

遗传繁育

雏鸭肝炎病毒感染下肝脏消减cDNA文库的构建及差异基因筛选

李秀¹, 徐琪¹, 张扬¹, 毕瑜林¹, 赵荣雪¹, 陈昌义², 段修军³, 陈国宏^{1*}

1.扬州大学动物科学与技术学院, 扬州 225009; 2. 江西农业大学动物科学技术学院, 南昌 330045; 3.江苏畜牧兽医职业技术学院, 泰州 225300

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 本研究通过构建雏鸭肝脏消减cDNA文库,旨在筛选并鉴定与雏鸭病毒性肝炎相关的基因,对相关基因进行功能聚类分析进而探究其作用机理。利用抑制性消减杂交(Suppression subtraction hybridization, SSH)技术构建3日龄健康全同胞金定鸭人工感染雏鸭肝炎病毒(Duck hepatitis virus, DHV)与同期注射等量生理盐水差异表达基因的SSH cDNA文库。对其中563个阳性克隆进行测序,共获得299条差异表达序列标签(Expressed sequence tags, ESTs)。去除冗余的cDNA序列载体并聚类拼接后,进行核酸和蛋白质同源性的比较和功能聚类分析。结果表明:有70个不同的基因与ESTs具有高度的同源性(E值<e-10, 匹配长度>150 bp, 匹配度>80%),且多数基因与细胞组分合成、信号转导以及病理状态下的生物学调控过程相关。I型雏鸭病毒性肝炎的发生和发展是多基因多步骤的复杂过程,该结果为深入研究雏鸭肝炎病的分子调控机制提供基础。

关键词 [雏鸭](#); [雏鸭肝炎病毒](#); [抑制性消减杂交](#); [表达序列标签](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

陈国宏 ghchen@yzu.edu.cn

作者个人主页: [李秀¹](#); [徐琪¹](#); [张扬¹](#); [毕瑜林¹](#); [赵荣雪¹](#); [陈昌义²](#); [段修军³](#); [陈国宏^{1*}](#)

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(1777KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(OKB\)](#)

▶ [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“雏鸭; 雏鸭肝炎病毒; 抑制性消减杂交; 表达序列标签”的相关文章](#)

▶ [本文作者相关文章](#)

· [李秀](#)

· [徐琪](#)

· [张扬](#)

· [毕瑜林](#)

· [赵荣雪](#)

· [陈昌义](#)

· [段修军](#)

· [陈国宏](#)