### 翘嘴鳜 pgcl 基因表达特征及水体镉暴露对其节律性表达的影响

潘亚雄<sup>1</sup>,陶晋升<sup>1</sup>,张宇<sup>1,2</sup>,周俊<sup>1</sup>,潘佳琳<sup>1</sup>,唐昭阳<sup>1</sup>,樊轶为<sup>1</sup>,胡名广<sup>1</sup>, 李慧菊<sup>1</sup>,黄鑫<sup>1</sup>,褚武英<sup>1</sup>,张建社<sup>1</sup>

1. 长沙学院生物与环境工程学院, 湖南 长沙 410022;

2. 盐城工学院海洋与生物工程学院, 江苏 盐城 221051

**摘要:** 镉(Cd)是一种具有高度细胞毒性的重金属,其生物半衰期长,不易降解,水体中即使很低浓度镉也能对鱼类 造成较大损伤。过氧化物酶体增殖物激活受体共激活因子 1 (peroxisome proliferator activated receptor-γ co-activator-1, *pgc1*)是一种转录共激活因子,其通过激活 PPARγ 等转录因子活性而参与一系列基因表达调控,在生物能量代谢、 线粒体生物合成、抗氧化等生理过程中起着重要的调控作用。为了阐明鳜(*Siniperca chuatsi*) *pgc1* 基因序列特征、 组织表达及重金属镉胁迫对其昼夜节律性表达的影响,本研究对鳜 *pgc1a、pgc1β* 基因启动子顺式调控元件、序列 特征、组织表达以及水体镉暴露下鳜脑组织中 *pgc1a*和 *pgc1β* 基因表达的昼夜节律进行了分析。结果表明,鳜 *pgc1a* 和 *pgc1β* 启动子中存在 NF-E2、IRF1 等能量代谢相关转录因子结合位点, *pgc1β* 启动子上存在节律转录因子 KLF9 结合位点。鳜 *pgc1a、pgc1β* 基因都包含完整的 LXXLL 基序和 RRM 结构域,与斑马鱼(*Danio rerio*) *pgc1a*和 *pgc1β* 基因同源性分别为 51.6%和 59.7%,与人类基因同源性分别为 41.5%和 28.4%,序列保守性较低。鳜 *pgc1a*和 *pgc1β* 基因表达具有明显的组织特异性,均在脑、肾脏、心脏中特异性表达。自然条件下,鳜脑组织中 *pgc1a*和 *pgc1β* 表 达具有显著的昼夜节律性,均为昼高夜低的表达趋势,其基因表达峰值相位分别为 ZT 7.07 h 和 ZT 8.25 h。重金属镉胁 追导致鳜脑组织 *pgc1a*和 *pgc1β* 基因表达昼夜差异减小,振幅下降,基因表达峰值相位分别提前至 ZT 3.71 h 和 ZT 5.65 h,表明水体镉暴露对鳜脑组织 *pgc1a、pgc1β* 基因昼夜节律性表达具有显著的扰乱作用。

过氧化物酶体增殖物激活受体共激活因子 1 (peroxisome proliferator-activated receptor co-activated factor 1, *pgc1*)在细胞能量代谢中起着重要的调控 作用,其通过调节下游靶基因的表达,协同控制 线粒体合成、脂质代谢平衡、葡萄糖代谢平衡等 多种生理过程<sup>[1-2]</sup>。*pgc1*主要有 *pgc1a*和 *pgc1β*两 个基因亚型<sup>[3]</sup>。*pgc1a*是线粒体合成相关基因的 转录辅激活因子,最早作为脂代谢调控核受体 PPAR<sub>γ</sub>的辅激活因子被发现<sup>[4]</sup>,其在氧化代谢活跃 的组织中高表达,通过促进 PPARa和 NRF1的转录 活性调控心肌线粒体生成与脂肪酸 β 氧化<sup>[5-6]</sup>。 *pgc1β* 也在能量代谢中发挥重要调节作用<sup>[6-7]</sup>, 如 参与葡萄糖异生、脂代谢、线粒体生物合成及氧 化分解等生理过程的调控<sup>[8-9]</sup>。

镉(Cd)是一种非必需的有毒重金属,其容易在 生物体内蓄积,进而导致器官损伤等毒性作用<sup>[10-11]</sup>。 鱼类作为生活在水中的低等脊椎动物,直接与水 中的重金属接触,对 Cd 具有较高的敏感性<sup>[12]</sup>。研 究表明 Cd 暴露能诱导鱼类肝脏等组织产生氧化 应激反应进而导致组织损伤<sup>[13-14]</sup>,此外 Cd 还能 通过诱导线粒体损伤,降低线粒体氧化能力和 ATP 合成,进而抑制机体能量代谢<sup>[15]</sup>。生物节律

#### 收稿日期: 2022-05-21; 修订日期: 2022-08-10.

基金项目:国家自然科学基金项目(31820103016; 32002364);湖南省自然科学基金项目(2021JJ40628).

作者简介:潘亚雄(1989-),男,博士,讲师;研究方向为鱼类生理代谢调控.E-mail: biopyx@163.com

通信作者:张建社,教授,研究方向为水生动物营养与品质调控.E-mail: jzhang@ccsu.edu.cn

对生物的生理和行为有重要的调节作用<sup>[16]</sup>,生物体内在的生物钟可以使生物体预知环境的改变, 并将外界信息变化传递给生物体相关组织器官, 使得各组织内的某些基因表达发生一定的改变, 从而使其相关功能适应环境的变化<sup>[17]</sup>。在鱼类中, 关于重金属镉对生物昼夜节律的影响研究还较少, 在斑马鱼(Danio rerio)中的研究表明,镉胁迫下 斑马鱼表现出运动障碍、昼夜行为活动模式异常 等现象<sup>[18]</sup>。pgc1 作为细胞能量代谢重要调节因子 是否介导了重金属镉的节律毒性效应还未见有报道。

沃 Siniperca chuatsi)是一种经济价值高的淡水名贵鱼类,其肉质细嫩、味道鲜美、营养丰富,在我国广泛养殖,但其作为典型的肉食性鱼类,需摄食活饵或驯化后摄食高蛋白含量饵料,同时对水质要求较高,对水环境污染耐受性差,易受水质影响而导致存活率低。本研究对鳜 pgc1 基因序列特征及其组织表达模式进行了分析,并研究了水体镉暴露对鳜脑组织昼夜节律的转录调控,为探究重金属镉对鱼类生物节律毒性效应提供了新的视角。

#### 1 材料与方法

#### 1.1 实验试剂

RNA 提取(TRIzol)试剂、Nuclease-Free Water、 MonTrack <sup>™</sup> TBE、MonTrack <sup>™</sup> D2000 Plus DNA Ladder、MonPro<sup>™</sup> SYBR<sup>®</sup> Green qPCR Mix (None Rox)购自莫纳生物科技有限公司; CdCl<sub>2</sub>·5H<sub>2</sub>O、氯 仿、异丙醇、无水乙醇购自上海国药; 琼脂糖购 自美国 Sigma 公司; Ultra GelGreen 核酸染色剂 购自南京诺唯赞生物科技有限公司; Loading Buffer、PrimeScript<sup>™</sup> RT reagent Kit with gDNA Eraser (Perfect Real Time)试剂盒购自 TaKaRa 公司。

#### 1.2 实验鱼及饲养管理

实验鱼由长沙市望城区团山湖村鳜鱼养殖场 提供,将实验鳜置于室内实验基地在 LD 光制(光 暗比 12 h:12 h,光照期为 6:30-18:30,暗周期为 18:30-翌日 6:30)下驯养 2 周,每天在同一时间段 进行投食,保证实验鱼的生物周期性一致,同时, 缸中充气以维持水体溶氧充足。待实验鳜状态稳 定后,禁食 24 h,选取规格一致、健康的鳜 6 尾,

用 100 mg/L MS-222 (3-氨基苯甲酸乙酯甲磺酸) 对鱼进行麻醉, 然后放置在冰上解剖, 快速取其 肠道、肝脏、脑、肾脏、脾脏、心脏、鳃、肌肉 8个组织,置入冷冻管,液氮速冻后,放入-80 ℃ 冰箱用于后续基因组织表达分析。另选取健康、 大小规格一致的鳜, 体重(200±15) g (平均值±标 准误)、随机分为两组、每组3缸、每缸12尾、分 别置于容积 200 L 玻璃缸中,每缸水量为 150 L, 实验用水为曝气后的城市自来水。向实验缸中加 入已经配好的 CdCl<sub>2</sub> 母液(对照组不添加, 镉处理 组水体 CdCl<sub>2</sub>终质量浓度: 20 µg Cd/L)。本实验采 用静态水养殖系统,缸中持续充气以维持水体溶 氧充足,实验在室温和LD光制(水温24.0 ℃±1.0 ℃, 光暗比 12 h: 12 h)下进行,每天饱食投取饵料鱼 2 次,投食量根据摄食量调节,半小时后清理剩 余饵料鱼和粪便,用已曝气去氯的自来水换取缸 中 25%的水(镉处理组换的水中提前溶入适量的 CdCl<sub>2</sub>母液,保持水体中的 Cd 浓度在 20 μg Cd/L)。

#### 1.3 样品采集

实验鳜连续镉暴露两周, 禁食 24 h 后开始 24h 连续取样。取样时间点分别是 06:30 (ZT0)、 09:30 (ZT3)、12:30 (ZT6)、15:30 (ZT9)、18:30 (ZT12)、21:30 (ZT15)、00:30 (ZT18)、次日 03:00 (ZT21)、次日 06:30 (ZT24), 共 9 个时间点, ZT0 表示每天光照开始的时间。每个时间点每个处理 组随机选取 3 尾鱼, 用 100 mg/L MS-222 对鱼进 行麻醉, 然后放置在冰上解剖, 快速取脑组织, 置 入冻存管, 液氮速冻后, 放入-80 ℃冰箱保存备用。

#### 1.4 基因表达检测

采用 Trizol 法提取样品总 RNA(参照说明书进行), 琼脂糖凝胶电泳检测总 RNA 完整性, Nanodrop ND-2000 超微量分光光度计测定 *A*<sub>260</sub>/*A*<sub>280</sub> 比值和 *A*<sub>230</sub>/*A*<sub>260</sub> 比值分析 RNA 纯度并测定 RNA 浓度。 逆转录使用 Takara 公司 PrimeScript™ RT reagent Kit with gDNA Eraser (Perfect Real Time)试剂盒 进行, 在逆转录前,使用试剂盒中的 DNA 酶去除 总 RNA 中的基因组 DNA 残留,使用试剂盒自带 引物进行逆转录获得 cDNA,稀释后用于 qPCR 分析。荧光定量 PCR 使用 Monad 公司的 MonPro™ SYBR<sup>®</sup> Green qPCR Mix (None Rox)试剂盒进行,

SE(A)/A<0.30 时,则说明该基因具有显著昼夜节 律性。

#### 2 结果与分析

#### 2.1 鳜 pgc1 基因氨基酸序列比对及同源性分析

鳜 pgc1a 和 pgc1β 基因 cDNA 全长分别为
 3822 bp 和 2817 bp, 编码氨基酸长度分别为 1273aa
 和 938aa。pgc1a 含有 1 个 LXXLL 基序以及 1 个
 RRM 结构域, 而 pgc1 含有两个 LXXLL 基序以
 及一个 RRM 结构域, PGC1a 和 PGC1β 的 LXXLL
 基序和 RRM 结构域高度保守(图 1)。

序列同源性分析表明, 鳜 pgcla 和 pgclβ 与 斑马鱼基因同源性分别为 51.6%和 59.7%, 与人 类基因同源性分别为 41.5%和 28.4%, 序列保守 性较低。此外, 鳜 pgcla 和  $pgcl\beta$  两种基因亚型 之间序列同源性低至 24.9%, 表明鳜两种 pgcl 基 因亚型之间存在较大差异。进化分析表明, pgcl 分为 pgcla 和 pgclβ 两个大类, 鳜 pgcla 先与同 源性最高的加州鲈(Micropterus salmoides)汇集在 一支, 然后与大黄鱼(Larimichthys crocea)、红鳍 东方鲀(Taleifugu rubripes)、斑马鱼聚集于同一支, 最后与亲缘关系较远的爪蟾、智人、牛聚为一类; pgclβ 拓扑结构与 pgcla 类似(图 2)。pgcla 和  $pgc1\beta$  两个分支的拓扑结构与物种演化关系一致, 且鱼类、两栖类和哺乳类物种均有两个 pgcl 亚型, 表明 pgcla、pgclβ 两个基因亚型可能产生于脊椎 动物祖先共有的基因倍增事件。

#### 2.2 鳜 pgc1α 和 pgc1β 上游转录因子结合位点预测

对鳜*pgc1a*和*pgc1β*基因转录起始位点上游2kb 序列进行转录因子结合位点预测分析,*pgc1a*基因 启动子有多个重要转录因子结合位点(图 3),如 MYOD、SOX1和IRF1等,而*pgc1β*基因启动子 区域仅有 KLF9、NFE2 等转录因子结合位点(图 4),其中 KLF9 在昼夜节律与代谢调控中起着重 要的作用<sup>[20]</sup>。

#### 2.3 基因组织表达分析

为研究鳜 pgcla 和 pgclβ 基因在不同组织中的表达水平,对鳜心、肝、脾、肾、鳃、肠、脑、肌肉组织进行半定量 PCR 以及实时荧光定量 PCR 检测,结果如图 5 所示, pgcla 和 pgclβ 基因表达

qPCR 反应采用两步法。qPCR 所用引物由 Primer
5.0设计(表1),利用2 <sup>-ΔΔC</sup> <sub>1</sub> 法计算目的基因的相对
表达量[19],根据预实验筛选,选择表达最稳定的
rpl13和 elfa 作为本研究的内参基因。基因组织表
达半定量 PCR 采用 Monad PCR mix 进行,反应为
25 μL 体系, PCR 反应结束后, 取 2 μL 的 PCR 产
物在琼脂糖凝胶中电泳, 使用 Bio-Rad 凝胶成像
仪对条带拍照。

表 1 引物序列 Tab. 1 Sequence of primers

引物名称 primer name	序列(5'-3') sequences (5'-3')	用途 utilization
pgc1a-F1	CCTCCTGGTCTCGTCACAAC	RT-qPCR
pgc1a-R1	CGAACTCCCGCTTCTCATAG	RT-qPCR
<i>pgc1β</i> -F1	ACACCAATGTTGCCACGAA	RT-qPCR
pgc1β-R1	AGGCTCAGCGCACAGTAGTC	RT-qPCR
pgc1a-F2	CGGGCAGTAAGTCAGGTAGA	RT-PCR
pgc1a-R2	GGTGATCCCTTGTGGTCATT	RT-PCR
pgc1β-F2	CAATCAGGTATCGGATGGAAA	RT-PCR
pgc1β-R2	TGGCAGGTTGTGGATGTAAAA	RT-PCR
<i>rpl13-</i> F	CACAAGAAGGAGAAGGCTCGGGT	内参
<i>rpl13-</i> R	TTTGGCTCTCTTGGCACGGAT	内参
<i>elfa-</i> F	ATACGCCTGGGTTTTGGAC	内参
<i>elfa-</i> R	AGTTTCTTGCCCGTTTGAG	内参

#### 1.5 数据处理与统计分析

使用 SPSS 19.0 软件(SPSS, Michigan Avenue, Chicago, IL, 美国)进行数据统计分析,结果采用 平均值±标准误(means±SE)表示,并使用单因素 方差分析(one-way ANOVA)进行不同时间点指标 差异性统计检验,多重比较选择 Tukey 法,使用 独立样本 T 检验进行不同处理组指标差异性统计 检验。在进行显著性分析之前,所有数据进行 Kolmogorov–Smirnov 分析以检验数据正态分布 性,Levene 分析以检验方差齐性,显著性水平为 P<0.05。生物节律拟合使用 Matlab 软件进行,拟 合的余弦方程为:  $f(t)=M+A\cos(t\pi/12-\varphi)$ ;其中 f(t)是指在给定时间点基因表达水平; M 为基因表达 中值,即波动变化的中线; A 为节律振荡的振幅; t为时间;  $\varphi$  为峰值相位,是振荡达到峰值对应的时 间;同时满足方差分析 P<0.05 且余弦分析信噪比





Sc: 鳜; Ms: 加州鲈; Lc: 大黄鱼; Dr: 斑马鱼.

Fig. 1 PGC1a and PGC1ß sequence analysis of Siniperca chuatsi

Sc: Siniperca chuatsi; Ms: Micropterus salmoides; Lc: Larimichthys crocea; Dr: Danio rerio.



图 2 pgc1 基因家族进化分析

Fig. 2 Phylogenetic tree based on *pgc1* gene family

CCTCAGATAC CCATAAGCAT AACACAGGCA CACACATAAT GTTTTACTGC ACACGCAGGG TATACAGTGG CACGCTCGCA -1921 CACCTACAAT CTGTACAATT TACATTTTCA GTCCCTGAAC TTTTTTACAG GTTTCTGTGC AATTTTGTGC TTAATGAGAC -1841 ttactgtagg tggttcacta atttagggag acaattgctc cttgcatgct caggtggact taataggctt acaagacaaa -1761AAATTTGATT GGGGTTAGCA TGCTCCATGG AGTGAGTTC TTATTACAGC AATGCATTGT CGGAGGTTAA CTTGCTTCTG -1681 tcctgaagat aatgtctaaa cagaaaaata acatcatcat cctttttatt tgctaagat ctcatgcaac agtgtagttt -1601TTAGAATAGC ATAAATCAGG AGCTTGCTAA GAAAAGACCC ATGCGACAAT AACTCATGAT AACTGACATG TAGAATGATG -1521HMBOX ATGTGTGATC AGAGGAAGTC AGATAGCAAC ATTTAGGATT GAAAGAGAAT TCCTCCTGCA CTAGTTAAGC -1441SPIL CTGTCAGTCT ACCCAACAGA AGACCCACTT TGTTTGAAAT GTCCACAAAG C<u>TTTTGTTTT</u> TATTTTACCG AGGTAGTGTT -1361Meis1 GCCTATACAC GCACTGTTGA CACTGTATAC ATGGTTGATA CT<u>GCCACCTG TCCTT</u>TTTAT TGCCTCTGAA TGGACAAAGA -1281MYOD1 -1201AATACTGAAT TACCGTCTTT GATACCCTAC ACGCCAGACA CGGTTAGGTT ACAGTCTTGT CTGGAGTTAT TTCAAGAAAG GAGCAAAACA ATGGCAAG GA ATTATGTTGT AAATGGACGG CAATTTAATT AAACATAAAT TGCTATCCAC TGCATTGTTA -1121SOX13 GTGCAGAAAA ACCTGTAATT AAACAGCTGA AACTTTAAAT GTGATAGAGT ATTGTAATCC CGCCCTTATA AACTCGTTTT -1041CATAAAAAGC TGATTTACTT CTAGGTTACA TTGCTGGAGC TTTTTTTAAA ATCCATGATC ATTCCCGCTT GTCCACGTTT -961CTGGAAAGAC ATCGTGTGAC TCTTCTATTA TGTTCTGCGT TATATGGTGT GTTTGTGCGT GCAGGGATTT CAATACCTTG -881TGGTTATCGC GCATTCTTGC AGATCAATCC CGATAGCTGC GGTGACATTT TTACAGGCGC AGCTTTGTAA AAAAAAAAA -801<u>Ananangttt accgtca</u>ctt tttagggagc taaaaaagat caggggcaga agatccgaac cgaagatatg agagatgact -721AATGATGGAC AGTAACTCAG TAACTGATCC TGAATGTCCA TAAGCTATAT ATTGCCATTG CTCCAGTTAT TCCCACATCA -641-561ACTACAACAT TTACTCAACA CATTTCCCCAC CATTTCACCCC TTCACACTCC AAAACAATTC CCCCCCAATCA TATTAAATCC tttatttaaa attttacaac aaggetgaga teacgagett eagttetaac teabateeag attetteag aattteaet -481ATGAATGAAT GTTTTATCTG AGTAACTGGA GTTAAGTTTA AGATCAGTCT ACTTGTTTAT TGATATTCTC AACCTACAAG -401cagaatgtgt agcttacttt tgaatatata tatagcctac tgtatatata gatagataga ccatgatatg gttggaaggt -321GGACATTTTT TGCAGTGCAC GGAGAGAATT TTACTATGTG CGCAGCGAGA CCCCGCCTGC TCACTGCGCG TCACTGGCGA -241 стастетеда сеседается стессствее тасттталт адеттитала адеттитала аделектета аделектета -161CCTCGGTTCA TTCTCGGCGA GGGGCAGCAG TTGCCTGTGT GAGAGCGAGT GTGAAGCGTG TGTGGATTTC TTTTTTACTT -81-1IRF1 IRF1 ATGGCGTGGG ACAGGTGTAA CCAGGACTCG GTGTGGAGAG AATTAGAGTG +50

图 3 *鳜 pgc1α* 基因转录因子结合位点预测 Fig. 3 Prediction of transcription factor binding sites of *pgc1α* gene in *Siniperca chuatsi* 

具有明显的组织特异性,且均在脑、肾脏、心脏 中高表达,在肌肉、肝脏等组织中表达量较低,在 各组织中,pgc1a均是主要表达亚型,实时荧光定 量和半定量检测结果一致。

## 福胁迫对鳜脑组织 pgc1a 和 pgc1β 昼夜节律 表达的影响

采用实时荧光定量 PCR 对鳜脑组织中 pgc1a 和 pgc1β 基因 24 h 昼夜节律表达进行分析,结果 表明,自然条件下鳜 pgc1a 和 pgc1β 均呈现出昼 高夜低的表达模式(图 6),余弦拟合分析表明其表 达均具有显著的昼夜节律性,pgc1a 和 pgc1β 表 达峰值相位分别为 ZT7.07 和 ZT8.25 (表 2)。镉暴 露(20 μg Cd/L, 14 d)后,pgc1a 基因在鳜脑组织中 表达量相比对照组在多个取样时间点均下降,基 因表达峰值相位变为 ZT3.71,相比对照组 ZT7.07 提早了3.36 h; pgc1β 基因相位为ZT5.65,相比对 照组也提早了2.6 h,且两基因的振幅均减小,表 明水体镉暴露会导致鳜脑组织 pgc1α 和 pgc1β 基 因表达昼夜节律性紊乱。

#### 3 讨论

*pgc1* 基因在生物能量代谢中具有重要的作用, 但目前对 *pgc1* 基因的研究主要集中于哺乳动物, 在水生动物上的研究较少。本研究从鳜中鉴定得 到两个 *pgc1* 亚型(*pgc1a、pgc1β*),该 *pgc1a* 和 *pgc1β* 基因亚型均有 *pgc1* 典型结构域,如 LXXLL 基序和 RRM 结构域。LXXLL 基序是 *pgc1* 与细 胞核受体转录因子相互作用的关键位点<sup>[22-23]</sup>,在 *pgc1* 与激素核受体配体结合域的疏水端相互作用 中起着至关重要的作用<sup>[24]</sup>, RRM 结构域在调控基

actificate tragetaget agentities argacateca gagetetet atggecater ceteenter -1921 mybli ACAGTTAACC TTTTCCTGAC CAACACACAC ACACACACA ATAAACTTAC AGAGCAGAAA AGCCCTGTGC TGCAATGCAG -1841KLF9 RREB1 KLF9 TGATAACATT ACAATCACTG GTGTTAGTGT GTGTGTCCTA ATGCTGGATT TTCTCCTCGG GTCTATATCA GCTGCTTGTG -1761GGAATAACTA AATGTGGAAA CTCTTAATTC AATAACAGCA CAGAG<u>TGCCA</u> TAAAAATGTA ATAAAATCTG ACATAGCACT -1681CDX2 AAAAGTTTAG <u>ATTGCATCAT A</u>TAATAATTT TGGTGCATGA TGTGATATTA TGCACATGGT ATTCTGGGAG TCATTTTTAA -1601CEBPB -1521CCATTATCTG TTATGATGTT GACACAAAGC TGACTGCCCG CTCATTCACT GTAACTCTGG GATCACATTC ATCCCTAATG -1441TGTTTGTCTT CTTACAAACT GC<u>ATGACTCA CTC</u>ATATGAA ACTGATCAAA CACAGTTATT GATTTTTTTT AATAGCCAAA -1361NFF2 AACATTTTTA CAAATATAAT TCTAAAATGT TTTCATCACA CATCCCCAAA GAGGCAGCAA CAAACGACAA CATGTTGCAA -1281 CTGCTGCAAC GGCTAGCACA TACAGTGAGT TTGTAGCAAA TTATGTTTGA TTTTGCATGC AATGCACTTC ACGTTTATCT -1201 GCCCATGGGT TTTTTTTCTC AGCTGCCTGG GAGGACAGTC CTTTATTGCC ATTAAAATAT AAAAGTGGAA ACGTTTTAGT -1121GGCTGTTACT GTCCGGCCTT TGACACCAAC AGAAAACACC AAAAAATGAA TAAATAAATA AATAAACTGC ATCAGTGTTG -1041 CGATTGAAAT AGAGTTACAG TGGTACAATG GCATCAGCTA ATGTAATCAA CTATGCTAGC TACATGACTG ACAGAAGTTG -961 DUXA PBX2 GTTTTGCAGT TGCCCAGCAA CGGGGTGCTG CTAACACTTA TGTCTGTGCT GGCTTCTTAA AACAAAGGCA GAGTGGTTCA -881SOX10 ACAGGACTTT TCAAGCATAC AAAGTGTGTC CTGAATGATC GGGCCCTTTG TATTTTGTGT TTGTGATAAT GACTGAAATT -801ACTCAACTTC CAACTGGAGA ACCAGATTTG TTTTGTGCTA GCTTGCTTGC TTGCTGTTTC TGGCTTTGAT GAAGGGCAAA -721AATGTTGAAT TCTTGATTTT AGGTGGTATA CATAGACTTT ATTACCACTG AAGCTGTGGT ATATTGATGT GGAGAAATTA -641 -561 MAFF TTGTTTTCTC TCAAAATTGC TTTATTTTCA TGACAGGTAA ACACATTGTG GAGACAACAA GAATATCCTA TATAAAATCG -481ACACAATTAC TATCAGGTTC AAAACCGCAT ACTGTATTCA CATATACTTG ATGACAATCT CTTAAATATC TTGTAAATGT -401Cactitaata tetatetate tatetateta atagaettee taataetgaa tate $\underline{\text{tetatattatt}}$  aaaaatttta **pou4f2** -321AACTATAATT TCATGTAATT ATATTTTGTG CTTTATTAAA ATCCGTTTTT GTAAATTATC TTGCAATGGA AATAATTTTC -241CTTTAGTTTA ATCGCAATGA AATTACATTA ATCCTCATTT TATTGTGGGA CCCCCTGGAG CCACTGCATT GACCCCTGGA -161ZBTB6 GGTTTCCCGA CCCCACTTG GAGAACCGCA TGTCTTTAAT GTCTTGGGTT TGTTTCTGTG TGTAAACAGA TGCGCCCCCT -81FOXA3 GCAGGCGGCC TTCCCCCACT GCTCCTCCT TTCCTCCTAT ACTCCGCTCT CTGACTCCAC GGCTCCTCAT TCACTAGAAG -1 ATGGCGGACT GCGCTCCACT ATTAGATGAG GAACTCTCGT CATTTGTCTT +50

#### 图 4 鳜 pgc1β 基因转录因子结合位点预测





#### 图 5 鳜 pgcla、pgclβ 组织表达分析

(A)基于 DNA 凝胶电泳半定量分析; (B) qPCR 相对表达量分析; 大写字母表示 pgc1a 水平差异显著(P<0.05), 小写字母表示 pgc1β 水平差异显著(P<0.05), 不同的字母表示差异显著(P<0.05).</li>
Fig. 5 Relative mRNA expression of pgc1a and pgc1β tissue expression of Siniperca chuatsi
(A) Semi-quantitative analysis based on DNA gel electrophoresis; (B) qPCR relative expression analysis. The uppercase letter indicates the pgc1a significant indigenous level (P<0.05); the lowercase letter indicates the pgc1β significant indigenous level (P<0.05).</li>



图 6 正常投喂组、镉胁迫组鳜脑中的 pgc1a、pgc1β 基因的节律表达 白色和黑色条带分别代表昼夜两个阶段,图中每个时间点的数值代表 pgc1a、pgc1β 基因在该区时的表达水平, 采用 x ±SD 表示,不同区时之间的差异由不同的\*表示(\*P<0.05; \*\*P<0.01; \*\*\*P<0.001).

Fig. 6 Rhythm expression of pgc1a and  $pgc1\beta$  genes in normal feeding group and cadmium stress group of *Siniperca chuatsi* brain White and black bands represent two phases of day and night, respectively. The value of each time point in the figure represents the expression level of pgc1a,  $pgc1\beta$  gene in the region, expressed as ( $\bar{x} \pm SD$ ), and the difference between different regions is indicated by different \* (\*P<0.05; \*\*P<0.01; \*\*\*P<0.001).

	表 2 鱖脑 pgc1α、pgc1β 基因的节律性参数
Tab. 2	Rhythmic parameters of $pgc1a$ and $pgc1\beta$ genes transcription in brain of Siniperca chuatsi

基因 gene	分组 group	振幅 amplitude	中值 mesor	峰值相位 acrophase	峰值对应时区 ZT	噪信比 SE(A)/A	Р	有无节律性 phythmicity
pgcla	对照 control	3.68	6.39	1.85	ZT7.07	0.048	< 0.05	有 yes
pgcla	镉胁迫 cadmium	3.35	5.69	0.98	ZT3.71	0.040	< 0.05	有 yes
pgc1β	对照 control	0.73	2.85	2.16	ZT8.25	0.055	< 0.05	有 yes
pgc1β	镉胁迫 cadmium	0.67	2.75	1.48	ZT5.65	0.244	< 0.05	有 yes

注: 拟合的 2 个波形峰值之间一半的距离即振幅, 曲线的平均值即中值, 最高振幅所在的时间点相对应的弧度即峰值相位, 峰值相位 φ×12/π 即得峰值对应区时, 噪声/信号振幅比即 SE(A)/A 值, 当信噪比<0.3 且 P <0.05 则认为基因表达有节律性<sup>[21]</sup>.

Note: Half the distance between the two fitted waveform peaks is the amplitude; the average value of the curve is the median ; the arc corresponding to the time point where the maximum amplitude is located is the peak phase; peak phase  $\varphi \times 12/\pi$  is the corresponding peak area; noise/signal amplitude ratio is SE(A)/A value<sup>[21]</sup>. If SE(A)/A<0.3 and P<0.05, gene expression is considered to be rhythmic<sup>[21]</sup>.

因自身转录中起着重要作用<sup>[25]</sup>,表明鳜两个 pgc1 基因亚型可能都具有 pgc1 生物学功能。同源性分 析表明,鳜 pgc1a 和 pgc1β 基因亚型之间序列同 源性较低,且 pgc1β 在鱼类中保守性更低,表明 鳜 pgc1β 可能与 pgc1a 功能上具有一定差异性。 哺乳类中的研究表明,尽管 pgc1a 与 pgc1β 基因 都参与线粒体生物合成、脂肪酸 β-氧化和抗氧化 基因表达调控,但 pgc1a 与 pgc1β 基因参与的代 谢通路具有差异性,pgc1a在禁食期间促进糖异生, 而 pgc1β 则促进脂肪酸从头合成和 VLDL 合成和 转运<sup>[26]</sup>。在金鱼中的研究也发现,低温胁迫下 pgc1a 主要通过调控 PPARa 转录活性激活脂肪酸 氧化代谢,而 pgc1β 则通过激活 NRF1 转录活性 激活线粒体基因表达<sup>[27]</sup>。 本研究在鳜 pgcla 与 pgclβ 启动子上预测到 IRF1、NFE2 和 KLF9 等多个转录因子靶向位点。 其中 KLF9 直接受核心生物钟基因调控,是营养 代谢昼夜节律调控的枢纽基因<sup>[20]</sup>,表明鳜 pgcl表 达可能受节律因子直接调控,而可能在营养物质 的节律性调控中发挥作用。在小鼠 pgcl 启动子中 也发现 KLF9 能够直接结合到小鼠 pgcla 的启动 子区,参与小鼠 pgcla 转录活性的调控<sup>[28]</sup>,说明 KLF9 对 pgcl 的转录调控在鱼类和哺乳类中具有 一定的保守性。IRF1 参与了 pgcla 介导的心肌能 量代谢重塑<sup>[29]</sup>,NFE2 则在调节细胞能量代谢、炎 症反应等生理过程中发挥着重要作用<sup>[30]</sup>。此外, 哺乳类中的研究揭示 pgcl 基因表达受 SREBP1等 脂代谢调控基因调控而参与脂类代谢稳态调控<sup>[8]</sup>。 然而本研究在鳜 pgcla 与 pgclβ 基因启动子上均 未发现脂代谢相关转录因子结合位点,表明鱼类 pgcla 和 pgclβ 在脂代谢调控中可能与哺乳类具 有一定差异性。

组织表达分析表明, 鳜 pgcla 和 pgclβ 基因 表达具有显著的组织特异性, 且均在脑、心脏和 肾脏中表达量较高, 而在肌肉和肝脏等组织中表 达较低。pgcl 在能量代谢调控中具有重要作用, 哺乳类中的研究发现 pgcl 主要在高能量需求的 组织中表达,如心脏、肌肉、脑、肾脏和棕色脂 肪组织等<sup>[31]</sup>。本研究发现鱼类 pgcl 组织分布与哺 乳类具有部分一致性,但与哺乳类不同, pgc1α和 pgc18 基因均在鳜肌肉组织中低表达,这可能与 鱼类骨骼肌与哺乳类骨骼肌的组成差异性有关。 哺乳类动物骨骼肌肌纤维呈嵌合式分布, 富含线 粒体的氧化型肌纤维和线粒体较少的酵解型肌纤 维散漫分布, 肌肉组织 pgcl 的表达包括了两种类 型肌纤维的基因表达。鱼类骨骼肌以酵解型的白 肌纤维为主,其线粒体含量较少<sup>[32]</sup>。鳜肌肉组织 中 pgcl 表达量低也说明 pgcl 在肌肉中的表达可 能主要存在于氧化代谢旺盛的红肌, 而在白肌中 表达量较低。

昼夜节律是普遍存在的一种生命现象, 以 24 h 为周期调控生物体新陈代谢、生理机能和行为等 过程,在维持生物体的生理功能、调节机体应对 内外环境的适应性中发挥重要作用<sup>[33]</sup>。生物体能 量代谢具有显著的昼夜节律变化特征,其昼夜节 律性调控与机体代谢稳态密切相关<sup>[34]</sup>。与哺乳类 一样, 鱼类活动具有稳定的昼夜节律性。我们已 在鳜中克隆到了全部的核心生物钟基因(clocks、 bmall、pers、crys、rors、rev-erbs 等), 证实了鳜 和哺乳类具有同样的由核心生物钟调控的昼夜节 律性机制<sup>[35]</sup>。研究表明 pgc1a 通过与核心生物钟 基因作用,在能量代谢昼夜节律性调控中起着关 键作用<sup>[36]</sup>。本研究发现鳜脑组织中 pgc1a 和 pgc1β 基因呈现显著的昼夜节律性表达, 月都呈昼高夜 低型表达趋势, 基因表达峰值分别出现在 ZT7.07 和 ZT8.25。位于脑组织中的松果体是鱼类核心生 物组织,控制着鱼类的生物节律<sup>[37]</sup>,本研究首次 证实 pgcla 和 pgclβ 基因在鱼类脑组织存在昼夜

节律性表达。生物钟会受到环境胁迫等因素的影响而改变,而生物节律的异常可能导致机体功能 紊乱或疾病的产生<sup>[38]</sup>,研究表明重金属镉具有很强的内分泌毒性效应,能通过影响脑组织褪黑素分泌而导致机体生物钟紊乱<sup>[39-40]</sup>。而脑组织也是水体重金属镉毒性的重要靶器官<sup>[41]</sup>,但关于重金属镉对鱼类昼夜节律影响的研究还较少。本研究发现水体镉暴露对鳜脑组织 pgc1a 和 pgc1β 昼夜节律性表达具有显著影响。镉胁迫下,pgc1a 和 pgc1β 峰值相位相比对照组分别提早了 3.36 h 和 2.6 h,且基因表达振幅均减弱,表明水体镉暴露 会导致鳜脑组织 pgc1a、pgc1β 表达昼夜节律紊乱。本研究为从昼夜节律角度研究水体重金属污染对鱼类毒性效应提供了新的视角。

#### 参考文献:

- Liu C, Lin J D. PGC-1 coactivators in the control of energy metabolism[J]. Acta Biochimica et Biophysica Sinica, 2011, 43(4): 248-257.
- [2] Chen S D, Lin T K, Lin J W, et al. Activation of calcium/ calmodulin-dependent protein kinase IV and peroxisome proliferator-activated receptor γ coactivator-1α signaling pathway protects against neuronal injury and promotes mitochondrial biogenesis in the hippocampal CA1 subfield after tra[J]. Journal of Neuroscience Research, 2010, 88(14): 3144-3154.
- [3] Scarpulla R C. Metabolic control of mitochondrial biogenesis through the PGC-1 family regulatory network[J]. Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Molecular Cell Research, 2011, 1813(7): 1269-1278.
- [4] Puigserver P, Wu Z D, Park C W, et al. A cold-inducible coactivator of nuclear receptors linked to adaptive thermogenesis[J]. Cell, 1998, 92(6): 829-839.
- [5] Lehman J J, Barger P M, Kovacs A, et al. Peroxisome proliferator-activated receptor gamma coactivator-1 promotes cardiac mitochondrial biogenesis[J]. The Journal of Clinical Investigation, 2000, 106(7): 847-856.
- [6] Lin J D, Puigserver P, Donovan J, et al. Peroxisome proliferatoractivated receptor  $\gamma$  coactivator 1 $\beta$  (PGC-1 $\beta$ ), A novel PGC-1-related transcription coactivator associated with host cell factor[J]. Journal of Biological Chemistry, 2002, 277(3): 1645-1648.
- [7] Vianna C R, Huntgeburth M, Coppari R, et al. Hypomorphic mutation of PGC-1β causes mitochondrial dysfunction and liver insulin resistance[J]. Cell Metabolism, 2006, 4(6):

453-464.

- [8] Finck B N, Kelly D P. PGC-1 coactivators: Inducible regulators of energy metabolism in health and disease[J]. The Journal of Clinical Investigation, 2006, 116(3): 615-622.
- [9] Shao D. Molecular mechanism of PGC-1β-regulated mitochondrial biogenesis in myotubes and hepatic heme biosynthesis in rat hepatocytes[D]. Beijing: Peking Union Medical College, 2010. [邵迪. PGC-1β 调节小鼠 C2C12 细胞线粒体 发生和大鼠肝细胞血红素合成的机制研究[D]. 北京:中 国协和医科大学, 2010.]
- [10] Cavas T, Garanko N N, Arkhipchuk V V. Induction of micronuclei and binuclei in blood, gill and liver cells of fishes subchronically exposed to cadmium chloride and copper sulphate[J]. Food and Chemical Toxicology, 2005, 43(4): 569-574.
- [11] Liu W C, Li M Y. Research advance of toxicological effects and toxigenicity mechanism of cadmium[J]. Guangdong Trace Elements Science, 2005, 12(12): 1-5. [刘伟成, 李明 云. 镉毒性毒理学研究进展[J]. 广东微量元素科学, 2005, 12(12): 1-5.]
- [12] Wang X N, Zheng X, Yan Z G, et al. Screening of native fishes for deriving aquatic life criteria[J]. Research of Environmental Sciences, 2014, 27(4): 341-348. [王晓南, 郑 欣, 闫振广, 等. 水质基准鱼类受试生物筛选[J]. 环境科 学研究, 2014, 27(4): 341-348.]
- [13] Xie D M, Gong S L, Li Y W, et al. Cadmium induces histological damage and oxidative stress in the liver of zebrafish[J]. Journal of Chongqing Normal University (Natural Science), 2018, 35(4): 31-36, 2. [谢冬梅, 龚仕玲, 李英文, 等. 镉诱导斑马鱼肝脏的组织学损伤和氧化应激[J]. 重庆师范大学学报(自然科学版), 2018, 35(4): 31-36, 2.]
- [14] Liu J, Qu W, Kadiiska M B. Role of oxidative stress in cadmium toxicity and carcinogenesis[J]. Toxicology and Applied Pharmacology, 2009, 238(3): 209-214.
- [15] Lu Z. Mitochondrial toxicity and mechanism of cadmium and arsenic on juvenile olive flounder *Paralichthys olivaceus*[D]. Yantai: Yantai Institute of Coastal Zone Research, Chinese Academy of Sciences, 2020. [路珍. 镉和砷对褐牙鲆幼鱼 线粒体的毒性效应及其作用机制[D]. 阳台: 中国科学院 大学(中国科学院烟台海岸带研究所), 2020. ]
- [16] Liu Z Y, Zhou Z C, Lü W Q. Effects of light cycle on the circadian rhythm of juvenile Nile tilapia Oreochromis niloticus[J]. Journal of Shanghai Ocean University, 2019, 28(2): 180-189. [刘曾宇,周志成,吕为群. 光照周期对尼 罗罗非鱼幼鱼昼夜节律调节的作用[J]. 上海海洋大学学 报, 2019, 28(2): 180-189.]
- [17] Ben-Shlomo R, Kyriacou C P. Circadian rhythm entrainment

in flies and mammals[J].Cell Biochemistry and Biophysics, 2002, 37(2): 141-156.

- [18] Xiao B, Chen T M, Zhong Y B. Possible molecular mechanism underlying cadmium-induced circadian rhythms disruption in zebrafish[J]. Biochemical and Biophysical Research Communications, 2016, 481(3-4): 201-205.
- [19] Livak K J, Schmittgen T D. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the  $2^{-\Delta\Delta C_T}$  method[J]. Methods, 2001, 25(4): 402-408.
- [20] Knoedler J R. Identification of Genomic Targets of Krüppellike Factor 9 in Mouse Hippocampal Neurons: Evidence for a Role in Modulating Peripheral Circadian Clocks[D]. Michigan: University of Michigan, 2016.
- [21] Liu J J, Chu W Y, Zhu X, et al. Embryonic development characteristics and rhythmic expression analysis of RORα gene under starvation in *Siniperca chuatsi*[J]. Journal of Guangxi Normal University (Natural Science Edition), 2021, 39(5): 190-197. [刘晶洁, 褚武英, 朱鑫, 等. 鳜 RORα 基因的胚胎发育特征及饥饿对其节律性表达影响分析[J]. 广西师范大学学报(自然科学版), 2021, 39(5): 190-197.]
- [22] Li Y, Kovach A, Suino-Powell K, et al. Structural and biochemical basis for the binding selectivity of peroxisome proliferator-activated receptor  $\gamma$  to PGC-1 $\alpha$ [J]. Journal of Biological Chemistry, 2008, 283(27): 19132-19139.
- [23] Lu K L, Policar T, Song X J, et al. Molecular characterization of PGC-1β (PPAR gamma coactivator 1β) and its roles in mitochondrial biogenesis in blunt snout bream (*Megalobrama amblycephala*)[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2020, 21(6): 1935.
- [24] Villena J A. New insights into PGC-1 coactivators: Redefining their role in the regulation of mitochondrial function and beyond[J]. The FEBS Journal, 2015, 282(4): 647-672.
- [25] Xu C, Liu W B, Xie D Z, et al. Molecular characterization of PGC1β from *Megalobrama amblycephala* and responsiveness to dietary carbohydrate levels and glucose and insulin loadings[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2021, 28(8): 959-967. [徐超,刘文斌,谢帝芝,等. 团头鲂 PGC1β 基因 克隆及高糖胁迫、葡萄糖和胰岛素负荷对其 mRNA 表达 的影响[J]. 中国水产科学, 2021, 28(8): 959-967.]
- [26] Piccinin E, Villani G, Moschetta A. Metabolic aspects in NAFLD, NASH and hepatocellular carcinoma: The role of PGC1 coactivators[J]. Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology, 2019, 16(3): 160-174.
- [27] LeMoine C M R, Genge C E, Moyes C D. Role of the PGC-1 family in the metabolic adaptation of goldfish to diet and temperature[J]. The Journal of Experimental Biology, 2008, 211(Pt 9): 1448-1455.

- [28] Zhang L. KLF9 is a key mediator of heart mitochondrial function[D]. Beijing: Peking Union Medical College, 2018.
  [张磊. KLF9 调节心脏线粒体代谢功能的分子机制研究
  [D]. 北京:北京协和医学院, 2018.]
- [29] Huang Y H, Wang S B, Zhou J, et al. IRF1-mediated downregulation of PGC1α contributes to cardiorenal syndrome type 4[J]. Nature Communications, 2020, 11: 4664.
- [30] Yin Y Y, Peng H, Shao J B, et al. Regulatory role of NF-E2-related factor 2 pathway in mitochondrial function[J]. Chinese Journal of Pharmacology and Toxicology, 2019, 33(7): 542-549. [尹圆圆,彭辉,邵军波,等. NF-E2 相关因 子 2 通路对线粒体功能的调控作用[J]. 中国药理学与毒理 学杂志, 2019, 33(7): 542-549.]
- [31] Larrouy D, Vidal H, Andreelli F, et al. Cloning and mRNA tissue distribution of human PPARγ coactivator-1[J]. International Journal of Obesity, 1999, 23(12): 1327-1332.
- [32] Shi J, Chu W Y, Zhang J S. Muscle growth, differentiation and gene expression regulation in fish[J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2013, 37(6): 1145-1152. [石军,褚武英,张建社. 鱼 类肌肉生长分化与基因表达调控[J]. 水生生物学报, 2013, 37(6): 1145-1152.]
- [33] Kim Y H, Lazar M A. Transcriptional control of circadian rhythms and metabolism: A matter of time and space[J]. Endocrine Reviews, 2020, 41(5): 707-732.
- [34] Poggiogalle E, Jamshed H, Peterson C M. Circadian regulation of glucose, lipid, and energy metabolism in humans[J].

Metabolism, 2018, 84: 11-27.

- [35] Wu P, Li Y L, Cheng J, et al. Daily rhythmicity of clock gene transcript levels in fast and slow muscle fibers from Chinese perch (*Siniperca chuatsi*)[J]. BMC Genomics, 2016, 17(1): 1008.
- [36] Lin J D. Minireview: The PGC-1 coactivator networks: Chromatin-remodeling and mitochondrial energy metabolism[J]. Molecular Endocrinology (Baltimore, Md), 2009, 23(1): 2-10.
- [37] Ben-Moshe Z, Foulkes N S, Gothilf Y. Functional development of the circadian clock in the zebrafish pineal gland[J]. BioMed Research International, 2014, 2014: 235781.
- [38] Koch C E, Leinweber B, Drengberg B C, et al. Interaction between circadian rhythms and stress[J]. Neurobiology of Stress, 2017, 6: 57-67.
- [39] Lafuente A. The hypothalamic-pituitary-gonadal axis is target of cadmium toxicity. An update of recent studies and potential therapeutic approaches[J]. Food and Chemical Toxicology, 2013, 59: 395-404.
- [40] Xiao B, Chen T M, Zhong Y B. Possible molecular mechanism underlying cadmium-induced circadian rhythms disruption in zebrafish[J]. Biochemical and Biophysical Research Communications, 2016, 481(3-4): 201-205.
- [41] Zheng J L, Yuan S S, Wu C W, et al. Acute exposure to waterborne cadmium induced oxidative stress and immunotoxicity in the brain, ovary and liver of zebrafish (*Danio rerio*)[J]. Aquatic Toxicology, 2016, 180: 36-44.

# Expression characteristics of *pgc1* and effects of cadmium exposure on its rhythmic expression in Chinese perch *Siniperca chuatsi*

PAN Yaxiong<sup>1</sup>, TAO Jinsheng<sup>1</sup>, ZHANG Yu<sup>1, 2</sup>, ZHOU Jun<sup>1</sup>, PAN Jialin<sup>1</sup>, TANG Zhaoyang<sup>1</sup>, FAN Yiwei<sup>1</sup>, HU Mingguang<sup>1</sup>, LI Huiju<sup>1</sup>, HUANG Xin<sup>1</sup>, CHU Wuying<sup>1</sup>, ZHANG Jianshe<sup>1</sup>

1. College of Biological and Environmental Engineering, Changsha University, Changsha 410022, China;

2. College of Marine and Bioengineering, Yancheng Institute of Technology, Yancheng 221051, China

Abstract: Cadmium (Cd) is a highly toxic heavy metal element which has a long half-life and is difficult to degrade. Even at very low concentrations, it can cause great damage to fish. Peroxisome proliferator activated receptor- $\gamma$  co-activator-1 (pgcl) is a transcriptional co-activator that coordinately regulates the activities of PPAR $\gamma$ , plays an important regulatory role in energy metabolism, mitochondrial biosynthesis, and antioxidative system in organisms. In this study, the cis-regulatory elements, sequence characteristics, evolutionary relationship, tissue expression characteristics of pgcla and  $pgcl\beta$  gene promoter in Chinese perch, and the circadian rhythm of pgclaand  $pgcl\beta$  genes in brain exposed to cadmium were analyzed. The results showed that NF-E2 and IRF1 binding sites existed in the promoter of  $pgcl\alpha$  and  $pgcl\beta$ , and KLF9 binding sites existed in the promoter of  $pgcl\beta$ . Both pgcla and  $pgcl\beta$  genes contained a complete LXXLL motif and RRM domain. Chinese perch pgcla and  $pgcl\beta$ shared 51.6% and 59.7% homology with zebrafish and 41.5% and 28.4% homology with human homologous genes, respectively. The expression of pgcla and  $pgcl\beta$  genes in Chinese perch has obvious tissue specificity, and are highly expressed in the brain, kidney, and heart. Under natural conditions, the expression of pgcla and  $pgcl\beta$ in Chinese perch brain showed a trend of being high in the day and low in the night, and the peak phase of gene expression was ZT 7.07 h and ZT 8.25 h, respectively. The diurnal variation of  $pgcl\alpha$  and  $pgcl\beta$  gene expression in Chinese perch brain was reduced and the amplitude was decreased under heavy metal cadmium stress. The peak phase of gene expression was advanced to ZT 3.71 h and ZT 5.65 h, respectively, indicating that cadmium exposure causes a significant disturbance on the circadian rhythm of  $pgc1\alpha$  and  $pgc1\beta$  in Chinese perch brain.

Key words: *Siniperca chuatsi*; *pgc1*; tissue expression; cadmium; circadian rhythm Corresponding author: ZHANG Jianshe. E-mail: jzhang@ccsu.edu.cn