

JUJE FR JOURNAL OF FISHERIES OF CHINA

DOI: 10.11964/jfc.20210412788



foxl3 重组质粒过表达与 17a-甲基睾酮投喂对 斜带石斑鱼性腺发育的影响

张春丽¹,何琪¹,程慧涛¹,李丽华¹,阮炘贺¹,段旭琢¹,黄枫淇¹,杨慧荣^{1,2},张海发³,石和荣³,王 庆^{1,2*},赵会宏^{1*} (1.华南农业大学海洋学院,广东广州 510642;
2.海洋生物资源保护与利用粤港澳高校联合实验室,广东广州 510642;
3.广东省海洋渔业试验中心,广东惠州 516081)

摘要:为了进一步证实和丰富 foxl3 对斜带石斑鱼性腺发育的影响,实验通过 foxl3 重组质 粒过表达与 17α-甲基睾酮 (MT) 投喂对比,探究一种新型的调控斜带石斑鱼性腺发育的方 法。以 foxl3 重组质粒注射以及 MT 投喂 3 月龄的石斑鱼幼鱼,观察性腺发育状态,利用 荧光定量 PCR 检测分析性腺分化相关基因的表达。结果显示,质粒注射初期,性腺注射 组卵巢较对照组小,体细胞较多,存在向雄性发育的趋势(存在间质细胞),且质粒注射初 期的雄性相关基因 (amh)、激素生成相关基因(cyp11b、11β-hsd2)和精子发生相关基因 (rec8、sycp3)的相对表达量显著高于对照组。MT 投喂组后期的性腺组织处于明显的兼性 发育期,而对照组仍处于 O2 期卵母细胞期。MT 投喂组后期的性腺组织处于明显的兼性 发育期,而对照组仍处于 O2 期卵母细胞期。MT 投喂组与对照组之间的差异较质 粒注射组更显著。在本实验条件下,MT 组投喂调控性腺雄性化的效果较 foxl3 质粒注射的 效果明显。研究表明, foxl3 重组质粒过表达对斜带石斑鱼幼鱼性腺发育具有明确的雄性化 调控作用,且这种调控可能具有剂量依存效应。

关键词:斜带石斑鱼; *foxl3* 重组质粒; 17a-甲基睾酮 (MT) 投喂; 过表达; 性腺发育 中图分类号:Q 786; S 965.334 文献标志码:A

斜带石斑鱼 (Epinephelus coioide) 属鲈形目 (Perciformes) 鮨科 (Serranidae) 石斑鱼属 (Epinephelus),具有生长快、适应性强、肉质鲜嫩、营养 价值高等特点,是东南亚地区的重要经济鱼类。 斜带石斑鱼属雌雄同体雌性先熟的硬骨鱼类,性 腺先性成熟为卵巢,之后经过性转变发育为精巢^[1], 为研究转录因子 fox13 对其性腺发育和性腺成熟提 供了良好的生物模型基础。

foxl3 基因是翼状螺旋转录因子超家族的成员 (forkhead transcription factor, Fox),研究表明, 该家族的成员对于内胚层发育和形成、生物代谢、发育分化、繁殖和凋亡等生物过程至关重要^[2]。Forkhead 基因家族进化分析表明,在所有后生动物中都发现了 *foxl2* 及其旁系同源物基因 *foxl3*,但

- 资助项目:国家自然科学基金 (31972768, 31972769, 41806151);广东省科技计划项目 (SDZX2020027);河源市科技计划项目 (2019041, 2021004);惠州市引进科技创新团队"天鹅计划" (20170214023102296);
 2019 年省级促进经济发展专项资金 (粤财农 [2019] 111 号)
- 第一作者: 张春丽 (照片),从事水产育种研究, E-mail: 2422929793@qq.com
- 通信作者: 王庆,从事水生动物生理学及种质资源开发利用研究, E-mail: wangqing@scau.edu.cn;
 - 赵会宏,从事水生动物生理学及种质资源开发利用研究,E-mail: zhaohh@scau.edu.cn

https://www.china-fishery.cn



收稿日期: 2021-04-27 修回日期: 2021-07-19

它们的基因进化是复杂的,根据基因组分析, foxl3 在四足动物中反复丢失, 被认为是鱼类中特 异性存在^[3-4]的基因。后生动物中, foxl2/3 在体细 胞和生殖细胞性腺中分化得到,并且在脊椎动物 中发生了一定程度的亚功能化:海绵 (Phylum porifera) 中普遍存在着 foxl2/3 的表达, 而一些硬骨鱼 中 foxl2 主要是在卵巢中表达, foxl3 则主要是在精 巢中表达^[5]。Wu 等^[6]研究发现,在日本鳗鲡(Anguilla japonica) 性腺分化过程中,两种胚系表达的 foxl3 雄性中的表达水平均高于雌性, foxl3 可能在鱼类 的生殖细胞命运测定中起着重要作用。青鳉(Oryzias latipes)体内的 foxl3 在生殖细胞中表达,参与了精 子、卵子的命运决定,且 foxl3 能中断 XX 雌性青 鳉发育出功能精子,说明 foxl3 是抑制雌性生殖细 胞生精所必需的^[7]。Lyu 等^[8] 通过定量 PCR (qPCR) 检测了 foxl3 在斜带石斑鱼不同组织中的表达,结 果 foxl3 呈现出性别二态性的特点, foxl3 在斜带 石斑鱼的精巢中表达量显著高于卵巢及其他组织, 且 foxl3 在卵巢中的表达量一直很低,开始向雄性 发育的间性性腺中表达量有上升的趋势,完全发 育为精巢时,表达量显著升高(P<0.05),说明 foxl3 参与精巢的发育,可能是潜在的雄性调节基因。

本研究以雌雄同体的斜带石斑鱼为对象,探 究激素合成的关键转录因子 foxl3 基因过表达以 及 17a-甲基睾酮 (MT) 投喂对斜带石斑鱼性腺发 育的影响,并将二者进行比较,以期有效调控斜 带石斑鱼的生殖与性别分化,为进一步探讨人工 诱导斜带石斑鱼性腺发育和分化提供技术支撑。

1 材料与方法

1.1 实验材料

实验所用斜带石斑鱼均来自广东省海洋渔业 实验中心,所有的实验鱼在实验之前都在室内循 环系统暂养2周。实验鱼规格一致[(30.00±5.12)g, (16.00±0.95) cm]。实验中所用引物均由擎科生物 公司合成,引物序列及名称见表1和表2。

表 1 构建 p3XFLAG 表达载体所用的引物

Tab. 1 Primers used to construct p3XFLAG expression vector

expression vector		
引物	序列 (5′→3′)	
primers	sequences $(5' \rightarrow 3')$	
foxl3-3flag-F	CCGGAATTCAATGGATGCAGAGGAGGAACCC	
foxl3-3flag-R	CGGGGTACCCTCAAACGAATATGGCAGCGGTG	

表 2 性腺分化相关基因荧光定量 PCR 引物序列 Tab. 2 Primer sequence of gonadal differentiation related genes by real-time PCR

引物 primers	序列 (5'→3') sequences (5'→3')
q <i>amh-</i> F	TGTTGGGAGCGACGGTGAACT
q <i>amh</i> -R	TGCAGCGACTGACTCGTGAAA
q <i>cyp</i> 19a1a-F	ACAGTGGAGGTCAGTGTCTC
qcyp19a1a-R	GACAGGTACATCCAGGAAGA
qrec8-F	CACTCCTGCCAGCAGATGGTC
qrec8-R	GACCTCTCCAAACCTCTGCA
q11 <i>β-hsd</i> 2-F	TCTGGGCTTTGAGGTGTTCG
q11 <i>β-hsd</i> 2-R	TGGATCTGCTGTGGTTGGGT
qsycp3-F	GTCAGAGAGCTGTATGAGCAG
qsycp3-R	CTGCTGTTGCGTGTCCATGAG
β-actin-F	ACCATCGGCAATGAGAGGTT
β-actin-R	ACATCTGCTGGAAGGTGGAC

1.2 foxB 重组质粒的获得

根据斜带石斑鱼 *foxl3* 基因的 ORF 框序列, 筛选阳性克隆并构建 p3XFLAG 表达基因载体, 获得正确的 *foxl3* 重组质粒。

1.3 foxB 重组质粒注射

3 μg pcDNA3.1xflag-*foxl3* 重组质粒腹腔注射 斜带石斑鱼,持续 30 d。选取 300 尾日龄为 180 d 的幼鱼,随机平均分为 2 组,分别注射 *foxl3*+Liposomes 3000 (注射组),空载 3flag+Liposomes 3000 (对照组),每组 3 个重复。养殖实验持续 30 d。取 样方式:分别于注射实验后的第 10、20 和 30 天 取样 1 次,每组每次分别取 13 尾注射组和对照组 的实验鱼性腺,固定于 Bouin 氏液 (广州迈发生物 科技有限公司,用于组织学观察)和 RNA 保护液 (Omega 公司,用于 RNA 提取)中。

1.4 MT 投喂

将 MT (Sigma 公司) 粉末溶于无水乙醇,按 10 mg MT/kg 饲料的量处理颗粒饲料,混匀、晾 干,-20 °C 保存备用。对照组饲料仅用等量无水 乙醇处理。养殖实验持续 120 d。选取 400 尾日龄 180 d 的实验鱼,随机平均分为 2 组,分别为投喂 组 (MT 组) 和基础饲料组。MT 组:前 30 d 进行 激素投喂,后 30 d 进行普通饲料投喂;基础饲料 组:整个实验周期均进行普通饲料投喂。取样方 式:激素投喂第 10、20 和 30 天;激素投喂后, 分别于普通饲料投喂第 10、20 和 30 天各取样 1次, MT 组和基础饲料组每次分别取 13 尾的实验鱼性腺,分别固定于 Bouin 氏液 (用于组织学观察)和 RNA 保护液 (用于 RNA 提取)。

1.5 组织学观察

将注射组、MT组、对照组和基础饲料组的 性腺固定于 Bouin 氏液中,分别经系列乙醇脱水、 二甲苯透明、浸蜡及组织包埋后,进行常规石蜡 组织切片(厚度 5 μm, Leica, RM2235),随后进 行苏木精-伊红(H.E)染色后封片并在显微镜 (Nikon, E200MV)下观察拍照。

1.6 荧光定量 PCR 分析

将注射组、投喂组、对照组的性腺固定于 RNA保护液中,总RNA参照Trizol[®] reagent (Invitrogen,美国)说明书进行提取,以RNA为模 板,参照Vazyme反转录试剂盒说明书合成第一 条链 cDNA,反转录后的样品稀释 10 倍后作为荧 光定量 PCR模板,荧光定量 PCR反应在Quant-StudioTM 5 Real-Time PCR Instrument (384-Well Block)上进行,反应体系: 2×SYBR Green (Vazyme) 5 μL,引物各 0.2 μL, cDNA 模板 3 μL, ddH₂O 1.6 μL。具体程序: 95 °C, 30 s; (95 °C, 10 s; 56 °C, 30 s; 72 °C, 30 s) 40 个循环。使用*β-actin* 作为内参,扩增完成后荧光值转变成 C_i 值,再采 用 2^{-ΔΔC_i}方法进行分析。

1.7 数据分析

使用 SPSS 20.0 软件对基因的荧光定量表达数据进行分析,使用 Student's *t* test 法检验同一时间点不同实验组间数值的差异,显著性差异定义为 *P*<0.05,使用 GraphPad 8.0 软件作图。

2 结果

2.1 fox B 重组质粒注射后对斜带石斑鱼的性腺 发育组织学的影响

质粒注射后第 10 天的性腺切片结果显示, 注射组(图版 I-1)卵巢发育明显比对照组(图版 I-4) 迟缓:注射组性腺较对照组小,体细胞较多,存 在向雄性发育的趋势(注射组存在着由体细胞发育 而形成的间质细胞),注射组基本处于卵原细胞期; 而对照组则向卵母细胞期发育,存在初级卵母细 胞。质粒注射 20 d后,注射组(图版 I-2)和对照 组(图版 I-5)基本处于卵原细胞期,注射组和对 照组无明显差别。且质粒注射 30 d后,注射组 (图版 I-3)和对照组(图版 I-6)都处于卵母细胞期, 性腺中次级卵母细胞(O2)占主导地位,注射组和 对照组无明显差别。

2.2 MT 投喂对斜带石斑鱼性腺发育组织学的 影响

MT 投喂实验第 10 天, MT 组中有较多生殖 原细胞,少数精原细胞 (图版 II-7);基础饲料组 处于卵原细胞期 (图版 II-13)。投喂第 20 和 30 天, MT 组中有很多精母细胞和精子细胞存在,性腺 转为雄性性腺 (图版 II-8~9);基础饲料组一直处 于卵母细胞期,没有出现任何转雄迹象 (图版 II-14~15)。

MT 投喂后第 10 天, MT 组精母细胞退化, 精巢性腺过渡到雌雄同体阶段,处于兼性性腺 (图版 II-10);对照组处于初级卵母细胞期(图版 II-16)。MT 投喂后第 20 和 30 天, MT 组精巢性腺 退化为卵巢性腺,处于卵母细胞期(图版 II-11~ 12);而对照组一直处于卵母细胞期(图版 II-17~18)。

2.3 foxl3 质粒注射斜带石斑鱼性别相关基因荧 光定量表达分析

以 β-actin 为内参,利用荧光定量 PCR 检测质 粒注射后斜带石斑鱼性别相关基因 amh、cvp19a1a、 *cvp*11*b*、11*β*-*hsd*2、*rec*8 和 *svcp*3 的表达情况(图 1)。 雄性分化相关基因 amh 在质粒注射后第 10 天, 注 射组的基因表达量较对照组高,与对照组存在显 著差异 (P<0.05); 激素生成相关基因 cvp19a1a 在 质粒注射后第10天,对照组的基因表达量较注射 组高,与对照组存在显著差异 (P<0.05);而与激 素生成相关的雄性发育相关基因 cyp11b 和 11βhsd2, 在质粒注射后第 10 天, 其基因表达量较对 照组高 (P<0.05); 精子发生相关基因 rec8 和 sycp3 在注射组中的基因表达量较对照组高 (P<0.05)。 质粒注射后第 20 和 30 天, amh、cyp19a1a、cyp11b、 11β-hsd2、rec8 和 sycp3 在注射组和对照组中的基 因表达量无显著差异,表明 foxl3 质粒注射对斜带 石斑鱼性腺发育的调控作用可能具有剂量依存 效应。

2.4 MT 投喂斜带石斑鱼性别相关基因荧光定 量表达分析

以β-actin 为内参,利用荧光定量 PCR 检测 MT 投喂实验过程中斜带石斑鱼性别相关基因 amh、cyp19a1a、cyp11b、11β-hsd2、rec8 和 sycp3 的基因表达情况。结果显示,雄性分化 amh基因



图版 I foxl3 重组质粒注射斜带石斑鱼性腺切片

图中 0 表示未注射时性腺形态; 1、3、5 和 2、4、6 分别表示注射组以及对照组在质粒注射后第 10、20 和 30 天性腺组织形态变化; O1. 初级卵母细胞, O2. II 时相初级卵母细胞, G. 生殖原细胞, OC. 卵巢腔, OG. 卵原细胞; 下同

Plate I Gonads slice of foxB recombinant plasmid injected E. coioides

0 in the figure indicates the gonadal histology without injection; 1, 3, 5 and 2, 4, 6 respectively show the histology of gonad in the injection group and the control group on the 10th, 20th and 30th day after plasmid injection; O1. primary-growth stage oocyte, O2. stage II ovaries, G. gonium, OC. ovarian cavity, OG. oocyte; the same below

在 MT 投喂下, MT 组的表达量均高于对照组, 而在停止投喂后, MT 组的基因表达量明显降低 (图 2),说明 MT 投喂对雄性相关基因 amh 表达具 有极显著上调作用 (P<0.001),而停止 MT 投喂后 这种作用就降低了,甚至随着普通饲料的投喂而 消失,对照组与 MT 组无显著差异。MT 投喂对 cyp19a1a 的表达具有极显著下调作用 (P<0.001), 而对 cyp11b 和 11β-hsd2 的表达具有极显著上调作 用 (P<0.001)。与精子减数分裂相关的基因 sycp3 和 rec8 在 MT 投喂的过程中, MT 组的基因表达 量极显著高于对照组 (P<0.001),并且在停止激素 投喂后,投喂组的基因表达量明显降低,说明 MT 投喂对减数分裂相关基因 sycp3 和 rec8 的表 达具有显著上调作用,当停止投喂后,这种作用 就降低。

3 讨论

3.1 foxl3 重组质粒过表达以及 MT 投喂对性腺发育的影响

目前通过 lipo 试剂盒与质粒共转染,探究外源 DNA 体内重组的方法已被运用于小鼠 (Mus



图版 II MT 投喂斜带石斑鱼性腺切片

1、3、5、7、9、11 和 2、4、6、8、10、12 分别表示投喂组以及基础饲料组在激素投喂第 10、20、30 天,激素投喂后第 10、20、30 天的 性腺组织形态变化

Plate II Gonads slice of MT fed E. coioides

1, 3, 5, 7, 9, 11 and 2, 4, 6, 8, 10, 12 respectively show the histology of gonad in the feeding group and the control group on the 10th, 20th and 30th day of MT feeding, and on the 10th, 20th and 30th day after MT feeding

musculus) 中^[9], 被证实该种质粒过表达实验是具 有可行性的。脂质体包埋被多次运用于 siRNA 治 疗疾病、突破血脑屏障传递药物^[10-16]等实验中, 因此,在体注射重组载体的方式是可以将质粒转 入目标细胞的。

*amh*属于转化生长因子 β(TGF-β)超家族,参与雄性胚胎的发育。在哺乳动物中,*amh*参与雄性性别分化、雌性卵泡的发育和性类固醇生成。 Han等^[17]研究发现,*amh*过表达质粒投喂实验过程中,雌性相关基因表达和血清17β-雌二醇水平下降,雄性相关基因表达和血清11-酮睾酮水平升 高,卵巢退化,精原细胞增殖,说明 amh 过表达 质粒投喂可诱导石斑鱼雌雄转换。在质粒注射后 第 10 天,注射组的 amh 基因相对表达量较对照组 差异显著(图 1),且在雄激素诱导的前 30 d,MT 组的 amh 基因相对表达量较基础饲料组差异极显著 (图 2),说明 foxl3 重组质粒的过表达以及 MT 投 喂对性腺分化的表达具有调控作用。

Fan 等^[18]研究发现,牙鲆 (Paralichthys olivaceus)中, foxl2 表现出显著的性别二态表达模式, 对牙鲆细胞系细胞的共转染实验表明, foxl2 能单 独或与核受体亚家族共同上调 cyp19a1a 的表达。



图中横坐标 10、20、30 分别表示质粒注射后第 10、20 和 30 天; *. P<0.05,表示同一时间点,组间差异显著;下同

Fig. 1 Real-time PCR expression analysis of sex related genes in foxB plasmid injected E. coioides

(a) *amh*, (b) *cyp*19*a*1*a*, (c) *cyp*11*b*, (d) 11 β -*hsd*2, (e) *rec*8, (f) *sycp*3; the abscissa 10, 20 and 30 in the figure represent the 10th, 20th and 30th day after *foxl*3 injecting respectively; "*" represents the significant difference between groups at the same time point (*P*<0.05); the same below

且 foxl2 和 nr5a2 抑制 dmrt1 的表达。此外,黄鳝 (Monopterus albus)中,上调 foxl2 和 cyp19a1a 启动 子 DNA 甲基化与性腺从卵巢到精巢的分化有关^[19]。 Wang 等^[20]研究发现,小体鲟 (Acipenser ruthenus) 中, foxl2 在雌性中的表达较高。Zhang 等^[21]研究 发现,纯合突变 foxl2 的尼罗罗非鱼 (Oreochromis niloticus) 导致 XX 基因型个体性逆转, foxl2 通过 上调 cyp19a1a 的表达和抑制雄性通路基因的表达 而促进卵巢的发育。在质粒注射后第 10 天,注射 组的 cyp19a1a 基因相对表达量显著低于对照组 (图 1),且在雄激素诱导的前 30 d内,投喂组的 cyp19a1a 基因相对表达量极显著低于基础饲料组

中国水产学会主办 sponsored by China Society of Fisheries



雄激素 (MT) 投喂斜带石斑鱼性别相关基因荧光定量表达分析 图 2

图中横坐标 10、20、30 分别代表激素投喂第 10、20、30 天, 10'、20'、30'分别代表激素投喂后第 10、20、30 天; **. P<0.01, ***. P<0.001, ****. P<0.0001, 都表示同一时间点的组间差异显著



The abscissa 10, 20 and 30 in the figure represent the 10th, 20th and 30th day of MT feeding respectively, 10', 20' and 30' represent the 10th, 20th and 30th day after MT feeding respectively; **. P<0.01, ****. P<0.001, at the same time

(图 2), 说明 foxl3 重组质粒的过表达, 以及 MT 投喂导致了雌性相关基因 foxl2 的低表达,从而下 调了 cyp19a1a 的表达量, 证明 foxl3 重组质粒的 过表达以及 MT 投喂对性腺分化的影响。

鱼类性腺发育受内源性激素的影响, 而外源 https://www.china-fishery.cn

激素 MT 则会影响卵巢的进一步发育^[22-23]。11β-羟 化酶是由 cyp11b 催化合成皮质醇 (图 3),同时 11β-羟化酶在硬骨鱼体内,是精巢中催化 T 合成鱼类 特有的雄激素 11-KT 的关键限速酶^[24-25]。近期, 一项研究表明,通过去甲酮对斑马鱼 (Danio rerio) 下丘脑-垂体-肾上腺和下丘脑-垂体-性腺轴基因表达的影响发现,皮质醇(*cyp*11*b*)基因的转录表达被抑制,而孕酮途径的基因表达不受影响^[26]。在质粒注射后第10天,注射组的*cyp*11*b*基因相对表达量较对照组差异显著(*P*<0.05)(图1),且在MT诱导的前30d内,投喂组的*cyp*11*b*基因相对表达量较基础饲料组差异极显著(*P*<0.01)(图2)。

β-羟基类固醇脱氢酶 (β-HSD) 是一类参与甾体生物合成和代谢的甾体生成酶,在哺乳动物的 生理和发育过程中起着性别决定和分化的重要的 作用^[27]。在质粒注射后第 10 天,注射组的 11βhsd2 基因相对表达量显著高于对照组 (图 1),且 在 MT 诱导的前 30 d内,投喂组的 11β-hsd2 基因 相对表达量极显著高于基础饲料组 (P<0.01) (图 2)。

减数分裂是真核细胞分裂所特有的,产生单 倍体配子,而 rec8 是减数分裂黏连蛋白复合物的 关键组成成分,在减数分裂过程中,它是建立和 维持姐妹染色单体凝聚力和形成联会以及同源染 色体之间重组所必需的,而且已被确定为雄育基 因^[28-29]。减数分裂开始的特征是 sycp3 的表达, sycp3 是一种编码突触复合体蛋白的基因, 被认为是早 期减数分裂的标志物^[30]。sycp3 基因敲除的纯合子 雄性小鼠不育, 其睾丸体积明显变小并伴有大量 生精细胞凋亡^[31]。减数分裂标记基因 dmc1 和 svcp3 在黄河鲤 (Cyprinus carpio haematopterus) 孵 化后 55 d 的雌性性腺中的表达量显著增加,而 svcp3 在孵化后 100 d 的雄性性腺中的表达显著增 加^[32]。Peng 等^[33] 研究显示, 日龄 180 d 的幼龄斜 带石斑鱼性腺中减数分裂基因 sycp3 表达上调, 表明斜带石斑鱼生殖细胞大约在 180 d 进行减数 分裂。本研究所用的实验鱼都是180d的幼鱼, 且质粒注射后第10天,注射组 rec8 和 sycp3 基因 的相对表达量显著高于对照组(图1),充分说明 foxl3 重组质粒过表达、MT 投喂促进了幼龄斜带 石斑鱼性转变,对幼龄斜带石斑鱼的性腺发育具 有调控作用。

3.2 foxl3 重组质粒过表达与 MT 投喂对性腺分化的影响

目前, foxl3 重组质粒过表达的研究尚未被报 道,雄激素 (MT) 投喂实验曾被多次用于验证外源 激素诱导斜带石斑鱼性转变实验中^[34],但本研究 中不仅观察了雄激素诱导石斑鱼性转变过程,而 且也观察了雄激素退出后,斜带石斑鱼由雄性性



图 3 硬骨鱼类性类固醇激素变化关系^[23]

P5. 孕烯醇酮, P4. 黄体酮, 11-KA4. 11-酮基雄烯二酮, 11β-OHT. 11β-羟基睾酮, 11β-OHA4. 11β-羟基雄烯二酮, 11-KT. 11-酮基睾 酮, T. 睾酮, 11β-OHT. 11β-羟基睾酮, E₁. 雌酮, E₂. 17β-雌二醇

Fig. 3 Regulation of sex steroid hormones in teleost^[23]

P5. pregnenolone, P4. progesterone, 11-KA4. 11-ketoandrostenedione, 11β-OHT. 11β-hydroxytestosterone, 11β-OHA4. 11β-hydroxyandrostenedione, 11-KT. 11-ketotestosterone, T. testosterone, 11β-OHT. 11βhydroxytestosterone, E₁. estrone, E₂. 17β-estradiol

腺退化为雌性性腺,并且用来与 foxl3 重组质粒在 体过表达实验进行比较,对人工诱导斜带石斑鱼 性腺分化和发育更具有指导意义。

精子的发生依赖于支持细胞、间质细胞、肾 小管周围肌样细胞和血管平滑肌细胞之间的自分 泌和旁分泌通讯。而本研究中,在质粒注射后第 10天的注射组性腺切片中可以看到较多的体细胞, 而对照组的性腺基本都处于卵原细胞或卵母细胞 期,且间质细胞就是由体细胞发育而来的。花斑 溪鳉(Rivulus marmoratus)中, foxl3 被发现在配子 发生和性腺结构中起着至关重要的作用[35]。黄鳝 中,在精巢中检测到强烈的 Foxl3 蛋白阳性信号, 且 foxl3 在兼性性腺中可以促进卵母细胞的退化, 刺激精子的产生^[36]。同时,有研究表明, foxl3 可 以诱导卵巢发育为精巢^[37]。此外, Lin 等^[38]通过体 外细胞转染双荧光素酶实验分析,发现外源雄激 素可增强 foxl3 启动子活性,而且 foxl3 可上调 rec8 启动子活性,表明 foxl3 在精巢发育中起着决 定性的作用,同时本研究更进一步证明了在体实 验过程中 foxl3 对于斜带石斑鱼精巢发育的关键作 用,表明其对斜带石斑鱼性腺发育具有重要影响。

本研究将利用 foxl3 重组质粒注射与 MT 投 喂斜带石斑鱼幼鱼的方法进行对比,发现质粒注 射对斜带石斑鱼性腺发育具有雄性化的调控作用, 且这种作用可能具有剂量依存效应,为探究调控 斜带石斑鱼性腺发育的方法提供新的思路。

(作者声明本文无实际或潜在的利益冲突)

参考文献 (References):

- [1] Ordyniec J, Czerski P, Sioch R. Case of ovarian tumor in a 10-year-old girl with gonadal dysgenesis, illustrating the need for evaluation of sexual development in the course of diagnostic procedures[J]. Ginekologia Polska, 1978, 49(9): 801-803.
- [2] Carlsson P, Mahlapuu M. Forkhead transcription factors: key players in development and metabolism[J]. Developmental Biology, 2002, 250(1): 1-23.
- [3] Baron D, Cocquet J, Xia X H, *et al.* An evolutionary and functional analysis of *FoxL*2 in rainbow trout gonad differentiation[J]. Journal of Molecular Endocrinology, 2004, 33(3): 705-715.
- [4] Crespo B, Lan-Chow-Wing O, Rocha A, et al. Foxl2 and foxl3 are two ancient paralogs that remain fully functional in teleosts[J]. General and Comparative Endocrinology, 2013, 194: 81-93.
- [5] Bertho S, Pasquier J, Pan Q W, et al. Foxl2 and its relatives are evolutionary conserved players in gonadal sex differentiation[J]. Sexual Development, 2016, 10(3): 111-129.
- [6] Wu G C, Jeng S R, Pan Y T, et al. The germline-specific expression of Foxl3a and its paralogous Foxl3b are associated with male gonadal differentiation in the Japanese eel, Anguilla japonica[J]. General and Comparative Endocrinology, 2019, 277: 56-65.
- [7] Nishimura T, Sato T, Yamamoto Y, *et al. Foxl3* is a germ cell-intrinsic factor involved in sperm-egg fate decision in medaka[J]. Science, 2015, 349(6245): 328-331.
- [8] Lyu Q J, Hu J, Yang X K, *et al.* Expression profiles of *dmrts* and *foxls* during gonadal development and sex reversal induced by 17α-methyltestosterone in the orangespotted grouper[J]. General and Comparative Endocrinology, 2019, 274: 26-36.
- [9] Wang Q X, Liu X, Zhou J H, et al. The CRISPR -Cas13a gene-editing system induces collateral cleavage of RNA in glioma cells[J]. Advanced Science, 2019, 6(20): 1901299.
- [10] Nikpoor A R, Jaafari M R, Zamani P, et al. Cell cytotoxicity, immunostimulatory and antitumor effects of lipid content of liposomal delivery platforms in cancer immunotherapies. a comprehensive *in-vivo* and *in-vitro* study[J]. International Journal of Pharmaceutics, 2019,

https://www.china-fishery.cn

567: 118492.

- [11] Yuan B, Zhao Y R, Dong S Y, et al. Cell-penetrating peptide-coated liposomes for drug delivery across the blood-brain barrier[J]. Anticancer Research, 2018, 39(1): 237-243.
- [12] Yan H Y, Guo W H, Li K, *et al.* Combination of DESI2 and endostatin gene therapy significantly improves antitumor efficacy by accumulating DNA Lesions, inducing apoptosis and inhibiting angiogenesis[J]. Experimental Cell Research, 2018, 371(1): 50-62.
- [13] Hemati M, Haghiralsadat F, Yazdian F, et al. Development and characterization of a novel cationic PEGylated niosome-encapsulated forms of doxorubicin, quercetin and siRNA for the treatment of cancer by using combination therapy[J]. Artificial Cells, Nanomedicine, and Biotechnology, 2019, 47(1): 1295-1311.
- [14] Hattori Y, Nakamura M, Takeuchi N, *et al.* Effect of cationic lipid in cationic liposomes on siRNA delivery into the lung by intravenous injection of cationic Lipoplex[J]. Journal of Drug Targeting, 2019, 27(2): 217-227.
- [15] Sethuraman S N, Singh M P, Patil G, et al. Novel calreticulin-nanoparticle in combination with focused ultrasound induces immunogenic cell death in melanoma to enhance antitumor immunity[J]. Theranostics, 2020, 10(8): 3397-3412.
- [16] Walunj M, Doppalapudi S, Bulbake U, *et al.* Preparation, characterization, and *in vivo* evaluation of cyclosporine cationic liposomes for the treatment of psoriasis[J]. Journal of Liposome Research, 2020, 30(1): 68-79.
- [17] Han Y L, Peng C, Wang L, et al. Female-to-male sex reversal in orange-spotted grouper (*Epinephelus* coioides) caused by overexpressing of Amh in vivo[J]. Biology of Reproduction, 2018, 99(6): 1205-1215.
- [18] Fan Z F, Zou Y X, Liang D D, et al. Roles of forkhead box protein L2 (*foxl2*) during gonad differentiation and maintenance in a fish, the olive flounder (*Paralichthys* olivaceus)[J]. Reproduction, Fertility and Development, 2019, 31(11): 1742-1752.
- [19] Wang X, Lai F L, Xiong J, et al. DNA methylation modification is associated with gonadal differentiation in *Monopterus albus*[J]. Cell & Bioscience, 2020, 10(1): 129.
- [20] Wang W, Zhu H, Dong Y, et al. Dimorphic expression 中国水产学会主办 sponsored by China Society of Fisheries

of sex-related genes in different gonadal development stages of sterlet, *Acipenser ruthenus*, a primitive fish species[J]. Fish Physiology and Biochemistry, 2017, 43(6): 1557-1569.

- Zhang X B, Li M R, Ma H, et al. Mutation of foxl2 or cyp19a1a results in female to male sex reversal in XX Nile tilapia[J]. Endocrinology, 2017, 158(8): 2634-2647.
- [22] 姚汶励,姜鹏,白俊杰.17α-甲基睾酮对草鱼性腺发育及性类固醇激素水平的影响[J].水产学报,2019,43(4):801-809.

Yao W L, Jiang P, Bai J J. Effects of 17α-methyltestosterone on gonadal development and hormone levels in grass carp (*Ctenopharyngodon idella*)[J]. Journal of Fisheries of China, 2019, 43(4): 801-809 (in Chinese).

- [23] Liu H, Todd E V, Lokman P M, *et al.* Sexual plasticity: a fishy tale[J]. Molecular Reproduction and Development, 2017, 84(2): 171-194.
- [24] 郑巧园. 11β-羟化酶 (Cyp11b2) 在罗非鱼配子发生中的功能研究 [D]. 重庆: 西南大学, 2019.
 Zheng Q Y. Function of 11β-hydroxylase (Cyp11b2) in gametogenesis of tilapia[D]. Chongqing: Southwest University, 2019 (in Chinese).
- [25] 赵会宏,何琪,张春丽,等. 雌雄同体鱼类性别分化及 性转变研究进展[J]. 水产学报, 2022, 46(4): 644-656. Zhao H H, He Q, Zhang C L, *et al.* Research progress on sex differentiation and sexual transformation of hermaphroditic fishes[J]. Journal of Fisheries of China, 2022, 46(4): 644-656 (in Chinese).
- [26] Luo Y X, Chen H X, Li D, *et al.* The effects of norethindrone on the ontogeny of gene expression along the hypothalamic-pituitary-adrenal and hypothalamic-pituitary-gonadal axes in zebrafish (*Danio rerio*)[J]. Science of the Total Environment, 2020, 747: 141554.
- [27] Xiao L, Guo Y, Wang D D, et al. Beta-hydroxysteroid dehydrogenase genes in orange-spotted grouper (*Epi-nephelus coioides*): genome-wide identification and expression analysis during sex reversal[J]. Frontiers in Genetics, 2020, 11: 161.
- [28] Bannister L A, Reinholdt L G, Munroe R J, et al. Positional cloning and characterization of mouse mei8, a disrupted allele of the meiotic cohesin rec8[J]. Genesis, 2004, 40(3): 184-194.
- [29] Griffin J, Emery B R, Christensen G L, et al. Analysis of

the meiotic recombination gene *rec*8 for sequence variations in a population with severe male factor infertility[J]. Systems Biology in Reproductive Medicine, 2008, 54(3): 163-165.

- [30] Reynolds N, Collier B, Bingham V, et al. Translation of the synaptonemal complex component sycp3 is enhanced *in vivo* by the germ cell specific regulator Dazl[J]. RNA, 2007, 13(7): 974-981.
- [31] Yuan L, Liu J G, Zhao J, *et al.* The murine *SCP3* gene is required for synaptonemal complex assembly, chromosome synapsis, and male fertility[J]. Molecular Cell, 2000, 5(1): 73-83.
- [32] Jiang M Y, Jia S T, Chen J, et al. Timing of gonadal development and dimorphic expression of sex-related genes in gonads during early sex differentiation in the Yellow River carp[J]. Aquaculture, 2020, 518: 734825.
- [33] Peng C, Wang Q, Chen J X, et al. Retinoic acid and androgen influence germ cells development and meiotic initiation in juvenile orange-spotted grouper, *Epineph*elus coioides[J]. General and Comparative Endocrinology, 2020, 289: 113379.
- [34] Wang Q, Huang M W, Peng C, et al. MT-feedinginduced impermanent sex reversal in the orange-spotted grouper during sex differentiation[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2018, 19(9): 2828.
- [35] Qu M, Ding S X, Schartl M, et al. Spatial and temporal expression pattern of sex-related genes in ovo-testis of the self-fertilizing mangrove killifish (*Kryptolebias marmoratus*)[J]. Gene, 2020, 742: 144581.
- [36] Gao Y, Jia D, Hu Q, et al. Foxl3, a target of mir-9, stimulates spermatogenesis in spermatogonia during natural sex change in *Monopterus albus*[J]. Endocrinology, 2016, 157(11): 4388-4399.
- [37] Nishimura T, Nakamura S, Tanaka M. A structurally and functionally common unit in testes and ovaries of medaka (*Oryzias latipes*), a teleost fish[J]. Sexual Development, 2016, 10(3): 159-165.
- [38] Lin F M, Tong F, He Q, et al. In vitro effects of androgen on testicular development by the AR-foxl3rec8/fbxo47 axis in orange-spotted grouper (*Epineph*elus coioides)[J]. General and Comparative Endocrinology, 2020, 292: 113435.

Comparative study on the effect of over-expression of *foxB* recombinant plasmid and 17a-methyltestosterone (MT) feeding on gonadal development of *Epinephelus coioides*

ZHANG Chunli¹, HE Qi¹, CHENG Huitao¹, LI Lihua¹, RUAN Xinhe¹, DUAN Xuzhuo¹, HUANG Fengqi¹, YANG Huirong^{1,2}, ZHANG Haifa³, SHI Herong³, WANG Qing^{1,2*}, ZHAO Huihong^{1*}

(1. College of Marine Sciences, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China;

2. University Joint Laboratory of Guangdong Province, Hong Kong and Macao Region on Marine Bioresource

Conservation and Exploitation, Guangzhou 510642, China;

3. Guangdong Marine Fishery Experiment Center, Huizhou 516081, China)

Abstract: In Epinephelus coioides, foxl3 showed the expression characteristics of gender dimorphism, and the expression level of foxl3 in testis of E. coioides was significantly higher than that in ovary and other tissues. In addition, fox13 is considered to play an important role in ovarian and testis development. In this study, by comparing the over-expression of *foxl3* gene in E. coioides with 17a-methyltestosterone (MT) feeding, explored a new method of regulating gonad development in E. coioides. The gonadal development status was observed and the genes related to gonadal differentiation were detected and analyzed by real-time PCR after the injection of foxl3 recombinant plasmid and MT feeding to three-month-old E. coioides. The results showed that the ovary of the injection group is smaller than that of the control group, and there are more somatic cells in the early stage of plasmid injection, and there is a trend of development in the male direction (there were testicular interstitial cells). The relative expression levels of male-related gene–amh, hormone-producing genes–cyp11b, 11β -hsd2, and spermatogenesis-related genes-rec8, sycp3 genes in the early injection group after plasmid injection are significantly higher than those in the control group. In particular, gene expression in amh, cyp11b and sycp3 injection groups was twice as high as that in control group. The gonads in the late MT feeding stage are in the obvious facultative stage, and the control group is still in the O2 oocyte stage. The relative expression trend of amh, cyp11b, 11β -hsd2, rec8 and sycp3 genes in MT feeding group is consistent with plasmid injection, but the difference between the feeding group and the control group is more significant than that of plasmid injection. Under the experimental conditions, the effect of MT feeding on the regulation of gonad masculinization is more obvious than that of *foxl3* plasmid injection. In conclusion, the above results showed that the over-expression of *foxl3* recombinant plasmid has a clear male regulatory effect on gonadal development of juvenile E. coioides, and this regulation may have a dose-dependent effect. The results laid the foundation for further study on testis development of E. coioides.

Key words: *Epinephelus coioides; foxl3* recombinant plasmid; 17a-methyltestosterone (MT) feeding; over-expression; gonadal development

Corresponding authors: WANG Qing. E-mail: wangqing@scau.edu.cn;

ZHAO Huihong. E-mail: zhaohh@scau.edu.cn

Funding projects: National Natural Science Foundation of China (31972768, 31972769, 41806151); Guangdong Province Science and Technology Plan Project (SDZX2020027); Heyuan Science and Technology Plan Project (2019041, 2021004); "Swan Plan" of Huizhou Science and Technology Innovation Team (20170214023102296); Provincial Special Fund for Promoting Economic Development in 2019 [YCN (2019) No. 111]