

研究简报

绒山羊生长期次级毛囊cDNA消减文库的构建及其序列分析

席海燕,周欢敏,郑琰

(内蒙古农业大学生物工程学院)

收稿日期 2009-3-16 修回日期 2009-6-4 网络版发布日期 2009-10-10 接受日期 2009-9-29

摘要

【目的】构建绒山羊生长期次级毛囊的消减文库,寻找绒毛生长的相关候选基因。**【方法】**以生长期次级毛囊cDNA为tester,休止期次级毛囊cDNA为driver,利用抑制性消减杂交技术构建生长期次级毛囊消减文库并进行生物信息学分析。**【结果】**构建了具有高消减效率的cDNA文库。随机挑取20个阳性克隆进行PCR扩增,插入片段长度主要分布在250~1 000 bp之间。挑取750个克隆进行测序,得到342条有效序列,平均长度596 bp。进行同源性分析,有298个与nucleotide数据库山羊及其它物种的已知序列同源。在EST数据库中找到38个相似EST序列和6个无同源性序列。对298个已知功能基因的ESTs进行分类,细胞分裂类为13个、细胞信号类为49个、细胞结构蛋白52个、细胞防御类21个、代谢类46个、基因/蛋白表达类37个、未分类的80个。**【结论】**应用SSH技术,构建了绒山羊生长期和休止期次级毛囊差异表达基因的cDNA文库,为进一步筛选绒毛生长相关的候选基因奠定了基础。

关键词 [绒山羊](#) [次级毛囊](#) [生长期](#) [休止期](#) [抑制性消减杂交](#) [序列分析](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

周欢敏 huanminzhou@263.net

作者个人主页:

席海燕;周欢敏;郑琰

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#) (299KB)

▶ [\[HTML全文\]](#) (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](#)

相关信息

▶ [本刊中包含“绒山羊”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [席海燕,周欢敏,郑琰](#)