

DOI: 10.3724/SP.J.1118.2020.20015

鱼类营养代谢性疾病相关基因数据库的调研与分析

张玉茹, 张隽美, 任艳华, 聂国兴

河南师范大学水产学院, 河南省水产动物养殖工程技术研究中心, 河南 新乡 453007

摘要: 集约化养殖条件下鱼类营养代谢性疾病频发, 如何防治是目前亟待解决的问题。寻找导致营养代谢性疾病的关键基因, 并研究其功能及作用机制是目前研究的热点。高通量测序技术为研究者提供了海量的基因信息, 如何有效的挖掘、分析和存储数据并用于疾病的防治显得尤为重要。目前, 鱼类营养代谢性疾病相关基因数据库的开发和利用仍处于研究初期。为了合理高效地利用现有的组学数据信息, 本研究系统地调研了鱼类代谢性疾病相关数据库, 明晰了 NCBI 数据库中 265 种鱼类的基因组大小和 64 种鱼类的染色体数目, 获取了 Ensembl 数据库中 17 个目 58 种鱼类的基因组数据, 收集了 KEGG 数据库中 41 种鱼类的糖类、脂类和蛋白质代谢相关基因。本文可为鱼类营养代谢性疾病基因数据库的研发提供数据支撑, 并为鱼类营养代谢性疾病的治疗和预防奠定坚实的基础。

关键词: 鱼类基因组数据库; 营养代谢性疾病; NCBI; KEGG; Ensembl

中图分类号: S941; S917

文献标志码: A

文章编号: 1005-8737-(2020)08-0961-19

目前, 世界渔业发展迅速, 据世界粮农组织统计报告, 2016 年全球鱼类的产量已高达约 1.71 亿 t, 其中, 水产养殖占总产量的 47%^[1]。2018 年, 中国水产养殖产量在世界产量中的比值高达 60%^[2]。与此同时, 高密度集约化养殖的弊端也逐渐显露出来。据报道, 在集约化养殖中, 莫桑比克罗非鱼(*Oreochromis mossambicus*)、虹鳟(*Oncorhynchus mykiss*)、鲫(*Carassius auratus*)和鲤(*Cyprinus carpio*)等淡水养殖鱼类, 以及大黄鱼(*Larimichthys crocea*)、黑鲷(*Acanthopagrus schlegelii*)、牙鲆(*Paralichthys olivaceus*)、鲈(*Lateolabrax japonicus*)、真鲷(*Pagrus major*)和大菱鲆(*Scophthalmus maximus*)等海水养殖鱼类的脂肪肝等代谢性疾病是困扰水产养殖者的重大难题之一^[3]。因此, 营养代谢性疾病已经严重制约了水产养殖业的可持续健康发展, 预防和控制鱼类营养代谢性疾病迫在眉睫。

鱼体脂肪过度蓄积和脂肪肝等营养代谢性疾病的病因和发病机制极其复杂, 是内部遗传和外部环境共同作用所导致的能量代谢障碍性疾病^[4-6]。现有研究多集中在环境、食物、药物和肠道微生物等外界环境因素上, 如高密度精养和集约化养殖模式下普遍存在养殖密度大、生产周期缩短、饲料营养失衡、强化投饲、饲料中含有有毒物质、乱用药和滥用药等问题^[7]。这些问题直接导致养殖鱼类营养代谢紊乱, 免疫系统功能下降, 进而引发脂肪过度蓄积、瘦肌病、脂肪肝、肝硬化和高脂血症等营养性疾病的发生^[8]。而且, 目前营养代谢性疾病的防治方法主要是通过适度降低鱼苗放养密度和尽量投喂营养均衡的饲料, 而在遗传基因层面的研究仍有一定的局限。但越来越多的研究表明, 内部遗传因素—基因在代谢性疾病中扮演着重要的角色^[9-10]。寻找代谢性疾病相关基因, 特别是参与主要的能量物质(糖类、脂类和蛋

收稿日期: 2020-01-04; 修订日期: 2020-03-23.

基金项目: 河南省高等学校重点科研项目(19B240002, 20B240002).

作者简介: 张玉茹(1981-), 女, 博士, 副教授, 研究方向为鱼类糖脂代谢关键基因的生物信息学和功能机制. E-mail: zyuru_2004@163.com; 张隽美(1997-), 共同第一作者, 女, 硕士研究生, 研究方向为鱼类脂代谢. E-mail: mmjz1217969@sina.com

通信作者: 聂国兴, 博士, 教授, 研究方向为鱼类营养学、资源微生物发掘与利用及渔业资源评估与利用. E-mail: niegx@htu.cn

白质)代谢通路以及调控能量物质代谢通路的基因,研究其生物学功能和作用机理等逐步引起水产养殖学界和业界的关注和重视。

研究发现,转录因子(PPARs、SREBP-1 和 LXR_s 等)^[11-13]、脂肪细胞分泌因子(TNF- α 、瘦素和胰岛素)^[14-16]和主要能量物质代谢关键基因[葡萄糖激酶(GK)、己糖激酶(HK)、磷酸烯醇式丙酮酸激酶(PEPCK)、脂肪酸合成酶(FAS)、乙酰辅酶 A 羧化酶(ACC)和甘油三酯酶(ATGL)等]^[17-18]在鱼类营养代谢性疾病中发挥着关键作用。然而,现有的研究结果多是关注某几个代谢基因或通路,无法从基因组水平确定多基因如何调控鱼类营养性疾病发生发展的过程,更无法确定这些基因如何单独或相互作用进而调控具体的代谢和疾病过程。随着测序技术的高速发展和广泛应用,鱼类基因组的大量数据已开始涌现。组学数据为水产业的可持续发展提供了新的契机。但庞大的数据并不意味着有效的开发利用,如何合理利用生物信息学方法在海量的数据中挖掘、处理、分析、阐释和存储有效的基因信息显得尤为重要。对渔业生产而言,当务之急是将基因序列信息转变为有用的生物学知识,进而使这些知识转化成技术并被产业化应用。即如何运用生物信息学这门技术挖掘鱼类基因库中的重要信息,并筛选出关键的候选基因,仍需加强^[19]。为此,本文主要综述了现阶段鱼类营养代谢性疾病及其相关基因数据库的研究进展,并对数据库进行初步的挖掘和分析,以期对代谢性疾病的预防与治疗提供新的研究视角。

1 鱼类营养代谢病概述

1.1 鱼类营养代谢病定义

早在公元前 2 世纪,《黄帝内经·素问》中就有饥荒时期关于营养不良出现浮肿等症状的记载,并将此定义为人类的营养失调性疾病^[20]。借鉴人类中营养代谢性疾病的概念,大多数研究者将营养性疾病和新陈代谢障碍或紊乱性疾病统称为鱼类营养代谢性疾病。确切的说,鱼类营养代谢性疾病是指由于某些营养元素过多、过少或配比不平衡引发鱼体代谢紊乱,进而引发生理功能异

常,导致代谢性疾病的发生,严重时导致鱼类死亡,它是由环境和遗传共同作用的多基因遗传病^[21]。

1.2 鱼类营养代谢性疾病的主要病因

水体环境和饲料配比是目前导致代谢性疾病的主要因素。高密度养殖或者养殖水体受到污染时,水体中氨氮、重金属或环境内分泌毒素污染含量可能会过高,导致大量有毒有害物质蓄积在鱼体血液中,从而引起鱼类代谢失调^[22]。如果投喂的饲料中的某一种或者多种营养素不足时,容易导致鱼体出现抗病力降低、生长缓慢和机体代谢发生紊乱等营养缺乏症。虽然营养物质是维持鱼类正常生理活动机能的基础,但是鱼体一旦对其摄入过多,反而会出现诸如厌食、营养性脂肪肝和抗病力下降等不利于鱼体健康生长的症状。饲料中能源物质过多对鱼体本身就是一种胁迫。比如蛋白质的积累会生产大量的氨氮等代谢废物,并且将硬骨鱼类鱼体的血氨水平提高,使鱼体出现毒性作用^[23];同时脂类大量累积导致其氧化会产生酸类、醛类和酮类等代谢中间物^[24];而糖类过多也会诱发脂肪肝等代谢性紊乱疾病及其炎症反应,鱼体肝脏的解毒功能会大大降低,最终导致鱼类死亡^[25]。此外,遗传因素对鱼类营养代谢病也起着关键性作用。例如,脂肪酸合成酶(fatty acid synthase, FAS)基因和乙酰辅酶 A 羧化酶(acetyl-CoA carboxylase, ACC)基因是调控肉质性状、体脂沉积和脂肪合成速度的重要候选基因;转录因子 SREBP-1 和 PPAR α 在鱼类能量平衡中发挥着重要作用^[26]。综上所述,鱼类营养代谢性疾病受到多种因素的调控,仅仅通过改善外界环境和优化饲料配比已经远远不能达到良好的疾病防控效果。因此,从基因层面考虑并解决问题,已经成为水产养殖业发展的趋势。

2 鱼类基因数据库研究现状

组学技术的发展为系统的研究鱼类代谢性疾病提供了新的契机。利用比较基因组学构建鱼类代谢网络并筛选新的疾病候选基因已成为揭示代谢性疾病内在遗传机制的必由之路^[27]。现存的鱼类基因组数据库是构建鱼类营养代谢数据库平台的主要数据来源。

2.1 NCBI 数据库中的鱼类基因组数据库

调研 NCBI 数据库(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)发现该数据库包含斑马鱼(*Danio rerio*)、虹鳟和鲫等共 265 种鱼类的基因组数据(表 1, 附表 1)。这些基因组数据可为后期鱼类代谢相关基因的发掘提供数据支撑。

表 1 NCBI 中的主要鱼类数据库
Tab. 1 Major fish database in NCBI

物种名 organism name	基因组组装 长度/Mb size	染色体对数/对 chromosomes/ pair
遮目鱼 <i>Chanos chanos</i>	656.93	16
虹鳟 <i>Oncorhynchus mykiss</i>	2179.00	29
大西洋鲑 <i>Salmo salar</i>	2966.89	29
鲫 <i>Carassius auratus</i>	1820.64	59
乌鳢 <i>Channa argus</i>	644.13	24
胡子鲇 <i>Clarias batrachus</i>	821.75	-
鲤 <i>Cyprinus carpio</i>	1713.66	50
鲃 <i>Echeneis naucrates</i>	544.229	24
鲢 <i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	1104.68	-
鳙 <i>Hypophthalmichthys nobilis</i>	1012.06	-
南亚野鲮 <i>Labeo rohita</i>	1484.73	-
奥利亚罗非鱼 <i>Oreochromis aureus</i>	918.937	-
尼罗罗非鱼 <i>Oreochromis niloticus</i>	1005.68	22
虎头鲨 <i>Pangasianodon hypophthalmus</i>	715.76	-

注: 根据数据处理时 NCBI 数据库的信息, 发现其中包含 265 种鱼类数据库, 表中展示的 14 种是根据《2018 年世界渔业和水产养殖状况》^[1]中的表 7 中所列的世界水产养殖业生产的主要鱼类。“-”示基因组数据未定位到具体的染色体水平。

Note: There are 265 fish genomes in NCBI database based on the information at the time of data processing. The 14 species shown in the table are major fish produced in the world aquaculture industry in Tab. 7 of the *State of World Fisheries and Aquaculture 2018*^[1]. “-” indicates that genomic data are not located at specific chromosomal levels.

分析发现, 265 种鱼类基因组为从 0.001005~4470.98 Mb 不等(图 1)。多数鱼类(47 种)位于 609.39~699.33 Mb 的范围, 其次是分布在 701.7~799.42 Mb 的鱼类(36 种)。同时, 我们列举并分析了 14 种世界水产养殖业生产的主要鱼类(表 1), 发现这 14 种鱼类基因组大小分布在 544.29~2966.89 Mb 之间, 其中在 1001.52~1927.14 Mb 中分布的最多 6 种。另外, 该数据库还展示了 64 种鱼类的染色体数目(图 2), 不同鱼类染色体数目

各异。其中, 鲫的染色体数目最多为 59 对, 遮目鱼(*Chanos chanos*)的染色体数目最少为 16 对; 另外, 64 种鱼类中近 40% (23 种)的鱼类具有 24 对染色体。这些数据可为其他鱼类基因组物理图谱的构建提供参考。

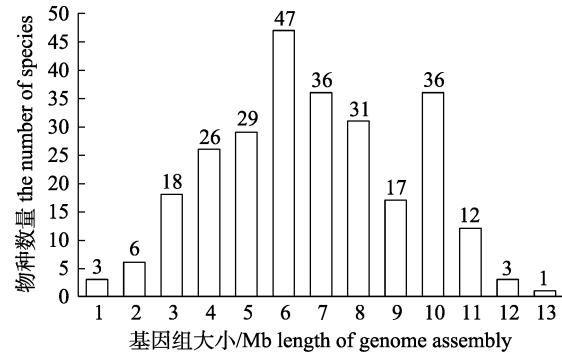


图 1 NCBI 中的鱼类基因组大小分布图

柱上数字为物种个数。横坐标表示基因组大小, 1~13 分别表示基因组大小分布的不同区间, 1 表示该物种的基因组大小尚未被测定出来; 2 表示基因组大小分布在 0.001005~73.43 Mb 区间内; 3 表示基因组大小分布在 306.5~399.88 Mb 区间内; 4 表示基因组大小分布在 401.04~498.28 Mb 区间内; 5 表示基因组大小分布在 519.24~599.81 Mb 区间内; 6 表示基因组大小分布在 609.39~699.33 Mb 区间内; 7 表示基因组大小分布在 701.7~799.42 Mb 区间内; 8 表示基因组大小分布在 800.49~899.65 Mb 区间内; 9 表示基因组大小分布在 900.48~991.89 Mb 区间内; 10 表示基因组大小分布在 1001.52~1927.14 Mb 区间内; 11 表示基因组大小分布在 2068.07~2966.89 Mb 区间内; 12 表示基因组大小分布在 3375.7~3811.04 Mb 区间内; 13 表示基因组大小分布在 4470.98 Mb 区间内。纵坐标表示分布各个区间的物种个数。

Fig. 1 Distribution of fish genome size in NCBI

Species number is marked on the column. The abscissa represents the distribution interval of the genome size, 1 indicates that the genome size of this species has not been determined; 2 indicates that the genome size is distributed in the range of 0.001005-73.43 Mb; 3 indicates that the genome size is distributed in the 306.5-399.88 Mb interval; 4 indicates that the genome size is distributed in the 401.04-498.28 Mb interval; 5 indicates that the genome size is distributed in the 519.24-599.81 Mb interval; 6 indicates that the genome size is distributed in the 609.39-699.33 Mb interval; 7 indicates that the genome size is distributed in the 701.7-799.42 Mb interval; 8 indicates that the genome size is distributed in the 800.49-899.65 Mb interval; 9 indicates that the genome size is distributed in the range of 900.48-991.89 Mb; 10 indicates that the genome size is distributed in the range of 1001.52-1927.14 Mb; 11 indicates that the genome size is distributed in the range of 2068.07-2966.89 Mb; 12 indicates that the genome size is distributed in the range of 3375.7-3811.04 Mb; 13 indicates that the genome size is distributed in the range of 4470.98 Mb. And the ordinate represents the number of species.

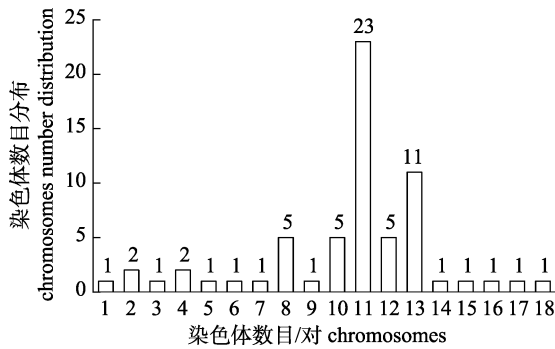


图 2 NCBI 中的 64 种鱼类的染色体数目分布图

柱上数字为物种个数，横坐标表示染色体数目，纵坐标表示染色体数目分布。柱上数字 1 表示染色体数目为 59 对，这样的物种有 1 种：鲫(*Carassius auratus*)；2 表示染色体数目为 51 对，这样的物种有 2 种：茴鱼(*Thymallus thymallus*)和条纹斑竹鲨(*Chiloscyllium plagiosum*)；3 表示染色体数目为 50 对，这样的物种有 1 种：鲤(*Cyprinus carpio*)；4 表示染色体数目为 40 对，这样的物种有 2 种：鳟(*Salmo trutta*)和白鲑(*Coregonus*)；5 表示染色体数目为 39 对，这样的物种有 1 种：北极红点鲑(*Salvelinus alpinus*)；6 表示染色体数目为 34 对，这样的物种有 1 种：帝王鲑(*Oncorhynchus tshawytscha*)。7 表示染色体数目为 30 对，这样的物种有 1 种：银鲑(*Oncorhynchus kisutch*)；8 表示染色体数目为 29 对，这样的物种包括斑点叉尾鲷(*Ictalurus punctatus*)，斑点雀鳊(*Lepisosteus oculatus*)等共 5 种鱼类；9 表示染色体数目为 26 对，这样的物种有 1 种：大西洋鲱(*Clupea harengus*)；10 表示染色体数目为 25 对，这样的物种包括亚洲龙鱼(*Scleropages formosus*)、白斑狗鱼(*Esox lucius*)等共 5 种鱼类；11 表示染色体数目为 24 对，这样的物种包括鲫鱼(*Echeneis naucrates*)、大黄鱼(*Larimichthys crocea*)等共 23 种鱼类；12 表示染色体数目为 23 对，这样的物种包括大西洋鳕(*Gadus morhua*)、孔雀花鲈(*Poecilia reticulata*)等共 5 种鱼类；13 表示染色体数目为 22 对，这样的物种包括红鳍东方鲀(*Takifugu rubripes*)、半滑舌鳎(*Cynoglossus semilaevis*)等共 11 种鱼类。14 表示染色体数目为 21 对，这样的物种有 1 种：泰国斗鱼(*Betta splendens*)；15 表示染色体数目为 20 对，这样的物种有 1 种：齿头鲈(*Denticeps clupeoides*)。16 表示染色体数目为 19 对，这样的物种有 1 种：弗氏假鳃鲈(*Nothobranchius furzeri*)；17 表示染色体数目为 18 对，这样的物种有 1 种是：芦鳎(*Erpetoichthys calabaricus*)；18 表示染色体数目为 16 对，这样的物种有 1 种：遮目鱼(*Chanos chanos*)。

Fig. 2 Chromosome number distribution of 64 species of fish in NCBI

The species numbers are marked on the columns. The abscissa represents the number of chromosomes, and the ordinate represents the distribution of the number of chromosomes. 1 indicates that the number of chromosomes is 59 pairs. One such species is *Carassius auratus*. 2 indicates that the number of chromosomes is 51 pairs. There are two species: *Thymallus thymallus* and *Chiloscyllium plagiosum*. 3 indicates that the number of chromosomes is 50 pairs. One such species is *Cyprinus carpio*. 4 indicates that the number of chromosomes is

40 pairs. There are two species: *Salmo trutta* and *Coregonus*. 5 indicates that the number of chromosomes is 39 pairs. One such species is *Salvelinus alpinus*. 6 indicates that the number of chromosomes is 34 pairs. One such species is *Oncorhynchus tshawytscha*. 7 indicates that the number of chromosomes is 30 pairs. One such species is *Oncorhynchus kisutch*. 8 indicates that the number of chromosomes is 29 pairs. Such species include five species of fish, such as *Ictalurus punctatus* and *Lepisosteus oculatus*, etc. 9 indicates that the number of chromosomes is 26 pairs. One such species is *Clupea harengus*. 10 indicates that the number of chromosomes is 25 pairs. Such species include 5 species of fish, such as *Scleropages formosus* and *Esox lucius*. 11 indicates that the number of chromosomes is 24 pairs. Such species include a total of 23 species of fish, such as *Echeneis naucrates* and *Larimichthys crocea*, etc. 12 indicates that the number of chromosomes is 23 pairs. Such species include a total of 5 species of fish, such as *Gadus morhua* and *Poecilia reticulata*. 13 indicates that the number of chromosomes is 22 pairs. Such species include 11 species of fish such as the *Takifugu rubripes* and *Cynoglossus semilaevis*, etc. 14 indicates that the number of chromosomes is 21 pairs. One such species is *Betta splendens*. 15 indicates that the number of chromosomes is 20 pairs. One such species is *Denticeps clupeoides*. 16 indicates that the number of chromosomes is 19 pairs. One such species is *Nothobranchius furzeri*. 17 indicates that the number of chromosomes is 18 pairs. One such species is *Erpetoichthys calabaricus*. 18 indicates that the number of chromosomes is 16 pairs. One such species is *Chanos chanos*.

2.2 Ensembl 数据库中的鱼类基因组数据库

调研 Ensembl 数据库发现，该数据库包含脂鲤目(Characiformes)、鲱形目(Clupeiformes)、鲤形目(Cypriniformes)、鲭形目(Cyprinodontiformes)、鳕形目(Gadiformes)、刺鱼目(Gasterosteiformes)、电鳗目(Gymnotiformes)、雀鳊目(Lepidosteiformes)、盲鳗目(Myxiniiformes)、骨舌鱼目(Osteoglossiformes)、鲈形目(Perciformes)、鲾形目(Pleuronectiformes)、多鳍鱼目(Polypteriformes)、鲑形目(Salmoniformes)、鲇形目(Siluriformes)、合鳃鱼目(Synbranchiformes)和鲉形目(Tetraodontiformes)共 17 个目 58 种鱼类的基因组数据(表 2)。其中，鱼类种类最多的是鲈形目有 23 种，其次是鲭形目，有 12 种。脂鲤目、鳕形目、电鳗目、盲鳗目、多鳍鱼目、合鳃鱼目、鲇形目及雀鳊目都只有 1 种鱼类。研究表明，从无颌脊椎动物向四足动物演化的进程中，出现过 4 次全基因组倍增事件，斑点雀鳊(*Lepisosteus oculatus*)是基因组倍增事件的分界点^[28]，作为相对原始的 1 种鱼，其基因组没有出现鱼类特有的基因组倍增事件。对斑点雀鳊

表 2 Ensembl 中的鱼类数据库
Tab. 2 Fish database in Ensembl

目 order	学名 scientific name	俗称 common name	分类号 Taxon ID	
脂鲤目 Characiformes	红腹食人鱼 <i>Pygocentrus nattereri</i>	red-bellied piranha	42514	
鲱形目 Clupeiformes	大西洋鲱 <i>Clupea harengus</i>	Atlantic herring	7950	
	齿鲱 <i>Denticeps clupeoides</i>	denticle herring	299321	
鲤形目 Cypriniformes	墨西哥丽脂鲤 <i>Astyanax mexicanus</i>	Mexican tetra	7994	
	斑马鱼 <i>Danio rerio</i>	zebrafish	7955	
鲮形目 Cyprinodontiformes	秀美花鲮 <i>Poecilia formosa</i>	amazon molly	48698	
	孔雀鱼 <i>Poecilia reticulata</i>	guppy	8081	
	印度青鲮 <i>Oryzias melastigma</i>	Indian medaka	30732	
	日本青鲮 <i>Oryzias latipes</i>	Japanese medaka hdr	8090	
	斑纹隐小鲮 <i>Kryptolebias marmoratus</i>	mangrove rivulus	37003	
	库舍剑尾鱼 <i>Xiphophorus couchianus</i>	monterrey platyfish	32473	
	底鲮 <i>Fundulus heteroclitus</i>	mummichog	8078	
	花斑剑尾鱼 <i>Xiphophorus maculatus</i>	platyfish	8083	
	茉莉花鲮 <i>Poecilia latipinna</i>	sailfin molly	48699	
	杂色鲮 <i>Cyprinodon variegatus</i>	sheepshead minnow	28743	
	短鳍花鲮 <i>Poecilia mexicana</i>	shortfin molly	48701	
	食蚊鱼 <i>Gambusia affinis</i>	western mosquitofish	33528	
	鳕形目 Gadiformes	大西洋鳕 <i>Gadus morhua</i>	Atlantic cod	8049
	刺鱼目 Gasterosteiformes	三刺鱼 <i>Gasterosteus aculeatus</i>	stickleback	69293
虎尾海马 <i>Hippocampus comes</i>		tiger tail seahors	109280	
电鳗目 Gymnotiformes	电鳗 <i>Electrophorus electricus</i>	electric eel	8005	
雀鲮目 Lepidosteiformes	斑点雀鲮 <i>Lepisosteus oculatus</i>	spotted gar	7918	
盲鳗目 Myxiniiformes	蒲氏黏盲鳗 <i>Eptatretus burgeri</i>	hagfish	7764	
骨舌鱼目 Osteoglossiformes	美丽硬仆骨舌鱼 <i>Scleropages formosus</i>	asian bonytongue	113540	
	喀麦隆副长颌鱼 <i>Paramormyrops kingsleyae</i>	p. kingsleyae	1676925	
鲈形目 Perciformes	贝氏隆头鱼 <i>Labrus bergylta</i>	ballan wrasse	56723	
	盲曹鱼 <i>Lates calcarifer</i>	barramundi perch	8187	
	深裂眶锯雀鲷 <i>Stegastes partitus</i>	bicolor damselfish	144197	
	威氏软喉盘鱼 <i>Gouania willdenowi</i>	blunt-snouted clingfish	441366	
	布氏朴丽鱼 <i>Haplochromis burtoni</i>	burton's mouthbrooder	8153	
	鞍斑杜父鲈 <i>Cottoperca gobio</i>	channel bull blenny	56716	
	攀鲈 <i>Anabas testudineus</i>	climbing perch	64144	
	公子小丑鱼 <i>Amphiprion ocellaris</i>	clown anemonefish	80972	
	美妊丽鱼 <i>Astatotilapia calliptera</i>	eastern happy	8154	
	琥珀鱼 <i>Seriola dumerili</i>	greater amberjack	41447	
	兰副双边鱼 <i>Parambassis ranga</i>	Indian glassy fish	210632	
	大黄鱼 <i>Larimichthys crocea</i>	large yellow croaker	215358	
	布氏新亮丽鲷 <i>Neolamprologus brichardi</i>	lyretail cichlid	32507	
	奈里朴丽鱼 <i>Pundamilia nyererei</i>	makobe island cichlid	303518	
	橘色双冠丽鱼 <i>Amphilophus citrinellus</i>	midas cichlid	61819	
	海葵双锯鱼 <i>Amphiprion percula</i>	orange clownfish	161767	
	大鳍弹涂鱼 <i>Periophthalmus magnuspinnatus</i>	p. magnuspinnatus	409849	
	暹罗斗鱼 <i>Betta splendens</i>	siamese fighting fish	158456	

(续表 to be continued)

(续表 2 Tab. 2 continued)

目 order	学名 scientific name	俗称 common name	分类号 Taxon ID
鲈形目 Perciformes	橙线雀 <i>Acanthochromis polyacanthus</i>	spiny chromis	80966
	尼罗罗非鱼 <i>Oreochromis niloticus</i>	tilapia	8128
	黄条鲷 <i>Seriola lalandi dorsalis</i>	yellowtail amberjack	1841481
	斑马雀(丽鱼科) <i>Maylandia zebra</i>	zebra mbuna	106582
	大刺鳅 <i>Mastacembelus armatus</i>	zig-zag eel	205130
鳎形目 Pleuronectiformes	半滑舌鳎 <i>Cynoglossus semilaevis</i>	tongue sole	244447
	大菱鲆 <i>Scophthalmus maximus</i>	turbot	52904
多鳍鱼目 Polypteriformes	芦鲮 <i>Erpetoichthys calabaricus</i>	reedfish	27687
鲑形目 Salmoniformes	多瑙哲罗鱼 <i>Hucho hucho</i>	huchen	62062
	白斑狗鱼 <i>Esox lucius</i>	northern pike	8010
鲇形目 Siluriformes	斑点叉尾鲶 <i>Ictalurus punctatus</i>	channel catfish	7998
合鳃鱼目 Synbranchiformes	黄鳝 <i>Monopterus albus</i>	swamp eel	43700
鲉形目 Tetraodontiformes	红鳍东方鲀 <i>Takifugu rubripes</i>	fugu	31033
	翻车鲀 <i>Mola mola</i>	ocean sunfish	94237
	绿河鲀 <i>Tetraodon nigroviridis</i>	tetraodon	99883

注: 根据数据处理时 Ensembl 数据库的信息, 发现其中包含 58 种鱼类数据库。

Note: Based on the information in the Ensembl database at the time of data processing, it was found that it contained 58 fish databases.

基因组信息的挖掘与分析, 可为鱼类关键代谢疾病相关基因的结构和功能演化提供数据支持。

2.3 其他鱼类基因组数据库

一些重要的模式生物或经济物种的基因组数据库也可为鱼类疾病数据库的构建提供参考。比如, 鱼类模式生物斑马鱼数据库(Zebrafish Model Organism Database, ZFIN, <https://zfin.org/>)包含斑马鱼的基因信息以及斑马鱼基因组图谱信息、突变品系、野生型品系和转基因品系等资源^[29]。美国国家水产养殖基因组计划数据库(National Aquaculture Genome Project, <https://www.animalgenome.org/aquaculture/database/>)包括了鲇、虹鳟和三文鱼等重要经济鱼类的 EST 数据库以及其基因组物理图谱等^[30]。中国科研工作者开发的主要经济鱼类草鱼基因组资源数据库(Grass Carp Genome Database, GCGD, <http://bioinfo.ihb.ac.cn/gcgd/php/index.php>)揭示了其草食性特征的遗传基础^[31-32]。这些数据库可为经济鱼类的繁育、健康养殖及关键基因的分子机制研究提供参考。

3 鱼类营养代谢性疾病相关基因数据库

目前, 鱼类疾病基因数据库的研究仍处于起步阶段。专门的鱼类代谢性疾病的数据库仍比较

少。前期研究在人类 2 型糖尿病数据库^[33-34]的基础上构建了斑马鱼中脂代谢疾病相关基因的数据库^[27]。但仍需进一步发掘其他重要经济鱼类的代谢性疾病的数据库。为了更好地研发鱼类代谢性疾病相关基因数据库, 我们调研了以下三个重要的代谢和疾病数据库。

3.1 KEGG 数据库中的鱼类代谢相关基因数据库

KEGG 数据库(<http://www.genome.jp/kegg/>)^[35-36]中的代谢通路网站(KEGG PATHWAY)提供了详尽的代谢和调控通路图及基因, 可以从中下载到鱼类基因组中调控和参与主要能量物质(糖类、脂类和蛋白质)代谢的基因。氨基酸是蛋白质的基本组成单位, 本文的蛋白质代谢通路包括 KEGG 数据库中的氨基酸代谢通路(amino acid metabolism)和其他氨基酸代谢通路(metabolism of other amino acids)两类。调研 KEGG 数据库, 发现该数据库包含了包括斑马鱼、鲤和斑点叉尾鲶(*Ictalurus punctatus*)等 41 种硬骨鱼的数据库, 还包括米氏叶吻银鲛(*Callorhynchus milii*)和鲸鲨(*Rhincodon typus*)两种软骨鱼的代谢信息(表 3)。其中, 滇池金线鲃(*Sinocyclocheilus grahami*)糖类、脂类和蛋白质代谢相关基因数目最多, 为 3817 个; 米氏叶吻银鲛的数目最少, 为 1589 个。

表 3 KEGG 中的鱼类数据库
Tab. 3 Fish database in KEGG

常用名 current name	主要能量物质代谢的相关基因数目 number of genes involved in major energy metabolism	分类号 Taxon ID
斑马鱼 <i>Danio rerio</i>	1800	7955
犀角金线鲃 <i>Sinocyclocheilus rhinoceros</i>	3751	307959
安水金线鲃 <i>Sinocyclocheilus anshuiensis</i>	3626	1608454
滇池金线鲃 <i>Sinocyclocheilus grahami</i>	3817	75366
鲤 <i>Cyprinus carpio</i>	3536	7962
斑点叉尾鮰 <i>Ictalurus punctatus</i>	1999	7998
虎头鲨 <i>Pangasianodon hypophthalmus</i>	1976	310915
墨西哥丽脂鲤 <i>Astyanax mexicanus</i>	2054	7994
电鳗 <i>Electrophorus electricus</i>	1964	8005
红鳍东方鲀 <i>Takifugu rubripes</i>	2075	31033
绿河鲀 <i>Tetraodon nigroviridis</i>	2103	99883
大黄鱼 <i>Larimichthys crocea</i>	2016	215358
革首南极鱼 <i>Notothenia coriiceps</i>	2184	8208
斑马雀(丽鱼科) <i>Maylandia zebra</i>	2289	106582
尼罗罗非鱼 <i>Oreochromis niloticus</i>	2407	8128
日本青鳉 <i>Oryzias latipes</i>	1941	8090
花斑剑尾鱼 <i>Xiphophorus maculatus</i>	2037	8083
库舍剑尾鱼 <i>Xiphophorus couchianus</i>	2011	32473
孔雀鱼 <i>Poecilia reticulata</i>	2042	8081
杂色鳉 <i>Cyprinodon variegatus</i>	2132	28743
非洲齿鲤 <i>Nothobranchius furzeri</i>	1956	105023
斑纹隐小鳉 <i>Kryptolebias marmoratus</i>	2018	37003
林奈氏澳鳉 <i>Austrofundulus limnaeus</i>	2133	52670
公子小丑鱼 <i>Amphiprion ocellaris</i>	2219	80972
半滑舌鳎 <i>Cynoglossus semilaevis</i>	1961	244447
牙鲆 <i>Paralichthys olivaceus</i>	2134	8255
盲曹鱼 <i>Lates calcarifer</i>	2243	8187
琥珀鱼 <i>Seriola dumerili</i>	2068	41447
黄条鲷 <i>Seriola lalandi</i>	2422	302047
虎尾海马 <i>Hippocampus comes</i>	1921	109280
大弹涂鱼 <i>Boleophthalmus pectinirostris</i>	2059	150288
黄鳝 <i>Monopterus albus</i>	1961	43700
大西洋鲑 <i>Salmo salar</i>	3734	8030
帝王鲑 <i>Oncorhynchus tshawytscha</i>	3304	74940
北极红点鲑 <i>Salvelinus alpinus</i>	2975	8036
白斑狗鱼 <i>Esox lucius</i>	2037	8010
美丽硬仆骨舌鱼 <i>Scleropages formosus</i>	2066	113540
喀麦隆副长颌鱼 <i>Paramormyrops kingsleyae</i>	2046	1676925
西印度洋矛尾鱼 <i>Latimeria chalumnae</i>	1829	7897
米氏叶吻银鲛 <i>Callorhynchus milii</i>	1589	7868
鲸鲨 <i>Rhincodon typus</i>	1899	259920

注: 根据数据处理时 KEGG 数据库的信息, 发现其中包含 41 种鱼类数据库.

Note: Based on the information of the KEGG database at the time of data processing, it was found that it contained 41 fish databases.

作为鱼类、人类乃至所有动物界疾病研究的重要的模式生物,斑马鱼具有较为完善的基因组数据。根据现有的 KEGG 数据库中获得的斑马鱼代谢通路相关基因列表(表 4),发现参与斑马鱼糖代谢通路的基因有 591 个,其中调节磷酸肌醇代谢通路的基因最多有 90 个,其次是糖酵解和糖异生通路的基因有 78 个。脂代谢通路的基因有 573 个,其中调控甘油磷脂代谢通路的基因最多

为 101 个,其次是甘油酯代谢通路的基因有 66 个。蛋白质代谢通路的基因有 636 个,其中调控赖氨酸降解通路的基因最多为 77 个,其次是精氨酸和脯氨酸代谢的基因有 61 个。另外,调控氨基酸代谢和 D 型丙氨酸代谢通路的基因数为 0 个。通过对斑马鱼主要代谢通路基因的研究,可以为深入挖掘其他鱼类的代谢相关基因提供方法支撑。

表 4 以 KEGG 为准,斑马鱼代谢通路相关基因列表
Tab. 4 Zebrafish metabolism related gene pathway list in KEGG

代谢过程 metabolic process	代谢通路 metabolic pathway	相关基因个数 number of related genes
糖代谢 carbohydrate metabolism	糖酵解/糖异生 glycolysis/gluconeogenesis	78
	柠檬酸循环(TCA 循环) citrate cycle (TCA cycle)	35
	磷酸戊糖途径 pentose phosphate pathway	33
	戊糖和葡萄糖醛酸的相互转化 pentose and glucuronate interconversion	22
	果糖和甘露糖代谢 fructose and mannose metabolism	43
	半乳糖代谢 galactose metabolism	33
	抗坏血酸和醛糖二酸代谢 ascorbate and aldarate metabolism	19
	淀粉和蔗糖代谢 starch and sucrose metabolism	36
	氨基糖和核苷酸糖代谢 amino sugar and nucleotide sugar metabolism	58
	丙酮酸盐代谢 pyruvate metabolism	47
	乙醛酸盐和二羧酸盐代谢 glyoxylate and dicarboxylate metabolism	37
	丙酸代谢 propanoate metabolism	34
	丁酸酯代谢 butanoate metabolism	24
	C5-二元酸代谢 C5-branched dibasic acid metabolism	2
磷酸肌醇代谢 inositol phosphate metabolism	90	
脂代谢 lipid metabolism	脂肪酸生物合成 fatty acid biosynthesis	22
	脂肪酸延伸 fatty acid elongation	34
	脂肪酸降解 fatty acid degradation	46
	酮体的合成与降解 synthesis and degradation of ketone bodies	9
	角质、琥珀和蜡的生物合成 cutin, suberine and wax biosynthesis	1
	类固醇生物合成 steroid biosynthesis	19
	初级胆汁酸的生物合成 primary bile acid biosynthesis	21
	类固醇激素的合成 steroid hormone biosynthesis	38
	甘油酯代谢 glycerolipid metabolism	66
	甘油磷脂代谢 glycerophospholipid metabolism	101
	醚脂质代谢 ether lipid metabolism	45
	鞘脂代谢 sphingolipid metabolism	60
	花生四烯酸代谢 arachidonic acid metabolism	47
	亚油酸代谢 linoleic acid metabolism	17
	α -亚麻酸代谢 alpha-linolenic acid metabolism	18
不饱和脂肪酸的生物合成 biosynthesis of unsaturated fatty acids	29	

(续表 to be continued)

(续表 4 Tab. 4 continued)

代谢过程 metabolic process	代谢通路 metabolic pathway	相关基因个数 number of related genes
氨基酸代谢 amino acid metabolism	丙氨酸、天冬氨酸和谷氨酸代谢 alanine, aspartate and glutamate metabolism	44
	甘氨酸、丝氨酸和苏氨酸代谢 glycine, serine and threonine metabolism	45
	半胱氨酸和蛋氨酸代谢 cysteine and methionine metabolism	53
	缬氨酸, 亮氨酸和异亮氨酸降解 valine, leucine and isoleucine degradation	55
	缬氨酸, 亮氨酸和异亮氨酸生物合成 valine, leucine and isoleucine biosynthesis	4
	赖氨酸生物合成 lysine biosynthesis	1
	赖氨酸降解 lysine degradation	77
	精氨酸生物合成 arginine biosynthesis	25
	精氨酸和脯氨酸代谢 arginine and proline metabolism	61
	组氨酸代谢 histidine metabolism	25
	酪氨酸代谢 tyrosine metabolism	34
	苯丙氨酸代谢 phenylalanine metabolism	16
	色氨酸代谢 tryptophan metabolism	50
	苯丙氨酸、酪氨酸和色氨酸生物合成 phenylalanine, tyrosine and tryptophan biosynthesis	6
其他氨基酸 的代谢 metabolism of other amino acids	β -丙氨酸代谢 beta-Alanine metabolism	35
	牛磺酸和亚牛磺酸代谢 taurine and hypotaurine metabolism	14
	膦酸盐和次膦酸盐代谢 phosphonate and phosphinate metabolism	8
	有机含硒化合物代谢 selenocompound metabolism	16
	氰氨基酸代谢 cyanoamino acid metabolism	0
	D 型谷氨酰胺和 D 型谷氨酸代谢 D-Glutamine and D-glutamate metabolism	5
	D 型精氨酸和 D 型鸟氨酸代谢 D-Arginine and D-ornithine metabolism	3
	D 型丙氨酸代谢 D-Alanine metabolism	0
谷胱甘肽代谢 Glutathione metabolism	59	
合计 total		1800

注: 根据 KEGG 数据库, 统计与斑马鱼主要能量物质(糖类、脂类和蛋白质)代谢通路的相关基因数是 1800 个。

Note: The table shows the number of genes involved in energy (saccharide, lipid and protein) metabolism pathways in zebrafish. According to the current KEGG database, there are 1800 genes.

3.2 Reactome 代谢通路数据库

Reactome 数据库(<http://www.reactome.org>)包含了人类中间代谢通路、调节通路和信号转导, 以及细胞周期等生物学过程的通路^[37]。此外, 还覆盖了 UniProt 和 OMIM 数据库中的关键功能和疾病相关的蛋白质^[38]。和 KEGG 数据库相比, 该数据库代谢通路图片分辨率高, 使用便捷, 是一个改良的基因搜索和挖掘工具。因此, 它也是研究鱼类疾病的一个重要参考数据库。

3.3 OMIM 数据库中疾病相关基因

OMIM (Online Mendelian Inheritance in Man) 数据库(<https://www.omim.org/>), 是人类基因和遗传表型的知识库^[39]。该数据库包含所有已知的孟德尔疾病的基因信息超过 15000 个。每个 OMIM

条目都有遗传表型和/或基因的全文摘要, 并且与其他遗传资源(如 DNA 和蛋白质序列, PubMed 参考, 突变数据库和基因命名法等)有着丰富的联系^[40]。可以根据人类的疾病数据, 寻找鱼类中相关基因的直系同源物, 构建鱼类代谢性疾病数据库^[27]。

4 不同数据库鱼类基因组数据库比较分析

为了整合不同数据库中现有的鱼类基因组数据, 本研究比较分析了 NCBI、Ensembl 和 KEGG 数据库中所包含的鱼类数据库信息(图 3)。结果发现 NCBI 中包含的鱼类数据库数量最多, 有 191 种是 NCBI 所特有的, 有 1 种是 Ensembl 特有的。另外, 3 个数据库中共有的鱼类数据库有 24 种,

Ensembl 和 NCBI 中都包括的鱼类数据库有 33 种, KEGG 和 NCBI 中共有的鱼类数据库有 17 种。综上所述, 目前三大数据库中 共有 266 种鱼类基因组数据库, 这些数据是鱼类脂代谢研究的出发点, 可为寻找代谢性疾病相关基因以及其网络平台的建立提供数据支撑^[41], 但如何有效深入挖掘这些基因信息仍需进一步研究。

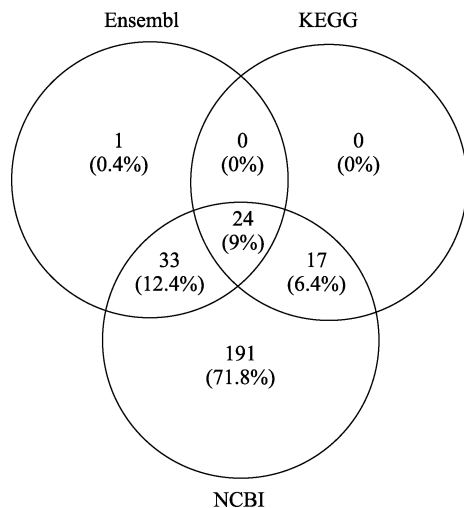


图 3 NCBI、Ensembl、KEGG 中的鱼类数据库 Venn 图
Fig. 3 Venn diagram of fish database in NCBI, Ensembl and KEGG

5 总结与展望

海量的组学数据为鱼类营养代谢病疾病的防治及水产业的可持续发展提供了新的契机。但庞大的数据并不意味着完全有效的开发利用, 现有测序数据大多处于“沉睡”的状态。因此, 本文首先对鱼类营养代谢病进行简单介绍, 然后对 NCBI、Ensembl 及 KEGG 三大数据库中所包含的鱼类基因组数据和代谢相关基因等基本信息进行分析, 发现每个数据库所包含的鱼类基因组信息都有各自的侧重点, 如何有效地整合和合理地利用这些基因组信息亟待加强。针对目前专门的鱼类代谢性疾病基因数据不足的现状, 在未来的研究中应该综合已有的数据信息, 利用比较基因组学等生物信息学和网络开发的方法, 深入研发完善的鱼类营养代谢性疾病相关基因数据库网络平台, 从而促进基因信息的高效使用, 并为鱼类营养代谢性疾病的分子机制研究奠定基础。

参考文献:

- [1] FAO. The state of world fisheries and aquaculture 2018-meeting the sustainable development goals[M]. Rome: Food Agricultural Organization of the United Nations, 2018: 2-3.
- [2] Bureau of Fisheries, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, National Fisheries Technology Extension Center, China Society of Fisheries. China Fishery Statistical Yearbook, 2019[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2019: 127-128. [农业农村部渔业渔政管理局, 全国水产技术推广总站, 中国水产学会. 2019 中国渔业统计年鉴[M]. 北京: 中国农业出版社, 2019: 127-128.]
- [3] Vatsos I N, Angelidis P. Water quality and fish diseases[J]. Journal of the Hellenic Veterinary Medical Society, 2017, 61(1): 40-48.
- [4] Bouchard C. Gene-environment interactions in the etiology of obesity: Defining the fundamentals[J]. Obesity, 2008, 16(S3): S5-S10.
- [5] Beckers J, Wurst W, de Angelis M H. Towards better mouse models: Enhanced genotypes, systemic phenotyping and environment modelling[J]. Nature Reviews Genetics, 2009, 10: 371-380.
- [6] Kilpeläinen T O, Zillikens M C, Stančáková A, et al. Genetic variation near IRS1 associates with reduced adiposity and an impaired metabolic profile[J]. Nature Genetics, 2011, 43(8): 753-760.
- [7] Zhang S B. Causes of fatty liver in fish and its prevention and treatment[J]. China Fisheries, 2011(2): 55. [张水波. 鱼类脂肪肝的成因及防治对策[J]. 中国水产, 2011(2): 55.]
- [8] Du Z Y. Causes of fatty liver in farmed fish: A review and new perspectives[J]. Journal of Fisheries of China, 2014, 38(9): 1628-1638. [杜震宇. 养殖鱼类脂肪肝成因及相关思考[J]. 水产学报, 2014, 38(9): 1628-1638.]
- [9] Lutfi E, Gong N P, Johansson M, et al. Breeding selection of rainbow trout for high or low muscle adiposity differentially affects lipogenic capacity and lipid mobilization strategies to cope with food deprivation[J]. Aquaculture, 2018, 495: 161-171.
- [10] Tahergorabi Z, Moodi M, Zardast M, et al. Metabolic syndrome and the risk of gastrointestinal cancer: A case-control study[J]. Asian Pacific Journal of Cancer Prevention, 2018, 19(8): 2205-2210.
- [11] Caminada D, Fent K. Detection of three peroxisome proliferators-activated receptors (PPARs) in the fish cell line PLHC-1 and effects of fibrates[J]. Marine Environmental Research, 2008, 66(1): 71-71.
- [12] Ning L J, He A Y, Li J M, et al. Mechanisms and metabolic regulation of PPAR α activation in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*)[J]. Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Molecular and Cell Biology of Lipids, 2016, 1861(9): 1036-1048.
- [13] Dong X J, Tan P, Cai Z N, et al. Regulation of FADS2 transcription by SREBP-1 and PPAR- α influences LC-PUFA biosynthesis in fish[J]. Scientific Reports, 2017, 7: 40024.
- [14] Raddatz D, Ramadori G. Carbohydrate metabolism and the liver: Actual aspects from physiology and disease[J]. Zeits-

- chrift für Gastroenterologie, 2007, 45(1): 51-62.
- [15] Plagnes-Juan E, Lansard M, Seiliez I, et al. Insulin regulates the expression of several metabolism-related genes in the liver and primary hepatocytes of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*)[J]. Journal of Experimental Biology, 2008, 211(15): 2510-2518.
- [16] Soengas J L. Contribution of glucose- and fatty acid sensing systems to the regulation of food intake in fish. A review[J]. General and Comparative Endocrinology, 2014, 205: 36-48.
- [17] Basaranoglu M, Basaranoglu G, Bugianesi E. Carbohydrate intake and nonalcoholic fatty liver disease: fructose as a weapon of mass destruction[J]. Zeitschrift für Gastroenterologie, 2015, 4(2): 109-116.
- [18] Softic S, Cohen D E, Kahn C R. Role of dietary fructose and hepatic de novo lipogenesis in fatty liver disease[J]. Digestive Diseases and Sciences, 2016, 61(5): 1282-1293.
- [19] Bei J X, Zhang Y, Li W S, et al. Application of genome databases and bioinformatics in exploration for fish genes[J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2008, 32(3): 387-392. [贝锦新, 张勇, 李文笙, 等. 鱼类基因数据库与生物信息学在鱼类基因开发上的应用[J]. 水生生物学报, 2008, 32(3): 387-392.]
- [20] Zhu X Y. Internal Medicine: Endocrine Gland Disease, Kidney Disease, Nutritional Disorders Metabolic Disease[M]. Tianjin: Tianjin Scientific & Technical Publishers, 1981: 409. [朱宪彝. 内科学: 内分泌腺疾病、肾脏疾病、营养障碍性疾病、新陈代谢疾病分册. 天津: 天津科学技术出版社, 1981: 409.]
- [21] Leatherland J F, Woo P T F. Fish Diseases and Disorders[M]. Vol. 2. Wallingford: CABI, 2010.
- [22] Wang T, Wang W, Chen T Q, et al. Effects of acute copper stress from copper accumulation, oxidative stress, digestive enzymes, tissue lesions, and gene expression related to lipid metabolism in Takifugu fasciatus[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2019, 26(6): 1144-1152. [王涛, 王玮, 陈同庆, 等. 急性铜胁迫对暗纹东方鲀组织铜积累、氧化应激、消化酶、组织病变及脂代谢相关基因表达的影响[J]. 中国水产科学, 2019, 26(6): 1144-1152.]
- [23] Zeng B H, Liu H P, Wang J, et al. Effects of dietary protein levels on muscular amino acids and protein metabolism of *Schizopygopsis younghusbandi younghusbandi* Regan[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2019, 26(6): 1153-1163. [曾本和, 刘海平, 王建, 等. 饲料蛋白质水平对拉萨裸裂尻鱼幼鱼肌肉氨基酸及蛋白质代谢的影响[J]. 中国水产科学, 2019, 26(6): 1153-1163.]
- [24] Ai Q H, Yan J, Mai K S. Research progresses of lipids and fatty acids transport in fish[J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2016, 40(4): 859-868. [艾庆辉, 严晶, 麦康森. 鱼类脂肪与脂肪酸的转运及调控研究进展[J]. 水生生物学报, 2016, 40(4): 859-868.]
- [25] Niu S J, Guo J L, Yang Z C, et al. A review: Research advances in glucose tolerance in fish[J]. Fisheries Science, 2015, 34(7): 459-463. [牛思佳, 郭金龙, 杨振才, 等. 鱼类葡萄糖耐量研究进展[J]. 水产科学, 2015, 34(7): 459-463.]
- [26] Ning L J, He A Y, Li J M, et al. Mechanisms and metabolic regulation of PPAR α activation in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*)[J]. Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Molecular and Cell Biology of Lipids, 2016, 1861(9): 1036-1048.
- [27] Zhang Y R, Qin C B, Yang L P, et al. A comparative genomics study of carbohydrate/glucose metabolic genes: From fish to mammals[J]. BMC Genomics, 2018, 19: 246.
- [28] Venkatachalam A B, Fontenot Q, Farrara A, et al. Fatty acid-binding protein genes of the ancient, air-breathing, ray-finned fish, spotted gar (*Lepisosteus oculatus*)[J]. Comparative Biochemistry and Physiology Part D: Genomics and Proteomics, 2018, 25: 19-25.
- [29] Howe D G, Bradford Y M, Eagle A, et al. The zebrafish model organism database: New support for human disease models, mutation details, gene expression phenotypes and searching[J]. Nucleic Acids Research, 2017, 45(D1): D758-D768.
- [30] Laghari M Y, Lashari P, Zhang Y, et al. Identification of quantitative trait loci (QTLs) in aquaculture species[J]. Reviews in Fisheries Science & Aquaculture, 2014, 22(3): 221-238.
- [31] Wang Y P, Lu Y, Zhang Y, et al. The draft genome of the grass carp (*Ctenopharyngodon idellus*) provides insights into its evolution and vegetarian adaptation[J]. Nature Genetics, 2015, 47(6): 625-631.
- [32] Xu P, Wang J, Wang J T, et al. Generation of the first BAC-based physical map of the common carp genome[J]. BMC Genomics, 2011, 12: 537.
- [33] Agrawal S, Dimitrova N, Nathan P, et al. T2D-Db: An integrated platform to study the molecular basis of type 2 diabetes[J]. BMC Genomics, 2008, 9: 320.
- [34] Yang Z Z, Yang J H, Liu W, et al. T2D@ZJU: A knowledgebase integrating heterogeneous connections associated with type 2 diabetes mellitus[J]. Database, 2013, 2013: bat052.
- [35] Kanehisa M, Furumichi M, Tanabe M, et al. KEGG: new perspectives on genomes, pathways, diseases and drugs[J]. Nucleic Acids Research, 2017, 45(D1): D353-D361.
- [36] Kanehisa M, Sato Y, Furumichi M, et al. New approach for understanding genome variations in KEGG[J]. Nucleic Acids Research, 2019, 47(D1): D590-D595.
- [37] Joshi-Tope G, Gillespie M, Vastrik I, et al. Reactome: A knowledgebase of biological pathways[J]. Nucleic Acids Research, 2005, 33(S1): D428-D432.
- [38] Croft D, Mundo A F, Haw R, et al. The Reactome pathway knowledgebase[J]. Nucleic Acids Research, 2014, 42(D1): D472-D477.
- [39] Amberger J S, Hamosh A. Searching Online Mendelian Inheritance in Man (OMIM): A knowledgebase of human genes and genetic phenotypes[J]. Current Protocols in Bioinformatics, 2017, 58(1): 1.2.1-1.2.12.
- [40] Hamosh A, Scott A F, Amberger J S, et al. Online Mendelian Inheritance in Man (OMIM), a knowledgebase of human genes and genetic disorders[J]. Nucleic Acids Research, 2005, 33(S1): D514-D517.
- [41] Zhang Y R, Zou X J, Ding Y H, et al. Comparative genomics and functional study of lipid metabolic genes in *Caenorhabditis elegans*[J]. BMC Genomics, 2013, 14: 164.

Investigation and analysis of a gene database related to fish nutritional metabolic diseases

ZHANG Yuru, ZHANG Junmei, REN Yanhua, NIE Guoxing

College of Fisheries, Henan Normal University; Engineering Technology Research Center of Henan Province for Aquatic Animal Cultivation, Xinxiang 453007, China

Abstract: In the past three decades, China's aquaculture industry has achieved rapid development, and its production has always been leading the world. In 2018, the ratio of China's aquaculture production to world production was as high as 60%. At the same time, the disadvantages of high-density, intensive farming have gradually emerged. For example, an illogical combination of nutritional elements such as sugars, proteins, fats, vitamins and minerals in aquatic feeds leads to nutritional disease in fish, which has a huge impact on production. The prevalence of nutritional metabolic diseases has severely restricted the sustainable and healthy development of aquaculture, and it is urgent to address this. The etiology and pathogenesis of nutritional metabolic diseases such as excessive body fat accumulation and fatty liver are extremely complicated. Disorders of energy metabolism are caused by a combination of internal genetics and external environment. At present, the prevention and treatment of nutritional metabolic diseases are mainly through moderately reducing fry stocking density and feeding nutritionally balanced feeds as much as possible. However, there are still some restrictions in terms of genetics. Increasingly, studies show that genes play an important role in metabolic diseases. Finding genes related to metabolic diseases, especially those involved in and regulating the glucose and lipid metabolism pathways, and studying their biological functions and mechanisms of action has gradually attracted the attention of the aquaculture scientific community and industry. At present, the gene database related to nutritional metabolic diseases is in the developmental stage. The genes which regulate the physiological activities and metabolic functions of fish can be obtained from the database. However, the establishment of a gene database network platform for disease regulation is still in the preliminary stage of research. Therefore, this paper firstly gives a brief introduction to the definition of fish nutritional metabolic disease and its pathogenesis. Secondly, the NCBI genomic database was interrogated, and we found that the database contains 265 fish species, and the size of their genomes varies widely. The *Caracharodon carcharias* has a genome size of 0.001005 Mb, which is the smallest. The fish with a genome size ranging from 609.39 to 699.33 Mb occur most frequently, with 47 species in total. There are 36 species of fish with a genome size of 701.7–799.42 Mb. The database also shows the number of chromosomes in 64 fish species, with different numbers of chromosomes in different fish species. Among them, the largest number of chromosomes occurs in *Carassius auratus*, which has 59 pairs of chromosomes, and *Chanos chanos* has 16 pairs of chromosomes, which is the lowest number of chromosomes. In addition, nearly 40% (23 species) of the 64 species have 24 pairs of chromosomes. By investigating the Ensembl database, the genomic data of 58 fish species in 17 orders were obtained. Among them, Perciformes includes the most species of fish (23). Next, Siluriformes includes 12 species of fish. There is only one fish species in the orders Characiformes, Gadiformes, Gymnotiformes, Myxini-formes, Polypteriformes, Synbranchiformes, Siluriformes, and Lepidosteiformes. By investigating the KEGG database, we found that it contains a database of 41 fish species. Among them, the number of genes related to glycolipid metabolism in *Sinocyclocheilus grahami* is 2540, which is the highest number, and the number of genes related to glucose and lipid metabolism is lowest in *Callorhinchus milii*, at 1075. This paper highlights the number of genes that regulate the various pathways of glycolipid metabolism in zebrafish, and briefly introduces other fish databases and metabolic-related databases which provide theoretical support for the development of the gene database network platform related to nutritional metabolic diseases, and lays a solid foundation for the treatment and prevention of fish nutritional metabolic diseases.

Key words: fish gene database; nutritional metabolic diseases; NCBI; KEGG; Ensembl

Corresponding author: NIE Guoxing. E-mail: niegx@htu.cn

附表 1 NCBI 中的鱼类数据库
Attached table 1 Fish database in NCBI

物种名	organism name	基因组组装长度/Mb size	染色体对数/对	number of chromosomes
罗氏棘冠鲷	<i>Acanthochaenus luetkenii</i>	545.759	—	—
橙线雀	<i>Acanthochromis polyacanthus</i>	991.585	—	—
小体鲟	<i>Acipenser ruthenus</i>	1732.55	—	—
花斑无须鲂	<i>Ageneiosus marmoratus</i>	1030	—	—
橘色双冠丽鱼	<i>Amphilophus citrinellus</i>	844.903	—	—
公子小丑鱼	<i>Amphiprion ocellaris</i>	880.721	—	—
海葵双锯鱼	<i>Amphiprion percula</i>	908.956	24	24
醒鹭白鱼	<i>Anabarilius grahami</i>	991.887	—	—
龟壳攀鲈	<i>Anabas testudineus</i>	569.722	—	—
鳗狼鱼	<i>Anarrhichthys ocellatus</i>	612.774	—	—
欧洲鳗鲡	<i>Anguilla anguilla</i>	1018.7	—	—
日本鳗鲡	<i>Anguilla japonica</i>	966.917	—	—
美洲鳗鲡	<i>Anguilla rostrata</i>	1413.03	—	—
角高体金眼鲷	<i>Anoplogaster cornuta</i>	0	—	—
银鲳	<i>Anoplopoma fimbria</i>	699.326	—	—
条纹躄鱼	<i>Antennarius striatus</i>	441.857	—	—
琴尾旗鲳	<i>Aphyosemion australe</i>	868.349	—	—
巨骨舌鱼	<i>Arapaima gigas</i>	661.279	—	—
尼加拉瓜湖始丽鱼	<i>Archocentrus centrarchus</i>	932.93	24	24
北极鳕	<i>Arctogadus glacialis</i>	428.792	—	—
美妊丽鱼	<i>Astatotilapia calliptera</i>	880.446	22	22
墨西哥丽脂鲤	<i>Astyanax mexicanus</i>	1335.24	25	25
林奈氏澳鲳	<i>Austrofundulus limnaeus</i>	866.963	—	—
巨鲈	<i>Bagarius yarrelli</i>	570.807	—	—
黑鳃底尾鳕	<i>Bathygadus melanobranchus</i>	431.203	—	—
冰底灯鱼	<i>Benthoosema glaciale</i>	676.314	—	—
红金眼鲷	<i>Beryx splendens</i>	533.268	—	—
泰国斗鱼	<i>Betta splendens</i>	441.389	21	21
大弹涂鱼	<i>Boleophthalmus pectinirostris</i>	955.752	—	—
北鳕	<i>Boreogadus saida</i>	412.07	—	—
南极掠食巨口鱼	<i>Borostomias antarcticus</i>	430.363	—	—
肯氏犀鲳	<i>Bregmaceros cantori</i>	1144.1	—	—
单鳍鲳	<i>Brosme brosme</i>	412.731	—	—
须鲷	<i>Brotula barbata</i>	485.061	—	—
陶德氏丽虾鲳	<i>Callopanchax toddi</i>	853.386	—	—
米氏叶吻银鲛	<i>Callorhinchus milii</i>	974.499	—	—
针潜鱼	<i>Carapus acus</i>	387.834	—	—
鲫	<i>Carassius auratus</i>	1820.64	59	59
大白鲨	<i>Carcharodon carcharias</i>	0.001005	—	—
猿鲮	<i>Cebidichthys violaceus</i>	593.001	—	—
头带冰鱼	<i>Chaenocephalus aceratus</i>	623.452	—	—
乌鳢	<i>Channa argus</i>	644.13	24	24
遮目鱼	<i>Chanos chanos</i>	656.929	16	16

(待续 to be continued)

(续附表 1 Attached table 1 continued)

物种名 organism name	基因组组装长度/Mb size	染色体对数/对 number of chromosomes
四带叉鼻鲈 <i>Chatrabus melanurus</i>	1128.44	—
条纹斑竹鲨 <i>Chiloscyllium plagiosum</i>	3776.55	51
点纹斑竹鲨 <i>Chiloscyllium punctatum</i>	3375.7	—
光鳃鱼 <i>Chromis chromis</i>	834.429	—
鲮 <i>Cirrhinus molitorella</i>	920.273	—
胡子鲇 <i>Clarias batrachus</i>	821.75	—
大西洋鲱 <i>Clupea harengus</i>	807.712	—
刀鲚 <i>Coilia nasus</i>	812.16	24
棘头梅童鱼 <i>Collichthys lucidus</i>	877.615	24
白鲑 <i>Coregonus</i>	2068.07	40
圆吻突吻鳕 <i>Coryphaenoides rupestris</i>	829.209	—
鞍斑杜父鲈 <i>Cottoperca gobio</i>	609.392	24
莱茵河杜父鱼 <i>Cottus rhenanus</i>	563.609	—
半滑舌鳎 <i>Cynoglossus semilaevis</i>	470.199	22
内华达鲮 <i>Cyprinodon nevadensis</i>	1011.85	—
杂色鲮 <i>Cyprinodon variegatus</i>	1035.18	—
鲤 <i>Cyprinus carpio</i>	1713.66	50
玫瑰的鲷 <i>Cyttopsis rosea</i>	546.506	—
斑马鱼 <i>Danio rerio</i>	1679.2	25
小吸血鬼鱼 <i>Danionella dracula</i>	665.208	—
透体小[鱼丹] <i>Danionella translucida</i>	735.303	—
泰北虎鱼 <i>Datnioides undecimradiatus</i>	595.034	—
齿头鲱 <i>Denticeps clupeoides</i>	567.401	20
欧洲鲈 <i>Dicentrarchus labrax</i>	675.917	—
银色洞鳍鲷 <i>Diretmus argenteus</i>	0	—
鲱 <i>Echeneis naucrates</i>	544.229	24
电鳗 <i>Electrophorus electricus</i>	551.881	—
点带石斑鱼 <i>Epinephelus coioides</i>	0	—
鞍带石斑鱼 <i>Epinephelus lanceolatus</i>	1087.4	24
云纹石斑鱼 <i>Epinephelus moara</i>	1030.46	24
蒲氏粘盲鳗 <i>Eptatretus burgeri</i>	2608.38	—
芦鳗 <i>Erpetoichthys calabaricus</i>	3811.04	18
白斑狗鱼 <i>Esox lucius</i>	940.907	25
橙胸镖鲈 <i>Etheostoma spectabile</i>	854.79	24
加拿大底鲮 <i>Fundulus heteroclitus</i>	1021.9	—
银大眼鳕 <i>Gadiculus argenteus</i>	396.767	—
黄线狭鳕 <i>Gadus chalcogrammus</i>	448.868	—
大西洋鳕 <i>Gadus morhua</i>	669.966	23
食蚊鱼 <i>Gambusia affinis</i>	598.663	—
霍氏食蚊鱼 <i>Gambusia holbrooki</i>	764.986	—
三刺鱼 <i>Gasterosteus aculeatus</i>	467.452	—
威氏软喉盘鱼 <i>Gouania willdenowi</i>	937.151	23
贡氏辨鱼 <i>Guentherus altivela</i>	539.599	—

(待续 to be continued)

(续附表 1 Attached table 1 continued)

物种名 organism name	基因组组装长度/Mb size	染色体对数/对 number of chromosomes
伯氏朴丽鱼 <i>Haplochromis burtoni</i>	831.412	—
接吻鱼 <i>Helostoma temminckii</i>	599.808	—
虎尾海马 <i>Hippocampus comes</i>	493.776	—
长刺真鲷 <i>Holocentrus rufus</i>	649.757	—
多瑙哲罗鱼 <i>Hucho hucho</i>	2487.55	—
鲢 <i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	1104.68	—
鳙 <i>Hypophthalmichthys nobilis</i>	1012.06	—
美丽低纹鲑 <i>Hypoplectrus puella</i>	612.29	—
斑点叉尾鲷 <i>Ictalurus punctatus</i>	783.275	29
珍珠隐小鲈 <i>Kryptolebias hermaphroditus</i>	683.987	24
红树林鲈 <i>Kryptolebias marmoratus</i>	680.367	—
南亚野鲮 <i>Labeo rohita</i>	1484.73	—
菲氏突吻丽鱼 <i>Labeotropheus fuelleborni</i>	70.8584	—
贝氏隆头鱼 <i>Labrus bergylta</i>	805.481	—
大眼丝鳍鲳 <i>Laemonema laureysi</i>	306.495	—
斑点月鱼 <i>Lampris guttatus</i>	849.278	—
孔头软融鲷 <i>Lamprogrammus exutus</i>	492.85	—
大黄鱼 <i>Larimichthys crocea</i>	657.94	24
花鲈 <i>Lateolabrax maculatus</i>	519.239	24
尖吻鲈 <i>Lates calcarifer</i>	668.481	—
西印度洋矛尾鱼 <i>Latimeria chalumnae</i>	2860.59	—
斑点雀鲷 <i>Lepisosteus oculatus</i>	945.878	29
桑氏莱苏尔虾虎鱼 <i>Lesueurigobius sanzi</i>	810.626	—
东亚犬牙七鳃鳗 <i>Lethenteron camtschaticum</i>	1030.66	—
东北雅罗鱼 <i>Leuciscus waleckii</i>	752.539	—
猬鲛 <i>Leucoraja erinacea</i>	1555.46	—
细纹狮子鱼 <i>Liparis tanakae</i>	498.979	—
钓鲛鲷 <i>Lophius piscatorius</i>	747.364	—
江鲈 <i>Lota lota</i>	397.499	—
虫纹麦鲛鲈 <i>Maccullochella peelii</i>	633.241	—
圆尾麦氏鲈 <i>Macquaria ambigua</i>	661.429	—
澳洲麦氏鲈 <i>Macquaria australasica</i>	675.976	—
喜荫长尾鲈 <i>Macrourus berglax</i>	399.876	—
大西洋软首鲈 <i>Malacocephalus occidentalis</i>	350.34	—
大刺鳅 <i>Mastacembelus armatus</i>	593.082	—
斑马拟丽鱼 <i>Maylandia zebra</i>	957.485	22
锥亭沙 <i>Mchenga conophoros</i>	73.4256	—
纵带黑丽鱼 <i>Melanochromis auratus</i>	68.2386	—
黑线鲈 <i>Melanogrammus aeglefinus</i>	652.791	—
大洋黑鲈 <i>Melanonus zugmayeri</i>	432.903	—
牙鲈 <i>Merlangius merlangus</i>	423.942	—
南非无须鲈 <i>Merluccius capensis</i>	414.317	—
欧洲无须鲈 <i>Merluccius merluccius</i>	401.035	—

(待续 to be continued)

(续附表 1 Attached table 1 continued)

物种名 organism name	基因组组装长度/Mb size	染色体对数/对 number of chromosomes
波氏无须鳕 <i>Merluccius polli</i>	401.149	—
佛罗里达黑鲈 <i>Micropterus floridanus</i>	1001.52	—
鲩鱼 <i>Miichthys miiuy</i>	619.301	—
翻车鲀 <i>Mola mola</i>	639.452	—
鲟鳇 <i>Molva molva</i>	437.481	—
日本松球鱼 <i>Monocentris japonicus</i>	556.024	—
黄鲂 <i>Monopterus albus</i>	684.144	—
深海鳕 <i>Mora moro</i>	344.961	—
金眼狼鲈 <i>Morone chrysops</i>	620.984	—
银花鲈 <i>Morone saxatilis</i>	598.11	—
短须鳊鳞鳕 <i>Muraenolepis marmoratus</i>	416.391	—
短角床杜父鱼 <i>Myoxocephalus scorpius</i>	520.316	—
黑条锯鳞鱼 <i>Myripristis jacobus</i>	720.397	—
白边锯鳞鱼 <i>Myripristis murdjan</i>	835.255	24
黑口新虾虎鱼 <i>Neogobius melanostomus</i>	1003.74	—
布氏新亮丽鲷 <i>Neolamprologus brichardi</i>	847.91	—
莎姆金鳞鱼 <i>Neoniphon sammara</i>	659.226	—
双角栉精器鱼 <i>Neostethus bicornis</i>	778.441	24
黄姑鱼 <i>Nibea albiflora</i>	574.466	—
弗氏假鳃鲭 <i>Nothobranchius furzeri</i>	1242.52	19
科恩氏假鳃鲭 <i>Nothobranchius kuhntae</i>	1122.66	—
革首南极鱼 <i>Notothenia coriiceps</i>	636.614	—
双斑绚鲷 <i>Ompok bimaculatus</i>	718.109	—
银鲑 <i>Oncorhynchus kisutch</i>	2369.93	30
虹鳟 <i>Oncorhynchus mykiss</i>	2179	29
红鲑 <i>Oncorhynchus nerka</i>	1927.14	29
帝王鲑 <i>Oncorhynchus tshawytscha</i>	2425.71	34
长蛇齿单线鱼 <i>Ophiodon elongatus</i>	635.568	—
条石鲷 <i>Oplegnathus fasciatus</i>	766.301	—
奥利亚罗非鱼 <i>Oreochromis aureus</i>	918.937	—
尼罗罗非鱼 <i>Oreochromis niloticus</i>	1005.68	22
金斑罗非鱼 <i>Oreochromis spilurus</i>	764.975	—
爪哇青鳉 <i>Oryzias javanicus</i>	809.68	24
青鳉 <i>Oryzias latipes</i>	734.057	24
黑点青鳉 <i>Oryzias melastigma</i>	779.47	—
中华青鳉 <i>Oryzias sinensis</i>	813.987	—
胡瓜鱼 <i>Osmerus eperlanus</i>	342.759	—
斯氏尖裸鲤 <i>Oxygymnocypris stewartii</i>	1849.22	—
粗背鲮 <i>Pachypanchax playfairii</i>	669.774	—
真鲷 <i>Pagrus major</i>	875.465	—
银鲷 <i>Pampus argenteus</i>	350.449	—
虎头鲨 <i>Pangasianodon hypophthalmus</i>	715.76	—
小角副鲷 <i>Parablennius parvicornis</i>	599.249	—

(待续 to be continued)

(续附表 1 Attached table 1 continued)

物种名 organism name	基因组组装长度/Mb size	染色体对数/对 number of chromosomes
牙鲆 <i>Paralichthys olivaceus</i>	643.911	—
兰副双边鱼 <i>Parambassis ranga</i>	551.013	22
喀麦隆副长颌鱼 <i>Paramormyrops kingsleyae</i>	799.421	—
布氏副青眼鱼 <i>Parasudis fraserbrunneri</i>	707.987	—
黄鲈 <i>Perca flavescens</i>	877.456	24
河鲈 <i>Perca fluviatilis</i>	958.225	—
沙鲑鲈 <i>Percopsis transmontana</i>	458.089	—
许氏齿弹涂鱼 <i>Periophthalmodon schlosseri</i>	679.761	—
大鳍弹涂鱼 <i>Periophthalmus magnuspinnatus</i>	701.697	—
海七鳃鳗 <i>Petromyzon marinus</i>	1130.42	—
鲷状褐鳕 <i>Phycis blennoides</i>	416.767	—
褐鳕 <i>Phycis phycis</i>	346.335	—
胖头鲷 <i>Pimephales promelas</i>	1219.33	—
龟鲛 <i>Planiliza haematocheilus</i>	747.343	—
鳃棘鲈 <i>Plectropomus leopardus</i>	902.848	24
秀美花鲮 <i>Poecilia formosa</i>	748.923	—
茉莉花鲮 <i>Poecilia latipinna</i>	815.145	—
短鳍花鲮 <i>Poecilia mexicana</i>	801.711	—
孔雀花鲮 <i>Poecilia reticulata</i>	731.622	23
绿青鳉 <i>Pollachius virens</i>	394.928	—
日本须鳉 <i>Polymixia japonica</i>	554.896	—
云南四须鲃 <i>Poropuntius huangchuchieni</i>	760.177	—
棕拟雀鲷 <i>Pseudochromis fuscus</i>	657.041	—
拟狮子鱼属 <i>Pseudoliparis</i>	840.641	—
横滨拟蝶 <i>Pseudopleuronectes yokohamae</i>	547.831	—
奈里朴丽鱼 <i>Pundamilia nyererei</i>	830.133	—
八棘多刺鱼 <i>Pungitius pungitius</i>	463.371	—
红腹食人鱼 <i>Pygocentrus nattereri</i>	1285.35	—
皇带鱼 <i>Regalecus glesne</i>	656.004	—
大菱鲆 <i>Reinhardtius hippoglossoides</i>	677.541	—
梭钩嘴丽鱼 <i>Rhamphochromis esox</i>	71.2951	—
鲸鲨 <i>Rhincodon typus</i>	2931.6	—
网肩龙氏鱼 <i>Rondeletia loricata</i>	568.598	—
细纹风鳗 <i>Salaria fasciatus</i>	797.507	22
大西洋鲑 <i>Salmo salar</i>	2966.89	29
鳟 <i>Salmo trutta</i>	2371.88	40
北极红点鲑 <i>Salvelinus alpinus</i>	2169.55	39
白梭吻鲈 <i>Sander lucioperca</i>	900.478	—
玻璃梭鲈 <i>Sander vitreus</i>	782.908	—
沙丁鱼 <i>Sardina pilchardus</i>	949.617	—
青弹涂鱼 <i>Scartelaos histophorus</i>	695.009	—
亚洲龙鱼 <i>Scleropages formosus</i>	784.563	25
大菱鲆 <i>Scophthalmus maximus</i>	524.979	22

(待续 to be continued)

(续附表 1 Attached table 1 continued)

物种名 organism name	基因组组装长度/Mb size	染色体对数/对 number of chromosomes
虎纹猫鲨 <i>Scyliorhinus torazame</i>	4470.98	—
阿留申平鲷 <i>Sebastes aleutianus</i>	899.65	—
朝鲜平鲷 <i>Sebastes koreanus</i>	725.092	—
少鳍平鲷 <i>Sebastes minor</i>	681.653	—
黑带平鲷 <i>Sebastes nigrocinctus</i>	746.045	—
金平鲷 <i>Sebastes norvegicus</i>	717.741	—
裸平鲷 <i>Sebastes nudus</i>	724.045	—
红缚平鲷 <i>Sebastes rubrivinctus</i>	756.297	—
许氏平鲷 <i>Sebastes schlegelii</i>	728.477	—
斯氏平鲷 <i>Sebastes steindachneri</i>	648.011	—
隆背月鲛 <i>Selene dorsalis</i>	528.779	—
珍珠鱼 <i>Seriola dumerili</i>	677.686	—
黄条鲷 <i>Seriola lalandi</i>	732.51	—
五条鲷 <i>Seriola quinqueradiata</i>	639.27	—
长鳍鲷 <i>Seriola rivoliana</i>	666.142	—
横线扁鼻丽鱼 <i>Simochromis diagramma</i>	848.827	—
安水金线鲃 <i>Sinocyclocheilus anshuiensis</i>	1632.72	—
金线鲃 <i>Sinocyclocheilus grahami</i>	1750.29	—
犀角金线鲃 <i>Sinocyclocheilus rhinocerosus</i>	1655.79	—
金头鲷 <i>Sparus aurata</i>	833.595	24
斑带天竺鲷 <i>Sphaeramia orbicularis</i>	1342.66	23
黑椎鲷 <i>Spondylisoma cantharus</i>	680.472	—
核雅罗鱼 <i>Squalius pyrenaicus</i>	48.1393	—
深裂眶锯雀鲷 <i>Stegastes partitus</i>	800.492	—
鞭尾鱼 <i>Stylephorus chordatus</i>	488.489	—
娇扁隆头鱼 <i>Symphodus melops</i>	614.569	—
尖海龙 <i>Syngnathus acus</i>	324.331	22
黄颡鱼 <i>Tachysurus fulvidraco</i>	713.811	—
双斑东方鲀 <i>Takifugu bimaculatus</i>	371.676	22
菊黄东方鲀 <i>Takifugu flavidus</i>	366.287	22
红鳍东方鲀 <i>Takifugu rubripes</i>	384.127	22
云鲷 <i>Tenualosa ilisha</i>	815.648	—
黑青斑河鲀 <i>Tetraodon nigroviridis</i>	342.403	—
双带锦鱼 <i>Thalassoma bifasciatum</i>	1095.91	—
亚马逊海鲷鱼 <i>Thalassophryne amazonica</i>	2446.59	23
黄鳍金枪鱼 <i>Thunnus albacares</i>	728.212	—
太平洋黑鲷 <i>Thunnus orientalis</i>	786.597	—
北方蓝鳍金枪鱼 <i>Thunnus thynnus</i>	648.209	—
茴鱼 <i>Thymallus thymallus</i>	1564.83	51
卵形鲳鲹 <i>Trachinotus ovatus</i>	648.062	—
默氏颞孔鲷 <i>Trachyrincus murrayi</i>	452.417	—
粗吻颞孔鲷 <i>Trachyrincus scabrurus</i>	369.862	—
拟鲶高原鳅 <i>Triplophysa siluroides</i>	583.428	—

(待续 to be continued)

(续附表 1 Attached table 1 continued)

物种名 organism name	基因组组装长度/Mb size	染色体对数/对 number of chromosomes
西藏高原鳅 <i>Triplophysa tibetana</i>	652.93	25
细长臀鳉 <i>Trisopterus minutus</i>	334.717	—
南方盲鲃 <i>Typhlichthys subterraneus</i>	555.56	—
库舍剑尾鱼 <i>Xiphophorus couchianus</i>	688.542	24
剑尾鱼 <i>Xiphophorus hellerii</i>	732.889	24
花斑剑尾鱼 <i>Xiphophorus maculatus</i>	704.321	24
远东海鲂 <i>Zeus faber</i>	610.433	—

注: 根据数据处理时 NCBI 数据库的信息, 发现其中包含 265 种鱼类数据库. “—”表示基因组数据未定位到具体的染色体水平.

Note: Based on the information in the NCBI database at the time of data processing, it was found that it contained 265 fish databases. “—” indicates that genomic data are not located at specific chromosomal levels.