

猪脂肪组织表达序列标签 (ESTs) 大规模测序及分析

邓亚军^{1, 2}①, 童 维², 陈雁炯¹, 胡松年², 李生斌^{1, 2}

1. 西安交通大学医学院;西安 710061;2. 中国科学院北京基因组研究所;北京 101300;

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 利用大规模DNA序列测定的方法,对猪脂肪组织进行了表达序列标签(Expressed Sequence Tag, EST)序列测定,获得高质量EST共7790个,并对此进行了初步分析。使用STACK_PACK软件进行聚类分析,得到4354个基因聚类,包括3 609个单拷贝基因和745个多拷贝基因;将候选基因序列用BLASTN与nr库进行比较($e=1e-10$),从4 354个候选基因中得到2712个已知基因,其中单基因为1987个,多拷贝基因为725(3694克隆)个;未知功能基因和新EST有2109个克隆。根据Blastn结果,利用基因组文库添加序号(GeneBank Accession No.)为索引,构建了猪脂肪组织已知功能基因表达谱。从基因表达谱可以看出,在猪脂肪组织中参与代谢的基因所占比例最高,在某些方面也显示了脂肪组织旺盛的代谢活性。同时发现在猪脂肪组织中主组织相容性抗原(Major Histocompatibility Complex, MHC)或与MHC相关的基因表达丰度很高。其中单拷贝基因181个,多拷贝基因44个,共计257个克隆,占细胞机体防御(cell and organism defense)总数的44.9%。占总已知基因数的5.4%。提取出全部与MHC相关的EST序列(257个克隆),发现所有EST的部分序列(长约200个碱基),几乎分布在每一个已知猪BAC的所有编码序列上。据此推测,构成MHC的这些EST序列中,有一段长约200个碱基(200bp)的碱基序列高度保守,MHC基因中每一段编码序列都包含有这一段序列。这些MHC序列虽然不同的BAC上其蛋白的域不同,但均为高度保守区域,并且都与免疫功能密切相关。猪脂肪中如此大量表达的MHC部分保守序列,由于与免疫功能高度相关,在MHC基因的传递过程中,可以反复复制,并能够稳定遗传。

关键词 [表达序列标签](#) [测序](#) [主组织相容性抗原](#)

分类号

1. Department of Animal Science; Hebei Normal University of Science & Technology; Changli 066600; China; 2.College of Animal Science & Technology; Hebei Agricultural University; Baoding 071001; China; 3. Dipartimento di Produzioni Animali; Università della Tuscia; Viterbo 01100; Italy

Abstract

Key words [Chinese indigenous sheep breeds](#) [microsatellites](#) [genetic diversity](#) [origin and differentiation](#) [genetic relationship](#)

DOI:

通讯作者

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(280KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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](#)
- ▶ [复制索引](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ [本刊中 包含“表达序列标签” 的相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [邓亚军](#)
-
- [童 维](#)
- [陈雁炯](#)
- [胡松年](#)
- [李生斌](#)
-