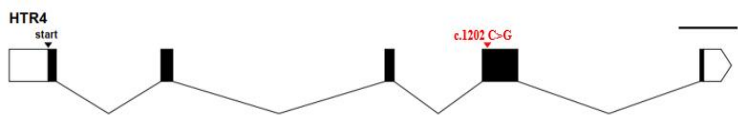


暗纹东方鲀*HTR4*基因的分子特征及其生长相关SNP位点筛查

张雯雯 南京师范大学

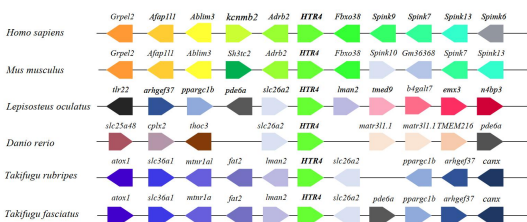
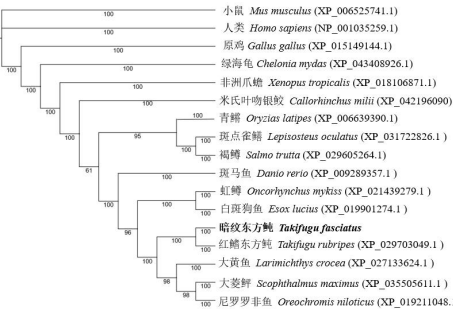
目的

为探究生长相关基因5-羟色胺受体4在暗纹东方鲀（*Takifugu fasciatus*）中的分子结构、表达特征和功能。



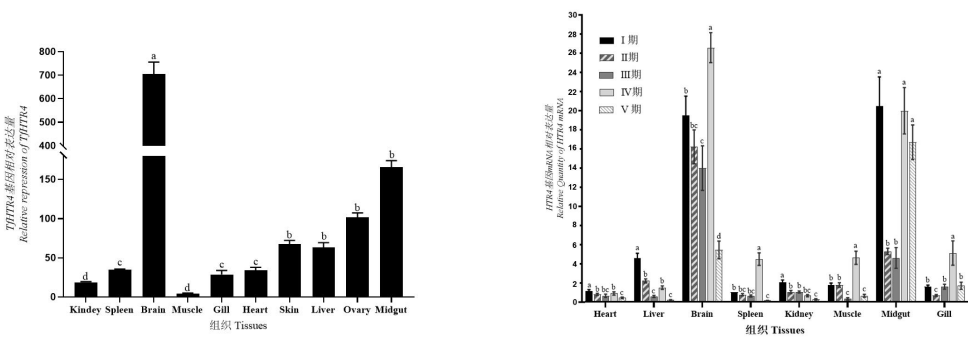
方法

采用RACE PCR技术克隆获得了暗纹东方鲀*HTR4*基因cDNA全长序列，并对其进行了生物信息学分析；利用实时荧光定量PCR技术分别分析了*HTR4*基因在暗纹东方鲀不同组织和其卵巢5个不同发育时期的表达模式；同时利用测序法筛查了*HTR4*编码区生长性状相关的SNP位点。



结果

暗纹东方鲀*HTR4* cDNA全长2302bp，开放阅读框长度为1170bp，共编码389个氨基酸，包含5个外显子；氨基酸序列比对及系统进化树分析结果显示，暗纹东方鲀与红鳍东方鲀*HTR4*的一致性最高（99.53%），亲缘关系最近；三维结构预测显示*HTR4*蛋白在鱼类中保守。荧光定量PCR结果表明*HTR4*基因在暗纹东方鲀10个不同组织中均有表达，在脑组织表达量最高，其次是中肠，在肌肉组织表达量最低；*HTR4*基因在卵巢5个不同发育时期均有表达，其中在卵巢发育的IV时期*HTR4*表达量最高。



通过测序在*HTR4*基因第4外显子（+1202bp）上筛选出一个同义突变SNP位点（c.1202 C>G），关联分析表明该位点与暗纹东方鲀肥满度性状显著相关（ $P < 0.05$ ），CC基因型个体肥满度较高。

