

凡纳滨对虾信号转导及转录激活因子(*Lv-STAT*)基因的 克隆及表达特征分析

张 铃¹, 刘逸尘¹, 张亦陈¹, 孙 妍², 耿绪云², 孙金生^{1,2*}

(1. 天津师范大学生命科学学院, 天津市动植物抗性重点实验室, 天津 300387;

2. 天津市水生动物疫病预防控制中心, 天津 300221)

摘要: 信号传导及转录激活因子(STAT)是生物体内重要信号通路 JAK/STAT 的关键组分, 在机体免疫、生长、发育等方面起到重要作用。实验从凡纳滨对虾血细胞中克隆获得了 STAT 基因的全长 cDNA 序列(*Lv-STAT*, GenBank accession number: KC779541), 其 ORF 区全长 2 373 bp, 编码 790 个氨基酸, 预测的分子量为 90.68 ku, 等电点为 5.91。利用 SMART 在线软件分析表明, 该基因编码的蛋白主要结构域由 STAT_int、STAT- α 、STAT- β 和 SH2 domain 4 部分组成, 但不具有信号肽结构。将 *Lv-STAT* 与来源于其它物种的 STAT 进行氨基酸多序列比对后发现, 该基因家族中的关键位点在 *Lv-STAT* 中同样保守。系统发生分析结果显示, *Lv-STAT* 与斑节对虾、中国明对虾的 STAT 亲缘关系最近。在组织表达模式分析基础上进一步研究了该基因应答 WSSV 感染的表达变化特征, 发现在感染后早期(0.5、1 和 3 h), 该基因在血细胞中均呈显著上调表达趋势, 上述研究表明该基因在一定程度上参与了凡纳滨对虾体内由 WSSV 引发的先天免疫应答过程。

关键词: 凡纳滨对虾; STAT; 表达模式分析; 先天免疫

中图分类号: Q 785; S 917.4

文献标志码: A

信号转导及转录激活因子 STATs (Signal transducers and activators of transcription) 是 JAK/STAT 信号通路的关键组分, 该通路是许多细胞因子信号由胞膜向核内传递的重要途径^[1], 广泛参与细胞增殖、分化、凋亡以及胚胎发育和机体免疫调节等生物学过程, 是近年来的研究热点。JAK/STAT 信号通路中有 3 个重要组分: 酪氨酸激酶相关受体、酪氨酸激酶 JAK 和转录因子 STAT。目前认为, JAK/STAT 信号通路能被许多细胞因子及生物化学介质等配体激活, 这些配体通过结合相应的酪氨酸激酶相关受体, 使受体发生二聚化从而激活 JAKs (janus kinase), 随后 STAT 上特定的酪氨酸残基会被活化的 JAKs 磷酸化, 从而形成二聚体, 以此形式跨越核膜并与

DNA 靶序列特异性结合, 进而启动细胞因子应答基因转录^[2]。STATs 的结构在进化上较保守, 是一类可由蛋白酪氨酸激酶 JAKs 活化的潜在的转录因子家族, 于 20 世纪 90 年代初在干扰素诱导基因转录的研究中被发现^[3-4]。近年来的研究显示, STAT 单体主要位于静息细胞的胞浆中, 磷酸化的 STAT (p-STAT) 可以形成同源或异源二聚体进入细胞核, 从而对靶基因的表达加以调控, 它们可被细胞因子和生长因子特异性激活并调节基因转录, 因此它们作为细胞质中的信号传感器和细胞核中的转录激活因子发挥作用^[5]。目前, 对于线虫、果蝇、斑马鱼、人等模式生物 STAT 的研究结果显示, 在无脊椎动物中仅发现一种 STAT 基因^[6], 而哺乳动物的 STAT 家族则包括 7 种

收稿日期: 2013-03-21 修回日期: 2013-05-09

资助项目: 国家“九七三”项目(2012CB114405), 国家“八六三”高技术研究发展计划(2012AA092205, 2012AA10A401); 国家科技支撑计划项目(2011BAD13B04, 2011BAD13B07); 天津市自然科学基金项目(10JCYBJC09200); 天津师范大学博士基金项目(52LX18, 52LX19)

通信作者: 孙金生, E-mail: jssun1965@yahoo.com.cn

<http://www.scxuebao.cn>

STAT 蛋白:STAT₁₋₆,其中 STAT₅有 STAT_{5A}和 STAT_{5B}两种异构体^[7]。STAT 蛋白约含有 750 ~ 850 个氨基酸,其在染色体以及在早期真核生物中的分布可以表明,这个家族起源于一个单一的原始基因,该家族基因的产生是由于不同染色体间插入转座子而形成的^[8]。近年来发现 STAT 还在调节宿主的先天和后天免疫反应中发挥了关键作用^[1],另外 JAK/STAT 信号通路参与细胞抵御病毒和细菌侵染的免疫应答过程^[9-10]。虽然 JAK/STAT 通路在哺乳类中已得到广泛研究,但在节肢类动物中的研究仍较少,部分研究推断甲壳类的 STAT 基因保守结构域应该与已知的昆虫纲中 STAT 基因有相似的功能和对病毒感染的应答机制^[11-14]。实验拟在克隆凡纳滨对虾(*Litopenaeus vannamei*)的 STAT 基因的基础上,对其进行序列和结构分析,并进一步分析其组织表达特征和应答 WSSV 感染的表达变化模式,实验将为深入探讨该信号通路在对虾抗病毒免疫应答过程中的作用及调控机制提供参考。

1 材料与方法

1.1 实验材料

实验动物、菌株、质粒 凡纳滨对虾(体长 11 ~ 13 cm)购于天津神堂水产育苗养殖有限公司,实验前在水族箱循环系统中暂养 7 d,使其适应实验室内养殖环境;宿主菌株 TOP10F' 为本实验室保存;克隆载体 pMD-19T 购自 TaKaRa(大连)公司。

实验试剂 TRIzol 总 RNA 提取试剂盒(invitrogen); PrimeScript Reverse Transcriptase、TaKaRa LA Taq[®]、DNA Marker、SYBR[®] Premix Ex Taq[™] II、SYBR[®] Premix Perfect Real Time(TaKaRa);其它试剂均为国产或进口分析纯产品。

实验仪器 梯度 PCR 仪(Bio-Rad);核酸蛋白测定仪(Bio-Rad);台式冷冻离心机(Eppendorf);恒温培养箱(上海博讯实业有限公司医疗设备厂)。

1.2 总 RNA 的提取及第一链 cDNA 的合成

参照刘丽静等^[15]的方法,提取健康凡纳滨对虾血细胞、心脏、鳃、肝胰腺、胃、肠道和肌肉的总 RNA,经琼脂糖凝胶电泳与核酸蛋白测定仪进行定性和定量分析, - 80 °C 保存备用。以 1.5 μL

各组织总 RNA 为反转录模版, poly(T) 引物(5'-GGCCACGCGTCGACTAGTAC(T)₁₆(A/C/G)-3') 为反转录引物,根据 PrimeScript Reverse Transcriptase 说明书,合成第一链 cDNA。

1.3 cDNA 全长克隆

根据前期转录组测序结果,设计序列特异性引物 ST-F(5'-TCTGTGAGAGACTTTTCTACCG-3') 和 ST-R(5'-CCCTGCCCCACAAA-3'),以对虾血细胞 cDNA 为模板进行 PCR 扩增,将获得的目基因片段进行回收纯化后,与克隆载体 pMD19-T 连接,挑取检测正确的阳性克隆进行测序验证。

1.4 *Lv-STAT* 基因的生物信息学分析

利用在线软件(<http://web.expasy.org/protparam/>)将测序后的 *Lv-STAT* 基因序列进行翻译,并对推断的蛋白序列进行分子量及等电点的预测;利用 Blastp 工具(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>)进行同源比对分析,采用 ClustalX 和 MEGA 5.0 软件对其进行多序列比较和聚类分析,系统发生树采用 Neighbour-Joining 方法构建。

1.5 *Lv-STAT* 基因的组织表达分析

实验前随机挑选 5 尾对虾,取部分鳃组织提取 DNA,用 WSSV 特异性引物 W₂₃₅F(5'-CCAAGACATACTAGCGGATA-3') 和 W₂₃₅R(5'-GACGACCCTGACAGAATTAC-3') 进行病毒特异性扩增,未见特异性病毒条带。取 20 尾对虾进行正常饲养,作为对照组,另取 20 尾对虾经 WSSV 人工感染 24 h 后提取不同组织作为实验组,对照组和实验组均设 3 个平行。分别提取各个组对虾的血细胞、心脏、鳃、肝胰腺、胃、肠和肌肉共 7 种组织总 RNA,并通过反转录合成 cDNA,以 STAT-qF(5'-CTTGTCCGTATGCGTTTAGAT-3') 和 STAT-qR(5'-TTGCCGTTTCCCGTGTA-3') 为目的基因扩增引物,以 TPI-qF(5'-GGTCACGTGTTGTCTTGGCTTATGAACC-3') 和 TPI-qR(5'-CTGAACAAGTCTGGCTTGAGAGCTGC-3') 为内参基因扩增引物进行 real-time PCR 检测。

1.6 *Lv-STAT* 基因在血细胞中应答白斑杆状病毒感染的表达变化特征

选用前述无特定病毒检出的对虾分别设置空白组、对照组和实验组,每组 3 个平行(每个平行 6 尾对虾),空白组无任何注射,对照注射稀释病毒的缓冲液,实验组注射病毒悬液 10 μL(浓度为

$10^8/\text{mL}$)。注射后分别于 0.5、1、3、6、12、24 和 48 h 分别取血细胞和肝胰腺,提取总 RNA 并经反转录获得 cDNA,利用 real-time PCR 方法定量检测 STAT 基因在病毒感染进程中的表达变化特征。为了验证病毒感染的有效性,于注射感染后的第 3 天,从 WSSV 感染组和对照组分别随机取 5 尾对虾检测,结果显示仅感染组检出了 WSSV 特异性扩增条带。

2 结果

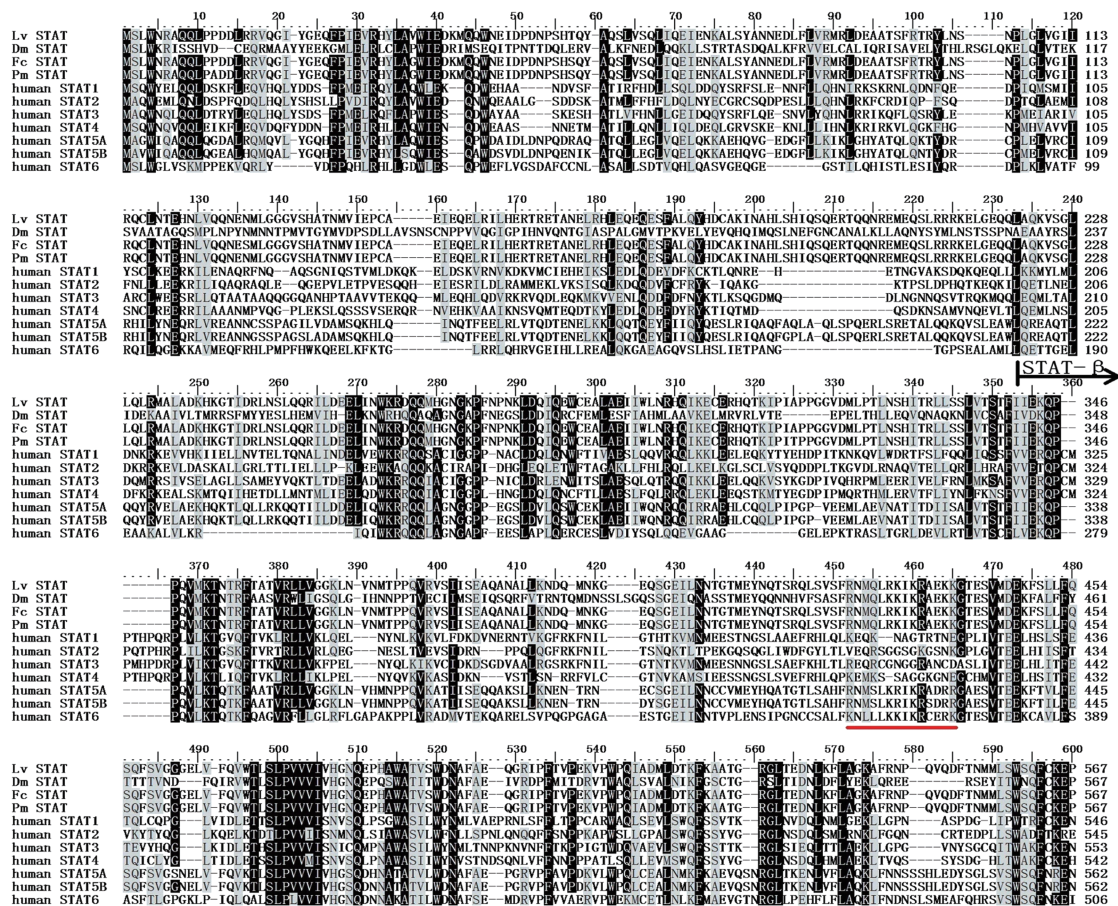
2.1 *Lv-STAT* 基因全长 cDNA 的序列分析

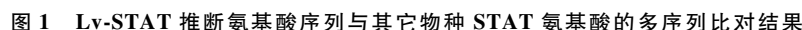
实验克隆获得凡纳滨对虾 STAT 基因 (*Lv-STAT*, GenBank 注册号: KC779541) 全长 cDNA 2 608 bp, ORF 区全长 2 373 bp, 编码的多肽序列含 790 aa, 其预测的分子量为 90.68 ku, 等电点为 5.91。经 ExPASy 的 SMART 分析显示其氨基酸序列含有 4 个保守结构域: STAT-in²⁻¹³⁰, STAT-

$\alpha^{143-338}$, STAT- $\beta^{340-588}$ 和 SH2⁵⁹²⁻⁶⁸⁵ 结构域; ORF 中未发现信号肽序列; STAT- α 、STAT- β 分别符合 STAT 的螺旋结构域、DNA 结合域的结构特征;而 SH2 则是存在于已发现的所有 STAT 分子中,是进化上最保守也是功能最重要的区域。

2.2 *Lv-STAT* 的多序列比对分析

基于 BlastP 结果,将 *Lv-STAT* 氨基酸序列推断的结构域与其它甲壳动物中报道的 STAT 结构域进行比对,相似度上限设置为 70%。结果发现它们在螺旋结构域、DNA 结合域、SH2 结构域上有很多相同序列(图 1),显示这些序列具有较强的保守性;STAT- β 结构域中,第 424 ~ 439 个氨基酸中(单横线标示)富含 Arg、Lys 等碱性氨基酸;SH2 结构域具有核心保守序列 GTFLLFS(E/D)S(双横线标示)。在 SH2 结构域之后靠近羧基端,甲壳纲动物和人的 STAT_{5A,5B,6} 都存在保守序列 GYV。



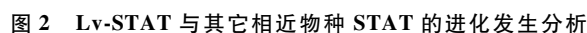


Lv. *L. vannamei*; Dm. *Drosophila melanogaster*; Af. *Artemia franciscana*; Fc. *Fenneropenaeus chinensis*; Pm. *Penaeus monodon* and human.

结果显示这些序列分别聚为两组, Lv-STAT 与节肢类的斑节对虾、中国明对虾的 STAT 亲缘关系最近, 并且与人类 STAT₅、STAT₆ 分布在了进化树的同一支上, 而与其他人类 STAT 基因亲缘关系较远。

利用 real-time PCR 方法分析了 *Lv-STAT* 在不同组织中的表达特征(图 3),结果显示该基因在血细胞、肝胰腺中表达水平较高,在鳃、胃、肠中也有少量的表达,而在心脏、肌肉中未见表达。病毒感染后 24 h,该基因在肝胰腺、血细胞中显著上调表达($P < 0.01$),在胃、肠和鳃组织中未见显著上下调表达($P > 0.05$)。

经半定量 RT-PCR 方法分析了对虾血细胞中 *Lv-STAT* 基因在病毒 (WSSV) 感染后的不同时间的表达变化特征 (图 4)。结果表明:病毒感染可以显著诱导 *Lv-STAT* 基因的表达,病毒刺激后的极早期时间里 (0.5、1 和 3 h),该基因在两个组织中表达量均升高,与空白组 (0 h) 相比有显著差



Lv. *Litopenaeus vannamei*; Dm. *Drosophila melanogaster* (Q24151); Ag. *Anopheles gambiae* (Q7QDU4); Af. *Artemia franciscana* (EU877977); Mj. *Marsupenaeus japonicus* Bate (AB501344); Fc. *Fenneropenaeus chinensis* (EU714057); Pm. *Penaeus monodon* (AY327491); h-STAT₁₋₆: human-STAT₁₋₆ (AAH02704, AAH51284, P40763 NP_003142, NP_003143, NP_036580 and NP_003144).

异($P < 0.01$)。血细胞中该基因的表达量在 0.5 和 1 h 相当。感染后 3 h 该基因在血细胞中的表达量达到高峰,分别约为空白组和对照组该基因表达量的 7 和 9 倍;随着感染时间的延长(6 h, 12 h),基因表达量总体呈逐渐下降的趋势。

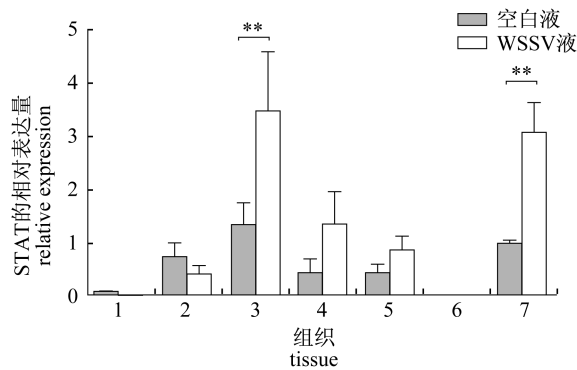


图3 凡纳滨对虾 *Lv-STAT* 基因的组织表达特征

1. 心脏; 2. 鳃; 3. 肝胰脏; 4. 胃; 5. 肠; 6. 肌肉; 7. 血淋巴。

Fig. 3 Expression of *Lv-STAT* in different tissues of *L. vannamei*

1. heart; 2. gill; 3. hepatopancreas; 4. stomach; 5. intestine; 6. muscle; 7. hemolymph.

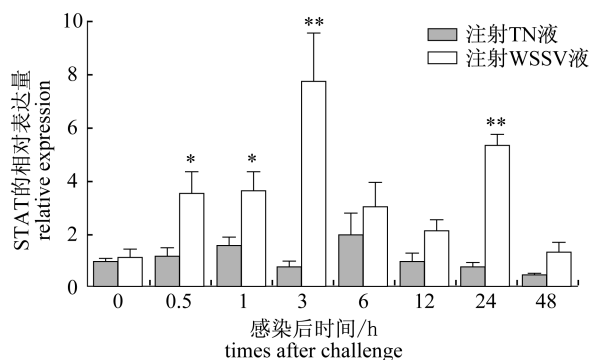


图4 WSSV 感染后凡纳滨对虾血细胞中 *Lv-STAT* 基因的表达变化模式

Fig. 4 Expression profile of *Lv-STAT* after WSSV challenge in hemocytes of *L. vannamei*

3 讨论

近年来的研究显示经典的 JAK/STAT 信号通路除了广泛参与细胞增殖、分化、凋亡以及胚胎发育外,还在先天免疫应答方面起到重要作用。实验从南美白对虾血细胞中克隆到该通路的关键组分 STAT 的 cDNA 全长序列 (*Lv-STAT*)。SMART 分析预测其蛋白结构中不含信号肽,说明 *Lv-STAT* 无跨膜移位活动,为胞浆蛋白。4 个

保守结构域: STAT-in, STAT- α , STAT- β 以及 SH2 结构域,分别符合 STAT 的 N-末端结构域、螺旋结构域、DNA 结合域和 SH2 结构域的结构特征,显示了其进化的保守性。有研究认为 STAT₄ 中的 395 ~ 416 位氨基酸是潜在的人核定位序列,因为这段区域富含碱性氨基酸^[16]。在 *Lv-STAT* 的 STAT- β 结构域中,第 424 ~ 439 位氨基酸中(图 1,单横线标示),同样富含 Arg、Lys 等碱性氨基酸,同时,由于 DNA 结合域富含 β 折叠,符合 STAT- β 的结构特征,因此推断该序列可能是 *Lv-STAT* 潜在的核定位序列,将会对多聚化的 STAT 进入核膜有帮助。SH2 结构域的核心保守序列为 GTFLLFS (E/D) S^[1] (图 1,双横线标示),已报道的无脊椎动物和人的 STAT_{5A,5B,6} 与人的 STAT₁₋₄ 核心保守序列仅存在一个氨基酸的差别;保守的 SH2 结构域具有多种功能,包括对 STAT 分子和其相应的受体特异性相互作用起决定作用;介导活化的 JAK 对 STAT 的磷酸化,磷酸化的 STAT 蛋白可通过其酪氨酸区域和 SH2 位点间互相结合形成同源或异源多聚体穿越核膜,从而行使其信号传递的功能;此外,SH2 结构域之后靠近羧基端的一个酪氨酸一旦被磷酸化,可以使 STAT 二聚化开启入核机制,是非常重要的位点。人 STAT₁₋₄ 的磷酸化酪氨酸位点 (PY 位点) 分别为 Tyr₇₀₁、Tyr₆₉₀、Tyr₇₀₅、Tyr_{693[17-20]},STAT_{5A,5B} 以及 STAT₆ 的 PY 位点分别为 Tyr_{694[21]} 和 Tyr_{641[22]},比对显示凡纳滨对虾和其它甲壳动物的 STAT 与人的 STAT_{5A,5B,6} 具有同一类 PY 位点,提示可能具有相似的作用机制。

进化分析显示, *Lv-STAT* 与节肢类斑节对虾、中国明对虾的 STAT 亲缘关系最近,与人类 STAT_{5A,5B,6} 也分布在了进化树的同一支上,但与其它类型的人类 STAT 基因关系较远。有报道指出,昆虫纲等无脊椎动物的 STAT 以及脊椎动物的 STAT_{5A,5B,6} 同源^[14],这与本研究的结果一致。值得注意的是,虽然人类 STAT 家族已发现 STAT_{1-4,5A,5B,6} 共 7 种类型,但在无脊椎动物如果蝇、按蚊和对虾中却分别都只发现一种 STAT^[9,13],且同源性很高,这提示各物种的 STAT 可能起源于共同的祖先;另一方面,人的 STAT_{5A,5B,6} 在进化系统上比较古老,而 STAT₁₋₄ 属于进化较近源的基因^[13],也支持这一结果。从各种 STAT 的共有序列出发将有助于深入解析该

基因的基本功能。

组织表达分析显示,*Lv-STAT* 具有一定的组织表达特异性,仅在血细胞、肝胰腺中高表达;分析病毒感染后该基因在血细胞中的表达模式显示,在 WSSV 的感染极早期(3 h 前),血细胞内的 *Lv-STAT* 迅速应答,此后逐渐下降,至感染末期总体呈现下降趋势,表明该基因可能在感染的极早期就参与了 WSSV 引发的先天免疫应答过程;在病毒感染组中 *Lv-STAT* 的表达量基本都高于对照组,表明该基因可能在病毒感染后持续发挥着作用。本实验系统分析了 *Lv-STAT* 的结构域特点、组织表达特征以及宿主受病毒感染后的应答模式,为了解 JAK-STAT 信号通路在凡纳滨对虾抗病毒免疫应答过程中的作用机制提供了参考。

参考文献:

- [1] 李清刚. 细胞因子受体介导的信号传递 JAK-STAT 研究新进展[J]. 国外医学免疫学分册, 2000, 23 (1): 6 - 29.
- [2] Darnell J E Jr. STAT and gene regulation [J]. Science, 1997, 277(5332): 1630 - 1635.
- [3] 马焕艳, 韩凤丽, 盛洁, 等. 家蚕 STAT 基因的克隆、表达及多克隆抗体制备与组织表达差异分析[C]. 中国蚕学会第六届青年学术研讨会论文集. 杨凌: 中国蚕学会, 2009.
- [4] Schindler C, Fu X Y, Improt T, et al. Proteins of transcription factor ISGF-3: One gene encodes the 91- and 84-kDa ISGF-3 proteins that are activated by interferon alpha [J]. Proceeding of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1992, 89(16): 7836 - 7839.
- [5] 张雷, 周荣斌, 姚咏明, 等. $\alpha 7$ 烟碱型乙酰胆碱受体对小鼠 $CD4^+ CD25^+$ 调节性 T 细胞中转录因子 STAT₅ 表达的影响[J]. 临床急诊杂志, 2011, 12 (2): 107 - 110.
- [6] Souza-Neto J A, Sim S, Dimopoulos G. An evolutionary conserved function of the JAK-STAT pathway in anti-dengue defense [J]. Proceeding of the National Academy of Sciences of United States of America, 2009, 106(42): 17841 - 17846.
- [7] 王小中, 冯文莉, 涂植光. STAT5 与白血病[J]. 江西医学检验, 2005, 23(6): 576 - 577.
- [8] 黄田英, 李庆章, 侯晓明. 乳腺中 JAK-STAT 信号通路的研究进展[J]. 中国乳品工业, 2010, 2(38): 41 - 44.
- [9] Sun C, Shao H L, Zhang X W, et al. Molecular cloning and expression analysis of signal transducer and activator of transcription (STAT) from the Chinese white shrimp *Fenneropenaeus chinensis* [J]. Molecular Biology Reports, 2011, 38 (8): 5313 - 5319.
- [10] Chen W Y, Ho K C, Leu J H, et al. WSSV infection activates STAT in shrimp [J]. Developmental and Comparative Immunology, 2008, 32 (10): 1142 - 1150.
- [11] 周向红, 阎斌伦, 李士虎. 中国明对虾主要过敏原基因分子克隆与序列分析[J]. 水产科学, 2011, 30 (2): 102 - 106.
- [12] Cheng C H, Chen G D, Yeh M S, et al. Expression and characterization of the JAK kinase and STAT protein from brine shrimp, *Artemia franciscana* [J]. Fish & Shellfish Immunol, 2010, 28 (5 - 6): 774 - 782.
- [13] Lin C C, Chou C M, Hsu Y L, et al. Characterization of two mosquito STATs, AaSTAT and CtSTAT. Differential regulation of tyrosine phosphorylation and DNA binding activity by lipopolysaccharide treatment and by Japanese encephalitis virus infection [J]. The Journal of Biological Chemistry, 2004, 279 (5): 3308 - 3317.
- [14] Barillas-Mury C, Han Y S, Seeley D, et al. Anopheles gambiae Ag-STAT, a new insect member of the STAT family, is activated in response to bacterial infection [J]. The EMBO Journal, 1999, 18 (4): 959 - 967.
- [15] 刘丽静, 刘逸尘, 张亦陈, 等. 中国明对虾 C-型凝集素基因 (Fclectin) 的重组表达及活性分析[J]. 水产学报, 2012, 36(10): 1493 - 1502.
- [16] 黄玉梅, 文亚平, 李轩岸, 等. STAT4 的 DNA 结合域中 395 ~ 416 位氨基酸残基序列参与 IL-12 介导的 STAT4 入核 [J]. 生理学报, 2012, 64 (4): 372 - 378.
- [17] Ihle J N, Witthuhn B A, Quelle F W, et al. Signaling by the cytokine receptor superfamily: JAKs and STATs [J]. Trends in Biochemical Sciences, 1994, 19 (5): 222 - 227.
- [18] Improt T, Schindler C, Horvath C M, et al. Transcription factor ISGF-3 formation requires phosphorylated Stat91 protein, but Stat113 protein is phosphorylated independently of Stat91 protein [J]. Proceeding of the National Academy of Sciences of United States of America, 1994, 91 (11): 4776 - 4780.
- [19] Ihle J N. Cytokine receptor signaling [J]. Nature, <http://www.scxuebao.cn>

- 1995,377(6550):591–594.
- [20] Visconti R, Gadina M, Chiariello M, *et al.* Importance of the MKK6/p38 pathway for interleukin-12-induced STAT4 serine phosphorylation and transcriptional activity[J]. *Blood*,2000,96(5): 1844–1852.
- [21] Gouilleux F, Wakao H, Mundt M, *et al.* Prolactin induces phosphorylation of Tyr694 of Stat5 (MGF), a prerequisite for DNA binding and induction of transcription[J]. *The EMBO Journal*,1994,13(18): 4361–4369.
- [22] Quelle F W, Shimoda K, Thierfelder W, *et al.* Cloning of murine Stat6 and human Stat6, Stat proteins that are tyrosine phosphorylated in responses to IL-4 and IL-3 but are not required for mitogenesis [J]. *Molecular and Cellular Biology*,1995,15(6): 3336–3343.

Molecular cloning and expression pattern analysis of signal transducer and activator of transcription(*Lv-STAT*) from the *Litopenaeus vannamei*

ZHANG Ling¹, LIU Yichen¹, ZHANG Yichen¹, SUN Yan², GEN Xuyun², SUN Jinsheng^{1,2*}

(1. *Tianjin Key Laboratory of Animal and Plant Resistance, College of Life Science, Tianjin Normal University, Tianjin 300387, China;*

2. *Tianjin Aquatic Animal Infectious Disease Control and Prevention Center, Tianjin 300221, China)*

Abstract: Signal transducer and activator of transcription factor(STAT) is an important part of JAK/STAT signaling pathway whose function performs in immunity, growth and development. In this research, the full length cDNA of *STAT* gene(*Lv-STAT*) was cloned from hemocytes of *Litopenaeus vannamei*. *Lv-STAT* has a 2 373 bp ORF encoding 790 aa with a predicted molecular weight of 90.68 ku and calculated isoelectric point of 5.91. The SMART online software analysis showed that functional domains of *Lv-STAT* were composed of four components, STAT_int, STAT- α , STAT- β and SH2 domain. It didn't have any signal peptide. The key sites of *STAT* gene family in *Lv-STAT* are highly conserved. Phylogenetic analysis shows that *Lv-STAT* is most closely related to *P. monodon* *STAT*, *F. chinensis* *STAT* and human *STAT*_{5A} and *STAT*_{5B}. The results of gene expression show that *Lv-STAT* was mainly expressed in hemocytes and hepatopancreas. The expression profiles of *Lv-STAT* in hemocytes and hepatopancreas were changed significantly ($P < 0.01$) in the early period after WSSV (White Spot Syndrome Virus) challenging (3 hpi). The result suggests that *Lv-STAT* might take part in the antiviral innate immune response of shrimp triggered by WSSV.

Key words: *Litopenaeus vannamei*; *STAT*; expression profile analysis; innate immunity

Corresponding author: SUN Jinsheng. E-mail: jssun1965@yahoo.com.cn