

较好的特异性(图2) 3个不同样品测序结果均含有855 bp长的第二内含子。

通过 SEQMAN 进行序列比较分析发现三不同猪种序列具有以下3个碱基突变位点,在第325位、361位和493位分别具有G与A、C与T、A与G碱基突变,运用 primer premier 5.0 软件分析可知其突变并没有引起酶切位点的改变,因此并不适合应用酶切法进行群体遗传学多态性分析。

### 3 讨 论

FBXL 亚家族作为 E3 连接酶中的一个大家族,可通过蛋白结构域的相互结合识别特异性的不同底物,从而将该种底物泛素化,后将其呈递并经历蛋白降解途径,从而将此蛋白水解。目前通过对同家族中的基因研究发现,这些基因的蛋白遍在化水平会直接影响到底物蛋白在细胞中的水平,甚至很多癌征的发生与此类基因相关。因此涉及遍在蛋白化的这些基因功能和分子生物学特性的研究越来越引起科学家的关注。

通过 NCBI 查询结果显示人同源基因 *FBXL8* 第二内含子序列长度为 910 bp (GeneID: 55336),鼠 *FBXL8* 基因第二内含子序列长度为 844 bp (GeneID: 50788),而猪 *FBXL8* 基因第二内含子序列长度为 855 bp,由此可见,其序列长度在三种属间存在明显的差异性,其序列长度介于两者之间。经过在线 Blast 软件进行与人和鼠的序列比较分析发现,其序列相似性较低。

从人 *FBXL8* 基因组结构信息可知其序列长度较短,mRNA 序列仅为 1 599 bp,基因组结构包括两个内含子和 3 个外显子,据此可推测猪 *FBXL8* 基因的分子结构信息应该较为简单。目前,猪 *FBXL8* 基因的分子生物学特性还没有任何报道,探明猪 *FBXL8* 基因的分子结构信息,将可进一步丰富和完善猪 E3 连接酶的分子生物学信息。

#### 参考文献:

- [1]倪晓光,赵平.泛素-蛋白酶体途径的组成和功能[J].生理科学进展,2006,37(3):255-258.
- [2]杨东叶,刘凯于,余泽华.泛素连接酶 E3[J].细胞生物学杂志,2005,27:281-285.
- [3]沈林海,陈加平,徐立红.SCF和APC/C的结构及功能[J].细胞生物学杂志,2007,29:487-492.
- [4]杨娜,侯巧明,南洁,等.泛素连接酶的结构与功能研究进展[J].生物化学与生物物理进展,2008,35(1):14-20.
- [5]Shan T L, Tang Z L, Guo D Z, et al. Partial molecular cloning, characterization, and analysis of the subcellular localization and expression patterns of the porcine *OTUB1* gene[J]. Mol Biol Rep, 2009, 36: 1573-1577.

## 我校校长黄路生教授获“‘十一五’国家科技计划执行突出贡献奖”

根据国家科技部下发的《关于表彰十一五国家科技计划工作先进集体和个人的决定》(国科发计(2011)49号文件),我校黄路生教授荣获“‘十一五’国家科技计划执行突出贡献奖”。这是国家科技部对“十一五”期间国家科技计划执行及完成情况业绩突出的科技工作者的高度肯定与奖励。

“十一五”期间,黄路生教授一直致力于家猪经济性状形成的遗传解析及优质高产猪种培育的基础研究,部分猪育种技术应用生产后产生了良好经济效益。凝聚了一支年轻稳定的科研创新团队。主持完成了国家杰出青年基金、国家973及前期项目和子课题、国家863、国际合作重点项目、欧盟第五框架计划、教育部新世纪优秀人才、教育部高等学校重大项目培育资金、农业部农业结构调整重大技术专项等各1项、国家自然科学基金项目3项、国家农业科技成果转化项目、国家现代生猪产业技术体系岗位专家专项各1项。获省部级以上科技奖励4项,其中获得的江西省技术发明一等奖(2010)和江西省自然科学一等奖(2009)各1项,均为江西省科技奖励制度设奖以来农业领域迄今唯一的一等奖奖项。发表论文72篇,其中SCI论文61篇。