

中国大鲵研究概况

王文博 刘品 窦玲玲 王平 宁越 惠瑞敏 冯亚龙 李爱华 张义兵

A SURVEY OF CHINESE GIANT SALAMANDER (*ANDRIAS DAVIDIANUS*)

WANG Wen-Bo, LIU Pin, DOU Ling-Ling, WANG Ping, NING Yue, XI Rui-Min, FENG Ya-Long, LI Ai-Hua, ZHANG Yi-Bing

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.7541/2021.2020.184>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

大鲵短型肽聚糖识别蛋白PGRP-S的克隆及其功能研究

CLONING AND FUNCTIONAL STUDY OF PGRP-S IN CHINESE GIANT SALAMANDER *ANDRIAS DAVIDIANUS*

水生生物学报. 2018, 42(3): 473–479 <https://doi.org/10.7541/2018.059>

中国大陆尼罗罗非鱼引进群体间遗传关系分析

ANALYSIS OF GENETIC RELATIONSHIP AMONG THE INTRODUCED POPULATIONS OF NILE TILAPIA (*OREOCHROMIS NILOTICUS*) IN CHINESE MAINLAND

水生生物学报. 2017, 41(1): 65–78 <https://doi.org/10.7541/2017.9>

中华鲟的性腺发育与退化问题研究

DISCUSSION ON THE GONADAL DEVELOPMENT AND DEGENERATION OF CHINESE STURGEON, *ACIPENSER SINENSIS*

水生生物学报. 2020, 44(6): 1369–1378 <https://doi.org/10.7541/2020.157>

水生所与三峡和葛洲坝水利工程中的鱼类保护

CONTRIBUTIONS OF THE INSTITUTE OF HYDROBIOLOGY, CHINESE ACADEMY OF SCIENCES TO FISH PROTECTION IN THE CONSTRUCTION OF THREE GORGES DAM AND GEZHOUBA DAM

水生生物学报. 2020, 44(5): 1040–1044 <https://doi.org/10.7541/2020.120>

近十年来赤水河不同江段鱼类群落年际变化特征

INTERANNUAL VARIATIONS OF FISH ASSEMBLAGE IN THE CHISHUI RIVER OVER THE LAST DECADE

水生生物学报. 2020, 44(1): 122–132 <https://doi.org/10.7541/2020.015>

水电开发背景下长江上游流域鱼类保护现状与规划

CURRENT STATUS AND CONSERVATION PLANNING OF FISH BIODIVERSITY IN THE UPPER YANGTZE RIVER BASIN IN THE CONTEXT OF HYDROPOWER DEVELOPMENT

水生生物学报. 2019, 43(S1): 130–143 <https://doi.org/10.7541/2019.176>



关注微信公众号，获得更多资讯信息

中国大鲵研究概况

王文博^{1,2,3} 刘品¹ 窦玲玲¹ 王平¹ 宁越¹ 惠瑞敏¹ 冯亚龙¹
李爱华^{2,3*} 张义兵^{2,3*}

(1. 咸阳师范学院生命科学系, 咸阳 712000; 2. 中国科学院水生生物研究所农业农村部淡水养殖病害防治重点实验室, 武汉 430072; 3. 中国科学院水生生物研究所淡水生态与生物技术国家重点实验室, 武汉 430072)

摘要: 中国大鲵(*Andrias davidianus*)为我国特有物种,也是国家二类保护水生野生动物。野生大鲵多栖息在山区溪流里,喜穴居,怕光怕声,以鱼蟹等水生动物为食,从数量上看,以陕西秦岭山区居多。大鲵经济价值极高,在美食、保健、医药、观赏等方面均具有广泛开发利用的前景,因而颇受社会各界关注。近年来对大鲵的科学研究涉及多个方面,包括疾病方面,如病毒性疾病、细菌性疾病、真菌性疾病、寄生虫性疾病等;生理与发育方面,如生长、发育、应激反应等;遗传与进化方面;保护与开发方面,如开发药品、食品、保健品等。综上,围绕大鲵从不同角度所展开的研究非常丰富。大鲵基因水平的研究仍是未来研究的热点和趋势,其成果将为日后更深层的探究奠定基础。

关键词: 中国大鲵; 疾病; 遗传; 保护; 开发

中图分类号: Q959.4

文献标识码: A

文章编号: 1000-3207(2021)02-0464-09



中国大鲵(*Andrias davidianus*),在分类学上隶属于两栖纲Amphibia,有尾目Caudata,隐鳃鲵科Cryptobranchidae,大鲵属*Andrias*,为我国特有物种,俗称娃娃鱼、人鱼、孩儿鱼、狗鱼、脚鱼,是国家二类保护水生野生动物,也是农业产业化和特色农业重点开发品种^[1,2]。大鲵主要分布在黄河流域、长江流域及珠江水系,其中陕西秦岭地区是中国大鲵的最大产地,2010年6月,农业部授予陕西省汉中市“中国大鲵之乡”称号^[1]。大鲵经济价值极高,在美食、保健、医药和观赏等方面均具有广泛开发利用的前景,因而颇受社会各界关注。近年来对大鲵的科学研究涉及多个方面,包括病症、病原、免疫应答、生理、应激反应、组织发育、遗传与进

化、保护与开发等,本文对此进行综述。

1 大鲵疾病

1.1 病症

按感染病原来分,可将大鲵病害分为病毒性疾病、细菌性疾病、真菌性疾病、寄生虫性疾病。常见的病毒性疾病如由大鲵蛙病毒(*A. davidianus* ranavirus, ADRV)引起的系统性出血病,能导致大鲵高死亡率^[3]。细菌性疾病有疔疮病、赤皮病、打印病等。疔疮病病原为点状产气单胞杆菌(*Aeromonas punctata* f. *furunculus*),可引起大鲵背部及肌肉发炎,严重时肌肉组织出血,继而坏死、溃疡^[4];赤皮病病原为荧光假单胞菌(*Pseudomonas*

收稿日期: 2020-08-14; 修订日期: 2020-11-24

基金项目: 国家自然科学基金(31872175); 陕西省重点研发计划(2019NY-103); 农业部淡水养殖病害防治重点实验室开放基金; 淡水生态与生物技术国家重点实验室开放课题(2013FB21); 陕西省高层次人才特殊支持计划区域发展人才项目; 陕西省青年百人计划项目(第七批); 咸阳师范学院中青年拔尖人才项目(XSYBJ201802)资助 [Supported by the National Natural Science Foundation of China (31872175); Key Research and Development Program of Shaanxi Province (2019NY-103); Open Fund of the Key Laboratory of Aquaculture Disease Control, Ministry of Agriculture, P. R. China; National Overseas Study Fund; Open Fund of the State Key Laboratory of Freshwater Ecology and Biotechnology (2013FB21); Regional Development Talent Project of the Special Support Plan for High-level Talents of Shaanxi Province; Project of the Hundred Young People of Shaanxi Province (7th batch); Young and Middle-aged Top Talents Project of Xianyang Normal University (XSYBJ201802)]

作者简介: 王文博(1976—),男,博士,教授,主要从事水生生物学研究。E-mail: wenbowang@163.com

通信作者: 李爱华(1963—),博士,研究员;主要从事健康养殖学研究。E-mail: liaihua@ihb.ac.cn; 张义兵(1969—),博士,研究员;主要从事鱼类免疫学研究。E-mail: ybzhang@ihb.ac.cn *共同通信作者

fluorescens)^[4],可引起大鲵全身肿胀,充血发炎和化脓性溃疡;打印病原体为点状产气单胞菌点状亚种(*A. punctata* sub. *punctata*)^[4],病灶主要在大鲵躯干部和腹部,也有全身出现病灶的情况。真菌性疾病主要是水霉病,病原为水霉(*Saprolegnia* sp.)和绵霉(*Achlya* sp.)^[4],在大鲵头、躯干、尾部寄生有水霉,早期为小白点,随后可见到棉絮状菌丝,造成大鲵游动迟缓。寄生虫性疾病主要有艾美虫病、车轮虫病和复口吸虫病等。艾美虫病病原为艾美虫(*Eimeria* sp.)^[4],可引起大鲵腹部胀大,肠穿孔,肠道化脓,食欲下降;车轮虫病病原为车轮虫(*Trichodina* sp.)^[4],主要寄生在大鲵鳃部及皮肤上,造成其身体消瘦,游动缓慢,体表充血,严重时死亡;复口吸虫病又称“白内障”、“瞎眼病”,病原为湖北复口吸虫(*Diplostomulum hupehensis*)和倪氏复口吸虫(*D. neidashui*)^[4],可使大鲵发育过程中水晶体混浊变白,出现白内障和瞎眼的症状,身体失去平衡,出现抖动、盘曲,最后死亡。一般来说,不同的病原可引发不同的症状,从症状上可对病原做出基本判断,但有时不同的病原也可引发相同或相似的症状,如有些病毒和细菌都能引起大鲵肌肉或组织出血,这就要进一步运用病理学、分子生物学等技术手段做诊断。

1.2 病原

首先是病毒性病原,常见的有两类,即大鲵蛙病毒(*A. davidianus* ranavirus)和大鲵虹彩病毒(*A. davidianus* iridovirus),报道较多^[5-10]。Yu和Zhang^[6]以中国大鲵胸腺细胞为材料,研究了蛙病毒核心基因13R的功能,结果表明其编码一种含有跨膜结构域和限制性内切酶结构域的蛋白质,但其功能还不清楚。Fan等^[7]对感染蛙病毒的中国大鲵进行了转录组学分析,为研究中国大鲵免疫基因的分子功能提供了重要信息。然而,像自然界其他病毒一样,大鲵病毒有时也会发生变异,为疾病的预防加大了难度。Meng等^[8]从病死的大鲵体内分离到一种新型变异病毒,其结构不同于以往报道的病毒,这一方面为研究病毒株的遗传变异和种群动态提供了素材,另一方面也对新型疾病的治疗提出了考验。除了体内实验,还有学者从体外实验去研究病毒的感染性。Yuan等^[10]从中国大鲵中培育了3个细胞系,即胸腺细胞系(GSTC)、脾细胞系(GSSC)和肾细胞系(GSKC),并对它们对野生型和重组型病毒的敏感性进行了研究,结果表明野生型和重组型病毒均能在细胞系中复制,这为阐明病毒的感染机制及宿主-病原体相互作用机制做了铺垫。其次是细菌性病原,种类较病毒更为多样,也更为常见。于

喆等^[11]对患病大鲵的不同部位进行病原分离、培养和纯化,最终得到12株细菌,经鉴定,这些菌中的布拉克柠檬酸杆菌(*Citrobacter braakii*)、嗜水气单胞菌(*A. hydrophila*)和洛菲不动杆菌(*Acinetobacter lwoffii*)是主要的致病菌。同样的,高正勇等^[12]也从病鲵中分离到了弗氏柠檬酸杆菌(*C. freundii*),并确定了其致病性。在检测方法方面,凌空等^[13]使用四重PCR法,不但能鉴定病鲵的致病菌,还能区分出强致病菌株、弱致病菌株和非致病菌株。Wu等^[14]通过高通量测序对大鲵的肠道和肺部原核生物群落进行了揭示和比较,为进一步了解大鲵体内微生物种群及其在传染病中的作用提供了支持。最后是寄生虫性病原,这方面报道不多。Li等^[15]从野生中国大鲵粪便中首次分离到两种纤毛虫(*Balantidium sinensis* Nie 1935 和 *B. andianusis* n. sp.),并对其进行了形态学和分子生物学鉴定。

1.3 免疫应答

免疫反应有特异性和非特异性之分,后者在抵御病原入侵方面发挥第一道防线的作用,因此大鲵免疫应答方面的研究多来自非特异性免疫,而非特异性免疫的效应物有很多类,包括肽聚糖、蛋白酶、溶菌酶、凝集素、干扰素等,下面分别讨论。首先是肽聚糖识别蛋白PGRP(Peptidoglycan recognition protein),它能识别肽聚糖,在不同动物的先天免疫中发挥着重要作用。Yang等^[16]从大鲵体内鉴定出一种短型PGRP,即AdPGRP-sc2,其基因编码190个氨基酸,PCR分析显示AdPGRP-sc2的mRNA在不同组织中均有表达,AdPGRP-sc2可以作为模式识别受体(PRR)来识别入侵微生物,起到非特异性抗菌作用。其次是蛋白酶。Wang等^[17]研究表明,大鲵组织蛋白酶C(Cathepsin C, CTSC)全长cDNA含有463个氨基酸,大鲵CTSCmRNA在所有受检组织中均有组成性表达,表达水平差异显著,在肠中的表达最高,其次是胃、脾、肺和脑,在嗜水气单胞菌感染12h后,大鲵肺、脾、脑、肾、心脏、胃和皮肤等组织的CTSC均显著上调,表明其参与了免疫应答。再次是溶菌酶,体内非常重要的一类非特异性免疫因子,可以破坏细菌的细胞壁而使其致死,在保护机体方面发挥着显著作用。大鲵对入侵病原菌产生免疫应答的标志之一就是体内溶菌酶水平升高。Yang等^[18]鉴定出一种大鲵c型和g型溶菌酶,与其他物种的溶菌酶具有高度保守的结构特征,当嗜水气单胞菌感染大鲵肝脏和脾脏后,c型和g型溶菌酶的转录水平都迅速上调,表明它们在第一时间参与了免疫应答。还有一类被称为半乳糖凝集素(Galectins)的效应物,是一种多功能蛋

白,在细胞黏附与凋亡、炎症、肿瘤发生和免疫应答等方面发挥着重要作用。Yang等^[19]对中国大鲵体内一种Galectin(AdGal1)进行了鉴定,并对其在免疫应答中的作用进行了研究,证实AdGal1是一个重要的模式识别受体,可以识别大鲵先天免疫系统中的不同微生物,包括对两栖动物种群最具破坏性的病原体——嗜水气单胞菌(*A. hydrophila*)^[20]。最后是I型干扰素,主要针对病毒,在大鲵抗病毒感染的第一道防线中起着重要作用^[21]。以上的报道都是由病原活体介导的免疫应答,其实灭活的病原体一样可以激活大鲵免疫应答。Liu等^[22]报道大鲵体内导入 β -丙内酯灭活的虹彩病毒后,分别检测红、白细胞计数及分类、吞噬活性、中和抗体滴定、免疫相关基因表达及相对存活率等指标,结果表明灭活的虹彩病毒一样能诱导大鲵产生显著的非特异性和特异性免疫应答。

2 大鲵生理与发育

2.1 大鲵生理

中国大鲵具有长寿、耐寒和皮肤呼吸的特性,因此被认为是研究局部适应进化的理想模型,近年来围绕大鲵生理开展了很多工作,如生长、耐受性、性别决定、发育、免疫应答、放电、繁殖、抗性等,有些研究阐明了大鲵生理的发生机制,有些内在机理还不清楚,有待进一步深入研究。Geng等^[23]比较了特定基因在大鲵皮肤组织不同部位的表达情况,为研究大鲵长寿和饥饿耐受等生理特性提供了新的视角,也为进一步研究两栖动物生理适应性的分子机制提供了依据。Hu等^[24,25]使用限制性位点相关测序方法鉴定了大鲵性别特异性遗传标记,这是第一次对大鲵性别特异性标记的报道,对阐明大鲵性别决定机制、提高育种技术和性别控制具有重要意义。另外,大鲵miRNAs具有广泛的生理调控功能,包括新陈代谢、生长、发育和免疫反应^[26,27]。大鲵还有一些奇特的生理现象,如偶有类似于弱电鲶(*Polypterus*和*Protopterus*)的放电现象^[28],但其机理尚不清楚。众所周知,卵黄生成素(Vitellogenin, VTG)是卵黄蛋白的主要前体,能将多种成分转运到卵母细胞中,被认为是卵黄动物繁殖的潜在标志。Tian等^[29]克隆了大鲵一个全长VTG cDNA,并对其进行了鉴定,这有助于阐明VTG在脊椎动物中的演变过程。由于大鲵可以靠体表呼吸,因此大鲵皮肤也常常是研究生理功能的好材料。杨慧等^[30]通过酶法和碱溶酸沉法提取了大鲵的皮肤黑色素,探讨了其成分及抗氧化活性,结果显示,大鲵皮肤黑色素由真黑色素与脱黑色素

两种色素组成,其对超氧阴离子自由基清除率是30.51%,对羟基自由基清除率是54.17%,表明大鲵皮肤黑色素具备一定的体外抗氧化能力。此外,郭永灿等^[31]对大鲵的生殖生理方面做过专门的综述,包括大鲵生殖系统、大鲵的性成熟、大鲵的雌雄鉴别、性腺的结构与分期、大鲵输卵管、输精管的组织结构及其发育变化、大鲵精子存活情况与受精过程、脑垂体的结构、大鲵生殖期间的生化变化等,为深入研究大鲵生殖生理提供了基础。

2.2 应激反应

当机体受到环境因子刺激,会产生应激反应(Stress response),伴随一系列生理变化,大鲵这方面研究相对较少。Wang等^[32]将大鲵暴露于30℃的高温环境中不同时间(0、3h、6h、12h、24h、48h和72h),观察了热胁迫对大鲵肝脏丙二醛(MDA)浓度、乳酸脱氢酶(LDH)、过氧化氢酶(CAT)、谷胱甘肽过氧化物酶(GPx)和超氧化物歧化酶(SOD)活性、肝脏组织学变化的影响,结果表明,热胁迫不但可引起大鲵细胞损伤和氧化损伤,还可引起大鲵肝细胞异常、脂肪堆积和肝细胞、内质网和细胞核的超微结构改变。另外,钱璟等^[33]研究表明,大鲵幼体受铜离子胁迫后,幼体出现行为异常,并且体表大量分泌黏液,膀胱膨大,肝脏和胰脏受损,表现出一定的毒性效应。鱼类的应激反应研究较多,一般认为,环境胁迫和鱼体神经内分泌有着广泛联系,而丘脑下部-垂体-肾间组织轴(Hypothalamus-Pituitary-Interrenal, HPI)在这种联系中占有主导地位。鱼体的应激反应首先是其下丘脑产生皮质固醇释放因子(Corticotropin releasing factor, CRF),传给脑垂体,脑垂体受CRF刺激,分泌促肾上腺皮质激素(Adrenocorticotrophic hormone, ACTH),再传递给肾间组织,最后肾间组织产生皮质醇为主的皮质类固醇,释放到血液中去,从而产生生理效应^[34]。大鲵应激反应是否也存在类似的传导途径,目前还未见报道,有待探索。

2.3 组织发育

Rag1和Rag2是未成熟淋巴细胞抗原受体重组所需的两个紧密相连的基因,其表达可作为识别淋巴细胞组织的标志^[35]。Jiang等^[35]为研究大鲵淋巴组织的发育,克隆并鉴定了大鲵Rag1和Rag2的编码序列,实验表明,Rag1和Rag2在14个月龄以前的胸腺中都有较高的转录水平,而脾、肝和肾在发育的各个阶段都较低。同时,在大鲵幼年和成年的胸腺、脾、肝和肾中都检测到了Rag1、Rag2、Tcr β 和IgY的显著转录信号,表明大鲵的多个组织中存在淋巴细胞系细胞,这意味着淋巴生成可能发生在

这些组织中^[35]。另外, 胸腺的组织形态学表明, 随着大鲵胸腺细胞从幼年到成年, 分枝状胸腺原基发育为成熟器官。这些结果不仅证实了胸腺和脾是原始的淋巴细胞生成器官, 而且提示肝脏和肾是大鲵淋巴细胞的分化场所^[35]。

3 大鲵遗传与进化

3.1 大鲵遗传

大鲵遗传学是近些年研究的热门之一, 对野生大鲵的保护工作具有指导意义。大鲵遗传学常用到的研究方法有微卫星标记法、同工酶法和线粒体测序法。Meng等^[36]对野生和养殖大鲵群体的11个微卫星多态位点进行了鉴定, 结果表明, 野生群体中的等位基因比养殖群体多, 2个群体的杂合度均大于0.553。这说明养殖群体的遗传多样性低于野生群体, 可能是由于人工育种中的近亲繁殖所致。此外, 同工酶和线粒体基因测序也是分析种群遗传的重要手段。Murphy等^[37]利用同工酶电泳和线粒体DNA(mtDNA)序列分析了大鲵6个种群间的遗传差异, 对所有种群的40个同工酶基因座进行了解析, 群体间的遗传分化程度与其他两栖动物相当, mtDNA序列显示黄山种群与其他种群有明显的差异, 表明黄山种群存在着局部分化。同样, Matsui等^[38]利用线粒体基因研究了日本大鲵(*A. japonicus*)和中国大鲵(*A. davidianus*)27个群体46个样本的种群遗传关系。结果显示, 中国大鲵的遗传分化程度较大, 而日本大鲵的非常小。究其原因, 主要是由于中国大鲵存在人工迁徙, 基因扰动大, 而日本大鲵生活的水域环境较为稳定, 种群遗传波动较小。近年, 也有学者从种群遗传学角度探索野生中国大鲵的种群数量, 如Langin^[39]分析了70只野生大鲵和1034只养殖场饲养的大鲵的DNA, 结果发现, 野生个体可以分为5个截然不同的基因群, 它们在500万到1000万年前彼此分离, 所有这些种群在野外都处于极度濒危状态。Yan等^[40]的研究也支持了以上结果, 其认为中国大鲵至少由5个种群组成, 多则8个, 物种分化时间约为几百万年以前, 而养殖大鲵中约有78%属于“陕西种”。那么, 这些野生种群是如何形成的, 它们的遗传结构和地理分区有无关系? 大鲵主要分布在长江流域、黄河流域和珠江流域, 这3个区域的野生大鲵是否来源于同一祖先? 它们之间的遗传距离是多少? 地理区域内和区域间的遗传变异率是多少? Tao等^[41]对这些问题进行了研究, 其结论表明遗传变异是由地理分区造成的, 并且主要发生在一定的地理区域内。总的来说, 大鲵种群遗传学的研究成果为明晰野生大鲵的

遗传背景, 开展种质资源的针对性保护工作提供了十分有益的借鉴。

3.2 大鲵进化

在恐龙出现之前, 地球上最高级的掠食者之一是生活在泛大陆热带地区的蝾螈状两栖动物, 体长2 m左右, 比人还大, 但是其四肢细长, 不足以长时间支撑它们的躯体, 因此大部分时间都待在水里, 以鱼为食, 它们就是大鲵的远祖^[42]。随着地壳运动, 沧海变桑田, 古生物的生活环境发生了巨大变化, 经过亿万年的演化, 它们在体型上逐渐变小, 并且由于长期处于干涸环境而对陆地生活有了一定适应能力, 终于进化为现在的大鲵物种。基于大鲵进化过程的特殊性, 常被用作物种进化研究的材料, 研究方法主要有形态学和分子生物学。从形态学上来看, 大鲵具有头部、躯干部、尾部及附肢, 可以在水中生活也可以在陆地生活, 是从水生脊椎动物向陆生脊椎动物过渡的中间类群, 属于两栖类动物。但是在过去, 大鲵属于两栖类哪个科, 具体的进化分类地位还存在着小的分歧。基于传统形态学的研究, 有人认为大鲵属于隐鳃鲵科(Cryptobranchidae)里最原始的一支^[43], 但也有人认为大鲵与小鲵科和蝾螈科亲缘关系较远, 从进化过程来看, 有可能是独立分化的一支^[44], 应该归为无肺螈科(Plethodontidae)或钝口螈科(Ambystomatidae)^[45], 目前学界主流认为大鲵属于隐鳃鲵科(Cryptobranchidae)^[1,2]。随着现代分子生物学技术的运用, 极大丰富了大鲵系统进化的研究, 人们对大鲵基因组进行了测序, 并与另外的脊椎动物基因组比对, 分析其系统进化关系, 这方面报道较多。Wang等^[46]对大鲵的16个微卫星位点进行了分离与鉴定, 为大鲵基因组学研究奠定了基础。Huang等^[47]利用RNA-seq技术获得了大鲵的转录本, 并对其进行了转录组学分析, 该研究为大鲵的基因组学和系统进化分析奠定了基础。Qi等^[48]克隆了3个大鲵组织的蛋白酶基因(adCTSH、adCTSL和adCTSS), 它们与其他脊椎动物的组织蛋白酶具有较高的同源性(48%—67.8%)。类似地, Zhang等^[49]采用聚合酶链反应(LA-PCR)分析了中国大鲵线粒体基因组, 也表明与大多数脊椎动物的序列相同。这些分子生物学技术成果较之形态学, 更加精准, 具有说服力, 有助于深入研究大鲵的系统进化关系。

4 大鲵保护与开发

4.1 大鲵保护

中国大鲵是我国特有物种, 也是濒危动物, 十分珍稀, 尽管如此, 人为捕猎大鲵现象仍然时有发

生, 对大鲵栖息地环境的破坏也屡禁不止, 因此对野生大鲵的资源保护工作刻不容缓。张家界山区是大鲵自然适生地, 王崇瑞等^[50]采用大型无脊椎动物生态群落特征对张家界大鲵自然栖息地进行了环评, 认为总体生态环境较好, 但有些大鲵栖息河段生境存在人为破坏。因此, 相关部门应该加大保护力度, 通过对大型无脊椎动物的监测和评价, 更有效的保护张家界大鲵国家级自然保护区的生态环境。然而, 在保护策略方面, 之前的举措, 如对遗传背景不清的大鲵大规模放生, 可能会扰乱野生种群基因, 带来生态风险, 对大鲵野生物种的保护产生负面影响^[51, 52]。因此, 不应盲目放流大鲵, 而应当控制规模, 考虑环境容纳量, 如大鲵生存所需的隐蔽场所、食物资源以及繁殖洞穴等因子。还应应对野生大鲵进行标记, 确认其遗传背景, 可将同一地理种群的个体融入当地养殖场, 加强遗传管理, 建立背景清晰, 身体健康的当地养殖种群, 再将成年后代放归自然。养殖场内的遗传管理若不到位, 也可能造成物种的退化。Yan等^[53]发现大规模的大鲵个体在养殖场之间的迁移, 导致了其基因的同质化, 这种遗传背景不清的保护策略可能会消除本土种群进化的独特性, 并通过基因同质化来加速其灭绝。因此, 中国大鲵和其他高度濒危物种的保护策略亟待更新, 应对所有受威胁的种群进行群体遗传学研究, 建立遗传学档案。我们知道, 世界上大鲵有3个种, 另外2个是美国大鲵(*Cryptobranchus alleganiensis*)和日本大鲵(*A. japonicus*)。在美国基本没有人工养殖的大鲵, 对大鲵的研究更多的是如何开展野外保护和救援工作^[54]。日本对大鲵的政策是, 无论野生还是人工养殖, 都予以保护, 不允许买卖^[55], 这点与我国有所不同。在我国野生大鲵为二级保护动物, 为了保护其种群数量, 只有人工养殖的子二代大鲵才可以交易, 而野生和养殖大鲵从外观上很难区分, 这就存在着保护和交易的矛盾。因此, Lu等^[56]认为如何平衡大鲵的保护与利用是其未来发展的关键, 政府应协调对商业市场的持续监管, 停止在保护区内或附近的商业性养殖, 停止偷猎, 发展生态旅游来增强人们的保护意识。此外, 还应完善大鲵的溯源体系^[57], 对人工养殖的亲本、子一代、子二代成体和亚成体植入电子芯片, 并将芯片信息予以公布, 这样才有利于溯源, 判定交易对象是否为人工养殖子二代, 从而更好地落实“在保护中开发、在开发中保护”的管理措施, 从根本上杜绝绝对野生大鲵的人为捕杀, 切实保护好野生大鲵资源。

4.2 大鲵产品

野生大鲵是要重点加强保护的對象, 因此, 大

鲵产品都是针对养殖大鲵而言的。大鲵肌肉中含有70多种天然活性物质, 能促进人体生理活动, 改善生理代谢, 促进蛋白质合成, 调节人体免疫功能, 增强人体抗病能力。大鲵的肝脏、黏液、皮肤、脂肪和软骨等器官也富含多种生物活性物质, 如胶原蛋白、糖蛋白、生物活性肽、金属硫蛋白和蛙皮素等。因此, 大鲵具有巨大的商业潜在价值, 被广泛开发为食品、药品和保健品^[2, 58]。用大鲵开发的食品, 具有益气养血及益智的功效, 营养价值极高。用大鲵皮肤、肌肉、黏液和骨骼等开发的中药, 对烧伤烫伤、神经衰弱、贫血、霍乱和痢疾等也有疗效, 如将大鲵皮粉与桐油配伍, 是治疗烧伤烫伤的特效药。此外, 由于大鲵的肌肉蛋白质氨基酸组成较全面, 必需氨基酸和鲜味氨基酸含量较高, 不饱和脂肪酸含量丰富, 肌肉中富含锌, 软骨中富含钙, 因此大鲵也被制成多种保健品, 补充人体所需氨基酸及微量元素。

5 展望

综上所述, 围绕大鲵从不同角度所展开的研究非常丰富。随着分子生物学技术的运用, 无论是对大鲵疾病的研究, 还是对大鲵生理发育和遗传进化的研究, 都已经从表征深入到机理方面, 从形态深入到基因水平。从近年的研究成果来看, 不同于早期的研究, 大鲵的基因组学研究报道较多。通过研究大鲵基因组的结构、功能、进化及定位和编辑等, 可深入探究其对大鲵生理、生长、繁殖和发育等诸多方面的影响。还可对大鲵基因进行整体表征、定量分析及对不同基因组进行比较, 研究基因组内的一些现象, 如上位调控效应(一个基因对另一个基因的影响)、多效性(一个基因调控多个性状)及基因组内的基因座和等位基因之间的相互关系等, 这为解释大鲵各种生理反应和表型特征提供了理论基础。另外, 通过基因组学技术, 将大鲵与别的脊椎动物基因组编码蛋白序列比对, 可分析其遗传和系统进化关系, 为大鲵野生资源保护工作提供依据。因此, 大鲵基因水平的研究仍是未来研究的热点和趋势, 其成果将为日后的更深层的探究奠定基础。

参考文献:

- [1] Zhang S M, Sun Z M, Xia G J, et al. Resource conservation and industrial development of *Andrias davidianus* in Shaanxi Province [J]. *China Fisheries*, 2010(7): 29-30. [张树明, 孙增民, 夏广济, 等. 陕西大鲵资源养护与产业发展 [J]. *中国水产*, 2010(7): 29-30.]

- [2] Li L, Wang X C, Liu Y. Edible value, medical value and research progress in exploitation and utilization of the farmed breeding Chinese giant salamander (*Andrias davidianus*) [J]. *Science and Technology of Food Industry*, 2012(9): 454-458. [李莉, 王锡昌, 刘源. 中国养殖大鲵的食用、药用价值及其开发利用研究进展 [J]. 食品工业科技, 2012(9): 454-458.]
- [3] Yuan J D, Chen Z Y, Zhang Q Y. Comparative analysis of serum and skin mucus protein profiles between ranavirus-infected and normal Chinese giant salamander *Andrias davidianus* [J]. *Acta Hydrobiologica Sinica*, 2016, 40(3): 594-600. [袁江迪, 陈中元, 张奇亚. 正常和蛙病毒感染后大鲵血清和黏液蛋白图谱比较分析 [J]. 水生生物学报, 2016, 40(3): 594-600.]
- [4] Wang J G, Wang Y T, Zhan W B, et al. Medication Guide for Prevention and Treatment of Fish Diseases [M]. Beijing: China Agricultural Press, 2012: 231-232. [汪建国, 王玉堂, 战文斌, 等. 鱼病防治用药指南 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2012: 231-232.]
- [5] Chen Z Y, Gui J F, Gao X C, et al. Genome architecture changes and major gene variations of *Andrias davidianus* ranavirus (ADRV) [J]. *Veterinary Research*, 2013(44): 101.
- [6] Yu N T, Zhang Q Y. A transmembrane domain of *Andrias davidianus* ranavirus 13R is crucial for co-localization to endoplasmic reticulum and viromatrix [J]. *3 Biotech*, 2019, (9): 433.
- [7] Fan Y D, Chang M X, Ma J, et al. Transcriptomic analysis of the host response to an iridovirus infection in Chinese giant salamander, *Andrias davidianus* [J]. *Veterinary Research*, 2015(46): 136.
- [8] Meng Y, Ma J, Jiang N, et al. Pathological and microbiological findings from mortality of the Chinese giant salamander (*Andrias davidianus*) [J]. *Archives of Virology*, 2014(159): 1403-1412.
- [9] Ke F, Gui J F, Chen Z Y, et al. Divergent transcriptomic responses underlying the ranaviruses-amphibian interaction processes on interspecies infection of Chinese giant salamander [J]. *BMC Genomics*, 2018(19): 211.
- [10] Yuan J D, Chen Z Y, Huang X, et al. Establishment of three cell lines from Chinese giant salamander and their sensitivities to the wild-type and recombinant ranavirus [J]. *Veterinary Research*, 2015(46): 58.
- [11] Yu Z, Jiang H, Zhong L, et al. Isolation and identification of pathogenic bacteria from giant salamander with bacterial infection syndrome and drug sensitivity analysis [J]. *Journal of Natural Science of Hunan Normal University*, 2012, 35(6): 74-79. [于喆, 江辉, 钟蕾, 等. 大鲵细菌性感染综合症的病原分离与药敏试验分析 [J]. 湖南师范大学自然科学学报, 2012, 35(6): 74-79.]
- [12] Gao Z Y, Zeng L B, Meng Y, et al. Isolation and identification of *Citrobacter freundii* from diseased giant salamander, *Andrias davidianus* [J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2012, 52(2): 169-176. [高正勇, 曾令兵, 孟彦, 等. 患病大鲵中弗氏柠檬酸杆菌的分离与鉴定 [J]. 微生物学报, 2012, 52(2): 169-176.]
- [13] Ling K, Ding S H, Jin J, et al. Detection of pathogenic *Aeromonas hydrophila* in *Andrias davidianus* by quadruple PCR [J]. *Biotechnology Bulletin*, 2014(9): 201-207. [凌空, 丁诗华, 金娟, 等. 一种检测大鲵致病性嗜水气单胞菌的四重PCR法 [J]. 生物技术通报, 2014(9): 201-207.]
- [14] Wu Z B, Gatesoupe F J, Zhang Q Q, et al. High-throughput sequencing reveals the gut and lung prokaryotic community profiles of the Chinese giant salamander (*Andrias davidianus*) [J]. *Molecular Biology Reports*, 2019(46): 5143-5154.
- [15] Li M, Wang J G, Zhang J Y, et al. First report of two *Balantidium* species from the Chinese giant salamander, *Andrias davidianus*: *Balantidium sinensis* Nie 1935 and *Balantidium andianensis* n. sp. [J]. *Parasitology Research*, 2008(102): 605-611.
- [16] Yang H, Li X X, Song W J, et al. Involvement of a short-type peptidoglycan recognition protein (PGRP) from Chinese giant salamanders *Andrias davidianus* in the immune response against bacterial infection [J]. *Developmental & Comparative Immunology*, 2018(88): 37-44.
- [17] Wang Z S, Hang P P, Zhang Q H, et al. Molecular characterization and expression analysis of cathepsin C in Chinese giant salamander (*Andrias davidianus*) after *Aeromonas hydrophila* infection [J]. *Electronic Journal of Biotechnology*, 2018(32): 47-54.
- [18] Yang H, Liu R R, Cui D, et al. Analysis on the expression and function of a chicken-type and goose-type lysozymes in Chinese giant salamanders *Andrias davidianus* [J]. *Developmental & Comparative Immunology*, 2017(72): 69-78.
- [19] Yang H, Lan Q J, Liu R R, et al. Characterization of galectin-1 from Chinese giant salamanders *Andrias davidianus* and its involvements during immune response [J]. *Developmental & Comparative Immunology*, 2017(70): 59-68.
- [20] Qi Z T, Zhang Q H, Wang Z S, et al. Transcriptome analysis of the endangered Chinese giant salamander (*Andrias davidianus*): Immune modulation in response to *Aeromonas hydrophila* infection [J]. *Veterinary Immunology and Immunopathology*, 2016(169): 85-95.
- [21] Chen Q, Ma J, Fan Y D, et al. Identification of Type I IFN in Chinese giant salamander (*Andrias davidianus*) and the response to an iridovirus infection [J]. *Molecular Immunology*, 2015, 65(2): 350-359.
- [22] Liu W Z, Xu J, Ma J, et al. Immunological responses and protection in Chinese giant salamander *Andrias davidianus* immunized with inactivated iridovirus [J]. *Veterinary Microbiology*, 2014, 174(3-4): 382-390.
- [23] Geng X F, Zhang L, Zang X Y, et al. RNA-seq analysis

- provides insight into molecular adaptations of *Andrias davidianus* [J]. *Development Genes and Evolution*, 2019(229): 197-206.
- [24] Hu Q M, Chang C F, Wang Q H, *et al.* Genome-wide RAD sequencing to identify a sex-specific marker in Chinese giant salamander *Andrias davidianus* [J]. *BMC Genomics*, 2019(20): 415.
- [25] Hu Q M, Tian H F, Li W, *et al.* Identification of critical sex-biased genes in *Andrias davidianus* by de novo transcriptome [J]. *Molecular Genetics and Genomics*, 2019(294): 287-299.
- [26] Huang Y, Chen H G, Gao X C, *et al.* Identification and characteristics of conserved miRNA in testis tissue from Chinese giant salamander (*Andrias davidianus*) by deep sequencing [J]. *Russian Journal of Bioorganic Chemistry*, 2019(45): 135-143.
- [27] Huang Y, Yang Y B, Gao X C, *et al.* Identification and characterization of the Chinese giant salamander (*Andrias davidianus*) miRNAs by deep sequencing and predication of their targets [J]. *3 Biotech*, 2017(7): 235.
- [28] Olshanskii V M, Baron V D, Xue W, *et al.* Electrical discharges in Chinese salamander *Andrias davidianus* [J]. *Doklady Biochemistry and Biophysics*, 2016(471): 447-449.
- [29] Tian H F, Meng Y, Hu Q M, *et al.* Molecular cloning, characterization and evolutionary analysis of vitellogenin in Chinese giant salamander *Andrias davidianus* [J]. *Biology*, 2015(70): 1254-1262.
- [30] Yang H, Chen D J, Xia D H, *et al.* Extraction process and antioxidant activity of melanin from giant salamander skin [J]. *Natural Product Research and Development*, 2019, **31**(5): 887-894. [杨慧, 陈德经, 夏冬辉, 等. 大鲵皮肤色素提取工艺及抗氧化研究 [J]. 天然产物研究与开发, 2019, **31**(5): 887-894.]
- [31] Guo Y C, Li T B, Cang D P. Advances in research of reproduction physiology of *Andrias davidianus* [J]. *Life Science Research*, 2005, **9**(2): 99-104. [郭永灿, 李廷宝, 仓道平. 中国大鲵生殖生理研究进展 [J]. 生命科学研究, 2005, **9**(2): 99-104.]
- [32] Wang C, Zhou Y L, Zhu Q H, *et al.* Effects of heat stress on the liver of the Chinese giant salamander *Andrias davidianus*: Histopathological changes and expression characterization of Nrf2-mediated antioxidant pathway genes [J]. *Journal of Thermal Biology*, 2018(76): 115-125.
- [33] Qian J, Geng R, Zhang Y W, *et al.* The response of juvenile Chinese giant salamander on the stresses by copper ions [J]. *Journal of Guangxi Academy of Sciences*, 2019, **35**(3): 200-205. [钱璟, 耿冉, 张耀武, 等. 铜离子对中国大鲵幼体的胁迫效应 [J]. 广西科学院学报, 2019, **35**(3): 200-205.]
- [34] Wang W B, Li A H. The effect of environmental stress to fish immune system: a review [J]. *Journal of Fisheries of China*, 2002, **26**(4): 368-374. [王文博, 李爱华. 环境胁迫对鱼类免疫系统影响的研究概况 [J]. 水产学报, 2002, **26**(4): 368-374.]
- [35] Jiang N, Fan Y D, Zhou Y, *et al.* Rag1 and rag2 gene expressions identify lymphopoietic tissues in juvenile and adult Chinese giant salamander (*Andrias davidianus*) [J]. *Developmental & Comparative Immunology*, 2018(87): 24-35.
- [36] Meng Y, Zhang Y, Liang H W, *et al.* Genetic diversity of Chinese giant salamander (*Andrias davidianus*) based on the novel microsatellite markers [J]. *Russian Journal of Genetics*, 2012(48): 1227-1231.
- [37] Murphy R W, Fu J, Upton D E, *et al.* Genetic variability among endangered Chinese giant salamanders, *Andrias davidianus* [J]. *Molecular Ecology*, 2000, **9**(10): 1539-1547.
- [38] Matsui M, Tominaga A, Liu W Z, *et al.* Reduced genetic variation in the Japanese giant salamander, *Andrias japonicus* (Amphibia: Caudata) [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2008, **49**(1): 318-326.
- [39] Langin K. The world's largest amphibian is being bred to extinction [J]. *Science*, 2018, <https://doi.org/10.1126/science.aau2433>.
- [40] Yan F, Lü J C, Zhang B L, *et al.* The Chinese giant salamander exemplifies the hidden extinction of cryptic species [J]. *Science News*, 2019(2): 119.
- [41] Tao F Y, Wang X M, Zheng H X, *et al.* Genetic structure and geographic subdivision of four populations of the Chinese giant salamander (*Andrias davidianus*) [J]. *Zoological Research*, 2005, **26**(2): 162-167.
- [42] Perkins S. Giant ancient amphibian was bigger than a human [J]. *Science*, 2015, <https://doi.org/10.1126/science.aab0359>.
- [43] Morescalchi A, Odierna G, Olmo E. Karyological relationships between the Cryptobranchid salamanders [J]. *Experientia*, 1977(33): 1579-1581.
- [44] Wang S P, Chen R, Huang Z Y, *et al.* Taxonomic and evolutionary studies using RAPD on Zhejiang tailed amphibians [J]. *Journal of Fudan University (Natural Science)*, 1998(4): 485-490. [王世平, 陈燃, 黄正一, 等. 浙江有尾两栖动物分类与演化的RAPD研究 [J]. 复旦学报(自然科学版), 1998(4): 485-490.]
- [45] Niu Z Q. A determination on the composition and its molecular weight of *Megalobatrachus davidianus*' serum proteins [J]. *Journal of Shanxi College of Traditional Chinese Medicine*, 2000, **1**(2): 31-33. [牛泽清. 大鲵血清蛋白成分及其分子量的测定 [J]. 山西中医学院学报, 2000, **1**(2): 31-33.]
- [46] Wang J, Zhang J, Li X L, *et al.* Isolation and characterization of 16 microsatellite loci for the giant salamander *Andrias davidianus* [J]. *Conservation Genetics Resources*, 2014(6): 367-368.
- [47] Huang Y, Xiong J L, Chan X, *et al.* Transcriptome analysis of the Chinese giant salamander (*Andrias davidia-*

- nus) using RNA-sequencing [J]. *Genomics Data*, 2017(14): 126-131.
- [48] Qi Z T, Huang B, Zhang Q H, *et al.* Molecular characterization, expression and evolutionary analysis of 3 cathepsin genes (CTSH, CTSL and CTSS) from Chinese giant salamander (*Andrias davidianus*) [J]. *Gene Reports*, 2017(7): 25-31.
- [49] Zhang P, Chen Y Q, Liu Y F, *et al.* The complete mitochondrial genome of the Chinese giant salamander, *Andrias davidianus* (Amphibia: Caudata) [J]. *Gene*, 2003(311): 93-98.
- [50] Wang C R, Liang Z Q, Suo W W, *et al.* Relationship between macroinvertebrate composition and environmental factors in habitats of Chinese giant salamander in Zhangjiajie, Hunan Province, China [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2017, **28**(9): 3032-3040. [王崇瑞, 梁志强, 索纹纹, 等. 湖南张家界大鲵栖息地大型无脊椎动物组成及其与环境因子的关系 [J]. 应用生态学报, 2017, **28**(9): 3032-3040.]
- [51] Wang J. Current status of Japanese giant salamander and the enlightenment on the conservation of Chinese giant salamander [J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2015, **21**(4): 683-688. [王杰. 日本大鲵的现状及对中国大鲵保护的启示 [J]. 应用与环境生物学报, 2015, **21**(4): 683-688.]
- [52] Peng L F, Huang S, Chang J, *et al.* Saving the giant salamander: Hope and action [J]. *Science*, 2020, <https://science.sciencemag.org/content/367/6481/989.1/tab-e-letters>.
- [53] Yan F, Lü J C, Zhang B L, *et al.* The Chinese giant salamander exemplifies the hidden extinction of cryptic species [J]. *Current Biology*, 2018, **28**(10): 590-592.
- [54] Crowhurst R S, Faries K M, Collantes J, *et al.* Genetic relationships of hellbenders in the Ozark highlands of Missouri and conservation implications for the Ozark subspecies (*Cryptobranchus alleganiensis bishopi*) [J]. *Conservation Genetics*, 2011(12): 637-646.
- [55] Bletz M C, Vences M, Sabino-Pinto J, *et al.* Cutaneous microbiota of the Japanese giant salamander (*Andrias japonicus*), a representative of an ancient amphibian clade [J]. *Hydrobiologia*, 2017(795): 153-167.
- [56] Lu C Q, Chai J, Murphy R W, *et al.* Giant salamanders: Farmed yet endangered [J]. *Science*, 2020, **367**(6481): 989.
- [57] Wang S J. On the construction of giant salamander aquaculture quality assurance system in China [J]. *Henan Fisheries*, 2019(4): 4-8. [王松军. 中国大鲵养殖质量保障体系建设 [J]. 河南水产, 2019(4): 4-8.]
- [58] He D, Zhu W M, Zeng W, *et al.* Nutritional and medicinal characteristics of Chinese giant salamander (*Andrias davidianus*) for applications in healthcare industry by artificial cultivation: A review [J]. *Food Science and Human Wellness*, 2018, **7**(1): 1-10.

A SURVEY OF CHINESE GIANT SALAMANDER (*ANDRIAS DAVIDIANUS*)

WANG Wen-Bo^{1,2,3}, LIU Pin¹, DOU Ling-Ling¹, WANG Ping¹, NING Yue¹, XI Rui-Min¹, FENG Ya-Long¹, LI Ai-Hua^{2,3} and ZHANG Yi-Bing^{2,3}

(1. Department of Life Sciences, Xianyang Normal University, Xianyang 712000, China; 2. Key Laboratory of Aquaculture Disease Control, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Institute of Hydrobiology, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430072, China; 3. State Key Laboratory of Freshwater Ecology and Biotechnology, Institute of Hydrobiology, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430072, China)

Abstract: Chinese giant salamander (*Andrias davidianus*) is an endemic species in China, commonly known as baby fish, pike and foot fish. It is a national second class protected aquatic wild animal, and also a key development species of agricultural industrialization and characteristic agriculture. Chinese giant salamander is mainly distributed in the Yellow River Basin, the Yangtze River Basin and the Pearl River water system. Qinling region of Shaanxi Province is the largest production area of Chinese giant salamander. In June 2010, the Ministry of Agriculture awarded the title “hometown of Chinese giant salamander” to Hanzhong City, Shaanxi Province. Chinese giant salamander has a high economic value, and has a wide range of development and utilization prospects in food, health care, medicine, ornamental and other aspects, so it is quite concerned by the community. In recent years, the scientific research on Chinese giant salamander involves many aspects, including disease, pathogen, immune response, physiology, stress response, tissue development, genetics, evolution, protection and development, etc. This paper reviews these aspects.

According to the original infectious diseases, the diseases of Chinese giant salamander can be divided into viral diseases, bacterial diseases, fungal diseases and parasitic diseases. After being infected by pathogens, Chinese giant salamander will produce immune response, which can be divided into specific and non-specific. The latter plays the

role of the first line of defense against pathogen invasion. Therefore, the research on immune response of Chinese giant salamander mainly comes from non-specific immunity. Chinese giant salamander has the characteristics of longevity, cold tolerance and skin respiration, which is an ideal model for studying the evolution of local adaptation. Transcriptome analysis is very useful for studying the complex genome and physiological functions of amphibians. The application of molecular biology technology has greatly enriched the research on the gene level of *A. davidianus*. We know that there are three species of giant salamander in the world. The other two are *Cryptobranchus alleganiensis* and *A. japonicus*. In the United States, there are basically no artificially cultured giant salamanders, and the research on giant salamanders is more about how to carry out field protection and rescue work. Japan's policy on *A. japonicus* is that both wild and artificial breeding should be protected and not allowed to be traded, which is different from that of China. In China, wild giant salamander is a second-class protected animal. In order to protect its population, only the second generation of artificially bred giant salamander can be traded. However, it is difficult to distinguish wild and cultured giant salamanders from the appearance, which leads to the contradiction between protection and trade. There are more than 70 kinds of natural active substances in the muscle of *A. davidianus*, which can promote human physiological activities, improve physiological metabolism, promote protein synthesis, regulate human immune function, and enhance human resistance to disease. The food developed from giant salamander has the effect of nourishing blood and intelligence, and has auxiliary therapeutic effect on neurasthenia, anemia, dysentery, malaria and other diseases. Therefore, giant salamander has a broad development prospect in the medical and health care industry. In addition to the above, there are other aspects of research on giant salamander, such as extract research, breeding technology research, body element analysis and population genetics research.

To sum up, the research on *A. davidianus* from different angles is very rich. With the application of molecular biology technology, both the research on the disease and the physiological development of *A. davidianus* have carried on deeply from characterization to mechanism. From the existing research results, there are many reports on the genomics of *A. davidianus*, which reflects a hot spot and trend of giant salamander research. By studying the structure, function, evolution, localization and editing of the genome of *A. davidianus*, we can further explore its impact on *A. davidianus*. It can also be used for overall characterization, quantitative analysis and comparison of different genomes of *A. davidianus*, and study some phenomena in the genome, such as epigenetic regulation effect (the influence of one gene on another gene), pleiotropy (one gene regulates multiple traits), and the relationship between gene loci and alleles in the genome, which can explain the physiological reactions of *A. davidianus*. It provides a theoretical basis for the phenotype characteristics of *A. davidianus*, and also lays a foundation for further research in the future. China's giant salamander industry has experienced a series of ups and downs, and eliminated a number of small workshop type enterprises. At the same time, some enterprises have also got experience and become the industry leader. Some giant salamander enterprises have developed nearly 100 giant salamander products, such as giant salamander longevity noodles, oligosaccharide peptide fruit drinks, giant salamander rice noodles, giant salamander canned products and skin care products. In addition, some enterprises have cooperated with well-known pharmaceutical enterprises to develop maternal and infant products such as giant salamander pregnant women's health products and infant rice paste. Some companies have successfully listed on the "new third board", established "T-mall" flagship stores to develop e-commerce teams, and others have successfully listed overseas and established WeChat business teams, with good development momentum. Looking forward to the future, under the guidance of these well-known enterprises, Chinese giant salamander industry will develop steadily, and more products can go abroad and go to the world.

Key words: Chinese giant salamander; Diseases; Genetics; Protection; Development