



· 综述 ·

大黄鱼种质资源保护与利用现状及建议

徐鹏^{1*}, 柯巧珍¹, 苏永全^{1,2}, 刘家富^{2,3}, 郑炜强²

(1. 厦门大学海洋与地球学院, 福建省海洋经济生物遗传育种重点实验室, 福建 厦门 361102;

2. 宁德市富发水产有限公司, 大黄鱼育种国家重点实验室, 福建 宁德 352103;

3. 福建省宁德市水产技术推广站, 福建 宁德 352100)

摘要: 优异种质资源的发掘利用对保障我国优质水产蛋白供给具有关键作用。大黄鱼是我国海水鱼类养殖产量最高的品种, 种质资源是大黄鱼养殖产业健康和可持续发展不可或缺的物质基础, 系统开展大黄鱼种质资源收集保存、鉴定评价和保护利用具有十分重要的战略意义。本文回顾了大黄鱼种质资源保护和开发利用的历史与现状, 从科研、育种技术体系、产业和人才等方面剖析了当前面临的主要问题, 围绕大黄鱼种业科技创新和新品种创制主线, 提出了针对复杂经济性状(如抗病、抗逆和饲料利用效率等)创制重大新品种的发展方向, 为实现大黄鱼良种覆盖率的显著提升, 以及大黄鱼产业健康发展提供良种保障。

关键词: 大黄鱼; 种质资源; 种业; 良种创新; 水产养殖

中图分类号: S 937.3

文献标志码: A

大黄鱼 (*Larimichthys crocea*) 是我国东南沿海地区最重要的渔业资源, 位列东海渔业“四大海产”之首, 是渔业捕捞的主要物种。20 世纪 70 年代大黄鱼渔业资源迅速衰竭, 在宁德市水产科技工作者的不懈努力和各级管理部门的支持下, 福建省宁德市于 80 年代末至 90 年代初成功实现了大黄鱼人工繁殖和规模化苗种繁育, 逐步构建了成熟的产业技术支撑体系, 全面实现了大黄鱼养殖产业化。大黄鱼养殖产业迅速崛起, 在福建省闽东沿海形成了我国最大的大黄鱼核心养殖区, 带动了我国海水鱼类人工养殖的浪潮, 成为我国“以养代捕”的典范。经历了三十多年的快速发展, 2019 年大黄鱼养殖产业已经形成年产量达 22.55 万 t 的养殖规模, 位列我国海水鱼类养殖产业之首, 占全国海水鱼养殖产量的 14.05%^[1]。大黄鱼

养殖产业的繁荣发展还带动了产业链上下游的养殖装备、饲料和加工等一系列产业的快速发展, 形成了一批国家级、省级农业产业化龙头企业, 为经济发展、人员就业和渔民脱贫致富做出了重要贡献。优异种质资源的发掘利用对保障我国优质水产蛋白供给具有关键作用。大黄鱼种质资源是大黄鱼养殖产业健康和可持续发展不可或缺的物质基础, 系统开展大黄鱼种质资源收集保存、鉴定评价和保护利用具有十分重要的战略意义。

1 大黄鱼种质资源保护和开发利用回顾

大黄鱼种质资源系统收集和鉴定是有序开展保护、保存、研究和利用的前提和基础。由于全球气候变化、海洋环境污染和栖息地破坏、人类

收稿日期: 2021-03-16 修回日期: 2021-04-22

资助项目: 大黄鱼育种国家重点实验室开放课题 (LYC2019RS03); 福建省科技计划-高校产学研合作项目 (2019N5001); 福建省科技重大专项 (2020NZ08003)

通信作者: 徐鹏(照片), 从事鱼类遗传学与遗传育种研究, E-mail: xupeng77@xmu.edu.cn



的过度捕捞等的影响, 大黄鱼野生种群多样性衰减, 野生种质资源日益枯竭, 而由于大黄鱼养殖产业发展时间尚短, 还没有依托养殖群体形成丰富多样的地方种、特异种等多样化的种质资源群体。因此, 依据大黄鱼地理系统学和种群遗传学的特点与规律, 结合养殖产业生产利用的特点和需求, 制订科学高效的种质资源收集保存和利用策略, 系统开展大黄鱼种质资源收集保存和可持续利用, 是一项十分紧迫的战略性任务。

1.1 大黄鱼分类地位、地理分布及其种群

大黄鱼属于鲈形目 (Perciformes) 石首鱼科 (Sciaenidae) 黄鱼属 (*Larimichthys*), 为中国、朝鲜、韩国和日本等北太平洋西部海域重要经济鱼类, 主要分布在我国从黄海南部, 经东海、台湾海峡到南海雷州半岛附近约 60 m 的等深线以内狭长的沿海海域。历史上主要的产卵场、越冬场和渔场自北向南有黄海的江苏吕泗洋产卵场, 东海的长江口—舟山外越冬场、舟山渔场、浙江岱衢洋产卵场、浙江猫头洋产卵场、瓯江—闽江口外越冬场、福建官井洋内湾性产卵场, 南海的广东珠江口以东南澳岛—汕尾外海渔场和广东西部碓洲岛一带海域产卵场等十多处。

由于不同的地理分布, 大黄鱼在形态、性成熟年龄和寿命上表现出一系列地理性的多样性, 形成不同的种群和群体, 迄今为止学术界对大黄鱼地理种群及其产卵群体的划分尚有分歧, 不过传统上多使用田明诚等^[2]于 1962 年做出的自北向南划分的岱衢族、闽-粤东族和碓洲族等 3 个地理种群的划分, 其中岱衢族包括江苏吕泗洋、浙江岱衢洋、猫头洋和洞头洋等地种群, 闽-粤东族包括福建的官井洋、闽江口、闽南和广东的南澳、汕尾等地种群, 碓洲族则主要为广东省碓洲岛附近种群, 这种大黄鱼地理种群的划分被渔业科技界沿用至今。不过随着形态学、生态学和分子系统学的快速发展, 近年来不断有学者提出有关大黄鱼地理种群划分的新观点, 如张其永等^[3]认为应该以福建省平潭牛山岛为界, 将大黄鱼种群划分为南黄海-东海地理种群和台湾海峡-粤东地理种群, 原碓洲族则重新命名为粤西地理种群; 李明云等^[4]则依据种群生态学提出南黄海-东海地理种群、台湾海峡-南海地理种群的两个地理种群的划分。本课题组近期利用全基因组测序技术完成了中国沿海 100 余尾野生大黄鱼样本的单核苷酸多态性标记 (SNP) 的基因型鉴定, 基于 900 多万

个 SNP 多态性位点开展的群体遗传学研究结果表明, 台湾海峡以南直到粤西地区的大黄鱼群体具有高度的遗传相似度, 而与宁德群体 (官井洋等)、浙江群体 (岱衢洋等) 的群体遗传结构差异较大, 支持了李明云等^[4]的观点, 但是发现东海地理种群内的岱衢群体和宁德群体之间同样具有较大的群体遗传结构差异。这些有关大黄鱼种群地理学研究结果为大黄鱼野生种质资源收集保护和开发利用提供了必要线索和研究基础。

1.2 大黄鱼渔业资源利用的历史和现状

大黄鱼是我国特有的地方性海水鱼类, 在我国海洋鱼类区系结构中具有举足轻重的地位, 长期以来位列我国海洋捕捞对象之首, 曾在我国乃至太平洋西部海洋渔业中占据重要地位。早在 1700 多年前, 我国劳动人民就将大黄鱼作为一种食用鱼类, 开始从事大黄鱼捕捞生产, 南宋范成大的诗句写道“楝子开花石首来”, 即是对当时大黄鱼在春季向近岸、河口作生殖洄游时形成壮观的大黄鱼春汛的描写。大黄鱼是我国东南沿海地区人民的传统美食, 形成了相关丰富多样的加工和烹饪方法, 渗透到闽浙地区沿海居民的民俗文化之中。

20 世纪 70 年代前我国大黄鱼平均年捕捞产量约为 12 万 t, 江苏的吕泗洋、浙江的岱衢洋、猫头洋和福建的官井洋等均是著名的大黄鱼渔场。20 世纪 50—60 年代, 我国东南沿海地区盛行“敲罟”渔法一度造成大黄鱼资源的枯竭; 而 70 年代到 80 年代初“机动大围网”的歼灭性围捕则彻底断绝了东南沿海地区的大黄鱼渔汛, 1973 年冬—1974 年春汛, 大沙外越冬场 (即“中央渔场”) 捕捞量高达 25 万 t, 1979 年冬—1980 年春汛闽江口外越冬场捕捞量高达 6 万 t^[5]。自此大黄鱼野生种群和渔业资源一蹶不振, 虽然在实现人工繁殖后各地不断加强对大黄鱼苗种的增殖放流工作, 但是迄今为止大黄鱼自然渔业资源仍然没有恢复。

1.3 大黄鱼人工繁殖与养殖产业发展历程

为恢复大黄鱼资源, 福建省在 1985 年设立了“官井洋大黄鱼繁殖保护区”, 同时组织宁德地区水产科技人员着手开展大黄鱼人工繁殖与增养殖方面的技术攻关。在各级政府的支持和科技人员的努力下, 大黄鱼人工繁殖和养殖技术陆续取得一系列突破。在“六五”期间, 突破了野生大黄鱼亲鱼保活、驯养与亲鱼培育技术, 初步实现了大黄鱼人工授精和室内人工育苗的成功; “七五”期间实现了大黄鱼全人工批量育苗, 为后续大黄

鱼养殖产业化奠定了基础；随后在 20 世纪 90 年代陆续实现了大黄鱼规模化的网箱养殖模式，推动了我国以大黄鱼等多种养殖鱼类为代表的第 4 次海水养殖浪潮，大黄鱼养殖产业也自闽东地区拓展到浙江、广东等地。进入 21 世纪以来，大黄鱼养殖产业快速发展，包括原良种繁育、鱼病防控、环境监测、质量安全和水产品加工等在内的产业技术支撑体系和标准化日益成熟完善，养殖大黄鱼产量逐年稳步攀升，从 2006 年的 6.98 万 t 增长到 2019 年的 22.55 万 t，从 2014 年起连续 6 年保持海水养殖鱼类产量的首位。2019 年居海水养殖鱼类产量第 2 位的是石斑鱼属 (*Epinephelus* spp., 18.31 万 t)，其养殖产量自 2007 年 (4.29 万 t，第 6 位) 起逐年增长；2019 年，中国花鲈 (*Lateolabrax maculatus*, 18.02 万 t)、菱鲆属 (*Scophthalmus* spp., 11.61 万 t) 和 鲷属 (*Pagrus* spp., 10.13 万 t) 的养殖产量也在 10 万 t 以上；近些年，美国红鱼 (*Sciaenops ocellatus*) 和军曹鱼 (*Rachycentron canadum*) 的产量较为稳定，分别约为 7 和 4 万 t (图 1)。迄今在大黄鱼原良种繁育工程体系建设方面，建立了福建官井洋大黄鱼国家级原种场、农业农村部大黄鱼遗传育种中心、大黄鱼育种国家重点实验室、全国渔业种业示范场、福建省省级大黄鱼良种场、浙江省省级大黄鱼良种场、福建省大黄鱼良种繁育企业工程技术研究中心等。

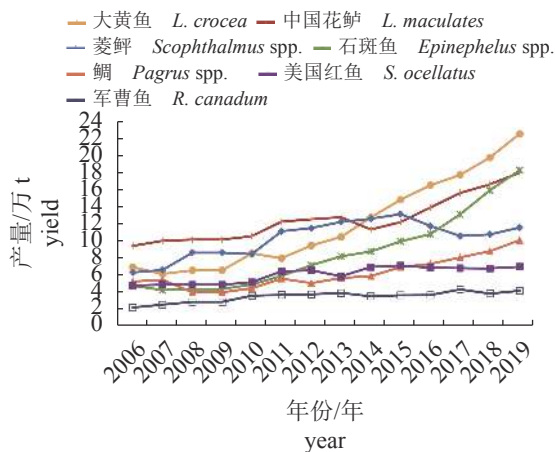


图 1 2006—2019 年我国主要海水养殖鱼类产量变化^[1]
Fig. 1 Changes in the yield of main mariculture fish in China from 2006 to 2019^[1]

1.4 大黄鱼种质资源保护和资源增殖

鉴于大黄鱼面临着种质资源枯竭的现状，各级政府对保护和恢复大黄鱼野生资源都十分关注。农业农村部、福建省、宁德市先后建立了不同保

护类别的官井洋大黄鱼产卵场及其种质资源保护区，颁布了有关保护规定，建立了国家级官井洋大黄鱼原种场，以种质资源保护为主要目标，开展常态化的野生大黄鱼保种、驯养、原种培育与扩繁；并开展原种子一代苗种的海区增殖放流和资源修复工作。

在大黄鱼种质资源保护区建设方面，1985 年 10 月福建省设立了“官井洋大黄鱼繁殖保护区”，该保护区包括宁德市三都湾内的原官井洋大黄鱼产卵场及其幼鱼索饵育肥场、大黄鱼洄游通道等邻近海域，并成立了“宁德地区官井洋大黄鱼增殖站”负责保护区的管理工作。2008 年 8 月农业部公布了全国首批 40 个国家级水产种质资源保护区名单，福建省宁德市的官井洋大黄鱼国家级水产种质资源保护区名列其中。该保护区位于三都湾内，与原省级“官井洋大黄鱼繁殖保护区”重叠，总面积 190 km²，其中核心区面积 35 km²，试验区面积 155 km² (图 2)。核心特别保护期为每年 3—12 月，主要保护对象为大黄鱼，同时兼顾该海域栖息的鳓属 (*Llisha* spp.)、马鲛属 (*Scomberomorus* spp.)、海鳗属 (*Muraenesox* spp.)、对虾等其他水产物种，对闽东官井洋的大黄鱼种质资源形成了有效的保护。

在大黄鱼原良种建设方面，为了保护大黄鱼的野生种质资源、保存和维持大黄鱼原种，实现野生渔业资源的增殖，加强优良大黄鱼种质资源的利用以支撑大黄鱼养殖产业等，近年来批准建设国家级大黄鱼原种场 1 家，国家级大黄鱼良种场 2 家，均位于福建省宁德市。此外，浙江省还建设有省级大黄鱼良种场 4 家。国家级大黄鱼原种场建设有大黄鱼海上活体种质资源库、原种驯养车间、扩繁车间和配套的实验室，具体开展野生大黄鱼原种的搜集、整理、保存、开发和利用，每年均会进行原种子一代的扩繁和苗种培育，用于大黄鱼增殖放流和野生种质资源修复，同时还可以为大黄鱼良种选育提供具有较高遗传多样性的种质资源，支撑大黄鱼养殖产业发展。

在实现了大黄鱼规模化人工育苗后，福建和浙江两省每年都会组织大黄鱼增殖放流活动。福建省主要在三都湾内的官井洋大黄鱼繁殖保护区内放流，同时还会在包括闽江口、罗源湾和沙埕湾等海域放流大黄鱼苗种；浙江省则主要在象山港、南韭山列岛、舟山、南麂列岛等海域开展大黄鱼苗种放流。随着大黄鱼人工育苗规模不断扩大，增殖放流活动频率和放流大黄鱼苗种数量也

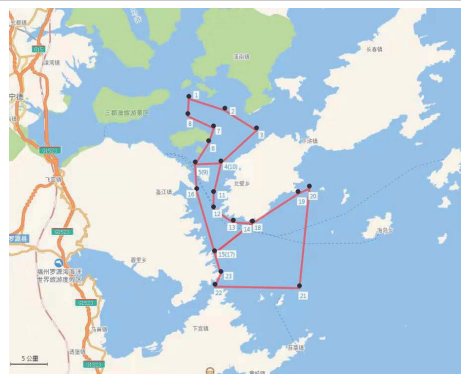


图 2 福建省宁德市官井洋大黄鱼国家级水产种质资源保护区 (数据来自宁德市海洋与渔业局)

Fig. 2 Guanjingyang *L. crocea* national fisheries germplasm resources reserve, Ningde City, Fujian Province (data from Ningde Ocean and Fishery Bureau)

1. 119°47'15"E, 26°39'52"N; 2. 119°50'15"E, 26°39'00"N; 3. 119°52'54"E, 26°37'30"N; 4. 119°49'56"E, 26°35'03"N; 5. 119°47'47"E, 26°34'58"N; 6. 119°48'55"E, 26°36'34"N; 7. 119°49'20"E, 26°37'40"N; 8. 119°47'10"E, 26°38'34"N; 9. 119°47'47"E, 26°34'58"N; 10. 119°49'56"E, 26°35'03"N; 11. 119°49'20"E, 26°32'45"N; 12. 119°49'18"E, 26°31'38"N; 13. 119°50'57"E, 26°30'37"N; 14. 119°52'33"E, 26°30'33"N; 15. 119°49'25"E, 26°28'20"N; 16. 119°47'55"E, 26°32'58"N; 17. 119°49'25"E, 26°28'20"N; 18. 119°52'34"E, 26°30'33"N; 19. 119°56'22"E, 26°32'46"N; 20. 119°57'19"E, 26°33'10"N; 21. 119°56'29"E, 26°25'43"N; 22. 119°49'27"E, 26°25'50"N; 23. 119°49'55"E, 26°26'47"N

逐年增加。据不完全统计, 2019 年政府部门组织放流的大黄鱼数量为 3 572 万尾, 宁德市民间自发组织放流的大黄鱼数量达 16 亿尾。近十年来福建省大黄鱼增殖放流鱼苗主要来自于国家级大黄鱼原种场的依托单位宁德市富发水产有限公司。据统计, 2011—2019 年间宁德市富发水产有限公司一共繁育超过 3 亿尾原种子一代大黄鱼鱼苗用于增殖放流, 以规格大于 5 cm 的仔鱼为主, 主要放流区域包括官井洋、三沙湾、黄岐湾和罗源湾等海域。

1.5 大黄鱼遗传育种研究与良种培育进展

伴随着大黄鱼人工养殖技术的突破和大黄鱼养殖产业的快速发展, 大黄鱼种质资源鉴定评价和遗传育种研究工作也逐步展开, 并日益活跃, 从经典的大黄鱼染色体组型及核型分析, 到各种遗传标记的开发及种质资源鉴定评价、重要功能基因的克隆与鉴定, 再到近年来完成的大黄鱼基因组图谱绘制和基于全基因组信息的重要经济性状遗传解析研究, 我们对大黄鱼的遗传学研究和认识日益深入, 在此基础上, 大黄鱼遗传育种和种质创新也快速发展和进步, 国内多个研究团队利用

群体选育、家系选育、雌核发育和基因组选择育种等技术, 陆续培育了多个大黄鱼新品种和新品系。

研究染色体数目和核型是了解生物遗传物质组成、遗传变异规律和系统演化情况的最基本数据。厦门大学苏永全课题组^[6-7]、上海海洋大学邹曙明等^[8]先后对不同地理种群的大黄鱼进行了染色体核型分析, 确定大黄鱼染色体数目均为 $2n=48$, 且均未发现性染色体。在遗传标记开发与应用方面, 早在 20 世纪 90 年代, 厦门大学苏永全和王军等团队就开始用同工酶生化标记, 对福建官井洋海区等地的野生和养殖大黄鱼进行群体遗传结构和遗传多样性分析, 发现这两个群体的遗传多样性均处于较低水平^[9]。除了生化遗传标记, 大黄鱼 DNA 分子标记开发和应用方面的研究也不少, 不同科研团队先后开发出了大黄鱼扩增片段长度多态性 (AFLP)、简单重复序列标记 (SSR) 等分子标记, 并用于不同大黄鱼地理群体的遗传结构和遗传多样性分析, 发现国内养殖大黄鱼群体的遗传多样性普遍低于野生种群^[10-11]。线粒体 DNA 具有结构简单、无重组和母性遗传等优点, 是研究群体遗传学和系统进化的重要手段。李明云等^[12]构建了大黄鱼线粒体 DNA 的限制性内切酶图谱, Cui 等^[13]完成了大黄鱼线粒体基因组全序列测定, 为石首鱼科 (Sciaenidae) 鱼类的分子进化研究及大黄鱼群体遗传学和保护生物学提供了重要的基础; 利用线粒体基因组的部分或全部序列开展大黄鱼群体遗传解析、种质资源鉴定和分子系统学等研究工作也非常活跃^[14-16]。随着分子生物学研究手段的进步, 大黄鱼重要经济性状相关功能基因的研究也日益丰富, 多个研究团队还陆续克隆了一批与大黄鱼生长、免疫和抗病等相关的功能基因, 并对其进行了基因表达和调控机制等相关分析。但是由于缺乏基因组尺度的遗传工具和数据库资源, 很多类似研究均以跟随和模仿为主, 对大黄鱼种质资源保护和利用方面的指导和应用有限。

随着新一代基因组测序技术的快速发展和成本的快速下降, 大黄鱼遗传学和遗传育种研究也快速迈入到基因组时代。2014 年, 吴常文团队完成国际上首个大黄鱼基因组草图^[17]; 随后陈新华团队于 2015 年完成了具有更高组装质量的大黄鱼基因组框架图谱, 并于 2018 年利用第三代基因组测序数据对该基因组图谱进行了升级完善^[18]; 厦门大学徐鹏团队依托大黄鱼育种国家重点实验室平台, 于 2018 年利用第三代基因组测序技术和高

通量染色质构象捕获 (Hi-C) 技术完成了染色体级别的大黄鱼基因组序列图谱, 基因组完整度、连接性和染色体整合度获得显著提升, 为后续深入开展大黄鱼性状解析和种质资源创新利用提供了高质量基因组数据^[19]。除大黄鱼全基因组序列图谱绘制外, 国内多个团队还在近年来获得了丰富的大黄鱼基因组、转录组和甲基化组数据, 极大丰富了大黄鱼组学数据资源。以日益丰富的大黄鱼基因组资源作为支撑, 近年来国内大黄鱼遗传育种研究取得了许多进展, 包括利用简化基因组测序技术陆续完成了多个版本的高密度遗传连锁图谱的绘制^[20-22], 利用 Bionano 光学图谱技术绘制了大黄鱼的基因组物理图谱, 为大黄鱼基因组序列图谱的完善提供了必要的染色体骨架^[23]; 利用数量性状位点作图 (QTL mapping) 和全基因组关联分析 (GWAS) 技术, 陆续完成了对大黄鱼性别、生长、体型、性腺指数、抗病、抗逆和脂肪酸含量等重要经济性状的基因组定位和遗传基础解析研究, 获得了一批具有潜在育种价值的遗传座位和等位基因^[24-31]; 多个团队还利用转录组和甲基化组分析技术对大黄鱼免疫、抗病、抗逆相关功能基因和调控通路展开研究, 深化了对大黄鱼功能基因表达和调控机制的认知^[32-35]。最近, 大黄鱼育种国家重点实验室联合厦门大学完成了首个大黄鱼高通量基因芯片——大黄鱼“宁芯 1 号”650K 高密度 SNP 分型芯片的研发, 为重要经济性状遗传定位、基因组选择育种等提供标准化、高精度的海量基因型数据^[36]。

自 20 世纪 80 年代大黄鱼人工授精、室内育苗技术取得突破以来, 大黄鱼人工养殖技术在我国得到了快速推广和应用, 大黄鱼遗传育种工作也一直在推进中, 从传统的群体选育和家系选育, 到杂交育种、雌核发育和分子标记辅助选育, 以及基于基因组信息的全基因组选择育种, 均在大黄鱼中进行过相应的种质创新和育种应用。但是, 遗传育种是漫长而艰辛的工作, 受到种质资源、人力、经费和育种技术等现实条件的制约, 系统化的大黄鱼良种选育工作开展较晚, 目前通过国家审定的大黄鱼新品种仅有 3 个, 远不能满足大黄鱼产业发展的需求。随着基因组选择育种技术在大黄鱼遗传育种中的应用日益成熟, 以往难以开展的针对复杂经济性状如抗病、抗逆和饲料利用效率等的遗传育种工作近 2 年也相继开展, 如笔者课题组建立了标准化的大黄鱼刺激隐核虫 (*Cryptocaryon irritans*) 感染和抗性性状测评体系,

利用基因组选择育种技术选育获得具有显著的刺激隐核虫抗性的大黄鱼“宁抗 1 号”新品系 F₃^[37]。

2 大黄鱼种质资源保护与利用工作面临的主要问题

2.1 大黄鱼种质资源保护修复相关科研工作滞后

大黄鱼重要产卵场、越冬场、索饵场和洄游通道破坏严重, 大黄鱼种质资源自然保护区、种质资源库、原种场的建设、增殖放流和资源增殖活动都亟待规范与加强。目前对我国沿海地区野生大黄鱼群体的种质资源的认识仍然停留在数十年前传统的渔业资源调查获得的生物学数据, 既缺乏对沿海地区大黄鱼种质资源的系统收集、鉴定评价和原种保存, 更没有利用现代遗传学手段全面评价这些大黄鱼原种的种群遗传结构与多样性, 建立健全大黄鱼种质资源活体库、基因库和相关档案。现有大黄鱼养殖业高度依赖由官井洋野生群体发展起来的养殖群体, 目前除浙江省加强了对岱衢种群大黄鱼种质资源的保护和利用外, 其他地区的大黄鱼种质资源并没有得到有效的保护和利用。同时, 各地的大黄鱼增殖放流活动所用苗种也多来自大黄鱼养殖群体或宁德群体的原种子一代, 在没有系统摸清各地大黄鱼野生群体和种质资源的遗传背景和种群结构的情况下, 造成种质污染和遗传多样性丧失的风险很大。亟待加强相关基础科学研究和调查工作, 为大黄鱼等渔业资源和水产种质资源管理提供必要的科技支撑。

2.2 大黄鱼良种选育技术体系不完善

大黄鱼良种选育工作在近 10 年来虽然取得了长足的进步, 但是与国际先进的畜禽、水产良种选育工程相比, 仍未形成完善的体系, 如在重要经济性状尤其是复杂性状的表型测定方面仍未建立标准化测量体系; 基因组选择等前沿育种技术虽然得到了快速的应用, 但是仍未建立标准化的基因型鉴定工具和基因组选择技术; 大黄鱼种质资源数据库、基因组数据库、育种数据管理系统仍未建立, 无法进行复杂数据的有效管理和行业内共享交流; 缺乏大黄鱼种质和育种性状测试与评价的第三方服务机构或平台等。以上短板的完善对于构建系统成熟的大黄鱼育种技术体系、建立产学研合作的大黄鱼联合育种体系都至关重要。

2.3 大黄鱼良种选育进展缓慢, 产出能力不足

近年来水产新品种的培育和产出速度加快, 迄今通过全国水产原种和良种审定委员会审定的水产新品种已达 229 个, 但是大黄鱼新品种仅有 3 个。大黄鱼“闽优 1 号”由集美大学等单位培育, 以生长速率为选育指标, 于 2010 年被农业部审定为宜推广的选育新品种; 与未经选育的普通养殖群体相比, 生长速率提高 23.9%, 成活率提高 13.7%。大黄鱼“东海 1 号”由宁波大学等单位培育, 以生长速率和耐低温为选育指标, 于 2014 年被农业部审定为宜推广的选育新品种; 19 月龄时体质量增长速率比当地商品苗快 15.57%, 10 月龄鱼在 6 °C 条件下存活率比当地商品苗高 22.5%。大黄鱼“甬岱 1 号”由宁波市海洋与渔业研究院等单位培育, 以生长速率和体型为目标性状, 于 2020 年通过农业农村部审定, 采用群体选育技术, 经连续 5 代选育而成, 在相同养殖条件下, 与未经选育的大黄鱼相比, 21 月龄生长速率平均提高 16.4%。大黄鱼良种培育产出能力与大黄鱼养殖产业规模和可持续发展的良种需求不匹配, 在良种覆盖率提升和养殖增效方面贡献不足。亟待从产业的良种需求出发, 调动更多大黄鱼育种技术力量, 建立大黄鱼育种协同创新机制, 针对关键经济性状设计长期系统性选育工程, 全面提升大黄鱼良种选育能力。

2.4 育种经费投入长期不足

国内从事大黄鱼遗传育种研究和良种选育工作的单位和团队多集中在闽浙两省, 与国内从事水产遗传育种的优势单位和团队相比, 参与国家级科技项目的竞争能力仍然不足, 独立承担重大课题的基础稍显薄弱, 而地方政府在大黄鱼良种选育方面的经费投入比较单薄。由于大黄鱼育苗技术成熟, 种苗生产门槛较低, 育苗从业者的无序竞争导致大黄鱼种苗产能过剩, 鲜有育苗企业愿意投入大量经费开展良种选育工作。投入大黄鱼良种选育工作的研发经费不足, 而且缺乏持续稳定的支持, 多数团队的大黄鱼良种选育工作处于断续状态, 难以形成多团队联合育种持续攻关的局面。

2.5 大黄鱼育种团队力量单薄

从事大黄鱼遗传育种工作的人才队伍力量单薄, 尤其是缺少遗传育种领域的高层次领军科学家和从事一线选育工作的技术人员, 系统掌握遗

传育种技能的青年科研人才偏少, 育种团队规模小, 力量分散, 缺乏协作和联合创新, 跨单位、跨团队、跨平台的人才和人力资源协调整合仍然有待加强。

3 新时期的大黄鱼种质资源保护与良种创新

基于大黄鱼种质资源保护和利用现状, 以及大黄鱼养殖产业的发展需求, 在未来一段时间内, 有必要尽快摸清我国大黄鱼种质资源的“家底”, 加强大黄鱼种质资源保护和修复, 培育以种业企业为主体、政产学研共同参与的大黄鱼种质资源保护和利用体系。抓紧时间实施以大黄鱼种业创新工程为核心的链条式项目, 围绕大黄鱼种业科技创新和新品种创制主线, 按种质资源保护和鉴定评价、重要经济性性状遗传解析、基因组资源发掘和遗传育种工具创制、育种技术创新、新品种培育、良种示范推广等科技创新链, 从基础研究、前沿技术、共性关键技术、良种创制与示范推广等方面, 实施全产业链育种科技创新攻关, 重点突破抗病抗逆和饵料利用效率等复杂经济性性状遗传解析, 建立系统化、标准化的大黄鱼性状测评和基因组选育技术体系, 构建育繁推一体化的大黄鱼良种繁育与示范体系。创制抗病、抗逆、高产、高配合饲料转化率等具有市场竞争力的重大新品种, 实现大黄鱼良种覆盖率的显著提升, 为大黄鱼产业健康发展提供良种保障。

大黄鱼种质资源的保护、渔业资源恢复、大黄鱼养殖产业的健康发展和做大做强都是任务艰巨、道阻且长的工作, 但是只要充分发挥“滴水穿石, 弱鸟先飞”的精神, 政产学研共同努力, 就一定能够再现“楝子开花石首来”的盛景, 让大黄鱼养殖产业链再上新台阶。

(作者声明本文无实际或潜在的利益冲突)

参考文献 (References):

- [1] 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. 中国渔业统计年鉴 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2020: 21-26.
Ministry of Agriculture and Rural Affairs of the People's Republic of China, National Fisheries Technology Extension Center, The China Society of Fisheries. China fishery statistical yearbook[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2020: 21-26 (in Chinese).

- [2] 田明诚, 徐恭昭. 大黄鱼形态特征的地理变异和地理种群问题[J]. 海洋科学集刊, 1962, 2: 79-97.
Tian M C, Xu G Z. The geographical variation and population problems of morphological traits of large yellow croaker[J]. *Studia Marina Sinica*, 1962, 2: 79-97 (in Chinese).
- [3] 张其永, 洪万树, 杨圣云, 等. 大黄鱼地理种群划分的探讨[J]. 现代渔业信息, 2011, 26(2): 3-8.
Zhang Q Y, Hong W S, Yang S Y, *et al.* Discussion on the division of geographic populations for the large yellow croaker (*Larimichthys crocea*)[J]. *Modern Fisheries Information*, 2011, 26(2): 3-8 (in Chinese).
- [4] 李明云, 苗亮, 陈炯, 等. 基于种群生态学概念论大黄鱼种群的划分[J]. 宁波大学学报(理工版), 2013, 26(1): 1-5.
Li M Y, Miao L, Chen J, *et al.* Division of populations for *Pseudosciaena crocea* based on population ecology concept: discussion[J]. *Journal of Ningbo University (NSEE)*, 2013, 26(1): 1-5 (in Chinese).
- [5] 刘家富. 大黄鱼养殖与生物学 [M]. 厦门: 厦门大学出版社, 2013.
LIU Jiafu. Culture and biology of large yellow croaker[M]. Xiamen: Xiamen University Press, 2013 (in Chinese).
- [6] 王德祥, 苏永全, 王世锋, 等. 不同地理种群大黄鱼染色体核型的比较研究[J]. 海洋学报, 2006, 28(6): 176-178.
Wang D X, Su Y Q, Wang S F, *et al.* The karyotypes and their polymorphisms of the *Pseudosciaena crocea* from different populations[J]. *Acta Oceanologica Sinica*, 2006, 28(6): 176-178 (in Chinese).
- [7] 全成干, 王军, 丁少雄, 等. 大黄鱼染色体核型研究[J]. 厦门大学学报(自然科学版), 2000, 39(1): 107-110.
Quan C G, Wang J, Ding S X, *et al.* The karyotypes of *Pseudosciaena crocea* (Richardson)[J]. *Journal of Xiamen University (Natural Science Edition)*, 2000, 39(1): 107-110 (in Chinese).
- [8] 邹曙明, 李思发, 赵金良, 等. 福建官井洋海区大黄鱼的染色体核型分析[J]. 上海水产大学学报, 2003, 12(2): 179-181.
Zou S M, Li S F, Zhao J L, *et al.* Karyotype of *Pseudosciaena crocea* in Guanjingyang of Fujian[J]. *Journal of Shanghai Fisheries University*, 2003, 12(2): 179-181 (in Chinese).
- [9] 全成干, 王军, 丁少雄, 等. 大黄鱼养殖群体遗传多样性的同工酶[J]. 厦门大学学报(自然科学版), 1999, 38(4): 584-588.
Quan C G, Wang J, Ding S X, *et al.* Genetic diversity of cultured *Pseudosciaena crocea* (Richardson) stock by PAGE[J]. *Journal of Xiamen University (Natural Science Edition)*, 1999, 38(4): 584-588 (in Chinese).
- [10] 黎中宝, 方秀, 陈锦, 等. 大黄鱼(*Pseudosciaena crocea*)养殖群体遗传多样性的降低[J]. 海洋与湖沼, 2009, 40(4): 446-450.
Li Z B, Fang X, Chen J, *et al.* Loss of the genetic diversity in cultivated populations of *Pseudosciaena crocea* by AFLP[J]. *Oceanologia et Limnologia Sinica*, 2009, 40(4): 446-450 (in Chinese).
- [11] 王映. 大黄鱼野生群体和养殖群体鉴定技术研究 [D]. 上海: 上海海洋大学, 2017.
Wang Y. Germplasm identification of wild and cultured stock of large yellow croaker (*Larimichthys crocea*)[D]. Shanghai: Shanghai Ocean University, 2017 (in Chinese).
- [12] 李明云, 朱俊杰, 邬勇, 等. 大黄鱼线粒体DNA的限制性内切酶图谱[J]. 科技通报, 2006, 22(4): 456-461.
Li M Y, Zhu J J, Wu Y, *et al.* Studies on restriction enzyme map of mitochondrial DNA from *Pseudosciaena crocea* (Richardson)[J]. *Bulletin of Science and Technology*, 2006, 22(4): 456-461 (in Chinese).
- [13] Cui Z X, Liu Y, Li C P, *et al.* The complete mitochondrial genome of the large yellow croaker, *Larimichthys crocea* (Perciformes, Sciaenidae): unusual features of its control region and the phylogenetic position of the Sciaenidae[J]. *Gene*, 2009, 432(1-2): 33-43.
- [14] 毛勇, 蒋秋芬, 曾华嵩, 等. 大黄鱼线粒体DNA控制区遗传多样性分析[J]. 厦门大学学报(自然科学版), 2010, 49(3): 440-444.
Mao Y, Jiang Q F, Zeng H S, *et al.* Genetic diversity of *Pseudosciaena crocea* (Richardson) based on mitochondrial DNA control region sequences[J]. *Journal of Xiamen University (Natural Science Edition)*, 2010, 49(3): 440-444 (in Chinese).
- [15] 孙利元, 杨天燕, 孟玮, 等. 8种石首鱼类线粒体基因组特征及分子系统进化分析[J]. 海洋科学, 2017, 41(3): 48-54.
Sun L Y, Yang T Y, Meng W, *et al.* Analysis of the mitochondrial genome characteristics and phylogenetic relationships of eight sciaenid fishes[J]. *Marine Sciences*, 2017, 41(3): 48-54 (in Chinese).
- [16] 沈锡权, 何萌萌, 严小军, 等. 岱衢族大黄鱼(*Pseudosciaena crocea*)线粒体基因组全序列的扩增及其特异鉴别引物的开发[J]. 海洋与湖沼, 2013, 44(3): 755-762.
Shen X Q, He M M, Yan X J, *et al.* The amplification of the complete mitochondrial genome of the Dai-qu stock *Pseudosciaena crocea* and the development of its dia-

- gnostic primers[J]. *Oceanologia et Limnologia Sinica*, 2013, 44(3): 755-762 (in Chinese).
- [17] 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(1): 5227.
- [18] Ao J Q, Mu Y N, Xiang L X, *et al.* Genome sequencing of the perciform fish *Larimichthys crocea* provides insights into molecular and genetic mechanisms of stress adaptation[J]. *Plos Genetics*, 2015, 11(4): e1005118.
- [19] Chen B H, Zhou Z X, Ke Q Z, *et al.* The sequencing and *de novo* assembly of the *Larimichthys crocea* genome using PacBio and Hi-C technologies[J]. *Scientific Data*, 2019, 6(1): 188.
- [20] Ning Y, Liu X D, Wang Z Y, *et al.* A genetic map of large yellow croaker *Pseudosciaena crocea*[J]. *Aquaculture*, 2007, 264(1-4): 16-26.
- [21] Kong S N, Ke Q Z, Chen L, *et al.* Constructing a high-density genetic linkage map for large yellow croaker (*Larimichthys crocea*) and mapping resistance trait against ciliate parasite *Cryptocaryon irritans*[J]. *Marine Biotechnology*, 2019, 21(2): 262-275.
- [22] Xiao S J, Wang P P, Zhang Y, *et al.* Gene map of large yellow croaker (*Larimichthys crocea*) provides insights into teleost genome evolution and conserved regions associated with growth[J]. *Scientific Reports*, 2015, 5(1): 18661.
- [23] Xiao S J, Li J T, Ma F S, *et al.* Rapid construction of genome map for large yellow croaker (*Larimichthys crocea*) by the whole-genome mapping in BioNano Genomics Irys system[J]. *BMC Genomics*, 2015, 16(1): 670.
- [24] Zhou Z X, Han K H, Wu Y D, *et al.* Genome-wide association study of growth and body-shape-related traits in large yellow croaker (*Larimichthys crocea*) using ddRAD sequencing[J]. *Marine Biotechnology*, 2019, 21(5): 655-670.
- [25] Ye H, Liu Y, Liu X D, *et al.* Genetic mapping and QTL analysis of growth traits in the large yellow croaker *Larimichthys crocea*[J]. *Marine Biotechnology*, 2014, 16(6): 729-738.
- [26] Xiao S J, Wang P P, Dong L S, *et al.* Whole-genome single-nucleotide polymorphism (SNP) marker discovery and association analysis with the eicosapentaenoic acid (EPA) and docosahexaenoic acid (DHA) content in *Larimichthys crocea*[J]. *PeerJ*, 2016, 4: e2664.
- [27] Lin A Q, Xiao S J, Xu S B, *et al.* Identification of a male-specific DNA marker in the large yellow croaker (*Larimichthys crocea*)[J]. *Aquaculture*, 2017, 480: 116-122.
- [28] Wan L, Wang W J, Liu G J, *et al.* A genome-wide association study of resistance to *Pseudomonas plecoglossicida* infection in the large yellow croaker (*Larimichthys crocea*)[J]. *Aquaculture International*, 2019, 27(5): 1195-1208.
- [29] Gao Y X, Dong L S, Xu S B, *et al.* Genome-wide association study using single marker analysis and Bayesian methods for the gonadosomatic index in the large yellow croaker[J]. *Aquaculture*, 2018, 486: 26-30.
- [30] Zhao J, Zhou T, Bai H Q, *et al.* Genome-wide association analysis reveals the genetic architecture of parasite (*Cryptocaryon irritans*) resistance in large yellow croaker (*Larimichthys crocea*)[J]. *Marine Biotechnology*, 2021, 23(2): 242-254.
- [31] Wu Y D, Zhou Z X, Pan Y, *et al.* GWAS identified candidate variants and genes associated with acute heat tolerance of large yellow croaker[J]. *Aquaculture*, 2021, 540: 736696.
- [32] Xiao S J, Han Z F, Wang P P, *et al.* Functional marker detection and analysis on a comprehensive transcriptome of large yellow croaker by next generation sequencing[J]. *PLoS One*, 2015, 10(4): e0124432.
- [33] Han Z F, Lv C H, Xiao S J, *et al.* Transcriptome profiling of the abdominal skin of *Larimichthys crocea* in light stress[J]. *Journal of Ocean University of China*, 2018, 17(2): 344-354.
- [34] Zhang X, Mu Y N, Mu P F, *et al.* Transcriptome analysis reveals comprehensive insights into the early immune response of large yellow croaker (*Larimichthys crocea*) induced by trivalent bacterial vaccine[J]. *PLoS One*, 2017, 12(1): e0170958.
- [35] Zhang Y, Shen W L, Cao M Y, *et al.* Dynamic alterations in methylation of global DNA and growth-related genes in large yellow croaker (*Larimichthys crocea*) in response to starvation stress[J]. *Comparative Biochemistry and Physiology-Part B: Biochemistry and Molecular Biology*, 2019, 227: 98-105.
- [36] Zhou T, Chen B H, Ke Q Z, *et al.* Development and evaluation of a high-throughput single-nucleotide polymorphism array for large yellow croaker (*Larimichthys crocea*)[J]. *Frontiers in Genetics*, 2020, 11: 571751.
- [37] Zhao J, Bai H Q, Ke Q Z, *et al.* Genomic selection for parasitic ciliate *Cryptocaryon irritans* resistance in large yellow croaker[J]. *Aquaculture*, 2021, 531: 735786.

Protection and utilization status and prospect of large yellow croaker (*Larimichthys crocea*) germplasm resources

XU Peng^{1*}, KE Qiaozhen¹, SU Yongquan^{1,2}, LIU Jiafu^{2,3}, ZHENG Weiqiang²

(1. Fujian Key Laboratory of Genetics and Breeding of Marine Organisms, College of Ocean and Earth Sciences, Xiamen University, Xiamen 361102, China;

2. State Key Laboratory of Large Yellow Croaker Breeding, Ningde Fufa Fisheries Co., Ltd., Ningde 352103, China;

3. Ningde Fisheries Technology Extension Station of Fujian Province, Ningde 352100, China)

Abstract: The excavation and utilization of excellent germplasm resources are pivotal in ensuring the supply of China's high-quality aquatic protein. As *Larimichthys crocea* owns China's highest production in marine aquaculture, and its germplasm resources serve as an indispensable material basis for the healthy and sustainable development of *L. crocea* breeding industry, it is of great strategic significance to carry out the collection, preservation, identification, evaluation, protection and utilization of *L. crocea* germplasm resources systematically. This paper has reviewed the history and present situation of germplasm protection and utilization of *L. crocea*, and analyzed the main current problems from the aspects of scientific research, breeding technology system, industry, and talents. Besides, based on the scientific and technological innovation of *L. crocea* seed industry and the creation of new varieties, the development direction creating major new species with such traits as disease resistance, stress resistance, high yield, high quality, and high compound feed conversion rate was proposed to substantially expand the coverage of improved *L. crocea* and provide a fine bread guarantee for the healthy development of *L. crocea* industry.

Key words: *Larimichthys crocea*; germplasm resources; seed industry; breed innovation; aquaculture

Corresponding author: XU Peng. E-mail: xupeng77@xmu.edu.cn

Funding projects: Open Research Fund Project of State Key Laboratory of Large Yellow Croaker Breeding (LYC2019RS03); Industry-University Collaboration Project of Fujian Province (2019N5001); Special Fund for Key Program of Science and Technology of Fujian Province (2020NZ08003)