

畜牧·兽医·资源昆虫

牦牛心脏脂肪酸结合蛋白(H-FABP)基因的克隆及序列分析

钟金城,马志杰,陈智华,字向东,常怀普,罗晓林

西南民族大学生命科学与技术学院

收稿日期 2005-9-21 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 【目的】对牦牛H-FABP基因进行克隆和序列分析,以期为进一步开展牦牛该基因与其肉质性状的相关分析,进行分子标记辅助选择以及基因定位、表达等研究提供理论基础。【方法】用特定引物对牦牛H-FABP基因进行PCR扩增并进行T-A克隆和测序,在此基础上使用RepeatMasker、DNAMAN4.0、BioEdit4.8.10、Clustal W1.81等生物信息学软件进行序列分析。【结果】牦牛H-FABP基因(已在NCBI上登录,登录号为DQ026674)由4个外显子和3个内含子组成,CDS序列全长为402 bp,前体氨基酸数为133个。4个外显子大小分别为73 bp、173 bp、102 bp和54 bp;3个内含子大小分别为3 460 bp、1 892 bp和1 495 bp;外显子与内含子的连接区序列遵循通常的基因组成规律。外显子和内含子个数与普通牛、绵羊、山羊、猪、人、大鼠、小鼠、鸡、斑马鱼各物种相同。牦牛H-FABP基因序列中,重复序列所占比率为13.07%。内含子I含有5个重复元件,包括1个SINE/Artiodactyls元件、1个SINE/MIR3元件、1个SINE/Bov-tA1元件和2个SINE/MIR元件;内含子II无重复元件;内含子III有3个重复元件,其中SINE/MIR元件、LINE/L2元件、SINE/Artiodactyls元件各1个。SINEs短重复序列所占比率为11.85%,哺乳动物分散性重复序列MIRs比率为6.44%。LINEs所占比率为1.22%,小于SINEs元件。其中,LINE1、BovB/Art2、L3/CR1重复元件以及LTR类反转录元件和DNA转座子元件在牦牛该基因区域中不存在。不同物种间在该基因编码区核苷酸序列和氨基酸序列上有较高的保守性。牦牛与普通牛、绵羊、山羊、猪、人、大鼠、小鼠、鸡、斑马鱼各物种在H-FABP基因编码区核苷酸序列上同源性大小分别为99.8%、97.8%、97.0%、92.8%、88.8%、83.3%、83.1%、76.4%、68.7%;相应的氨基酸序列间同源性大小为100%、96.9%、96.9%、92.4%、88.7%、85.7%、85.7%、77.4%、69.9%。【结论】牦牛H-FABP基因由4个外显子和3个内含子组成,其中外显子I、外显子II、外显子III和外显子IV大小分别为73 bp、173 bp、102 bp和54 bp,内含子I、内含子II和内含子III大小分别为3 460 bp、1 892 bp和1 495 bp。牦牛该基因区域含有较为丰富的重复序列元件且外显子与内含子的连接区序列遵循通常的基因组成规律。牦牛与普通牛、绵羊、山羊、猪、人、大鼠、小鼠、鸡、斑马鱼9个物种在H-FABP基因编码区核苷酸及氨基酸序列上具有较高的保守性。

关键词 [牦牛](#) [H-FABP基因](#) [克隆](#) [序列分析](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

钟金城 钟金城 zhongjincheng518@sohu.com

作者个人主页: 钟金城;马志杰;陈智华;字向东;常怀普;罗晓林

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(558KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(OKB\)](#)

▶ [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“牦牛”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [钟金城](#)

· [马志杰](#)

· [陈智华](#)

· [字向东](#)

· [常怀普](#)

· [罗晓林](#)