文章编号:1000-0615(2018)01-0029-10

DOI: 10.11964/jfc.20161210644

M、F型COII基因在雌雄三角帆蚌不同发育时期的 表达差异研究

陈 亚', 王雅昱', 汪桂玲^{1,2*}, 何方殊¹, 李家乐^{1,2}

(1. 上海海洋大学农业部淡水水产种质资源重点实验室,上海 201306;2. 上海市水产养殖工程技术研究中心,上海 201306)

摘要:与传统的母系遗传不同,双壳贝类线粒体有M和F型2种mtDNA,称为双单亲遗传(doubly uniparental inheritance, DUI)。为了探究DUI的形成机制,实验利用RACE方法得到 三角帆蚌M、F-type COII基因的cDNA全长;荧光定量检测各时期各组织中M、F-type COII基因的表达。结果发现,①M-type COII基因的cDNA序列全长1244 bp,F-type COII基因的cDNA序列全长808 bp,M型3'端较F型有一段546 bp的特异性延长序列;跨膜 结构预测显示M-type COII基因3'特异性延伸区域有4个跨膜结构,推测这段延伸序列具 有一定的功能性;②早期幼龄(胚胎期-5月龄)三角帆蚌的组织团中,M、F-type COII基 因均能检测出,且同时期中F-type COII基因的表达量显著高于M-type COII;③6月龄蚌 各组织中,F-type COII基因在各组织中表达量明显高于M型的表达量,而M-type COII基因在性腺中表达明显高于其他组织;④一龄雌性各组织中,M、F-type COII基因 均有表达;而一龄雄性各组织中,M-type COII基因仅在性腺中表达;⑤二龄雌性各组 织中,M、F-type COII基因均有表达;二龄雄性各组织中,F-type COII基因除性腺外的 其他组织中均有低量表达,M-type COII基因仅在性腺中表达,且表达量较高。研究表 明,在三角帆蚌雌雄个体发育过程中,M-type mtDNA在组织中选择性降解或聚集。 关键词:三角帆蚌;双单亲遗传;COII基因;表达差异

中图分类号:Q785; S917.4

大多数生物的线粒体基因(mtDNA)都遵循严 格的母系遗传^[1](strict maternal inheritance, SMI), 但是在Donacidae, Hyriidae, Mytilidae, Solenidae, Margaritiferidae, Unionidae和Veneridae^[2-5] 等双壳类生物中有两种线粒体遗传方式,一种 通过精子(M-type)传递,另一种通过卵子(Ftype)传递。F-type mtDNA通过雌性亲本传给雌或 雄性后代,而M-type mtDNA通过雄性亲本传给 雄性后代^[6]。所以在性成熟的雌性个体中只有Ftype mtDNA表达,因此雌性具有同质性;在性成 熟的雄性个体中M、F-type mtDNA都有表达,因此 雄性具有异质性,这种有别于母系遗传的mtDNA

文献标志码:A

传递方式称为双重单亲遗传^[7](doubly uniparental inheritance, DUI)。

目前已发现DUI现象广泛存在于海洋贻贝 科、海洋帘蛤科和淡水珠蚌中,其线粒体基因 组中的单基因COII在雌、雄个体中存在较大的 差异。M-type COII基因上有一段特异性的功能 延伸区域^[8-9],该特异性延长片段可作为鉴别M、 F-typemtDNA的一种分子标记,因此COII基因被作为 指示基因用于研究DUI形成的相关机制等问题^[10]。 Helene等^[7,11]研究证明,淡水蚌类的M、F-type COII基因核苷酸序列多态性存在显著差异,Ftype COII 5′端相似性较高,M-type COII 相似性

收稿日期: 2016-12-15 修回日期: 2017-03-29

资助项目:国家自然科学基金(31772835);上海市教委科研创新重点项目(13ZZ128);上海高校知识服务平台项目(ZF1206) 通信作者: 汪桂玲, E-mail: glwang@shou.edu.cn

较低。免疫荧光染色检测结果显示,淡水蚌V.ellipsiformis中M-type COII在雄性性腺、雌性性腺的滤 泡壁、卵胞质以及卵母细胞的细胞核均表达^[12-13]; 海洋贻贝中仅在雄性性腺中检测到M-type COII的表达^[14]。Chakrabarti^[15]利用Western-Blot检 测到M-type COII蛋白C端延长的存在,并且在精 巢中M-type COII蛋白优先表达,在雌性组织中 无M-type COII蛋白表达,证明M-type COII 基因 在雄性生殖中有一定的作用。

三角帆蚌(Hyriopsis cumingii)在珍珠养殖产 业中占有较大比重,产量占淡水珍珠总产量的 80%^[16],具有和其他淡水蚌类相同的生长发育周 期(胚胎、钩介幼虫、稚蚌、幼蚌和成蚌)^[17]。三 角帆蚌的性别对产珠性能存在一定影响,雄蚌 所产珍珠在总重、粒重和直径上都优于雌蚌, 表现出良好的育珠性能^[18]。本实验室前期研究工 作表明三角帆蚌具有M、F-type 2种线粒体基因 组^[19],在此基础上本研究通过M、F-type COII 基 因在三角帆蚌不同发育阶段的表达差异来研究 DUI可能的形成机制及其与性别的关系,具有一 定的理论价值和实践意义。

1 材料与方法

1.1 实验材料

三角帆蚌采自浙江省武义三角帆蚌养殖基 地,按照发育时间分别取胚胎、钩介幼虫、稚 蚌、幼蚌和成蚌若干。RNAsimple Total RNA Kit、FastQuant RT Kit (With gDNase)、SuperReal PreMix Plus (SYBR Green)等试剂购于天根生化(北 京)有限公司。SMART RACE cDNA Amplification Kit购于Clontech公司。

1.2 实验方法

三角帜蚌RNA制备 胚胎期至5月龄个体较小, 仅取性腺部位的组织团; 6月龄取肝、 鳃、斧足、外套膜和性腺组织; 1龄和2龄分别取 肝、鳃、肾、斧足、外套膜和性腺组织, 按照 RNAsimple Total RNA Kit试剂说明书提取RNA, 所得RNA样品经电泳和分光光度计检测合格后 于-80°C保存。

M、F-type COII基因的克隆 分别提取二 龄雌、雄三角帆蚌的性腺组织总RNA,利用 SMART RACE cDNA Amplification Kit反转录获得 cDNA模板。根据三角帆蚌外套膜cDNA文库中已 标注的EST序列,设计特异性引物F-3、F-5、M-3 和M-5(表1),通过RACE方法,参照SMART RA-CE cDNA Amplification Kit说明书进行实验。所得 PCR产物纯化连接后转化到E.coli DH5α中,挑选 阳性克隆送生工(上海)测序。测序拼接的序列在 NCBI上验证后,使用ORF Finder (http://www. ncbi.nlm.nih.gov/projects/gorf/)^[20]确定开放阅读框 (ORF), Protparam分析各物理参数,TMHMM (http:// www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM)预测跨膜结构。

荧光定量PCR实验 将符合标准的RNA按 照FastQuant RT Kit (With gDNase)的说明书进行反 转,获得cDNA。根据三角帆蚌M、F-type CO II 基因的cDNA序列分别设计特异性引物FC-F、FC-R和MC-F和MC-R (表1),并以Elongation factor 1alpha (EF1 α)做为内参基因^[21],使用SuperReal Pre-Mix Plus (SYBR Green)荧光定量试剂盒检测M、 F-type CO II 在各时期、各组织中的表达量。反应 体系为: SYBR 10 μ L,模板1.6 μ L,引物各0.8 μ L, ddH₂O 6.8 μ L,反应条件为:95 °C预变性30 s;

Tab. 1Primers used in this study				
引物 primer	引物序列 sequence (5'to 3')	温度/°C annealing temperature	产物 product	
F-3	AATCTCCCTACACTGCCCAAAC	54	F- <i>CO</i> Ⅱ 3' RACE	
F-5	CATATGAGCTTTTTGAGGTC	58	F-COⅡ 5' RACE	
M-3	ACGGGCAGTGTAGTGAGTTATG	54	M- <i>CO</i> I 3' RACE	
M-5	ATGAGCTTATGGGGTCAAAT	60	M-CO II 5' RACE	
FC-F	TGGAGGTGGATAATCGGTGTG	58	F-type COⅡ基因序列	
FC-R	TAGAGGAAGAGCCCAAGCAT		F-type CO II sequence II	
MC-F	CACATAACTCACTACACTGCCCG	58	M-type COⅡ基因序列	
MC-R	GTTGTTGGAGGTGGATAATCGA		M-type CO II sequence	

表1 实验中的引物序列

95 °C 5 s, 58 °C 30 s, 72 °C 50 s, 40 cycles, 实验得到的数据用2^{-△△Ct}法处理后绘制矩形图。

2 结果

2.1 M、F-type COII基因序列对比分析

M-type COⅡ基因的cDNA序列全长1244 bp, 包含17 bp的3'UTR和1227 bp的ORF,无5'UTR,

ATGAGCTTATGGGGTCAAATAGGGTTACAGGAAGAAGGTAGTGTT 45 WGOMGLOE E G 90 M G G D M F 135 ATTG TG TTG ATTTTTA G G TTTG TTG G TTATTTG C TTTTG A G G TC A V G 180 TTGGTCAGGAGGTTTTCGAGTCGGGTGTGTTTGGAGAAGCAGTGA S S R 225 TTGGAGGTGGTGTGGACTATTGTGCCATTTTTTCTTTTGTTGGCT V W T V E 270 TTG G G G TTG C C TA G A A TTA A G TTA C TTTA TTTG A TG G A TG A G A TT Ρ S I K L L Y L M D Е A A T C T T C C T G A G T C T A C T G T G A A A G T G G T T G G G C A T C A A T G A T A T 315 360 T G A A G G T A T G A G T A T T C A G A T A G T C G T G G T A G A A A C T A T A G G T A T D S G F S P S N 405 G A C T C G T A T A T G G T T T C T A A T C C A T T G G T G G C G G A G G G G T A T C G G S N P L M Ε T T G T T G G A G G T G G A T A A T C G A T G C G T T G T T G C C A A T T T G T T G C A G 450 D N R C V M A N ATGCGTGGTTTAGTTACTTCTGATGATGTGATTCACTCTTGGGCT 495 GLVTSDDVI н S W A M R ATTCCGTCTAGGTCAATTAAGATTGATGGGGTTCCTGGACGTGTT 540 AATCAGGTTGGGTTGTGTTTTACGCGTTCTGGTGTTTTTTACGGG 585 N O G C т P S G V CAGTGTAGTGAGTTATGTGGGGTTAATCATTCTTTATACCTATT 630 F 1 C G N H S M TCTGTTGAGGTTGTTTCTATTAAGGTTTTTTCTTCTTGGGTTGTT 675 V S G A G A A C C A T G A T A A T G T T A T T A A G A A G G G T G G T G A T T C T A A T C A G 720 NHDNVIK KGGDSN 0 765 W G W S 810 ۱۸/ VG G V V F V G A T G T G G C A T T A T T A C T T G C T T T A T A T A G G T T T T A T G T T C C A G G C 855 1 Y Y H Y Y - I -S AAATTTCTTGTGTTTAGAAGGTGGGATTTGTTGCAGTGGGTTGTG 900 W D Q TCAAGGGGTTTTGCTTTGGGAAAGTGGGCCATGTGGTTTTGGGGT 945 G F A L G K W A M W F WG TCTCCTGGTGAGGCTAGTTTATTTGCTCTTCATTTTCTAGCCGGT 990 G A S LF н 1035 V W F V V G C C G C T G T G G G C T G T T A A G G G T G T G T G A T C T G G G G T T G T A G G T 1080 W A G V V V K W S G TTC ATTTCTTTTTGTG GTTTG GTTTTTG ATA GTG TTG G G A G G T C G 1125 D 1170 S F T D D S F K G F V V S A A T G T T A G T C G T A A T A C T A A G G A G T T T C T T T G G A C T T T A A G G C A T 1215 S R N T K E F L W T L S H CGGTATAGTTAG 1227 RYS 1244 TGAATAAAAAAAAAAAAA

编码408个氨基酸,3'UTR含有典型的多聚腺苷酸加尾信号序列AATAAA和PolyA(图1-a);Protparam程序推导的蛋白质分子量为45.59 ku,蛋白 分子式为C₂₁₃₇H₃₁₇₀N₅₀₈O₅₇₁S₁₅,理论等电点为6.17, 不稳定指数为29.17,蛋白性质稳定,表现为疏 水性。F-type *CO*II基因的cDNA序列全长808 bp, 包含109 bp的5'UTR, 18 bp的3'UTR和681 bp的

G ATG G A A ATTTTG G G G A G TTTG A G TA G TTTG G C TA G G G C C TATAT	45
TTGACGGGGTTTGATGGGGGATAAGAAGATTGATTGTGGGCGATAG	90
AGCGTTTTATAGGCGAAGG	109
A T G A G C T T T T G A G G T C A G T T G G G G T T T C A G G A T A G G T T T A G C G G T	154
MSFWGQLGFQDSFSG	
TTGGGTTTTGAGTTAAGGTTTTTTCATGATCATGCTATGTTTGTT	199
LGFELSFFHDHAMFV	
CTIGTTTIGGTTTCATCTTTIGTIGGTTATATAATGATTTGTCTG	244
LVLVSSFVGYMMICL	
T T A A A A G A A A T T T A T C T T C T C G G T T T G T T A T G G A A G C T C A A G C A	289
LKSNLSSRFVMEAQA	
CTTGAAGCGGCTTGAACTGTGGTTCCTGGGTTGTTGCTGTTAATT	334
LEAAWTVVPGLLLI	
TTAGCTATTCCTTCTGTTCGGCTATTATATTTATTGGATGAAGTT	379
LAIPSV RLLYLLDEV	
G G G G G C C G G T A G T T A G G T T G A A A G C G A T T G G G C A T C A G T G G T A T	424
G G P V V S L K A I G H Q W Y	
TGGGAATATGAGTACAGAGATGGGGGTAAGGCAATTAGTTTTGAT	469
WEYEYSD G G KAISFD	
T C T T A T A G G T T A G A G G T G C A G A T A C G G T T G G G G G G G G G T T A T C G T	514
SYMV SGADTVGGGYR	
TTGTTGGAGGTGGATAATCGGTGTGTGTTTCCTTATGGTGTTGAC	559
L L E V D N R C V F P Y G V D	
GGGCGAATTCTTGTTAGGTCTGCTGATGTTATTCATGCTTGGGCT	604
G R I L V S S A D V I H A W A	004
CTTCCTTCAATTGGGGTGAAAGTTGATGCTGTTCCTGGTCGGATT	649
	077
AACCAGTTGGGGGTGCATTTAATGGCATCTGGGGTGATGTTTGGG	694
N Q L G V H L M A S G V M F G	074
	739
	, 0 ,
CCCTTCCACACACTTCTCCCCCACCTCTTTATTCTTCCTTCCTA	784
	,
CATTAC	790
	, , , ,
	000
IIOMAIAAAAAAAAAAA	000

(b)

(a)

图 1 三角帆蚌M、F-type COII 基因cDNA序列全长及氨基酸序列预测

(a) M-type COII 基因cDNA序列全长及氨基酸序列预测; (b) F-type COII 基因cDNA序列全长及氨基酸序列预测; 加框的密码子表示加尾 信号,*表示终止密码子

Fig. 1 M and F-type CO II gene cDNA sequences and predicted amino acid sequences in H.cumingii

(a) M-type CO II gene cDNA sequences and predicted amino acid sequences; (b) F-type CO II gene cDNA sequences and predicted amino acid sequences; Letters in boxes are used to indicate the polyadenylation signal sequence, stop codons are marked with asterisk (*)

ORF,编码226个氨基酸,3'端包含典型的含有 典型的多聚腺苷酸加尾信号序列AATAAA和PolyA (图1-b);蛋白质分子量为24.70 ku,蛋白分子式 为C₁₁₃₈H₁₇₂₀N₂₇₆O₃₁₄S₁₃,理论等电点为4.74,不 稳定指数30.86,蛋白性质稳定,表现为疏水性。

2.2 M、F-type CO II 基因跨膜结构分析

M、F-type COⅡ蛋白结构的跨膜区域预测

结果显示(图2-a, b), M、F-type COII基因的5′端 均包含两个跨膜结构, 跨膜结构位置相同, 分 别位于28~50 aa和63~85 aa, 与线粒体传递的功 能有关。M-type COII 3′端相对F-type COII有一 段546 bp的特异性延伸,这段延伸序列编码 182个氨基酸, 在延长结构中跨膜结构预测显示 存在4个跨膜结构域, 推测其可能参与雄性性腺 的发育, 与性别分化有一定的关系。



图 2 三角帆蚌M、F-type COII 基因跨膜结构图

(a) M-type COⅡ跨膜结构图; (b) F-type COⅡ跨膜结构图

Fig. 2 Transmenbrane areas predicted in F and M-types CO I from H.cumingii

(a) Transmenbrane areas predicted in M-type $CO\,\mathrm{I\!I}$; (b) Transmenbrane areas predicted in F-type $CO\,\mathrm{I\!I}$

2.3 各时期三角帆蚌M、F-type *CO*Ⅱ基因表 达分析

胚胎期-5月龄组织团中M、F-type COII基因 的表达 三角帆蚌早期性腺组织团中的荧光定 量检测结果显示: M-type COII在各时期中均能 检测到表达,且相对表达量较为稳定,5月份时 最高(图3-a),F-type COII在各时期中均有表达, 相对表达量差异较大,5月份时最高(图3-b),在 相同的时期中,F-type COII相对表达量远高于 M-type COII基因。

6月龄三角帆蚌各组织M、F-type COII 基因 表达 6月龄三角帆蚌还无法准确辨别雌雄, 随机取10只混样,荧光定量检测其各组织中M、 F-type COII 的表达。结果显示: M、F-type COII 基因在各组织中均有表达。M-type COII 基因在 性腺中的相对表达丰度最高,在其他组织中较低 (图4-a), F-type COII 在斧足、鳃和肝脏中的相对 表达丰度较高(图4-b),在相同组织中,F-type COII 在各组织中的相对表达量均高于M-type COII。

一龄三角帆蚌中M、F-type COⅡ基因的表达 一龄雌雄三角帆蚌各组织中M、F-type COⅡ基因 的荧光定量结果显示:雌性各组织中,M-type COII在各组织中均有表达,在性腺中相对表达 量最高,其余各组织中的表达量无明显差异(图5-a), F-type COII在各组织中均有表达,在肝中相对表 达量最高,在斧足中相对表达量最低(图5-b);雄 性各组织中,仅在性腺中检测到M-type COII基 因的表达,在其他组织中没有检测到表达(图5-c), F-type COII基因在各组织中均有表达,肝脏中的 相对表达量最高,性腺中相对表达量最低(图5-d)。

二龄三角帆蚌中M、F-type COII基因的表达 二龄雌雄三角帆蚌各组织中M、F-type COII基因 荧光定量检测结果显示:雌性三角帆蚌中,Mtype COII基因在各组织中存在微量表达,在性 腺中最低(图6-a),F-type COII在各组织中均有表 达,相对表达量无明显差异性,仅在性腺中相 对表达量略高(图6-b),同时发现M-type COII基 因在雌性三角帆蚌的各组织中的表达丰度远低 于F-type COII。雄性三角帆蚌中,F-type COII基 因在除性腺外的各组织中均能检测到表达,在 肾中的相对表达量最高(图6-d);而M-type COII 基因仅在性腺中检测到表达(图6-c)。





(a) M-type COII基因在各时期中的表达; (b) F-type COII基因在各时期中的表达; 1. 胚胎期; 2. 钩介幼虫; 3. 15天; 4. 1月; 5. 1.5月; 6. 2月; 7. 3月; 8. 4月; 9. 5月

Fig. 3 The expression level of M, F-type CO II in different developmental stages of H.cumingii

(a) The expression level of M-type *CO* II in different developmental stages; (b) The expression level of F-type *CO* II in different developmental stages. 1. embryos; 2. glochidia; 3. 15 days; 4. 1 Month; 5. 1.5 Months; 6. 2 Months; 7. 3 Months; 8. 4 Months; 9. 5 Months



图 4 6月龄三角帆蚌各组织中M、F-type COII 基因的表达

(a) M-type COⅡ基因在各组织中的表达; (b) F-type COⅡ基因在各组织中的表达; 1. 外套膜; 2. 斧足; 3. 鳃; 4. 肝; 5. 性腺

Fig. 4 The expression level of M, F-type COII in different tissues of six-month-old H.cumingii

(a) The expression level of M-type $CO \parallel$ in different tissues; (b) The expression level of F-type $CO \parallel$ in different tissues. 1. mantle; 2. foot; 3. gill; 4. liver; 5. gonad

3 讨论

1期

目前存在两个关于DUI的机制假说,其一为 X-W-Z系统假说^[22],共有X、W、Z三个因素参与 受精卵中M-type mtDNA的降解或聚集。W因子 被假定标记在M-type mtDNA的外表面,能被卵 子细胞质中的X因子识别,结合导致M-type mtDNA 的降解,使受精卵发育成雌性。而一些卵母细 胞质中存在Z因子与X因子相结合,从而保护了 M-type mtDNA不被降解,发育成雄性。另一个 机制假说则提出在存在DUI现象的物种中,其Mtype mtDNA的降解存在着三个时期^[23],胚胎初期 时雌雄个体中都具备F-type和M-type mtDNA,在 第一个时期,胚胎中的M-type mtDNA聚集在一 起; F-type mtDNA随机的分布^[24]。到第二个期





(a) M-type *CO*II 基因在雌性各组织中的表达; (b) F-type *CO*II 基因在雌性各组织中的表达; (c) M-type *CO*II 基因在雄性各组织中的表达; (d) F-type *CO*II 基因在雄性各组织中的表达; 1. 外套膜; 2. 斧足; 3. 鳃; 4: 肝; 5. 性腺

Fig. 5 The expression level of M, F-type CO II in different tissues of one-year-old H.cumingii

(a) The expression of M-type CO II in female tissues; (b) The expression of F-type CO II in female tissues; (c) The expression of M-type CO II in male tissues; (d) The expression of F-type CO II in male tissues. 1. mantle; 2. foot; 3. gill; 4. liver; 5. gonad

时,雌性中的M-type mtDNA开始出现降解,Ftype mtDNA开始增多;雄性中的M、F-type mtDNA均开始增多。到达第三个时期,雌性中 的M-type mtDNA已经完全降解,雄性中的M-type mtDNA占据主导位置。F-type和M-type mtDNA各 自的数量将明显多于其在时期1和时期2的数量。 该假说中时期3被认为是存在DUI物种中的一个 关键时期。

本研究得到M、F-type COII基因的cDNA全 序列,其序列中不存在内含子序列,具有高效 的碱基利用率。结果显示,M-type COII基因比 F-type COII基因在3'端多了一段长达546 bp的序 列,这段特异性延伸序列形成的多肽片段可能 以某种构象插入到M型细胞色素氧化酶亚基中, 从而达到增加精子活力的目的。在预测的氨基酸结构中,这段特异性延长的碱基被翻译成 182个氨基酸,包含了4个跨膜结构,这4个M-type *CO*II 独有的跨膜结构可能参与到雄性性腺的发育中,在性别分化中具有一定的作用。与其他 淡水贝类的序列比对显示,M-type具有明显的差 异,特别是3′延伸区,具有较高的进化速率。这 也证明M-type mtDNA比F-type mtDNA具有更快的 进化速率,这些结论在之前也有过报道^[7]。

QRT-PCR检测M、F-type COII在各时期、 各组织中的表达的结果显示,从胚胎期到5月龄 的三角帆蚌组织团中,M、F-type COII 基因在 各时期均有表达。由于早期三角帆蚌较小,组 织尚未分化完全,结合M、F-type COII 基因在



图 6 二龄雌雄三角帆蚌各组织中M、F-type COII 基因的表达

(a) M-type COⅡ基因在雌性各组织中的表达; (b) F-type COⅡ基因在雌性各组织中的表达; (c) M-type COⅡ基因在雌性各组织中的表达; (d) F-type COⅡ基因在雌性各组织中的表达; 1. 外套膜; 2. 斧足; 3. 鳃; 4. 肝; 5. 肾; 6. 性腺

Fig. 6 The expression level of M, F-type CO II in different tissues of two-year-old H.cumingii

(a) The expression of M-type CO II in female tissues; (b) The expression of F-type CO II in female tissues; (c) The expression of M-type CO II in male tissues; (d) The expression of F-type CO II in male tissues. 1. mantle; 2. foot; 3. gill; 4. liver; 5. gonad

6月龄中各组织的表达情况,可以推测其在早期 未完全分化的组织中也是存在的。同时发现6月 龄中,相同组织的F-type COII表达量明显高于 M-type COII,这可能与mtDNA在发育初期,由 母本传递的F-type mtDNA起主导作用这一DUI遗 传规律有关。而在一龄三角帆蚌中,性腺尚未 成熟,在雌蚌各组织中均能检测到M、F-type COII 的表达;雄蚌各组织中与能检测到M、F-type COII 的表达;雄蚌各组织中F-type COII 基因也均能 检测到,但在性腺中较低;而M-type COII 基因 只在性腺中检测到表达。二龄三角帆蚌中,性 腺已基本发育成熟,F-type COII 基因在雌雄三角 帆蚌除性腺外的各组织中均能检测到表达,Mtype COII 基因只在雄蚌性腺中检测到明显表达 (在雌蚌各组织中的表达量十分低),这种表达方

1期

式与经典的DUI现象基本一致。

Ghiselli^[23]研究发现,菲律宾花蛤(Venerupis philippinarum)从受精卵发育到钩介幼虫时期,雌 蚌和雄蚌的性腺发生组织中同时存在M、F-type mtDNA基因。从钩介幼虫到性腺成熟的过程 中,将来发育成雌蚌的个体的性腺中M-type基因 组逐渐降解,F-type基因组逐渐增多,而将来发 育成雄蚌的个体的性腺中F-type基因组逐渐降 解,M-type基因组逐渐增多。推测在三角帆蚌发 育过程中,幼龄时期,M、F-type mtDNA是同时 存在于雌雄各组织中的;随着性腺的发育,一 部分个体中M-type mtDNA在体组织中逐渐发生 降解,只在性腺中聚集,而F-type mtDNA在性腺 组织中发生降解,因此这一部分个体未来将发 育成雄性,而在其余个体中,M-type mtDNA在 所有组织中均发生降解,这一部分未来将发育 成雌性;最终,在发育成熟的雄性中,M-type mtDNA只保存在性腺组织中,F-type mtDNA保存 在体组织中; 而在雌性中, 各组织中只存在Ftype mtDNA。由于这个过程的发生需要很长的时 间,所以我们在不同年龄阶段不同组织中能检 测到M、F-type mtDNA差异较大的存在情况;由 于降解机制的不完全,有时在雌性或雄性成熟 蚌性腺中仍能检测到M、F-type mtDNA的存在, 但是这并不与DUI现象相违背。本实验只是选取 了几个大范围的时间点对M、F-type mtDNA进行 检测,在未来的研究中,需要对三角帆蚌个体 中M、F-type mtDNA进行实时监测,了解其在三 角帆蚌发育过程中各组织的表达情况,以及与 发育性别的联系,以此进一步探明DUI现象的形 成机制和DUI现象同三角帆蚌性别决定的关系。

参考文献:

- [1] Chat J, Chalak L, Petit R J. Strict paternal inheritance of chloroplast DNA and maternal inheritance of mitochondrial DNA in intraspecific crosses of kiwifruit[J]. Theoretical and Applied Genetics, 1999, 99(1-2): 314-322.
- [2] Skibinski D O, Gallagher C, Beynon C M. Sex-limited mitochondrial DNA transmission in the marine mussel Mytilus edulis[J]. Genetics, 1994, 138(3): 801-809.
- [3] Zouros E, Ball A O, Saavedra C, *et al.* An unusual type of mitochondrial DNA inheritance in the blue mussel Mytilus[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1994, 91(16): 7463-7467.
- [4] Theologidis I, Fodelianakis S, Gaspar M B, et al. Doubly uniparental inheritance (DUI) of mitochondrial DNA in *Donax trunculus* (Bivalvia: Donacidae) and the problem of its sporadic detection in Bivalvia[J]. Evolution, 2008, 62(4): 959-970.
- [5] Passamonti M, Scali V. Gender-associated mitochondrial DNA heteroplasmy in the venerid clam *Tapes philippinarum* (Mollusca Bivalvia)[J]. Current Genetics, 2001, 39(2): 117-124.
- [6] Zouros E. Biparental inheritance through uniparental transmission: The doubly uniparental inheritance (DUI) of mitochondrial DNA[J]. Evolutionary Biology, 2013, 40(1): 1-31.

- [7] Breton S, Beaupré H D, Stewart D T, *et al.* Comparative mitochondrial genomics of freshwater mussels (Bivalvia: Unionoida) with doubly uniparental inheritance of mtDNA: Gender-specific open reading frames and putative origins of replication[J]. Genetics, 2009, 183(4): 1575-1589.
- [8] Curole J P, Kocher T D. Evolution of a unique mitotypespecific protein-coding extension of the cytochrome *c* oxidase II gene in freshwater mussels (Bivalvia: Unionoida)[J]. Journal of Molecular Evolution, 2005, 61(3): 381-389.
- [9] Chapman E G, Piontkivska H, Walker J M, et al. Extreme primary and secondary protein structure variability in the chimeric male-transmitted cytochrome c oxidase subunit II protein in freshwater mussels: Evidence for an elevated amino acid substitution rate in the face of domain-specific purifying selection[J]. BMC Evolutionary Biology, 2008, 8: 165.
- [10] Kuroiwa T. Review of cytological studies on cellular and molecular mechanisms of uniparental (maternal or paternal) inheritance of plastid and mitochondrial genomes induced by active digestion of organelle nuclei (nucleoids)[J]. Journal of Plant Research, 2010, 123(2): 207-230.
- [11] Doucet-Beaupré H, Breton S, Chapman E G, *et al.* Mitochondrial phylogenomics of the Bivalvia (Mollusca): Searching for the origin and mitogenomic correlates of doubly uniparental inheritance of mtDNA[J]. BMC Evolutionary Biology, 2010, 10: 50.
- [12] Chakrabarti R, Shepardson S, Karmakar M, et al. Extramitochondrial localization and likely reproductive function of a female-transmitted cytochrome c oxidase subunit II protein[J]. Development, Growth & Differentiation, 2009, 51(5): 511-519.
- Breton S, Stewart D T, Shepardson S, *et al.* Novel protein genes in animal mtDNA: A new sex determination system in freshwater mussels (Bivalvia: Unionoida)?[J].
 Molecular Biology and Evolution, 2011, 28(5): 1645-1659.
- [14] Obata M, Sano N, Komaru A. Different transcriptional ratios of male and female transmitted mitochondrial DNA and tissue-specific expression patterns in the blue mussel, *Mytilus galloprovincialis*[J]. Development, Growth & Regeneration, 2011, 53(7): 878-886.

- [15] Chakrabarti R, Walker J M, Stewart D T, et al. Presence of a unique male-specific extension of C-terminus to the cytochrome c oxidase subunit II protein coded by the male-transmitted mitochondrial genome of Venustaconcha ellipsiformis (Bivalvia: Unionoidea)[J]. FEBS Letters, 2006, 580(3): 862-866.
- [16] 韩学凯,陈夏君,白志毅,等.三角帆蚌HcTyr基因内壳
 色性状相关SNP筛选及图谱定位[J].水产学报,2017,
 41(7):1044-1053.

Han X K, Chen X J, Bai Z Y, *et al.* Detection of shell nacre colour-related SNP and gene mapping of HcTyr gene in Hyriopsis cumingii[J]. Journal of Fisheries of China, 2017, 41(7): 1044-1053(in Chinese).

- [17] 陈修报,杨健. 淡水蚌类发生与发育研究进展[J]. 中国 水产科学, 2011, 18(4): 944-952.
 Chen X B, Yang J. Gametogenesis and development of freshwater bivalve molluscs: A review[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2011, 18(4): 944-952(in Chinese).
- [18] Zhao Y C, Bai Z Y, Fu L L, *et al.* Comparison of growth and pearl production in males and females of the freshwater mussel, *Hyriopsis cumingii*, in China[J]. Aquaculture International, 2013, 21(6): 1301-1310.
- [19] 蒋文枰. 褶纹冠蚌和三角帆蚌线粒体基因组全序列分析[D]. 上海: 上海海洋大学, 2010.

Jiang W P. Analysis of complete mitochondrial genomes of *Cristaria plicata* and *Hyriopsis cumingii*[D]. Shanghai: Shanghai Ocean University, 2010 (in Chinese).

- [20] Xu X Y, Shen Y B, Yang X M, et al. Cloning and characterization of TIMP-2 b gene in grass carp[J]. Comparative Biochemistry and Physiology Part B: Biochemistry and Molecular Biology, 2011, 159(2): 115-121.
- [21] Bai Z Y, Lin J Y, Ma K Y, *et al.* Identification of housekeeping genes suitable for gene expression analysis in the pearl mussel, *Hyriopsis cumingii*, during biomineralization[J]. Molecular Genetics and Genomics, 2014, 289(4): 717-725.
- [22] Batista F M, Lallias D, Taris N, et al. Relative quantification of the M and F mitochondrial DNA types in the blue mussel *Mytilus edulis* by real-time PCR[J]. Journal of Molluscan Studies, 2011, 77(1): 24-29.
- [23] Ghiselli F, Milani L, Passamonti M. Strict sex-specific mtDNA segregation in the germ line of the DUI species *Venerupis philippinarum* (Bivalvia: Veneridae)[J]. Molecular Biology and Evolution, 2011, 28(2): 949-961.
- [24] Cao L Q, Kenchington E, Zouros E. Differential segregation patterns of sperm mitochondria in embryos of the blue mussel (*Mytilus edulis*)[J]. Genetics, 2004, 166(2): 883-894.

Full-length cDNA cloning of M and F-type CO II genes and expression in different age freshwater mussel *Hyriopsis cumingii*

CHEN Ya¹, WANG Yayu¹, WANG Guiling^{1,2*}, HE Fangshu¹, LI Jiale^{1,2}

 Key Laboratory of Genetic Resources for Freshwater Aquaculture and Fisheries, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China;
 Shanghai Engineering Research Center of Aquaculture, Shanghai 201306, China)

Abstract: The mitochondrial genetic patterns of bivalve mollusc are different from the traditional maternal inheritance. The mitochondria of bivalve molluscs have two kinds of mtDNA of M type and F type, which are called doubly uniparental inheritance (DUI). In order to explore the mechanism of DUI, the full-length cDNA of M and F-type CO II genes in Hyriopsis cumingii was obtained by RACE. qRT-PCR was used to detect the expression of M and F-type CO II genes in different tissues and stages. The results are as follows: 1. The full-length cDNA sequences of M-type CO II gene and F-type CO II gene were 1244 bp and 808 bp respectively, and the 3' end of Mtype CO II gene had a prolonged sequence of 546 bp. The transmembrane structure prediction showed that there were four transmembrane structures in the C-terminus extension region of the M-type CO II gene, suggesting that this extension sequence has certain function. 2. M-type CO II gene and F-type CO II gene were all expressed in the early juvenile (embryonic to 5-month-old) of *H.cumingii*, and the expression level of F-type CO II gene was significantly higher than that of M-type CO II gene. 3. In the tissues of six-month-old mussels, the expression of M-type CO II gene was the highest in gonads, and the expression of F-type CO II gene was still at a high level in the same tissues. 4. In the one-year-old female tissues, M and F-type CO II genes can be detected in all tissues. In male tissues, the F-type CO II gene was detected in each tissues, but M-type CO II gene was only expressed in gonads. 5. In the two-year-old female tissues, F and M type both expressed in each tissue, but the expression of Mtype CO II gene is very low. In the two-year-old male tissues, the F-type COII gene was detectable in addition to the gonad, and the M-type CO II gene was detected only in the gonad. In the two-year-old male tissues, the F-type CO II gene was detectable except for the gonad, and the M-type CO II gene was detected only in the gonad. These results suggested that M-type mtDNA is selectively degraded or aggregated in tissues during male and female development of H. cumingii.

Key words: Hyriopsis cumingii; doubly uniparental inheritance (DUI); CO II gene; expression differences

Corresponding author: WANG Guiling. E-mail: glwang@shou.edu.cn

Funding projects: National Natural Science Foundation of China (31101939); Key Fundamental Shanghai Universities Knowledge Service Platform (ZF1206); Innovation Program of Shanghai Municipal Education Commission (13ZZ128)