

研究论文

石笔木CHS基因家族成员的分析

杨俊波 田欣 李德铎 顾红雅 杨世雄

中国科学院昆明植物研究所

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 2003-8-26 14:51:00 接受日期

摘要 用PCR方法从石笔木(*Tutcheria spectabilis* Dunn)的总DNA中扩增CHS基因外显子2的部分序列以代表该基因进行研究,经克隆后测序,得到长约740~780bp的序列共12个.以EMBL数据库中得到的紫花苜蓿和欧洲赤松各一个序列作为参照,进行排序和系统树的构建分析.结果显示,所有被测定的序列同源性均高于70%,为CHS基因家族的成员,且这些序列由3大类共5种不同的基因拷贝组成:第一类家族成员因碱基的插入和缺失改变了读码框,推测已失去了CHS基因的功能,成为假基因,其中个别拷贝存在较大缺失,这在以前的研究中未见报道;第二类家族成员因活性位点的氨基酸发生突变,可能具有新的基因功能;第三类家族成员则具有原CHS基因的功能.综上所述,山茶科CHS基因家族较大,且有着复杂的进化式样.

关键词 [山茶科](#) [石笔木](#) [CHS基因](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: 杨俊波 田欣 李德铎 顾红雅 杨世雄

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#) (256KB)

▶ [\[HTML全文\]](#) (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“山茶科”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [杨俊波田欣李德铎顾红雅杨世雄](#)