗传标记和候选基因。根据攻毒后的存活表型, 从 146 尾个体中筛选获得 72 尾易感个体和 74 尾抗病个体; 146 尾个体的全基因组重测序数据经严格质量控制后, 共获得 877,262 个高质量 SNP 和 InDel 变异; 利用 6 种全基因组关联分析模型, 分别对抗病/易感二分类性状和存活时间性状进行关联分析, 共鉴定获得 32 个与 LMBV 抗性相关的候选标记; 对候选标记侧翼 100 kb 内序列进行基因注释, 共获得 72 个候选基因; 功能富集分析发现, 这些候选基因主要参与氧化还原稳态、细胞应激响应以及免疫调控等相关生物学过程, *GSTT3L*、*CGRP2* 和 *NPPC* 因其在氧化应激调节和宿主免疫响应中的潜在作用, 被筛选为重点候选基因。本研究揭示了大口黑鲈抗 LMBV 性状的遗传物质, 筛选获得的 32 个候选标记及 72 个候选基因, 结果为后续抗 LMBV 性状的分子辅助育种和遗传解析提供理论基础。

**关键词:** 大口黑鲈蛙虹彩病毒; 全基因组关联分析; 分子标记; 候选基因

---

**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)

第一作者, 徐悦, 女, 硕士在读, 研究方向为大口黑鲈种质资源

E-mail: happyxyl@163.com

## Heritable absolute DHA content enables selective breeding for enhanced n-3 LC-PUFA in common carp (*Cyprinus carpio* L.)

HU Xuesong<sup>1</sup>, LI Chitao<sup>1</sup>, SHI Xiaodan<sup>1</sup>, ZHONG Dawei<sup>1,2</sup>, JIANG Xiaona<sup>1</sup>,  
GE Yanlong<sup>1</sup>, ZHAO Xinyu<sup>1</sup>, ZHENG Xianhu<sup>1</sup> & JIA Zhiying<sup>1\*</sup>

1. National and Local United Engineering Laboratory for Freshwater Fish Breeding, Heilongjiang River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Harbin 150070
2. College of Fisheries, Tianjin Agricultural University, Tianjin 300384

**Abstract:** Increasing the content of n-3 long-chain polyunsaturated fatty acids (LC-PUFAs), specifically eicosapentaenoic acid (EPA) and docosahexaenoic acid (DHA), in fish fillets via selective breeding is a major goal in aquaculture. However, the phenotypic measurement of these traits remains challenging, which limits the efficiency of traditional selection. Accurate genetic evaluation is therefore essential for breeding programs. Here, we evaluated the genetic parameters of n-3 long-chain polyunsaturated fatty acid (LC-PUFA) content (including absolute and proportional levels of EPA and DHA) in disease-resistant “Longke 11” mirror carp using 141,052 SNPs. The heritability estimates were low for absolute EPA ( $h^2 = 0.08 \pm 0.05$ ) and moderate for absolute DHA ( $h^2 = 0.19 \pm 0.06$ ) but substantially higher for their relative levels ( $h^2 = 0.36 \pm 0.16$  for % EPA;  $h^2 = 0.44 \pm 0.16$  for % DHA). DHA content was the key determinant of total long-chain n-3 PUFA content, demonstrating a strong and positive genetic correlation with EPA+DHA ( $r_g = 0.98 \pm 0.03$ ). In contrast, EPA content showed no significant correlation with the total pool ( $r_g = 0.11 \pm 0.72$ ). Notably, the genetic correlation between fillet weight (FW) and EPA was strongly negative ( $-0.96 \pm 0.32$ ), but that between FW and DHA was weak ( $-0.10 \pm 0.35$ ). Neither EPA ( $r_g = 0.31 \pm 0.36$ ) nor DHA ( $r_g = -0.18 \pm 0.31$ ) was genetically correlated with muscular fat content (MF). Conversely, their relative proportions (% EPA and % DHA) were strongly negatively correlated with MF ( $r_g = -0.75 \pm 0.19$  and  $-0.92 \pm 0.09$ , respectively). Taken together, our results support that selecting higher absolute DHA content increases n-3 LC-PUFA levels while maintaining growth

performance and MF-related meat quality in this population. This strategy provides genetic insights and a practical framework for increasing the levels of health-promoting n-3 LC-PUFAs in common carp.

**Keywords:** *Cyprinus carpio*, n-3 LC-PUFA, Heritability, Genetic correlation

---

**资助项目:** 国家重点研发计划(2021YFD1200804); 龙江科技英才春雁支持计划(CYQN24037); 黑龙江省自然科学基金(LH2023C055); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(HSY202303M, 2023TD35)

\*通讯作者, 贾智英, 研究员, 主要从事鱼类遗传育种研究

Email: jiazhiying@hrfri.ac.cn

## 杂交鲟（达氏鳇♀×施氏鲟♂）繁殖力差异群体间卵巢代谢组分析

李禹韬, 王若愚, 连英杰, 张颖\*

中国水产科学研究院黑龙江水产研究所, 黑龙江省冷水性鱼类种质资源及增养殖重点开放实验室, 黑龙江哈尔滨 150076

**摘要:** 本研究旨在通过鉴定高/低繁殖力雌性杂交鲟成年个体性腺组织间差异代谢物并对其进行信号通路富集分析以确定影响鲟鱼繁殖力的关键代谢物种类及生理代谢途径。本研究测量90尾处于性成熟期的雌性杂交鲟个体（达氏鳇 *Huso dauricus*♀×施氏鲟 *Acipenser schrenckii*♂）体重及卵重后计算相对卵重系数（卵重/体重），定义相对卵重系数小于0.15为低繁殖力个体，大于0.20则为高繁殖力个体。本试验共计选取高/低繁殖力杂交鲟个体各8尾，采集卵巢组织进行非靶向代谢组学分析。结果表明，与低繁殖力组相比，高繁殖力组杂交鲟个体相对卵重系数显著提高76.92%（ $P<0.05$ ），说明本试验设定的分组标准合理。另外发现，在高/低繁殖力组杂交鲟卵巢组织中共计鉴定到14大类小分子代谢物，其中主要代谢物类别为脂质/类脂质分子、有机酸及衍生物以及有机杂环化合物。基于差异代谢物筛选阈值，本试验在高/低繁殖力组之间共计鉴定到11种差异代谢物，分别隶属于五大类别。与低繁殖力组相比，高繁殖力组个体卵巢中（-）维生素B2、维生素B2、亚精胺、腺苷以及溶血磷脂酰肌醇22: 6等8种差异代谢物显著下调（ $P<0.05$ ）。随后对差异表达代谢物进行通路富集分析，发现氨基酸代谢相关通路（“精氨酸和脯氨酸代谢”、“ $\beta$ -丙氨酸代谢”）和维生素代谢相关通路（“维生素B2代谢”、“维生素消化与吸收”）被显著富集（上述4条通路 $P$ 值分别为0.0019、0.0247、0.0001、0.0004）。另外发现，差异代谢物腺苷可参与14条代谢途径，推测其可能对于杂交鲟繁殖力具有核心调控作用。本研究初步阐明了影响雌性杂交鲟产卵量性状的关键分子信号通路并筛选了高繁殖力表型的候选生物标志物，这将为早期选育高繁殖力杂交鲟群体提供理论基础。

**关键词:** 杂交鲟；代谢组学；繁殖力；生物标志物

**基金项目:** 国家现代农业产业技术体系项目（CARS-46）；中国水产科学研究院基本科研业务费项目（2020TD56）

作者简介, 李禹韬(1997-), 男, 硕士, 助理研究员, 研究方向鲟鳇鱼生殖生理及人工繁育技术推广. E-mail: liyutao@neau.edu.cn

通信作者, 张颖, 研究员, 鲟鳇鱼健康养殖技术开发. E-mail: zhangyinghrfri@163.com

## 有机硒通过 NRF2/GPX4 相关抗氧化防御缓解达氏鳢幼鱼热应激相关肠道损伤和菌群失调

连英杰, 王若禹, 李雨涛, 宁晓阁, 曹鼎宸, 郑先虎, 张颖\*

中国水产科学研究院黑龙江水产研究所, 黑龙江哈尔滨 150076

**摘要:** 水温升高是水产养殖动物面临的重要威胁, 肠道功能障碍是慢性热应激的重要后果之一。本研究设置对照温度组 (C, 18 °C)、热应激组 (R, 28 °C)、对照温度有机硒组 (S, 18 °C+5 mg/kg Se) 和热应激有机硒组 (RS, 28 °C+5 mg/kg Se), 评估有机硒对达氏鳢幼鱼生长性能、肠道组织形态、NRF2/GPX4 抗氧化防御及肠道菌群的影响。结果表明, 与 R 组相比, RS 组终末体重、增重率、特定生长率和存活率分别由 103.53 g、27.50%、0.808%/d 和 81.4%提高至 110.79 g、36.41%、1.034%/d 和 89.5%, 饲料系数由 2.04 降至 1.78, 表明有机硒可部分缓解热应激引起的生长抑制。HE 染色显示, R 组出现绒毛缩短和稀疏、广泛上皮脱落、结缔结构疏松及黏膜组织紊乱; RS 组仍可见绒毛缩短和上皮脱落, 提示有机硒未能完全恢复肠道组织形态。热应激降低肠道 NRF2 和 GPX4 免疫反应性, 有机硒补充可部分恢复二者信号。16S rRNA 测序显示, 热应激促进 *Proteobacteria*、*Enterobacteriaceae* 和 *Plesiomonas* 优势化。*Plesiomonas* 与水环境、鱼类及机会性感染风险密切相关。RS 组形成 *Akkermansia* 高丰度并伴随 *Bifidobacterium*、*Dubosiella*、*Muribaculaceae* 等指示分类群的菌群状态。*Akkermansia* 可降解黏蛋白并利用黏液来源糖类, 其升高提示黏液生态位发生重塑; *Bifidobacterium* 可通过 *bifid shunt* 将多种糖类底物转化为乙酸和乳酸; *Muribaculaceae* 具有多糖利用位点和糖苷水解酶, 可能参与膳食多糖及黏液糖链降解。总体而言, 有机硒可能通过部分恢复 NRF2/GPX4 相关抗氧化防御并重塑肠道微生态, 缓解达氏鳢幼鱼热应激相关肠道扰动。

**关键词:** 达氏鳢; 有机硒; 热应激; 肠道菌群; NRF2/GPX4

**基金项目:** 国家现代农业产业技术体系项目 (CARS-46); 中国水产科学研究院基本科研业务费项目 (2020TD59)

作者简介, 连英杰(1998-), 男, 硕士, 助理研究员, 研究方向鲟鲤鱼生殖生理及人工繁育技术推广. E-mail: [lianyingjie@hrfri.ac.cn](mailto:lianyingjie@hrfri.ac.cn)

通信作者, 张颖, 研究员, 鲟鲤鱼健康养殖技术开发. E-mail: [zhangyinghrfri@163.com](mailto:zhangyinghrfri@163.com)

## WW 型超雌小体鲟成活受限的生理与分子机制

王若愚<sup>1,2</sup>, 李禹韬<sup>1,2</sup>, 连英杰<sup>1,2</sup>, 张颖<sup>1,2\*</sup>

1. 中国水产科学研究院黑龙江水产研究所, 黑龙江哈尔滨 150076;
2. 黑龙江省冷水鱼种质资源及育种重点开放实验室, 黑龙江哈尔滨 150076

**摘要:** 鲟鱼全雌培育是实现鱼子酱高效生产的关键技术路径, 而 WW 型超雌鱼作为全雌育种的核心亲本, 其成活率偏低已成为规模化制种的关键瓶颈。本研究在建立稳定的小体鲟 (*Acipenser ruthenus*) 雌核发育技术体系基础上, 获得了 ZZ、ZW 和 WW 三种基因型群体, 并从存活率、氧化应激、DNA 甲基化及转录组层面比较了 5 月龄幼鱼的差异。100 天养殖实验显示, WW 型存活率仅为 64.2%, 显著低于 ZZ 和 ZW 型 (均为 94.2%)。WW 型肝脏丙二醛 (MDA) 和谷胱甘肽过氧化物酶 (GSH-Px) 水平均高于 ZZ 和 ZW 型, 而超氧化物歧化酶 (SOD) 和过氧化氢酶 (CAT) 无显著差异 ( $P > 0.05$ ), 提示 WW 型存在脂质过氧化产物累积, 且其抗氧化系统未能有效应对。三种基因型的 DNA 甲基化谱和转录谱均可通过主成分分析 (PCA) 明显区分。其中, 花生四烯酸代谢通路中的 PTGES 基因在 WW 型中的基因体甲基化水平显著降低 ( $P < 0.05$ ), 其 mRNA 表达量亦相应下降, 提示性染色体剂量变化可能通过影响该基因的甲基化状态来调控其表达。同时, 铁死亡通路相关基因 GPX4 和 SLC3A2 在 WW 型中上调, PTGS2 和 PTGDS 下调。综上, WW 型超雌鱼成活受限可能与其性染色体剂量异常引起的表观遗传改变有关, 这种改变干扰了花生四烯酸代谢, 加剧了脂质过氧化, 并激活了铁死亡通路。上述发现为解析 WW 型超雌鱼成活受限的分子机制奠定了基础, 并为其生存能力的遗传改良提供了潜在干预靶点。

**关键词:** 雌核发育; 超雌鱼; DNA 甲基化; 转录组; 花生四烯酸代谢

## 基于多组学分析川陕哲罗鲑水霉感染机制

王树琪<sup>1,2</sup>, 卫明亮<sup>1</sup>, 张茆<sup>3</sup>, 张婷婷<sup>1</sup>, 匡友谊<sup>1</sup>, 佟广香<sup>1\*</sup>

1.中国水产科学研究院黑龙江水产研究所, 黑龙江省冷水性鱼类种质资源及增养殖重点开

放实验室, 黑龙江哈尔滨 150070;

2.大连海洋大学水产与生命学院, 辽宁大连 116023;

3.上海海洋大学水产与生命学院, 上海 200000

**摘要:** 本研究旨在探究水霉感染对我国珍稀冷水性鱼类川陕哲罗鲑 (*Hucho bleekeri*) 不同组织的致病机制与应激响应规律。采集川陕哲罗鲑感染组与未感染组的皮肤、肌肉、肝脏和脾脏组织。利用苏木精-伊红 (H&E) 染色鉴定组织显微病理损伤; 通过转录组学与代谢组学技术进行联合分析, 并对核心差异表达基因 (DEGs) 进行转录水平验证。H&E 染色显示, 水霉感染导致皮肤上皮细胞溃烂脱落、肌肉横纹断裂、肝细胞空泡化坏死及炎症反应, 以及脾脏红髓显著充血。多组学分析表明, 感染后皮肤、肌肉、肝脏和脾脏分别筛选出 399、387、453 和 461 个 DEGs。核心差异代谢物主要包括调控能量与核酸代谢的腺苷二磷酸、尿苷-5'-单磷酸, 介导免疫炎症的血栓素 B2、6 $\beta$ -前列腺环素 I1, 以及多类短肽和有机酸。这些差异生物分子显著富集于 ABC 转运蛋白、FoxO 信号通路、丙氨酸-天冬氨酸-谷氨酸代谢、坏死性凋亡及 mTOR 信号通路等。qRT-PCR 验证结果与 RNA-Seq 趋势高度一致。水霉对川陕哲罗鲑的致病机制是由组织结构完整性受损、机体能量与核苷酸代谢紊乱、信号转导异常以及细胞程序性死亡等多途径协同调控的复杂生理过程。研究结果为川陕哲罗鲑水霉病的临床防控提供了重要分子依据。

**关键词:** *Hucho bleekeri*; *Saprolegnia*; 代谢组学; 转录组学; 多组学分析

**资助项目:** 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(编号: HSY202409Q); 盐碱水域养殖品种开发与利用创新团队项目(编号: 2023TD59); 国家重点研发计划(编号: 2024YFD12007003)。王树琪, Email:wsq15620821103@163.com

\*通信作者, 佟广香(1978-), 女, 副研究员; 研究方向: 鱼类遗传育种与繁殖研究。

E-mail: tongguangxiang@hrfri.ac.cn

## **Establishment and Characteristics of the Spermatogonial Stem Cell Line from the Yellow River Carp(*Cyprinus carpio haematopterus*)**

ZHOU Huijie<sup>1,2,3,4</sup>, LIU Tianqi<sup>1,2,3</sup>, ZHANG Tan<sup>1,2,3</sup>, SUN Zhipeng<sup>1,2,3</sup>, XU Huan<sup>1,2,3</sup>,  
ZHANG Tingting<sup>1,2,3</sup>, YIN Yashan<sup>1,2,3,5</sup>, LI Na<sup>1,2,3,5</sup>, YAN Ting<sup>1,2,3\*</sup>, KUANG  
Youyi<sup>1,2,3,\*</sup>

1. *National and Local Joint Engineering Laboratory for Freshwater Fish Breeding, Harbin*

*150070*

2. *Key Laboratory of Freshwater Aquatic Biotechnology and Breeding, Ministry of Agriculture  
and Rural Affairs, Harbin 150070*

3. *Heilongjiang River Fisheries Research Institute of Chinese Academy of Fishery Sciences,  
Harbin 150070*

**Abstract:** The traditional breeding methods are often time-consuming and inefficient, which poses challenges to the sustainable development of the carp aquaculture industry. The establishment of germ stem cell lines offers a crucial tool for the study of germ cells, genetic improvement, and species conservation. In this study, we successfully established a spermatogonial stem cell line (YRSSCs) from Yellow River carp (*Cyprinus carpio haematopterus*) that can be cultured in vitro for the long term. We optimized the culture conditions to maintain their self-renewal and differentiation capabilities. The results demonstrated that YRSSCs have a diploid karyotype and can stably proliferate for over a year. The cells exhibited a typical germ stem cell gene expression profile, with strong expression of the vasa, plzf-a, and Oct4-a genes. Additionally, this study found that YRSSCs possess the ability to differentiate in vitro and functionally colonize in vivo within recipient bodies. This research explored the establishment of YRSSCs and their differentiation potential both in vitro and in vivo, providing a novel strategy for the genetic improvement of aquaculture fish species through germ stem cell-based gene editing and transplantation technologies.

**Keywords:** *Cyprinus carpio haematopterus*; gonad stem cell culture; spermatogenesis; in vitro differentiation; transplantation

---

**资助项目:** 国家重点研发计划 (2022YFD2400101)、中央级公益性科研院所基本科研业务费 (2023XT0401,2023TD22,HSY202108Q)。

\*通讯作者, 闫婷, 助理研究员, 主要从事生殖干细胞培养及基因编辑, Email: [yanting@hrfri.ac.cn](mailto:yanting@hrfri.ac.cn)

## IFN3 重组蛋白诱导的 ISGs 转录组特征分析

邓政<sup>1</sup>, 涂丹<sup>1</sup>, 王嘉璇<sup>1</sup>, 胡时涛<sup>1</sup>, 胡旭东<sup>1,2,3</sup>, 肖调义<sup>1,2,3,\*</sup>

1. 湖南农业大学水产学院, 湖南长沙 410128

2. 湖南农业大学湖南工程技术研究中心, 湖南长沙 410128

3. 岳麓山实验室, 湖南长沙 410128

**摘要:** 草鱼 (*Ctenopharyngodon Idella*) 干扰素 (IFN) 是抗 GCRV 的关键先天免疫因子, 在鱼类中, I型 IFN 根据系统进化关系可划分为两大群: group I包括 IFN1 和 IFN4, group II 包括 IFN2 和 IFN3。草鱼干扰素 group I 与 group II 在诱导下游干扰素刺激基因 (ISGs) 谱系上的差异尚缺乏系统比较研究, 为此, 本研究制备了 IFN3 重组蛋白并对草鱼肾细胞 (CIK) 进行孵育, 利用转录测序技术分析由草鱼 IFN3 诱导的差异 mRNAs。转录组测序结果表明共鉴定出 168 个显著上调的 ISGs, 34 个显著下调的 ISGs, 并与 IFN1 所诱导的 ISGs 进行比对分析, 发现 93 个 ISGs 可被 IFN1 与 IFN3 同时诱导, 进一步 GO 分析, 诱导的 ISGs 主要富集在抗病毒先天免疫反应, 对病毒的防御反应等免疫调节相关部分。16 个 ISGs 仅能被 IFN1 诱导, 其中与免疫相关的调节因子仅包括 FGL2 和 Mxb。54 个 ISGs 仅能被 IFN3 诱导, 主要包括 TRIM 家族、mov10a、ISG15、OPTN 等典型免疫调节基因。这些结果表明 IFN1 和 IFN3 尽管均为 I 型 IFN, 但在诱导 ISGs 方面存在一定功能差异。这为进一步理解草鱼 ISGs 的特点提供了新的方向, 为后续研究 IFN3 独特的抗病毒效应奠定理论基础。

**关键词:** 草鱼; 干扰素刺激基因 (ISGs); IFN3; 转录组

---

**资助项目:** 国家自然科学基金 (32373123); 国家自然科学基金 (U20A2063); 岳麓山重大新品种培育项目 (YLS-2025-ZY02045)

\*通讯作者, 肖调义, 二级教授, 博士生导师, 研究方向为水产动物抗性选育与应用

E-mail: [tiaoyixiao@hunau.edu.cn](mailto:tiaoyixiao@hunau.edu.cn)

---

匡友谊, 研究员, 主要从事鲤科鱼类基因组学分析及基因编辑, Email: [kuangyouyi@hrfri.ac.cn](mailto:kuangyouyi@hrfri.ac.cn)

## 草鱼干扰素刺激基因鉴定及 ISG58 抗 GCRV 功能机制研究

胡旭东<sup>1,2,3\*</sup>, 胡时涛<sup>1</sup>, 涂丹<sup>1</sup>, 邓政<sup>1</sup>, 吕钊<sup>1</sup>, 肖调义<sup>1</sup>

1. 湖南农业大学水产学院, 湖南长沙 410128;

2. 湖南农业大学湖南工程技术研究中心, 湖南长沙 410128;

3. 岳麓山实验室, 湖南长沙 410128

**摘要:** 草鱼出血病频发严重制约草鱼养殖行业可持续发展。干扰素刺激基因(ISGs)是先天免疫关键效应分子,在鱼类抗病毒免疫中发挥核心作用,亦是鱼类抗病育种极具潜力的候选靶点。目前,草鱼 ISGs 仍缺乏完善的系统数据库,多数关键 ISGs 的抗病毒分子机制尚未得到系统解析。本研究借助转录组测序技术,共筛选得到 169 个显著上调、71 个显著下调的 ISGs。以斑马鱼作为 GCRV 抗病研究模式生物,将草鱼 ISGs 与斑马鱼 ISGs 数据库开展同源比对,结果显示 32 个草鱼 ISGs 与斑马鱼已知 ISGs 存在同源序列,说明这类基因在脊椎动物进化过程中高度保守,是草鱼抵御病毒侵染的核心免疫基因。剩余 137 个 ISGs 未检测到同源序列,提示草鱼可能演化出物种特有的抗病毒调控通路。本研究选取保守核心 ISG58 开展功能验证,通过基因过表达、敲降、免疫荧光共定位等分子实验证实:其可与翻译因子 EIF4Ea 竞争性结合草鱼呼肠孤病毒核酸,阻断病毒蛋白翻译过程,进而抑制病毒增殖。综上,本研究扩充了草鱼 ISGs 基因资源库,阐明了核心免疫基因 ISG58 的抗病毒分子机制,为培育高抗草鱼出血病新品种提供重要理论依据与分子靶点。

**关键词:** 草鱼; ISGs; GCRV; IFN;

---

**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)

\*通讯作者, 胡旭东, 讲师, 研究方向为鱼类分子生物学

E-mail: huxudong@hunau.edu.cn

## **CiATG13 induces autophagy to upregulate CiHSP70 and promote GCRV replication: a molecular target for breeding hemorrhagic disease-resistant grass carp**

JIANG Yanxia<sup>1</sup>, WU Li<sup>1</sup>, LI Junhua<sup>1\*</sup>, LIANG Xinyu<sup>1,2\*</sup>

1. College of Fisheries, Hunan Agricultural University, Changsha 410128, China

2. Yuelushan Laboratory, Changsha, 410128, China

**Abstract:** *Ctenopharyngodon idella* (grass carp) is a major freshwater aquaculture species seriously threatened by hemorrhagic disease caused by grass carp reovirus (GCRV). ATG13 is a core autophagy initiation factor, but its role during GCRV-I/II infection remains unclear. In this study, we cloned *CiATG13* and found it highly conserved, sharing the highest homology with *Chanodichthys erythropterus*. Using RT-qPCR, Western blotting, fluorescence microscopy and CRISPR-Cas13d knockdown, we investigated its expression and function. CiATG13 was widely expressed, with the highest levels in liver, brain and heart, and was upregulated by pathogen-associated molecular patterns (PAMPs), such as poly (I:C) and lipopolysaccharide (LPS), and GCRV-I/II infection. Overexpression of *CiATG13* promoted GCRV-I replication, while knockdown inhibited it. Mechanistically, CiATG13 induced autophagy and upregulated heat shock protein 70 of grass carp (CiHSP70). CiHSP70 promoted viral replication, an effect blocked by quercetin (Qu) through CiHSP70 inhibition. Autophagy inhibitors chloroquine (CQ) and Spautin-1 reduced GCRV-I replication, cytopathic effect and CiHSP70 expression, and these suppressions were partially rescued by CiATG13 overexpression. This study reveals that CiATG13 facilitates GCRV-I/II replication by mediating autophagy to upregulate CiHSP70, and provides a potential target for controlling grass carp hemorrhagic disease.

**Keywords:** Grass Carp, GCRV, CiATG13, Autophagy, Viral replication

**Funding Sources:** This work was supported by the Talent Program of Yuelu Mountain Laboratory (Grant No. 2024RC2002), the 2025 Hunan Provincial Doctoral Innovation Workstation, the Hunan Provincial Youth Science Foundation (Category A) (Grant No. 2025JJ20024), and the National Natural Science Foundation of China (General Program) (Grant No. 32573564).

\* Corresponding Authors: Prof. Junhua Li, Ph.D., Doctoral Supervisor. Main research interests: aquatic animal immunology and disease control. Tel: +86 13476679040. E-mail: lijunhua@hunau.edu.cn

\* Corresponding Authors: Dr. Xinyu Liang, Ph.D., Lecturer, Master's Supervisor. Main research focus: disease resistance breeding and functional gene identification in grass carp. Tel: +86 18135768660. E-mail: liangxinyu@hunau.edu.cn

## **CiOXR1 restricts GCRV infection by suppressing oxidative stress, apoptosis and immune signaling: a candidate gene for molecular breeding of disease-resistant grass carp**

Yanxia Jiang<sup>1</sup>, Li Wu<sup>1</sup>, Junhua Li<sup>1\*</sup>, Xinyu Liang<sup>1,2\*</sup>

1. College of Fisheries, Hunan Agricultural University, Changsha 410128, China

2. Yuelushan Laboratory, Changsha, 410128, China

**Abstract:** As a pillar fish in China's freshwater aquaculture field, the industrialization process of grass carp (*Ctenopharyngodon idella*) has long been affected by grass carp haemorrhagic disease caused by grass carp reovirus (GCRV). To identify new antiviral targets, this study focused on oxidative stress response protein 1 (CiOXR1) and its functional mechanism. The full-length cDNA of CiOXR1 was obtained by RACE, with an ORF encoding 258 amino acids. Bioinformatic analysis revealed that the CiOXR1 protein contains the TLDc domain, and it is highly conserved and most closely related to OXR1 of *Chanodichthys erythropterus*. Subcellular localization showed CiOXR1 is widely distributed in the cytoplasm. Expression profiling indicated the highest abundance in brain and heart, and CiOXR1 expression was significantly upregulated by GCRV infection as well as by LPS and poly(I:C) stimulation. Functional studies demonstrated that CiOXR1 modulates host antiviral immunity by inhibiting multiple key factors: it alleviates oxidative stress by suppressing SOD1 and SOD2, reduces apoptosis by inhibiting Caspase 3 and Caspase

---

**Funding Sources:** This work was supported by the Talent Program of Yuelu Mountain Laboratory (Grant No. 2024RC2002), the 2025 Hunan Provincial Doctoral Innovation Workstation, the Hunan

Provincial Youth Science Foundation (Category A) (Grant No. 2025JJ20024), and the National Natural Science Foundation of China (General Program) (Grant No. 32573564).

\* Corresponding Authors: Prof. Junhua Li, Ph.D., Doctoral Supervisor. Main research interests: aquatic animal immunology and disease control. Tel: +86 13476679040. E-mail: [lijunhua@hunau.edu.cn](mailto:lijunhua@hunau.edu.cn)

\* Corresponding Authors: Dr. Xinyu Liang, Ph.D., Lecturer, Master's Supervisor. Main research focus: disease resistance breeding and functional gene identification in grass carp. Tel: +86 18135768660. E-mail: [liangxinyu@hunau.edu.cn](mailto:liangxinyu@hunau.edu.cn)

9, attenuates inflammation via IL-6, IFN1 and IFN3 downregulation, and regulates immune signaling by repressing IRF3, IRF7, TBK1-STING pathway. These effects collectively restrain excessive immune responses, thereby effectively suppressing GCRV infection. This study reveals a key regulatory role of CiOXR1 in grass carp antiviral immunity, deepens our understanding of fish immune regulation, and provides a molecular target for precise drug design against grass carp hemorrhagic disease.

**Keywords:** *Ctenopharyngodon idella*; Grass carp reovirus; Oxidative stress response 1; Oxidative stress; Excessive immunity

## 基于血清免疫指标的草鱼亲本选择及子代性能评估

吕钊<sup>1,2,3</sup>, 余建波<sup>1,2,3</sup>, 李耀国<sup>1,2,3</sup>, 王红权<sup>1,2,3</sup>, 肖调义<sup>1,2,3\*</sup>

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,草鱼出血病的危害及抗病新品种的缺乏已成为制约草鱼养殖业健康发展的关键瓶颈。本团队采用 ELISA、Western blot 等技术检测长江草鱼原种亲本血清中 C3、Bf、MBL、LZM 等先天性免疫分子表达水平,发现长江草鱼亲本群体的先天性免疫分子表达水平具有多样性。根据先天性免疫分子综合表达水平将亲本群体划分为 A(高 20%)、B(中 20%~80%)、C(低 20%)组,并在组内繁殖获得相应子代。草鱼呼肠孤病毒感染实验结果显示,B 组草鱼子代的感染存活率显著提高 1 倍以上,表明基于血清“适中免疫”指标选择草鱼亲本可获得高抗性子代。对 1521 尾长江草鱼亲本进行重测序,共获得 300 余万个高质量 SNP 位点。LD 衰减、群体结构及遗传多样性分析表明,石首和长沙亲本群体之间存在明显遗传背景差异。对两个亲本群体进行联合分析发现,“适中免疫”性状主要涉及神经调控、离子信号转导、免疫应答以及细胞结构与代谢调控等功能模块。代谢组学分析鉴定出 B 组选育子代与对照草鱼肝脏中差异的 93 种代谢物,其中 L-谷氨酸在 B 组选育子代中显著上调并涉及多条通路,可能是草鱼抗病力的关键指示代谢物。在养殖对比试验中,B 组草鱼子代饲料系数、特定生长率优于普通草鱼子代,养殖总产量和成活率更高。本研究发现选择先天免疫分子适中水平的亲本可生产抗病力更强、生长性状更优的子代,为草鱼抗病育种提供新的理论依据和技术思路。

**关键词:**草鱼; 草鱼出血病; 抗病育种; 血清免疫指标; 亲本选择

---

**资助项目:** 国家自然科学基金(U20A2063, 32302993); 国家大宗淡水鱼产业技术体系(CARS-45); 湖南省自然科学基金优秀青年项目(2025JJ40023)

\*通讯作者, 肖调义, 二级教授, 主要从事草鱼遗传改良

E-mail: [tyxiao1128@163.com](mailto:tyxiao1128@163.com)

## Characterization of a collagen-secreting fibroblast model from the calipash of *Pelodiscus sinensis*: insights into quality traits

XIE Yi-ming<sup>1</sup>, CHEN Hai-tai<sup>1</sup>, CHEN Xian-zhuo<sup>1</sup>, ZHAO Xiang<sup>1</sup>, HU Ya-zhou<sup>1</sup>,  
WANG Xiao-qing<sup>1</sup>, XIONG Shu-ting<sup>1\*</sup>,

*1. Fisheries College, Hunan Agricultural University, Changsha 410128*

**Abstract:** Type I collagen critically determines the texture and palatability of the calipash — an important quality trait — in Chinese soft-shelled turtle (*Pelodiscus sinensis*), yet the molecular genetic mechanisms governing its synthesis and extracellular matrix (ECM) remodeling remain elusive due to the lack of *in vitro* functional models. In this study, we established and comprehensively characterized a new fibroblast cell line (*P. sinensis* calipash fibroblasts, PsCF) derived from the calipash. The cellular origin was unequivocally verified as *P. sinensis* by mitochondrial COI and NADH gene sequencing. Karyotype analysis revealed that PsCF cells maintain a normal diploid chromosome number ( $2n = 66$ ). PsCF cells exhibit typical fibroblast-like morphology and grow optimally at 28 °C in DMEM medium supplemented with 20% fetal bovine serum, and have been stably cultured for more than 40 passages over 16 months. PsCF cells demonstrated high transfection efficiency across multiple reagent systems, enabling robust exogenous gene expression (e.g., EGFP). Notably, immunofluorescence and hydroxyproline assay results showed specific expression of the fibroblast marker Vimentin in PsCF, and the collagen content in the cell culture supernatant increased over time, confirming active collagen secretion. Meanwhile, strong expression of type I collagen COL1A1 protein was detected by immunofluorescence and WB, further verifying its ability to secrete type I collagen, thereby validating PsCF as a functional model for ECM dynamics. Interestingly, the cells exhibited high susceptibility to *P. sinensis* Sindbis virus, as evidenced by typical cytopathic effects, efficient viral replication, induction of immune-related genes, and a high viral titer, making PsCF a sensitive model for host-pathogen interactions in aquatic reptiles. Collectively, this functionally validated model establishes a versatile *in vitro* system for functional genomics studies, not only

provides critical insights into the cellular and molecular genetic basis of ECM biology and collagen secretion but also facilitates the identification of key regulatory genes for molecular breeding and genetic improvement of calipash quality and disease resistance trait in aquatic reptiles.

**Keywords:** Chinese soft-shelled turtle; Calipash quality traits; Fibroblast cell model; Type I collagen; regulatory mechanisms; molecular breeding

---

**资助项目:** 湖南农业大学科研启动经费

\*通讯作者, 熊舒婷, 副教授, 主要从事水产动物重要经济性状的解析与改良育种  
mail: stxiong@hunau.edu.cn

## 基于多维功能评价的埋头鲤精子冷冻保存策略优化

李思琦<sup>1,2</sup>, 梁志强<sup>1</sup>, 邹利<sup>1</sup>, 谢仲桂<sup>1</sup>, 李绍明<sup>1</sup>, 韩淋梅<sup>1</sup>, 许宝红<sup>2</sup>, 顾璇<sup>1\*</sup>

1.湖南省水产研究所（湖南省水产原种场），湖南省农业科学院，湖南长沙 410153；

2.湖南农业大学水产学院，湖南长沙 410128；

**摘要：**稻田鲤是我国稻鱼共生系统的重要地方种质资源，其优良地方品系具有丰富的遗传多样性和重要的育种利用价值。建立高效、稳定的精子冷冻保存技术，对于稻田鲤遗传资源长期保存、良种繁育及种质创新利用具有重要意义。本研究以稻田埋头鲤（*Cyprinus carpio* var. *maitou*）为研究对象，系统比较了葡萄糖和海藻糖为基础的不同基础稀释液、精子与稀释液体积比（1:9、1:3 和 1:1）以及甲醇、乙二醇及其组合的不同冷冻保护剂体系对冻融后精子质量的影响，并构建了整合精子运动能力、超微结构、线粒体功能、细胞内活性氧（ROS）水平及繁殖性能等指标的多维评价体系，对不同冷冻保存方案进行综合评价。结果表明，以 200 mmol/L 葡萄糖、40 mmol/L KCl 和 30 mmol/L Tris 组成基础稀释液，添加 4%乙二醇和 8%甲醇作为冷冻保护剂，并采用精子与稀释液体积比 1:9 时，冻融后精子综合表现最佳。该条件下精子活力达到  $69.00 \pm 0.91\%$ ，受精率达到  $87.67 \pm 4.16\%$ ，运动学参数恢复至接近新鲜精子水平，同时线粒体功能和精子超微结构完整性得到较好维持。值得注意的是，冷冻保存效果最佳的处理组维持了较高的 ROS 水平，同时表现出更高的线粒体功能和繁殖性能，提示评价冻融后精子功能恢复应结合生理性氧化代谢状态，而非单纯追求最低 ROS 水平。相关性分析表明，精子超微结构、线粒体功能、ROS 水平、运动能力及受精能力之间存在密切联系，单一指标难以全面反映冻融后精子的真实生物学功能。本研究建立了基于结构、代谢、运动及繁殖性能等多维功能指标的精子质量综合评价框架，为鱼类精子冷冻效果评价及重要水产种质资源长期保存提供了新的研究思路和技术参考。

**关键词：**稻田鲤鱼；精子冷冻保存；冷冻损伤；线粒体活性；活性氧

**资助项目：**湖南省水产产业技术体系（HARS-07）；湖南省农业科技创新基金（2025CX82）；岳麓山实验室人才计划（2024RC2014）

\*通讯作者：顾璇，湖南省水产研究所（湖南省水产原种场），助理研究员，研究方向为鱼类繁殖生理与种质资源保护，E-mail: xiexuan1991@hotmail.com

## 小口白甲鱼 (*Onychostoma lini*) 全人工繁殖技术研究

邹利<sup>1,2</sup>, 颜璇<sup>1</sup>, 薛天翔<sup>1</sup>, 李绍明<sup>1</sup>, 韩淋梅<sup>1</sup>, 严洪廷<sup>1</sup>, 谢仲桂<sup>1</sup>, 梁志强<sup>1</sup>

1.湖南省水产研究所(湖南省水产原种场), 长沙 410153;

2.湖南师范大学生命科学学院, 长沙 410081

**摘要:**为探究小口白甲鱼 (*Onychostoma lini*) 其繁殖和胚胎发育的特性, 本实验采集湖南怀化沅江水系的小口白甲鱼, 经形态和分子鉴定后, 在洪江基地进行强化培育并开展人工繁殖, 系统观察并详细记录小口白甲鱼人工培育、催产繁殖的效果以及胚胎发育的形态特征与时序规律。结果显示: 在  $(20.25 \pm 0.23)^\circ\text{C}$  养殖条件下, 小口白甲鱼子一代经3冬龄培育达到性成熟; 2024年4月初, 子一代性腺发育趋于成熟, 进入IV期晚期, 卵巢中存在II、III、IV时相卵母细胞, 其中IV时相卵母细胞面积占比72.0%、III时相占27.6%、II时相占0.4%, IV期精巢的精小叶中充满精子细胞, 边缘内侧偶见精原细胞及初级、次级精子母细胞。催产水温  $16.30 \sim 16.71^\circ\text{C}$ , 药物总剂量为  $\text{LHRH-A2 } 11\mu\text{g/kg} + \text{HCG } 1100 \text{ IU/kg} + \text{DOM } 5.5 \text{ mg/kg}$ , 雌性亲本效应时间15~16 h、催产率95%; 雄性亲本效应时间12~16 h, 催产率100%, 受精率89.1%, 孵化率72.3%, 获出膜仔鱼10.6万尾、开口摄食仔鱼8.2万尾。小口白甲鱼受精卵为浅黄色弱黏性沉性卵, 成熟卵子直径  $(2.07 \pm 0.12) \text{ mm}$ , 吸水后直径  $(2.69 \pm 0.10) \text{ mm}$ , 孵化时间55.5 h, 总积温  $919.58 \text{ h} \cdot ^\circ\text{C}$ , 每尾雌性亲本产卵量5 000~8 000粒。本研究成功实现小口白甲鱼全人工繁殖, 阐明了其性腺发育、催产繁殖及胚胎发育规律, 获得了高效的人工繁育技术参数, 为小口白甲鱼的种质资源保护、种群恢复及规模化繁育提供了关键技术支撑与科学依据。

**关键词:**小口白甲鱼 (*Onychostoma lini*); 全人工繁殖; 胚胎发育

## The study on artificial reproduction technology of *Onychostoma lini*

ZOU Li<sup>1,2</sup>, XIE Xuan<sup>1</sup>, XUE Tianxiang<sup>1</sup>, LI Shaoming<sup>1</sup>, HAN Linmei<sup>1</sup>, YAN  
Hongting<sup>1</sup>, XIE Zhonggui<sup>1</sup>, LIANG Zhiqiang<sup>1</sup>

1. Hunan Fisheries Institute (Hunan Aquatic Foundation Seed Farm), Changsha 410153, China;

2. State Key Laboratory of Developmental Biology of Freshwater Fish, College of Life Sciences,

Hunan Normal University, Changsha 410081, China

**Abstract:** The *Onychostoma lini* is a precious and rare freshwater fish. The key technologies of fully artificial reproduction of the *Onychostoma lini* include domestication and cultivation of its parents, artificial induction, artificial incubation and other related procedures. This study collected *Onychostoma lini* from the Yuanjiang River system in Huai hua, Hu nan. After morphological and molecular identification, the fish were cultured intensively at the Hong jiang fishery and artificially induced to produce F1 generation *Onychostoma lini*. In early April 2024, observations of the gonadal tissue slices of F1 generation *Onychostoma lini* showed that the development of the ovaries and testes tended to mature and had entered the late stage of IV. The F1 generation *Onychostoma lini* reached sexual maturity after 3 years of cultivation, and the effective accumulated temperature for gonadal development maturity was  $(22172.44 \pm 251.88) ^\circ\text{C} \cdot \text{d}$ . The ovaries of *Onychostoma lini* in stage IV contain oocytes of phases II, III, and IV; The area proportion of oocytes in phase IV is 72.0%, phase III is 27.6%, and phase II is 0.4%. The stage IV testis of *Onychostoma lini* is composed of sperm lobules, which are filled with sperm cells. It also contains spermatogonia, primary spermatocytes, and secondary spermatocytes in the edge of sperm lobules. When the water temperature is 16.30~16.71  $^\circ\text{C}$ , using twice injection method to induce the mature fish of the F1 generation *Onychostoma lini*, and the injection dose is LHRH-A2 11  $\mu\text{g/kg}$  +HCG 1100 IU/kg + DOM 5.5 mg/kg. The effect time of female parents is 15~16 hours, and the induction efficiency is 95%. The effect time of male parents is 12~16 hours, and the induction rate of male parents is 100%. The fertilization rate and hatching rate of artificially *Onychostoma lini* embryos are 89.1% and 72.3%, respectively. The

fertilized egg of *Onychostoma lini* is light yellow in color, absorbs water and swells, and is a slightly sticky sinking egg. The embryonic development time is 55.5 hours, and the total accumulated temperature is 919.58 h·°C. Each female individual can lay 5000 to 8000 eggs, and a total of 106000 offspring were bred, a total of 82000 larvae were obtained. The effective experience gained from the research on the fully artificial breeding technology of the *Onychostoma lini* provides reference for the large-scale breeding of *Onychostoma lini* and the restoration and development of wild fish resources in the future.

**Keywords:** *Onychostoma lini*; Artificial reproduction; Embryonic development

---

资助项目：湖南省农业科技创新基金（2025CX82）；湖南省水产产业技术体系（HARS-07）；  
农业农村部中央预算内投资计划项目（湘发改投资（2023）449号）  
通讯作者：梁志强。 E-mail: liangzhiqiang@163.com

## **Multi-omics reveals gut microbiota shifts and hepatic metabolic – immune alterations in “short-leg” malformed frog (*Pelophylax nigromaculatus*)**

Dan Zeng <sup>1,2</sup>, Qin Qin <sup>2</sup>, Ming Yang <sup>3</sup>, Zi'ao Wang <sup>4</sup>, Jianguo Xiang <sup>2</sup>, Xiaoqing Wang <sup>2</sup> and Yazhou Hu <sup>2,\*</sup>

1. College of Life and Environmental Sciences, Hunan University of Arts and Science, Changde 415000

2. Fisheries College, Hunan Agricultural University, Changsha 410128

3. Jiangsu Coast Development Group Co., Ltd., Nanjing 210000

4. College of Animal Science and Technology, Hunan Biological and Electromechanical Polytechnic, Changsha 410127

**Abstract:** Amphibian malformation syndromes significantly impact both conservation efforts and aquaculture, yet their underlying systemic pathophysiological mechanisms remain poorly characterized. This study comprehensively examines the multi-level pathological processes associated with the “short-leg” malformation syndrome in the black-spotted frog (*Pelophylax nigromaculatus*) using an integrated methodology, encompassing morphological, histopathological, gut microbiome, and hepatic transcriptomic analyses. Affected frogs demonstrated shortened limbs, impaired motor function, and a distinctive metabolic phenotype, including increased body weight despite a shorter body length, accumulation of visceral fat, and shortened intestines. Gut microbiota analysis identified significant compositional shifts, characterized by a decreased Firmicutes-to-Bacteroidota ratio, expansion of pro-inflammatory Proteobacteria, and reduction in beneficial Actinobacteriota, suggesting microbial niche restructuring that likely promotes metabolic and inflammatory disorders. Hepatic transcriptome profiling revealed 2617 differentially expressed genes, demonstrating a clear molecular dichotomy with concurrent up-regulation of immune-related pathways (e.g., neutrophil extracellular trap formation, complement cascades, and inflammatory signaling) and broad suppression of metabolic pathways (e.g., lipid oxidation, nutrient absorption, and PPAR and renin–angiotensin systems). This integrated analysis illustrates that the malformation

syndrome represents a systemic pathophysiological state involving dysfunction of the gut–liver axis, characterized by the coexistence of gut microbiota alterations, hepatic metabolic suppression, and immune activation. These findings provide a framework for understanding amphibian malformations and suggest potential strategies to improve health outcomes in aquaculture.

**Keywords:** *Pelophylax nigromaculatus*; malformation syndrome; gut microbiota; hepatic transcriptome; immune–metabolic disruption

---

资助项目：黑斑蛙养殖模式创新研究与示范（25210010）；湖南省自然科学基金青年项目（2026JJ60022）；湖南省教育厅优秀青年项目（24B0625）

\*通讯作者，胡亚洲，副教授，主要从事水产动物遗传育种

E-mail: huyazhou@hunau.edu.cn

## Reproductive Biological Characteristics and Early Development of *Siganus fuscescens*

Wen-Feng Yang<sup>1,2</sup>, Yun-Xiang Lin<sup>1</sup>, Yan-Fei Zhao<sup>2</sup>, Dong-Lin Yao<sup>2</sup>, Wei-Yang Huang<sup>1</sup>,  
Qi-Wei Qin<sup>1</sup>, Hong-Yan Sun<sup>1,\*</sup>

1. College of Marine Sciences, South China Agricultural University, Guangzhou, 510642,  
Guangdong Province, PR China

2. Guangdong Provincial Agricultural Technology Extension Center, Guangdong Province, PR China

**Abstract:** This study successfully achieved artificially induced spawning and industrialized seedling cultivation of *Siganus fuscescens*, an important marine fish. Broodstock were maintained in indoor cement ponds, and their reproductive biological characteristics, embryonic and early life history development were systematically observed. The results showed that: (1) The gonadosomatic index (GSI) of female fish fluctuated significantly with weak developmental synchrony, while the GSI of male fish continued to rise and remained at a high level with better developmental synchrony; (2) Embryonic development lasted approximately 27 h until hatching, and the yolk sac of larvae was completely absorbed and initial feeding occurred at 3 days post hatching (dph); (3) Feeding oyster fertilized eggs, rotifers, copepods and fish mince, the larvae grew rapidly. The juvenile fish at 25 dph reached  $30.09 \pm 1.78$  mm and the growth performance was significantly better than the reported results of indoor constant temperature rearing. This study would provide key technical basis for its large-scale full artificial seed production.

**Keywords:** *Siganus fuscescens*; Industrial seedling rearing; Early development; Ecological seedling rearing

---

资助项目：2025 年度广东省现代化海洋牧场适养品种核心技术攻关项目(2025-MRB-00-001)

\*通讯作者：孙红岩，副教授，主要从事水生经济动物健康养殖

Mail: hongyanlucky@scau.edu.cn

## **GPR143 mediates the brain vacuolation caused by RGNNV in grouper**

WANG Qing<sup>1,2</sup>, LIANG Jiantao<sup>1</sup>, HE Xuehong<sup>1</sup>, WEI Liyun<sup>1</sup>, YAN Xu<sup>1</sup>, MENG Yanghui<sup>1</sup>, ZHU Xiuru<sup>1</sup>, QING Songli<sup>1</sup>, QIN Qiwei<sup>1,2,3\*</sup>

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

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

*3. Laboratory for Marine Biology and Biotechnology, Pilot National Laboratory for Marine Science and Technology, Qingdao 266237.*

**Abstract:** Causing cytoplasmic vacuolization is a key step for many viruses to induce cell death, however, the underlying mechanisms remain unclear. Nervous necrosis virus (NNV) induces pronounced cytoplasmic vacuoles in the brain during infection. G protein-coupled receptors (GPCRs) regulate autophagosomes and cause vacuolation. Our previous genome-wide association study identified GPR143 as a key candidate gene target for anti-RGNNV approaches in groupers. Here, we used orange-spotted grouper (*Epinephelus coioides*) and red-spotted grouper NNV (RGNNV) as the models to investigate the role of GPR143 in mediating virus induced cellular vacuolation in the central nervous system. The results demonstrate that GPR143 promotes RGNNV-induced cell vacuolation through accelerate binding of autophagosomes and lysosomes. Further investigation revealed that RGNNV facilitates GPR143 binding to MKK6, and MKK6 regulates p38 phosphorylation in the target of rapamycin (mTOR) pathway, promoting the binding of autophagosomes and lysosomes to induce cytoplasmic vacuolization. Finally, the zebrafish with GPR143 knockout confirmed that the absence of GPR143 significantly reduces brain vacuolation and fry mortality. These results indicated that GPR143 directs virus-induced cell vacuolation via the MKK6–p38 pathway in teleost. Our study reveals a novel pathway by which viruses cause vacuolation in vertebrates.

**Keywords:** Grouper, RGNNV, Vacuolation; GPR143; MKK6-p38

---

资助项目：国家自然科学基金(42176103, U20A20102)；广东省特支计划青年拔尖人才项目(NYQN2025003)；广东省重点研发计划项目(2025B0202080001) \*通讯作者，秦启伟，教授，主要从事鱼类病毒病防控与抗病育种 mail: qinqw@scau.edu.cn

## CRISPR/dCas9 介导的 *akt2* 组蛋白乙酰化编辑调控斑马鱼 TORC1 信号和葡萄糖摄取

王学耕<sup>1,\*</sup>, 梁敏行<sup>1</sup>, 麦康森<sup>2</sup>

1. 华南师范大学现代水产养殖科学与工程研究院, 广东广州, 510631

2. 中国海洋大学水产学院, 山东青岛, 266003

**摘要:** 基于CRISPR/dCas9的表观基因组编辑技术能够在不断改DNA序列的情况下, 对基因表达进行位点特异性调控, 为水产养殖物种的精确性状调控提供了一种有前景的策略。本研究通过将dCas9与源自*ep300a*、*hdac1*和*hdac3*的功能效应结构域融合, 构建并评估了斑马鱼组蛋白乙酰化和去乙酰化编辑工具。通过对TOR信号通路中的核心调控因子*akt2*基因进行靶向操纵, 我们系统地探究了其在胚胎发育、葡萄糖代谢和表观遗传中的作用。结果表明, 组蛋白乙酰化编辑显著增强了*akt2*的转录并激活了TORC1信号活性, 而去乙酰化编辑则下调了*akt2*表达并抑制了TORC1活性。CUT&Tag分析验证了表观基因组编辑特异性地改变了*akt2*基因组位点的组蛋白乙酰化水平。乙酰化编辑组的胚胎表现出葡萄糖摄取显著增加, 同时葡萄糖转运蛋白基因*glut1*和*glut4*的表达上调。相反, 去乙酰化编辑组则表现出细胞凋亡增加、胚胎畸形率升高、存活率降低以及葡萄糖稳态受损。值得注意的是, 乙酰化诱导的*akt2*上调和葡萄糖摄取相关表型在F1代胚胎中持续存在, 表明该调控效应具有代际维持性。总之, 本研究成功开发了一种强大的鱼类组蛋白乙酰化编辑系统, 并解析了其调控级联反应, 为水产养殖物种的表观遗传育种提供了关键技术。

**关键词:** CRISPR/dCas9, *akt2*; TOR信号通路; 组蛋白乙酰化; 斑马鱼

\*资助项目: 广州市科技菁英领航项目 (2025A04J3596); 国家自然科学基金 (22176066)

通讯作者, 王学耕, 副研究员, 主要从事鱼类表观遗传与遗传育种研究

E-mail: wangxuegeng@scnu.edu.cn

## DNA 甲基化编辑调控 *mstnb* 基因表达促进斑马鱼肌肉生长研究

王学耕<sup>1,\*</sup>, 王珮瑾<sup>1</sup>, 梁敏行<sup>1</sup>, 麦康森<sup>2</sup>

1. 华南师范大学现代水产养殖科学与工程研究院, 广东广州, 510631

2. 中国海洋大学水产学院, 山东青岛, 266003

**摘要:** 肌肉组织是鱼类主要的蛋白质储存库和关键能量来源。肌肉生长抑制素 (*mstn*) 作为肌肉生长的负调控因子。同时, *mstn* 表达减少会加速肌肉肥大。在本研究中, 我们应用CRISPR/dCas9介导的DNA甲基化编辑技术靶向斑马鱼*mstnb* 基因的第二外显子, 从而在不改变DNA序列的情况下改变DNA甲基化水平。结果表明, *mstnb* 甲基化水平升高显著抑制了*mstnb* mRNA的表达。经过140天的生长, 成年斑马鱼的体长和体重均显著高于对照组。组织学分析进一步表明, 实验组斑马鱼躯干肌肉纤维的总横截面积和单个肌纤维的平均横截面积都显著增大, 表明肌肉生长增强主要是肌纤维的肥大。这项工作展示了表观基因组编辑技术在水产养殖育种中的创新应用。通过精确调控关键经济性状基因的表达模式, 同时保持基因组DNA的完整性, 该方法为理解鱼类肌肉相关功能基因的时空表达和调控机制, 以及阐明相关调控因子的作用提供了潜在的实践指导。总体而言, 它为加速养殖鱼类生长和提高水产养殖生产力提供了一条有前景的途径。

**关键词:** CRISPR/Cas9; 生长抑制素; DNA甲基化编辑; 表观遗传; 斑马鱼

---

\*资助项目: 广州市科技菁英领航项目 (2025A04J3596); 国家自然科学基金 (22176066)

通讯作者, 王学耕, 副研究员, 主要从事鱼类表观遗传与遗传育种研究 E-mail: wangxuegeng@scnu.edu.cn

## **Cdk1 haploinsufficiency triggers premeiotic endoreplication and unreduced sperm formation via Cdk2/Ccne1-Fzr1a pathway in a teleost fish, loach**

Xiaojuan Cao<sup>1\*</sup>, Yunbang Zhang<sup>1,2</sup>, Rongyun Li<sup>1,2</sup>, Yihui Mei<sup>1</sup>, Bing Sun<sup>1</sup>, Katsutoshi Arai<sup>1\*</sup>

1. College of Fisheries, Engineering Research Center of Green Development for Conventional Aquatic Biological Industry in the Yangtze River Economic Belt, Ministry of Education, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China.

2. MOE Key Laboratory of Freshwater Fish Reproduction and Development, College of Fisheries, Integrative Science Center of Germplasm Creation in Western China (Chongqing) Science City, Southwest University, Chongqing 400715, China.

**Abstract:** Polyploidy represents a major driver of eukaryotic genome evolution. In vertebrates, premeiotic endoreplication is considered as an important route to polyploidization, yet the molecular basis governing this process remains elusive. Here, we reported that heterozygous mutation of *cdk1* in the loach, *Misgurnus anguillicaudatus* (Teleostei, Cobitidae) triggered premeiotic endoreplication in spermatogonia, resulting in the production of unreduced diploid sperms. Through integrated proteomic and phosphoproteomic profiling, we uncovered that Cdk1 haploinsufficiency led to widespread dysregulation of the phosphorylation of key proteins in the cell cycle and DNA replication pathways in spermatogonia. Mechanistically, Cdk1 haploinsufficiency induced increased inhibitory phosphorylation of Cdk2 at tyrosine 15; the residual Cdk2/Ccne1 complex phosphorylated Fzr1a at threonine 124, inhibiting APC/C<sup>Fzr1a</sup> complex activity. This effect prevented mitotic entry and promoted continuous DNA replication, thereby initiating premeiotic endoreplication. Inhibition of Cdk2 expression in *cdk1*<sup>+/-</sup> loach males suppressed this pathway and abolished unreduced sperm formation. Our study elucidates the first molecular pathway for unreduced gamete production in fish and establishes Cdk1 as a key guardian of diploidy before meiosis. Furthermore, leveraging this mechanism, we generated triploid and tetraploid loach lines with unreduced sperms, demonstrating a direct bridge between gene function to polyploid breeding. These findings provide a mechanistic framework for understanding polyploidization in vertebrate evolution and offer a targeted strategy for chromosome

set manipulation in aquaculture.

**Keywords:** gamete, mitosis, polyploid, spermatogonia, *Misgurnus anguillicaudatus*

---

资助项目：国家自然科学基金（32172962 和 U23A20245）、中央高校基本科研业务费（2662025SCP006）\*最后通讯：曹小娟，华中农业大学教授，主要从事水产动物遗传育种  
Mail: caoxiaojuan@mail.hzau.edu.cn

## 瘦素及饲料脂肪水平对半滑舌鲷生长和卵巢发育的调控研究

蔡鑫<sup>1</sup>, 徐永江<sup>1\*</sup>

1. 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 山东青岛 266071

**摘要:** 瘦素是哺乳动物中调控生殖和能量代谢的关键激素,但在半滑舌鲷中,瘦素在生殖调控中的功能研究仍然匮乏。为探究其调控机制,我们在卵巢细胞中敲降 *lepA* 和 *lepB*,其细胞迁移与生长速率下降而凋亡率上升;双荧光素酶实验证实,重组蛋白 *rlepA* 和 *rlepB* 均能与瘦素受体 *LepR* 结合,且 *rlepA* 可进一步激活雄激素受体 (AR),*rlepB* 则激活 G 蛋白偶联雌激素受体 (GPER)。转录组测序结果显示,在体外敲降或外源添加 *lepA*、*lepB* 后,差异表达基因主要富集于膜受体、脂肪酸合成及生长等相关通路,体内敲降实验亦获得类似结果。同时,体内外敲降 *lepB* 均显著升高雌二醇 (E2) 水平,并上调 E2 合成相关基因的表达。基于这些差异基因及其参与的信号通路,我们提出了瘦素在卵巢细胞中可能的作用假说,为理解瘦素调控卵巢生长与发育的功能提供了新见解。在此基础上,研究进一步探讨了饲料脂肪水平对半滑舌鲷生长、卵巢发育及分子响应的影响。将实验鱼分别投喂 8%低脂 (LFG)、12%正常 (NFG) 和 16%高脂 (HFG) 饲料两个月后发现,与 NFG 组相比,HFG 组生长性能 (体重、体长、增重率) 显著提高,并显著促进卵巢发育,表现为IV-V期卵母细胞比例增加和血清 E2 水平升高。值得注意的是,这种促生长和促生殖效应伴随肝脏粗脂肪含量下降,提示脂质被积极动员以支持生长与卵巢发育。转录组和代谢组分析也支持上述结果。在 HFG 组卵巢中,类固醇激素生物合成、钙信号以及神经活性配体-受体相互作用等通路被富集,解释了 E2 水平升高和卵母细胞成熟的原因。代谢组学进一步揭示,肝脏和卵巢中花生四烯酸、二十二碳五烯酸等关键脂肪酸的谱图发生改变。相反,LFG 组卵巢和肝脏中共同富集了铁死亡信号通路,表明低脂饲料诱导的营养应激可能损害生殖功能。综上,本研究从分子调控和营养供给两个层面揭示,瘦素信号参与卵巢细胞功能调控,高脂饲料则通过优化能量分配和激素调控促进生长与卵巢发育,而低脂饲料可诱发铁死亡介导的卵巢应激。这些发现为深入理解半滑舌鲷生殖机制及亲鱼饲料优化提供了重要依据。

**关键词:** 瘦素; 半滑舌鲷; 雌二醇; 脂肪含量; 卵巢发育

资助项目: 国家自然科学基金(32072993, 32072949); 山东省重点研发计划“泰山产业专家计划”(2023TZXD050); 中国水产科学研究院基本科研业务费(2023TD51); 国家海水鱼产业技术体系(CARS-47) \*通讯作者, 徐永江, 研究员, 主要从事海洋鱼类生殖生理学与繁殖技术  
E-mail: xuyj@ysfri.ac.cn

## 转录组分析揭示 17 $\alpha$ -甲基睾酮调控钝吻黄盖鲮生长的作用机制

成路遥<sup>1</sup>, 孟振<sup>1\*</sup>, 徐文腾<sup>1</sup>, 徐永江<sup>1</sup>, 张宁<sup>2</sup>, 徐荣静<sup>3</sup>

1. 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 山东青岛 266071;

2. 烟台宗哲海洋科技有限公司, 山东烟台 264001;

3. 烟台开发区天源水产有限公司, 山东烟台 264001

**摘要:** 钝吻黄盖鲮 (*Pseudopleuronectes yokohamae*) 具有显著的雌性生长优势, 为优化该鱼类全雌苗种培育生产, 利用 17 $\alpha$ -甲基睾酮 (MT) 进行激素诱导培育伪雄鱼是关键技术手段。然而, MT 对体细胞生长的影响具有剂量依赖性, 其内在调控机制目前尚不明确。本研究以饲喂含 0 mg/kg、0.5 mg/kg、2.0 mg/kg MT 饲料的幼鱼为研究对象, 通过对肌肉与肝脏组织进行转录组测序, 解析其生长调控的分子机制。表型结果显示: 0.5 mg/kg 剂量可维持鱼类正常生长, 而 2.0 mg/kg 剂量则出现显著生长抑制, 该结果与以往研究结论一致。转录组测序结果表明, 钝吻黄盖鲮对不同剂量 MT 存在层级化的转录应答特征。低剂量激素仅引发轻微转录差异, 主要集中在代谢通路和信号通路; 而高剂量激素可在两种组织中强效、协同激活细胞核心合成代谢与增殖相关通路, 包括细胞周期、核糖体生物合成、氨酰-tRNA 生物合成等。值得关注的是, 肌肉组织中上述合成通路被激活的同时, 系统性生长激素/胰岛素样生长因子 (GH/IGF) 轴受到显著抑制, *igf1*、*ghr* 基因表达显著下调。细胞生物合成通路激活与内分泌生长信号受阻之间的作用矛盾, 为高剂量导致的生长抑制提供了直接的机制解释。研究同时发现组织应答具有明显特异性: 肌肉转录组变化主要聚焦于细胞结构构建, 肝脏则以代谢重编程与细胞增殖调控为核心。本研究通过实时荧光定量 PCR (qRT-PCR) 验证了关键基因的表达规律。综上, 高剂量 MT 引发的转录调控失衡是其产生生长抑制效应的根本原因。本研究为钝吻黄盖鲮养殖生产中选用 0.5 mg/kg MT 剂量开展高效性逆转的同时保障鱼类正常生长, 提供了重要的分子理论依据。

**关键词:** 17 $\alpha$ -甲基睾酮; 钝吻黄盖鲮; 生长; 转录组测

资助项目: 山东省重点研发计划(2025LZGC039); 中国水产科学研究院中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金(2025XT0502); 国家重点研发计划课题(2022YFD2400402); 国家海水鱼产业技术体系(CARS-47); 国家科技创新 2030 (2023ZD0405505) \* 通讯作者, 孟振, 副研究员, 主要从事海水鱼类繁育 mail: mengzhen@ysfri.ac.cn

## 刺参出皮率性状相关功能基因挖掘与分子标记鉴定

葛建龙<sup>1</sup>, 宋志伟<sup>1</sup>, 廖梅杰<sup>1\*</sup>, 王锦锦<sup>1</sup>, 李彬<sup>1</sup>, 荣小军<sup>1</sup>, 王印庚<sup>1</sup>

1. 国水产科学研究院黄海水产研究所, 山东青岛 266071

**摘要:** 仿刺参 (*Apostichopus japonicus*) 又称刺参, 是我国第五次海水养殖浪潮的代表性物种之一。体壁是刺参最主要的可食用部分, 体壁占总体重的比例 (出皮率) 是刺参重要的经济性状, 成为了刺参重要育种目标性状之一。本研究以刺参出皮率差异群体为实验材料, 利用全基因组重测序、选择消除分析和转录组测序, 挖掘了候选基因及关键通路, 鉴定出皮率相关 SNP 及优势基因型。结果显示, 基于  $F_{st}$  和  $P_i$  的选择消除分析分别筛选出高出皮率组和低出皮率组 524 个和 484 个受选择区域, 分别注释得到 214 个和 193 个候选功能基因。通路富集分析得到代谢途径 (Metabolic pathways)、脂肪酸伸长 (Fatty acid elongation)、脂肪酸代谢 (Fatty acid metabolism) 和粘蛋白 O-聚糖生物合成 (Mucin type O-glycan biosynthesis) 途径等 4 个与高出皮率显著相关的关键通路, 推断延伸子复合蛋白 2 (*ELP2*)、跨膜脂肪细胞相关蛋白 1 (*TPRA1*)、G2/M 期特异性 E3 泛素蛋白连接酶 (*G2E3*)、酪氨酸蛋白激酶受体 Tie-1 (*TIE1*) 和胞质分裂专用蛋白 1 (*DOCK1*) 等 4 个功能基因是刺参出皮率相关功能基因。筛选到 28 个显著差异 SNP 位点并确定了 4 个 SNP 位点的优势基因型。基于转录组差异表达分析富集到脂肪酸代谢 (Fatty acid metabolism)、脂肪酸降解 (Fatty acid degradation)、甘油磷脂代谢 (Glycerophospholipid metabolism)、醚脂代谢 (Ether lipid metabolism) 和过氧化物酶体 (Peroxisome) 等 5 个生物通路, 筛选到 6 个可能与高出皮率相关的功能基因: 细胞色素 c 氧化酶 7C (*COX7C*)、肌球蛋白 VI (*MYO6*)、长链脂酰辅酶 A 脱氢酶 (*ACADL*)、长链酰基辅酶 A 合成酶 4 (*ACSL4*)、长链酰基辅酶 A 合成酶 1 (*ACSL1*) 和磷脂磷酸酶 3 (*PLPP3*)。研究成果为探究刺参出皮率遗传调控机制和高出皮率刺参优良品种培育提供了理论依据和数据支撑。

**关键词:** 刺参; 出皮率; 遗传机制; 分子标记

---

资助项目: 山东省农业良种工程项目 (2023LZGC019)

作者简介: 葛建龙, 副研究员, 主要从事刺参遗传育种与健康养殖研究

E-mail: gejl@ysfri.ac.cn

## miRNA 介导三疣梭子蟹氨氮胁迫响应的调控机制研究

韩慧聪<sup>1</sup>, 任丽婷<sup>1</sup>, 孟宪亮<sup>1,2\*</sup>

1. 水产科学研究院黄海水产研究所, 山东青岛 266071;

2. 科学与技术试点国家实验室, 山东青岛 266237

**摘要:** 氨氮是三疣梭子蟹集约化养殖中典型的环境污染物, 高浓度胁迫可对养殖个体产生毒性效应, 严重制约养殖生态效益。微小 RNA (miRNA) 在水生动物免疫应答、环境适应及物质代谢中发挥关键调控作用, 但其介导的氨氮胁迫响应机制尚不清楚。本研究利用全转录组分析高浓度氨氮 (40 mg/L) 胁迫下关键响应 miRNA, 在眼柄、鳃和肝胰腺组织中分别鉴定到 63、19 和 13 个差异 miRNA。对其靶基因预测和关联分析发现, miR-2b 和 novel-35 通过靶向调控甲壳动物高血糖素 (CHH) 基因表达影响梭子蟹神经系统; 而 miR-252-5p 和 miR-200a 分别调控抗氧化基因 Keap1 和排氨代谢基因 GDH 的表达, 激活细胞抗氧化防御与排氨代谢能力。为深入探究关键 miRNA 的分子调控作用, 敲降实验与双荧光报告实验分析发现, miR-252-5p 和 miR-200a 能够特异性结合靶基因 3'UTR 区域从而抑制基因转录活性。本研究揭示了 miRNA 在三疣梭子蟹氨氮胁迫响应中的调控作用与内在机制, 对优化养殖技术和培育具有耐氨氮性状良种具有重要意义。

**关键词:** 氨氮胁迫; 三疣梭子蟹; miRNA; 排氨代谢

---

\*通讯作者: 孟宪亮, 研究员, 主要从事甲壳动物遗传育种和生态养殖研究。

E-mail: xlmeng@ysfri.ac.cn

## 金虎杂交斑三倍体生物学特性分析及生长优势性状形成的分子机制研究

李振通, 邓远, 黎琳琳, 陈帅, 段鹏飞, 王心怡, 苏金枝, 邱弈树, 丁小雨, 刘阳, 王林娜, 田永胜\*

中国水产科学研究院黄海水产研究所

**摘要:** 异源三倍体培育是新种质创制的重要途径。本课题组开展了金虎杂交斑三倍体新种质创制研究, 并对其红细胞、核型、形态、生长、发育、营养分析等生物学特性以及生长优势形成的分子机制进行了初步研究。优化静水压诱导参数, 建立了金虎杂交斑三倍体群体。三倍体红细胞表面积为二倍体的 1.54 倍; 三倍体染色体核型为  $3n=72=1m+2sm+69t$ ,  $NF=75$ ; 形态特征分析表明三倍体有其特有的特征。金虎杂交斑三倍体较二倍体提高 9.6%, 表现出生长速度快的优势; 21 月龄三倍体的性腺发育缓慢; 肌肉营养成分分析发现三倍体粗蛋白含量较高、脂肪含量较低, 表明具有较高的食用价值。组学分析鉴定到与生长性状和性腺发育显著相关的目标模块, 识别了一系列与内分泌系统、脂质代谢通路相关的基因, 如 *epdr1*、*hp1bp*、*pcdhac* 和 *cyp2j2* 等。为石斑鱼新种质创制提供了丰富的基础数据。

**关键词:** 金虎杂交斑; 三倍体; 生物学特性; 生长优势性状; 分子机制

---

资助项目: “十四五”国家重点研发计划 (2022YFD2400502); 泰山产业领军人才项目 (LJNY202109); 山东省重点研发计划项目 (2022LZGC016); 海南省重点研发计划项目 (ZDYF2022XDNY243); 财政部和农业农村部: 国家现代农业产业技术体系 (CARS-47-G31); 中央公益性科研院所基本科研业务费 (20603022024013); 中国水产科学研究院科研业务费 (2020TD19)。

第一作者: 李振通, 助理研究员, 主要从事石斑鱼遗传育种, [lizt@ysfri.ac.cn](mailto:lizt@ysfri.ac.cn)

\*通讯作者: 田永胜, 研究员, 主要从事石斑鱼遗传育种与种质冷冻保存, [tianys@ysfri.ac.cn](mailto:tianys@ysfri.ac.cn)

# 石斑鱼杂交育种进展及杂交生长优势解析

刘阳<sup>1,2</sup>, 田永胜<sup>1,2\*</sup>

1. 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 山东青岛 266071;

2. 中国水产科学研究院海南创新研究院, 海南三亚 572000

**摘要:** 杂交优势利用是石斑鱼遗传改良的重要途径。项目组利用大型石斑鱼（鞍带石斑鱼和蓝身大斑石斑鱼）父本的速生效应杂交培育出“云龙石斑鱼”和“金虎杂交斑”2个国审新品种，但新品种生长优势远低于大型亲本。近期突破培育出超亲生长的大型石斑鱼“金龙杂交斑”（*Epinephelus tukula* ♀ × *E. lanceolatus* ♂）新种质。结合多组学分析优势解析了石斑鱼杂交生长优势的形成机制。首先绘制了“金虎杂交斑”单倍型 T2T 水平的基因组图谱，发现单倍型 hap1 与两种大型石斑鱼亲缘关系较近。鉴定出父本亚基因组优势协同 DNA 低甲基化调节脂质代谢通路促进杂交生长优势形成，构建了潜在的分子调解网络。

**关键词:** 金虎杂交斑；杂交生长优势；亚基因组优势；DNA 甲基化模式；单倍型基因组

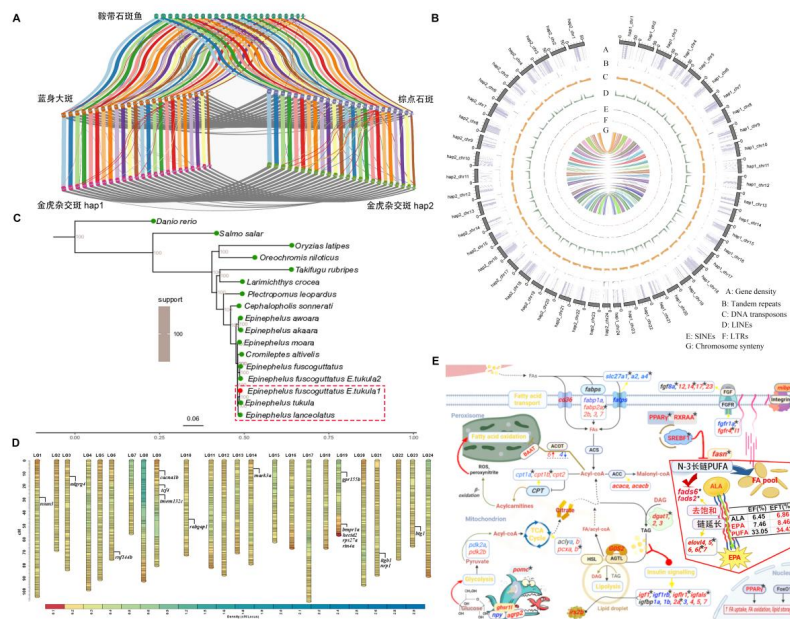


图1 金虎杂交斑单倍型基因组组装及杂交生长优势解析

## 鱼类耐受低氧的遗传与代谢机制解析

**资助项目:** 山东省和海南省重点研发计划(2026LZGC045; ZDYF2025SXLH002)

\*通讯作者, 田永胜, 二级研究员, 水产种质保存与遗传育种, tianys@ysfri.ac.cn

马强<sup>1\*</sup>, 杜震宇<sup>2</sup>, 卫育良<sup>1</sup>, 徐后国<sup>1</sup>, 梁萌青<sup>1</sup>

中国水产科学研究院黄海水产研究所, 山东 青岛 266071

华东师范大学生命科学学院, 上海 200241

**摘要:** 低氧是自然界和水产养殖中普遍存在的环境应激, 可分为急性、慢性和间歇性低氧, 严重时会造成水生动物大量死亡。不同鱼类对低氧的耐受性存在明显差异, 但其中机制尚不完全清楚。本研究通过 CRISPR-Cas9 基因敲除、药理学抑制或激活、同位素代谢示踪和转录组测序等技术, 在 20 种经济鱼类、斑马鱼及其细胞上开展了相关研究。本研究首先比较了 8 种海水鱼在急性低氧下的存活率, 发现大菱鲆和红鳍东方鲀对低氧很不耐受。随后发现低氧会抑制鱼类肝脏脂肪酸分解, 促进脂肪合成, 并激活 Hif3 $\alpha$  介导的无氧糖酵解来提供能量。接着通过激活剂促进细胞对脂肪的分解, 发现抑制了 Akt 介导的糖酵解, 加剧了胞内氧气消耗并引发氧化损伤, 导致实验鱼低氧下的存活率降低。相反, 通过抑制脂肪酸进入线粒体或分别敲除斑马鱼三个脂肪分解关键基因 *ppara/atgl/cpt1b*, 可显著抑制鱼体对脂肪的分解, 促进了对糖的利用, 降低了鱼体的氧气消耗和氧化损伤, 从而提高实验鱼对低氧的耐受性。然而在 *atgl* 敲除的斑马鱼中, 添加药物抑制无氧糖酵解能够消除由抑制脂肪分解所产生的耐受低氧的表型, 证明低氧耐受性的提高与糖酵解增强有关。进一步, 通过比较 14 种淡水鱼的低氧耐受性及其对脂肪和糖类的分解代谢偏好, 发现更善于利用糖类作为能量来源的鱼类要比善于分解脂肪的鱼类更耐低氧, 也就是杂食性鱼类要比肉食性鱼类更耐低氧。此外, 投喂高糖饲料或单次补充葡萄糖和果糖可通过激活无氧糖酵解来提高鱼类对低氧的耐受性。综上, 本研究阐明了鱼类食性与低氧耐受性状的关系, 揭示了自然界中不同鱼类适应低氧的一种普适机制, 为培育耐低氧鱼类新品种和研发耐低氧专用饲料提供了科学指导。

**关键词:** 食性; 低氧适应; 基因编辑; 营养代谢; 无氧糖酵解

---

资助项目: 国家自然科学基金 (31830102, 32202950), 河鲀营养需求与饲料 (CARS-46-G15)

\*通讯作者: 马强, 副研究员, 水产动物逆境生理与营养调控, E-mail: maqiang@ysfri.ac.cn

## Differential activation of their cognate receptors by NPFF and GnIH peptides in the half-smooth tongue sole (*Cynoglossus semilaevis*)

LIU Hanlin<sup>1,2,3</sup>, LI Ruixue<sup>1,2,4</sup>, YU Zhihua<sup>1,2,4</sup>, CHEN Huapu<sup>3</sup>, WANG Bin<sup>1,2\*</sup>

1. State Key Laboratory of Mariculture Biobreeding and Sustainable Goods, Yellow Sea Fisheries

Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071, China

2. Laboratory for Marine Fisheries Science and Food Production Processes, Qingdao Marine

Science and Technology Center, Qingdao 266237, China

3. Fisheries College, Guangdong Provincial Key Laboratory of Aquatic Animal Disease Control and Healthy Culture, Guangdong Ocean University, Zhanjiang 524088, China

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

**Abstract:** Neuropeptide FF (NPFF) belongs to the RF-amide peptide family and is homologous to gonadotropin-inhibitory hormone (GnIH). The NPFF precursor encodes two mature peptides, NPFF and NPAF (neuropeptide AF). Both peptides share the conserved C-terminal PQRFa motif. However, there is very limited information available on receptor cross-reactivity for NPFF and GnIH peptides in teleosts. As a first step, we cloned two cognate receptor genes for NPFF, designated as NPFFR2-1 and NPFFR2-2, in the flatfish species half-smooth tongue sole. Tissue distribution analysis revealed that *npffr2-1* and *npffr2-2* transcripts were present at high levels in the brain and pituitary gland, and at lower levels in some peripheral tissues. In vitro functional analysis indicated that NPFF significantly stimulated CRE-luc and SRE-luc activity in COS-7 cells expressing either NPFFR2-1 or NPFFR2-2. However, NPAF increased CRE-luc and SRE-luc activity only via NPFFR2-1. Moreover, NPFF exerted an inhibitory effect on NFAT-RE-luc activity in COS-7 cells transfected with NPFFR2-1, whereas NPAF elicited an evident stimulatory effect via NPFFR2-2. Neither GnIH1 nor GnIH2 altered CRE-luc activity in COS-7 cells transfected with NPFFR2-1 or NPFFR2-2; however, forskolin-induced CRE-luc activity was significantly reduced by these two peptides. Furthermore, neither basal nor forskolin-stimulated CRE-luc activity was modified by NPFF or NPAF in COS-7 cells expressing the GnIH receptor (GnIHR). Both GnIH1 and

GnIH2 significantly increased SRE-luc activity in COS-7 cells expressing NPFFR2-1 or NPFFR2-2, and vice versa. Taken together, our findings provide novel evidence that both NPFF and GnIH peptides could exert their functions via three different receptors, and that PKA, PKC, and  $\text{Ca}^{2+}$  signaling pathways are potential mediators.

**Keywords:** NPFF; GnIH; NPFFR2-1; NPFFR2-2; GnIHR; signaling pathway

---

资助项目：国家自然科学基金(32072949)；国家重点研发计划项目(2022YFD2400401)

\*通讯作者，王滨，研究员，主要从事水产生物技术与遗传育种

Email: wangbin@ysfri.ac.cn

## 脑 GABA 神经元来源的 *adcyap1b* 是调控半滑舌鲷垂体 gh 等激素分泌的重要因子

王娜<sup>1\*</sup>, 朱颖<sup>2</sup>, 李希红<sup>1</sup>, 张谦<sup>1</sup>, 徐文腾<sup>1</sup>, 陈张帆<sup>1</sup>, 崔忠凯<sup>1</sup>, 王佳林<sup>1</sup>,  
陈松林<sup>1\*</sup>

1. 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 山东青岛 266071;

2. 青岛农业大学, 山东青岛 266237;

**摘要:** 鱼类普遍存在的性别生长异形现象是制约养殖产业可持续发展的重要因素。为了研究脑-垂体轴在半滑舌鲷性别生长异形现象中的调控机制, 我们利用 Chromium 单细胞多组学 ATAC + 基因表达测序技术, 绘制了半滑舌鲷雌、雄及伪雄鱼的脑-垂体轴单细胞水平的基因表达及染色质可及性图谱, 鉴定出脑组织的五大类细胞类群和垂体的六大类细胞类群, 细胞数量差异分析表明 *adcyap1b*+GABA 神经元数量为雌>伪雄>雄, 雌性生长激素细胞数量约为雄/伪雄性的 3 倍。完成了主要细胞类群性别差异的转录-表观协同分析, 发现 GABA 神经元雌性优势表达及高染色质可及性基因显著富集到 *secretion by cell* 等通路(包括 *adcyap1b* 等基因), 表明雌性 GABA 神经元会分泌更多神经肽。少突胶质细胞雄性和伪雄性高表达及高染色质可及性基因显著富集到 *myelination* 等通路, 表明雄性和伪雄性神经元具备更高的髓鞘化, 结合雄性脑细胞具有更强的细胞通讯概率这一发现, 表明雄性会耗费更多能量用于维持脑神经网络功能。垂体细胞共孵育实验发现 *adcyap1* 蛋白不仅显著刺激垂体分泌 gh, 而且也调控其他垂体激素 *sl*、*prl*、*crh* 等的分泌。进一步分析发现半滑舌鲷 *adcyap1b* 存在两个可变剪切体, 其重组蛋白的功能分析表明 *adcyap1b*-tv1 对垂体激素的调控效果更强。本研究表明, 半滑舌鲷脑 GABA 神经元的 *adcyap1b* 基因是调控性别生长异形的重要上游因子。

**关键词:** 半滑舌鲷; 性别生长异形; 脑-垂体轴; GABA; *adcyap1b*; gh

---

资助项目: 国家重点研发计划课题(2022YFF1000303); 国家自然科学基金(32230107); 海水养殖生物育种与可持续产出全国重点实验室开放课题(BRESG202303); 泰山学者青年专家项目(tsqn202211266)。\*通讯作者, 王娜, 研究员, 主要从事鱼类细胞种质资源保存应用及功能基因组学研究; 陈松林, 院士、研究员, 主要从事水产生物技术与遗传育种  
E-mail: wangna@ysfri.ac.cn; chensl@ysfri.ac.cn

## Advances in Fish Gene Editing

XU Jiaqing<sup>1,2</sup>, HU Qiaomu<sup>1,\*</sup>, ZHANG junjei<sup>2,\*</sup>

*1. State Key Laboratory of Mariculture Biobreeding and Sustainable Goods, Yellow Sea Fisheries*

*Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao, Shandong 266071, China*

*2. College of Life Sciences, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China*

**Abstract:** Fish represent the most species-rich group within the phylum Chordata, possessing exceptional nutritional and ornamental value. Global aquaculture, particularly finfish farming, is experiencing rapid expansion worldwide, and fish serve as crucial model organisms for vertebrate developmental biology and functional genomics research. However, traditional breeding methods are plagued by limitations such as low precision and lengthy breeding cycles. Currently, gene editing technologies represented by the CRISPR/Cas system, base editing, and prime editing have provided revolutionary tools for dissecting gene function, modeling human diseases, targeted trait improvement, and ecological adaptation studies. This review describes the evolutionary history of gene editing technology, compares gene delivery strategies in fish embryos, and highlights landmark applications in key areas, including gene function research, aquaculture breeding, ornamental fish coloration regulation, and human disease model construction. Finally, we propose that innovation should be pursued while ensuring biosafety and regulatory compliance, to promote the transformation of fish gene editing toward large-scale and safe application.

**Keywords:** gene editing; gene editing tools; delivery strategies; aquaculture breeding; biosafety

---

资助项目:山东省重点研发计划(2025LZGC010, 2024CXPT071-1);海南种业实验室(B24YQ0010, B25H1QC08);海洋水产养殖生物育种与可持续利用国家重点实验室基础研究项目(BRESG-JB202502);青岛蓝色种业研究院蓝色种业创新项目(QDLYY-2024012);泰山学者计划(TSQNZ20240843);农业农业部与财政部中国农业科研体系(CARS-46-G31)及中国水产科学研究院基础研究基金(2023TD20) \*通讯作者, 胡乔木, 泰山学者, 研究员, 主要从事水产生物技术与遗传育种 E-mail: hpmu0806@163.com \*通讯作者, 张俊杰, 副教授, 主要从事水产生物技术与遗传育种 E-mail: zhangjuji@sina.cn

## CRISPR/Cas9 技术在海水鱼类细胞系基因编辑中的应用

闫煦<sup>1</sup>, 陈松林<sup>1,2,3\*</sup>

1. 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 山东青岛 266071;
2. 青岛海洋科学与技术试点国家实验室, 山东青岛 266237;
3. 山东省海洋渔业生物技术与遗传育种重点实验室, 山东青岛 266071

**摘要:** 尽管 CRISPR/Cas9 技术已广泛应用于哺乳动物细胞, 但海水鱼细胞系仍缺乏稳定、高效的基因编辑平台, 限制了鱼类功能基因研究和细胞模型构建。本研究以斑石鲷脑源细胞系为研究对象, 构建并优化了基于核糖核蛋白 (RNP) 电转化递送的 CRISPR/Cas9 基因编辑体系。首先构建 Cas9 稳定表达的斑石鲷脑细胞系, 并以内源性组成型表达基因 *PGRP-SC2* 作为编辑靶点, 采用 RNP 电转化递送 sgRNA, 系统优化电场强度、脉冲时长、脉冲次数及 RNP 递送条件。优化获得的最佳电转参数为电场强度 1400 V、脉冲时长 20 ms、脉冲次数 2 次。在最佳电转化条件下, 经 Sanger 测序和 T7E1 酶切分析验证, 靶位点编辑效率最高可达 84%, 并获得多种不同编辑类型的细胞克隆。综上, 本研究成功建立了适配斑石鲷脑细胞系的高效 CRISPR/Cas9 基因编辑平台, 为海水鱼细胞功能基因研究、基因编辑细胞模型构建及分子育种相关研究提供了高效、稳定的技术支撑。

**关键词:** CRISPR/Cas9; 海水鱼细胞; RNP; 电转; 基因编辑平台

---

\*通讯作者, 陈松林, 院士, 研究员, 主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail: chensl@ysfri.ac.cn

## Genetic Architecture and Genomic Selection for Tolerance to Fermented Soybean Meal in Turbot (*Scophthalmus maximus*)

YANG Jingkun<sup>1</sup>, SUN Zhibin<sup>1</sup>, WANG Yilin<sup>1</sup>, MA Aijun<sup>1\*</sup>, LIU Zhifeng<sup>1</sup>, WANG Xinan<sup>1</sup>

*1. State Key Laboratory of Mariculture Biobreeding and Sustainable Goods, Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, China-ASEAN Belt and Road Joint Laboratory on Mariculture Technology (Qingdao), Qingdao 266071, China;*

**Abstract:** In this study, we developed an integrated breeding framework combining dietary response evaluation, genome-wide association analysis, and genomic selection to improve the performance of turbot (*Scophthalmus maximus*) fed fermented soybean meal-based diets. A feeding trial with graded fishmeal replacement levels was conducted, and generalized additive mixed model analysis of final body weight supported the selection of the 50% replacement level as a suitable dietary environment for genetic evaluation. Under this condition, genome-wide association analysis identified candidate genes, including *map4k2*, *tas1r1*, and *wnt1*, which may contribute to cellular energy regulation, taste perception, growth regulation, and body conformation. Bivariate genomic analysis further revealed a strong positive genetic correlation between body weight and condition factor. A multi-trait genomic best linear unbiased prediction model was used to predict breeding values for both traits, followed by Pareto front analysis to optimize their relative weights in the selection index. Unrestricted truncation selection generated greater short-term genetic gain but markedly reduced the effective population size. In contrast, family-constrained selection retained substantial genetic gain, approximately doubled the effective population size, and preserved all nine genetic lineages. These findings provide a practical genomic selection approach for improving turbot performance under high plant-protein feeding conditions while maintaining genetic diversity.

**Keywords:** turbot; fermented soybean meal; genome-wide association study; genomic selection

---

资助项目：国家重点研发计划项目（2022YFD2400401）、现代农业产业技术体系建设专项（CARS-46-G01）。

## 盐碱水环境下凡纳滨对虾养殖的关键离子调控与优化策略

张博<sup>1,2</sup>, 李皓<sup>1,2</sup>, 李慧辰<sup>1,2</sup>, 崔鸿武<sup>1,2</sup>, 尹振东<sup>1,2</sup>, 崔正国<sup>1,2\*</sup>

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

**摘要:**我国内陆盐碱水资源丰富, 但离子组成复杂、比例失衡, 限制了水产动物的生长和养殖效益。为探索适用于盐碱水环境下凡纳滨对虾养殖的离子调控优化策略, 本研究开展了关键离子筛选、离子组合优化、养殖效果验证及品质评价。采用正交试验, 结合极差分析、多因素方差分析、随机森林和 SHAP 分析, 从主要离子中筛选出  $\text{Ca}^{2+}$ 、 $\text{K}^{+}$  和  $\text{HCO}_3^{-}$  为影响对虾生长的关键因子; 进一步通过单因素试验和 Box-Behnken 响应面法优化离子组合, 并在不同水体和盐度条件下开展 60 d 养殖试验。结果表明, 优化模型拟合度较高, 预测结果与验证结果吻合良好。盐度 10 调控盐碱水组对虾生长性能显著优于低盐海水组、优化人工海水组及较低盐度调控盐碱水组, 且饲料利用效率更高。该组对虾肌肉中总游离氨基酸、鲜味和甜味氨基酸以及肌苷酸含量显著升高, 二十二碳六烯酸等营养指标保持良好水平。生理生化及多组学分析显示, 适宜盐度下的离子调控可维持血淋巴渗透压稳定, 增强碳酸酐酶介导的离子转运和酸碱平衡调节, 降低渗透调节能耗, 并促进氨基酸、脂质及抗氧化相关代谢过程。同时, 肠道微生物群落结构发生适应性调整, 有利于营养代谢和宿主稳态维持。较低盐度条件下, 对虾则表现出明显的渗透胁迫、氧化应激和能量代谢负担。综上, 适宜盐度条件下的关键离子优化可改善凡纳滨对虾的生长、饲料利用和风味品质, 其作用可能与离子稳态调节、能量重分配、代谢重编程及肠道微生态调控密切相关。本研究可为内陆盐碱水资源高效利用和鱼虾精准养殖提供理论依据。

**关键词:** 凡纳滨对虾; 盐碱水养殖; 离子调控; 生理机制; 风味品质

---

\*马爱军, 研究员, 主要从事鱼类遗传育种与繁育养殖技术研究 E-mail: maaj@ysfri.ac.cn

资助项目: 国家重点研发计划项目(2023YFD2400400); 国家海水鱼产业技术体系(CARS—46)

\*通讯作者, 崔正国, 研究员, 主要从事陆基工厂化养殖、养殖环境调控与渔业环境生态效应等方面的研究

E-mail: cuizg@ysfri.ac.cn

## 大菱鲆 IGFBP3a 重组蛋白生理功能研究

张楠<sup>1,2</sup>, 于钰洁<sup>1</sup>, 张效宇<sup>1</sup>, 汪峰<sup>1</sup>, 陈夏添<sup>1</sup>, 贾玉东<sup>1\*</sup>

1. 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 山东青岛 266071;

2. 福建农林大学海洋学院, 福建 福州 350002

**摘要:** 胰岛素样生长因子结合蛋白 3a (IGFBP3a) 在硬骨鱼类生长与生殖调控中发挥重要作用。本研究克隆了大菱鲆 *igfbp3a* 的开放阅读框 (ORF), 利用大肠杆菌表达系统获得重组 IGFBP3a (r-IGFBP3a), 通过镍柱亲和层析纯化获得高活性纯化蛋白, 进行大菱鲆卵泡和裸卵体外孵育实验, 分析了卵母细胞生发泡破裂 (GVBD) 率。结果表明, 低浓度 (1 ng/mL) IGFBP3a 处理可显著提高裸卵 GVBD 率 ( $P < 0.05$ ), 但对全卵泡的 GVBD 率无显著影响。100 ng/mL 的 r-IGFBP3a 显著上调对卵泡 *gper* 和 *mpa* 表达, 下调 *ac3b*、*ped3a* 和 *cx43*。1 ng/mL 的 r-IGFBP3a 显著上调在裸卵中 *gper*、*ac3b*、*cx43* 和 *ped3b* 表达, 而 *ped3a* 在所有浓度均上调, *mpa* 和 *ac3a* 无显著变化。此外, r-IGFBP3a 能够以组织依赖的方式调控 IGF 系统相关基因 (*igf1*、*igf2*、*igf3*) 及生殖/生长相关基因 (*vtg*、*ghr*) 的表达。综上, r-IGFBP3a 通过差异性调控卵泡与裸卵中关键信号分子, 进而影响卵母细胞减数分裂成熟, 具有显著生物学活性。该成果为解析大菱鲆卵母细胞成熟的分子调控机制, 以及优化种苗生产与新种质创新提供了理论支撑。

**关键词:** 大菱鲆; 胰岛素样生长因子结合蛋白 3a (IGFBP3a); 重组蛋白; 卵母细胞成熟;

---

资助项目: 国家自然科学基金 (32473184); 中国水产科学研究院科技创新团队项目 (2023TD81)

\*通信作者: 贾玉东, 研究员, 主要从事海水鱼类繁育与深远海养殖, E-mail: jiajd@ysfri.ac.cn

## Functional characterization of recombinant turbot IGFBP3a in *Escherichia coli*

Nan Zhang<sup>1,2</sup>, Yujie Yu<sup>1</sup>, Xiaoyu Zhang<sup>1</sup>, Feng Wang<sup>1</sup>, Xiatian Chen<sup>1</sup>, Yudong Jia<sup>1\*</sup>

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

266071, Shandong, China;

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

**Abstract:** Insulin-like growth factor binding protein 3a (IGFBP3a) plays an important role in regulating growth and reproduction in teleosts. In this study, the open reading frame (ORF) of turbot *igfbp3a* was cloned, and recombinant IGFBP3a (r-IGFBP3a) was obtained using an *Escherichia coli* expression system, followed by purification via nickel-affinity chromatography to yield highly active protein. This purified protein was used for in vitro incubation assays of turbot follicles and denuded oocytes, and the germinal vesicle breakdown (GVBD) rate was recorded. The results showed that a low concentration (1 ng/mL) of r-IGFBP3a significantly increased the GVBD rate in denuded oocytes ( $P < 0.05$ ), but had no significant effect on intact follicles. In follicle treatments, 100 ng/mL r-IGFBP3a significantly upregulated *gper* and *mpa* expression, while downregulating *ac3b*, *ped3a*, and *cx43*. In denuded oocytes, 1 ng/mL r-IGFBP3a significantly upregulated *gper*, *ac3b*, *cx43*, and *ped3b*, whereas *ped3a* was upregulated at all concentrations tested, and *mpa* and *ac3a* showed no significant changes. Furthermore, r-IGFBP3a modulated the expression of IGF system-related genes (*igf1*, *igf2*, *igf3*) and reproduction/growth-related genes (*vtg*, *ghr*) in a tissue-dependent manner. Collectively, r-IGFBP3a exhibits significant biological activity by differentially regulating key signaling molecules in follicles and denuded oocytes, thereby influencing oocyte meiotic maturation. These findings provide a theoretical basis for deciphering the molecular regulatory mechanisms of oocyte maturation in turbot, as well as for optimizing seed production and germplasm innovation.

**Keywords:** Turbot (*Scophthalmus maximus*), insulin-like growth factor binding protein 3a (IGFBP3a), recombinant protein, oocyte maturation; germinal vesicle breakdown (GVBD), gene expression regulation

---

资助项目：国家自然科学基金 (32473184)；中国水产科学研究院科技创新团队项目 (2023TD81)

\*通信作者：贾玉东，研究员，主要从事海水鱼类繁育与深远海养殖，E-mail: jiajd@ysfri.ac.cn

## 大菱鲆卵子特征及其影响因素研究

张校鸣<sup>1,2</sup>, 汪峰<sup>1,2</sup>, 于玉洁<sup>1</sup>, 张楠<sup>1</sup>, 贾玉东<sup>1\*</sup>,

1. 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 山东青岛 266071;

2. 上海海洋大学, 上海, 201306

**摘要:** 卵子质量是保障鱼类苗种规模化生产和水产养殖业可持续发展的关键。本研究整合形态学评估、生化指标检测及 RNA-seq 转录组测序技术, 系统评估大菱鲆繁殖期卵子质量, 筛选可用于受精前卵质预判的特征生物标志物。依据受精率 (FR)、孵化率 (HR) 和初孵仔鱼畸形率 (LDR), 将大菱鲆卵子划分为好 (I)、中 (II) 和差 (III) 三种等级。生化检测表明, I 级卵的浮力率、酸性磷酸酶 (ACP) 及苹果酸脱氢酶 (MDH) 活性、唾液酸 (SA) 和 ATP 含量、线粒体 DNA (mtDNA) 拷贝数均显著高于 II 级和 III 级卵; 除 MDH 活性外, 其余生化指标在劣质卵中均降至最低水平。相反, III 级卵的碱性磷酸酶 (AKP) 活性显著高于 I 级和 II 级卵。相关性分析证实, 上述生化指标与 FR、HR 和 LDR 均存在显著相关关系。转录组测序共筛选出 7,589 个差异表达基因 (DEGs)。经 qRT-PCR 验证, 鉴定出 15 个与细胞凋亡 (*casp3a*)、神经内分泌 (*trh*、*fshr*)、基础代谢与 RNA 加工 (*rpl5*、*rpl11*、*elavl1*、*rbm25b*)、胞吞作用 (*bmpr2*) 以及胚胎发育 (*nanog*、*sox2*、*klf4*、*sall4*、*zar1*、*dnd1*、*meiob*) 密切相关的核心差异基因, 其表达水平与胚胎早期发育指标高度相关。其中, 多能性因子 *nanog* 在 I 级卵中高表达且与卵子质量呈正相关, 而减数分裂相关基因 *meiob* 在 III 级卵中异常高表达 (约高出 70 倍) 且与卵子质量呈负相关。综上, ACP、AKP、MDH 活力, SA、ATP 含量, mtDNA 拷贝数, 以及 *nanog*、*meiob* 基因可作为大菱鲆卵子质量评估的有效生物标志物。

**关键词:** 大菱鲆; 卵子质量; 生理生化; 转录组学;

---

资助项目: 国家自然科学基金项目 (32473184); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项 (2023TD81)

\*通讯作者: 贾玉东, 研究员, 研究方向: 海洋鱼类繁育与深远海养殖。

E-mail: jiazyd@ysfri.ac.cn

## Characteristics and influencing factors of egg quality in turbot (*Scophthalmus maximus*)

ZHANG Xiaoming<sup>1,2</sup>, WANG Feng<sup>1,2</sup>, YU Yujie<sup>1</sup>, ZHANG Nan<sup>1</sup>, JIA Yudong<sup>1\*</sup>

1. Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao Key

Laboratory for Marine Fish Breeding and Biotechnology, Qingdao 266071, China

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

**Abstract:** Egg quality is critical for the sustainable large-scale production of fish larvae and the stability of commercial aquaculture in captivity. In this study, turbot egg quality was evaluated via morphological assessment, biochemical analysis, and RNA-seq to identify reliable biomarkers during the reproductive cycle. Turbot eggs were classified into three categories: high-quality (I), medium-quality (II), and low-quality (III) based on fertilization rates (FR), hatching rates (HR), and larva deformity rates (LDR). Results showed that the buoyancy rates, acid phosphatase (ACP), malate dehydrogenase (MDH) activity, sialic acid (SA), ATP content, and mitochondrial DNA (mtDNA) copy number of Grade I eggs were significantly higher than those of Grade II and III eggs. The lowest values of these parameters were observed in Grade III eggs, except for MDH activity. By contrast, the alkaline phosphatase (AKP) activity of Grade III eggs was significantly higher than that of Grade I and II eggs. Significantly correlated relationships were found among FR, HR, LDR, and these physiological parameters. A total of 7,589 differentially expressed genes (DEGs) were obtained among the three groups. Gene Ontology (GO), Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG), and transcriptomic analysis identified 15 core DEGs associated with apoptosis (*casp3a*), neuroendocrine signaling (*trh*, *fshr*), basic metabolism and RNA processing (*rpl5*, *rpl11*, *elavl1*, *rbm25b*), endocytosis (*bmpr2*), and embryonic development (*nanog*, *sox2*, *klf4*, *sall4*, *zar1*, *dnd1*, *meiob*) via quantitative real-time PCR (qRT-PCR). The expression levels of these validated genes were significantly correlated with FR, HR, and LDR. Notably, the pluripotency factor *nanog* was highly expressed in Grade I eggs and positively correlated with egg quality, meiosis-specific gene *meiob* showed an opposite pattern, accumulating abnormally (~70-fold higher) in Grade III eggs due to potential incomplete maturation.

These results indicate that ACP, AKP, MDH, SA, ATP, mtDNA, *nanog*, and *meiob* may serve as potential candidate biomarkers for evaluating egg quality in turbot before fertilization.

**Keywords:** Turbot *Scophthalmus maximus*; Egg quality; Physiology and Biochemistry; Transcriptome

---

资助项目：国家自然科学基金项目（32473184）；中央级公益性科研院所基本科研业务费专项（2023TD81）

\*通讯作者：贾玉东，研究员，研究方向：海洋鱼类繁育与深远海养殖。

E-mail: jiayd@ysfri.ac.cn

## Transcriptomics and Proteomics Reveals the Glycogen and Lipid Metabolism Regulating Glycogen Level in Mantle of Jinjiang Oyster (*Crassostrea ariakensis*)

ZHAO Shuqi<sup>1,3,4</sup>, LI Shengqiang<sup>1,2,3</sup>, CHI Changfeng<sup>2</sup>, Liu Zhihong<sup>1,3</sup>, Li

Zhuanzhuan<sup>1,3</sup>, Ma Peizhen<sup>1,3</sup>, SUN Xiujun<sup>1,3</sup>, ZHOU Liqing<sup>1,3</sup>, WU Biao<sup>1,3\*</sup>

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

2. School of Marine Science and Technology, Zhejiang Ocean University, Zhoushan 316022

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

4. Key Laboratory of Freshwater Aquatic Genetic Resources Certificated by the Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306

**Abstract:** Glycogen is not only a critical energy storage molecule in oyster but also a key flavor-determining factor that affect their fatness, with glycogen content directly governing oyster quality. However, the molecular mechanisms underlying glycogen storage and metabolism in shellfish (including oyster) remain incompletely understood. In order to clarify the regulatory mechanisms of glycogen metabolism in Jinjiang oyster (*C. ariakensis*), we performed integrated transcriptomic and proteomic analyses on the mantle tissues with high glycogen content (HG) and low glycogen content (LG). The results identified 899 differentially expressed genes (DEGs) at the transcriptional level and 1294 differentially expressed proteins (DEPs) at the translational level, respectively. Functional enrichment analysis demonstrated that these DEGs and DEPs were mainly enriched in glycogen metabolism and energy metabolism-related pathways, including the insulin signaling pathway, starch and sucrose metabolism, and glycerolipid metabolism. In the HG, numerous key genes and proteins were significantly involved in glycogen synthesis, gluconeogenesis, glycolysis pathways and fatty acid metabolism were significantly upregulated. These findings indicate these multiple metabolic processes co-regulate the level of glycogen in the mantle, providing a theoretical basis for elucidating molecular mechanisms of glycogen metabolism and valuable insights for the breeding of high-glycogen oyster varieties.

**Keywords:** Transcriptomics; Proteomics; Glycometabolism; Insulin signaling pathway; Non-esterified fatty acids (NEFAs)

---

Funding Project: National Key Research and Development Program of China (2024YFD2402800), Shandong Key R&D Program (Competitive Innovation Platform) (2024CXPT071-2), Shandong Postdoctoral Science Foundation (SDCX-ZG-202400100), and Central Public-interest Scientific Institution Basal Research Fund, YSFRI, CAFS (20603022024002) \*Corresponding authors: WU, Biao, Doctor, Professor, Genetic breeding of Marine shellfish mail: wubiao@ysfri.ac.cn

## **A transcriptome analysis revealing the molecular mechanism of light intensity-driven color variation in the skin of Chinese giant salamander (*Andrias davidianus*)**

Jing Zhizhi<sup>1</sup>, Chen Biao<sup>1</sup>, Luo Qinghua<sup>2,3,4</sup>, Zhou Xianwen<sup>5</sup>, Zhou Shaohui<sup>6</sup>, Wang Pei<sup>1,4\*</sup>

1. College of Life Sciences, Jishou University, Jishou 416000

2. College of Biological and Chemical Engineering, Changsha University, Changsha 410022

3. Hunan Engineering Technology Research Center for Amphibian and Reptile Resource Protection and Product Processing, College of Biological and Chemical Engineering, Changsha University, Changsha 410022

4. Hunan Engineering Laboratory for Chinese Giant Salamander's Resource Protection and Comprehensive Utilization, College of Life Sciences, Jishou University, Jishou 416000

5. Affair center of animal husbandry and aquaculture in Xiangxi Autonomous Prefecture, Jishou 416000

6. Hunan Zhangjiajie Giant Salamander National Nature Reserve Affairs Center, Zhangjiajie 427400

**Abstract:** To determine the effect of light on the body color of juvenile Chinese giant salamanders (*Andrias davidianus*), three treatments including: natural light (C, control light, 12 h day/night), high light (H, 24 h day, 220 Lux), and complete darkness (B, 24 h night, 0 Lux) were arranged in this study. Skin samples were collected for RNA sequencing after 12 days, and skin, blood, liver, brain, and eyes were gathered to analyze the effect of light on the characterization and molecular regulation of the body color. The results showed that with constant lighting, the skin color significantly darker. The activity of tyrosinase in the skin was highest on the days 8 in group H. Both continuous light and darkness significantly increased the activity of CAT in the liver and serum. qPCR validation showed that key genes involved in various melanin biosynthesis pathways were generally upregulated in the group H. In summary, light can activate the pigment synthesis pathway, promote gene expression, and enhance antioxidant enzyme activity. However, continuous exposure to light and darkness can disrupt the circadian rhythm in the giant salamander. The giant salamander adapts to its environment by coordinating melanin deposition and antioxidant defense, achieving dynamic changes in body color while clearing free radicals to mitigate oxidative damage.

**Keywords:** *Andrias davidianus*, Light, Melanogenesis, Antioxidant, RNA-seq

---

资助项目：国家自然科学基金(32360914)；吉首大学研究生创新项目（JDY2024069）；

通讯作者，王佩，博士，讲师，主要从事水产动物遗传育种

E-mail: wangpei0229@126.com.

## 水池塘中美洲鳗鲡 (*Anguilla rostrata*) 雌鱼自发性成熟的研究

白钊任<sup>1#</sup>, 黄晶<sup>1#</sup>, 杨莹<sup>1</sup>, 谢津津<sup>1</sup>, 霍朋辉<sup>1</sup>, 张蕉南<sup>2</sup>, 胡兵<sup>2</sup>, 陈加成<sup>2</sup>, 潘新东<sup>1</sup>, 赖晓健<sup>1</sup>, 陈仕玺<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> 集美大学水产学院, 福建省厦门市银江路 185 号

<sup>2</sup> 福建天马科技集团股份有限公司, 福建省福州市尚干镇工业区

**摘要:** 鳗鲡属 (*Anguilla*) 鱼类为典型的降河洄游性鱼类, 其生活史中需从大陆淡水或半咸水水域洄游至远洋产卵场, 长期以来普遍认为其性成熟仅能在海水环境中完成。本研究首次报道了在淡水养殖条件下, 美洲鳗雌鱼 (*Anguilla rostrata*) 发生自发性性成熟的现象。目前, 中国约占全球美洲鳗养殖产量的 50%。2025 年 5 月, 在 25 °C 条件下淡水池塘养殖的 15 万余尾美洲鳗中, 发现 6 尾雌鱼表现出腹部明显膨大、胸鳍颜色加深等成熟特征。其平均体长和体重分别为  $56.3 \pm 2.9$  cm 和  $455.6 \pm 74.5$  g。其中 5 尾用于生理学分析, 另 1 尾保留用于人工繁殖试验。5 尾取样雌鳗的性腺体指数 (GSI) 范围为 10.9%–50.1%, 其中 GSI 最高个体的卵母细胞平均直径达  $753.2 \pm 27.9$   $\mu$ m。耳石微量元素分析表明, 这 5 尾雌鳗均为 2 龄个体, 且仅在仔鱼阶段经历过海水环境。值得注意的是, 其中 2 尾雌鳗消化道内存在内容物, 表明其在性成熟过程中仍保持摄食行为。脂肪酸分析结果显示,  $\alpha$ -亚麻酸 (ALA) 含量与 GSI 呈显著负相关 ( $P < 0.05$ ), 而花生四烯酸 (ARA) 与 GSI 呈显著正相关。脑转录组分析显示, 在卵黄形成早期阶段, *amhr2* 的表达显著上调。RT-qPCR 结果进一步表明, 卵巢 *cyp19a1* 及垂体 *lhb* 的表达仅在核迁移期显著升高; 垂体 *fshb* 的表达始于油滴期, 在卵黄形成早期达到峰值, 随后逐渐下降, 而肝脏 *vtg* 的表达则在核迁移期达到最高水平。对未取样雌鳗进行的激素诱导仅需两次注射即可使体重指数超过 105%, 显示其已具备产卵准备状态。该成熟雌鳗与日本鳗雄鱼 (*Anguilla japonica*) 杂交, 成功获得具有活力的杂交仔鱼。综上, 本研究为理解鳗鲡性成熟的生理与分子调控机制提供了关键的自然成熟参考数据。

\*通讯作者, 陈仕玺, 教授, 主要从事鱼类生理学 mail: chenshixi@jmu.edu.cn

## Immunological function of LcApoM\_AGPRP in large yellow croaker

RuYu Huang<sup>1</sup>, DongLing Zhang<sup>1,\*</sup>

1.Key Laboratory of Healthy Mariculture for the East China Sea, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Jimei University, Xiamen, 361021

**Abstract:** As an important economic fish species, the study of immune mechanism of large yellow croaker is of great value. The Lipocalin family plays an important role in immunity, but the function of this family in teleost fish is poorly understood. In order to fill this knowledge gap, this study selected large yellow croaker and focused on its new Lipocalin member LcApoM\_AGPRP to clarify its specific function in host immune defense. In this study, a putative antibacterial protein LcAMRP1 of large yellow croaker was identified, which contains a  $\beta$ -barrel structure and a ligand binding cavity. It was found by qPCR that the gene had the highest expression in the liver of large yellow croaker. Subcellular localization showed that LcAMRP1 was mainly distributed in lysosomes, suggesting that it is involved in organelle-mediated immune defense. LPS and poly I : C stimulation experiments showed that LcAMRP1 was significantly up-regulated in response to bacterial and viral infections, highlighting its important role in innate immunity. Functional analysis showed that LcAMRP1 had broad-spectrum antibacterial activity and could effectively destroy the cell wall and cell membrane of Gram-positive bacteria and Gram-negative bacteria. This is the first systematic identification and functional study of LcAMRP1, which provides new insights into the innate immunity of teleost fish. Future research will focus on elucidating the regulatory mechanism of its secretion and its interaction with other immune proteins, aiming to find new molecular targets for the prevention and control of aquatic animal diseases.

**Keywords:** Large yellow croaker, Apolipoprotein M, hypothetical protein, innate immunity

---

基金项目：国家自然科学基金（32172964），福建省自然科学基金重点项目（2022J02042）

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

## The *phoQ* gene of *Pseudomonas plecoglossicida* influences the immune response in *Epinephelus fuscoguttatus* ♀ × *Epinephelus lanceolatus* ♂ during infection

Meiqin Mao<sup>1</sup>, Li He<sup>1</sup>, Xiangyang Lin<sup>2</sup>, Jianshao Wu<sup>2</sup>, Zhixia Zhuang<sup>3</sup>, Xiaoru Wang<sup>3</sup>,  
Huabin Huang<sup>3</sup>, Qingpi Yan<sup>1\*</sup>

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

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

3. College of Environment and Public Health, Xiamen Huaxia University, Xiamen, Fujian 361024, China

**Abstract:** *Pseudomonas plecoglossicida*, the causative agent of visceral white spot disease in teleost fish, has caused substantial economic losses to the aquaculture industry. The PhoP/PhoQ two-component system plays a crucial role in regulating bacterial virulence and maintaining internal environmental balance. In this study, hybrid grouper (*Epinephelus fuscoguttatus* ♀ × *E. lanceolatus* ♂) were infected with the wild-type strain NZBD9, a *phoQ* deletion mutant ( $\Delta phoQ$ ), and its complemented strain (C- $\Delta phoQ$ ) to assess the contribution of *phoQ* to pathogenicity, and transcriptome sequencing was performed to characterize the host immune response. The cumulative survival rate of the  $\Delta phoQ$ -infected group was 10% higher than that of the NZBD9 group, with significantly lower splenic bacterial loads and milder tissue damage. Transcriptomic analysis of infected fish identified 4453 host differentially expressed genes between the  $\Delta phoQ$  and NZBD9 groups, which were mainly enriched in 22 immune system pathways, 28 signal transduction pathways, and 9 cell growth and death pathways. qRT-PCR further confirmed that *phoQ* deletion significantly altered the expression of immune- and inflammation-related genes, including IL-1 $\beta$ , IL-6, CD3, C8, CCL2, MHC-II, PGRP6, and SLP2. Notably, PGRP6 expression in the  $\Delta phoQ$  group was significantly higher than that in the NZBD9 group during infection, suggesting that PGRP6 may be involved in host immune recognition of *P. plecoglossicida*. Collectively, *phoQ* is a key virulence determinant of *P. plecoglossicida*, and its deletion attenuates pathogenicity while enhancing host immune responses, providing a theoretical basis for targeting the PhoP/PhoQ system in the prevention and control of aquatic animal diseases.

**Keywords:** *Pseudomonas plecoglossicida*; *phoQ*; Hybrid grouper; Pathogenicity; Immune response

资助项目：本研究得到了国家自然科学基金（项目批准号：32373181）、国家重点研发计划项目（项目批准号：2023YFD2400700）以及福建省海洋与渔业产业高质量发展专项基金（项目批准号：FJHYF-L-2023-4）的资助。第一作者介绍：毛美琴、女、博士研究生，研究方向：水产病害防控，联系电话：13489311035、E-mail: 1319556719@qq.com

## 美洲鳗鲡性早熟现象的神经内分泌机制的初探

杨莹<sup>1</sup>, 白钊任<sup>1</sup>, 黄晶<sup>1</sup>, 陈仕玺<sup>1\*</sup>, 赖晓健<sup>1\*</sup>

1. 集美大学水产学院, 福建厦门 361021

**摘要:** 鳗鲡是降海洄游产卵鱼类, 栖息于淡水及近岸水域的雌鳗卵巢发育停滞在 II 期 (油球期,  $GSI < 1.5$ ), 在降海洄游过程才逐步发育成熟。2024 年底, 福建某近岸海水养殖网箱中发现约 40% 的 2 龄美洲鳗鲡 (*Anguilla rostrata*) 的卵巢已发育至 III 期 (卵黄生成期,  $GSI > 4$ ), 属于典型的性早熟。这些鱼的血清雌二醇水平, 脑-垂体-性腺-肝脏生殖调控轴相关基因 *gnrh1*, *lh*, *lhr*, *cyp19a1* 和 *vtg* 的表达量均显著高于未发育个体, 表明这些雌鱼已性启动。为解析该现象的神经内分泌机制, 通过分析卵黄生成期前后美洲鳗鲡脑转录组的差异, 发现 14 个基因表达量提高, 12 个基因表达量降低。其中介导营养能量摄入与生殖的甘丙肽蛋白 (*gal*), 参与多巴胺合成的酪氨酸羟化酶 (*th*), 催乳素 (*prl*), 及昼夜节律相关蛋白 (*rasd1*) 等基因的表达量显著提高, 表明美洲鳗鲡可能受到内外环境的协同调控卵巢的发育。

**关键词:** 性启动; 生殖调控轴; 甘丙肽; 鳗鲡

---

资助项目: 国家重点研发计划(2024YFD2401000), 国家自然科学基金(32302998), 厦门市自然科学基金(3502Z202373029), 福州市揭榜挂帅项目(2025-ZD-012), 福建省产学研重点项目(2025N5012)。\*通讯作者, 赖晓健, 男, 博士, 硕士生导师, 主要从事鳗鲡生殖生理研究, E-mail: laixj@jmu.edu.cn。陈仕玺, 男, 博士, 教授, 博士生导师, 主要从事鱼类生理研究, E-mail: chenshixi@jmu.edu.cn

## 多组织表达数量性状位点图谱解析 —— 驱动大黄鱼精准分子选育

原应博<sup>1</sup>，陈正德<sup>1</sup>，王士生<sup>1</sup>，张世惟<sup>1</sup>，王珣<sup>1</sup>，韩芳<sup>1</sup>，王志勇<sup>1\*</sup>，姜丹<sup>1\*</sup>，方铭<sup>1\*</sup>

1. 集美大学水产学院，厦门，361021

**摘要：**解析遗传调控变异与性状形成机制是大黄鱼精准分子选育的关键。本研究基于 847 尾大黄鱼是我国核心海水养殖经济鱼类，但养殖群体普遍存在种质退化、生长缓慢、抗病力弱、饲料利用率低等问题，传统育种效率偏低，难以支撑产业高质量发展。本研究整合自主多组织转录组、全基因组测序数据与公共转录组资源，构建覆盖 12 种组织的大规模转录组数据集，系统绘制包含 eQTL、sQTL 与 3' aQTL 的多维度 xQTL 调控变异图谱。数据集重复性与生物学一致性良好，证实了脊椎动物基因调控模式的进化保守性。本研究完成高质量变异检测与基因型填充，精准鉴定大量顺式与反式调控位点，证明大样本队列可有效挖掘弱效应、低频功能变异，且高阶独立调控变异可显著提升基因表达遗传力解释度。

机制解析显示，三类 xQTL 显著富集于功能基因组与活跃染色质调控区域，存在独立调控、基因共调控、三维基因组长距离调控及性别偏好调控等多元模式。结合大黄鱼生长、屠宰、抗病、脂肪酸组成及无鱼粉饲料适配等经济性状 GWAS 数据，证实 xQTL 功能变异显著富集于性状关联区间，可有效解析复杂性状遗传基础，且具有明显的组织特异性、组织拮抗调控与广谱共享特征。本研究构建的多组织 xQTL 调控图谱系统阐明了大黄鱼遗传调控规律，为功能靶点挖掘与精准育种体系构建提供了关键理论与数据支撑。依托本研究解析的核心功能变异与分子标记，团队建立了精准分子选育技术体系，定向选育生长、抗病、饲料高效利用及无鱼粉饲料高适配优良品系，成功培育“闽优 2 号”等大黄鱼新品种（系），有效弥补传统育种短板，为大黄鱼种质改良与水产良种化产业升级提供了重要技术支撑。

**关键词：**大黄鱼；经济性状；多组织；调控变异；eQTL；精准育种

---

\*通讯作者，方铭，教授，主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail:fangming618@126.com

## 黑鲟种质挖掘与新品种创制

张志伟, 贾超峰, 祝斐, 孟乾, 徐大风

(江苏省海洋水产研究所, 江苏省海洋种业重点实验室, 江苏, 南通, 226007)

**摘要:** 利用鸟枪法对黑鲟全基因组开展了测序, 获得了黑鲟全基因组、基因集等信息。黑鲟基因组总长度为 688.08 Mb, Scaffold N50 长度达到 7.64 Mb, 共注释 19,465 个蛋白编码基因; 同时, 我们从黑鲟基因组上找出了 26 个已知存在的鱼类性别调控基因同源序列。通过对黑鲟性转变过程中差异化表达基因的分析。我们发现 *dmrt1*、*amh*、*amhr2*、*piwil2*、*sox9*、*sox30* 和 *gsdf* 这组基因可能与黑鲟的精巢发育和功能维持有关, 其中 *dmrt1* 基因可能是启动黑鲟性转变的关键基因。*jnk1*、*vasa*、*wnt4*、*figla* 和 *foxl2* 这组雌性性别决定标志基因与黑鲟卵巢的发育和功能维持有关。这些基因在黑鲟从雄性向雌性转化的过程中起到重要作用。运用转录组测序方法对比分析黑鲟快生长和慢生长个体的差异基因表达情况, 共筛选出 3104 个 DEGs, 其中 1129 个上调基因, 1975 个下调基因, 其中包括 MYH4、IGF-1、IGF-2、Myl3、MYH6、Mb、GHR1 等参与肌肉生长调控的关键基因。针对黑鲟不耐低温性状, 运用逐步降温的方法将黑鲟个体区分为低温耐受组和低温敏感组, 同时用 15°C 作为对照, 对三组个体黑鲟肝脏进行转录组测序。对差异基因统计发现, 与对照组相比, 敏感组和耐受组分别获得 3474 个差异表达基因和 689 个差异表达蛋白, *scd-1a*、*scd-1b*、*apaf-1*、*bax*、*caspase-1*、*caspase-3*、*cirbp*、*traf* 等基因与黑鲟低温耐受相关。

对收集保存的我国沿海不同地理种群黑鲟样品进行遗传多样性分析和种质资源评价, 在此基础上建立育种基础群。采用群体选育的技术手段, 以生长速度为目标性状, 对黑鲟开展群体选育研究, 生长速度比未经选育的对照组提高 22.6%, 2024 年获得获得水产新品种证书黑鲟“苏海 1 号”。

## 银鲳鱼种质资源利用研究进展

祝斐, 贾超峰, 徐大风, 杜书然, 孟乾, 李忠琦, 陈淑吟\*

(江苏省海洋水产研究所, 江苏南通, 226007)

**摘要:** 银鲳 (*Pampus argenteus*) 是我国东南沿海重要的经济鱼类之一。目前, 野生银鲳资源衰退明显, 供需矛盾日益突出。尽管人工繁育苗种取得了规模化突破, 但银鲳在种质资源系统化挖掘与创新利用方面尚处于起步阶段。针对当前产业对适应自然资源禀赋的优良品种的迫切需求, 深入挖掘其优异种质资源具有重要的现实意义与广阔前景。本文系统综述了该鱼类的种质特性、种群遗传结构、生长发育与饲料营养需求及繁养技术进展; 并依据对江苏沿海野生银鲳的驯化及繁养效果, 重点分析了生态环境差异对其生理习性、人工驯化难度、抗逆性及养殖效能的影响, 文章强调, 加强不同地理群体特异性遗传信息的解析, 将为优异种质的挖掘、苗种稳定供应及新品种创制提供关键理论支撑。

**关键词:** 银鲳; 种质资源; 遗传结构; 抗逆性; 品种创制

---

项目资助: 江苏省前沿技术研发计划 (现代农业) BF2025324。

作者简介: 祝斐 (1987—), 男, 高级工程师, 研究方向为海水鱼类种质资源开发利用;

E-mail: ebancool@126.com

通信作者: 陈淑吟 (1966—), 女, 研究员, 研究方向为鱼类种质资源与遗传育种;

E-mail: shuyinchen89@163.com

## 基于转录组分析挖掘麦穗鱼生长、性别相关候选基因

刘忠航；朱春月；张伯序；胡宗云；张健；杨培民\*

(辽宁省淡水水产科学研究院，辽宁省水生动物病害防控重点实验室，辽宁，辽阳 111000)

**摘要：**为解析麦穗鱼生长与性别分化的分子调控机制，本研究以不同生长规格(大规格 L 组、小规格 S 组)及不同性别(雌 F 组、雄 M 组)的麦穗鱼为试验材料，利用转录组测序筛选生长与性别相关差异表达基因，并通过 qRT-PCR 进行组织表达验证。结果显示，L 与 S 组共筛选到 298 个差异表达基因，F 与 M 组获得 17469 个差异表达基因；GO 功能富集表明，生长与性别差异均与细胞过程、代谢过程、结合及催化活性密切相关，性别组额外富集生殖过程相关条目。KEGG 通路富集显示，生长相关基因显著富集于胰腺分泌、蛋白质消化吸收、AMPK 信号通路等营养代谢通路；性别相关基因主要富集于 PI3K-Akt、Wnt、钙信号通路等性腺发育核心通路。qRT-PCR 验证表明，8 个生长候选基因(*tnn1c*、*fgf6a*、*dusp8b*、*grb10a*、*rps6ka3b*、*mhcesml*、*mylk4a*、*spink4*)与 12 个性别候选基因(*nanos3*、*figla*、*a2m-pl*、*pzpl*、*h2bl*、*adgre2l*、*tp53i13*、*dmrta2*、*tgfb5*、*foxl1*、*nanos2*、*vmol1*)的表达趋势与转录组结果一致，且呈现明显组织特异性。本研究获得麦穗鱼生长与性别分化的关键基因及调控通路，为麦穗鱼遗传育种与分子机制研究提供理论依据。

**关键词：**麦穗鱼；转录组；生长；性腺；差异表达基因；

---

资助项目：辽宁省科技重大专项（2025JH1/11700001）；重要特色淡水鱼核心育种群构建与高效养殖模式集成创新（2025HQ1302）；特色淡水鱼学科（2025XKJS8583）

作者简介：刘忠航（1998-），男，助理工程师，硕士，淡水育种，E-mail:820537620@qq.com

\*通讯作者：杨培民（1979-），男，研究员，主要从事特色淡水鱼繁养殖，E-mail:pmyang313@163.com

## COI 和 16S rRNA 基因序列的大鳞副泥鳅种群遗传多样性分析

朱春月, 刘忠航, 张伯序, 胡宗云, 张健, 杨培民\*

(辽宁省淡水水产科学研究院/辽宁省水生动物病害防控重点实验室, 辽宁辽阳 111000)

**摘要:** 为了解不同地区野生、养殖大鳞副泥鳅 (*Paramisgurnus dabryanus*) 种群的遗传多样性现状、遗传结构特征及遗传分化情况, 本研究以线粒体 *COI* 和 *16S rRNA* 基因序列, 对我国 6 个地理种群 (广州 GZ、天津 TJ、江苏 JS、北京 BJ、济宁 JN、四川 SC) 共 182 尾样本进行分析。结果显示: 基于 *COI* 和 *16S rRNA* 基因分别定义单倍型 32 个和 21 个, 整体单倍型多样性指数 ( $H_d$ ) 为 0.836 和 0.762, 核苷酸多样性指数 ( $\pi$ ) 为 0.00874 和 0.00531, 呈现出高单倍型多样性、低核苷酸多样性的遗传模式。种群间遗传距离分别为 0.0012~0.0198 和 0.0009~0.0143, 其中 SC 与 JS 种群最小, JN 与 GZ 种群最大。遗传分化指数 ( $F_{st}$ ) 和基因流 ( $Nm$ ) 分析表明, SC 与 JS 种群间呈中等分化 ( $0.05 < F_{st} < 0.15$ ) 且基因交流较充分 ( $Nm > 4$ ), TJ 与 BJ 种群间分化程度较高但基因交流尚可 ( $Nm \approx 1.2 \sim 1.6$ ), 而 JN、GZ 种群与其他种群间呈高度分化 ( $F_{st} > 0.25$ ) 且基因交流受限 ( $Nm < 0.3$ )。分子方差分析 (AMOVA) 显示, 种群间遗传变异为主要来源。单倍型系统进化树与网络图表明, 6 个种群形成 3 个明显的地理谱系分支: SC 与 JS 聚为一支, TJ 与 BJ 聚为一支, GZ 与 JN 各自聚为一支。中性检验与错配分布图提示, 大鳞副泥鳅整体近期未发生种群扩张, 但 SC 和 JS 种群历史上可能经历过瓶颈效应后的恢复。综上, 大鳞副泥鳅整体遗传多样性处于中等水平, 但 GZ 和 JN 种群遗传多样性较低, 建议将这两个种群作为优先保护种群, 加强栖息地保护与资源监测。本研究为大鳞副泥鳅种质资源保护与可持续利用提供了科学依据。

**关键词:** 大鳞副泥鳅; *COI* 基因; *16S rRNA* 基因; 遗传多样性; 遗传结构

资助项目: 辽宁省农科院基本科研业务费计划项目 (2025HQ1302)。第一作者: 朱春月, 助理工程师, 研究方向: 鱼类分子生物学, E-mail:18747551907@163.com 通讯作者: 杨培民, 研究员, 研究方向: 特色淡水鱼繁养殖技术, E-mail:pmyang313@163.com

## 太子参提取液对大黄鱼免疫相关基因差异表达的影响研究

李子民<sup>1</sup>, 郭嘉慧<sup>1</sup>, 孙赵韩<sup>1</sup>, 陈佳<sup>2</sup>, 周莉<sup>1</sup>, 韩坤煌<sup>1\*</sup>

1. 闽东水产品精深加工福建省高校工程研究中心, 宁德师范学院, 福建宁德, 352100;

2. 宁德市以也海洋产业发展有限公司, 福建宁德, 352103

**摘要:** 大黄鱼 (*Larimichthys crocea*) 在我国是一种重要的海洋经济鱼类, 随着大黄鱼养殖行业的飞速增长, 大黄鱼的密集化养殖以及养殖环境因素造成大黄鱼自身抗病能力下降, 导致大黄鱼一系列疾病的产生, 其中由变形假单胞菌 (*Pseudomonas plecoglossicida*) 引起的内脏白点病给大黄鱼养殖带来巨大的经济损失。近年来, 通过增强水产动物自身免疫力以抵抗疾病已成为研究的焦点。以中草药为代表的免疫增强剂作为新型饲料添加剂, 能够提高水产动物免疫功能, 从而达到防治病害和促进水产养殖发展的双重效果。太子参 (*Pseudostellaria heterophylla*) 作为具有免疫调节潜力的传统中药材, 在水产绿色养殖中已初步得到应用。本研究在大黄鱼基础饲料中添加 1%太子参提取液, 分别于饲养 30 d、45 d 和 60 d 后用变形假单胞菌进行攻毒, 利用 qPCR 技术检测大黄鱼体内 *nod2*、*irf1* 及 *ifih1* 等免疫功能基因的差异表达情况。结果显示, 与投喂基础饲料的对照组相比, 在受到变形假单胞菌攻毒后, 其体内的 *ifih1*、*irf1* 和 *nod2* 三种关键免疫功能基因, 在脾脏、肾脏等主要免疫器官中的表达水平均显著高于对照组 ( $P < 0.05$ ), 显示出良好的免疫增强效果, 表明太子参提取液能够促进大黄鱼的免疫功能基因的转录表达, 从而增强大黄鱼的免疫力。本研究初步揭示了太子参提升大黄鱼免疫力的作用机理, 为其资源开发提供了理论依据。

**关键词:** 大黄鱼; 太子参; 免疫功能基因; 差异表达

---

\* 基金项目: 福建省自然科学基金 (2020J02011)、宁德师范学院校级科研项目 (2019Y13, 2025ZX091), 宁德市蕉城区产学研合作项目 (2025C002) 作者简介: 李子民 (2000-), 女 (汉), 硕士, 研究方向: 水产生物技术。通信作者: 韩坤煌, 教授, 博士, 主要从事水产生物技术与遗传育种研究; E-mail: hankunhuang@foxmail.com

## 彭泽鲫肌间骨发育规律及肌间骨发育相关基因的表达分析

王晨旭<sup>1,2</sup>, 丁梦娜<sup>1,2</sup>, 袁昊<sup>1,2</sup>, 张万昌<sup>1,2</sup>, 钟荣华<sup>1,2</sup>, 吴娣<sup>1,2</sup>, 盛军庆<sup>1,2\*</sup>

(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:** 为探究彭泽鲫 (*Carassius auratus* var. *pengze*) 肌间骨发育规律, 采用煮沸法、茜素红骨骼染色及组织切片技术观察彭泽鲫肌间骨发育特征, 采用 qPCR 技术检测了彭泽鲫成鱼不同组织及肌间骨不同发育阶段 *runx2b*、*bmp6*、*scxa* 和 *crim1* 动态表达特征。结果显示: 18-42 dph 时, 彭泽鲫肌间骨数量从 1 根增加到 79 根, 42 dph 后, 肌间骨数量趋于平稳。18-42 dph 时, 肌间骨数量与日龄、体长和体质质量呈线性相关, 相关系数分别为 0.9752、0.9084 和 0.8540。彭泽鲫肌间骨骨化模式为鲮科模式, 其发育历经肌间骨未出现期 (S1)、肌间骨刚出现期 (S2)、肌间骨大量出现期 (S3) 和肌间骨骨化完全期 (S4) 等 4 个关键期。8 月龄、1 龄、2 龄和 3 龄彭泽鲫左侧和右侧躯干部轴上肌肌间骨数量均是最多的, 且各年龄段左侧躯干部以及左侧尾部肌间骨数量均无显著差异 ( $P>0.05$ ), 8 月龄彭泽鲫右侧躯干部轴上肌区域肌间骨数量显著少于 2 龄和 3 龄 ( $P<0.05$ ), 8 月龄、1 龄彭泽鲫右侧躯干部轴下肌肌间骨数量显著少于 2 龄彭泽鲫 ( $P<0.05$ ), 8 月龄、1 龄和 2 龄彭泽鲫尾部轴下肌肌间骨数量显著多于 3 龄彭泽鲫 ( $P<0.05$ )。2 龄彭泽鲫髓弓小骨数量显著高于 42 dph 和 8 月龄彭泽鲫 ( $P<0.05$ ); 各年龄段彭泽鲫脉弓小骨、左右两侧肌间骨数量均无显著差异 ( $P>0.05$ ); 8 月龄彭泽鲫肌间骨总数显著少于 2 龄彭泽鲫 ( $P<0.05$ ); *runx2b* 在彭泽鲫肋骨中表达量最高, *bmp6* 在心脏中的表达量最高, *crim1* 和 *scxa* 均在肌间骨表达量最高。*bmp6* 和 *scxa* 均在 S2 期表达量达到峰值, *runx2b* 和 *crim1* 均在 S3 期达到峰值。研究结果为后续培育少肌间骨或无肌间骨彭泽鲫新品系提供理论依据。

**关键词:** 彭泽鲫; 肌间骨; 发育规律; 肌间骨发育相关基因; 基因表达

\* 基金项目: 江西省重点研发计划项目 (20232BBF60013), 江西省现代农业产业技术体系 (JXARS-2025-14) 作者简介: 王晨旭 (2001—), 男, 硕士研究生, 研究方向: 水产动物遗传育种学。E-mail:wangchenxu@ncu.edu.cn 盛军庆 (1978—), 女, 副教授, 研究方向: 水产动物遗传育种及健康养殖, E-mail:shengjunqing@ncu.edu.cn

## 大口黑鲈越冬期低温适应的生理响应与肝脏转录组分析

王帅<sup>1</sup>, 余小飞<sup>1</sup>, 赵大显<sup>1\*</sup>

(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:** 为解析越冬低温条件下大口黑鲈 (*Micropterus salmoides*) 的适应机制, 本研究在自然越冬过程中设置 T1-T6 六个采样阶段, 水温由 T1 的 19.0 °C 降至 T4 的 10.1 °C, 随后回升至 T6 的 15.4 °C, 系统分析其生长性能、组织形态、生化酶活、免疫相关基因表达及肝脏转录组变化。结果显示, 越冬期间试验鱼存活率保持 100%, 体重、肥满度、脏体比和肝体比等指标呈阶段性波动, 提示低温影响机体生长和能量分配。组织学观察表明, 肠道绒毛结构和杯状细胞数量随越冬阶段变化, 说明低温及升温恢复过程会影响肠道屏障和消化吸收状态。血清和组织生化指标显示, 脂质代谢、肝脏功能、消化酶、免疫酶及抗氧化酶活性在 T1-T6 间存在显著差异, 反映越冬过程中能量代谢、免疫防御和氧化应激状态被动态调节。进一步选取越冬前、最低温和升温恢复阶段肝脏样品进行转录组分析。差异表达分析显示, T4 vs T1 比较中筛选到上调基因 1639 个、下调基因 2232 个, T6 vs T4 比较中筛选到上调基因 1374 个、下调基因 1456 个。基于鱼类低温适应中能量代谢补偿、膜脂重塑和抗氧化防御相关基因常在冷胁迫下被诱导、恢复升温后趋于回落的规律, 本研究以“低温阶段上调、升温后回落”作为筛选可逆性冷响应候选基因的主要表达模式, 并结合 WGCNA 筛选与最低温阶段正相关、与升温恢复阶段负相关的候选基因。交集基因富集结果重点指向脂肪酸生物合成、不饱和脂肪酸生物合成、甘油磷脂代谢、过氧化物酶体和铁死亡等通路。PPI 网络和 hub 基因分析进一步筛选出 *acsl4a*、*fasn*、*scd*、*elovl6*、*lpgat1*、*agpat2*、*chka*、*dher7*、*acs11a* 和 *achyb* 等关键候选基因。综上, 大口黑鲈可能通过调节脂肪酸合成与去饱和、甘油磷脂重塑、过氧化物酶体脂肪酸氧化及脂质过氧化应答维持低温下的能量供应和膜脂稳态。本研究为阐明大口黑鲈越冬低温适应机制及抗寒性状分子标记筛选提供了理论依据。

**关键词:** 大口黑鲈; 越冬; 低温适应; 脂质代谢; 转录组

资助项目: 大口黑鲈苗种繁育联合攻关项目(jxsczy202606); 江西省名特优水产品产业技术体系(JXARS-15), 江西省自然科学基金(20262BAC200507)

\*通讯作者: 赵大显, 教授, 研究方向: 水产动物良种繁育与健康养殖

E-mail: zhaodaxian@ncu.edu.cn

## 大西洋鲑全球基因组资源构建及遗传育种应用

余小飞<sup>1,2</sup>, 刘宇翔<sup>1</sup>, 赵宝军<sup>1</sup>, 韩文韬<sup>1</sup>, 王浩宇<sup>1</sup>, 王杨帆<sup>1</sup>, 房龄昭<sup>3</sup>, 赵大显<sup>2</sup>, 胡景杰<sup>1</sup>, 包振民<sup>1</sup>

1. 教育部海洋遗传育种重点实验室, 海洋生命学院, 中国海洋大学, 青岛, 中国

2. 水产种质资源与利用江西省重点实验室, 生命科学学院, 南昌大学, 南昌, 中国

3. 丹麦奥胡斯大学定量遗传学与基因组学中心, 奥胡斯, 丹麦

**摘要:** 大西洋鲑 (*Salmo salar*) 是全球最具经济价值的水产养殖鱼类之一。然而, 目前尚缺乏覆盖全球遗传多样性的高质量基因组资源, 制约了大西洋鲑群体遗传研究和基因组辅助育种的发展。本研究构建了大西洋鲑综合基因组资源, 包括端粒到端粒 (telomere-to-telomere, T2T) 参考基因组、全球群体遗传变异图谱并建立了基于人工智能 (AI) 的种质鉴定和基因型填充工具。利用 PacBio HiFi、Oxford Nanopore 和 Hi-C 技术, 我们构建了首个大西洋鲑 T2T 参考基因组 (MGB-Salmon-T2T-v1.0), 其 Contig N50 达到 101.69 Mb, Scaffold N50 达到 114.45 Mb, 基因组连续性和完整性较现有 Ssa\_V3.1 版本显著提升。进一步, 我们对来自 9 个国家、23 家科研机构的 1,399 份大西洋鲑样本进行了全基因组重测序, 共鉴定出 4,000 余万个高质量单核苷酸多态性 (single nucleotide polymorphism, SNP) 位点, 构建了迄今最全面的大西洋鲑遗传变异图谱。群体基因组学分析揭示了不同地理群体间显著的遗传分化、连锁不平衡衰减模式、核苷酸多样性特征以及本土育种群体中的选择信号。在此基础上, 我们构建了大西洋鲑单倍型参考面板, 可实现高精度、低成本的基因型填充。此外, 我们开发了基于深度学习的种质鉴定方法, 其中卷积神经网络仅利用 500 个 SNP 即可实现 94.75% 的种质资源识别准确率, 而基于自编码器的基因型填充方法在低 LD 和复杂 LD 区域的性能优于传统基于隐马尔可夫模型 (Hidden Markov Model, HMM) 的方法。最后, 我们将上述资源整合构建了开放共享在线分析平台, 为大西洋鲑种质鉴定和基因型填充提供了便捷工具。该综合基因组资源为大西洋鲑群体遗传学研究、功能基因组注释、全基因组育种以及国际 FarmGTEx 计划的实施奠定了重要基础。

**关键词:** 大西洋鲑; 端粒到端粒基因组; 群体基因组学; 遗传变异图谱; 单倍型参考面板; 基因型填充; 人工智能; 遗传育种

资助项目: 本研究得到国家重点研发计划 (2024YFD2400902) 和山东省重点 (2025SFGC0401)。

\*通讯作者, 包振民, 院士, 教授, 专注于海洋生物遗传学与育种 Email: zmbao@ouc.edu.cn

## **Application of Cryopreservation Techniques in Aquaculture Breeding**

QIN Jianguang, XU Shengyu

*Southern Marine Science and Engineering Guangdong Laboratory (Guangzhou)*

*1119 Haibin Road, Nansha District, Guangzhou, 511458, China*

*Email: [qin\\_jianguang@gmlab.ac.cn](mailto:qin_jianguang@gmlab.ac.cn)*

**Abstract:** Cryopreservation has emerged as a critical tool in modern aquaculture, offering innovative solutions for genetic resource conservation, selective breeding, and sustainable production. This technology enables the long-term storage of gametes and embryos at ultra-low temperatures, typically in liquid nitrogen ( $-196\text{ }^{\circ}\text{C}$ ). In aquaculture, cryopreservation is most widely used for sperm, facilitating year-round breeding, spawning synchronization, and the maintenance of genetic diversity across cultured populations. Recent advancements have improved cryoprotectant formulations, freezing protocols, and thawing techniques, leading to enhanced post-thaw viability and fertilization success in a variety of economically important species, including fish, mollusks, and crustaceans. Despite these advances, challenges remain, particularly in the cryopreservation of oocytes and embryos due to their large size, high yolk content, and low membrane permeability. This presentation discusses the general application of cryopreservation in aquaculture, particularly in molluscan species. Addressing these limitations requires further research into cryobiology and the optimization of species-specific protocols. In conclusion, cryopreservation represents a cornerstone technology for the future of aquaculture, contributing to biodiversity conservation, biosecurity, and the efficiency of breeding programs. Continued interdisciplinary research and technological innovation will be essential to fully realize its potential across diverse aquaculture species.

**Keywords:** cryopreservation; breeding; fish; oyster; abalone; mussel

## 急性高碱胁迫对半滑舌鳎肝脏生理及分子代谢的影响

胡益鸣<sup>1</sup>, 李博文<sup>1</sup>, 崔忠凯<sup>2</sup>, 杨英明<sup>2</sup>, 陈松林<sup>2,3,4\*</sup>, 沙珍霞<sup>1,3\*</sup>

1. 青岛大学生命科学学院, 山东青岛 266071;
2. 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 山东青岛 266071;
3. 青岛海洋科学与技术试点国家实验室, 山东青岛 266237;
4. 山东省海洋渔业生物技术与遗传育种重点实验室, 山东青岛 266071

**摘要:** 为探究半滑舌鳎 (*Cynoglossus semilaevis*) 对碱胁迫的生理响应与分子适应机制, 推动其盐碱水养殖进程。本研究基于半滑舌鳎 96 h 碱胁迫 LC50 (34.43 mmol/L), 采用 30 mmol/L NaHCO<sub>3</sub> 开展急性胁迫, 于 0、2、12、24、48、96 h 采集肝组织, 整合组织切片、生理生化、转录组与代谢组分析开展系统性研究。结果显示, 高碱胁迫下半滑舌鳎肝组织出现空泡变性及炎性浸润; 超氧化物歧化酶 (SOD)、过氧化氢酶 (CAT)、谷胱甘肽过氧化物酶 (GSH-Px) 活性显著上升, 丙二醛 (MDA) 含量先升后降, 表明机体抗氧化应激能力增强。肝组织糖原、胆固醇、甘油三酯含量与血浆葡萄糖水平均显著低于对照组, 提示大量肝脏糖脂储能被动动员以维持机体稳态; 血氨含量持续升高伴随肝尿素含量同步增加, 说明碱胁迫引发半滑舌鳎氮代谢紊乱, 且肝脏尿素合成是实现氨解毒的关键途径。转录组与代谢组分析共鉴定出 780 个差异表达基因和 980 个差异代谢物, 显著富集于能量代谢、细胞自噬与凋亡、免疫应答、氨基酸代谢等关键通路, 其中 ARG2、SLC25A29、精氨酸代琥珀酸、鸟氨酸等关键基因与代谢物在氨稳态维持、尿素循环调控及代谢重编程中发挥重要作用。综上, 半滑舌鳎可通过激活抗氧化系统、动员能量储备、启动尿素循环及调控相关信号通路, 协同应对急性高碱胁迫。研究结果揭示了半滑舌鳎应答碱胁迫的生理及分子调控机制, 为其盐碱水规模化养殖提供了理论依据与技术支撑。

**关键词:** 半滑舌鳎; 碱胁迫; 抗氧化; 能量代谢; 尿素循环

**资助项目:** 国家重点研发计划 (2022YFD2400401, 2022YFD2400405)

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

E-mail: chensl@ysfri.ac.cn

## 半滑舌鳎重要经济性状的遗传基础与调控机制解析

沙珍霞<sup>1,2,3\*</sup>, 李义帅<sup>1</sup>, 畅孟阳<sup>1</sup>, 谭苏旭<sup>1,3</sup>, 李婷婷<sup>1</sup>

1. 青岛大学生命科学学院水生生物技术研究院, 山东青岛 266071;
2. 青岛海洋科学与技术国家实验室海洋渔业科学与食物产出过程功能实验室, 山东青岛 266237;
3. 山东省名优鱼类生物育种技术创新中心(筹), 山东烟台 261418

**摘要:** 半滑舌鳎是我国重要海水养殖鱼类, 病害频发、品质性状遗传改良滞后等问题长期制约产业提质增效。针对其抗病与品质关键性状, 本团队从调控机制解析、遗传基础挖掘、基因组选择育种和数据资源建设等方面开展系统研究。在抗病调控机制方面, 结合多种细菌感染模型、转录组学、代谢组学、单细胞转录组学及非编码 RNA 功能验证, 发现半滑舌鳎在不同病原感染中存在保守与特异性免疫响应; 其中, PPAR 相关通路在多病原感染中显著富集, 是连接免疫应答和脂质代谢的重要枢纽; 单细胞分析揭示脾脏和肝脏在巨噬细胞分化及免疫细胞响应方面具有异质性, 且巨噬细胞、T 细胞和 B 细胞感染后均涉及 PPAR 相关调控; 此外, PPAR 通路关键基因 *nr1h3* 与 lncRNA *MSTRG.14394.1*/miR-144-3p 构成 ceRNA 调控轴参与鳃弧菌感染后的免疫调控。在抗病遗传基础与育种应用方面, 针对内脏结节病和烂尾病, 分别开展全基因组关联分析 (GWAS)、基因组选择及机器学习辅助育种。内脏结节病研究基于 300 尾重测序个体, 筛选到 7 个显著相关的 SNP 位点, 并联合转录组筛选到 *rela*、*jun* 等免疫候选基因; 利用 GWAS 筛选的 40K 标记构建 GBLUP 模型, 选育子代的抗病存活率提高了 19.7%。烂尾病研究基于 798 尾个体, 定位到 4 条染色体上的显著位点, 鉴定出 *bmpr2* 等 6 个枢纽基因; 1K-10K 优选标记结合 GBLUP 在预测精度和效率之间取得较好平衡。除抗病性状外, 还针对半滑舌鳎品质性状开展研究: 发现 *Bco2b* 和 *Bco2l* 均具有裂解 $\beta$ -胡萝卜素和虾青素的活性, 抑制其表达可显著促进肌肉类胡萝卜素沉积与体色红化, 并引起视黄醇代谢、脂质运输、抗氧化防御及免疫相关通路的组织特异性重塑。上述结果为半滑舌鳎抗病优质复合育种和分子设计育种奠定了重要基础。此外, 团队正推进半滑舌鳎泛基因组构建及遗传育种数据库建设, 整合基因组变异、表型、GWAS、基因组选择、功能基因和调控元件等多层次数据, 旨在为重要性状解析、优异基因挖掘和育种决策提供资源平台。

**关键词:** 半滑舌鳎; 抗病; PPAR; 全基因组关联分析; 基因组选择; 品质

**资助项目:** 国家重点研发计划 (2022YFD2400401); 生物育种重大项目 (2023ZD0405501)

\*通讯作者, 沙珍霞, 教授, 主要从事水产生物技术与遗传育种研究;

E-mail: shazhenxia@qdu.edu.cn

## 急性氨氮胁迫下草鱼生理生化响应及表观遗传调控机制研究

史鲲鹏<sup>1,3</sup>, 于亦泓<sup>1</sup>, 沙珍霞<sup>1,2,3\*</sup>

1. 青岛大学水生生物技术研究院, 山东青岛 266071;

2. 青岛海洋科学与技术试点国家实验室, 山东青岛 266237;

3. 山东省名优鱼类生物育种技术创新中心, 山东烟台 261418

**摘要:** 急性氨氮胁迫是限制草鱼健康养殖的重要环境因素, 但其引起的生理损伤过程及表观遗传调控机制尚未完全阐明。本研究以草鱼为研究对象, 通过急性氨氮暴露实验, 系统评价肝组织功能损伤并与肝脏代谢响应相关联, 并结合转录组测序 (RNA-seq) 和染色质开放性测序 (ATAC-seq) 解析肝脏转录调控机制, 筛选关键转录因子并预测靶基因的调控关系。结果表明, 急性氨氮胁迫导致草鱼肝组织发生明显结构损伤, 表现为细胞嗜酸性增强和抗氧化能力下降; 转录组共筛选获得 1,306 个差异表达基因, 主要富集于自噬、能量代谢和核糖体应激等信号通路; ATAC-seq 共鉴定 13,261 个差异开放区域, 开放染色质主要富集于转运代谢和能量代谢等功能区域; 联合分析筛选获得关键转录因子 TFEB, 并预测一系列潜在靶基因。研究表明, 急性氨氮胁迫可导致草鱼鳃功能受损及肝脏代谢重塑, TFEB 可能通过调控肝脏能量代谢参与氨胁迫响应过程, 为阐明鱼类氨氮胁迫的表观遗传调控机制及耐氨性状改良提供了新的理论依据。

**关键词:** 草鱼; 氨氮胁迫; 转录组; ATAC-seq; 表观遗传

---

**资助项目:** 国家农业生物育种重大专项(2023ZD0405501)

\*通讯作者, 通讯作者, 沙珍霞, 教授, 主要从事水产生物技术与免疫研究

E-mail: shazhenxia@qdu.edu.cn

## *mdfi* 基因编辑促进草鱼肌肉生长的功能与机制解析

谭苏旭<sup>1,4</sup>, 张瑞雪<sup>1</sup>, 陈松林<sup>2,3</sup>, 沙珍霞<sup>1,2,4\*</sup>

1. 青岛大学生命科学学院水生生物技术研究院, 山东青岛 266071;
2. 青岛海洋科学与技术国家实验室海洋渔业科学与食物产出过程功能实验室, 山东青岛 266237;
3. 海水养殖生物育种与可持续产出全国重点实验室, 山东青岛 266071;
4. 山东省名优鱼类生物育种技术创新中心(筹), 山东烟台 261418

**摘要:** 草鱼是我国重要的大宗淡水养殖鱼类, 肌肉生长直接决定产量和养殖效益。为解析鱼类肌肉生长的关键基因及调控机制, 本研究以草鱼为对象, 聚焦 MyoD 家族抑制因子 (*mdfi*), 综合运用细胞功能分析、CRISPR/Cas9 基因编辑以及 ATAC-seq/RNA-seq 联合分析等方法。结果表明, *mdfi* 在草鱼肌肉细胞中发挥抑制增殖的作用: *mdfi* 过表达显著降低 EdU 阳性细胞比例, 而 siRNA 干扰则促进细胞增殖。进一步构建 G0 代嵌合型 *mdfi* 突变草鱼, 4 月龄突变个体表现出显著的生长优势, 其体重、体宽、体高和体长较野生型分别提高 29.96%、29.97%、24.59% 和 7.62%; 组织学分析显示其肌肉中小直径肌纤维数量增多, 提示 *mdfi* 缺失可能通过促进肌纤维增生驱动肌肉生长。转录组分析共鉴定到 995 个差异表达基因, 其中增殖相关通路如 Wnt、Ras、Rap1 和黏着斑信号被激活, 自噬等通路则受抑制。ATAC-seq 分析鉴定到 1337 个差异开放染色质区域, 其关联基因富集于 MAPK 信号通路、肌肉发育、细胞骨架调控和细胞-基质互作等过程; 这些差异开放区域显著富集了 MEF2、MyoD、MyoG、Myf5 和 Six1/2 等成肌转录因子的结合基序。联合分析表明, 染色质可及性变化与基因表达重塑协同调控肌肉的增生程序。免疫荧光结果进一步解释, *mdfi* 负调控 MyoD 蛋白丰度。综上, 本研究揭示了“*mdfi*-MyoD-染色质可及性-增殖转录程序”调控轴, 为鱼类肌肉生长机制解析提供了新见解, 也为水产生物基因编辑育种和优良生长性状改良提供了潜在分子靶点。

**关键词:** 草鱼; *mdfi*; CRISPR/Cas9; 肌肉生长; 染色质可及性

**资助项目:** 生物育种重大项目 (2023ZD0405501); 山东省泰山学者青年专家项目

第一作者, 谭苏旭, 副教授, 主要从事鱼类抗病速生调控机制解析和遗传育种等研究。E-mail: tansuxu@qdu.edu.cn

\* 通讯作者, 沙珍霞, 教授, 主要从事水产生物技术与遗传育种研究; E-mail: shazhenxia@qdu.edu.cn

## 整合基因组学与多组织转录组解析草鱼耐低氧关键位点及通路

王文文<sup>1,3</sup>, 畅孟阳<sup>1</sup>, 沙珍霞<sup>1,2,3\*</sup>

1. 青岛大学水生生物技术研究院, 山东青岛, 266071
2. 海水养殖生物育种与可持续产出全国重点实验室, 山东青岛, 266071
3. 山东省名优鱼类生物育种技术创新中心(筹), 山东烟台, 261418

**摘要:** 缺氧是水产养殖中重要环境胁迫因素, 会显著降低养殖鱼类的存活率与生长性能。为解析草鱼耐缺氧性状的遗传调控基础, 本研究联合全基因组关联分析 (GWAS) 与多组织转录组测序筛选草鱼耐低氧关键位点及通路。实验对 2000 尾草鱼进行缺氧胁迫处理, 以失去平衡时长作为耐缺氧评价指标, 从中筛选 150 尾缺氧敏感个体 (HI 组) 和 150 尾耐缺氧个体 (HT 组) 用于后续关联分析。基于 3730919 个单核苷酸多态性 (SNP) 和 851595 个插入缺失标记 (InDel) 的全基因组关联分析, 共鉴定到 21 个与耐缺氧性状显著关联的 SNP、6 个关联 InDel; 其中定位在 10 号、13 号染色体的 2 个 SNP 达到全基因组显著阈值, 分别可解释 2.7%、4.8% 的表型方差。研究利用竞争性等位基因特异性 PCR (KASP) 技术对上述候选变异位点完成分型验证。变异位点上下游  $\pm 50$  kb 区间内的候选基因显著富集于类固醇生物合成、胰岛素信号及糖鞘脂生物合成通路。本研究对脑、鳃、肠道、肾脏、肝脏、脾脏六种组织开展转录组测序, 相较于缺氧敏感组, 耐缺氧组在各组织中分别鉴定出 1620、1221、796、246、210、58 个差异表达基因。脑组织差异基因主要富集在类固醇代谢、血管生成调控通路; 肾脏与脾脏的差异基因则显著参与氧气转运、红细胞发育过程。通过 GWAS 与转录组联合分析, 筛选获得 *usf1*、*trpv4* 等 16 个关键交集基因。本研究挖掘了调控草鱼耐缺氧性状的核心遗传位点与分子通路, 可为草鱼耐缺氧定向育种提供可靠分子标记资源。

**关键词:** 草鱼; 缺氧; GWAS; RNA-seq; SNPs

---

**资助项目:** 国家农业生物育种重大专项 (2023ZD0405501)

第一作者: 王文文, 副教授, 主要研究方向为鱼类生物技术与遗传育种

\*通讯作者: 沙珍霞, 教授, 主要研究方向为鱼类生物技术、现代生物育种与生物资源利用

## 草鱼 miR-181b 是协调肌肉生长与免疫平衡的关键节点

臧绍青<sup>1,3</sup>, 罗嘉琪<sup>1,3</sup>, 沙珍霞<sup>1,2,3\*</sup>

1. 青岛大学水生生物技术研究院, 山东青岛, 266071;

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

3. 山东省名优鱼类生物育种技术创新中心(筹), 山东烟台, 261418

**摘要:** 在集约化高密度养殖模式下, 草鱼 (*Ctenopharyngodon idella*) 快速生长往往伴随免疫机能下降, 生长与抗病力之间的矛盾已成为制约水产养殖效益的关键瓶颈。microRNA 能够同时调控多个靶基因, 是协同调控生长与免疫的理想分子节点。前期生物信息学分析提示, 草鱼 miR-181b 可能作为协同调控生长与免疫的关键分子, 双荧光素酶报告实验进一步证实其可直接靶向 *mstnb* 和 *tnfb*。在肌肉细胞中过表达 miR-181b 后, *mstnb* 和 *tnfb* 表达显著下调, 肌肉分化标志基因 *myog* 和 *myhc* 上调, 增殖相关基因普遍上调; EdU 阳性细胞率显著升高; 细胞划痕愈合能力明显增强, 48 h 时接近完全愈合。在 LPS 诱导的炎症模型中, LPS 刺激显著抑制内源性 miR-181b 表达, 解除对 *tnfb* 的负调控, 导致 *IL-1 $\beta$*  等促炎因子大量释放; 而过表达 miR-181b 可有效逆转 *tnfb* 上调, 显著抑制促炎因子并上调抗炎因子 *IL-10*。而转录组测序共鉴定出 256 个差异表达基因, 显著富集于细胞增殖、应激响应等通路, 包括 p53 信号通路、TGF- $\beta$  信号通路及 Toll 样受体信号通路等。所以, 草鱼 miR-181b 通过直接靶向抑制 *mstnb* 和 *tnfb*, 同时发挥促进增殖分化与减轻炎症反应的双重功能。本研究首次揭示 miR-181b 是协调草鱼生长与免疫平衡的关键分子节点, 为基于 miRNA 的草鱼生长与抗病力协同遗传改良提供了明确的分子靶点和理论依据。

**关键词:** 草鱼; miR-181b; *mstnb*; *tnfb*; 生长与免疫协同

---

**资助项目:** 国家生物育种重大项目(2023ZD0405501)

\*通讯作者, 沙珍霞, 教授, 主要从事水生生物技术、遗传育种和水生生物资源利用

E-mail: shazhenxia@qdu.edu.cn

## Evolutionary conservation of the *dmrt* gene family and sex-biased *dmrt2a* expression during pseudo-male testis differentiation in flatfish

ZHU Ying<sup>1</sup>, WANG Na<sup>2,3</sup>, GAO Fengtao<sup>4</sup>, LI Zhengjie<sup>1</sup>, YANG Yingming<sup>2,3</sup>, LI Chao<sup>1\*</sup>, CHEN Songlin<sup>2,3\*</sup>

1. School of Marine Science and Engineering, Qingdao Agricultural University, Qingdao 266109, China
2. State Key Laboratory of Mariculture Biobreeding and Sustainable Goods, Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071, China
3. Laboratory for Marine Fisheries Science and Food Production Processes, Qingdao Marine Science and Technology Center, Qingdao 266237, China
4. Weifang Municipal Key Laboratory of Fishery Resources Development & Comprehensive Utilization, College of Biology and Oceanography, Weifang University, Weifang 261071, China

**Abstract:** The *dmrt* (doublesex and mab-3 related transcription factor) gene family is pivotal in sex determination, gonadal differentiation, and developmental patterning in vertebrates, including flatfish. To further understand the evolution and potential functions of *dmrt* in flatfish, we conducted a genome-wide characterization of *dmrt* genes in the Chinese tongue sole (*Cynoglossus semilaevis*). Six genes—*dmrt1*, *dmrt2a*, *dmrt2b*, *dmrt3*, *dmrt4*, and *dmrt5*—were identified in the species, all containing a conserved DM (doublesex and mab-3) DNA-binding domain. Phylogenetic and synteny analyses revealed a well-conserved *dmrt1/2/3* genomic cluster, suggesting strong evolutionary constraints and functional interdependence within teleosts. Tissue-specific transcriptome profiling demonstrated distinct sex-biased expression patterns among *dmrt* genes. Strikingly, *dmrt2a* exhibited significant upregulation in pseudo-males compared to females, providing evidence of its potential involvement in pseudo-male testis formation. Proteomic and transcriptomic analyses further indicated that *dmrt2a* may act upstream of key signaling cascades, including transforming growth factor-beta (TGF- $\beta$ ), mitogen-activated protein kinase (MAPK), and Wnt pathways, while repressing ribosome and steroid biosynthesis. These results suggest that *dmrt2a* may contribute to testicular differentiation by coordinating chromatin remodeling and signaling integration. Overall, this study provides new insight into the evolution and potential functions of the *dmrt* gene family in *C. semilaevis* and identifies *dmrt2a* as a candidate regulator involved in pseudo-male differentiation and sex reversal in flatfish.

**Key words:** *dmrt* family; *dmrt2a*; testicular differentiation; flatfish

**资助项目:** 国家自然科学基金 (32230107); 海水养殖生物育种与可持续产出全国重点实验室开放课题 (BRESG202303); 中国水产科学研究院基础研究项目 CAFS (2022CG01); 山东省重点研发项目 (2023ZLYS02)。

\*通讯作者, 陈松林, 院士, 研究员, 主要从事水产生物技术与遗传育种

李超, 教授, 主要从事水产动物免疫和育种

mail: chensl@ysfri.ac.cn, chaoli@qau.edu.cn

## 基于三系配套技术创制全雄大黄鱼研究进展

何骞<sup>1,2</sup>, 肖俊竹<sup>1,2</sup>, 李宁<sup>1,2</sup>, 周涛<sup>1,2</sup>, 徐鹏<sup>1,2\*</sup>

1. 海水养殖生物育种全国重点实验室, 福建厦门 361102
2. 福建省海洋经济生物遗传育种重点实验室, 福建厦门 361102

**摘要:** 大黄鱼是我国东南沿海重要的经济鱼类, 近年来在福建、浙江等地形成了年产量近 17 万吨的养殖规模。大黄鱼生长具有显著的性别二态性, 雌性生长更快, 而雄性具有更修长的体型以及更高的出肉率, 这种差异满足了不同的养殖和消费需求, 因此大黄鱼性别控制育种具有较高的产业价值。本研究基于分子标记辅助育种技术 (MAS) 和外源激素诱导技术构建了大黄鱼“原系 (XX 雌/XY 雄)-伪雌系 (XY 雌)-超雄系 (YY 雄)”三系配套全雄育种体系。首先, 本团队绘制了一尾来自闽东群体的大黄鱼雄鱼的基因组完成图, 并基于雌雄各 25 尾的重测序数据, 开发了大黄鱼性别鉴定分析标记, 能够有效鉴定 X 和 Y 染色体。接着, 本团队探索了大黄鱼雌激素诱导性逆转的适宜条件, 确定饲料激素 (雌二醇) 浓度 1 mg/kg 和诱导窗口 40-120 dph 的条件下能够实现 100% 的性逆转, 并由此构建了大黄鱼伪雌系 (XY 雌鱼)。进一步地, 通过利用伪雌系精确配组 (XY 伪雌×XY 雄) 产生了大黄鱼超雄系 (YY 超雄)。最后, 通过将超雄鱼与雌鱼配组 (YY 超雄×XX 雌), 创制了全雄大黄鱼种质, 经性别分子标记检验, 全雄苗种中遗传雄性比例达 99% (107/108) 以上。本研究构建了大黄鱼三系配套技术和育种体系, 将为全雄苗种的大规模推广提供理论和技术支撑。

**关键词:** 大黄鱼; 三系配套技术; 性别控制育种; 基因组完成图

---

**资助项目:** 国家自然科学基金 (32225049); 宁德市产学研合作项目 (2025C003); 海水养殖生物育种全国重点实验室自研课题 (MBL25IR011)

\*通讯作者, 徐鹏 教授, 主要从事鱼类遗传学和遗传育种研究

E-mail: xupeng77@xmu.edu.cn

## 大黄鱼腹部内膜形成机制研究

姜洲<sup>1,2</sup>, 李宁<sup>1,2</sup>, 陈琳<sup>1,2</sup>, 周涛<sup>1,2\*</sup>, 徐鹏<sup>1,2\*</sup>

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。最后联合多组学和分子试验定位到腹膜形成的关键基因 *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, 教授, 主要从事水产遗传与遗传育种 E-mail: xupeng77@xmu.edu.cn; 周涛, 副教授, 主要从事水产遗传与遗传育种 E-mail: zt@xmu.edu.cn

## 大黄鱼抗刺激隐核虫病种质创制与遗传评价

李寅<sup>1</sup>, 赵吉<sup>1</sup>, 王家迎<sup>1</sup>, 柯巧珍<sup>1</sup>, 翁华松<sup>2</sup>, 濮菲<sup>1</sup>, 李宁<sup>1</sup>, 周涛<sup>1\*</sup>, 徐鹏<sup>1\*</sup>

1. 厦门大学海洋与地球学院, 福建厦门 361102;
2. 宁德市富发水产有限公司, 福建宁德 352000;

**摘要:** 抗病种质创制与精准评价是水产良种培育和健康养殖的重要基础。刺激隐核虫病是制约大黄鱼养殖业可持续发展的主要病害之一, 亟需创制具有稳定抗性的优良种质并建立配套评价体系。本研究以多代定向改良的大黄鱼刺激隐核虫抗性品系为对象, 整合人工感染体系、“宁芯”系列育种芯片、基因组选择、群体遗传学分析和品系特异性分子标记筛选, 系统开展大黄鱼抗刺激隐核虫病种质创制、遗传评价与种质应用研究。结果表明, 大黄鱼抗刺激隐核虫病新品系 G1-G4 世代在攻毒感染过程中存活率均显著高于同期对照, 其中 G4 世代群体 96 h 存活率较同规格对照组“富发 1 号”提升 37.29%, 表明抗病表型在连续选育中得到稳定强化。基因组估计育种值 (GEBV) 由 G0 至 G4 整体呈上升趋势, 表明基因组选择育种获得了稳定的遗传增益。群体结构分析显示, 抗性品系随选育推进逐步从基础群体中分化, 并形成相对独立于三大地理群体的遗传聚类; 遗传多样性和杂合度总体保持稳定, 但群体内个体间亲缘关系有所增加, G4 基因组近交系数升至 0.080, 提示后续需结合基因组亲缘关系和 ROH 信息控制近交风险。进一步通过连续世代群体选择信号扫描, 鉴定到 22 个受选择区域, 获得 *VEPFI*、*JAK2*、*PIK3R6* 和 *CSPG4* 等候选基因资源, 为抗病性状遗传解析和分子设计育种提供线索。在种质应用方面, 基于支持向量机 (SVM) 机器学习模型, 构建了由 72 个核心 SNP 组成的抗性品系分子指纹, 在独立验证集中分类准确率达到 100%, 可用于亲本纯度检测、苗种溯源和良种保护。综上, 本研究构建了“抗病种质创制—表型与遗传评价—种质管理与应用”的技术闭环, 为大黄鱼抗病良种培育、健康养殖和水产种业高质量发展提供支撑。

**关键词:** 大黄鱼; 刺激隐核虫; 抗病种质; 基因组选择; 遗传评价

**资助项目:** 国家重点研发计划项目 (2022YFD2401002); 国家自然科学基金项目 (32225049); 福建省农业重点指导性项目 (2025N0062); 海水养殖生物育种全国重点实验室自主研究项目 (MBL25IR07)

\*通讯作者: 周涛, 教授, 主要从事大黄鱼遗传育种; 徐鹏, 教授, 主要从事大黄鱼遗传育种

E-mail: zt@xmu.edu.cn; xupeng77@xmu.edu.cn

## 双棘原黄姑鱼性别决定与性别分化遗传基础及应用研究

孙松<sup>1,2</sup>, 陈琳<sup>1,2</sup>, 徐鹏<sup>1,2\*</sup>

1. 厦门大学海洋与地球学院, 福建厦门 361102;

2. 海水养殖生物育种全国重点实验室, 福建厦门 361102;

**摘要:** 鱼类性别决定与分化研究对于揭示脊椎动物性别调控机制的演化及实现性别控制育种具有重要意义。双棘原黄姑鱼 (*Protonibea diacanthus*) 是我国重要的海水名贵经济鱼类, 具有显著性别二态性, 其中雄性鱼鳔制品“赤嘴鳔鱼胶”经济价值更高。为推动其性控育种与种质创新, 本研究系统解析了双棘原黄姑鱼的性别决定与性别分化分子机制。基于高质量雌性基因组图谱, 对雌雄个体进行全基因组重测序与群体遗传分析, 在 2 号染色体上鉴定出约 17 Mb 的性别连锁区域, 包含 *fshr*、*sox9* 等关键性别调控基因, 揭示该物种采用雄性异配 (XX/XY) 性别决定系统。在 *fshr* 基因内含子区发现雄性特异性插入序列, 并开发出可快速鉴定遗传性别的分子标记。组织学观察显示, 雌性性腺在 160 dph 开始分化, 雄性在 190 dph 起分化, 表明精巢发育滞后于卵巢。通过外源激素诱导实验, 确定 E2 (30 mg/kg) 与 LZ (200 mg/kg) 分别为最佳伪雌与伪雄诱导体系, 实现了 100% 性别逆转率, 并建立了稳定的性逆转技术体系。本研究首次明确了双棘原黄姑鱼的性别决定模式与关键调控基因, 构建了高效的性别鉴定与性逆转体系, 为阐明鱼类性别决定分子机制及实现该物种的性控育种提供了理论与技术支撑。

**关键词:** 性别决定; 性别分化; 双棘原黄姑鱼; 分子标记; 性控育种

---

**资助项目:** 国家自然科学基金青年科学基金项目 (C 类), 32403006, 双棘原黄姑鱼性别决定与性别分化遗传机制研究; 海水养殖生物育种全国重点实验室自研课题-绿色通道, MBL25IR019, 双棘原黄姑鱼性别分化的调控机制

\*通讯作者, 徐鹏, 教授, 主要从事主要研究方向包括鱼类基因组演化、重要经济性状遗传解析、遗传育种。

E-mail: xupeng77@xmu.edu.cn.

## 巨大普里斯特氏菌 BZ-95 的同化硝酸盐还原作用及其应用

姜昊辰<sup>1</sup>, 靳子言<sup>1</sup>, 宋梦雅<sup>1</sup>, 赵燕<sup>1</sup>, 季相山<sup>1\*</sup>

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, 山东泰安 271017;

**摘要:** 针对集约化水产养殖过程中亚硝酸盐和硝酸盐易积累, 威胁养殖动物健康的问题, 本研究以巨大普里斯特氏菌 (*Priestia megaterium*) BZ-95 为对象, 开展无机氮转化性能评价、全基因组与转录调控机制解析、发酵工艺优化及养殖现场应用验证。结果表明, BZ-95 具有较强的无机氮转化能力, 在培养体系中,  $\text{NO}_3^-$ -N 在 24 h 内由 72.59 mg/L 降至 8.07 mg/L; 在亚硝酸盐培养体系中,  $\text{NO}_2^-$ -N 在 21 h 内由 70.00 mg/L 降至 0.009 mg/L, 且未出现明显的胞外  $\text{NH}_4^+$ -N 积累, 不同培养基中均未检测到气体生成, 配合氮平衡分析初步确定为完全同化还原细菌。全基因组分析表明, BZ-95 具有由 *nasC-nirB\_2-narT* 组成的硝酸盐同化模块以及由 *nirB\_1-nirD-nirC-cysG* 组成的亚硝酸盐同化模块。比较转录组分析进一步筛得 692 个亚硝酸盐特异差异表达基因, 表明 BZ-95 可通过跨膜运输、能量代谢、氨基酸合成及碳氮代谢网络重构协同适应不同无机氮环境。在菌剂制备方面, 经培养基和发酵工艺优化, 在 180 r/min、接种量 2%、37 °C、20 h 和初始 pH 7.2 条件下, 发酵终点活菌浓度达到  $3.72 \times 10^{10}$  CFU/mL。在凡纳滨对虾生物絮团养殖棚中开展应用验证, 投加 BZ-95 菌剂后, 初始  $\text{NO}_2^-$ -N 浓度为 4.3~13.5 mg/L, 24 h 降至平均 3.04 mg/L, 48 h 进一步降至 1.58 mg/L, 并可在随后约 1 周内维持较低水平, 而对照棚始终维持在 7~8 mg/L。综上, BZ-95 具有明确的同化型硝酸盐和亚硝酸盐还原机制、较强的环境适应能力及良好的规模化制备和实际应用潜力, 可为水产养殖水体无机氮污染的绿色生物调控提供候选菌种和技术支撑。

**关键词:** 巨大普里斯特氏菌; 同化硝酸盐还原; 亚硝酸盐; 转录组; 水产养殖

**资助项目:** 山东省现代农业产业技术体系 (SDAIT-13-08)

\*通讯作者, 季相山, 教授, 主要从事水产遗传育种与健康养殖

E-mail: [xsji@sdaa.edu.cn](mailto:xsji@sdaa.edu.cn)

## 单细胞转录组测序分析尼罗罗非鱼遗传性 XY 雄鱼与高温诱导 XX 伪雄鱼性腺基因表达的差异

姚智磊<sup>1\*</sup>, 赵燕<sup>1</sup>, 季相山<sup>1</sup>

1. 山东农业大学, 山东泰安, 271018

**摘要:** 尼罗罗非鱼 (*Oreochromis niloticus*) 雄性生长速度显著快于雌性, 全雄养殖显著提高经济效益。高温诱导雌鱼性别逆转是一种有效的性别控制技术。然而, 高温诱导的 XX 伪雄性中精子发生所涉及的细胞和分子机制仍不清楚。本研究通过单细胞 RNA-seq 技术比较了遗传 XY 雄鱼与 XX 伪雄鱼性腺基因表达的差异。我们获得了 6,175 个遗传 XY 雄鱼性腺细胞和 6,395 个伪雄鱼性腺细胞的高质量转录图谱, 并将其注释为 13 种细胞类型, 包括 4 种生殖细胞类型和 8 种体细胞类型。尽管遗传 XY 雄鱼与伪雄鱼具有相同的性腺细胞类型组成, 但在生殖细胞和体细胞微环境中均观察到显著的基因转录差异。我们发现伪雄性精原细胞中调控凋亡和增殖相关的基因表达失调, 这可能解释了此前研究报道的伪雄鱼精原细胞数量减少的现象。然而, 伪雄性精母细胞中细胞周期 (*ccni*、*ccnd2*) 和减数分裂 (*sycp1*、*sycp3*) 相关基因的表达显著升高, 这可能使其能够维持正常的精子生成。此外, 在性腺发育过程中, 伪雄鱼的间质细胞中类固醇生成相关基因 (如 *cyp17a1*、*hsd11b2*、*star2* 等) 的表达水平显著高于遗传 XY 雄鱼。支持细胞表现出雄性偏向基因 (*gsdf*、*stat3* 和 *jarid2b*) 的下调以及雌性偏向基因 (*nr5a2*、*ctnnb1* 和 *wt1a*) 的上调, 提示 TGF- $\beta$  与 Wnt/ $\beta$ -catenin 信号通路之间的动态平衡可能是高温诱导性别逆转的关键。这些发现为性别逆转鱼类精子发生分子机制提供了新的见解, 将有助于优化水产养殖中高温诱导性别逆转技术的应用。

**关键词:** 性逆转; 高温; 单细胞转录组; 尼罗罗非鱼

---

**资助项目:** 国家自然科学基金 (32172973; 32303002; 32373110)

\*第一作者, 姚智磊, 副教授, 主要从事鱼类温度性别决定机制研究

E-mail: [zlyao@sdaa.edu.cn](mailto:zlyao@sdaa.edu.cn)

## 克氏原螯虾与大口黑鲈精准育种智能辅助平台研发与应用

张成龙<sup>1</sup>, 赵燕<sup>1</sup>, 季相山<sup>1\*</sup>

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, 山东泰安 271017;

**摘要:** 当前克氏原螯虾和大口黑鲈育种及配套生产面临表型数据采集依赖人工、个体连续追踪困难以及基因组分析结果与选育决策衔接不足等问题。为此, 本研究旨在开发一套集表型测量、个体识别与育种分析于一体的精准育种智能辅助平台。该平台表型测量模块融合 Top-down 关键点检测模型与 3D 结构光技术, 实现了目标物种的关键点精准定位与三维重建, 完成了个体体表形态指标的自动化测量; 个体识别模块则通过建模体表斑点拓扑结构与虹膜特征, 经特征嵌入后通过相似度阈值判定实现个体判别, 完成跨生长阶段的连续追踪; 育种分析模块面向选育决策, 整合表型、身份及基因组数据, 针对参考群体规模有限、世代积累不足的问题, 纵向串联平台内连续个体数据, 横向融合公开多模态数据, 构建物种级先验体系, 建立先验信息辅助的 GWAS/GS 分析流程, 显著提升了育种效能。该系统通过各模块协同, 实现从表型自动采集、个体身份追踪到先验辅助基因组分析的连续育种流程, 表型测量准确率达 99.31%, 单轮育种评估耗时由 30 天降至 1 天, 为克氏原螯虾和大口黑鲈的生长、性别等关键经济性状改良提供高效精准的技术支撑。

**关键词:** 精准育种; 个体识别; 表型测量; 克氏原螯虾; 大口黑鲈

---

**资助项目:** 国家重点研发计划 (2022YFD24007); 山东省现代农业产业技术体系 (SDAIT-13-08)

\*通讯作者, 季相山, 教授, 主要从事水产遗传育种与健康养殖

E-mail: [xsji@sdaa.edu.cn](mailto:xsji@sdaa.edu.cn)

## 耐低温、快长克氏原螯虾优良新品系培育及重要性状遗传解析

张继虎<sup>1</sup>, 王永震<sup>1</sup>, 张成龙<sup>1</sup>, 季相山<sup>1</sup>, 赵燕<sup>1\*</sup>

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

**摘要:** 克氏原螯虾(*Procambarus clarkii*)是我国重要的淡水养殖经济物种,但在北方地区养殖过程中,低温期长、越冬风险高、生长期短和早春摄食启动慢等问题限制了其养殖效益和产业推广。本研究以培育耐低温、快长克氏原螯虾新品系为目标,开展了种质资源评估、杂交选育、表型筛选和重要性状遗传解析。通过南北方群体遗传评估发现,不同地理群体在耐低温和生长相关位点上存在明显的遗传分化。因此,综合群体遗传背景与育种目标,选择了河北白洋淀、山东微山湖和江苏高邮湖三个群体作为育种亲本。随后构建三群体双列杂交组合,并在低温、常温、高温及池塘养殖环境下进行连续筛选;在此基础上,从优势 F1 组合中进一步构建 F2 代杂交组合,最终筛选获得白洋淀♀微山♂F1♀ × 高邮♀微山♂F1♂优势组合。该组合在 4.5 °C 水温下仍保持摄食行为,低温下摄食能力较山东本地群体提高约 1 °C;在池塘养殖条件下体质量整体提高约 11%,表现出较好的耐低温和快长优势。进一步对该群体开展全基因组重测序,构建高密度遗传连锁图谱,并进行性别和生长性状 QTL 定位及全基因组关联分析。结果显示,性别主效信号集中于 NC\_091172.1,体长和腹长共同定位于 NC\_091172.1,头胸甲长和头胸甲宽共同定位于 NC\_091154.1。本研究创制了耐低温、快长克氏原螯虾新品系,为我国克氏原螯虾养殖提供了优质种质资源,也为甲壳动物重要经济性性状遗传改良提供了参考。

**关键词:** 克氏原螯虾; 杂交育种; 耐低温; 快长; QTL 定位; 全基因组关联分析

---

**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究

E-mail: [yzhao@sdau.edu.cn](mailto:yzhao@sdau.edu.cn)

## 大黄鱼体型性状形成的 TGF $\beta$ 信号轴调控机制解析

姚琳琳<sup>1\*</sup>, 宋爱环<sup>1</sup>, 宋娴丽<sup>1</sup>

1. 山东省海洋科学研究院, 山东青岛 266104

**摘要:** 转化生长因子 $\beta$  (TGF $\beta$ ) 信号轴在细胞生长等生物学过程中起核心调控作用。“国鱼”大黄鱼体型影响养殖效益, 工船养殖是新兴模式, 能为鱼类营造良好生长环境, 但目前关于 TGF $\beta$  信号通路在大黄鱼工船养殖模式下体型调控的研究尚不深入。本研究聚焦工船养殖模式, 探究 TGF $\beta$  信号轴对大黄鱼体型的调控作用。将大黄鱼幼鱼置于 5600 立方米养殖工船养殖 120 天, 养殖前后各随机取 15 尾鱼分析。通过生物信息学在大黄鱼基因组鉴定出 48 个 TGF $\beta$  超家族成员, 利用转录组、qRT-PCR 等技术检测相关基因 mRNA 表达, 发现信号分子通过 5 种配体 - 受体 - R - Smad 途径影响体形, 其中 INHBB -、Nodal - 和 GDF3 - ACVR2A - ALK4 - Smad2 轴在调控大黄鱼形成优美体型方面起主导作用。

**关键词:** TGF $\beta$  超家族; 调控机制; 体型; 大黄鱼

---

**资助项目:** 青岛海洋科学与技术国家实验室项目 (2022NLM030001-3); 山东省现代农业产业技术体系 (SDAIT-12-08); 山东省海洋科学研究院科研基金项目 (20230201)

\*通讯作者, 姚琳琳, 副研究员, 主要从事水产动物工业化养殖及选育

E-mail: Yao11Chinese@126.com

## 白斑综合征病毒调控对虾磷酸戊糖途径促进自身增殖的分子机制研究

张佳, 卢开玉, 朱景花, 章跃陵, 姚德福\*

汕头大学理学院, 广东汕头, 515063

**摘要:** 病毒常常通过重编程宿主代谢来支持自身复制。磷酸戊糖途径 (PPP) 作为核苷酸合成和氧化还原平衡的关键调控通路, 在感染过程中常被病毒靶向。尽管 PPP 激活在脊椎动物中已被证实是一种重要的促病毒机制, 但在无脊椎动物宿主中该过程如何发生尚不清楚。本研究以白斑综合征病毒 (WSSV) 及其对虾宿主为模型, 揭示了一种此前未被认识的病毒策略——通过宿主-病毒蛋白互作直接重编程 PPP。WSSV 感染强烈诱导关键 PPP 酶 (包括葡萄糖-6-磷酸脱氢酶 G6PD 和转酮醇酶样蛋白 2 TKTL2) 的表达, 并增强 TKTL2 的酶活性。这种激活增加了两种重要 PPP 代谢产物——烟酰胺腺嘌呤二核苷酸磷酸 (NADPH) 和 5-磷酸核糖 (R5P) 的生成。功能实验证实, PPP 对 WSSV 的高效复制至关重要。敲低或药物抑制 G6PD 或 TKTL2 均可显著降低病毒载量并提高宿主存活率。机制上, 病毒极早期蛋白 IE1 可直接结合 TKTL2 的 C 端区域 (TKTL2-C1, 第 500–555 位氨基酸残基), 并增强其酶活性。该互作促进了 PPP 通量, 提升了 NADPH 和 R5P 的生物合成, 并抑制了活性氧 (ROS) 的积累。外源补充 NADPH、R5P 或 ROS 清除剂可恢复由 IE1 敲低引起的病毒复制缺陷。此外, IE1 结合片段 TKTL2-C1 可作为竞争性抑制剂, 干扰 IE1-TKTL2 互作, 降低 PPP 通量并减少病毒复制。综上所述, 本研究表明 WSSV IE1 直接激活宿主 TKTL2 以重塑磷酸戊糖代谢, 揭示了一种病毒致病的新代谢机制, 并将 PPP 确立为水产养殖中抗病毒干预的潜在靶点。

**关键词:** WSSV; 极早期蛋白; 磷酸戊糖途径; 代谢调控

---

**资助项目:** 国家自然科学基金 (32173017)

\*通讯作者: 姚德福, 副教授, 主要从事对虾病毒分子生物学

E-mail: dfyao@stu.edu.cn

## **Hexosamine biosynthesis drives hemocyanin O-GlcNAcylation to potentiate antibacterial immunity in shrimp**

Qian Feng, Maoshuai Fu, Wei Wang, Tingchu Wu, Junjie Nie, Zhihong Zheng,  
Yueling Zhang\*

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

**Abstract:** Post-translational modifications (PTMs) are key regulators of immune responses; however, their roles in invertebrate immunity remain poorly defined. Here, we show that *Penaeus vannamei* employs O-GlcNAcylation, a dynamic PTM controlled by the hexosamine biosynthetic pathway (HBP), to enhance antibacterial defense. Bacterial infection induces metabolic reprogramming in hemocytes, upregulating HBP enzymes, and promoting O-GlcNAcylation of hemocyanin (PvHMC) through O-GlcNAc transferase (PvOGT). Site-specific modification of the PvHMC large subunit at Thr584 enhances its conformational stability and interaction with bacterial pathogen-associated molecular patterns, including lipopolysaccharide and peptidoglycan, thereby increasing bacterial binding, agglutination, and killing. Disruption of HBP flux or OGT activity reduces hemocyanin O-GlcNAcylation and impairs bacterial clearance, whereas inhibition of O-GlcNAcase enhances O-GlcNAcylation and antibacterial efficacy. Together, these findings identify HBP-driven O-GlcNAcylation as a metabolic-immune regulatory axis in shrimp and establish hemocyanin O-GlcNAcylation as a key mechanism underlying effective innate antibacterial defense, with potential implications for disease control in aquaculture.

**Keywords:** O-GlcNAcylation; *Penaeus vannamei*; antibacterial immunity; hemocyanin; hexosamine biosynthetic pathway

---

**资助项目:** 国家自然科学基金 (U22A20536, 32273170)

\*通讯作者: 章跃陵, 教授, 主要从事对虾分子免疫学

E-mail: zhangyl@stu.edu.cn

## Dephosphorylation at Ser548 regulates hemocyanin-derived antibacterial peptides and immune defense in *Penaeus vannamei*

Qian Feng, Maoshuai Fu, Xianliang Zhao, Yongzhen Zhao, Yueling Zhang\*

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

**Abstract:** Phosphorylation plays a critical role in regulating immune responses in invertebrates. In *Penaeus vannamei*, hemocyanin, a multifunctional immune protein, is cleaved to produce antimicrobial peptides (AMPs) essential for pathogen defense. This study identifies Ser548 phosphorylation of the hemocyanin small subunit (PvHMCs) as a key regulator of trypsin-mediated hemocyanin degradation and antimicrobial peptides production. Dephosphorylation of Ser548, controlled by PvCK2 $\alpha$  kinase and PvPP2AC phosphatase, enhances cleavage, generating peptides with strong antibacterial activity against *Vibrio parahaemolyticus* and *Streptococcus iniae*. Phosphorylation inhibits this process, reducing peptide production and immune efficacy. In vivo, Ser548 dephosphorylation improves bacterial clearance and enhances shrimp survival. These findings reveal a critical molecular mechanism underlying shrimp immunity and suggest targeting hemocyanin phosphorylation to boost disease resistance in aquaculture.

**Keywords:** biochemistry; immunology; microbiology

---

资助项目：国家自然科学基金（U22A20536, 32273170）

\*通讯作者：章跃陵，教授，主要从事对虾分子免疫学

E-mail: zhangyl@stu.edu.cn

## **Mannose-modified hemocyanin enhances pathogen endocytosis by crustacean hemocytes**

Jiayi Li, Jude Juventus Aweya, Mingming Zhao, Zhongyang Lin, Zhihong Zheng, Defu Yao, Yueling Zhang\*

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

**Abstract:** In crustaceans, hemolymph plasma contains more than 90% hemocyanin, whereas hemocytes have minimal levels, suggesting a regulated uptake mechanism. Here, we demonstrate that in *Penaeus vannamei*, hemocytes internalize plasma hemocyanin under normal conditions via phagocytosis, clathrin-mediated endocytosis, and micropinocytosis. This uptake is significantly enhanced during bacterial (*Vibrio parahaemolyticus*, *Vibrio alginolyticus*, *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus iniae*) and viral (White spot syndrome virus) infections or upon stimulation with pathogen-associated molecular patterns. While post-translational modifications (PTMs) such as dephosphorylation, deacetylation, and mannosylation enhance hemocyanin's pathogen-binding affinity, only mannosylation promotes mannose receptor-mediated endocytosis for intracellular clearance, whereas dephosphorylation and deacetylation facilitate extracellular pathogen elimination. These findings reveal that hemocyanin functions beyond oxygen transport, acting as an immune effector that undergoes PTMs to enhance intracellular pathogen clearance.

**Keywords:** cellular immune response; crustaceans; endocytosis; hemocyanin; invertebrate

---

**资助项目:** 国家自然科学基金 (U22A20536, 32273170)

\*通讯作者: 章跃陵, 教授, 主要从事对虾分子免疫学

E-mail: zhangyl@stu.edu.cn

## **Hemocyanin controls *Vibrio* levels in hemolymph by modulating intracellular ROS via p38 MAPK**

Jiawei Cheng, Yunyu Shi, Yonghui Kong, Yuxi Wu, Yankang Wang, Junjie Nie,

Qian Feng, Zhihong Zheng, Yueling Zhang\*

*Institute of Marine Sciences and Guangdong Provincial Key Laboratory of Marine Biotechnology,*

*Shantou University, Shantou, China, 515063*

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

**Keywords:** ROS; Shrimp hemocyanin; hemolymph *Vibrio* abundance; p38-MAPK-c-jun pathway

---

**资助项目:** 国家自然科学基金 (U22A20536, 32273170)

\*通讯作者: 章跃陵, 教授, 主要从事对虾分子免疫学

E-mail: zhangyl@stu.edu.cn

## **Hemocyanin modulates ferroptosis through a HSP90-dependent antioxidant function in shrimp**

Zeyan Chen, Peiyi He, Diqian Tan, Chenglong Liu, Xianliang Zhao, Zhihong Zheng,  
Yueling Zhang\*

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

**Abstract :** Ferroptosis, an iron-dependent programmed cell death, is essential for maintaining homeostasis and responding to environmental and pathogenic stressors in mammals. In shrimp, ferroptosis is also vital in various biological processes, including stress response and immunity. However, the specific regulatory mechanisms of ferroptosis in shrimp and other marine animals remains unclear. In this study, we demonstrate that hemocyanin actively modulates ferroptosis in the hepatopancreas of *Penaeus vannamei*, exhibiting a significant inhibitory effect through its small subunit. During ferroptosis, shrimp show reduced expression of GPX4 and depletion of hemocyanin. Importantly, we identified a novel interaction between hemocyanin and heat shock protein 90 (HSP90), in which HSP90 acts as a molecular partner for hemocyanin to reduce reactive oxygen species (ROS) during ferroptosis. Depletion of either hemocyanin and HSP90 results in elevated ferrous iron (Fe<sup>2+</sup>) and lipid peroxidation levels, along with reduced cell viability. These findings reveal the central role of hemocyanin in enhancing shrimp resilience to oxidative damage and suggest its potential as a therapeutic target in aquaculture to improve immunity and survival under environmental stress.

**Keywords:** Ferroptosis; Heat shock protein 90; Hemocyanin; *Penaeus vannamei*

---

**资助项目:** 国家自然科学基金 (U22A20536, 32273170)

**\*通讯作者:** 章跃陵, 教授, 主要从事对虾分子免疫学

E-mail: zhangyl@stu.edu.cn

## 激光加热技术辅助翘嘴鲌胚胎冷冻保存技术研究

蔡心清<sup>1,2</sup>, 骆雨婷<sup>1,2</sup>, 韩兵社<sup>1,2</sup>, 张俊芳<sup>1,2\*</sup>

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

2. 上海海洋大学水产与生命学院, 中国上海 201306

**摘要:** 鱼类胚胎的冷冻保存是水产种质资源长期保存与遗传改良的重要手段, 由于鱼类胚胎体积大、低温敏感性高、对抗冻剂渗透性低等特点, 其冷冻保存至今仅有极少数成功的案例, 且尚未在淡水大型鱼类中被报道。翘嘴鲌 (*Culter alburnus*) 隶属于鲤形目鲤科鲌亚科鲌属, 是我国重要的淡水经济鱼类。本研究围绕冷冻保护剂筛选、激光辅助复温参数优化及冷冻后生物学效应评估, 建立并优化了一套适用于翘嘴鲌胚胎的玻璃化冷冻-激光解冻技术体系。首先, 通过抗冻剂毒性与玻璃化性能的系统筛选, 确定以 DMSO、EG 和 PG 复合配方的 V11 体系具有较低毒性和良好的玻璃化稳定性。随后, 对金纳米棒 (GNR) 用量和激光功率进行优化, 结果表明 25 $\mu$ g/mL GNR 配合 15W 连续激光照射可实现快速而均匀的复温效果。在最优条件下, 冷冻复温胚胎的平均孵化率达到 18.83%, 畸形率为 27.8%。转录组分析结合 RT-qPCR 验证显示, 冷冻处理后胚胎中钙离子信号通路及凋亡相关基因表达量发生显著改变。综上, 本研究通过多参数协同优化, 实现了鱼类胚胎玻璃化冷冻与激光复温条件的系统构建, 并从分子层面揭示了冷冻应激相关信号通路的变化, 为进一步降低冷冻损伤、改进胚胎冷冻保存策略提供了理论依据。

**关键词:** 翘嘴鲌; 玻璃化冷冻; 激光加热; 金纳米棒

---

**资助项目:** 上海市农业科技创新项目“上海淀山湖土著鱼类 (翘嘴鲌) 冷冻保存技术的优化和应用研究” (2024-02-08-00-12-F00047)

\*通讯作者: 张俊芳, 教授, 主要从事水产种质资源冷冻保存技术与表观遗传学研究

E-mail: [jfzhang@shou.edu.cn](mailto:jfzhang@shou.edu.cn)

## Systematic enhancer mapping and functional analysis in zebrafish with optimized CRISPR interference

Jiulin Chan<sup>1,2,#</sup>, Zhichao Wu<sup>1,2,#</sup>, Mingli Liu<sup>1,2,#</sup>, Tianming Wang<sup>1,2,#</sup>, Hanyu Liu<sup>1,2,#</sup>, Ruimeng Cao<sup>1,2</sup>, Xiaolong Li<sup>3</sup>, Xinwen Li<sup>1,2</sup>, Siyao Zhan<sup>1,2</sup>, Jiangbo Cheng<sup>3</sup>, Yicheng Xu<sup>1,2</sup>, Mudan He<sup>4</sup>, Yuanqing Feng<sup>5</sup>, Qianghua Xu<sup>1,2</sup>, Yonghua Sun<sup>4</sup>, Liangbiao Chen<sup>1,2,\*</sup>, Peng Hu<sup>1,2,6,\*</sup>

1. *Key Laboratory of Exploration and Utilization of Aquatic Genetic Resources, Ministry of Education, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306*
2. *International Research Center for Marine Biosciences, Ministry of Science and Technology, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306*
3. *College of Pastoral Agriculture Science and Technology, Lanzhou University, Gansu 730020*
4. *Institute of Hydrobiology, Innovation Academy for Seed Design, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430072*
5. *Department of Genetics, University of Pennsylvania, Philadelphia, PA 19104, United States*
6. *Marine Biomedical Science and Technology Innovation Platform of Lin-gang Special Area, Shanghai 201306*

**Abstract:** Noncoding cis-regulatory elements, particularly enhancers, are essential for gene expression control. However, CRISPR interference (CRISPRi) application for enhancer functional studies in vivo remains limited in zebrafish, a key model for early development and human disease research. Here, we optimized the CRISPRi system in zebrafish and achieved efficient *tyr* suppression through component concentration fine-tuning. Using this system, we functionally annotated distal enhancers of globin genes. Integrating Hi-C and histone modification assays, we systematically mapped 434 genome-wide enhancer-promoter (EP) interactions. CRISPRi perturbation identified previously unreported enhancers with regulatory strengths surpassing known elements, as evidenced by disrupted fin and blood cell development phenotypes. Several novel EP loops were further validated, underscoring the robustness of our integrated approach. This study provides an optimized CRISPRi toolkit for zebrafish and establishes a powerful platform combining computational and experimental strategies to advance cis-regulatory element annotation in vertebrate gene regulation.

**Keywords:** CRISPRi; EP interactions; Cis-regulatory element; Functional annotation

---

**资助项目:** 国家自然科学基金(32341061, 32200414, 32373113, 32503168); 中国博士后科学基金(2024M761923); 临港新片区海洋生物医药创新平台科技专项

**\*通讯作者:** 陈良标教授、胡鹏教授, 主要从事水产生物技术与分子遗传育种

mail: lbchen@shou.edu.cn; phu@shou.edu.cn

## Identification of CUBN as a key gene associated with coloration in Chinese mitten crab

HOU Xin, LIU Hao, CHEN Xiaowen, WANG Jun, WANG Chenghui\*

*Key Laboratory of Freshwater Aquatic Genetic Resources Certificated by the Ministry of Agriculture and Rural Affairs, National Demonstration Centre for Experimental Fisheries Science Education, Shanghai Engineering Research Center of Aquaculture, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China*

**Abstract:** Animal coloration serves as an intuitive metric for assessing the economic value of aquatic products. To provide new insights into the molecular mechanisms of crustacean coloration, this study examined the Genotyping By Sequencing (GBS) and hepatopancreas transcriptome of green-shell and white-shell Chinese mitten crabs (GC and WC). Comparative analysis revealed a noticeable genetic difference between the GC and WC groups, with selective sweep analysis pinpointing 2,214 candidate regions involving 919 genes enriched in calcium ion binding, *Wnt*, and Hedgehog signaling pathways. Weighted Gene Co-expression Network Analysis of the transcriptome identified modules significantly correlated with the color phenotype ( $P < 0.05$ ), enriching genes in deoxyhypusine monooxygenase activity, sphingolipid-, and transmembrane transport-related pathways. Integrative analysis of GBS and transcriptomic data narrowed the candidate pool to 114 genes, highlighting the hub gene cubilin (*CUBN*), which was significantly downregulated and mutated in WC. Functional validation via RNA interference of *CUBN* decreased crab coloration, confirming its pivotal role. This study broadens our understanding of the genetic underpinnings of color variations in crustaceans.

**Keywords:** Chinese mitten crab; color variant; GBS; RNAseq; carotenoid; *CUBN*

---

**资助项目:** 国家重点研发计划项目(2022YFD2400700)

\*通讯作者, 王成辉, 教授, 主要从事水产动物种质资源与种苗工程方面研究

E-mail: wangch@shou.edu.cn

## **A conserved regulatory mechanism of melanocyte proliferation in vertebrates**

KE Jing, CHEN Xiaowen, Guo Zhaoyang, NUSRAT Hasan Kanika, RABIA Tahir,  
WANG Jun, WANG Chenghui\*

*Key Laboratory of Freshwater Aquatic Genetic Resources Certificated by the Ministry of  
Agriculture and Rural Affairs, National Demonstration Centre for Experimental Fisheries Science  
Education, Shanghai Engineering Research Center of Aquaculture, Shanghai Ocean University,  
Shanghai 201306, China*

**Abstract:** Melanogenesis drives pigmentation in vertebrates, yet the molecular mechanisms linking melanocyte proliferation to melanin-based color polymorphisms, such as black patches remain elusive. In this study, integrative QTL mapping and genomic resequencing analysis identified a 232 bp polymorphic fragment in the *Ptprt* promoter that is present in black-patched cyprinids but absent in non-black patched conspecifics. The 232-bp fragment harbors a binding site for TFAP4 transcription factor that activates *Ptprt* transcription. PTPRT dephosphorylates GSK3 $\beta$  at tyrosine 243 (Tyr243), thereby relieving inhibition of melanogenic signaling and potentiating MITF transcriptional activity in nuclear to drive melanocyte proliferation. The evolutionary conservation of this regulatory axis is underscored by marked suppression of melanocyte proliferation upon *Ptprt* knockout in human melanoma cells. Together, our findings establish an evolutionarily conserved TFAP4–PTPRT–GSK3 $\beta$  axis that governs melanocyte proliferation and pigment patterning in vertebrates.

**Keywords:** Black patch traits; Melanocyte proliferation; Cis-regulation dephosphorylation

---

**资助项目:** 国家自然科学基金 (32293254)

\*通讯作者, 王成辉, 教授, 主要从事水产动物种质资源与种苗工程

E-mail: wangch@shou.edu.cn

## **A transposable element-derived *Scarb1* promoter allele drives carotenoid pigmentation loss in common carp**

WANG Jun, CHEN Xiaowen, NUSRAT Hasan Kanika, RABIA Tahir, KE Jing, GUO Zhaoyang,

CHEN Huifan, WANG Chenghui\*

*Key Laboratory of Freshwater Aquatic Genetic Resources Certificated by the Ministry of Agriculture and Rural Affairs, National Demonstration Centre for Experimental Fisheries Science Education, Shanghai Engineering Research Center of Aquaculture, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China*

**Abstract:** Discrete color morphs provide powerful systems for dissecting how heritable phenotypic states arise, persist and diversify. Here, using the red-white polymorphic Oujiang color common carp (*Cyprinus carpio* var. *color*), we integrate genetic mapping, multi-omics analyses and functional assays to dissect the genetic basis of a red-to-white pigmentation transition. We identified a 347 bp *hAT*-family transposable element (TE) insertion within the promoter of the *Scarb1* that co-segregates with the white phenotype. The insertion disrupts a predicted *Sox14* associated regulatory region, reduces promoter activity and chromatin accessibility, represses *Scarb1* expression, and is associated with impaired carotenoid uptake and reduced carotenoid deposition in the skin. CRISPR/Cas9-mediated disruption and overexpression of *Scarb1* further support its causal role in carotenoid-based pigmentation. Comparative analyses across common carp varieties show that white-background varieties share the same *Scarb1* promoter TE insertion, consistent with a shared derived regulatory allele that was retained or disseminated during color variety diversification. Together, our findings define a TE-derived cis-regulatory allele underlying carotenoid pigmentation loss and illustrate how mobile-element-mediated promoter disruption can generate major-effect, heritable shifts in vertebrate coloration by altering pigment-transport gene regulation.

**Keywords:** Color polymorphism; transposable element; *Scarb1*; cis-regulatory variation; carotenoid pigmentation; common carp

---

**资助项目:** 国家自然科学基金重大项目 (32293254)

\*通讯作者, 王成辉, 教授, 主要从事水产动物种质资源与种苗工程

E-mail: wangch@shou.edu.cn

## 大菱鲆个体饲料转化率差异形成的组织学和生理学分析

王艺淋<sup>1,2</sup>, 刘志峰<sup>2</sup>, 钟珺联<sup>2</sup>, 施越雷<sup>2</sup>, 杨明超<sup>2</sup>, 孙志宾<sup>2</sup>, 黄智慧<sup>2</sup>, 王新安<sup>2</sup>, 高云衣<sup>2</sup>, 马爱军<sup>2\*1</sup>

1. 上海海洋大学水产与生命学院, 上海 201306;

2. 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 山东青岛 266071

**摘要:** 饲料利用效率 (Feed Efficiency, FE) 是衡量水产养殖经济效益和可持续发展的重要指标, 其形成机制涉及营养消化吸收、能量代谢及生长调控等多个生理过程。为探究大菱鲆 (*Scophthalmus maximus*) 饲料利用效率差异的生理机制, 本研究以相同养殖条件下筛选获得的高饲料利用效率组 (X 组) 和低饲料利用效率组 (N 组) 为研究对象, 通过组织学观察、生化指标测定及统计分析, 系统比较两组在肠道组织结构、肠道酶活性、肝脏代谢及血清生长因子等方面的差异。结果表明, 高饲料利用效率组肠道绒毛排列更加完整, 绒毛高度和肌层厚度整体高于低效率组, 提示其具有更好的肠道发育水平和营养吸收能力。肠道酶活性分析显示, 高饲料利用效率组胰蛋白酶、淀粉酶及  $\text{Na}^+/\text{K}^+-\text{ATPase}$  活性降低, 而过氧化氢酶 (CAT) 活性显著升高, 超氧化物歧化酶 (SOD)、谷胱甘肽过氧化物酶 (GSH-Px) 及丙二醛 (MDA) 含量无显著变化, 说明高饲料利用效率并非依赖持续提高消化酶活性, 而是在维持肠道氧化还原稳态的基础上提高营养利用效率。肝脏代谢分析表明, 高饲料利用效率组脂蛋白脂酶 (LPL)、谷氨酸脱氢酶 (GDH) 及肉碱棕榈酰转移酶 I (CPT-1) 活性显著或极显著升高, 而丙氨酸氨基转移酶 (ALT)、天冬氨酸氨基转移酶 (AST) 及 MDA 无显著差异, 表明其脂质代谢、氨基酸代谢及脂肪酸 $\beta$ 氧化能力增强, 肝脏功能保持稳定。此外, 高饲料利用效率组血清胰岛素样生长因子 (IGF) 水平显著高于低效率组, 提示其具有更强的生长调控能力和蛋白质同化能力。研究结果丰富了大菱鲆饲料利用效率形成机制的理论认识, 可为高饲料利用效率性状评价、分子育种及精准营养调控提供理论依据。

**关键词:** 大菱鲆; 饲料利用效率; 组织学观察; 肝脏代谢

**资助项目:** 国家自然科学基金(32473134); 国家重点研发计划 (2022YFD2400403); 现代农业产业技术体系 (CARS-47-G01); 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 (2023TD26); 海水养殖生物育种与可持续产出全国重点实验室基本科研业务费 (BRESG-JB202406);

\*通讯作者: 马爱军、研究员, 主要从事鱼类动物遗传育种

E-mail: maaj@ysfri.ac.cn

## 赖氨酸去乙酰化通过 ACO2-K658 调控罗非鱼碳酸盐碱胁迫下线粒体功能与铁死亡

张龙胜<sup>1</sup>, 陈梦婷<sup>1</sup>, 曹梦慧<sup>1</sup>, 熊文凯<sup>1</sup>, 褚孟凡<sup>1</sup>, 庄祥<sup>1</sup>, 郭思廷<sup>1</sup>, 赵岩<sup>1</sup>,  
赵金良<sup>1</sup>, 吴继魁<sup>2\*</sup>, 张俊玲<sup>1\*</sup>

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, 水产种质资源发掘与利用教育部重点实验室, 上海 201306;
2. 上海海洋大学食品学院, 农业部水产品贮藏保鲜质量安全风险评估实验室(上海), 上海 201306;

**摘要:** 碳酸盐碱水是盐碱水域的主要类型, 其高碱度、高 pH 和高碳酸盐浓度对鱼类生存构成严重威胁。尼罗罗非鱼 (*Oreochromis niloticus*) 具有一定的环境适应性, 但碳酸盐碱耐受机制尚不完全清楚。赖氨酸乙酰化修饰在环境胁迫响应中发挥重要作用, 但其在鱼类碱胁迫适应中的角色尚未见报道。首先本研究发现非组蛋白广泛响应盐碱胁迫发生去乙酰化, 同时利用广谱赖氨酸去乙酰化酶抑制剂 (KDACi) 对罗非鱼进行体内注射, 在日增碳酸盐碱浓度胁迫下, KDACi 降低了 96 h 后罗非鱼 40% 的死亡率。在此基础上, 进一步整合定量蛋白质组学和赖氨酸乙酰化组学, 系统解析了罗非鱼鳃组织在碳酸盐碱胁迫 48 h 后的蛋白表达与乙酰化修饰动态。研究发现, 碳酸盐碱胁迫引发独立于蛋白丰度的去乙酰化动态变化, 共鉴定到 376 个差异表达蛋白与 400 个差异乙酰化位点。值得注意的是, 线粒体能量代谢通路 (包括 TCA 循环、氧化磷酸化和丙酮酸代谢) 中的关键酶发生了显著的去乙酰化, 且该过程独立于蛋白质丰度的变化。功能实验进一步证实, 乌头酸水合酶 ACO2-K658 位点的去乙酰化直接抑制其酶活性, 阻碍细胞增殖, 并诱导线粒体损伤与铁死亡。综上, 本研究揭示了赖氨酸乙酰化在鱼类环境适应中发挥关键的作用, 阐明 ACO2-K658 去乙酰化作为分子开关将环境胁迫信号耦联至线粒体功能障碍与铁死亡发生的分子机制, 为罗非鱼耐盐碱品种的分子育种提供了新的候选靶点。

**关键词:** 碳酸盐碱胁迫; 赖氨酸乙酰化; ACO2; 罗非鱼

**资助项目:** 国家重点研发计划项目 (2023YFD2401001); 国家自然科学基金(31972772)

\*通讯作者, 张俊玲, 博士, 教授, 博士生导师, 主要从事鱼类遗传育种研究工作

E-mail: [jlzhang@shou.edu.cn](mailto:jlzhang@shou.edu.cn)

## **Yolk lipids coordinate fish egg quality and the endogenous-to-exogenous nutrient source transition**

CHEN Zhengfang<sup>1,2</sup>, SUN Yonghua<sup>1,2,3\*</sup>

- 1. State Key Laboratory of Breeding Biotechnology and Sustainable Aquaculture, Hubei Hongshan Laboratory, Institute of Hydrobiology, Chinese Academy of Sciences, Wuhan, 430072*
- 2. School of Marine Biology and Fisheries, Hainan University, Haikou, 570228*
- 3. College of Advanced Agricultural Sciences, University of Chinese Academy of Sciences, Beijing, 100049*

**Abstract:** Yolk lipids are critical determinants of fish egg quality and serve as the primary nutrient source supporting embryonic development before first feeding. However, the molecular mechanisms by which yolk lipid metabolism coordinates egg quality and the endogenous-to-exogenous nutrient source transition (eeNST) remain largely unknown. To address this question, we integrated lipidomic, transcriptomic, and functional analyses using grouper and zebrafish. In commercially important grouper species, comparative multi-omics analyses identified characteristic lipid metabolic signatures associated with egg quality, including elevated phosphatidic acid (PA) levels and altered mTOR signaling in low-quality eggs, providing candidate biomarkers for egg quality evaluation. Mechanistic studies in zebrafish further demonstrated that maternally derived yolk lipids regulate digestive organ development through the intestinal DHA–PA–phosphatidylglycerol (PG) metabolic axis, thereby coordinating yolk lipid utilization and the eeNST. Together, these findings establish a mechanistic framework linking yolk lipid metabolism with egg quality and embryonic nutritional programming. Our work provides new insights into the molecular basis of fish reproductive biology and offers potential strategies for broodstock nutritional regulation, molecular evaluation of egg quality, and genetic improvement of seed quality in aquaculture.

**Keywords:** fish; yolk lipids; egg quality; eeNST

---

**资助项目:** 国家自然科学基金 (32025037, 32503183); 国家重点研发计划 (2023YFD2401603); 海南省重点研发计划 (ZDYF2024XDNY256)

\*通讯作者, 孙永华, 国家杰出青年, 研究员, 主要从事鱼类生殖细胞发育与定向育种

mail: yhsun@ihb.ac.cn

## GRP75 介导线粒体-内质网膜耦联结构调控鱼类低氧胁迫下 Ca<sup>2+</sup>依赖性 ROS 积累与铁死亡

颜浩骁<sup>1</sup>, 赵柳兰<sup>1</sup>, 陈鹏耕<sup>1</sup>, 刘巧<sup>1</sup>, 杨淞<sup>1,2\*</sup>

1. 四川农业大学水产学院, 四川成都 611130;

2. 水产健康与智慧养殖四川省重点实验室, 四川成都 611130

**摘要:** 低氧是集约化水产养殖中最常见且危害严重的环境胁迫因子之一, 阐明鱼类低氧损伤与抗逆适应的精细分子调控机制, 对抗逆性状解析和新品种培育具有重要意义。本研究以大口黑鲈为对象, 围绕线粒体-内质网膜接触位点 (mitochondria-associated ER membranes, MAMs) 在低氧胁迫损伤中的作用开展研究。结果表明, 急性低氧胁迫显著诱导肝脏活性氧、MDA 和 Fe<sup>2+</sup> 积累, 并伴随铁死亡通路富集及 ACSL4、LPCAT3、POR 等关键调控因子表达上调, 提示铁死亡参与低氧诱导的肝脏氧化损伤。进一步研究发现低氧胁迫显著增强肝脏内质网-线粒体相互作用, 上调 IP3R1-GRP75-VDAC1 复合体及 MCU 表达, 促进 Ca<sup>2+</sup> 由内质网向线粒体转运, 导致线粒体 Ca<sup>2+</sup> 超载、膜电位下降、ATP 减少、线粒体 ROS 积累及内质网应激。敲低 GRP75 可削弱 MAM 耦联, 降低线粒体 Ca<sup>2+</sup> 和 ROS 水平, 恢复线粒体功能, 并显著减轻脂质过氧化损伤和铁死亡; 相反, 过表达 GRP75 进一步增强 MAM 形成, 加剧线粒体功能障碍和铁死亡。综上, 本研究揭示了“GRP75—MAMs—Ca<sup>2+</sup>—mitoROS—铁死亡”调控轴在鱼类低氧损伤中的关键作用, 为解析水产动物低氧抗逆机制提供了新的细胞器互作视角, 也为抗逆分子标志物筛选和水产动物抗逆育种提供了潜在靶点。

**关键词:** 低氧胁迫; 线粒体-内质网互作; 抗逆适应; 铁死亡

---

**资助项目:** 四川省自然科学基金 (No. 2024NSFSC2069); 四川省淡水鱼创新团队 (NO. SCCXTD-2026-15)

\*通讯作者, 杨淞, 教授, 主要从事鱼类环境适应分子机制解析与抗逆育种

E-mail: ysys210@hotmail.com

## 线粒体功能重塑与水产动物抗逆适应：从环境胁迫到细胞稳态

杨淞<sup>1,2\*</sup>, 赵柳兰<sup>1</sup>, 颜浩骁<sup>1</sup>, 刘巧<sup>1</sup>, 宋凯歌<sup>1</sup>

1. 四川农业大学水产学院, 四川成都 611130;

2. 水产健康与智慧养殖四川省重点实验室, 四川成都 611130

**摘要:** 水产动物长期处于低氧、高温、氨氮、盐度波动及病原刺激等复杂环境胁迫中, 其抗逆能力形成依赖于细胞稳态维持与应激适应性重塑。线粒体作为细胞能量代谢、氧化还原调控、 $\text{Ca}^{2+}$ 稳态和细胞命运决定的核心细胞器, 不仅是环境胁迫损伤的重要靶点, 也是感知并整合细胞内稳态扰动的关键信号枢纽。外界胁迫可通过改变氧供、ATP/ADP 比值、NADH/NAD<sup>+</sup>状态、ROS 水平、 $\text{Ca}^{2+}$ 动态、膜电位、代谢物组成及蛋白稳态等, 驱动线粒体发生多层级功能重塑。在线粒体整体层面, 运输定位、融合/分裂动力学及同型线粒体接触共同调控线粒体网络结构、局部能量供应与受损细胞器隔离; 在细胞器互作层面, 线粒体与内质网、溶酶体、脂滴和过氧化物酶体之间的膜接触位点介导  $\text{Ca}^{2+}$ 、ROS、脂质和代谢物的局部传递, 协调代谢适应、质量控制和死亡信号; 在线粒体内部层面, 嵴结构、内膜动力学和基质体积变化直接影响氧化磷酸化效率、ROS 生成、mPTP 开放及细胞死亡阈值。适度的线粒体重塑可促进能量再分配、抗氧化防御、UPRmt、线粒体自噬及代谢可塑性, 从而增强水产动物对环境胁迫的适应能力; 而持续或过强的胁迫则可能导致  $\text{Ca}^{2+}$ 超载、ROS 失控、膜电位丧失、脂质过氧化和细胞死亡。系统阐明线粒体功能重塑在水产动物抗逆适应中的作用, 有助于深入理解水生动物环境适应机制, 并为抗逆新品种培育、健康养殖和绿色高效生产提供新的理论依据与潜在干预靶点。

**关键词:** 线粒体功能重塑; 环境胁迫; 水产动物; 抗逆适应; 细胞稳态

---

**资助项目:** 四川省自然科学基金 (No. 2024NSFSC2069); 四川省淡水鱼创新团队 (NO. SCCXTD-2026-15)

\*通讯作者, 杨淞, 教授, 主要从事鱼类环境适应分子机制解析与抗逆育种

E-mail: ysys210@hotmail.com

## 杂交黄颡鱼“江黄 2 号”生长性能、消化及肌肉代谢特性

赵菊, 沈庭文, 姜俊\*

四川农业大学水产学院, 四川成都, 611130;

**摘要:** 黄颡鱼是我国重要的淡水养殖鱼类。为评价并解析新型杂交黄颡鱼品系的优良种质特性, 本研究以普通杂交黄颡鱼 (简称 H 鱼) 为对照, 系统评估了三元杂交黄颡鱼“江黄 2 号”([瓦氏黄颡鱼♀×长吻鮠♂]F1♂×黄颡鱼♀, 简称 J 鱼) 的养殖潜力。开展了为期 67 天的饲养对比试验, 对两者的生长性能、肠道组织结构、消化酶活性及肌肉代谢特性进行了系统的比较分析。结果表明: (1) 在饲喂 67 天后, “江黄 2 号”的鱼体末重 (FBW) 显著高于普通杂交黄颡鱼 ( $P < 0.05$ ); 其体增重 (PWG)、特定生长率 (SGR)、摄食量 (FI) 和肥满度 (CF) 也均显著高于普通杂交黄颡鱼 ( $P < 0.05$ )。 (2) “江黄 2 号”的肠体指数 (ISI) 和相对肠长 (RGL) 均显著高于普通杂交黄颡鱼 ( $P < 0.05$ ); 组织切片显示其肠道绒毛高度 (VH) 及肌层厚度 (MT) 显著或极显著优于普通杂交黄颡鱼; 此外, “江黄 2 号”肠道糜蛋白酶、淀粉酶、脂肪酶及胰蛋白酶活性全面显著升高, 表现出更强的摄食与消化吸收适应性 ( $P < 0.05$  或  $P < 0.01$ )。 (3) “江黄 2 号”的平均肌纤维截面积 (CSA) 极显著低于普通杂交黄颡鱼 ( $P < 0.01$ ), 且小直径肌纤维出现频数更高, 呈典型的肌纤维增殖型生长特征; 同时, “江黄 2 号”肌肉中的总蛋白 (TP)、ATP、肌糖原及羟脯氨酸 (HYP) 含量和乳酸脱氢酶 (LDH) 活性均显著或极显著高于普通杂交黄颡鱼。综上所述, “江黄 2 号”杂交黄颡鱼在摄食驱动、肠道结构与酶学消化机能、以及肌肉增殖代谢储备上均展现出显著的多元杂交优势, 其生长性能明显优于普通杂交黄颡鱼, 可为我国优质、高效水产新种质的创制与产业化推广提供核心的数据支撑。

**关键词:** 杂交黄颡鱼; 生长性能; 肠道; 消化酶; 肌肉

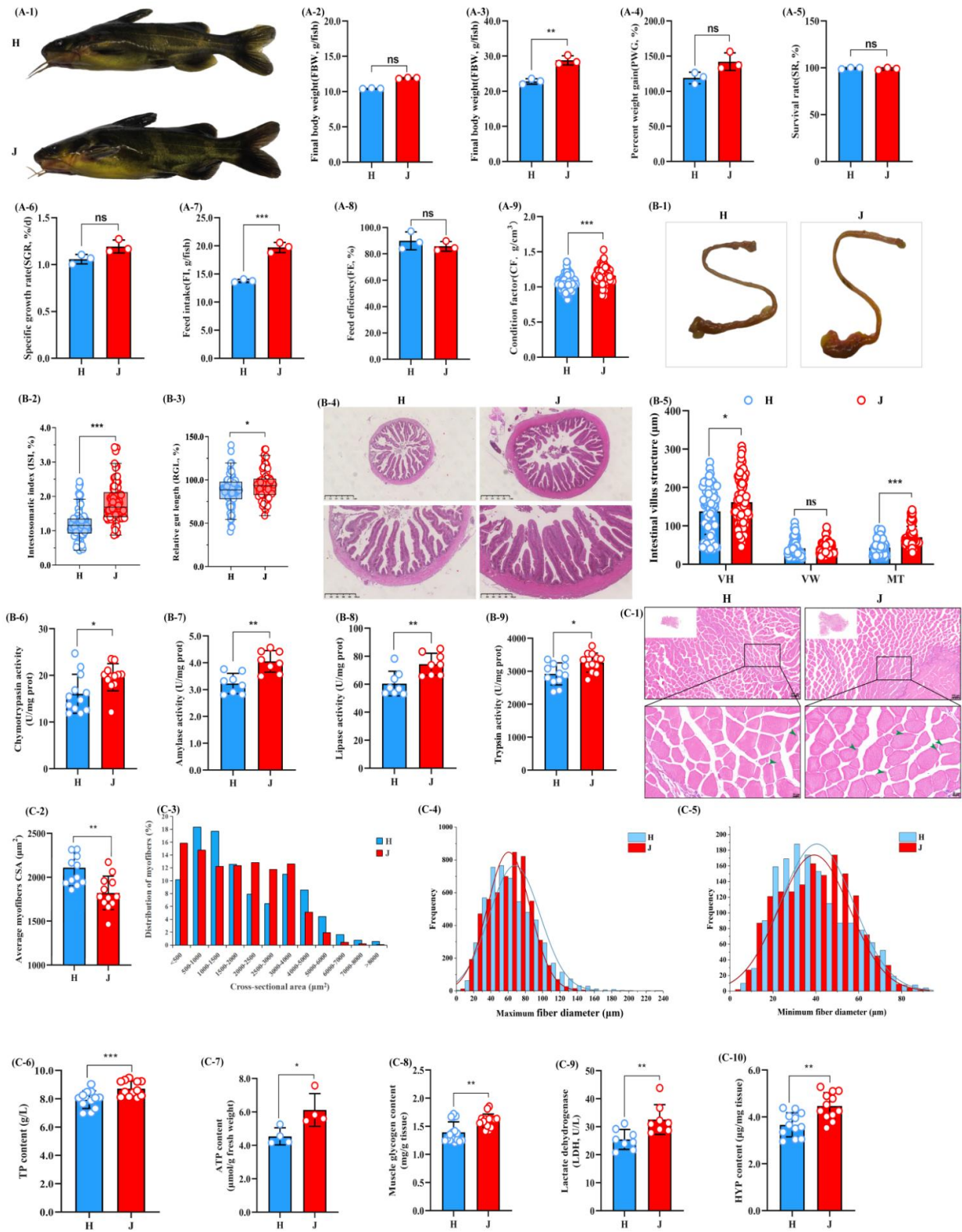
27

**项目资助:** 国家自然科学基金 (32172987)

\*通讯作者, 姜俊, 博导, 教授, 主要从事水产动物育种与健康养殖

E-mail: jjun@sicau.edu.cn

附图:



## 新疆高盐碱水域两种虾类的营养成分及品质评价

车立鹏<sup>1</sup>, 陈生熬<sup>1\*</sup>

1. 塔里木大学生命科学与技术学院/塔里木珍稀鱼类研究中心, 新疆阿拉尔 843300

**摘要:** 为践行大食物观, 积极开展盐碱地综合利用, 加大盐碱水渔业推广示范, 进一步探究盐碱水养殖中虾类营养品质。本研究采用国际标准方法、氨基酸自动分析仪法、高效液相色谱法等, 开展窄螯螯虾 (*Pontastacus leptodactylus*) 与南美白对虾 (*Litopenaeus vannamei*) 的营养价值差异, 对两种虾的基本营养成分、氨基酸组成及脂肪酸组成进行系统测定与分析。结果显示: 新疆高盐碱水体养殖中两种虾的水分和鲜样脂肪含量无显著差异 ( $P>0.05$ ), 均属于低脂水产品; 南美白对虾的鲜样蛋白质含量 ( $17.585\pm0.263\%$ ) 略高于额河螯虾 ( $14.080\pm0.031\%$ )。两者均检出17种氨基酸, 符合优质蛋白质标准, 其中南美白对虾的谷氨酸、甘氨酸等鲜味氨基酸及亮氨酸、精氨酸含量显著更高, 风味和营养优势突出, 额河螯虾则在组氨酸和脯氨酸含量上具有独特优势。脂肪酸方面, 额河螯虾检出12种脂肪酸, 含棕榈油酸、 $\alpha$ -亚麻酸等特有成分, 且EPA含量更高; 南美白对虾检出10种脂肪酸, DHA含量更具优势, 二者 $\omega$ -3/ $\omega$ -6脂肪酸比例均合理。结论: 盐碱地综合利用是国家战略规划, 盐碱水渔业的开发利用是新疆渔业高质量发展必要条件, 对于虾类的养殖是追求渔业高价值的养殖需求, 两种虾均为优质营养食材, 南美白对虾的整体营养价值更优, 本研究为盐碱水养殖虾类效果更优提供了参考价值, 为新疆盐碱水域养殖品种的筛选与优化提供科学依据, 并为区域水产养殖业的高质量发展提供数据支撑。

**关键词:** 新疆高盐碱水; 虾类; 营养成分; 氨基酸; 脂肪酸

---

**资助项目:** 国家自然科学基金 (32560894); 新疆兵团科技局: 重点领域科技攻关专项 (2025AB008)

\*通讯作者, 陈生熬, 教授, 主要从事水生生物资源调查及水产养殖等

E-mail: 18710677465@163.com

## Comparative analysis of the toxic effects of microplastics and nanoplastics on *Triplophysa yarkandensis*

Liu Changcai<sup>1</sup>, Chen Sheng'ao<sup>1\*</sup>

*1. State Key Laboratory Incubation Base for Conservation and Utilization of Bio-Resource in Tarim Basin; College of life science and technology, Tarim university, Alar, 843300 China.*

**Abstract:** Plastic and other new composite pollutants have become one of the widely concerned environmental issues in society, especially the potential threat of microplastics and nanoplastics to the aquaculture industry. The indigenous economic fish, *Triplophysa yarkandensis*, in the Tarim River system, is also facing the risk of microplastics in large-scale salt-alkali water aquaculture. This study compared and analyzed the effects of two types of microplastics (micron-sized MPs and nanometer-sized NPs) on the oxidative defense ability, immune enzyme activity, and tissue pathology of *T. yarkandensis* skin, gills, liver, and intestines within 96 hours. It also examined the effects on liver and intestinal digestive enzyme activity and intestinal microbiota. Results: NPs are more likely to penetrate tissue barriers and cause more severe oxidative damage and immune suppression ( $P < 0.05$ ) compared to MPs. Significant pathological changes were observed in the gills and liver, such as cell vacuolization and inflammatory infiltration. NPs significantly reduced liver antioxidant enzyme activity, disrupted gut microbiota structure, and led to a decrease in beneficial bacteria and an increase in pathogenic bacteria, thereby inhibiting digestive enzyme secretion. In contrast, MPs mainly caused mild inflammatory reactions. The study showed that NPs had a more significant toxic effect on *T. yarkandensis* easily accumulating in the tissues and threatening its health and survival by disrupting tissue integrity, inducing oxidative stress, and causing microbiota imbalance. This provides a scientific basis for assessing the ecological risks of microplastics in aquaculture.

**Keywords:** *Triplophysa yarkandensis*; Microplastics; Antioxidant Enzyme Activity; Histopathology; Gut Microbiome

---

**资助项目:** 国家自然科学基金 (32560894); 新疆兵团科技局: 重点领域科技攻关专项 (2025AB008)

\*通讯作者, 陈生熬, 教授, 主要从事水生生物资源调查及水产养殖等

E-mail: 18710677465@163.com

## 伊犁裂腹鱼种质遗传评价与耐盐碱育种研究

李璇月<sup>1</sup>, 唐才<sup>2</sup>, 刘琪<sup>2</sup>, 张家旗<sup>2</sup>, 宋勇<sup>2</sup>, 陈生熬<sup>2\*</sup>

1. 塔里木大学生命科学与技术学院, 新疆维吾尔自治区 阿拉尔 843300;

2. 塔里木珍稀鱼类研究中心, 新疆维吾尔自治区 阿拉尔 843300

**摘要:** 伊犁裂腹鱼是新疆伊犁河流域特有土著经济鱼类, 也是我国西北内陆盐碱水域极具生态保护价值与产业开发潜力的特色水产种质, 在区域水生生态系统维系与丝路特色水产种业发展中具有重要地位。受流域生境破碎化、人类活动持续干扰等多重因素影响, 该物种野生种群资源呈衰退趋势, 而目前针对其极端环境适应性遗传基础的系统研究仍相对薄弱, 制约了种质资源保护与育种利用进程。本研究以伊犁河流域野生伊犁裂腹鱼为研究对象, 拟整合分子标记技术与基因组测序手段, 系统开展不同地理群体的种质资源遗传评价, 解析野生种群的遗传多样性水平与空间遗传分化格局; 通过全基因组选择信号分析, 筛选与盐碱胁迫耐受、低温环境适应及免疫调控相关的关键候选基因, 阐明该物种适应新疆内陆极端水域环境的分子遗传机制。本研究预期成果可为伊犁裂腹鱼种质资源原位保护、种质资源库搭建提供科学支撑, 也可为后续耐盐碱优良品系选育、土著鱼类种业创新奠定理论基础, 对新疆盐碱水域生态渔业高质量发展具有重要的实践参考价值。

**关键词:** 伊犁裂腹鱼; 种质资源; 盐碱适应性; 遗传评价; 水产育种

---

\*通讯作者, 陈生熬, 教授, 主要从事渔业资源与环境调查研究

E-mail: chenshengao@163.com

## 克孜勒苏河鱼类种群空间异质性研究及其生境健康评价

刘洁雅<sup>1,2</sup>, 宋勇<sup>1</sup>, 李大鹏<sup>2</sup>, 陈生熬<sup>1\*</sup>

1. 塔里木大学生科院/塔里木珍稀鱼类研究中心, 阿拉尔, 843300;

2. 华中农业大学水产学院, 鱼类环境生理与健康养殖实验室, 武汉 430070

**摘要:** 为了评估塔里木河流域克孜勒苏河现阶段的鱼类种群组成及河流健康状况, 本研对塔里木河流域克孜勒苏河的 22 个采样点的鱼类和环境数据行了系统调查。并基于鱼类生物完整性指数 (F-IBI) 评估塔里木河流域克孜勒苏河的健康状况。结果表明该流域鲤科鱼类共有 27 种, 占比超过 50%; 鳅科鱼类和鰕虎科鱼类均有 7 种, 占比为 13.73%。鱼类群落的优势种共 3 种, 分别为鲫 (*Carassius auratus*)、麦穗鱼 (*Pseudorasbora parva*) 和拉氏鲮 (*Rhynchocypris lagowskii*), 相对重要性指数 (IRI) 值分别为 4267.3、1598.2 和 1184.0。基于 F-IBI 的评价结果可知, 塔里木河流域克孜勒苏河有 5.13% 的采样点被评估为健康, 30.77% 的采样点被评估为良好, 33.33% 的采样点被评估为一般, 25.64% 的采样点 被评估为较差, 5.13% 的采样点被评估为极差。F-IBI 的平均得分为 3.74, 基于 F-IBI 平均值可知克孜勒苏河整体健康状况处于良好水平。本研究将有助于流域管理者制定有针对性的恢复和保护措施。

**关键词:** 克孜勒苏河; 鱼类种群; 空间异质性; 河流健康

---

**资助项目:** 国家自然科学基金项目(32560894); 天山英才项目(2023TSYCCX0128)

\*通讯作者, 陈生熬, 教授, 主要从事渔业资源与遗传育种

E-mail: 13657576029@163.com

## 叶尔羌高原鳅不同种群盐碱适应生理特征与种质资源评价

唐才<sup>1,2</sup> 宋勇<sup>1,2</sup> 陈生熬<sup>1,2\*</sup>

1. 塔里木大学动物科学学院, 新疆 阿拉尔 843300;

2. 塔里木珍稀鱼类研究中心, 新疆 阿拉尔 843300;

**摘要:** 叶尔羌高原鳅 (*Triplophysa yarkandensis*) 是塔里木河流域特有的土著小型鱼类, 具备极强的极端环境适应能力, 是干旱区盐碱水域水产种质开发与利用的重要候选对象。近年来流域水文情势改变、土壤盐渍化加剧, 该物种不同地理种群的耐盐碱差异及种质特性尚未系统解析, 制约了其种质保护与良种选育进程。本研究以塔里木河水系叶尔羌河、木扎提河不同盐碱梯度的野生叶尔羌高原鳅种群为研究对象, 通过测定总超氧化物歧化酶 (T-SOD)、丙二醛 (MDA)、 $\text{Na}^+$ - $\text{K}^+$ -ATP 酶、溶菌酶等生理生化指标, 结合 16S rRNA 高通量测序解析肠道微生物群落结构, 系统对比不同地理种群的盐碱适应生理响应特征与微生态调控机制。结果表明, 不同盐碱生境下的叶尔羌高原鳅种群在抗氧化能力、渗透调节水平及免疫活性上存在显著差异, 高盐碱种群表现出更强的氧化应激耐受与离子稳态调控能力; 肠道微生物群落结构随盐碱梯度发生适应性重塑, 嗜盐杆菌、拟杆菌等核心类群与宿主耐盐碱生理指标显著相关, 共同参与宿主的渗透调节与免疫调控过程。本研究明确了叶尔羌高原鳅不同地理种群的耐盐碱种质差异, 筛选得到一批可用于种质评价的关键生理与微生物标志物, 可为该土著鱼类的种质资源保护、耐盐碱优良品系选育及盐碱水域养殖开发提供理论支撑。

**关键词:** 叶尔羌高原鳅; 地理种群; 盐碱适应; 生理响应; 种质评价

---

**资助项目:** 洪水驱动下塔里木河水系特有鱼类分布, 项目编号: 801025021

\*通讯作者: 陈生熬, 教授, 主要从事鱼类种质资源与环境研究

E-mail: chenshengao@163.com

## Comparative morphological analysis of *Gymnodiptychus dybowskii* from different regions in the Arid Northwest of Xinjiang, China

王凯<sup>1</sup>, 陈生熬<sup>1\*</sup>

1. 塔里木大学生命科学与技术学院/塔里木珍稀鱼类研究中心, 新疆 阿拉尔 843300

**Abstract:** To explore the morphological differences among geographically distinct populations of *Gymnodiptychus dybowskii* and the evolutionary mechanisms underlying their differentiation, 87 samples were collected from the Kaidu River, Turks River, Emin River, and Manas River in Xinjiang between 2020 and 2021. Classic fish ecology research methods, including traditional morphometrics and frame measurement, were used to analyze their morphological characteristics. One-way ANOVA detected significant inter-population differences in 13 proportional morphological traits ( $p < 0.01$ ) and an additional 3 traits ( $p < 0.05$ ) among the 34 traits examined. The most divergent traits were primarily concentrated in body width, snout length, mouth gape, caudal peduncle length, and various fin dimensions. The first three principal components extracted via PCA cumulatively accounted for 61.34% of the total variance. PC1 primarily reflected variation in overall body size and trunk elongation, while PC2 captured morphological differentiation linked to adaptation to distinct environmental conditions. A discriminant function model built on seven key traits achieved an overall correct classification rate of 94.3% for the four geographic populations. This study confirms that *G. dybowskii* populations across different hydrological gradients have undergone significant morphological divergence, with observed patterns closely linked to local environmental adaptation. These findings provide a critical morphological foundation for understanding the phenotypic evolution of this plateau-endemic fish and inform its adaptive management strategies.

**Keywords:** morphological characteristics; morphological differences; *Gymnodiptychus dybowskii*

---

资助项目: 国家自然科学基金 (32560894, 31360635); 新疆天山英才培训项目 (2023TSYCCX0128)

\*通讯作者, 陈生熬, 教授, 主要从事水生生物资源调查及水产养殖等

E-mail: [18710677465@163.com](mailto:18710677465@163.com)

## 新疆盐湖卤虫源乳酸菌资源挖掘与饵料强化效果研究

余晓琦<sup>1</sup>, 许家玮<sup>1</sup>, 马成<sup>1</sup>, Qammar Malik<sup>1</sup>, 王智超<sup>1\*</sup>

1. 塔里木大学生命科学与技术学院, 新疆 阿拉尔 843300;

**摘要:** 饵料生物质量直接决定水产苗种的存活与发育质量, 是水产种业振兴中苗种繁育环节的核心影响因素。新疆盐湖蕴藏着独特的卤虫种质资源, 其肠道内源乳酸菌长期适应极端盐碱生境, 具备优良的抗逆特性与饵料强化应用潜力。本研究以新疆盐湖自然栖息的卤虫为试验材料, 采用平板分离纯化获取其肠道可培养乳酸菌, 通过 16S rDNA 基因测序完成菌株种属鉴定与系统发育分析, 系统测定菌株生长动力学、产酸能力、耐酸碱、耐盐、耐胆盐、体外抑菌活性、抗生素敏感性、溶血性等生物学特性, 筛选获得性状优良的益生菌候选菌株; 在此基础上选取优势菌株对卤虫无节幼体进行活体富集强化, 并通过斑马鱼仔鱼投喂试验初步验证其应用效果。结果显示, 从新疆盐湖卤虫肠道中共分离鉴定出 7 株乳酸菌, 均隶属于肠球菌属, 涵盖海氏肠球菌、屎肠球菌、蒙氏肠球菌、酪黄肠球菌等不同类群; 所有菌株均无溶血反应, 生物安全性良好, 且普遍具备较强的环境耐逆性与水产病原菌拮抗能力。综合评价后确定两株优选菌株: 屎肠球菌综合抑菌能力最强, 生长与产酸速率快, 耐逆表现优异; 酪黄肠球菌抑菌性能良好, 且对抗生素敏感性最高, 耐药风险最低, 使用安全性佳。初步养殖试验表明, 经上述菌株强化后的卤虫投喂斑马鱼仔鱼, 可有效提升仔鱼终末体长、终末体重与肥满度等基础生长指标, 改善肠道组织结构, 对提高仔鱼存活率具有积极作用。本研究挖掘了新疆极端盐湖生境下的特色乳酸菌资源, 明确了其益生潜力与应用价值, 为开发水产苗种专用乳酸菌饵料强化剂、助力水产种业高质量发展提供了理论依据与种质资源基础。

**关键词:** 卤虫; 乳酸菌; 生物学特性; 饵料强化; 斑马鱼

**资助项目:** 国家自然科学基金(32260299); 新疆人才发展基金-新疆维吾尔自治区第三批“2+5”重点人才计划科研创新平台人才团队支持计划资助;

\*通讯作者: 王智超, 教授, 博士生导师, 主要从事饵料生物学

E-mail: 974297190@qq.com

## 盐碱胁迫下斑重唇鱼耐受性的研究

张驰<sup>1</sup>, 陈生熬<sup>1\*</sup>

1. 塔里木大学生命科学与技术学院/塔里木珍稀鱼类研究中心, 新疆阿拉尔 843300

**摘要:** 为系统开展伊犁河鱼类适应生物学相关研究, 评价斑重唇鱼幼鱼的机体抗逆能力, 探析其濒危成因, 本研究采用实验室生态学研究方法, 开展斑重唇鱼盐碱耐受性测定与分析及行为学特征观察工作。研究结果显示斑重唇鱼对照组幼鱼均无明显应激反应, 活动平缓, 呼吸正常, 对外界刺激(光、声音等)有正常反应, 均未出现死亡个体; 实验组幼鱼初始接触实验水体应激过强, 随盐碱浓度梯度升高, 游动急躁, 挣扎抖动, 继而死亡, 碱度浓度梯度下的行为特征与盐度实验类似。斑重唇鱼幼鱼24h、48h、72h、96h的氯化钠(NaCl)盐度半致死浓度(LC50)分别为11.4499 g/l、11.0678 g/l、11.1624 g/l、11.2578 g/l, 安全浓度(SC)为3.1024 g/l; 碳酸氢钠(NaHCO<sub>3</sub>)碱度半致死浓度(LC50)分别为42.2099 mmol/l、46.9686 mmol/l、42.2099 mmol/l、38.9600 mmol/l, 安全浓度(SC)为17.4468 mmol/l, 相较于其历史栖息水体的环境理化参数, 斑重唇鱼遭受的碱度胁迫更为显著。而栖息水体盐碱度的持续攀升, 严重干扰了该鱼类的生态位占据及栖息生境的选择偏好, 进而导致该物种濒临灭绝。本研究为斑重唇鱼的苗种培育和驯化养殖提供参考, 为进一步开展增殖保护和种质资源开发利用提供依据, 夯实新疆特有水产种业可持续发展。

**关键词:** 斑重唇鱼幼鱼; 盐碱胁迫; 耐受性; 行为学

**资质项目:** 国家自然科学基金(32560894); 新疆兵团科技局: 重点领域科技攻关专项(2025AB008)

\*通讯作者, 陈生熬, 教授, 主要从事水生生物资源调查及水产养殖等

E-mail:18710677465@163.com

## 金鱼 MC4R 家族调控生长与脂质分布的功能研究

莫昊霖<sup>1</sup>, 吕博文<sup>1</sup>, 刘延鹏<sup>1</sup>, 于惠霞<sup>2</sup>, 杜雨优<sup>1</sup>, 高久巍<sup>1</sup>, 姚明星<sup>1</sup>,  
张倩青<sup>1</sup>, 于佳佳<sup>1</sup>, 李杨<sup>1</sup>, 王立新<sup>1,\*</sup>

1. 西北农林科技大学, 陕西杨凌, 712100

2. 江西农业大学, 江西南昌, 330045

**摘要:** 提高生长性能和优化脂质分布一直是水产养殖领域的重要研究方向。黑皮质素 4 受体 (MC4R) 在调控食欲和脂质代谢过程中发挥着关键作用。在很多硬骨鱼类中, MC4R 存在两个或多个同源基因, 但这些同源基因之间的功能差异及其生理意义仍未得到充分阐明。因此本研究以金鱼 (*Carassius auratus*) 为模式动物, 结合分子对接、RNA 干扰 (RNAi) 和 RNA 测序 (RNA-seq) 等方法, 对 caMC4R (*Carassius auratus* MC4R) 和 caMC4R-like 的功能进行了系统研究。研究结果表明, caMC4R 与 caMC4R-like 第三胞内环 (ICL3) 区域存在明显差异, 并表现出不同的 cAMP 信号激活特性。敲低 caMC4R 或 caMC4R-like 均能够显著促进金鱼的摄食和生长, 但两者在脂质代谢调控中表现出明显的功能分化。敲低 caMC4R 可通过调控丙酮酸脱氢酶 E1 组分 $\beta$ 亚基 (PDHB) 的表达促进肌肉脂质沉积; 然而敲低 caMC4R-like 则通过 PPAR $\gamma$ 和 SREBP-1c 信号通路促进肝脏脂质积累。总体而言, 敲低 caMC4R 和 caMC4R-like 分别参与金鱼肌肉和肝脏中的脂质沉积调控, 体现出组织特异性的功能分化。本研究揭示了硬骨鱼类 MC4R 重复基因在信号转导特性和生理功能上的分化, 为理解硬骨鱼类 MC4R 亚家族成员之间的功能差异及其潜在进化意义提供了重要基础数据, 同时为通过分子育种和营养调控改善养殖鱼类生长性能及优化脂质分布提供了潜在的理论基础。

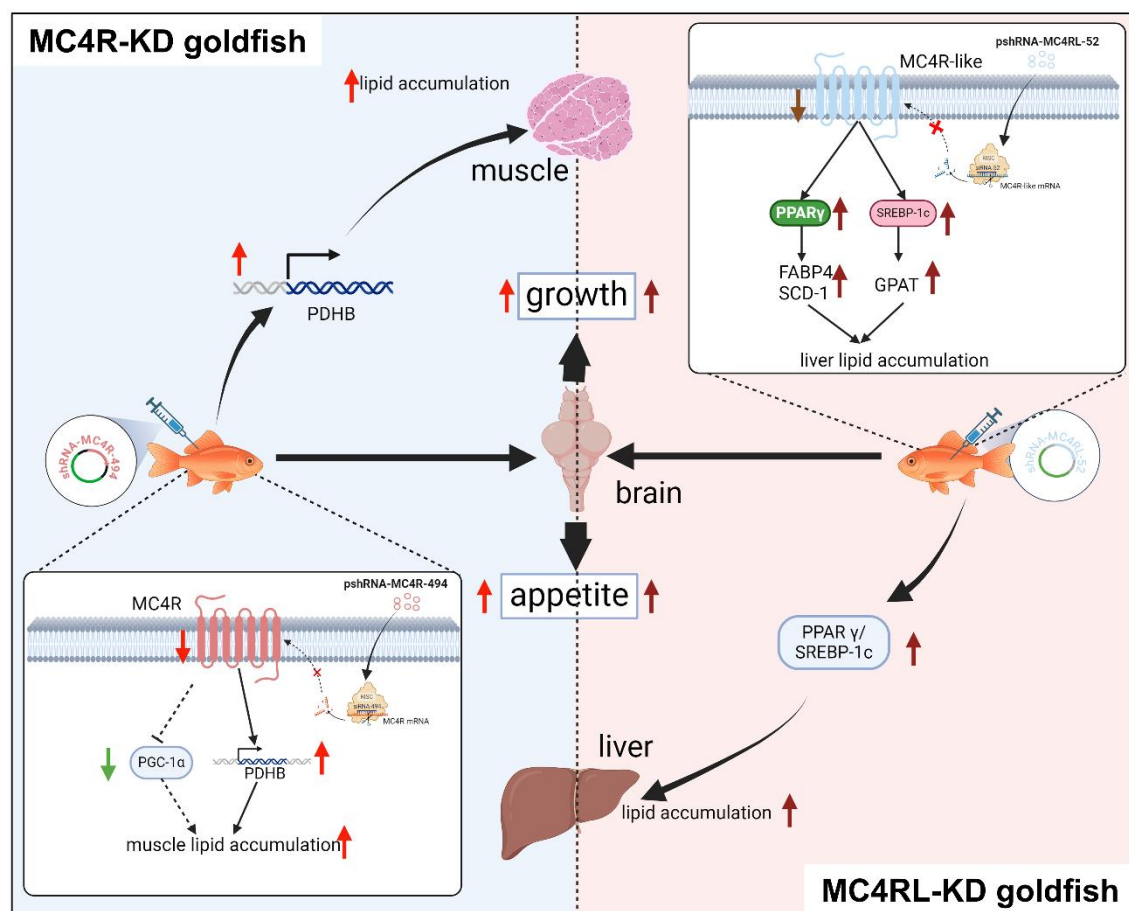
**关键词:** MC4R/MC4R-like; 生长; 脂质分布; 金鱼 (*Carassius auratus*)

**资助项目:** 国家自然科学基金 (32202909); 陕西省自然科学基金 (2023-JC-YB-155)

\*通讯作者, 王立新, 副教授, 主要从事水生经济动物繁殖养殖技术研究和水生动物种质资源保护研究

E-mail: fisherwanglx@nwafu.edu.cn

## 图形摘要



## sox10b 突变导致尼罗罗非鱼蓝绿色体色形成的机制

梁广源, 刘浩, 郑苍淞, 石海安, 王德寿\*

1. 西南大学, 生命科学学院, 淡水鱼类资源与生殖发育教育部重点实验室, 重庆, 400715,

**摘要:** *sox10* 是神经嵴发育中的核心转录因子, 但在硬骨鱼类中, 其两个旁系同源基因的功能分工仍不清楚。尼罗罗非鱼 (*Oreochromis niloticus*) 拥有完整的色素细胞体系, 是研究体色形成的理想模型。本研究利用 CRISPR/Cas9 技术分别构建了 *sox10a*、*sox10b* 单基因及双基因纯合突变系。表型追踪结果显示, *sox10a* 突变体在早期色素细胞迁移和分化过程中出现显著异常, 纯合个体在受精后两周内全部死亡; 而 *sox10b* 突变体可存活至成年, 在 30 dpf 时黑色素细胞和黄色素细胞的数量及大小均明显减小, 至 90 dpf 和 180 dpf 时虹彩细胞覆盖面积显著增加, 黄色素细胞减少, 红色素细胞完全缺失, 鱼体呈现稳定的蓝绿色。透射电镜观察表明, *sox10b* 突变体虹彩细胞中鸟嘌呤晶体的厚度减小、板间距增大, 提示鸟嘌呤合成不足; 同时, 黑色素细胞内黑素颗粒减少。皮肤转录组分析显示, 红黄色素细胞色素代谢相关基因 (*scarb1*、*plin2*、*plin6*、*ttc39bb*) 显著下调, 而虹彩细胞分化相关基因 (*ltk*、*pnp4a*、*tfec*、*foxd3*、*gart*) 显著上调, 黑色素分化合成相关基因 (*tyra*、*tyrb*、*tyrp1* 等) 则出现代偿性变化。综上, *sox10b* 缺失一方面削弱了类胡萝卜素在红、黄色素细胞中的沉积, 另一方面诱导虹彩细胞分化增强, 但所形成的反射小板结构异常, 最终导致“化学色减弱—结构色异常增强”的蓝绿色表型。本研究明确了 *sox10b* 在罗非鱼色素细胞谱系后期分化及虹彩细胞反射结构完整性中的关键调控作用, 为鱼类体色遗传改良和观赏鱼分子育种提供了直接基因靶点与蓝色种质资源。

**关键词:** *sox10*; 虹彩细胞; 蓝色; 色素细胞; 尼罗罗非鱼

**资助项目:** 国家自然科学基金 (32373106); 国家重点研发计划项目 (2022YFD1201600); 重庆市水产科技创新联盟项目 (CQFTIU202501-7)

\*通讯作者, 王德寿, 教授, 主要从事水产生物技术与遗传育种 E-mail: wdeshou@swu.edu.cn

## 厚颌鲂（♀）与团头鲂（♂）杂交 F<sub>1</sub> 代生物学特性的初步研究

刘文峰<sup>1,2</sup>, 侯文旭<sup>1</sup>, 刘霞<sup>1</sup>, 罗辉<sup>1</sup>, 叶华<sup>1,\*</sup>

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 F<sub>1</sub> 代的生长、肉质、肠道菌群及分子调控机制。结果显示: 在 20.5℃ 水温下, 杂交 F<sub>1</sub> 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 F<sub>1</sub> 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 F<sub>1</sub> 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 F<sub>1</sub> 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

## **Amhy/Amhr2y-mediated sex determination in teleosts depends on the conserved Alk3-Smad5 signaling axis**

ZHOU Li, ZHANG Liang, LI Minghui, WANG Deshou\*, LIU Xingyong\*

*Key Laboratory of Freshwater Fish Reproduction and Development (Ministry of Education),*

*School of Life Sciences, Southwest University, Chongqing 400715, China*

**Abstract:** Teleosts exhibit remarkable diversity in their sex-determination mechanisms. Strikingly, homologs of Anti-Müllerian hormone (*Amhy*) and its type II receptor (*Amhr2y*) have been recurrently co-opted as master sex-determining genes (SDGs), constituting the SDG in approximately 50% of teleosts where an SDG has been identified. Paradoxically, despite their prevalence, the downstream signaling mechanisms—specifically the requisite type I receptors and R-Smad effectors—have remained undefined. This gap is particularly intriguing given the diversity and potential functional redundancy among these intracellular signaling components. We used an *in vitro* reporter assay to screen five type I receptors (*Alk2a/2b/3/6a/6b*) and three R-Smads (*Smad1/5/8*), and identified that only *Alk3/6a/6b* together with *Smad5* markedly trigger *Amhy/Amhr2* signaling. In Nile tilapia, p-Smad5 accumulated preferentially in XY gonads, with total *Alk3* and *Smad5* showing no sex-biased expression between sexes. In XY tilapia, pharmacological blockade of type I receptors led to feminization or full male-to-female sex reversal, an identical phenotype observed in F0 mutants with CRISPR-mediated disruption of *alk3* or *smad5*. However, homozygous *alk3* or *smad5* mutations led to gastrula-stage embryonic lethality, whereas knockout of other screened genes produced viable fish with normal sexual development. This signaling pathway is evolutionarily conserved, as XY Southern catfish with *alk3a* or *smad5* mutations also underwent male-to-female sex reversal. In summary, *Alk3* and *Smad5* serve as indispensable, specific downstream signal transducers for the *Amhy/Amhr2y* sex-determination cascade.

**Keywords:** Teleosts; Sex-determining gene; *Amhy/Amhr2y*; Type I receptor; R-Smad

---

资助项目: 国家自然科学基金(32102780)

\*通讯作者, 柳兴永, 副教授, 研究方向为鱼类性别决定与分化, 性控育种。E-mail: liuxy2020@swu.deu.cn

## Deficiency of SSTR2a promotes body growth through GH/IGFs axis and metabolism in tilapia

SUN Lina<sup>1</sup>, WU Qihui<sup>1</sup>, MA Suying<sup>1</sup>, DUAN Liuyi<sup>1</sup>, LI Wensheng<sup>2</sup>, WANG Deshou<sup>1\*</sup>

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

School of Life Sciences, Southwest University, Chongqing 400715

2. School of Life Sciences, Sun Yat-Sen University, Guangzhou 510275

**Abstract:** The growth performance of fish is a crucial economic trait in the aquaculture industry. Somatostatin (SS) is a cyclic neuroendocrine peptide that inhibits pituitary growth hormone (GH) secretion through somatostatin receptors (SSTRs). In this study, the homozygous *sstr2a* mutant line was established in tilapia using the CRISPR/Cas9 system. The *sstr2a*<sup>-/-</sup> mutants exhibited better growth than WT fish with higher body weight, length, height, and width, weight gain rate, and specific growth rate, as well as lower food intake and feed coefficient. Furthermore, among female and male *sstr2a*<sup>-/-</sup> mutants and WT controls, the growth of male *sstr2a*<sup>-/-</sup> mutants was the highest, followed by female *sstr2a*<sup>-/-</sup> mutants, then WT males and WT females. *sstr2a*<sup>-/-</sup> fish exhibited significantly upregulated expression of *npv* in the brain, *gh* in the pituitary, and *ghr1*, *ghr2*, *igf1*, *igf1ra*, *igf1rb*, *igfbp1* and *igfbp2* in the liver, compared to WT. Serum GH and IGF-1 levels in *sstr2a*<sup>-/-</sup> fish were significantly elevated. These findings indicate that SSTR2a deficiency promotes body growth through GH/IGFs axis. Furthermore, glucose transporter gene *slc2a2*, gluconeogenesis genes (*pck1*, *g6pc1a.1*) and lipolysis-associated genes (*lpla*, *lipeb*, *ppara*) in liver were significantly upregulated, while glycogen synthesis gene (*gck*) and lipid synthesis genes (*fas*, *acaca*, *acacb*, *aclya*, *srebfl*) were significantly downregulated in *sstr2a*<sup>-/-</sup> fish. Overall, the *sstr2a*<sup>-/-</sup> mutant line not only holds significant potential to develop into a fast-growth strain of tilapia, but also provides an excellent model for understanding the regulation of growth and metabolism in teleosts.

**Keywords:** SSTR2a; gene mutation; growth and metabolism; GH/IGF axis; tilapia

---

**资助项目:** 国家重点研发计划 (2022YFD1201600)

\*通讯作者: 王德寿, 教授, 主要从事养殖鱼类经济性状解析和遗传育种

Email: wdeshou@swu.edu.cn

## 四川华鲮早熟快繁种质创制

赵哲<sup>1</sup>, 王志坚<sup>1, 2\*</sup>

1. 西南大学西部（重庆）科学城种质创制大科学中心, 重庆 401329;

2. 新疆和田学院, 新疆和田 848000

**摘要:** 鱼类世代周期长是制约水产良种创制与产业提质增效的关键瓶颈。创制性成熟时间短、繁殖周期快的早熟品系, 对缩短世代间隔、加速基因组选择进程具有重要意义。四川华鲮 (*Sinibrama taeniatus*) 是长江上游特有经济鱼类, 野生群体初次性成熟通常需 1 龄以上, 且每年仅在春季繁殖一次。本实验室经长期集约化养殖与定向选育, 成功获得初次性成熟时间缩短至 6 个月, 成鱼繁殖周期为 2 周的早熟快繁新种质。为评估该种质资源并解析其核心性状的遗传基础, 本研究开展了形态学评价与全基因组重测序及全基因组关联分析。

形态学评估表明, 早熟快繁群体虽绝对规格降低, 但可量、可数性状完整保留物种典型特征, 且变异区间较野生群体明显收窄, 表现出较高的群体一致性。性腺指数及卵径等关键繁殖指标与野生群体无显著差异, 表明该新种质在生殖周期显著缩短的同时仍维持了良好的生殖投入, 证实了其作为快繁育种材料的表型有效性。

研究采集早熟群体及乐山、大足两个野生群体进行全基因组重测序。群体遗传分析显示, 早熟群体遗传多样性显著低于野生群体, 连锁不平衡衰减减缓, 反映奠基者效应与人工选择的影响。选择性清除分析鉴定出大量受选区域, 涵盖能量代谢 (*rnh1, fastkd5, ndufs2*)、蛋白稳态 (*usp15, trim27, nat10*) 及免疫应答 (*gimap4, nlrp3*) 等相关基因, 揭示人工选择重塑了物质能量分配、蛋白周转及免疫适应等分子过程。

针对生长与繁殖性状的全基因组关联分析鉴定出 39 个显著关联 SNP。其中, 生长性状遗传力较高, 关联位点高度集中于 1 号染色体, 提示存在主效调控区域; 繁殖性状则呈多基因调控特征。此外, 研究挖掘出 *otog-farsa* 等多效性基因, 以及 *crybb1*、*rcvrn* 等光周期感知相关候选基因, 为标记辅助选择提供了理想靶点。

本研究成功创制了四川华鲮早熟快繁新种质, 系统揭示了其群体遗传演化轨迹与关键性状基因组架构, 鉴定了多个调控生长与繁殖的核心候选基因, 为早熟性状遗传改良及分子标记辅助育种提供了理论依据与基因资源。

**关键词:** 四川华鲮; 早熟快繁; 新种质; 全基因组重测序; 全基因组关联分析

**资助项目:** 重庆市技术创新与应用发展重点专项 (CSTB2023TIAD-KPX0023)

\*通讯作者, 王志坚, 教授, 主要从事鱼类资源保护与开发利用

E-mail: wangzj1969@126.com

## fgf20 突变对罗非鱼鳍及鳞片发育的影响

李茂, 王德寿\*, 郑树清\*

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

**摘要:** 尼罗罗非鱼 (*Oreochromis niloticus*) 为栉鳞鱼类, 去鳞加工损耗大, 培育少鳞或无鳞品系是重要育种方向。Fgf20 在四足动物中参与外胚层器官发育, 但在鱼类中功能研究仅局限于圆鳞的斑马鱼, 且敲除单一同源基因不影响鳞片和鳍的发育, 其对栉鳞鱼类的作用尚未见报道。本研究利用 CRISPR/Cas9 技术构建罗非鱼 *fgf20a* 纯合突变体及 *fgf20b* 纯合突变体, 分析两基因在鳍和鳞片发育中的功能。表达分析显示, *fgf20a* 在鳍条顶外胚层褶和发育鳞片边缘高表达, 定位于表皮基底层, 而 *fgf20b* 几乎不表达。*fgf20a* 纯合突变导致胸鳍、腹鳍、臀鳍和尾鳍鳍条形成延迟且数量减少, 背鳍硬棘发育近乎停滞; 鳞片发育起始延迟、排列紊乱, 数目显著减少而鳞片面积与厚度增大。转录组分析表明, 突变体中膜内成骨和矿化相关基因下调, 软骨程序保留; Wnt 和 Hedgehog 通路紊乱及抗凋亡与促增殖信号增强与鳞片异常相关。*fgf20b* 纯合突变体鳍和鳞片均未见异常。*fgf20a* 纯合突变体饥饿状态下自发游动能力及混缸饲养条件下体重与野生型无显著差异。综上表明 *fgf20* 经第三轮全基因组复制产生的两个拷贝发生了功能分化, 在罗非鱼中 *fgf20a* 是鳍条形态发生和栉鳞发育的核心调控因子。本研究首次在真骨鱼类中揭示了 *fgf20a* 对鳍发育的关键作用, 并在栉鳞鱼类中证实其调控鳞片的核​​心功能, 为少鳞或无鳞罗非鱼的分子育种提供了重要靶标。

**关键词:** 尼罗罗非鱼; *fgf20*; 鳞片发育; 鳍发育; CRISPR/Cas9

**资助项目:** 国家自然科学基金 (32302967); 国家重点研发计划项目 (2022YFD1201600, 2022YFD2400903); 重庆市水产科技创新联盟项目 (CQFTIU202501-7)。

\*通讯作者: 王德寿, 教授, 主要从事鱼类经济性状的遗传解析及遗传育种; 郑树清, 副教授, 主要从事鱼类性别决定及性控育种

E-mail: wdeshou@swu.edu.cn; zhengsq0825@163.com/zheng0817@swu.edu.cn

## 基于线粒体与核基因组联合分析的吐鲁番鲃系统位置及分类地位研究

畅宏雄<sup>1,2</sup>, 杨萍<sup>1,2</sup>, 李鑫洋<sup>1,2</sup>, 韩瑞<sup>1,2</sup>, 郭威<sup>1,2</sup>, 王佳<sup>1,2\*</sup>

1. 新疆极端环境生物生态适应与进化重点实验室, 新疆乌鲁木齐 830000;

2. 新疆农业大学生命科学学院, 新疆乌鲁木齐 830000;

**摘要:** 吐鲁番鲃 (*Phoxinus grumi*) 是新疆吐鲁番盆地特有的小型冷水性鱼类, 隶属于鲤形目雅罗鱼科。传统分类体系主要依据形态特征将其归入鲃属, 但近年来随着雅罗鱼科分子系统学研究的发展不断修订, 部分传统基于形态特征划归鲃属的物种被发现与典型鲃属物种具有不同的系统演化关系, 提示传统分类可能低估了东亚鲃类群的系统复杂性。然而, 目前针对吐鲁番鲃系统位置的研究较为有限, 其系统归属仍缺乏基于多层次分子证据的综合研究。本研究结合线粒体基因组学和系统发育基因组学方法, 对吐鲁番鲃的系统发育关系及分类地位进行研究。首先, 对吐鲁番鲃完整线粒体基因组进行结构特征分析, 并基于线粒体 13 个蛋白编码基因和 *Cytb* 单基因构建系统发育关系。其次, 基于吐鲁番鲃及 13 个雅罗鱼科近缘物种的染色体水平基因组数据, 利用单拷贝直系同源基因构建核基因组系统发育树, 并结合分子钟方法估算物种分化时间。结果表明, 吐鲁番鲃线粒体基因组具有典型硬骨鱼类线粒体基因组结构特征, 包括 13 个蛋白编码基因、22 个 tRNA 基因、2 个 rRNA 基因以及控制区。基于线粒体 13 个蛋白编码基因和 *Cytb* 基因构建的系统发育关系显示, 吐鲁番鲃未与典型鲃属类群形成最近缘关系, 而与大吻鲃属及相关类群形成稳定分支并表现出更近的亲缘关系。进一步基于核基因组单拷贝直系同源基因构建的系统发育树同样支持吐鲁番鲃与大吻鲃属相关类群具有较近的进化关系, 而与典型鲃属类群存在一定遗传距离。分化时间分析显示, 吐鲁番鲃所在谱系与近缘类群经历了较早的分化事件, 反映了东亚雅罗鱼科鱼类复杂的历史演化过程。综合线粒体基因组、核基因组系统发育及分化时间结果, 本研究认为吐鲁番鲃在雅罗鱼科中具有独立且特殊的系统演化位置, 其遗传关系更倾向于接近大吻鲃属谱系, 而非传统鲃属核心类群。本研究为吐鲁番鲃分类地位的重新评估提供了多组学证据, 同时为东亚雅罗鱼科鱼类系统演化和分类修订提供了新的参考。

**关键词:** 吐鲁番鲃; 比较基因组学; 系统发育; 分化时间; 分类地位

**资助项目:** 新疆维吾尔自治区重点研发计划项目 (2025B02020); 新疆农业大学 2026 年研究生科研创新项目 (XJAUGR12026039)

\*通讯作者, 王佳, 高级工程师, 博士, 硕士研究生导师, 主要从事动物基因组学及抗逆适应机制研究

E-mail:wangjia365@xjau.edu.cn

## 盐度胁迫下河鲈幼鱼多组织生理响应及多组学联合分析

韩瑞, 李鑫洋, 刘晋屹, 许洁, 胡发辉, 王佳\*

新疆极端环境生物生态适应与进化重点实验室, 新疆农业大学特色水产研究中心, 新疆农业大学现代渔业产业学院, 新疆农业大学生命科学学院, 乌鲁木齐 830052

**摘要:** 为揭示河鲈 (*Perca fluviatilis*) 幼鱼盐度胁迫适应的多组织协同调控机制, 本研究分别开展急性胁迫和慢性胁迫试验, 并通过开展病理切片观察、 $\text{Na}^+\text{-K}^+\text{-ATP}$  酶 (NKA) 及CAT、SOD、GSH-Px、GST四种抗氧化酶活性测定、转录组学及代谢组学分析等探讨其适应机制。急性胁迫结果显示, 幼鱼存活率随盐度升高持续降低, 20‰组存活率降至0, 确定12‰为半致死盐度。组织病理学观测可见, 盐度升高造成鳃丝数量减少、片层增厚、细胞间隙扩大, 肝细胞肿胀空泡化且肝脏出现大面积坏死。酶活检测结果表明, 各组织NKA与4种抗氧化酶活性随盐度升高呈先升后降的变化。5‰低盐组全部酶活力显著达到峰值, 10‰组活力小幅回落, 15‰高盐组酶活力显著受抑制。组织响应存在明显功能分化, 肝脏基础抗氧化酶活性最高、对盐度胁迫响应幅度最大, 鳃组织NKA活性对盐度波动高度敏感, 肌肉整体酶活基线最低, 但变化趋势与鳃、肝脏同步。慢性胁迫转录组与代谢组联合分析显示, 10d时鳃组织迅速上调离子转运基因并激活谷胱甘肽代谢通路, 肝脏抑制生长相关基因, 优先动员糖原供给渗透调节能量。20d时, 肝脏成为代谢重编程核心, 脂肪酸代谢、类固醇生物合成通路显著富集, 差异代谢物累积达到峰值, 鳃转向细胞骨架重塑, 肌肉启动轻度损伤修复。30d时, 鳃离子转运通路维持低水平稳态, 肝脏糖脂代谢趋于动态平衡, 肌肉肌细胞分化、肌纤维组装通路显著激活, 生长功能逐步恢复。多组学联合分析表明, 谷胱甘肽代谢、丙氨酸/天冬氨酸/谷氨酸代谢及cGMP-PKG信号通路为鳃、肝、肌肉三组织共有的核心通路, 鳃特有矿物质吸收通路、肝脏特有外源物代谢通路、肌肉特有肌动蛋白调控通路构成组织特异性。本研究系统描绘了河鲈长期盐胁迫下多器官分阶段协同适应网络, 为盐碱水域河鲈耐盐品系分子辅助选育提供理论依据。

**关键词:** 河鲈; 盐度胁迫; 多组织协同; 多组学; 耐盐机制

**资助项目:** 新疆维吾尔自治区重点研发计划项目 (2025B02020); 新疆维吾尔自治区科技特派员农村科技创业行动计划重点项目 (2025KZ028); 山东省泰山学者攀登计划

\*通讯作者, 王佳, 高级工程师, 主要从事动物适应机制及功能基因组学

E-mail: wangjia365@xjau.edu.cn

## 基于近 T2T 基因组的全基因组重测序解析西太公鱼群体遗传结构及博斯腾湖引种优化策略

李思彤<sup>1,2,3</sup>, 张俊杰<sup>1,2,3\*</sup>

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

2 新疆农业大学特色水产研究中心, 乌鲁木齐 830052

3 新疆农业大学现代渔业产业学院, 乌鲁木齐 830052

**摘要:** 新疆博斯腾湖的移植公鱼长期存在物种分类争议。近年来该群体出现种质退化、优质成鱼占比显著下降的问题, 制约了干旱区水产种质资源的精准管理与种业可持续发展。本研究整合形态鉴别特征与线粒体 COI 条形码, 完成博斯腾湖 7 个渔场群体物种鉴定, 厘清了长期分类混淆问题, 明确博斯腾湖移植群体为西太公鱼 (*Hypomesus nipponensis*)。在此基础上, 构建了两套单倍型解析的近乎端粒到端粒 (T2T) 参考基因组, BUSCO 完整度均超过 98.9%, 为精准群体遗传分析提供了高质量的参考基因组资源, 有效规避了传统嵌合基因组在等位基因错配及杂合度估计中的参考偏差。基于该参考基因组, 对我国北方 7 个移植水域 346 尾个体开展全基因组重测序, 群体遗传分析表明博斯腾湖群体引种后经历了建群瓶颈。潘家口水库群体遗传分化显著 ( $F_{st}=0.212\sim0.264$ ), 应视为独立遗传管理单元, 而乌伦古湖、查干湖等水域群体遗传背景相近、遗传相容性高, 适合作为跨水域引种的优先候选群体。结合群体基因组学分析结果, 本研究提出博斯腾湖西太公鱼的科学引种方案, 优先选用乌伦古湖等高相容性群体开展多批次、小规模引种, 以有效提升博斯腾湖群体的遗传多样性、缓解瓶颈效应, 同时避免将高度分化的潘家口水库群体引入以防遗传冲突。

本研究构建了西太公鱼的首个单倍型分辨 T2T 基因组资源, 并基于全基因组重测序完成了跨水域种质资源评估, 为西北内陆湖泊水产种质保护、良种扩繁与种业高质量发展提供了基因组学支撑与实操范式, 助力丝路水产种业创新。

**关键词:** 西太公鱼; 物种鉴定; T2T 基因组; 遗传多样性; 引种管理

---

**资助项目:** 国家自然科学基金 (32260915); 新疆维吾尔自治区重点研发计划项目 (2023B02037-2-2)

\*通讯作者: 张俊杰, 副教授, 研究方向为水产种质资源与遗传育种, E-mail: zhangjj\_xja@163.com

## 鱼类水霉病病原菌的分离鉴定

万晓璇<sup>1,2,3,4</sup>, 李龙涛<sup>1,2,3,4</sup>, 岳城<sup>1,2,3,4</sup>, 郝翠兰<sup>1,2,3,4</sup>, 张伟<sup>1,2,3,4</sup>, 刘丹丹<sup>1,2,3,4</sup>

1. 新疆农业大学 动物医学学院, 新疆 乌鲁木齐 830052;
2. 新疆动物临床医学研究重点实验室, 新疆乌鲁木齐, 830052;
3. 新疆草食动物新药研究与创制重点实验室, 新疆乌鲁木齐, 830052;
4. 农业农村部动物疫病乌鲁木齐野外科学观测研究站, 新疆乌鲁木齐, 830052

**摘要:** 水霉病是严重危害全球淡水水产养殖业的卵菌性疾病。水霉属(*Saprolegnia*)病原种类繁多, 且不同种属及菌株间的致病力与宿主偏好性存在显著异质性。明确养殖环境中的优势致病种及种群结构, 是进行试验的重要条件。从患病鱼体表采集样本, 用添加了双抗的马铃薯葡萄糖琼脂(PDA)培养基进行分离纯化。结合形态学观察和分子生物学进行鉴定。提取菌株DNA, 利用通用引物ITS1/ITS4对rDNA ITS区进行PCR扩增与测序, 结合NCBI BLAST比对及MEGA软件构建系统发育树。分离鉴定获得15株水霉, 其中寄生水霉(*Saprolegnia parasitica*) 11株, 多子水霉(*Saprolegnia ferax*) 2株, 澳大利亚水霉(*Saprolegnia australis*) 2株。结果表明, 寄生水霉在分离株中占据绝对优势(占比73.3%), 为当地的核心致病种。同时获得了多子水霉与澳大利亚水霉, 为后续实验提供了菌株基础。

**关键词:** 水霉病; 病原鉴定; 寄生水霉; 多子水霉; 澳大利亚水霉

---

**资助项目:** 新疆维吾尔自治区重点研发任务专项(2023B02012)

\*通讯作者, 张伟, 副教授, 研究方向为鱼类原虫病与水霉病

E-mail: zw2017xjau@163.com

## 季节性食性变化对白斑狗鱼肠道微生物与代谢功能的影响

杨艺<sup>1,2,3\*</sup> 吴勋恒<sup>1,2,3</sup> 冯华伟<sup>1,2</sup> 郑雨菡<sup>1,2</sup> 王梓怡<sup>1,2</sup> 吴瑞辰<sup>1,2</sup> 张俊杰<sup>1,3</sup>

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

2.新疆农业大学野生动物肠道微生态与代谢研究中心, 新疆农业大学 生命科学学院, 乌鲁木齐 830052;

3.现代渔业产业学院, 新疆农业大学 生命科学学院, 乌鲁木齐 830052

**摘要:** 季节性食性变化与宿主肠道微生物的重塑息息相关, 直接影响宿主的营养状况与环境适应能力。本研究基于白斑狗鱼 (*Esox lucius*) 的食物资源呈现季节性变化, 以春季和秋季的白斑狗鱼为研究对象, 围绕白斑狗鱼肠道微生物与食性变化的关系及其适应机制问题, 采用宏基因组、代谢组、环境 DNA 宏条形码分析方法, 结合消化酶活性测定, 分析春季和秋季的白斑狗鱼食物组成、肠道微生物组成与功能、关键代谢物及消化生理的差异, 探讨季节性食性变化对白斑狗鱼肠道微生物与代谢的影响。结果表明, 秋季组白斑狗鱼的胰蛋白酶与脂肪酶活性显著高于春季组, 两组之间的食性与肠道微生物多样性均无显著差异, 但二组均呈现明显季节更替模式。春季组以支原体属 (*Mycoplasma*) 和耶尔森菌属 (*Yersinia*) 为主, 秋季组以气单胞菌属 (*Aeromonas*) 和假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 为主。此外, 秋季组抗生素耐药基因的丰度与多样性高于春季组。代谢组学分析表明, 秋季组显著富集于鞘脂代谢, 鞘氨醇-1-磷酸、D-葡萄糖基鞘氨醇等代谢产物在秋季显著高于春季。相关性分析表明, 关键代谢物与肠道微生物、消化酶活性及食物组成之间存在显著关联, 表明白斑狗鱼可以通过重塑肠道微生物与代谢功能来适应季节性食性变化。本研究为冷水性鱼类生态适应机制提供理论依据, 并为白斑狗鱼养殖的微生态调控提供新策略。

**关键词:** 白斑狗鱼; 季节; 食性变化; 肠道微生物; 消化生理

**资助项目:** 新疆维吾尔自治区天山创新团队基金项目 (2026D14009); 新疆维吾尔自治区重点研发计划 (2025B02020-2-9); 国家自然科学基金 (32560265)

\*通讯作者, 杨艺, 女, 博士, 副教授, 主要从事动物生理生态学、鱼类健康养殖

E-mail: yangyi@xjau.edu.cn

## 新疆地区鱼源摩根摩氏菌的全基因组特征及中药体外抑菌活性分析

徐李依娜<sup>1,2,3,4</sup>, 靳文婷<sup>1,2,3,4</sup>, 岳城<sup>1,2,3,4</sup>, 郝翠兰<sup>1,2,3,4</sup>, 赛福丁·阿不拉<sup>1,2,3,4</sup>, 张伟<sup>1,2,3,4</sup>, 刘丹丹<sup>1,2,3,4\*</sup>

1. 新疆农业大学 动物医学学院, 新疆 乌鲁木齐 830052;
2. 新疆动物临床医学研究重点实验室, 新疆乌鲁木齐, 830052;
3. 新疆草食动物新药研究与创制重点实验室, 新疆乌鲁木齐, 830052;
4. 农业农村部动物疫病乌鲁木齐野外科学观测研究站, 新疆乌鲁木齐, 830052

**摘要:**【目的】明确新疆地区鱼源摩根摩氏菌 (*Morganella morganii*) A41 株的基因组特征及药物敏感性, 为鱼类摩根摩氏菌病原学研究和药物筛选提供依据。【方法】从新疆乌鲁木齐市某鲈鱼苗培育基地疑似肠炎病鱼肝脏和肠道组织中分离病原菌, 采用形态学观察、16S rRNA 基因序列分析、全基因组测序、NR 物种注释和 ANIb 分析进行鉴定, 并利用 VFDB、CARD、COG 和 KEGG 数据库进行功能注释。通过药敏纸片法、牛津杯法和微量肉汤稀释法测定 A41 株对常用抗菌药物及单味中药的敏感性。【结果】分离获得 1 株革兰氏阴性短杆菌 A41, 经鉴定为摩根摩氏菌。A41 株基因组总长 4 036 578 bp, GC 含量 50.48%, 预测编码基因 3 956 个; 与 8 株 *Morganella morganii* 参考菌株的 ANIb 值为 97.25%~98.78%。功能注释显示, A41 株携带分泌系统、黏附定植、运动性、铁/血红素摄取及耐药调控等相关基因。A41 株对恩诺沙星、诺氟沙星、强力霉素、土霉素、头孢噻肟、卡那霉素、大观霉素、阿米卡星和氟苯尼考敏感, 对克拉霉素、青霉素和复方新诺明耐药。单味中药中, 乌梅、骆驼蓬子和五倍子抑菌作用较强, 抑菌圈直径分别为  $30.90 \pm 0.22$ 、 $27.27 \pm 0.73$  和  $23.63 \pm 0.47$  mm; 五倍子的 MIC 和 MBC 最低, 分别为 3.9 和 7.8 mg/mL。【结论】A41 株为鱼源摩根摩氏菌, 具有毒力和耐药相关遗传基础; 五倍子、乌梅等单味中药对其具有较好体外抑菌作用, 可作为候选中药进一步研究。

**关键词:** 摩根摩氏菌; 鱼源病原菌; 全基因组测序; 药物敏感性; 中药抑菌

**基金项目:** 2024 年自治区重点研发项目 (2524ZZQZDYF); 2025 年自治区研究生科研创新项目 (XJ2025G134)。

\*通讯作者: 刘丹丹, 副教授, 研究方向为中兽药药理学与免疫学。E-mail: liudandanxjau@163.com

## Gut microbiota composition and metabolomic profiles of wild and captive Northern Pike (*Esox lucius*)

Yi Yang<sup>1,2,3\*</sup>, Qiqi Yang<sup>1,2</sup>, Xunheng Wu<sup>1,2,3</sup>, Huawei Feng<sup>1,2</sup>, Ruichen Wu<sup>1,2</sup>,  
Shaoguang Huang<sup>1,2</sup>, Nan Ding<sup>1,2,3</sup>, Junjie Zhang<sup>1,3</sup>

1. Xinjiang Key Laboratory for Ecological Adaptation and Evolution of Extreme Environment Organisms, College of Life Sciences, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China.

2. Xinjiang Agricultural University Wildlife Gut Microecology and Metabolism Research Center, College of Life Sciences, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China.

3. Modern Fisheries Industry College, College of Life Sciences, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China

**Abstract:** The gut microbiota, a complex microbial community colonizing the host digestive tract, has a composition influenced by external environmental factors. In this study, metagenomics, metabolomics, and transcriptomics were employed to characterize environmental differences in gut microbiome composition, metabolite profiles, differentially expressed genes, and associated metabolic pathways, with antioxidant enzyme activity assays between wild and cultured groups of *E. lucius*. Microbiome composition exhibited marked differences, with wild dominated by *Mycoplasma* and *Yersinia*, whereas cultured were characterized by *Acinetobacter* and *Rhizophagus*. Metabolomic analysis revealed enrichment of arachidonic acid metabolism in wild and cultured groups. Transcriptomic analysis revealed that the differentially expressed genes were significantly enriched in the pathways of endoplasmic reticulum, peroxisome, glycolysis, and gluconeogenesis. Total antioxidant capacity, malondialdehyde content, and peroxidase activity were decreased in the cultured group. Our study demonstrates that *E. lucius* improves its adaptation to different environments by regulating oxidative stress, immune function, and energy metabolism. This study provides a theoretical foundation for microecological regulation in aquaculture conditions.

**Keywords:** *Esox lucius*; Wild; Cultured; Gut microbiome; Multi-omics

---

资助项资助项目：自治区天山创新团队基金项目（2026D14009）；自治区重点研发计划（2025B02020-2-9）；国家自然科学基金（32560265）

\*通讯作者，杨艺，女，博士，副教授，主要从事动物生理生态学研究

mail: yangyi@xjau.edu.cn

## **A high-confidence structural variant discovery and validation workflow for aquaculture genomics and breeding**

Zexin Jiao, Rongrong Zhao, James G. D. Prendergast, Nick Wade, Daniel J. Macqueen\*

*The Roslin Institute and Royal (Dick) School of Veterinary Studies, University of Edinburgh,  
Easter Bush Campus, Midlothian EH25 9RG, United Kingdom*

**Abstract:** Structural variants (SVs) can have major effects on gene function, genome regulation and complex traits, but they remain underused in aquaculture genomics because accurate detection from short-read whole-genome sequencing (WGS) is technically challenging. Repetitive regions, breakpoint uncertainty and read-mapping artefacts can lead to false-positive calls, limiting the use of SVs in breeding-relevant studies. To address this, we developed a modular and reproducible short-read WGS-based pipeline for SV and SNP analysis. Implemented in Nextflow, the workflow integrates read quality control, genome alignment, SV discovery, cohort-level genotyping, multi-step filtering, functional annotation, visual assessment, genomic feature overlap analysis, imputation and genome-wide association analysis. The pipeline has been applied to several economically important aquaculture species, to generate high-confidence SV resources and explore their contribution to traits such as disease resistance and growth. We are extending this workflow with machine-learning-assisted SV curation and an optional long-read validation branch. Curated datasets will be used to rank candidate SVs based on features such as type, size, read support, depth evidence, missingness and genomic context. When available, long-read data are incorporated to assess breakpoint and genotype support. Overall, this workflow provides a practical platform for SV discovery, validation and interpretation in aquaculture research and breeding.

**Keywords:** aquaculture genomics and breeding; structural variation; whole-genome sequencing; machine learning

---

**Funding:** Biotechnology and Biological Sciences Research Council Institute Strategic Programme grants to the Roslin Institute (BBS/E/RL/230001A and BBS/E/RL/230001B); Roslin Institute Early Career Researcher Pump Priming Award.

First author: Zexin Jiao, Post-doctoral researcher in aquaculture genomics; e-mail: zjiao@ed.ac.uk

\*Corresponding author: Daniel J. Macqueen, Professor; research interests include genomics, evolutionary biology, animal health, immunology, and pathogens across aquaculture species; e-mail: daniel.macqueen@roslin.ed.ac.uk

## Genome-wide characterisation of the myosin light chain gene family in Chinese perch (*Siniperca chuatsi*) and its expression patterns in muscle fibre types and injury response

FANG Yuhao<sup>1</sup>, ZHANG Linxuan<sup>1</sup>, PAN Yaxiong<sup>1,2</sup>, ZHU Xin<sup>1,2</sup>, LI Honghui<sup>1,2</sup>, BAO Lingsheng<sup>1</sup>, CHU Wuying<sup>1,2\*</sup>

1. College of Biological and Chemical Engineering, Changsha University, Changsha 410022

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

**Abstract:** Myosin light chains (MYLs) are essential components of the actomyosin complex and contribute to muscle contraction and fibre specialization, but the Class II *myl* gene family remains poorly characterised in Chinese perch. In this study, genome-wide identification, phylogenetic and syntenic analyses, myofibrillar ATPase histochemistry, and transcriptome profiling were combined to characterize Class II *myl* genes and examine their expression during development, across adult tissues and muscle fibre types, and after cardiotoxin-induced muscle injury. Sixteen Class II *myl* genes, comprising eight essential and eight regulatory light-chain genes, were identified. The duplicated pairs *mylpfa*-*mylpfb* and *myl6*-*myl6l* showed Ka/Ks ratios below 1, indicating purifying selection. Developmental profiles suggested an expression transition from *mylpfb* to *mylpfa*. In adult skeletal muscle, *mylpfa*, *myl1* and *mylz3* accounted for more than 98.5% of total *myl* transcripts in fast muscle, whereas *myl10*, *myl2b* and *myl13* were preferentially expressed in slow muscle. Following injury, fast-muscle-associated genes were sharply downregulated at day 1 and recovered by day 3, while several slow-muscle-associated genes showed biphasic induction; *mylpfb* peaked at day 7. These findings define the Class II *myl* repertoire of Chinese perch and identify candidate markers for muscle fibre composition and injury repair, providing a molecular basis for muscle trait improvement in aquaculture breeding.

**Keywords:** Chinese perch; myosin light chain; muscle fibre type; muscle injury; transcriptomics

---

**资助项目:** 国家自然科学基金 (U21A20263); 湖南省自然科学基金 (2026JJ50018); 湖南省教育厅科学研究项目 (24B0801)

\*通讯作者, 褚武英, 教授, 主要从事鱼类肌肉发育与品质调控研究

E-mail: chuwuying18@163.com

## 经济鱼类骨骼肌生长与代谢的分子调控机制探索

朱鑫<sup>1,2,\*</sup>, 李虹辉<sup>1,2</sup>, 潘亚雄<sup>1,2</sup>, 成嘉<sup>1,2</sup>, 包凌晟<sup>1,2</sup>, 褚武英<sup>1,2,\*</sup>

1. 长沙学院生物与化学工程学院, 湖南长沙 410022

2. 水生动物营养与品质调控湖南省重点实验室, 湖南长沙 410022

**摘要:** 解析鱼类骨骼肌生长发育与代谢的分子机制有助于新品种选育及养殖策略优化。近年来, 我们以鳊鱼和大口黑鲈等经济鱼类为研究对象, 从转录调控、表观遗传修饰及能量代谢重编程等多个维度, 深入探索了调控肌纤维发育与代谢稳态的核心基因和通路。肌源性调节因子在成肌细胞增殖与分化中发挥关键作用, 而转录因子 Twist2 可通过直接靶向结合 *MyoD*、*MyoG* 及 *Myomaker* 的启动子, 显著促进成肌细胞的增殖与融合, 进而促进肌纤维的增粗。在转录后水平, miR-125b 在胚后生长特定阶段充当“分子刹车”, 通过直接靶向抑制 *MyoD* 和 *Myomaker*, 阻止成肌细胞融合并限制肌纤维过度肥大。在快肌发育的时序调控上, 转录组学揭示了 30 至 60 日龄阶段伴随 MYH4、ENO3 等基因的下调, 以及糖鞘脂合成与氨酰-tRNA 合成通路的显著富集, 表明胞内蛋白质翻译与代谢的活跃是驱动肌纤维增粗的重要因素。在代谢调控方面, Pdk2 作为调控糖脂代谢的核心节点, 抑制 Pdk2 可阻断丙酮酸进入 TCA 循环, 促使能量供应由糖类向脂肪酸 $\beta$ -氧化转变, 这种糖脂代谢重编程重塑了细胞能量微环境, 进而激活成肌细胞的增殖。此外, Hedgehog 信号通路在慢肌代谢稳态维持中至关重要, 其通过调节 mTOR 和 FoxO 通路精准控制自噬流, 保障肌肉正常的生理形态与代谢。上述发现揭示了表观遗传因子、代谢酶与信号通路在鱼类肌肉生长中的复杂互作机制, 为水产养殖中提升鱼类肌肉生长效率与品质提供了潜在的分子靶点。

**关键词:** 经济鱼类; 骨骼肌生长; 分子调控机制; 代谢稳态

---

**资助项目:** 国家自然科学基金(U21A20263); 湖南省自然科学基金(2026JJ50018); 湖南省教育厅科学研究项目(24B0801)

\*通讯作者, 朱鑫, 副教授, 主要从事鱼类肌肉发育与品质调控研究; 褚武英, 教授, 主要从事鱼类肌肉发育与品质调控研究

E-mail: xinzhu1219@163.com; chuwuying18@163.com

## 基于基因组 Survey 数据的短尾蛇鳗遗传特征初探

邢紫玥, 杨天燕\*, 王淑雅, 沈凤臻

浙江海洋大学 水产学院, 浙江舟山, 316022

**摘要:** 短尾蛇鳗 (*Ophichthus brevicaudatus*) 是中国蛇鳗科特有物种, 目前其基因组学研究尚属空白。本研究基于 Illumina Novaseq 6000 测序平台, 对短尾蛇鳗基因组进行 Survey 测序, 共获得 134.5 Gb 原始数据, 质控后得到 129.7 Gb 有效数据。K-mer 分析估算其基因组大小约为 1.19 Gb, 杂合率和重复序列比分别为 2.95% 和 31.3%, 整体呈现高杂合度、高重复率的特征。对基因组中 SSR、SNP 及 InDel 分子标记的组成情况进行了分析, 共筛选获得 521318 个微卫星位点, 相对丰度为 361 个/Mb。在 6 种完整型微卫星中, 单核苷酸重复为优势类型 (41.4%), 其次为二碱基重复 (39.4%)。基因组范围内共检测到 5025383 个 SNP 和 703086 个 InDel 位点, SNP 以 C:G>A:T 为主要突变类型, 且转换多于颠换, 而 InDel 以删除突变为主, 二者在基因间区的数量均最多。基于初步组装结果, 对 103532 个蛋白质编码基因进行功能注释。其中, KOG 数据库注释到信号传导机制 (T) 的基因数量最多, KEGG 分析显示代谢途径 (Metabolic pathway) 通路中富集的基因数量最多。本研究初步查明了短尾蛇鳗基因组特征和分子标记分布规律, 补充了该鱼类基础遗传学数据, 为后续染色体水平基因组组装及种质资源保护提供参考。

**关键词:** 短尾蛇鳗; 基因组 Survey; 分子标记; 基因注释

---

**资助项目:** 国家重点研发计划项目 (2023YFD2401901); 浙江省自然科学基金项目 (LMS25D060002)

\*通讯作者, 杨天燕, 副教授, 主要从事鱼类种质资源学研究 E-mail: hellojelly1130@163.com

## 两种养殖模式对褐菖鲉生理机能及肠道菌群的影响比较研究

张爽<sup>1</sup>, 钱卫国<sup>1</sup>, 王枫林<sup>1</sup>, 徐安乐<sup>1</sup>, 何耀东<sup>1</sup>, 张秀梅<sup>1\*</sup>

1. 浙江海洋大学水产学院, 舟山 316022

**摘要:** 为比较褐菖鲉 (*Sebastiscus marmoratus*) 在室内养殖池与近海网箱两种养殖模式下的肠道健康差异, 揭示养殖环境对肠道微生物群落结构、多样性及功能的影响机制。以体长 10-12 cm 的褐菖鲉幼鱼为对象, 分别进行室内养殖池和近海网箱养殖实验, 每组 3 个平行, 养殖周期 30 d。采用全基因组鸟枪法宏基因组测序技术, 分析两种模式下褐菖鲉肠道微生物的物种组成、Alpha 多样性、Beta 多样性及功能通路富集情况。结果表明: 门水平上, 两种模式下肠道细菌均以变形菌门 (Proteobacteria)、衣原体门 (Chlamydiae)、厚壁菌门 (Firmicutes)、放线菌门 (Actinobacteria) 为主; 属水平上, 网箱养殖组衣原体属 (Chlamydia) 和分枝杆菌属 (Mycobacterium) 比例显著较高 ( $P<0.05$ ), 而不动杆菌属 (Acinetobacter)、埃里希体属 (Ehrlichia)、海球菌属 (Thalassococcus)、无形体属 (Anaplasma) 和肠球菌属 (Enterococcus) 比例显著较低 ( $P<0.05$ )。Alpha 多样性分析显示, 网箱养殖组 Observed species 指数显著高于室内组 ( $P<0.05$ )。Beta 多样性分析表明。两种养殖模式下肠道微生物功能存在显著差异。生理指标显示两种养殖模式下, 皮质醇、CAT、MDA、补体 C3、胰蛋白酶存在显著差异 ( $P<0.05$ ), SOD、脂肪酶和淀粉酶不存在显著差异。两种养殖模式的, 关联分析显示大多数肠道生理指标与肠道微生物存在显著相关性。两种养殖模式塑造了显著不同的褐菖鲉肠道菌群结构和功能特征, 室内养殖池需关注潜在肠道炎症风险。研究结果为优化褐菖鲉养殖模式、制定合理的健康管理策略提供了科学依据。

**关键词:** 肠道微生物; 宏基因组学; 褐菖鲉; 养殖模式; 菌群多样性

---

**资助项基金项目:** 国家重点研发计划项目 (3YFD24019031)

通讯作者: 张秀梅, 从事鱼类行为生态学、资源增殖生态学研究, E-mail: xiumei1227@163.com

## 横带髯鲷幼鱼对急性盐度胁迫的行为和生理响应

邹京华<sup>1</sup>, 平洪领<sup>2</sup>, 张涛<sup>2</sup>, 史会来<sup>2\*</sup>, 赵宇轩<sup>1</sup>, 周群<sup>1</sup>

1.浙江海洋大学水产学院, 浙江 舟山 316021;

2.浙江省海洋水产研究所, 农业农村部舟山野外综合科学观测研究站, 浙江 舟山 316021

**摘要:** 为明确急性盐度胁迫对横带髯鲷 (*Hapalogenys analis*) 的影响, 本研究以横带髯鲷为实验对象, 基于适宜养殖盐度 24~26, 设置盐度分别为 5、15、35 的 3 个实验组与 25 的对照组, 观察 0-108 h 横带髯鲷的行为变化, 测定其血清皮质醇、鳃  $\text{Na}^+/\text{K}^+$ -ATP 酶、肝脏超氧化物歧化酶 (Superoxide Dismutase, SOD)、肝脏过氧化氢酶 (Catalase, CAT) 活性等指标, 分析鳃、肝脏、肾脏等组织结构的变化。横带髯鲷对盐度变化表现出明显的生理与病理响应差异: 在行为上, 对照组 (25) 正常, 15 盐度组可快速适应, 而 5 和 35 盐组分别诱发活力抑制与强烈应激; 在生理机能上, 随胁迫时间延长, 各组皮质醇浓度均呈上升趋势, 且高盐组显著上调, 同时盐度与胁迫时间的共同作用显著干扰了鳃  $\text{Na}^+/\text{K}^+$ -ATP 酶活力, 并诱导肝脏抗氧化酶 (SOD、CAT) 呈现先抑制后代偿性升高的波动特征; 在组织水平上, 偏离适宜盐度均导致稳态失衡, 低盐主要引起鳃黏液细胞增多、肝核肿胀及肾小管扩张, 高盐则导致鳃上皮损伤、肝细胞空泡化及肾管萎缩。结果表明, 横带髯鲷具有一定盐度适应性, 超出适宜范围会干扰生理机能与组织稳态, 本结果可为其规模化养殖盐度调控提供科学支撑, 丰富鱼类环境适应性理论。

**关键词:** 横带髯鲷; 盐度胁迫; 应激行为; 生理响应

**资助项资助项目:** 宁波市科技计划项目 (2024S022); 浙江省自然科学基金 (LTGN24C190010); 浙江省科技厅院所专项 (HYS-CZ-202504); 浙江省“三农九方”科技协作计划项目 (2022SNJF073); 舟山渔业育种育苗科创中心专项 (2024Y001-4)。

通讯作者: 史会来, 正高级工程师, 研究方向为海水鱼类繁育与发育生物学. E-mail: shihuilai1980@163.com

## Development Process from Larva to Subadult of Anji Salamander (*Hynobius amjiensis*) and Its Facing latent disease hazards

Xianting Wang<sup>2</sup>, Zedong Lang<sup>2</sup>, Maoli Jian<sup>3</sup>, Yali Ge<sup>3</sup>, Junzhe qian<sup>3</sup>, Xu Zhou<sup>1</sup>,  
Yiyang Dai<sup>1</sup> and Haiyan Dong<sup>1,2,3\*</sup>

<sup>1</sup>Department of Basic Medical Science, Huzhou Normal University, 759 Erhuan East Road,  
Huzhou, Zhejiang 313000, P.R. China

<sup>2</sup>Anji Salamander National Nature Reserve Management Center, No. 77-83, Building 1,  
Yongfu Commercial Street, Baofu Town, Anji County, Huzhou, Zhejiang 313000, P.R. China

<sup>3</sup>National-local Joint Engineering Laboratory of Aquatic Animal Genetic Breeding and Nutrition,  
Huzhou Normal University, 759 Erhuan East Road, Huzhou, Zhejiang 313000, P. R. China

**Abstract:** Anji salamander, *Hynobius amjiensis*, is a rare species endemic to China, living in peat moss swamp at an altitude of 1,300 meters on Longwang Mountain in Zhejiang Province. Anji salamander larvae live in natural puddles in the swamp, and the adults spend most of their time in the humus under the peat moss, only briefly visiting the puddles during the breeding period to spawn and then disappear back into the swamp. Therefore, the life history and diseases of Anji salamander is poorly understood. In this study, we analyzed the developmental characteristics, behaviors and life habits of Anji salamander embryos from fertilized eggs to subadults. Meanwhile, our research reveals that fungal infections may be the primary cause of early embryonic death and developmental malformation. The successively deteriorative habitat and gas bubble disease may also pose threats to the health and survival rate of Anji salamander. These research data hold certain reference value for formulating targeted and necessary conservation measures in the future, which is of great significance for the conservation efforts of the critically endangered Anji Salamander. Moreover, they can also provide reference data for research on other aquatic animals and amphibians.

**Keywords:** Anji Salamander, life history, metamorphic development, fungal infection, gas bubble disease

---

**Funds:** This work was supported by the Public Welfare Horizontal Project T for the Protection of *Hynobius amjiensis* (No. TCCS2023-010), the Bidding Foundation of Huangpu Jiangyuan Tourism Development Co., Ltd to Dr. Haiyan Dong.

\*Corresponding authors: Dr. Haiyan Dong

Department of Basic Medical Science, Huzhou Normal University, 759 Erhuan East Road,  
Huzhou, Zhejiang 313000, P. R. China; Tel: 86-0572-2321029, Fax: 86-0572-2321029; e-mail  
address: 02196@zjhu.edu.cn

## 甲壳动物中维生素 E 合成及代谢机制研究进展

迟美丽, 程顺, 郑建波, 刘士力, 蒋文枰, 朱超, 罗君志, 李飞\*

浙江省淡水水产研究所 (浙江省淡水渔业环境监测站), 浙江湖州, 313000

**摘要:** 维生素 E (VE) 是脂溶性链式抗氧化剂, 是调控甲壳动物脂代谢、氧化还原稳态、非特异性免疫与抗逆能力的必需营养素。近些年针对凡纳滨对虾、罗氏沼虾、梭子蟹、中华绒螯蟹、红螯螯虾等经济甲壳类开展了大量研究, 本文系统揭示了 VE 在甲壳动物体内的吸收转运、组织分配、分解代谢、跨代传递, 以及与复合抗氧化剂、环境胁迫因子的互作代谢网络。肝脏是 VE 储存与核心代谢器官, 甲壳动物对日粮 VE 呈显著二次剂量效应: VE 缺乏时引发组织脂质过氧化加剧, SOD、GPx、CAT 等抗氧化基因与抗菌肽表达下调, 促炎、促凋亡通路持续激活; VE 超过安全阈值会产生蓄积毒性, 抑制抗氧化转录因子, 扰乱脂转运与 HUFA 沉积, 造成生理机能衰退。不同 VE 亚型代谢特征存在显著分化:  $\alpha$ -生育酚组织长期储存稳定性更强, 三烯生育酚跨膜抗氧化活性更高但降解速度更快, 二者复合添加存在显著代谢协同效应。在性腺发育阶段, 肝脏 VE 大量转运至卵巢, 作为胚胎发育内源抗氧化储备, 亲虾 VE 缺乏会造成子代幼体发育受阻、畸形率升高, 同时高密度、低温、重金属、病毒细菌侵染等环境胁迫均会诱发线粒体 ROS 爆发, 加速 VE 分解、打破氧化还原平衡, 补足外源 VE 可重建抗氧化防御体系, 调控热休克蛋白 HSP、NF- $\kappa$ B 免疫信号通路, 缓解胁迫诱导的代谢紊乱, 虽然目前甲壳动物维生素 E 代谢成果丰富, 但现有研究仍存在甲壳动物 VE 体内分解分子通路、肠道微生物介导 VE 吸收机制、不同发育阶段组织特异性分解代谢差异等空白, 后续仍要完善甲壳类健康养殖营养调控技术体系。

**关键词:** 维生素 E, 甲壳动物, 代谢, 生育酚

**资助项目:** 红螯螯虾高繁殖力新品系选育与大规格商品虾养成技术开发

**作者简介:** 迟美丽, 副研究员, 淡水鱼虾繁育及选育, 邮箱: [chimeili83404109@126.com](mailto:chimeili83404109@126.com)

## **Integrated miRNA-mRNA transcriptomic analysis of hepatopancreas reveals molecular mechanisms in *Macrobrachium rosenbergii* under graded nitrite stress**

Xilian Li <sup>1</sup>, Haihua Cheng <sup>1</sup>, Yunpeng Fan <sup>1</sup>, Binpeng Xu <sup>1</sup>, Yang Xu <sup>1</sup>, Qiang Gao <sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> Key Laboratory of Healthy Freshwater Aquaculture, Ministry of Agriculture and Rural Affairs; Key Laboratory of Freshwater Aquaculture Genetic and Breeding of Zhejiang Province; Zhejiang Institute of Freshwater Fisheries (Zhejiang Freshwater Fishery Environmental Monitoring Station), Huzhou, China

**Abstract:** The giant freshwater prawn (*Macrobrachium rosenbergii*) is a commercially important crustacean species widely cultured in tropical and subtropical regions. However, its poor tolerance to low temperature, with a lower lethal threshold near 16°C, severely restricts its overwintering survival and limits the expansion of its farming range. This paper reviews the recent progress in understanding the physiological and molecular responses of *M. rosenbergii* under low water temperature stress at 16°C. Key findings include: (1) acute cold shock by direct transfer to 16°C at a rate of 2°C/h triggers rapid upregulation of heat shock proteins (HSP70), activation of antioxidant enzymes (SOD, CAT, GPx), and elevation of stress indicators such as glucose and lactate in the hepatopancreas; (2) gradual cooling at 1°C per 3 h or 1°C per day elicits a distinct adaptive response with lower mortality and a more tempered stress gene expression profile; (3) recovery rewarming after 24 h of 16°C exposure induces a secondary stress peak, indicating potential re-warming injury; and (4) the hepatopancreas is the most sensitive tissue for transcriptomic and enzymatic assays, with the most drastic gene expression changes occurring within 3-6 h of cold stress. The mechanisms underlying cold tolerance variation among different families and the potential for genetic improvement through selective breeding are also discussed. Future research directions include integrating single-cell transcriptomics, CRISPR-based gene editing for cold-tolerant lines, and establishing standardized low-temperature stress evaluation protocols.

**Keywords:** *Macrobrachium rosenbergii*; low temperature stress; cold shock; heat shock protein; oxidative stress; physiological response; hepatopancreas

---

**资助项目:** 浙江省科研院所专项项目 (2026YSZX01); 浙江省农业新品种选育重大科技专项 (2021C02069-4)

\*通讯作者, 高强, 研究员, 主要从事水产生物技术与遗传育种; gaoqiang@zjfish.com.cn

## 虾源凝结芽孢杆菌功能评价及在虾类良种选育中的应用

彭菲, 高强, 程海华, 李波, 徐洋\*

国家罗氏沼虾遗传育种中心 浙江省淡水水产研究所 (浙江省淡水渔业环境监测站),

浙江湖州 313001

**摘要:** 为评价一株虾源凝结芽孢杆菌(*Bacillus coagulans*)mr-1B在水产养殖中的功能性效果。通过其对水产养殖中常见病原菌的抑菌活性进行试验,结果显示mr-1B对罗氏沼虾致病菌阴沟肠杆菌(*Enterobacter cloacae*)、维氏菌 (*Aeromonas veronii*) 和嗜水气单胞菌属 (*Aeromonas hydrophila*) 具有显著抑制作用,但对哈维弧菌 (*Vibrio harveyi*) 的抑菌效果较弱。同时,实验探究了该菌株添加在饵料中对罗氏沼虾免疫功能的影响,发现其显著提高了碱性磷酸酶(AKP)、过氧化酶(POD)、过氧化氢酶(POX)及淀粉酶活性( $p<0.01$ )。研究还评估了凝结芽孢杆菌添加在养殖水体中对氨氮和亚硝酸盐水平的调控效果,结果显示添加0.2%的菌液时,试验组与对照组相比,氨氮和亚硝酸盐含量显著降低 ( $p<0.01$ )。这些研究为水产养殖业提供了一种潜在的生物防治和水质调控方法。

**关键词:** 凝结芽孢杆菌; 抑菌; 免疫功能; 水质调控

---

**资助项目 :** 湖州市乡村振兴专项 (2021ZD2036); 浙江省农业新品种选育重大科技专项 (2021C02069-4); 财政部和农业农村部: 国家现代农业产业技术体系资助 (CARS-48)

\*通讯作者, 徐洋, 副研究员, 主要从事水生动物疾病防控

E-mail:fionxu@foxmail.com

## 基于 DIA-PRM 蛋白质组学解析罗氏沼虾抗 DIV1 分子机制及抗性育种标志物筛选

徐洋<sup>1</sup>, 吴晨晖<sup>1</sup>, 范云鹏<sup>1</sup>, 高强<sup>1\*</sup>

1. 国家罗氏沼虾遗传育种中心 浙江省淡水水产研究所 (浙江省淡水渔业环境监测站), 浙江湖州 313001

**摘要:** 罗氏沼虾 (*Macrobrachium rosenbergii*) 是全球淡水虾养殖业的支柱品种。十足目虹彩病毒1型 (DIV1) 在养殖池塘中可导致60%-90%的累积死亡率, 且目前尚无有效的防控措施, 给产业带来巨大的经济损失。本研究旨在阐明罗氏沼虾抗DIV1的分子机制, 并筛选核心生物标志物。本研究从罗氏沼虾群体中构建了人工选育的抗病 (GK)、易感 (YG) 和对照 (DZ) 三组实验群体。在进行标准化的DIV1攻毒实验后, 于感染后72小时采集血浆样本, 并利用整合的DIA-MS蛋白质组学、PRM靶向验证及生物信息学分析方法进行研究。结果显示, 抗病组 (GK) 的中位生存时间比易感组 (YG) 延长了2.7倍, 累积死亡风险降低了69%。研究确定其核心抗性机制为增强的蛋白质稳态网络加上选择性的代谢重编程。对12个核心差异表达蛋白 (DEPs) 进行的PRM靶向验证显示, 其结果与DIA蛋白质组学分析高度一致 (Pearson  $r=0.92$ ,  $P<0.001$ ), 其中5个关键蛋白构成了一个多维度的抗病毒网络。本研究筛选出的核心生物标志物为罗氏沼虾的精准育种和田间早期预警提供了关键的分子靶点, 为实现DIV1的可持续防控奠定了理论基础。

**关键词:** 罗氏沼虾; 十足目虹彩病毒1型; DIA-PRM联合蛋白质组学; 生物标志物

---

**资助项目:** 宁波市科技计划项目 (2024Z278); 农业农村部、财政部现代农业产业技术体系 (CARS-48)

\*通讯作者, 高强, 研究员, 主要从事罗氏沼虾遗传育种 E-mail: fionxu2020@163.com

# 来曲唑处理时长对雌性黄姑鱼性腺分化的影响

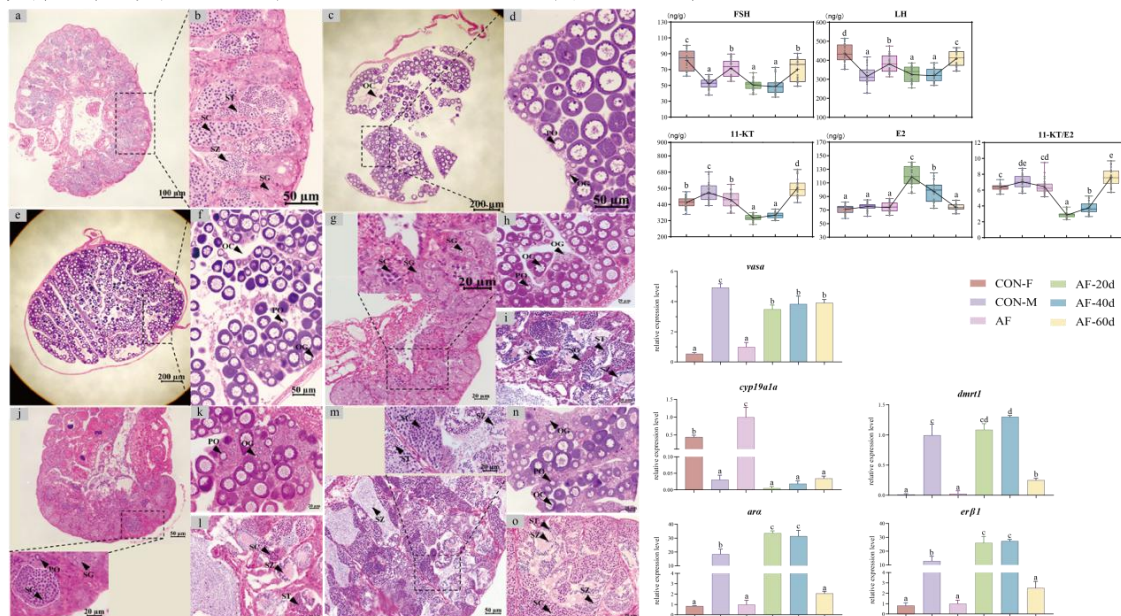
陈睿毅<sup>29,2\*</sup>, 徐冬冬<sup>1,2</sup>, 胡伟华<sup>1,2</sup>

1. 浙江省海洋水产研究所, 浙江舟山 316021

2. 农业农村部舟山野外综合科学观测研究站, 浙江舟山 316021

**摘要:** 为揭示来曲唑处理时长对雌性黄姑鱼性腺分化的调控效应, 明确其在调控内分泌激素浓度与性别分化关键基因表达中的作用机制, 以 30 日龄雌核发育黄姑鱼为实验材料, 设置全雌对照组 (AF 组)、普通对照组及不同投喂时长的来曲唑处理组, 运用石蜡组织切片、酶联免疫吸附测定及荧光定量 PCR 等技术, 系统解析处理过程中性腺发育特征、激素浓度与基因表达差异。结果表明, 10 mg/kg 来曲唑投喂对黄姑鱼生长无显著影响 ( $P < 0.05$ ), 性逆转率随处理时间延长而提升, 连续处理 60 d 诱导率达 95%; 来曲唑显著影响了 FSH、LH、11-KT 及 E2 含量 ( $P < 0.05$ ), 11-KT 与 E2 的动态平衡会影响性腺分化, 失衡会导致性腺发育异常; 相较于 AF 组, 处理组中 *vasa*、*dmrt1*、*ara* 和 *erβ1* 基因表达水平显著上调 ( $P < 0.05$ ), *cyp19a1a* 显著下调 ( $P < 0.05$ ); 且 FSH 与 *dmrt1* 和 *erβ1* 表现出极强的相关性。研究证实, 来曲唑以时间依赖方式诱导雌性黄姑鱼性逆转, 通过干扰内分泌激素合成与性别相关基因表达调控性腺分化, 研究结果为海水鱼类性别控制与全雌黄姑鱼苗种培育提供理论支撑。

**关键词:** 黄姑鱼; 来曲唑; 性腺分化; 内分泌激素; 基因表达



\*第一作者, 陈睿毅, 高级工程师, 主要从事海水鱼类苗种繁育与遗传育种

E-mail: xx\_cry@163.com

## 大黄鱼伪雄鱼诱导、精子发生与冻存保存的研究

胡伟华<sup>1</sup>, 刘旭<sup>2</sup>, 陈睿毅<sup>1</sup>, 姚磊<sup>3</sup>, 徐冬冬<sup>1\*</sup>

1. 浙江省海洋水产研究所 浙江省海水增养殖重点实验室, 浙江舟山 316021;

2. 浙江海洋大学水产学院, 浙江舟山 316022

3. 浙江海洋大学国家海洋设施养殖工程技术研究中心, 浙江舟山 316022;

**摘要:** 本文围绕大黄鱼 (*Larimichthys crocea*) 全雌苗种规模化繁育的产业需求, 从伪雄鱼诱导条件优化、精子发生维持机制, 以及精子活力评估与冷冻保存三个方面开展系统研究。第一部分基于来曲唑 (LTZ) 不同时长和剂量处理, 系统评估了其对大黄鱼生长及性逆转效果的影响。结果表明, 100 mg/kg LTZ 投喂处理 80 天可诱导遗传雌鱼发生完全性逆转, 性逆转率达 100%, 所得伪雄鱼在性腺发育、血清性类固醇激素水平 (E2、T、11-KT) 及性别相关基因表达模式 (*cyp19a1a*、*foxl2*、*sox9a*、*dmrt1*) 上与正常雄鱼高度一致, 且 LTZ 处理对生长无不良影响。第二部分从组织学、透射电镜和免疫荧光三个层面, 比较分析了伪雄鱼与正常雄鱼在不同性腺发育时期的精子发生进程。结果表明, 伪雄鱼精巢内含所有主要生精细胞类型, 生殖细胞 (*Vasa*)、支持细胞 (*Sox9a*) 及减数分裂重组标记物 (*Dmc1*) 的表达模式与正常雄鱼一致, 不同发育阶段 (400、430、460 dph) 的性腺发育进程和精子发生动态无明显差异。第三部分利用计算机辅助精子分析 (CASA) 系统评估了伪雄鱼精子的运动参数, 并比较了 10% 甘油 (GY) 与 10% 二甲基亚砷 (DMSO) 两种冷冻保护剂的冻存效果。结果显示, 伪雄鱼精子浓度显著高于正常雄鱼, 但运动时间和寿命显著缩短, 其余运动参数无显著差异; 冷冻复苏后, 10% GY 在长期保存 (30 天) 中展现出更优的保护效果。本研究为全雌大黄鱼的稳定生产提供了从诱导技术、精子发生机制到种质保存的系统性技术支撑, 同时为石首鱼科性逆转鱼类的精子冷冻研究提供了参考。

**关键词:** 大黄鱼; 来曲唑; 伪雄鱼; 精子发生; 计算机辅助精子分析; 精子冷冻保存

**资助项目:** 浙江省农业 (水产) 新品种选育重大科技专项 (No. 2021C02069-1); 舟山市水产育种专项 (No. 2025Y001-1-2);

\*通讯作者: 徐冬冬, 研究员, 主要从事海水鱼类遗传育种研究, E-mail: xudong0580@163.com

## 黄姑鱼伪雌鱼诱导技术优化及超雄鱼培育的初步研究

竺奇慧<sup>1</sup>, 方冰冰<sup>1,2</sup>, 徐冬冬<sup>1\*</sup>

1. 浙江省海洋水产研究所, 浙江舟山 316021;

2. 浙江海洋大学水产学院, 浙江舟山 316022

**摘要:** 黄姑鱼 (*Nibea albiflora*) 肉味鲜美、营养丰富, 是中国重要的海水养殖经济物种。尽管成熟黄姑鱼的雌鱼比雄鱼大, 但雄鱼因其细长的体型而更受消费者青睐。本研究通过性逆转诱导技术培育伪雌鱼 (具 XY 基因型的雌鱼), 进一步利用伪雄鱼培育出 YY 超雄鱼。黄姑鱼幼鱼从 30 dph 起投喂含 1、5 或 10 mg/kg 17 $\beta$ -雌二醇 (E2) 的饲料 60 天; 发现 5 mg/kg 和 10 mg/kg E2 处理组中所有 17 尾雄鱼均发生了性逆转, 而 1 mg/kg 组仅 55.6% (5/9) 的雄性发生了性逆转。处理结束后, 5 mg/kg 和 10 mg/kg 组的平均体重分别比对照组低 25.29% 和 30.58%, 表现出显著的剂量依赖效应, 且 10 mg/kg E2 组的处理显著抑制了黄姑鱼的生长, 因此 5 mg/kg E2 组为诱导伪雌鱼的最佳剂量。基因表达分析显示, 在 180、270 和 360 dph 时, 伪雌鱼中的 *cyp19a1a* 基因表达量显著高于对照组雄鱼和雌鱼, 而 *dmrt1* 表达在上述三个时间点均低于对照组, 表明外源性 E2 可能会促进体内 E2 的合成而抑制 *dmrt1* 的表达, 且这种效应在处理结束后仍持续很长时间。值得注意的是, 通过分子性别鉴定, 在伪雄鱼与正常雄性杂交的后代中鉴定出了 YY 雄鱼, 且这些 YY 雄鱼在 90 dph 时的性腺发育与 XY 雄鱼相似。本研究建立了一种诱导获得黄姑鱼伪雌鱼和培育 YY 雄鱼方法, 为全雄黄姑鱼大规模培育提供了技术支持。

**关键词:** 黄姑鱼; 性逆转; 伪雌鱼; 超雄鱼

---

**资助项目:** 舟山渔业育种育苗科创中心专项课题 (2025Y001-3); 浙江省海洋水产研究所科技计划项目 (HYS-CZ-202507, HYS-CZ-202604)

\*通讯作者, 徐冬冬, 研究员, 主要从事鱼类遗传育种研究

E-mail: xudong0580@163.com

## 岱衢族大黄鱼抗病性状基因组选择育种研究

刘峰<sup>1,2</sup>, 叶挺<sup>1,2</sup>, 朱家杰<sup>1</sup>, 刘四芳<sup>1</sup>, 周忆莲<sup>1,2</sup>, 郭丹丹<sup>1,2</sup>, 詹炜<sup>1,2</sup>, 楼宝<sup>1,2\*</sup>

1. 浙江省农业科学院水生生物研究所, 浙江杭州 310021;

2. 全省近岸生物种质资源保护与利用重点实验室, 浙江杭州 310021

**摘要:** 大黄鱼作为我国重要海水养殖鱼类, 近年来内脏白点病、刺激隐核虫病等病害频发, 严重制约产业可持续发展。本研究以岱衢族大黄鱼为对象, 首先通过高通量测序获得高精度岱衢族大黄鱼基因组序列 (721.26 Mb, Contig N50=28.48 Mb), 注释基因 25,147 个, 并开发包含 44,948 个标记的 40K SNP 液相育种芯片 (平均检出率 98.89%); 针对内脏白点病, 建立变形假单胞菌人工感染模型 (半致死浓度  $1 \times 10^5$  CFU/mL) 和病原菌载量检测技术, 以 2900 尾参考群体的抗病表型和基因型数据为基础, 构建不同的遗传分析模型, 从中筛选出准确性最高的 GBLUP 方法对候选群体进行遗传评估, 根据个体的基因组估计育种值 (GEBV) 按照约 30% 的留种率筛选出优良亲本 200 尾左右, 其抗病子代体重较对照组提高 14%, 人工感染变形假单胞菌条件下存活时间延长 19.2%, 组织菌载量显著降低; 针对刺激隐核虫病, 建立 100 个幼虫/g 鱼的标准化感染方法及组织载虫量的测定方法, 基于 2950 尾参考群体的抗病表型和基因分型数据, 筛选出最佳的 GBLUP 模型对候选群体进行遗传评估, 从中筛选优良抗病亲本 400 余尾, 其子代在人工感染刺激隐核虫条件下总存活时间和半致死时间分别延长 15.0% 和 12.4%; 同时开发集成多算法的基因组育种分析平台, 实现育种数据智能化处理与优良亲本精准筛选。本研究为大黄鱼抗病良种选育提供了关键技术支撑, 对推动海水养殖产业绿色高效发展具有重要意义。

**关键词:** 大黄鱼; 基因组; SNP 芯片; 抗病; 基因组选择育种

**资助项目:** 浙江省水产新品种选育重大科技专项 (2021C02069-1); 浙江省农业农村厅科技计划项目; 浙江省农业科学院重大科技攻关任务。

第一作者: 刘峰, 副研究员, 从事水产动物数量遗传与分子育种

E-mail: lengfeng0210@126.com.

## Oogonial transplantation enables female-biased progeny production in *Sebastes schlegelii*

Xiangyu Gao<sup>1</sup>, Sanying Huang<sup>1</sup>, Shugao Cui<sup>1</sup>, Xinlu Yue<sup>3</sup>, Yi Li<sup>4</sup>, Ruiyan Yang<sup>1</sup>, Fengyan Zhang<sup>1</sup>, Fuxiang Liu<sup>1</sup>, Mengda Du<sup>1</sup>, Gongchen Liu<sup>1</sup>, Zongcheng Song<sup>3</sup>, Jie Qi<sup>1</sup>, Yan He<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>MOE Key Laboratory of Molecular Genetics and Breeding, College of Marine Life Sciences/Sanya Oceanographic Institution, Ocean University of China, Qingdao 266000/Sanya 572000, China

<sup>2</sup>Laboratory for Marine Fisheries Science and Food Production Processes, Qingdao Marine Science and Technology Center, Qingdao 266237, China

<sup>3</sup>Weihai Shenghang Ocean Science and Technology Co.,Ltd., Weihai 264205, China

<sup>4</sup>Weihai Municipal Marine and Fishery Supervision and Inspection Detachment, Weihai 264200, China

**Abstract:** *Sebastes schlegelii*, a valuable marine viviparous fish in China, exhibits significant sexual dimorphism in growth, with females over 30% larger than males of the same age at the commercial size. Enhancing the female ratio in offspring can improve aquaculture efficiency. This study establishes a germ cell transplantation (GCT) protocol to produce female-biased progeny in *S. schlegelii*. Sterile male recipients were prepared: 1-year-old males via *dnd* gene knockdown and 2-year-old males via busulfan treatment. Donor oogonia, isolated from 1-year-old female ovaries, were labeled with PKH26 and transplanted into recipients' gonads via genital pores. Colonization, proliferation, and differentiation of donor cells were monitored using fluorescence microscopy and microsatellite analysis. Sperm production rates in transplanted recipients reached 75.9% (knockdown) and 44.4% (busulfan treatment). Among the recipients that produced sperm, the proportions carrying donor-derived gametes were 25% and 29%, respectively. Artificial insemination with recipient semen significantly increased offspring female ratios by 37% (knockdown) and 32% (busulfan) compared to controls. This pioneering GCT-based approach offers a safe, hormone-free method for sex-controlled breeding in marine fish, with potential applications in germplasm conservation and variety improvement.

**Keywords:** Germ cell transplantation; *Sebastes schlegelii*; *Dnd* knockdown; Busulfan; Female-biased progeny

---

**资助项目:** 国家重点研发计划 (2022YFD2400103); 山东省重点研发计划 (2022ZLGX01)

\*通讯作者: 贺艳, 教授, 主要从事鱼类遗传学与分子育种; Email: yanhe@ouc.edu.cn

## 花鲈遗传育种研究进展

李昀<sup>123</sup>, 齐鑫<sup>123</sup>, 张美昭<sup>1</sup>, 张凯强<sup>123</sup>, 李吉方<sup>1</sup>, 王海亮<sup>123</sup>, 温海深<sup>123\*</sup>

1. 中国海洋大学水产学院, 山东青岛 266003
2. 海水养殖教育部重点实验室, 山东青岛 266003
3. 山东省海水绿色养殖与智慧渔业重点实验室, 山东青岛 266003

**摘要:** 花鲈 (*Lateolabrax maculatus*) 是我国重要的本土经济鱼类, 肉质鲜美, 营养价值高, 颇受消费者青睐, 目前年产量已突破 25 万吨, 位居海水鱼养殖产量前列。花鲈具有广温、广盐的适应特性, 对人工配合饲料利用率高, 适宜在海水网箱、室内工厂化、海水池塘和淡水池塘等多种模式下开展规模化养殖, 并在新兴的深远海养殖与盐碱水养殖中表现出良好潜力, 在我国南北沿海及内陆水域均具有广阔的养殖前景。然而, 与多数主养海水鱼类相比, 花鲈遗传育种研究起步较晚, 育种周期长, 产业良种化程度明显偏低。中国海洋大学鱼类繁殖生理与种子工程实验室是国内较早开展花鲈人工繁殖与遗传育种的科研团队, 通过将传统选择育种与基因组选择技术相结合, 已培育出生长快速、抗逆性强的优质新品系, 取得了显著的遗传改良进展。本文主要介绍了团队在花鲈种质资源收集与遗传结构分析、育种技术开发与应用、经济性状遗传基础解析及新品种 (系) 培育等方面取得的研究进展。未来将进一步整合多组学技术, 聚焦生长、抗逆、抗病等重要性状的多性状聚合育种, 以培育出综合性状优良的突破性新品种, 为花鲈种业振兴与产业可持续发展提供核心种源保障。

**关键词:** 花鲈; 种质资源; 育种技术; 新品种培育

---

**资助项目:** 国家海水鱼产业技术体系 (CARS-46-G06); 国家自然科学基金联合基金 (U24A20456、U25A20722); 国家重点研发计划课题 (2022YFD2400503、2018YFD0900101); 广东省现代化海洋牧场适养品种核心技术攻关项目 (NJTG20240404、NJTG20260012)。

\*通讯作者: 温海深, 教授, 主要从事鱼类繁殖生理与遗传育种研究, E-mail: wenhaishen@ouc.edu.cn

## Reference Population Optimization for Genomic Selection in Zhikong Scallop (*Chlamys farreri*)

Mingyi Sui<sup>1</sup>, Zhi Liu<sup>1</sup>, Zujing Yang<sup>1</sup>, Xuefeng Wang<sup>1</sup>, Xiangyi Zeng<sup>1</sup>, Pingping Liu<sup>1</sup>, Yangfan Wang<sup>1</sup>, Qifan Zeng<sup>1,2,3</sup>, Qiang Xing<sup>1</sup>, Zhenmin Bao<sup>1,2,3</sup>, Xiaoting Huang<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup> MOE Key Laboratory of Marine Genetics and Breeding, College of Marine Life Sciences / Shandong Key Laboratory of Marine Seed Industry (preparatory), Ocean University of China, Qingdao 266003, China; <sup>2</sup> Laboratory for Marine Fisheries Science and Food Production Processes, Qingdao Marine Science and Technology Center, Qingdao 266237, China; <sup>3</sup> Key Laboratory of Tropical Aquatic Germplasm of Hainan Province, Sanya Oceanographic Institution, Ocean University of China, Sanya 572024, China

**Abstract:** Genomic selection (GS) enables accurate estimation of breeding values using genome-wide SNP markers, and its predictive reliability largely depends on the reference population used for model training. Both the size and composition of the reference population play pivotal roles in determining genomic estimated breeding values (GEBVs) accuracy. This study systematically evaluated the effects of different strategies for constructing reference population on GEBVs accuracy. Analysis was performed using three selectively bred populations of Zhikong scallop (*Chlamys farreri*), comprising a total of 8,667 individuals genotyped at 2,626,890 SNP loci. Population genetic structure analysis revealed significant genetic differentiation among the three populations. Subsequently, the impacts of practical breeding factors (phenotypic pre-selection and multi-population combination) and theoretical factors (reference population size and genetic relatedness) on GEBVs accuracy were assessed. The results demonstrated that: (1) reference populations derived from phenotypic pre-selection individuals exhibited lower GEBVs accuracy than those composed of randomly selected individuals; (2) reference populations derived from multi-population also resulted in reduced prediction accuracy; (3) increasing genetic relatedness between the candidate and reference populations can effectively improve prediction performance even with a greatly reduced reference population size; and (4) for shell height in Zhikong scallop, GEBVs accuracy plateaued at a reference population size of approximately 1,500 individuals. Collectively, these findings provide both theoretical insights and practical guidelines for optimizing the construction of reference populations in genomic selection programs for aquaculture species.

**Keywords:** *Chlamys farreri*; scallop; reference population; genomic selection

资助项目：资助项目：山东省重点研发计划（2025ZLGC036）；国家重点研发计划（2022YFD2400302）；现代农业产业技术体系专项基金（CARS-49）

\*通讯作者，黄晓婷，教授，博士生导师，主要从事贝类逆境生物学与贝类遗传育种研究

E-mail: xthuang@ouc.edu.cn

## 乌鳢体色和性别决定遗传机制解析

孙冬磊<sup>1</sup>, 温海深<sup>1</sup>, 齐鑫<sup>1</sup>, 李超<sup>2</sup>, 孙超男<sup>1</sup>, 李昀<sup>1\*</sup>

1. 中国海洋大学水产学院, 山东 青岛 266003

2. 青岛农业大学, 山东 青岛 266003

**摘要:** 乌鳢 (*Channa argus*) 是我国重要的淡水经济鱼类, 具有生长速度快、营养价值高和适应性强等特点。体色是商品鱼类的重要经济性状。本团队在养殖生产中发现了一种金黄色体色突变品系—金乌鳢。同时, 乌鳢存在显著的性别生长二态性, 雄性生长速度快于雌性, 全雄育种能够显著提升养殖效率, 但其性别决定机制仍不清晰。本研究围绕金乌鳢特色种质形成及乌鳢性控育种需求, 综合利用 GWAS、Pool-seq、单细胞转录组、代谢组及功能验证等技术, 系统解析乌鳢体色、肌肉品质和性别决定等关键经济性状的遗传调控机制。结果表明, 金乌鳢表现为皮肤和眼部黑色素缺失的白化表型, 受常染色体隐性位点控制; *slc45a2* 第一外显子无义突变 (c.383G>A; p.W128\*) 导致 SLC45A2 蛋白缺失, 是金黄色体形成的关键遗传基础。进一步研究发现, 金乌鳢皮肤黑色素生成相关基因及 p-MITF 水平上调, 单细胞转录组鉴定出金乌鳢特异富集的 *coll17a1*<sup>+</sup> 成纤维细胞亚群, 该亚群高表达整合素及 *sfrp2*、*nrg2*、*fgfs* 等旁分泌因子, 提示色素缺失可能引起皮肤细胞微环境重塑, 并通过成纤维细胞来源的旁分泌信号激活 Wnt/MAPK 等通路, 从而反馈性调节黑色素生成相关基因的转录表达。肌肉品质分析显示, 金乌鳢肌肉红度和 n-3 多不饱和脂肪酸, 尤其是 DHA 含量较高, 而腥味相关挥发性醛类物质含量较低; 脂质代谢及烟酸/烟酰胺代谢重塑可能参与其营养、风味和肌肉色泽品质的形成。性别决定方面, 将乌鳢性别决定区间缩小至 200 kb 以内, 区间内包含 *id2* 和 *rnfl44a*, 并鉴定到~2.5 kb Y 特异性非编码插入片段, 开发了适用于乌鳢、斑鳢及其杂交后代的性别分子标记。早期性腺发育分析表明, 17–21 dph 是乌鳢性别分化关键窗口, *id2* 在关键时期表现出雌性偏向表达。基于此, 进一步研究发现 Y 特异插入片段可能通过三维染色质构象与 *id2* 启动子发生远程互作, 其前段具有转录抑制活性, 提示乌鳢性别决定可能由 Y 染色体特异性非编码调控元件驱动 *id2* 性别差异表达介导。上述研究阐明了乌鳢体色、肌肉品质与性别决定关键经济性状的遗传基础, 为金乌鳢新品种培育和全雄单性育种提供理论与技术支撑。

**关键词:** 乌鳢; 体色突变; 肌肉品质; 性别决定; 三维基因组

资助项目: 国家自然科学基金 (32503169); 中国博士后科学基金会 (GZC20252055, 2025M8370); 山东省鱼类产业技术体系项目资助 (SDAIT-12-03)

\*通讯作者, 李昀, 教授, 主要从事鱼类基因组学与遗传育种, E-mail: yunli0116@ouc.edu.cn

## 低氧下组蛋白 H3K9 甲基化对牙鲆鳃组织细胞凋亡作用机制的研究

汤恒泰, 丁城楠, 刘敏, 王浩, 何峰\*

中国海洋大学水产学院, 山东青岛, 266003

**摘要:** 作为一种经济且广受欢迎的海水养殖鱼类, 牙鲆 (*Paralichthys olivaceus*) 在自然海域或工厂化养殖中, 由于季节性海水低氧或高密度养殖, 很容易就受到低氧胁迫的影响。氧气作为一种生物生命活动的必需因子, 其浓度的变化势必影响体内相关基因表观遗传修饰, 其中组蛋白 H3K9 甲基化起到关键的调控作用。水体中溶解氧的含量很容易影响鳃组织的结构和生理变化。因此, 本文使用荧光定量 PCR (qPCR)、TUNEL、Western Blot、双荧光素酶、CUT&Tag、RNA-seq 等生物学技术, 从表观遗传的角度解析牙鲆鳃组织细胞凋亡的作用机制: 首先通过对牙鲆鳃组织和体外培养鳃原代细胞进行低氧处理, 分析细胞凋亡与相关基因表达及 H3K9 甲基化水平的变化相关性, 并探究了组蛋白甲基转移酶 *ehmt2* 和组蛋白去甲基化酶 *kdm4b* 在低氧下的调控机制; 然后, 根据 H3K9me2 变化情况, 通过 CUT&Tag 与转录组测序分析, 初步筛选出低氧下 H3K9me2 调控的下游基因, 并选择与低氧有关的关键基因 *ndufa13* 进行功能验证, 研究其转录调控及对细胞凋亡的影响。本文通过对牙鲆及鳃原代细胞进行低氧处理, 分析细胞凋亡相关基因、组蛋白甲基化相关基因的表达与组蛋白 H3K9 甲基化的变化, 对组蛋白甲基转移酶 *ehmt2* 与组蛋白去甲基化酶 *kdm4b* 的通路进行研究, 并进一步结合 CUT&Tag 与转录组共同研究 H3K9 甲基化调控通路, 解析了 NR2F1-*ndufa13* 通路调控机制, 为解析牙鲆鳃细胞凋亡的表观遗传机制提供了全新的见解与分子基础。研究结果为揭示牙鲆低氧胁迫响应机制提供新的科学依据。

**关键词:** 低氧胁迫; 牙鲆; 组蛋白甲基化; CUT&Tag; NR2F1-*ndufa13* 通路

---

资助项目: 国家自然科学基金(32573541);

\*通讯作者, 何峰, 副教授, 主要从事水产生理与表观遗传

E-mail:hefengouc@ouc.edu.cn

## Alkbh5a 调控 m<sup>6</sup>A 甲基化激活 tonebpa1 促进虹鳟海水环境适应的机制研究

田源<sup>1,2,\*</sup>, 高勤峰<sup>1,2</sup>, 王美君<sup>1,2</sup>

1. 中国海洋大学水产学院, 山东青岛 266001;

2. 海水养殖教育部重点实验室, 山东青岛 266001;

**摘要:** 鲑科鱼类以洄游生活史为典型特征, 其在淡水与海水生境间迁徙, 面临盐度环境的剧烈转变。RNA N<sup>6</sup>-腺苷甲基化 (m<sup>6</sup>A) 是真核生物应对环境调控重要的表观基因组修饰标记, 但该修饰在鱼类渗透调节适应性进化中的功能迄今尚无研究报道。本研究多维度证据表明, 基因 *alkbh5a* 是洄游型虹鳟 (*Oncorhynchus mykiss*) 鳃上皮组织 m<sup>6</sup>A 修饰的核心调控因子, 可促进幼鱼在银化阶段完成盐度环境适应。高表达的 *alkbh5a* 会造成 *histone H1.0B* mRNA 的超甲基化修饰现象, 该修饰可通过阅读蛋白 Hnrnpab1 提升 H1.0B 的翻译效率。H1.0B 作为核小体的 Linker, 其蛋白丰度升高会重塑染色质开放状态, 最终特异性激活 tonebp 家族旁系同源基因 *tonebpa1* 的表达。功能实验证实, *tonebpa1* 是虹鳟应对高盐、高渗透压胁迫时离子细胞增殖分化的关键必需基因。综上, 本研究建立了一套全新的表观遗传与分子调控通路, 阐明了鲑科鱼类应对高渗环境的 RNA 甲基化修饰响应机制。

**关键词:** 盐度适应; m<sup>6</sup>A 甲基化; 鲑鳟鱼类; 表观遗传学

---

资助项目: 国家博士后创新人才支持计划 (BX20240343), 国家自然科学基金 (32202896; 32373104), 泰山产业领军人才蓝色人才专项工程 (tsls20241102)

\*通讯作者, 田源, 副教授, 主要从事鲑鳟鱼类基因组学和遗传育种研究工作

E-mail: tianyuan@ouc.edu.cn

## **Zglp-1 is a novel essential transcriptional regulator for sex reversal in zebrafish**

Yajun Wang<sup>1#</sup>, Gaoqian Xu<sup>1#</sup>, Haoyi Li<sup>1#</sup>, Jing Gao<sup>1</sup>, Xueqing Du<sup>1</sup>, Wanyue Jiang<sup>1</sup>,  
Guangdong Ji<sup>1</sup>, Zhenhui Liu<sup>1,2\*</sup>,

1. College of Marine Life Sciences, Institute of Evolution & Marine Biodiversity, Ocean

University of China, Qingdao 266003, China

2. Laoshan Laboratory, Qingdao 266237, China

**Abstract:** Sex determination and differentiation play crucial biological roles in sexual reproduction in vertebrates, including zebrafish. Nevertheless, the intricate molecular mechanisms governing these processes have remained enigmatic. In this study, we showed a pivotal role played by zinc finger GATA-like protein-1 (Zglp-1) in sex differentiation in zebrafish. Our findings revealed that homozygous mutants having no Zglp-1 exhibited a female-to-male sex reversal, ultimately resulting in the development of fertile males. Within the pivotal phase of sexual differentiation, *zglp-1*<sup>-/-</sup> zebrafish demonstrated a gene expression pattern that was skewed toward a male phenotype. Notably, the expression of *amh* was upregulated, while the expression of *cyp19a1a* was not sustained. Furthermore, our data revealed a direct interaction between the zinc fingers of Zglp-1 and Sf-1, which inhibited the ability of Sf-1 to activate the *amh* promoter. This interaction was crucial for regulating sex differentiation. Moreover, we observed alterations in gonadal cell proliferation and apoptosis in *zglp-1*<sup>-/-</sup> zebrafish, which partially contributed to the sexual fate selection. Overall, our findings firmly established Zglp-1 as a crucial regulator of sex differentiation in zebrafish, offering deep insights into the intricate molecular mechanisms that govern sex determination and differentiation in vertebrates.

**Key words:** Sex differentiation; Sex reversal; Zebrafish; ZGLP-1; SF-1; Zinc finger

---

资助项目：科技部国家重点研发项目（2023YFE0199500）；山东省自然科学基金（ZR2022MC032）；崂山实验室科技创新项目（LSKJ202203204）

\*通讯作者，刘振辉，教授，主要从事海洋生物功能基因研究；发育、免疫与进化研究等

E-mail: zhenhuiliu@ouc.edu.cn

## The role of ladderlectin in spermatogenesis and ovarian sperm storage in the black rockfish (*Sebastes schlegelii*)

YANG Ruiyan<sup>1</sup>, SONG Weihao<sup>1\*</sup>, HE Yan<sup>1\*</sup>

1. MOE Key Laboratory of Marine Genetics and Breeding, College of Marine Life Sciences/Sanya Oceanographic Institution, Ocean University of China, Qingdao/Sanya, China 266003

**Abstract:** *Ladderlectin*, a teleost-specific C-type lectin, has been primarily associated with innate immune defense. However, this study unveils an important role of *ladderlectin* in the reproductive processes of *Sebastes schlegelii*. Seven *ladderlectin* genes (*SscLLs*) are identified, with *SscLL3604* and *SscLL3605* exhibiting high testis-specific expression. Both genes contain a C-type lectin domain (CTLD) and two carbohydrate-binding motifs (QPD and WSD), with *SscLL3605* also containing a signal peptide. Notably, *SscLL3604* is predominantly cytoplasmic, while *SscLL3605* is found both in the cytoplasm and the cell membrane. Additionally, *SscLLs* are primarily localized in Sertoli cells at the mRNA level but also exist in spermatids and spermatozoa at the protein level. Further analysis reveals that *SscLLs* are present in sperm heads and can bind to ovarian cells, hinting at a pivotal role in long-term sperm storage in ovaries. Knockdown of *SscLLs* *in vitro* demonstrates their critical role in maintaining Sertoli cells and Leydig cells within the testis. Finally, inhibition of glycosylation or treatment with antibody of *SscLLs* leads to an increased incidence of embryonic malformation in *S. schlegelii*. These findings suggest that *ladderlectin* may also play an important role in the regulation of reproductive processes, thereby providing an additional adaptive mechanism for the reproduction of viviparous fish.

**Keywords:** *Sebastes schlegelii*; *ladderlectin*; spermatogenesis; ovarian sperm storage; viviparity

---

资助项目：国家自然科学基金 (32370564, 32070515);

\* 通讯作者，宋伟豪，博士后，贺艳，教授，主要从事鱼类遗传与育种工作

E-mail: songweihao8@163.com; yanhe@ouc.edu.cn

## 基于 SNP 和单倍型信息的凡纳滨对虾生长性状 GWAS 分析

段保华<sup>1</sup>, 于洋<sup>1</sup>, 鲍镇宁<sup>1</sup>, 李富花<sup>1,2\*</sup>

1. 中国科学院海洋研究所, 水产品种创制与高效养殖全国重点实验室, 山东青岛 266000

2. 中国科学院大学, 北京 100049

**摘要:** 凡纳滨对虾 (*Litopenaeus vannamei*) 是全球最重要的水产养殖品种之一。生长速度是其遗传选育的首要经济性状, 深入解析其生长性状的遗传机制对提升养殖产量与经济效益具有重要意义。本研究利用自主研发的凡纳滨对虾“中科芯 2 号”SNP 芯片, 对 1,106 个育种个体进行基因分型, 共获得 56,651 个高质量 SNP 位点, 并构建了 42,854 种单倍型。基于分子标记估计该群体体重的遗传力处于中等水平 ( $0.37 \pm 0.06$ )。全基因组关联分析 (GWAS) 鉴定出与体重性状显著相关的 30 个 SNP 位点和 42 种单倍型, 在显著标记周边共注释到 47 个候选基因。进一步联合转录组数据分析发现, SOCS5、EcR、Eip75 和 E75 四个候选基因在快速与缓慢生长组间存在显著表达差异。其中, Eip75 和 E75 共定位于同一染色体且存在强连锁不平衡关系。进一步共表达分析表明, EcR、Eip75、E75 及蜕皮相关基因 HR3 的表达水平呈显著相关, 提示这些基因可能组成特定的生长调控模块, 协同调控对虾的生长发育过程。本研究为解析凡纳滨对虾复杂生长性状的分子遗传机制提供候选基因, 也为后续开展高产新品系的分子标记辅助育种或全基因组选择提供了标记资源。

**关键词:** 凡纳滨对虾; SNP; 单倍型; 生长性状; 分子模块

---

资助项目: 国家重点研发计划项目 (2022YFD2400203), 国家自然科学基金项目 (32473144), 山东省重点研发计划项目 (2024LZGC038, 2021LZGC029)

\*通讯作者, 李富花, 研究员, 主要从事水产生物技术与遗传育种

fhli@qdio.ac.cn

## 基于人工智能的对虾育种关键技术研究

于洋<sup>1</sup>, 鲍镇宁<sup>1,2</sup>, 周奕洲<sup>1</sup>, 罗正<sup>1,2</sup>, 相建海<sup>1</sup>, 李富花<sup>1,2\*</sup>

1. 中国科学院海洋研究所, 山东省青岛市 266071

2. 中国科学院大学, 北京市 100049

**摘要:** 人工智能技术正在深刻变革对虾传统育种模式。当前, 以机器学习、深度学习、计算机视觉为代表的新一代人工智能技术, 凭借其在海量多源数据高效融合与育种决策智能驱动方面的独特优势, 正加速推动育种技术进步。本研究围绕对虾遗传育种中高效种质鉴定、高通量表型测定、精准遗传评估三方面需求, 系统开展了基于机器学习的育种关键技术研究。在种质鉴定方面, 针对传统微卫星标记分型通量低、鉴定准确率不高等问题, 研究建立了适用于凡纳滨对虾种质鉴定的基因芯片, 并基于加权 K 近邻算法构建了种质精准鉴定技术, 为种质资源管理和品种权保护提供了可靠的技术支撑。在精细表型测定方面, 针对人工测量效率低、主观性强等瓶颈, 研究构建了基于计算机视觉的对虾体长、体重、头胸甲长宽及各腹节长宽等关键性状的高通量表型测定平台, 显著提升了表型数据获取的效率与质量。在全基因组选择方面, 为克服常规线性模型难以捕获复杂性状非加性遗传效应的局限, 研究统评估了 CNN、LightGBM、XGBoost 和随机森林等模型在对虾生长性状中的预测性能。结果表明, 机器学习模型的预测准确率较传统 GBLUP 线性模型提高 10% 以上, 尤其在非加性效应占比较高的性状中优势更为明显。研究结果展示了人工智能技术在提升对虾育种效率和评估精准度方面的巨大潜力, 随着对虾多组学数据的不断积累和算法的持续优化, 人工智能有望在智能配种决策、基因编辑靶点预测和多性状综合育种值优化等方面发挥更大作用, 推动对虾育种从传统的“经验选育”向“数据驱动的智能设计育种”跨越。

**关键词:** 凡纳滨对虾; 人工智能; 种质鉴定; 高通量表型测定; 基因组育种;

---

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

\*通讯作者, 李富花, 博士, 研究员, 博导; 主要从事甲壳动物遗传与免疫

Email: fhli@qdio.ac.cn

## 基质金属蛋白酶介导胶原解聚引发海参自溶机制

王轩<sup>1</sup>, 黄倩滢<sup>2</sup>, 任春华<sup>1</sup>, 杨韵<sup>3</sup>, 严爱芬<sup>2</sup>, 陈廷<sup>1</sup>

1. 中国科学院南海海洋研究所, 广东广州 510301;

2. 佛山大学, 广东佛山 528225;

3. 海南大学, 海南海口 570228

**摘要:** 南海高经济价值小疣刺参 (*Stichopus monotuberculatus*, 原名“花刺参”) 因异常快速的自溶特性, 在养殖环境波动或运输刺激下易引发群体性自溶, 严重制约养殖产业发展。尽管食品加工领域对刺参自溶已有大量研究, 但自溶现象其背后的确切机制至今仍不清楚。本研究准确地鉴定出一种棘皮动物特有的基质金属蛋白酶 (MMP), 并确认其在自溶过程中扮演关键执行者的角色。当海参遭遇胁迫时, 钙离子内流会触发 MMP 的胞吐释放。与直接降解胶原纤维不同, 该 MMP 通过切割连接胶原原纤维间的蛋白聚糖, 进而瓦解体壁结构, 造成组织框架的不可逆解体。小疣刺参之所以具有极强的自溶倾向, 可能源于其较低的蛋白聚糖密度和较高的 MMP 表达水平。此外, 海参会主动避开自溶产物, 表明自溶物可作为一种利他性的警戒信号, 警告同种个体远离危险。本研究揭示了一种由 MMP 介导胶原解聚驱动海参自溶的新机制, 为理解蛋白结构-功能多样性、蛋白进化及稳态维持提供了理论基础。

**关键词:** 海参; 自溶; 可变胶原组织; 基因组分析; 胶原解聚; 基质金属蛋白酶

---

资助项目: 国家自然科学基金 (32573487); 海南省杰出青年基金 (426JCQN0987); 广东省现代化海洋牧场适养品种核心技术攻关项目 (2025-MRB-00-001)

\*通讯作者, 陈廷, 研究员, 主要从事海参繁育与生态适应机制研究

E-mail: chan1010@scsio.ac.cn

## Ultra-fast generation of all-female grass carp via transplantation of female germline stem cells into zebrafish

HAO Yongkang<sup>1</sup>, ZHU Junwen<sup>1</sup>, WANG Xiaosi<sup>1</sup>, WANG Houpeng<sup>1</sup>, WANG Yaqing<sup>1</sup>, SUN Yonghua<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> State Key Laboratory of Breeding Biotechnology and Sustainable Aquaculture, Hubei Hongshan Laboratory, Institute of Hydrobiology, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430000

**Abstract:** Surrogate reproduction provides an efficient biotechnological tool to facilitate rapid genetic improvement and sex-controlled breeding of aquaculture fish. Bighead carp (*Hypophthalmichthys nobilis*), an economically important freshwater cultured species, suffers from long breeding cycles in conventional cultivation. Here, we develop an ultra-rapid gamete production strategy for bighead carp via cloacal germline stem cell transplantation (GSCT) using miniature laboratory zebrafish as surrogate recipients. Typical sexually dimorphic germ cell proliferation patterns are characterized in 12 cm juvenile bighead carp, and female germline stem cells (fGSCs) are isolated and purified from bighead carp gonads. Purified bighead carp fGSCs are transplanted into endogenous germ cell-ablated immunodeficient *il2rga* zebrafish at 60 days post-fertilization (dpf). After one-month in vivo development in surrogate zebrafish, donor-derived fGSCs efficiently differentiate into functional all-X sperm of bighead carp. Fertilization of wild-type bighead carp oocytes with these GSCT-generated all-X sperm enables ultra-fast and large-scale acquisition of all-female bighead carp populations. This study establishes a feasible surrogate reproduction system for rapid production of sex-specific gametes and all-female populations of bighead carp.

**Keywords:** bighead carp; germline stem cell transplantation; surrogate reproduction; all-X sperm; sex-controlled breeding

---

资助项目：中国科学院 B 类先导专项（XDB0730303）；国家杰出青年科学基金

\*通讯作者，孙永华，研究员，主要从事鱼类发育与生物技术

mail: yhsun@ihb.ac.cn

## 鲤鱼高温次发性性逆转及性腺体细胞可塑性研究

荣毅<sup>1</sup>, 韦玉来<sup>1</sup>, 陈戟<sup>1</sup>, 胡炜<sup>1,2\*</sup>

1. 中国科学院水生生物研究所, 湖北武汉 430064;

2. 上海海洋大学, 上海浦东新区 201306

**摘要:** 高温处理可诱导雌性黄河鲤发生次发性(性别决定后)性逆转(雌转雄), 且次发性性逆转率显著高于原发性(性别决定前)。为探究高温诱导鲤鱼(*Cyprinus carpio*)发生次发性性逆转的分子机制, 本研究在 36 °C 高温处理条件下, 系统分析了黄河鲤性腺组织学变化、转录组动态及单细胞图谱。结果表明: (1) HTF 与 *sox9b* 性别相关基因显著关联; (2) 高温诱导 HTF 产生选择性剪接差异, HTF 作为减数分裂刹车因子, 剪接改变可能提前启动减数分裂, 导致性腺细胞发育异常和性别通路紊乱; (3) WGCNA 联合 PPI 网络分析揭示, AMH 早期对 CYP19A1 的限速作用及后期睾酮累积, 共同驱动了雄性偏向性发育; (4) 单细胞转录组数据显示, 高温胁迫下性腺体细胞存在 *granulosa* 与 *sertoli* 细胞间的相互转化, 拟时序分析进一步证实了体细胞从雌性向雄性表型的重编程路径。本研究为理解鱼类高温性逆转的调控机制及性腺体细胞可塑性提供了重要依据。

**关键词:** 鲤鱼; 高温; 次发性性逆转; HTF; 性腺体细胞可塑性

---

资助项目: 国家自然科学基金(32473160)

\*通讯作者, 胡炜, 教授, 主要从事鱼类分子遗传育种的基础研究与种质创制关键技术探索

E-mail: whu@shou.edu.cn, huwei@ihb.ac.cn

## 基于多组学分析的草鱼抗 GCRV 基因筛选及功能初步分析

陶宇<sup>1</sup>, 陶彬彬<sup>1\*</sup>, 胡 炜<sup>1,2\*</sup>

1. 中国科学院水生生物研究所, 湖北武汉 430064;

2. 上海海洋大学, 上海浦东新区 201306;

**摘要:** 草鱼呼肠孤病毒 (Grass carp reovirus, GCRV) 是导致草鱼出血病发生的主要病原体之一, 严重威胁草鱼养殖产业的健康发展。为筛选调控 GCRV 复制的宿主抗病毒关键基因, 本研究以草鱼肾细胞为模型, 设置 PBS 对照组和 GCRV 处理组, 于感染后 6 h、12 h 和 18 h 进行时序取样, 研究联合 ATAC-seq 与 mRNA-seq 分析 GCRV 感染过程中 TSS 区域染色质可及性变化及转录响应特征, 并基于两者关联性筛选潜在抗病毒靶基因。结果表明: (1) GCRV 处理后, 草鱼肾细胞 TSS 前后区域 ATAC 峰值显著升高, 提示病毒感染可诱导启动子附近染色质可及性增强; (2) 结合 mRNA-seq 结果发现, 部分 TSS 区域峰值增强的基因, 其 mRNA 表达水平同步发生变化, 说明染色质可及性改变可能进一步影响基因转录活性; (3) GO 和 KEGG 富集分析显示, 差异基因主要涉及转录调控、MAPK 信号通路、TNF 信号通路、抗原加工与递呈、内吞作用、细胞自噬及凋亡等生物过程, 提示这些基因可能参与 GCRV 感染后宿主免疫应答及病毒复制调控; (4) 基于 ATAC-seq 与 mRNA-seq 联合分析筛选 ETV5 等四个候选靶基因, 并构建过表达质粒进行功能验证。结果显示, 上述基因过表达可显著降低 GCRV 中 VP5 转录水平以及 VP7 蛋白表达水平, 提示其具有潜在抗病毒功能。本研究为解析鱼类抗 GCRV 感染的转录调控机制及草鱼抗病分子育种提供了参考依据。

**关键词:** 草鱼; GCRV; ATAC-seq; mRNA-seq; 抗病毒基因

---

**资助项目:** 中国科学院 B 类先导专项 (XDB0730300)

\*通讯作者, 胡炜, 教授, 从事鱼类分子遗传育种 E-mail: huwei@ihb.ac.cn, whu@shou.edu.cn

陶彬彬, 副研究员, 从事鱼类分子遗传育种 E-mail: taobinbin@ihb.ac.cn

## Mechanism analysis of improving reproductive traits in recombinant doubled haploid Japanese flounder (*Paralichthys olivaceus*)

LI Xinchun<sup>1,2,3</sup>, SAN Lize<sup>1,2,3</sup>, WANG Guixing<sup>1,2,3</sup>, LI Bingbu<sup>1,2,3</sup>, HE Zhongwei<sup>1,2,3</sup>, LIU Yufeng<sup>1,2,3</sup>, REN Yuqin<sup>1,2,3</sup>, HOU Jilun<sup>1,2,3\*</sup>, ZHANG Xiaoyan<sup>1,2,3\*</sup>

1.State Key Laboratory of Mariculture Biobreeding and Sustainable Goods, Beidaihe Central Experiment Station, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qinhuangdao 066100, China

2.Hebei Key Laboratory of the Bohai Sea Fish Germplasm Resources Conservation and Utilization, Beidaihe Central Experiment Station, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qinhuangdao 066100, China

3.Bohai Sea Fishery Research Center, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qinhuangdao 066100, China

**Abstract:** We performed integrated genomic resequencing and transcriptome sequencing analyses of the hypothalamus, pituitary gland, and ovary, as well as hormone-level comparisons of both DH and rDH Japanese flounder. rDH individuals displayed significantly higher levels of female reproduction-related hormones and growth hormone than DHs. Combination analysis of RNA-seq and selective sweep identified several significantly different genes, including somatostatin 1, tandem duplicate 1 (*sst1.1*) in the hypothalamus, myostatin b (*mstnb*) in the pituitary gland, and growth hormone 1 (*gh1*) in the ovary. Sequence comparison of *sst1.1* in 134 individuals from the high-reproductive-capacity rDH and infertile DH populations uncovered two intronic single nucleotide polymorphisms (SNPs), that may modulate gene expression. qRT-PCR confirmed significant under-expression of *sst1.1* in rDHs, suggesting a strong link between *sst1.1* mutations and the high reproductive traits of rDHs. This study provides a theoretical foundation for optimizing doubled haploid breeding technologies and supports further application and promotion of this breeding system for the genetic improvement of Japanese flounder.

**Keyword:** *Paralichthys olivaceus*; Recombinant doubled haploids; *sst1.1* gene; High fecundity

---

资助项目：河北省自然科学基金(C2023107012);中国水产科学研究院基本科研业务费(2023TD41);国家海水鱼产业技术体系(CARS-47);国家海洋水产种质资源库

\*通讯作者，张晓燕，副研究员，主要从事水产养殖与遗传育种，zhangxy@bces.ac.cn; 侯吉伦，研究员，主要从事水产养殖与遗传育种，houjl@bces.ac.cn

## 牙鲆生殖干细胞关键技术研究进展及种质资源保护应用

任玉芹<sup>1,2</sup>, 王桂兴<sup>1,2</sup>, 杨雨聪<sup>1,2</sup>, 高赫<sup>1,2</sup>, 张文佳<sup>1,2</sup>, 康现江<sup>3,\*</sup>, 侯吉伦<sup>1,2,\*</sup>

1 海水养殖生物育种与可持续产出全国重点实验室, 中国水产科学研究院北戴河中心实验站, 河北 秦皇岛 066100; 2 河北省渤海鱼类种质资源保护与利用重点实验室, 中国水产科学研究院北戴河中心实验站, 河北 秦皇岛 066100; 3 河北大学, 生命科学学院, 河北 保定 071000

**摘要:** 生殖干细胞是遗传资源传递的核心载体, 在鱼类种质资源保护与品种改良领域具有重要的应用价值。牙鲆为我国主养海水经济鱼类, 种质退化、病害频发、性成熟长等问题, 严重阻碍了产业发展。本研究通过构建牙鲆生殖干细胞培养、分化与移植一体化技术体系, 助力种质保护与良种选育。首先筛选并确定牙鲆生殖干细胞适宜培养条件, 成功建立长期传代精原和卵原干细胞系, 分别连续传代 340 代, 280 代, 体外培养时长均已达 6 年之久。其次通过不同诱导方式实现精原干细胞体外定向分化, 多年冻存培养的精原干细胞可分化为活力正常的精子, 人工授精后繁育出存活子代。同时优化了成体受体制备方法, 构建牙鲆不育受体移植模型, 完成同种生殖干细胞移植, 供体来源子代占比达 36.0%-45.5%。功能验证表明, *Itgb1*、*Itga10* 与 *Ifitm3* 能够促进生殖干细胞增殖、迁移与干性维持, 维持干细胞体外稳态。在死后种质抢救方面, 明确了死亡牙鲆卵原干细胞的有效分离窗口期: 19℃存放 15 h、4℃存放 24 h, 细胞仍具备良好活性; 经多组学分析揭示铁死亡、脂质代谢等通路发挥关键核心作用, 筛选出 *vdac2*、*p53* 等基因及相关代谢物, 可作为卵原干细胞活性评价标志物。本研究突破了牙鲆生殖干细胞长期传代、体外分化、细胞移植等多项技术瓶颈, 阐明了生殖干细胞体外稳态维持的分子机制, 建立了死后种质资源抢救技术体系。研究成果不仅为牙鲆种质保护与良种选育提供核心技术支撑, 也为其他海水鱼类生殖干细胞研究提供参考。

**关键词:** 牙鲆 生殖干细胞 体外培养 诱导分化 移植 体外稳态

**资助项目:** 国家自然科学基金(32302994); 国家海水鱼体系(CARS-46); 河北省省级科技计划项目(19226318D); 中国水产科学研究院中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金项目(2023TD41, 2022XT0304)。

\*通讯作者: 康现江, 教授, 主要从事细胞生物学研究, E-mail: xjkang@hbu.edu.cn;

侯吉伦, 研究员, 主要从事水产生物技术与遗传育种研究, E-mail: houjl@bces.ac.cn.

## Exploring the potential regulation mechanisms of host-microbiome comprehensive interactions on growth traits in *Cyprinus carpio*

Li Feng<sup>1+</sup>, Qinglei Xu<sup>1</sup>, Jianxin Feng<sup>2</sup>, Yanhui Wang<sup>2</sup>, ShangQi Li<sup>1</sup>, Qin Zhang<sup>2</sup>,  
Linyan Zhou<sup>1</sup>, Jian Xu<sup>1\*</sup>

1. State Key Laboratory of Mariculture Biobreeding and Sustainable Goods, Fisheries Engineering Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Beijing 100141, China

2. Henan Academy of Fishery Sciences, Zhengzhou 450044, China

**Abstract :** The interaction between gut microbiota and host genetic factors in regulating host growth is receiving increasing attention. However, the mechanism underlying host variations and gut microbiota in regulating growth is still unclear in aquatic species. In this study, muscle and gut microbiota samples were collected from common carp. Host genetic markers and gut microbiota 16S rRNA sequencing data were analyzed to dissect the interactions between host and gut microbiota on growth trait, revealing differences in the overall gut microbiota between the high-growth and low-growth groups. Ten bacterial taxa showed significant differences between the two groups. A genome-wide association study indicated three loci associated with the growth trait, while genes harboring the three loci were found to be associated with *Iamia* and *Thermoactinomyces*. The three loci (Chr18:6901682; Chr23:10968715; Chr32:16293406) were located within the genes *PARD3B*, *RCC2*, and *ITGA10*. Mutations at the *RCC2* locus may disrupt the cell regulatory cycle, leading to an increase in immune-related bacterial taxa, triggering an immune response in fish, and significantly impacting the growth rate of the common carp. Our study offers valuable insights into how host genome variations can influence growth traits by impacting gut microbiota, serving as a reference for understanding the intricate relationship between fish and gut microbiota. This research holds paramount significance for advancing engineered microbiome technology in aquaculture.

**Keywords** common carp, gut microbiota, Host-microbe, GWAS, Growth performance

---

资助项目:中央公益性科学机构基础研究基金、CAFS (2024HY-ZC002、2023TD24、2023XT0201 和 2024XT0102); 生物育种重大项目 (2023ZD0405501); 中国国家重点研发计划 (2023YFD2400302)。

\*通讯作者, 许建, 研究员, 主要从事水产生物技术与遗传育种  
mail: xuj@cafs.ac.cn

## 草鱼密度胁迫下抗逆生理与多组学解析助力水产健康养殖

徐庆磊<sup>1</sup>, 吴卓霖<sup>2</sup>, 王晓颖<sup>3</sup>, 冯莉<sup>1</sup>, 周林燕<sup>1</sup>, 许建<sup>1\*</sup>

1 中国水产科学研究院渔业工程研究所, 北京, 100141

2 上海海洋大学水产与生命学院, 上海, 201306

3 中国农业科学院研究生院, 北京, 100081

**摘要:** 草鱼集约化养殖是提升产业效益的重要方向, 然而高养殖密度制约了鱼类生长性能与生理健康。为阐明草鱼对密度胁迫的响应机制, 优化集约化养殖参数, 本研究设置 0.57 kg/m<sup>3</sup> (低密度)、1.13 kg/m<sup>3</sup> (中密度)、2.27 kg/m<sup>3</sup> (高密度) 3 个处理组, 以初始体重 81.76±17.69 g 的草鱼为试验对象, 经 75 d 池塘网箱养殖后, 检测生长、应激、抗氧化及免疫等指标, 并联合肌肉转录组与肝脏非靶向代谢组测序, 解析草鱼密度胁迫的抗逆机制。生理指标结果显示, 中密度组草鱼的终末体重、增重率、特定生长率及肥满度均显著优于其余两组; 高密度胁迫下, 血清皮质醇、葡萄糖、转氨酶与肌酐等应激及肝肾损伤指标显著升高, 胆固醇、甘油三酯含量下降, 肾脏免疫球蛋白 M、溶菌酶、抗菌肽等免疫酶活性随密度升高呈降低趋势, 脾脏炎症因子基因表达显著上调; 肝脏总抗氧化能力、过氧化氢酶等指标随密度升高先升后降, 脂质过氧化产物丙二醛含量持续上升, 证实高密度会诱导草鱼生长抑制、氧化应激加剧与免疫功能紊乱。多组学分析表明, 中密度高低生长亚组共鉴定 82 个差异表达基因, 显著富集于黏着斑、ECM—受体相互作用、MAPK 信号通路及糖酵解通路, 构成“信号传导驱动 + 能量代谢保障”的生长调控网络; 肝脏代谢组筛选得到 270 个差异代谢物, 抗坏血酸和醛酸代谢等抗氧化防御通路整体上调, 不饱和脂肪酸生物合成、苯丙氨酸代谢通路呈下调趋势。本研究表明 1.13 kg/m<sup>3</sup> 为草鱼集约化养殖的适宜密度, 揭示了中密度条件下草鱼通过缺氧适应、生长信号调控及抗氧化防御激活实现生长优势的分子机制, 可为草鱼健康养殖的密度精细化管理、生长性状育种靶点挖掘提供理论支撑, 服务水产种业与养殖业高质量发展。

**关键词:** 草鱼; 密度胁迫; 抗逆; 生理响应; 健康养殖

**资助项目:** 农业生物育种重大专项 (2023ZD0405501)。

通讯作者: 许建, 研究员, 水产生物遗传育种, E-mail: xuj@cafs.ac.cn

## 转录组分析揭示蓝光诱导大口黑鲈生长性能提升的潜在分子机制

孙文政<sup>1</sup>, 郭星星<sup>1</sup>, 许建<sup>1</sup>, 周林燕<sup>1</sup>, 吴忧<sup>1\*</sup>

1. 中国水产科学研究院渔业工程研究所, 北京 100071

**摘要:** 光环境调控是水产养殖提质增效的重要途径, 其中蓝光对多种鱼类具有促生长作用, 但其从信号感知到生长表现的跨组织分子机制尚不明确。为此, 本研究以大口黑鲈为模型, 设置白光 (W)、蓝光 (B)、绿光 (G)、橙光 (O) 和红光 (R) 五组进行为期 90 天的养殖, 并通过酶联免疫吸附 (EIA)、转录组测序、生物信息学及蛋白互作网络分析等方法系统研究蓝光照射促生长的分子机理。结果显示, 蓝光照射自第 60 天起显现促生长优势, 至第 90 天体重显著高于白光对照组, 且伴随肝体比升高。EIA 分析表明, 蓝光显著提高了雌雄个体生长激素 (GH) 和胰岛素样生长因子 1 (IGF1) 的水平。肌肉转录组分析发现, 蓝光照射下调了肌肉生长抑制素 (*mstnb*) 及泛素-蛋白酶体系统 (UPS) 关键基因的表达。通路富集分析揭示, 蓝光在脑中主要影响神经活性配体-受体相互作用及 MAPK 信号通路, 在肌肉中则富集于 PPAR 信号通路等代谢与收缩相关通路。综上, 本研究构建了蓝光信号从脑感知到肌肉效应协同调控生长的潜在分子网络, 为光环境在水产养殖中的精准应用提供了理论依据。

**关键词:** 大口黑鲈; 蓝光照射; GH/IGF1; 转录组

资助项目: 国家重点研发计划项目 (2023YFD2400300); 国家自然科学基金重大项目 (32293253); 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 (2023XT0201、2024XT0102、2023HY-ZC008)

\*通信作者, 吴忧, 助理研究员, 主要从事鱼类遗传育种

E-mail: youwu@cafs.ac.cn

## **Integrated transcriptomic and metabolomic analyses reveal metabolic reprogramming and energy allocation strategies in spotted sea bass *Lateolabrax maculatus* under cold stress**

Wei Cao<sup>1,2</sup>, Mingyi Zhang<sup>1,2</sup>, Nan Wu<sup>1,2</sup>, Haiying Han<sup>1,2</sup>, Tao Yu<sup>1,2</sup>, Bo Li<sup>1,2</sup>,  
Chunnuan Zhao<sup>1,2</sup>, Liqun Ren<sup>1,2</sup>, Yanxin Zheng<sup>1,2,\*</sup>

1. Changdao Enhancement and Experiment Station, Chinese Academy of Fishery Science, Yantai, 264000, China

2. Island and Reef Fishery Research Center, Chinese Academy of Fishery Science, Yantai, 264000, China

**Abstract:** Low temperature is a major environmental stressor that severely affects the physiology and survival of marine fish. However, the molecular mechanisms underlying cold stress responses in spotted sea bass *Lateolabrax maculatus* remain poorly understood, particularly from a multi-omics perspective. Here, integrated transcriptomic and metabolomic analyses were performed to systematically investigate hepatic responses to acute cold stress (8 °C). Transcriptomic analysis identified 4,116 differentially expressed genes, with significant upregulation of genes involved in energy metabolism (e.g., *PCK1*) and protein quality control (e.g., heat shock proteins), and marked suppression of immune-related and transmembrane transport genes. Metabolomic profiling revealed 824 differential metabolites, with lipid metabolites accounting for the largest proportion, followed by amino acids and their derivatives. Enrichment analyses indicated activation of glycolysis/gluconeogenesis, the pentose phosphate pathway, and lipid metabolism under cold stress. Integrated multi-omics analysis demonstrated strong coordination between transcriptional and metabolic reprogramming, highlighting key pathways such as glycolysis/gluconeogenesis, glycerophospholipid metabolism, arginine and proline metabolism, and PPAR signaling. A correlation network revealed a dominant downregulation module enriched for immune-related hub genes, suggesting an energy conservation strategy. Overall, *L. maculatus* responds to cold stress through enhanced energy production, lipid remodeling, activation of proteostasis mechanisms, and suppression of immune functions. These findings provide novel insights into cold adaptation and theoretical support for breeding cold-resistant strains in aquaculture.

**Keywords:** *Lateolabrax maculatus*; cold stress; transcriptomics; metabolomics; metabolic reprogramming

---

资助项目：中国水产科学研究院中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金（2024XT0202）

\*通讯作者，郑言鑫，副研究员，主要从事水产生物种质资源收集、保护与遗传育种

E-mail: zhengyanxin1989@163.com

## Mstnb 在尼罗罗非鱼肝脏多不饱和脂肪酸合成中的功能研究

全淇瑞<sup>1</sup>, 吴忧<sup>1</sup>, 王德寿<sup>2</sup>, 许建<sup>1</sup>, 周林燕<sup>1\*</sup>

1. 中国水产科学研究院渔业工程研究所, 北京 100141;

2. 西南大学生命科学学院, 重庆 400715

**摘要:** 多不饱和脂肪酸 (Polyunsaturated fatty acids, PUFA) 对人体健康至关重要, 其在保护心血管、促进大脑发育等方面发挥着关键作用。近年来研究发现, 肌肉生成抑制素 (Myostatin, Mstn) 敲除能够上调哺乳动物肌肉和皮下脂肪 PUFA 含量, 但其对肝脏 PUFA 代谢的影响及机制尚不清楚。本研究利用 *mstnb* 敲除尼罗罗非鱼 (*Oreochromis niloticus*) 模型, 综合运用转录组、代谢组以及各类分子实验探究 *mstnb* 在肝脏 PUFA 合成中的潜在作用。结果显示, 12 月龄 *mstnb*<sup>-/-</sup> 罗非鱼肝脏 PUFA 含量较野生型显著上调。转录组分析表明, 敲除组共有 2633 个基因差异表达 (1641 上调、992 下调), 富集于脂肪酸合成相关通路 (如 PPAR)。其中, PUFA 合成关键酶基因 *fads2* 和 *elovl5*, 以及脂肪酸合成核心调控转录因子 *srebf1* 的表达均显著上调。荧光原位杂交证实 *mstnb*、*fads2* 与 *srebf1* 在肝细胞中共定位, 提示 *mstnb* 缺失可能通过上调 *srebf1* 进而激活 *fads2* 的转录, 促进 PUFA 合成。综上, 本研究证实 *mstnb* 基因敲除能够显著上调罗非鱼肝脏 PUFA 合成水平, 并初步揭示了 *mstnb* 调控罗非鱼肝脏 PUFA 合成的潜在分子机制, 研究结果可为提升罗非鱼体内有益脂肪酸含量提供一定理论依据。

**关键词:** *mstnb*; 尼罗罗非鱼; 多不饱和脂肪酸

---

资助项目: 国家自然科学基金 (32573479、32403005、32293253); 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 (2023TD24、2026XT0501、2023XT0201、2024XT0102、2023HY-ZC008)

\*通信作者, 周林燕, 研究员, 主要从事鱼类遗传育种

E-mail: yanlinzhou916@126.com

## Effects of Different Drying Methods on Amino Acids, Sterols, Macroelements and Trace Elements in *Hippocampus erectus*

Liu Xuange<sup>1,2</sup>, Huang Chenlei<sup>2</sup>, Li Chengtian<sup>2</sup>, Lu Danqi<sup>2</sup>, Zhang Yong<sup>2</sup>, Huang Xianpei<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> Shanwei Marine Industry Institute, Shanwei Polytechnic, Shanwei 516600, China.

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

**Abstract:** Seahorses are precious medicinal source animals, so the significant demand for high quality seahorse products has motivated us to adopt appropriate processing methods to improve its nutritional quality. In this reasarch, the effects of three drying methods, namely, hot air drying (HAD), sun drying (SD) and freeze drying (FD) on amino acids, sterols, macroelements and trace elements were determined in seahorses. The results showed that FD could effectively inhibit the degradation and loss of amino acids, significantly enrich most essential amino acids, maximally preserve sterols, and exhibit an excellent retention effect on core mineral elements such as Ca, P, Fe and Zn. SD facilitated the accumulation of characteristic amino acids including serine and glutamic acid, and effectively retained macroelements (Na and Mg) as well as several specific trace elements, but induced severe losses of sterol components. HAD exhibited significant thermal damage, causing substantial losses of amino acids and sterols in seahorses and resulting in a low overall nutrient retention level. In conclusion, FD could effectively retain the core nutrients and active components of seahorses, suggesting it a suitable drying technology for high quality seahorse processing.

**Keywords:** Drying, Seahorses, Amino acids, Sterols, Trace elements

---

资质项目：广东省普通高校特色创新项目(2023KTSCX352); 汕尾职业技术学院重大科研项目(2025XJXM031)

\*通讯作者，黄献培，副教授，主要从事水产生态养殖与种质繁育

E-mail: xianpeihuang@163.com

## Identification of genes related to rapid growth of giant grouper based on self-cross population of hulong hybrid grouper

ZENG Leilei<sup>1</sup>, WANG Tong<sup>1</sup>, WEI Qichuang<sup>1</sup>, TAO Yuhao<sup>1</sup>, CHANG Leyi<sup>1</sup>, ZHAO Yanzhao<sup>1</sup>, MENG Zining<sup>1,2</sup>, YANG Yang<sup>3\*</sup>, LIU Xiaochun<sup>1,2\*</sup>

1. School of Life Sciences, Sun Yat-Sen University, Guangzhou 510275, PR China.

2. China-ASEAN Belt and Road Joint Laboratory on Mariculture Technology, Guangzhou 510275, PR China.

3. Hainan Chenhai Aquatic Co., Ltd., Sanya 572024, China

**Abstract:** Growth is a key genetic improvement target in aquaculture. The giant grouper (*Epinephelus lanceolatus*), the largest and fastest-growing grouper species, is an important aquaculture species and also an ideal male parent in grouper hybrid breeding, such as hulong hybrid grouper (*E. fuscoguttatus* ♀ × *E. lanceolatus* ♂). However, the genetic basis of this rapid growth is unclear. In this study, we established a hulong hybrid grouper self-cross population, observing significant growth segregation. Using Bulk Segregant Analysis (BSA) and RNA-seq on extreme growth groups, we identified a significant growth-related quantitative trait locus (QTL) on chromosome 2, containing 23 candidate genes and 5 growth-correlated non-synonymous SNPs. Transcriptome analysis revealed 4074 differentially expressed genes. Integrating these results, we identified three critical genes: *iqgap1*, *mex3b*, and *ndufs3*, involved in cell proliferation, embryonic development, and energy metabolism, respectively. Their expression patterns further supported their association with giant grouper's rapid growth. Our findings provide crucial insights into giant grouper growth mechanisms and valuable molecular markers for grouper breeding.

**Keywords:** giant grouper; growth; hybrid

---

资助项目: 国家自然科学基金(U22A20531, 32273132); 国家海水鱼产业技术体系(CARS-46); 广东省特支计划领军人才项目(NYLJ2024002); 南方海洋科学与工程广东省实验室(珠海)资助项目(SML2024SP001)

\*通讯作者, 刘晓春, 教授, 主要从事鱼类生殖生理与遗传育种研究,  
mail: lsslxc@mail.sysu.edu.cn

## 性腺基质组与黄鳢性转变相关联

甘日平, 范淼, 张利红, 张为民\*

中山大学生命科学学院, 广东 广州 510275

**摘要:** 基质组是指生物体基因组中编码构成细胞外基质或与细胞外基质相互作用的蛋白质的完整基因列表。性腺细胞外基质对卵泡和精子发生都至关重要。本研究基于同源比对方法鉴定了黄鳢基质组组成, 并结合蛋白质组、转录组和定量 PCR 数据分析了基质组基因在黄鳢性转变性腺中的表达变化。在黄鳢基因组中鉴定到 838 基质组基因, 其中在黄鳢卵巢 (F)、间性早期性腺 (EI)、间性中期性腺 (MI) 和间性晚期性腺 (LI) 表达的基质组基因数量分别为 482, 443, 429, 和 570 个。在黄鳢不同的性别阶段都存在差异表达的基质组基因 (DEMGs), 这些差异基因分布于各个细胞外基质类别中。与雌性阶段对比, 间性早期性腺中剧烈上调的基质组基因包括 *adam8a*, *mmp9*, 和 *s100a11*, 而下调的基质组基因包括 *col4a5*, *coll5a1b*, *clec3ba*, *fl3a1*, 和 *ccl44*。定量 PCR 分析进一步证实了上述基因表达水平变化。本研究发现很多基质组基因表达水平在黄鳢启动性转变时呈现明显变化, 特别是 3 个细胞外基质调节基因 *adam8a*, *mmp9*, 和 *fl3a1*, 提示黄鳢性腺组织此时发生了激烈的重构, 包括卵巢组织的退化和精巢组织的萌发, 这些组织重构推动了性转变进程。本研究所获得的黄鳢性腺基质组基因表达数据将有助于进一步揭示基质组基因在黄鳢以及其它脊椎动物性腺分化发育中的功能。

**关键词:** 黄鳢; 性腺; 基质组; 细胞外基质; 性转变

---

资助项目: 国家重点研发计划项目 (2024YFD2401501 和 2018YFD0900203) 和国家自然科学基金项目 (32072956 和 31672638)

\*通讯作者, 张为民, 男, 博士, 教授, 博士生导师, 主要从事鱼类生殖生理学研究; Tel: 13022003491; Email: lsszwm@mail.sysu.edu.cn

## The gonadal matrisome and its correlation with sex change in the ricefield eel *Monopterus albus*

GAN Riping, FAN Miao, ZHANG Lihong, ZHANG Weimin\*

*School of Life Sciences, Sun Yat-sen University, Guangzhou, 510275, China*

**Abstract:** The matrisome is a comprehensive list of genes in the genome of an organism, which encodes proteins constituting or interacting with the extracellular matrix (ECM). The gonadal ECM is important for folliculogenesis and spermatogenesis. This study characterized the composition of the matrisome and the expression of matrisome genes in the gonad of ricefield eel, a protogynous sex-changing teleost, during sex change. A total of 838 matrisome genes were identified in the genome of ricefield eel through an in-silico orthology-based approach, of which 482, 443, 429, and 570 matrisome genes were shown to be expressed in the gonads of female (F), early intersexual (EI), mid-intersexual (MI), and late intersexual (LI) fish, respectively. Differentially expressed matrisome genes (DEMGs) were observed across all the sexual stages as well as in each category of ECM components. Analysis of DEMGs in the comparison between EI and F revealed dramatic upregulation of *adam8a*, *mmp9*, and *s100a11* while downregulation of *col4a5*, *coll5a1b*, *clec3ba*, *f13a1*, and *ccl44*, which were further confirmed by qPCR analysis. Together, these findings revealed significant changes in the expression of many matrisome genes, particularly three regulator genes, *adam8a*, *mmp9* and *f13a1*, as female ricefield eels initiate sex change, suggesting that gonadal tissues undergo dramatic remodeling involving the regression of ovarian tissues and the development of testicular tissues to facilitate this process. These data provide valuable resources for further unraveling the roles of matrisome genes in gonadal development of ricefield eel and other vertebrates.

**Keywords:** *Monopterus albus*; gonad; matrisome; extracellular matrix; sex change

---

资助项目：国家重点研发计划项目（2024YFD2401501 和 2018YFD0900203）和国家自然科学基金项目(32072956 和 31672638)

\*通讯作者，张为民，男，博士，教授，博士生导师，主要从事鱼类生殖生理学研究；Tel: 13022003491；Email: lsszwm@mail.sysu.edu.cn

## 神经坏死病毒感染斑马鱼模型及其早期神经与髓鞘损伤特征

高杰, 何建国\*\*, 谢俊锋\*

水产动物疫病防控健康养殖全国重点实验室, 中山大学生命科学学院, 广东广州 510275

**摘要:** 神经坏死病毒 (nervous necrosis virus, NNV) 是引起多种海水及淡水鱼类病毒性神经坏死病的重要病原, 主要侵害中枢神经系统和视网膜, 可造成幼鱼异常游动和高死亡率。然而, 目前用于解析 NNV 早期神经致病过程的活体模型仍较有限。本研究以 4 日龄斑马鱼幼体为研究对象, 通过浸浴感染建立 NNV 早期感染模型, 并系统评价病毒复制、行为异常、神经组织病理变化以及少突胶质细胞和髓鞘损伤特征。首先, 将斑马鱼幼体暴露于不同滴度的 OGNNV-HN1 毒株, 确定感染后 12 h 的半数致死浓度约为  $1.43 \times 10^5$  TCID<sub>50</sub>/mL。在此基础上, 采用该浓度浸浴感染 4 h, 洗涤后分别于 0、4、8 和 12 h 进行采样。绝对定量 PCR、实时荧光定量 PCR 和 Western blot 结果显示, NNV CP 和 RdRp 基因拷贝数及 CP 蛋白水平随感染时间持续升高, 表明病毒能够在斑马鱼幼体中进行有效复制。感染幼体组织匀浆可在易感鱼细胞中引起典型细胞病变, 并可回收具有感染性的病毒, 进一步证实模型中形成了完整的病毒感染过程。行为学分析显示, 感染后期斑马鱼出现运动轨迹紊乱和活动模式异常。组织学与超微结构观察发现, 感染幼体脑、视网膜及脊髓出现不同程度的病理损伤, 脑组织线粒体发生肿胀和嵴断裂, 脊髓髓鞘结构表现为髓鞘层松散和排列紊乱。进一步利用 Tg(olig2:DsRed2) 转基因斑马鱼进行荧光成像和流式细胞分析, 发现感染后 olig2 阳性神经谱系细胞比例及荧光信号明显下降, 同时髓鞘形成和少突胶质细胞分化相关基因表达受到抑制。转录组分析进一步提示, NNV 感染可引起抗病毒免疫、炎症反应、氧化应激及细胞死亡相关通路的显著改变。综上, 本研究建立了一个具有病毒复制、神经行为异常和髓鞘损伤等特征的斑马鱼 NNV 早期感染模型, 为解析 NNV 神经致病机制、宿主抗病毒反应及筛选潜在干预药物提供了有效的活体研究平台。

**关键词:** 神经坏死病毒; 斑马鱼; 神经损伤; 少突胶质细胞; 髓鞘

资助项目: 国家现代农业产业技术体系专项资金 (CARS-46); 国家自然科学基金项目 (32573563、32273174、31972825); 广东省科技计划项目 (2023B1212060023)。

通讯作者: 何建国, 教授; 谢俊锋, 副教授, 主要从事水产动物免疫学与病原学基础研究

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

## ***scd* 敲除通过抑制脂质合成降低草鱼脂质沉积**

宋亚康<sup>1</sup>, 杨浩<sup>1</sup>, 张勇<sup>1</sup>, 卢丹琪<sup>1,\*</sup>

1. 中山大学生命科学学院, 广东广州 510275

**摘要:** 硬脂酰辅酶 A 去饱和酶 (SCD) 是脂肪酸去饱和及甘油三酯合成的关键酶, 但其在草鱼体内调节脂质沉积中的功能及机制尚未明晰。本研究以草鱼肝脏细胞系 L8824 和 CRISPR/Cas9 构建的 F0 代 *scd* 敲除草鱼为对象, 结合过表达、siRNA 敲降、组织学、生化检测及转录组-代谢组-肠道微生物组分析进行验证。体外实验表明, *scd* 过表达显著上调脂质合成基因 *acc*、*fas* 的表达, 在 50  $\mu$ M 油酸诱导下促进脂滴扩张和 TG 蓄积; *scd* 敲降显著抑制 *acc*、*fas* 基因表达并降低富脂条件下甘油三酯含量, 提示 *scd* 主要通过脂质合成通路驱动肝细胞脂肪沉积。通过 CRISPR/Cas9 在体敲除实验, 获得 102 尾 F0 代 *scd* 嵌合体, 阳性率 47.01%, 基于 TIDE 估计突变效率为 20%-80%。与对照组相比, KO-*scd* 草鱼增重率、体长增长率和体高增长率均降低; 同时血清甘油三酯、肝脏甘油三酯、肝脏油红 O 阳性面积、全鱼粗脂肪含量和内脏脂肪细胞面积均显著下降。KO-*scd* 组 ALT、TC、HDL-C、LDL-C、LDH 及肝脏 T-AOC、CAT、SOD 无显著变化, 嗜水气单胞菌攻毒后总体存活率与对照组无显著差异。多组学结果显示, *scd* 敲除一方面上调脂质外排基因 *abca1* 并促进胆固醇硫酸酯等外排相关代谢物积累, 另一方面下调 *dgat1*、*elovl2*、*acsm3* 并减少二十碳烯酸等单不饱和脂肪酸生成; 肠道菌群  $\alpha$ 多样性未显著改变, 但群落结构发生重构。综上, *scd* 是草鱼脂质合成与脂肪沉积的关键正调控基因, 靶向调控 *scd* 可为草鱼脂肪沉积性状改良提供候选分子靶标, 但其生长抑制效应提示后续应用需优化调控强度。

**关键词:** 草鱼; *scd*; 脂质沉积; 基因编辑; 多组学

---

\* 通讯作者, 卢丹琪, 副教授, 主要从事水生经济动物良种繁育与健康养殖;

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

资助项目: 农业生物育种重大专项(2025ZD0408100)

## The pangenome of *Acanthopagrus* provides genomic variation evidence for genetic diversity

Yan Hu<sup>1</sup>, Wenhao Wang<sup>1</sup>, Hao Wang<sup>1</sup>, Zhanyuan Gao<sup>1</sup>, Xinru Zhu<sup>1</sup>, Yuchen Yang<sup>3,\*</sup>,  
and Jianguo Lu<sup>1,2,4,\*</sup>

<sup>1</sup> School of Marine Sciences, Sun Yat-sen University, Zhuhai, China

<sup>2</sup> Southern Marine Science and Engineering Guangdong Laboratory (Zhuhai), Zhuhai, China

<sup>3</sup> School of Ecology, Sun Yat-Sen University, Shenzhen, China

**Abstract:** *Acanthopagrus* species are ecologically and economically important sparid fishes with strong environmental adaptability. To characterize genomic architecture underlying their adaptation and phenotypic diversity, a population-scale survey of intraspecific variation in yellowfin seabream (*A. latus*) was conducted using whole-genome resequencing data from 80 wild individuals. Among the genomic variations identified, structural variations (SVs) contribute disproportionately high to genomic diversity, defining 11,463 variable genes associated with immunity, ion transport, and environmental adaptation. Compared to the core genes with conserved functions in basic metabolism, these variable genes exhibit lower expression levels but higher transcriptional variance. Furthermore, a pangenome graph for *Acanthopagrus* species identifies a 24-bp deletion in the *gch2* promoter of blackhead seabream (*A. schlegelii*) as a candidate variant for the loss of xanthophore pigmentation. This deletion disrupts a conserved motif, potentially impairing Pax7a-mediated regulation. These findings uncover genetic mechanisms driving adaptation and phenotypic divergence in *Acanthopagrus* species with high aquaculture values.

**Keywords:** *Acanthopagrus* species, pangenome, genomic variation, *gch2*

---

资助项目：金湾黄立鱼种业体系研发能力建设项目（K20-42000-018），南方海洋科学与工程广东实验室（珠海）创新团队项目（311021006），国家自然科学基金（31902427）。

\*通讯作者，卢建国，男，博士，教授，博士生导师，主要从事海洋生态基因组，海洋生物基因组资源开发与利用，海洋生物组学大数据，种群遗传学和进化基因组学和鱼类性别差异机制，E-mail: lujianguo@mail.sysu.edu.cn.

## Development of CRISPR/Cas9 based precision genome editing tools in grouper *in vitro* and *in vivo*

Zeming Zhang<sup>#</sup>, Zehong Su<sup>#</sup>, Wenjie Cheng, Rui Zheng, Jie Gao, Jianguo He, Junjiu Huang<sup>\*</sup>, Junfeng Xie<sup>\*</sup>

<sup>a</sup> State Key Laboratory of Biocontrol, MOE Key Laboratory of Gene Function and Regulation, Southern Marine Science and Engineering Guangdong Laboratory (Zhuhai), China-ASEAN Belt and Road Joint Laboratory On Mariculture Technology, MARA Specialized Laboratory of Aquatic Animal Diseases, School of Life Sciences, Sun Yat-Sen University, Guangzhou 510275, China

**Abstract :** The clustered regularly interspaced short palindromic repeats (CRISPR)/CRISPR-associated protein 9 (Cas9) system has facilitated the development of sophisticated genetic manipulation tools across diverse species. Its adoption in aquaculture species, particularly economically important marine fish, remains underutilized. This study reports the first successful application of CRISPR/Cas9-mediated genome editing in grouper. We successfully edited several genome sites of different genes including *tyr*, *mstn*, *hsc70*, and *hsp90* in Orange-spotted grouper (*Epinephelus coioides*) GS cells using an integrated Cas9-gRNA plasmid system. Homozygous knock-out cell lines *hsc70*<sup>-/-</sup> and *hsp90*<sup>-/-</sup> were successfully obtained and exhibited significantly enhanced virus resistance. To facilitate precise gene editing, we further evaluated multiple base editors (BEs) in GS cells. Among these candidates, ABE8e and Td-BE4max demonstrating superior performance. We further evaluated the activity of Cas9 nuclease and BEs in hybrid grouper (*E. lanceolatus*♂ × *E. fuscoguttatus*♀) embryos via microinjection. By targeting *tyr* gene, the pigmentation defects in ocular and trunk regions of larvae were observed 4 days post fertilization across all tested groups, confirming successful *tyr* gene disruption. Collectively, our findings establish a highly efficient genome editing toolkit for grouper, this technical breakthrough will undoubtedly advance functional genomics research and accelerate the breeding of superior aquaculture strains.

**Key words:** CRISPR/Cas9, genome editing, base editor, grouper, nervous necrosis virus

资助项目：2025 年度广东省支持国家重点实验室省级专项资金；广东省科技计划(2024B1111130003; 2023B1212060023)；国家大宗淡水鱼产业技术体系(CAR-46)；国家自然科学基金(32573563; 32273174 and 31972825)；南方海洋科学与工程广东省实验室（珠海）项目（SML2024SP003）

\* 通讯作者：黄军就，教授，基因编辑技术应用与哺乳动物胚胎早期发育，hjunjiu@mail.sysu.edu.cn (J. Huang)；谢俊锋，副教授，水产动物免疫与疫病防控，xiejf@mail.sysu.edu.cn (J. Xie)

## Phylogenetic conservation and reorganization of brain cell types across vertebrate evolution

Xiao Du, Wenguang Yuan, Xiaowei Zang, Qi Yang, Lidong Guo, Manfred Scharl\*,

Qun Liu\*, Jianguo Lu\*, Songlin Chen\*

*School of Marine Sciences, Sun Yat-sen University 518092*

**Abstract:** The cellular and molecular basis for the structural and functional diversity of the vertebrate brain remains poorly understood. To address this, we integrated single-cell transcriptomic atlases from 13 species spanning 500 million years of vertebrate evolution, capturing key lineages with divergent brain architectures. We demonstrate that major brain cell classes share a deeply conserved molecular architecture maintained throughout vertebrate diversification, with whole-genome duplication fueling genetic novelty. At finer resolution, we identified evolutionarily conserved orthotypes across neuronal and glial classes. Notably, the neurogenic glial progenitor oEG3 is retained in adult anamniotes but marginalized in amniotes, with its gene expression program defining a conserved Evo-Devo module during neurogenesis. Furthermore, circuit analysis revealed that while GABAergic diversity is built upon ancient transcriptional ground plans, telencephalic glutamatergic populations underwent profound regulatory reorganization. Our findings establish a conserved cellular framework underlying vertebrate brain evolution, driven by the reorganization of regulatory programs, repurposing of duplicated genes, and alterations in neurogenic potential.

**Key words:** Vertebrate brain, cell type evolution, Evo-Devo

---

\*通讯作者，卢建国，男，博士，教授，博士生导师，主要从事海洋生态基因组，海洋生物基因组资源开发与利用，海洋生物组学大数据，种群遗传学和进化基因组学和鱼类性别差异机制，E-mail: lujianguo@mail.sysu.edu.cn.

## **Fish SIK2 drives antiviral synergy by activating TBK1-related and NF- $\kappa$ B signaling to restrict OGNNV infection *via* phase separation**

Junzhe Zhang<sup>1</sup> Jie Gao, Jianguo He<sup>\*\*</sup>, Junfeng Xie<sup>\*</sup>

State Key Laboratory of Biocontrol (Sun Yat-sen University), School of Life Sciences, Sun

Yat-sen University, Guangzhou 510275, Guangdong, China

**Abstract:** Salt-inducible kinase 2 (SIK2), a member of the AMPK family, has been extensively studied in metabolic and tumor-associated signaling, whereas its role in antiviral immunity, particularly in teleost fish, remains poorly understood. Here, we identified *Epinephelus coioides* SIK2 (EcSIK2) as a virus-responsive host restriction factor against orange-spotted grouper nervous necrosis virus (OGNNV). Gain- and loss-of-function assays demonstrated that EcSIK2 suppresses viral replication in grouper spleen (GS) cells. Mechanistic studies demonstrate that EcSIK2 coordinates inflammatory and interferon-associated antiviral signaling pathways.

Notably, EcSIK2 harbors extended intrinsically disordered regions (IDRs) that facilitate liquid-liquid phase separation (LLPS)-mediated formation of membraneless condensates. Truncation analyses revealed that both the kinase domain and the phase-separation-dependent region (PG) are required for full antiviral activity. Cross-species comparisons highlight substantial divergence in SIK2 IDRs among fish species. Together, these findings establish EcSIK2 as a LLPS-associated host restriction factor against OGNNV and suggest that evolutionary diversification of SIK2 disordered regions may shape antiviral signaling capacity in teleost immune systems.

**Keywords:** *sik2*, NNV, NF- $\kappa$ B/TBK1-IRF3 signaling, liquid-liquid phase separation

---

**资助项目:** 国家现代农业产业技术体系专项资金 (CARS-46); 国家自然科学基金项目 (32273174、31972825); 广东省科技计划项目 (2023B1212060023)。

**通讯作者:** 何建国, 教授; 谢俊锋, 副教授, 主要从事水产动物免疫学与病原学基础研究

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

## 斜带石斑鱼 ZNFX1 作为新型核酸受体抑制 NNV 增殖的机制研究

郑瑞, 何建国, 谢俊锋\*

水产动物疫病防控健康养殖全国重点实验室, 中山大学生命科学学院, 广东 广州 510275

**摘要:** 病毒性神经坏死病 (viral nervous necrosis, VNN) 是神经坏死病毒 (nervous necrosis virus, NNV) 引起的一种流行性鱼类疾病, 对水产养殖业危害严重。仔稚鱼的获得性免疫系统发育不完善, 主要依赖 RIG-I 样受体 (RIG-I-like receptor, RLRs) 介导的先天性免疫信号通路抵御 NNV 的入侵, 但多种辐鳍亚纲硬骨鱼不具有传统的双链 RNA (dsRNA) 受体 RIG-I。因此, 探寻鱼类新型 dsRNA 受体和探究先天性免疫系统与 NNV 之间的相互博弈对于 NNV 的防治尤为重要。

本研究聚焦于斜带石斑鱼含锌指 NFX1 型 1 蛋白 (zinc finger NFX1-type containing 1, ZNFX1) 能否作为新型核酸受体补充 RIG-I 的抗病毒作用, 揭示其抑制 NNV 复制的分子机制, 以期对 NNV 的防治提供理论基础和新策略。前期研究发现 EcZNFX1 在 OGNNV 感染的细胞和组织中均显著上调, 在鳍条、脑和脾脏中表达量较高。过表达或敲低实验表明, EcZNFX1 可显著抑制 OGNNV 增殖, 抗病毒能力强于 EcMDA5。截断突变体验证显示, 其 N 端和 P-loop 核苷三磷酸水解酶结构域为抗病毒关键结构域, 且可通过 P-loop 结构域结合病毒 dsRNA 中间体。机制研究发现, EcZNFX1 在不同细胞中发挥异质抗病毒作用: 在对 NNV 更敏感且再生能力较弱的 GB 细胞中, EcZNFX1 显著抑制了 I 型干扰素 (type I interferon, IFN-I)、干扰素刺激基因 (interferon-stimulated genes, ISGs) 的表达以及 OGNNV 感染引起的细胞焦亡, 这种对抗病毒免疫反应的精确调节可以保护神经元免受过度免疫反应的影响; 在 GS 细胞中, 其通过 N 端和 ZF 结构域与 TBK1 互作, 经非 MAVS 依赖途径激活 TBK1-IRF3-IFN-I 信号轴发挥抗病毒作用。

综上, 本研究鉴定出石斑鱼新型 dsRNA 受体 EcZNFX1, 明确了其抗病毒关键结构域及异质作用机制, 证实其可补充 RIG-I 的功能缺失, 为 VNN 的防控提供了理论依据和新靶点。

**关键词:** 神经坏死病毒, ZNFX1, 核酸受体, 先天性免疫

**资助项目:** 国家现代农业产业技术体系专项资金 (CARS-46); 国家自然科学基金项目 (32573563、32273174、31972825); 广东省科技计划项目 (2023B1212060023)。

\*通讯作者: 谢俊锋, 副教授, 主要从事水产动物免疫学与病原学基础研究

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

## 尖塘鳢良种创制与性控、配合饲料适配育种技术研究

樊佳佳<sup>1,2</sup>, 马冬梅<sup>1,2,\*</sup>, 田园园<sup>1,2</sup>, 朱华平<sup>1,2</sup>, 钟再选<sup>1,2</sup>, 张鑫<sup>1,2</sup>

1. 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;

2. 广东省水产动物免疫与绿色养殖重点实验室, 广东广州 510380

**摘要:** 尖塘鳢（笋壳鱼）是珠三角及东南亚地区的名优淡水养殖鱼类。但其缺乏良种，当前产业存在苗种培育难度大、雌雄生长差异大、活饵或冰鲜饵料养殖污染严重等核心痛点。项目组自 2007 年起开展笋壳鱼良种培育产学研联合攻关。以经 4 代群体选育的云斑尖塘鳢（泰国笋壳鱼）为母本、4 代选育线纹尖塘鳢（澳洲笋壳鱼）为父本，杂交创制新品种“珠泮 1 号”，该杂交种具备显著超亲生长优势，生长速度较母本、父本分别提升 28.57%、25.83%，体色均匀、耐运输、商品性状优良，并建立标准化人工杂交制种流程。针对雌雄生长二态性难题，完成线纹尖塘鳢 985.04 Mb 高质量参考基因组组装，锁定 2 号染色体 38 Mb 性别决定核心区段，明确笋壳鱼 ZW 性别决定系统。建立雌激素诱导 ZZ 遗传雄鱼性逆转获得伪雌鱼的性控技术，ZZ 伪雌鱼与正常 ZZ 雄鱼交配可规模化获得全雄尖塘鳢后代。针对饲料驯化难题，明确 4 cm 苗种为最佳驯食窗口期，建立梯度鱼糜 - 沉水颗粒饲料驯化工艺，养殖对比试验表明，杂交笋壳鱼饲喂专用配合饲料饵料系数仅 1.61，远低于活鲮鱼组 4.26。后续将依托基因组选择育种持续改良饲料转化效率，推进全雄苗种产业化，构建良种繁育、配合饲料、集约化养殖一体化可持续笋壳鱼产业体系。

**关键词:** 尖塘鳢；杂交育种；性控制种；配合饲料

**资助项目:** 广东省现代农业产业技术体系创新团队建设项目(2024CXTD26)、广东省基础与应用基础研究基金区域联合基金项目(2024A1515140153)、广州市农村科技特派员项目(2024E04J1229)和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(2023TD37)共同资助。

\* 通讯作者: 马冬梅, 研究员, E-mail: mdm@prfri.ac.cn。

## 罗氏沼虾 *Mrpiwi2* 基因的表达特征、功能分析及 CRISPR/Cas9 基因编辑研究

于凌云<sup>1\*</sup>, 黄雅怡<sup>1,2</sup>

1. 中国水产科学研究院珠江水产研究所, 广东广州 510380;

2. 上海海洋大学, 上海浦东新区 201306

**摘要:** 罗氏沼虾 (*Macrobrachium rosenbergii*) 是我国重要的淡水经济虾类, 具有生长快、个体大和经济价值高等特点, 但其生殖发育及性别调控机制仍有待深入解析。PIWI 家族蛋白是 piRNA 通路的核心效应因子, 在生殖细胞发育、配子形成及基因组稳定性维持中发挥关键作用。本研究以罗氏沼虾 *piwi2* 基因 (*Mrpiwi2*) 为研究对象, 分析其序列特征、表达模式和生物学功能, 并初步建立 CRISPR/Cas9 基因编辑技术体系。本研究克隆获得 *Mrpiwi2* 基因全长 cDNA。结果显示, *Mrpiwi2* cDNA 全长 4997 bp, 开放阅读框为 2721 bp, 编码 906 个氨基酸, 预测蛋白含有 PAZ、DUF1785 和 PIWI 等保守结构域, 具有典型 PIWI 家族蛋白特征。表达分析表明, *Mrpiwi2* 在雌、雄个体性腺中均高表达, 在非性腺组织中表达较低; 其在胚胎及早期发育阶段持续表达, 并在出膜后阶段达到较高水平, 提示其可能参与早期发育及生殖细胞形成。原位杂交结果显示, *Mrpiwi2* mRNA 在精巢中主要定位于精原细胞和初级精母细胞, 在卵巢中主要定位于卵原细胞及初级卵母细胞, 说明其可能参与生殖细胞增殖、分化及配子发生。RNA 干扰实验显示, 沉默 *Mrpiwi2* 后, 罗氏沼虾性腺组织结构异常, 卵巢和精巢发育受到影响, 雌雄比例发生变化并呈偏雄化趋势, 提示 *Mrpiwi2* 在性腺发育及性别分化调控中具有重要作用。此外, 本研究筛选获得具有较高体外切割活性的 sgRNA3, 并通过受精卵显微注射 Cas9/sgRNA 核糖核蛋白复合物, 实现了 *Mrpiwi2* 基因的靶向编辑。综上, 本研究揭示了 *Mrpiwi2* 在罗氏沼虾生殖发育中的表达特征和潜在功能, 为甲壳类功能基因研究、性别调控机制解析及罗氏沼虾遗传改良提供了理论依据和技术参考。

**关键词:** 罗氏沼虾; *piwi2*; RNA 干扰; CRISPR/Cas9; 生殖发育

**资助项目:** 省级现代农业产业技术体系创新团队建设项目 (编号: 2024CXTD25)

\*通讯作者, 于凌云, 副研究员, 主要从事罗氏沼虾遗传育种研究

E-mail: lysnp@163.com

## 抗菌肽 Sparanegtin 对罗氏沼虾生长、抗氧化、免疫及抗病的影响研究

于凌云<sup>1\*</sup>, 涂子康<sup>1,2</sup>

1. 中国水产科学研究院珠江水产研究所, 广东广州 510380;

2. 长江大学, 湖北荆州 434025

**摘要:** 为评估抗菌肽 Sparanegtin (Sp) 对罗氏沼虾 (*Macrobrachium rosenbergii*) 生长、免疫及抗感染能力的影响, 本研究在基础饲料中分别添加 0、0.5、1 和 2 g/kg 抗菌肽 Sparanegtin (Sp), 开展为期 75 d 的养殖实验, 并进一步进行弗氏柠檬酸杆菌 (*Citrobacter freundii*) 感染实验。结果表明, 长期饲喂 Sp 能够改善罗氏沼虾生长性能, 其中 2 g/kg 组 WGR 和 SGR 显著提高 ( $P<0.05$ )。同时, Sp 提高了虾体红度值和黄度值, 并降低部分处理组亮度值, 说明其对体色具有一定改善作用。基因表达结果显示, Sp 在饲喂前期显著上调部分免疫、抗氧化及蜕皮相关基因的表达 ( $P<0.05$ ), 但随着饲喂时间延长, 多数基因表达逐渐趋于稳定。肠道菌群分析表明, Sp 能够调节部分优势菌群的相对丰度, 改善肠道菌群组成, 对维持肠道微生态平衡具有积极作用。感染实验结果显示, Sp 处理组在感染早期具有较高的血淋巴细胞存活率, 并减轻了肝胰腺及肠道组织损伤, 同时增强了部分免疫相关基因在感染初期的表达。综合来看, 综合结果表明, 2 g/kg Sp 在促进生长方面效果最为明显, 而 1–2 g/kg Sp 在增强免疫应答、减轻组织损伤及提高抗感染能力方面均表现出积极作用。综合考虑生长促进和机体健康效应, Sp 在罗氏沼虾饲料中具有良好的应用潜力。但其长期高剂量添加后的生理效应及潜在作用机制仍需进一步研究。本研究表明 Sp 具有作为罗氏沼虾功能性饲料添加剂的应用潜力, 可为抗菌肽替代抗生素在甲壳类健康养殖中的应用提供理论依据。

**关键词:** 罗氏沼虾, 抗菌肽, 弗氏柠檬酸杆菌, 免疫, 抗感染

**资助项目:** 省级现代农业产业技术体系创新团队建设项目 (编号: 2024CXTD25)

\*通讯作者, 于凌云, 副研究员, 主要从事罗氏沼虾遗传育种研究

E-mail: lysnp@163.com

# Integrated morphological, histological, physiological, and metabolomic analyses reveal the role of photoperiod in regulating the growth and molting of juvenile

## *Macrobrachium rosenbergii*

WANG Yakun<sup>1</sup>, HONG Kunhao<sup>1,2</sup>, WEI Jie<sup>1</sup>, ZhOU Qiaoyan<sup>1,3</sup>, HUANG Yayi<sup>1,2</sup>, TU Zikang<sup>1,4</sup>, JIAO Tianhui<sup>1,2</sup>, XU Sikai<sup>1,4</sup>, YU Lingyun<sup>1,\*</sup>

1. Pearl River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Guangzhou 510380

2. College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306

3. College of Fisheries, Jimei University, Xiamen 361021

4. College of Animal Science and Technology, Yangtze University, Jingzhou 434023

**Abstract:** Photoperiod is a critical environmental cue for crustacean growth, yet its regulatory role in early development and molting of juvenile *Macrobrachium rosenbergii* remains unclear. This study examined the effects of varying photoperiods on growth, molting, and hepatopancreatic metabolism. The L24:D0 group exhibited significantly higher survival, weight gain, and specific growth rates than the L12:D12 and L0:D24 groups. Hemolymph levels of 20-hydroxyecdysone (20E) and crustacean hyperglycemic hormone (CHH) increased significantly with longer light exposure ( $P < 0.05$ ), alongside upregulated expression of *CHH*, *ECR*, *HSP70*, *MIH*, and *KRLF* in the L24:D0 group. Under this condition, 20E content correlated positively with RXR and CAN expression. Non-targeted metabolomics revealed differential enrichment of ABC transporters, nucleotide metabolism, and the FoxO signaling pathway, with enhanced glycerophospholipid metabolism — particularly phosphatidylcholine and phosphatidylethanolamine — under long photoperiods. These lipids interacted and participated in autophagy and sugar metabolism. Mantel tests confirmed significant positive correlations between growth performance, photoperiod, and phosphatidylinositol levels ( $P < 0.05$ ). These findings offer a foundation for understanding photoperiod-regulated molting and improving large-scale aquaculture management of *M. rosenbergii*.

**Keywords:** Photoperiod; Growth; Molting; Metabolomics; *Macrobrachium rosenbergii*

**资助项目:** 中国水产科学研究院水科英才培育计划项目(2023CXYC1); 广东省现代农业产业技术体系创新团队项目(2024CXTD25)

\*通讯作者, 于凌云, 副研究员, 主要从事水产动物种质资源评价及利用。

mail: lysnp@163.com

## 甲基法尼酯暴露后红螯螯虾肝胰腺的性别二态性及雌雄同体特异性转录响应

魏捷, 洪坤浩, 王亚坤, 麦庄, 刘付柏, 苏启遥, 徐斯凯, 周巧燕, 焦天慧, 涂子康, 黄雅怡, 于凌云\*

中国水产科学研究院珠江水产研究所, 广东广州 510380;

**摘要:** 红螯螯虾 (*Cherax quadricarinatus*) 具有一种独特的雌雄同体现象——即功能上表现为雄性, 但基因型却为雌性 (ZW 型)。本研究旨在探究急性暴露于甲基法尼酯 (MF) 后, 其肝胰腺在转录组水平上的性别二态性响应, 以期将基因型性别与表型性别解耦。研究发现, 正常雄性优先启动酶促解毒和类固醇生成途径, 而正常雌性则倾向于保守能量以作繁殖准备。值得注意的是, 雌雄同体个体表现出大规模的转录组爆发以及矛盾的激素受体动态变化, 揭示了由内在“基因型-表型”冲突所驱动的脆弱内分泌网络。为了在 MF 引发的严重药理学应激中存活, 雌雄同体个体的肝胰腺会主动抑制溶酶体和细胞凋亡途径, 以防止组织发生灾难性崩溃。相反, 它们通过过度激活氨基酸生物合成、硫传递系统以及缝隙连接, 部署了一套补偿性架构, 以应对蛋白质毒性和氧化应激。共表达网络分析表明, *VCP*、*maf* 和 *hdac8* 是协调这一生存策略的核心调控枢纽, 它们通过维持蛋白质稳态、氧化应激感知以及表观遗传重编程来发挥作用。这些发现重新定义了甲壳类动物的内分泌干扰现象: 这实质上是一场深刻的代谢与表观遗传重编程事件。

**关键词:** 红螯螯虾; 甲基法尼酯; 间性; 转录响应

---

**资助项目:** 中国水产科学研究所级基本科研业务费 (2025SJGG1: 2024SJRC1, 2025XK02); 广东省现代农业产业技术体系 (2024CXTD25)

\*通讯作者, 于凌云, 副研究员, 主要从事水产生物技术与遗传育种

E-mail: lysnp@163.com

## 铜暴露对罗氏沼虾生长、免疫、抗氧化能力及肠道微生物的毒性影响

于凌云<sup>1\*</sup>, 洪坤浩<sup>1,2</sup>

1. 中国水产科学研究院珠江水产研究所, 广东广州 510380;

2. 上海海洋大学, 上海浦东新区 201306

**摘要:** 铜 ( $\text{Cu}^{2+}$ ) 是甲壳类动物必需的微量元素, 但当其环境浓度超过生理需求时, 可能对水生生物产生毒性效应, 从而威胁水产养殖的可持续性和水生生态系统的健康。因此, 本研究以罗氏沼虾为对象, 系统评估了不同浓度水体  $\text{Cu}^{2+}$  (0、0.05、0.1 和 0.15 mg/L) 对罗氏沼虾生长性能、血淋巴指标、组织病理学、抗氧化与免疫相关基因表达及肠道微生物群落的影响。结果表明: 随着水体铜浓度的增加, 罗氏沼虾的增重率, 特定生长率和存活率显著下降。0.05 和 0.1 mg/L 的铜离子处理组中罗氏沼虾的血细胞总数显著低于对照组, 血蓝蛋白浓度则显著高于对照组。组织病理学和超微结构分析发现, 当  $\text{Cu}^{2+}$  浓度超过 0.1mg/L 时会导致鳃和肝胰腺组织出现结构损伤, 包括上皮变形、空泡化、线粒体肿胀和细胞结构破坏。此外, 不同浓度的铜处理组肝胰腺中的抗氧化基因 (CAT 和 SOD) 和免疫相关基因 (AKP 和 TOLL) 的表达量均显著低于对照组。在肠道微生物多样性方面, Sobs 指数随铜浓度升高呈持续下降趋势, 表明高浓度铜暴露可能降低肠道菌群的丰富度。上述结果表明, 过量的铜暴露可能通过诱导氧化应激、免疫失衡、组织损伤和肠道菌群失调, 进而损害呼吸代谢和生理功能, 最终导致罗氏沼虾生长抑制和死亡率升高。本研究为阐明铜对淡水甲壳动物的慢性生态毒理效应提供了新的理论依据, 并为水产养殖环境中重金属污染的生态风险评估提供参考。

**关键词:** 罗氏沼虾; 铜离子毒性; 氧化应激; 先天免疫; 肠道微生物

**资助项目:** 省级现代农业产业技术体系创新团队建设项目 (编号: 2024CXTD25)

\*通讯作者, 于凌云, 副研究员, 主要从事罗氏沼虾遗传育种研究

E-mail: lysnp@163.com

## 鳖科动物比较基因组研究

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

## 鱼类色素细胞发育多样性与视觉环境适应的遗传机制研究

卢建国<sup>1\*</sup>, 鲍宝龙<sup>2\*</sup>, 张博<sup>2,3\*</sup>, 赵娜<sup>2,3\*</sup>, 李云凯<sup>2\*</sup>, 冯毅栋<sup>1,2</sup>, 吕美琪<sup>3</sup>, 胡琰<sup>1</sup>

1. 中山大学海洋科学学院, 广东珠海 519082

2. 上海海洋大学水产与生命学院, 上海浦东 201306

3. 南方海洋科学与工程广东实验室, 广东湛江 524000

**摘要:** 鱼类在漫长的演化过程中, 形成了极具多样性的体色色素模式与高度适应水体环境的视觉系统。然而, 调控色素细胞分化与光感受器演化的具体分子机制仍有待深入解析。本研究结合泛基因组学与基因编辑模型, 从色素发育与视觉保护两个维度揭示了鱼类的环境适应机制:

1.在色素发育与体色变异方面: 我们构建了鲷科黑鲷属 (*Acanthopagrus*) 鱼类的泛基因组图谱, 并在黑鲷 (*A. schlegelii*) 中鉴定出一个位于 *gch2* 基因启动子区的 24-bp 关键结构变异缺失。该缺失破坏了高度保守的 Pax7a 结合基序, 显著削弱了其转录调控活性, 是导致黑鲷黄色素细胞色素丢失的关键候选变异。进一步靶向调控和代谢分析表明, *gch2* 的缺失直接阻断了下游蝶啶类色素合成通路。

2.在视觉演化与视网膜保护方面: 我们探讨了软骨鱼类演化过程中短波敏感视蛋白基因普遍丢失的演化驱动力。通过构建斑马鱼 *sws1*<sup>-/-</sup> 和 *sws2*<sup>-/-</sup> 突变体模型进行光辐射实验, 结果证实: 在 SWS 视蛋白存在下, 强烈的短波蓝光或紫光会诱导光感受器细胞衰老并导致视网膜感光层变薄; 而敲除 *sws1* 或 *sws2* 能显著减轻短波光带来的光毒性损伤, 维持视网膜结构的完整性。这表明, 软骨鱼类中视网膜脉络膜反光膜 (tapetum lucidum) 的存在与 SWS 视蛋白的适应性丢失具有协同进化关系, 通过 “less-is-more” 的适应性基因丢失策略, 避免了强反射光带来的双重视觉损伤, 显著提高了其在复杂光环境中的生存适应度。

综上所述, 本研究不仅阐明了从启动子微观变异 (*gch2*) 到宏观演化基因丢失 (*sws*) 如何共同塑造鱼类色素表型多样性, 还为理解脊椎动物光致视网膜病变的预防与治疗提供了全新的演化生物学视角。

**关键词:** 鱼类 ; 色素细胞 ; 视蛋白 ; 视觉适应 ; 适应性演化

---

\*通讯作者, 卢建国, 教授, 主要从事海洋生态基因组研究, [lujianguo@mail.sysu.edu.cn](mailto:lujianguo@mail.sysu.edu.cn)

## 白乌鳢性别连锁 DNA 标记的筛选与鉴定

戴生飞<sup>1</sup>, 邹远超<sup>2\*</sup>, 王德寿<sup>1\*</sup>, 李明辉<sup>1\*</sup>

1. 西南大学生命科学学院, 淡水鱼类资源与生殖发育教育部重点实验室, 重庆 400715

2. 内江师范学院生命科学学院, 长江上游鱼类资源保护与利用四川省重点实验室, 四川内江

641100

**摘要:** 乌鳢 (*Channa argus*) 是我国重要的淡水经济鱼类, 雄性生长显著快于雌性, 全雄养殖可有效提高产量, 但缺乏可靠的遗传性别鉴定标记, 制约了性别控制育种的开展。白乌鳢 (*Channa argus* var.) 作为乌鳢的白化品系, 市场价格可达普通乌鳢的 3~4 倍, 养殖前景广阔, 但其性别控制育种研究较为薄弱。本研究以白乌鳢为材料, 利用 Hi-C 和 Nanopore 三代测序技术构建了 XY 雄鱼染色体水平的基因组 (0.66 Gb, contig N50 为 13.64 Mb), 并与前期发表的 XX 雌鱼基因组进行共线性分析, 显示 24 对染色体高度对应。通过雌雄混池重测序数据与 XX、XY 基因组的联合分析, 将 16 号染色体鉴定为性染色体, 并在 10.99 – 12.03 Mb 区域确定了 1.04 Mb 的性别决定区间 (SDR)。基于 SDR 区结构变异, 筛选获得 6 个性别连锁标记 (2 个共显性标记、3 个 Y 连锁标记和 1 个 X 连锁标记), 在白乌鳢中对 XX、XY 和 YY 基因型的鉴定准确率达 100%, 其中 X 连锁标记为乌鳢中首次报道, 可有效区分 XY 与 YY 个体。利用这些标记成功鉴定了由 XY 雄鱼与 XY 伪雌鱼杂交产生的 YY 超雄鱼。为检验标记的普适性, 将其应用于普通乌鳢的养殖群体和野生群体, 结果同样实现了 100% 的遗传性别鉴定准确率。本研究为白乌鳢和普通乌鳢的全雄化生产提供了高效、可靠的分子辅助育种工具, 也为鱼类性别决定机制研究提供了重要参考。

**关键词:** 白乌鳢; 性别连锁标记; 基因组重测序; 性别控制育种; YY 超雄鱼

---

**资助项目:** 四川省科技厅重点研发项目 (2021YFN0033)

**\*通讯作者:** 邹远超, 教授, 主要从事白乌鱼遗传育种与性别控制研究

Email: zou3891@163.com

## 博斯腾湖西太公鱼的消化道结构和食性及肠道菌群研究\*

张俊杰<sup>1, 2\*</sup>, 付新楠<sup>1, 2</sup>, 陈书晗<sup>1, 2</sup>, 肖谦<sup>1, 2</sup>, 李思彤<sup>1, 2</sup>

新疆农业大学生命科学学院, 新疆农业大学新疆特色水产研究中心, 新疆乌鲁木齐, 830052

**摘要:** 西太公鱼 (*Hypomesus nipponensis*) 是我国重要的经济鱼类, 在我国被广泛移植, 已成为博斯腾湖的重要经济鱼类。目前, 关于其消化道结构、食性及肠道菌群的研究尚不充分, 限制了对该物种生态适应机制的认识, 亦难以为资源管理提供充分的理论依据。本研究以新疆博斯腾湖西太公鱼为对象, 综合运用形态学与组织学 HE 染色、扫描电镜、胃含物分析、DNA 宏条形码 COI 基因及 16S rRNA 高通量测序等技术, 系统探究其消化道结构、不同季节食性组成及肠道菌群动态特征。主要结果如下:

(1) 西太公鱼消化道结构与其动物食性相适应。其消化道由口咽腔、食道、V 型胃、幽门盲囊、肠道及肛门构成, 比肠长为  $0.48 \pm 0.06$ 。食道短而粗, 环肌层发达, 黏膜为复层柱状上皮, 扫描电镜下黏膜表面具指纹样微嵴, 具可分泌黏液的杯状细胞开口, 降低了坚硬饵料外壳造成的机械损伤。胃呈 V 型, 分为贲门部、胃体部和幽门部。贲门部与胃体部黏膜皱襞高度发达, 固有层胃腺丰富, 有利于蛋白质的化学消化; 幽门部环肌层显著增厚 ( $244.84 \pm 49.01 \mu\text{m}$ ,  $P < 0.05$ ), 形成幽门括约肌, 以调控食糜排空。幽门盲囊与肠道黏膜上皮均为单层柱状细胞, 游离面覆盖密集的微绒毛, 二者协同参与营养物质的消化与吸收。上述结构特征共同为西太公鱼的摄食适应性研究提供了形态学与组织学依据。

(2) 西太公鱼食性存在季节性转变, 以节肢动物为主要食物。摄食率以春季最高, 为 76.37%, 秋季次之, 为 62.11%, 夏季最低, 为 33.33%。胃含物分析显示, 春季以枝角类和轮虫为主, 出现频率分别为 66.65% 和 52.07%; 夏季枝角类占绝对优势, 出现频率为 82.35%, 数量频率达 90.00%; 秋季以虾类出现频率最高, 为 66.10%。DNA 宏条形码进一步在物种水平揭示: 春季食物组成较为多样, 以长臂虾属和温剑水蚤属等为主, 其中长臂虾属占 38.51%, 温剑水蚤占 25.99%; 夏季高度依赖温剑水蚤属, 占比达 91.76%; 秋季几乎完全以长臂

**\*资助项目:** 国家自然科学基金项目 (32260915); 新疆维吾尔自治区重点研发项目子课题 (2025B02020-1-1)。

**\*\*通讯作者,** 张俊杰, 副教授, 主要从事新疆冷水鱼基因组学及繁育研究研究。

E-mail: zhangjuji@sian.cnm

虾属为食，占比为 97.21%。主坐标分析显示不同季节食性组成差异极显著 ( $R^2 = 0.655$ ,  $P < 0.001$ )，春季样本内变异最大，夏季与秋季形成高度特异的食性簇。

(3) 西太公鱼肠道菌群在门水平上保持相对稳定，各季节均以厚壁菌门和变形菌

门为优势类群，同时，菌群结构也呈现明显的季节性动态特征，分别以芽孢杆菌属、梭菌属、希瓦氏菌属等与蛋白质分解相关的菌属为主要菌属。春季菌群丰富度显著高于夏、秋两季 ( $P < 0.05$ )，季节变化主要影响了低丰度稀有菌群的更替。春季肠道富集了 23 种标志性差异菌，夏季和秋季则分别为 18 种和 5 种。其中春季以芽孢杆菌属 (31.60%)、不动杆菌属和短波单胞菌属为特征，夏季梭菌属 (32.20%) 和鲸杆菌属 (11.22%) 等属丰度显著升高，秋季希瓦氏菌属 (7.22%) 和八叠球菌属 (29.32%) 成为标志性类群。春季鞘氨醇单胞菌属、短波单胞菌属与消化系统、脂质代谢及能量代谢呈显著正相关；夏季八叠球菌属与能量代谢、氨基酸代谢呈显著负相关；秋季希瓦氏菌属与消化系统呈显著正相关。

综上所述，西太公鱼消化道组织特征与肉食性适应相关，为其高效摄食动物性饵料提供了结构基础。该物种可通过不同季节的摄食调整，适应环境资源变化。肠道菌群在门水平维持相对稳定，菌属水平和功能通路季节演替提示其与食性转换存在关联。上述发现从形态学、生态学和微生物学多维度为西太公鱼在博斯腾湖的适应性和生态地位评估提供了参考依据。

**关键词：**西太公鱼；消化道结构；食性；DNA 宏条形码；肠道菌群

## DON 通过 G6PD 重编程核苷酸代谢抑制石斑鱼生长

段会敏<sup>1\*</sup>, 李振通<sup>2</sup>

1. 济宁医学院, 中国济宁 272067;

2. 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 山东青岛 266071

**摘要:** 脱氧雪腐镰刀菌烯醇 (DON) 是饲料中污染最普遍的霉菌毒素之一, 严重制约鱼类养殖健康, 但其肠道细胞特异性的毒性靶点与分子机理尚不明确。本研究以石斑鱼为对象, 通过 DON 暴露模型, 结合单细胞转录组测 (snRNA-seq)、限制性酶切-质谱联用 (LiP-MS) 靶点鉴定及非靶向代谢组学, 系统探究 DON 肠道毒性的分子基础。结果表明, DON 暴露显著抑制石斑鱼增重率, 并引发肠道绒毛萎缩及上皮屏障完整性破坏。snRNA-seq 揭示 DON 诱导肠道吸收性肠上皮细胞和干细胞类似细胞比例失衡。LiP-MS 联合分子对接首次鉴定葡萄糖-6-磷酸脱氢酶 (G6PD) 为 DON 的直接结合蛋白, 酶活性实验证实 DON 以剂量依赖性抑制 G6PD 活性。非靶向代谢组学显示, DON 暴露显著降低了核苷酸合成前体的富集水平, 嘌呤与嘧啶从头合成通路受阻。综上, 本研究表明 DON 可能通过直接靶向 G6PD, 重编程肠上皮细胞核苷酸代谢, 进而抑制干细胞增殖分化与屏障修复, 最终导致生长阻滞。该发现为评估 DON 生态风险及开发肠道代谢保护剂提供了新靶点和理论依据。

**关键词:** 脱氧雪腐镰刀菌烯醇; 石斑鱼; G6PD; 核苷酸代谢

---

资助项目: 济宁医学院贺林院士新药与临床转化工作站研究基金 (JYHL2022MS26); 国家现代农业产业技术体系 (CARS-47-G31);

\*通讯作者, 段会敏, 讲师, 主要从事经济鱼类生长发育研究

E-mail: huimindd@163.com



新疆农业大学

**【主办单位】**

中国水产学会

**【承办单位】**

中国水产学会水产生物技术与遗传育种专业委员会

新疆农业大学

中国水产科学研究院黄海水产研究所

海水养殖生物育种与可持续产出全国重点实验室

新疆极端环境生物生态适应与进化重点实验室

**【协办单位】**

国家海水鱼产业技术体系

新疆农业大学现代渔业产业学院

新疆水产学会

新疆维吾尔自治区水产发展中心（水产科学研究所）

全球华人海洋生物学家协会

山东水产学会

华智生物技术有限公司

世界精密仪器商贸（上海）有限公司