

DOI: 10.11758/yykxjz.20151105006

<http://www.yykxjz.cn/>

半滑舌鳎(*Cynoglossus semilaevis*) 黑色素聚集素受体(*MCHR*)表达特性 及其与无眼侧黑化的关系*

史学营^{1,3} 柳学周^{1,2①} 石莹⁴ 徐永江^{1,2}
史宝^{1,2} 王滨^{1,2} 李斌^{1,3}

(1. 农业部海洋渔业可持续发展重点实验室 青岛市海水鱼类种子工程与生物技术重点实验室
中国水产科学研究院黄海水产研究所 青岛 266071; 2. 青岛海洋科学与技术国家实验室
海洋渔业科学与食物产出过程功能实验室 青岛 266071; 3. 上海海洋大学水产与生命学院 上海 201306;
4. 青岛市渔业技术推广站 青岛 266071)

摘要 利用 cDNA 末端快速克隆技术(RACE)获得了半滑舌鳎(*Cynoglossus semilaevius*)2种黑色素聚集素受体(MCHR1 和 MCHR2)的 cDNA 全长序列, 并采用定量 PCR 技术分析了 *MCHR* mRNA 的组织表达特性, 研究了其与无眼侧黑化程度的关系。结果显示, 半滑舌鳎 *MCHR1* cDNA 序全长为 1685 bp, 开放阅读框(ORF)长为 1080 bp, 编码 359 个氨基酸, 与牙鲆(*Paralichthys olivaceus*)同源性高达 83.3%。系统进化分析显示, 半滑舌鳎 *MCHR1* 与鱗形目、鲽形目和鲈形目鱼类聚为 1 个小分支。*MCHR2* cDNA 序全长为 1626 bp, ORF 长为 1044 bp, 编码 347 个氨基酸, 与鲽形目同源性最高达到 90%以上。系统进化分析显示, 半滑舌鳎 *MCHR2* 与鲽形目、鲈形目鱼类聚为 1 个小分支。*MCHR1* mRNA 在鳃中表达量最高, 而 *MCHR2* mRNA 在有眼侧皮肤中表达量最高, 性腺次之。另外, *MCHR1* 和 *MCHR2* mRNA 在其他组织中均检测到表达, 这表明半滑舌鳎黑色素聚集素(MCH)可能通过内分泌方式和各组织中的 MCHR 介导参与生理调控。不同黑化面积表达分析显示, 在无眼侧黑化发生早期, 脑垂体中 *MCHR1* mRNA 显著升高, 在无眼侧 50% 黑化组达到峰值, 皮肤中 *MCHR1* mRNA 在无眼侧 10% 黑化组显著升高, 其后保持较高水平; 脑垂体和皮肤中 *MCHR2* mRNA 表达表现出一致的变化趋势, 在无眼侧黑化发生早期都达到峰值, 其后逐渐下降至相对较低水平。表明 MCHR 可能直接或通过其他信号通路参与了半滑舌鳎无眼侧黑化性状的调控过程。

关键词 半滑舌鳎; 黑色素聚集素受体; 基因克隆; 表达调控; 无眼侧黑化

中图分类号 S917.4 **文献标识码** A **文章编号** 2095-9869(2017)01-0091-12

黑色素聚集素(Melanin concentration hormone, MCH)是一种垂体神经肽, 最早从大马哈鱼(*Oncorhynchus keta*)的垂体中被分离鉴定(Kawauchi *et al.*, 1983), 具

有调节体色、色素沉着、摄食(Kang *et al.*, 2013; Kawauchi, 2006)、能量平衡、压力、繁殖、行为、知觉和神经内分泌的作用(Kawauchi *et al.*, 2004; Forray, 2003;

* 国家鲆鲽类产业技术体系(CARS-50)和国家国际科技合作专项(2013DFA31410)共同资助 [This work was supported by China Agriculture Research System (CARS-50) and International Science and Technology Cooperation Program of China (2013DFA31410)]. 史学营, E-mail: shixueying0106@sina.com

① 通讯作者: 柳学周, 研究员, E-mail: liuxz@ysfri.ac.cn

收稿日期: 2015-11-05, 收修改稿日期: 2015-12-30

Griffond *et al*, 2002; Pissios *et al*, 2003)。在硬骨鱼类中, MCH 被认为是体色生理变化的一个关键调节因子(Kishida *et al*, 1989; Suzuki *et al*, 1995), 其通过 G 蛋白偶联受体(MCHR)发挥生理作用, 调节色素细胞内色素颗粒凝聚而使体色变浅。第 1 个 MCH 的受体 MCHR1 是在哺乳动物中发现的(Chambers *et al*, 1999; Lakaye *et al*, 1998; Lembo *et al*, 1999; Saito *et al*, 1999)。随后, 在人类基因组数据中, 第 2 个受体 MCHR2 被鉴定, 并且从人脑 cDNA 文库中克隆获得(An *et al*, 2001; Hill *et al*, 2001; Mori *et al*, 2001; Rodriguez *et al*, 2001)。哺乳动物 MCHR 一般有 2 个亚型, 而啮齿动物只有 1 个 MCHR 亚型(Tan *et al*, 2002)。硬骨鱼类, 如金鱼(*Carassius auratus*)(Mizusawa *et al*, 2009)、条斑星鲽(*Verasper moseri*)(Takahashi *et al*, 2009)和美洲拟鲽(*Pseudopleuronectes americanus*)(Tuziak *et al*, 2012)等, 一般有 2 种 MCHR 亚型, 而在斑马鱼(*Danio rerio*)中发现了 3 种 MCHR 亚型:MCHR1a、MCHR1b 及 MCHR2。其中, MCHR1a 只在胚胎期表达, MCHR1b 和 MCHR2 在胚胎期和成体期都表达, 且 MCHR2 在成体期表达水平明显升高(Berman *et al*, 2009; Logan *et al*, 2003), 表明了其亚型基因功能的分化。MCHR1 与啮齿类动物摄食行为和体内能量平衡调控有关(Wang *et al*, 2001)。在鱼类中, MCHR 与摄食行为和体色调控有关, 如饥饿条件下, 美洲拟鲽 MCHR2 mRNA 表达量无变化, 而 MCHR1 mRNA 表达量升高, 说明 MCHR1 参与了其摄食调节(Tuziak *et al*, 2012)。Takahashi 等(2004)对条斑星鲽的研究表明, MCH 和 MCHR 相互作用调控黑色素颗粒的聚合。有眼侧皮肤在白色养殖环境下, MCHR2 mRNA 表达量低于黑色养殖环境, 而 MCHR1 mRNA 水平却没有变化, 表明 MCHR2 可能主要参与体色对环境的适应调节(Takahashi *et al*, 2007)。目前, 鱼类 MCH 与 MCHR 系统对体色的调控作用及其机制仍不明了, 亟待开展深入的研究来阐释 MCHR 调节 MCH 作用的信号途径。

半滑舌鳎(*Cynoglossus semilaevis*)为我国鲆鲽类三大主导养殖品种之一, 已形成规模化养殖产业(姜言伟等, 1993; 邓景耀等, 1988; 柳学周等, 2014)。近年来, 在养殖生产中发现, 养殖鱼存在较高比例的无眼侧黑化现象(60%以上), 且无眼侧黑化鱼市场价格较无眼侧正常鱼低 20%–30%, 严重影响其养殖效益, 成为制约产业持续发展的瓶颈之一。开展半滑舌鳎无眼侧黑化调控机制研究已极为迫切。MCH 对硬骨鱼类特别是鲆鲽类无眼侧体色黑化具有明显的抑制作用, 因此, 有必要研究 MCH/MCHR 系统在养殖半滑舌鳎无眼侧黑化调控中的作用及其可能机制, 以

期为全面认识养殖半滑舌鳎无眼侧黑化的分子机制, 建立实用的体色调控技术提供基础资料。

1 材料与方法

1.1 实验用鱼及样品处理

实验用半滑舌鳎于 2013 年 6–8 月取自山东青岛某养殖场。取样实验鱼 3 尾, 全长为 25–35 cm, 体重为 250–350 g, 用于 MCHR 基因克隆与组织表达特性分析。实验鱼以 MS-222 (280 mg/L) 麻醉后, 快速取性腺、肝脏、心脏、胃、肠、脾、肾、头肾、垂体、脑、鳃、肌肉、有眼侧正常皮肤、无眼侧黑化皮肤、无眼侧正常皮肤组织投入液氮速冻后, 转入–80℃ 保存, 用于总 RNA 的提取。

选择同一批次受精卵孵化的鱼苗, 按照发育进程, 分别挑选无眼侧黑化面积为 10%、50% 和 80% 的半滑舌鳎各 3 尾, 以无眼侧正常半滑舌鳎为对照。实验鱼体长为 8–10 cm, 体重为 4–6 g, 每个黑化组分别取脑垂体与皮肤组织, 用于分析 MCHR mRNA 表达与无眼侧黑化程度的关系。因实验鱼个体较小, 取样时将脑与垂体合并取样, 皮肤组织(去除肌肉)整体取样。

1.2 总 RNA 提取和 cDNA 第 1 链合成

利用 RNAiso Plus (TaKaRa, 日本)试剂盒并按照操作说明提取各组织样品的总 RNA, 通过 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 RNA 的质量, Nanodrop 2000 (Thermo, 美国) 测定 RNA 浓度。取适量脑组织总 RNA, 以 PrimeScriptTM II 1st strand cDNA Synthesis Kit (TaKaRa) 合成 cDNA 第 1 链, 于–20℃ 保存用于中间片段的克隆。以 SMARTerTM RACE cDNA Amplification Kit (Clontech, 美国)合成 5'-RACE 及 3'-RACE cDNA 第 1 链, 用于 MCHR 基因 RACE 全长克隆。取适量各组织样品的总 RNA, 用 PrimeScript RT Reagent Kit with gDNA Eraser 反转录试剂盒(TaKaRa, 日本)合成 cDNA 第 1 链, 用于 MCHR mRNA 组织表达特性及其与无眼侧黑化程度分析。各操作步骤均严格按照使用说明书进行。

1.3 中间片段扩增

根据 GenBank 登记的鲆鲽类 MCHR2 序列保守区设计特异引物 MCHR2-F 和 MCHR2-R (表 1), 以脑 cDNA 为模板, 扩增半滑舌鳎 MCHR2 基因的核心序列, PCR 反应体系(25 μl): 0.3 μl Taq 酶、2.5 μl 10×PCR Buffer、2 μl dNTP Mixture、1 μl 模板、1 μl MCHR2-F、1 μl MCHR2-R、17.2 μl ddH₂O。反应条

件: 94℃ 5 min; 94℃ 30 s, 58℃ 30 s, 72℃ 50 s, 34个循环; 72℃延伸 10 min。PCR 产物经 1%琼脂糖凝胶电泳分离后, 切胶回收目的条带并纯化。回收 PCR 产物与 pEASY-T1 载体(全式金, 中国)连接, 转化至 Trans1-T1 感受态细胞(全式金, 中国), LB 固体培养基 37℃培养过夜, 挑取阳性克隆送至生工生物工程(上海)股份有限公司测序; *MCHR1* 的中间序列已在 NCBI 数据库登录(序列号: XM_008316788.1), 直接下载其序列用于 RACE 引物设计。

1.4 *MCHR* 的 RACE 扩增

根据 NCBI 数据库登记的 *MCHR1* 和 *MCHR2* 中间片段设计 RACE 引物 MCHR1-GSP1、MCHR1-GSP2、MCHR1-NGSP1、MCHR1-NGSP2、MCHR2-GSP1、MCHR2-GSP2、MCHR2-NGSP1、MCHR2-NGSP2(表 1), 用 Smart RACE Advantage 2 PCR 试剂盒(Clontech, 美国)进行梯度 PCR 扩增。第 1 次 PCR 使用引物 MCHR1-GSP1、MCHR1-GSP2 和 MCHR2-GSP1、MCHR2-GSP2, 反应体系: 17.25 μl ddH₂O、2.5 μl Buffer、0.5 μl 50×dNTP Mix、0.5 μl 50×Advantage 2 Polymerase Mix、1.25 μl cDNA、2.5 μl UPM 和 GSP 引物 0.5 μl, 共计 25 μl。PCR 反应条件为 94℃ 30 s; 70℃ 30 s, 16 个循环, T_m 每个循环降低 0.5℃, 72℃延伸 1 min; 然后, 94℃ 30 s, 63℃ 30 s, 72℃ 60 s, 28 个循环, 最后 72℃延伸 10 min。

以第 1 次 PCR 产物为模板, 使用引物 MCHR1-NGSP1、MCHR1-NGSP2 和 MCHR2-NGSP1、MCHR2-NGSP2 进行巢式 PCR, 反应体系: 1.25 μl 第 1 次 PCR 产物的稀释液、19.25 μl ddH₂O、2.5 μl Buffer、0.5 μl 50×dNTP Mix、0.5 μl 50×Advantage 2 Polymerase Mix、0.5 μl NUP、0.5 μl NGSP 引物, 共计 25 μl。PCR 反应条件同第 1 次 PCR。PCR 产物于 1%琼脂糖凝胶电泳检测后, 对目的条带进行胶回收、载体连接、转化、筛选阳性克隆并测序。

1.5 *MCHR* mRNA 定量表达分析

根据获得的半滑舌鳎 *MCHR1* 和 *MCHR2* 的 cDNA 序列设计定量 PCR 引物 MCHR1-DF、MCHR1-DR 和 MCHR2-DF、MCHR2-DR(表 1), 以 *β-actin* 为内参, 设计引物 *β-actin-F* 和 *β-actin-R*(表 1)(Li *et al*, 2010)。利用 Mastercycler ep realplex real-time PCR 仪(Eppendorf, 德国), 使用 SYBR Premix Ex *Taq*TM II 试剂盒(Takara)进行定量扩增, PCR 体系(20 μl)为 2 μl cDNA 模板, 0.8 μl 上、下游引物(10 μmol/L), 10 μl SYBR Premix Ex *Taq*TM II 和 6.4 μl ddH₂O。PCR 反应条件为 95℃ 预变性 30 s, 95℃ 5 s, 58℃ (*MCHR1*)、60℃ (*MCHR2*) 20 s 共 40 个循环。每个样品测试设置 3 个重复。*MCHR* mRNA 的表达量以 *β-actin* mRNA 表达量为基础, 利用 $2^{-\Delta\Delta Ct}$ 方法计算获得(Livak *et al*, 2001)。

表 1 半滑舌鳎 *MCHR* 基因克隆使用的 PCR 扩增引物序列
Tab.1 Nucleotide sequences of primers used for PCR amplification of *MCHR* of *C. semilaevis*

引物名称 Primer name	引物序列 Primer sequence (5'-3')	用途 Usage
MCHR2-F	ATCCTGTGCTCGGTTGGAGTTAT	中间片段克隆
MCHR2-R	GGAACCACATCTGTTTGACGACTG	
UPM-long	CTAATACGACTCACTATAAGGGCAAGCAGTGGTATCAACGC AGAGT	5' 和 3'-RACE PCR
UPM-short	CTAATACGACTCACTATAAGGGC	
NUP	AAGCAGTGGTATCAACGCAGAGT	5' 和 3'-RACE 巢式 PCR
MCHR1-GSP1	CGTTGTAGGCGTAGTTGAAGGGCGATG	
MCHR2-GSP1	GGTGATGGTGGCGTGTGTTGCT	5'-RACE PCR
MCHR1-NGSP1	GCCAAAAGGAACTGATAAAGTGTGAACCA	
MCHR2-NGSP1	CTCTTCTCTGAGGTGGGGTGGACAAT	5'-RACE 巢式 PCR
MCHR1-GSP2	TCCATCGCCTCAACTACGCCTAC	
MCHR2-GSP2	CAGTGGGTCTTGGGAACCTTATGTGTA	3'-RACE PCR
MCHR1-NGSP2	CGAGTGAACCCCAGTAAGACCGACG	
MCHR2-NGSP2	GTTCCCTGATTGCTGGTCGCCCTAC	3'-RACE 巢式 PCR
MCHR1-DF	CCAATCCGCTTCGACTACAT	<i>MCHR1</i> qPCR
MCHR1-DR	GACCGGCGTACATCAACAC GTGCATGATGTGGCTGGAC	
MCHR2-DF	GTGGTAGAGGGTGAGGGAGTAGAA	<i>MCHR2</i> qPCR
MCHR2-DR		
β-actin-F	GTAAGGTGATGAAGCCCAGAGCA	<i>β-actin</i> qPCR
β-actin-R	CTGGGTCATCTTCTCCCTGT	

1.6 序列分析及数据处理

半滑舌鳎 *MCHR* 基因的序列拼接、氨基酸序列推导、分子量预测、等电点预测及氨基酸同源性分析均使用 DNASTar 5.0.1, 信号肽预测使用 SignalP 4.1 (<http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP/>)。氨基酸序列比对和系统进化分析使用 ClustalX 2.0.12 (<http://www.clustal.org/download/current/>) 和 MEGA 5.1 (<http://www.megasoftware.net/mega51.html>)。蛋白结构预测使用 SWISS-MODEL (<http://www.swissmodel.expasy.org/>)。

实验数据均以平均值±标准差(Mean±SD)表示, 多组数据间比较采用 SPSS 16.0 统计软件进行单因素方差分析(One-way ANOVA)和 Duncan's 多重比较分析, 当 $P<0.05$ 时表示差异显著。

-262	GGC	GCC	AGT	GCG	GAG	TGA	GCG	CAG	CTC	GGA	TGC	CAG	TGA	AGA	TGC	TCC	TGA	CTG	GGA	GAG	
-240	GCT	TGT	TTA	TGG	CTG	CAG	GAG	CAG	AGC	CGC	TCT	CTC	ACA	CAC	GGA	CTC	AGG	CAC	AAT	GCA	
-180	AAA	GGA	CTG	GAA	TCA	TCA	CTG	AAG	ATG	AGC	AGG	GAA	CTC	CAG	GCG	CTC	ACA	CCT	TGC	CCT	
-120	TCA	AGG	ACA	GAC	AGC	TGT	ATT	ATT	AAC	ACT	TGG	AAC	TTG	GAT	TTT	TTT	CCT	GTT	TCC	TCC	
-60	1	ATG	GAT	TTC	TAC	AAC	GAC	TCC	ATT	TCT	TCC	CTC	GCA	GAC	AGT	AAT	TTA	ACT	ACA	GCG	TTT
1	M	D	L	Y	N	D	S	N	S	S	L	A	D	S	N	L	T	T	A	V	
61	GTC	AAC	GGA	GCT	CTT	TAC	TCC	AGC	GCC	ATC	CTC	CCT	GTC	ATT	TAT	GGC	ATC	ATA	TGT	TTC	
21	V	N	G	A	L	Y	S	S	A	I	L	P	V	I	Y	G	I	I	C	F	
121	CTG	GGG	ATC	ATC	GGG	AAC	TGC	ATC	GTC	CTC	TAC	ACC	ATC	ATG	AAG	AAG	AAC	AAG	TGC	CAC	
41	L	G	I	I	G	N	C	I	V	L	Y	T	I	M	K	K	N	K	C	H	
181	GCT	AAA	CAA	ACC	GTC	CGG	GAC	GTC	TTC	ATC	ATC	TTA	AAC	CTG	TCC	ATC	GTC	GAC	CTC	CTG	TTC
61	A	K	Q	T	V	P	D	I	F	I	L	N	L	S	I	V	D	L	L	F	
241	CTC	CTC	GGG	ATG	CCA	TTT	CTC	ATC	CAC	CAG	TTG	CTG	GGC	AAT	GGC	AGC	TGG	CAC	TTC	GCG	
81	L	L	G	M	P	F	L	I	H	Q	L	L	G	N	G	S	W	H	F	G	
301	GGT	CCG	ATG	TGT	ACA	GTC	ATC	ACC	GCA	CTC	GAC	TCC	AAC	AGC	CAG	ATT	GTC	AGC	ACC	TAC	
101	G	P	M	C	T	V	I	T	A	L	D	S	N	S	Q	I	V	S	T	Y	
361	ATC	CTC	ACC	GCC	ATG	GCC	CTC	GAT	CGC	TAC	CTG	GCT	ACG	GTG	CAT	CCA	ATC	CGC	TTC	GAC	
121	I	L	T	A	M	A	L	D	R	Y	L	A	T	V	H	P	I	R	F	D	
421	TAC	ATC	ATC	GGC	CCC	TGC	GTC	GCC	CTG	GTC	ATC	GTG	ATG	GTG	TGG	TGT	CTG	TCC	TTC		
141	Y	I	R	T	P	C	V	A	A	L	V	I	V	M	V	W	C	L	S	F	
481	TTC	ACC	ATC	ATC	CCC	GTG	TTG	ATG	TAC	GCC	GGT	CTG	ATG	CCG	CTG	CCG	GAC	GGC	CTG	GTG	
161	F	T	I	I	P	V	L	M	Y	A	G	L	M	P	L	P	D	G	L	V	
541	GCC	TGC	GCT	CTG	CTC	CTG	CCC	GAC	CGC	GTC	ACC	AGC	ACA	TAC	TGG	TTC	ACA	CTT	TAT	CAG	
181	A	C	A	L	L	P	D	P	V	T	S	T	Y	W	F	T	L	Y	Q		
601	TTC	CTT	TTG	GCC	TTT	GCC	ATG	CCG	CTG	GCC	ATA	ATC	TGC	CTG	GTG	TAC	TTT	AAA	ATC	CTC	
201	F	L	L	A	F	A	M	P	L	A	I	I	C	L	V	Y	F	K	I	L	
661	CAG	AAC	ATG	TCC	ACC	AGC	GTG	GCA	CCA	CTG	CCT	CCA	CGG	AGT	TTG	AGG	GTG	CGC	ACG	AGG	
221	Q	N	M	S	T	S	V	A	P	L	P	P	R	S	L	R	V	R	T	R	
721	AAG	GTG	ACC	CGC	ATG	GCG	GTG	GCG	ATA	TGC	CTG	GCC	TTT	TTC	GTC	TGC	TGG	GCT	CCG	TAC	
241	K	V	T	R	M	A	V	A	I	C	L	A	F	F	V	C	W	A	P	Y	
781	TAC	ACC	CTC	CAG	TTG	GTG	CAC	CTG	GCC	GTG	CAG	AGC	CCG	TCC	ATC	GCC	TTC	AAC	TAC	GCC	
261	Y	T	L	Q	L	V	H	L	G	V	Q	K	P	S	I	A	F	N	Y	A	
841	TAC	AAC	GTG	GCC	ATC	AGC	ATG	GGC	TAC	GCC	AAAC	AGC	TGC	ATC	AAAC	CCC	TTC	ATC	TAC	ATC	
281	Y	N	V	A	I	S	M	G	Y	A	N	S	C	I	N	P	F	I	Y	I	
901	ACA	CTC	AGT	GAC	ACC	TTC	AAA	AGG	CAG	TTT	CTG	AGA	GCC	GTG	CAT	CCG	ATT	AAC	AGG	AAG	
301	T	L	S	D	T	F	K	R	Q	F	L	R	A	V	H	P	I	N	R	K	
961	TTC	CGA	GTG	AAC	CCC	AGT	AAG	ACC	GAC	GCA	GGC	AGC	GTC	AGC	ATG	CAA	ATG	GTC	CCC	GAG	
321	F	R	V	N	P	S	K	T	D	A	G	S	V	S	M	Q	M	V	P	E	
1021	GCC	GTC	CGG	CCC	GAG	CCG	GCC	CCG	CGG	GAC	ATG	ATA	CCA	TCC	AAT	CTG	GTT	TCT	CAG	<u>TGA</u>	
341	G	V	R	P	E	P	A	P	R	D	M	I	P	S	N	L	V	S	Q	*	
1081	ATG	TCA	ATC	TCT	GTT	TTT	ACA	ATC	AGA	CAA	TCA	TTC	TGC	AGT	TTC	TCC	ACC	CAA	AAC	AAG	
1141	ACA	GAA	TTG	TCT	TTT	TTT	TTC	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	TTT	
1201	CAG	TTC	TAC	GAT	TAT	TAA	AAA	TAG	GAA	ACA	CAC	TGA	CGT	GTC	TGG	AGC	CCG	TGT	GTC	GTA	
1261	AAA	GAA	<u>AAT</u>	<u>TAA</u>	CCT	AGT	TCT	TTT	AGT	TAT	TTT	TAC	ATC	AGT	TAA	TGT	GTA	ACC	ACC		
1321	CAC	AGA	GAC	TCC	AGG	AGG	CGG	TGT	AAC	TGT	TCA	TGG	AAA	AAA	ATA	TTT	TCT	TGC	CAG	TAG	
1381	TAAT	CTG	TAG	ATT	TAC	AGA	GGAA	AAA	AAA	AAA	AAA	AAA	AAA	AAA	AAA	AAA	AAA	AAA	AAA	AAA	

图 1 半滑舌鳎 *MCHR1* 基因 cDNA 全长序列及推导的氨基酸序列

Fig.1 The full-length cDNA sequence of *C. semilaevis* *MCHR1* gene and deduced amino acid sequence

推导的氨基酸序列用单字母表示, 从阴影显示的起始甲硫氨酸开始计数。信号肽用单下划线表示, 糖基化位点以粗体表示, 跨膜螺旋用斜体表示, AATTAA 加尾信号用框表示, 终止密码子(TGA)用*表示。下同

The deduced amino acid residues were represented as single letter abbreviations and numbered from the initiating methionine which was shadowed. The signal peptide was underlined. The potential glycosylation sites were bolded. The transmembrane helices were italicized. The AATTAA sequence that indicated the polyadenylation signal was boxed. The boxed stop codon was marked by an asterisk. The same as below

2 结果

2.1 *MCHR1* cDNA 序列结构

半滑舌鳎 *MCHR1* cDNA 序全长为 1685 bp, 包括 262 bp 的 5' 非编码区(UTR)、1080 bp 的开放阅读框(ORF)和 343 bp 的 3'UTR, 编码 359 个氨基酸。N 端第 1–30 位氨基酸为信号肽序列, 7 个糖基化位点分别位于第 5、8、15、72、94、222 和 324 位氨基酸。存在 7 个跨膜结构域, 分别位于 29–51、68–90、105–127、147–169、195–217、246–268 和 283–302 位氨基酸。3'端 UTR 含有 1 个加尾信号 AATTAA (图 1)。编码蛋白预测分子量为 39.9 kDa, 等电点为 9.00。

半滑舌鳎 MCHR2 cDNA 序全长为 1626 bp, 包括 213 bp 的 5'UTR、1044 bp 的 ORF 和 369 bp 的 3'UTR, 编码 347 个氨基酸。N 端第 1~47 位氨基酸为信号肽序列, 4 个糖基化位点分别位于第 2、11、15 和 23 位氨基酸, 存在 7 个跨膜结构域, 位置分别为 41~63、76~98、118~140、152~174、204~226、247~269 和 282~304 位氨基酸。3'UTR 区含有 1 个加尾信号 AATAA(图 2)。编码蛋白预测的分子量为 39.8 kDa, 等电点为 9.16。

2.2 MCHR 的氨基酸序列同源性比较

同源性分析显示, 半滑舌鳎 MCHR1 的氨基酸序列与鲽形目、鲈形目的相似度达 81.8%~83.3%, 与牙鲆(*Paralichthys olivaceus*)的相似度为 83.3%, 与爬行类、鸟类和人的相似度分别为 63.5%、62.2% 和 14.1%。半滑舌鳎 MCHR2 的氨基酸序列与鲽形目的相似度达到 90% 以上, 与鲤形目鱼类相似度为 33.0%~75.7%,

而与爬行类、鸟类和人的相似度分别仅为 33.6%、29.6% 和 34.2%。另外, 半滑舌鳎 MCHR1 和 MCHR2 的氨基酸序列相似度仅为 30.1%(表 2)。

利用 ClustalX 2.0.12 对半滑舌鳎 MCHR 的氨基酸序列与其他物种的 MCHR 氨基酸序列进行了比较(图 3)。结果发现, 半滑舌鳎与其他鱼类 MCHR 的氨基酸序列保守性较强, 仅在 C 端和 N 端删除了一些氨基酸, 中间部分较为保守。

2.3 MCHR 系统进化分析

构建了半滑舌鳎 MCHR 和其他脊椎动物 MCHR 的系统进化树(图 4), 半滑舌鳎 MCHR1 与鲱形目、鲽形目鱼类聚为 1 个小分支, 与其他硬骨鱼类和鸟类、爬行类、人类聚为 1 个大分支; 半滑舌鳎 MCHR2 与鲽形目聚为 1 个小分支, 与其他硬骨鱼类聚为 1 个大分支, 与 MCHR1 遗传距离较大, 分别向 2 个方向进化。

-213	AGT	CAC	ACG	GCT	GAG	ATG	ATC	AGC	CTG	GAG	CCC	GTG	CTC	CGG	TCG	GGG	TTT	TAT	ATT			
-180	TGA	GTT	TCA	GAG	GAG	AAC	CGC	TGC	CGT	CCA	GCA	GGG	AGT	GCG	CGC	ACT	TGG	AGA	GTG	CGT		
-120	AAA	TCT	GCT	GTC	CAA	CTT	TGG	GAA	GCG	GAG	CGC	CGC	CGC	GTC	TGG	AAC	GAG	GAC	CCG	AAG		
-60	1	ATG	AAC	GAC	TCC	GGG	GTG	TTC	TGC	AAA	GGA	GGC	AAC	CAG	TCG	GAC	AAC	ATG	ACA	GAG	CCG	TCA
1	M	N	D	S	G	V	F	C	K	G	N	Q	S	D	N	M	T	E	P	S		
1	TGT	CTG	AAC	TCG	ACT	CGG	CCG	ACG	TAC	AAC	ATC	GAC	ATC	ACC	ACC	TTC	ATG	CAC	ATC			
61	C	L	N	S	T	R	P	T	Y	N	H	I	D	I	T	T	F	M	H	I		
21	TTC	CCC	TCC	ATC	TAC	GGC	ATC	CTG	TGC	TCG	GTC	GGA	GTG	ATT	GCC	AAC	GGA	CTG	GTC	ATT		
121	F	P	S	I	Y	G	I	L	C	S	V	G	V	I	A	N	G	L	V	I		
41	TAC	GCG	GTG	GCG	GCG	TGC	AAG	AAG	AAG	ATG	GTG	TCC	GAC	ATC	TAC	GTG	CTG	AAC	CTG	GCC		
181	Y	A	V	A	C	K	K	M	K	M	V	S	D	I	Y	V	L	N	L	A		
61	ATA	GCC	GAC	ATG	CTG	TTC	CTG	CTG	GTG	ATG	CCC	TTC	AAC	ATC	CAC	CAG	CTG	GTC	AGG	GAC		
241	I	A	D	M	L	F	L	L	V	M	P	F	N	I	H	Q	L	V	R	D		
81	AGA	CAG	TGG	GTC	TTT	GGG	AAC	TTT	ATG	TGT	AAA	GCG	GTT	GTG	GTG	GTG	GAC	GTC	AGT	AAC		
301	R	Q	W	V	F	G	N	F	M	C	K	A	V	V	V	V	D	V	S	N		
101	CAG	TTC	ACC	ACC	GTG	GGG	ATT	GTT	ACT	GTG	CTG	TGC	ATT	GAT	CGG	TAC	ATA	GCC	ATT	GTC		
361	Q	F	T	T	V	G	I	V	T	V	L	C	I	D	R	Y	I	A	I	V		
421	CAC	CCC	ACC	TCA	GAG	AAG	AGG	ACC	ATC	CAC	TGG	ACC	ATC	ATA	ATC	AAC	ACA	CTG	GTC	TGG		
141	H	P	T	S	E	K	R	T	I	H	W	T	I	I	I	N	T	L	V	W		
481	GTG	GCG	AGC	TTC	CTC	CTC	ACC	GTG	CCG	GTC	ATG	ATG	TAC	GCC	AGG	GTG	GAG	CGC	AAG	CAG		
161	V	G	S	F	L	L	T	V	P	V	M	M	Y	A	R	V	E	R	K	Q		
541	CAC	ATG	GAG	GTG	TGC	ATG	ATG	TGG	CTG	GAC	GGT	CCC	GAG	GAC	ATG	TAC	TGG	TAC	ACC	TTC		
181	H	M	E	V	C	M	M	W	L	D	G	P	E	D	M	Y	W	Y	T	F		
601	TAC	CAG	TCC	ATC	CTG	GGC	TAC	ATC	ATT	CCT	CTC	ATC	ATC	ATC	AGC	ACC	TTC	TAC	TCC	CTC		
201	Y	Q	S	I	L	G	Y	I	I	P	L	I	I	I	S	T	F	Y	S	L		
661	ACC	CTC	TAC	CAC	GTC	TTC	AGC	TCC	GTC	CGC	CGC	GTC	AAA	CGC	AAG	CAG	ACG	GTT	TGG	GCT		
221	T	L	Y	H	V	F	S	S	V	R	R	V	K	R	K	Q	T	V	W	A		
721	AAA	CGG	GCC	ACC	AAG	ATG	GTG	CTG	ATG	GTA	ATT	GCA	TTG	TTC	CTG	ATT	TGC	TGG	TCG	CCC		
241	K	R	A	T	K	M	V	L	M	V	I	A	L	F	L	I	C	W	S	P		
781	TAC	CAT	GTC	ATT	CAA	GTG	ATC	AAC	CTG	AGC	AAC	AGC	CCC	ACC	ATC	ACC	TTC	GTA	TAT			
261	Y	H	V	I	Q	V	I	N	L	S	N	N	T	P	T	I	T	F	V	Y		
841	GTC	TAC	CAC	ATC	AGC	ATC	TGC	CTG	AGC	TAC	TCC	CAC	AGC	TGC	ATC	AAC	CCG	CTC	ATG	CTG		
281	V	Y	H	I	S	I	C	L	S	Y	S	H	S	C	I	N	P	L	M	L		
901	CTC	ATC	TTC	GCC	CAG	AAC	TAT	CGC	GAC	CGC	CTC	TGT	CGC	AGA	AAC	GCC	CCG	CAC	AGC	TCC		
301	L	I	F	A	Q	N	Y	R	D	R	L	C	R	R	N	A	P	H	S	S		
961	CAG	CAC	TCC	TCC	AAC	CTC	ACG	GTG	GTC	AAA	ACG	GAT	GGT	TCC	AGC	GTA	ACC	AGT	AAC	CCC		
321	Q	H	S	S	K	L	T	V	V	K	T	D	G	S	S	V	T	S	N	P		
1021	AAC	TAC	CGC	TGC	ACG	GTT	GTG	<u>TGA</u>	AAC	GTT	GTA	GAT	ATT	TAT	GTA	AAC	GCT	TTG	ATG	CCG		
341	N	Y	R	C	T	V	V	*														
1081	ACT	TCA	AAA	TGA	CTC	GCG	GTG	ATG	AGA	AGT	GTC	GCG	CGT	GAA	ATC	ACA	CCC	TCG	GTG	TTT		
1141	CCA	CAA	TTG	TAA	ATG	ACT	GAA	AGG	AGA	GTG	GGT	GCA	CAG	CAC	CAT	CAT	CAT	CAT	CAT	CAT		
1201	CAT	CAT	CAT	CAT	CAT	CAT	CAT	CAT	CAT	CAT	CAT	CAT	CAT									
1261	CAT	CAT	CTT	CAT	CAT	CAT	CAT	CAT	CAG	CTG	CAG	TAA	GAG	TAA	ACA	TGA	CTG	AAA	GAC			
1321	ATG	AAC	CTC	AGG	TCG	CAC	CAA	AGG	TTT	GTG	TTT	ACA	<u>GAA</u>	<u>TAA</u>	AGG	AAAG	GTG	ACC	TTC	TCC		
1381	AAA	AAA	AAA	AAA	AAA	AAA	AAA	AAA	AAA	AAA	AAA	AAA										

图 2 半滑舌鳎 MCHR2 基因 cDNA 全长序列及推导的氨基酸序列

Fig.2 The full-length cDNA sequence of *C. semilaevis* MCHR2 gene and deduced amino acid sequence

表2 半滑舌鳎 MCHR 氨基酸序列与其他脊椎动物的同源性比较
 Tab.2 Comparison of homology of the precursor peptide sequences of *MCHR* gene between *C. semilaevis* and other vertebrates

物种 Species	序列号 GenBank accession no.	与 MCHR1 同源性 Homology with MCHR1 (%)	与 MCHR2 同源性 Homology with MCHR2 (%)
半滑舌鳎 <i>C. semilaevis</i> -1		100.0	30.1
半滑舌鳎 <i>C. semilaevis</i> -2		30.1	100.0
牙鲆 <i>P. olivaceus</i> -1	ACJ45803.1	83.3	31.6
牙鲆 <i>P. olivaceus</i> -2	ACJ45804.1	30.3	91.0
条斑星鲽 <i>V. moseri</i> -1	BAF49517.1	81.8	31.4
条斑星鲽 <i>V. moseri</i> -2	BAF49518.1	30.7	91.6
美洲拟鲽 <i>P. americanus</i> -1	AEE36641.1	6.5	13.8
美洲拟鲽 <i>P. americanus</i> -2	AEE36643.1	12.3	9.5
布氏新亮丽鲷 <i>Neolamprologus brichardi</i> -1	XP_006787523.1	81.8	32.0
布氏新亮丽鲷 <i>N. brichardi</i> -2	XP_006781728.1	5.5	10.5
罗非鱼 <i>Oreochromis niloticus</i> -1	XP_003447997.1	81.8	32.0
罗非鱼 <i>O. niloticus</i> -2	XP_003445904.1	31.0	87.3
网纹鮨 <i>Poecilia reticulate</i> -1	XP_008412904.1	80.1	31.9
网纹鮨 <i>P. reticulate</i> -2	XP_008418194.1	30.7	84.4
红鳍东方鲀 <i>Takifugu rubripes</i> -1	XP_003972036.1	76.4	32.7
红鳍东方鲀 <i>T. rubripes</i> -2	XP_003970585.1	29.9	81.0
斑点雀鳝 <i>Lepisosteus oculatus</i> -1	XP_006635517.1	68.9	31.9
斑点雀鳝 <i>L. oculatus</i> -2	XP_006631982.1	31.1	71.8
鲫鱼 <i>Carassius auratus</i> -1	BAH70338.1	66.9	31.3
鲫鱼 <i>C. auratus</i> -2	BAH70339.1	32.4	75.5
斑马鱼 <i>D. rerio</i> -1a	XP_001343144.1	67.7	30.0
斑马鱼 <i>D. rerio</i> -1b	XP_692413.3	66.0	30.7
斑马鱼 <i>D. rerio</i> -2	XP_001921716.2	34.3	33.0
扬子鳄 <i>Alligator sinensis</i> -1	XP_006018414.1	63.5	28.7
扬子鳄 <i>A. sinensis</i> -2	XP_006020523.1	33.7	33.6
鸡 <i>Gallus gallus</i> -1	XP_004946431.1	62.2	29.6
人 <i>Homo sapiens</i> -1	CAC16691.1	14.1	14.7
人 <i>H. sapiens</i> -2	AAK32193.1	34.1	34.2

2.4 MCHR mRNA 的组织表达特性

半滑舌鳎 *MCHR1* mRNA 在鳃中表达量最高, 有眼侧皮肤、性腺、脾脏和无眼侧正常皮肤中检测到较高的表达量, 而垂体、脑、无眼侧黑化皮肤、肝、肠、心脏中表达量较低, 胃、肾、头肾、肌肉中检测到微量表达; 半滑舌鳎 *MCHR2* mRNA 在有眼侧皮肤中表达量最高, 性腺次之, 而在垂体、脑、无眼侧黑化皮肤、无眼侧正常皮肤和头肾中有少量表达, 在肝、肠、胃、肾、肌肉、心脏和脾脏中微量表达(图 5)。*MCHR* 在性腺中的高表达表明其可能会参与生殖活动调控。另外, 有眼侧皮肤中这 2 种 *MCHR* 亚基表达水平均显著高于无眼侧黑化和正常皮肤, 而无眼侧黑化皮肤中, *MCHR1* 表达显著低于无眼侧正常皮肤, 无眼侧

黑化皮肤中 *MCHR2* 则显著高于无眼侧正常皮肤, 表现出差异表达特性。

2.5 MCHR mRNA 表达调控与无眼侧黑化程度的关系

本研究分析了半滑舌鳎脑垂体和皮肤中 *MCHR* mRNA 表达与无眼侧黑化程度的关系(图 6)。无眼侧黑化发生早期, 脑垂体中的 *MCHR1* mRNA 显著升高, 在无眼侧 50% 黑化组达峰值, 其后又显著降低; 皮肤中的 *MCHR1* mRNA 在无眼侧 10% 黑化组显著高于对照组, 其后保持较高表达水平。脑垂体和皮肤中的 *MCHR2* mRNA 表达表现出一致的变化趋势, 在无眼侧黑化发生早期(10% 黑化组), 垂体和皮肤中的 *MCHR2* mRNA 都达到峰值, 随后逐渐下降至相对较低水平。

图 3 半滑舌鳎与其他物种的 MCHR 氨基酸序列比较

Fig.3 Comparison of the amino acid sequences of *C.semilaevis* MCHR and other species

“*”表示一致的氨基酸；“.”表示高度保守度的氨基酸；“-”表示低保守度的氨基酸；MCHR 氨基酸序列号见表 2；AS1、AS2：扬子鳄；CA1、CA2：鲫鱼；CS1、CS2：半滑舌鳎；DR1a、DR1b、DR2：斑马鱼；Gallus：鸡；Homo1、Homo2：人；LO1、LO2：斑点雀鳝；NB1、NB2：布氏新亮丽鲷；ON1、ON2：尼罗罗非鱼；PA1、PA2：美洲拟鲽；PR1、PR2：网纹鮨；PO1、PO2：牙鲆；TR1、TR2：红鳍东方鲀；VM1、VM2：条斑星鲽

Asterisks (*) indicated identical amino acid sequences; Dot (.) indicated highly conserved amino acid sequences; Dot (.) indicated amino acid sequences of low degree conserved; GenBank accession numbers were shown in Tab. 2: AS1, AS2; *A. sinensis*: CA1.

amino acid sequences of low degree conserved, GenBank accession numbers were shown in Tab. 2, A31, A32; *A. sinensis*, CA1, CA2; *C. auratus*; CS1, CS2; *C. semilaevis*; DR1a, DR1b, DR2; *D. rerio*; *Gallus*: *G. gallus*; Homo1, Homo2; *H. sapiens*; LO1, LO2; *L. ocellatus*; NB1, NB2; *N. brachyuri*; ON1, ON2; *O. niloticus*; PA1, PA2; *P. americanus*; PR1, PR2; *P. reticulata*; PO1, PO2;

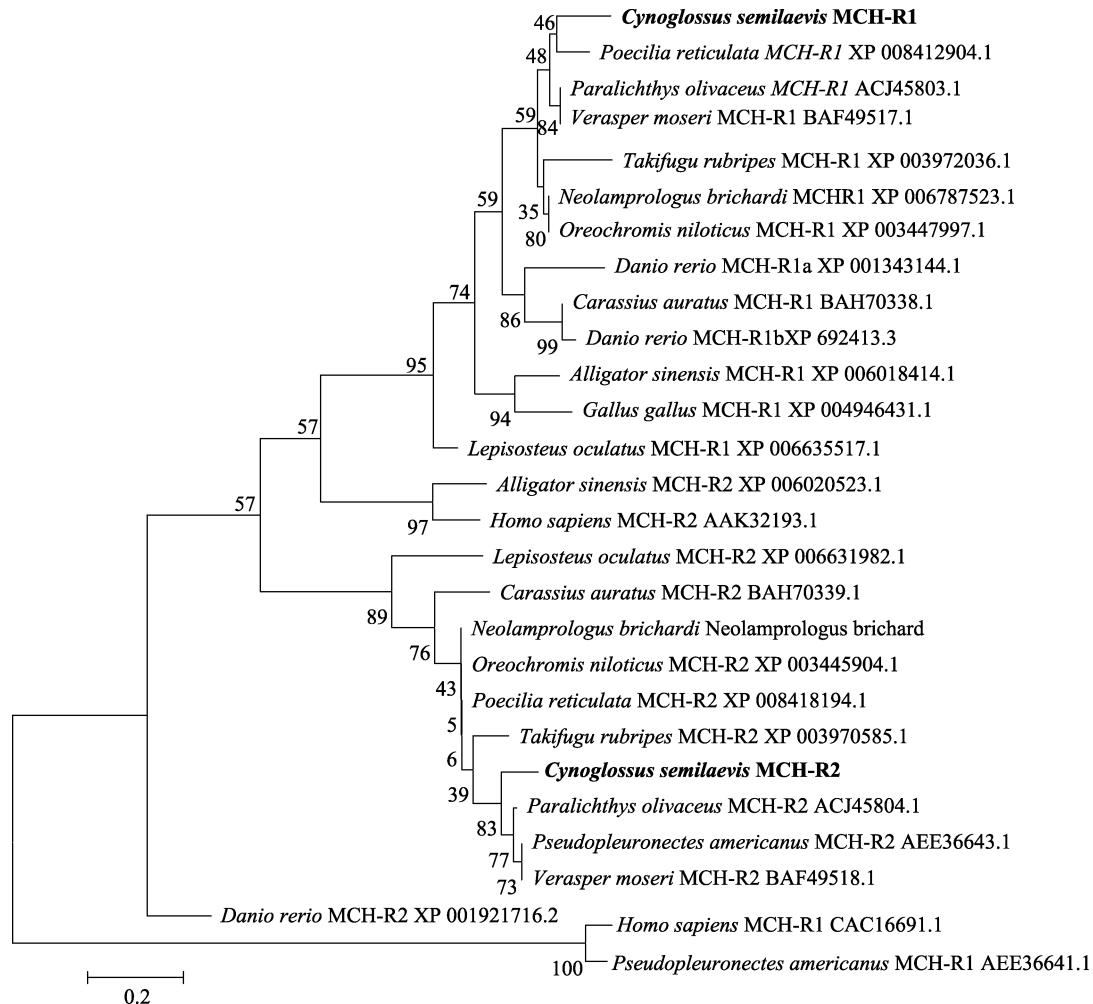


图4 基于MCHR氨基酸序列的NJ系统进化树
Fig.4 NJ phylogenetic tree based on MCHR amino acid sequences

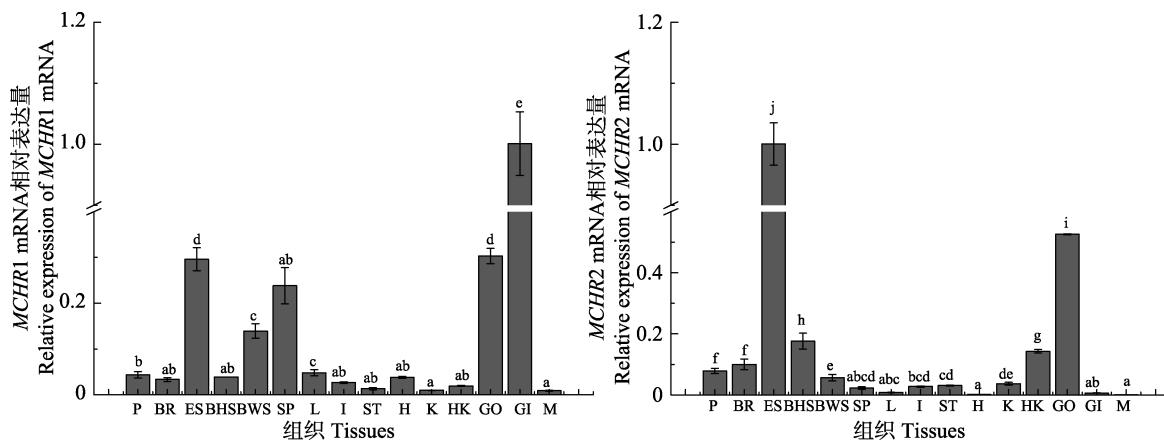
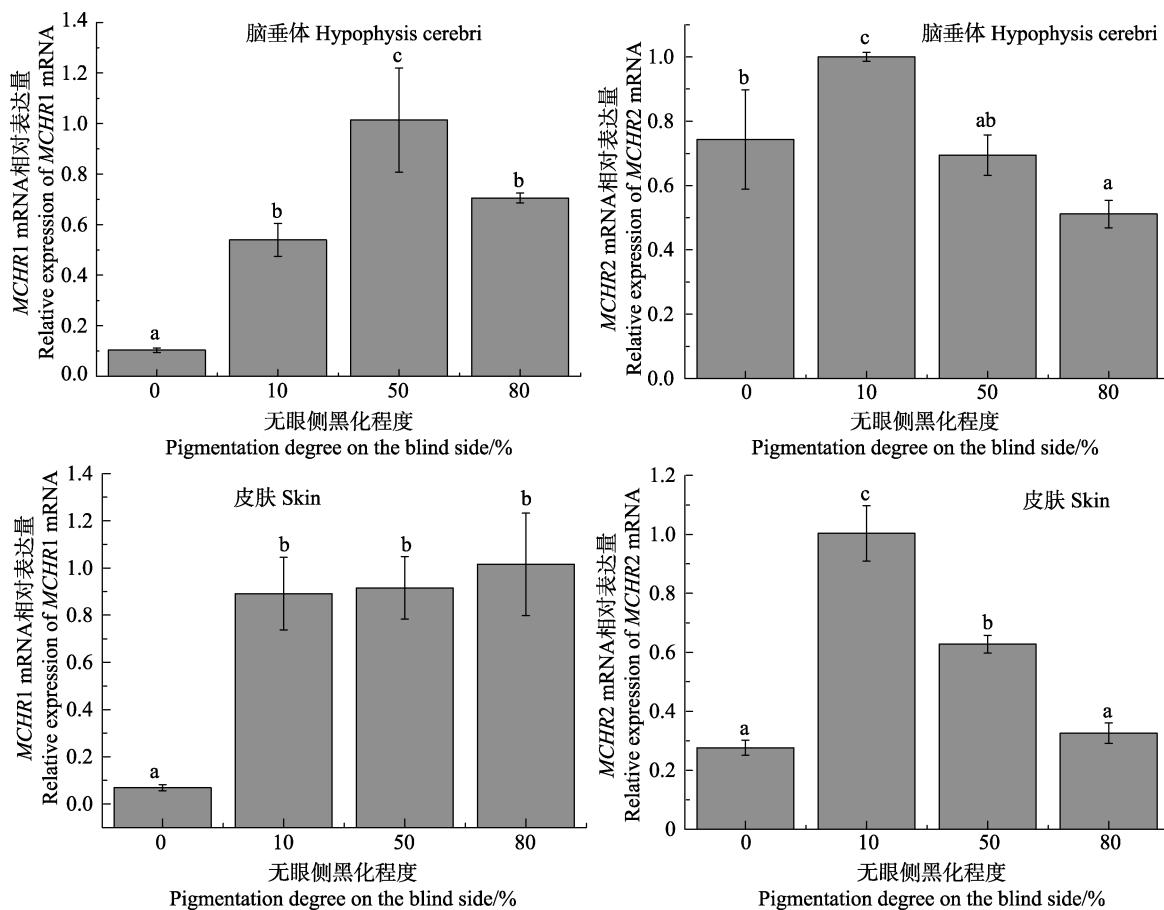


图5 半滑舌鳎MCHR mRNA在不同组织中的相对表达量
Fig.5 Relative expression of MCHR mRNA in different tissues of *C. semilaevis*

P: 垂体; BR: 脑; ES: 有眼侧皮肤; BHS: 无眼侧黑化皮肤; BWS: 无眼侧白皮肤; SP: 脾; L: 肝; I: 肠; ST: 胃; H: 心; K: 肾; HK: 头肾; GO: 性腺; GI: 鳃; M: 肌。不同字母代表差异显著($P<0.05$)，下同
P: Pituitary; B: Brain; ES: Eye-side skin; BHS: Blind-side hypermelanosis skin; BWS: Blind-side white skin; SP: Spleen; L: Liver; I: Intestine; ST: Stomach; H: Heart; K: Kidney; HK: Head kidney; GO: Gonad; GI: Gill; M: Muscle. Different letters denoted significant differences ($P<0.05$), the same as below

图 6 半滑舌鳎脑垂体和皮肤中 *MCHR* mRNA 的表达与无眼侧黑化程度的关系Fig.6 Correlation between expression of *MCHR* mRNAs in hypophysis cerebri and skin of *C. semilaevis* and its pigmentation degree on the blind-side

2.6 *MCHR* 编码蛋白质三级结构预测

通过 SWISS-MODEL 网站预测了半滑舌鳎 *MCHR* 编码的蛋白质的三级结构, 如图 7、图 8 所示。

3 讨论

本研究获得了半滑舌鳎 *MCHR* 的 2 个亚型 *MCHR1* 和 *MCHR2* cDNA 序列全长, 并研究了其组织表达特性和不同黑化面积表达特性, 为进一步研究 MCH 对体色调控的作用信号途径提供了基础。本研究获得了半滑舌鳎 2 个 *MCHR* 亚型的结构, 这种单个或多个亚型的现象可能是由早期基因组的复制或者在进化分离过程中丢失造成的。在基因结构方面, 半滑舌鳎 *MCHR1* 编码 359 个氨基酸, 含有 7 个糖基化位点, 其中, 3 个位于 N 端, 1 个位于 C 端。美洲拟鲽 *MCHR1* 序列中没有发现糖基化位点(Tuziak *et al.*, 2012), 条斑星鲽中含有 5 个糖基化位点, 其中 2 个 N 端糖基化位点(Takahashi *et al.*, 2007)。*MCHR2* 编码 347 个氨基酸, 含有 4 个 N 端糖基化位点和 7 个跨膜

结构域, 这与条斑星鲽的 *MCHR2* 序列中糖基化位点数量与位置相同(Takahashi *et al.*, 2007), 而在美洲拟鲽 *MCHR2* 只发现 1 个糖基化位点、3 个跨膜结构域(Tuziak *et al.*, 2012)。糖基化位点的存在可赋予蛋白质传导信号的功能, 同时糖基化有助于某些蛋白的正确折叠, 而跨膜结构对于受体蛋白发挥生物学功能起到决定性作用。不同鱼种间 *MCHR* 基因结构的差异可能与种的特异性和 *MCHR1* 功能的差异有关, 具体机制还有待研究确认。同源性分析和系统进化分析表明, 半滑舌鳎 *MCHR1* 和 *MCHR2* 的进化保守性较强, 特别是 *MCHR1*。但 *MCHR1* 和 *MCHR2* 的氨基酸同源性仅为 30.1%, 表明在进化过程中, 其祖先基因发生了复制和功能的分化, 且这种分化发生的时期可能较早。

组织表达分析显示, 半滑舌鳎 *MCHR1* mRNA 主要在鳃、有眼侧皮肤、性腺、脾脏和无眼侧白皮中表达, 这种广泛的表达特性与美洲拟鲽 *MCHR1* 的研究结果相似(Tunisia *et al.*, 2012), 而对条斑星鲽的研究发现, *MCHR1* 只在脑中表达(Takahashi *et al.*, 2007), 说明 *MCHR1* 的生理功能具有种属特异性。本研究还

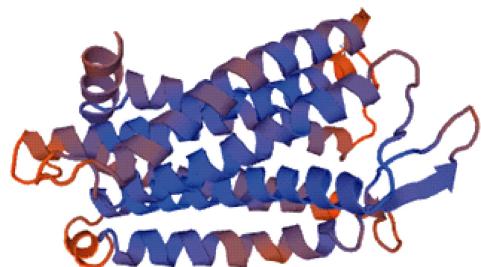


图7 SWISS-MODEL 预测的半滑舌鳎 MCHR1 蛋白三级结构

Fig.7 Tertiary structure of *C. semilaevis* MCHR1 protein predicted by SWISS-MODEL

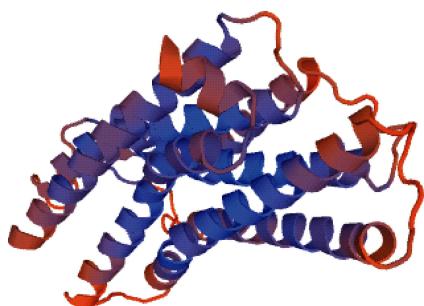


图8 SWISS-MODEL 预测的半滑舌鳎 MCHR2 蛋白三级结构

Fig.8 Tertiary structure of *C. semilaevis* MCHR2 protein predicted by SWISS-MODEL

发现, *MCHR2* mRNA 主要在有眼侧皮肤、性腺中表达, 这与美洲拟鲽和条斑星鲽的研究结果一致。说明半滑舌鳎 *MCHR2* 可能具有与美洲拟鲽和条斑星鲽类似的生理功能, 参与皮肤黑化和摄食行为的调控(Takahashi *et al.*, 2007; Tuziak *et al.*, 2012)。除主要靶器官外, 在半滑舌鳎其他组织中也检测到 *MCHR* mRNA 的表达, 这种表达模式在美洲拟鲽(Tuziak *et al.*, 2012)、条斑星鲽(Takahashi *et al.*, 2007)、斑马鱼(Berman *et al.*, 2009)、金鱼(Mizusawa *et al.*, 2009)等鱼类中也同样存在, 暗示 *MCHR* 可能与其他硬骨鱼类一样具有多样化的生理功能。

本研究发现, 半滑舌鳎有眼侧皮肤中 *MCHR* 的表达水平显著高于无眼侧黑化皮肤和无眼侧正常皮肤, 表明皮肤中的 *MCHR* 直接参与了黑色素细胞的代谢调控过程。在 *MCH* 的研究中, 我们发现半滑舌鳎 *MCH1* 和 *MCH2* 的主要靶器官为垂体, 而本研究发现, *MCHR1* 和 *MCHR2* 的主要靶器官分别为鳃和有眼侧皮肤, 提示 *MCHR* 介导 *MCH* 的生理功能可能是通过旁分泌和自分泌的信号途径。与无眼侧黑化皮肤和正常皮肤相比, 有眼侧皮肤中 *MCH* 和 *MCHR* 的表达水平都显著升高。同时, 在无眼侧黑化皮肤中的 *MCH1* 和 *MCHR1* 表达水平显著高于无眼侧正常皮

肤, 而无眼侧黑化皮肤中 *MCH2* 和 *MCHR2* 表达水平显著低于无眼侧正常皮肤。由此说明, *MCH/MCHR* 信号系统在有眼侧体色调控和无眼侧黑化调控过程中可能存在协同作用, 但具体的作用途径和机制尚需深入研究验证。

Takahashi 等(2004)在条斑星鲽 *MCHR* 的研究中发现, *MCH* 通过与 *MCHR* 结合控制着色素细胞中黑色素颗粒的聚合。条斑星鲽有眼侧皮肤中, *MCH* 通过与 *MCHR2* 特异结合调控体色以适应不同环境背景的变化, 如白色养殖环境下有眼侧皮肤 *MCHR2* mRNA 表达量低于黑色养殖环境, 表明 *MCHR2* 可能直接参与了对养殖环境的适应调控(Takahashi *et al.*, 2007)。本研究初步揭示了 *MCHR* 与无眼侧黑化发生过程的关系, 结合 *MCH* 的表达情况, 发现在无眼侧黑化程度不同的半滑舌鳎垂体中, *MCH1* 和 *MCHR1* 具有互补表达的变化趋势, 即无眼侧 10% 黑化鱼垂体 *MCH1* 达峰值后显著下降, 而 *MCHR1* 在 10% 黑化鱼中表达开始升高, 而在 50% 黑化鱼中达峰值并在 80% 黑化鱼中保持较高水平, 这种互补表达特性提示了 *MCH* 与 *MCHR* 之间可能存在协同调控作用。皮肤中 *MCH1* 与 *MCHR1* 也存在类似的协同表达调控关系, 其具体的信号通路尚需进一步研究。作者还发现, 垂体和皮肤中的 *MCH1* 与 *MCHR2* 都分别存在类似表达变化趋势, *MCH* 可能与 *MCHR1*、*MCHR2* 同时结合而发挥生理功能。有趣的是, 我们发现半滑舌鳎垂体和皮肤中 *MCH2* 与 *MCHR1*、*MCHR2* 也具有类似表达调控关系。综上所述, *MCH/MCHR* 系统对半滑舌鳎无眼侧黑化性状发生和发展的过程具有重要的调控作用, 但 *MCH/MCHR* 结合作用途径及机制尚不明了。目前研究尚无法确定哪种因子是参与无眼侧黑化调控的关键因子, 通过构建基因敲除型模式鱼类可能为基因的功能解析提供支撑, 探明 *MCH/MCHR* 信号系统对无眼侧黑化的调控作用机制将有利于建立实用的体色调控技术。

参 考 文 献

- An S, Cutler G, Zhao JJ, *et al.* Identification and characterization of a melanin-concentrating hormone receptor. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2001, 98(13): 7576–7581
- Berman JR, Skariah G, Maro GS, *et al.* Characterization of two melanin-concentrating hormone genes in zebrafish reveals evolutionary and physiological links with the mammalian *MCH* system. *Journal of Comparative Neurology*, 2009, 517(5): 695–710

- Chambers J, Ames RS, Bergsma D, et al. Melanin-concentrating hormone is the cognate ligand for the orphan G-protein-coupled receptor SLC-1. *Nature*, 1999, 400(6741): 261–265
- Deng JY, Meng TX, Ren SM, et al. Composition and quantity distribution of the Bohai Sea fish species. *Marine Fisheries Research*, 1988, 9: 11–89 [邓景耀, 孟田湘, 任胜民, 等. 渤海鱼类种类组成及数量分布. 海洋水产研究, 1988, 9: 11–89]
- Forray C. The MCH receptor family: Feeding brain disorders? *Current Opinion in Pharmacology*, 2003, 3(1): 85–89
- Griffond B, Baker BI. Cell and molecular cell biology of melanin concentrating hormone. *International Review of Cytology*, 2002, 213(4): 233–277
- Hill J, Duckworth M, Murdock P, et al. Molecular cloning and functional characterization of MCH2, a novel human MCH receptor. *Journal of Biological Chemistry*, 2001, 276(23): 20125–20129
- Jiang YW, Wang JR, Chen RS, et al. Artificial fry rearing of *Cynoglossus semilaevis* Günther in Bohai Sea. *Marine Fisheries Research*, 1993, 14: 25–33 [姜言伟, 万瑞景, 陈瑞盛, 等. 渤海半滑舌鳎人工育苗工艺技术的研究. 海洋水产研究, 1993, 14: 25–33]
- Kang DY, Kim HC. Functional characterization of two melanin-concentrating hormone genes in the color camouflage, hypermelanism, and appetite of starry flounder. *General and Comparative Endocrinology*, 2013, 189: 74–83
- Kawauchi H, Baker BI. Melanin-concentrating hormone signaling systems in fish. *Peptides*, 2004, 25(10): 1577–1584
- Kawauchi H, Kawazoe I, Tsubokawa M. Characterization of melanin concentrating hormone in chum salmon pituitaries. *Nature*, 1983, 305(5932): 321–323
- Kawauchi H. Functions of melanin-concentrating hormone in fish. *Journal of Experimental Zoology Part A Comparative Experimental Biology*, 2006, 305(9): 751–760
- Kishida M, Baker BI, Eberle AN. The measurement of melanin concentrating hormone in trout blood. *General and Comparative Endocrinology*, 1989, 74(2): 221–229
- Lakaye B, Minet A, Zorzi W, et al. Cloning of the rat brain cDNA encoding for the SLC-1 G protein-coupled receptor reveals the presence of an intron in the gene. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1998, 1401(2): 216–220
- Lembo PM, Grazzini E, Cao J, et al. The receptor for the orexigenic peptide melanin-concentrating hormone is a G-protein-coupled receptor. *Nature Cell Biology*, 1999, 1(5): 267–271
- Li ZJ, Yang LJ, Wang J, et al. β -Actin is a useful internal control for tissue-specific gene expression studies using quantitative real-time PCR in the half-smooth tongue sole *Cynoglossus semilaevis* challenged with LPS or *Vibrio anguillarum*. *Fish and Shellfish Immunology*, 2010, 29(1): 89–93
- Liu XZ, Zhuang ZM. Reproduction biology and culture technology of half-smooth tongue sole *Cynoglossus semilaevis*. Beijing: China Agriculture Press, 2014, 1–10 [柳学周, 庄志猛. 半滑舌鳎繁育理论与养殖技术. 北京: 中国农业出版社, 2014, 1–10]
- Livak KJ, Schmittgen TD. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta CT}$ method. *Methods*, 2001, 25(4): 402–408
- Logan DW, Bryson-Richardson RJ, Pagán KE, et al. The structure and evolution of the melanocortin and MCH receptors in fish and mammals. *Genomics*, 2003, 81(2): 184–191
- Mizusawa KL, Saito Y, Wang Z, et al. Molecular cloning and expression of two melanin-concentrating hormone receptors in goldfish. *Peptides*, 2009, 30(11): 1990–1996
- Mori M, Harada M, Terao Y, et al. Cloning of a novel G protein-coupled receptor, SLT, a subtype of the melanin-concentrating hormone receptor. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 2001, 283(5): 1013–1018
- Pissios P, Maratos-Flier E. Melanin-concentrating hormone: From fish skin to skinny mammals. *Trends in Endocrinology and Metabolism*, 2003, 14(5): 243–248
- Rodriguez M, Beauverger P, Naime I, et al. Cloning and molecular characterization of the novel human melanin-concentrating hormone receptor MCH2. *Molecular Pharmacology*, 2001, 60(4): 632–639
- Saito Y, Nothacker HP, Wang Z, et al. Molecular characterization of the melanin-concentrating-hormone receptor. *Nature*, 1999, 400(6741): 265–269
- Suzuki M, Narnaware YK, Baker BI, et al. Influence of environmental colour and diurnal phase on MCH gene expression in the trout. *Journal of Neuroendocrinology*, 1995, 7(4): 319–328
- Takahashi A, Kobayashi Y, Amano M, et al. Structural and functional diversity of proopiomelanocortin in fish with special reference to barfin flounder. *Peptides*, 2009, 30(7): 1374–1382
- Takahashi A, Kosugi T, Kobayashi Y, et al. The melanin-concentrating hormone receptor 2 (MCH-R2) mediates the effect of MCH to control body color for background adaptation in the barfin flounder. *General and Comparative Endocrinology*, 2007, 151(2): 210–219
- Takahashi A, Tsuchiya K, Yamanome T, et al. Possible involvement of melanin concentrating hormone in food intake in a teleost fish, barfin flounder. *Peptides*, 2004, 25(10): 1613–1622
- Tan CP, Sano H, Iwaasa H, et al. Melanin-concentrating hormone receptor subtypes 1 and 2: Species-specific gene expression. *Genomics*, 2002, 79(6): 785–792
- Tuziak SM, Volkoff H. A preliminary investigation of the role of melanin-concentrating hormone (MCH) and its receptors in appetite regulation of winter flounder (*Pseudopleuronectes americanus*). *Molecular and Cellular Endocrinology*, 2012, 348(1): 281–296
- Wang S, Behan J, O'Neill K, et al. Identification and pharmacological characterization of a novel human melanin-concentrating hormone receptor, mch-r2. *Journal of Biological Chemistry*, 2001, 276(37): 34664–34670

(编辑 马璀璨)

Molecular Characterization of *MCHR* and Its Corelation with Blind-Side Hypermelanosis in *Cynoglossus semilaevis*

SHI Xueying^{1,3}, LIU Xuezhou^{1,2①}, SHI Ying⁴, XU Yongjiang^{1,2},
SHI Bao^{1,2}, WANG Bin^{1,2}, LI Bin^{1,3}

(1. Key Laboratory of Sustainable Development of Marine Fisheries, Ministry of Agriculture; Qingdao Key Laboratory for Marine Fish Breeding and Biotechnology; Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071; 2. Laboratory for Marine Fisheries Science and Food Production Processes, Qingdao National Laboratory for Marine Science and Technology, Qingdao 266071; 3. College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306; 4. Qingdao Extension Station of Fisheries Technology, Qingdao 266071)

Abstract The full-length cDNA of melanin concentration hormone receptor (*MCHR*) was isolated from the brain of *Cynoglossus semilaevis* using RACE (rapid amplification of cDNA ends) method. The spatial and temporal expression patterns of *MCHR* mRNA in different tissues were analyzed to link with the degree of pigmentation on the blind-side of fish by the quantitative real-time PCR. Results showed that *C. semilaevis* *MCHR1* cDNA sequence was 1685 bp in length and contained a 642 bp of open reading frame encoding 359 amino acids. It shared 83.3% identity with *Paralichthys olivaceus*. Based on the phylogenetic analysis, *C. semilaevis* *MCHR1* was clustered with the Pleuronectiformes, Cyprinodontiformes and Perciformes species. In addition, *C. semilaevis* *MCHR2* cDNA sequence was 1626 bp in length and contained a 1044 bp of open reading frame encoding 347 amino acids. The identity was more than 90% homology to pleuronectiformes species. *C. semilaevis* *MCHR2* was clustered with the pleuronectiformes and perciformes species based on the phylogenetic analysis. *MCHR1* mRNA was mainly expressed in gill and *MCHR2* mRNA was primarily expressed in the eye-side skin, followed by gonad. The spatial expression patterns of *MCHR* mRNA implied that *MCHR* regulates the physiology of *C. semilaevis* through endocrine, paracrine and autocrine pathways. Pituitary *MCHR1* mRNA level significantly increased during the initial stage of blind-side pigmentation and peaked when fish had 50% pigmentation on the blind-side. By comparison, skin *MCHR1* mRNA maintained at high levels during the pigmentation occurring on the blind-side of fish. Both pituitary and skin *MCHR2* mRNA levels peaked when fish had about 10% blind-side pigmentation, then significantly decreased as the degree of pigmentation reduced. The results showed that the *MCHR* is directly or indirectly involved in the regulation of blind-side hypermelanosis in half-smooth tongue sole.

Key words *Cynoglossus semilaevis*; Melanin concentration hormone receptor; Gene cloning; Expression regulation; Hyperpigmentation on blind side

① Corresponding author: LIU Xuezhou, E-mail: liuxz@ysfri.ac.cn