

【作者】	淮亚红, 许尚忠
【单位】	中国农业科学院北京畜牧兽医研究所, 北京
【卷号】	37
【发表年份】	2009
【发表刊期】	30
【发表页码】	14607-14610, 14615
【关键字】	Dmrt7 基因; 遗传变异; 牛; SNP
【摘要】	<p>[目的] 探讨牛 Dmrt7 基因的生物学功能及群体遗传变异情况, 为进一步研究该基因对牛精液品质的影响奠定基础。[方法] 以牛睾丸组织为材料, 根据GenBank 上发表的小鼠的 Dmrt7 基因序列设计并合成2对引物, 通过RT-PCR分别进行了扩增并运用DNAMAN软件及在线工具对所得到的序列进行了生物信息学分析; 同时, 以牛肾脏、肝脏、睾丸、肺、脾脏、瘤胃、子宫、小肠、心脏、卵巢和肌肉共11个组织为材料, 另外设计2对引物用于组织表达谱分析。利用PCR-SSCP技术和DNA测序对 Dmrt7 基因的多态性进行检测。[结果] 获得了一个长为1 616 bp的 cDNA 片段 (GenBank 登录号为EF 534775), 该 cDNA 包含由1 113个碱基组成的开放读码框 (ORF), 该ORF 编码370个氨基酸; 发现在第四内含子上有一个C/G突变, 随后在277头本地牛品种和国外牛品种中进行群体多态性检测, 发现G等位基因频率分布范围从0~0.413 8; 基因杂合度, 有效等位基因数和多态信息含量分别为0~0.485 1、1.000 0~1.942 3和0~0.367 5。[结论] 克隆了牛 Dmrt7 基因的cDNA序列并进行组织表达谱分析, 该G等位基因在本地牛品种和外国牛品种中没有差异。</p>
【附件】	 PDF下载 PDF阅读器下载

关闭