文章编号:1000-0615(2012)02-0180-11

DOI:10.3724/SP. J. 1231.2012.27756

鲤 WISP 基因家族的克隆、表达及系统进化树的构建

孙 $\dot{p}^{1,2}$, 刘 $\dot{f}^{1,3}$, 徐 \dot{p}^{1} , 孙效文 $\dot{\chi}^{1*}$ (1.中国水产科学研究院水产生物应用基因组研究中心,北京 100141;

2. 上海海洋大学水产与生命学院,上海 201306;

3. 大连海洋大学生命科学与技术学院,辽宁 大连 116023)

摘要: Wntl 诱导分泌蛋白(WISP)基因家族与 CYR61、CTGF、NOV 基因共同构成了 CCN 家族。研究通过鲤基因组序列与斑马鱼 WISP 基因编码区全序列的比对获得 WISP1a、WISP1b、WISP2、和 WISP3 等 4 条序列。经过克隆、测序、比对拼接得到其开放阅读框,分别是 1 089、1 077、1 038 和 1 026 bp,它们都是由 5 个外显子和 4 个内含子构成,分别编码 362、358、345 和 341 个氨基酸。分子系统学分析表明,鲤 4 个 WISP 基因具有高度同源性,其中 WISP1a、WISP1b 和 WISP2 均含有 4 个模块,WISP3 缺少第 2 个模块。通过 RT-PCR 检测 WISP 基因在 鲤组织中的表达,结果表明,WISP1a 鲤在 13 个组织中均有表达,皮肤中表达最高,脾、肠、卵巢次之,其他组织中表达较低。 WISP1b 在精巢、脑、皮肤、卵巢中表达较高。 WISP2 在血液、鳃中表达较高。 WISP3 在血液、鳃中表达较高。 SPP 基因在 鲤胚 胎发育时期的表达,结果表明,除 WISP3 外,WISP1a、WISP1b 和 WISP2 在前期表达较高,36 h表达最低,随后逐渐升高至第 6 天开始下降。

关键词: 鲤; Wntl 诱导分泌蛋白; 克隆; 基因; 表达

中图分类号: Q 785; S 917.4 文献标志码:A

鲤科鱼类是世界上水产养殖生产中最重要的 鱼类之一,鲤(Cyprinus carpio)蛋白含量高,脂肪 多为不饱和脂肪酸,是中国淡水养殖的重要品种 之一。关于鲤的生长发育目前有广泛研究,而 CCN 家族生物学功能广泛,可通过与其他信号分 子如生长因子受体间的串话,促进细胞生长、粘 附、迁移,诱导细胞凋亡及胞外基质的产生,参与 胚胎发育、血管生成、创伤修复、肿瘤生长等多种 生物学过程,对鲤的生长发育具有重要作用。该 家族包括结缔生长因子(connective tissue growth factor, CTGF)、Cyr61(cysteine-rich 61)、肾母细胞 瘤过度表达基因 (nephroblastoma overexpressed gene, nov) WISP1 (Wnt-1 induced secreted protein 1 或称 elml)、WISP2(或 Rcop-1)和 WISP3^[1-3], 由于 CTGF、Cyr61 和 nov 是这个家族的最初成 员,因此称这个家族为 CCN 家族。CCN 家族成 员的翻译产物是含 343~381 个氨基酸残基、相对分子质量为 35~40 ku 的分泌蛋白,这些蛋白都含有 38 个保守的半胱氨酸,均包含 4 个保守结构域(domain):1)类胰岛素生长因子结合结构域(IGFBPs);2) C型冯·维勒布兰德氏病结构域(vWC);3)血小板反应蛋白-1结构域(TSP1);4)富含半胱氨酸的羧基端结构域(CT)。不过WISP2和WISP3例外,WISP2没有C末端模块且只有 28 个半胱氨酸,WISP3通常在模块 2 上缺 4个半胱氨酸。

WISP 基因作为 CCN 家族成员,参与调节不同的发育过程,如控制细胞增殖、粘附,细胞极性以及确定细胞命运^[4-5],是骨生长发育和形态发生重要的调控因子之一^[6-7]。但 WISP 基因在鲤生长发育过程中的表达规律及在骨的形成和形态发生中的调控作用还未见报道。本研究以鲤为研

收稿日期:2011-10-02 修回日期:2011-11-08

资助项目:国家"八六三"高技术研究发展计划(2011AA100401);公益性行业(农业)科研专项项目(200903045)

通讯作者:孙效文,E-mail:sunxw2002@163.com

究对象,克隆了 WISP 基因,并利用半定量 RT-PCR 和实时荧光定量 PCR 检测其在不同组织和胚胎发育时期的表达差异,为进一步研究 WISP 基因对鱼类生长发育特别是在骨骼生长和胚胎发育中的作用提供基础。

1 材料与方法

1.1 材料

实验用鲤取自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水产生物应用基因组研究中心。剪取新鲜鲤各组织(血液、脑、肝、脾、头肾、体肾、肠、鳃、心脏、皮肤、肌肉、卵巢和精巢)分别保存于 RNAsafeguard,储存在 -80 ℃冰箱里。

1.2 RNA 的提取与 cDNA 的合成

用TRIZOL 试剂盒(invitrogen,USA)分别提取血液、脑、肝、脾、头肾、体肾、肠、鳃、心脏、皮肤、肌肉、卵巢和精巢的总 RNA,并用无核苷酸水处理。反转录为 cDNA 之前用 NanoVue Plus Spectrophotometer (GE Healthcare Life Sciences, Piscataway,NJ,USA)检测 RNA 的含量并用1.5%琼脂糖胶检测其完整性。每个组织取3 μg RNA 先用 DNase I (amplification grade, Invitrogen)前处理去掉其中的 DNA,再用反转录试剂盒[引物为 Oligo(dT)]合成 cDNA 第一条链,最后用 RNase 去掉剩余 RNA。cDNA 样品均用无核苷酸(DEPC)水稀释 10 倍备用。

1.3 WISP 基因在鲤中的克隆、测序与进化树的 构建

利用斑马鱼 WISP1a、WISP1b、WISP2、WISP3 基因序列与鲤 EST 以及基因组序列进行 BLASTN 比对得到鲤 WISP1a、WISP1b、WISP2、 WISP3 基因序列。利用包括各个组织的全鱼 RNA(3 μg) 反转录得到全鱼 cDNA,用 Primer 5.0设计扩增 WISP1a、WISP1b、WISP2、WISP3 基 因的引物 Wisp1a 2F、Wisp1a 2R、Wisp1b 3F、 Wisp1b 3R、Wisp2 4F、Wisp2 1RR、Wisp3h F1、 Wisp3h 1R(表1),设计的引物要跨越至少一个内 含子,以防基因组的污染而产生假阳性现象,所有 的引物均由上海生工生物工程技术服务有限公司 合成,使用前将引物稀释至10 mm/L。扩增得到 的片段用 PMD-18T 载体[宝生物工程(大连)有 限公司]克隆并测序(ABI 3130xl Genetic Analyzer),测序 PCR 反应 $10~\mu$ L 体系包括 cDNA $3~\mu$ L、 $3~\mu$ mol/L 上游引物 $1~\mu$ L、Bigdye $0.5~\mu$ L、5 倍稀释的 seqbuffer $2~\mu$ L,最后补水 $3.5~\mu$ L 至终体积 $10~\mu$ L,PCR 条件为 $98~\mathrm{C}$ 预变性 $5~\mathrm{min}$,循环程序为 $95~\mathrm{C}$ 变性 $10~\mathrm{s}$, $55~\mathrm{C}$ 退火 $5~\mathrm{s}$, $60~\mathrm{C}$ 延伸 $4~\mathrm{min}$,共 $40~\mathrm{C}$ 循环,4 C 保温。通过 BLASTN 比对分析与 WISP 基因开放阅读框序列相似度较高的其他物种 WISP 基因开放阅读框序列,使用软件 MEGA $5.0~\mathrm{M}$ 建系统进化树,计算方法为邻位相连法 (Neighbor-Joining,NJ),自展内部分枝法 (Bootstrapping) 评定进化树的可靠性,重复次数为 $1~\mathrm{C}$ 000,并利用 BioEdit $7.0.1~\mathrm{S}$ 1 软件进行 WISP基因氨基酸序列的翻译和比对。

表 1 实验所设计的引物序列 Tab. 1 The primers used in the experiment

140.1	The printers used in the experiment
引物 primer	引物序列(5′-3′) primer sequence
Wispla 1F	TGCCAGAACCCACAGCGAGT
Wispla 1R	GCCGCAGGTCTTTGAGCAGG
Wisplb 1F	TGGGAGAGACCTGTAATGAG
Wisplb 1R	CCATTCACACACAGACAACG
Wisp2 1F	CGACCCTGTCAGCCTGTTCT
Wisp2 1R	GCCAGTGTGGTAAGGAGTGC
Wisp3 1F	TTGTCTGCTTCGACCATGTG
Wisp3 1R	TTTGGACTTATTGGGAACGC
Wispla 2F	CGCTGTGTAATGAGTCTCAGCC
Wispla 2R	CATTGGGGTTTTTACAGCTCAG
Wisp1b 3F	GTACCGCTGTCTGTGTGTGAAT
Wisp1b 3R	CTCATTGACCTCATAGTACTGC
Wisp2 4F	CGTGTGCTCTTCAGTGTCACTGTTC
Wisp2 1RR	ATGAATAGGGGCAGTTGTAACG
Wisp3h Fl	TACAGGGATCCTCCCTTAGC
Wisp3h 1R	AGCTACCATGAAGCACTGTG
β -actin-F	TGCAAAGCCGGATTCGCTGG
β-actin-R	AGTTGGTGACAATACCGTGC

1.4 WISP 基因在鲤各组织中的表达

采用半定量 RT-PCR^[8]的方法检测 WISP 基 因在鲤各组织的表达,用 Primer 5.0 设计引物 Wispla 2F、Wispla 2R、Wisplb 3F、Wisplb 3R、 Wisp2 4F、Wisp2 1RR、Wisp3h Fl、Wisp3h 1R 以及 β-actin-F、β-actin-R。先确定适当的循环数,使扩 增产物处在平台期前的线性增长范围内,并在 1.5% 琼脂糖凝胶上检测。基因 β -actin 与 WISP 的 PCR 反应体系为 1.0 μL 鲤 cDNA 模板, 2.0 μ L 10 × Buffer, 2. 0 μ L 0. 2 mmol/L dNTPs, 0. 1 μL 1.0 U Taq 酶,1.2 μL 2.0 mmol/L MgCl₂,1 μmol/L 引物,最后补水至终体积 20 μL。反应程 序:95 ℃预变性 5 min;循环程序为 95 ℃变性 30 s,退火30 s,72 ℃延伸30 s,(13~36 个循环);最 后 72 ℃延伸 10 min;4 ℃保温。1.5% 琼脂糖凝 胶电泳检测 PCR 扩增产物, 溴化乙锭染色后在紫 外凝胶成像仪(BIO-RAD)灯下观察、确定循环 数。根据每个目的基因所确定的循环数对目的基 因进行13个鲤组织cDNA的PCR扩增,并将扩 增产物在 1.5% 琼脂糖凝胶电泳检测。利用 SPSS 15. 0 的 单 因 素 方 差 分 析 (one way ANOVA) 差异显著性。

182

1.5 WISP 基因在鲤各发育时期的表达

研究选取了鲤受精后 0,6,18,24,36,48,72 h,孵化后3和6d的cDNA,运用实时荧光定量法 检测鲤各发育时期的表达。所用引物(Wispla 1F/1R Wisp1b 1F/1R Wisp2 1F/1R Wisp3 1F/ 1R、β-actin-F/R) 序列如表 1 所示。目的基因的 标准曲线是以全鱼 cDNA 10 倍系列(1.0×10, 1.0×10²,1.0×10³,1.0×10⁴,1.0×10⁵倍)稀释 为模板, PCR 反应体系为 1.0 μL 鲤 cDNA (200 ng/μL),0.3 μL(10 μmol/L)上下游引物混合 液,7.5 μL SYBR Green reagent(东洋纺),最后补 水至终体积 15 μL。反应程序:95 ℃ 预变性 15 min;循环程序为95 ℃变性15 s,60 ℃退火30 s, 72 ℃延伸30 s(40 个循环)。平行试验重复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。反应在实时定量 7500 PCR 仪 (Applied Biosystems)进行。每个目的基因的相 对表达以内参 β-actin 为校准,数据由 7500 PCR 仪自带的软件分析得到,数据处理采用 $2^{-\Delta\Delta C_T}$ 法^[9]。利用 SPSS 15.0 单因素方差分析进行组间 比较,P<0.05 为差异显著。

2 结果

2.1 鲤 *WISP* 基因家族全长 cDNA 序列的分析 及分子进化树的构建

利用斑马鱼 WISP 基因家族与鲤基因组进行 BLASTN 比对,并以鲤 cDNA 为模板进行克隆测 序验证,确定了4个鲤 WISP 基因,分别与斑马鱼中 WISP1a、WISP1b、WISP2 和 WISP3 基因相对应。

36 卷

WISP 基因的 cDNA 序列结构及分析 WISP1a 全长 cDNA 为 1 089 bp(图 1-a),包含起 始密码子 ATG 和终止密码子 TAA, 编码 362 个 氨基酸残基的多肽,N-末端含有22个氨基酸残基 的信号肽,与斑马鱼 WISP1a 具有 86% 的相似性, ExPASY 在线软件预测其编码的蛋白质分子量为 41.17 ku, PI 值为 8.66。鲤 WISP1b 为 1 077 bp 的cDNA序列(图 1-b)。包含起始密码子 ATG 和终止密码子 TAA, 编码 358 个氨基酸的多肽, 与斑马鱼 WISP1b 具有 90% 的相似性, 编码的蛋 白质分子量为41.04 ku,PI 为8.42。鲤 WISP2 全 长 cDNA 为 1 038 bp(图 1-c)。包含起始密码子 ATG 和终止密码子 TAA,编码 345 个氨基酸残基 的多肽,N-末端含有一个26个氨基酸残基的信号 肽,与斑马鱼 WISP2 具有 88% 的相似性,编码的 蛋白质分子量为 38.37 ku, PI 为 8.22。鲤 WISP3 全长 cDNA 为 1 026 bp(图 1-d)。包含起始密码 子 ATG 和终止密码子 TAA, 编码 341 个氨基酸 残基的多肽,N-末端含有一个20个氨基酸残基的 信号肽,与斑马鱼 WISP2 具有 89% 的相似性,编 码的蛋白质分子量为 37.9 ku, PI 为 9.10。

鲤 WISP1a、WISP1b、WISP2 及 WISP3 的氨基酸序列用 SMART 在线软件分析,结果发现, WISP1a、WISP1b 和 WISP2 均含有 4 个模块(图 2-a),WISP3 除没有第 2 个模块且第 2 模块少 4 个氨基酸残基外,其他 3 个模块与WISP1a、WISP1b 和 WISP2 相同。多氨基酸序列比对显示,鲤 4 个 WISP 基因具有高度同源性(图 2-b)。

鲤 WISP 基因家族的进化树分析 鲤 4个 WISP 基因与斑马鱼、人 (Homo sapiens)、小鼠 (Mus musculus)、褐家鼠 (Rattus norvegicus)、原鸡(Gallus gallus)、沟鲶(Ictalurus punctatus)等进行 Clustal W 比对,用 MAGA 5.0 中 NJ 法进行进化树的构建确定其进化位置(图 3),哺乳动物和鱼类的 WISP 基因分别聚类在相应的群中,WISP1、WISP2、WISP3 分别聚类到各自相应的群中,鲤 WISP1a 与斑马鱼 WISP1a、沟鲶 WISP1聚在一起,鲤 WISP1b 和斑马鱼 WISP1b 聚类在一起,随后共同聚类为 WISP1群。

(a)

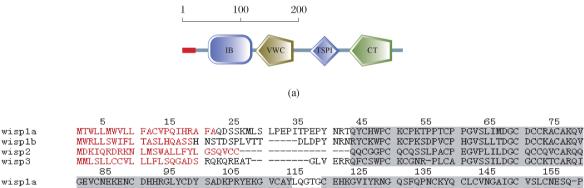
(b)

(d)

图 1 WISP1a(a)、WISP1b(b)、WISP2(c)、WISP3(d)的 ORF 序列及其所翻译的氨基酸序列

起始密码子 ATG,终止密码子用*标注。

Fig. 1 The ORF nucleotide and deduced amino acid sequences of WISP1a(a), WISP1b(b), WISP2(c), WISP3(d) respectively. The start codon(ATG) is boxed and the stop codon(TGA) is represented with an asterisk.



wrobra	THE REPORT ATTE	THOMATHAL	TIMES		14171 Q I CITILI C	1201 1211 1 101	LOADETHROC	DOCUMENTAL A
wisp1b	MWRLLSWIFL	TASLHQASSH	NSTDSPLVTT	DLDPY	NRNRYCKWPC	KCPKSDPVCP	HGVSLLTDGC	DCCKACAKQV
wisp2	MDKIQRDRKN	LMSWALLFYL	GSQVCC		QQCGGPC	QCQSSLPACP	EGVPLILDGC	QCCQVCARQQ
wisp3	MMLSLLCCVL	LLFLSQGADS	RQKQREAT	GTA	ERRQFCSWPC	KCGNR-PLCA	PGVSSILDGC	GCCKTCARQI
	85	95	105	115	125	135	145	155
wisp1a	GEVCNEKENC	DHHRGLYCDY	SADKPRYEKG	VCAYLQGTGC	EHKGVIYRNG	QSFQPNCKYQ	CLCVNGAIGC	VSLCNESQ-P
wisp1b	GETCNERDTC	DYHKGLYCDY	SADKPRYEKG	VCAYVMGTGC	EYNGVIYRNG	QSFQPNCKYR	CLCVNGAIGC	VSLCTESL-P
wisp2	GEACSELYPC	DGQRSLQCDY	SASFPG-EPG	ECVSKKELGC	EHNGVSYHEG	QVFQPSCALQ	CHCSGGGVTC	VPRCSEDVLL
wisp3	GESCNERDLC	DPHKSMYCDF	SKDQPRYEVG	VCAYMMGVGC	DLNGAHYDNG	HAFQPSPLYK	CTCIAGAIGC	TPAFIQKP
_	165	175	185	195	205	215	225	235
wisp1a	PRVWCQNPQR	VKIPGRCCEQ	WICDESRRGR	KTAPRHTMAA	LS-SVKDNWH	KNCVTQ	TTSWSPCSKT	CGRGVSLRIT
wisp1b	PRVWCQSPKR	VKIPGQCCEK	WICEESRKPR	KTNPRHAPEE	VSLTSNDIWH	KNCITQ	TTPWSPCSKT	CG RGISQRIS
wisp2	PTPDCPHPRR	VQQPGKCCKE	WVCENMDNTV	LQDAHIAGSD	QTMPADSPYQ	TSPSSNCIDQ	SAEWSACSHT	CG PGISTRVS
wisp3	AGMLSPAALQ	GRLPAG	LKSNQSPKHQ	QDTAYRAMSA	YR-DPPLAWK	KNCLVQ	TTPWSPCSRT	CG IGISVRVN
	245	255	265	275	285	295	305	315
wispla	NNNKQCQMVK	ESRLCNIRPC	KVDIAKHIKP	GKKCLNIY	REEKPHNFTI	SGCTSTNNYW	PKYCGVCIDE	RCCIPYKSKT
wisp1b	NDNAGCMMEK	ESRLCNLRPC	EVDITKHFRP	GKKCLNIY	REPEVQNFTI	SGCVSTKAYW	PKYCGVCTDE	RCCIPYKSKT
wisp2	NQNLACRLEM	QMRLCMIRPC	QPVLHRNPQW	S-RRKCQPSY	RSANPVRLFH	QGCYSTRFYR	PRYCGSCKDN	RCCTPYHTGT
wisp3	NDNSKCEMRK	ERRLCLLRPC	DKNTLKGLKM	PRGKTCRPKF	QASKEEKLSL	SGCTSVKKHR	PTYCGICTDK	RCCVPNKSKM
	325	335	345	355	365			
wisp1a	VEVDFQCPNG	SGFTWQIMWI	NACFONLSCK	NPND-IFTDL	ELYHERGEAG	N		
wisp1b	IEVEFVCPNG	SVFSWKYMWI	NACFONLSCR	NPND-IFADL	EQYYEVNEIV	N		
wisp2	ALVTFRCPGG	RLLKHAVMTI	NSCICRYNCP	YSSGRAYRET	PFWG	-		
wisp3	VNIEFHCKGG	SNVLWKMQWI	TSCVCQRKCN	DAND-MFSEL	HLI	_		
				(b)				

图 2 鲤 WISP 编码序列的结构及其氨基酸序列比对

(a) WISP 基因的 4 个模块。(b) 鲤 WISP 基因氨基酸序列的比对,WISP1a,WISP1b,WISP2,WISP3 分别含有 22、19、26、20 个氨基酸残基的信号肽(红色),WISP3 缺少第 2 个模块(绿色),且其第 2 个模块缺少 4 个氨基酸残基,蓝色为 WISP 基因第 3 模块 TPS1 的保守序列 WSXCSXTCG。

Fig. 2 The structure of WISP ORF and the Blastp result in common carp

(a) The domains of WISP: IB, VWC, TSP1 and CT domain. (b) The result of the blastp, WISP1a, WISP1b, WISP2, WISP3 had peptides with 22,19,26 and 20 amino acids respectively (red). WISP3 loosed the second domain (green) and the blue indicated that the conserved sequence of TPS1 domain was WSXCSXTCG.

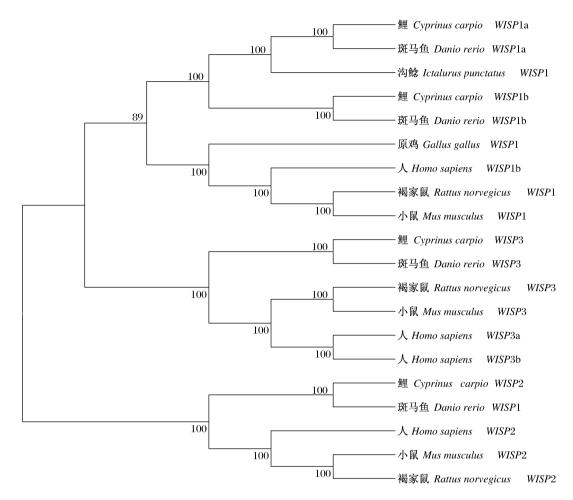


图 3 基于不同物种 WISP 基因核苷酸序列构建的分子系统树 Fig. 3 Phylogenetic tree of WISPs nucleotide sequences

WISP 基因 cDNA 序列进行 Clustal W 比对,用 MAGA 5.0 中 NJ 法进行进化树的构建,重复次数为 1 000,各物种 GenBank 登录号见表 2。

2.2 鲤 WISP 基因 mRNA 在组织中的表达

WISP 基因在组织中的表达用半定量方法检测。实验分别用 6 个不同循环数 (21、24、27、30、33、36 个循环)对目的基因进行扩增,选择适当循环数,使扩增产物处在平台期前的线性增长范围内,分析定量扩增产物用 2% 琼脂糖凝胶电泳(图4),WISP1a 在 33 个循环达到最亮,36 循环的亮度基本保持不变,说明在 33 个循环已进入平台期,最后选取 31 为 PCR 扩增循环数。同理,WISP1b 在 30 个循环进入平台期,故最后选取 29循环。WISP2、WISP3 在 33 个循环进入平台期,最后 WISP2、WISP3 选取 32 循环进行 PCR 扩增。 β-actin 在 23 个循环进入平台期,故最后选取 21 循环。

表 2 不同物种 WISP 基因 ORF 序列
Tab. 2 Nucleotide sequences of WISP used for phylogenetic tree construction and multiple sequences alignment

tree construction ar	ia marupic sc	quences unginnem
物种	基因	GenBank 登录号
species	gene	accession no.
斑马鱼 D. rerio	WISP1 a	NM_001166230.1
	WISP1b	GQ273496.1
	WISP2	NM_001199101.1
	WISP3	NM_001166231.1
沟鲶 I. punctatus	WISP1	NM_001200341.1
人 H. sapiens	WISP1	BC074841
	WISP2	NM_003881.2
	WISP3a	BC105941
	<i>WISP</i> 3b	NG_011748
褐家鼠 R. norvegicus	WISP1	NM_031716.1
	WISP2	NM_031590.1
	WISP3	NM_001170483.1
小鼠 M. musculus	WISP1	NM_018865.2
	WISP2	NM_016873.2
	WISP3	NM_001127376.1
原鸡 G. gallus	WISP1	NM_001024579.1

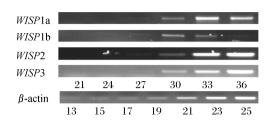
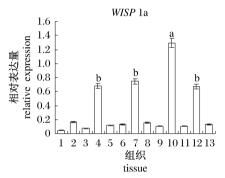


图 4 目的基因与 β -actin 循环数确定的电泳图 Fig. 4 The amplification numbers of WISP and β -actin and the figure mean the amplification numbers

图 5 为鲤 WISP 基因及 β -actin 在各组织中表达凝胶电泳结果,利用 imageJ 分析得出目的基因在各组织表达的灰度值,分别除以 β -actin在各

组织表达的灰度值,得出相对灰度值,即为目的基因相对表达量。如图 6 所示, WISP1a 在 13 个组织中均有表达,皮肤中表达最高,脾、肠、卵巢次之,在其他组织中表达较低且血液中表达最低。WISP1b 在精巢中表达最高,脑、皮肤、卵巢次之,在血液、肝、体肾、肠、等组织中表达较低或检测不到。此结果提示, WISP1 基因的两个拷贝已经分化出了空间表达差异,有可能会有一些功能上的异化。WISP2 在血液中表达最高,次之,在其他组织中表达较低或检测不到。WISP3 在血液中表达最高,脑次之,在肝、脾、头肾中表达较低,而在其他组织中检测不到或不表达。从 WISP 在血液中的表达推测其可能与骨的生长有关。



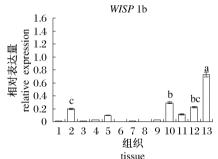


图 5 鲤 WISP 基因与 β-actin 在 13 个组织中的表达电泳图

1. 血液, 2. 脑, 3. 肝, 4. 脾, 5. 头肾, 6. 体肾7. 肠, 8. 鳃, 9. 心脏10. 皮肤, 11. 肌肉, 12. 卵巢, 13. 精巢。不同字母表示差异显著。

Fig. 5 The expression of WISP and β -actin in 13 tissues

 $1. \ cells\ , 2. \ brain\ , 3. \ liver\ , 4. \ spleen\ , 5. \ head\ kidney\ , 6. \ body\ kidney\ , 7. \ intestine\ , 8. \ gill\ , 9. \ heart\ , 10. \ skin\ , 11. \ muscle\ , 12. \ ovary\ , 13. \ testicle.$ Different letters (a, b, c et al) are significantly different (P < 0.05) among the treatments.

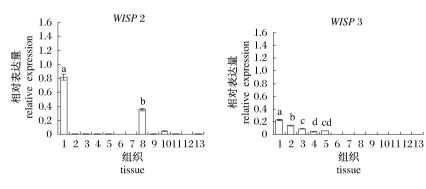


图 6 WISP 基因在各组织中的相对表达量

1. 血液, 2. 脑, 3. 肝, 4. 脾, 5. 头肾, 6. 体肾, 7. 肠, 8. 鳃, 9. 心脏, 10. 皮肤, 11. 肌肉, 12. 卵巢, 13. 精巢。不同字母表示差异显著。

Fig. 6 The relative expression of WISPs in the tissues

1. blood, 2. brain, 3. liver, 4. spleen, 5. head kidney, 6. body kidney, 7. intestine, 8. gill, 9. heart, 10. skin, 11. muscle, 12. ovary, 13. testicle. Different letters(a, b, c et al) are significantly different (P < 0.05) among the treatments.

2.3 实时荧光定量 PCR

鲤 WISP 基因在胚胎发育时期的表达用实时 荧光定量相对定量中的 $2^{-\Delta\Delta C_T}$ 法进行检测(图

7),除 WISP3 外, WISP1a、WISP1b 和 WISP2 基因在鲤的9个胚胎发育时期均检测到, WISP1a 在受精后0h相对表达量最高,6h次之,两者均显著

高于随后各时期的表达量,推测与受精卵的细胞增殖有关,在24和48h的表达量高于除0和6h外的其他时期的表达量,推测在这两个时期WISP1a行使一定的功能。WISP1b在受精后6h表达量最高,0h次之,18h最低,随后逐渐升高但幅度较小。WISP2的表达起伏较大,从0h到24h都处在较高水平,6h表达量最高,在36h降

到最低,随后都是逐渐升高最后在6d时的表达量降低到稍低于0h的水平,推测WISP2对胚胎发育具有重要功能并持续到孵化以后的生长发育时期。WISP3在0h到24h期间不表达或没有被检测到,WISP2和WISP3从36h到6d的表达规律相似,推测两者功能有一定的相关性。

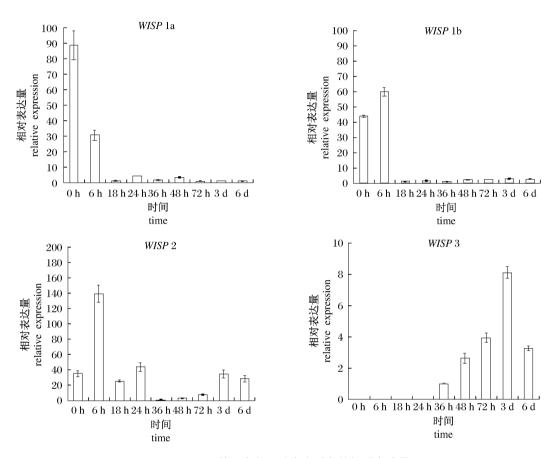


图 7 WISP 基因在各胚胎发育时期的相对表达量

Fig. 7 The relative expression of WISPs in the embryonic development periods

3 讨论

WISP 基因是 CCN 家族的重要成员之一,参与调节不同的发育过程,特别是对骨骼发育和胚胎发育具有重要的调控作用。通过对鲤 WISP 基因的克隆和表达研究有助于从分子水平阐明鲤骨骼生长和胚胎发育的调控机理。本实验得到鲤 4个 WISP 基因,分别是 WISP1a、WISP1b、WISP2 和WISP3。WISP1a 全长 cDNA 长 1 089 bp,编码362个氨基酸残基的多肽。WISP1b 的 cDNA 全长 1 077 bp,编码358 个氨基酸残基的多肽。WISP2 全长 cDNA 长 1 038 bp,编码345 个氨基

酸残基的多肽。WISP3 全长 cDNA 长 1 026 bp, 编码 341 个氨基酸残基的多肽,且它们都具有 5 个外显子和 4 个内含子。鲤 WISP1a、WISP1b、 WISP2 和 WISP3 与相对应的斑马鱼 WISP 基因具 有较高的同源性^[10],分别为 86%、90%、88%、 89%的相似性。SMART 软件预测鲤 WISP1a、 WISP1b、WISP2 都含有 4 个与 CCN 家族相同的 保守模块:IB、vWC、TSP1 和 CT 模块。鲤 WISP2 有 C 末端的 CT 模块,与人、小鼠、鸡等的 WISP2 没有 CT 模块是不同的^[1-3],CT 模块与受体结合 和二聚化有关,TGF-β、血小板衍生生长因子和神 经生长因子都作为二聚体而含有 CT 模块^[11],推 测鲤 WISP2 与其他受体的结合区域同其他 CCN 家族成员相同。鲤 WISP3 则缺少第 2 个模块 vWC,只有 IB、TSP1 和 CT 三个模块,而人和小鼠等哺乳动物的 WISP3 具有 vWC 模块^[1-3]。Force 等^[12]指出基因复制可使复制的基因获得不同的表达模式、新的功能或变成假基因。不清楚鲤 WISP2 和 WISP3 与哺乳动物直系同源基因是否会产生功能的不同,但鲤 WISP 基因与斑马鱼 WISP 基因结构是相同的^[10],且都具有 TPS1 模块的保守序列 WSXCSXXCG,鲤 WISP 基因的结构与高等脊椎动物 WISP 基因同源性较高但又具有其特异性,推测基因可能在从低等到高等动物的进化中产生了符合自身条件的变异。

哺乳动物和鱼类的 WISP 基因分别聚类在相 应的群中, WISP1、WISP2、WISP3 分别聚类到各自 相应的群中,鲤 WISP1a 与斑马鱼 WISP1a、沟鲶 WISP1聚在一起,鲤 WISP1b和斑马鱼 WISP1b聚 类在一起,随后共同聚类为 WISP1 的群。此结果 说明 WISP1、WISP2、WISP3 早于以上各物种的进 化时间,如果沟鲶没有其他 WISP1 基因的话,推 测 WISP1 的两个拷贝可能为鲤科鱼类特有,甚至 鲤中会有多个 WISP1 的拷贝,但需要进一步的硬 骨鱼类基因组研究的证据。研究发现斑马鱼、鲤 的 WISP 基因与人和小鼠等哺乳动物编码的氨基 酸肽链长度均不相同,这可能是导致鱼类 WISP 基因与哺乳动物 WISP 基因同源性差异较大的原 因,推测与物种进化有关。刘春伟等[13]指出可能 由于进化程度不同,导致 ORL1 基因在不同物种 间同源性差异较大。

明确基因的表达规律是研究基因功能的重要手段之一。本研究利用 RT-PCR 和实时荧光定量PCR 检测了鲤 WISP 基因在 13 个组织和 9 个胚胎发育时期的表达特点。结果表明, WISP1a 在鲤13 个组织中皮肤、肠、脾、卵巢表达量相对较高, WISP1b 在精巢、脑、皮肤、卵巢中表达量相对较高, WISP2 主要在血液、鳃、皮肤中表达,其中在血液中表达最高, WISP3 仅在血液、脑、肝、脾、头肾中检测到有表达。鲤各 WISP 基因在组织中的表达差异较大,即使 WISP1 的两个拷贝其组织表达也大不相同,推测鲤 WISP 基因间的功能差异较大, WISP1a 和 WISP1b 在血液中表达量很低,而WISP2 和 WISP3 都在血液中表达量最高,推测可能与骨的发育和代谢有关, French 等[6] 指出

WISP1 可抑制软骨分化, WISP2 在成骨的成骨细 胞、分散碱性磷酸酶阳性的骨髓细胞中均有高水 平表达。实时荧光定量 PCR 的分析结果显示, WISP1a、WISP1b 和 WISP2 前期表达量较高,推测 可能与细胞增殖和分化有关, Cadigan 等[4] 指出 WISP 作为 Wnt 诱导分泌蛋白控制细胞增殖、粘 附,细胞极性以及确定细胞命运。WISPla 在胚胎 发育后期表达量很低, WISP1b、WISP2 和 WISP3 则逐渐升高至第3天,随后降低,推测可能与骨的 发育和形成有关。Fernando等[10]指出 WISP1b 在 斑马鱼受精后 50~56 h 的甲状腺中表达,而 WISP1a 却在斑马鱼的胚胎早期没有被检测到; WISP2 在斑马鱼受精后 70 h 的咽弓表达, WISP3 在斑马鱼发育中的中线脑、耳泡中检测到,而甲状 腺和咽弓等都与骨的发育有间接或直接的关系。 进一步确定 WISP 基因在鲤生长发育中的具体功 能还需更多的如 FISH(荧光原位杂交)、Northern blot、基因敲除与敲入等方法的研究。

本研究利用斑马鱼 WISP 基因与鲤基因组进行 BLASTN 比对,经过克隆测序验证得到鲤四个与斑马鱼相对应的 WISP 基因,分别为 WISP1a, WISP1b, WISP2, WISP3。系统进化树和氨基酸序列比对分析显示,鲤 WISP 基因与其他物种 WISP 基因存在高度同源性,但鲤可能含 WISP1 的多个拷贝,鲤 WISP2 和 WISP3 与哺乳动物同源基因的功能结构存在明显差异。采用 RT-PCR 法和实时荧光定量 PCR 法对鲤 WISP 基因的组织表达和胚胎发育时期的表达进行了分析,从结果推测其与骨的生长发育有关。但鲤 WISP 基因是否具有多拷贝、其功能结构域的不同是否产生新的功能则不清楚,其在鱼类生长发育过程中的规律还需要进一步研究。

对实验过程中张研博士、赵紫霞博士、李炯堂博士、冀培丰、万玉美等的帮助和支持表示衷心感谢。

参考文献:

- [1] Brigstock D R. The connective tissue growth factor/cysteine-rich61/nephroblastoma overexpressed (CCN) family[J]. Endocrine Reviews, 1999(20):189 206.
- [2] Laul F, Lam S C. The CCN family of angiogenic regulators: the integrin connection [J]. Experimental Cell Research, 1999 (248):44-57.

- [3] Perbal B. NOV (nephroblastoma overexpressed) and the CCN family of genes; structural and functional issues[J]. Molecular Pathology, 2001 (54):57-79.
- [4] Cadigan K M, Nuse R. Wnt signaling: a common theme in animal development [J]. Genes Development, 1997(11):3286-3305.
- [5] Dale T C. Signal transduction by the Wnt family of ligands [J]. Biochemistry, 1998 (329): 209 223.
- [6] French D M, Kauk R J, D' souza A L, et al. WISP-1 is an osteoblastic regulator expressed during skeletal development and fracture repair [J]. The American Journal of Pathology, 2004 (165):855-867.
- [7] Hurvitz J R, Suwairi W M, van Hul W, et al.

 Mutations in the CCN gene family member WISP3

 cause progressive pseudorheumatoid dysplasia [J].

 Nature Genetics, 1999(23):94 98.
- [8] Wang A M, Doyle M V, Mark D F. Quantitation of mRNA by the polymerase chain reaction [J].

- Proceeding of National Academy of Sciences, 1989 (86):9717-9721.
- [9] Liva K J, Schmittgen T D. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the 2 (-Delta DeltaC (T)) method [J]. J Methods, 2001(25):402-408.
- [10] Fernando C A, Conrad P A, Bartels C F, et al.

 Temporal and spatial expression of CCN genes in zebrafish[J]. Developmental Dynamics,2010(239): 1755-1767.
- [11] Sun P D, Davies D R. The cystine-knotgrowth-factor superfamily [J]. Annual Review of Biophysics and Biomolecular Structure, 1995 (24): 269 291.
- [12] Force A, Lynch M, Pickett F B, et al. Preservation of duplicate genes by complementary, degenerative mutations [J]. Genetics, 1999 (151):1531-1545.
- [13] 刘春伟,孙超.猪 OLR1 基因克隆及生物信息学分析[J]. 西北农业学报,2008,17(5);51-55.

Molecular cloning, expression and phylogenetic tree's construction of *WISP* gene family in common carp

SUN Ting^{1,2}, LIU Wei^{1,3}, XU Peng¹, SUN Xiao-wen¹*

- $(1.\ \textit{The Centre for Applied Aquatic Genomics}, \textit{Chinese Academy of Fishery Sciences}, \textit{Beijing} \quad 100141, \textit{China};$
 - 2. College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China;
 - $3.\ College\ of\ Aqua-life\ Science\ and\ Technology\ , Dalian\ Ocean\ University\ , Dalian\ 116023\ , China)$

Abstract: Wnt-1 inducible signaling pathway proteins (WISP) constitute the CCN family with CYR61, CTGF and NOV. We used BLAST program at the NCBI to identify near matches in the common carp (Cyprinus carpio) genome database to each zebrafish (Danio rerio) WISP. WISP1a, WISP1b, WISP2 and WISP3 were identified respectively. ORF of the four isforms of WISP were cloned and sequenced in common carp. WISP1a was 1 089 bp encoding polypeptides of 362 amino acids with a calculated Mw of 41.2 ku and PI of 8.66. WISP1b was 1 077 bp encoding a polypeptide of 358 amino acids with a calculated Mw of 41.0 ku and PI of 8. 42. WISP2 was 1 038 bp encoding polypeptides of 345 amino acids with a calculated Mw of 38.4 ku and PI of 8.22. WISP3 was 1 026 bp encoding polypeptides of 341 amino acids with a calculated Mw of 37.9 ku and PI of 9.10. They all have 5 exons and 4 introns. Phylogenetic relationship analysis indicated that WISP1, WISP2 and WISP3 were highly homologous and were clustered to their corresponding subgroup respectively. WISP1a, WISP1b and WISP2 all contained 4 conservative domains and WISP3 lost the second domain in common carp. RT-PCR analysis revealed WISP1a to be expressed in most common carp tissues, with the principal expression in skin and weakest expression in blood cells. WISP1b was predominantly expressed in testicle, brain, skin and ovary. WISP2 was highly observed in blood cells and gill. WISP3 was most strongly expressed in blood cells and also expressed in brain, liver, spleen, head kidney and not detected in other tissues. Quantitative real-time PCR were used to analyse the expression of WISP in common carp development, and the result indicated that WISP transcriptions are expressed highly at the initial stage except WISP3 and all lowest at 36 hpf and then increased before 6th d.

Key words: common carp(Cyprinus carpio); WISP; clone; gene; expression

Corresponding author: SUN Xiao-wen. E-mail: sunxw2002@163.com