

遗传繁育

牦牛生长分化因子 9 基因 cDNA 克隆及序列分析

尹荣华¹, 字向东^{1*}, 马志杰², 陈绍威¹, 张大伟¹, 梁冠男¹

1. 西南民族大学生命科学与技术学院, 成都 610041;
2. 青海省畜牧兽医科学院畜牧研究所, 西宁 810016

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 根据GenBank中普通牛生长分化因子9 (GDF 9) 基因序列(AF 307092)设计1对引物, 以麦注牦牛卵母细胞总RNA为模板, 通过RT-PCR技术对牦牛GDF 9基因cDNA进行克隆测序和序列分析。结果表明: 所克隆的1 399 bp片段为预期的牦牛GDF 9基因cDNA序列, 包含由2个外显子组成的全编码区和3' 下游部分序列。牦牛GDF 9基因编码区核苷酸序列长度为1 362 bp, 编码453个氨基酸, 与GenBank中报道的普通牛、水牛、绵羊、山羊相应序列一致, 而与人和黑猩猩存在差异。和普通牛相比, 牦牛GDF 9基因编码区存在1处碱基转换(C→T), 导致相应的氨基酸由丙氨酸(A)转换为缬氨酸(V)。牦牛与普通牛、水牛、绵羊、山羊、人和黑猩猩的核苷酸同源性分别为99.9%、98.4%、97.0%、96.8%、85.6%和85.1%; 氨基酸同源性分别为99.8%、97.1%、95.1%、95.4%、79.4%和79.5%。利用NJ法和MP法以该基因编码区核苷酸序列构建的物种间分子系统进化树结果基本一致, 即牦牛与普通牛先聚为一类, 再与水牛聚为一类, 而后与绵羊和山羊聚为一类, 最后与人和黑猩猩聚为一类。该聚类结果与物种间遗传距离大小一致, 也与各物种在动物学上的分类相吻合, 表明GDF 9基因编码区适用于构建物种间系统进化树。

关键词 [牦牛; GDF 9; 克隆; 序列分析](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

字向东 zixd@sina.com

作者个人主页: 尹荣华¹; 字向东^{1*}; 马志杰²; 陈绍威¹; 张大伟¹; 梁冠男¹

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF \(5088KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\] \(0KB\)](#)
- ▶ [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“牦牛; GDF 9; 克隆; 序列分析”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [尹荣华](#)
- [字向东](#)
- [马志杰](#)
- [陈绍威](#)
- [张大伟](#)
- [梁冠男](#)