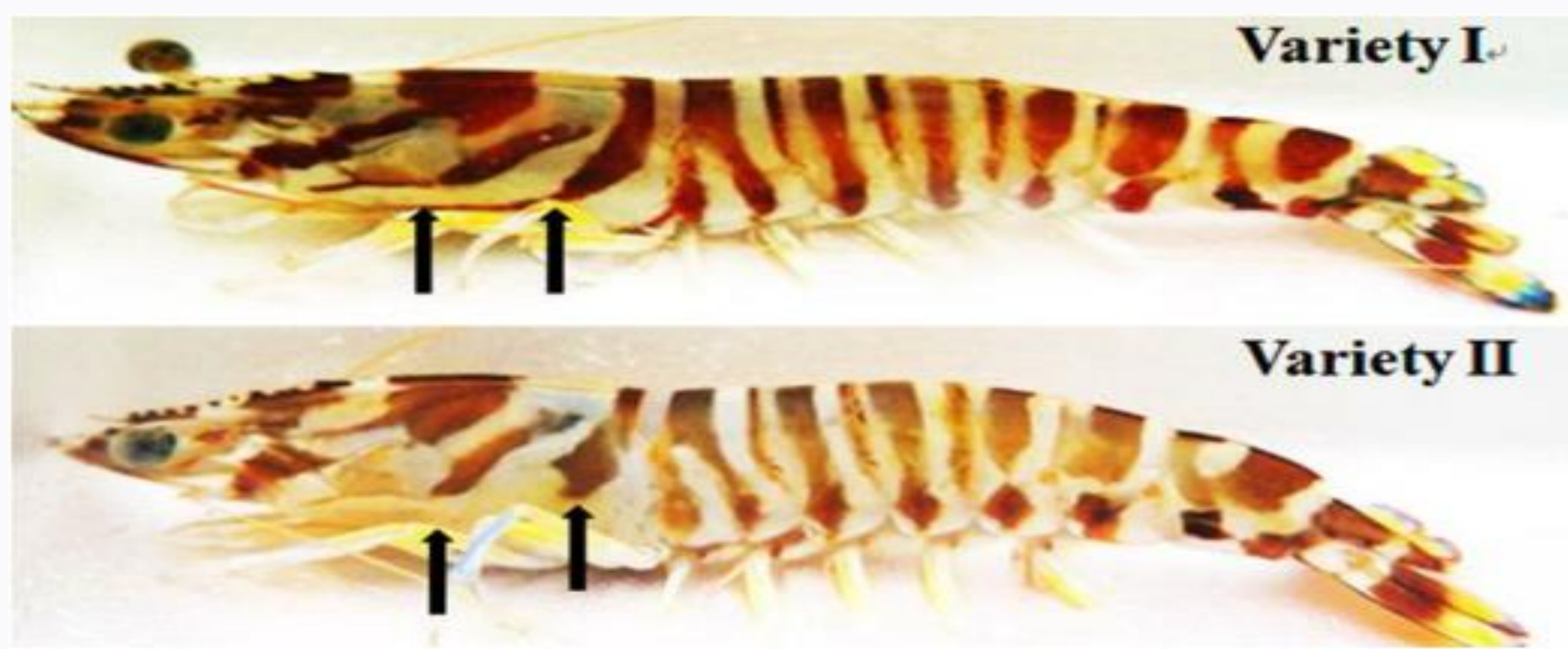


## 研究背景

长期以来, 日本囊对虾一直被认为是单一的形态种, 其实日本囊对虾是形态上高度相似、遗传上分化明显的2种类型的混合种。外观差异主要体现在头胸甲斜纹的类型, 其中类型I的斜纹一直延伸到头胸甲底缘腹面, 类型II个体的斜纹只延伸到头胸甲中部。类型I群体主要分布于我国南海北部、东海和日本海域, 类型II分布于我国南海、东南亚和澳大利亚海域, 我国南海北部海域为两种虾的交汇地。

甲壳动物的体色受很多因素的影响, 包括遗传因素、饮食因素和环境因素等, 不同的物种和个体之间也会有所区别。了解甲壳动物体色形成的机制, 对于研究它们的生态适应性和各项生理过程等方面具有重要意义。

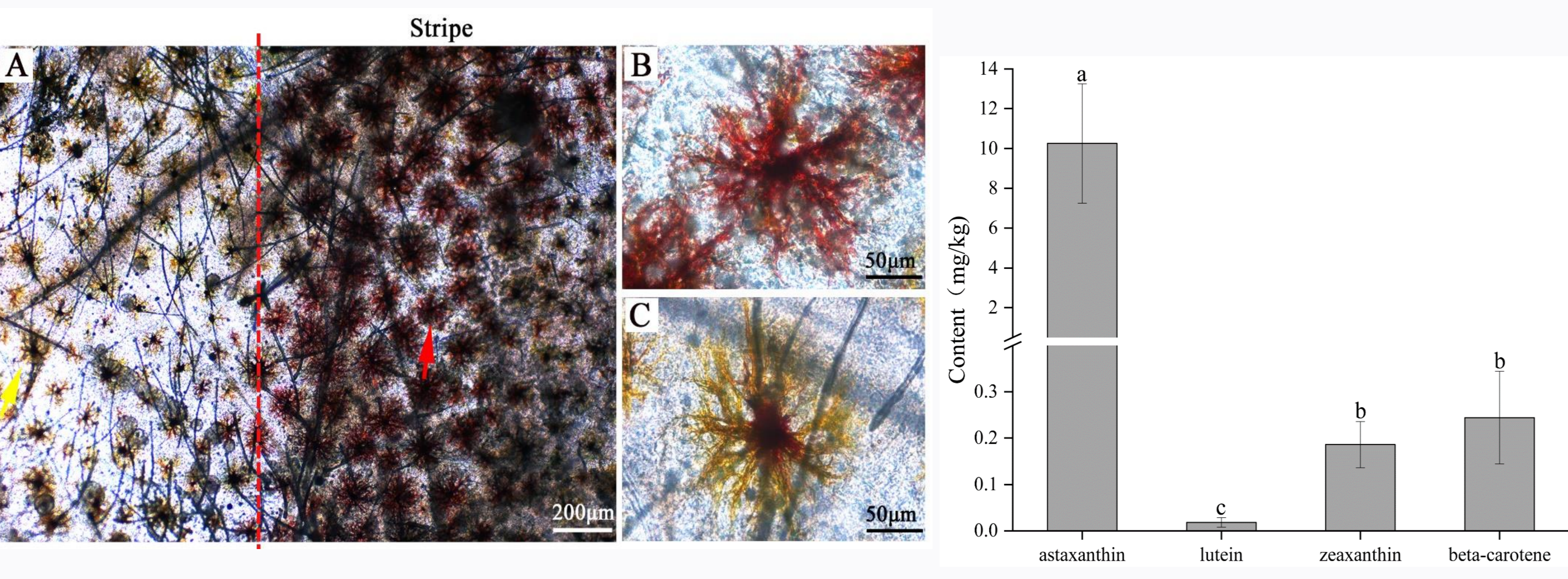


## 实验步骤

1. 采集两种虾的表皮提取RNA用作转录组测序
2. 检测甲壳中的各种类胡萝卜素的含量
3. 差异表达基因的筛选和分析
4. 多序列比对和系统进化树分析

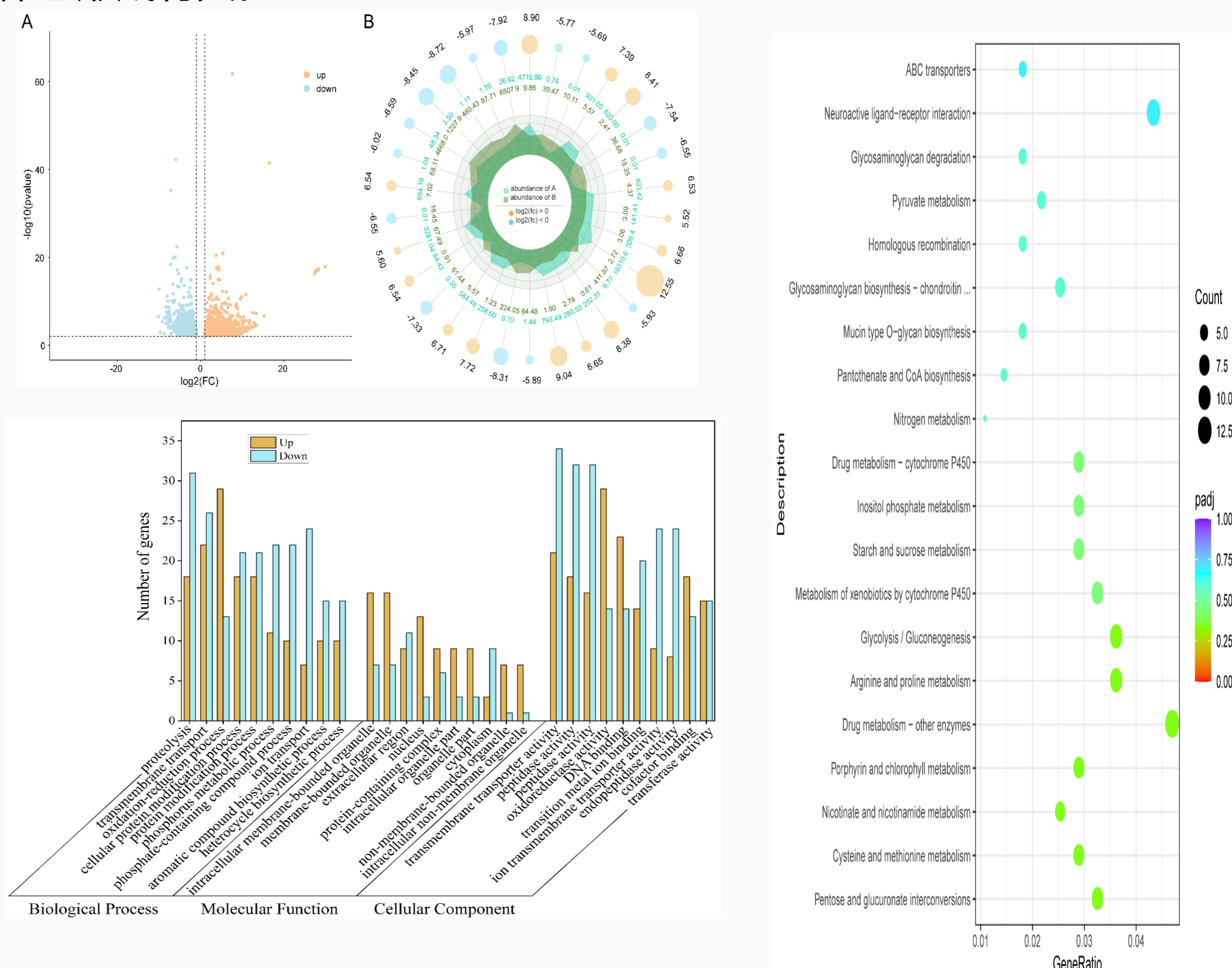
## 实验结果

首先, 我们观察了色素细胞的组成, 并检测了不同的类胡萝卜素含量。结果表明, 虾青素含量最高, 显著高于其他类胡萝卜素, 玉米黄质和β-胡萝卜素含量相当, 且均显著高于叶黄素含量。叶黄素含量显著低于其他类胡萝卜素。我们清楚地观察到头胸甲斑纹中有红色色素细胞, 其他部分有黄色色素细胞。红色色素细胞和黄色色素细胞呈树状形态。



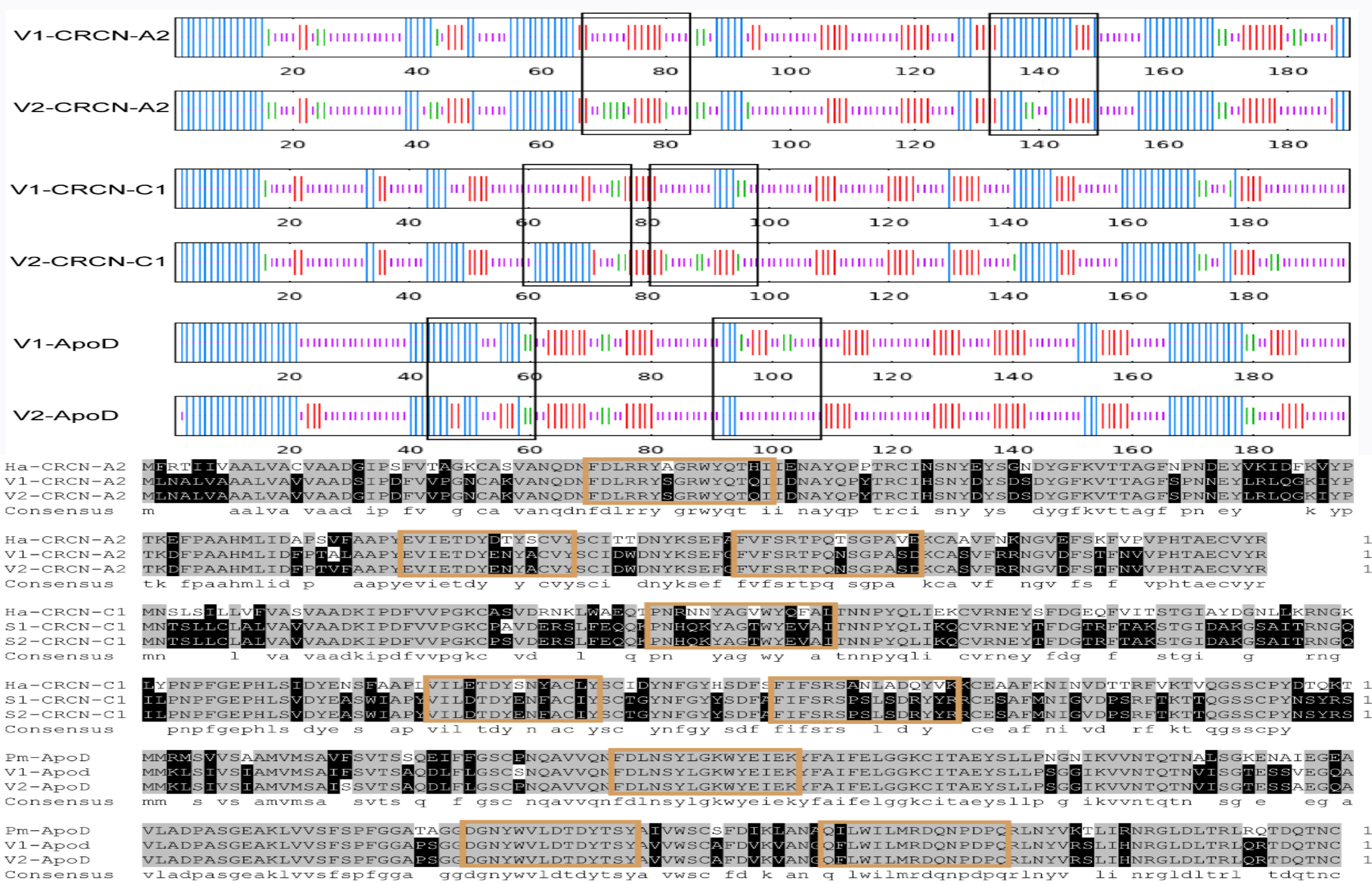
## 关键差异基因筛选和分析

通过比较两组样品的GO和KEGG富集分析, 我们确定了关键差异表达基因, 如甲壳蓝蛋白 (CRCN)、载脂蛋白D (ApoD)、微管蛋白α-1链、角质层蛋白质和ABC转运蛋白等, 可能与体色形成有关。



## 差异基因的多序列比对和系统进化树

序列比对结果表明, 类型I和类型II的甲壳蓝蛋白A2序列同源性为98.42%, 存在3个氨基酸差异; 类型I和类型II的甲壳蓝蛋白C1序列同源性为99.49%, 存在1个氨基酸的差异。橙色标记处为脂质运载蛋白保守区, 两种类型间没有氨基酸残基差异。CRCN-A2和CRCN-C1的二级结构有两个明显的差异。两类型日本囊对虾的载脂蛋白D序列相似性为98.47%, 存在3个氨基酸差异。用橙色标记的区域显示没有氨基酸残基差异。同样, 这两个氨基酸序列的二级结构也有两个明显的差异, 这可能与它们的功能有关。



## 结论

1. 我们鉴定到了两种虾之间可能与斑纹形成或色素转运相关的差异表达基因, 在未来的研究中, 我们将进一步探索这些基因的功能。
2. 基因表达水平与蛋白质结构之间的关系及其在模式形成过程中的功能仍有待进一步探索。
3. 本研究结果有助于阐明甲壳动物花纹形成的分子机制, 为进一步探究甲壳类动物颜色的形成机制提供参考。