

网络出版时间:2012-07-18 11:11

网络出版地址: <http://www.cnki.net/kcms/detail/61.1390.S.20120718.1111.028.html>

# 红鳍东方鲀 *Sirt1* 基因的克隆及其原核表达

张 伟<sup>1,2,3</sup>, 杨志军<sup>3</sup>, 王 群<sup>1</sup>, 渡部终五<sup>2</sup>

(1 华东师范大学 生命科学学院, 上海 200062; 2 东京大学 农学部 水产化学研究室, 东京 113-8657;

3 新乡医学院 基础医学院, 河南 新乡 453003)

**[摘要]** **【目的】**克隆红鳍东方鲀 *Sirtuin1*(*Sirt1*)基因编码阅读框(ORF),并对其进行原核表达。**【方法】**采集红鳍东方鲀脂肪组织,提取其总 RNA,采用 RT-PCR 方法扩增和克隆红鳍东方鲀 *Sirt1* 基因的 ORF,构建其原核表达载体 pET32a/*Sirt1*,并在大肠杆菌 Rosetta (DE3)中进行表达。**【结果】**红鳍东方鲀 *Sirt1* 基因 ORF 区由 2 070 个核苷酸组成,编码 689 个氨基酸。根据红鳍东方鲀 *Sirt1* ORF 核苷酸序列推测的氨基酸序列与其他物种进行比对,发现其与罗非鱼(*Oreochromis niloticus*)、非洲齿鲤(*Nothobranchius furzeri*)、科恩氏假鳃鲷(*Nothobranchius kuhntae*)、斑马鱼(*Danio rerio*)、人(*Homo sapiens*)和小鼠(*Mus musculus*)的同源性分别为 82%,82%,81%,66%,72%和 69%;成功构建了重组质粒 pET32a/*Sirt1*,用 IPTG 进行诱导表达,SDS-PAGE 电泳结果显示,在约 105 ku 处有特异性的蛋白条带出现。**【结论】**克隆得到红鳍东方鲀 *Sirt1* 基因的 ORF 序列,并成功对其进行了原核表达。

**[关键词]** 红鳍东方鲀;*Sirt1*;基因表达;cDNA 克隆;原核表达

**[中图分类号]** S917;Q786

**[文献标识码]** A

**[文章编号]** 1671-9387(2012)08-0054-06

## Cloning and prokaryotic expression of *Sirt1* gene from torafugu *Takifugu rubripes*

ZHANG Wei<sup>1,2,3</sup>, YANG Zhi-jun<sup>3</sup>, WANG Qun<sup>1</sup>, WATABE Shugo<sup>2</sup>

(1 School of Life Science, East China Normal University, Shanghai, 200062, China; 2 Department of Aquatic Bioscience, Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo, Tokyo, 113-8657, Japan;

3 School of Basic Medical Science, Xinxiang Medical University, Xinxiang, He'nan 453003, China)

**Abstract:** **【Objective】**The study aimed to clone and analyse *Sirtuin1*(*Sirt1*)gene in torafugu, then to study the prokaryotic expression of *Sirt1*. **【Method】**The ORF of torafugu *Takifugu rubripes* *Sirt1* gene was amplified from total RNA of torafugu adipose tissue by reverse transcription-polymerase chain reaction (RT-PCR). The prokaryotic expression vector pET32a/*Sirt1* was constructed and expressed in *E. coli* Rosetta (DE3). **【Result】**The full-length open reading frame of torafugu *Sirt1* cDNA consisted of 2 070 bp and encoded a polypeptide of 689 amino acids. The amino acid identities of *Takifugu rubripes* *Sirt1* to *Oreochromis niloticus* *Sirt1*, *Nothobranchius furzeri* *Sirt1*, *Nothobranchius kuhntae* *Sirt1*, *Danio rerio* *Sirt1*, *Homo sapiens* *Sirt1* and *Mus musculus* *Sirt1* were 82%, 82%, 81%, 66%, 72% and 69%, respectively. The prokaryotic expression system of recombinant vector pET32a/*Sirt1* was constructed successfully. SDS-PAGE analysis showed that the expressed protein accumulated as inclusion bodies and the molecular weight of expressed fusion protein was 105 ku. **【Conclusion】**The ORF of torafugu *Takifugu rubripes* *Sirt1* gene was cloned and expressed in *E. coli* successfully.

\* [收稿日期] 2012-04-10

[基金项目] 国家留学基金委“国家建设高水平大学公派研究生项目”(2008614045)

[作者简介] 张 伟(1977—),男,河南长垣人,讲师,博士,主要从事鱼类脂质代谢的机制研究。E-mail: zhangwei0920@163.com

**Key words:** *Taki fugu rubripes*; *Sirt1*; gene expression; cDNA cloning; prokaryotic expression

脂质是生物体的主要构成成分,与能量的贮存和细胞内信号传导途径等许多生理功能密切相关。鱼类的主要脂质沉积部位是肝脏与肌肉,但在这 2 种组织中,脂质存在的比例随着鱼种的不同而有很大差异,红鳍东方鲀和比目鱼等鱼种的脂质主要沉积在肝脏,其他鱼种如真鲷和鳗鱼等的脂质在肝脏和肌肉沉积<sup>[1]</sup>。肌肉的脂质含量对鱼肉的风味、口感、贮藏特性及生产加工有很大影响。因此,阐明组织特异的脂质沉积分子机制,对鱼类的基础研究和生产应用具有非常重要的意义。

*Sirtuin1* (*Sirt1*) 是一种保守的 NAD<sup>+</sup> (烟酰胺腺嘌呤二核苷酸) 依赖的组蛋白/非组蛋白去乙酰基酶,为酵母染色质沉默因子 Sir2 (silent information regulator 2) 的同源基因<sup>[2-3]</sup>,在细胞分化<sup>[4]</sup>、细胞凋亡<sup>[5-7]</sup>、信号传导<sup>[8]</sup>、情绪与行为调节<sup>[9]</sup> 及代谢<sup>[10-11]</sup> 等方面起着非常重要的作用。*Sirt1* 在哺乳动物组织中广泛表达,在处于禁食或限制热量摄入的状态下,脑、脂肪组织、肝脏、肾脏和肌肉中 *Sirt1* 的表达量增加<sup>[12]</sup>。在脂肪组织中,*Sirt1* 与转录共抑制子 NCoR 相互作用,负调控白色脂肪细胞中的过氧化物酶增殖物激活受体  $\gamma$  (peroxisome proliferators activated receptors, PPAR $\gamma$ ),促进脂肪分解<sup>[13]</sup>。在哺乳动物脂肪细胞中,*Sirt1* 可能是通过胰岛素 (INS)/胰岛素样生长因子 (IGF-1) 通路发挥作用,*Sirt1* 影响 INS/IGF-1 信号通路下游的 FOXO,促进脂肪细胞中脂联素的表达,影响脂肪代谢<sup>[14-15]</sup>。

目前关于鱼类 *Sirt1* 基因的研究在国内外鲜见报道。为此,本研究运用 RT-PCR 方法对红鳍东方鲀 *Sirt1* 基因的 ORF 序列进行克隆,并构建其原核表达载体,以期为进一步研究 *Sirt1* 基因的生物学特性及其调控脂质代谢的机制奠定基础。

## 1 材料与方 法

### 1.1 供试鱼和样品的制备

试验用健康红鳍东方鲀体质量约 100 g,购自东京水产品批发市场,试验前在东京大学水产实验中心至少暂养 1 周。用刀解剖后取其脂肪组织用液氮速冻保存,然后置于 -80 °C 冰箱中备用。

### 1.2 *Sirt1* 基因的鉴定

利用斑马鱼 *Sirt1* 的核苷酸序列作为查询序列,在河豚的基因组数据库 (<http://genome.jgi-psf.org/Takru4/Takru4.home.html>) 中 进 行

BLAST 搜索,用 GeneScan 进行基因预测,在 SwissProt 数据库中逐一 对 预 测 的 基 因 进 行 BLAST 比 对 分 析,以 搜 索 到 与 已 知 *Sirt1* 存 在 相 似 性 的 片 段,作 为 河 豚 *Sirt1* 的 预 测 基 因,并 用 作 下 一 步 克 隆 基 因 时 设 计 引 物 的 参 考 序 列。

### 1.3 *Sirt1* ORF 的克隆及序列分析

利用 ISOGEN (Nippon Gene, Toyama, 日本) 抽取脂肪组织总 RNA,以总 RNA 为模板,利用 SuperScript III reverse transcriptase (Invitrogen Corp, Carlsbad, CA, 美国) 合成 cDNA 第 1 链。同时,根据预测的 *Sirt1* 基因序列,在 ORF 区两端设计引物 (上游: 5'-ATGGCGGATGGAGAGAA CAG-3', 下游: 5'-TTAAAGATGCATGGTGCTCT CTG-3')。RT-PCR 条件为: 94 °C 变性 40 s, 58 °C 退火 40 s, 72 °C 延伸 2 min, 总计 35 个循环,最后 72 °C 充分延伸 10 min。利用 T-A 克隆的策略,将 PCR 产物连接于 pGEM T-easy 载体 (Promega Corp, Madison, WI, USA) 上,连接产物转化 *Escherichia coli* JM109 感受态细胞,在含 Amp、X-gal 和 IPTG 的 LB 平板上初步筛选阳性克隆。利用菌落 PCR 鉴定阳性克隆,选择 3 个阳性克隆在 ABI 3100 DNA 测序仪 (Applied Biosystems) 上进行测序。利用 NCBI 中的 CDD (Conserved Domain Database) 软件进行保守结构域分析。从 GenBank 中选择 13 种动物的 *Sirt1* 氨基酸序列,采用 BioEdit 7. 1. 3 和 MEGA 5. 05 软件进行分析,建立系统进化树。

### 1.4 重组表达质粒的构建及鉴定

根据克隆得到的红鳍东方鲀 cDNA *Sirt1* 的 ORF 序列,设计特异引物 Tr-*Sirt1*-PF: 5'-CG GAATTCATGGCGGATGGAGAGAACAG-3'; Tr-*Sirt1*-PR: 5'-CCGCTCGAGCGGTTAAAGATGCA TGGTGCTCTCTG-3', 其中上、下游引物分别带有 *EcoR* I 和 *Xho* I 酶切位点。以 cDNA 为模板,PCR 扩增获得 *Sirt1* 基因的 ORF 序列,利用凝胶回收试剂盒进行 PCR 产物的回收,再连接到 pGEM T-easy 载体,转化到大肠杆菌 JM109 中;在转化的平板上随机挑取白斑进行菌落 PCR 检测,对阳性克隆接菌,提取质粒;对得到的 *Sirt1* 基因克隆质粒与 pET32a 质粒同时用 *EcoR* I 和 *Xho* I 进行 3 h 的双酶切,然后进行 10 g/L 琼脂糖凝胶电泳,切胶回收目的片段和载体,并利用 T<sub>4</sub> DNA 连接酶进行连接后转化到大肠杆菌 JM109;随机挑选克隆,进行菌

落 PCR 和双酶切鉴定,并对阳性克隆进行增菌培养抽提质粒,在 ABI 3100 DNA 测序仪(Applied Biosystems)上对提取的重组质粒进一步测序验证。

### 1.5 重组质粒 pET32a/Sirt1 的诱导表达

将测序鉴定读框正确的 pET32a/Sirt1 质粒转化于大肠杆菌 Rosetta(DE3)中,随机挑取克隆鉴定为阳性后,接种于含氨苄青霉素的液体 LB 培养基中,在 37 °C 过夜振荡培养;第 2 天按 1:50 的体积比转接到 10 mL 同样的培养基中,然后振荡培养至 OD 值为 0.8 时,取出 2 mL 菌液作为未诱导对照,其他加入 IPTG 至终浓度为 1 mmol/L,27 °C 诱导 4 h;4 °C 下 12 000 r/min 离心 10 min 后收集菌体,进行超声波破碎,再 4 °C 下 12 000 r/min 离心 15 min,分别取上清和沉淀,并在沉淀组分中加入 PBS 缓冲液进行悬浮,浓度测定后在上清和沉淀中分别加入 5×上样缓冲液,并煮沸裂解 5 min。然后进行 SDS-PAGE(浓缩胶 5%,分离胶 8%)电泳,检测目的蛋白的表达情况。以未转化质粒的 Rosetta(DE3)空白菌体与含 pET32a 空质粒的 Rosetta(DE3)菌体作为对照,处理条件与试验组一致。

## 2 结果与分析

### 2.1 Sirt1 基因的序列测定和分析

从红鳍东方鲀脂肪组织中提取的总 RNA 经 RT-PCR 扩增后,可获得大小约 2 070 bp 的条带,符合预期大小(图略)。测序结果显示,此序列长 2 070 bp。根据得到的红鳍东方鲀 *Sirt1* 基因 ORF 区的核苷酸序列推测其氨基酸序列,结果(图 1)显示,该基因开放阅读框长 2 070 bp,编码 689 个氨基酸。

### 2.2 红鳍东方鲀 Sirt1 与其他物种的比较

根据红鳍东方鲀 *Sirt1* 基因 ORF 区推测的氨基酸序列与其他物种进行比对分析,红鳍东方鲀 *Sirt1* 与罗非鱼、非洲齿鲤、科恩氏假鳃鳞、斑马鱼、人和小鼠的同源性分别为 82%,82%,81%,66%,72%和 69%。不同物种氨基酸序列构建的分子系统进化树(图 2)表明,鱼类、哺乳类及两栖类的 *Sirt1* 源于共同的祖先,但处于进化上不同的分支。红鳍东方鲀与罗非鱼的亲缘关系最近,与非洲齿鲤、科恩氏假鳃鳞的亲缘关系次之,与斑马鱼的亲缘关系较远,与两栖类的非洲爪蟾、非洲蛙及哺乳类动物人、小鼠等的亲缘关系最远。

### 2.3 红鳍东方鲀 Sirt1 基因重组表达质粒的鉴定

重组质粒 pET32a/Sirt1 经双酶切后的电泳结果(图 3)显示,有 1 条约 5 kb 的载体片段和 1 条

2 070 bp 的目的片段,与预期大小相符。测序结果表明阅读框架正确,说明红鳍东方鲀 *Sirt1* 基因已成功插入到 pET32a 载体上。SDS-PAGE 结果(图 4)说明,重组菌在约 105 ku 处出现 1 条特异性蛋白条带,对照组则没有。表达的目的蛋白主要以可溶蛋白形式存在,在沉淀中含有部分目的蛋白。初步证实 *Sirt1* 已在大肠杆菌中获得成功表达。该试验重复 3 次,SDS-PAGE 电泳结果基本一致。

## 3 讨论

脂肪组织生物学是近年来人们广泛探索的领域之一,细胞分化的本质是基因表达模式的转变。伴随着脂肪生成而发生的脂肪细胞积累和形态学上的改变等,是由于细胞在分化中特定基因的诱导表达所致。从这个意义上来说,转录因子的表达和活性变化决定了分化的过程。研究发现,*Sir2* 有 7 个同源基因,分别命名为 *Sirtuin1* (*Sirt1*)—*Sirtuin7* (*Sirt7*),其中 *Sirt1* 是与 *Sir2* 同源性最高且目前研究最多的<sup>[16-17]</sup>。*Sirt1* 蛋白常与很多关键的转录因子以及转录共调控因子发生相互作用,调节基因的转录通过 *Sirt1* 的去乙酰化作用,从而参与调控代谢、衰老等一系列生理过程。PPAR $\gamma$  是一种很关键的脂肪合成调节因子,*Sirt1* 蛋白可以通过与 PPAR $\gamma$  上的 2 个辅阻遏蛋白(NcoR)和视黄酸及甲状腺激素受体沉默中介蛋白(SMRT)发生相互作用,抑制 PPAR $\gamma$  的活性,从而加强体内脂肪的分解,减少脂肪的沉积<sup>[18-19]</sup>。

本试验克隆得到了红鳍东方鲀 *Sirt1* 基因的 ORF 序列,进一步推测其氨基酸序列并与罗非鱼、非洲齿鲤、科恩氏假鳃鳞、斑马鱼、人和小鼠的 *Sirt1* 进行比对分析,结果显示其同源性分别为 82%,82%,81%,66%,72%和 69%,表明 *Sirt1* 在进化上较为保守,在不同物种中可能具有相似的生物学功能。进一步对 *Sirt1* 推测的氨基酸序列进行系统进化树分析,结果表明,红鳍东方鲀 *Sirt1* 与其他鱼类如罗非鱼、非洲齿鲤、科恩氏假鳃鳞首先聚为一支,两栖类的非洲爪蟾、非洲蛙及哺乳类的人、小鼠等哺乳动物的 *Sirt1* 聚为另外一支,但其具有共同的起源。据此推测,红鳍东方鲀的 *Sirt1* 与其他物种的 *Sirt1* 一样,在脂质代谢和肌肉发育等方面具有非常重要的作用。诱导表达重组蛋白分析结果表明,在诱导剂为 IPTG(1 mmol/L)和 27 °C 诱导条件下,重组菌经超声破碎后离心,在上清和沉淀中均发现重组蛋白,但在上清中的表达量较高。说明重组菌诱

导出来的蛋白主要是以可溶蛋白形式存在的。原核 能鉴定及进一步的脂质代谢调控研究做准备。  
表达诱导出的 Sirt1 蛋白,可为后续蛋白纯化、功

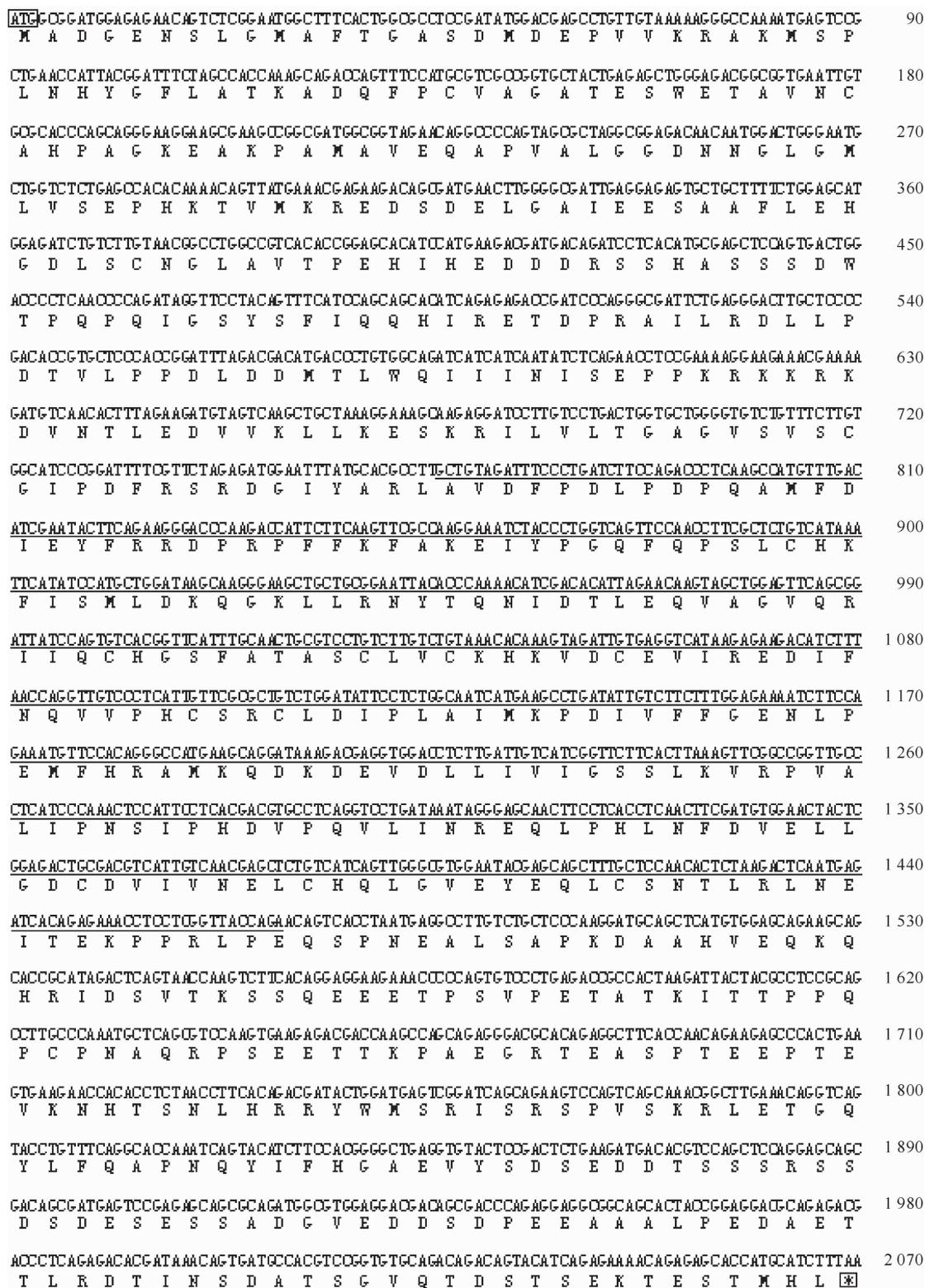


图 1 红鳍东方鲀 *Sirt1* 基因 ORF 的测序结果及推测的氨基酸序列

*Sirt1* 基因的起始密码子和终止密码子用方框标明;保守结构域用直线标示

Fig. 1 cDNA and translated amino acid sequences of *Taki fugu rubripes Sirt1*

The start and stop condon are shown with boxes and the conservative domains are labeled with straight line

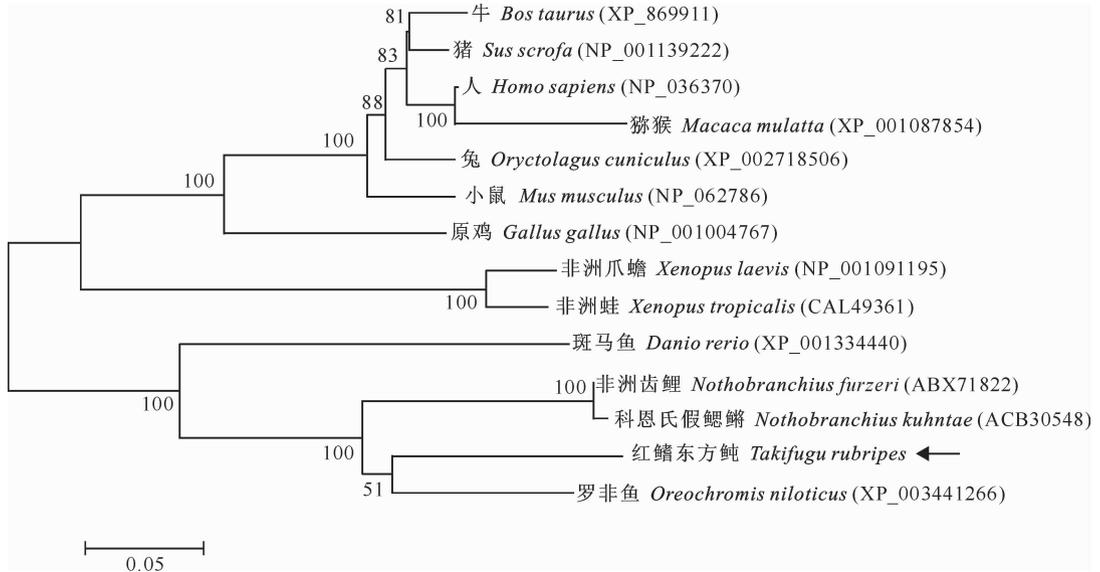


图 2 红鳍东方鲀 Sirt1 与其他生物的系统进化树  
括号内数字为各序列的 GenBank 登录号

Fig. 2 Phylogenetic tree depicting the evolutionary relationships between various Sirt1  
The number in the bracket denotes the GenBank accession number

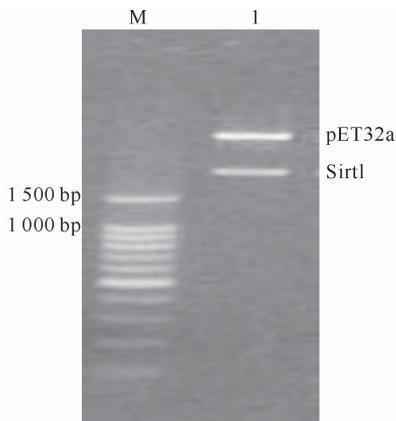


图 3 重组质粒 pET32a/Sirt1 的酶切分析  
M. DNA Maker 100; 1. pET32a /Sirt1 质粒双酶切

Fig. 3 Restriction analysis of plasmid pET32a/Sirt1  
M. DNA Marker 100; 1. pET32a/Sirt1 digested  
by *EcoR* I and *Xho* I

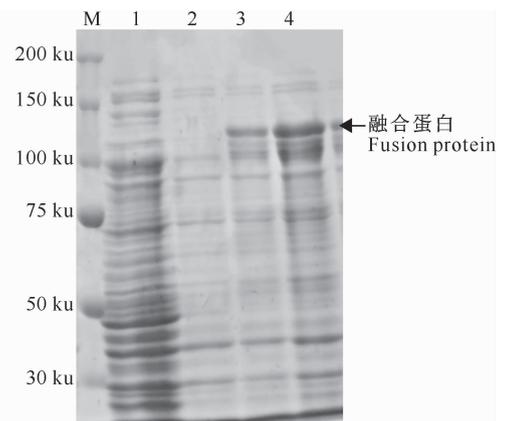


图 4 重组质粒表达产物的 SDS-PAGE 分析

M. 蛋白分子量标准; 1. 空质粒; 2. 未加诱导剂;  
3. 加入 IPTG 诱导裂解后的沉淀; 4. 加入 IPTG 诱导裂解后的上清  
Fig. 4 SDS-PAGE analysis of expression of  
the Sirt1 in Rosetta (DE3)  
M. Protein Marker; 1. *E. coli* Rosetta(DE3)/pET32a with 1 mmol/L  
IPTG induction; 2. Sirt1 protein not induced by IPTG;  
3. Sedimentation after lysis by inducement of IPTG;  
4. Supernatant liquor after lysis by inducement of IPTG

对于鱼类 *Sirt1* 基因的研究目前鲜有报道, 本研究克隆了红鳍东方鲀 *Sirt1* 基因的完整 ORF 序列, 并在原核系统中得到了表达产物, 便于进一步研究 *Sirt1* 与脂质代谢以及肉质性状的关系, 为后续 *Sirt1* 基因调控机制的研究提供了理论基础。基于目前获得的试验结果, 还需对红鳍东方鲀 *Sirt1* 蛋白活性及理化性质进行进一步研究, 这不仅对改善鱼肉的风味及品质具有重要意义, 而且也可为困扰人

类健康的肥胖病、糖尿病等病的预防、控制和治疗的  
研究工作奠定基础并拓展新的思路。

#### [参考文献]

- [1] Ando S, Mori Y, Nakamura K, et al. Characteristics of lipid accumulation types in five species of fish [J]. *Nippon Suisan Gakkaishi*, 1993, 59(9): 1559-1564.
- [2] Cheng H L, Mostoslavsky R, Saito S, et al. Developmental defects and p53 hyperacetylation in Sir2 homolog (SIRT1)-defi-

- cient mice [J]. *Developmental Biology*, 2003, 100(19): 10794-10799.
- [3] Frye R A. Phylogenetic classification of prokaryotic and eukaryotic Sir2-like proteins [J]. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 2000, 273(2): 793-798.
- [4] Langley E, Pearson M, Faretta M, et al. Human SIR2 deacetylates p53 and antagonizes PML/p53-induced cellular senescence [J]. *EMBO J*, 2002, 21(10): 2383-2396.
- [5] Luo J, Nikolaev A Y, Lmai S, et al. Negative control of p53 by Sir2 alpha promotes cell survival under stress [J]. *Cell*, 2001, 107(2): 137-148.
- [6] Motta M C, Divecha N, Lemieux M, et al. Mammalian SIRT1 represses forkhead transcription factors [J]. *Cell*, 2004, 116(4): 551-563.
- [7] Kitamura Y I, Kitamura T, Kruse J P, et al. FoxO1 protects against pancreatic beta cell failure through NeuroD and MafA induction [J]. *Cell Metab*, 2005, 2(3): 153-163.
- [8] Yang T, Fu M, Pestell R, et al. SIRT1 and endocrine signaling [J]. *Trends Endocrinol Metab*, 2006, 17(5): 186-191.
- [9] Libert S, Pointer K, Bell E L, et al. SIRT1 activates MAO-A in the brain to mediate anxiety and exploratory drive [J]. *Cell*, 2011, 147(7): 1459-1472.
- [10] Gao Z G, Zhang J, Kheterpal I, et al. SIRT1 degradation in response to persistent JNK1 activation contributes to hepatic steatosis in obesity [J]. *J Biol Chem*, 2011, 286(5): 22227-22234.
- [11] Gerhart-Hines Z, Dominy J E, Bltler S M, et al. The cAMP/PKA pathway rapidly activates SIRT1 to promote fatty acid oxidation independently of changes in NAD<sup>+</sup> [J]. *Mol Cell*, 2011, 44(6): 851-863.
- [12] 何 丹, 杜文婷, 任思冲, 等. 沉默交配型信息调节因子 2 同源蛋白 Sirt1 [J]. *生命的化学*, 2011, 31(4): 577-581.  
He D, Du W T, Ren S C, et al. Research progress of Sirt1 [J]. *Chemistry of Life*, 2011, 31(4): 577-581. (in Chinese)
- [13] Picard F, Kurtev M, Chung N, et al. Sirt1 promotes fat mobilization in white adipocytes by repressing PPAR- $\gamma$  [J]. *Nature*, 2004, 429(6993): 771-776.
- [14] 白 亮, 庞卫军, 杨公社. Sirt1: 一种新的脂肪细胞和肌细胞调控因子 [J]. *遗传*, 2006, 28(11): 1462-1466.  
Bai L, Pang W J, Yang G S. Sirt1: A novel adipocyte and myocyte regulatory factor [J]. *Herditas*, 2006, 28(11): 1462-1466. (in Chinese)
- [15] Qiao L P, Shao J H. SIRT1 regulates adiponectin gene expression through FoxO1-C/enhancer-binding protein alpha transcriptional complex [J]. *J Biol Chem*, 2006, 281(52): 39915-39924.
- [16] Frye R A. Characterization of five human cDNAs with homology to the yeast Sir2 gene; SIR2-like proteins (sirtuins) metabolize NAD and may have ADP-ribosyltransferase activity [J]. *Biochem Biophys Res Commun*, 1999, 260(1): 273-279.
- [17] Wang R H, Sengupta K, Li C, et al. Impaired DNA damage response, genome instability, and tumorigenesis in SIRT1 mutant mice [J]. *Cancer Cell*, 2008, 14(4): 312-323.
- [18] Picard F, Guarente L. Molecular links between aging and adipose tissue [J]. *Int J Obes*, 2005, 29: S36-S39.
- [19] Wolf G. Calorie restriction increases life span: A molecular mechanism [J]. *Nutr Rev*, 2006, 64(2): 89-92.

(上接第 53 页)

- [11] Aoyama M, Agari K, Sun-Wada G H, et al. Simple and straightforward construction of a mouse gene targeting vector using *in vitro* transposition reaction [J]. *Nucleic Acids Res*, 2005, 33(5): e52.
- [12] 李军华, 韩翠芹, 邓 捷, 等. 双筛选标记打靶载体的构建及功能鉴定 [J]. *生物工程学报*, 2010, 26(12): 1696-1703.  
Li J H, Han C Q, Deng J, et al. Construction and functional analysis of a common gene targeting vector with double-selection markers [J]. *Chinese Journal of Biotechnology*, 2010, 26(12): 1696-1703. (in Chinese)
- [13] Li M Z, Elledge S J. Harnessing homologous recombination *in vitro* to generate recombinant DNA via SLIC [J]. *Nat Methods*, 2007, 4(3): 251-256.
- [14] Zhu B, Cai G, Hall E O, et al. In-fusion assembly: Seamless engineering of multidomain fusion proteins, modular vector, and mutations [J]. *Biotechniques*, 2007, 43(3): 354-359.
- [15] Cadiñanos J, Bradley A. Generation of an inducible and optimized PiggyBac transposon system [J]. *Nucleic Acids Res*, 2007, 35(12): e87.