

## 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<sup>1</sup>, 李宁<sup>2</sup>, 吴常信<sup>3</sup>

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( $\alpha$ -乳清蛋白、 $\beta$ -乳球蛋白、 $\beta$ -和 $\kappa$ -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 $\alpha$ -乳清蛋白全序列(2999bp), 水牛的 $\alpha$ -乳清蛋白基因全序列(2784bp), 东北马鹿的 $\alpha$ -乳清蛋白基因部分序列(1582bp),  $\beta$ -酪蛋白基因的5'侧翼序列(987bp)和第4-第9外显子区序列(1090bp)、 $\beta$ -乳球蛋白5'侧翼序列(2167bp), 3'端侧翼序列(1096bp)、 $\kappa$ -酪蛋白第4外显子序列(780bp)。依据 $\kappa$ -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