

以绵羊MHC区段BAC克隆酶切片段为探针杂交筛选绵羊混合组织cDNA文库

杨小亮^{1,2}, 白大章², 邱巍², 董慧芹², 李大全¹, 陈芳², 马润林³, Hugh T Blair⁴, 高剑峰²

1 石河子大学动物科技学院, 新疆石河子 832003 2 石河子大学生命科学学院, 新疆石河子 832003 3 中国科学院遗传与发育生物学研究所, 北京 100101 4 梅西大学兽医、动物和生物医学科学研究所, 北帕默斯顿4442, 新西兰

null

1 College of Animal Science and Technology, Shihezi University, Shihezi 832003, China 2. College of Life Science, Shihezi University, Shihezi 832003, China 3. Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Science, Beijing 100101, China 4. Institute of Veterinary, Animal and Biomedical Sciences, Massey University, Palmerston North 4442, New Zealand

- 摘要
- 参考文献
- 相关文章

Download: PDF (3132KB) HTML (273KB) Export: BibTeX or EndNote (RIS) Supplementary data

摘要 在已知中国美利奴羊MHC(Major histocompatibility complex)区段BAC(Bacterial artificial chromosome)克隆序列信息和预测的基因注释前提下, 用位于中国美利奴羊基因组BAC文库MHC区段的6个BAC克隆酶切片段为探针, 以噬菌斑原位杂交筛选法筛选中国美利奴羊混合组织cDNA文库(库库杂交), 对分离到的cDNA阳性克隆进行全序列测定, 并与相应的已知序列信息和基因注释的BAC克隆比对以及在NCBI Blastn数据库中序列相似性检索, 旨在验证基因注释结果的准确性和对基因(序列)功能的初步分析。实验中, 经过两轮杂交共筛选出27个cDNA阳性克隆(序列), 并发现这些序列均可定位到相应的BAC克隆上, 且25条序列处在注释基因的外显子部分; 在NCBI 数据库中经Blastn序列相似性检索发现, 23条序列与牛基因的序列相似性最高, 且与免疫功能密切相关。

关键词: 绵羊MHC 细菌人工染色体(BAC) cDNA文库 噬菌斑原位杂交

Abstract: null

Keywords: *ovar*-MHC, bacterial artificial chromosome (BAC), cDNA library, plaque *in situ* hybridization

收稿日期: 2011-11-16; 出版日期: 2012-07-25

基金资助:

科技部国际合作重大项目(编号: 2006DFB33750)和国家重点基础研究发展规划项目(973计划)(编号: 2010CB530200)资助

通讯作者 高剑峰 Email: jianfengg@shzu.edu.cn


引用本文:


杨小亮, 白大章, 邱巍等. 以绵羊MHC区段BAC克隆酶切片段为探针杂交筛选绵羊混合组织cDNA文库[J] 遗传, 2012, V34(7): 887-894

YANG Xiao-Liang, BAI Da-Zhang, QIU Wei, DONG Hui-Qin, LI Da-Quan, CHEN Fang, MA Run-Lin, Hugh T Blair, GAO Jian-Feng. Screening of tissues pooled cDNA library using probes by restricted fragments of BAC positive clones of ovine MHC[J] HEREDITAS, 2012, V34(7): 887-894


链接本文:

http://www.chinagene.cn/Jwk_yc/CN/10.3724/SP.J.1005.2012.00887 或 http://www.chinagene.cn/Jwk_yc/CN/Y2012/V34/I7/887

[1] Danchin E, Vitiello V, Vienne A, Richard O, Gouret P, McDermott MF, Pontarotti P. The major histocompatibility complex origin. *Immunol Rev*, 2004, 198(1): 216-232. 

[2] Outteridge PM, Stewart DJ, Skerrnan TM, Dufty JH, Egerton JR, Ferrier G, Marshall DJ. A positive association between resistance to ovine footrot and particular lym-phocyte antigen types. *Aust Vet J*, 1989, 66(6): 175-179. 

[3] Hohenhaus MA, Outteridge PM. The immunogenetics of resistance to *Trichostrongylus colubriformis* and *Haemonchus contortus* parasites in sheep. *Br Vet J*, 1998, 151(2): 119-140.








[4] Tizard IR. Acquired immunity: antigen-presenting receptors. In: *Veterinary Immunology: An Introduction*. Philadelphia, USA, Elsevier, 2004: 67-77. 

Service

- ▶ 把本文推荐给朋友
- ▶ 加入我的书架
- ▶ 加入引用管理器
- ▶ Email Alert
- ▶ RSS

作者相关文章

- ▶ 杨小亮
- ▶ 白大章
- ▶ 邱巍
- ▶ 董慧琴
- ▶ 李大全
- ▶ 陈芳
- ▶ 马润林
- ▶ Hugh T Blair
- ▶ 高剑峰

- [5] Horton R, Wilming L, Rand L, Bruford EA, Khodiyar VK, Lush MJ, Povey S, Talbot CC Jr, Wright MW, Wain HM, Trowsdale J, Ziegler A, Beck S. Gene map of the extended human MHC. *Nat Rev (Genetics)*, 2004, 5(12): 889-899. 
- [6] Dukkipati VSR, Blair HT, Garrick DJ, Murray A. 'Ovar- Mhc' - Ovine major histocompatibility complex: Role in genetic resistance to diseases. *New Zealand Vet J*, 2006, 54(4): 153-160. 
- [7] Dukkipati VSR, Blair HT, Garrick DJ, Murray A. 'Ovar-Mhc' - Ovine major histocompatibility complex: Structure and gene polymorphisms. *Genet Mol Res*, 2006, 5(4): 581-608.
- [8] Liu HB, Liu K, Wang JF, Ma RZ. A BAC clone-based physical map of ovine major histocompatibility complex. *Genomics*, 2006, 88(1): 88-95. 
- [9] 李鑫, 邹毅辉, 杨小亮, 李桂芳, 李峰, 陈芳, 石国庆, 高剑峰. 中国美利奴羊外周免疫器官cDNA文库的构建及鉴定. 石河子大学学报(自然科学版), 2010, 28(5): 529-533.
- [10] Liu K, Zhang P, Gao J, Liu H, Li G, Qiu Z, Zhang Y, Ren J, Tan P, Ma RZ. Closing a gap in the physical map of the ovine major histocompatibility complex. *Anim Genet*, 2010, 42(2): 204-207.
- [11] Gao JF, Liu K, Liu HB, Blair HT, Li G, Chen CF, Tan PP, Ma RZ. A complete DNA sequence map of the ovine Major Histocompatibility Complex. *BMC Genomics*, 2010, 11(1): 466-474. 
- [12] 焦莎莎, 刘卡, 李刚, 高剑峰, 马润林. 绵羊MHC区段3个预测基因的验证与表达分析. 遗传, 2011, 33(12): 1353-1358. [浏览](#)
- [13] Snell RG, Doucette-Stamm LA, Gillespie KM, Taylor SAM, Riba L, Bates GP, Altherr MR, MacDonald ME, Gusella JF, Wasmuth JJ, Lehrach H, Housman DE, Harper PS, Shaw DJ. The isolation of cDNAs within the Huntington disease region by hybridization of yeast artificial chromosomes to a cDNA library. *Human Mol Genet*, 1993, 2(3): 305-309. 
- [14] 韩力薇, 覃文新, 赵新泰, 黄弋, 张萍萍, 万大方, 顾健人. 以PAC和BAC克隆为探针筛选cDNA文库. 上海医科大学学报, 2000, 27(6): 449-452.
- [15] 李谨, 杨公社, 陈创夫, 刘海波, 马润林, 王金富. 新疆军垦型细毛羊基因组BAC文库的构建. 中国生物化学与分子生物学学报, 2006, 22(11): 880-885.
- [16] 詹勇华, 陈创夫, 高剑峰, 王金富. 中国美利奴细毛羊BAC文库的质量评价. 石河子大学学报(自然科学版), 2006, 24(1): 102-104.
- [17] Sambrook J. 分子克隆实验指南. 黄培堂译. 北京: 科学出版社, 2002.
- [18] Kulski JK, Shiina T, Anzai T, Kohara S, Inoko H. Comparative genome analysis of the MHC: the evolution of class I duplication blocks, diversity and complexity from shark to man. *Immunol Rev*, 2002, 190(1): 95-122. 
- [19] Burge CB, Karlin S. Finding the genes in genomic DNA. *Curr Opin Struct Biol*, 1998, 8(3): 346-354. 
- [20] Florea L, Hartzell G, Zhang Z, Rubin GM, Miller W. A computer program for aligning a cDNA sequence with a genomic DNA sequence. *Genome Res*, 1998, 8(9): 967-974.
- [21] 覃文新, 万大方, 顾健人. 人基因组中表达序列的分离. 自然杂志, 1998, 20(6): 314-317.
- [1] 杨扬 王博石 汪晓敏 张钰 王明荣 贾雪梅. 食管癌细胞抗失巢凋亡基因UBCH7的发现与鉴定[J]. 遗传, 2012,34(2): 190-197
- [2] 郝丽, 李和平, 严厉. 梅花鹿鹿茸尖端组织ESTs分析[J]. 遗传, 2011,33(4): 371-377
- [3] 杨红丽 王彦昌 黄宏文. '红阳' 猕猴桃cDNA文库构建及F3H基因的表达初探[J]. 遗传, 2009,31(12): 1265-1272
刘关君 ;王丽娟 ;秦智伟 ;孟令波
- [4] . 黄瓜叶片细菌性角斑病侵染初期cDNA文库分析[J]. 遗传, 2009,31(10): 1042-1048
- [5] 史冬燕 杨明攀 黄兴奇 陈善娜 程在全. 元江普通野生稻叶片cDNA文库的构建及部分基因片段分析[J]. 遗传, 2008,30(6): 776-780
- [6] 毛新国景蕊莲孔秀英赵光耀贾继增. 几种全长cDNA文库构建方法比较[J]. 遗传, 2006,28(7): 865-873
- [7] 王秀丽*; 吴克亮*; 李宁; 李长绿; 仇雪梅; 王爱华; 吴常信. 中国地方品种香猪的肌肉特异组织表达序列标签(ESTs)的分析[J]. 遗传, 2006,33(11): 984-991
- [8] 毛新国; 孔秀英; 赵光耀; 贾继增. 利用改进的Cap-trapper法构建拟斯卑尔脱山羊草(Ae. speltoides Tausch)全长cDNA文库[J]. 遗传, 2005,32(8): 811-817
- [9] 高琪; 逢越; 吴毓; 马飞; 李庆伟. 日本七鳃鳗(Lampetra japonica)口腔腺表达序列标签(EST)分析[J]. 遗传, 2005,32(10): 1045-1052
- [10] 林俊堂 ;李玉昌 ;张会勇 ;徐存拴. 常氏肝癌细胞cDNA文库的构建及ADAMs相关基因的免疫筛选与序列分析[J]. 遗传, 2004,26(6): 793-796
- [11] 张会勇 ;李玉昌; 林俊堂; 徐存拴 ZHANG Hui-Yong; LI Yu-Chang; LIN Jun-Tang; XU Cun-Shuan .大鼠热激因子结合蛋白1全长cDNA克隆与分析 Cloning and Analysis of Rat Heat Shock Factor Binding Protein 1 cDNA[J]. 遗传, 2004,26(5): 647-652
- [12] 徐德全; 张义兵; 熊远著; 桂建芳; 蒋思文; 苏玉虹. 梅山猪与长白猪肌肉组织间正反向消减cDNA文库的构建[J]. 遗传, 2003,30(7): 668-672
- [13] 瞿文全;; 金治平; 赵德修; 陈亚琼;; 李名扬 QU Wen-Quan;; JIN Zhi-Ping; ZHAO De-Xiu; CHEN Ya-Qiong;; LI Ming-Yang .快速简便筛选cDNA文库的 SSS法 SSS Method for Screening cDNA Library[J]. 遗传, 2003,25(5): 583-586
- [14] 梁东春; 张俊; 谢娟; 左爱军; 张镜宇 LIANG Dong-Chun; ZHANG Jun; XIE Juan; ZUO Ai-Jun; ZHANG Jing-Yu. 牦牛肝脏cDNA文库的构建 The Construction of Yak Liver cDNA Library[J]. 遗传, 2003,25(4): 437-439
- [15] 张利达; 袁德军; 张建伟; 王石平; 张启发. 一种新的EST聚类方法[J]. 遗传, 2003,30(2): 147-153