

文章编号: 1674 - 5566(2014)01 - 0015 - 07

亚东鲑基因组中 *Tc1-like* 转座子的序列歧化特征分析

郭秀明, 李福贵, 蒋霞云, 邹曙明

(上海海洋大学 农业部淡水水产种质资源重点实验室, 上海 201306)

摘要: 根据鱼类 *Tc1-like* 超家族转座子的末端反向重复序列设计单引物, 对西藏亚东鲑基因组进行 PCR 扩增、回收、克隆和测序, 鉴定出亚东鲑两条长度为 1 607 bp 和 1 473 bp 的 *Tc1-like* 超家族转座子序列, 命名为 *Tbt1* 和 *Tbt2*。序列分析表明, 亚东鲑 *Tbt1* 转座子左右两端分别存在一个 196 nt 和 225 nt 的末端反向重复序列 (Inverted terminal repeats, ITR), 在左右 ITR 中分别包含 2 个 12 nt 的亚末端反向重复序列 (Sub-terminal inverted repeats, SIR); 亚东鲑 *Tbt2* 转座子分别存在一个 32 nt 和 31 nt 短的 ITR, 其左右 ITR 中各仅包含 1 个 12 nt 的 SIR。亚东鲑 *Tbt1*、*Tbt2* 转座子的转座酶编码区在进化过程中各已积累了 4 个和 9 个终止突变, 两者均不能表达完整的转座酶。亚东鲑 *Tbt2* 与其它鲑科鱼类 *Tc1-like* 转座子的相似度低于 30%, 而与金鱼 *Tca2* 转座子的序列相似度高达 98%, 显示该转座子的获得可能起源于基因水平转移 (horizontal gene transfer, HGT) 方式。

研究亮点: 克隆了亚东鲑 2 个 *Tc1-like* 家族转座子 *Tbt1* 和 *Tbt2*; 序列分析表明亚东鲑 2 个转座子存在末端和亚末端反向重复序列, 因突变已不具有转座活性; 亚东鲑 *Tbt2* 转座子的获得不是来源于垂直进化, 而可能起源于独特的水平转移方式。

关键词: 亚东鲑; *Tc1-like* 转座子; 序列分析

中图分类号: S 917

文献标志码: A

亚东鲑 (*Salmo trutta fraio* Linnaeus) 仅见于西藏日喀则地区亚东河内, 为我国西藏高海拔地区的重要珍稀经济鱼类。有研究显示, 亚东鲑是棕鳟 (Brown trout) 的一个亚种, 原产于欧洲、非洲北部和西亚一些地区, 属于冷水性经济鱼类, 引入我国西藏亚东河的具体时间不详^[1]。目前, 国内关于亚东鲑的研究较少, 仅在形态学、繁殖发育和群体遗传方面做过少量的分析。如彭仕盛、张春霖、武云飞等先后测量过亚东鲑的形态特征^[2-4]; 蒲德永等对亚东鲑消化系统的形态和组织特征开展过观察^[5]; 豪富华等研究过亚东鲑的生长年龄、性腺发育与繁殖特征^[6-7]; 在群体遗传学方面, 豪富华、孟玮等利用线粒体 DNA (细胞色素 b、控制区) 和微卫星标记对西藏亚东鲑开展过种群遗传学分析^[1,8]。

DNA 转座子 (Transposon) 可在基因组内和基

因组间跳跃移动, 对生物进化有明显影响, 比如在基因突变、基因组进化和物种形成方面起重要作用^[9]。但是, DNA 转座子在物种间的传递、遗传和进化机制尚不清楚。*Tc1-like* 家族转座子是 DNA 转座子中种类最多、分布最广的一类^[10]。该家族转座子的共同结构特征是两端具有末端反向重复序列和中间存在转座酶编码区^[11]。在鱼类中, 大多数 *Tc1-like* 转座子在进化过程中失活, 成为非自主转座子。本文克隆了亚东鲑 2 个 *Tc1-like* 家族转座子 *Tbt1* 和 *Tbt2*, 并对其序列歧化特征进行了分析。

1 材料与方法

1.1 亚东鲑样本的采集

采集西藏自治区亚东县亚东河的野生亚东鲑样本 30 尾, 体重在 30 ~ 500 g, 剪尾鳍置于

收稿日期: 2013-08-01 修回日期: 2013-10-10

基金项目: 农业公益性行业专项课题 (201203086); 国家自然科学基金 (31272633, 31201760); 上海高校知识服务平台 (ZF1206)

作者简介: 郭秀明 (1986—), 女, 硕士研究生, 研究方向为鱼类遗传育种。E-mail: guoxiuming_86328@163.com

通信作者: 邹曙明, E-mail: smzou@shou.edu.cn

95% 乙醇中,带回实验室后置于 $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 保存备用。

1.2 基因组总 DNA 的提取和 PCR 扩增

1.2.1 盐析法提取亚东鲑基因组总 DNA

取亚东鲑鳍(100~200 mg),剪碎,烘干($55\text{ }^{\circ}\text{C}$, 5~6 min);加入裂解液(410 μL)的 STE (pH = 8.10),80 μL 的 SDS (10%, pH = 8.14) 和 10 μL 的蛋白酶 K (20 $\mu\text{g}/\text{mL}$);翻转摇匀, $56\text{ }^{\circ}\text{C}$ 水浴保温 14~15 h;加入 360 μL 饱和氯化钠溶液混匀,轻摇 3 min;加入 360 μL 氯仿,摇匀; $4\text{ }^{\circ}\text{C}$ 12 000 r/min 离心 20 min,将上清液移入另一干净的离心管中;加入 460 μL 异丙醇($-20\text{ }^{\circ}\text{C}$),离心 12 000 r/min,20 min, $4\text{ }^{\circ}\text{C}$;倒去上清液,留沉淀,加入 800 μL 75% 乙醇; $4\text{ }^{\circ}\text{C}$ 12 000 r/min,离心 5 min 到 15 min;倒去乙醇,烘干沉淀,加入 150 μL 的双蒸水,再加 2 μL 的 Rnase 酶。

1.2.2 PCR 扩增与检测

根据相关文献报道的鱼类 *Tc1-like* 转座子末端反向重复序列设计单引物 (*Tc1-like* A) 序列^[11-13]:TACAGTTGAAGTCGGAAGTTTACATAC,由上海生物工程有限公司合成。以亚东鲑 DNA 为模板,进行 PCR 扩增,PCR 扩增混合物中含 10 mmol/L Tris-HCl (pH 8.4)、20 mmol/L KCl、10 mmol/L $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ 、1.5 mmol/L MgCl_2 、0.1 mmol/L 每种 dNTP、引物浓度为 0.2 $\mu\text{mol}/\text{L}$ 、约 200 ng。基因组 DNA、2 U *Taq* 酶,反应总体积为 50 μL 。PCR 扩增程序为: $94\text{ }^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min; $94\text{ }^{\circ}\text{C}$ 30 s、 $51\text{ }^{\circ}\text{C}$ 30 s、 $72\text{ }^{\circ}\text{C}$ 2 min,共 35 个循环;最后再 $72\text{ }^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 min。取 3 μL PCR 产物经琼脂糖凝胶电泳,EB 染色后,在 Bio-Rad 凝胶成

像系统中照相记录。

1.3 扩增产物的回收、克隆及测序

PCR 产物经 1.5% 琼脂糖凝胶电泳检测,紫外灯下切下目的片段,用 TaKaRa 试剂盒进行回收和纯化。回收片段与 pMD19-T 载体连接,热击法转化至大肠杆菌 DH5 α 感受态细胞,在含有氨苄青霉素的培养基上培养,挑取白色菌落,培养后用特异引物进行 PCR 鉴定,对筛选出的阳性克隆送上海生物工程公司测序。

1.4 序列分析

对 *Tbt1*、*Tbt2* 测得序列拼接后,利用 BioEdit、ClustalX 1.83 等软件,将得到的 DNA 序列进行分析,并且与从 NCBI 公共数据库中下载鱼类 *Tc1-like* 转座子的核苷酸序列进行聚类分析。用 MEGA 4.0^[14] 软件包中的 Neighbor-Joining 法重建系统树,并对其进行自展 (bootstrap, 1000-replicates) 检验。

2 结果与分析

2.1 亚东鲑 *Tc1-like* 转座子的筛选

使用单引物 *Tc1-like* A 进行野生亚东鲑基因组 DNA 的 PCR 扩增,在 1 600 bp 左右存在两个特异性扩增产物(图 1a, b),对这两个特异片段进行割胶回收、克隆和测序。测序结果表明,克隆所得的大片段长 1 607 bp,将其命名为 *Tbt1* (GenBank 登录号为 JQ782179);小片段长 1 473 bp,将其命名为 *Tbt2* (GenBank 登录号为 JQ782178)。亚东鲑 *Tbt1* 与 *Tbt2* 核苷酸序列相似度为 67%,氨基酸编码相似度为 54% (表 1)。

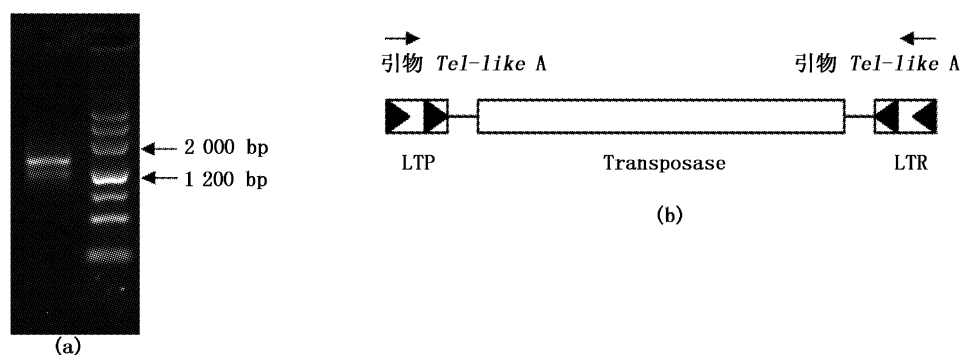


图 1 亚东鲑 *Tc1-like* 转座子的 PCR 扩增

Fig. 1 PCR analysis of *Tc1-like* transposon in *Salmo trutta fario*

a. PCR 产物电泳; b. 单引物在 *Tc1-like* 转座子位置。

表 1 亚东鲑 *Tbt1*、*Tbt2* 转座子与其它物种 *Tc1-like* 转座子序列比较
 Tab. 1 Comparison of *Tbt1* and *Tbt2* transposons to other *Tc1-like* elements

物种	转座子	种名	与 <i>Tbt1</i> 的氨基酸相似度/%	与 <i>Tbt2</i> 的氨基酸相似度/%	末端反向重复序列长/nt
鲑科	<i>Tbt1</i>	<i>Salmo trutta fario</i>	100	54	196/225
	<i>Tbt2</i>	<i>Salmo trutta fario</i>	54	100	32/31
	<i>TC-Tss1</i>	<i>Salmo salar</i>	61	28	226
	<i>TC-Tss2</i>	<i>Salmo salar</i>	70	25	225
	<i>TC-Tsg1</i>	<i>Salmo gairdneri</i>	66	23	221
	<i>Tsn1-3</i>	<i>Salvelinus namaycush</i>	70	29	204
	<i>Tc1-2Onc</i>	<i>Oncorhynchus nerka</i>	32	12	198
	<i>Tc1-1Onc</i>	<i>Oncorhynchus nerka</i>	67	26	186
	<i>SSTN1</i>	<i>Salmo salar</i>	68	29	208
盲鳗	<i>Tes1</i>	<i>Eptatretus stouti</i>	30	21	66
线虫	<i>Tc1</i>	<i>Caenorhabditis elegans</i>	30	21	54
	<i>Tcb1</i>	<i>Caenorhabditis briggsae</i>	29	18	80
	<i>Tc3</i>	<i>Caenorhabditis elegans</i>	26	17	456
昆虫	<i>Minos</i>	<i>Drosophila hydei</i>	28	18	255
	<i>HB1</i>	<i>Drosophila melanogaster</i>	28	19	27
	<i>Uhu</i>	<i>Drosophila heteroneura</i>	27	18	46
	<i>Bar1</i>	<i>Drosophila melanogaster</i>	27	17	27

2.2 亚东鲑 *Tc1-like* 转座子的核苷酸序列分析

序列分析结果显示,亚东鲑 *Tbt1* 转座子左右末端分别存在一个 196 nt 和 225 nt 的反向重复序列(Inverted terminal repeats, ITR, 图 2a),在左右 ITR 中分别包含 2 个 12 nt 的 AAGTTTACATAC 亚末端反向重复序列(Sub-terminal inverted repeats, SIR)。亚东鲑 *Tbt2* 转座子左右末端分别存在一个短的 32 nt 和 31 nt 的 ITR,在其 ITR 中各仅包含 1 个 12 nt 的 AAGTTTACATAC 亚末端反向重复序列(图 2b)。经 ORF Finder 得知亚东鲑 *Tbt1* 在转座酶的 4 处发生了终止突变;而 *Tbt2* 在编码框的 9 处发生了终止突变,导致两者均不能表达完整的转座酶,表明 2 个转座子在进化过程中均已失去了自主转座活性。

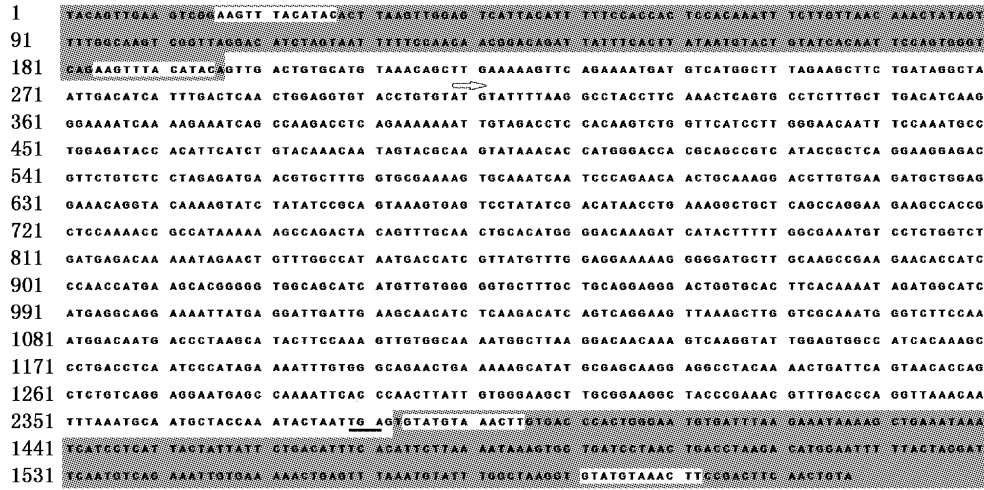
2.3 亚东鲑 *Tbt1*、*Tbt2* 与 *PPTN* 编码的氨基酸比对分析

PPTN 转座子是在欧鲱中发现的 *Tc1-like* 超家族转座子,也是迄今所发现的脊椎动物中唯一有天然转座活性的 *Tc1-like* 转座子^[15-16]。将亚东鲑的 *Tbt1*、*Tbt2* 和 *PPTN* 转座子编码的氨基酸序列进行比对,结果显示,亚东鲑的 *Tbt1*、*Tbt2* 与欧鲱 *PPTN* 转座子编码的氨基酸序列相似度分别

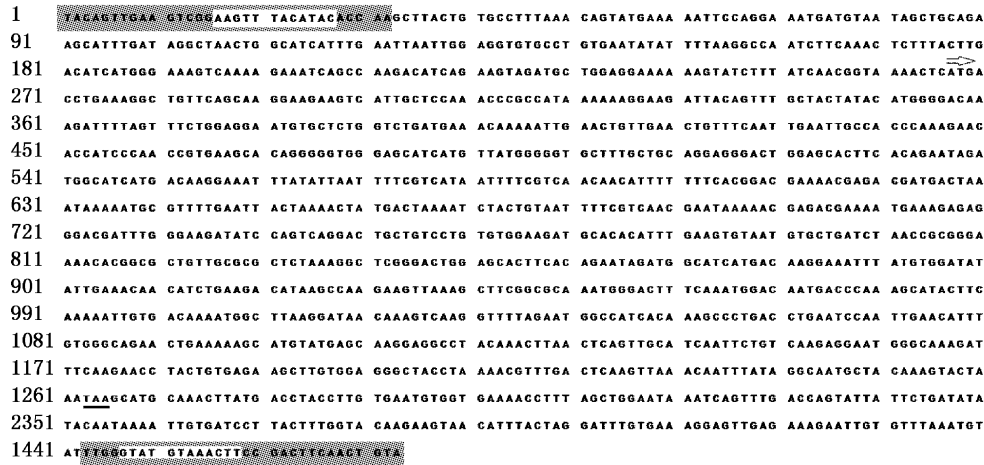
为 44% 和 34%,*Tbt1* 不能形成完整的转座酶,羧基端序列是负责与 DNA 靶序列结合的区域与 *PPTN* 的相比序列差异很大,羧基端序列存在缺失(图 3);*Tbt2* 也不能形成完整的转座酶,其 ORF 编码的氨基酸与 *PPTN* 的相比差异很大,羧基端序列缺失较多,中间还插入了一个约 100 个氨基酸残基序列(图 3),进一步表明亚东鲑 *Tbt1*、*Tbt2* 不具有编码有活性转座酶的能力。

2.4 鱼类 *Tc1-like* 转座子的序列歧化分析

由表 1 可知,同为鲑科鱼类 *Tc1-like* 转座子,亚东鲑 *Tbt1* 和 *Tbt2* 与这些鲑科鱼类的同类型转座子的序列相似度并不高。亚东鲑 *Tbt1* 与大西洋鲑(*Salmo salar*) *TC-Tss1*、*TC-Tss2*、虹鳟(*Salmo gairdneri*) *TC-Tsg1*、湖红点鲑(*Salvelinus namaycush*) *Tsn1-3*、红大麻哈鱼(*Oncorhynchus nerka*) *Tc1-2Onc*、*Tc1-1Onc* 和大西洋鲑 *SSTN1* 的相似度分别为 61%、70%、66%、70%、32%、67% 和 68%;而亚东鲑 *Tbt2* 与它们的相似度较低,分别为 28%、25%、23%、29%、12%、26% 和 29%,亚东鲑 *Tbt2* 与鲑科鱼类同类型转座子的编码氨基酸的相似度仅稍高于它与盲鳗、线虫和昆虫的相似度(表 1)。



(a)



(b)

图2 亚东鲑 *Tbt1* (a)和 *Tbt2* (b)序列的结构图

Fig.2 Sequence diagram of *Tbt1* (a) and *Tbt2* (b) transposon of *Salmo trutta fario*

末端灰色区域为反向重复序列,末端白色序列为亚末端反向重复序列,中间序列为转座酶编码区,箭头为起始密码子,下划线为终止密码子。

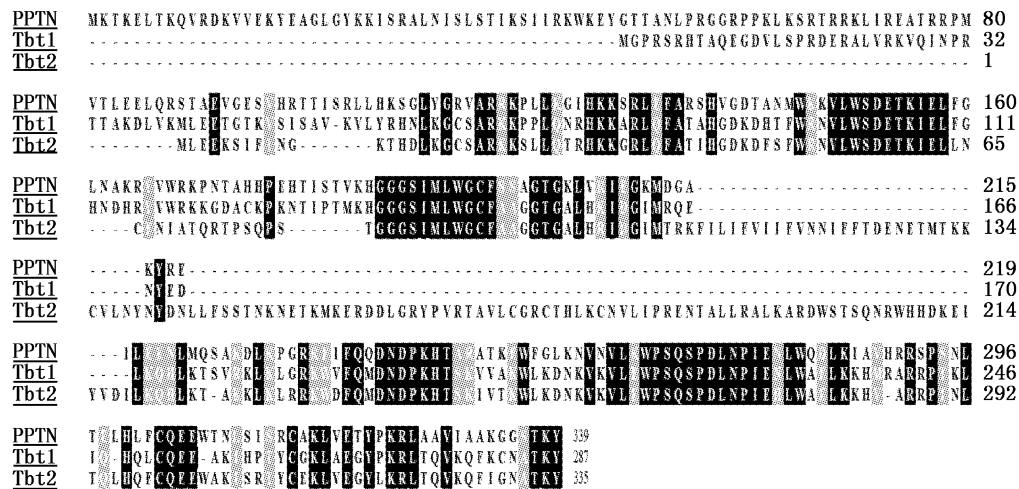


图3 亚东鲑 *Tbt1*、*Tbt2* 与欧鲽 *PPTN* 氨基酸比对分析

Fig.3 Putative amino acid alignment analysis between *Salmo trutta fario* *Tbt1*, *Tbt2* and plaice *PPTN* transposases

序列中的短线代表缺失氨基酸。

进一步分析表明,尽管亚东鲑 *Tbt2* 与同鲑科鱼类 *Tc1-like* 转座子的氨基酸相似度低于 30%,但是亚东鲑 *Tbt2* 与金鱼 *Tca2* 转座子的序列相似度却高达 98%。聚类分析结果也显示亚东鲑 *Tbt2* 与金鱼 *Tca2* 转座子具有极近的亲缘关系(图 4)。另外,如图 5 所示,聚类分析结果还显示物种 *Tc1-like* 转座子的亲缘关系与系统分类亲缘关系并不吻合,如黑虾虎鱼(*Apollonia melanostoma*)和河鲈(*Perca fluviatilis*)分属鲈形目的不同科,种系亲缘关系非常遥远,但黑虾虎鱼 *Tc1-1Neo* 转座子与河鲈 *Tc1-2per* 转座子则存在极

高的亲缘关系^[10],这些结果表明,鱼类某些 *Tc1-like* 转座子序列不是来源于垂直进化,而可能起源于一种在脊椎动物中较为罕见的水平转移方式(horizontal gene transfer)。

由图 4 聚类树可知,在与亚东鲑距离较远的物种中未发现与 *Tbt1* 相似度高的同类转座子序列。同时,以亚东鲑 *Tbt1* 序列在 GenBank 中进行搜索,发现在鲑科鱼类基因组中存在许多相似度超过 90% 的全长基因序列。因此,现有证据尚不足以支持亚东鲑 *Tbt1* 序列来源于水平转移方式。

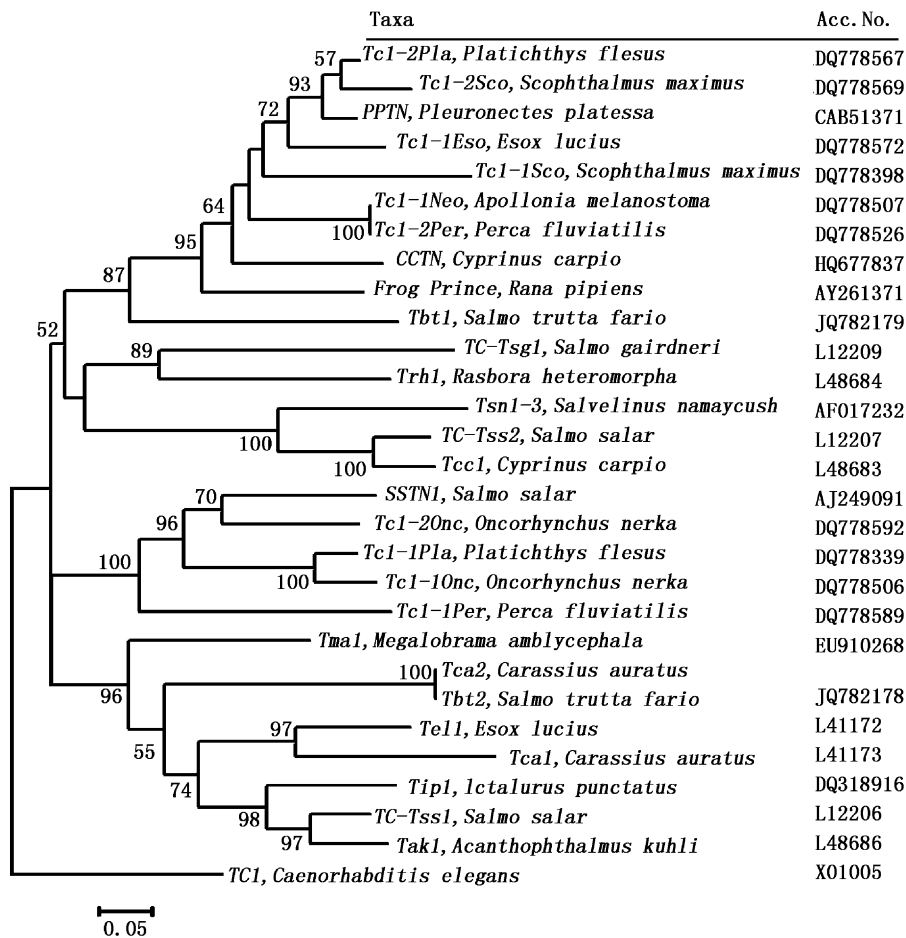


图 4 鱼类 *Tc1-like* 转座子的 NJ 系统聚类分析

Fig. 4 NJ tree analysis of *Tc1-like* transposons in fish

各物种 *Tc1-like* 转座子的 GenBank 序列号在图右侧列出,金鱼 *Tca2* 序列参见文献[17]。

3 讨论

Tc1-like 超家族转座子是 DNA 转座子中种类最多、分布最广的一类。自 *Tc1* 转座子在线虫中被发现以后,与 *Tc1* 具有相似结构的转座子统称

Tc1-like 转座子^[18]。*Tc1-like* 转座子共同的结构是具有一个编码转座酶的基因,两端具有末端反向重复序列^[19]。本文以鱼类 *Tc1-like* 转座子的末端反向重复序列保守区设计单引物,克隆了亚东鲑鱼体内 *Tc1-like* 转座子的两个片段 *Tbt1* 和

Tbt2。亚东鲑 *Tbt1*、*Tbt2* 转座子末端具有典型的 *Tc1-like* 转座子特征,应归属于 *Tc1-like* 超家族转座子^[18-21]。

在脊椎动物中,*Tc1-like* 转座子的转座酶基因普遍具有不同程度的核苷酸插入或缺失,造成可读框移位或编码序列内包含终止子,从而丧失了编码转座酶的功能^[22-23]。IVICS 等从鲑科鱼类中分离出失活的 *Tc1-like* 转座子,利用分子重组技术构建出脊椎动物中第一个具活性并且能在哺乳动物细胞中转座的 *SB* 转座子^[19]。最近,从欧鳎 (*Pleuronectes platessa*) 基因组中鉴定的 *PPTN* 转座子具有自然编码完整转座酶的功能并且在哺乳动物细胞中表现出转座活性^[16]。亚东鲑 *Tbt1* 在编码框的 4 处发生了终止突变,亚东鲑 *Tbt2* 在编码框的 9 处发生了终止突变,以上突变导致这两条序列不具有表达完整的转座酶的能力。

基因的水平转移是相对于垂直转移(亲代传递给子代)而提出的,是指在同种、远缘、甚至没有亲缘关系的生物个体间所进行的遗传物质的交流^[24]。本研究显示,亚东鲑 *Tbt2* 与远缘物种金鱼同类转座子具有很高的相似度,聚类结果也显示亚东鲑 *Tbt2* 与金鱼 *Tca2* 转座子具有极近的亲缘关系,另外黑虾虎鱼 (*A. melanostoma*) 和河鲈 (*P. fluviatilis*) 的种系亲缘关系遥远,但黑虾虎鱼 *Tc1-1Neo* 转座子与河鲈 *Tc1-2per* 转座子则存在极高的亲缘关系,这表明,一些鱼类 *Tc1-like* 转座子极可能以水平方式进行转移^[10]。此外,在 hAT 家族 *Tgf2* 转座子中也发现了类似的水平转移现象^[25],而 *SPIN* 转座子在其进化历史上也在从低等爬行动物到高等哺乳动物间发生过广泛的水平转移^[26]。而海七鳃鳗 (*Petromyzon marinus*) 与其寄生的鱼类间存在许多高度相似的 *Tc1-like* 转座子序列,说明基因的水平转移可在寄主与宿主间发生^[27],转座子的水平转移可能是推动物种进化的一种重要方式。

感谢西藏亚东鲑养殖场林绍南场长、亚东县农牧局但唐兴局长协助进行亚东鲑取样。

参考文献:

- [1] 豪富华. 亚东鲑的生物学和遗传多样性研究[D]. 武汉:中国科学院研究生院(水生生物研究所), 2006.
- [2] 彭仕盛. 西藏鱼类及其资源[M]. 北京:中国农业出版社, 1995:32-40.
- [3] 张春霖, 王文滨. 西藏鱼类初篇[J]. 动物学报, 1962, 14(4): 529-536.
- [4] 武云飞, 吴翠珍. 青藏高原鱼类[M]. 成都:四川科学技术出版社, 1992:128-130.
- [5] 蒲德永, 王志坚, 赵海鹏, 等. 亚东鲑消化系统的形态学和组织学观察[J]. 四川动物, 2006, 25(4): 825-828.
- [6] 豪富华, 陈毅峰, 蔡斌. 西藏亚东鲑的胚胎发育[J]. 水产学报, 2006, 30(3): 289-296.
- [7] 豪富华, 唐卫星, 陈毅峰, 等. 亚东鲑的年龄与生长的研究[J]. 水生生物学报, 2007, 31(5): 732-737.
- [8] 孟玮, 杨天燕, 海萨, 等. 基于线粒体 *CO I* 基因序列的亚东鲑 DNA 条形码研究[J]. 水产学杂志, 2010, 23(1): 6-10.
- [9] AZIZR K, BREITBART M, EDWARDSR A. Transposases are the most abundant, most ubiquitous genes in nature[J]. Nucleic Acids Research, 2010, 38(13): 4207-4217.
- [10] POCWIERZ-KOTUS A, BURZYNSKI A, WENNE R. Family of *Tc1-like* elements from fish genomes and horizontal transfer [J]. Gene, 2007, 390(1/2): 243-251.
- [11] RADICE A D, BUGAJ B, FITCH D H A, et al. Widespread occurrence of the *Tc1* transposon family: *Tc1-like* transposons from teleost fish[J]. Molecular and General Genetics, 1994, 244(6): 606-612.
- [12] LIU Z, LI P, KUCUKTAS H, et al. Characterization of nonautonomous *Tc1-like* transposable elements of channel catfish (*Ictalurus punctatus*) [J]. Fish Physiology and Biochemistry, 1999, 21(1): 65-72.
- [13] IZSVAK Z, IVICS Z, HACKETT P B. Characterization of a *Tc1-like* transposable element in zebrafish (*Danio rerio*) [J]. Molecular and General Genetics, 1995, 247(3): 312-322.
- [14] TAMURA K, DUDLEY J, NEI M, et al. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0 [J]. Molecular Biology and Evolution, 2007, 24(8): 1596-1599.
- [15] LEAVER M J. A family of *Tc1-like* transposons from the genomes of fishes and frogs: evidence for horizontal transmission[J]. Gene, 2001, 271(2): 203-214.
- [16] CLARK K J, CARLSON D F, LEAVER M J, et al. Passport, a native *Tc1* transposon from flatfish, is functionally active in vertebrate cells[J]. Nucleic Acids Research, 2009, 37(4): 1239-1247.
- [17] 郭秀明. 鱼类活性类 *Tc1* 转座子的筛选及转座活性验证 [D]. 上海:上海海洋大学, 2013.
- [18] KORSWAGEN H C, DURBIN R M, SMITS M T, et al. Transposon *Tc1*-derived, sequence-tagged sites in *Caenorhabditis elegans* as markers for gene mapping [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1996, 93(25): 14680-14685.
- [19] IVICS Z, HACKETT P B, PLASTERK R H, et al. Molecular reconstruction of Sleeping Beauty, a *Tc1-like* transposon from

- fish, and its transposition in human cells[J]. *Cell*, 1997, 91(4): 501–510.
- [20] AHN S J, KIM M S, JANG J H, et al. MMTS, a New Subfamily of *Tc1-like* Transposons [J]. *Molecular Cell*, 2008, 26(4): 387–395.
- [21] MISKEY C, IZSVAK Z, PLASTERK R H, et al. The frog prince: a reconstructed transposon from *Rana pipiens* with high transpositional activity in vertebrate cells[J]. *Nucleic Acids Research*, 2003, 31(23): 6873–6881.
- [22] GRZEBELUS D, GLADYSZ M, MACKO-PODGORNI A, et al. Population dynamics of miniature inverted-repeat transposable elements (MITEs) in *Medicago truncatula*[J]. *Gene*, 2009, 448(2): 214–220.
- [23] SASAKURA Y, AWAZU S, CHIBA S, et al. Application of Minos, one of the *Tc1/mariner* superfamily transposable elements, to ascidian embryos as a tool for insertional mutagenesis[J]. *Gene*, 2003, 308: 11–20.
- [24] FINNEGAN D J. Transposable elements in eukaryotes[M]. *International Review of Cytology*, 1985.
- [25] JIANG X Y, DU X D, TIAN Y M, et al. Goldfish transposase *Tgf2* presumably from recent horizontal transfer is active[J]. *FASEB J*, 2012, 26(7): 2743–2752.
- [26] PACE J K, GILBERT C, CLARK M S, et al. Repeated horizontal transfer of a DNA transposon in mammals and other tetrapods [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2008, 105(44): 17023–17028.
- [27] KURAKU S, QIU H, MEYER M. Horizontal transfers of *Tc1* elements between teleost Fishes and their vertebrate parasites, lampreys[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2012, 4(9): 929–936.

Evolution analysis of *Tc1-like* transposon in *Salmo trutta fario* genome

GUO Xiu-ming, LI Fu-gui, JIANG Xia-yun, ZOU Shu-ming

(Key Laboratory of Freshwater Aquatic Genetic Resources, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China)

Abstract: Based on the terminal inverted repeats of *Tc1-like* superfamily transposons from fish, a single primer was designed to amplify similar transposon in genome of *Salmo trutta fario* Linnaeus. Two *Tc1-like* transposons sequences were amplified. The sequencing results showed that the length of the obtained fragments were 1 607 bp and 1 473 bp, named *Tbt1* and *Tbt2*. Sequence analysis showed that there was a 196 nt and a 225 nt inverted terminal repeats (ITR) at the ends of *Salmo trutta fario Tbt1*, respectively. Two 12 nt Sub-terminal inverted repeats (SIR) were found among the left and right ITR. In contrast, *Salmo trutta fario Tbt2* transposon had a 32 nt and 31 nt short ITRs, and the left and right ITRs each contained only one 12 nt of SIR. During evolutionary process, 4 and 9 stop codon mutations had been accumulated among transposase coding region in *Salmo trutta fario Tbt1* and *Tbt2*, respectively, which led both transposons to lose their capacity to produce transposases. The *Salmo trutta fario Tbt2* had a sequence similarity less than 30% to other salmon *Tc1-like* transposons, while there had a sequence identity as high as 98% to goldfish *Tca2* transposon. This indicates that this transposon is very likely originated in the horizontal gene transfer mode.

Key words: *Salmo trutta fario* Linnaeus; *Tc1-like* transposable element; sequence analysis