

黑鹿和费氏鹿四种卫星DNA的克隆特征和染色体定位(英文)

刘妍<sup>1,4</sup>, 佴文惠<sup>1</sup>, 黄玲<sup>1,4</sup>, 王金焕<sup>1</sup>, 苏伟婷<sup>1</sup>, LIN Chyi Chyang<sup>3</sup>, 杨凤堂<sup>1,2</sup>

1. 中国科学院昆明动物研究所 遗传资源与进化重点实验室, 云南 昆明 650223;
2. Wellcome Trust Sanger Institute, Wellcome Trust Genome Campus, Hinxton, Cambridge, CB10 1SA, UK;
3. Department of Medical Research, China Medical University Hospital, Taichung Taiwan 404, China;
4. 中国科学院研究生院, 北京 100049

收稿日期 2008-4-22 修回日期 网络版发布日期 2008-6-22 接受日期 2008-5-12

**摘要** 近年来, 分子细胞遗传学研究已基本证实了染色体的串联融合(端粒-着丝粒融合)是鹿属动物核型演化的主要重排方式。尽管染色体串联融合分子机制还不清楚, 但通过染色体的非同源重组, 着丝粒区域的卫星DNA被认为可能介导了染色体的融合。以前的研究发现在赤鹿和小鹿染色体的大部分假定的串联融合位点处存在着非随机分布的卫星DNA。然而在鹿属的其他物种中, 这些卫星DNA的组成以及在基因组中的分布情况尚未被研究。本研究从黑鹿和费氏鹿基因组中成功地克隆了4种卫星DNA (BMC5、BM700、BM1.1k和FM700), 并分析了这些卫星克隆的特征以及在小鹿、黑鹿、贡山鹿和费氏鹿染色体上的定位情况。结果表明, 卫星I和II DNA (BMC5, BM700和FM700)的信号除了分布在这些鹿属动物染色体的着丝粒区域外, 也间隔地分布在这些物种的染色体臂上。其研究结果为黑鹿、费氏鹿和贡山鹿的染色体核型也是从一个 $2n=70$ 的共同祖先核型通过一系列的串联融合进化而来的假说提供了直接的证据。

**关键词** [荧光原位杂交定位](#); [卫星DNA](#); [鹿属](#); [染色体串联融合](#)

分类号

**DOI: 10.3724/SP.J.1141.2008.03225**

通讯作者:

杨凤堂 [fy1@sanger.ac.uk](mailto:fy1@sanger.ac.uk)

作者个人主页: 刘妍<sup>1,4</sup>; 佴文惠<sup>1</sup>; 黄玲<sup>1,4</sup>; 王金焕<sup>1</sup>; 苏伟婷<sup>1</sup>; LIN Chyi Chyang<sup>3</sup>; 杨凤堂<sup>1,2</sup>

## 扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF](#) (863KB)
- ▶ [\[HTML全文\]](#) (0KB)
- ▶ [参考文献\[PDF\]](#)
- ▶ [参考文献](#)

服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [引用本文](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ [本刊中 包含“荧光原位杂交定位; 卫星DNA; 鹿属; 染色体串联融合”的相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章
  - [刘妍](#)
  - [佴文惠](#)
  - [黄玲](#)
  - [王金焕](#)
  - [苏伟婷](#)
  - [LIN Chyi Chyang](#)
  - [杨凤堂](#)