



读书报告

汇报人：任艳华

汇报时间：2019年11月17日





ELSEVIER

Contents lists available at ScienceDirect

Comparative Biochemistry and Physiology - Part D

journal homepage: www.elsevier.com/locate/cbpd



一种古老的、呼吸空气的辐鳍鱼纲中斑点雀鳝的脂肪酸结合蛋白基因

Fatty acid-binding protein genes of the ancient, air-breathing, ray-finned fish, spotted gar (*Lepisosteus oculatus*)

IF=2.573



Ananda B. Venkatachalam^a, Quenton Fontenot^b, Allyse Farrara^b, Jonathan M. Wright^{a,*1}

^a Department of Biology, Dalhousie University, Halifax, Nova Scotia B3H 4R2, Canada

^b Department of Biological Sciences, The Bayousphere Research Lab, Nicholls State University, Thibodaux, LA 70310, USA

目录



1

研究背景与意义

2

研究内容

3

结果与讨论

4

结论

CONTENTS

研究背景与意义

·研究背景 ·研究意义





一、研究背景



目前，基因组学在许多生物学领域都具有广阔的前景，包括对进化，农业/水产养殖和医学的研究。

随着高通量**DNA**测序技术的发展，人们开始对不同物种的基因组结构、功能和进化进行研究。



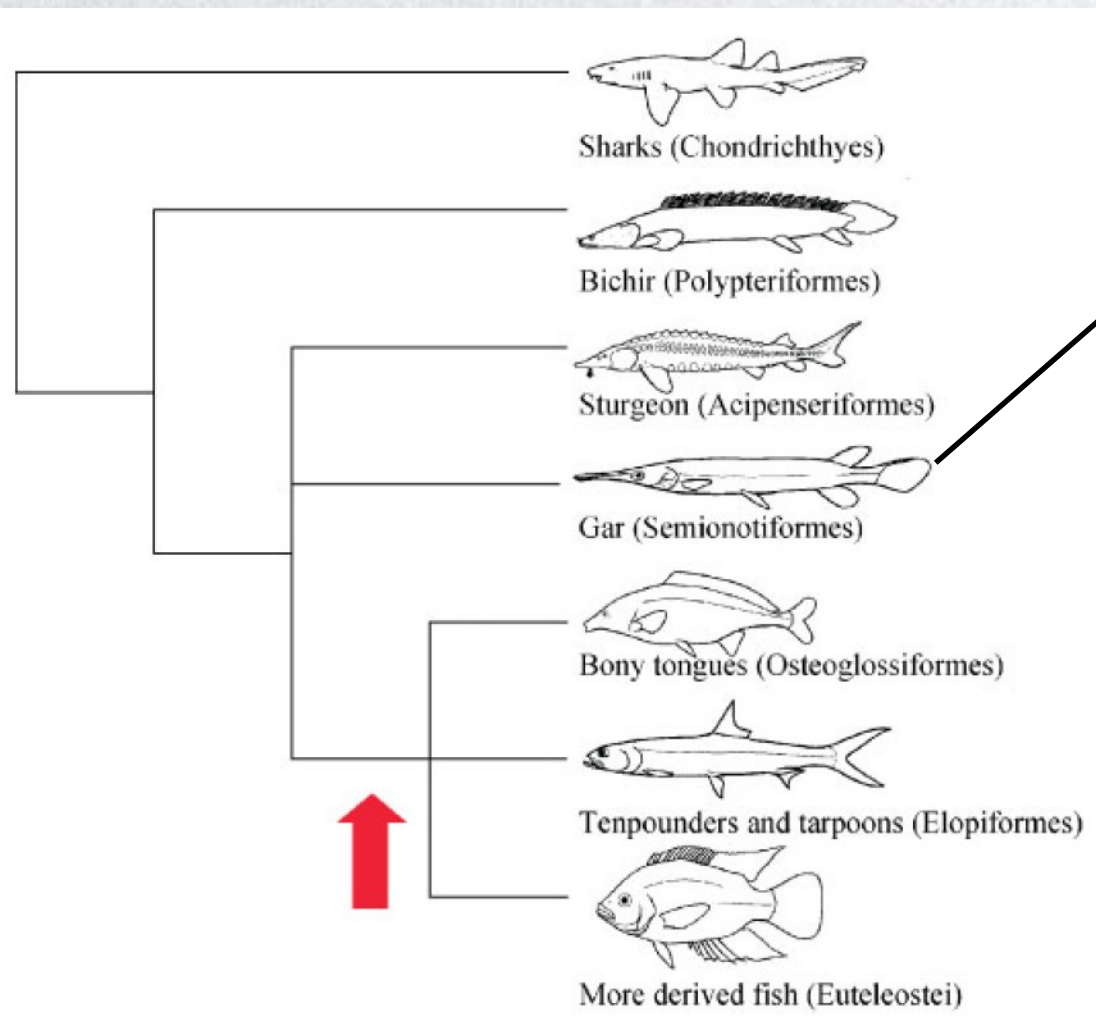
二、研究背景



最初的基因组学多集中在哺乳动物的基因组研究，然而，硬骨鱼类的基因组作为研究人类健康和疾病的理想模型受到越来越多的关注。



二、研究背景

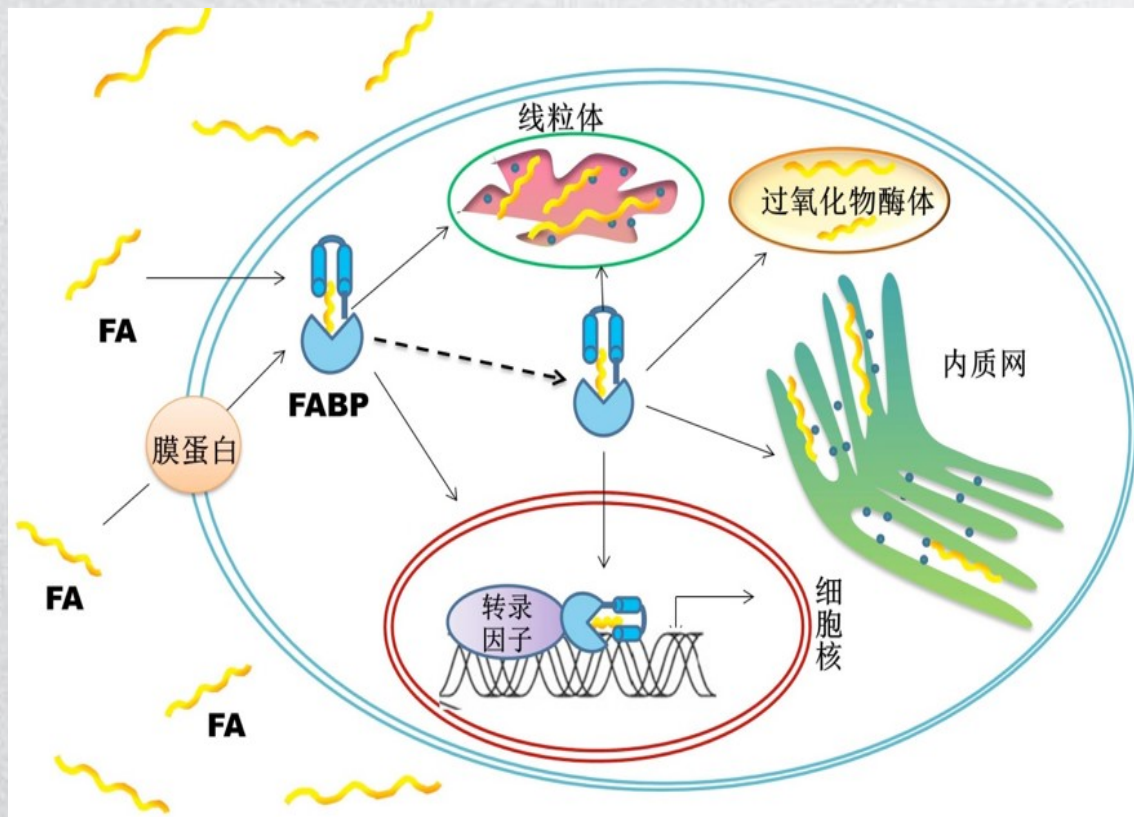


斑点雀鳢：辐鳍鱼纲中的一种硬骨鱼类，源于远古的鱼类谱系。没有经历第三次全基因组复制事件。

因此，斑点雀鳢可以作为适当的外群或代表性的祖先鱼，对硬骨鱼类的基因组进化轨迹进行研究。



一、研究背景



*Fabps*是由125-146个氨基酸组成的低分子量多肽，属于脂质结合蛋白（iLBP）的一种，其能结合脂肪酸，类二十烷酸和其他疏水性配体；参与细胞生理的许多过程，包括发育，生长和细胞分化。

注：本图出自

隋修磊, 张玉茹. 鱼类脂肪酸结合蛋白研究进展[J]. 水产科学, 2019.



一、研究意义

本文用斑点雀鳢作为硬骨鱼类比较好的外群。



斑点雀鳢的*fabp*的基因组组织，染色体定位及组织特异性分布。

对斑点雀鳢基因的时空调节进行分析，来确定复制的*fabp*基因是否由于亚功能化或新功能化而为保留在硬骨鱼的基因组提供了基础。





CONTENTS

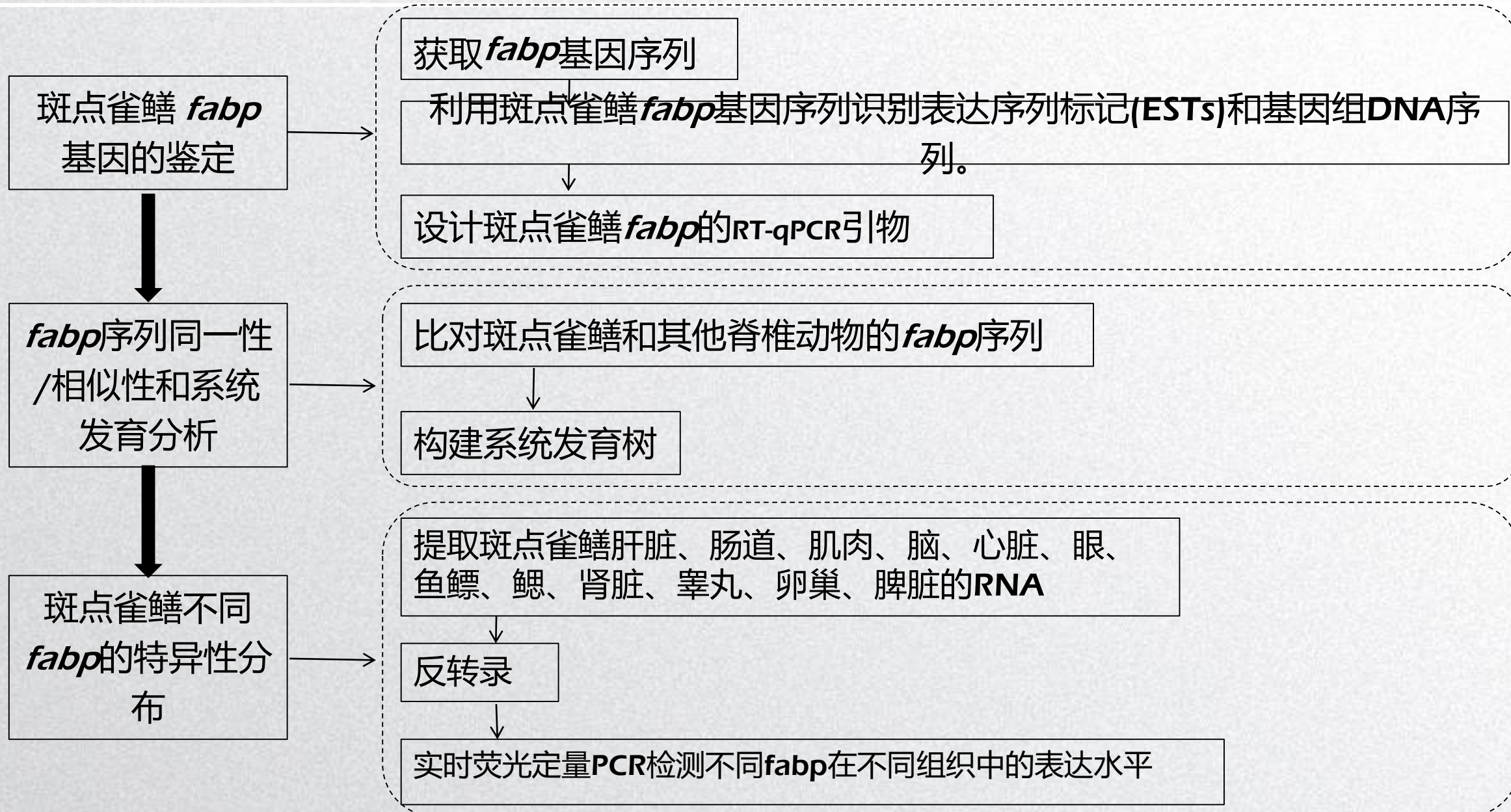
研究内容

·技术路线 ·材料与amp;方法





二、实验材料与amp;方法—技术路线





二、实验材料与amp;方法

2.1 实验材料：

实验鱼：

斑点雀鳢（从Garosphere研究实验室获得）

2.2 实验方法：

- (1) 使用斑马鱼 *fabp* 序列在 <http://www.ensembl.org/index.html> 中检索斑点雀鳢 *fabp* 基因序列。
 - (2) 用NCBI-Primer-Blast设计不同 *fabp* 的RT-qPCR引物。
 - (3) 使用CLUSTALW对斑点雀鳢和其他脊椎动物的 *fabp* 序列进行比对。
 - (4) 使用MEGA4软件构建 *fabp* 的系统发育树。
 - (5) 实时荧光定量PCR检测不同 *fabp* 的特异性分布。
-

三

CONTENTS

结果与讨论



三、结果与讨论

Table 1

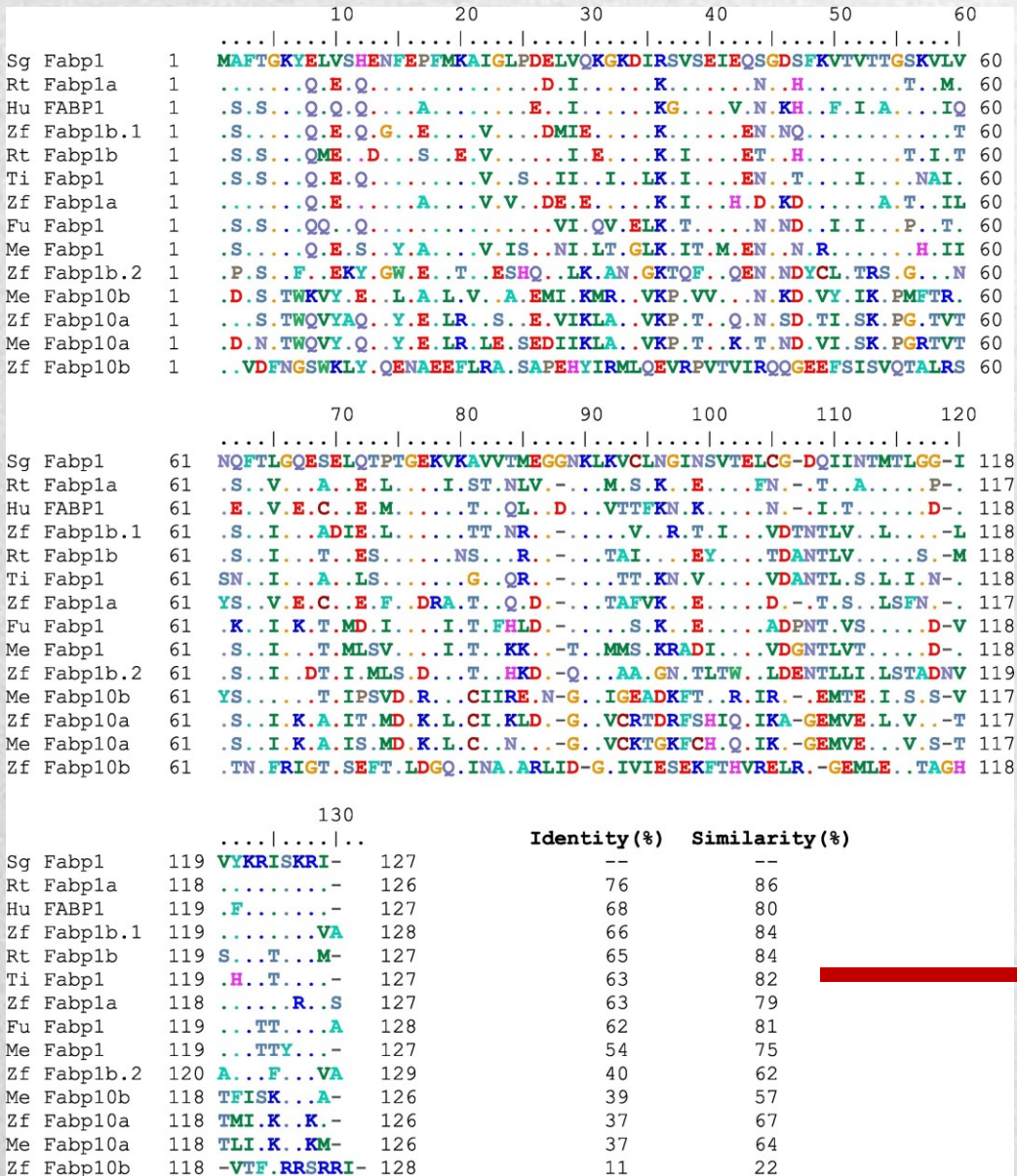
GenBank accession numbers for the longest expressed sequence tags (ESTs) coded by spotted gar *fabp* genes. Zebrafish Fabp sequences used as queries in BLAST searches, and two spotted gar ESTs (*β-actin* and *ef1-α*) were used as reference genes in the assay of steady-state levels of *fabp* transcripts.

Spotted gar genes	Spotted gar ESTs	Accession numbers
Sg <i>fabp1</i>	W5LYZ8 (ENSLOCT00000001360)	NP_001038177 (Zf Fabp1a)
Sg <i>fabp2</i>	W5N4A7 (ENSLOCT00000015495)	NP_571506 (Zf Fabp2)
Sg <i>fabp3</i>	W5MDC1 (ENSLOCT00000006388)	NP_694493 (Zf Fabp3)
Sg <i>fabp6</i>	W5MT14 (ENSLOCT00000011540)	NP_001002076 (Zf Fabp6)
Sg <i>fabp7</i>	W5NL36 (ENSLOCT00000021382)	NP_571680 (Zf Fabp7a)
Sg <i>fabp10</i>	W5MEN4 (ENSLOCT00000006851)	NP_694492 (Zf Fabp10a)
Sg <i>fabp11</i>	W5M4T5 (ENSLOCT00000003400)	NP_001004682 (Zf Fabp11a)
Sg <i>β-actin</i>	W5MB87 (ENSLOCT00000005654)	UniProtKB - F1QGL5 (Zf <i>β-actin</i>)
Sg <i>ef1-α</i>	W5LY03 (ENSLOCT00000001014)	NP_571338.1 (Zf <i>ef1-α</i>)

用斑马鱼的*fabp*序列在 ncbi上查询斑点雀鳊的核苷酸序列，得到了斑点雀鳊 *fabp*基因编码的最长表达序列标签 (EST) 的GenBank 登录号。



三、结果与讨论



斑点雀鳝 *fabp1* 与来自其他物种的直系同源 *fabp1* 蛋白有很高的同一性和相似性，例如与虹鳟鱼 *fabp1a* (分别为76%同一性和86%相似性)，人 *fabp1* (68%的同一性和80%的相似性)。
 在BLAST搜索中发现斑点雀鳝的其他*fabp*序列与来自其他鱼类和四足动物的各自直系同源*fabp*序列也显示出较高的序列同一性/相似性。

	Identity (%)	Similarity (%)
RT	76	86
Hu	68	80
	66	84
	65	84
	63	82
	63	79
	62	81
	54	75
	40	62
	39	57
	37	67
	37	64
	11	22

三、结果与讨论

Table 3
Fatty acid-binding protein genes in spotted gar compared to other vertebrates.

Gene	Common name	Chromosome location and number of amino acid residues encoded by <i>fabp/FABP</i> genes							
		Human	Mouse	Chicken	Spotted gar	Zebrafish	Medaka	Three-spined stickleback	Spotted green pufferfish
<i>FABP1</i>	Liver FABP	2 (127aa)	6 (127aa)	23 (126aa)	2 (127aa)	<i>fabp1a</i> - 5 (127aa) <i>fabp1b.1-8</i> (129aa) <i>fabp1b.2-8</i> (128aa) <i>fabp2-1</i> (132aa)	<i>fabp1-9</i> (127aa)	<i>fabp1</i> - XIII (127aa)	<i>fabp1-12</i> (127aa)
<i>FABP2</i>	Intestinal FABP	4 (132aa)	3 (132aa)	4 (132aa)	4 (132aa)	<i>fabp3-19</i> (133aa)	<i>fabp2a</i> - Sf 461 (132aa) <i>fabp2b</i> - 18 (132aa)	<i>fabp2a</i> - IX (132aa) <i>fabp2b</i> - VII (132aa)	<i>fabp2</i> - UR (132aa)
<i>FABP3</i>	Heart FABP	1 (133aa)	4 (133aa)	23 (133aa)	6 (133aa)	-	-	-	-
<i>FABP4</i>	Adipocyte FABP	8 (132aa)	3 (132aa)	2 (132aa)	-	-	-	-	-
<i>FABP5</i>	Epidermal FABP	8 (135aa)	3 (135aa)	2 (134aa)	-	-	-	-	-
<i>FABP6</i>	Ileal FABP	5 (128aa)	11 (128aa)	13 (129aa)	6 (130aa)	<i>fabp6-21</i> (131aa)	<i>fabp6a</i> - 17 (126aa) <i>fabp6b</i> - 10 (125aa)	<i>fabp6a</i> - III (127aa) <i>fabp6b</i> - IV (125aa)	<i>fabp6a</i> - UR (127aa) <i>fabp6b</i> - 1 (125aa)
<i>FABP7</i>	Brain FABP	6 (132aa)	10 (132aa)	3 (132aa)	1 (132aa)	<i>fabp7a</i> - 17 (132aa) <i>fabp7b</i> - 20 (132aa)	<i>fabp7a</i> - 22 (132aa) <i>fabp7b</i> - 24 (132aa)	<i>fabp7a</i> - XV (132aa) <i>fabp7b</i> - XVIII (132aa)	<i>fabp7a</i> - 10 (132aa) <i>fabp7b</i> - 14 (132aa)
<i>FABP8</i>	Myelin FABP	8 (132aa)	3 (132 aa)	2 (132 aa)	-	-	-	-	-
<i>FABP9</i>	Testis FABP	8 (132aa)	3 (132aa)	-	-	-	-	-	-
<i>FABP10</i>	Liver-basic FABP	-	-	23 (127aa)	6 (128aa)	<i>fabp10a</i> - 16 (126aa) <i>fabp10b</i> - 19 (128aa)	<i>fabp10a</i> - 16 (126aa) <i>fabp10b</i> - 11 (126aa)	<i>fabp10a</i> - XX (126aa) <i>fabp10b</i> - X (126aa)	<i>fabp10</i> - UR (127aa)
<i>FABP11</i>	-	-	-	-	11 (133aa)	<i>fabp11a</i> - 19 (134 aa) <i>fabp11b</i> - 16 (134 aa)	<i>fabp11a</i> - 22 (134 aa) <i>fabp11b</i> - 16 (134 aa)	<i>fabp11a</i> - X (134 aa) <i>fabp11b</i> - XX (134 aa)	<i>fabp11a</i> - 21 (134aa) <i>fabp11b</i> - UR (133 aa)
<i>FABP12</i>	-	8 (140 aa)	3 (132 aa)	-	-	-	-	-	-

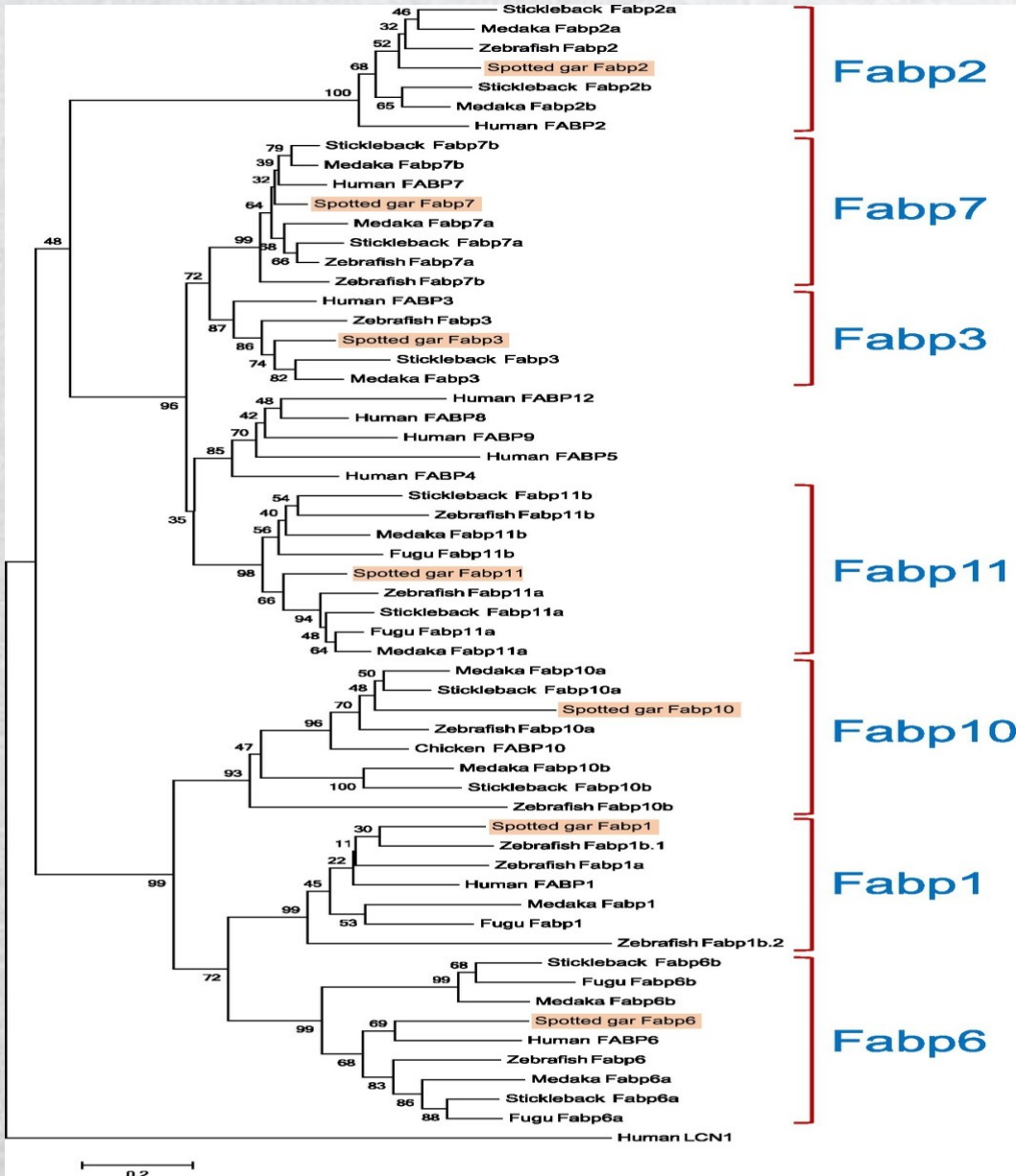
Note: Sf, Scaffold; UR, un_random; aa, amino acid.

在脊椎动物物种中鉴定出12个FABP基因，但是在单个脊椎动物中并未发现全部12个FABP基因。

在斑点雀鳊中发现有*fabp1*、*fabp2*、*fabp3*、*fabp6*、*fabp7*、*fabp10*、*fabp11*等7个基因，并确定了每个基因的氨基酸数量及染色体的位置。



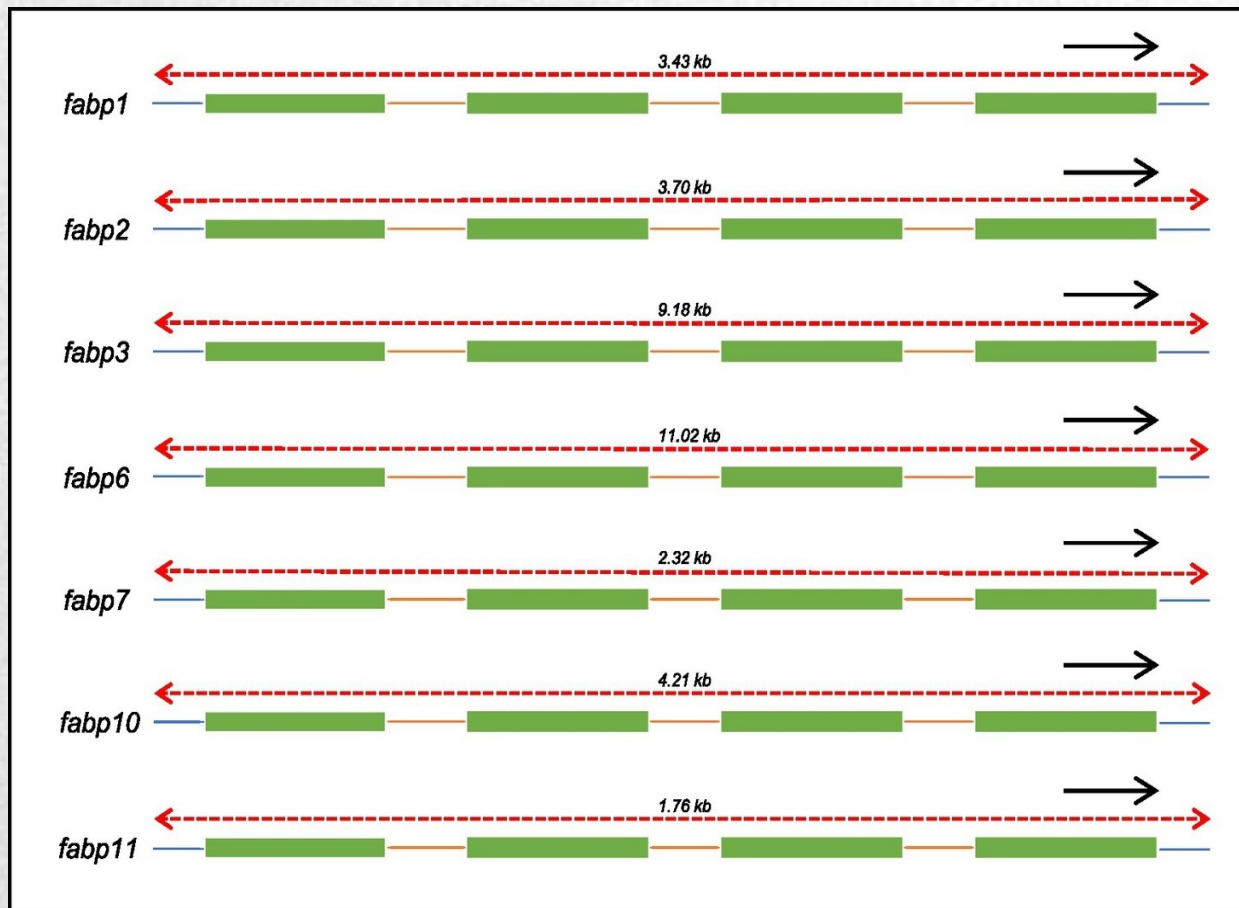
三、结果与讨论



通过系统发育树中的序列同一性/相似性分析鉴定出的每一种斑点雀鳉 *fabp* 其与其他鱼类和脊椎动物的直系同源的 *fabp*。

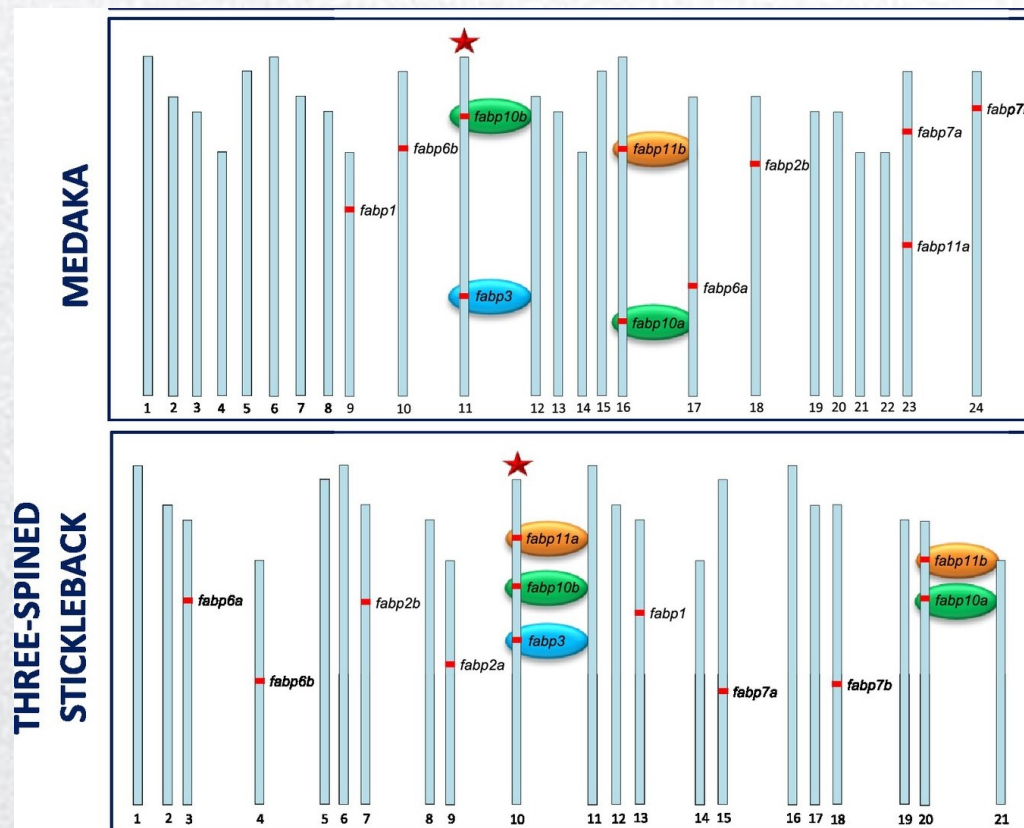
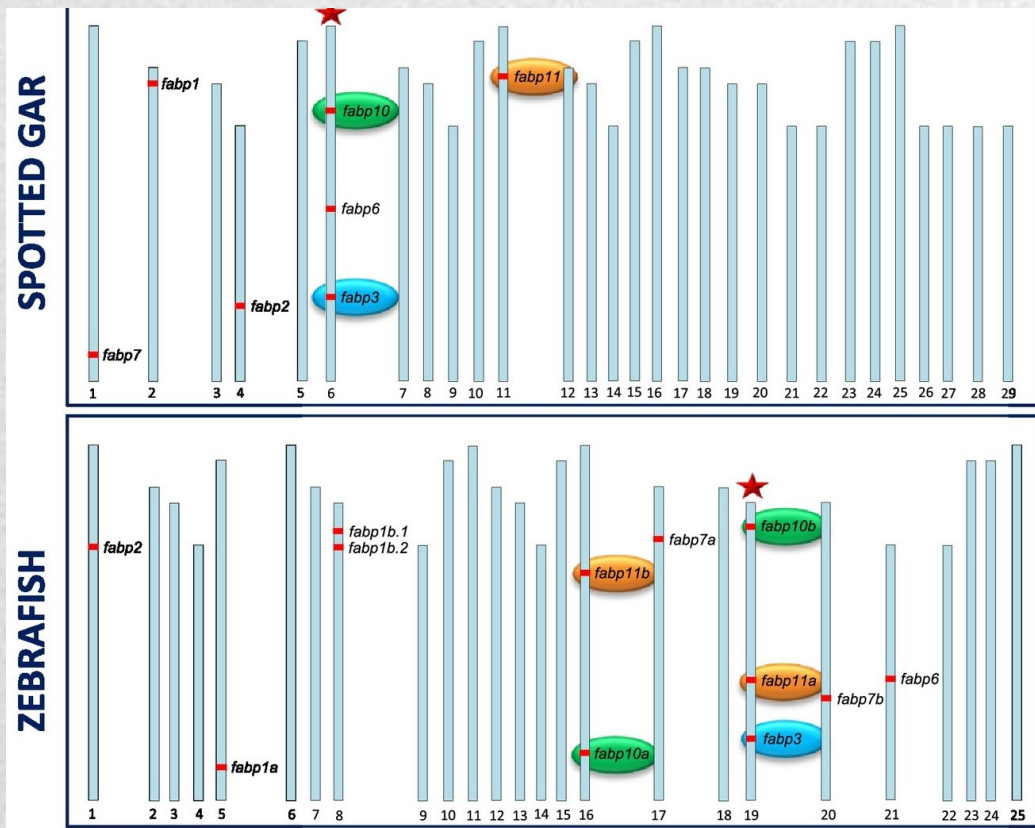
发现 *fabp2*、*fabp7*、*fabp3*、*fabp11* 属于一枝，*fabp10*、*fabp1*、*fabp6* 属于一枝。

三、结果与讨论



所有斑点雀鳢的 *fabp* 包括四个外显子和三个内含子

三、结果与讨论



*fabp*的重复序列位于硬骨鱼基因组的不同染色体上

这些重复序列最有可能通过全基因组复制产生，而不是通过单个基因复制产生

三、结果与讨论

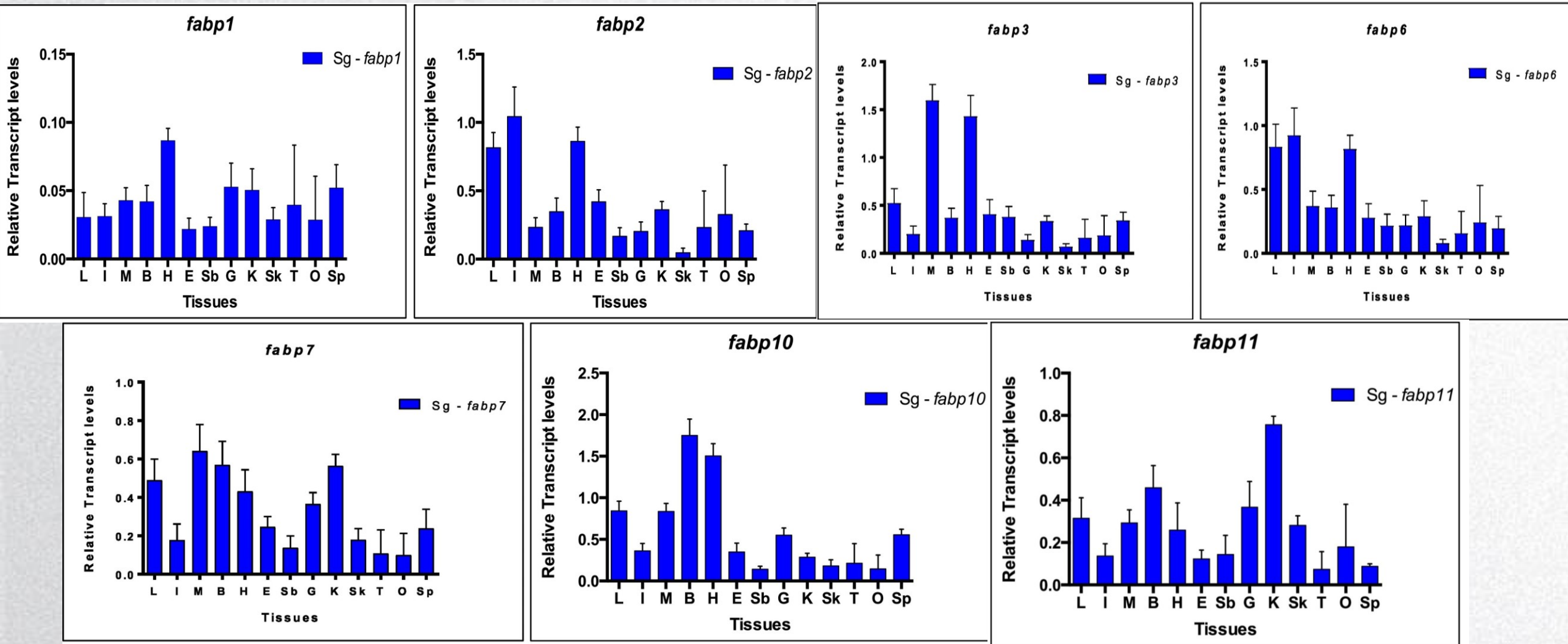


图5 *fabp*在斑点雀鳉不同组织的特异性分布。
 注：(A和B) 斑点雀鳉 *fabp1*, *fabp2*, *fabp3*, *fabp6*, *fabp7*, *fabp10*和*fabp11* 的稳态水平分布肝脏 (L), 肠 (I), 肌肉 (M), 脑 (B), 心脏 (H), 眼睛 (E), 鳔 (Sb), 鳃 (G), 肾脏 (K), 皮肤 (S), 睾丸 (T), 卵巢 (O) 和脾脏 (Sp)。条形图显示了三尾雄鱼和三尾雌鱼的总和。每个条上的黑色单线表示平均值的标准误。

四

CONTENTS

结论





四、论文结论与思考



—

确定了斑点雀鳉中7个 *fabp*

二

斑点雀鳉基因组中的 *fabp* 很可能代表了硬骨鱼全基因组复制之前硬骨鱼谱系祖先鱼中的 *fabp* 基因。



请各位老师同学批评指正!

汇报人：任艳华

汇报时间：2019年11月17日

