

## 研究简报

### 猪Lmbr1基因部分cDNA序列的克隆及序列分析

王金勇<sup>1\*</sup>, 白小青<sup>1</sup>, 赵献之<sup>1</sup>, 范守城<sup>2</sup>, 李琴<sup>1</sup>, 刘文<sup>1</sup>

1. 重庆市畜牧科学院, 重庆 402460; 2. 重庆市科学技术信息中心, 重庆 401147

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 利用RT-PCR和RACE方法克隆了正常猪和全同胞多趾猪Lmbr1基因部分cDNA序列并进行了序列分析。结果表明, 正常猪该序列长1 797 bp, 其中CDS序列1 178 bp, 3'UTR序列619 bp。全同胞多趾猪该序列长1 069 bp, 其中CDS序列768 bp, 3'UTR序列301 bp。正常猪与多趾猪Lmbr1基因的CDS序列相似性近77%, 而3'UTR序列相似性不足20%。两者的CDS序列在755~768 bp间, 共发生13个核苷酸突变: G755C、A756T、A757G、T758C、C759A、A760G、C761T、T762 G、A763C、G764T、A765G、T767G、T768A。其中, 前11个突变属于错义突变, 导致相应的氨基酸序列中4个氨基酸发生变化: G突变为A、I突变为A、T突变为V、R突变为L; 后2个突变属于无义突变, 导致阅读框提前终止。猪Lmbr1基因发生突变能引起SHH的异常表达, 这可能是导致猪多趾发生的根本原因。

**关键词** [猪](#); [Lmbr1基因](#); [RACE](#); [突变](#)

分类号

**DOI:**

通讯作者:

王金勇 [kingyou@vip.sina.com](mailto:kingyou@vip.sina.com)

作者个人主页: 王金勇<sup>1\*</sup>; 白小青<sup>1</sup>; 赵献之<sup>1</sup>; 范守城<sup>2</sup>; 李琴<sup>1</sup>; 刘文<sup>1</sup>

## 扩展功能

### 本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(401KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

### 相关信息

- ▶ [本刊中 包含“猪; Lmbr1基因; RACE; 突变”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [王金勇](#)
- [白小青](#)
- [赵献之](#)
- [范守城](#)
- [李琴](#)
- [刘文](#)