

全国水产学科前沿与发展战略研讨会

论文汇编

国家自然科学基金委生命科学部
中 国 水 产 学 会

主 办

2005年4月 青岛

全国水产学科前沿与发展战略研讨会

论文汇编

国家自然科学基金委生命科学部
中国水产学会 主办
2005年4月青岛

目 录

我国水产经济生物遗传育种学面临的机遇和挑战	相建海 (1)
基因组时代中国水产动物遗传育种的战略思考	孙效文, 梁利群, 沈俊宝 (5)
水产遗传育种学发展的几个重要方面	傅洪拓 (15)
建立和发展我国重要海水养殖生物种质状况预警系统的思考	逄少军, 鲍鹰, 费修绠 (16)
雌雄同体型贝类遗传改良体系的构建	张国范, 刘晓, 郑怀平, 张海滨 (18)
快速生长转基因鱼研究进展	傅萃长, 胡炜, 汪亚平, 朱作言 (22)
分子标记辅助育种—未来的高效安全水产育种新技术	王志勇 (30)
鲫鱼转铁蛋白多样性的分子基础及其在银鲫分子育种中的应用	桂建芳, 李风波, 周莉 (36)
海洋贝类微卫星的开发及其在遗传育种中的应用	李琪 (37)
贝类神经内分泌和免疫系统对环境胁迫的应答	杨红生, 高菲, 许强, 陈慕雁 (41)
石斑鱼生殖调控和性别分化相关基因的克隆与鉴定	周莉, 姚波, 夏伟, 汪洋, 李创举, 汲广东, 桂建芳 (46)
优质海带配子体克隆杂交育种技术初探	李美真, 于波, 丁刚, 宋爱环 (47)
多元 PCR 在黑鲍微卫星遗传研究中的应用	黎中宝 (51)
羊鲍和耳鲍 COI 和 COII 基因片段序列的比较研究	黎中宝 (61)
谷胱甘肽和肌肽对罗非鱼生长性能及血清激素水平的影响	刘丽, 周志伟, 何志交, 张国良, 郭慧, 陈静 (62)
左旋咪唑对胡子鲶免疫应答和抗病力的影响	李桂峰, 郭云贵 (66)
鱼腥草对南美白对虾抗氧化及两种免疫活性的影响	白东清, 郭永军, 邢克智, 陈成勋, 任月玲 (71)
β-胡萝卜素对中华绒螯蟹卵巢发育及免疫学指标的影响	崔青曼, 袁春营, 韩青动, 齐风生 (76)
我国对虾养殖业可持续发展对策	江世贵, 周发林 (82)
我国水产养殖工程的发展与展望	刘晃 (85)
深水网箱养鱼—现代高效浅海设施渔业的发展方向	吴常文, 常抗美 (89)
海水鱼类无公害健康养殖的研究前沿之一	李明云, 张春丹 (93)
纳米科技(Nanost)养鱼新动向	丁永良 (98)

我国水产动物营养研究及饲料工业的现状和产业发展方向	麦康森 (102)
环境营养学研究与水产养殖业的可持续发展	陈立侨, 侯俊利, 彭士明, 顾顺樟 (113)
淡水鱼类营养与饲料存在的主要问题与发展意见	叶元土 (118)
淡水鱼类饲料的研究现状与发展方向	冷永智, 高启平 (129)
鱼类病害防治的现状和前景展望	聂品 (130)
我国水产养殖动物病害研究与控制的关键问题探讨	吴灶和, 简纪常 (133)
我国渔用疫苗的研制与困惑	杨先乐, 曹海鹏 (137)
鱼类培养细胞的抗病毒免疫反应	张义兵, 张奇亚, 桂建芳 (143)
根据 ITS 序列探讨中华鱥属的系统进化关系及中华鱥可能的物种形成机制	宋英, 聂品, 王桂堂 (144)
鳜免疫系统的研究	田静云, 聂品 (148)
鱼类抗病相关功能基因及抗病分子育种研究进展及发展前景	陈松林 (152)
水产品质量安全的现状与发展趋势	李来好, 杨贤庆, 吴燕燕 (158)
我国水产品安全性研究与控制	周德庆 (165)
水产品安全性学科发展的方向与重点	林洪, 薛长湖, 翟毓秀 (172)
无公害贝类生产技术体系研究	乔庆林 (176)
渔港与渔场工程领域科技发展趋势	孙龙 (185)
加强水产机械化工程学科建设推动渔业的现代化	徐皓 (192)
我国渔船捕捞装备的发展方向与重点	谌志新 (195)
回眸水产资源学历程	王尧耕 (199)
资源增殖型渔业的理论探讨与对策建议	徐质斌, 张莉, 梁国平 (204)
海洋生物资源补充机制与再生产重点过程研究	窦硕增 (210)
长江三角洲河口及潮滩湿地海洋生物资源的开发、引进和可持续发展	成永旭 (213)
淡水水产增殖学科发展方向之建议	邴旭文, 徐跑, 严小梅 (216)
鲍的增养殖技术	李成林, 胡炜, 宋爱环 (220)
海洋渔业与科学技术——捕捞学科发展	周应祺 (224)
中国海洋捕捞学科发展的研究	戴天元, 颜尤明 (229)
水产品加工与贮藏工程学科应用基础研究展望	薛长湖, 林洪, 刘红英 (234)
我国水产品加工业现状及其发展对策	章超桦, 吉宏武 (237)
我国水产品加工业现状及加工科技发展的方向	汪之和, 陈述平, 于斌, 丁晓明, 肖放, 林洪, 章超桦,

薛长湖, 王长云, 李来好, 王锡昌, 孙谧, 周德庆 (242)
渔业制冷现代化与定温物流一体化建设 葛茂泉 (251)
渔业资源增殖与永续利用 邓景耀 (257)
我国水产学科 (专业) 的发展概况与展望 刘焕亮 (259)
产权、激励相容与渔业管理 慕永通, 朱玉贵 (262)
我国渔业信息化发展战略研究 杨宁生 (266)
激光科技在渔业上应用 丁永良 (271)
我国渔业经济现状分析 张相国 (293)
重构渔业经济学科的探讨 林光纪 (298)
水产养殖经济学: 一门新兴的交叉学科 余云军, 慕永通 (304)
渔业经济学思考之一: 渔业经济学研究领域与前沿课题初探 杨子江 (308)
数字渔业: 中国渔业经济可持续发展的新思路 杨子江 (312)
中国海洋生物多样性保护研究进展与几个热点问题 李纯厚, 贾晓平 (320)
我国渔业水域生态环境现状、问题及对策 沈新强, 杨 健 (326)
我国淡水渔业生态环境研究现状及发展趋势 陈家长 (330)
关于渔业生态环境问题研究与学科建设的思考 苗振清, 王志铮, 吕敢堂 (336)
大坝工程影响水域的水生生物多样性保护与恢复 董方勇, 黄道明 (339)
水库生态环境问题分析与研究内容探讨 陈文祥, 刘家寿 (342)
大中型水库渔业发展与多功能协调研究 胡传林 黄道明 (346)

我国水产经济生物遗传育种学 面临的机遇和挑战

相建海

(中国科学院海洋研究所, 青岛 266071)

资源与环境是人类生存和发展的基本条件。生产力的飞跃发展、社会的文明进步、国家的繁荣富强，都与资源环境条件息息相关。海洋是生命的摇篮，风雨的温床、资源的宝藏、贸易的通道、国防的屏障。随着陆地战略资源的日益短缺，沿海各国不断加大向海洋索取资源的力度和强度，重视对海洋“蓝色国土”的开发利用和保护。海洋资源开发已经对世界经济的发展做出了重大贡献。据联合国秘书长报告的资料，目前世界国民经济总量为 23 万亿美元，其中海洋经济约 1 万亿美元，占 4% 以上。全球陆地为人类提供的生态价值 12 万亿美元，海洋提供的生态价值 21 万亿美元。21 世纪谁拥有海洋，谁就拥有未来。开发海洋、保护海洋的伟大事业正在受到世界各国，尤其沿海国家的广泛关注和高度重视。积极发展海洋高新技术，提高国际竞争能力，抢占和开发海洋空间及资源，从海洋中获得更大的利益成为各国 21 世纪的国家发展战略。

为了经济发展，社会进步，国家安全，全面实现小康社会目标，海洋科学技术的快速发展必不可少。西部大开发，离不开东部沿海的现代化。中国人不仅要上天，还必须入海，必须积极参与和融入国际竞争与合作中去。中国急需制定并实施综合性的海洋科学发展战略，同时要弥补能力上明显的差距，抓住不可多得的历史机遇，迎接日益国际化的海洋科学研究与技术开发的挑战。

海洋生物技术是二十世纪八十年代开始发展起来的新兴科学技术领域。海洋生物技术已成为世界各国竞相发展高新技术的重要战略组成部分。目前主要沿着四个方向迅速发展：一是海水养殖，目标是要提升传统产业，促使海水养殖业在良种培育、病害防治、规模化生产等诸多方面跨越式发展；二是海洋天然产物开发，其目标是探索和利用海洋高附加值的新资源，促进海洋新药、新型材料和功能特殊的海洋生物活性物质产业化开发；三是海洋环境保护和修复，以保证海洋资源的可持续利用和产业的可持续发展；四是海洋生物功能基因的开发利用，以抢占海洋生物技术产业未来的技术制高点。

美国国家科学基金委员会提出：“海洋生物技术是面向 21 世纪的一场竞赛。伴随着在海洋生物和生态系统中的生物技术、分子和细胞生物学等现代工具的深入应用，海洋科学的革命已经开始。预期这是一种根本性的变革，在速度上是按几何级数增长的，在科学和经济意义上是史无前例的。十年内，不仅在创新知识的数量，还是在洞察海洋中长期悬而未决的基础性重大科学问题上将取得重要进展。”

日本政府认识到：“海洋生物技术是目前尚存的最重要的技术与产业前沿”，便急起直追，投以重资，在近十年内，每年投入 9-10 亿美元在海洋生物技术的研究与开发上。日本通产省另外投资专款 2 亿美元支持创建了两个国家海洋生物技术中心。在很短时间内，日本取得了突破性进展，已对美国的霸主地位构成严重威胁。

21 世纪的海洋科学分子学前沿主要包括：分子遗传学、生物有机化学和药物学、免疫学和病害学、内分泌和发育与生殖生物学以及环境和进化生物学五个方面。相应地，21 世纪海洋生物技术的应用主要集中在海水养殖、水产品的安全和人体健康、环境的生物修复、生物膜和防腐蚀以及生物

材料和生物制作等五大领域。

水产养殖是让水生生物在控制环境中进行生长。这里的环境可以是生物反应器，也可能是开放或封闭式的跑道、池塘，或者是天然水体。养殖的目的是为了生产具有重要经济价值的产物，诸如药剂、饲料添加剂、特定元素强化剂、多聚体、具有燃料潜力的脂类和食品。美国政府已提出到2025年，将养鱼业的鱼产量增加5倍。专家们预测，到2025年世界鱼消费量的半数，将来自人工养殖，而不再是野外捕捞。美国政府也希望，人工养鱼将消除80亿美元的海产品的贸易赤字。2003年，美国进口了110亿美元的海产品。在进口天然资源方面，进口鱼仅次于进口石油，排在第二位。

近几年，人工养鱼发展迅猛，主要是因为美国和其他国家需要更多的海产品。到2025年，美国市场将需要增加220万吨海产品。而全球捕捞野生鱼已保持不再增长水平，不到1亿吨。包括中国、日本、挪威和加拿大在内的很多国家，已开始人工养鱼，以满足其需求。我国管辖海域内有海洋渔场280万平方公里，20米以内浅海面积2.4亿亩，海水可养殖面积260万公顷；已经养殖的面积71万公顷。浅海滩涂可养殖面积242万公顷，已经养殖的面积55万公顷。

20世纪90年代以来，我国把海洋资源开发作为国家发展战略的重要内容，海洋渔业经济得到快速发展。2004年海洋渔业总产值为3795亿元，稳居全国主要海洋产业的首位，占据29.6%的比重，其中海水养殖是其发展的重要部分，产量从1987年的193万吨增加到2004年的1309万吨，占海洋渔业产量的比重从27%上升到48.2%。随着养殖业快速发展，基础理论研究严重滞后的负面效应日益显露，病害成为当前最为突出和亟待解决的问题。水生生物是人类重要的蛋白源。目前我国水产品产量占动物性（肉、禽、水产品）食物生产量的1/3，对保障食物安全、改善人民膳食结构和提高营养水平发挥了重要作用。高效健康海水养殖业的发展，大大缓解了食物安全对陆地农业的压力，节约大量耕地，同时推动了“三农问题”的解决，保证渔业增产，渔民增收，符合由淀粉农业向蛋白质农业过渡的发展理念，也为社会提供了更多的劳动岗位。目前我国涉海就业总人数为2108万人，占沿海地区就业总数的8.2%，其中海水养殖业占有较大的比重。渔民人均纯收入达5190元，渔业已成为我国国民经济的重要组成部分，是促进农村经济发展、调整农业产业结构、增加农民就业和收入的有效途径之一，对建设和谐社会具有重要作用。

但在发展的同时，也存在不少问题，种质、种苗和病害是当前制约我国海水养殖业发展的主要瓶颈，如不认真加以解决，我国的海水养殖业不仅难以健康发展，还有可能发生严重滑坡。良种是保证海水养殖业走“可持续发展”道路的基本要素之一。尽管我国已经拥有规模庞大的海水养殖业，养殖的动植物种类已达上百种，除了大型海藻养殖品种外，迄今为止养殖的几乎是未经遗传改良的野生种。

海洋生物的繁殖，发育和生长都是在一系列激素调节下进行的。这些激素是生物内分泌系统通过整合来自配子和环境的信息后产生的。研究神经内分泌系统在调节生长与发育过程中的中心作用，可以启发人们开发切实有效的繁育技术，来发展名特珍优水产品的生产。目前，越来越多的增养殖生物在人工条件下繁殖成功就是很好的例子。结合内分泌学和分子生物学的知识，也可以利用激素来提高养殖对象的产量。如克隆重要鱼类的激素和促生长因子的基因，通过转基因的方法培育快速生长品系。人工转基因鲤鱼和鮰鱼的生长速度比对照组快50%。科学家还通过确定鲍和牡蛎产卵和附着的控制因子，大力发展经济贝类育苗的商业化。

现代生物技术与传统遗传育种、育苗技术相结合将成为海洋优良品种选育、育苗领域的发展总趋势。海洋种质资源保护和优良品种选育将是世界海水养殖的重要课题。传统杂交育种是优良品种选育的重要技术手段，并且为海水养殖发展做出了贡献。现代生物技术在种质资源保护和优良品种选育研究中的应用将大大提高研究和开发效率。利用多倍体技术，培育出不同倍性的、具有经济性状优势的生物。

完全可以借鉴陆地种植业长期实践得出的成功经验：培育改良新品种，大幅度提高单产。因此，水产业迫切需要有生长快、品质优、抗逆性强的海水动物养殖新品种，保障养殖业的健康稳定持续地发展，满足人民生活水平不断提高的需要。

和陆地养殖业的遗传改良研究工作滞后于种植业一样，由于海水动物的养殖形成产业化的历史较短，目前基本上无品系可言。加上与植物不同，大多数动物除生殖细胞和早期发育的部分细胞外不具全能性，动物的遗传改良难度较大。改变这种状况，必须采用海洋生物技术，通过生殖和遗传操作来达到。

生殖操作是利用物理、化学或生化工程等手段对动物生殖过程实施干预和控制，使其朝着人们需要的方向与方式进行；遗传操作则是指在细胞或分子水平上对遗传结构进行修饰或重组。生殖操作与遗传操作既有区别更有联系，两者相辅相成，它们不但是研究遗传学基础问题的重要手段，又是改良品种，人工育种的有力武器。

生殖操作包括性成熟的人工调控、配子（精子和卵子）排放的人为控制，人工受精的实施和性别转化或性比的控制等。显而易见，生殖操作是确保高效育苗和遗传操作顺利进行的必要条件。遗传操作包括杂交、多倍体诱导、雌（雄）核发育、细胞融合、核移植和外源基因导入等。细胞工程育种是在细胞和染色体水平上进行遗传操作改良品种的育种新技术，与传统育种相比，它具有速度快、效率高和目的性强等优点。

当前在海水养殖中最受重视的是危害甚烈的病害、寒冷和盐碱。病害给水产造成很大损失，通过免疫技术和其他防治技术可以使情况大大改善，但更积极主动的办法是选育培养抗病品种。对虾的病毒病害在中国已肆虐多年，给养虾产业带来巨大损失，美国采用培养无特定病原(Specific Pathogens Free, SPF) 虾，使对虾产量在不增加养殖面积的基础上增产了一倍。更有人提出抗特定病原 (Specific Pathogens Resistance) 虾的计划，开发如获成功，市场潜力十分巨大。抗寒对于北方海水养殖鱼类有着重要意义。

中国沿海有很大面积的盐碱地带，此外还有 3 千多万亩的滩涂尚未较好利用。采用细胞和基因工程培育出耐盐的蔬菜、牧草或粮食作物，发展海上农业，对于解决我国 21 世纪的粮食安全问题十分重要。

建立海水养殖生物优良种质库，势在必行。陆地种植业上种子站的建立，大大推动了农业生产的发展，畜牧业中的良种场成为畜禽养殖中的中心环节。当前，我国建立海藻种质库的条件基本成熟，但还需要发展新的种质保存技术。海洋动物细胞系和配子，贝、虾等的胚胎幼体冷冻保存是建立动物种质库的必要前提和关键技术，急待突破。除此之外，研究与开发与种质资源库相关的支撑技术，如配子质量的判定、种质的鉴别等，也是非常重要的。

养殖个体遗传上的差异可以作为一种遗传标记，分子遗传标记可用于：a.品种的鉴定；b.谱系 (Pedigree) 的确立和分析；c.近亲繁殖的监测；d.标记辅助选育 (Marker-assisted selection or MAS)；e.养殖产品的区分与鉴别。发展鉴别种质的 mtDNA、RFLP、RAPD、DNA 印迹等技术，对分析种群遗传结构，监测遗传漂移，保护遗传多样性和实现定向选育都有很重要的意义。其中，标记辅助选育对于将那些确实在遗传上具有所需优良性状的个体挑选出来是大有用场的。如果标记与控制数量性状的位点 (Quantitative trait loci or QTLS)，例如影响生长速率的位点与某种标记存在连锁性，那么选育就可以集中在标记上而不是数量性状本身的检测上，从而大大提高选育的速度。

早在上个世纪 90 年代，人们已经意识到海洋已经成为而且必将继续成为 21 世纪人类开发利用的热点领域。当今世界，沿海各国政府陆续将以基因及其产品研究和利用为核心的海洋生物资源的开发利用作为国家发展重点，意在缓解人们对食物、药物等方面需求的压力。在人类及陆地重要生物基因组计划成功实施以后，基因组和功能基因组学研究的技术平台逐渐完善，研究成本也显著降低。海洋具有独特的环境、丰富的物种和奇妙的基因资源，越来越多的科学家把目光投向海洋。曾领导塞莱拉基因科技公司完成了人类基因组测序的克雷格·文特尔，也把研究兴趣转移到海洋微生物上，初步的研究已发现了约为人类基因数目两倍的全新基因。各国政府和科学家也开始了重要经济海洋生物基因组计划。美国 1997 年启动了包括对虾、牡蛎、罗非鱼、鮰鱼和大马哈鱼等水产经济生物的基因组研究计划，但由于资金问题，虽有进展，但并不令人满意；最近可能在 FAO 和国家基因组研究中心的推动下，联合欧盟等国家迅速开展这些海洋生物全基因组的测序工作。日本、加拿

大、澳大利亚、巴西、泰国等其它一些国家也纷纷投资，着手酝酿海洋生物基因组计划。为此已经建立了主要经济鱼、虾、贝、藻等养殖生物核心种质的 cDNA 文库、BAC 库，进行了大量 EST 测序，构建了遗传连锁图谱和物理图谱，筛选和克隆出一批调控生长、发育、性控等重要生理活动的功能基因和分子标记，通过遗传重组、转基因、分子标记辅助选育、RNA 干涉等技术途径，进行与生产性状和生物活性相关的特殊功能基因的定位、分离以及表达调控研究，建立海洋生物外源基因高效转移系统以及表达系统，这些工作为基因组计划奠定了坚实的基础。

我国在海洋生物资源开发利用领域有着得天独厚的优势，海洋生物多样性丰富，并拥有世界规模最大的海水养殖业，近年来，在国家 973、863，基金委及科学院等资助下已经培育出了珍贵的海水养殖重要物种如对虾、扇贝、鲍鱼、紫菜等的遗传材料，建立了 cDNA 文库，进行了相当规模的表达序列标签测序，筛选了若干重要功能基因，构建了重要物种的遗传连锁图谱和简单的物理图谱。可以说我国在海洋生物基因组研究方面同该领域国际水平的差距不是很大，加之在人类和水稻等基因组研究中积累了丰富的经验和研究队伍，是最有可能赶超世界水平的研究领域。国际海洋生物基因组研究起源、发展过程和最新动向，对重要海洋生物基因组计划的进展进行了跟踪解析；总结了我国海洋生物基因组研究的最新进展和面临的紧迫形势，作者呼吁尽快开展和实施我国海洋生物基因组计划，并提出了 4 点建议：1、面对国际海洋生物基因组计划的发展，在核心海洋生物基因组计划中要积极参与，避免不久将来在基因利用中的被动局面；2、有计划地对我国重要大规模养殖物种和珍稀特有生物资源独立开展基因组研究计划；3、构建海洋生物后基因组学研究的技术平台，确保开发、保护、利用好获得的生物基因资源；4、建立 GM 动物的环境安全评估体系。

21 世纪，有人预言是海洋世纪，在发展海上农业，改良海水养殖品种中，海洋生物技术是大有作为的。

基因组时代中国水产动物 遗传育种的战略思考

孙效文，梁利群，沈俊宝

(黑龙江水产研究所 哈尔滨 150070)

摘要：本文回顾了水产养殖种类基因组研究的发展，重点介绍了美国开展的水产养殖种类的基因组计划，论述了开展我国主要养殖鱼类基因组研究的重要性和必要性。因为鲤科鱼类产量占到我国水产品的三分之一，鲤和鲤科的其它鱼类如草鱼、白鲢、鳙等被推荐为进行养殖鱼类基因组研究的材料。鲤进行基因组研究的主要优势是有许多人工培养的品系，其育种研究在我国水产养殖动物中也是最为深入的。由于模式生物斑马鱼也属鲤科鱼类，与我国淡水主养鱼类如鲤、草鱼、鲫、白鲢、鳙等都属同科鱼类。由此鲤科鱼类的基因组研究可从斑马鱼的基因组信息中获得很多有价值的资源。对于如何开展我国鲤科鱼类的基因组研究作者给出自己的看法。

关键词：基因组；水产养殖动物；育种

The strategy of the studies on the breeding of aquaculture species in genome era

SUN Xiao-wen ,LIANG Li-qun ,Shen Jun-bao

(Heilongjiang River Fishery Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Harbin 150070, China)

Abstract: The genomic resources from human and several model organisms have been increased very fast since 1990. The techniques for developing genomic resources have been already very advanced and smart. These could made scientists see and improve organism in genomic level. For Chinese aquaculture scientists and aquatic industry, developing genomic resources and genetic tools for the native species are most important in the genomic era. The genomic resources and genetic tools for several aquatic species have been developed and some of them have been used in the marker based selection and other researches. The genome research work on aquaculture species was reviewed in this paper. Some functional genomic research for aquatic animal was also discussed here. The importance and necessity of china aquaculture species genome project were discussed. Common carp and other cultured fishes in Cyprinidae such as grass carp, silver carp, bighead carp etc were recommended as the candidate species for marker-based selection and molecular genetic background by co-dominant markers, because the output of all carps is almost up to 1/3 of total fisheries output in China. Common carp with another virtue for genome research is that there are much more families and strains in common carp than those in other cultured species in China, and those families and strains are the basis for genome research and mapping quantitative trait loci associated with important economic trait. Although the first linkage map of common carp made by Sun needs to be added with more markers for mapping QTL and Type I genes ,it has laid the groundwork for QTL mapping and marker-assisted selection in common carp. Because the model organism zebrafish and common carp, grass carp and other carps cultured in China all belong to Cyprinidae, the China carp genome research will obtain a lot of useful information from zebrafish genome research. How will the china carp genome program be done and what kinds strategy involved in this program were all suggested. How will the results of the genome research of aquaculture species be used in the aquaculture industry was reviewed and analyzed here.

Key words: genome, aquatic species, fish breeding,

人及相关模式生物基因组研究的快速进展使人们看到了基因组研究在基础和应用研究中的巨大价值^[1]。基因组研究获得的信息和新知识除了应用于医学和药物学外，农业将是另一重要领域。为保证我国未来 16 亿人口吃得饱,主要靠农产品产量的提高、要吃得好主要靠农产品品质的提高,而产量和品质提高的技术保证是要不断获得性状优良的种植和养殖新品种。遗传学家和育种学家们相信,在获得控制农业生物经济性状的大部分基因组信息后,将会培育出产量更高、品质更优、抗病能力更强的新品种。

由此,各国政府纷纷启动了本国的农业生物包括水产动物的基因组计划。近年来欧美国家先后开展了多种水产养殖动物的基因组研究,虽然水产养殖动物的基因组研究晚于家畜和家禽,但进展还是比较快的,基因组信息用于水产养殖动物的遗传改良时代已经到来。本文简要综述水产养殖动物基因组资源研究的现状,并讨论了在基因组时代我国水产养殖动物遗传育种及相关基础研究应该采取的战略。

1 水产养殖动物基因组研究的状况

1.1 美国水产养殖种类基因组计划

美国农业部在上世纪 90 年代初已开始个别资助水产养殖动物的基因组研究,并在 1997 年 9 月正式启动了较为全面的水产养殖动物的基因组计划,该计划选 5 种水产养殖动物。它们是斑点叉尾鮰 (*Ictalurus punctatus*)、虹鳟 (*Onchorhynchus mykiss*)、罗非鱼 (*Oreochromis niloticus*)、太平洋对虾 (*Penaeus vannamei*) 和牡蛎 (*Crassostrea gigas*) 等^[2]。斑点叉尾鮰是美国淡水养殖的主养种类,年产量超过 23×10^4 t,也是美国养殖鱼类中遗传基础研究工作做得较多的一种^[3]; 虹鳟是发达国家也是美国水产养殖业中主要的养殖对象^[4,5]。由于虹鳟所属的鲑科鱼类多为冷水性肉食性鱼类,肉质鲜美又无肌间刺,较适于西方人的饮食习惯,因此在西方发达国家很受欢迎。由于欧洲已开始了大西洋鲑 (*Salmo salar*) 的基因组研究,所以美国水产养殖动物基因组计划中选择虹鳟为实验对象。罗非鱼是世界性的养殖鱼类,美国虽然也开始养殖罗非鱼,但消费的多数产品还是从其它国家进口,美国选择罗非鱼作为基因组研究对象主要是看中它在养殖业中的发展潜力^[2]。太平洋对虾是较重要的海水养殖对象,长期以来大面积暴发的病毒性疾病是美国开展此基因组计划的理由,他们确信通过基因组研究将获得足够的遗传信息,能够推进太平洋对虾抗病毒疾病的遗传改良研究^[6,7]。牡蛎是美国最大的海水养殖动物,基因组研究旨在通过经济数量性状的定位等研究获得遗传改进所需的基本遗传信息。可见此计划基本上包括了美国的主要水产养殖动物。美国这一长远的水产养殖动物基因组计划的第一阶段花费了 5 年时间。计划名称是《水产养殖种类的遗传图谱》(genetic maps of aquaculture species)。阶段目标有 3 个:建立遗传连锁图谱、数量性状位点的定位、比较基因组作图。建立遗传连锁图谱的过程被分解成 4 个步骤:第 1 步鉴定和制备二型标记(微卫星和 AFLP(amplified fragment length polymorphism));第 2 步制备参考家系 DNA,每个物种要建立 1~2 个参考系各 500 个动物的 DNA 样品;第 3 步是上述 DNA 样品的基因型分析;第 4 步是建立连锁分析的数据库。斑点叉尾鮰由奥本(Auburn)、德克萨斯(Texas)和佐治亚(Georgia)等 5 所大学完成;虹鳟由加州(California)、华盛顿(Washington State)和蒙大拿(Montana)等 4 所大学完成;罗非鱼由新罕布什尔(New Hampshire)和加州(California)等 7 所大学来完成;太平洋对虾由土夫(Tufts)和康耐克特库特(Connecticut)等 3 所大学完成;牡蛎将由迪莱沃(Delaware)和北卡(North Carolina)等 8 年所学校完成。数量性状位点的定位分 3 个步骤进行。第 1 步是建立重要经济性状的表型分析技术,主要是生长速率和疾病抗性的测定,由于水产动物的生活环境是难于控制的,因此,建立测定表型特征的有效程序是研究中较为关键的一步;第 2 步是培育适于数量性状定位研究的自交后代和回交后代;第 3 步是对这些子代的基因型进行测定并对数量性状位点(quantitative trait loci, QTL)进行连锁定位。从事经济数量性状定位研究将在上述单位中的 17 所大学和研究所进行。第 3 个目标是比较基因组作图,此研究分为 4 个步骤进行。第 1 步是建立物理图谱,主要使用两种技术:RH (radiation hybrids) 定位和 FISH(fluorescent *in situ* hybridization)定位;第 2 步是确定同线性基因尤其是经济数量性状位点的同线性;第 3 步是建立大的插入片段的基因文库如 BAC 库等,也为最终全基因组 DNA 测序做准

备；第4步是用前面各步骤中获得的标记筛选基因文库。计划的长期目标是建立高分辨率的遗传连锁图谱和物理图谱，鉴定染色体区域，鉴定基因尤其是与经济数量性状相关的基因，最终目标是建立可以推进遗传改良的技术平台^[8]。在此计划的资助下，虹鳟和罗非鱼的遗传连锁图谱首先被制备出来。华盛顿州立大学 Thorgaard 教授课题组在 1998 和 2003 先后两次发表虹鳟的遗传连锁图谱^[9,10]；后一版连锁图有 1359 个遗传标记，分辨率已达到可以进行性状定位和基因定位的水平。新罕布什尔州立大学 Kocher 教授发表了罗非鱼的遗传连锁图谱^[11]，正在克隆更多的微卫星以提高连锁图的分辨率，并报道高分辨率的罗非鱼遗传连锁图谱^[12]。斑点叉尾鮰的遗传标记和遗传连锁图谱等研究都进展较快，有 293 个微卫星标记在作图样本库中测到多态性，并定位在连锁图中^[13]。这个图谱可以用来进行经济性状的定位和育种研究。牡蛎的遗传连锁图谱也已在最近发表^[14]。虾类的基因组研究相对要慢一些，虽然有很多微卫星可用^[15, 16]，但没有连锁图谱的报道，这可能与虾类难于遗传操作有关。

美国水产养殖动物的第二期基因组计划在 2002 年启动，增加了一个种（），基本目标没有改变，还是以增加连锁图谱的密度和鉴定经济性状的相关标记为主；还是没有开展目前热门的功能基因组研究，这也是美国水产基础研究领域的科学家较为务实的体现，因为功能基因的探索目前以模式生物为中心更能获得较好的进展，水生生物最终的功能基因组研究或可通过比较基因组获得，并辅助一些特异生理、遗传性状的功能基因剖析。而水生生物的基础研究总是以解决产业需求为首要目标。但虹鳟、罗非鱼都在进行全基因组序列；同时虹鳟、沟鯇等以鉴定全部基因为目标的全长 cDNA 研究也获得了资助正在进行之中。

1.2 其它国家水产养殖动物的基因组研究

挪威、法国、丹麦和苏格兰等几个欧洲国家与加拿大合作开展了鲑鳟鱼类的基因组计划，早在 1997 年就发表了连锁图谱^[17]，在建立了物理图谱之后，又进行荧光原位杂交的方法鉴定微卫星在染色体上的定位，并试图用该微卫星物理定位技术将大西洋鲑的物理图谱和遗传图谱进行整合^[18]。日本也开展了虹鳟的基因组计划，克隆了大量的微卫星并建立了遗传连锁图谱^[19]，同时开展了利用遗传连锁定位技术将虹鳟有关传染性胰脏坏死病毒 (IPNV) 性疾病的抗性基因位点定位在连锁图上^[20]。英国和法国早在上世纪 90 年代初就开展了河鲀 (*Fugu rubripes*) 的基因组研究，虽然河鲀的基因组信息是养殖鱼类中最丰富的，但河鲀是由于基因组中重复序列少而被作为人基因组研究的模式生物的^[21]。日本对虾 (*Penaeus japonicus*) 的一个 AFLP 图谱已报道，有 246 个分子标记，44 个连锁群^[22]。另外，对虾基因组研究的国际合作网已经形成^[23]。我国至今还没有设立国家级的水产养殖动物基因组研究计划，中国水产科学研究院在 1999 年启动了一个鲤 (*Cyprinus carpio*)、鲢 (*Hypophthalmichthys molitrix*) 和珠母贝 (*Pinctada martensii*) 3 种水产养殖动物的遗传连锁图谱计划，黑龙江水产研究所制备了世界上第一个鲤的遗传连锁图谱^[24]，并正在进行生长、抗寒等数量性状的定位研究^[25]。虽然各国在水产养殖动物基因组研究计划中投入的资金都不是很多，使得水产养殖动物的基因组计划进展相对模式生物和畜禽的基因组研究慢一些^[26, 27]，但是世界性的主要养殖品种除了鲤科鱼类外，其它主养种类如大西洋鲑鱼、虹鳟、太平洋对虾、牡蛎、罗非鱼、斑点叉尾鮰等都已获得足够的资金，研究进展顺利，预计分辨率足以进行经济数量性状定位的遗传连锁图谱、重要功能基因的克隆和多态性、经济性状的分子遗传机制等研究结果将会很快发表，从而推进水产养殖动物的遗传基础研究和育种研究进入基因组时代。

2 水产动物的功能基因与功能基因组研究

2.1 水产动物基因的克隆、测序与功能研究。水产动物的基因克隆等研究始于上世纪 80 年代，一是基础研究的需要克隆了如蝶鱼类的抗冻基因^[28]、虹鳟和鲑鱼等养殖鱼类的生长激素等功能基因^[29, 30]，二是转基因研究的需要克隆了如虹鳟的金属硫蛋白基因的启动子和鲤肌动蛋白启动子等^[31, 32, 33]。目前养殖鱼类克隆的功能基因已积累很多，如在美国国家生物技术信息中心的网站 (National Center of Biotechnology, NCBI) 上，至 2003 年 7 月 18 日，公布的虹鳟核酸序列有 100,000 多条，大西洋鲑的核酸序列有 60,000 多条，斑点叉尾鮰有 16000 多条，鲤有 8000 多条，这些信息每天都

在增加。总之水产养殖动物所积累的核酸序列和功能基因信息已十分丰富，如何加工这些信息并使之成为基因组资源和遗传学工具，推进水产养殖动物的遗传与育种研究的深入发展是科学家们面临任务。

水产养殖动物一些基因的功能研究即是生物学基础研究的需要，其结果也可以在生产中运用。与模式生物功能基因研究的方式不完全一致的是，水产养殖动物克隆到的基因多数不直接研究功能，而是先与模式生物已克隆的序列进行比较（basic local alignment search tool, BLAST），确定基因或序列与那些已确定功能的基因在结构上相似^[34]，然后或者通过表达载体在细胞中检测其功能，或由转基因实验鱼等技术来验证其功能^[35,36]。水产动物基因功能研究中有很多连续多年研究同一基因功能的例子，比如肌动蛋白基因(beta-actin)就是很好的例子，Liu 等^[37]在 1990 年开始研究鲤肌动蛋白基因的结构及其启动子的调控功能，Zhu^[38]将其用于转基因研究；Hwang 等^[39,40]在十几年后的 2002 年进一步地研究这个启动子与罗非鱼同一启动子的比较研究及银鲫的同一基因的结构与功能等。虹鳟生长激素基因(growth hormone gene of rainbow trout)也是经过较长时间的研究，对其功能的认识逐步加深。Agellon 等^[41]在 1986 年克隆了虹鳟生长激素基因的 cDNA 并在大肠杆菌中表达，1988 年又发现虹鳟生长激素基因有两种结构类型^[42]，并研究了这个基因的进化意义^[43]，至 2003 年这个课题组又报道了新的生长激素蛋白家族的基因新成员^[44]。虹鳟生长激素基因的内含子与调节区的相互作用与激素的调节、在垂体的表达等也由其他学者做了仔细的研究^{[45][46]}。水产养殖动物特有基因的发现与克隆也是很有意思的，比如美人鱼基因(mermaid gene)和美男人基因(merman gene)^[47,48] 的发现，还有与银鲫雌核发育有关的 DNA 片段等^[49]。可以说，自开始克隆水产养殖动物的基因至今，已有许多重要生命过程的基因和与经济性状相关的基因被克隆和仔细研究过，一些已达到在产业中应用的程度，并积累了功能基因研究的知识和技术，为开展功能基因组研究及应用奠定了基础。通过 cDNA 差减分析等分子生物学方法鉴定一些经济性状的功能基因也是水产养殖动物遗传基础研究的重要方面，根据获得的功能基因的结构信息，也会鉴定到与经济性状连锁的共显性分子标记即 I 型标记，这种标记是更适于分子标记辅助育种研究的。罗非鱼的催乳激素研究是一个很好的例子。从上世纪九十年代开始在 DNA 水平上研究鱼类 PRL 基因^[50, 51, 52, 53]，包括结构和功能，以及 PRL 与生长激素协同的对鱼类的促生长作用研究，发现罗非鱼的 PRL 基因有两种^[54]，并在体内和体外研究分析了这两种 PRL 基因的表达及表达水平与水环境的连锁关系^[55, 56, 57]。有趣的是 Kocher 等最近发现罗非鱼的一个 PRL 基因启动区有两段微卫星序列，且其中一个微卫星序列在不同品种中和不同个体中表现出多态性，进而发现具有不同基因型的个体在淡水和盐水中体内的 PRL 的表达量有明显差异，同时不同基因型的个体在不同水质中生长差异明显，这两种差异表现为紧密的负相关，即 PRL 表达高的生长速度慢^[58]，PRL 表达少的个体生长速度快，育种工作者可以根据这种多态性分子标记与抗盐能力的连锁关系进行品种选育^[59]，培育出适合高盐水质或低盐水质的养殖品种。

2.2 水产动物的功能基因组研究

以模式生物功能基因组研究的标准，水产养殖动物还没有真正开展功能基因组研究，没有建立像斑马鱼(*Danio rerio*)那样的大规模突变库^[60]，也没有小鼠那种全基因组敲出，包括全基因组表达谱的基因芯片以及全部基因的全长 cDNA 研究^[61, 62, 63]。但还是运用基因组研究中开发出的大规模克隆 cDNA 技术，克隆了几种水产养殖动物的 cDNA，设计了 EST 标记和特异性基因等。Cao 等^[64]克隆了大量的斑点叉尾鮰的 cDNA 并进行了不同功能类型筛选。目前已克隆了大量的虹鳟的 cDNA，公布了很多表达序列标签 (expressed sequence tags,ESTs)，美国国家生物技术信息网站至 2004 年末已存有虹鳟特异性基因 (unigene) 13000 多条，虹鳟序列标签位点 (sequence tagged site, STS) 120,000 个，也说明虹鳟的功能基因组研究已接近模式生物的水平^[65]。我国桂建芳研究小组^[66]和相建海等^[67]在最近几年也做了功能基因组方面的研究，分别克隆了大量的银鲫和中国对虾的 cDNA。

总之，水产养殖动物功能基因组研究刚刚起步，还没有积累到足够的基因组信息，用以进行养殖品种的遗传改进和抗病研究。但由于斑马鱼、青鳉、河鲀等模式生物的功能基因组已大规模开发，有丰富的基因组资源信息。通过与这几种作为模式生物的鱼类的比较基因组研究可迅速增加养殖鱼

类的功能基因组信息；用上述模式生物建立适于经济性状基因剖析的模型动物也将是深入探索水产养殖动物经济性状的分子遗传基础的有效技术途径，但这样的模型动物及研究路线还没有成功的例子。

3 基因组研究在水产养殖业上的应用

基因在水产养殖业的应用已有多年的历史，最有影响的就是转基因鱼研究，基因工程疫苗也在研究之中，虽然这些也属于基因组研究的应用范围，但本文对这些不加论述。就水产动物基因组研究而言，目前主要是积累信息阶段。但利用遗传图谱等基因组知识进行性状定位也已开展了一些工作，如定位与体重、性别、体色等相关的连锁区间的研，标记指导下的蝶的家系选育研究等^[12] 已经开展。一个有直接应用意义的研究是 Streelman 等^[68]发现罗非鱼在不同咸水中表达催乳激素（prolactin）的量与生长相关同时还与催乳激素基因的前导序列中的微卫星长度有关，这为选择抗咸水养殖品种提供了基因结构上的信息，也为如何开发和利用基因组资源提供了很好的实例。鉴于已有多种水产养殖动物的功能基因及其连锁图已制备出来，水产动物育种研究像农业生物那样进行分子育种时代也已经不远了。

4 中国水产养殖动物基因组时代育种及相关研究的战略设想

4.1 开展中国水产养殖动物基因组研究的实际意义。

我国是世界水产养殖大国，不仅产量占第一位，而且养殖种类也是最多的，我国水产养殖种类中年产量超过 5×10^5 t 的淡水鱼和超过 1×10^5 t 的海水养殖动物有十几种之多^[69]。这些重要水产养殖动物的基因组研究结果在如下领域的应用价值将会是非常大的。

与水产业持续稳定发展相关的以下几个领域迫切需要基因组信息：

① 原良种鉴定技术。我国水产优良原良种的保护与管理急需的技术是可以区分同一物种不同地理群的技术方法、鉴定生产性能下降的养殖群体与良种之间的技术方法。如中华绒螯蟹的辽河蟹和长江蟹这两个地理群的种质鉴定至今也没有完善的技术，尽管产业迫切需求在幼蟹期区分这两种蟹的种质鉴定技术。Fisher 在七十年前就论证了共显性标记可以准确检测群体的基因型和基因型频率^[70]，而微卫星标记就能够提供大量的共显性标记。可以说，我国开展分子育种研究最缺少的是家系特异性标记和经济性状特异性标记；水产种质资源管理最急需的是可以区分同一物种的不同地理群和不同品种的共显性分子标记。种质资源研究的目的之一是在育种中应用其研究结果，以往的鱼类种质资源研究由于缺少足够的共显性遗传标记，难于将种内不同地理群的遗传差异与经济性状建立连锁关系，使育种研究难以应用种质资源的研究结果。基因组研究将通过准确的群体基因频率和基因型频率的测定、种内遗传距离等建立原良种与普通种、遗传衰退种群的鉴定技术，为我国水产原良种的科学管理提供技术支撑；并鉴定出与经济性状相关的分子标记。

② 品质改进和抗病育种。病害严重是我国主要水产养殖品种的一大特征，防治病害的技术之一是提高养殖种类的抗病力。获得物种与抗病力相关的遗传差异是开展抗病育种研究的首要条件，通过基因组研究是可以获得丰富的养殖动物与抗病相关的多态性分子标记的；品质低是我国淡水养殖鱼类面临的最大问题，而与品质相关的遗传信息用常规方法是难以获得的，因为多数品质性状是没有生化产物或生化产物很少，用常规技术难于将品质这一性状与标记建立连锁关系。遗传连锁图谱恰恰是定位那些没有生化产物的性状的最强有力的工具^[71, 72]；

③ 家系选育与常规育种。分子标记辅助育种可以很方便地用于家系选育中，这可能是现代育种技术与传统育种技术最容易结合的地方了。而这也正是基因组研究尽快提升传统产业技术水平的领域。水产生物多数由于出生时个体太小而无法进行物理标记，而分子标记正好可以补充这一点，使在农作物中效果很好的家系选育在水产动物的育种中尽快应用。另外常规育种获得的品种的进一步选育和家系的建立有了分子标记尤其是共显性标记会获得更好的选育结果。

4.2 中国水产养殖动物基因组研究的近期目标：经济性状紧密连锁的分子标记。

由于经费少而主养品种多，限制了我国水产养殖动物基因组计划不能像发达国家的水产养殖动物的基因组计划那样进行全方位的研究。由此决定了中国水产养殖动物的基因组计划难于像美国、

加拿大等国那样，将人、财、物等集中于少数几个水产养殖种类就可以将大部分主养品种包括进来。因此，将结构基因组的部分研究内容和功能基因组的部分研究内容结合起来，以获得养殖种类主要经济性状的基因组信息为主要目标将是我国水产养殖动物基因组近期研究的可行方式。此外，我国水产养殖的主养种类与发达国家是完全不同的，我国特有的养殖对象如鲤、草鱼、鲢和鳙等的基因组迟早要由中国自己来完成。也就是说，我国水产养殖动物的基因组研究的研究对象多数将是我国特有的养殖种类，几乎不能直接从发达国家的同类研究中获得可借鉴的资源。

具体目标将是：经济数量性状尤其是与生长、抗病、抗逆、品质等相关的数量性状定位结果；与经济性状相关的质量性状的功能基因的克隆及功能研究；与上述经济性状相关的多态性 DNA 分子标记的鉴定等，当然建立几个重要养殖动物的遗传连锁图谱也是必须的。

4.3 中国优先进行水产养殖动物基因组研究的种类与技术路线

基因组研究的第一步多是进行遗传连锁图谱的制备^{[8][73]}，而遗传连锁分析一般需要性状有明显差异而遗传背景又相对较近的一对不同家系，而对那些没有品系、没有家系的野生种来讲，先建立物理图谱而不是先建立遗传连锁图谱是更为可行的技术路线，尤其是繁殖周期较长的养殖鱼类。从相关研究工作的积累和可以利用的模式生物基因组已有信息以及养殖产量等几方面来分析，我国淡水养殖鱼类的鲤和几种已建品系或家系的种类如对虾、扇贝、海参等应该是我国水产养殖动物基因组研究的首批对象。选鲤的理由是：1. 鲤科鱼类是我国水产养殖动物的主养品种，鲤、鲫、草鱼、鲢、鳙等鲤科鱼类的养殖总产量超过 1200×10^4 t，占水产养殖总量的 60%以上^[69]，经遗传改进后市场潜力巨大；2. 鲤在我国经过几十年的遗传育种研究，已有多个品系和纯系，适于基因组研究和遗传连锁分析；3. 鲤与模式生物斑马鱼（斑马鱼属鲤科丹亚科）的遗传关系较近，可方便地利用斑马鱼已获得的基因组信息，如功能基因、标记、基因的多态性等结果。选对虾、海参等的理由是它们在养殖业中的重要性，基因组研究在现阶段还是以主要动物为主。

功能基因组研究多是从 EST 和全长 cDNA 开始^[74, 75]。克隆发育、生长、抗病等重要生命过程和主要经济性状相关的功能基因，研究其多态性与上述性状的连锁关系是应用这些基因知识于养殖业的必须的技术途径。这些功能基因组资源的开发也将为开展我国重要水产养殖动物如对虾、扇贝等病害的遗传基础研究奠定基础。

4.4 以基因组资源为基础的原良种鉴定技术标准的建立。

克隆我国主要水产养殖动物的微卫星序列、从中筛选、鉴定我国主要水产养殖良种和原种的共显性分子标记，这些物种包括：中国对虾、牙鲆、河蟹、鲤、鲫、草鱼、鲢、鳙、团头鲂、罗非鱼、马氏珠母贝等；每个种至少 25 个多态性标记，并建立相关良种和原种的分子背景值：基因与基因型频率、群体的遗传多态性指数、杂合度、有效基因指数等，及可区分同一物种不同种群的微卫星的 PCR 指纹图谱，也为国内从事水产养殖动物遗传与育种研究人员提供可以进行重要经济性状的种质资源研究和品种选育的遗传工具。预期目标是筛选出的分子标记扩增带型清晰、稳定、重复性好，可以作为长期监测和管理良种的技术指标；同时在获得准确的基因和基因型频率等 DNA 分子的种质资源参数的基础上，对检测和统计分析技术过程进行编程，建立电子版的中国主要水产良种和原种的 DNA 指纹库，为我国水产原种和良种的种质资源研究与管理进入基因组水平奠定技术基础。

4.5 标记辅助的家系选育和性状选育的新育种技术的完善。

建立分子标记辅助的家系选育技术和性状选育技术，并将此技术与传统的育种技术结合，建立新一代实用的良种培育技术。这样的技术似乎需要计算机辅助进行标记与性状的统计分析与数据管理。

综上所述，在基因组时代我国水产育种研究在最近一段时间将集中于开发共显性分子标记、建立可用于性状分析的遗传学工具如遗传连锁图谱和适于性状研究的具有特殊性状的模型动物、筛选和鉴定出与经济性状相关的分子标记和家系特异标记等基因组资源；利用上述基因组资源解决水产行业目前急需解决的技术难题，如区分同种不同地理群和不同品种之间的鉴定技术，良种衰退的分析技术，基于家系特异性标记的分子标记辅助的家系选育技术和基于性状特异性标记的分子标记辅助

的性状选育技术等等，使我国水产遗传育种研究尽快进入基因时代，使我国的水产品具有更高的技术含量和更强的国际竞争力。

参考文献

- [1] Zhao S Y. Genomics and life sciences industry [J]. Chinese Bulletin of Life Sciences. 1999,11(1):1-5. [赵寿元, 基因组研究与生命科学工业的崛起[J], 生命科学, 1999,11(1):1-5.]
- [2] Alcivar-Warren A. Proceeding of the aquaculture species genome mapping workshop.[C] .USDA Northeast Regional Aquaculture Center,Dartmouth,MA1997.
- [3] Liu Z J,Li P, Argue B J, et al. Random amplified polymorphic DNA markers:usefulness for gene mapping and analysis of genetic variation of catfish[J]. Aquac,1999,174:59-68.
- [4] Gjedrem T. Breeding plans for rainbow trout [J].Aquac,1992,100:73-83.
- [5] Wolf K, Rumsey G. The representative research animal: why rainbow trout? [M]. Sounderdruck aus Zeitschrift fur angewandte Ichthyologie,1986, 3:131-138.
- [6] Brock J.Taura syndrome of farmed penaeid shrimp. Foreign Animal Diseases Report [R].USDA Animal and Plant Health Inspection Service, 1995,22-25.
- [7] Lightner D V,Redman R M, Hasson K W, et al. Taura syndrome in *Penaeus vannamei*: gross signs,histopathology and ultrastructure[J]. Diseases of Aquatic Organisms, 1995,21:53-59.
- [8] Kocher T D. Genetic map of aquaculture species[P]. USDA regional project number: NE-186.1-11. 1999.
- [9] Young W P, Wheeler P A,Coryell V H, et al. A detailed linkage map of rainbow trout produced using doubled haploids.[J].Genetics,1998,148:839-850.
- [10] Nichols K M, Young W P, Danzmann R G,et al. A consolidated linkage map for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*)[J] Anim Genet,2003,34(2):102-15.
- [11] Kocher T D, Lee W J, Sobolewska H,et al. A genetic linkage map of a cichlid fish, the tilapia (*Oreochromis niloticus*)[J].Genetics, 1998,148:851-858.
- [12] Kocher T D. Tilapia genomics and applications.[A].The symposium on the genomic research for aquaculture species [C]. Harbin,China, 2003,1-5.
- [13] Waldbieser G C, Bosworth B G, Nonneman D J, et al. A microsatellite-based genetic linkage map for channel catfish, *Ictalurus punctatus* [J]. Genetics, 2001,158(2):727-734.
- [14] Yu Z, Guo X. Genetic linkage map of the eastern oyster *Crassostrea virginica* Gmeli.[J]. Biol Bull, 2003,204(3):327-738.
- [15] Xu Z, Dhar A K, Wyrzykowski J, et al. Identification of abundant and informative microsatellites from shrimp (*Penaeus monodon*) genome[J]. Anim Genet, 1999 ,30(2):150-156.
- [16] Vonau V, Ohresser M, Bierne N,et al.Three polymorphic microsatellites in the shrimp *Penaeus stylostris*[J]. Anim Genet,1999,30(3):234-235.
- [17] Slettan A, Olsaker I, Lie O. Segregation studies and linkage analysis of Atlantic salmon microsatellites using haploid genetics[J]. Heredity. 1997 ,78 (6):620-627.
- [18] Martinez J L, Moran P, Garcia-Vazquez E. A cryptic RRY(i) microsatellite from Atlantic salmon (*Salmo salar*): characterization and chromosomal location[J]. J Hered, 2001,92(3):287-290.
- [19] Sakamoto T, Danzmann R G, Gharbi K. A microsatellite linkage map of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) characterized by large sex-specific differences in recombination rates[J]. Genetics, 2000 ,155(3):1331-1345.
- [20] Ozaki A, Sakamoto T, Khoo S,et al. Quantitative trait loci(QTLs) associated with resistance/susceptibility to infectious pancreatic necrosis virus(IPNV) in rainbow trout[J]. Mol Genet Genomics, 2000,265:23-31.
- [21] Brenner S, Elgar G,Sanford R,et al. Characterization of the puffer fish(*Fugu*) genome as a compact model vertebrate genome[J]. Nature, 1993,366:265-268.

- [22] Moor S S, Whan V, Davis G et al. The development and application of genetic markers for the Kuruma prawn *Penaeus japonicus* [J]. Aquac, 1999, 173:19-32.
- [23] Tong J G, Chu K H, Wu Q J. Current status and prospect of studies on genome mapping in fish and aquatic animal [J]. Journal of Fisheries of China, 2001, 25(3):270-278. [童金苟, 朱嘉濠, 吴清江. 鱼类和水生动物基因组作图研究的现状及前景 [J]. 水产学报, 2001, 25 (3): 270-278.]
- [24] Sun X W, Liang L Q. A genetic linkage map of common carp [J]. Fish Sci China, 2000, 7(1):1-5. [孙效文, 梁利群. 鲤鱼的遗传连锁图谱(初报) [J]. 中国水产科学, 2000, 7(1):1-5.]
- [25] Sun X W, Liang L Q. A genetic linkage map of common carp (*Cyprinus carpio* L.) and mapping of a locus associated with cold tolerance [J]. Aquaculture, 2004, 238 (1-4): 165-172.
- [26] Gomez-Raya L, Olsen H G, Lingaa F. The use of genetic markers to measure genomic response to selection in livestock [J]. Genetics, 2002, 162(3):1381-1388.
- [27] Niemann H, Rath D, Wrenzycki C. Advances in biotechnology: new tools in future pig production for agriculture and biomedicine [J]. Reprod Domest Anim, 2003, 38(2):82-89.
- [28] Davies P L, Hew C L. Isolation and characterization of the antifreeze protein messenger RNA from the winter flounder [J]. J Biol Chem, 1980, 255(18):8729-8734.
- [29] Agellon L B, Davies S L, Chen TT, et al. Structure of a fish (rainbow trout) growth hormone gene and its evolutionary implications [J]. Proc Natl Acad Sci U S A, 1988, 85(14):5136-5140.
- [30] Johansen B, Johnsen O C, Valla S. The complete nucleotide sequence of the growth-hormone gene from Atlantic salmon (*Salmo salar*) [J]. Gene, 1989, 77(2):317-324.
- [31] Chen T T, Powers D A. Transgenic fish [J]. Trends Biotechnol, 1990, 8(8):209-215.
- [32] Zafarullah M, Bonham K, Gedamu L. Structure of the rainbow trout metallothionein B gene and characterization of its metal-responsive region [J]. Mol Cell Biol, 1988, 8(10):4469-4476.
- [33] Liu Z J, Zhu Z Y, Roberg K, et al. Isolation and characterization of beta-actin gene of carp (*Cyprinus carpio*) [J]. DNA Seq, 1990, 1(2):125-136.
- [34] Kim S, Karsi A, Dunham R A, et al. The skeletal muscle alpha-actin gene of channel catfish (*Ictalurus punctatus*) and its association with piscine specific SINE elements [J]. Gene, 2000, 252(1-2):173-181.
- [35] Caldovic L, Hackett P B. Development of position-independent expression vectors and their transfer into transgenic fish [J]. Mol Mar Biol Biotechnol, 1995, 4(1):51-61.
- [36] Powers D A. Fish as model systems [J]. Science, 1989, 246:352-358.
- [37] Liu Z J, Zhu Z Y, Roberg K, et al. Isolation and characterization of beta-actin gene of carp (*Cyprinus carpio*) [J]. DNA Seq, 1990, 1(2):125-136.
- [38] Zhu Z Y. Growth hormone gene and the transgenic fish[A]. Agricultural Biotechnology[M]. Beijing: China Science and Technology Press, 1992.106-116.
- [39] Hwang GL, Azizur Rahman M, Abdul Razak S. Isolation and characterisation of tilapia beta-actin promoter and comparison of its activity with carp beta-actin promoter [J]. Biochim Biophys Acta, 2003, 1625(1):11-18.
- [40] Hwang U W, Han M S, Kim I C, et al. Cloning and sequences of beta-actin genes from *Rhodeus notatus* and the silver carp *Hypophthalmichthys molitrix* (Cyprinidae) and the phylogeny of cyprinid fishes inferred from beta-actin genes [J]. DNA Seq, 2002, 13(3):153-159.
- [41] Agellon L B, Chen T T. Rainbow trout growth hormone: molecular cloning of cDNA and expression in *Escherichia coli* [J]. DNA, 1986, 5(6):463-471.
- [42] Agellon L B, Davies S L, Lin C M, et al. Rainbow trout has two genes for growth hormone [J]. Mol Reprod Dev, 1988, 1(1):11-17.
- [43] Agellon L B, Davies S L, Chen T T, et al. Structure of a fish (rainbow trout) growth hormone gene and its evolutionary implications [J]. Proc Natl Acad Sci U S A, 1988, 85(14):5136-5140.