

研究简报

苧麻CCoAOMT基因全长cDNA克隆与序列分析

陈建荣,郭清泉,张学文

收稿日期 2005-3-29 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 【目的】试图分离和克隆苧麻内源咖啡酰辅酶A甲基转移酶基因。【方法】采用RACE技术克隆基因,对序列应用ClustaW 1.82软件进行在线分析,将苧麻mRNA序列、mRNA编码区序列以及氨基酸序列与已报道的其它植物的相应序列进行多重序列排列比较并构建系统树。【结果】获得了苧麻CCoAOMT cDNA全长序列(GenBank注册号: AY651026);苧麻咖啡酰辅酶A甲基转移酶是氧甲基转移酶类;苧麻CCoAOMT基因mRNA序列与已报道的其他植物的相应序列不能聚为一类,其差异明显大于其它植物间的差异。苧麻CCoAOMT基因mRNA编码区序列与玉米(Zea mays: ZMA242980、ZMA242981)的同源性高于其他植物。推导的苧麻CCoAOMT酶蛋白氨基酸序列与杨树(Populus balsamifera: AJ224894、AJ224896)、美洲山杨(Populus tremuloides: PTU27116)的同源性高于其他植物。【结论】苧麻CCoAOMT基因cDNA与其它植物的相应序列具有同源性。

关键词 [苧麻\(Boehmeria nivea\)](#),[咖啡酰辅酶A甲基转移酶](#),[全长cDNA](#),[基因克隆](#),[序列分析](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: 陈建荣;郭清泉;张学文

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF](#) (574KB)
- ▶ [\[HTML全文\]](#) (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“[苧麻\(Boehmeria nivea\)](#),[咖啡酰辅酶A甲基转移酶](#),[全长cDNA](#),[基因克隆](#),[序列分析](#)”的 [相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

- [陈建荣](#)
- [郭清泉](#)
- [张学文](#)