



亮点

草鱼基因组测序——拉开草鱼分子育种的序幕

胡炜, 陈戟

中国科学院水生生物研究所, 淡水生态与生物技术国家重点实验室, 武汉 430072

E-mail: huwei@ihb.ac.cn

收稿日期: 2015-05-05; 接受日期: 2015-05-06; 网络版发表日期: 2015-05-06

最近, 中国科学院水生生物研究所、中国科学院国家基因研究中心以及中山大学等机构的研究人员合作完成了草鱼(*Ctenopharyngodon idellus*)全基因组序列图谱绘制. 他们采用鸟枪法测序策略, 分别对一尾雌性和雄性草鱼进行了全基因组测序, 通过改良的 *de novo* Phusion-meta 拼接, 获得雌性(0.9 GB)和雄性(1.07 GB)草鱼基因组组装序列. 其中雌性草鱼选用的是人工减数分裂的雌核发育个体, 显著提高了基因组纯合度, 与已完成的其他水产动物基因组比较, 草鱼基因组组装序列的质量上乘. 根据草鱼多个组织的转录组数据和与斑马鱼同源基因比较信息, 在草鱼雌性基因组中注释了 27263 个蛋白编码基因、完成了其中 17456 个基因在草鱼染色体上的定位, 并揭示了草鱼草食性特征的遗传基础. 该研究还发现了草鱼性染色体分化与性别决定的新线索, 研究结果发表在 *Nature Genetics* 上^[1].

鱼类依赖其肠道自身分泌的消化酶和肠道微生物产生的消化酶, 将食物中蛋白质、脂肪、淀粉、纤维类物质分解成为小分子物质才能被机体吸收利用. 草鱼因为其典型的草食性特征而得名, 草鱼摄食的水生维管束植物富含纤维素, 难于消化, 易被利用的营养物含量较低. 草鱼是如何从水草中获得营养以支持其快速生长的机制一直是研究者们关注的问题. 汪亚平等^[1]的研究发现, 草鱼基因组中并不存在纤维素降解酶基因, 说明草鱼消化道内的纤维素酶完全来源于肠道微生物, 澄清了有关草食性鱼类自身

能否产生纤维素酶的争论; 进一步比较草鱼幼鱼由肉食性向草食性转换前后的转录组信息, 发现草鱼与昼夜节律、食欲控制、细胞增殖和分化、消化和代谢等相关的基因表达模式被重置或信号通路被激活, 表明草鱼可能通过持续高强度的食物摄入, 获得足够的、可利用的营养以维持其快速生长, 从而在遗传水平上解开了草鱼如何从水草中获得营养的困惑. 养殖草食性鱼类是高效获得动物蛋白的方式, 草鱼草食性特征遗传基础的解析, 对于研发可高效利用植物纤维素的草食性鱼类、甚至肉食性名贵鱼类的人工饵料提供了新的思路.

性别问题被誉为进化生物学问题中的皇后, 鱼类在脊椎动物系统演化中处于承前启后的地位, 而且鱼类多样化的性别决定机制几乎涵盖了脊椎动物界所有的性别决定类型, 是进行动物性别决定与分化机制研究的理想材料. 从实践来看, 由于很多鱼类具有生长速度和个体大小的性别差异, 所以通过性别控制技术培育全雌或者全雄的养殖品种具有重要的应用价值^[2]. 迄今为止, 已在异鳞科青鳉(*Oryzias latipes*)、鲀科虎河豚(*Takifugu rubripes*)、银汉鱼科牙汉鱼(*Odontesthes hatcheri*)、慈鲷科罗非鱼(*Oreochromis niloticus*)和多种鲑科鱼等鱼类中确定了 5 个雄性性别决定基因, 但是, 作为主要水产养殖对象的鲤科鱼类性别决定与分化机制研究进展依然缓慢.

脊椎动物参与性别决定与分化的基因总是向异配的性染色体上集中, 这可能是性别决定基因的共

引用格式: 胡炜, 陈戟. 草鱼基因组测序——拉开草鱼分子育种的序幕. 中国科学: 生命科学, 2015, 45: 519–520

英文版见: Hu W, Chen J. Whole-genome sequencing opens a new era for molecular breeding of grass carp (*Ctenopharyngodon idellus*). *Sci China Life Sci*, 2015, 58, in press

性^[3]。草鱼属于鲤科雅罗鱼亚科, 没有形态可辨的异配性染色体。通过比较草鱼雌性基因组和雄性基因组, 汪亚平等^[1]发现了 2.38 Mb 雄性特有序列, 包括 206 个 contig, 这些雄性特异性片段主要分布在草鱼的第 24 号连锁群上。草鱼的染色体数为 $2n=48$, 与草鱼同为鲤科的斑马鱼的染色体数为 $2n=50$ 。共线性分析和 FISH 检测结果显示, 草鱼的第 24 号连锁群对应于斑马鱼的第 10 和第 22 号染色体, 提示草鱼基因组在演化过程中发生了一次染色体融合。草鱼第 24 号连锁群的物理长度最长, 但遗传距离却最短, 表明其在减数分裂时的重组交换率显著偏低。性染色体由于具有性别特异的基因或 DNA 片段, 往往导致部分异配和低重组率。因此, 草鱼第 24 号连锁群的融合可能与其性染色体的分化有关, 提示该染色体具有演化为异配染色体的潜力, 可能包含草鱼性别决定基因。目前已确定的多数雄性性别决定基因通常

是 *Dmrt1* 的重复基因^[4], 汪亚平等人在草鱼中发现的雄性特异的 DNA 片段在其他脊椎动物中找不到同源片段, 表明草鱼性别决定基因的形成可能具有种属特异性, 为鲤科鱼类性别决定与分化机制研究提供了新的线索。

鱼类是人类最后的野生食物资源, 水产养殖被认为是满足人类不断增长的对水产动物蛋白需求的唯一途径^[5]。草鱼是世界上最重要的淡水养殖对象之一, 其 2011 年的养殖产量占全球淡水养殖总量的 15.6%。中国的淡水养殖对象绝大部分为鲤科鱼类, 年养殖产量超过 250 万吨的鱼类全部来自于鲤科。作为鲤科鱼类的代表性物种, 草鱼基因组序列的解析, 不仅将为鱼类基因组演化、性别决定与分化机制等理论问题的探索, 而且还将为发掘鱼类重要经济性状相关基因, 培育高产、抗病、高效饵料利用等优良养殖鱼类新品种奠定基础。

参考文献

- 1 Wang Y P, Lu Y, Zhang Y, et al. The draft genome of the grass carp (*Ctenopharyngodon idellus*) provides genomic insights into its evolution and vegetarian diet adaptation. *Nat Genet*, 2015, doi: 10.1038/ng.3280
- 2 Chen J, Hu W, Zhu Z Y. Progress in studies of fish reproductive development regulation. *Chinese Sci Bull*, 2013, 58:7-16
- 3 Van Doorn G S, Kirkpatrick M. Turnover of sex chromosomes induced by sexual conflict. *Nature*, 2007, 449: 909-912
- 4 Matson C K, Zarkower D. Sex and the singular DM domain: insights into sexual regulation, evolution and plasticity. *Nat Rev Genet*, 2012, 13:163-174
- 5 Cressey D. Future fish. *Nature*, 2009, 458: 398-400