

以唐学家 JOURNAL OF FISHERIES OF CHINA

DOI: 10.11964/jfc.20200712318



## 不同倍性鱼的 gnih 和 gnihr3 差异表达分析

黄 露<sup>1,2</sup>, 范思宇<sup>1,2</sup>, 李胜男<sup>1,2</sup>, 周 赵如榕<sup>1,2</sup>, 陶 敏<sup>1,2\*</sup>, 刘少军<sup>1,2\*</sup> 天<sup>1,2</sup>, 袁柳娇<sup>1,2</sup>、 畨

(1. 湖南师范大学省部共建淡水鱼类发育生物学国家重点实验室,湖南长沙 410081: 2. 湖南师范大学生命科学学院,多倍体鱼繁殖及育种技术教育部工程研究中心,湖南长沙 410081)

摘要:为研究促性腺激素抑制激素 (gonadotropin inhibitory hormone, GnIH)及其受体 GnIHR 在不同倍性鲫鲤生殖发育过程中的作用,实验通过 PCR 和 RACE 技术获得了二 倍体红鲫和异源三倍体鲫的 gnih、gnihr3 基因 cDNA 全长。结果显示,2种鱼 gnih 基因 编码的蛋白序列均含有 GnIH 肽典型的 LPXRF 标志, gnihr3 基因编码的蛋白为含有7个 跨膜区的G蛋白偶联受体。采用实时荧光定量PCR分析了2种鱼的gnih、gnihr3基因 mRNA 在不同组织中的表达情况,结果显示 gnih 基因主要在下丘脑中高表达; gnihr3 基 因在下丘脑-垂体-性腺(HPG)轴中都有不同程度的表达;此外,无论是非繁殖期或繁殖 期, gnih 基因在红鲫下丘脑中的表达量均高于异源三倍体鲫;同时, gnihr3 基因在红鲫 下丘脑和垂体中的表达量均高于异源三倍体鲫,但在卵巢中的表达则后者较高。利用组 织原位杂交分析了 gnih 和 gnihr3 基因在 2 种鱼下丘脑和垂体的组织定位情况,结果发现, gnih 基因在2种鱼脑中 Npp、Npo、NLT 区均有明显杂交信号; gnihr3 基因主要定位在 这2种鱼垂体的PPD、RPD区,NH和PI区杂交信号较弱;同时,gnih和gnihr3基因在 异源三倍体鲫中的杂交信号比红鲫弱。研究表明,在下丘脑大量表达的 GnIH,结合广 泛分布于 HPG 轴的受体 GnIHR,并通过多条途径参与调控性腺发育。gnih、gnihr3 mRNA 在 2 鱼组织中的表达存在差异性,从分子水平提供了异源三倍体鱼不育的证据, 在鱼类繁殖生物学和遗传育种方面具有重要意义。

关键词: 异源三倍体鲫; gnih; gnihr3; mRNA 表达; 不育 中图分类号: S 917.4

促性腺激素抑制激素 (GnIH) 是一种对脊椎 动物生殖起抑制作用的下丘脑神经肽。自上个 世纪70年代,科学家发现促性腺激素释放激素 (gonadotropin-releasing hormone, GnRH)以来, 普 遍认为 GnRH 是脊椎动物中唯一对垂体释放的促 性腺激素 (gonadotropin hormone, GTH) 起调节作 用的下丘脑调节剂<sup>[1-2]</sup>, GnRH 对生殖发育具有正 文献标志码:A

向调控功能已被证实多年。直至 2000 年, Tsutsui<sup>[3]</sup> 首次发现了 GnIH 存在于日本鹌鹑下丘脑-垂 体系统中,通过下调鹌鹑垂体细胞释放的 GTH 间接抑制生殖活动。随后也在其他鸟类、哺乳 类等多种脊椎动物中被证实对生殖发育起负调 控作用, GnIH 与其受体 GnIHR 结合, 通过作用 于下丘脑 GnRH 间接地抑制 GTH, 包括促黄体

收稿日期: 2020-07-02 修回日期: 2020-08-20

资助项目:国家自然科学基金(31872551, 31730098, 31702328);湖南省杰出青年科学基金(2020JJ2022);现代农业体系建设专 项资金 (CARS-45); 111 计划 (D20007)

通信作者: 陶敏, E-mail: minmindiu@126.com; 刘少军, E-mail: lsj@hunnu.edu.cn

生成素 (luteinizing hormone, LH) 和促卵泡生成素 (follicle-stimulating hormone, FSH)的合成与释放<sup>[4-6]</sup>, 此外, GnIH 也能直接作用于垂体 GTH 细胞, 抑 制激素的合成与分泌<sup>[7-8]</sup>。已证实 GnIH 前体核苷 酸序列能够编码 GnIH 肽及其两个相关肽 (GnIH-RP-1和GnIH-RP-2),这3种肽的C端氨基酸序 列都具有特性 LPXRF-a(Leu-Pro-X-Arg-PHE-NH<sub>2</sub>; X=L or Q) 基序,因此 GnIH 和它的两个相关肽也 被称为LPXRFa 肽或 RF 酰胺相关肽 (RFRPs)。在 鱼类中,首先在金鱼 (Carassius auratus)下丘脑 中发现 GnIH 肽,目前已经在鲤 (Cyprinus carpio)<sup>[9]</sup>、 斑马鱼 (Danio rerio)<sup>[10]</sup>、尼罗罗非鱼 (Oreochromis niloticus)<sup>[11]</sup>、斜带石斑鱼 (Epinephelus coioides)<sup>[12]</sup>、 比目鱼 (Paralichthys olivaceus)<sup>[8]</sup>、半滑舌鳎 (Cvnoglossus semilaevis)<sup>[13]</sup>等鱼类中鉴定出 gnih 基因或 其同源序列。然而, GnIH/GnIHR 系统的作用机 制及影响尚未深入阐明,其在硬骨鱼类中更是 缺乏相关研究。

红鲫 (Carassius auratus red var.)(2n=100, ♀) 与鲤 (2n=100, ♂) 交配形成 F<sub>1</sub>, F<sub>1</sub> 中的少量可育 后代自交形成 F2<sup>[14-15]</sup>, F2 中能够产生二倍体配子 的个体受精后获得两性可育的异源四倍体鲫鲤 (4n=200, F<sub>3</sub>~F<sub>29</sub>)。在获得异源四倍体鲫鲤的基础 上,用其产生的二倍体卵子进行无染色体加倍 过程的雌核发育研究,建立雌核发育二倍体鲫 鲤克隆体系 (G1~G10),并用其制备了两性可育的 改良四倍体鲫鲤<sup>[16]</sup>。以改良四倍体鲫鲤为父本, 改良二倍体红鲫为母本,利用染色体倍性操作 技术制备了具有生长速度快、肉质鲜嫩、抗逆 性强、不育等优点的异源三倍体鲫(湘云鲫2 号)[17]。异源三倍体鲫由于在减数分裂过程中发 生了染色体配对紊乱,从而导致不能正常产生 成熟的配子,为研究鱼类性腺发育调控提供了 很好的实验材料。本实验拟通过分子克隆获得 二倍体红鲫和异源三倍体鲫 gnih 和 gnihr3 基因 的 cDNA 全长序列;采用实时荧光定量 PCR 比 较分析了2种鱼的gnih、gnihr3基因在不同组织 中的表达情况,重点研究不同倍性鱼雌鱼生殖 轴中的表达差异;并且通过组织原位杂交对 gnih和 gnihr3 基因在雌性红鲫、异源三倍体鲫的 脑或垂体进行组织表达定位研究。该研究不仅 有助于进一步了解 gnih 和 gnihr3 在鱼类性腺发 育中的调控作用,还将在分子水平促进揭示异 源三倍体鲫的不育机制研究,在鱼类繁殖生物

学和遗传育种方面都具有重要的意义。

## 1 材料与方法

#### 1.1 实验材料

红鲫 (2n=100) 和异源三倍体鲫 (3n=150) 均 取自湖南师范大学省部共建淡水鱼类发育生物 学国家重点实验室。2019 年 12 月随机挑选生长 状态良好的红鲫和异源三倍体鲫雌雄个体各 3 尾, 分别取个体脑、心脏、肾脏、肝脏、肌肉、精 巢、卵巢、脾脏、垂体共 9 种组织。2020 年 3 月 随机选取生长环境相同的雌性红鲫和异源三倍 体鲫各 3 尾,分别取脑、卵巢、垂体。

## 1.2 RNA 提取及 cDNA 第一条链获得

利用 Trizol 裂解液 (Invitrogen, USA) 的说明 书分别提取"1.1"所取组织的总 RNA。RNA 完成 提取后用 1.2% 的琼脂糖凝胶电泳检测,检测其 完整性,并用酶标仪测定其浓度。符合标准的 RNA 保存于-80 °C 备用。

以 1 µg 总 RNA 为模板,用 PrimeScript<sup>™</sup> RT reagent Kit with gDNA Eraser(Takara, Japan) 合成 cDNA 的第一条链, 42 °C 作用 5 min 消除体系中 的 DNA 污染; 37 °C 作用 20 min, 85 °C 作用 5 s, 完成反转录反应,经  $\beta$ -actin 检测合格后保存于- 20 °C 备用。

## 1.3 cDNA 编码区中间片段的克隆及末端扩增

根据 NCBI 搜索到的金鱼 (AML83913.1),斑 马鱼 (ADB43132.1) gnih基因 cDNA 编码区保守序 列,金鱼 (AFY63169),斑马鱼 (ADB43135) gnihr3 基因编码区的保守序列,分别设计简并引物 (表 1), PCR 扩增反应程序均为 94 ℃ 预变性 5 min, 35 个循环 (94 ℃ 30 s, 60 ℃ 30 s, 72 ℃ 30 s),最 终 72 ℃ 延伸 10 min。

用1.2% 琼脂糖凝胶电泳检测到,在紫外切 胶仪上用手术刀切下目的片段,用生工生物公 司(上海)提供的 SanPrep 柱式 DNA 胶回收试剂 盒纯化后。根据说明书操作方法将回收的 DNA 片段连接到 PMD18-T 载体 (TaKaRa, Japan)。重 组质粒转化到 DH5a 感受态细胞中,经过菌液 PCR 检测为阳性克隆后,送上海生工生物公司测序。

3'未端的扩增 分别根据已克隆的 gnih 基因和 gnihr3 基因中间片段序列合成特异 3'-RACE 正向引物 3R1/3R2, 3R3/3R4(表 1)。首先以

## 表1 实验所使用的引物

Tab. 1 Primers used for this study

引物 primer name	引物序列(5'-3') primer sequence(5'-3')	引物用途 usage
gnih-F	GGTTACGGCTCTCAGATTGC	gnih中间片段PCR
gnih-R	TTTCTTCTGAGTCTGC2TACTGTTTC	gnih中间片段PCR
gnihr3-F	CTACCAGCACTCTCTGCCGACG	gnihr3中间片段PCR
gnihr3-R	ACATCCCGTCAGGTCACTTTCG	gnihr3中间片段PCR
3R1	CGCTTCTAAGTCTACTATCAACC	gnih 3'-RACE
3R2	TTCTTTAGACCCTTTCCGTG	gnih 3'-RACE
3R3	CTGATGGTGGTGGCTCTGCTCT	gnihr3 3'-RACE
3R4	TCCCTCTCTCACTGGCTGG	gnihr3 3'-RACE
5R1	GCGGTCCCTTGCGTTCATCTGTG	gnih 5'-RACE
5R2	ACGGCTGCTGGTTGGGGGCTACATTA	gnih 5'-RACE
5R3	ACAGCAATGGCAACCAATGTGAAAACGG	gnihr3 5'-RACE
5R4	GACCAGAGCGTTCCCCATCAGACACA	gnihr3 5'-RACE
3'-site adaptor	CTGATCTAGAGGTACCGGATCC	3'-RACE
SMART II <sup>TM</sup> A oligo	AAGCAGTGGTATCAACGCAGAGTACATGGG	5'-RACE
5'-CDS Primer A	(T)25VN (V=A/G/C; N=A/C/G/T)	5'-RACE
UPM(Mix)	CTAATACGACTCACTATAGGGCAAGCAGT	5'-RACE
	GGTATCAACGCAGAGT(long)	
NUP	CTAATACGACTCACTATAGGGC(short)	5'-RACE
	AAGCAGTGGT AACAACGCAGAGT	
gnih-QS1	CCACCATCCTGCGACTTCAC	Real-time PCR
gnih-QA1	GCTGAGGGAGGTTGATAGTAGAC	Real-time PCR
gnihr3-QS1	GTTTCGCTGCATCGTTTACC	Real-time PCR
gnihr3-QA1	ACCATGACGTGCCCTTTCTC	Real-time PCR
β-actin-S	TCCCTTGCTCCTTCCACCA	内参基因
β-actin-A	GGAAGGGCCAGACTCATCGTA	内参基因
HISH-F	GATTGCCTCTTCCTGATGACA	gnih探针制备
HISH-R	CAGTGAATTGTAATACGACTCACTATAGG	gnih探针制备
	TCAATGCACGGAAAGGGTCTA	
RISH-F	CATCGTTTACCCGTTCAAGCC	gnihr3探针制备
RISH-R	CAGTGAATTGTAATACGACTCACTATAGG	gnihr3探针制备
	AAGAGCAGAGCCACCACCATCA	

卵巢总 RNA 为模板,利用 3'-Full RACE Croe Set (TaKaRa, Japan) 中的oligodT-3sitesadaptorprimer 进行反转录反应,制备3'-RACE的模板,然后 进行巢式 PCR。用 3R1 或 3R3 和 3' sites adaptor 中国水产学会主办 sponsored by China Society of Fisheries

primer 进行第一次 PCR 扩增; 用 3R2 或 3R4 和 3' sites adaptor primer 进行第二次 PCR 扩增。

使用 SMART<sup>TM</sup> RACE cDNA 5'末端的扩增 Amplification Kit (Clontech, USA) 分离不同倍性

鱼 gnih 基因或者 gnihr3 的 5'末端。分别根据已 克隆的 gnih 基因和 gnihr3 基因中间片段序列合成特 异 5'-RACE 反向引物 5R1/5R2, 5R3/5R4 (表 1)。 首先以卵巢总 RNA 为模板,使用 SMART Ⅱ<sup>™</sup> A oligo 和5-RACECDSPrimerA(表1), PowerScript<sup>™</sup> Reverse Transcripase 进行反转录反应,制备 5'-RACE的模板,然后进行巢式 PCR。用 5R1 或 5R3 和 UPM 进行第一次 PCR 扩增; 用 5R2 或 5R4 和 NUP 进行第二次 PCR 扩增。

通过将 3'-RACE 和 5'-RACE 的产物进行回 收纯化、连接、转化、鉴定及测序,获得了这 两种鱼 gnih 基因和 gnihr3 基因的全长 cDNA 序列。

### 1.4 序列比对及同源性分析

在 NCBI (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/) 中 搜 索到9种代表性脊椎动物 GnIH 的氨基酸序列: 鲤(KU647279.1)、斑马鱼(ADB43132.1)、鲇(Clarias batrachus: QGP73797.1)、日本鳗鲡 (Anguilla japonica: BAV18007.)、鼠 (Rattus norvegicus: NP 076 442.1)、龟 (Trachemys scripta: BAS21336.1)、鹌鹑 (Coturnix japonica: BAB15932.1), 鸡 (Callus gallus: BAC87781.1)、人 (Homo sapiens: NP 071433.3)。

同时,在NCBI中搜索到7种代表性脊椎 动物 GnIHR3 或其同源物氨基酸序列:斑马鱼 (ADB43135)、尼罗罗非鱼(AIE89789)、鼠(NP) 071627.2)、鹌鹑(BAD86818.1)、鸡(BAE17050)、 人 (NP 071429.1)、河豚 (Takifugu rubripes: BAF 34887.1); 并从文献中查找到鲤 GnIHR3 氨基酸 序列<sup>[9]</sup>。

运用 BioEidt 软件分别对"1.3"中获得的 2 种 鱼 gnih 基因和 gnihr3 基因的全长 cDNA 序列进 行比对分析并找到其开放阅读框;用 DNAMAN 软件推导出相应的氨基酸序列,并用 Clustal Omega (https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/) 分别与上 述搜索的鲤及斑马鱼的 GnIH 氨基酸序列、GnIHR3 氨基酸序列进行相似性比对;运用 TMHMM Server v.2.0 (http://www.cds.dtu.dk/Tools/serveices/ TMHMM-2.0/) 在线预测 GnIHR3 氨基酸序列的跨 膜结构域;分别利用 Mega 7.0 软件基于 11 个不 同物种 GnIH 氨基酸序列、10 个不同物种 GnIHR3 氨基酸序列通过邻接法 (Neighbour-Joining, NJ) 构 建系统进化树,经过1000次 bootstrap重复检测 进化树的置信度。

## 1.5 gnih、gnihr3基因的表达分析

根据已测定的不同倍性鱼 gnih、gnihr3 基因 https://www.china-fishery.cn

编码区完全相同的序列分别设计实时荧光定量 PCR(Real-time PCR) 特异性引物 gnih-QS1/gnih-QA1、gnihr3-QS1/gnihr3-QA1(表 1), β-actin 基因 作为内参基因(表1)。采用 Real-time PCR 的方法 研究 gnih 和 gnihr3 基因 ( $\beta$ -actin 基因作内参) 在 不同倍性鱼各组织的表达水平,以及比较分析 gnih和 gnihr3 基因 (B-actin 基因作内参)在不同倍 性鱼生殖轴的表达差异。Real-time PCR 使用荧 光染料 SYBR Premix Ex Tag<sup>™</sup> II(ABI, USA),反 应及检测严格按照仪器操作程序在 Prism7500 Sequence Detection System(ABI, USA)上进行。反 应条件为 50 °C 2 min; 95 °C 10 min; 95 °C 15 s, 60 °C 45 s, 40 个循环。采用 2<sup>-△△C,</sup> 法分析相对定 量的结果,用 GraphPad Prism 软件绘制柱状图分 析,得到不同倍性鱼的相对表达图谱。利用 SPSS19.0软件的单因素方差分析组间显著性差 异,当P<0.05时认为有显著性差异。

## 1.6 gnih、gnihr3基因在不同倍性鲫鲤中的组 织定位

材料固定与切片 取出实验材料鱼脑和 垂体后,用4%多聚甲醛 (Paraformaldehyde, PFA) (生工,上海)于4℃固定24h。15%、20%、30% 蔗糖梯度脱水后用 OCT 冰冻切片包埋剂 Tissue Freezing Medium (Leica Biosystems, Germany) 包埋, 按照 Leica 公司的冰冻切片机操作步骤连续切取 16 µm 厚切片,载玻片采用多聚赖氨酸处理过的 无酶防脱玻片(生工,上海)。

RNA 探针制备 基于 PCR 法<sup>[18]</sup> 制备 gnih、 gnihr3的 RNA 探针。用不同倍性鱼脑 cDNA 作 为模板,分别以HISH-F/HISH-R、RISH-F/RISH-R为引物(表1)扩增出含有T7启动子的目的片 段。扩增产物经回收、连接、转化、鉴定,送 生工生物 (上海)公司测序,序列经 BioEidt 比对 确定正确后,继续扩大 PCR 扩增体系至 300 μL, 用浓度为 500~800 ng/µL 的 DNA 纯化产物作为体 外转录的模板。用 DIG-RNA-labeling(Roche, Germany)标记, T7 RNA 聚合酶 (Invitrogen, USA)进 行体外转录合成 RNA 探针。

组织原位杂交 切片经 4% PFA 二次固 定后,用2×SSC洗涤,用含有50%去离子甲酰 胺 (Sigma-Aldrich, USA) 的预杂交液于 60 ℃ 预杂 交 3 h, 然后加入 DIG 标记的探针 (2~5 μg/mL), 60℃过夜杂交。杂交结束后依次用 50% 去离子 甲酰胺和 2×SSC、2×SSC、0.2×SSC 洗涤,再用 含 anti-DIG 抗体 (Roche, Germany) 的封闭液过夜 封闭。切片采用 NBT/BCIP(Roche, Germany) 染色, 显微镜观察 (Olympus, Japan) 杂交信号。

## 2 结果

## 2.1 gnih、gnihr3基因 cDNA 全长序列的克隆 及分析

根据金鱼、斑马鱼 gnih 基因编码区保守核 苷酸序列合成简并引物,并以异源三倍体鲫和 红鲫下丘脑 cDNA 为模板进行扩增,均获得 497 bp 中间片段。通过 Blastn 比对可知,该 497 bp 片段 为硬骨鱼类 gnih 基因同源片段。对 2 种鱼 gnih 基因进行 3'-RACE 均获得 298bp 的片段,5'-RACE 均获得 287 bp 的片段。通过序列拼接获得 2 种鱼 的 gnih 基因全长 cDNA 序列均为 765 bp,开放阅 读框为 594 bp,编码 197 个氨基酸。在红鲫、异 源三倍体鲫 GnIH 氨基酸序列比对结果,发现红鲫、 异源三倍体鲫、鲤、斑马鱼 4 种鲤科鱼类 GnIH 肽均含有 LPLRF、LPQRF、LPQRF 3 个基序(图1), 构成 GnIH 成熟肽的 C 末端。

通过设计简并引物、扩增和测序拼接,获 得的红鲫 gnihr3 基因的 cDNA 全长为1678 bp, 3'非编码区 (untranslated region, UTR)为186 bp; 获得的异源三倍体鲫 gnihr3 基因的全长为1670 bp,3'UTR 为180 bp;两种鱼5'UTR 为130 bp, 开放阅读框均为1362 bp,编码453个氨基酸。 运用在线软件预测发现 GnIHR3 氨基酸序列中存 在TM1、TM2、TM3、TM4、TM5、TM6、TM7 共7个跨膜区,可见 GnIHR3 为一种G蛋白偶联 受体。

## 2.2 GnIH、GnIHR3 同源性分析和分子进化 树构建

利用 Clustal Omega 软件进行的 GnIH 氨基酸 序列多重比对结果显示:在所比较的 4 种不同鲤 科鱼类中,红鲫和异源三倍体鲫的序列相似度 高达 98.98%,其中任意两者之间的序列相似度 达到 79.40% 以上 (图 1)。基于 11 种不同物种的 GnIH 氨基酸序列,利用 Mega 7.0 构建 NJ 系统进 化树 (图 2)。结果表明,红鲫、异源三倍体鲫、

C.auratus red var.	MSSFTLLSLAFGILSSLMLREVTALRLPLPDDSDPDRFTWGQFPEDTQEIPRSLELEDFT 60
C.auratus × C.carpio × C.auratus	MSSFTLLSLAFGILSSLMLREVTALRLPLPDDSDPDRFTWGQFPEDTQEIPRSLELEDFT 60
C.carpio	MSYFTLLSLAFGILSSFMLREVTALRLPLPDDRDPNRFTWGQFPENTQEIPRSLEIEDFS 60
D.rerio	MSYFALLSLALGILSSFMLSEVTALRLPLSGERDLNGFTWGQFSENAQEIPRSLEIQDFT 60
	** *:*****:*****
	LPLRF LPQRF
C.auratus red var.	LNVAPTSSRVSSPTILRLHPIIKKPTHLHANLPLRFGRDAQMNARDRASKSTINLPQRFG 120
C.auratus × C.carpio × C.auratus	LNVAPTSSRVSSPTILRLHPIIKKPTHLHANLPLRFGRDAQMNARDRASKSTINLPQRFG 120
C.carpio	LNVAPTSSRVSSPTILRLHPIIKKPTHLHANLPLRFGRDAQTSARDRASKSTINLPQRFG 120
D.rerio	LNVAPTSGGASSPTILRLHPIIPKPAHLHANLPLRFGRDAQPGTGDRAPKSTINLPQRFG 120
	******* ************
	LPQRF
C.auratus red var.	RSCTMCERSGTGPSATLPQRFGRDNIFSLDPFRALTLYTRTPESP-FPKERTQVHDYMFE 179
C.auratus × C.carpio × C.auratus	RSCTMCERSGTGPSATLPQRFGRDNIFSLDPFRALALYTRTPESP-FPKERTQVHDYMFE 179
C.carpio	RSCTMCERSGTGPSATLPQRFGRGNIFTSDPFRASTLYTRTPESP-FPKERTQVHDYMFE 179
D.rerio	RSCTMCARSGTGPSATLPORFGRRNIFALDPLRALALYTRTPESPSFPKERTQVHDYMFE 180
	****** *******
C.auratus red var.	TVADSEETVKRTDYTALD 197
C.auratus × C.carpio × C.auratus	TEADSEETVKRTDYTALD 197
C.carpio	TE-DSEETVKRTDYTALD 196
D.rerio	TVEDSEETVKNTDYTALD 198
	* ******

#### 图 1 不同鲤科鱼类的 GnIH 氨基酸的同源性分析

"\*"表示保守的氨基酸残基,":"表示保守替换的氨基酸残基,"."表示相似性氨基酸;黑框分别表示 GnIH 肽含有的 LPLRF、LPQRF、LPQRF、LPQRF 三个基序 C. auratus red var.(红 鲫: MT667267), C. auratus × C. carpio × C. auratus(异源三倍体 鲫: MT667268), C. carpio(鲤: KU647279.1), D. rerio(斑马鱼: ADB43132.1)

#### Fig. 1 Homology analysis of GnIH protein in different Cyprinids

\* is used to indicate highly conserved amino acid residue; : indicates conservative amino acid residue which was replaced,. represents similar amino acid; the black boxes indicate the three motifs of LPLRF, LPQRF and LPQRF contained in the GnIH peptide respectively. *C. auratus* red *var*. (MT667267), *C. auratus* × *C. carpio* × *C. auratus* (MT667268), *C. carpio* (KU647279.1), *D. rerio* (ADB43132.1).





## Fig. 2 Phylogenetic relationship of GnIH from different ploidy level fishes with that from other vertebrates by bootstrapping analysis using joining method

鲤、斑马鱼4种鲤科鱼类聚类为一支,与其他硬 骨鱼类、爬行类、鸟类、哺乳类的分化较远。 整个鱼类聚集为一个大支,其他非鱼类脊椎动 物聚集为一个大支。

GnIHR3 氨基酸序列多重比对结果显示(图 3), 在所比较的4种不同鲤科鱼类中,红鲫和异源三 倍体鲫序列相似度为99.34%,任意两种鱼类比 较相似度达到73.5%以上,在鲤科鱼类中的保守 性比GnIH略低。且在七个跨膜蛋白区最为保守。 基于10种不同物种GnIHR3 氨基酸序列,采用 Mega 7.0构建NJ系统进化树(图 4)。结果表明, 红鲫、异源三倍体鲫、鲤、斑马鱼4种鲤科鱼类 聚类为一支,与其他物种的分化较远。

## **2.3** gnih、gnihr3基因在不同倍性鱼的表达差 异分析

采用实时荧光定量 PCR 对 6 月龄红鲫 (♀, ♂) 和异源三倍体鲫 (♀, ♂) 中下丘脑、心脏、肾脏、肝脏、肌肉、卵巢、精巢、脾脏、垂体等 9 种组织的 gnih 基因进行不同组织的表达差异分析,结果显示 gnih 基因主要在不同倍性鱼下丘脑中表达 (图 5),在红鲫雌雄个体下丘脑的表达水平无显著性差异 (P>0.05),而在异源三倍体鲫 雌鱼下丘脑中的表达水平显著高于雄鱼 (P<0.05); gnihr3基因在雌雄红鲫的 HPG 轴都明显表达,特 别是在精巢中表达非常高,而在雌雄异源三倍 体鲫的下丘脑和性腺中明显表达,在其垂体中 有微弱表达 (图 6)。

采用实时荧光定量 PCR 对 gnih、gnihr3 基因在非繁殖期和繁殖期不同倍性鱼 HPG 轴中的表达进行分析,结果显示(图 7),非繁殖期,gnih 基因在红鲫下丘脑中的表达水平显著高于异源

三倍体鲫 (P<0.05), 但 2 种鱼的卵巢和垂体中的 表达水平较低,且无显著差异 (P>0.05)。繁殖期, gnih 基因在 2 种鱼下丘脑中的表达差异远比非繁 殖期显著,在卵巢和垂体中的表达较非繁殖期 无明显变化;非繁殖期,gnihr3 基因在红鲫下丘脑和垂体中的表达水平显著高于异源三倍体鲫 (P<0.05),相反,gnihr3 基因在红鲫卵巢中的表 达水平显著低于异源三倍体鲫 (P<0.05)。与非繁 殖期相比,繁殖期时 gnihr3 基因在 2 种鱼下丘脑 的表达差异显著性升高,但在垂体中的表达差 异显著性降低。

上述实验的溶解曲线 (dissociation curve)显示,荧光实时定量 PCR 扩增时产物单一,符合实验标准和要求。

## 2.4 gnih、gnihr3基因在不同倍性鱼中的组织 定位分析

通过显微镜观察 gnih 基因在红鲫和异源三 倍体鲫脑中的定位情况 (图 8),在由神经内分泌 细胞形成并起调控生殖作用的重要区域,前围 脑室核 (Npp)、视前核 (Npo)、侧结节核 (NLT) 中 均观察到阳性信号,且二倍体红鲫脑中 gnih 杂 交信号比异源三倍体鲫强。

通过显微镜观察 gnihr3 在红鲫和异源三倍 体鲫垂体中的定位情况 (图 9),结果显示:红鲫 垂体组织的吻端远侧部 (RPD)、近端远侧部 (PPD) 区域杂交信号最强,其次垂体中间部 (PI) 和神经 垂体 (NH) 区域有比较弱的信号;在异源三倍体 鲫垂体中,gnihr3 探针在 RPD 和 PPD 区域也有 少量杂交信号。但异源三倍体鲫垂体中 gnihr3 探 针的杂交信号比二倍体红鲫弱得多,这与上文 Real-time PCR 结果一致。

C.auratus red var.	MEATEGSWDASSVYIISDLVSCINQTNSSNSSTAGGDVLFPYYQHSLPTAALFTLAYL	58
C.auratus × C.carpio × C.auratus	MEATEGSWDASSVYIISDLVSCINQTNSSNSSTAGGDVLFPYYQHSLPTAALFTLAYL	58
C.carpio	MEGSGGLWDAASIYIISDLVSCINQTNSTNSSTVGGIVLFPYYQHSLPTAALFTLAYL	58
D.rerio	MEGSETVGLWADISICVFSN-IHCTNQTNVTNSSTMAGIILSPYYQHSLPTAALFSLAYL	59
	. : * * * *: ::*: : * **** :**** .* :* ********	
	TM1	
C.auratus red var.	FIFLLCLMGNALVCVIVLRNRHMRTVTNIFILNLAVSDLLVGIFCIPTTLVDNLITGWPF	118
<i>C.auratus</i> × <i>C.carpio</i> × <i>C.auratus</i>	FIFLLCLMGNALVCVIVLRNRHMRTVTNIFILNLAVSDLLVGIFCIPTTLVDNLITGWPF	118
C.carpio	FIFLLCLMGNGLVCVIVLRNRHMRTVTNIFILNLAVSDLLVGIFCIPTTLVDNLITGWPF	118
D.rerio	FIFLLCIMGNALVCVIVLENRHMETVTNIFILNLAVSDLLVGIFCIPTTLVDNLITGWPF	119
	******	,
<i>C</i> auratus red var	SNTICKLSGLVQGTSVCASVFTLVATAVDRFRCIVVPFKPKLTLFVAKVSIGMIWVLALT	178
$C_{auratus} \times C_{carpio} \times C_{auratus}$	SNTICKLSGLVQGTSVCASVETI VATAVDRERCIVVPEKPKLTI EVAKVSIGMIWU ALT	178
C carpio	SNTVCKI SCI VOCTSVCASVETI VATAVDRERCIVHPEKPKI TI EVAKVSICTIWVI ALT	178
D rerio	SNTVCKI SCI VOCMSVSASVETI VATAVDRERCTVVDEKDKI TI ETAKVSTCTTW LALT	170
Dicho		1/9
	Th (2	
C auratus red var	IM4 IMEDEVINI TVOORKCHVMVHODNETVDI VEOVETWDDDEMDKVVTTVI EI HVVVIDI	226
$C_{auratus} \times C_{auratus}$	IMPPSYLMEIVQQEKGHVMVHGD-NSTIPLISCIEIWPDPEMAKVIIIVLPLHVIVIPL	230
C.aurulus ^ C.curpio ^ C.aurulus	IMPPSVLMLIVQQEKGHVMVHGD-NSIIPLISCIEIWPDPEMKKVIIIVLFLHVIVIPL	230
D varia	IMPPSVLMLIVEQEKGHVMVHGDNSIYPLYSCYEIWPDPPMRKVYIIVLFLHIYVIPL	230
D.rerio	IMFPSVLMLIVEQERAHFMIYNDDYNNIYPLYSCYEIWPDPEMRKIYIIVLFIHIYVIPL	239
	***************************************	
~ .	TM5	
C.auratus red var.	VLIMLMYGRIGAKLYATAVLTRAEQPDVPASHRNIRVIKMLMVVALLFMLSWLPLWTLML	296
$C.auratus \times C.carpio \times C.auratus$	ALIMLMYGRIGAKLYATAVLTRAEQPDVPASHRKIRVIKMLMVVAVLFMLSWLPLWTLML	296
C.carpio	ALIVLMYGRIGAKLYATAVLAEQPDVPVSQRKIRVIKMLIVVALLFMLSWLPLWTLML	294
D.rerio	ALIMLMYGRIGAKLYSAAVSEHANAQGKRKIRVVKMLIMVALLFMLSWLPLWTLMM	295
	<u>**:**********************************</u>	
	TM6	
C.auratus red var.	LTDYARPDEDSLELLTSYVFPLSHWLAFSNSSVNPIIYGYFNENFKRGFQAACQHQVCCW	365
$C.auratus \times C.carpio \times C.auratus$	LTDYARPDEDSLELLTSYVFPLSHWLAFSNSSVNPIIYGYFNENFKRGFQAACQHQVCCW	365
C.carpio	LTDYARPDEDNLELLTSYIFPLSHWLAFSNSSVNPIIYGYFNENFKRGFQAACQHQACCW	354
D.rerio	LTDYGHPDNDSLEILTSYIFPLSHWLAFSNSSVNPIIYGYFNENFKRGFQAVFQRQACFR 3	355
	****. :** :*. ** :**** :***** :*********	
	TM7	
C.auratus red var.	SREKTRFSVKRPRAGSPLNTAASGHPLSLGSRTNRIFTESDLTGCVRLELEHRRSSMDTK	416
$C.auratus \times C.carpio \times C.auratus$	SREKTRFSVKRPRAGSPLNTAASGHPLSLGSRTNRIFTESDLTGCVRLELEHRRSSMDTK	416
C.carpio	GRKKTRFSIKRPRAGSPLNTAGSGHPLSLGSRTNRIFTESDLTGCVRLEMDTK	407
D.rerio	RRRKMRFRVKRPRQGCSPLNTGVLGSKTNRIFTESDLTGCVRLELEHRRASTI	408
	* * ** :***** * ****	
C.auratus red var.	GSSAEGGNSSTSTKREVHFE-IEKVSSAGGKIYSAWEL 453	
C.auratus × C.carpio × C.auratus	GSSAEGGNSSTSTKREVHFE-IEKVSSAGGKIYSAWEL 453	
C.carpio	GSSAEGGNSSMSTKREIHFEEIEKVSSAGGKIYNAWER 455	
D.rerio	ENKAEGGNSGSSGRREIHFEEIEKVSSVGGKIYNAWEH 456	
	*******. * :**:*** ******. ******	
	<ul> <li>Consistent interview - Annual Schements - Construction Schements - Construction - Const Construction - Construction - Constructi</li></ul>	

#### 图 3 不同鲤科鱼类的 GnIHR3 氨基酸的同源性分析

"\*"表示保守的氨基酸残基,":"表示保守替换的氨基酸残基,"."表示相似性氨基酸;下划线分别表示 GnIHR3 肽中含有的 TM1、TM2、 TM3、TM4、TM5、TM6、TM7 七个跨膜区 C. auratus red var. (红鲫: MT667269), C.auratus × C.carpio × C.auratus (异源三倍体鲫: MT667270), C. carpio(鲤)<sup>[9]</sup>, Danio rerio(斑马鱼: ADB43135)

#### Fig. 3 Homology analysis of GnIHR3 protein in different Cyprinids

\* is used to indicate highly conserved amino acid residue; : indicates conservative amino acid residue, which was replaced,. represents similar amino acid; the underline indicates the seven transmembrane regions of TM1, TM2, TM3, TM4, TM5, TM6 and TM7 in GnIHR3 peptide. *C. auratus* red *var*. (MT667269), *C.auratus* × *C.carpio* × *C.auratus* (MT667270), *C. carpio* <sup>[9]</sup>, *D. rerio* (ADB43135)

## 3 讨论

异源三倍体鲫在不育性方面,其个体、细胞和组织及分子特征是相似的。在个体水平上, 中国水产学会主办 sponsored by China Society of Fisheries 异源三倍体鲫其不育性表现为不能形成和产出 正常的配子,从而导致不能形成后代。在细胞 和组织水平上,异源三倍体鲫染色体生殖细胞 中的同源染色体配对紊乱,导致不能形成有生



#### 基于不同物种 GnIHR3 氨基酸序列构建的 NJ 系统进化树 图 4

Fig. 4 Phylogenetic relationship of GnIHR3 from different ploidy level fishes with that from other vertebrates by bootstrapping analysis using joining method.



图 5 gnih 基因在红鲫和异源三倍体鲫 (Q、d) 各组织中的 Real-time PCR 结果

1. 下丘脑; 2. 心脏; 3. 肾脏; 4. 肝脏; 5. 肌肉; 6. 性腺; 7. 脾脏; 8. 垂体. (a) gnih 基因在红鲫(♀、♂)各组织中的表达图谱; (b)gnih 基因在异源三倍体鲫(♀、♂)各组织中的表达图谱;含不同字母代表组间有显著性差异(P<0.05)

Fig. 5 Real-time PCR results of *gnih* gene in the tissues of red crucian carp and allotriploid crucian carp  $(\mathcal{Q}, \mathcal{Z})$ 

1. hypothalamus; 2. heart; 3. kidney; 4. liver; 5. muscle; 6. gonad; 7. spleen; 8. pituitary. (a) expression map of gnih gene in tissues of red crucian carp  $(\mathcal{Q}, \mathcal{Z})$ ; (b) expression map of *gnih* gene in tissues of allotriploid crucian carp  $(\mathcal{Q}, \mathcal{Z})$ ; significant discrepancy between groups with different letters (P<0.05)

殖功能的配子<sup>[19]</sup>;在其性腺方面的不育性表现为, 其卵巢型、精巢型和脂肪型都是呈现败育的特 征<sup>[20]</sup>:在垂体方面的不育性表现为,在繁殖季节, 其垂体内的激素颗粒物质没有排出,呈现内分 泌失调的特征[21]。在分子水平上,异源三倍体鲫 的不育性表现为与生殖相关的多个基因如 Dmc1、 Gnrh2、Gth、Gthr、vasa 等基因的表达都出现了 异常[22-24]。因此不育三倍体鱼的不育性机制与其 遗传(染色体)、内分泌(HPG轴)、生殖(性腺发 育)等一系列方面的异常性有密切联系。

以下丘脑-垂体-性腺轴 (HPG) 为核心的神经-内分泌网络系统调控鱼类的性腺发育和配子成 熟<sup>[25]</sup>。已有研究表明, GnIH 在鸟类和哺乳类等 多种脊椎动物中对 GTH 起抑制作用<sup>[26-28]</sup>。在鱼类 中,研究证明 GnIH/GnIHR3 系统在鲤 HPG 轴中

起负调控作用,并存在3种GnIHR多肽,其中 GnIHR3 广泛分布于 HPG 轴<sup>[9]</sup>。研究表明,对生 殖发育起促进作用的 gnrh2、Gth、Gthr 等基因已 被证实在异源三倍体鱼中表达异常<sup>[23]</sup>。gnih 作为 一种抑制生殖发育的 HPG 轴相关基因,对其及 受体基因进行组织表达分析在研究鱼类育性方 面具有重要作用。

44 卷

为了进一步探讨 GnIH/GnIHR3 对不同倍性 鲫鲤生殖发育的影响,本研究首次获得了二倍 体红鲫、异源三倍体鲫的 gnih、gnihr3 基因 cDNA 全长序列。同源性分析结果表明,2种鱼 gnih、 gnihr3基因编码的氨基酸序列相似度分别高达 98.98%、99.34%, 异源三倍体鲫和其原始母本二 倍体红鲫 gnih、gnihr3 基因序列存在差异可能是 染色体配对时的交换重组导致的。基于不同物



**图 6 gnihr3 基因在红鲫和异源三倍体鲫**(♀、♂) 各组织中的 Real-time PCR 结果 1.下丘脑; 2.心脏; 3.肾脏; 4.肝脏; 5.肌肉; 6.性腺; 7.脾脏; 8.垂体.(a) gnihr3 基因在红鲫(♀、♂) 各组织中的表达图谱; (b) gnihr3 基因在异源三倍体鲫(♀、♂) 各组织中的表达图谱; 含不同字母代表组间有显著性差异(P<0.05)

**Fig. 6** Real-time PCR results of *gnihr3* gene in the tissues of red crucian carp and allotriploid crucian carp  $(\heartsuit, \heartsuit)$ 1. hypothalamus; 2. heart; 3. kidney; 4. liver; 5. muscle; 6. gonad; 7. spleen; 8. pituitary. (a) expression map of *gnihr3* gene in tissues of red crucian carp  $(\heartsuit, \heartsuit)$ ; (b) expression map of *gnihr3* gene in tissues of allotriploid crucian carp  $(\heartsuit, \heartsuit)$ ; significant discrepancy between groups with different letters (P < 0.05)

种 GnIH、GnIHR3 氨基酸序列分别构建的 NJ系统进化树表明,2种蛋白在鲤科鱼类中均具有较高保守性。

本研究结果显示, gnih 基因在异源三倍体 鲫各组织中的表达模式和红鲫基本一致, gnih 基 因主要在不同倍性鱼的下丘脑中高表达。已有



## 图 7 gnih 和 gnihr3 基因在不同倍性鲫鲤生殖轴中的 Real-time PCR 结果

1. 下丘脑; 2. 垂体; 3.卵巢. (a) gnih 基因在不同倍性鲫鲤非繁殖期生殖轴中的表达图谱; (b) gnih 基因在不同倍性鲫鲤繁殖期生殖轴中的表达图谱; (c) gnihr3 基因在不同倍性鲫鲤非繁殖期生殖轴中的表达图谱; (d) gnihr3 基因在不同倍性鲫鲤繁殖期生殖轴中的表达图 谱。"\*"表示组间有显著性差异

#### Fig. 7 Real-time PCR results of gnih and gnihr3 gene in reproductive axis of different ploidy fish

1.hypothalamus; 2. pituitary; 3. ovary. (a) expression map of *gnih* gene in reproductive axis of different-ploidy fish during non-breeding season period;
(b) in reproductive axis of different-ploidy fish during breeding season period;
(c) expression map of *gnihr3* gene in reproductive axis of different-ploidy fish during breeding season period;
(d) expression map of *gnihr3* gene in reproductive axis of different-ploidy fish during breeding season period.\*



#### 图 8 gnih 基因在红鲫和异源三倍体鲫脑中的定位及示意图 (组织原位杂交)

1. gnih 基因在红鲫脑的定位示意图; 2, 4. gnih 基因在红鲫脑中的定位,紫红色为杂交、信号点 (2, 4 比例尺分别为 40 μm、50 μm); 3, 5. 阴性对照 (3, 5 比例尺分别为 40 μm、50 μm); 6. gnih 基因在异源三倍体鲫脑的定位示意图; 7, 9. gnih 基因在异源三倍体鲫脑中的定位,紫红色为杂交信号点 (7, 9 比例尺分别为 40 μm、50 μm); 8, 10. 阴性对照 (8, 10 比例尺分别为 40 μm、50 μm)。

Dm. 端脑背内侧部; Dd. 端脑背侧部; Dld. 端脑背外侧部; Dc. 端脑背内侧中部; Vp. 腹侧脑后部; Dlv. 端脑腹外侧部; Vl. 腹侧脑后外侧核; Npp. 前围脑室核; Npo. 视前核; OT. 视顶盖; NAPv. 室前核; NLT. 侧结节核

## Fig. 8 Localization and schematic mapping of *gnih* gene in the brain of red crucian carp and allotriploid crucian carp (tissue in situ hybridization)

1. chematic mapping of *gnih* gene in red crucian carp; 2, 4. localization of *gnih* gene in the brain of red crucian carp, color of purple red as the hybrid signal point (the scale of 2 and 4 are 40 µm and 50 µm respectively); 3, 5. negative control (the scale of 3 and 5 are 40 µm and 50 µm respectively); 6. chematic mapping of *gnih* gene in allotriploid crucian carp; 7, 9. localization of *gnih* gene in the brain of allotriploid crucian carp, color of purple red as the hybrid signal point (the scale of 7 and 9 are 40 µm and 50 µm respectively); 8, 10. negative control (the scale of 8 and 10 are 40 µm and 50 µm respectively).

Dm. medial part of the dorsal telencephalon; Dd. dorsal part of the dorsal telencephalon; Dld. dorsolateral part of the dorsal telencephalon; Dc. central part of the dorsal telencephalon; Vp. ventralis thelencephali pars postcoomissuralis; Dlv: ventrolateral part of the dorsal telencephalon; Vl. lateral nucleus of the ventral telencephalon; Npp. nucleus preopticus periventricularis; Npo: nucleus preopticus; OT. optic tectum; NAPv: nucleus anterior periventricularis; NLT. nucleus lateral tuberis



图 9 gnihr3 基因在红鲫和异源三倍体鲫垂体中的定位 (组织原位杂交)

1. gnihr3 基因在红鲫垂体中的定位,紫红色为杂交信号点; 2. 阴性对照 (比例尺 50 μm); 3. gnihr3 基因在异源三倍体鲫垂体中的定位,紫红色为杂交信号点; 4. 阴性对照 (比例尺为 50 μm)

RPD. 吻端远侧部; PPD. 近端远侧部; PI. 垂体中间部; NH. 神经垂体

#### Fig. 9 Localization of gnihr3 gene in pituitary of red carp and allotriploid crucian carp (tissue in situ hybridization)

1. localization of *gnihr3* gene in pituitary of red crucian carp, the color of purple-red is the signal point for hybridization; 2. negative control (the scale is 50 μm); 3. localization of *gnihr3* gene in pituitary of allotriploid crucian carp, the color of purple-red is the signal point for hybridization; 4. negative control (the scale is 50 μm).

RPD. rostral pars distalis; PPD. proximal pars distalis; PI. pars intermedia; NH. neurohypophysis

研究表明, gnrh2 在非繁殖期异源三倍体鲫下丘 脑中的表达水平比红鲫高<sup>[29]</sup>,这可能与这一时期 异源三倍体鲫 gnih 及其受体表达水平较低有关。 由于三倍体激素分泌紊乱,非繁殖期时 gnih mRNA 表达较低,而不能正常下调 GnRH 激素表 达水平。gnihr3基因在不同倍性鲫鲤 HPG 轴均 有不同程度的表达,其中在雌性二倍体红鲫的 垂体中具有显著表达,异源三倍体鲫 gnihr3 在卵 巢中具有较高的表达。繁殖期, gnih、gnihr3基 因在不同倍性鱼种生殖轴的表达差异性比非繁 殖期显著。研究表明, GnIH/GnIHR3可能作为类 固醇生成和配子发生的自分泌/旁分泌调节剂在 性腺水平起作用,并且可能于不同时间范围在 下丘脑-垂体-性腺轴 (HPG 轴) 的所有水平上起作 用。因此,我们推测在下丘脑大量表达的 GnIH, 结合广泛分布于 HPG 轴的受体 GnIHR,并通过 多条途径参与调控这2种鱼的性腺发育。

鱼类中,sGnRH神经元已在证实存在于端脑腹侧、Npp、Npo、NLT区<sup>[7,30]</sup>,Npo和NLT与 鱼类的生殖内分泌关系十分密切<sup>[31]</sup>。GnIH在生 殖调控中发挥着重要作用,组织原位杂交结果 显示 gnih 在脑中的分布位置说明其与 GnRH神 经元接触紧密,有着相同的定位区域,表明不同倍性鱼 GnIH 在脑中对 GnRH 的释放起直接作用; gnihr3 杂交信号主要集中在垂体的 PPD、RPD 区,GTH 细胞主要存在该区域,推测 GnIH 能够与结合于垂体 GTH 细胞上的 GnIHR3 直接接触起作用。同时,本研究结果显示 gnih、gnihr3 基因在不同倍性鱼雌性 HPG 轴的表达存在差异,在异源三倍体鲫中表达异常可能与其不育性有关,在分子水平为雌性异源三倍体鲫的不育提供了证据。

## 参考文献 (References):

- Tsutsui K. A new key neurohormone controlling reproduction, gonadotropin-inhibitory hormone (GnIH): biosynthesis, mode of action and functional significance[J]. Progress in Neurobiology, 2009, 88(1): 76-88.
- [2] Li X, Su J, Lei Z H, et al. Gonadotropin-inhibitory hormone (GnIH) and its receptor in the female pig: cDNA cloning, expression in tissues and expression pattern in the reproductive axis during the estrous cycle[J]. Peptides, 2012, 36(2): 176-185.
- [3] Tsutsui K, Saigoh E, Ukena K, et al. A novel avian https://www.china-fishery.cn

hypothalamic peptide inhibiting gonadotropin release[J]. Biochemical & Biophysical Research Communications, 2000, 275(2): 661-667.

- [4] Tsutsui K, Ubuka T, Bentley G E, *et al.* Gonadotropininhibitory hormone (GnIH): discovery, progress and prospect[J]. General & Comparative Endocrinology, 2012, 177(3): 305-314.
- [5] Qi X, Zhou W Y, Li S S, *et al.* Evidences for the regulation of GnRH and GTH expression by GnIH in the goldfish, *Carassius auratus*[J]. Molecular & Cellular Endocrinology, 2013, 366(1): 9-20.
- [6] Aliaga-Guerrero M, Paullada-Salmerón J A, Piquer V, et al. Gonadotropin-inhibitory hormone in the flatfish, Solea senegalensis: molecular cloning, brain localization and physiological effects[J]. Journal of Comparative Neurology, 2018, 526(2): 349-370.
- [7] Mable B K. Polyploids and hybrids in changing environments: winners or losers in the struggle for adaptation?[J]. Heredity, 2013, 110(2): 95-96.
- [8] Ubuka T, Inoue K, Fukuda Y, et al. Identification, expression, and physiological functions of siberian hamster gonadotropin-inhibitory hormone[J]. Endocrinology, 2012, 153(1): 373-385.
- [9] Peng W, Cao M X, Chen J, et al. GnIH plays a negative role in regulating GtH expression in the common carp, *Cyprinus carpio* L.[J]. General and Comparative Endocrinology, 2016, 235: 18-28.
- [10] Zhang Y, Li S S, Liu Y, *et al.* Structural diversity of the gnih/gnih receptor system in teleost: Its involvement in early development and the negative control of LH release[J]. Peptides, 2010, 31(6): 1034-1043.
- [11] Shahjahan M, Ikegami T, Osugi T, *et al.* Synchronised expressions of LPXRFamide peptide and its receptor genes: seasonal, diurnal and circadian changes during spawning period in grass puffer[J]. Journal of Neuroendocrinology, 2011, 23(1): 39-51.
- [12] Wang Q Q, Qi X, Guo Y, et al. Molecular identification of GnIH/GnIHR signal and its reproductive function in protogynous hermaphroditic orange-spotted grouper (*Epinephelus coioides*)[J]. General and Comparative Endocrinology, 2015, 216: 9-23.
- [13] 刘权. 半滑舌鳎 GnIH 和 kisspeptin 系统鉴定及其生理 功能研究 [D]. 上海: 上海海洋大学, 2017.

Liu Q. Identification of gonadotropin-inhibitory horhttps://www.china-fishery.cn mone and kisspeptin systems and their physiological roles in the half-smooth tongue sole (*Cynoglossus sem-ilaevis*)[D]. Shanghai: Shanghai Ocean University, 2017(in Chinese).

- [14] 刘筠,周工健. 红鲫(♀)×湘江野鲤(♂)杂交一代生殖腺的细胞学研究[J]. 水生生物学报, 1986, 10(2): 101-108.
  Liu Y, Zhou G J. Cytological study on the gonadal development of F<sub>1</sub> hybrid produced by crossing *Carassius auratus L.* (♀) with *Cyprinus carpio* (♂)[J].
  Acta Hydrobiologica Sinica, 1986, 10(2): 101-108(in Chinese).
- [15] 刘少军. 鱼类远缘杂交 [M]. 北京: 科学出版社, 2015.
   Liu S J. Fish Distant Hybridization[M]. Beijing: Science Press, 2015(in Chinese).
- [16] Liu S J, Duan W, Tao M, et al. Establishment of the diploid gynogenetic hybrid clonal line of red crucian carp×common carp[J]. Science in China Series C: Life Sciences, 2007, 50(2): 186-193.
- [17] Chen S, Wang J, Liu S J, *et al.* Biological characteristics of an improved triploid crucian carp[J]. Science in China Series C: Life Sciences, 2009, 52(8): 733-738.
- [18] Hua R F, Yu S S, Liu M G, et al. A PCR-based method for RNA probes and applications in neuroscience[J]. Frontiers in Neuroscience, 2018, 12: 266.
- [19] 张纯,何晓晓,刘少军,等.四倍体鲫鲤、三倍体湘云
   鲫染色体减数分裂观察[J].动物学报,2005,51(1):89-94.

Zhang C, He X X, Liu S J, *et al.* Chromosome pairing in meiosis I in allotetraploid hybrids and allotriploid crucian carp[J]. Acta Zoologica Sinica, 2005, 51(1): 89-94(in Chinese).

- [20] 刘少军,胡芳,周工建,等. 三倍体湘云鲫繁殖季节的 性腺结构观察[J]. 水生生物学报, 2000, 24(4): 301-306. Liu S J, Hu F, Zhou G J, *et al.* Gonadal structure of triploid crucian carp produced by crossing allotetraploid hybrids of *Carassium auratus* red var. (♀)×*Cyprinus carpio* (♂) with Japanese crucian carp (*Carassius auratus cavieri* T. ET S)[J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2000, 24(4): 301-306(in Chinese).
- [21] Long Y, Liu S J, Huang W R, et al. Comparative studies on histological and ultra-structure of the pituitary of different ploidy level fishes[J]. Science in China Series C: Life Sciences, 2006, 49(5): 446-453.
- [22] Tao M, Liu S J, Long Y, et al. The cloning of Dmc1 中国水产学会主办 sponsored by China Society of Fisheries

cDNAs and a comparative study of its expression in different ploidy cyprinid fishes[J]. Science in China Series C: Life Sciences, 2008, 51(1): 38-46.

- [23] Long Y, Tao M, Liu S J, *et al.* Differential expression of *Gnrh2*, *Gthβ*, and *Gthr* genes in sterile triploids and fertile tetraploids[J]. Cell and Tissue Research, 2009, 338(1): 151-159.
- [24] Yu F, Zhong H, Liu G, et al. Characterization of vasa in the gonads of different ploidy fish[J]. Gene, 2015, 574(2): 337-344.
- [25] Liu S J. Distant hybridization leads to different ploidy fishes[J]. Science China Life Sciences, 2010, 53(4): 416-425.
- [26] Tobari Y, Iijima N, Tsunekawa K, et al. Identification of gonadotropin-inhibitory hormone in the zebra finch (*Taeniopygia guttata*): Peptide isolation, cDNA cloning and brain distribution[J]. Peptides, 2010, 31(5): 816-826.
- [27] Paullada-Salmerón J A, Cowan M, Aliaga-Guerrero M, et al. LPXRFa peptide system in the European sea bass: A molecular and immunohistochemical approach[J]. Journal of Comparative Neurology, 2016, 524(1): 176-198.
- [28] Paullada-Salmerón J A, Cowan M, Aliaga-Guerrero M,

*et al.* Testicular steroidogenesis and locomotor activity are regulated by gonadotropin-inhibitory hormone in male European sea bass[J]. PLoS One, 2016, 11(10): e0165494.

[29] 龙昱.不同倍性鲫鲤脑垂体细胞结构和 HPG 轴相关 基因的表达及育性研究 [D].长沙:湖南师范大学, 2009.

Long Y. Studies on cellular structure of pituitaries and expression of related genes of HPG axis in different ploidy cyprinids and their relationship with fertility[D]. Changsha: Hunan Normal University, 2009(in Chinese).

- [30] Baby S M, Ueck M, Rao P D P. Gonadotropin-releasing hormone-immunoreactive neurons and associated nicotinamide adenine dinucleotide phosphate-diaphorase-positive neurons in the brain of a teleost, *Rhodeus amarus*[J]. General and Comparative Endocrinology, 2000, 120(1): 44-54.
- [31] Breuckmann A, Paris F, Schreibman M P, et al. Immunoreactive gonadotropin-releasing hormone (GnRH) in the brain and pituitary of adult and juvenile swordtails (*Xiphophorus helleri*, Teleostei, Poeciliidae)[J]. Journal of Morphology, 1996, 230(1): 55-67.

# Comparative analysis of expression of *gnih* and *gnihr3* genes in different ploidy fishes

YUAN Liujiao<sup>1,2</sup>, HUANG Lu<sup>1,2</sup>, FAN Siyu<sup>1,2</sup>, LI Shengnan<sup>1,2</sup>, ZHOU Tian<sup>1,2</sup>, ZHAO Rurong<sup>1,2</sup>, TAO Min<sup>1,2\*</sup>, LIU Shaojun<sup>1,2\*</sup>

(1. State Laboratory of Developmental Biology of Freshwater Fish, Hunan Normal University, Changsha 410081, China;

2. Engineering Research Center of Polyploid Fish Reproduction and Breeding of the State Education Ministry,

College of Life Sciences, Hunan Normal University, Changsha 410081, China)

Abstract: In order to study gonadotropin inhibitory hormone (GnIH) and its receptor encoded by gnih and gnihr genes in gonadal development of different ploidy cyprinid fish, molecular cloning and comparative expression patterns of gnih and gnihr3 genes in diploid red crucian carp and allotriploid crucian carp were carried out. By PCR and RACE technology, the full-length cDNA sequences of gnih and gnihr3 genes of diploid red crucian carp and allotriploid crucian carp were obtained. Our data showed the amino acid sequences of GnIH encoded by gnih gene of red crucian carp and allotriploid crucian carp both contained the typical LPXRF marker of GnIH peptide. GnIHR3 encoded by gnihr3 gene was a G-protein coupled receptor with seven transmembrane domains. Real-time PCR was used to analyze the expressions of gnih and gnihr3 genes in different tissues of different ploidy Cyprinids. The results showed that the expression level of *gnih* gene in the hypothalamus of red crucian carp was higher than that of allotriploid crucian carp; the gnihr3 gene was expressed differently on the hypothalamic-pituitary-gonad axis (HPG). Nevertheless, it was noteworthy that regardless of non-breeding or breeding season the expression of *gnih* in the hypothalamus from red crucian carp was higher than that of allotriploid crucian carp. Simultaneously, the expression level of gnihr3 gene in hypothalamus and pituitary of red crucian carp was higher than that of allotriploid crucian carp, but the expression of gnihr3 in the ovary of allotriploid crucian carp was higher than that of red crucian carp. Through in situ hybridization, the locations of gnih and gnihr3 genes in brain or pituitary of different ploidy fishes were analyzed. Strong hybridization signals of gnih could be detected in Npp, Npo, NLT in the brain of red crucian carp and allotriploid crucian carp. Strong hybridization signals of gnihr3 were located mainly in the PPD and RPD regions of the pituitary, and weak hybridization signals were distributed in NH and PI regions. Meanwhile, the signal of *gnihr3* hybridization of allotriploid crucian carp in the pituitary was much weaker than that of red crucian carp. The results showed that gnih gene is mainly expressed in the hypothalamus, combining with the receptors distributed in HPG widely and acting through multiple pathways, which participate in the regulation of gonad development of different ploidy cyprinids through multiple ways. There are differences in the expression of gnih and gnihr3 mRNA in different ploidy fish tissues. This study provides molecular evidence for sterility of allotriploid crucian carp, which is important for fish reproduction and genetics breeding.

Key words: allotriploid crucian carp; gnih; gnihr3; mRNA expression; sterility

Corresponding authors: TAO Min. E-mail: minmindiu@126.com;

LIU Shaojun. E-mail: lsj@hunnu.edu.cn

**Funding projects**: National Natural Science Foundation of China (31872551, 31730098, 31702328); Natural Science Foundation of Hunan Province for Distinguished Young Scholars (2020JJ2022); the Iarmarked Fund for China Agriculture Research System (CARS-45); 111 Project (D20007)