

依据乳蛋白基因序列构建反刍动物种系发生树的研究

樊宝良¹, 李宁², 吴常信³

1. 邯郸农业高等专科学校; 邯郸 057150; 2. 中国农业大学农业生物技术国家重点实验室; 北京 100094; 3. 中国农业大学动物科技学院; 北京 100094

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 依据牛的4种乳蛋白(α -乳清蛋白、 β -乳球蛋白、 β -和 κ -酪蛋白)基因已知序列设计引物,用PCR的方法扩增并克隆测定了牦牛 α -乳清蛋白全序列(2999bp),水牛的 α -乳清蛋白基因全序列(2784bp),东北马鹿的 α -乳清蛋白基因部分序列(1582bp), β -酪蛋白基因的5'侧翼序列(987bp)和第4-第9外显子区序列(1090bp)、 β -乳球蛋白5'侧翼序列(2167bp),3'端侧翼序列(1096bp)、 κ -酪蛋白第4外显子序列(780bp)。依据 κ -酪蛋白第4外显子363bp的片段构建了1个包含20个物种(或亚种)的反刍动物种系发生树,该种系发生树中牛科动物具有典型的单源发生关系。据此种系发生树对牦牛及麋鹿的分类与起源进行初步探讨。依据其他几种奶蛋白基因不同区段所构建的种系发生树表明,这些区段至少适于亚科间种系发生分析。

关键词 [反刍动物](#) [种系发生](#) [牦牛](#) [麋鹿](#) [分类](#)

分类号

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(458KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“反刍动物”的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)

- [樊宝良](#)
- [李宁](#)
- [吴常信](#)

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者