

DOI: 10.19741/j.issn.1673-4831.2021.0094

刘永新, 邵长伟, 张殿昌, 等. 我国水生生物遗传资源保护现状与策略[J]. 生态与农村环境学报, 2021, 37(9): 1089-1097.

LIU Yong-xin, SHAO Chang-wei, ZHANG Dian-chang, et al. Status and Strategy of Aquatic Genetic Resource Protection in China[J]. Journal of Ecology and Rural Environment, 2021, 37(9): 1089-1097.

编者按: 联合国《生物多样性公约》缔约方大会第15次会议(CBD COP15)将于2021年10月在中国昆明召开, 同期召开《卡塔赫纳生物安全议定书》第10次缔约方会议和《名古屋遗传资源议定书》第4次缔约方会议。CBD COP15专题分别从生物遗传资源、生物多样性相关传统知识、自然保护区以及农业污染等方面, 选择水生生物遗传资源、遗传资源获取与惠益分享制度、自然圣境、其他基于区域的有效保护措施(OECMs)、农药化肥减量等亟需学界给予更多关注的领域, 特别是对《生物多样性公约》框架下正在讨论的诸多热点问题如病原体共享、遗传资源数字序列信息、OECMs等进行了深入剖析, 既提出了能够引起学界深入讨论的科学、技术和法律问题, 又贡献了有关国际履约和国内管理方面的专家智慧。期望该专题的出版能够引起学界对前述问题的深入思考, 为国家生物多样性保护管理提供多元视角, 也为共建地球生命共同体贡献中国智慧。

我国水生生物遗传资源保护现状与策略

刘永新¹*, 邵长伟², 张殿昌³, 郑先虎⁴, 侯吉伦⁵ (1. 中国水产科学研究院, 北京 100141; 2. 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 山东 青岛 266071; 3. 中国水产科学研究院南海水产研究所, 广东 广州 510300; 4. 中国水产科学研究院黑龙江水产研究所, 黑龙江 哈尔滨 150076; 5. 中国水产科学研究院北戴河中心实验站, 河北 秦皇岛 066100)

摘要: 我国水产品总产量连续30年高居世界首位, 满足了国民30%的动物蛋白需求。水生生物遗传资源是水产优质蛋白有效供给的重要物质基础, 更是未来世界应对食物短缺、保障食品安全的有效途径。水生生物遗传资源与物种多样性和遗传多样性直接相关, 活体资源、标本资源、组织资源和基因资源是水生生物遗传资源收集保存和开发利用的主要形式。当前, 水生生物种类数量急剧减少、精准鉴定尚未大规模开展、利用效率相对较低、保护设施不够完善等因素成为制约水生生物遗传资源高效开发的瓶颈。该文系统总结了我国水生生物遗传资源基本状况, 分析了面临的主要问题, 凝练了遗传资源保护的基本思路和总体目标, 提出了加强水生生物遗传资源保护的发展战略和研究工作, 以期为我国水生生物遗传资源强国建设提供借鉴和参考。

关键词: 水生生物; 遗传资源; 保护; 多样性; 战略

中图分类号: S917 **文献标志码:** A **文章编号:** 1673-4831(2021)09-1089-09

Status and Strategy of Aquatic Genetic Resource Protection in China. LIU Yong-xin¹*, SHAO Chang-wei², ZHANG Dian-chang³, ZHENG Xian-hu⁴, HOU Ji-lun⁵ (1. Chinese Academy of Fishery Sciences, Beijing 100141, China; 2. Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071, China; 3. South China Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Guangzhou 510300, China; 4. Heilongjiang River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Harbin 150076, China; 5. Beidaihe Central Experimental Station, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qinhuangdao 066100, China)

Abstract: The total output of aquatic product in China has been ranked in the first position of the world for consecutive 30 years, meeting 30% of the nation demand for animal protein. Aquatic genetic resources are not only an important material basis for the effective supply of high-quality aquatic protein, but also an effective way to ensure national food security and ecological security. The aquatic genetic resources are directly related with species and genetic diversity, and their main forms are the living, specimen, tissue, cell and gene resources. At present, the serious decline of biodiversity, the lack of large-scale accurate identification of species, and the imperfect protection facilities of germplasm resources have become the bottlenecks restricting the efficient development of aquatic genetic resources. Here, the general overview of aquatic genetic resources in China is systematically summarized, the main existing problems are analyzed, and the general ideas and overall objectives of genetic resources are condensed. On the above basis, the developmental strategies and research topics

收稿日期: 2021-02-18

基金项目: 国家淡水水产种质资源库(FGRC:18537)

* 通信作者 E-mail: liuyx@cafs.ac.cn

are proposed for strengthening the protection of aquatic genetic resources, thus, to lay a solid foundation for realizing the goal of strengthening the country with rich aquatic germplasm resources.

Key words: aquatic organism; genetic resources; protection; diversity; strategy

水生生物遗传资源是人类利用水生生物多样性并加以创造,以保证人类生存与发展的可再生的核心资源,能够为捕捞、养殖等渔业生产以及其他人类活动进行开发利用和科学研究的水生生物资源。水生生物遗传资源主要涵盖水生动物和水生植物两个部分,其覆盖的主要目标种类包括鱼类、虾蟹类、贝类、棘皮动物、两栖类和藻类。这些宝贵的遗传资源是支撑开展水产基础研究^[1-3]、应用研究^[4-6],改善国民营养健康^[7-8]及实施乡村振兴战略^[9-10]的资源。2019年,《国务院办公厅关于加强农业种质资源保护与利用的意见》(国办发〔2019〕56号)正式印发,强调要坚持保护优先、高效利用、政府主导、多元参与的原则,构建多层次收集保护、多元化开发利用和多渠道政策支持的新格局,为建设现代种业强国、保障国家粮食安全、实施乡村振兴战略奠定坚实基础。由此可见,种质资源的收集和保护工作已经上升为国家战略。

渔业作为农业经济发展的重要组成部分,是世界各国保障优质蛋白供给和食物安全的重要基础。水产养殖是全球食品生产增长最快的部分,在过去30年中以年均8%的速度持续增长^[11]。水产品已成为继谷类、牛奶之后食物蛋白的第3大来源,全球70亿人口动物蛋白摄入量的15%以上来源于水产品。中国拥有世界上最为丰富的水生生物遗传资源,是世界水产养殖第1大国^[12]。2018年,世界水产养殖产量为8210万t^[13];2019年,我国水产养殖产量为5079.07万t^[14],占世界养殖产量的61.86%。水生生物遗传资源作为水产养殖业健康发展的重要基础,强化其收集保护与高效利用,既是产业发展的迫切需要,也是深入贯彻中央决策部署,深入实施“藏粮于地、藏粮于技”战略的有效举措,更是未来解决世界食物短缺、保障优质蛋白有效供给的根本途径。该文针对我国水生生物遗传资源现状进行系统总结,深入分析未来发展面临的机遇与主要问题,提出进行水生生物遗传资源有效开发利用的重点任务和主要措施,可为相关普查收集行动和保护政策制定提供参考依据。

1 我国水生生物遗传资源概况

1.1 水生生物遗传资源多样性丰富

在物种多样性方面,我国水域面积辽阔,生境

组成众多,纵跨温带、热带和亚热带,孕育了丰富的水生生物资源。根据不完全统计,我国鱼类有3纲46目311科1213属3685种^[15-17],虾蟹类1纲8目123科693属2351种^[18-20],贝类5纲28目287科1117属3914种^[21-24],棘皮动物5纲18目66科160属245种^[25],两栖类3目11科36属250种^[26],藻类18纲80目200科713属7002种。此外,从国外引进的各类水生生物约150种,其中,鱼类50多种。二级以上珍贵稀有的水生野生动物48种^[12]。

我国水生生物在世界生物多样性中具有重要地位。1991至2020年,利用丰富的水生生物遗传资源培育出经全国水产原种和良种审定委员会审定的品种总计229个,占我国现有水生生物比例不足千分之一,由此表明我国水生生物遗传资源的开发利用还有大量工作亟待开展。截至目前,通过国家审定的水产新品种类别主要包括选育种132个、杂交种61个、引进种30个、其他类6个。育成品种覆盖的水产养殖对象包括鱼类95个(淡水鱼类83个、海水鱼类12个)、贝类41个、虾类22个、藻类22个、蟹类8个、棘皮动物类7个、鳖类4个。品种培育的主体涵盖了5个类别的科研部门与推广机构,其培育新品种数量分别为科研院所113个、高等院校66个、良种场16个、企业25个、推广机构9个,科研院所是培育水产新品种数量最多的机构。

1.2 水生生物遗传资源保护体系建立

我国水生生物遗传资源收集保护研究始于20世纪80年代,先后经历了4个重要的历史发展阶段。1981—1985年,开展了长江、珠江、黑龙江流域的草鱼(*Ctenopharyngodon idellus*)、鲢(*Hypophthalmichthys molitrix*)、鳙(*Hypophthalmichthys nobilis*)等主要淡水鱼原种收集与考种研究,基本明晰了三江水系3种鱼的生长性能及遗传差异,为开展种质资源保护和品种选育打下基础;1986—1995年,开展了淡水鱼类种质鉴定技术和种质资源库建设研究,建立了青鱼(*Mylopharyngodon piceus*)、草鱼、鲢、鳙、鲂(*Megalobrama skolkovii*)等大宗淡水鱼类的天然生态库和人工生态库,探索了从形态、细胞遗传、生化和分子水平的种质鉴定技术;1996—2005年,开展了水产养殖对象种质保存技术研究,建立了主要养殖鱼类的种质保存技术标准;2006—2015年,保

存了大量重要水产养殖种类的活体、标本、胚胎、细胞和基因等实物资源,奠定了水生生物遗传资源规模化开发的基础。

受气候变化、生态环境破坏和水体污染等因素影响,天然水域水生生物资源锐减,部分名贵物种濒临灭绝,需要开展水生生物遗传资源收集、整理和保护工作。我国水生生物遗传资源保护主要包括原生境和非原生境保护两种形式。原生境保护的主要形式为水产种质资源保护区。2007—2017年,我国先后建立了国家级水产种质资源保护区535处,覆盖了我国29个省份,为400多种水生生物的产卵场、索饵场、越冬场和洄游通道等关键栖息场地提供了原地保护,构建了覆盖我国主要海区和内陆流域的水生生物种质资源保护网络。这些保护区的建立,扩大了水生生物的保护范围和规模,为我国水生生物遗传资源的有效保护和开发利用奠定基础。非原生境保护的主要形式包括遗传育种中心、原良种场和遗传资源保存分中心。目前,我国已建成31个遗传育种中心、84家国家级水产原良种场、820家地方级水产原良种场和35家遗传资源保存分中心(表1)。通过对我国主要水生生物遗传资源的系统梳理和初步保存,形成了水生生物非原生境保护的体系架构。

表1 我国水生生物遗传资源非原生境保存情况

Table 1 Status of non-native habitats preservation for aquatic genetic resources in China

保存机构	机构数量	保存类型	保存数量
遗传育种中心	31	育成品种	171个
国家级原种场	39	原种	26个
国家级良种场	45	引进种	30个
		选育种	107个
		杂交种	58个
		活体	2 028种
		精子和细胞	513种
种质资源保存分中心	35	DNA	1 396种
		基因	102种
		标本	6 543种

1.3 水生生物遗传资源鉴定评价稳步推进

我国水生生物经济性状的精准鉴定工作处于起步阶段,已有工作集中在主要养殖种类生长、品质、抗病、抗逆、性别等重要性状的鉴定研究^[27-32]。在功能基因鉴定和性状调控网络解析等方面进展显著,构建了半滑舌鳎(*Cynoglossus semilaevis*)^[33]、扇贝(*Pectinidae*)^[34]、牡蛎(*Ostrea gigas tnumb*)^[35]等20多种重要养殖种的高密度遗传连锁图谱,定位了若干与重要经济性状密切相关的数量性状位点

(QTL)和分子标记^[36-39],筛选和克隆了一批与重要经济性状相关的功能基因^[6,40-42];建立了多个功能基因验证技术体系和平台,阐明了功能基因调控性状的分子机制;获得了具有重要育种价值的功能基因并应用于育种实践,如鉴定到控制罗非鱼(*Oreochromis mossambicus*)^[43]、半滑舌鳎^[2]的性别决定基因,揭示了性别调控的表观遗传机理,建立了全雄罗非鱼^[44]、全雄黄颡鱼^[45]、全雌牙鲆(*Paralichthys olivaceus*)^[46]苗种生产技术。水生生物分子生物学基础研究取得了重要突破或进展,其中,对鲤^[47]、鲫(*Carassius auratus*)^[38]、草鱼^[48]、扇贝^[49]等功能基因的研究处于国际领先水平,但其成果应用于品种改良尚需进行深入探索。除了这些水产经济生物,针对部分诸如水生植物、两栖类等科研价值高且有遗传价值的类群也开展了系列鉴定评价工作,如宽叶泽苔草(*Alismataceae*)^[50]、大型浮萍(*Spirodela polyrhiza*)^[51]等物种。

在基因组资源挖掘方面,我国自2010年起相继破译了太平洋牡蛎(*Crassostrea gigas*)^[52]、半滑舌鳎^[2]、鲤^[1]、大黄鱼(*Larimichthys crocea*)^[53]、牙鲆^[3]、栉孔扇贝(*Azumapecten farreri*)^[54]、海带(*Laminaria japonica*)^[55]等的全基因组序列,相关论文发表于*Nature*、*Nature Genetics*等国际顶级学术期刊,起到了引领水产基因组研究的作用。同时,启动了银鲫(*Carassius auratus gibelio*)、中国对虾(*Fenneropenaeus chinensis*)等物种全基因组测序计划。此外,针对众多水产经济养殖生物,也分别利用转录组、简化基因组等技术手段,开发了大量基因组资源。这些重要水生生物全基因组信息及其详细的分子解析,将为水生生物经济性状的遗传解析、品种改良、病害防控等研究提供重要参考和指导。总体来看,我国在全基因组测序数量、质量和高水平论文发表等方面处于国际领跑地位。

1.4 水生生物遗传资源种质创新成效显著

利用我国水生生物遗传资源,培育了一批优质、抗逆、抗病的水产优异种质。如建立了转基因鱼理论模型,创制了育性可控、生长速度快的转基因黄河鲤和北方鲤,其生长速度分别较对照组快114%和180%,使我国在鱼类转基因方面的研究处于国际领先水平^[56]。发掘了与抗病性状紧密连锁的分子标记,培育的鲤抗疱疹病毒病新品系成活率提高70%^[57],牙鲆抗鳃弧菌新品种成活率提高20%^[58],草鱼抗出血病新品系成活率提高30%。发现了性别特异分子标记^[59-62],建立了分子标记辅助性控技术,培育出全雄黄颡鱼和乌鳢、全雌牙鲆和

大菱鲆。初步建成分子水平的种质鉴定技术、选育技术和保种技术体系,尤其是基于亲本遗传距离的选种技术将传统选育与分子选育结合起来,解决了标记(基因)应用于育种的技术难题^[63-64]。全基因组育种技术不断完善,研发了高通量低成本的全基因组基因分型技术 2b-RAD 系统,开发了新型全基因选择模型和算法,突破了水生生物全基因选择育种实际应用的技术瓶颈,建成国际上第 1 个水生生物的全基因组选择育种平台,率先应用全基因组选择育成“蓬莱红 2 号”栉孔扇贝、“鲆优 2 号”牙鲆等新品种,使水生生物全基因组选择育种研究走在国际前列^[65]。

2 我国水生生物遗传资源保护面临的问题

2.1 种类急剧减少,数量明显下降

我国是水生生物遗传资源大国,数量众多,分布区域广,仅海洋生物就占全球总数的 11%。随着我国经济社会的快速发展,受水利水电工程、酷渔滥捕以及水环境污染等不利因素的影响,我国水生生物种类和数量急剧减少,资源量显著下降。据统计,中国 1 443 种内陆鱼类中,已灭绝 3 种,区域灭绝 1 种,极危 65 种,濒危 101 种,易危 129 种,近危 101 种^[66]。作为世界 4 大渔场之一的舟山渔场,自 20 世纪 70 年代末开始,受大规模、无节制、不计后果的滥捕影响,渔业资源急速下降,区域内海洋生态系统遭受破坏。曾经的代表性捕捞对象“四大海产”的大黄鱼、小黄鱼、带鱼、乌贼占渔获物比例不断下降,现在更是“一鱼难求”。渤海曾经是以其特殊的地理条件而成为经济鱼虾类的索饵场、产卵场、越冬场和洄游通道的重要海域。但现今,渤海具有重要经济价值的渔业资源种类从过去的 70 余种减少到 30 余种,生物资源量不足 20 世纪 80 年代的 20%,一些鱼类的传统渔汛更是基本消失。面对形势如此严峻的水生生物遗传资源现状,我国相关机构和学者开展了大量的资源收集和保存工作,但相对于资源总量来讲,目前收集和保存的种类仍偏少。同时,如南美白对虾、大菱鲆等非我国原产经济种类,遗传资源更是被国外所控制,相关国家出台了严厉的管控措施,禁止活体资源出口,造成上述养殖对象的种质更新困难。

2.2 精准鉴定未大规模开展,优异基因资源发掘滞后

我国水生生物遗传资源虽然初步开展了表型和基因型鉴定工作,但总体而言,研究深度和广度严重不足。在表型性状鉴定方面,生长、品质、抗

病、抗逆、饲料转化率、机械化加工等性状高通量精准测量和鉴定技术严重缺乏;在基因型鉴定方面,不同资源的生境特征、生物学特性、生产性能和种群遗传多样性水平、基因型特点等尚未系统展开;在表型和基因型数据库构建方面,包含以性状特征、种群遗传多样性组成和优异性状遗传规律为主体的内容缺乏有效整合,数据分析和信息共享平台尚未形成网络化。水生生物种类、数量众多,在部分种类收集和保护的实践中,对所收集物种的判定以传统的形态学分类法为主。这种基于形态学测量数据开展的分类方法存在诸多局限性,对一些进化关系较近且形态差异较小的种进行判定时,会形成误判。同时,部分经济品种的种质在进行苗种生产时,亲本来源混杂,近亲繁殖严重,生产的苗种质量差,种质衰退严重,采用传统的形态学方法,无法避免此现象。

2.3 重要性状解析深度不够,资源利用效率相对偏低

我国主要养殖种类经济性状的遗传解析工作取得了一定成效,但遗传资源的挖掘深度和广度方面不够,性状精准鉴定和全基因组水平上的基因型鉴定处于起步阶段;经济性状的遗传调控网络解析缺乏深度,基因资源挖掘和利用程度明显不足,基础研究与育种实践脱节现象较为严重,难以满足现代种业发展需求。我国水生生物资源总量庞大,已开发利用的物种比例不足千分之一。诸多具有食用、观赏或药用价值的种类尚未被挖掘利用,其主要原因是对其生物学、生理学、发育生物学等基础研究缺乏,亲体生殖过程的内分泌调控机制及其与环境和营养的互作关系不明;生殖精准调控、亲鱼高效催产、受精卵孵化等重要参数尚未获取;饲料、水质、设施和生态系统可控的繁育和配套养殖工艺技术还未掌握。这导致众多具备开发潜力的水生生物遗传资源没有实现全人工规模化繁育,出现了遗传资源利用效率偏低的现状。

2.4 保护与鉴定设施不完善,缺乏交流与实时共享机制

目前,已建立的水生生物遗传资源保护场所受限于设计水平和经济实力,整体设施配备水平仅能够维持保存场所的基本运转;水质监测和饲养管理等日常工作仍需人工操作,导致日常开销中人员经费所占比例过高。现有国家级水产种质资源保护区由所在地县级以上渔业行政主管部门管理,部分原种场和良种场依托于企业运行,缺乏长期稳定的经费支持,部分保存场所科研条件不足,技术力量

薄弱,仅能开展数量有限的遗传资源收集、饲养和繁育工作;因为缺乏系统的遗传资源保护利用方案和科学规划,繁育过程中时常发生杂交、回交等状况,导致所保存遗传资源的优良性状出现退化。我国水生生物遗传资源保存场所较分散,交流共享机制相对缺乏,在一定程度上影响了资源的互换与高效利用。当前,我国水生生物遗传资源相关知识产权保护的法律法规尚未正式颁布,无法为新种质创制和保护提供法律保障。此类法律法规的缺失,造成知识产权拥有人被侵权后维权难度较大,一定程度上阻碍了遗传资源有效交流与充分共享。

3 我国水生生物遗传资源保护策略

3.1 基本思路

依据我国水生生物遗传资源种类众多但特优物种稀少、水产养殖产业庞大但拳头型产品缺乏的基本现状,贯彻“创新、协调、绿色、开放、共享”的发展理念,坚持产业导向、问题导向和需求导向,以渔业供给侧结构性改革为主线,以实现水生生物遗传资源有效保护为核心目标,以水生生物遗传资源保护机制创新为动力,以水生生物遗传资源创新利用能力提升为重点,坚持依法保护,加大政策支持,强化科技驱动,建立健全水生生物遗传资源保护、精准鉴定和动态监测预警体系,建立水生生物遗传资源信息共享服务平台,开创保护与利用相结合、资源优势和产业优势相融合的新格局,为加快推进我国水产养殖业绿色发展提供有力支撑。

3.2 总体目标

水生生物遗传资源保存体系进一步健全,重要经济性状评价体系进一步完善,显著提升遗传资源的研究、监测和保护能力,全面实现遗传资源保护技术和创新体系的标准化、规范化、现代化。水生生物遗传资源保护率达到50%以上,改良率达到60%以上,确保主要经济种类遗传资源不丢失、遗传特性不改变、经济性状不降低;建立资源互通、信息共享的水生生物遗传资源保护和利用平台,培育20家左右以开发特色遗传资源为主业的产业化龙头企业,促进遗传资源有效保护和可持续利用,实现我国由水生生物遗传资源大国向资源强国转变,支撑全面建成社会主义现代化强国。

3.3 发展战略

加强我国水生生物遗传资源保护,科技是第一动力和核心要素。围绕科技原始创新和水生生物产业发展的重大需求,以“广泛收集、妥善保存、深入评价、积极创新、共享利用”为基本方针,以安全

保护和高效利用为攻关重点,统筹规划,分步实施,集中力量攻克水生生物遗传资源保护和利用中的重大科学问题和关键技术难题,进一步增加我国水生生物遗传资源保存数量和多样性,充分发掘、创制优异种质和基因资源,显著提升遗传资源种质创新能力和利用效率,夯实遗传资源保护基础条件和服务平台,推进水生生物遗传资源在保护中利用、在利用中保护的协调发展,切实发挥遗传资源在解决水生生物科技重大问题中的支撑作用,为水产育种体系建设和现代种业创新发展提供必要的物质基础。

4 我国水生生物遗传资源保护研究工作

4.1 水生生物遗传资源系统收集与高效保护

在遗传资源调查和监测方面,针对重要水生生物资源数量、分布和变化趋势开展调查和动态监测,客观反映监测海区和流域水生生物种质资源现状,评估重要水生生物关键栖息生境演替规律,结合关键栖息地长时期监测资料,提出水生生物种质资源保护与利用建议,持续评估重要水生生物资源保护与利用措施的实施效果;建立水生生物主要病害监测预警技术,做好主要病原的流行病学研究,结合历史资料分析病害发生规律及其与环境关系,如季节、水温、水质、养殖密度,建立实时有效的病害监测与预警系统;制定人工繁殖种类增殖放流和外来物种入侵评价标准与规范,进行人工繁殖种类及外来物种定期监测,开展水域人工增殖放流和引种的潜在风险评估,提出防范生物入侵的具体策略与有效措施。

在遗传资源收集与保存方面,加快建立和完善水生生物遗传资源保护体系,实现具有重要经济价值和濒危物种资源的抢救性保护。针对我国丰富的水生生物遗传资源,根据不同水产养殖种类特定的气候、温度和水质要求,按照各海域和各主要流域等不同生态功能区,建设水生生物遗传资源收集和保存分中心。如在黑龙江、黄河、长江和珠江等流域分别建立冷水鱼类遗传资源中心、北方水生生物遗传资源中心、长江水生生物遗传资源中心和南方水生生物遗传资源中心;在3大海区分别建立黄渤海、东海和南海水生生物遗传资源中心。以各遗传资源保存中心为基础,认定一批种质评估测试中心和养殖性状测试基地,评估和测试重要水生生物的遗传多样性、育种材料的遗传特征和新品种的经济性状等。

4.2 水生生物遗传资源精准鉴定与深度挖掘

在遗传资源表型精准鉴定方面,依托现有水生生物遗传资源保护体系,采用通用技术规范开展水生生物遗传资源的表型调查,调查性状应做到从定性到定量、从表型到生理生化的量化鉴定。获得种质表型数据后,系统分析样品间表型遗传相似度,进行群体聚类 and 遗传多样性分析;通过生理生化检测技术,分析水生生物生长与品质、发育与性别、抗病与抗逆等性状的生理生化指标;建立包括种质名称、分类学地位、地理来源、生理生化指标等信息的遗传资源表型数据库。在表型鉴定技术层面,建立高通量表型鉴定技术,为水生生物种质资源精准鉴定提供技术支撑。

在遗传资源基因型高通量鉴定方面,利用水生生物遗传资源表型鉴定数据,根据染色体数目和形态特征,采取细胞学方法区分水生生物遗传资源;基于微卫星 (simple sequence repeats, SSR)、单核苷酸多态性 (single nucleotide polymorphism, SNP) 等分子标记,解析重要水生生物种质的结构特征和遗传多样性;建立以线粒体细胞色素氧化酶 I 亚基 (cytochrome oxidase I subunit, COI) 基因片段等为特定标记的水生生物种质 DNA 条形码技术;开展品质、抗病、抗逆、饲料转化率等性状的全基因组水平基因型鉴定,建立水生生物核心种质的表型和基因型联合数据库,全面掌握其性状特征、种群遗传多样性组成和优异性状遗传规律。

4.3 水生生物遗传资源种质创新与特色开发

在种质创新利用技术研发方面,针对主要水产养殖生物,深入开展选择育种、杂交育种、多倍体育种、性别控制等常规育种技术研究,同时建立以分子标记辅助、多基因聚合、全基因组选择、分子设计、基因组编辑、表观遗传辅助等为主体的分子育种技术体系。研制高通量 SNP 芯片,建立基于系谱和分子亲缘关系的全基因组最佳线性无偏估计 (GBLUP) 遗传评估技术;构建适用于水生生物的高效、高特异性、低脱靶率的基因组编辑系统;建立和完善具有物种可适性、新型高效的水生生物基因导入技术体系;建立以甲基化、非编码 RNA、组蛋白为标记的表观辅助育种技术。集成常规育种技术和分子育种技术,建立以生长、性别、品质、抗病、抗逆、高饲料转化率等目标性状改良为主的现代水生生物育种技术体系。

在特色遗传资源开发利用方面,针对高值水生生物特色养殖对象,开展基础生物学研究、遗传资源调查和遗传多样性分析,从进化与功能生物学方

面揭示其生存机制;研究特色养殖对象繁殖生态、生存环境和营养需求,建立特种养殖对象高效保种、繁育和养殖技术体系。针对名优鱼类遗传资源,创制速生、高产、体型优美和色彩鲜明的新种质;开展名优鱼类培育技术、规模化人工繁殖技术、批量化苗种培育技术研究;采取与生产企业紧密结合的方式进行苗种规模化繁育技术集成示范,建立品种繁育与推广的技术规范和标准,形成名优特色品种的苗种产业化开发平台,推动其产业化发展。

4.4 水生生物遗传资源基础建设与信息共享

在遗传资源基础条件设施建设方面,加快建立和完善种质资源库、遗传育种中心、原良种场、苗种繁育单位和育种创新基地等场所硬件设施配备,长期稳定支持保护设施的管理、维护和运行。在进行种质繁殖与更新维护过程中,对于不同物种 (品系) 的杂交工作要谨慎,避免此类人工杂交物种在自然界的随机扩散,污染自然基因库。推进建立种类丰富、类型多样的不同水生生物类群的保护基地或原种场,创建优质的保存条件与环境场所,从而满足不同水生生物类群的多元化保护需求。建立水生生物遗传资源超级计算平台,从计算机体系结构、并行处理、网络安全、性能和软件开发等方面实现水生生物遗传资源数据整合共享的便捷性和安全性。

在遗传资源信息共享服务平台建设方面,依托全国水生生物遗传资源保护体系,针对具有重要经济价值和濒危水生生物,建立基因测序、鉴定、识别等遗传资源发掘技术体系,制定和完善各类水生生物遗传资源的收集、整理和保存技术规范及描述标准,打造以基因、细胞、病原等为主体的水生生物遗传资源数据库。搭建信息化和智能化的物联网公共服务平台,实现对种质资源信息、良种选育方法、苗种质量监控技术等生产要素智能化控制和科学化管理,实现水生生物遗传资源高效利用的现代化。基于云存储、云计算、搜索引擎等,搭建水生生物遗传资源物联网管理平台,促进遗传资源存储、分类、优化、管理的信息化和智能化。

4.5 水生生物遗传资源知识普及与公众参与

在保护激励方式方面,建立水产种质资源保护区、种质资源库、原良种场等不同生境保护机构的联动机制,探索水生生物遗传资源综合利用的盈利模式,提出激励社团、企业和个人等不同层次相结合的水生生物遗传资源保护具体措施,充分调动保护水生生物的各种社会资源。在政策制定方面,推动国家水产种质资源保护区规划的建立与完善,将

其纳入年度工作绩效的考核指标中,制定耕地占用、良种保护、农资综合等补贴政策,实行资金扶持、准入优惠、税收减免等奖励政策。在落实措施方面,鼓励各种社会力量参与保护水生生物遗传资源及其栖息生境,通过增加渔民经济收入,促进渔民保护水生生物的意识 and 行为得到加强,营造全社会保护和合理利用水生生物遗传资源的良好氛围。

在创新保护人才评价方面,重点培养和引进分类学、保护生物学、基因组学等相关领域的水生生物遗传资源专业人才。创立科学合理的水生生物遗传资源绩效考核和人才评价机制,建立高水平、高素质、高能力和高热情的人才工作队伍,充分调动从事水生生物遗传资源保护工作研究人员的积极性、主动性和创造性。推动科研人员创新的水生生物种质、培育的重要成果及研发的相关核心技术纳入科技成果产权交易平台挂牌交易,提高水生生物遗传资源共享利用效率,促进资源、信息及技术与交流互通,切实提升水生生物遗传资源安全保护能力与高效利用水平。

5 总结与展望

我国水生生物遗传资源的保护研究虽然取得了一定进展,但尚有海量的遗传资源需要进一步收集保存、深度挖掘和创新利用。在全球经济一体化发展的大背景下,以国内大循环为主体、国内国际双循环的全新发展格局正逐步形成。未来水产种业将会面临更加激烈的竞争,只有自主掌握重要的水生生物遗传资源,创制过硬的拳头型新产品,才能够在这场激烈的竞争中拥有核心竞争力和权威话语权。水生生物遗传资源是开展渔业基础研究探索、核心技术研发和产业健康发展的战略性资源,是打赢水产种业翻身仗的必备物质基础。加强水生生物遗传资源科学保护与合理利用,培育具有优质、抗病、抗逆、高产等优异性状的水产新品种,方可满足我国水产养殖业的多元化需求,提升水产养殖业良种覆盖率和增产贡献率。

参考文献:

- [1] XU P, ZHANG X F, WANG X M, *et al.* Genome Sequence and Genetic Diversity of the Common Carp, *Cyprinus carpio* [J]. *Nature Genetics*, 2014, 46(11): 1212-1219.
- [2] CHEN S L, ZHANG G J, SHAO C W, *et al.* Whole-genome Sequence of a Flatfish Provides Insights into ZW Sex Chromosome Evolution and Adaptation to a Benthic Lifestyle [J]. *Nature Genetics*, 2014, 46(3): 253-260.
- [3] SHAO C W, BAO B L, XIE Z Y, *et al.* The Genome and Transcriptome of Japanese Flounder Provide Insights into Flatfish Asymmetry [J]. *Nature Genetics*, 2017, 49(1): 119-124.
- [4] 陈丽娇, 杨怀宇, 张静怡, 等. 中国北方南美白对虾不同养殖模式环境影响生命周期评价 [J]. *生态与农村环境学报*, 2019, 35(8): 986-991. [CHEN Li-jiao, YANG Huai-yu, ZHANG Jing-yi, *et al.* Environmental Life Cycle Assessment of Different *Penaeus vannamei* Systems in Northern China [J]. *Journal of Ecology and Rural Environment*, 2019, 35(8): 986-991.]
- [5] PENG W Z, XU J, ZHANG Y, *et al.* An Ultra-high Density Linkage Map and QTL Mapping for Sex and Growth-related Traits of Common Carp (*Cyprinus carpio*) [J]. *Scientific Reports*, 2016, 6: 26693.
- [6] QIANG J, CUI Y T, TAO F Y, *et al.* Physiological Response and MicroRNA Expression Profiles in Head Kidney of Genetically Improved Farmed Tilapia (GIFT, *Oreochromis niloticus*) Exposed to Acute Cold Stress [J]. *Scientific Reports*, 2018, 8(1): 172.
- [7] 刘焕亮. 我国主要水产品营养成分的研究 [J]. *科学养鱼*, 2000(7): 11-12.
- [8] 蔡路鸣, 年琳玉, 吕艳芳, 等. 海洋生物活性物质主要功能特性的研究进展 [J]. *食品工业科技*, 2017, 38(7): 376-380, 384. [CAI Lu-yun, NIAN Lin-yu, LÜ Yan-fang, *et al.* Research Progress on the Main Functional Characteristics of Marine Bioactive Substances [J]. *Science and Technology of Food Industry*, 2017, 38(7): 376-380, 384.]
- [9] 刘永新, 方辉, 来琦芳, 等. 我国盐碱水渔业现状与发展对策 [J]. *中国工程科学*, 2016, 18(3): 74-78. [LIU Yong-xin, FANG Hui, LAI Qi-fang, *et al.* The Current State and Development Strategy for China's Saline-alkaline Fisheries [J]. *Engineering Sciences*, 2016, 18(3): 74-78.]
- [10] 李梦龙, 郑先虎, 吴彪, 等. 我国水产种质资源收集、保存和共享的发展现状与展望 [J]. *水产学杂志*, 2019, 32(4): 78-82. [LI Meng-long, ZHENG Xian-hu, WU Biao, *et al.* Advances and Prospects in Research on Collection, Preservation and Sharing of Aquaculture Germplasm Resources in China [J]. *Chinese Journal of Fisheries*, 2019, 32(4): 78-82.]
- [11] 郝向举, 胡红浪. 全球水产养殖前景分析 [J]. *中国水产*, 2015(3): 39-41.
- [12] 刘英杰, 刘永新, 方辉, 等. 我国水产种质资源的研究现状与展望 [J]. *水产学杂志*, 2015, 28(5): 48-55, 60. [LIU Ying-jie, LIU Yong-xin, FANG Hui, *et al.* Advances and Prospect in Research on Aquaculture Germplasm Resources in China [J]. *Chinese Journal of Fisheries*, 2015, 28(5): 48-55, 60.]
- [13] 联合国粮食及农业组织. 世界渔业和水产养殖状况 [R/OL]. (2020) [2021-02-18]. <https://doi.org/10.4060/ca9229en>. [FAO. The State of World Fisheries and Aquaculture [R/OL]. (2020) [2021-02-18]. <https://doi.org/10.4060/ca9229en>.]
- [14] 农业农村部渔业渔政管理局. 中国渔业统计年鉴 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2020: 17. [Fisheries Administration of Ministry of Agriculture and Rural Affairs. *China Fisheries Yearbook* [M]. Beijing: China Agriculture Press, 2020: 17.]
- [15] 成庆泰, 郑葆珊. 中国鱼类系统检索 [M]. 北京: 科学出版社, 1987: 1. [CHENG Qing-tai, ZHENG Bao-shan. *Systematic Searching of China Fishes* [M]. Beijing: Science Press, 1987: 1.]

- [16] 孟庆闻. 鱼类分类学 [M]. 北京: 中国农业出版社, 1996: 1. [MENG Qing-wen. Systematics of Fishes [M]. Beijing: Chinese Agriculture Press, 1996: 1.]
- [17] 朱元鼎. 中国动物志 圆口纲 软骨鱼纲 [M]. 北京: 科学出版社, 2001: 1. [ZHU Yuan-ding. Fauna of China Cyclostomata Chondrichthyes [M]. Beijing: Science Press, 2001: 1.]
- [18] 沈嘉瑞, 戴爱云. 中国动物图谱: 甲壳动物 (第 2 册) [M]. 北京: 科学出版社, 1964: 1. [SHEN Jia-ru, DAI Ai-yun. Animal Atlas of China: Crustaceans (Leaflet 2) [M]. Beijing: Science Press, 1964: 1.]
- [19] 宋大祥, 匡溥人. 中国动物图谱: 甲壳动物 (第 4 册) [M]. 北京: 科学出版社, 1980: 1. [SONG Da-xiang, KUANG Bo-ren. Animal Atlas of China: Crustaceans (Leaflet 4) [M]. Beijing: Science Press, 1980: 1.]
- [20] 董丰茂, 戴爱云. 中国动物图谱: 甲壳动物 (第 1 册) [M]. 北京: 科学出版社, 1982: 1. [DONG Yu-mao, DAI Ai-yun. Animal Atlas of China: Crustaceans (Leaflet 1) [M]. Beijing: Science Press, 1982: 1.]
- [21] 张玺, 齐钟彦, 楼子康, 等. 中国动物图谱: 软体动物 (第 1 册) [M]. 北京: 科学出版社, 1964: 1-11. [ZHANG Xi, QI Zhong-yan, LOU Zi-kang, et al. Animal Atlas of China: Mollusk (Leaflet 1) [M]. Beijing: Science Press, 1964: 1-11.]
- [22] 齐钟彦, 马绣同, 刘月英, 等. 中国动物图谱: 软体动物 (第 4 册) [M]. 北京: 科学出版社, 1985: 1. [QI Zhong-yan, MA Xiu-tong, LIU Yue-ying, et al. Animal Atlas of China: Mollusk (Leaflet 4) [M]. Beijing: Science Press, 1985: 1.]
- [23] 齐钟彦, 林光宇, 马绣同, 等. 中国动物图谱: 软体动物 (第 3 册) [M]. 北京: 科学出版社, 1986: 1. [QI Zhong-yan, LIN Guang-yu, MA Xiu-tong, et al. Animal Atlas of China: Mollusk (Leaflet 3) [M]. Beijing: Science Press, 1986: 1.]
- [24] 齐钟彦, 马绣同, 楼子康, 等. 中国动物图谱: 软体动物 (第 2 册) [M]. 北京: 科学出版社, 1989: 1. [QI Zhong-yan, MA Xiu-tong, LOU Zi-kang, et al. Animal Atlas of China: Mollusk (Leaflet 2) [M]. Beijing: Science Press, 1989: 1.]
- [25] 张凤瀛, 廖玉麟, 吴宝铃, 等. 中国动物图谱: 棘皮动物 [M]. 北京: 科学出版社, 1964: 1. [ZHANG Feng-ying, LIAO Yu-lin, WU Bao-ling, et al. Animal Atlas of China: Echinodermata [M]. Beijing: Science Press, 1964: 1.]
- [26] 胡淑琴, 赵尔宓, 等. 中国动物图谱: 两栖类: 爬行类 [M]. 北京: 科学出版社, 1987: 1. [HU Shu-qin, ZHAO Er-mi, et al. Animal Atlas of China: Amphibian; Reptile [M]. Beijing: Science Press, 1987: 1.]
- [27] TONG J G, SUN X W. Genetic and Genomic Analyses for Economically Important Traits and Their Applications in Molecular Breeding of Cultured Fish [J]. Science China: Life Sciences, 2015, 58(2): 178-186.
- [28] YU Y, LIU J W, LI F H, et al. Gene Set Based Association Analyses for the WSSV Resistance of Pacific White Shrimp *Litopenaeus vannamei* [J]. Scientific Reports, 2017, 7: 40549.
- [29] LIU X D, CHEN N, GAO X J, et al. The Infection of Red Seabream Iridovirus in Mandarin Fish (*Siniperca chuatsi*) and the Host Immune Related Gene Expression Profiles [J]. Fish & Shellfish Immunology, 2018, 74: 474-484.
- [30] LU D L, MA Q, WANG J, et al. Fasting Enhances Cold Resistance in Fish through Stimulating Lipid Catabolism and Autophagy [J]. The Journal of Physiology, 2019, 597(6): 1585-1603.
- [31] SUN C F, SUN H L, DONG J J, et al. Correlation Analysis of Mandarin Fish (*Siniperca chuatsi*) Growth Hormone Gene Polymorphisms and Growth Traits [J]. Journal of Genetics, 2019, 98(2): 1-10.
- [32] HUANG W, CHENG C H, LIU J S, et al. Fine Mapping of the High-pH Tolerance and Growth Trait-related Quantitative Trait Loci (QTLs) and Identification of the Candidate Genes in Pacific White Shrimp (*Litopenaeus vannamei*) [J]. Marine Biotechnology, 2020, 22(1): 1-18.
- [33] JIANG L M, CHU G N, ZHANG Q Q, et al. A Microsatellite Genetic Linkage Map of Half Smooth Tongue Sole (*Cynoglossus semilaevis*) [J]. Marine Genomics, 2013, 9: 17-23.
- [34] WANG L L, SONG L S, ZHANG H, et al. Genetic Linkage Map of Bay Scallop, *Argopecten irradians irradians* (Lamarck 1819) [J]. Aquaculture Research, 2007, 38(4): 409-419.
- [35] SHI Y H, KUI H, GUO X M, et al. Genetic Linkage Map of the Pearl Oyster, *Pinctada martensii* (Dunker) [J]. Aquaculture Research, 2009, 41(1): 35-44.
- [36] WANG X H, FU B D, YU X M, et al. Fine Mapping of Growth-related Quantitative Trait Loci in Yellow River Carp (*Cyprinus carpio haematoperus*) [J]. Aquaculture, 2018, 484: 277-285.
- [37] JIAO W Q, FU X T, DOU J Z, et al. High-resolution Linkage and Quantitative Trait Locus Mapping Aided by Genome Survey Sequencing: Building up an Integrative Genomic Framework for a Bivalve Mollusc [J]. DNA Research, 2014, 21(1): 85-101.
- [38] QI X Z, XUE M Y, YANG S B, et al. Ammonia Exposure Alters the Expression of Immune-related and Antioxidant Enzymes-related Genes and the Gut Microbial Community of Crucian Carp (*Carassius auratus*) [J]. Fish & Shellfish Immunology, 2017, 70: 485-492.
- [39] QI H G, SONG K, LI C Y, et al. Construction and Evaluation of a High-density SNP Array for the Pacific Oyster (*Crassostrea gigas*) [J]. PLoS One, 2017, 12(3): e0174007.
- [40] LONG Y, YAN J, SONG G, et al. Transcriptional Events Co-regulated by Hypoxia and Cold Stresses in Zebrafish larvae [J]. BMC Genomics, 2015, 16: 385.
- [41] ZHANG Y F, MAUDUIT F, FARRELL A P, et al. Exposure of European Sea Bass (*Dicentrarchus labrax*) to Chemically Dispersed Oil Has a Chronic Residual Effect on Hypoxia Tolerance but Not Aerobic Scope [J]. Aquatic Toxicology, 2017, 191: 95-104.
- [42] FU Q, YANG Y J, LI C, et al. The CC and CXC Chemokine Receptors in Channel Catfish (*Ictalurus punctatus*) and Their Involvement in Disease and Hypoxia Responses [J]. Developmental & Comparative Immunology, 2017, 77: 241-251.
- [43] TAO W J, CHEN J L, TAN D J, et al. Transcriptome Display during Tilapia Sex Determination and Differentiation as Revealed by RNA-Seq Analysis [J]. BMC Genomics, 2018, 19(1): 1-12.
- [44] 杨景峰, 徐桂珠. 罗非鱼全雄控制技术研究进展 [J]. 内蒙古民族大学学报 (自然科学版), 2003, 18(4): 318-322. [YANG Jing-feng, XU Gui-zhu. Advance on Control Technique of Monosex

- Male Tilapia[J]. Journal of Inner Mongolia University for Nationalities (Natural Sciences, Quarterly), 2003, 18(4): 318-322.]
- [45] LIU H Q, GUAN B, XU J, *et al.* Genetic Manipulation of Sex Ratio for the Large-scale Breeding of YY Super-male and XY All-male Yellow Catfish [*Pelteobagrus fulvidraco* (Richardson)] [J]. Marine Biotechnology, 2013, 15(3): 321-328.
- [46] LIU Y X, WANG G X, LIU Y, *et al.* Genetic Verification of Doubled Haploid Japanese Flounder, *Paralichthys olivaceus* by Genotyping Telomeric Microsatellite Loci [J]. Aquaculture, 2012, 324/325: 60-63.
- [47] LÜ H Z, ZHOU T, DONG C J, *et al.* Genome-wide Identification, Evolution, and mRNA Expression of Complement Genes in Common Carp (*Cyprinus carpio*) [J]. Fish & Shellfish Immunology, 2020, 96: 190-200.
- [48] LU X B, CHEN Y X, CUI Z W, *et al.* Characterization of Grass Carp CD40 and CD154 Genes and the Association between Their Polymorphisms and Resistance to Grass Carp Reovirus [J]. Fish & Shellfish Immunology, 2018, 81: 304-308.
- [49] LI L, TAN K, ZHANG H K, *et al.* Effects of High Stocking Density on the Galectin Gene Expression in Noble Scallop *Chlamys nobilis* under Bacterial Infection [J]. Fish & Shellfish Immunology, 2020, 105: 263-269.
- [50] YUE X L, CHEN J M, GUO Y H, *et al.* Fine-scale Spatial Genetic Structure of an Endangered Marsh Herb, *Caldesia grandis* (Alismataceae) [J]. Genetics and Molecular Research, 2012, 11(3): 2412-2421.
- [51] ZHAO X Y, YANG J J, LI G J, *et al.* Genome-wide Identification and Comparative Analysis of the WRKY Gene Family in Aquatic Plants and Their Response to Abiotic Stresses in Giant Duckweed (*Spirodela polyrhiza*) [J]. Genomics, 2021, 113(4): 1761-1777.
- [52] ZHANG G F, FANG X D, GUO X M, *et al.* The Oyster Genome Reveals Stress Adaptation and Complexity of Shell Formation [J]. Nature, 2012, 490(7418): 49-54.
- [53] WU C W, ZHANG D, KAN M Y, *et al.* The Draft Genome of the Large Yellow Croaker Reveals Well-developed Innate Immunity [J]. Nature Communications, 2014, 5: 5227.
- [54] LI Y L, SUN X Q, HU X L, *et al.* Scallop Genome Reveals Molecular Adaptations to Semi-sessile Life and Neurotoxins [J]. Nature Communications, 2017, 8(1): 1721.
- [55] YE N H, ZHANG X W, MIAO M, *et al.* Saccharina Genomes Provide Novel Insight into Kelp Biology [J]. Nature Communications, 2015, 6: 6986.
- [56] 汪亚平, 何利波. 我国转基因鱼研制的历史回顾与展望 [J]. 生物工程学报, 2016, 32(7): 851-860. [WANG Ya-ping, HE Li-bo. Retrospect and Prospect of Transgenic Fish Breeding in China [J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2016, 32(7): 851-860.]
- [57] 孙佳鑫, 石连玉, 姜晓娜, 等. 镜鲤抗疱疹病毒 (CyHV-3) F₄ 抗病品系病毒表达量评估 [J]. 上海海洋大学学报, 2021, 30(2): 258-265. [SUN Jia-xin, SHI Lian-yu, JIANG Xiao-na, *et al.* Research on Expression of Virus in *Cyprinid herpesvirus 3* (CyHV-3) F₄ Disease Resistant Strains [J]. Journal of Shanghai Ocean University, 2021, 30(2): 258-265.]
- [58] 徐田军, 陈松林, 田永胜, 等. 牙鲆抗鳃弧菌病家系筛选及其分析 [J]. 中国水产科学, 2010, 17(1): 59-68. [XU Tian-jun, CHEN Song-lin, TIAN Yong-sheng, *et al.* Comparative Analysis of Disease Resistance among Japanese Flounder (*Paralichthys olivaceus*) Families [J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2010, 17(1): 59-68.]
- [59] 高建军, 高泽霞, 王卫民. 鱼类性别决定及性别特异分子标记的研究进展 [J]. 水产科学, 2010, 29(7): 432-437. [GAO Jian-jun, GAO Ze-xia, WANG Wei-min. Advancement on Research of Sex Determination and Sex-specific Markers in Fish [J]. Fisheries Science, 2010, 29(7): 432-437.]
- [60] 刘改艳, 陈昆慈, 郑光明, 等. SSR-BSA 技术对乌鳢性别差异标记的初步筛选 [J]. 水产学报, 2011, 35(2): 170-175. [LIU Gai-yan, CHEN Kun-ci, ZHENG Guang-ming, *et al.* Screening and Identification of Female-specific DNA Fragments in *Channa argus* Using SSR-BSA [J]. Journal of Fisheries of China, 2011, 35(2): 170-175.]
- [61] 丹成, 王达, 桂建芳. 黄颡鱼性别连锁标记 Pf62-Y 的染色体定位 [J]. 水生生物学报, 2014, 38(1): 184-186. [DAN Cheng, WANG Da, GUI Jian-fang. Chromosomal Localization of Sex-linked Marker Pf62-Y in Yellow Catfish [J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2014, 38(1): 184-186.]
- [62] 林晓煜, 肖世俊, 李完波, 等. 大黄鱼性别特异 SNP 标记的开发与验证 [J]. 水产学报, 2018, 42(9): 1329-1337. [LIN Xiao-yu, XIAO Shi-jun, LI Wan-bo, *et al.* Development and Validation of Sex-specific SNP Markers in *Larimichthys crocea* [J]. Journal of Fisheries of China, 2018, 42(9): 1329-1337.]
- [63] 孙效文, 鲁翠云, 贾智英, 等. 水产动物分子育种研究进展 [J]. 中国水产科学, 2009, 16(6): 981-990. [SUN Xiao-wen, LU Cui-yun, JIA Zhi-ying, *et al.* The Progress of Molecular Marker-based Breeding for Aquatic Species [J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2009, 16(6): 981-990.]
- [64] 鲁翠云, 匡友谊, 郑先虎, 等. 水产动物分子标记辅助育种研究进展 [J]. 水产学报, 2019, 43(1): 36-53. [LU Cui-yun, KUANG You-yi, ZHENG Xian-hu, *et al.* Advances of Molecular Marker-assisted Breeding for Aquatic Species [J]. Journal of Fisheries of China, 2019, 43(1): 36-53.]
- [65] DOU J Z, LI X, FU Q, *et al.* Evaluation of the 2b-RAD Method for Genomic Selection in Scallop Breeding [J]. Scientific Reports, 2016, 6: 19244.
- [66] 曹亮, 张鹏, 臧春鑫, 等. 通过红色名录评估研究中国内陆鱼类受威胁现状及其成因 [J]. 生物多样性, 2016, 24(5): 598-610. [CAO Liang, ZHANG E, ZANG Chun-xin, *et al.* Evaluating the Status of China's Continental Fish and Analyzing Their Causes of Endangerment through the Red List Assessment [J]. Biodiversity Science, 2016, 24(5): 598-610.]

作者简介: 刘永新 (1979—), 男, 黑龙江齐齐哈尔人, 研究员, 博士, 主要研究方向为水产遗传育种。E-mail: liuyx@cafs.ac.cn

(责任编辑: 李祥敏)