

李青,曹玉兰,李丽娟,等. 中华绒螯蟹在低温胁迫下的转录组 SNP 位点识别及其功能分析[J]. 江苏农业科学,2024,52(21):197-203.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2024.21.025

# 中华绒螯蟹在低温胁迫下的转录组 SNP 位点识别及其功能分析

李青<sup>1,2</sup>,曹玉兰<sup>2</sup>,李丽娟<sup>2</sup>,葛传龙<sup>1,2</sup>

(1. 贵州省典型高原湿地生态保护与修复重点实验室,贵州毕节 551700; 2. 贵州工程应用技术学院生态工程学院,贵州毕节 551700)

**摘要:**为深入探究低温环境对中华绒螯蟹(*Eriocheir sinensis*)转录组的影响,特别关注 SNP 标记位点及其关联基因 SNP - Unigene 在低温胁迫条件下的作用。选择在低温环境和原产地条件下饲养的中华绒螯蟹作为研究对象,利用 Illumina 平台对其肝胰腺进行转录组测序。使用 SOAPsnp 软件对测序数据进行 SNP 位点检测,并对这些 SNP - Unigene 进行 GO、KOG 和 KEGG 数据库的比对及功能注释。结果表明,在中华绒螯蟹中共发现了 429 684 个 SNP 位点,这些位点分散在 22 249 条 SNP - Unigene 上。SNP 位点的突变类型有 12 种,其中转换 SNP 位点远远多于颠换 SNP 位点,而其中又以 C - T 类型的突变数量最为显著。功能分析结果显示,在低温胁迫下,中华绒螯蟹的 SNP - Unigene 主要涉及细胞活动、代谢途径和信号传递等关键生物学过程,尤其是与能量代谢相关的路径。进一步研究筛选出了 599 条 SNP - Unigene 被注释到了磷脂酰肌醇 3 - 激酶信号通路等 26 条与信号转导相关的通路中,以及 315 条 SNP - Unigene 被注释到了趋化因子信号通路等 22 条与免疫相关的通路中。本研究为未来深入探讨中华绒螯蟹在低温胁迫条件下的分子机制提供了重要的理论依据和基础材料。

**关键词:**中华绒螯蟹;低温胁迫;转录组测序;单核苷酸多态性;功能分析

**中图分类号:**S917 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2024)21-0197-07

中华绒螯蟹(*Eriocheir sinensis*),别称河蟹,是我国一种重要的淡水经济品种。随着消费市场的不断扩大,中华绒螯蟹的养殖区域已经从传统的江浙地区逐渐扩展到全国范围,包括云南、贵州、河北等地<sup>[1]</sup>。然而,作为变温动物,水温对其生长、发育、繁殖、抗病能力、摄食和蜕壳等生理过程具有显著影响。研究表明,中华绒螯蟹在不同水温下的摄食行为差异明显。在 5 ~ 10 °C 的低温环境中,蟹几乎不进食;在 20 ~ 26 °C 时,其摄食量达到最高水平;而当水温超过 35 °C 时,蟹的摄食活动几乎停止。水温也对其蜕壳和生长过程产生重要影响,通常在 19 ~ 25 °C 的适宜温度下,中华绒螯蟹能够正常蜕壳和生长,但在低于 10 °C 或高于 30 °C 的条件下,生长和蜕壳会受到抑制。此外,剧烈的水温变化同样会影响其生长,尤其对幼蟹的影响更加显著<sup>[2-4]</sup>。尽管已有许多研究探讨了水温对中华绒螯蟹生长及发育

的影响,但低温胁迫对其生理生化机制的具体作用仍不明确。因此,深入研究低温胁迫如何影响中华绒螯蟹的生理生化反应,特别是其生长、发育与适应能力,将有助于优化养殖管理,提高养殖效益。

单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism,简称 SNP)是指基因组中因单个核苷酸的变化而导致的 DNA 序列变异,主要包括碱基的颠换和转换。SNP 具有数量众多、分布广泛和遗传稳定性高等特点,是最常见的可遗传变异形式,也是生物进化的重要途径<sup>[5-7]</sup>。相较于其他分子标记技术,如限制性片段长度多态性(restriction fragment length polymorphism,简称 RFLP)、随机扩增多态性 DNA(random amplified polymorphic DNA,简称 RAPD)和简单重复序列(simple sequence repeat,简称 SSR),SNP 标记法因其检测自动化、成本低廉和高效性等优势,已被广泛应用于种质资源评估、遗传图谱的建立、基因定位、遗传育种以及人类疾病预防等多个研究领域<sup>[8-12]</sup>。随着测序技术的进步,转录组测序在筛选和识别特定性状 SNP 位点方面逐渐成为有效工具<sup>[5]</sup>。目前,已有多项研究利用转录组测序筛选 SNP 位点,涉及多个经济甲壳类,如凡纳滨对虾(*Litopenaeus vannamei*)、拟穴青蟹

收稿日期:2024-05-27

基金项目:贵州省教育厅科技拔尖人才项目(编号:黔教技[2022]096);毕节市揭榜挂帅项目(编号:毕科合重大专项字[2021]1);毕节市科学技术项目(编号:毕科联合字[2023]48)。

作者简介:李青(1989—),女,山西临汾人,博士,副教授,研究方向为水生生物学。E-mail:liqingdream@163.com。

(*Scylla paramamosain*)、罗氏沼虾 (*Macrobrachium rosenbergii*)、脊尾白虾 (*Exopalaemon carinicauda*)、方斑东风螺 (*Babylonia areolata*) 和三疣梭子蟹 (*Portunus trituberculatus*) 等<sup>[13-17]</sup>。然而,关于中华绒螯蟹的相关研究尚显不足,现有文献仅涉及 MIH 基因 SNP 多态性及其与性早熟的关系,以及与生长性状相关的 SNP 位点筛选等方面<sup>[18-19]</sup>。至于中华绒螯蟹在低温胁迫下的 SNP 位点挖掘和功能注释,目前尚无相关报道。

本研究以不同水温条件下养殖的中华绒螯蟹肝胰腺转录组测序数据为基础,筛选出大量 SNP 位点,并通过功能注释和通路分析探讨这些 SNP 位点所在基因的潜在功能。以期中华绒螯蟹适应低温环境及相关性状的分子标记开发提供基础,为未来研究中华绒螯蟹响应低温胁迫的分子机制和耐低温品系的遗传选育提供理论依据和数据支持。

## 1 材料与方 法

### 1.1 试验材料

2022 年 10 月,分别从贵州省毕节市(27.15°N, 104.94°E;年平均气温约为 12.5 °C,平均海拔约为 1 600 m)和江苏省苏州阳澄湖(31.38°N,120.98°E;年平均气温约为 18 °C,平均海拔约 2 m)的养殖基地采集了正常发育并性成熟的二龄雌性中华绒螯蟹。这些样本被分为低温处理组(TL)和对照组(TC),每组各有 15 只。测量雌蟹的形态学指标,并采集其肝胰腺组织,随后将样品迅速冷冻于液氮中,并储存于 -80 °C 冰箱中以备转录组学分析使用。

### 1.2 转录组测序

试验样品送至北京诺禾致源科技股份有限公司进行转录组测序。首先,使用 TRIzol 试剂提取总 RNA,并通过 Agilent 2100 Bioanalyzer 检测 RNA 的完整性。接着,利用附有多聚 T 寡核苷酸的磁珠从总 RNA 中提取 mRNA。每组构建 3 个转录组文库,文库的 RNA 样本由 5 只雌蟹的肝胰腺 RNA 等量混合而成,随后进行 Illumina 测序以获得原始读取数据(raw reads)。在去除含接头序列和低质量数据后,获得读取数据(clean reads)。最后,使用 Trinity 软件对 clean reads 进行拼接,得到转录本序列。

### 1.3 SNP 位点检测及其所在 Unigene 的注释与功能分析

使用 SAMtools 和 picard-tools 对测序结果进行染色体坐标排序,并去除重复的 reads。通过 SAMtools/

BCFtools 进行 SNP Calling,对样本数据进行变异位点分析;统计 SNP 位点的数量及其分布情况。通过诺禾生物云平台(<https://magic.novogene.com/customer/main#/homeNew>)提供的生物信息学工具,将 SNP 位点的基因序列与 GO、KOG 和 KEGG 数据库进行比对,以获得 SNP-Unigene 序列的功能注释,并进一步筛选出与信号转导和免疫相关的 KEGG 通路<sup>[8]</sup>。

## 2 结果与分析

### 2.1 SNP 位点分析

使用 SOAPsnp 软件对转录组数据进行了分析(表 1),共识别出 429 684 个 SNP 位点,这些位点分布在 22 249 条 Unigene 中。其中,TL 组识别到 224 565 个 SNP 位点,而 TC 组则发现了 205 119 个 SNP 位点。在所有识别的 SNP 中,有 218 713 个被归类为纯合 SNP,TL 组中有 115 606 个纯合 SNP,而 TC 组则包含 103 107 个纯合 SNP。

表 1 SNP 位点数量

项目	SNP-Unigene 数量(条)	SNP 位点总数(个)	纯合 SNP 位点数量(个)
TL 组	11 569	224 565	115 606
TC 组	10 680	205 119	103 107
合计	22 249	429 684	218 713

根据 Unigene 中 SNP 位点的分布情况进行统计(图 1),在 TC、TL 组中,含有超过 10 个 SNP 位点的 Unigene 数量均超过总数的一半以上,分别占到总数的 52.55%、52.80%,其次为 2~10 个 SNP 位点的 Unigene,分别有 4 323、4 674 条,分别占总数的 40.48%、40.40%;而含有单个 SNP 位点的 Unigene 数量均最少,分别为 744、786 条,分别占总数的 6.97%、6.20%。

对 SNP 位点突变类型的分析结果(图 2)表明,在 TC 组中,颠换位点有 64 735 个,占总 SNP 位点的 31.56%;而转换位点则有 140 384 个,占 68.44%。在 TL 组中,颠换位点为 72 161 个,占 32.13%;转换位点为 152 404 个,占 67.87%。在 12 种核苷酸变异类型中,T-A 发生颠换的比例最高,分别占 SNP 位点总数的 18.52%(TC 组 11 987 个)和 17.37%(TL 组 12 537 个);而 C-T 的转换比例最高,分别占 SNP 位点总数的 29.55%(TC 组 41 485 个)和 29.76%(TL 组 45 360 个)。

### 2.2 SNP-Unigene 的注释与功能

与 GO 数据库的比对结果(图 3)表明,共计

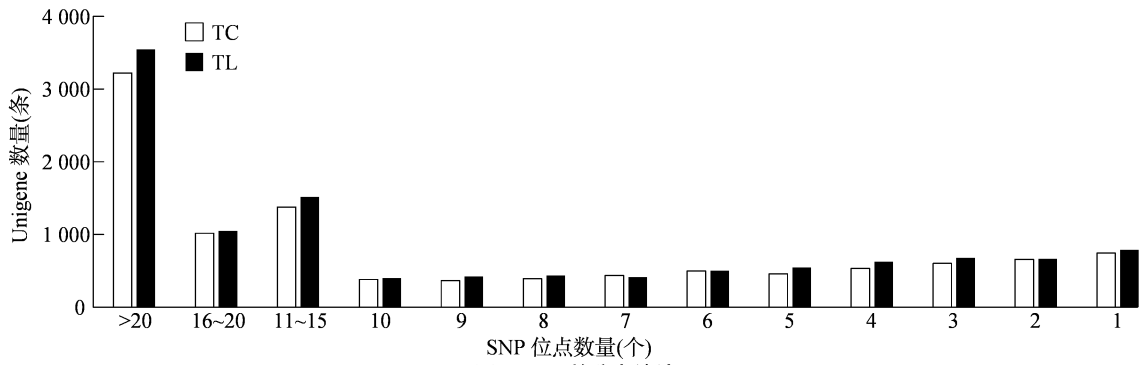


图1 SNP 的分布统计

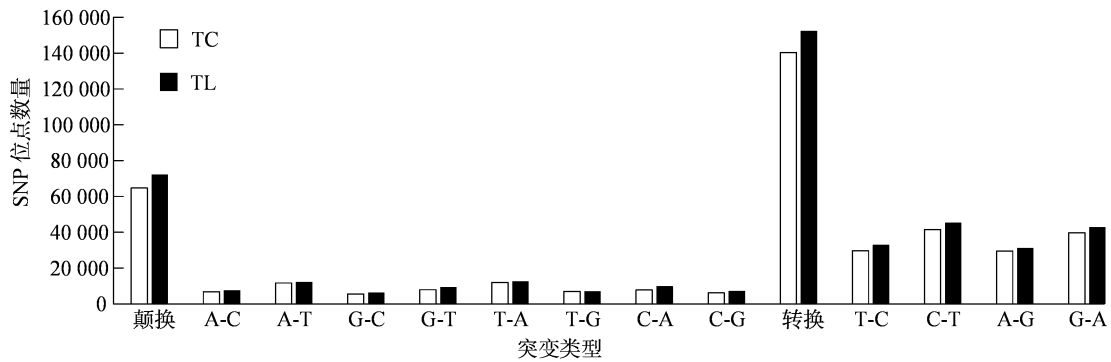


图2 SNP 突变类型分析

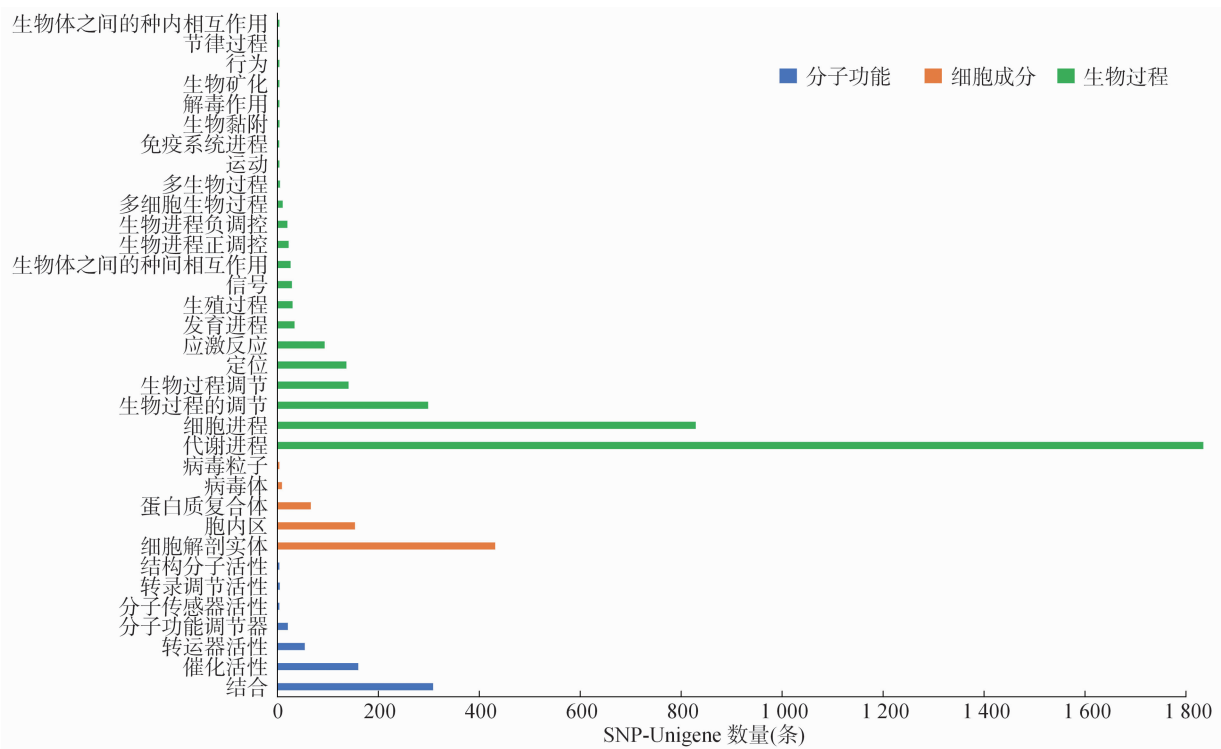


图3 SNP-Unigene GO 功能注释分析

4 736 条 SNP - Unigene 与 GO 条目相匹配,涵盖生物过程(biological process, BP) (74.41%)、细胞组分(cellular component, CC) (13.98%) 以及分子功能(molecular function, MF) (11.61%) 这 3 个主要功能

类别的 34 个亚类。在生物过程的分类中,涉及细胞过程和代谢过程的 SNP - Unigene 数量最多;在细胞组分中,参与细胞解剖实体和胞内区的 SNP - Unigene 数量较高;而在分子功能方面,涉及结合和

催化活性的 SNP - Unigene 数量最为丰富。

与 KOG 数据库的比对结果显示,共有 2 532 条 SNP - Unigene 成功匹配到 KOG 注释信息,并根据功能分为 26 类。其中,功能预测类占比最高,包含 360 条 SNP - Unigene,占被注释总数的 14.22%;其

次是信号转导机制,涉及 292 条 SNP - Unigene,占比 11.53%;翻译后修饰、蛋白质周转和蛋白质伴侣基因则位列第三,包含 235 条 SNP - Unigene,占比 9.28%(图 4)。

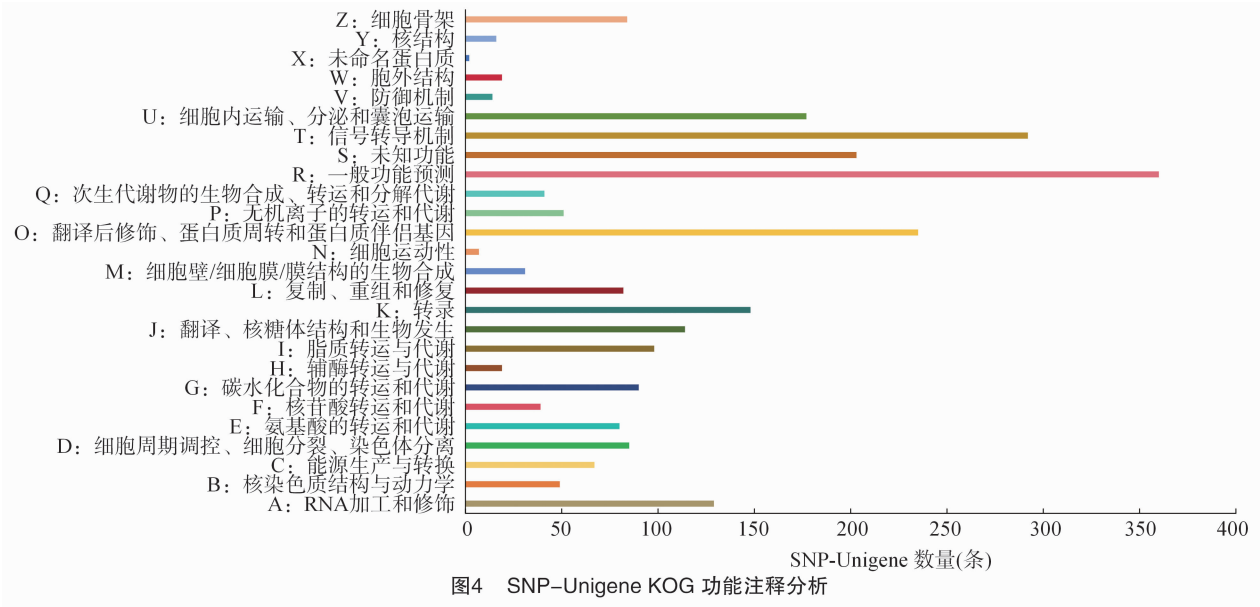


图4 SNP-Unigene KOG 功能注释分析

KEGG 数据库的注释结果显示,共有 263 条 SNP - Unigene 参与了环境信息处理、细胞过程、有机系统、遗传信息处理和代谢这五大类生化途径(图 5)。其中,信号转导相关的 SNP - Unigene 数量最多,共有 32 条;其次是免疫系统相关的 SNP - Unigene,有 22 条;内分泌系统相关的 SNP - Unigene

则排在第 3 位,数量为 16 条。

### 2.3 信号转导相关的 SNP - Unigene 富集及特异 SNP 位点

由表 2 可知,通过对 KEGG 信号通路进行富集分析,共有 599 条 SNP - Unigene 被注释到 26 条与信号转导相关的通路中。其中,注释到 PI3K - Akt

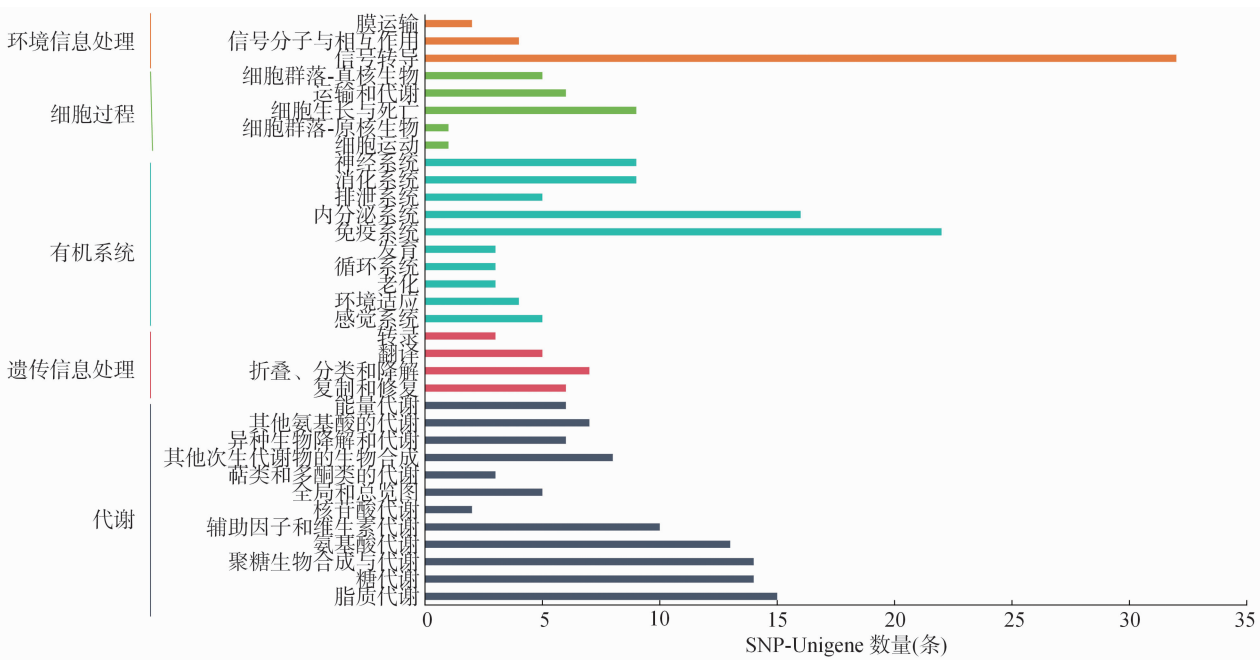


图5 SNP-Unigene KEGG 功能注释分析

表 2 信号转导相关 SNP - Unigene 的 KEGG 富集分析

信号转导相关 KEGG 信号通路	信号通路 ID	SNP - Unigene 数量(条)
磷脂酰肌醇 3 - 激酶信号通路	ko04151	50
丝裂原活化蛋白激酶信号通路	ko04010	38
Ras 信号通路	ko04014	37
哺乳动物雷帕霉素靶蛋白信号通路	ko04150	37
Sphingolipid 信号通路	ko04071	33
Wnt 信号通路	ko04310	31
Hippo 信号通路	ko04390	31
Rap1 信号通路	ko04015	30
环磷酸腺苷信号通路	ko04024	30
cGMP - PKG 信号通路	ko04022	23
腺苷酸活化蛋白激酶信号通路	ko04152	23
磷脂酶 D 信号通路	ko04072	22
FoxO 信号通路	ko04068	21
Apelin 信号通路	ko04371	21
ErbB 信号通路	ko04012	20
钙信号通路	ko04020	18
磷脂酰肌醇信号系统	ko04070	17
TNF 信号通路	ko04668	17
低氧诱导因子 1 信号通路	ko04066	16
Hedgehog 信号通路	ko04340	14
TGF - beta 信号通路	ko04350	14
VEGF 信号通路	ko04370	14
JAK - STAT 信号通路	ko04630	13
Notch 信号通路	ko04330	12
NF - kappa B 信号通路	ko04064	11
双组分系统	ko02020	6
合计		599

信号通路的 SNP - Unigene 数量最多,达 50 条;其次是 MAPK 信号通路,包含 38 条 SNP - Unigene; Ras 信号通路和 mTOR 信号通路各有 37 条 SNP - Unigene。

#### 2.4 免疫系统相关的 SNP - Unigene 富集及特异 SNP 位点

由表 3 可知,通过 KEGG 信号通路的富集分析,共有 315 条 SNP - Unigene 被注释到 22 条与免疫系统相关的通路中。其中,Chemokine 信号通路注释的 SNP - Unigene 数量最多,达到 33 条,其次是 NOD - like 受体信号通路,有 26 条;Toll 和 Imd 信号通路有 24 条,而 Fc gamma R 介导的吞噬作用则有 21 条。

### 3 讨论

#### 3.1 SNP 位点特征分析

SNP 标记作为一种先进的分子标记技术,因其具有更高的稳定性、准确性和重复性,在水产动物的研究中展现了广泛的应用潜力和前景。相比于

许多鱼类和贝类,甲壳类动物由于其染色体数量较多<sup>[20-21]</sup>,给 SNP 标记的开发带来了一定的挑战。然而,随着高通量测序技术的进步,转录组测序有效地克服了这些困难,为甲壳类动物的 SNP 标记开发提供了重要的支持。

本研究利用高通量测序技术,从中华绒螯蟹的 TL 和 TC 转录组数据中共鉴定出分布于 22 249 条 SNP - Unigene 序列上的 429 684 个 SNP 位点,其中转换型 SNP 位点占 67.87%,这一结果与在方斑东风螺和军曹鱼等物种上的研究<sup>[5-8]</sup>相似。SNP 碱基替换是推动基因突变及生物进化的重要因素<sup>[7]</sup>,主要包括颠换(如 A - T、C - G、A - C、T - G 的相互置换)和转换(如 A - G 和 T - C 的相互置换)2 种类型。理论上,SNP 中转换与颠换的比例应为 1 : 2,当转换与颠换的比例超过 0.5 时,称为“转换偏差”<sup>[22]</sup>。在本研究中,TL 和 TC 转录组中转换与颠换的 SNP 数量比值分别为 2.11 和 2.17,表明转换的比例显著高于颠换,符合“转换偏差”的现象。这

表 3 免疫系统相关 SNP - Unigene 的 KEGG 富集分析

免疫系统相关 KEGG 信号通路	信号通路 ID	SNP - Unigene 数量(条)
趋化因子信号通路	ko04062	33
NOD - like 受体信号通路	ko04621	26
Toll 和 Imd 信号通路	ko04624	24
Fc gamma R 介导的吞噬作用	ko04666	21
T 细胞受体信号通路	ko04660	20
孕激素介导的卵母细胞成熟	ko04914	20
Toll - like 受体信号通路	ko04620	16
白细胞跨内皮细胞迁移	ko04670	16
细胞质 DNA 感应通路	ko04623	15
血小板激活	ko04611	14
B 细胞受体信号通路	ko04662	14
长时程增强	ko04720	14
自然杀伤细胞介导的细胞毒性	ko04650	13
IL - 17 信号通路	ko04657	11
Th1 和 Th2 细胞分化	ko04658	11
Th17 细胞分化	ko04659	11
Fc epsilon RI 信号通路	ko04664	10
抗原加工与表达	ko04612	9
RIG - I - like 受体信号通路	ko04622	7
肾素 - 血管紧张素系统	ko04614	5
造血细胞谱系	ko04640	3
补体和凝血级联	ko04610	2
合计		315

一现象同样在三疣梭子蟹 (*Portunus trituberculatus*)、脊尾白虾 (*Exopalaemon carinicauda*)、中华鳖 (*Pelodiscus sinensis*)、军曹鱼 (*Rachycentron canadum*) 和大口黑鲈 (*Micropterus salmoides*) 等水产动物中得到证实<sup>[5,16-17,23-24]</sup>, 表明 SNP 位点的碱基突变并非随机生成, 可能与不同物种的生物碱基组成及其在进化过程中所承受的环境压力和选择机制有关<sup>[24]</sup>。在自然选择的过程中, 转换突变一般导致同义突变, 这也解释了为何 SNP 转换类型在蛋白编码序列中数量多于颠换类型<sup>[25]</sup>。此外, 本研究发现 C - T 转换在 12 种核苷酸变异类型中占比最高, 这一结果与大多数物种的研究一致, 可能是由于 CpG 二核苷酸中 5 - 甲基胞嘧啶容易发生脱氨基反应, 从而导致碱基 C 变为碱基 T<sup>[26]</sup>。

### 3.2 中华绒螯蟹对低温的适应性

水温对水生生物的适应性机制具有重要影响, 不同水域的温度和压力差异会促使水生动物形成本地适应性<sup>[27]</sup>。例如, 俞梦超研究发现, 不同海拔梯度下的裂腹鱼类在低温适应机制上存在差异<sup>[28]</sup>; 罗慧等则指出, 青海湖裸鲤在不同环境中形成了适应不同水温的特征<sup>[6]</sup>。本研究结果表明, 低温处理组与对照组的 SNP 数量和位置并不完全相同, 显示

中华绒螯蟹在低温环境下发生了 SNP 位点的变异, 可能形成了与低温环境相适应的本地适应性及分子机制。在对中华绒螯蟹的 SNP - Unigene 进行功能注释时, 结果显示在 22 249 条 SNP - Unigene 中, 分别有 4 736、2 532、263 条分别被注释到 GO、COG 及 KEGG 数据库。这些 SNP - Unigene 大多数参与了细胞过程、代谢过程和信号转导等机制, 尤其是与能量代谢相关的通路, 这些基因在中华绒螯蟹适应低温胁迫中发挥了关键作用。作为变温动物, 中华绒螯蟹可能通过体内的多种酶和代谢模式来应对低温胁迫, 利用储存的能量以适应环境变化, 因此能量的产生与转运显得尤为重要。KEGG 信号通路的富集分析发现, 脂质代谢 (lipid metabolism)、糖代谢 (carbohydrate metabolism)、聚糖生物合成与代谢 (glycan biosynthesis and metabolism), 以及氨基酸代谢 (amino acid metabolism) 等 4 条主要代谢通路均与能量代谢相关, 且会影响中华绒螯蟹的生长和免疫过程。为了深入研究中华绒螯蟹的信号转导和免疫防御机制, 本研究筛选出了 599 条与信号转导相关的 SNP - Unigene, 主要涉及 PI3K - Akt 信号通路、MAPK 信号通路、Ras 信号通路和 mTOR 信号通路等重要通路。同时, 筛选出 315 条与免疫防御

相关的 SNP - Unigene, 这些基因大部分被注释到趋化因子信号通路、NOD 样受体信号通路、Toll 和 Imd 信号通路以及 Fc gamma R 介导的吞噬作用等免疫信号通路中。这些筛选到的 SNP - Unigene 及其相关通路可能与中华绒螯蟹对低温胁迫的响应密切相关, 为深入研究其适应低温环境的分子机制奠定了基础。

#### 4 结论

本研究基于低温胁迫下中华绒螯蟹肝胰腺的高通量转录组测序数据, 鉴定出了 429 684 个 SNP 位点。通过对 22 249 条 SNP - Unigene 的序列比对与功能注释, 发现这些 SNP 位点所对应的基因与多种生物学过程密切相关。其中, 599 条和 315 条 SNP - Unigene 分别被注释到与信号转导和免疫防御相关的重要信号通路中。这些与低温胁迫响应相关的 SNP - Unigene 及其通路可能直接影响中华绒螯蟹对低温环境的适应能力。这一研究为深入探讨中华绒螯蟹在低温胁迫下的分子机制提供了重要的理论支持和基础材料。

#### 参考文献:

- [1] 彭涛, 张冬冬, 姜晓东, 等. 中华绒螯蟹“长荡湖 1 号”奇数年群体选育第二代的生长性能和养殖效果评估[J]. 中国水产科学, 2023, 30(10): 1177 - 1187.
- [2] 张凯军, 姜鹏飞, 王军, 等. 不同温度对中华绒螯蟹生长及肠道微生物菌群的影响[J]. 上海海洋大学学报, 2022, 31(2): 384 - 393.
- [3] 李志强. 温度变化对中华绒螯蟹生理功能的影响[D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2023.
- [4] 李春波, 沈晨晨, 冯广朋, 等. 中华绒螯蟹栖息地因子适宜范围的研究进展[J]. 海洋渔业, 2023, 45(6): 766 - 774.
- [5] 杨二军, 杨林桐, 王维政, 等. 军曹鱼响应低氧胁迫转录组 SNP 位点鉴定及其功能注释分析[J]. 海洋学报, 2022, 44(1): 113 - 124.
- [6] 罗慧, 匡箴, 罗颖, 等. 基于离散 SNP 位点解析青海湖裸鲤(*Gymnocypris przewalskii*)对水温和盐度的适应性[J]. 基因组学与应用生物学, 2023, 42(1): 25 - 33.
- [7] 赵辉, 李启寨, 李俊, 等. 相邻碱基组分与产生 SN 的转换或颠换在植物基因组中的研究[J]. 中国科学(生命科学), 2006, 36(1): 1 - 8.
- [8] 王菁, 刘付柏, 许尤厚, 等. 基于转录组测序的方斑东风螺单核苷酸多态性位点挖掘及功能注释[J]. 广东海洋大学学报, 2021, 41(1): 111 - 118.
- [9] Rafalski A. Applications of single nucleotide polymorphisms in crop genetics[J]. Current Opinion in Plant Biology, 2002, 5(2): 94 - 100.
- [10] Esteras C, Gómez P, Monforte A J, et al. High - throughput SNP genotyping in *Cucurbita pepo* for map construction and quantitative trait loci mapping[J]. BMC Genomics, 2012, 13: 80.
- [11] Wuttke M, Schaefer F, Wong C S, et al. Genome - wide association studies in nephrology; using known associations for data checks[J]. American Journal of Kidney Diseases, 2015, 65(2): 217 - 222.
- [12] Du Z Q, Ciobanu D C, Onteru S K, et al. A gene - based SNP linkage map for pacific white shrimp, *Litopenaeus vannamei* [J]. Animal Genetics, 2010, 41(3): 286 - 294.
- [13] 杨春玲, 陈慧芳, 彭敏, 等. 凡纳滨对虾转录组测序分析及肌肉生长发育相关基因的筛选[J]. 南方农业学报, 2021, 52(9): 2319 - 2328.
- [14] Yang Y N, Ye H H, Huang H Y, et al. Expression of *Hsp70* in the mud crab, *Scylla paramamosain* in response to bacterial, osmotic, and thermal stress[J]. Cell Stress and Chaperones, 2013, 18(4): 475 - 482.
- [15] 周晓敏, 孔嘉明, 戴习林. SNP 标记位点与罗氏沼虾生长性状的相关分析[J]. 南方农业学报, 2021, 52(8): 2284 - 2293.
- [16] 朱信轩, 戴琴, 段健诚, 等. 脊尾白虾线粒体基因组 SNP 位点的筛选及其特征分析[J]. 水产科学, 2021, 40(3): 387 - 393.
- [17] 张德宁, 吕建建, 刘萍, 等. 三疣梭子蟹生长相关 SNP 位点的鉴定[J]. 中国水产科学, 2015, 22(3): 393 - 401.
- [18] 殷悦, 徐宇, 唐刘秀, 等. 中华绒螯蟹蜕皮抑制激素基因单核苷酸多态性与性早熟的关联性分析[J]. 水产养殖, 2019, 40(1): 14 - 17, 22.
- [19] 陈义培, 吴廉, 陈晓雯, 等. 中华绒螯蟹 MSTN 基因 SNPs 多态性及与生长性状的关联分析[J]. 水生生物学报, 2018, 42(2): 293 - 299.
- [20] 张天澍. 罗氏沼虾多倍体育种的研究[D]. 武汉: 华中师范大学, 2003.
- [21] 刘磊. 三疣梭子蟹(*Portunus trituberculatus*)遗传连锁图谱的构建和生长相关性状 QTL 定位的研究[D]. 青岛: 中国海洋大学, 2014.
- [22] Collins D W, Jukes T H. Rates of transition and transversion in coding sequences since the human - rodent divergence [J]. Genomics, 1994, 20(3): 386 - 396.
- [23] 雷骆, 祝骏贤, 陈辰, 等. 基于转录组测序的中华鳖 SSR 和 SNP 特征分析及性别标记筛选[J]. 广东海洋大学学报, 2023, 43(1): 25 - 32.
- [24] 李胜杰, 白俊杰, 赵萃, 等. 大口黑鲈 EST - SNP 标记开发及其与生长性状的相关性分析[J]. 海洋渔业, 2018, 40(1): 38 - 46.
- [25] 国钰环, Naoki Y, 彭正松, 等. 基于转录组数据的三雌蕊小麦中 SNP /InDel 位点的挖掘[J]. 华北农学报, 2021, 36(5): 35 - 42.
- [26] Garg K, Green P, Nickerson D A. Identification of candidate coding region single nucleotide polymorphisms in 165 human genes using assembled expressed sequence tags[J]. Genome Research, 1999, 9(11): 1087 - 1092.
- [27] 曾本和, 张怵怵, 牟振波, 等. 3 种西藏土著鱼类幼鱼水温耐受性的初步研究[J]. 水产科学, 2019, 38(1): 115 - 118.
- [28] 俞梦超. 通过裂腹鱼类的转录组比较分析揭示青藏高原鱼类的适应性进化[D]. 上海: 上海海洋大学, 2017.