

文章编号:1005-3832(2026)02-0084-11

# 高通量测序技术在水产遗传育种研究中的应用与挑战

梅会友<sup>1</sup>, 许红秦<sup>1</sup>, 李应春<sup>1</sup>, 李辉<sup>1</sup>, 施冬梅<sup>1</sup>, 熊唯<sup>2</sup>, 赵鹏鹏<sup>1</sup>, 缪金君<sup>1</sup>

(1. 云南省曲靖市马龙区农业农村局, 云南 曲靖 655000;

2. 云南省昭通市盐津县农业农村局, 云南 昭通 657000)

**摘要:** 全球水产养殖业面临种质资源退化、疾病频发、传统育种效率低下等严峻挑战, 难以满足产业快速发展对优质种苗的需求。高通量测序技术凭借快速获取海量遗传信息的特性, 为解析水产动物复杂性状遗传机制、加速良种选育提供了革命性工具。深入探究该技术在水产养殖遗传育种中的创新应用与挑战, 对突破传统育种瓶颈、提升养殖效益、推动水产养殖业可持续发展具有重要理论与实践意义。高通量测序技术在水产育种中的应用已取得多维度进展。技术层面, 短读长测序的高准确性与长读长测序的长片段优势相结合, 显著提升了水产物种基因组组装质量, 实现了染色体水平的基因组构建; 单分子共识序列技术进一步解决了长读长测序的准确性问题。应用层面, 通过 SNP 芯片开发与全基因组关联分析, 成功定位生长、抗病等经济性性状关联位点, 提高了选择准确性; 全基因组选择模型突破传统表型选择局限, 实现育种值精准估算, 缩短育种周期。同时, 技术应用仍面临多重挑战: 水产动物多倍体、高度重复序列基因组增加组装难度; 表型数据受环境影响大, 精准测定成本高; 非模式物种缺乏高质量参考基因组, SNP 芯片开发与模型构建受限, 且数据分析算法滞后于测序技术发展。高通量测序技术已成为水产育种从传统向分子化、精准化转型的核心支撑, 在基因组解析、分子标记开发、育种效率提升等方面成效显著, 但基因组复杂性、技术转化壁垒等挑战仍需突破。未来需重点推进单细胞测序技术的研究应用, 深化表观基因组与多组学整合以解析“环境—基因互作”, 构建智能化育种决策系统。这些突破将推动水产育种进入精准化、智能化新阶段, 为水产养殖业可持续发展提供关键技术支撑。

**关键词:** 高通量测序技术; 水产养殖; 遗传育种; 多组学分析

中图分类号: S917

文献标识码: A

## Research Application and Challenges of High-throughput Sequencing Technology in Aquatic Genetic Breeding Field

MEI Huiyou<sup>1</sup>, XU Hongqin<sup>1</sup>, LI Yingchun<sup>1</sup>, LI Hui<sup>1</sup>, SHI Dongmei<sup>1</sup>, XIONG Wei<sup>2</sup>, ZHAO Pengkun<sup>1</sup>, MIAO Jinjun<sup>1</sup>

(1. Agricultural and Rural Affairs Bureau of Malong District, Qujing City, Yunnan Province, Qujing 655000, China;

2. Agricultural and Rural Affairs Bureau of Yanjin County, Zhaotong City, Yunnan Province, Zhaotong 657000, China)

**Abstract:** The global aquaculture industry faces significant challenges, including the degradation of germplasm resources, frequent disease outbreaks, and the inefficiency of traditional breeding methods. These issues hinder the ability to meet the growing demand for high-quality seedlings driven by the rapid development of the industry. High-throughput sequencing technology, characterized by its capacity to rapidly generate vast amounts of genetic data, offers a transformative tool for elucidating the genetic mechanisms underlying complex traits in aquatic organisms. This technology accelerates the selection and breeding of superior aquatic species. A comprehensive examination of the innovative applications and existing challenges of high-throughput sequencing in aquaculture breeding holds substantial theoretical and practical value. It contributes to overcoming the limitations of traditional breeding approaches, enhancing aquaculture efficiency, and supporting the sustainable development of the aquaculture industry. The application of high-throughput sequencing in aquaculture breeding has achieved multidimensional advancements. Technically, the integration of high-accuracy short-read sequencing with the long-read sequencing advantage of extended fragment lengths has significantly enhanced the quality of genomic assembly in aquatic species, enabling chromosome-level genomic construction. Single-molecule consensus sequencing further addresses the accuracy limitations of long-read sequencing. At the application level, the development of SNP chips and genome-wide association studies have successfully identified loci associated with economically important traits such as growth and disease resistance, thereby improving selection accuracy. Whole-genome selection models transcend the constraints of traditional

收稿日期: 2025-08-02

基金项目: 云南省马龙区农牧特色产业科技特派团项目(202504BI090011)。

作者简介: 梅会友(1998-), 男, 硕士研究生, 助理畜牧师, 从事水产领域繁殖育种研究。E-mail: 647890285@qq.com

phenotypic selection by enabling precise estimation of breeding values and reducing the breeding cycle. Nevertheless, several challenges persist: the polyploid nature and high repetitive sequence content of aquatic genomes complicate genome assembly; phenotypic data are heavily influenced by environmental factors, increasing the cost of accurate measurement; non-model species often lack high-quality reference genomes, which hampers SNP chip development and model construction; and data analysis algorithms lag behind the rapid advancements in sequencing technology. High-throughput sequencing has become a cornerstone in the transition of aquaculture breeding from traditional to molecular and precision-based approaches, yielding notable achievements in genomic analysis, molecular marker development, and breeding efficiency enhancement. However, challenges related to genomic complexity and technological implementation remain. Future efforts should focus on promoting the research and application of single-cell sequencing technology, deepen the integration of epigenomics and multi-omics to analyze "environment-gene interactions", and build an intelligent breeding decision-making system. These innovations will propel aquaculture breeding into a new era of precision and intelligence, providing critical technical support for the sustainable development of the aquaculture industry.

**Key words:** high-throughput sequencing technology; aquaculture; genetic breeding; multi-omics analysis

## 1 研究意义

当今世界水产养殖业蓬勃发展,水产遗传育种研究是提高经济效益、确保水产品供给的重要途径<sup>[1]</sup>。传统的育种方法存在着效率低、耗时长的问题,无法适应水产养殖产业迅速增长的要求<sup>[2]</sup>。高通量测序技术以其能快速而详细地获取生物大量遗传数据的优势<sup>[3]</sup>,给水产遗传育种领域的研究开辟了新路径。此技术有助于精确识别遗传标记、阐明复杂性状的遗传机理,在加快优良品种的选择培育方面显示出了强大的研究潜力<sup>[4]</sup>。深入探究高通量测序技术在水产遗传育种领域中的研究应用及其面临的问题,为实际应用提供理论参考,促进水产养殖业的持续发展具有重要意义。

### 1.1 水产养殖业面临的遗传改良需求

水产养殖业是人类食品来源的重要渠道,在满足人类高蛋白肉类营养需求中担负着重要职责<sup>[1]</sup>。然而水产养殖业发展面临着种质资源退化、品种改良进度慢及抗病能力不足等问题<sup>[5]</sup>。传统育种方法在应对这些问题时有明显局限性,无法分析处理大量遗传信息,效率低下<sup>[6]</sup>。同时,与畜禽养殖动物相比,水产养殖动物在基因组技术研究应用方面处于滞后状态<sup>[7]</sup>。

### 1.2 高通量测序技术的发展解析及运用

#### 1.2.1 高通量测序技术的发展解析

高通量测序 (high-throughput sequencing, HTS) 技术的发展历程是一部不断突破与革新的科技进化史<sup>[8]</sup>。第一代测序以高准确性著称,但通量低、成本高,主要用于基因验证和小规模测序。二代测序大幅提高了测序通量和成本效率<sup>[9]</sup>,适用于全基因

组测序、转录组分析及大规模突变检测,但短读长限制了对复杂结构变异的解析<sup>[10]</sup>。三代测序通过长读长和实时测序技术克服了二代短读长的局限,能够高效解析结构变异和重复序列<sup>[11]</sup>,但单碱基准确性相对较低。最新的单分子高精度测序在保证长读长优势的同时大幅提升了测序准确性<sup>[12]</sup>,为复杂基因组解析及多组学整合提供新平台<sup>[13]</sup>。总体来看,每一代测序技术都在准确性、通量、读长和应用范围上不断优化,为基因组学研究应用提供更强大的工具(表 1)。

#### 1.2.2 高通量测序技术的组合运用

高通量测序技术的发展为水产养殖遗传育种提供了全新的研究工具。短读长测序技术(Illumina)具有高准确性和低成本优势,但是基因组拼接连续性不够理想,对复杂重复序列区段的处理能力不足<sup>[14]</sup>。而 PacBio 与 Oxford Nanopore 这样的长读长测序技术能克服重复片段障碍,大幅度改善基因组拼接的连续性<sup>[13]</sup>。研究表明,长读长测序的数据分布均匀、一致性好,是进行基因组全新组装的理想选择<sup>[15]</sup>。不过长读长测序在单个碱基的精确度上还有待提高,这就推动了混合测序方法的出现,将短读长的高精度同长读长的连续覆盖结合起来<sup>[16]</sup>。

### 1.3 水产养殖遗传育种领域的空白与研究意义

当前水产基因组研究存在 3 个关键空白领域:(1)大多数高通量测序研究都聚焦于单一应用目标,缺乏对多用途标记面板选择权衡的系统研究<sup>[17]</sup>;(2)针对水产特异性的生物信息学工具开发不足,特别是在处理基因组复杂性和功能注释缺失的非模式生物时面临显著障碍<sup>[18]</sup>;(3)虽然已建立部分水产物种的基因组资源,但如鲶(*Silurus asotus*)<sup>[19]</sup>等重

表 1 高通量测序技术的解析  
Tab. 1 Analysis of high-throughput sequencing technology

代数 algebra	技术分析 technical analysis	主要优势 main advantages	局限劣势 limitations and disadvantages	应用场景 application scenarios
第一代 Sanger	基于双脱氧链终止法, 通过不同长度的终止片段电泳分离读取 DNA 序列。需要克隆 DNA 片段, 通常读长为 500 ~ 1 000 bp	1. 准确度极高且单碱基错误率极低; 2. 序列读取长度长; 3. 技术成熟, 实验体系稳定	1. 通量低, 无法快速完成大规模基因组项目; 2. 数据获取效率低, 无法满足群体规模研究需求	基因验证、突变检测
第二代 Illumina	基于可扩增的模板簇或液相微珠捕获。通过边合成边测序等方法同时测序数百万至数十亿片段	1. 超高通量: 可在 1 次运行中生成数十亿条短序列; 2. 低成本: 测序价格低; 3. 广泛应用: 基因组重测序、转录组测序、表观基因组测序、微生物多样性分析等	1. 读长短 (一般 100~300 bp), 对复杂基因组 (如水产动物的多倍体或高度重复序列区域) 测序深度不够; 2. 组装难度大, 常需参考基因组辅助; 3. 结构变异 (SV) 和大片段重排检测能力有限	RNA-Seq、群体基因组学 (如 SNP 挖掘)、GWAS、转录组差异分析
第三代 PacBio/Nanopore	直接测序单个 DNA 分子, 无需 PCR 扩增。读长可达几千至百万碱基 (PacBio 10~30 kb, Nanopore 甚至超过 1 Mb)	1. 读长长, 适合解析复杂重复序列; 2. 结构变异检测能力强: 适合识别重复序列、大型插入/缺失、基因组重排等; 3. 组装能力强: 可用于高连续性的基因组组装	1. 单次测序准确率略低; 2. 测序成本较高; 3. 数据处理和存储要求高, 对生物信息学的依赖性更强	高质量基因组组装、甲基化分析、全长转录测序、结构变异研究
单分子高精度测序 PacBio HiFi、ONT	PacBio HiFi 等技术通过重复测序同一 DNA 分子获得高精度。结合长读长和高精度	1. 结合了长读长与高精度的双重优点; 2. 错误率极低, 可媲美 Sanger 测序; 3. 单细胞、多组学应用, 适合精细功能基因组学研究	1. 技术仍在快速发展中, 平台和试剂更新频繁, 学习成本高; 2. 成本和通量尚未完全达到大规模产业化应用的要求	复杂基因组、环境基因组学、群体变异、水产智能育种研究

要经济物种仍缺乏完整的基因组草图和相关资源。

研究意义:(1)分析各种测序平台的优势,提高基因组装配的质量;(2)设计适用低成本基因研究方案,为水产养殖育种提供替代 SNP 芯片的经济选择<sup>[20]</sup>;(3)解决从基因组理论研究到实际生产应用的问题,缩短育种时间<sup>[21]</sup>,加快固定优良性状,提高水产养殖业生产效率(图 1)。

## 2 高通量测序技术的研究应用

### 2.1 基于全基因组重测序进行育种与种质改良

高通量测序技术为全基因组选择育种提供了新技术路径:使用高通量测序技术对物种进行全基因组测序分析,结合表型数据构建基因组预测模

型,从而实现对育种值的精准估算<sup>[22]</sup>。同时,能够突破传统育种依赖表型选择的局限,可在早期对生长、抗病等性状进行高效筛选<sup>[23]</sup>。其相关研究方向有基因组预测模型的构建优化、育种值估计的算法创新及缩短育种时间。

#### 2.1.1 基因组预测模型的构建方法

全基因组预测模型的构建是基因组选择育种的核心环节。目前主要有两种技术路线:基于基因组最佳线性无偏预测 (GBLUP) 的方法和考虑基因与环境互作 ( $G \times EBLUP$ ) 的新型算法<sup>[24]</sup>。GBLUP 方法通过构建基因组关系矩阵来估计育种值,预测准确性受到连锁不平衡程度、群体遗传结构和性状遗传架构的共同影响<sup>[25]</sup>。而  $G \times EBLUP$  方法通过识别

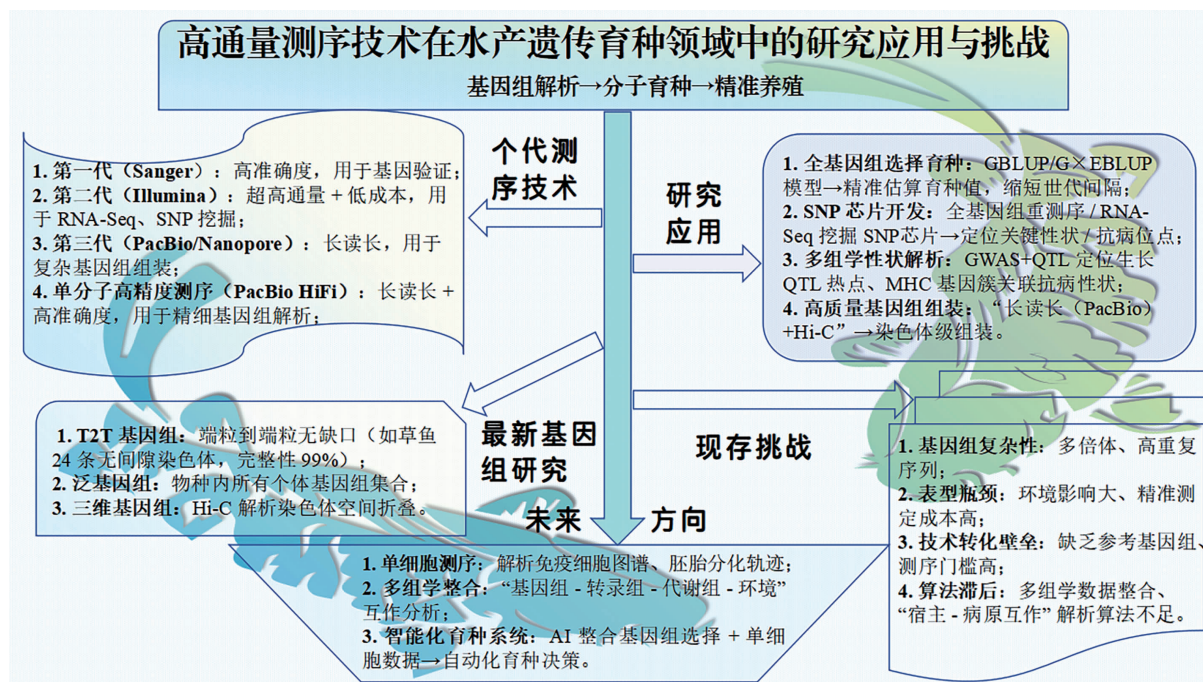


图 1 高通量测序技术在水产遗传育种领域中的应用与挑战

Fig. 1 Illustration of the research application and challenges of high-throughput sequencing technology in the field of aquaculture genetic breeding

全基因组范围内对环境敏感的 SNP 位点,在考虑基因与环境互作效应的情况下,可获得更高的预测准确性和更低的均方误差<sup>[26]</sup>。研究显示,在虹鳟 (*Oncorhynchus mykiss*)<sup>[27]</sup>育种中,全基因组选择模型相比传统系谱 BLUP 方法能更有效地估计育种值,特别是对于由 10 个中等效应数量性状基因座 (quantitative trait locus, QTL) 和多个小效应位点共同控制的复杂性状。

#### 2.1.2 育种值估计的算法创新

目前,借助计算机智能模型对物种基因组进行分析,从而估计育种值是主流的智能技术路线。分为单模型分析与多模型分析,单模型分析通过将基因组信息和系谱数据整合到单一分析步骤中,从而提高育种值估计的可靠性<sup>[28]</sup>。多模型分析,将多组学的测序信息整合到智能模型中进行分析,在测量成本高或难度大的性状评估分析中<sup>[29]</sup>,能够增强基因组预测的稳定性。特别是在牡蛎和海洋对虾等水产生物分析中,通过精心选择的连锁不平衡 (LD) 面板结合基因型填充技术,能够获得接近最大理论值的估计育种值<sup>[30]</sup>。研究证实,在尼罗罗非鱼 (*Oreochromis niloticus*)<sup>[31]</sup>育种研究中,通过使用基因型填充策略提高基因组选择的相对准确率。

#### 2.1.3 缩短育种时间

基因组选择技术能够缩短水产养殖的世代间隔。在大黄鱼 (*Larimichthys crocea*)<sup>[32]</sup>的单核苷酸多态性序列开发和评估研究中,通过基因型数据推论出的系统发育树表明基因组选择技术能缩短该物种的世代间隔。在鲷 (*Chrysophrys auratus*)<sup>[33]</sup>高密度连锁图谱和生长性状 QTL 研究中,鉴定出 3 个与生长性状具有重要意义的 QTL,极大地促进了鲷的基因组研究和育种工作。另外,在虹鳟抗病育种研究中,全基因组选择模型的应用也能够缩短育种周期,同时提高对传染性造血器官坏死病 (IHNV) 等主要病害的抗性选择效率<sup>[27]</sup>。

### 2.2 全基因组重测序、转录组测序联合研究 SNP 芯片

在水产遗传育种研究中,高通量测序技术加快了 SNP 芯片开发与分子标记筛选。使用高通量测序技术可对水产生物全基因组进行扫描,快速高效发掘海量 SNP 位点<sup>[34]</sup>,推动 SNP 芯片从低密度向高密度升级,实现对生长、抗病等性状的精准标记<sup>[35]</sup>,加快 SNP 芯片的开发。

#### 2.2.1 基因组 SNP 挖掘策略

高通量测序技术的快速发展为水生生物全基

因组 SNP 挖掘提供了新的技术路径。目前主要采用两种研究策略:(一)基于转录组测序(RNA-Seq)的 SNP,可从约 620 尾鱼的混合 RNA-Seq 数据中鉴定出大量转录 SNP<sup>[36]</sup>;(二)基于全基因组重测序,例如在虹鳟中通过对 USDA 和 INRAE 数据库分析鉴定出 32 372 492 个多态性 SNP,约 21 000 个显示等位基因不平衡的转录 SNP 可能与重要水产性状相关<sup>[37]</sup>,为后续虹鳟功能标记的开发提供了重要信息。

### 2.2.2 水产经济性性状关联位点鉴定

SNP 芯片技术是鉴定水产经济性性状关联位点的有效工具。研究表明,50 K 基因转录 SNP 芯片可用于检测与鱼片产量和鱼片硬度相关的数量性状位点<sup>[38]</sup>。通过全基因组关联分析(genome-wide association studies, GWAS),在 878 尾虹鳟的群体中成功定位到影响肌肉产量的 QTL<sup>[32]</sup>。在尼罗罗非鱼(*Oreochromis niloticus*)<sup>[39]</sup>研究中,利用约 65 K SNP 芯片揭示了与生长性能相关的遗传位点。同时,采用新型算法可鉴定出与体质量相关表型(9 个单 SNP 和 6 个 SNP 群组)、脂肪含量(2 个 SNP 群组)以及长宽比(16 个 SNP 群组)相关联的遗传标记<sup>[40]</sup>,也提高 SNP 芯片选择的准确性。

## 2.3 多组学联合分析定位性状基因与功能解析

高通量测序技术能够对水产养殖重要性状基因的定位及功能进行解析<sup>[41]</sup>。通过全基因组关联分析,可快速定位与生长、抗病、抗逆等性状相关的候选基因区域,转录组测序进一步筛选差异表达候选基因,结合基因编辑等技术验证功能。

### 2.3.1 QTL 定位与 GWAS 分析技术解析性状

QTL 定位与 GWAS 分析是解析生物遗传性状的方法,通过整合两种方法的优势可以提高候选基因鉴定的准确性。典型的技术路线包括:首先基于 GWAS 构建高密度遗传图谱,如对 266 条大西洋白姑鱼(*Argyrosomus regius*)<sup>[42]</sup>进行 ddRAD 测序,构建了包含 4 529 个多态 SNP 的高密度遗传连锁图谱;随后在该图谱或全基因组标记上开展 QTL 定位与候选基因筛选。两者联合分析还能够进行相互验证,如在鲤(*Cyprinus carpio*)<sup>[43]</sup>头型性状研究中,12 个 GWAS 显著 SNP 与 18 个 QTL 形成互补验证。

### 2.3.2 生长性状相关基因网络调控机制

生长性状通常为多基因调控。生长性状受多基因微效叠加效应调控,其中等位基因可能通过生长激素信号通路或肌细胞增殖途径发挥作用<sup>[44]</sup>。在黄

河鲤(*Cyprinus carpio haematopterus*)<sup>[45]</sup>生长性状 QTL 图谱研究中,在 12 号染色体上鉴定到多个生长相关性状(如体质量、体长等)的共定位 QTL 区域。在鲷<sup>[33]</sup>的研究中,3 个全基因组显著 QTL 附近定位到等候选基因,最近的仅相距 5.3 cm。

### 2.3.3 抗病性状的宿主-病原体互作研究

抗病性状的遗传解析为理解“宿主-病原互作”提供了新思路。QTL 定位显示,生物抗性可能由多个中效和小效 QTL 共同控制,如 IHN 抗性呈现寡基因遗传特征<sup>[46]</sup>。在鲈形目鱼类中,主要组织相容性复合体(MHC)基因簇是重要抗病位点,经典 MHC II 类基因与非经典 MHC I 类基因所在区域频繁检测到抗病 QTL<sup>[47]</sup>。功能研究表明,抗病能力强的鱼可特异性激活先天/适应性免疫相关基因,例如虹鳟抗病群体中 *ifnar1*、*ifngr2* 等基因显著表达<sup>[48]</sup>。多性状 QTL 分析技术可解析抗性不同阶段(如病原入侵期、感染建立期等)的遗传控制差异<sup>[49]</sup>,鉴定出分别控制初始入侵和病原扩散的特异 QTL。如针对鲑(*Salmo salar*)进行阿维菌素苯甲酸酯耐药与鲑鱼虱(*Lepeophtheirus salmonis*)相关的遗传和转录组标记显示,阿维菌素苯甲酸酯抗性与鲑鱼虱 5 号染色体上的一个 QTL 区域相关<sup>[50]</sup>,为后续开展抗病标记辅助选择工作奠定基础。

## 2.4 高质量基因组拼接及组装

### 2.4.1 单分子共识序列构建技术助力高质量基因组拼接

单分子共识序列构建技术是通过单个分子进行测序,利用单分子共识序列构建的方法,并且应用分子条形码(UMI)标记以及进行复数次的测序,对长片段测序的精确度有了有效的提升。PacBio 的 HiFi 测序方法借助环状一致性测序可以得到准确度高于 99.9% 的长片段。单分子共识序列构建技术让水生生物种类的基因组拼接达到了染色体级别的水准,例如在纹鳃棘鲈(*Plectropomus leopardus*)<sup>[51]</sup>基因组组装研究中,针对水产物种普遍存在的高杂合度和重复序列比例高的基因组特征,运用了 10× 基因组学、高通量染色体构象捕获(Hi-C)和 PacBio 长读测序技术的组合,完成了总长度为 881.55 Mb, N50 为 34.15 Mb 的高品质基因拼接<sup>[51]</sup>。

### 2.4.2 水产物种基因组高质量组装

针对水产物种基因组具有高杂合度和重复序列比例高的特点,进行技术优化。例如采用纳米孔

测序技术和染色体构象捕获技术完成绿鳍马面鲈 (*Thamnaconus septentrionalis*)<sup>[52]</sup> 的基因组组装,仅包含 242 个 contigs, contig N50 高达 22.46 Mb,并将 99.44% 序列挂载到 20 条染色体上,实现了海洋鱼类基因组组装质量质的飞跃。

### 3 最新的基因组研究内容

随着测序技术与生物信息学的发展,基因组学研究已从“单一参考基因组”的初步解析阶段,迈向“完整无隙”“群体代表性”“空间结构功能”的深度探索阶段<sup>[53]</sup>。T2T (Telomere-to-Telomere) 基因组、泛基因组、三维基因组分别从“完整性”“多样性”“空间结构”三个维度突破传统研究局限,共同推动对基因组功能与遗传规律的全面认知。

#### 3.1 T2T 基因组

T2T 基因组指完全覆盖染色体从端粒到端粒的所有区域,无缺口 (Gap)、无错误组装的完整基因组,包括重复区域、centromere、复杂基因簇 (例如 MHC、免疫 / 调控重复区) 和全长转座子。能直接解析复杂的序列并准确定位结构变异 (SV)、拷贝数变异、重复家族扩张与甲基化模式,从而改进功能注释与变异解释力。例如在非洲鲶 (*Clarias gariepinus*)<sup>[54]</sup> 的单倍型解析和 T2T 基因组组装研究中,初级组装跨越 969.62 Mb,仅具有 47 个重叠群,实现 33.71 Mb 的重叠群 N50。在 47 个重叠群中的 22 个中检测到末端端粒信号,分析证实基因空间完全性为 99%, 突出了组装的高质量。在草鱼 (*Ctenopharyngodon idella*)<sup>[55]</sup> T2T 基因组的组装过程中,其 24 条无间隙染色体的总长为 890 918 310 bp,代表了目前为止最高的完整性和组装质量。同时在该 T2T 组装中发现了 12 条染色体上的 108 个基因相关间隙和 17 条染色体上的 38 个结构变异。

#### 3.2 泛基因组

泛基因组 (Pan-Genome) 指某一物种内所有个体基因组的“集合”,通过收集多个个体 (或种群) 的基因组,构建图结构或多序列参考,使得对结构变异、复制特异性等的检测更灵敏、分型更准确,从而全面捕获物种的遗传变异信息,并关联到行为或适应性差异。He 等<sup>[56]</sup> 利用 7 个泅河豚 (*Takifugu*) 种群的数据构建了一个基于 syntelog 的泛基因组和图基因组,分析显示,仅 57.3% 的 SGs 在所有个体中共享,而其余基因在 7 个基因组中呈现存在 - 缺失

变异 (PAV); 同时,基因流分析显示, *abcb9* 基因中 51 bp 的插入频率在两个迁徙种群之间存在显著差异,表明该基因在泅河豚种群迁徙行为中起关键作用。

#### 3.3 三维基因组

三维基因组 (3D Genome) 指基因组在细胞核内的空间折叠与组织方式,通过 Hi-C (群体细胞) 或单细胞 Hi-C 等方法,揭示染色体折叠、拓扑关联域、增强子 - 启动子配对等空间调控关系,帮助把非编码变异与基因表达联系起来,将空间结构当作注释。单细胞 Hi-C、与转录组联合的单细胞多组学能够在细胞层面关联空间构象与表达状态,如在基于液滴微流体的高通量单细胞 Hi-C 方法及其转录组共测定研究中,通过分析 3 个发育阶段 (3 个月、12 个月和 23 个月) 的 32 777 个单细胞来研究小鼠脑老化期间的染色质结构变化。结果表明,具有显著结构变化的基因在与神经元的代谢过程和形态变化以及神经胶质细胞的先天免疫反应相关的途径中富集,突出了 3D 基因组组织在生理性脑老化中的作用,揭示了基因组结构与基因表达之间的复杂关系<sup>[57]</sup>。

## 4 实际应用中的挑战

高通量测序技术在水产育种应用中面临多重关键挑战。首先是基因组复杂性障碍,水产动物多存在多倍体、高度重复序列特征,增加序列组装与变异检测难度<sup>[58]</sup>。其次是表型数据瓶颈,生长、抗病等性状受环境影响显著,大规模精准表型测定成本高昂,制约关联分析准确性<sup>[59]</sup>。再者技术转化存在壁垒,非模式物种缺乏高质量参考基因组, SNP 芯片开发与全基因组选择模型构建受限,多数企业难以承担测序与分析成本<sup>[60]</sup>。此外,数据分析算法还滞后于测序技术发展,复杂性状的多基因互作解析仍需突破。

#### 4.1 跨平台数据标准化难题

跨平台数据标准化是处理多组学分析的重要问题。不同测序平台产生的数据格式和质控标准存在差异<sup>[18]</sup>。短片段测序技术和长片段测序技术所得的数据在做基因组装配的时候要用到不同的生物信息学方法,缺乏统一的参考基因组来进行对照<sup>[61]</sup>。另外,在进行全基因组关联分析时,不同来源的数据首先需要进行统一化处理,才能进行后续分析,不

同平台数据的处理影响着结果的准确性<sup>[62]</sup>。

#### 4.2 测序深度与成本效益的平衡

测序深度与成本效益的优化是水产育种实践中亟待解决的问题。研究表明,在全基因组重测序中显示,当测序深度降低时,SNP 检测的假阴性率会显著升高<sup>[63]</sup>;但当测序深度增加时,成本增加,而数据质量改善率却会下降。此外,高通量测序技术的高资金设备投入和专业技术门槛导致很难大规模普及应用。

#### 4.3 水产特异性的生物信息学工具开发

当前生物信息学分析软件难以准确识别水生生物中特有的转座元件和重复序列<sup>[64]</sup>。在微生物分析中,常规的 16S rRNA 测序无法有效区分水产病原菌的近缘种,缺乏整合多组学数据的分析平台,特别是在解析“宿主-病原体互作”研究中,需要处理基因组、转录组和表观基因组数据<sup>[65]</sup>。虽然已有研究尝试建立不同物种的专用分析方法,但仍然面临算法调整和参数优化的问题<sup>[66]</sup>。

### 5 未来研究方向

高通量测序技术在水产领域未来需聚焦多维度整合分析<sup>[67]</sup>。通过单细胞测序技术,对单个细胞水平的基因组、转录组及表观基因组等多组学进行分析,解析水生生物生命活动的精细机制<sup>[68]</sup>。同时,借助人工智能技术,优化多组学数据分析,构建智能化育种决策系统。

#### 5.1 单细胞测序技术的应用前景

随着水产养殖业对种质改良、抗病育种和环境适应机制的需求增强,单细胞测序技术能够帮助构建生物免疫细胞图谱,解析病原感染下的免疫应答机制<sup>[69]</sup>;分析鱼类胚胎发育过程中不同细胞类型的分化轨迹,快速识别关键调控细胞;比较不同环境下的转录差异,筛选对高温/低氧等环境敏感的细胞群体,帮助耐高温/耐低氧育种,以及研究环境污染对特定细胞类型的损伤机制<sup>[70]</sup>。

#### 5.2 多组学整合分析策略

水产养殖管理中,很多问题都不是单一方面决定的,而是“基因组-转录组-代谢组-环境因子”等多层级互作的结果<sup>[71]</sup>。基因组学能够提供遗传基础框架,筛选候选基因;转录组学能揭示基因在不同条件下的表达调控;表观组学能深入研究环境胁迫与性状可塑性;蛋白组学能直观反映功能产物及代

谢通路变化;微生物组能揭示“宿主-微生物”互作影响生长、免疫、营养。通过多组学整合分析研究,能帮助解释复杂性状、增强预测能力、支持管理决策、推动精准养殖<sup>[72]</sup>。

#### 5.3 智能化育种决策系统的构建

人工智能技术正在助力单细胞信息学分析的发展<sup>[73]</sup>。在水产遗传育种领域,可通过整合基因组选择、单细胞基因组测序等技术,构建完整的实验室预育种方案<sup>[74]</sup>。智能化系统需要处理单细胞多组学分析产生的数据,进行多组学信息分析,借助计算技术的不断发展,将加快水生生物智能化育种决策系统的建立,提高育种质量<sup>[75]</sup>。

### 6 总结与启示

高通量测序技术是水产遗传育种研究中的重要方法。通过全基因组测序分析,构建水生生物的基因组资源库<sup>[73]</sup>,为水生生物基因信息的进一步分析提供分子层面的数据支持,显著缩小了传统育种与现代分子育种之间的技术差距。在技术层面,第二代“短读长”测序实现了大规模群体遗传分析,第三代“长读长”测序能够改善水产物种的基因组组装质量,通过“短读长+长读长”的组合策略,为解析水生生物复杂基因组提供了完整解决方案,推动水产遗传育种发展。单分子高精度测序为研究复杂基因组、环境基因组学、水产智能育种等研究提供技术支持。在实际生产中,高通量测序技术具有明显的应用价值,例如在东部牡蛎(*Crassostrea virginica*)<sup>[76]</sup>和日本沼虾(*Macrobrachium nipponense*)<sup>[77]</sup>等经济物种中,基因组选择技术能够缩短育种周期。基于高密度 SNP 分型与全基因组选择显著提高凡纳滨对虾(*Litopenaeus vannamei*)<sup>[78]</sup>对白斑病毒(WSSV)的抗性,且该抗性能够进行遗传,且已投入育种使用。利用 SNP 芯片与 GWAS,通过分析鲑鱼遗传结构抵抗海水鱼虱的能力,进行育种改良,相比系谱法预测准确度更高,目前成为商业鲑育种的重要方向<sup>[79]</sup>。综上所述,高通量测序技术的引入,使水产遗传育种从经验驱动走向数据驱动,从低效筛选迈向精准改良,能够提高育种效率,拓展育种目标广度,对提升水产养殖业的可持续发展具有深远意义<sup>[80]</sup>。

高通量测序技术未来在水产遗传育种中应该关注单细胞测序技术的研究深度;多组学整合策略

有助于解析“环境-基因”互作效应;智能化育种决策系统的构建等方面的研究。

### 参考文献

- [1] RATHER M A, AGARWAL D, BHAT T A, et al. Bioinformatics approaches and big data analytics opportunities in improving fisheries and aquaculture [J]. *International Journal of Biological Macromolecules*, 2023, 233: 123549.
- [2] “十二五”国家 863 计划现代农业技术领域“鲤鱼和草鱼等重要养殖鱼类功能基因组研究及应用”项目工作会顺利召开[J]. *中国农业科技导报*, 2012, 14(6): 155.
- [3] 张玉茹, 张隽美, 任艳华, 等. 鱼类营养代谢性疾病相关基因数据库的调研与分析[J]. *中国水产科学*, 2020, 27(8): 961-979.
- [4] 张爱菊, 张根芳, 顾志敏, 等. 三角帆蚌育珠蚌群体生长性状和转录组差异分析[J]. *水产科学*, 2019, 38(5): 688-694.
- [5] SUNDARAY J K, DIXIT S, RATHER A, et al. Aquaculture omics: an update on the current status of research and data analysis [J]. *Marine Genomics*, 2022, 64: 100967.
- [6] HANG Y, LI Z Y, LI M C, et al. Fish genomics and its application in disease-resistance breeding [J]. *Reviews in Aquaculture*, 2022, 15(1): 274-291.
- [7] ROBLEDO D, PALAIOKOSTAS C, BARGELLONI L, et al. Applications of genotyping by sequencing in aquaculture breeding and genetics [J]. *Reviews in Aquaculture*, 2018, 10(3): 670-682.
- [8] ZENGER K R, KHATKAR M S, JONES D B, et al. Genomic selection in aquaculture: application, limitations and opportunities with special reference to marine shrimp and pearl oysters [J]. *Frontiers in Genetics*, 2019, 9: 693.
- [9] 高鲁修, 陈诗逸, 冯桃波, 等. 鳙鱼全基因组 survey 分析及微卫星位点分布 [J]. *水产科技情报*, 2024, 51(5): 283-289.
- [10] 李晓凯, 王贵, 乔贤, 等. 全基因组测序在重要家畜上的研究进展 [J]. *生物技术通报*, 2018, 34(6): 11-21.
- [11] ALI A, AL-TOBASEI R, LOURENCO D, et al. Genome-wide scan for common variants associated with intramuscular fat and moisture content in rainbow trout [J]. *BMC Genomics*, 2020, 21: 529.
- [12] YAN H, ZHU Y H, JIA H Y, et al. A chromosome-level genome assembly and annotation of the medicinal plant *Lepidium apetalum* [J]. *BMC Genomic Data*, 2024, 25: 61.
- [13] KINGAN S B, HEATON H, CUDINI J, et al. A high-quality genome assembly from a single mosquito using PacBio sequencing [J]. *Genes*, 2019, 10(1): 62.
- [14] RICE E S, GREEN R E. New approaches for genome assembly and scaffolding [J]. *Annual Review of Animal Biosciences*, 2019, 7: 17-40.
- [15] ZIDANE N, RODRIGUES C, BOUCHEZ V, et al. Accurate genotyping of three major respiratory bacterial pathogens with ONT R10.4.1 long-read sequencing [J]. *Genome Research*, 2025, 35(8): 1758-1766.
- [16] HAI D M, YEN D T, LIEM P T, et al. A high-quality genome assembly of striped catfish (*Pangasianodon hypophthalmus*) based on highly accurate long-read HiFi sequencing data [J]. *Genes*, 2022, 13(5): 923.
- [17] ARIEL O, BROUARD J S, MARETE A, et al. Genome-wide association analysis identified both RNA-seq and DNA variants associated to paratuberculosis in Canadian Holstein cattle in vitro experimentally infected macrophages [J]. *BMC Genomics*, 2021, 22(1): 162.
- [18] SUNDARAM A, TENGS T, GRIMHOLT U. Issues with RNA-seq analysis in non-model organisms: a salmonid example [J]. *Developmental and Comparative Immunology*, 2017, 75: 38-47.
- [19] SAHOO L, DAS P, SAHOO B, et al. The draft genome of *Labeo catla* [J]. *BMC Research Notes*, 2020, 13(1): 411.
- [20] LIU T F, LUO C L, MA J, et al. High-throughput sequencing with the preselection of markers is a good alternative to SNP chips for genomic prediction in broilers [J]. *Frontiers in Genetics*, 2020, 11: 108.
- [21] WANG K Q, YANG B, LI Q, et al. Systematic evaluation of genomic prediction algorithms for genomic prediction and breeding of aquatic animals [J]. *Genes*, 2022, 13(12): 2247.
- [22] 桂建芳, 包振民, 张晓娟. 水产遗传育种与水产种业发展战略研究 [J]. *中国工程科学*, 2016, 18(3): 8-14.
- [23] 李玉姣, 郭健敏, 黄远铿, 等. 斑马鱼在药理毒理研究中的应用进展 [J]. *中南药学*, 2024, 22(10): 2725-2728.
- [24] SONG H L, HU H X. Strategies to improve the accuracy and reduce costs of genomic prediction in aquaculture species [J]. *Evolutionary Applications*, 2021, 15(4): 578-590.
- [25] SCHEBEN A, VERPAALLEN B, LAWLEY C T, et al. CropSNPdb: a database of SNP array data for Brassica crops and hexaploid bread wheat [J]. *The Plant Journal: for Cell and Molecular Biology*, 2019, 98(1): 142-152.
- [26] SONG H L, WANG X, GUO Y, et al. G × EBLUP: a novel method for exploring genotype by environment

- interactions and genomic prediction [J]. *Frontiers in Genetics*, 2022, 13: 972557.
- [27] VALLEJO R L, CHENG H, FRAGOMENI B O, et al. Genome-wide association analysis and accuracy of genome-enabled breeding value predictions for resistance to infectious hematopoietic necrosis virus in a commercial rainbow trout breeding population [J]. *Genetics Selection Evolution*, 2019, 51(1): 47.
- [28] ZHOU Q, SU Z C, LI Y Z, et al. Genome-wide association mapping and gene expression analyses reveal genetic mechanisms of disease resistance variations in *Cynoglossus semilaevis* [J]. *Frontiers in Genetics*, 2019, 10: 1167.
- [29] VU S V, GONDRO C, NGUYEN N T H, et al. Prediction accuracies of genomic selection for nine commercially important traits in the Portuguese oyster (*Crassostrea angulata*) using DArT-Seq technology [J]. *Genes (Basel)*, 2021, 12(2): 210.
- [30] ZHU Y A, ZHOU D Y, SHEN Y J, et al. Integrative QTL mapping and transcriptomic profiling to identify growth-associated QTL and candidate genes in Hong Kong Catfish (*Clarias fuscus*) [J]. *Animals: an open access journal from MDPI*, 2025, 15(12): 1707.
- [31] YOSHIDA G M, LHORENTE J P, CORREA K, et al. Genome-wide association study and cost-efficient genomic predictions for growth and fillet yield in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) [J]. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 2019, 9(8): 2597–2607.
- [32] 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.
- [33] ASHTON D T, RITCHIE P A, WELLENREUTHER M. High-density linkage map and QTLs for growth in snapper (*Chrysophrys auratus*) [J]. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 2019, 9(4): 1027–1035.
- [34] 王婷, 黄智慧, 马爱军, 等. 基于转录组数据的大菱鲆 (*Scophthalmus maximus*) SNP 标记开发及多态性分析 [J]. *海洋与湖沼*, 2014, 45(6): 1300–1307.
- [35] 唐立群, 肖层林, 王伟平. SNP 分子标记的研究及其应用进展 [J]. *中国农学通报*, 2012, 28(12): 154–158.
- [36] SALEM M, AL-TOBASEI R, ALI A, et al. Genome-wide association analysis with a 50K transcribed gene SNP-Chip identifies QTL affecting muscle yield in rainbow trout [J]. *Frontiers in Genetics*, 2018, 9: 387.
- [37] BEMARD M, DEHAULLON A, GAO C, et al. Development of a high-density 665 K SNP array for rainbow trout genome-wide genotyping [J]. *Frontiers in Genetics*, 2022, 13: 941340.
- [38] AL-TOBASEI R, ALI A, GARCIA ANDRE L S, et al. Genomic predictions for fillet yield and firmness in rainbow trout using reduced-density SNP panels [J]. *BMC Genomics*, 2021, 22: 92.
- [39] PEÑALOZA C, ROBLEDO D, BARRÍA A, et al. Development and validation of an open access SNP array for Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) [J]. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 2020, 10(8): 2777–2785.
- [40] KYRIAKIS D, KANTERAKIS A, MANOUSAKI T, et al. Scanning of genetic variants and genetic mapping of phenotypic traits in Gilthead Sea Bream through ddRAD sequencing [J]. *Frontiers in Genetics*, 2019, 10: 675.
- [41] GRIOT R, ALLAL F, PHOCAS F, et al. Optimization of genomic selection to improve disease resistance in two marine fishes, the European Sea Bass (*Dicentrarchus labrax*) and the Gilthead Sea Bream (*Sparus aurata*) [J]. *Frontiers in Genetics*, 2021, 12: 665920.
- [42] NOUSIAS O, OIKONOMOU S, MANOUSAKI T, et al. Linkage mapping comparative genome analysis and QTL detection for growth in a non-model teleost the meagre *Argyrosomus regius* using ddRAD sequencing [J]. *Scientific Reports*, 2022, 12: 53012019.
- [43] CHEN L, PENG W Z, KONG S N, et al. Genetic mapping of head size related traits in common carp (*Cyprinus carpio*) [J]. *Frontiers in Genetics*, 2018, 9: 448.
- [44] SHI Y, ZHOU Z X, LIU B, et al. Construction of a high-density genetic linkage map and QTL mapping for growth-related traits in *Takifugu bimaculatus* [J]. *Marine Biotechnology*, 2020, 22(1): 130–144.
- [45] CHEN Y H, HUANG J T, JIN Z, et al. QTL mapping of growth traits in yellow river carp (*Cyprinus carpio haematopterus*) at 5–17 months after hatching [J]. *Fishes*, 2023, 8(2): 79.
- [46] PALTÍ Y, VALLEJO R L, PURCELL M K, et al. Genome-wide association analysis of the resistance to infectious hematopoietic necrosis virus in two rainbow trout aquaculture lines confirms oligogenic architecture with several moderate effect quantitative trait loci [J]. *Frontiers in Genetics*, 2024, 15: 1394656.
- [47] YAMAGUCHI T, DIJKSTRA J M. Major histocompatibility complex (MHC) genes and disease resistance in fish [J]. *Cells*, 2019, 8(4): 378.
- [48] KARAMI A M, ODEGARD J, MARANA M H, et al. A

- major QTL for resistance to *Vibrio anguillarum* in rainbow trout[J]. *Frontiers in Genetics*, 2023, 65: 28.
- [49] 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.
- [50] STURM A, CARMONA-ANTOÑANZAS G, HUMBLE J L, et al. QTL mapping provides new insights into emamectin benzoate resistance in salmon lice, *Lepeophtheirus salmonis*[J]. *BMC Genomics*, 2024, 25: 1212.
- [51] ZHOU Q, GUO X Y, HUANG Y, et al. De novo sequencing and chromosomal-scale genome assembly of leopard coral grouper, *Plectropomus leopardus* [J]. *Molecular Ecology Resources*, 2020, 20(5): 1403–1413.
- [52] BIAN L, LI F H, GE J L, et al. Chromosome-level genome assembly of the greenfin horse-faced filefish (*Thamnaconus septentrionalis*) using Oxford Nanopore PromethION sequencing and Hi-C technology [J]. *Molecular Ecology Resources*, 2020, 20(4): 1069–1079.
- [53] GONG Y, LI Y F, LIU X X, et al. A review of the pangenome: how it affects our understanding of genomic variation, selection and breeding in domestic animals[J]. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 2023, 14(1): 73.
- [54] NGUINKAL J A, ZOCLANCLOUNON Y A B, BRUNNER R M, et al. Haplotype-resolved and near-T2T genome assembly of the African catfish (*Clarias gariepinus*)[J]. *Scientific Data*, 2024, 11: 1095.
- [55] LIU F, LI Y, WANG G S, et al. The telomere-to-telomere gapless genome of grass carp provides insights for genetic improvement[J]. *Gigascience*, 2025, 14: giaf059.
- [56] HE R S, ZHAO R, LIN J J, et al. Construction of the graph genomes of *Takifugu* provides novel insights into the genomic mechanisms of population structure and migratory traits[J]. *BMC Biology*, 2025, 23: 195.
- [57] WU H G, WANG M X, ZHENG Y H, et al. Droplet-based high-throughput 3D genome structure mapping of single cells with simultaneous transcriptomics[J]. *Cell Discovery*, 2025, 11(1): 8.
- [58] 江诗雨,汪洋,周莉,等.多倍体银鲫 F 系 *bmp15* 不同等位基因的分子特征、基因组结构和表达模式[J]. *水生生物学报*, 2020, 44(3): 518–527.
- [59] 唐智慧,殷艳慧,潘晓赋,等.软鳍新光唇鱼 *MC4R* 基因多态性与生长性状关联性分析[J]. *渔业研究*, 2025, 47(1): 1–10.
- [60] 郑先虎,匡友谊,吕伟华,等.水产生物基因组研究进展与趋势[J]. *水产学报*, 2019, 43(1): 15–35.
- [61] SONG B X, SANG Q, WANG H, et al. Complement genome annotation lift over using a weighted sequence alignment strategy [J]. *Frontiers in Genetics*, 2019, 10: 1046.
- [62] MASTROCHIRICO-FILHO V A, BORGES C H S, FREITAS M V, et al. Development of a SNP linkage map and genome-wide association study for resistance to *Aeromonas hydrophila* in pacu (*Piaractus mesopotamicus*) [J]. *BMC Genomics*, 2020, 21: 672.
- [63] JIANG Y L, LU J G, PEATMAN E, et al. A pilot study for channel catfish whole genome sequencing and de novo assembly[J]. *BMC Genomics*, 2011, 12: 629.
- [64] YUAN Z, ZHOU T, BAO L S, et al. The annotation of repetitive elements in the genome of channel catfish (*Ictalurus punctatus*) [J]. *PLoS One*, 2018, 13 (5): e0197371.
- [65] WANG Z Z, WANG Z T, WANG W L, et al. Effects of different farming modes on growth and intestinal microbial community[J]. *Microorganisms*, 2024, 12(6): 1082.
- [66] MAIA CORDEIRO C, DA SILVA MOIA G, DE OLIVEIRA M S, et al. BioPipeline Creator—a user-friendly Java-based GUI for managing and customizing biological data pipelines[J]. *Scientific Reports*, 2024, 14: 16572.
- [67] YU X F, FAGGION S, LIU Y X, et al. Role of multi-omics in aquaculture genetics and breeding: current status and future perspective[J]. *Science China Life Sciences*, 2025, 68(9): 2591–2604.
- [68] ZHANG W Y G, ZHANG X, TENG F F, et al. Research progress and the prospect of using single-cell sequencing technology to explore the characteristics of the tumor microenvironment [J]. *Genes & Diseases*, 2024, 12 (1): 101239.
- [69] 于红,林茜,李琪.单细胞 RNA 测序技术在水产养殖动物上的应用[J]. *水产学报*, 2024, 48(4): 049101.
- [70] DANIELS R R, TAYLOR R S, ROBLEDO D, et al. Single cell genomics as a transformative approach for aquaculture research and innovation [J]. *Reviews in Aquaculture*, 2023, 15(4): 1618–1637.
- [71] NATNAN M E, MAYALVANAN Y, JAZAMUDDIN F M, et al. Omics strategies in current advancements of infectious fish disease management[J]. *Biology*, 2021, 10: 1086.
- [72] ANDERSEN L K, THOMPSON N F, ABERNATHY J W, et al. Advancing genetic improvement in the omics era:

- status and priorities for United States aquaculture [J]. *BMC Genomics*, 2025, 26: 155.
- [73] WANG X, POWELL C A, MA Q, et al. Clinical and translational mode of single-cell measurements: an artificial intelligent single-cell [J]. *Clinical and Translational Medicine*, 2024, 14(9): e1818.
- [74] GAO X X, CHEN K, XIONG J, et al. The P10K database: a data portal for the protist 10 000 genomes project [J]. *Nucleic Acids Research*, 2024, 52(D1): D747–D755.
- [75] VANDEREYKEN K, SIFRIM A, THIENPONT B, et al. Methods and applications for single-cell and spatial multi-omics [J]. *Nature Reviews (Genetics)*, 2023, 24(8): 494–515.
- [76] GUO X, PURITZ J B, WANG Z, et al. Development and evaluation of high-density SNP arrays for the eastern oyster *Crassostrea virginica* [J]. *Marine Biotechnology*, 2023, 25(1): 174–191.
- [77] ZHANG Y N, JIANG S F, QIAO H, et al. Transcriptome analysis of five ovarian stages reveals gonad maturation in female *Macrobrachium nipponense* [J]. *BMC Genomics*, 2021, 22: 510.
- [78] LILLEHAMMER M, BANGERA R, SALAZAR M, et al. Genomic selection for white spot syndrome virus resistance in white leg shrimp boosts survival under an experimental challenge test [J]. *Scientific Reports*, 2020, 10: 20571.
- [79] TSAI H Y, HAMILTON A, TINCH A E, et al. Genomic prediction of host resistance to sea lice in farmed Atlantic salmon populations [J]. *Genetics Selection Evolution*, 2016, 48(1): 47.
- [80] VALENZA-TROUBAT N, HILARIO E, MONTANARI S, et al. Evaluating new species for aquaculture: a genomic dissection of growth in the New Zealand silver trevally (*Pseudocaranx georgianus*) [J]. *Evolutionary Applications*, 2021, 15(4): 591–602.