

[首 页](#)[关于本刊](#)[本刊公告](#)[下期预告](#)[投稿须知](#)[刊物订阅](#)[本刊编委](#)[编读往来](#)[联系我们](#)[English](#)

: 论文摘要 :

[返回](#)

昆虫学报, undefined 年, undefined 月, 第 undefined 卷, 第 undefined 期, undefined - undefined 页

题目: 白鬃豚MHC基因类DQB1座位第二外元的序列变异分析

作者: 严洁 杨光 周开亚 魏辅文

南京师范大学生命科学学院遗传资源研究所, 南京

摘要: 测定了45个克隆的白鬃豚 (*Lipotes vexillifer*) MHC II类基因DQB座位第二外元172 bp的核苷酸序列, 共获得15种序列, 发现了22个变异位点。核苷酸的非同义替换明显多于同义替换, 并造成了15个氨基酸的改变。氨基酸的替换趋于集中在假定的与抗原的选择性识别相关的位点附近。白鬃豚DQB基因的核苷酸和氨基酸序列与文献报道的白鲸 (*Delphinapterus leucas*) 和一角鲸 (*Monodon monoceros*) DQB1序列具有较高的同源性。氨基酸序列不具备人及其它一些灵长类动物DQB2基因所共有的基序 (Motif), 而与牛DQB1基因的基序相近, 说明本研究得到的白鬃豚MHC序列应属于类DQB1基因。同一个体出现了多种序列的情况, 提示白鬃豚的DQB基因可能存在着座位重复。白鬃豚的类DQB1座位的序列中存在多种基序的不同组合, 推测是由于基因转换造成 [BF] 的 [动物学报 49(4): 501~507, 2003]。

关键词: 白鬃豚 MHC 类DQB1 (DQB1-like) 座位 基因重复 基因转换

这篇文章摘要已经被浏览 1511 次, 全文被下载 951 次。

[下载PDF文件 \(359174 字节\)](#)

您是第: **348389** 位访问者

《昆虫学报》编辑部

地 址: 北京北四环西路25号, 中国科学院动物研究所

邮 编: 100080

电 话: 010-82872092

传 真: 010-62569682

E-mail: [kcxb@ioz.ac.cn](mailto:kcxb@ioz.ac.cn)

网 址: <http://www.insect.org.cn>