

三角帆蚌 *GPX* 基因结构特征及抗性相关 SNP 的筛选

李西雷¹, 汪桂玲¹, 李家乐^{1, 2}

1. 上海海洋大学, 农业部淡水水产种质资源重点实验室, 上海 201306 2. 上海市高校水产养殖学E研究院, 上海 201306

LI Xi-Lei¹, WANG Gui-Ling¹, LI Jia-Le^{1, 2}

1. Key Laboratory of Freshwater Fishery Germplasm Resources, Ministry of Agriculture, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China 2. Aquaculture Division, E-Institute of Shanghai Universities, Shanghai 201306, China

- 摘要
- 参考文献
- 相关文章

Download: PDF (590KB) HTML (1KB) Export: BibTeX or EndNote (RIS) Supplementary data

摘要 根据三角帆蚌(*Hyriopsis cumingii*)谷胱甘肽过氧化物酶(Glutathione peroxidase, GPX)基因cDNA序列, 通过PCR和基因组步移法, 从三角帆蚌基因组DNA中扩增出GPX基因全长及其5' 调控区。序列分析表明, 该基因序列全长6 708 bp, 含有2个外显子, 1个内含子。5' 调控区为992 bp, 含有启动子的核心序列TATA盒以及其他一些转录调控元件, 如AP1、C/EBP、CdxA。2个外显子长度分别为273 bp和991 bp, 内含子长度为4 491 bp。通过直接测序法在三角帆蚌抗性群体和易感群体中筛选GPX基因的SNPs, 并研究这些多态性位点与抗性性状的相关性。共获得了16个SNP位点, 其中启动子区的A-99G位点、A-86C位点、A-49C位点, 内含子区的A2841T位点、C2847T位点、G3146C位点、A3150G位点以及G4645T位点共8个SNP位点的基因型频率和等位基因频率在抗性和易感群体中均存在显著性差异($P < 0.05$)。连锁不平衡分析结果显示GPX基因A-86C位点、A-49C位点、C2847T位点、A3150G位点与G4645T位点之间, 以及A2841T位点与G3146C位点之间均存在强连锁不平衡。同时单倍型分析发现, 在抗性群体中单倍型分别为ACTGT和TG的个体出现的频率显著高于易感群体中出现的频率。这些结果表明, GPX基因的部分SNPs可作为三角帆蚌抗病辅助育种的候选分子标记。

关键词: 三角帆蚌 GPX基因 SNP 抗性性状

Abstract: Based on the cDNA sequence of GPX in *Hyriopsis cumingii*, the complete genomic DNA of GPX gene and its 5' -flanking region were identified from *H. cumingii* using PCR and genome walking technique. The length of the complete genomic sequence was 6 708 bp including the 5' -flanking region, two exons, and one intron. Sequence analysis of the 992 bp 5' -flanking region revealed that it contained a core promoter element (TATA-box) and other transcription regulation elements such as AP1, C/EBP, and CdxA. The sequence lengths of the two exons were 273 bp and 991 bp, respectively, and the intron was 4 491 bp in length. Sixteen single nucleotide polymorphisms (SNPs) were detected in the GPX gene from resistant stock (RS) and susceptible stock (SS) of *H. cumingii*. These polymorphisms were analyzed with regard to resistance to *Aeromonas hydrophila*. Among them, three SNPs including A-99G, A-86C, and A-49C in GPX promoter and five SNPs including A2841T, C2847T, G3146C, A3150G, and G4645T in GPX introns were associated with resistance/susceptibility of *H. cumingii* to *A. hydrophila*, both in genotype and allele frequency. Linkage disequilibrium analysis revealed that A-86C, A-49C, C2847T, A3150G, G4645T, A2841T, and G3146C were in high linkage disequilibrium, and haplotype analysis revealed that the frequency of two major predominant haplotypes (ACTGT and TG) in the resistant group was significantly higher than that in the susceptible group. The results suggest that the polymorphic loci in the GPX gene could be potential genetic markers for future molecular selection of strains resistant to diseases.

Keywords: *Hyriopsis cumingii*, glutathione peroxidase, SNP, resistance trait

收稿日期: 2012-05-21; 出版日期: 2012-11-25

基金资助:

国家自然科学基金项目(编号: 31101939)和上海市教委科研创新重点项目(编号: 1322128)上海市科委基础研究重点项目(编号: 10JC1406300)资助

通讯作者 汪桂玲 Email: glwang@shou.edu.cn

引用本文:

李西雷, 汪桂玲, 李家乐. 三角帆蚌GPX基因结构特征及抗性相关SNP的筛选. 遗传, 2012, 34(11): 1456-1464.

LI Xi-Lei WANG Gui-Ling LI Jia-Le. Identification of genomic structure and resistance trait associated SNP loci in glutathione peroxidase gene of *Hyriopsis cumingii*. HEREDITAS, 2012, V34(11): 1456-1464.

链接本文:

http://www.chinagene.cn/Jwk_yc/CN/10.3724/SP.J.1005.2012.01456 或 http://www.chinagene.cn/Jwk_yc/CN/Y2012/V34/I11/1456

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

- ▶ 李西雷
- ▶ 汪桂玲
- ▶ 李家乐

- [1] 曹春鸽 孙海燕 周芳芳 王诗铭 陈红岩 卢大儒.应用HRM技术对CYP2C19*2和CYP2C19*3进行双重SNP分型[J]. 遗传, 2013,35(7): 923-930
- [2] 葛少钦 Jeanine Griffin 刘丽华 Kenneth I. Aston Luke Simon Timothy G. Jenkins Benjamin R. Emery Douglas T. Carrell.特发性少精子症和无精子症与Pygo2基因蛋白编码区SNPs的相关性[J]. 遗传, 2013,35(5): 616-622
- [3] 黄益敏 夏梦颖 黄石.遗传多样性上限假说所揭示的进化历程[J]. 遗传, 2013,35(5): 599-606
- [4] 夏正龙 俞菊华 李红霞 李建林 唐永凯 任洪涛 朱双宁.建鲤肠型脂肪酸结合蛋白基因的分离及其SNPs与增重的相关分析[J]. 遗传, 2013,35(5): 628-636
- [5] 王晓庆, 王传超, 邓琼英, 李辉.广西侬佬族Y染色体和mtDNA的遗传结构分析[J]. 遗传, 2013,35(2): 168-174
- [6] 杨秀芹, 陈月婵, 汪亮, 李海涛, 刘娣, 关庆芝, 付博.猪Toll样受体4基因SNPs功能分析[J]. 遗传, 2012,34(8): 1050-1056
- [7] 朱晖, 李安, 余建华, 向超杰, 苏世达, 黄磊, 范豫杰, 罗瑛, 唐文如.p53家族及其通路相关蛋白调节母性生殖的新功能[J]. 遗传, 2012,34(8): 943-949
- [8] 宁启兰, 马旭东, 焦李子, 牛晓蓉, 李建鹏, 王彬, 张欢, 马捷.基于核心家系的EGR3基因与精神分裂症的关联研究[J]. 遗传, 2012,34(3): 307-314
- [9] 刘小磊, 杨松柏, Max F Rothschild, ZHANG Zhi-Wu, 樊斌.利用紧缩线性模型和贝叶斯模型对猪总产仔数和产活仔数性状的全基因组关联研究[J]. 遗传, 2012,34(10): 1261-1270
- [10] 刘阳, 吴望军, 左波, 任竹青, 熊远著.猪PRDX6基因编码区的多态性及遗传效应分析[J]. 遗传, 2011,33(7): 743-748
- [11] 李莉, 贾同, 吴同山, 张守全.猪PEG1基因多态性及其遗传印记[J]. 遗传, 2011,33(7): 738-742
- [12] 王柯, 章金涛, 运玉霞, 吴晓冰, 陈阿群, 王鹏, 王凯娟, 张建营, 代丽萍.PCR-CTPP: 一种基于错配技术的SNP分型方法的改良[J]. 遗传, 2011,33(2): 182-188
- [13] 何彩云, 袁媛.宿主基因单核苷酸多态性与幽门螺杆菌相关胃癌[J]. 遗传, 2011,33(2): 109-116
- [14] 殷勤, 彭金霞, 崔亮, 谢达祥, 王志伟, 李奎, 陈晓汉.凡纳滨对虾TCP-1-eta基因的克隆及与耐寒性状的相关性[J]. 遗传, 2011,33(2): 168-174
- [15] 梁焯, 陈双燕, 刘公社.新一代测序技术在植物转录组研究中的应用[J]. 遗传, 2011,33(12): 1317-1326