

王聪,李顺尧,熊雪梅,等.前臀鲃上颌和胸鳍特化皮肤组织结构特征和基因表达调控[J].华中农业大学学报,2026,45(2):37-44.  
DOI:10.13300/j.cnki.hnlkxb.2026.02.005

## 前臀鲃上颌和胸鳍特化皮肤组织结构特征 和基因表达调控

王聪<sup>1</sup>,李顺尧<sup>1</sup>,熊雪梅<sup>1</sup>,杨瑞斌<sup>1</sup>,高泽霞<sup>1,2</sup>,熊皓<sup>3</sup>,赵恒<sup>3</sup>,万世明<sup>1,2</sup>

1. 华中农业大学水产学院/农业农村部淡水生物繁育重点实验室/长江经济带大宗水生生物  
产业绿色发展教育部工程研究中心,武汉 430070; 2. 湖北洪山实验室,武汉 430070;  
3. 华电金沙江上游水电开发有限公司叶巴滩分公司,甘孜 627153

**摘要** 前臀鲃(*Pareuchiloglanis anteanalis*)是长江上游特有的濒危土著鱼类,在长期的高原激流环境条件下,其上颌及鳍条部位皮肤结构发生了特化。为解析前臀鲃特化的调控基础,本研究对其皮肤特化组织结构进行观察,并通过其上颌、胸鳍部位特化的皮肤组织与鳍条部位非特化皮肤组织的转录组比较分析,筛选鉴定皮肤特化相关基因。结果显示,上颌、胸鳍部位特化的皮肤表皮形成密集沟回与感觉芽结构,有助于提升其吸附能力,并且在组织溯源图中产生相邻的聚类,基因表达谱高度相似,同源性高。与非特化皮肤组织的鳍条相比,上颌、胸鳍共筛选到251个共同的差异表达基因,包括146个上调基因和105个下调基因。差异表达基因的KEGG富集分析显示,显著富集通路主要为嘌呤代谢(ko00230)、TGF- $\beta$ 信号通路(ko04350)和钙信号通路(ko04020)。qRT-PCR验证结果显示,*adcy5*基因在特化皮肤中显著上调表达( $P<0.05$ )。综上所述,前臀鲃通过在上颌与胸鳍形成密集沟回和感觉芽结构来提升吸附能力,以适应高原激流环境。该皮肤特化过程主要受细胞突起组装与胶原代谢等关键通路的共同驱动,且*adcy5*基因表达的显著上调表明其在皮肤特化中发挥着潜在调控作用。

**关键词** 前臀鲃; 皮肤特化; 组织结构; 基因表达

**中图分类号** Q959.4; Q785; Q75 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2026)02-0037-08

高原鱼类在长期适应高海拔、低温激流及低氧环境的演化过程中,形成了独特的生理与形态特征。其中,皮肤结构特化是高原鱼类适应极端环境的关键策略之一:例如表皮增厚以增强紫外线辐射抵御能力、鳞片退化以降低能量消耗,以及吸盘状皮肤结构的进化以提升激流环境中的吸附稳定性。这类特化表型不仅体现了自然选择对生存压力的适应性响应,也为解析高原物种的适应性演化机制提供了重要研究切入点。然而,目前针对高原鱼类皮肤特化的分子调控网络及关键基因功能研究仍较为匮乏,制约了对其环境适应分子机制的深入阐释。

前臀鲃(*Pareuchiloglanis anteanalis*)是长江上游特有鲃科鱼类,伴随青藏高原隆升演化形成独特适应表型,其上颌与胸鳍皮肤结构特化赋予强吸附能力以适应激流环境。然而,该物种因水电开发、生境

破碎化及过度捕捞导致天然种群严重衰退<sup>[1]</sup>,加之与近缘物种形态高度相似,传统形态鉴定技术难以精准区分,进一步增加了保护实践的难度。此外,前臀鲃生长缓慢、繁殖力低,且人工繁殖技术尚未突破<sup>[2]</sup>,导致其濒危态势雪上加霜<sup>[3]</sup>。因此,解析其皮肤特化分子基础既是物种保护的迫切需求,也是揭示高原鱼类适应性演化规律的关键切入点。

本研究通过组织结构观察与比较转录组分析,筛选鉴定前臀鲃皮肤特化相关基因,阐明其特化表型分子基础,旨在为高原鲃科鱼类皮肤特化适应性调控机制研究及濒危物种保护提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 样品采集

试验用鱼为野生成年雌性前臀鲃(*Pareuchiloglanis anteanalis*),共5尾,采自中国四川省雅安市。

收稿日期: 2025-05-30

基金项目:国家自然科学基金面上项目(32473145);华电集团金沙江上游远期放流鱼种人工繁育技术研究项目(T-2022-04)

王聪, E-mail: hzauwc@webmail.hzau.edu.cn

通信作者: 万世明, E-mail: wansm@mail.hzau.edu.cn

采集前使用间氨基苯甲酸乙酯甲烷磺酸盐(MS-222)麻醉鱼体,并用75%乙醇进行消毒。冰上采集前臀鳍上颌、胸鳍、鳍条、皮肤肌肉、鳃、性腺组织并迅速放入冻存管,液氮速冻后转入-80℃冰箱备用,用于转录组分析;冰上采集前臀鳍上颌、胸鳍和鳍条部位皮肤组织并放入组织固定液,之后转入4℃冰箱备用,用于组织学结构分析。

## 1.2 组织石蜡切片、扫描电镜与透射电镜观察

参照文献[4]中描述的石蜡切片制作与染色方法,取样后使用4%多聚甲醛固定48 h,按常规流程脱水、二甲苯透明并石蜡包埋。切片厚度约4 μm,AB-PAS染色,最后采集图像。采用文献[5]中描述的扫描电镜分析方法,将样品置于多聚赖氨酸包被的玻璃片上,然后在电镜固定液中固定约2 h,置扫描电镜下观察并拍照。采用文献[6]中描述的透射电镜分析方法,取样后使用4%多聚甲醛和0.2%戊二醛固定48 h,振动切片后梯度乙醇脱水,在树脂中包埋。切片厚度约60 nm,再依次以5%醋酸铀及柠檬酸铅复染,置透射电镜下观察并拍照。

## 1.3 总RNA提取及转录组测序

RNA提取采用TRIzol™试剂(Invitrogen, Carlsbad, CA, USA)提取总RNA,使用Nanodrop和Agilent2100检测RNA纯度和完整性,使用1.5%琼脂糖凝胶电泳检测RNA降解程度。采用Illumina NEBNext® Ultra™试剂盒构建链特异性文库,随后使用Qubit 2.0荧光仪初步定量,Agilent 2100检测插入片段长度(250~300 bp),qRT-PCR精确测定有效浓度(>2 nmol/L)后,基于Illumina平台进行150 bp双端测序。原始数据经CASAVA转换为FASTQ格式后,利用fastp(v0.23.2)过滤低质量reads,剔除含接头序列、未知碱基(>50%)及Qphred≤20的reads,最终获得高质量clean reads。上述建库、测序和数据过滤等委托武汉臻阅公司完成。

## 1.4 差异表达分析

通过HISAT2(v2.2.1)将clean reads比对至参考基因组(数据编号:SUB15003368),生成BAM文件后,使用featureCounts(v2.0.1)统计基因区域reads数,计算FPKM(每千碱基转录本每百万映射片段,fragments per kilobase of transcript per million mapped reads)值标准化表达量。基于DESeq2(v1.16.1)构建负二项分布模型,以校正后P值及 $|\log_2FC| \geq 1$ 为阈值筛选显著差异表达基因。

## 1.5 组织溯源与功能富集分析

为了鉴定组织特异性表达的基因,计算组织特异性指数:首先过滤出在所有组织中检测到的最大表达水平小于1 FPKM的弱表达基因,然后使用剩余基因计算组织特异性表达指数*t*(取值范围为0~1),将*t*≥0.8的基因定义为组织特异性表达基因<sup>[7]</sup>。利用clusterProfiler(v4.2.0)对差异表达基因进行基因本体注释(分子功能、生物过程、细胞组分)及KEGG通路分析,筛选*P*<0.05的显著条目。

## 1.6 qRT-PCR表达验证

获得高质量RNA后,使用反转录试剂盒(HiScript QRT SuperMix for qPCR +gDNA wiper)(南京诺唯赞生物科技股份有限公司)对RNA进行反转录。使用Hied® qPCR SYBR Green Master Mix (Low Rox)试剂盒(翊圣,上海)进行实时荧光定量PCR,PCR反应体系为20 μL,包含qPCR SYBR Green Master Mix(10 μL)、10.0 mmol/L的上、下游引物(各0.4 μL)、去离子水(7.2 μL)和模板DNA(2 μL)。PCR反应程序为:95℃预变性5 min;95℃变性10 s,60℃退火20 s,72℃延伸20 s,进行40个循环,溶解曲线遵循仪器默认设置<sup>[8]</sup>。

在QuantStudio™ 6 Flex实时荧光定量PCR系统上进行qRT-PCR。目的基因的相对表达水平用β-actin基因标准化<sup>[9]</sup>,再进一步运用 $2^{-\Delta\Delta Ct}$ 方法计算<sup>[10]</sup>,统计分析采用独立样本*t*检验,所使用的引物均由武汉天一华煜基因科技有限公司合成(表1)。

表1 实时荧光定量PCR引物序列

Table 1 Sequences of the primers used for RT-qPCR

基因 Gene	序列(5'→3') Primer sequence(5'→3')	产物大小/bp Production size	退火温度/℃ Tm
<i>β-actin</i>	F:TGCCGCACTGGTTGTTGAC	205	60
	R:GCTGTAGCCTCTCTCGGTCA		
<i>adc5</i>	F:CTCAAACCTCCAGTGACCGCT	237	60
	R:CTCAAACCTCCAGTGACCGCT		

## 2 结果与分析

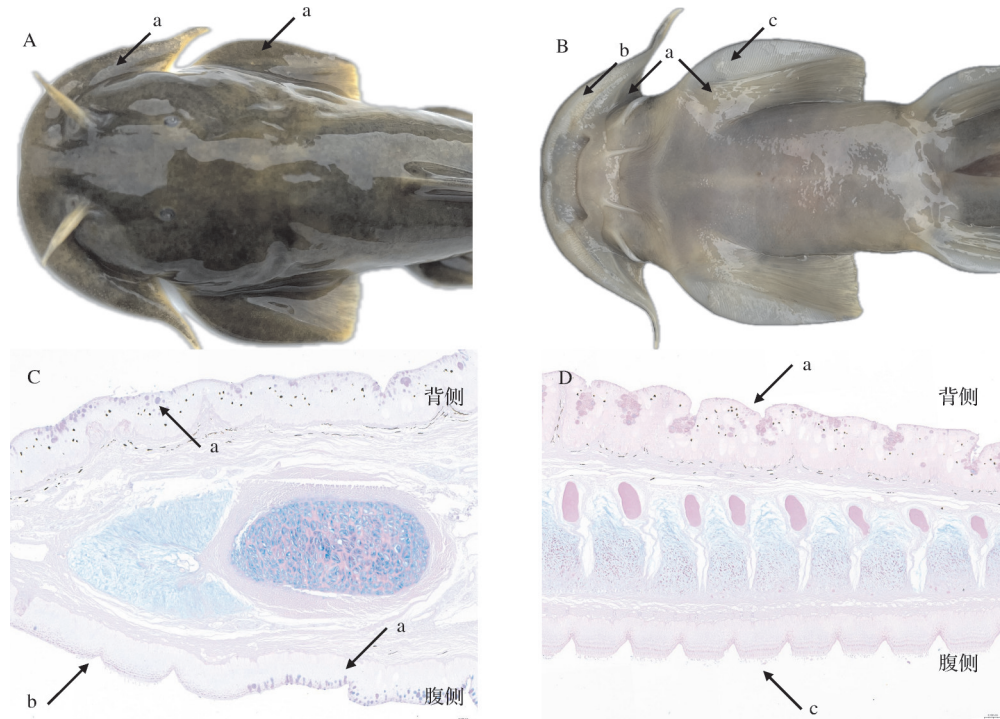
### 2.1 前臀鳍皮肤特化区域的形态学与组织学特征

为明确前臀鳍皮肤组织的特化分布特征,对鱼体上颌和胸鳍部位的背侧及腹侧皮肤进行宏观形态对比观察。结果显示:背侧皮肤组织黏液分泌旺盛,皮肤表面光滑且黏液层连续覆盖(图1A中a部位);腹侧的上颌和胸鳍的皮肤组织大部分无特化(图1B中a部位),但上颌和胸鳍中的皮肤组织分别出现部

分增厚特化(图1B中b、c部位),与腹侧的非特化皮肤组织区域对比明显。相比于其他腹侧皮肤组织,上颌和胸鳍中的部分皮肤表现出更为相似的特化形态,呈现出显著的区域差异,可明显区分为特化(图1B中b、c部位)与非特化(图1B中a部位)2个部分。

为进一步明确特化皮肤的组织学特征,对前臀鲃的上颌和胸鳍进行石蜡切片及AB-PAS染色。结

果显示:上颌区域皮肤组织可分为特化与非特化两部分。上颌腹侧部分皮肤组织出现特化结构,且无黏液细胞分布(图1C中b部位);腹侧大部分及背侧皮肤组织均无特化结构(图1C中a部位)。胸鳍腹侧皮肤组织也出现了特化,且无黏液细胞分布(图1D中c部位);背侧皮肤无任何特化结构(图1D中a部位)。



A:前臀鲃背侧观; B:前臀鲃腹侧观; C:上颌纵切石蜡切片(AB-PAS); D:胸鳍纵切石蜡切片(AB-PAS); a:非特化皮肤组织; b:上颌中特化的皮肤组织; c:胸鳍中特化的皮肤组织。A:Dorsal view of *P. anteanalis*; B:Ventral view of *P. anteanalis*; C:Maxillary paraffin section (AB-PAS); D:Pectoral fin paraffin section (AB-PAS); a:Non-specialized skin; b:Specialized skin in the maxilla; c: Specialized skin in the pectoral fin.

图1 前臀鲃特化与非特化皮肤组织特征

Fig. 1 Specialized and non-specialized skin tissue characteristics of the *P. anteanalis*

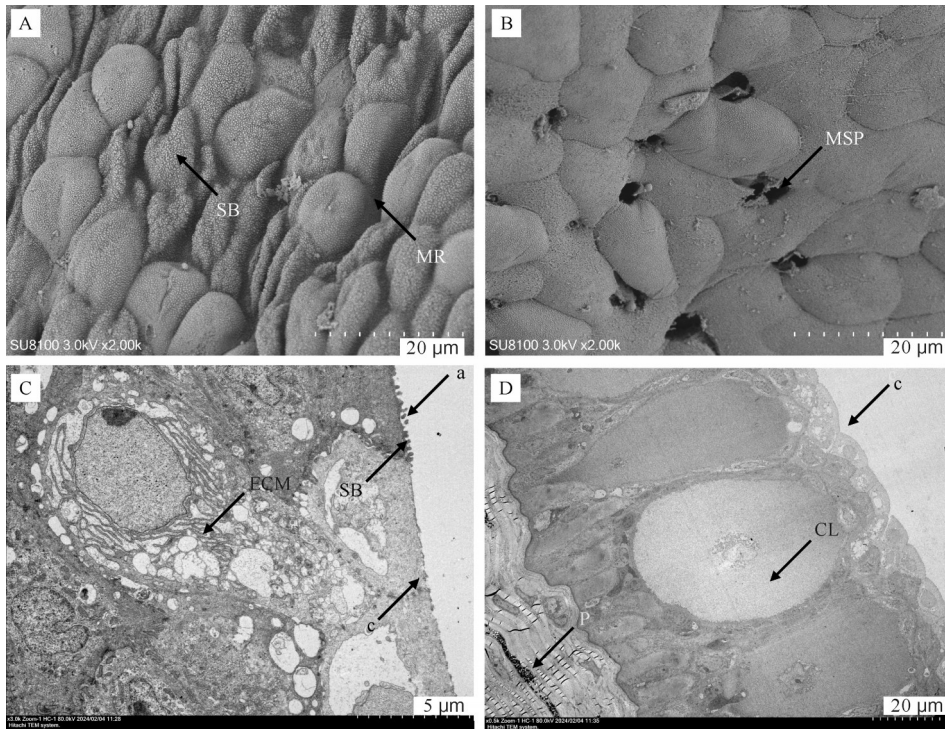
为进一步明确特化皮肤的微观结构特征,对前臀鲃胸鳍进行扫描电镜与透射电镜观察。胸鳍的扫描电镜结果显示,其皮肤组织表面分布由大量凸起构成的沟回结构,且沟回表面分布大量感觉芽,无黏液腺开口(图2A)。沟回结构有利于通过挤压体表皮肤从而形成负压的吸附结构,表面的感觉芽则有利于增大表面摩擦力;非特化的皮肤组织表面平整,无明显沟回,无大量感觉芽分布。且表面有大量黏液腺开口,有利于体表黏液的分泌(图2B)。

透射电镜结果显示,胸鳍可划分为两部分,包括a部分的特化皮肤组织与c部分的非特化皮肤组织(图2C)。a部分表皮层有大量感觉芽存在,中间层无黏液分泌相关细胞结构。c部分可见清晰的细胞外

基质结构,表皮层较为光滑,无感觉芽。非特化皮肤组织中的疏松结缔组织中可见黑色素细胞分布,中间层由大量棒状细胞组成(图2D)。综上所述,前臀鲃上颌、胸鳍中特化与非特化的皮肤组织结构差异明显。

## 2.2 转录组测序数据质控

对前臀鲃上颌(lip)、胸鳍(pectoral fin, PecFin)、鳍条(fin)、肝(liver)、肌肉(muscle)和皮肤(skin)进行转录组测序,共构建了18个样本文库,得到的Raw Data产出量为7.48~33.93 Gb。对测序数据进行质控以及过滤,Clean Data大小为6.50~33.81 Gb。Q20>98.2%、Q30>93.8%、GC含量在46.38%~47.91%,数据质量较好,可进一步分析。各样本的



A: 胸鳍中特化皮肤组织扫描电镜; B: 胸鳍中非特化皮肤组织扫描电镜; C: 胸鳍中特化皮肤组织透射电镜; D: 胸鳍中非特化皮肤组织透射电镜; CL: 棒状细胞; ECM: 细胞外基质; MR: 沟回; MSP: 黏液分泌孔; P: 黑色素细胞; SB: 感觉芽; a: 胸鳍中特化皮肤组织; c: 非特化皮肤组织。A: Specialized skin in the pectoral fin (SEM); B: Non-specialized skin in the pectoral fin (SEM); C: Specialized pectoral skin in the pectoral fin (TEM); D: Non-specialized skin in the pectoral fin (TEM); CL: Club-shaped cells; ECM: Extracellular matrix; MR: Microridges; MSP: Mucus secretion pore; P: Melanocytes; SB: Sensory buds; a: Specialized skin in the maxillary skin; c: Non-specialized skin.

图2 前臀鲃胸鳍中特化与非特化皮肤组织的超微结构特征

Fig. 2 Ultrastructure of specialized and unspecialized skin tissues in the pectoral fin of *P. anteanalis*

Clean Reads 大小在 21 738 008~113 109 118, 其中 Uniq mapped reads 大小在 54.67%~86.16%, 表明总体比对结果较好。

2.3 组织溯源

基于上述上颌和胸鳍部位的形态学和组织学观察,发现两者均存在特化区域与非特化区域,且特化区域的形态特征高度相似。为探究前臀鲃特化皮肤组织的形成来源,本研究进一步通过转录组学分析上颌及胸鳍皮肤组织中特化相关基因的表达水平,并对前臀鲃的上颌、胸鳍、鳍条、非特化皮肤、肌肉、肝、鳃等进行组织溯源分析(图3)。结果显示:含特化皮肤的上颌和胸鳍在组织溯源图中形成紧密相邻的聚类分支,其上调相关基因的绿色模块与下调相关基因的绿色模块基因表达谱相似度及同源性均显著高于其他组织。与上颌、胸鳍等包含特化皮肤组织聚类最近的是鳃,其次为鳍条,肝则与特化皮肤组织的遗传距离最远。结合组织学特征(鳃为呼吸器官,与皮肤组织功能差异显著),确定鳍条与特化皮

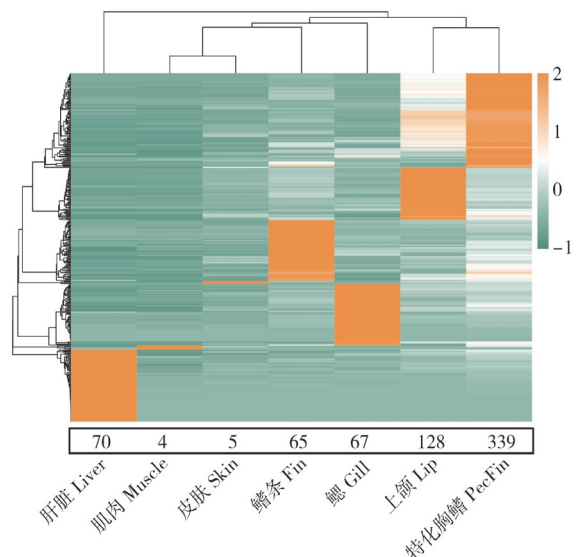


图3 基于基因表达模式的多组织相似性聚类图

Fig. 3 Multi-tissue clustering map based on gene expression pattern similarity

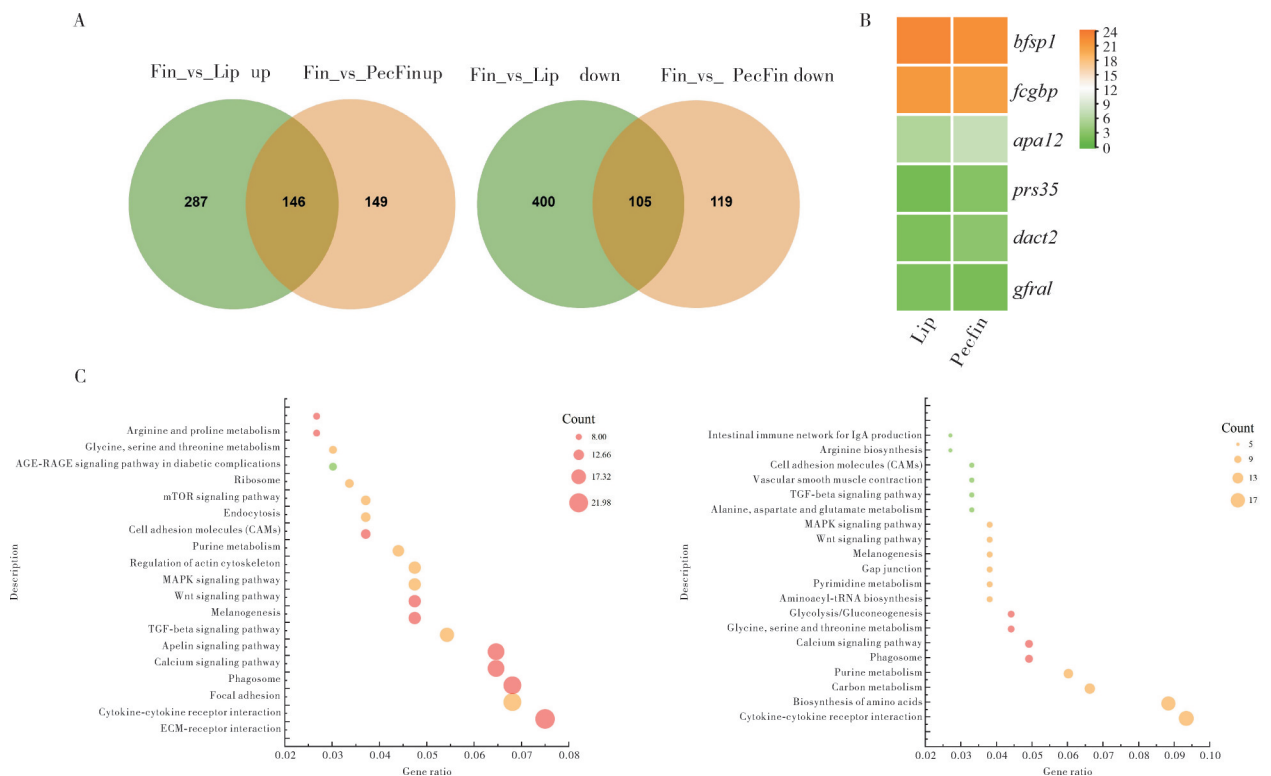
肤组织的近缘性最高,基因表达模式最为接近,同源性最高。

## 2.4 皮肤特化差异表达基因筛选与KEGG富集

为筛选调控皮肤特化基因,将上述组织溯源中包含非特化皮肤组织鳍条的DEGs与包含特化皮肤的胸鳍和上颌的DEGs进行比对并取交集,最终获得251个皮肤特化相关DEGs(图4A),其中146个基因上调表达,105个基因下调表达。对146个上调DEGs进行GO功能注释,可分为4大类:*bfsp1*(+21.97)、*fcggbp*(+20.43)、*igs10*(+5.12)等细胞结构相关基因,*apa12*(+7.14)、*prs35*(+2.52)等代谢相关基因,*dact2*(+2.97)、*gfral*(+1.76)等信号转导相关基因,*adc5*(+3.89)等免疫应答相关基因(图4B)。

KEGG通路富集分析结果显示(图4C),嘌呤代谢(ko00230)为最显著富集通路(校正后 $P$ 值为0.007),涉及5个差异表达基因,提示核苷酸代谢异常可能与表型变化相关;嘌呤代谢(ko00230)在上

调和下调通路均显著富集,但基因组成与下调组不同,显示该通路可能在表型差异中具有双向调控特征。TGF- $\beta$ 信号通路(ko04350)虽未达到严格显著性阈值(校正后 $P$ 值为0.13),但核心基因*dact2*( $\log_2FC=+2.97$ )的高表达暗示其存在潜在调控作用,可能与皮肤表型特化相关。此外,钙信号通路(ko04020)、血管平滑肌收缩(ko04270)等细胞信号传导通路亦呈现富集趋势,提示细胞内外信号整合在特化过程中的作用。基因*adc5*在多个通路中重复出现,表明该基因可能通过多途径参与表型调控。上述结果表明,能量代谢通路(糖、脂、核苷酸代谢)和细胞信号传导(钙信号、TGF- $\beta$ )可能构成核心差异调控网络,相关通路的特异性上调可能与前臀鳍组织功能适应性改变密切相关。



C图左、右侧分别为上颌与皮肤、胸鳍与皮肤组织对比中差异表达基因的富集通路。Left and right panels in figure C show enriched pathways of DEGs in maxillary vs skin and pectoral fin vs skin tissue comparisons, respectively.

图4 差异表达基因的维恩图(A)、热图(B)与KEGG富集分析(C)

Fig. 4 Venn diagram(A), heat map(B), and KEGG enrichment analysis(C) of DEGs

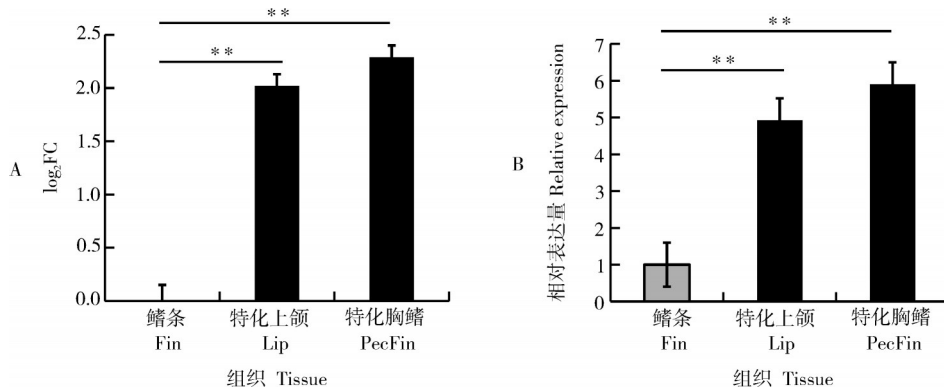
## 2.5 定量验证

为验证转录组测序数据的可靠性并明确关键基因的表达模式,本研究选取上调DEGs中的*adc5*分别在上颌、胸鳍和鳍条中进行定量表达验证。qRT-PCR检测结果显示,与不含特化皮肤组织的鳍条相

比,在含有特化皮肤组织的上颌中,*adc5*基因的相对表达量(+4.92)的变化趋势与转录组测序 $\log_2FC$ (+1.98)变化趋势相同,均为上调(图5),表明*adc5*在含有特化皮肤组织的上颌中的表达量显著高于含非特化皮肤组织的鳍条。含特化皮肤组织的胸鳍与

不含特化皮肤组织的鳍条相比, *adc5* 基因的相对表达量 (+5.9) 与转录组测序结果  $\log_2FC$  (+2.26) 变化趋势相同, 同样均为上调, 表明在胸鳍中的表达量显著高于在鳍条中的表达量。qRT-PCR 结果与转录

组测序数据的表达趋势一致, 证实 *adc5* 基因在含特化皮肤组织的上颌和胸鳍中的表达量显著高于含非特化皮肤组织的鳍条, 提示其可能作为调控因子参与前臀鳍皮肤特化表型的分子调控网络。



A: 基于转录组测序的  $\log_2$  差异倍数; B: 基于 qRT-PCR 的相对表达量。A:  $\log_2FC$  based on transcriptome sequencing; B: Relative expression based on qRT-PCR. \*\*:  $P < 0.01$ .

图5 *adc5* 基因在不同组织中的表达分析

Fig. 5 Expression analysis of *adc5* gene in different tissues

### 3 讨论

前臀鳍的上颌和胸鳍皮肤特化是其底栖生活习性的关键适应性特征。组织切片及电镜观察显示, 上述部位均存在腹侧特化区域与背侧非特化区域的显著分化。特化皮肤表皮层缺乏黏液腺开口及分泌细胞器, 代之以密集的沟回状凸起和感觉芽集群。这种形态特化可能通过 2 种机制增强吸附能力: 一是沟回结构和感觉芽增加体表与砾石基质的接触面积及摩擦系数, 提升机械附着力<sup>[3, 11]</sup>; 二是通过排空沟回间隙空气形成负压吸附, 与底质表面形成稳定贴合。非特化皮肤具有平滑表皮及丰富的黏液腺开口, 其黏液细胞、棒状细胞及细胞外基质协同分泌黏蛋白, 形成物理保护层, 可维持体表湿润、抵御病原体入侵及水流机械损伤<sup>[12-13]</sup>, 与金沙江、岷江等激流砾石环境的生存需求高度适配<sup>[14]</sup>。本研究通过石蜡切片、扫描电镜与透射电镜技术, 明确了前臀鳍上颌与胸鳍特化皮肤的结构异质性, 为解析其底栖吸附的形态学基础提供了直接证据。同时, 组织溯源分析表明, 上颌与胸鳍的特化皮肤在组织层级聚类中彼此最为接近, 且与不含特化皮肤组织的鳍条样本遗传距离最近, 提示二者在相似组织背景上发生了趋同的皮肤特化分化。

转录组差异表达基因分析显示, 含特化皮肤组织的上颌和胸鳍显著富集嘌呤代谢 (ko00230) 和 TGF- $\beta$  信号通路 (ko04350), 提示皮肤特化不仅需要能量供应保障, 而且需要结构分化驱动。一方面, 嘌

呤代谢通路的激活可为细胞增殖和结构修复提供充足 ATP<sup>[15]</sup>, 满足特化表皮快速分化的能量需求。另一方面, TGF- $\beta$  通路可能通过调控胶原蛋白合成及上皮-间质转化 (EMT), 促进沟回状表皮结构的形成<sup>[6]</sup>。其中, *dact2* 基因的上调可能通过抑制 Wnt/ $\beta$ -catenin 通路, 平衡细胞增殖与分化的动态过程<sup>[17-18]</sup>。此外, 翻译后修饰 (如磷酸化、乳酸化等) 可能参与特化基因的表达调控。例如, 乳酸化修饰可增强蛋白质稳定性并调控心肌保护机制<sup>[19]</sup>, 提示前臀鳍特化皮肤组织可能通过代谢产物 (如乳酸) 介导类似调控, 协同驱动表皮结构特化。

特化皮肤组织中上调基因显著富集于黏蛋白生物合成 (ko00512) 及钙信号通路 (ko04020)。其中, 黏蛋白型 O-聚糖可能参与表皮黏液分泌, 形成物理屏障以抵御水流冲击或病原体入侵<sup>[19-20]</sup>, 而钙信号通路的上调则通过调控细胞骨架重塑促进机械应力响应<sup>[15]</sup>。免疫相关基因 *adc5* 的显著上调, 揭示其在免疫防御与氧化应激调控中的双重作用。*adc5* 可通过激活肽酶抑制剂活性通路 (GO:0030414), 抑制病原体蛋白酶对表皮屏障的降解, 从而在口腔摄食行为导致病原暴露风险升高的生态场景中, 维持体表微环境稳态<sup>[21]</sup>。此外, *adc5* 介导的铁死亡通路 (ko04216) 上调可通过抗氧化机制减少特化组织的氧化损伤, 与高原激流环境的适应性特征一致。qRT-PCR 结果证明 *adc5* 在胸鳍的上调趋势与转录组一致; 其介导的离子通道-细胞骨架耦联可优化感觉芽的力学感知功能, 从而在激流砾石基质上实现

稳固贴附与快速感应<sup>[3]</sup>。综上所述,前臀鲢在复杂底质环境中,通过强化抗菌功能与增强氧化应激保护,形成了一套有效的防御策略。

本研究聚焦前臀鲢适应高原溪流环境的皮肤特化结构,通过组织结构观察与比较转录组分析,挖掘调控皮肤结构特化的关键基因,阐明其特化表型的分子基础。针对当前种群衰退的核心问题(栖息地破坏与人工繁殖技术瓶颈),研究不仅从基因表达模式与组织功能分化关联层面阐释了高原鱼类的适应性演化,还通过鉴定皮肤特化调控通路,为长江上游水域生态修复及濒危物种适应性演化机制提供了新的科学依据。

### 参考文献References

- [1] 张志明,梁灼汉,杨洋,等.国家重点保护淡水鱼类特点及其保护建议[J].人民长江,2023,54(4):68-75. ZHANG Z M, LIANG W H, YANG Y, et al. Characteristics of freshwater fishes in lists of wild animals under special state protection in China (WASPC) and suggestions for their protection [J]. Yangtze river, 2023, 54 (4) : 68-75 (in Chinese with English abstract).
- [2] 黄寄夔,杜军,王春,等.黄石爬鲢属鱼类的繁殖生物学初步研究[J].西昌学院学报(自然科学版),2003,17(3):1-2. HUANG J K, DU J, WANG C, et al. Preliminary study on reproductive biology of *Euchiloglanis regan* [J]. Journal of Xichang University (natural science edition), 2003, 17(3):1-2 (in Chinese with English abstract).
- [3] 唐文家,李柯懋,陈燕琴,等.黄石爬鲢生物学特性及保护建议[J].河北渔业,2011(6):19-21. TANG W J, LI K M, CHEN Y Q, et al. *Euchiloglanis kishinouyei* Kimura in Make River: biological characteristics and protection suggestions [J]. Hebei fisheries, 2011(6):19-21 (in Chinese).
- [4] YANG H, WU X X, LI X, et al. A commensal protozoan attenuates *Clostridioides difficile* pathogenesis in mice via arginine-ornithine metabolism and host intestinal immune response [J/OL]. Nature communications, 2024, 15: 2842 [2025-05-30]. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-47075-0>.
- [5] TANG J F, XIA J F, GAO H L, et al. IL33-induced neutrophil extracellular traps (NETs) mediate a positive feedback loop for synovial inflammation and NET amplification in rheumatoid arthritis [J]. Experimental & molecular medicine, 2024, 56(12):2602-2616.
- [6] LIN Y Q, LI C J, CHEN Y Z, et al. RNA-Targeting CRISPR/CasRx system relieves disease symptoms in Huntington's disease models [J/OL]. Molecular neurodegeneration, 2025, 20(1):4 [2025-05-30]. <https://doi.org/10.1186/s13024-024-00794-w>.
- [7] WANG Y, ZHANG C Z, WANG N N, et al. Genetic basis of ruminant headgear and rapid antler regeneration [J/OL]. Science, 2019, 364 (6446) : eaav6335 [2025-05-30]. <https://doi.org/10.1126/science.aav6335>.
- [8] LOU F Z, SUN Y, XU Z Y, et al. Excessive polyamine generation in keratinocytes promotes self-RNA sensing by dendritic cells in psoriasis [J]. Immunity, 2020, 53(1):204-216.
- [9] 张惠娟. 黑斑原鲢肝脏的发生及相关生物学适应性研究[D]. 武汉:华中农业大学,2011. ZHANG H J. Study on liver morphogenesis of *Glyptosternum maculatum* and biological adaptation [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2011 (in Chinese with English abstract).
- [10] BUSTIN S A, BENES V, GARSON J A, et al. The MIQE guidelines: minimum information for publication of quantitative real-time PCR experiments [J]. Clinical chemistry, 2009, 55(4):611-622.
- [11] 王永明,申绍祎,史晋绒,等.黄石爬鲢消化系统组织学观察[J].重庆师范大学学报(自然科学版),2015,32(6):42-45. WANG Y M, SHEN S Y, SHI J R, et al. Histological observation of the digestive system of *Euchiloglanis kishinouyei* [J]. Journal of Chongqing Normal University (natural science edition), 2015, 32(6):42-45 (in Chinese with English abstract).
- [12] 杨泓,李冬梅,赵柳兰,等.似鲃高原鳅皮肤与鳍的组织学观察[J].动物学杂志,2017,52(5):842-849. YANG S, LI D M, ZHAO L L, et al. Histology of skin and fins in catfish-like loach (*Triplophysa siluroides*) [J]. Chinese journal of zoology 2017, 52(5):842-849 (in Chinese with English abstract).
- [13] ZHONG C C, LI W L, ZHANG X Y, et al. A cell wall-associated kinase phosphorylates NLR immune receptor to negatively regulate resistosome formation [J]. Nature plants, 2025, 11(3):561-579.
- [14] 周建设,李宝海,潘瑛子等.黑斑原鲢的人工繁殖技术研究[J].中国水产,2015(10):81-83. ZHOU J S, LI B H, PAN Y Z, et al. Study on artificial reproduction technology of *Glyptosternum maculatum* [J]. China fisheries, 2015(10):81-83 (in Chinese).
- [15] JIA X Q, XU Z, XU L, et al. Identification of new salicylic acid signaling regulators for root development and microbiota composition in plants [J]. Journal of integrative plant biology, 2025, 67(2):345-354.
- [16] LARSON C, ORONSKY B, CARTER C A, et al. TGF-beta: a master immune regulator [J]. Expert opinion on therapeutic targets, 2020, 24(5):427-438.
- [17] MORIKAWA M, DERYNCK R, MIYAZONO K. TGF- $\beta$  and the TGF- $\beta$  family: context-dependent roles in cell and tissue physiology [J/OL]. Cold spring harbor perspectives in biology, 2016, 8(5):a021873 [2025-05-30]. <https://doi.org/10.1101/cshperspect.a021873>.
- [18] WANG L, LI D D, YAO F, et al. Serpina3k lactylation protects from cardiac ischemia reperfusion injury [J/OL]. Nature communications, 2025, 16: 1012 [2025-05-30]. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-55589-w>.

- [19] 崔德民. 鱼类常见的摄食方式[J]. 垂钓, 2007, 7(6): 1. CUI D M. Common feeding habits of fish[J]. Fishing, 2007, 7(6): 1 (in Chinese).
- [20] 王芳, 孔锦, 丁振, 等. 非小细胞肺癌组织中 *SORBS1* 的临床意义及基因富集分析[J]. 临床肿瘤学杂志, 2022, 27(8): 714-720. WANG F, KONG J, DING Z, et al. Clinical significance and gene enrichment analysis of *SORBS1* in non-small cell lung cancer tissues[J]. Chinese clinical oncology, 2022, 27(8): 714-720 (in Chinese with English abstract).
- [21] ZHANG S L, ZHANG Y Q, KONG W X, et al. Discovery, engineering, and applications of the ketoreductases from *Metabacillus lacus* in the synthesis of chiral (Hetero) aryl alcohols[J/OL]. Chemical engineering journal, 2025, 511: 161964 [2025-05-30]. <https://doi.org/10.1016/j.cej.2025.161964>.

## Structural characteristics and gene expression regulation of skin specialization in *Pareuchiloglanis anteanalis*

WANG Cong<sup>1</sup>, LI Shunyao<sup>1</sup>, XIONG Xuemei<sup>1</sup>, YANG Ruibin<sup>1</sup>,  
GAO Zexia<sup>1,2</sup>, XIONG Hao<sup>3</sup>, ZHAO Heng<sup>3</sup>, WAN Shiming<sup>1,2</sup>

1. College of Fisheries, Huazhong Agricultural University/Key Lab of Freshwater Animal Breeding, Ministry of Agriculture and Rural Affairs/Engineering Research Center of Green Development for Conventional Aquatic Biological Industry in the Yangtze River Economic Belt, Ministry of Education, Wuhan 430070, China;  
2. Hubei Hongshan Laboratory, Wuhan 430070, China;  
3. Yebatan Branch of Huadian Jinshajiang Upstream Hydropower Development Co., Ltd., Ganzi 627153, China

**Abstract** *Pareuchiloglanis anteanalis* is an endangered endemic species native to the upper Yangtze River. To adapt to fast-flowing highland river environment, the skin structures in its upper jaw and fin-ray regions have undergone specialization, providing strong adhesive capabilities. To elucidate the regulatory basis of this specialization, we examined the histological features of the specialized skin, performed comparative transcriptomic analyses between specialized skin (from the upper jaw and pectoral fin) and non-specialized skin (from the fin-ray region), screened and identified genes associated with skin specialization. The results showed that the specialized epidermis of the upper jaw and pectoral fin develops dense ridges, grooves and sensory bud structures, which enhance adhesion. Tissue-origin mapping showed that these specialized tissues formed adjacent clusters with highly similar gene expression profiles and strong homology. Compared to the non-specialized skin from the fin-ray region, the upper jaw and pectoral fin shared 251 differentially expressed genes (DEGs), including 146 upregulated and 105 downregulated genes. KEGG enrichment analysis indicated that the significantly enriched pathways were primarily purine metabolism (ko00230), TGF- $\beta$  signaling pathway (ko04350), and calcium signaling pathway (ko04020). qRT-PCR validation confirmed that *adcy5* was significantly upregulated in the specialized skin ( $P < 0.05$ ). In summary, *P. anteanalis* develops dense epidermal ridge-groove structures and sensory buds in the upper jaw and pectoral fin to enhance adhesion, adapting to the fast-flowing highland river environment. This skin specialization process is primarily driven by key pathways such as cell projection assembly and collagen metabolism, and the significant upregulation of *adcy5* suggests its potential regulatory role in skin specialization.

**Keywords** *Pareuchiloglanis anteanalis*; skin specialization; histological features; gene expression

(责任编辑:边书京)