泥蚶哈维氏弧菌抗性性状遗传参数的估计

吴琦汉[1,2], 滕爽爽[2], 李　敏[2], 张　翔[2], 肖国强[1,2], 张建设[1], 陈丽芝[3]

(1. 浙江海洋大学 国家海洋设施养殖工程技术研究中心, 浙江 舟山 316022; 2. 浙江省海洋水产养殖研究所, 全省近岸生物种质资源保护与利用重点实验室, 浙江-泰国海洋技术联合实验室, 温州市海洋生物遗传育种重点实验室, 温州, 325000; 3. 三门县水产技术推广站, 浙江 三门 317100)

摘要: 为探究在哈维氏弧菌(*Vibrio harveyi*)感染下, 泥蚶(*Tegillarca granosa*)抗性性状的遗传参数, 作者通过哈维氏弧菌浸泡感染的方法, 对 22 个泥蚶家系进行人工感染实验, 采用 3 种遗传评定模型对泥蚶生长性状与抗性性状的遗传参数进行评估。实验结束时, 泥蚶的死亡率接近 70%, 家系间的存活率存在显著差异(6.7%~60%)。结果显示, 抗性性状遗传力范围为(0.17±0.05)~(0.20±0.07), 属于中低遗传力。利用 Person 和 Sperman 相关对各家系育种值进行相关性分析, 3 种模型估算的相关系数范围为 0.953~0.998, 呈极显著的正相关, 说明 3 种模型在泥蚶抗性性状遗传参数的估算能力相似。生长性状与抗性性状之间表型相关和遗传相关分别为-0.069~-0.111 和-0.412~-0.545, 均表现为不显著的负相关(P>0.05)。上述结果表明, 泥蚶抗性性状属于中低遗传力性状, 适合采用家系选育的方式对该性状进行选育。两性状间的遗传相关性没有显著性差异, 表明生长性状和抗性性状在育种中可分别选育。该项研究补充了泥蚶抗哈维氏弧菌遗传参数的相关性内容, 为选育泥蚶抗哈维氏弧菌优良品系提供了参考。

关键词: 泥蚶(*Tegillarca granosa*); 哈维氏弧菌(*Vibrio harveyi*); 遗传力; 遗传相关; 抗性性状

中图分类号: S968.3　　**文献标识码**: A　　**文章编号**: 1000-3096(2025)3-0000-00

DOI: 10.11759/hykx20241210004

泥蚶(*Tegillarca granosa*)属软体动物门(Mollusca)、双壳纲 (Lamellibranchia)、列齿目(Taxodonta)、蚶科(Arcidae)、泥蚶属 (*Tegillarca*), 是一种栖息于沿海滩涂的广温性软体动物, 东南亚和东亚等地区均有分布, 在中国主要分布在浙江、福建、广东等地。近年来, 随着贝类养殖业的迅速发展, 养殖规模不断扩大, 养殖苗种种质退化、养殖环境污染等多种因素导致的细菌性疾病, 损害了海洋贝类的生长发育和经济效益, 其中由贝类弧菌病所造成的经济损失占据重要部分[1]。泥蚶作为中国沿海滩涂的主要养殖贝类之一, 在每年的 7—8 月间会遭受到弧菌的侵袭, 泥蚶养殖和经济效益受到严重影响。2014 年浙江滩涂暴发泥蚶大规模死亡, 滕爽爽等[2]从发病死亡的泥蚶中分离出 1 株优势菌, 经鉴定为哈维氏弧菌(*Vibrio harveyi*) J14 菌株, 确定在夏季时, 哈维氏弧菌是引起泥蚶大规模死亡的主要病原菌。哈维氏弧菌是许多海水养殖生物的致病菌之一, 该弧菌已报道可在中国对虾(*Fenneropenaeus chinensis*)[3]、长牡蛎(*Crassostrea gigas*)[4]、珠母贝(*Pinctada margaritifera*)[5]、点带石斑鱼(*Epinephelus coioides*)[6]等多个海洋生物中引起疾病。为了减少细菌性疾病带来的经济损失, 提高泥蚶的抗病能力、筛选出抗病性强的个体进行遗传改良是行之有效的方法。

遗传选育是选择优良抗病品种的重要手段, 对抗病性状遗传参数的估算和遗传力的分析是选育工作中十分重要的内容。遗传参数估计是水产动物遗传改良的一项基本工作, 在育种值评估和育种规划的选择方面, 遗传力和遗传相关都能提供重要的参考[7-8]。卢昇等[9]通过两次半滑舌鳎(*Cynoglossussemilaevis*)感染实验, 通过线性和阈值模型估算抗哈维氏弧菌的遗传力和育种

收稿日期: 2024-12-10; 修回日期: 2025-02-19

基金项目: 台州市重大农业科技研发攻关计划项目(NYJBGS202203); 现代农业产业技术体系建设专项(CARS-49); 浙江省自然科学基金资助项目(LY23C190006)

[Foundation: Taizhou Agriculture Major Science and Technology R & D Project of China, No. NYJBGS202203; Earmarked Fund For CARS, No.CARS-49; Natural Science Foundation of Zhejiang Province, No.LY23C190006]

作者简介: 吴琦汉(2000—), 江苏泰州人, 硕士研究生, 主要从事贝类遗传育种学研究, E-mail: 634702621@qq.com; 肖国强(1978—), 通信作者, 江苏镇江人, 研究员, 主要从事水产养殖, E-mail: xiaogq1978@163.com

值大小, 结果表明抗性性状具有中低遗传力水平, 适合家系选育。梁冰冰等[10]构建文蛤(*Meretrix meretrix*)家系进行副溶血弧菌的人工感染实验, 采用 3 种不同的模型对抗性性状进行遗传参数评估, 分析得出弧菌抗性性状遗传力属于中等遗传力性状, 其生长与抗性性状之间没有检测到显著的遗传相关。郑卫卫等[11]采用 logit 模型计算牙鲆(*Paralichthysoliyaceus*) 抗迟缓爱德华氏菌(*Edwardsiellatarda*)的遗传力, 为低遗传力, 筛选出抗迟缓爱德华氏菌强的家系, 并指出牙鲆的抗病性状通过家系选育的方法是有效的。目前对泥蚶遗传育种主要集中在生长等经济性状的遗传改良[12-13], 关于泥蚶抗哈维氏弧菌遗传参数的相关报道较少。

本研究通过线性动物模型(截面线性和时间线性模型)和 logit 阈值模型评估了泥蚶家系生长与抗性性状的遗传参数, 并利用 ASRreml 4.2 软件估算遗传力、育种值、遗传相关和表型相关, 以期筛选出抗病性强的家系, 为泥蚶高品质品系的选育提供基础数据和资料, 为泥蚶养殖业的可持续发展提供支持。

1 材料与方法

1.1 实验材料

本研究中使用的泥蚶亲本来源于“乐清湾 1 号”(GS-01-006-2014), 2022 年 7 月在浙江省海洋水产养殖研究所清江基地通过人工授精的方式, 以每 1 个泥蚶雄贝配子分别与 3 个雌贝配子混合的组合方式, 采用巢式设计的方法建立了 16 个半同胞家系和 48 个全同胞家系。养至 18 月龄, 共保留了 22 个家系(壳长(21.23±1.90) mm, 总质量(3.86±0.98) g)。将泥蚶家系从养殖塘取回, 实验前用海水冲洗泥蚶壳表污物, 用 5 mg/L 高锰酸钾溶液浸泡约 1 min 进行消毒, 再将泥蚶在 2 000 L 的平面流中暂养, 水温控制在 28±0.5 ℃, 持续充氧, 暂养 1 周。暂养期间, 每 24 h 换水 1 次, 每天早晚定时投喂角毛藻(*Chaetoceras*)。

感染实验选用的病原菌为哈维氏弧菌, 哈维氏弧菌的菌株为实验室前期保存的菌株。菌株于-80 ℃冰箱中长期保存, 弧菌先于固体培养基 2216E 上涂布活化, 在 30 ℃恒温培养箱中倒置过夜培养, 用接种环取单菌落于 50 mL 2216E 液体培养基中, 28 ℃振荡摇床中培养 12 h, 然后转移到 1 L 2216E 液体培养基扩大培养。取 1 mL 菌液于 1.5 mL 离心管中, 以 5 000 r/min 离心 3 min, 使用无菌 PBS 缓冲溶液等体积重悬菌液 2 次, 并用分光光度计测定 OD 值(560 nm), 根据标准曲线计算弧菌浓度[14]。

1.2 实验方法

从每个家系中随机选取 60 个泥蚶, 感染组和对照组各 30 个。弧菌感染前, 将感染组和对照组的泥蚶转移到两个 135 L 白桶中, 根据杨千元等[15]确定的感染浓度, 向感染组中倒入哈维氏弧菌, 使其终浓度达到 1.5×10^7 CFU/mL。攻毒期间, 水温控制在 28℃±0.5 ℃, 整个过程持续充氧, 每天换 1 次海水, 投喂饵料 2 h 后, 加入哈维氏弧菌。实验第 8 天泥蚶出现大量死亡, 停止攻毒, 每日更换海水, 并投喂充足饵料。实验期间, 早晚各统计 1 次泥蚶死亡数量, 泥蚶连续 3 d 未出现死亡即停止实验。

1.3 数据分析

1.3.1 遗传分析模型

本研究采用两种方式评估泥蚶对哈维氏弧菌的抗性。一种通过 0 和 1 分别表示个体泥蚶在感染实验中的死亡与存活状态, 另一种记录泥蚶在实验中的存活天数。

使用 3 种不同的模型分析生存数据:

截面线性模型(cross-sectional linear model, CLM), 将死亡/存活状态(0/1)作为表型数据进行线性分析, 定义为:

$$y_{ij}=\mu+f_i+a_j+e_{ij}$$

其中, y_{ij} 是泥蚶 j 的死亡/存活状态; μ 是数据平均值; f_i 是固定效应, 表示泥蚶的采样地点 i; a_j 是泥蚶 j 的加性遗传效应; e_{ij} 是残差效应。

时间线性模型 (days linear model, DLM), 以存活时间为表型数据进行线性分析, 模型定义同模型 CLM, 其中 y_{ij} 是存活时间, 其余参数定义均与模型 CLM 相同。

截面阈值模型 (cross-sectional threshold model, CTM), 将死亡/存活状态(0/1)作为表型数据, 通过 logic 阈值模型进行分析, 定义为:

$$P_r\left(y_{ij}=1\right)=\frac{\exp\left(\mu+f_i+a_j\right)}{1+\exp\left(\mu+f_i+a_j\right)}$$

模型 CTM 中所有参数定义同模型 CLM。

1.3.2 遗传力

遗传力计算公式为:

$$h^2=\frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2+\sigma_e^2}$$

其中, σ_a^2 是加性遗传方差, σ_e^2 是残差方差, 在 logic

阈值模型 CTM 中，残差方差 e 为固定值 $\frac{\pi^2}{3}\approx 3.2899$。

1.3.3 遗传相关和表型相关

生长性状与抗性性状之间的遗传相关公式为:

$$r=\frac{\sigma_{ij}}{\sqrt{\sigma_i^2}+\sqrt{\sigma_j^2}}$$

其中 σ_i^2 和 σ_j^2 分别是性状 i 和性状 j 表型值之间的加性遗传或表型方差，σ_{ij} 是 2 个性状之间的加性遗传或表型的协方差，在 logic 阈值模型 CTM 中，残差方差 e 为固定值 $\frac{\pi^2}{3}$，养殖和实验时，各家系均养殖于独立相同的环境当中，故模型中的环境效应不作考虑。

1.3.4 模型比较

为了比较不同遗传评定模型对泥蚶抗性性状育种估计值准确性的预测能力，使用 Person 和 Spearman 相关分析 3 种模型中各家系抗性育种值之间的相关性，计算 Person 和 Spearman 相关系数。

1.3.5 统计分析方法

本研究采用 Origin 2022 绘制 Kaplan-Meier 生存曲线，采用 SPSS 26.0 软件分析各家系抗性育种值的相关性，运用 ASReml 4.2 软件估算上述 3 种模型的遗传力、育种值、方差组分、遗传相关和表型相关及其显著性差异(P>0.05)[16]。

2 结果与分析

2.1 感染实验结果

22 个泥蚶家系 4 个生长性状的描述性统计见表 1，壳长、壳高和壳宽的变异系数都较低，均在 9%左右，显示出这些性状的个体差异较小，样本分布较为集中，总质量的变异系数最高，为 25.39%，说明个体之间的总质量差异较大，可能受到其他因素的影响。感染组和对照组的累积存活率以及日死亡数情况分别如图 1 和图 2 所示，图中泥蚶累计存活率和日死亡数均为所有家系的总体数据体现。感染组在第 3 天时泥蚶出现死亡，泥蚶日死亡数随天数持续增加，在第 8 天时泥蚶死亡数达到最高，之后泥蚶日死亡数逐渐减少，至第 14 天时不再出现死亡个体，实验于第 16 天结束。对照组在实验期间正常存活，无死亡现象，表明感染组泥蚶的死亡由哈维氏弧菌刺激引起。

表 1 家系 4 个生长性状的描述性统计

Tab. 1 Descriptive statistics of four growth traits in families

性状	数目/个	平均值±标准偏差	变异系数/%
壳长/mm	660	21.23±1.90	8.97
壳高/mm	660	16.59±1.45	8.72
壳宽/mm	660	14.00±1.31	9.35
总质量/g	660	3.86±0.98	25.39

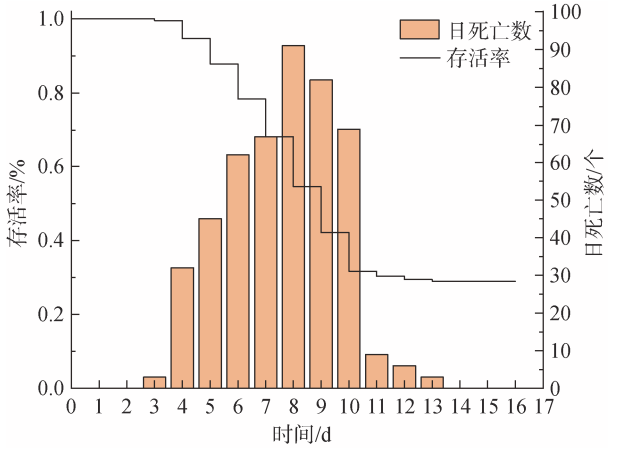

图 1 感染组泥蚶存活率及日死亡数

Fig. 1 Survival rate and daily mortality of *Tegillarca granosa* in the infected group

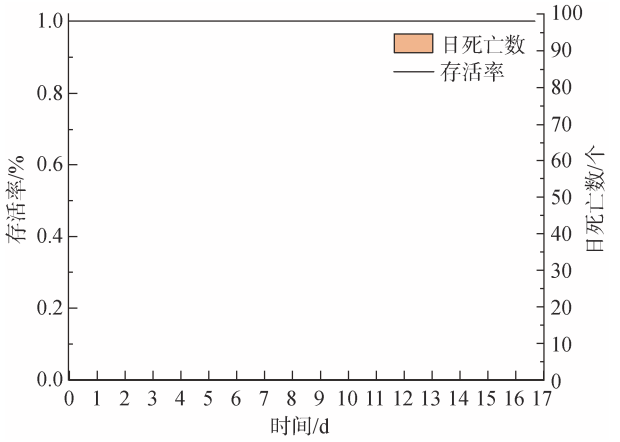

图 2 对照组泥蚶存活率及日死亡数

Fig. 2 Survival rate and daily mortality of *Tegillarca granosa* in the control group

2.2 存活率的差异性分析

哈维氏弧菌感染实验结束时，感染组家系的存活率如图 3 所示，各家系存活率差异较大，未呈现显著规律。其中，1 号、7 号和 16 号家系的存活率最低，仅为 6.7%，而 24 号家系最高，达 60%。通过实验结果分析，存活率超过 50%的 5 个家系被归为高抗家系，存活率低于 10%的 4 个家系被归为敏感家系。

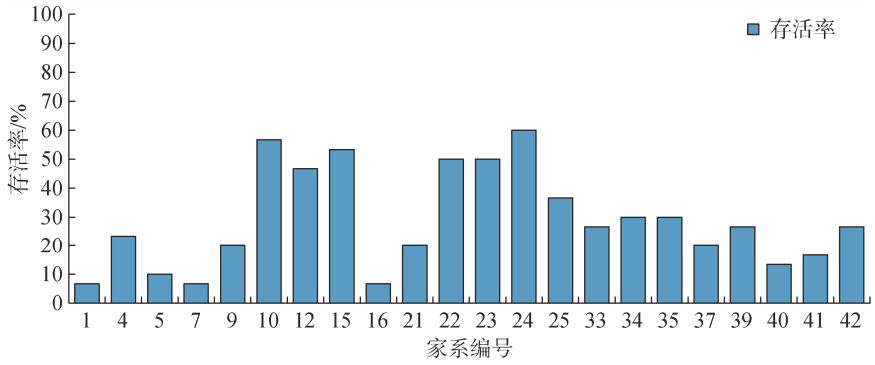

图 3　不同家系感染组的存活率

Fig. 3　Survival rate of the infected groups in different families

2.3　抗性性状的遗传参数分析

根据 3 种不同模型估算的泥蚶抗哈维氏弧菌的遗传力估计值有一定的差异(表 2), 从 CTM 模型可以看出, 随着攻毒时间的增加, 存活率降低, 遗传力估计值呈现升高的趋势, 当存活率趋于稳定时, 遗传力估计值维持在 0.18±0.05, 加性效应也趋于 0.70±0.26。使用 DLM 模型时, 遗传力估计值高于前两种模型, 为 0.20±0.07, 加性效应远大于前两种模型, 为 3.43±1.38。总体来说, 3 种模型的遗传力估计值差距不大, 都属于中低等遗传力水平, 意味着泥蚶抗哈维氏弧菌有一定的遗传性。

表 2　哈维氏弧菌抗性性状的遗传参数的估计

Tab. 2　Estimation of the genetic parameters of resistance traits of *Vibrio harvey*i

模型	天数/d	存活率/%	h^2	σ_a^2
CTM	4	94.70	0.03±0.12	0.11±0.41
	6	78.48	0.06±0.04	0.21±0.17
	8	54.55	0.11±0.04	0.41±0.18
	10	31.67	0.17±0.05	0.70±0.26
	12	29.39	0.18±0.05	0.72±0.27
	16	28.94	0.18±0.05	0.70±0.26
CLM	16	28.94	0.19±0.07	0.04±0.02
DLM	16	28.94	0.20±0.07	3.43±1.38

注: h^2. 泥蚶抗哈维氏弧菌的遗传力大小; σ_a^2. 加性遗传效应大小

利用 3 种模型估算各家系的育种值, 并计算其 Person 和 Sperman 相关系数(表 3), 结果显示 3 种模型之间均呈极显著的正相关, 其中模型 CTM 与模型 CLM 之间的相关系数最高, 均为 0.998, Person 和 Sperman 相关系数范围分别为 0.978~0.998 和 0.953~0.998, 结果表明, 3 种模型在泥蚶抗性性状育种值的估计能力基本一致。

表 3　不同模型估算的泥蚶抗哈维氏弧菌估计育种值的相关性分析

Tab. 3　Correlation analysis of the estimated breeding values of *Tegillarca granosa* against *Vibrio harveyi* using different models

模型	CTM	CLM	DLM
CTM		0.998**	0.978**
CLM	0.998**		0.981**
DLM	0.953**	0.958**	

注: 上三角.Person 相关分析; 下三角. Sperman 相关分析; **.极显著相关($P<0.01$)。

2.4　生长与抗性性状之间的关系

生长性状与抗性性状之间的遗传相关和表型相关分析结果表明(表 4), 3 种模型分析的抗性性状与 4 个生长性状之间的遗传相关均为不显著的负相关($P>0.05$), 抗性性状与 4 个生长性状之间的表型相关均为不显著的负相关($P>0.05$), 针对单个生长或抗弧菌性状的选育可能对另一个性状不造成显著影响。

3　讨论

3.1　感染方式

浸泡感染和注射胁迫是常用于水产动物研究和疾病模型构建的两种方式, 浸泡感染能模拟泥蚶在自然条件下的弧菌感染过程, 避免了因操作导致的额外应激效应[17-18], 注射胁迫对操作技术要求较高, 操作不当会对泥蚶造成机械损伤[19], 并且注射胁迫不是一种自然的感染机制。黄姑鱼(*Yellow drum*)[20]、

表 4　抗性性状与生长性状之间的遗传相关和表型相关

Tab. 4　Genetic and phenotypic correlations between resistance and growth traits

相关性	模型	壳长	壳高	壳宽	质量
r_G	CTM	–0.463±0.264	–0.412±0.289	–0.441±0.290	–0.541±0.247
	CLM	–0.450±0.227	–0.484±0.226	–0.502±0.227	–0.528±0.212
	DLM	–0.465±0.223	–0.494±0.222	–0.470±0.232	–0.545±0.207
r_p	CTM	–0.111±0.054	–0.088±0.043	–0.076±0.040	–0.105±0.052
	CLM	–0.107±0.048	–0.105±0.047	–0.082±0.047	–0.089±0.049
	DLM	–0.099±0.049	–0.094±0.048	–0.069±0.047	–0.091±0.050

注：r_G. 遗传相关；r_p. 表型相关

文蛤[21]、半滑舌鳎[22]等这些品种的抗病选育都是通过浸泡感染的方式，利用遗传评定模型对实验数据进行分析，估算出对应抗性性状的遗传力和遗传相关。本研究采用浸泡感染的方式对泥蚶进行哈维氏弧菌的感染实验，感染组泥蚶在实验期间内死亡率达到 71.06%，对照组没有出现泥蚶死亡的现象，说明泥蚶死亡受哈维氏弧菌刺激影响较大，受环境因素影响较小。

3.2　生长与抗性性状的遗传参数

为了更好地了解泥蚶抗哈维氏弧菌的遗传参数，本研究采用两种性状定义拟合的 3 种遗传评定模型进行分析。结果分析得出，模型 DLM 和 CTM 分析得到了最大和最小的遗传力分别为 0.20 和 0.18，模型 CLM 估算的遗传力 0.19 介于两者之间，均属于中低遗传力水平。3 种模型估算的育种值之间的相关系数都很高，均达到了 0.95 以上，呈高强度正相关关系，表明使用同种表型定义时，线性或阈值模型对相关系数排名影响很小[23]，与 BANGERA 等[24]报道的相关系数(＞0.90)基本一致。LU 等[25]研究了豹纹鳃棘鲈(*Plectropomus leopardus*)抗哈维氏弧菌遗传力，利用线性和阈值模型估算的遗传力范围为 0.16~0.24，属中低遗传力水平。瞿诗雨等[26]采用 4 种模型对豹纹鳃棘抗哈维氏弧菌遗传参数进行分析，得出的遗传力范围为 0.182~0.486，属于中等水平遗传力。李寅等[27]报道了不同日龄长牡蛎抗溶藻弧菌(*Vibrio alginolyticus*)的遗传力，通过父母本阈值模型估计了长牡蛎家系存活性状的遗传力为 0.25~0.41，为中低等遗传力。曲昊等[28]使用单性状动物模型评估了凡纳滨对虾仔虾的耐高温性状遗产参数，结果显示其遗传力为 0.22±0.05，为中等遗传力水平。王崇懿等[29]对凡纳滨对虾的生长与耐高盐性状进行了遗传力评估，遗传力为 0.032±0.031，属于低遗传力。上述研究报道与本次研究的遗传力相似，且均属于中低水平遗传力，本研究采用模型 CTM 时分析了攻毒后不同时间点的遗传力，结果显示，随着攻毒时间的增长，泥蚶死亡率上升，抗性性状的遗传力逐渐升高，死亡率接近 50%时，遗传力在 0.11~0.17，略小于实验终止时的遗传力 0.18，如果过早结束实验进行遗传力分析，实验结果可能会出现偏差。ØDEGÅRD 等认为[30]当累计死亡率约为 50%或者当死亡率自然达到 0 时，可以选择停止实验，增加遗传预测的准确性。群体选育的方式适合抗性性状遗传力较高时选择，家系选育的方式则在抗性性状遗传力较低时选择较为合适，泥蚶对哈维氏弧菌的遗传力为中低水平，适宜通过家系选育进行改良

3.3　生长与抗性性状的遗传相关性

为了探究生长性状对弧菌抗性性状之间的影响，避免育种决策中产生单性状选择导致的不良后果，本研究全面估算了 4 个生长性状与抗性性状之间的遗传相关性。分析表明，泥蚶家系的壳长、壳高、壳宽和体质量与抗性性状的表型相关和遗传相关均为中低度负相关，结果未检测到相关性。LI 等[31]研究了半滑舌鳎对迟缓爱德华氏菌的抗性，发现生长性状与抗性性状的表型和遗传相关性均较低，且没有显著性差异，认为生长性状的遗传改良不太可能对迟缓爱德华氏菌的抗病性有任何实质性影响。LIANG 等[32]对文蛤副溶血弧菌抗性性状的遗传相关性进行研究，结果表明，不同家系的生长性状与抗性性状的表型相关均不显著，遗传相关为不显著的低正相关，说明生长与抗弧菌性是两个相对独立的性状，选育时可以分别进行选育。FLORES-MARA 等[33]发现虹鳟(*Rainbow trout*)对传染性胰腺坏死的抗性与收获体质量的相关性不显著。此外，生长性状与抗性性状之间的遗传正相关有很多报道，如

NIELSEN 等[34]报道了鲤鱼(*Cyprinus carpio*)的体长和体质量与存活率之间存在显著的遗传正相关。SHI 等[35]研究得出凡纳滨对虾生长与抗逆性状的遗传相关和表型相关均呈显著的正相关。在对半滑舌鳎的研究当中, LI 等[36]用其对哈维氏弧菌抗性研究遗传相关性为中度遗传相关, 而对迟缓爱德华氏菌抗病性的遗传相关不显著, 同一物种不同的病原体估算出的遗传相关就有可能不同, 而不能一概而论。与上述研究结果相反, YÁÑEZ 等[37]的研究发现大西洋鲑鱼(*Salmo salar*)对鱼立克次氏体的抗性与体质量之间是遗传负相关。CHI 等[38]报道称长牡蛎幼虫和稚贝期的生长性状与存活率之间具有低遗传相关性。通过以上研究可以发现, 不同物种的生长性状与抗性性状之间的遗传相关和表型相关并不是有规律的, 需要根据具体情况评估选育物种不同性状之间的遗传相关性进行选育。在本研究中, 两性状间的遗传和表型相关均呈不显著的遗传负相关, 表明生长性状和抗性性状在育种中可分别进行选育。

4 结论

本研究通过对 22 个泥蚶家系进行哈维氏弧菌的感染实验, 利用 3 种遗传评定模型评估了泥蚶抗哈维氏弧菌的遗传力、育种值相关系数以及表型和遗传相关。分析出该性状的遗传力范围为 0.18~0.20, 属中低遗传力水平, 适宜通过家系选育的方式进行改良。3 种模型间的育种值的相关系数均＞0.95, 呈现极显著的正相关, 说明 3 种模型对抗性性状遗传参数的估算能力相近。此外, 两性状间的表型和遗传相关均呈不显著的负相关, 表明生长性状和抗性性状在育种中可分别选育。该研究补充了泥蚶抗哈维氏弧菌遗传参数估计的相关内容, 为泥蚶优良品系的选育提供基础资料和科学依据。

参考文献:

[1] 陈爱平, 朱泽闻, 王立新, 等. 2006 年中国水产养殖病害监测报告(一)[J]. 科学养鱼, 2007, 7: 48-49.
CHEN Aiping, ZHU Zewen, WANG Lixin, et al. 2006 China aquaculture disease monitoring report(I)[J]. Scientific Fish Farming, 2007, 7: 48-49.

[2] 滕爽爽, 张炯明, 张利兵, 等. 泥蚶致病性哈维氏弧菌的分离与鉴定[J]. 水产科学, 2022, 41(4): 547-555.
TENG Shuangshuang, ZHANG Jiongming, ZHANG Libing, et al. Isolation and Identification of Pathogenetic *Vibrio harveyi* from Ark Shell *Tegillarca granosa*[J]. Fisheries Science, 2022, 41(4): 547-555.

[3] 樊英, 许拉, 王晓璐, 等. 中国对虾来源哈维氏弧菌鉴定及生物学分析[J]. 中国农学通报, 2019, 35(3): 34-39.
FAN Ying, XU La, WANG Xiaolu, et al. Identification and molecular characteristics of *Vibrio harveyi* from *Fenneropenaeus chinensis*[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2019, 35(3): 34-39.

[4] 高晓建, 姚东瑞, 孙晶晶, 等. 4 株长牡蛎(*Crassostrea gigas)*致病性哈维氏弧菌(*Vibrio harveyi*)鉴定及其毒力基因检测[J]. 海洋湖沼通报, 2015(3): 87-96.
GAO Xiaojian, YAO Dongrui, SUN Jingjing, et al. Identification of 4 pathogenic *Vibrio harveyi* strains isolated from diseased oyster (*Crassostrea gigas*) and detection of their virulence genes[J]. Transactions of Oceanology and Limnology, 2015(3): 87-96.

[5] MEHDI S, ASLAM D, MEHDI M M, et al. Novobiocin: The most sensitive antibiotic against *Vibrionaceae* isolated from *Pinctada margaritifera* (black-lipped pearl oyster) in the South of Iran[J]. Journal of Aquaculture Research & Development, 2020, 11(7): 594.

[6] 裴立硕, 朱永龙, 毛晴, 等. 点带石斑鱼致病性哈维氏弧菌的分离鉴定及药敏试验[J].天津农学院学报, 2021, 28(4): 35-40.
PEI Lishuo, ZHU Yonglong, MAO Qing, et al. Isolation, identification and antibiotic susceptibility analysis of thepathogenic *Vibrio harveyi* from *Epinephelus coioides*[J]. Journal of Tianjin Agricultural University, 2021, 28(4): 35-40.

[7] 盛志廉, 陈瑶生. 数量遗传学[M]. 北京: 科学出版社, 2001: 60-74.
SHENG Zhilian, CHEN Yaosheng. Quantitative genetics[M]. Beijing: Science Press, 2001: 60-74.

[8] 韩奋杰, 张伟杰, 秦宇博, 等. 中间球海胆幼体及稚海胆生长性状的遗传参数估计[J]. 大连海洋大学学报, 2017, 32(2): 145-149.
HAN Fenjie, ZHANG Weijie, QIN Yubo, et al. Estimates of genetic parameters for growth traits in larval and juvenile sea urchin *Strongylocentrotus intermedius*[J]. Journal of Dalian Ocean University, 2017, 32(2): 145-149.

[9] 卢昇, 李泽宇, 李仰真, 等. 半滑舌鳎抗哈维氏弧菌病的遗传力和育种值分析[J]. 农业生物技术学报, 2018, 26(10): 1770-1777.
LU Sheng, LI Zeyu, LI Yangzhen, et al. Analyzing of heritability and breeding values for resistance against *Vibrio harveyi* in Chinesechinese tongue sole (*Cynoglossus semilaevis*) [J]. Journal of Agricultural Biotechnology, 2018, 26(10): 1770-1777.

[10] 梁冰冰. 文蛤(*Meretrix meretrix*)生长及抗性性状遗传参数的估计以及育种数据库的建立[D]. 青岛: 中国科学院海洋研究所, 2015.
LIANG Bingbing. Estimation of genetic parameters in growth and resistance traits and development of breeding

information database in the clam *Meretrix meretrix*[D]. Qingdao: Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, 2015.

[11] 郑卫卫, 陈松林, 李泽宇, 等. 牙鲆抗迟缓爱德华氏菌性状的遗传力和育种值分析[J]. 农业生物技术学报, 2016, 24(8): 1181-1189.
ZHENG Weiwei, CHEN Songlin, Ll Zeyu, et al. Analyzing of heritability and breeding value of disease resistance for *Edwardsiella tarda* in japanese flounder (*Paralichthys olivaceus*) [J]. Journal of Agricultural Biotechnology, 2016, 24(8): 1181-1189.

[12] 孙长森, 林志华, 董迎辉, 等. 泥蚶(*Tegillarca granosa*)主要经济性状遗传参数的估算[J]. 海洋与湖沼, 2010, 41(6): 907-913.
SUN Changsen, LIN Zhihua, DONG Yinghui, et al. Estimation of genetic parameters of major economic traits in blood clam *Tegillarca granosa*[J]. Oceanologia et Limnologia Sinica, 2010, 41(6): 907-913.

[13] HE X, LIAO Y, YANG Z, et al. A genome-wide association study to identify the genes associated with growth-related traits in *Tegillarca granosa*[J]. Aquaculture, 2024, 578: 740127.

[14] 杨千元, 滕爽爽, 蔡逸龙, 等. 哈维氏弧菌浸泡感染下泥蚶(*Tegillarca granosa*)不同组织弧菌载量的变化规律分析[J]. 海洋与湖沼, 2021, 52(6): 1506-1513.
YANG Qianyuan, TENG Shuangshuang, CAI Yilong, et al. Load variation of *Vibrio harveyi* in the blood clam *Tegillarca granosa*[J]. Oceanologia et Limnologia Sinica, 2021, 52(6): 1506-1513.

[15] 杨千元, 李敏, 胡高宇, 等. 哈维氏弧菌对泥蚶的毒性及半致死浓度研究[J]. 海洋科学, 2023, 47(7): 130-137.
YANG Qianyuan, LI Min, HU Gaoyu, et al. Toxicity test and median lethal concentration of *Vibrio harveyi* for the blood clam *Tegillarca granosa*[J]. Marine Sciences, 2023, 47(7): 130-137.

[16] GILMOUR A R, GOGEL B J, CULLIS B R, et al. ASReml user guide release 4.1 structural specification[M]. Hemel Hempstead, UK: VSN International Ltd, 2015.

[17] NAKANISHI T, KIRYu I, OTOTAKE M, et al. Development of a new vaccine delivery method for fish: percutaneous administration by immersion with application of a multiple puncture instrument[J]. Vaccine, 2002, 20(31-32): 3764-3769.

[18] 王瑞. 文蛤在弧菌感染过程中载菌量及免疫相关因子变化的初步研究[D]. 青岛: 中国科学院海洋研究所, 2019.
WANG Rui. Study on bacterial load and the changes of immune-related factors of *Meretrix petechialis* in Vibrio infection[D]. Qingdao: Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, 2019.

[19] 杨千元. 泥蚶在哈维氏弧菌感染下载菌量变化及抗性相关指标筛选[D]. 上海: 上海海洋大学, 2022.
YANG Qianyuan. Load variation of *Vibrio harveyi* in the *Tegillarca granosa* and discovery of resistance-related markers[D]. Shanghai: Shanghai Ocean University, 2022.

[20] 罗帅. 黄姑鱼抗哈维氏弧菌病全基因组关联分析及相关免疫基因功能研究[D]. 厦门: 集美大学, 2021.
LUO shuai. A genome-wide association study of resistance to *Vibrio harveyi* infection in yellow drum (*Nibea albiflora*) and the study on the function of related immune gene[D]. Xiamen: Jimei University, 2021.

[21] 江凤娟. 文蛤弧菌抗性相关基因表达性状的分析及其遗传力估计[D]. 青岛: 中国科学院海洋研究所, 2018.
JIANG Fengjuan. The identification of *Vibrio* resistance related gene expression traits and their heritability estimation in the clam *Meretrix petechialis*[D]. Qingdao: Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, 2018.

[22] ZHAO N, JIA L, LI G L, et al. Comparative mucous miRomics in *Cynoglossus semilaevis* related to *Vibrio harveyi* caused infection[J]. Marine Biotechnology (New York), 2021, 23(5): 766-776.

[23] HU Y R, LI Y Z, LI Z M, et al. Novel insights into the selective breeding for disease resistance to vibriosis by using natural outbreak survival data in Chinese tongue sole (*Cynoglossus semilaevis*)[J]. Aquaculture, 2020, 529: 735670.

[24] BANGERA R, ØDEGÅRD J, PRÆBEL K A, et al. Genetic correlations between growth rate and resistance to vibriosis and viral nervous necrosis in Atlantic cod (*Gadus morhua* L.) [J]. Aquaculture, 2011, 317(1-4): 67-73.

[25] LU S, LIU Y, QU S Y, et al. Genomic prediction of survival against *Vibrio harveyi* in leopard coral grouper (*Plectropomus leopardus*) using GBLUP, weighted GBLUP, and BayesCπ[J]. Aquaculture, 2023, 572: 739536.

[26] 瞿诗雨, 卢昇, 陈松林, 等. 豹纹鳃棘鲈抗哈维氏弧菌遗传参数分析[J]. 渔业科学进展, 2024, 45(4): 15-23.
QU Shiyu, LU Sheng, CHEN Songlin, et al. Estimation of genetic parameters of survival against *Vibrio harveyi* in leopard coral grouper (*Plectropomus leopardus*) [J]. Progress in Fishery Sciences, 2024, 45(4): 15-23.

[27] 李寅, 鲁林基, 杨奔, 等. 长牡蛎弧菌抗性选育家系生长和存活性状遗传参数评估及基因型与环境互作效应分析[J]. 水生生物学报, 2024, 48(4): 673-682.
LI Yin, LU Linji, YANG Ben, et al. Evaluation of ge-

netic parameters of growth and survival traits and analysis of genotype x environment interaction effects in vibrio-resistant families of pacific oyster[J]. Acta Hydrobiologica Sinica, 2024, 48(4): 673-682.

[28] 曲旻, 谭建, 栾生, 等. 凡纳滨对虾幼虾耐高温性状的遗传力评估[J]. 水产科学, 2023, 42(5): 805-812.
QU Min, TAN Jian, LUAN Sheng, et al. Heritability assessment of high temperature tolerance traits in juvenile Pacific white shrimp *Litopenaeus vannamei*[J]. Fisheries Science, 2023, 42(5): 805-812.

[29] 王崇懿. 凡纳滨对虾生长和耐高盐性状遗传参数估计及基因型与环境互作效应分析[D]. 湛江: 广东海洋大学, 2021.
WANG Chongyi. Estimation of genetic parameters for growth and high salt resistance in *Litopenaeus vannamei* and analysis of genotype and environmental interaction effect[D]. Zhanjiang: Guangdong Ocean University, 2021.

[30] ØDEGÅRD J, BARANSKI M, GJERDE B, et al. Methodology for genetic evaluation of disease resistance in aquaculture species: challenges and future prospects[J]. Aquaculture Research, 2011, 42(s1): 103-114.

[31] LI M, YANG Y, ZHENG W, et al. Estimation of heritabilities of disease resistance to *Edwardsiella tarda* and genetic correlations between resistance and growth traits in Chinese tongue sole (*Cynoglossus semilaevis*) [J]. Aquaculture and Fisheries, 2020, 5: 289-293.

[32] LIANG B B, JIANG F, ZHANG S, et al. Genetic variation in vibrio resistance in the clam *Meretrix petechialis* under the challenge of *Vibrio parahaemolyticus*[J]. Aquaculture, 2017, 468: 458-463.

[33] FLORES-MARA R, RODRÍGUEZ H F, BANGERA R, et al. Resistance against infectious pancreatic necrosis exhibits significant genetic variation and is not genetically correlated with harvest weight in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) [J]. Aquaculture, 2017, 479: 155-160.

[34] NIELSEN H M, ØDEGÅRD J, OLESEN I, et al. Genetic analysis of common carp (*Cyprinus carpio*) strains: I: genetic parameters and heterosis for growth traits and survival[J]. Aquaculture, 2010, 304: 14-21.

[35] SHI M, JIANG S, SHI J Z, et al. Evaluation of Genetic Parameters and Comparison of Stress Tolerance Traits in Different Strains of *Litopenaeus vannamei*[J]. Animals, 2024, 14(4): 600.

[36] LI Y, WANG L, YANG Y, et al. Genetic analysis of disease resistance to *Vibrio harveyi* by challenge test in Chinese tongue sole (*Cynoglossus semilaevis*) [J]. Aquaculture, 2019, 503: 430-435.

[37] YÁÑEZ J M, LHORENTE J P, BASSINI L N, et al. Genetic co-variation between resistance against both *Caligus rogercresseyi* and *Piscirickettsia salmonis*, and body weight in Atlantic salmon (*Salmo salar*). Aquaculture, 2014, 433: 295-298.

[38] CHI Y, JIANG G, LIANG Y, et al. Selective breeding for summer survival in Pacific oyster (*Crassostrea gigas*): genetic parameters and response to selection [J]. Aquaculture, 2022, 556: 738271.

Estimation of genetic parameters of the resistance traits of *Tegillarca granosa* to *Vibrio harveyi*

WU Qihan[1, 2], TENG[1, 2] Shuangshuang[2], LI Min[2], ZHANG Xiang[2], XIAO Guoqiang[1, 2], ZHANG Jianshe[1], CHEN Lizhi[3]

(1. National Engineering Research Center for Marine Aquaculture, Zhejiang Ocean University, Zhoushan 316022, China; 2. Zhejiang Mariculture Research Institute, Zhejiang Key Laboratory of Coastal Biological Germplasm Resources Conservation and Utilization, Sino-Thai Joint Laboratory of Marine Technology, Wenzhou key Laboratory of Marine Biological Genetics and Breeding, Wenzhou 325000, China; 3. Extension Station for Aquaculture Technique, Sanmen County, Zhejiang 317100, China)

Received: Dec.10, 2024
Key words: *Tegillarca granosa*; *Vibrio harveyi;* heritability; genetic correlation; resistance traits

Abstract: To explore the genetic parameters of the resistance traits of *Tegillarca granosa* when infected with *Vibrio harveyi*, artificial infection experiments were performed on 22 *T. granosa* families using the immersion infection method with *V. harveyi*. Three genetic assessment models were used to evaluate the genetic parameters of the growth and resistance traits of *T. granosa*. At the end of the experiment, the mortality rate of *T. granosa* was close to 70%, and there was a significant difference in the survival rate between families (6.7%–60%). The results revealed that the range of heritability of resistance traits ranged from 0.17 ± 0.05 to 0.20 ± 0.07, which belonged to low and medium heritability. Pearson and Spearman correlations were used to conduct a correlation analysis of the breeding values of each line. The correlation coefficients estimated by the three models ranged from 0.953 to 0.998, thus exhibiting a significant positive correlation, which indicates that the three models exhibited a similar ability to estimate the genetic parameters of resistance traits. The phenotypic and genetic correlations between the growth and resistance traits ranged from −0.069 to −0.111 and from −0.412 to −0.545, respectively, revealing no significant negative correlation. The above results indicate that the resistance traits of *T. granosa* belonged to medium and low heritability traits, which are suitable for breeding by family selection. There was no significant difference in the genetic correlation between the two traits, indicating that the growth and resistance traits can be selected separately during breeding. This study supplements our knowledge of the correlation between the genetic parameters of *T. granosa* resistance to *V. harveyi* and provides a reference for breeding valuable strains of *T. granosa* with resistance to *V. harveyi.*

(本文编辑: 谭雪静)