

DOI: 10.3724/SP.J.1118.2011.01392

鲤基因组中 1 个新 Tc1 类转座子的发现与鉴定

王全乐^{1,2}, 冀培丰¹, 徐鹏¹, 孙效文¹

1. 中国水产科学研究院 生物技术研究中心, 北京 100141;

2. 上海海洋大学 水产与生命学院, 上海 201306

摘要: 在鲤(*Cyprinus carpio*)基因组中鉴别出一个新的具有潜在转座活性的 Tc1 类转座子, 并命名为 CCTN 转座子(*Cyprinus carpio* Transposon, CCTN)。CCTN 转座子全长 1 611 bp, 由两端约 214 bp 的反向重复序列(Inverted Repeat, IR)和中间不间断的 996 bp 的转座酶开放阅读框(Open Reading Frame, ORF)组成。CCTN 转座子推测的转座酶序列中存在完整的 DD(34)E 结构域, 此结构域是 Tc1 类转座酶作用的必需位点之一。采用实时荧光定量 PCR 评估 CCTN 转座子在鲤基因组中的拷贝数约为 2.28×10^3 , 占全基因组的 0.21%。分子系统学研究表明, CCTN 转座子是一个新的鱼类 Tc1 类转座子, 其与斑马鱼(*Danio rerio*)Tzf-28、大西洋鲑(*Salmo salar*)SALT1 和鲈(*Pleuronectes platessa*)PPTN2 等 Tc1 类转座子亲缘关系较近。

关键词: Tc1; 转座子; 鲤; 拷贝数; 重复序列

中图分类号: S917

文献标志码: A

文章编号: 1005-8737-(2011)06-1392-07

转座子(transposon)又称为跳跃基因, 是一类在原核生物和真核生物基因组中都广泛分布的可移动 DNA 元件。它们通过在基因组内的剪切和插入, 引起靶位点处 DNA 的缺失、重复或倒位重排, 致使插入处发生基因突变或相邻基因表达活性改变, 是导致基因组遗传不稳定性主要内在因素之一, 也是构成生物体生长、发育和遗传的重要调节因子^[1]。Barbara McClintock 1951 年在玉米(*Zea mays*)基因组中首次发现转座子, 此后在病毒、细菌、昆虫、哺乳动物以及人类基因组中都发现了此类元件^[2]。根据转座机制, 转座子可以分为两大类: 一类转座子又称为反转录转座子(retrotransposon), 由 RNA 介导进行复制性转座, 目前共发现长末端重复反转录转座子(long terminal repeat retrotransposon)、长散在重复序列(long interspersed nuclear element, LINE)和短散在

重复序列(short interspersed nuclear element, SINE) 3 类反转录转座子; 另一类转座子又称为 DNA 转座子(DNA Transposon), 由 DNA 介导进行复制性或直接切除 2 种方式转座, DNA 转座子依据序列特征分为 hAT、CACTA、Tc1/mariner、P、piggyBac、Mutator、PIF/Harbinger、Transib 和 Merlin9 个家族^[3]。根据转座自主性, 转座子又可以分为自主转座子和非自主转座子。前者能够编码转座酶进行转座, 而后者不能编码转座酶, 需要在同家族自主转座子存在时才能进行转座。

Tc1 转座子是 Tc1/mariner 超家族成员, 属于一类转座子。Tc1 转座子由 Robertson 研究线虫(*Caenorhabditis elegans*)基因组时发现, 长度约为 1.6 kb, 两端带有 54 bp 的反向重复序列, 中间序列编码转座酶^[1]。Tc1 类转座子在自然界中分布十分广泛, 目前已经在线形动物、扁形动物、节肢

收稿日期: 2010-12-08; 修订日期: 2011-03-17.

基金项目: 国家 863 计划项目(2009AA10Z105); 农业部公益性行业科研专项项目(200903045); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金项目(2009B002).

作者简介: 王全乐(1987-), 男, 硕士研究生, 主要从事鱼类遗传学研究. E-mail: okok_545@163.com

通信作者: 徐鹏, 副研究员. E-mail: xupeng@cafs.ac.cn

动物、脊索动物甚至真菌基因组中都发现了此类转座子。Tc1 类转座子因其自主转座和转座后能够引起突变的特性, 已被应用在转基因载体构建和分离未知基因等研究^[4]。但在高等动物中发现的 Tc1 类转座子大部分存在缺陷而失去转座活性, 其转座酶开放阅读框中存在突变、移码、插入、缺失或终止密码子^[5]。

Tc1 类转座子在硬骨鱼类基因组中占有较高的比例^[6-7], 对其进行系统而深入的解析有利于了解基因组的组成和结构。研究转座子的分子进化, 开发转座子介导的转基因工具, 对于全基因组测序和装配策略的制定也具有重要的指导意义。鲤隶属于辐鳍鱼亚纲、鲤形目、鲤科, 是中国最重要的淡水养殖鱼类之一, 中国水产科研工作者十几年来围绕鲤分子遗传学和分子育种学做了大量工作^[8-9], 并启动了“鲤基因组计划”, 对鲤基因组资源进行系统而全面的开发。本研究对鲤基因组中的 DNA 转座子进行探索性发掘, 发现了一个新的具有潜在转座活性的 Tc1 类转座子, 同时预测了其在鲤基因组中的拷贝数, 为目前正在开展的各项鲤基因组学研究提供必要的基础信息。

1 材料和方法

1.1 材料采集和 DNA 提取

实验用鲤采于中国水产科学研究院黑龙江水产研究所, 暂养于中国水产科学研究院生物技术研究中心。剪取新鲜的胸鳍条, 酚-氯仿法抽提基因组 DNA 并纯化^[10]。使用紫外分光光度计结合 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 浓度和质量。

1.2 限制性内切酶酶切分析

分别使用限制性内切酶(*Apa* I、*Bam* H I、*Eco* R I、*Hinc* II、*Nco* I、*Nde* I、*Not* I)对鲤基因组 DNA 进行单酶切, 20 μ L 的酶切反应体系包括: 20 U 限制性内切酶、2.0 μ L 10 $\times$ buffer、5.0 μ g 鲤基因组 DNA, 37 $^{\circ}$ C 水浴 5 h。酶切产物经 1.5% 琼脂糖凝胶电泳, 溴化乙锭(EB)染色后在紫外灯下观察。

1.3 酶切片段克隆和测序分析

酶切产物经 1.5% 琼脂糖凝胶电泳检测, 紫外灯下切胶、回收和纯化(Promega 试剂盒)。纯化产

物与 pGEM-3Zf(+)载体(Promega 试剂盒)连接后, 热击法转化感受态大肠杆菌 DH5 α , 氨苄青霉素培养基培养, 挑取白色单菌落, 碱裂解法提取质粒。PCR 检测筛选阳性克隆进行测序(ABI 3130 XL)。序列同源性分析采用 NCBI 数据库的 BLAST 程序, 氨基酸序列预测和结构分析采用 ExPASy 和 Signal 3.0 server 软件, 重复序列发掘和分析采用 RepeatMasker 程序。

1.4 反向重复引物设计和 PCR 扩增

根据序列的 5' 端非编码区域(untranslated region, UTR), 使用 Primer 5.0 软件设计 1 条 19 bp 的寡核苷酸反向重复序列(inverted repeat, IR)引物 CCTN-IR: 5'-AATTACATGTGTGTCGTGG-3', 由上海英俊生物有限公司合成。PCR 体系(10 $\times$ buffer, dNTPs, MgCl₂, *Taq* DNA 聚合酶)试剂购于上海生工工程技术有限公司。

15 μ L 的 IR 引物 PCR 反应体系包括: 200 ng 鲤基因组 DNA, 1.5 μ L 10 $\times$ buffer, 0.2 mmol/L dNTPs, 1.0 U *Taq* DNA 聚合酶, 2.0 mmol/L MgCl₂, 0.2 μ mol/L 引物 CCTN-IR。PCR 反应程序: 94 $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 循环程序为 94 $^{\circ}$ C 变性 30 s, 52 $^{\circ}$ C 复性 30 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 3 min, 30 个循环; 最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min; 4 $^{\circ}$ C 保温。1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 反应扩增产物, 溴化乙锭染色后在紫外灯下观察、切胶, 回收和纯化片段。

1.5 CCTN 转座子全序列获取和信息学分析

纯化产物与 pMD18-T 载体(Takara 试剂盒)连接后, 热击法转化感受态细胞大肠杆菌 DH5 α , 氨苄青霉素培养基培养, 挑取白色单菌落, 碱裂解法提取质粒, PCR 检测筛选阳性克隆进行测序和制备 CCTN 转座子质粒标准样品。

使用 BioEdit 软件进行 DNA 和蛋白质序列编辑分析, CLUSTAL W 程序进行序列比较, BLAST 程序进行同源性检索, ExPASy 软件预测信号肽和结构域。

1.6 分子系统学分析

通过 BLAST 比对分析调取与 CCTN 转座子核苷酸序列相似度较高的其他物种 Tc1 类转座子序列, 使用软件 MEGA 4.0 采用邻位相连法

(neighbor-joining)构建系统进化树,采用自展内部分枝法(bootstrapping)评定进化树的可靠性,重复次数为 1 000^[11]。

1.7 CCTN 转座子拷贝数评估

采用实时荧光定量 PCR(real-time quantitative PCR, qRT-PCR)评估 CCTN 转座子在鲤基因组中的拷贝数^[13]。根据 CCTN 转座子 5'端反向重复序列和转座酶开放阅读框之间片段的序列,设计 1 对 20 bp 寡核苷酸引物(CCTN-F: 5'-TAACTTAGG TGCTGTCCATT-3', CCTN-R: 5'-GGTGTGTGGCT TTCCTAATC-3'),由上海英俊生物有限公司合成。

鲤基因组 DNA 进行 10 倍系列稀释(1.03×10^8 、 1.03×10^7 、 1.03×10^6 、 1.03×10^5 、 1.03×10^4 拷贝/mL), CCTN 转座子质粒标准样品进行 10 倍系列稀释(2.35×10^{13} 、 2.35×10^{12} 、 2.35×10^{11} 、 2.35×10^{10} 、 2.35×10^9 拷贝/mL)。15 μ L 的 qRT-PCR 反应体系包括:7.5 μ L 2 $\times$ SYBR Green I, 1 μ L DNA 模板, 0.1 μ mol/L 引物 CCTN-F, 0.1 μ mol/L 引物 CCTN-R。qRT-PCR 反应程序: 95 $^{\circ}$ C 预变性 10 min; 95 $^{\circ}$ C 变性 15 s, 60 $^{\circ}$ C 复性和延伸 1 min, 40 个循环。平行实验重复 3 次,所有样品检测均设置阴性对照(无模板)以排除假阳性结果。

2 结果与分析

2.1 限制性内切酶酶切结果

限制性内切酶 *Hinc* II 对鲤基因组 DNA 进行单酶切后显示出较明显的条带,说明在鲤基因组中含有带有 *Hinc* II 酶切位点的重复序列单元(图 1)。对酶切产物进行切胶、回收、克隆、测序后进行序列分析,结果表明该序列预测的氨基酸序列与鳐(CAB51372)Tc1 类转座酶同源,序列 5'端是一段非编码区域。使用 RepeatMasker 程序分析序列,发现其与斑马鱼(U51227)Tc1 类转座子同源。根据上述分析结果,认为 5'端非编码区域可能是鲤 Tc1 类转座子的反向重复序列,可以用于设计反向重复序列单引物。

2.2 在鲤中分离得到新的 Tc1 类转座子

以鲤基因组 DNA 为模板,IR 单引物 PCR 反应扩增得到 9 条特异性片段,使用 CLUSTAL W

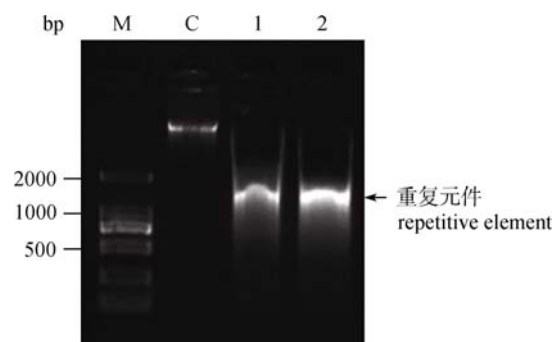


图 1 限制性内切酶 *Hinc* II 酶切鲤基因组 DNA 产物的电泳图

M: DL2000 分子量标准; C: 鲤基因组 DNA 对照;
1, 2: 酶切产物。

Fig. 1 Digested genomic DNA by restriction enzyme *Hinc* II
M: DL2000 molecular standard; C: genomic DNA control;
1, 2: completely digested genomic DNA.

程序对 9 条序列进行比对分析,拼接得到完整的鲤 CCTN 转座子(Access. no. HQ677837)。CCTN 转座子全长 1 611 bp,由两端约 214 bp 的反向重复序列和中间 996 bp 的转座酶开放阅读框组成。

根据 CCTN 转座子推测的转座酶序列 C 端含有完整的 DD(34)E 结构域,此结构域含有 2 个天冬氨酸残基(D,D),二者相距 90 个氨基酸以上,在与第 2 个天冬氨酸相距 34 个氨基酸处有 1 个谷氨酸残基(E)。DD(34)E 结构域是 Tc1 类转座酶作用的必需位点之一,也是二价金属离子的结合位点^[13]。利用 ExPASy 软件在 CCTN 转座子中发现与转录相关的 CAAT 盒、TATA 盒和典型的 polyA 加尾信号 AATAAA 盒等结构域^[14](图 2)。

2.3 分子系统学分析

通过 BLAST 程序分析发现,由 CCTN 转座子序列推测的转座酶与鳐(CAB51372)、虹鳟(BAF 37936)、大西洋鲑(ACM09793)和豹蛙(*Rana pipiens*) (AAP49009)Tc1 类转座子转座酶同源性分别为 65%、61%、55%和 52%。但在核苷酸水平上同源性较低,可能是序列中存在简并密码子和沉默突变。CCTN 转座子与其他物种的 Tc1 类转座子构建分子系统树(图 3),结果表明 CCTN 转座子可能和斑马鱼 Tzf-28 转座子和大西洋鲑 SALT1 转座子同属于一个 Tc1 转座子亚家族。

ATACAGTGGGTATGTAAAGTATTCAAACCCCTTAAATTTTTCACTGTTATATACTGCAGCCA
TTTGCTAAATCATTTAAGTTATTTTTCCCTCAATGACACACAGCACCCCATATTGACA
GAAAAACACAATTGTTGACATTTTGCAGATTTATTAAAAAAGAAAACTGAAATGTCACA
TGGTCCTAAGTATTCAGACCCCTTGCTGTGACACTCATATATTTAACTCAGGTGCTGTCCATT
 TCTTCTGATCATCCTTGAGATGGTTCTACACCTTCATTGAGTCCAGCTGTGTTGATTATAC
 TGATTGGACTTGATTAGGAAAAGCCACACCTGTGTATATAAGACCTTACAGCTCACAGTGC
 ATGTCAGAGCAAATGAGAATCATGAGGTCAAAGGAAGTGCCTGAAGAGCTCAGAGACAGA
 M R S K E L P E E L R D R
 ATTGTGGCAAGGCACAGATCTGGCCAAGGTTACAAAAAATTTCTGCTGCACTTAAGGTT
 I V A R H R S G Q G Y K K I S A A L K V
 CCTAAGAGCACAGTGGCCTCCATAATCCTTAAATGGAAGACGTTTGGGATGACCAAGAAC
 P K S T V A S I I L K W K T F G M T R T
 CTTCTAGAGCTGGCCGTCTGGCCAACTGAGCTATCGGGGAGAAAGAGCCTGGTGAGA
 L P R A G R L A K L S Y R G R R A L V R
 GAGGTAAAGAAGAACCCAAAGATCACTGTGGCTGAGCTCCAGAGATGCAGTCGGGAGATG
 E V K K N P K I T V A E L Q R C S R E M
 GGAGAAAGTTGTAGAAAGTCAACCATCACTGCAGCCCTCCACCAGTCGGGGCTTTATGGC
 G E S C R K S T I T A A L H Q S G L Y G
 AGAGTGGCCCGACGGAAGCCTCTCCTCAGTGCAAGACACATGAAAGCCCGCATGGAGTTT
 R V A R R K P L L S A R H M K A R M E F
 GCTAAAAACAGAGAAATAAGATTCTCTGGTCTGATGAGACCAAGATAGAACTTTTGGC
 A K K Q R N K I L W S D E T K I E L F G
 CTTAATTCTAAGCGGTATGTGTGGAGAAAACAGGCACTGCTCATCACCTGTCCAATACA
 L N S K R Y V W R K P G T A H H L S N T
 GTCCCAACAGTGAAGCATGGTGGTGGCAGCATCATGCTGTGGGGGTGTTTTCAGCTGCA
 V P T V K H G G G S I M L W G C F S A A
 GGGACAGGACGACTGGTTGCAATCAGGGAAAGATGAATGCGCCAAGTACAGGGATATC
 G T G R L V A I E G K M N A A K Y R D I
 CTGGACGAAAACCTTCTCCAGAGTGCTCAGGACCTCAGACTGGGCCGAAGGTTACCTTC
 L D E N L L Q S A Q D L R L G R R F T F
 CAACAAGACAATGACCCTAAGCACACAGCTAAAATAACGAAGGAGTGGCTTCACAACAAC
 Q Q D N D P K H T A K I T K E W L H N N
 TCTGTGACTGTTCTGAATGGCCAGCCAGAGCCCTGACTTAAACCAATTGAGCACTC
 S V T V L E W P S Q S P D L N P I E H L
 TGGAGAGACCTGAAAATGGCTGTCCACCAACGTTTACCATCCAACTGACAGAAGTGGAG
 W R D L K M A V H Q R L P S N L T E L E
 AGGATCTGCAAGGAGGAATGGCAGAGGATCCCAATCCAGGTGTGAAAACTTGTGCA
 R I C K E E W Q R I P K S R C E K L V A
 TCTTTCCAAAAAGACTCATGGCTGTATTAGATCAAAAGGGTGCTTCTACTAAATACTGAGC
 S F P K R L M A V L D Q K G A S T K Y *
AAAGGGTCTGAATACCTTAGGACCATGATATTTCAGTTTTCTTTTAATAAATGTGCAAAAA
TGTCAACAATTCTGTGTTTCTGTCAATATGGGGTGCTGTGTGTACATTAATGAGGAAAAA
AAATGAACCTGAATGATTTTAGCAATGGCTGCAATATAACAGAGTGAAAAATTTAAGGGG
GTCTGAATACTTTCCGTACCCACTGTAT

图 2 CCTN 转座子全序列及推测的转座酶氨基酸序列

序列两端是反向重复序列, 以单下划线标出; DD(34)E 结构域以阴影表示; 终止密码子以星号表示; CAAT 盒、TATA 盒和 AATAAA 盒分别用方框标出。

Fig. 2 Sequence of CCTN transposon and transposase

The inverted repeats at the beginning and end of the sequence were underlined; DD(34)E motif was shaded; the stop codon was marked with asterisk; CAAT box, TATA box and AATAAA box were marked with open frame.

2.4 CCTN 转座子在鲤基因组中的拷贝数

为了评估 CCTN 转座子在鲤基因组中的拷贝数, 采用实时荧光定量 PCR 和绝对定量方法进行

分析。将鲤基因组 DNA 和 CCTN 转座子质粒标准样品进行 10 倍系列稀释, 选取其中 5 个浓度梯度进行实时荧光定量 PCR。绝对定量标准曲线中

子家族, 占大西洋鲑基因组 6%~10%^[7], 在斑点叉尾鲷(*Ictalurus punctatus*)中约有 4.2%的 Tc1 类转座子^[6]。最新的基于约 8 万条鲤 BAC 文库末端序列的全基因组结构调查发现, Tc1 类的转座子约占鲤基因组的 1.7%, 仅次于 hobo-Activator 类(约 2.3%), 尽管仍然有不少此类转座子未能被挖掘出来, 但是这个比例足以表明 Tc1 类转座子确实需要进行深入的研究。基因组中重复序列的类型、比例和重复单元的长度等信息对于基因组学研究具有重要指导意义, 随着鲤基因组研究的深入开展, 尤其是在鲤全基因组测序计划启动后, 了解鲤重复序列, 尤其是 Tc1 类等占基因组比例较高的 DNA 转座子的信息, 显得越来越紧迫和必要。

重复序列单引物 PCR 反应扩增和克隆测序获得 9 条具有单核苷酸多态性和 InDel 多态性的 CCTN 序列, 表明该转座子经历了较长时间的进化, 导致其在鲤基因组中的不同拷贝之间具有较高的序列多态性。系统学分析表明, CCTN 转座子与鳮 PPTN 类转座子、斑马鱼 Tzf-28 转座子和大西洋鲑 SALT1 转座子具有较近的亲缘关系, 提示 CCTN 转座子可能和它们同属于一个 Tc1 转座子亚家族。CCTN 转座子具有完整的 DD(34)E 结构域, 而完整的 DD(34)E 结构域是 Tc1 类转座子转座酶的特征结构, 若此结构发生突变, 转座酶就会完全失去转座活性^[14]。这些结果提示 CCTN 是一个具有潜在转座活性的 Tc1 类转座子, 可以应用于转座子介导的转基因元件的构建。

总之, 本研究通过限制性内切酶分析这一最常规的研究手段, 从鲤基因组中发掘获取了一类 Tc1 类转座子并将其命名为 CCTN 转座子, 序列分析显示 CCTN 转座子属于 Tc1 类 IR/DR 组转座子。采用实时荧光定量 PCR 和绝对定量曲线法对 CCTN 转座子在鲤基因组中的拷贝数进行了分析, 其在鲤基因组中约有 2 000 多个拷贝, 占全基因组序列的 0.21%。这些结果对于制定鲤基因组测序和装配策略、开发转基因元件等研究均具有重要的意义。

参考文献:

- [1] Robertson H M, Lampe D J. Distribution of transposable elements in arthropods[J]. Annu Rev Entomol, 1995, 40(1): 333-357.
- [2] Schouten G J, Van Luenen H G A M, Verra N C V, et al. Transposon Tc1 of the nematode *Caenorhabditis elegans* jumps in human cells[J]. Nucl Acids Res, 1998, 26(12): 3013-3017.
- [3] Ahn S J, Kim M S, Jang J H, et al. MMTS, a new subfamily of Tc1-like transposons[J]. Mol Cells, 2008, 26(4): 387-395.
- [4] Harris J W, Strong D D, Amoui M, et al. Construction of a Tc1-like transposon Sleeping Beauty-based gene transfer plasmid vector for generation of stable transgenic mammalian cell clones[J]. Anal Biochem, 2002, 310(1): 15-26.
- [5] 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.
- [6] Nandi S, Peatman E, Xu P, et al. Repeat structure of the catfish genome: a genomic and transcriptomic assessment of Tc1-like transposon elements in channel catfish (*Ictalurus punctatus*)[J]. Genetica, 2007, 131(1): 81-90.
- [7] Davidson W S, Koop B F, Jones S J M, et al. Sequencing the genome of the Atlantic salmon (*Salmo salar*)[J]. Genom Biol, 2010, 11(9): 403-410.
- [8] Sun X, Liang L. A genetic linkage map of common carp (*Cyprinus carpio* L.) and mapping of a locus associated with cold tolerance[J]. Aquaculture, 2004, 238(1-4): 165-172.
- [9] Li D, Kang D, Yin Q, et al. Microsatellite DNA marker analysis of genetic diversity in wild common carp (*Cyprinus carpio* L.) populations[J]. J Genet Genom, 2007, 34(11): 984-993.
- [10] Sambrook J, Russell D W. Molecular cloning: a laboratory manual[M]. New York: Cold Spr Harb Lab Press, 2001.
- [11] Tamura K, Dudley J, Nei M, et al. MEGA4: molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0[J]. Mol Biol Evol, 2007, 24(8): 1596-1599.
- [12] Heid C A, Stevens J, Livak K J, et al. Real time quantitative PCR[J]. Genome Res, 1996, 6(10): 986-994.
- [13] Shao H, Tu Z. Expanding the diversity of the IS630-Tc1-mariner superfamily: discovery of a unique DD37E transposon and reclassification of the DD37D and DD39D transposons[J]. Genetics, 2001, 159(3): 1103-1115.
- [14] Mantovani R. A survey of 178 NF-Y binding CCAAT boxes[J]. Nucl Acids Res, 1998, 26(5): 1135-1143.

Identification and characterization of a novel Tc1-like transposon in the *Cyprinus carpio* genome

WANG Quanle^{1,2}, JI Peifeng¹, XU Peng¹, SUN Xiaowen¹

1. Centre for Applied Aquatic Genomics, Chinese Academy of Fishery Sciences, Beijing 100141, China;

2. College of Fishery and Life Sciences, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China

Abstract: Tc1-like transposons are widely distributed within the genome of animal species. We identified a novel Tc1-like transposable element (CCTN) in the genome of common carp, *Cyprinus carpio*. CCTN is 1 611 bp in length, containing an inverted terminal repeat (214 bp) and a Tc1-like transposase gene (996 bp). The deduced amino acid sequence of CCTN transposase contains a DD(34)E motif, which is essential for the catalytic function of Tc1-like transposase. We used real-time quantitative PCR to measure the copy number of the CCTN transposons in the *C. carpio* genome and estimated there were $\sim 2.28 \times 10^3$ copies. Phylogenetic analysis suggested that CCTN transposons belong in the same Tc1 family as Tzf-28 of *Danio rerio*, SALT1 of *Salmo salar*, and PPTN2 of *Pleuronectes platessa*. Our results provide further insight into the genome of *C. carpio*.

Key words: Tc1; transposon; *Cyprinus carpio*; copy number; repetitive elements

Corresponding author: XU Peng. E-mail: xupeng@cafs.ac.cn

欢迎订阅 2012 年《齐鲁渔业》(月刊)

《齐鲁渔业》1984 年创刊,为海洋与水产科技期刊,邮发代号 24-78。国际国内统一刊号:ISSN1001-151X CN37-1017/S。办刊宗旨:面向科技,面向生产,指导海洋与渔业工作,促进海洋与渔业科技进步,为振兴海洋与渔业、为“海上山东”建设和全国渔业生产服务。

主要栏目:试验研究、实用技术、综合论述、知识之窗、信息集粹,内容涵盖名特优水产、无公害养殖、海淡水增养殖、苗种培育、病害防治、饲料肥料、捕捞技术、保鲜加工、渔船渔机、资源环境、科技推广、渔业经济、远洋渔业等既发表海洋与渔业学科前沿课题报告,注重首报性,又报道最新实用性养殖技术。

《齐鲁渔业》是中国水产类核心期刊,是联合国水科学和渔业情报系统(ASFIS)和《水科学与渔业文摘》(ASFA)长期固定收录刊物,并被国内数家检索性期刊收录。

《齐鲁渔业》为月刊,大 16 开 60 页,每期定价 4.00 元,全年定价 48.00 元。国内外公开发行人,欢迎到当地邮局订阅(邮局服务热线 11185)。也可向本社直接订阅,请勿忘邮编和详细地址。

地址:烟台市经济技术开发区长江路 216 号山东海洋科技大厦 10 楼,邮编:264006

电话:(0535)6958901, 6958905 传真:(0535)6958900, 6958902

电子信箱:qiluyuye@126.com 联系人:王治宇 陈建涛