

黄颡鱼耐粗饲性状相关SNP及基因鉴定

学生：曹靖花 指导教师：沈志刚

研究背景

✓ 2023年黄颡鱼 (*Tachysurus fulvidraco*) 产量达到62万吨，占据淡水养殖产量第10位。



✓ 黄颡鱼新品种“全雄1号”和“黄优1号”的繁育都需要大量优质母本，导致黄颡鱼市场母本资源紧缺。为此，本团队进行了黄颡鱼全雌种群规模化繁育。

✓ 鱼粉、豆粕等水产饲料中主要蛋白原料的短缺和价格剧烈波动，严重影响产业发展。

✓ 应减少黄颡鱼对鱼粉的需求量，选育出耐粗饲(在粗饲料饲喂条件下生长仍达到正常水平)的黄颡鱼群体，以提高养殖可控性。

✓ 为缩短育种进程，进行耐粗饲性状相关SNP及基因的鉴定，为分子标记辅助育种提供基础。

研究方法



实验所用商业饲料及两种粗饲料成分如下：

表1 商业饲料与两种粗饲料的营养含量及价格

营养成分	商业饲料 (CD)	低鱼粉粗饲料 (LFD)	无鱼粉粗饲料 (NFD)
鱼粉含量 (%)	23.67 %	9.66 %	0 %
粗蛋白含量 (%)	39.78 %	35.11 %	38.42 %
粗脂肪含量 (%)	13.20 %	11.80 %	10.70 %
单价 (元/吨)	9254	8261	8197

研究结果

为选育实验选择适合的粗饲料

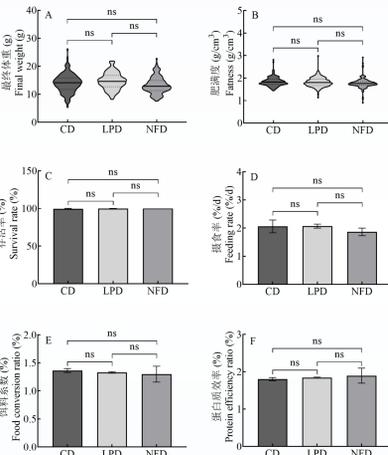


图1 粗饲料对黄颡鱼生长性能及饲料利用的影响

- 对照组和两实验组的生长及摄食数据均无显著性差异 ($P > 0.05$);
- NFD最大个体比LFD要大(图 1A);
- LPD组和NFD组有较高肥满度个体存在(图 1B);
- NFD组摄食率与饵料系数较低(图 1D 1E), 蛋白质效率最高(图 1F)。

• 随着饲料中鱼粉含量的减少，胃蛋白酶活性逐渐降低，胰蛋白酶活性逐渐增加。

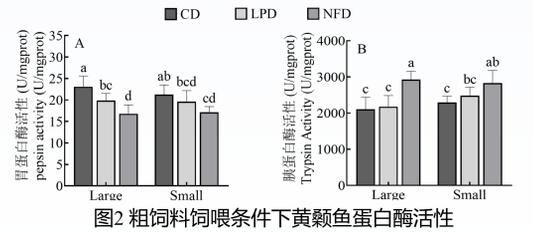


图2 粗饲料饲喂条件下黄颡鱼蛋白酶活性

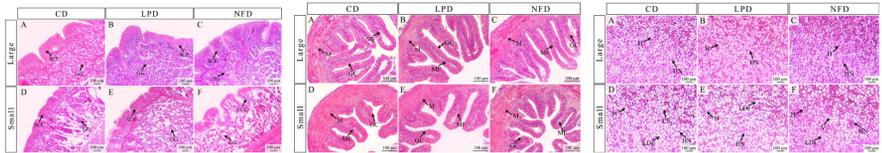


图3 粗饲料饲喂条件下黄颡鱼胃肠道及肝脏组织学

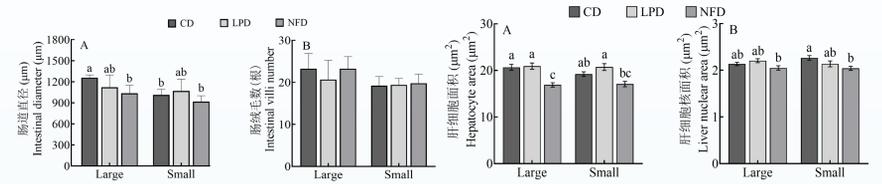


图4 粗饲料饲喂对黄颡鱼肠道影响量化

• 粗饲组大个体的胃腺细胞和单层柱状上皮结构完整，肠道组织发育良好，肝脏损伤较小。

共获得11,306,302个显著SNPs，并在SNP上下范围100 kb寻找基因，最终在Chr16鉴定出1个与增重率关联的基因 (*cd209d*)，在Chr8鉴定出1个与增长率关联的基因 (*osbp16*) ($P_{SNP} < 1 \times 10^{-6}$)。

鉴定耐粗饲性状相关SNP及基因

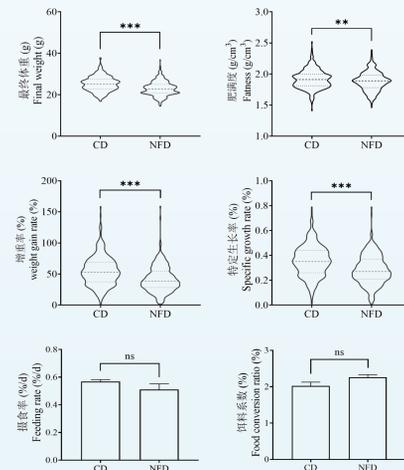


图6 无鱼粉粗饲料对黄颡鱼的影响

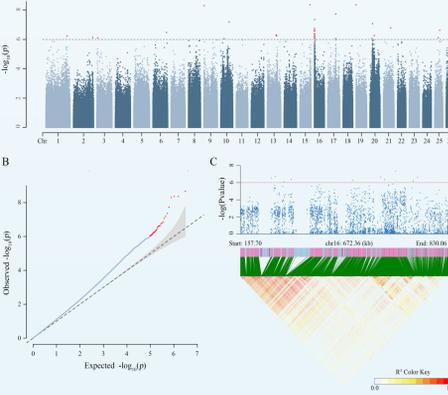


图7 增重率表型GWAS分析

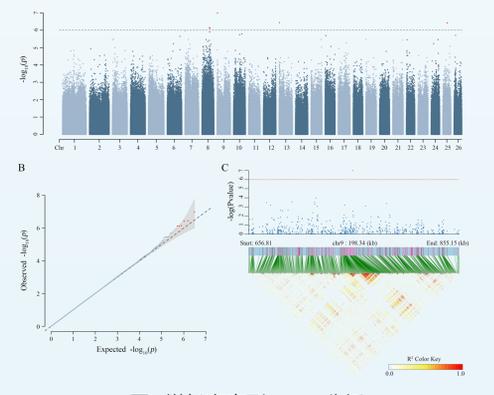


图8 增长率表型GWAS分析

极端个体肝脏组织差异表达基因富集到营养储存库活性、细胞碳水化合物代谢、氨基酸代谢等通路。

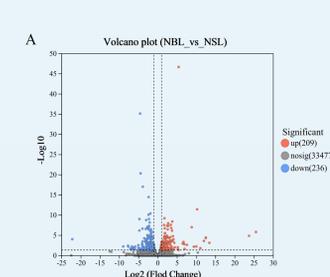


图9 粗饲组肝脏差异表达基因火山图

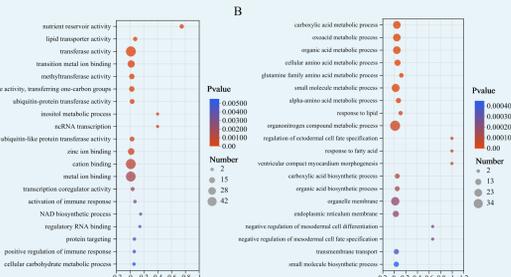


图10 极端个体肝脏差异表达基因GO富集(A上调; B下调)

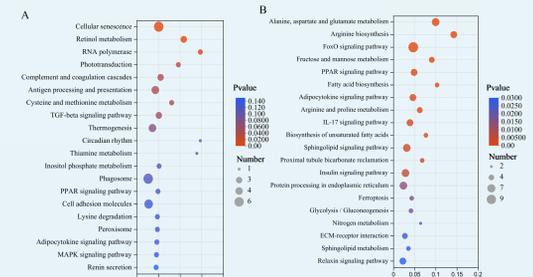


图11 极端个体肝脏差异表达基因KEGG富集(A上调; B下调)

结合GWAS与转录组结果，共获得6个重叠基因 (*phka1b*、*pex10*、*ormdl2*、*mbd1a*、*mapk12*、*miox*)。

研究结论

选择选育适合粗饲料

✓ 无鱼粉粗饲料(NFD)成本低，不影响黄颡鱼正常生长，鱼体组织未见损伤，因此被确定为选育所用饲料。

鉴定耐粗饲性状相关基因

✓ GWAS与转录组分析获得的重叠基因被鉴定为耐粗饲性状相关基因，包括 *phka1b*、*pex10*、*ormdl2*、*mbd1a*、*mapk12*、*miox*。

未来展望

- ✓ 耐粗饲性状候选基因的鉴定有助于耐粗饲全雌黄颡鱼的成功选育，并为进一步探讨黄颡鱼耐粗饲性状的分子调节机制提供基础;
- ✓ 耐粗饲全雌黄颡鱼的成功选育可以降低养殖成本，为长期的选种育种提供优良亲本，提高黄颡鱼养殖可控性及养殖性能，为黄颡鱼产业的可持续发展提供有力支撑。

参考文献

[1] Liu D., Zhang J., Zou Z., et al. (2024). Identification of snps and candidate genes associate with growth performance in all-female mandarin fish (*siniperca chuatsi*) by a genome-wide association study. *Aquaculture*, 586.

[2] Yu Y., Wan S., Huang C., et al. (2024). Combining genome-wide association study and transcriptome analysis to identify molecular markers and genetic basis of population-asynchronous ovarian development in *Coilia nasus*. *Zoological Research*, 45(3): 491-505.