

## 大熊猫与北极熊基因组中 *V1R* 基因的分布与序列分析\*

黄杰<sup>1</sup>, 杨波<sup>2</sup>, 曹亚茹<sup>1</sup>, 唐丹<sup>2</sup>, 黄炎<sup>2</sup>, 杨承忠<sup>3</sup>

(1. 商丘师范学院 生物与食品学院, 河南 商丘 476000; 2. 中国大熊猫保护研究中心, 四川 都江堰 611830;  
3. 重庆师范大学 生命科学学院 重庆市动物生物学重点实验室, 重庆 401331)

**摘要:**【目的】对大熊猫(*Ailuropoda melanoleuca*)和北极熊(*Ursus maritimus*)的犁鼻器受体基因 *V1R* 进行筛选和生物信息学分析。【方法】用已报道过的小鼠(*Mus musculus*)和大鼠(*Rattus norvegicus*)全长 *V1R* 基因作为查询序列, 分别检索大熊猫和北极熊基因组序列, 并将得到的大熊猫和北极熊 *V1R* 基因序列与从 NCBI 下载已报道的狗(*Canis lupus*)、大鼠、小鼠和猫(*Felis catus*)的 *V1R* 基因序列一起用邻接法重建系统发育关系(Bootstrap 值设为 1 000)。【结果】大熊猫基因组中共有 72 个 *V1R* 基因, 其中 13 个 *V1R* 基因序列包含完整的开放阅读框架; 北极熊基因组中有 24 个 *V1R* 基因; 大熊猫和北极熊 *V1R* 基因在整个基因组上分布并不集中, 从系统发育树上看, 不同物种之间 *V1R* 基因有很大分化。【结论】不同的物种之间的 *V1R* 基因存在一定的分化, 大熊猫和北极熊在进化过程中均存在 *V1R* 基因的大量丢失情况。

**关键词:**犁鼻器; *V1R* 基因; 大熊猫; 北极熊

中图分类号: Q953

文献标志码: A

文章编号: 1672-6693(2018)05-0048-06

哺乳动物拥有两套嗅觉系统即主要嗅觉系统(Main olfactory system, MOS)和犁鼻器系统(Vomer nasal system, VNS)。虽然二者均能感知嗅觉, 但它们感知的气味不同。MOS 主要感知空气中易挥发的普通气味分子, 而 VNS 主要感知动物种群内不易挥发的信息素<sup>[1-2]</sup>。信息素是由某一生物个体释放并被同一物种内另一个体感知和识别的化学物质, 与动物繁殖和社会行为调控密切相关<sup>[3]</sup>。犁鼻器可以通过感知信息素而引起与群居和生殖等相关的一系列生理和行为变化<sup>[4]</sup>。VNS 由犁鼻器发出的神经投射到副嗅球, 副嗅球发出的神经轴突投射到杏仁内侧核、内侧视前区、终纹床核、下丘脑腹内侧核等高级神经中枢<sup>[5]</sup>。

研究表明, 哺乳动物犁鼻器 VNS 依赖于犁鼻器受体 1(*V1R*)和犁鼻器受体 2(*V2R*)两类信息素受体来感知信息素, 它们都属于 G 蛋白偶联受体(GPCR), 在犁鼻神经元中产生, 能够直接识别加味剂和配体<sup>[1,3,6]</sup>。因此对两类受体的基因进行研究将有助于了解哺乳动物感知信息素的过程。*V1R* 和 *V2R* 基因分别与感觉神经元中的蛋白  $G_{\alpha 2}$  和  $G_{\alpha 0}$  发生共表达, 有关细胞体分别位于犁鼻上皮的顶端和基底部分<sup>[7]</sup>。研究表明, *V2R* 基因有多个外显子编码, 具有 1 个很长而且高度变化的膜外氨基端组成的复杂基因结构<sup>[8]</sup>。相比之下, 由于 *V1R* 基因缺乏内部编码区域, 故结构相对简单, 是单外显子, 不存在内含子, 比较易于通过生物信息学方法将之从基因组序列中鉴别出来。不同位置和结构存在区别表明 *V1R* 和 *V2R* 基因具有不同的生理功能。此外, 比较分析不同哺乳动物 *V1R* 基因家族的大小和多样性差异可以帮助了解由犁鼻器官(VNO)介导的、与信息素相关的社会和性行为所存在的相对复杂性和物种特异性。目前, 有很多科学家对许多哺乳动物的犁鼻器形态、机能以及犁鼻器受体 *V1R* 进行了深入的探讨及研究<sup>[9]</sup>。

大熊猫(*Ailuropoda melanoleuca*), 被誉为中国“国宝”, 有“活化石”之称, 具有极为珍贵的遗传学价值。大熊猫偏爱食竹, 所食用竹类多达 50 余种。大熊猫对食物种类的选择以及发情场地的产生均需要嗅觉的帮助<sup>[10-12]</sup>。目前还未见详细报道与大熊猫犁鼻器受体基因家族相关的研究。本研究运用生物信息学的方法对大熊猫的 *V1R* 基因分布和序列进行分析, 并选择作为大熊猫近亲的北极熊(*Ursus maritimus*)*V1R* 基因进行共同

\* 收稿日期: 2017-12-13 修回日期: 2018-08-24 网络出版时间: 2018-09-26 13:25

资助项目: 国家自然科学基金青年项目(No. 31501845); 重庆市自然科学基金(No. cstc2017jcyjAX0165); 商丘师范学院高层次人才科研启动项目(No. 50013901); 商丘师范学院重大培育项目(No. 50013902)

第一作者简介: 黄杰, 女, 讲师, 博士, 研究方向为动物分子生物学, E-mail: huangjie66666@163.com; 通信作者: 杨承忠, 男, 副教授, 博士, E-mail: E-mail: drczyang@126.com

网络出版地址: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/50.1165.N.20180926.1325.012.html>

分析,为准确定位和研究VIR基因的功能结构域以及哺乳动物犁鼻器受体基因的相关研究提供一定的帮助,并为二者嗅觉系统的相关研究提供了基础信息。

## 1 材料与方法

### 1.1 VIR 基因的识别

通过文献资料查找到已研究较为详细的小鼠和大鼠全长VIR基因作为查询序列(Query),分别检索大熊猫(<http://genome.ucsc.edu/>)<sup>[13]</sup>和北极熊基因组序列(<http://gigadb.org/polar-bear/>)。用TBLASTN精确的搜索含有这些基因同源片段的基因组序列区域,VIR基因序列的鉴别方法主要参考Niimura<sup>[14]</sup>的研究。本研究中,查询序列分别由128个小鼠VIR基因序列和大鼠的95个完整的VIR基因序列组成<sup>[15-16]</sup>。

以查询序列为参照,分别对大熊猫和北极熊的基因组序列数据库进行TBLASTN比对,E值标准设定为小于 $1 \times 10^{-5}$ ,初步获得候选基因。经过比对,如果出现1条以上的参照序列匹配上一条基因组中序列的情况,选择最小E值作为最佳的比对序列,并提取该序列的具体序列信息,然后将得到的序列分别向两端延伸,获得1 kb侧翼序列。本研究还将已识别的完整VIR基因序列与编码V2R、嗅觉受体、味觉受体、Ca<sup>2+</sup>感觉受体的氨基酸序列等非VIR的基因序列数据用BLAST进行比对,以保证VIR基因鉴定结果的准确性,也增加了基因预测的可信度。根据以上步骤,笔者确认最后获得的都是VIR基因序列。

为便于分析,以参照序列为标准,将获得的VIR基因序列分为两类:完整基因和假基因。如果获得的VIR基因序列不具有完整的开放阅读框(ORF,有提前终止密码子、移码突变、分散的重复序列等),则被注释为假基因。另外,将已识别的完整VIR基因序列翻译成与之对应的氨基酸序列,用TMHMM 2.0 (<http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM>)<sup>[17]</sup>进行跨膜结构预测,以检验这些序列是否具备G蛋白偶联受体最基本的特征——是否存在7个跨膜结构域。为了保证基因序列是独立的基因位点而不是等位基因,在本研究中所有基因在氨基酸序列水平上至少有2%差异可以被认为是2个不同的基因;另外,把氨基酸序列一致性在40%以上的序列定义为1个基因家族<sup>[15]</sup>。

### 1.2 系统发育分析

从NCBI下载已报道的小鼠(*Mus musculus*)、大鼠(*Rattus norvegicus*)、狗(*Canis lupus*)和猫(*Felis catus*)的VIR基因完整序列。这些序列包括小鼠VIR基因家族共127条、大鼠VIR基因家族共14条、狗VIR基因家族共9条以及猫VIR基因家族共18条,共计168条完整DNA序列。将这些DNA序列与已识别得到大熊猫和北极熊的VIR基因序列均翻译为与之对应的氨基酸序列,用Clustal X 1.83对它们进行比对,同时进行人工调整以减少缺失(Gap)。然后,用邻接(Neighbor-joining, NJ)法构建了VIR的氨基酸序列系统进化树,序列间距离用泊松分布模型(Poisson distance)进行估计<sup>[18-19]</sup>。本研究的系统发育关系的构建和遗传距离计算等分析用MEGA 5.0进行<sup>[20]</sup>。

## 2 结果

### 2.1 大熊猫VIR基因

本研究结果显示,在大熊猫基因组中共搜索到72个VIR基因,其中只有13个VIR基因序列包含完整的ORF,表明大熊猫基因组中大部分VIR基因都是假基因,相关具体信息如表1所示,这13个完整VIR基因平均长度约为942 bp。其中,基因GAPVIR12的长度最短,仅867 bp,编码288个氨基酸;基因GAPVIR8的长度最长,为1 029 bp,编码342个氨基酸。由于大熊猫基因组序列信息的染色体定位尚未完成,因此不能确定本研究所鉴定的这些VIR基因在染色体上的位置,但从它们的基因序列起始点信息可见,大熊猫VIR基因在整个基因组上分布并不集中。

### 2.2 北极熊VIR基因

本研究共识别24个北极熊VIR完整基因,67个VIR假基因。北极熊24个完整的VIR基具体信息如表2所示,它们的长度集中在900~1 056 bp范围内,平均长度约为921 bp,其中基因POBVIR23和POBVIR24的序列长度最长,为1 056 bp,编码351个氨基酸;POBVIR2基因的序列长度最短,为900 bp,编码299个氨基酸。基因POBVIR3,POBVIR4,POBVIR5,POBVIR17,POBVIR19和POBVIR21的长度均为957 bp。同样地,北极熊的VIR基因在基因组上的分布也比较广泛,并不集中。

表 1 大熊猫基因组中完整 V1R 基因的信息

Tab. 1 The information of intact V1R genes in the giant panda genome

基因名称	起始点	终止点	长度/bp	氨基酸数目/个	基因名称	起始点	终止点	长度/bp	氨基酸数目/个
GAPVIR5	846 388	847 290	903	300	GAPVIR2	113 480	114 409	930	309
GAPVIR6	233 270	234 208	939	312	GAPVIR10	3 390	4 346	957	318
GAPVIR7	188 955	189 971	1 017	338	GAPVIR13	8 311	9 198	888	295
GAPVIR1	250 517	251 452	936	311	GAPVIR11	45 143	46 099	957	318
GAPVIR3	413 245	414 174	930	309	GAPVIR8	16 892	17 920	1 029	342
GAPVIR4	486 881	487 819	939	312	GAPVIR9	10 031	10 987	957	318
GAPVIR12	3 110	3 976	867	288					

表 2 北极熊基因组中完整 V1R 基因的信息

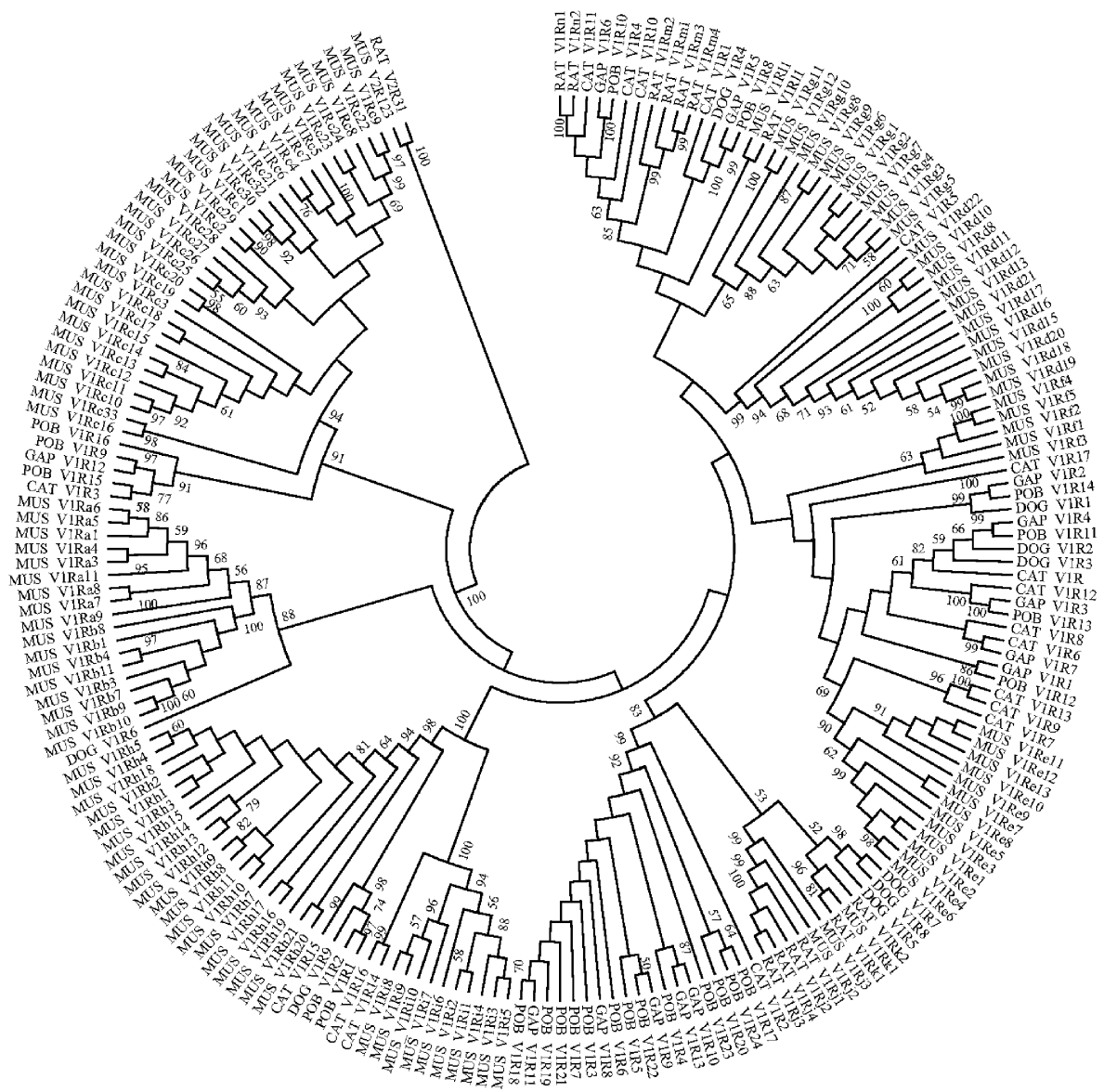
Tab. 2 The information of intact V1R genes in the polar bear genome

基因名称	起始点	终止点	长度/bp	氨基酸数目/个	基因名称	起始点	终止点	长度/bp	氨基酸数目/个
POBVIR1	19 438 360	19 439 289	930	309	POBVIR13	1 159 489	1 160 418	930	309
POBVIR2	19 422 093	19 422 992	900	299	POBVIR14	562 218	563 150	933	310
POBVIR3	4 700 421	4 701 377	957	318	POBVIR15	12 996	13 967	972	323
POBVIR4	4 730 928	4 731 884	957	318	POBVIR16	40 389	41 309	921	306
POBVIR5	4 760 201	4 761 157	957	318	POBVIR17	7 684	8 640	957	318
POBVIR6	4 842 931	4 843 908	978	325	POBVIR18	42 413	43 360	948	315
POBVIR7	4 940 807	4 941 838	1 032	343	POBVIR19	68 959	69 915	957	318
POBVIR8	1 734 469	1 735 449	981	326	POBVIR20	103 403	104 371	969	322
POBVIR9	1 199 926	1 200 873	948	315	POBVIR21	150 417	151 373	957	318
POBVIR10	1 101 684	1 102 622	939	312	POBVIR22	211 740	212 693	954	317
POBVIR11	1 066 962	1 067 900	939	312	POBVIR23	299 684	300 739	1 056	351
POBVIR12	1 310 097	1 311 017	921	306	POBVIR24	340 377	341 432	1 056	351

### 2.3 基于大熊猫与北极熊的 V1R 基因所编码的氨基酸序列而构建的系统进化树

为了解大熊猫和北极熊 V1R 基因家族与已报道的狗、大鼠、小鼠和猫的 V1R 基因之间的系统进化关系,基于上述物种 V1R 基因编码的氨基酸序列,用 NJ 法构建了的系统进化树。从中可以看出,不同物种之间 V1R 基因有很大分化。整体上来看,同一物种的 V1R 基因聚在一支,但也有个别基因会与非同一物种的 V1R 基因聚在一支。如图 1 所示,大熊猫和北极熊的多数 V1R 基因在 1 个大的分支上,北极熊的 13 个 V1R 基因如 *POBVIR17*, *POBVIR24*, *POBVIR20*, *POBVIR23*, *POBVIR4*, *POBVIR22*, *POBVIR5*, *POBVIR6*, *POBVIR3*, *POBVIR7*, *POBVIR21*, *POBVIR18* 和 *POBVIR19* 与大熊猫的 5 个 V1R 基因如 *GAPVIR11*, *GAPVIR8*, *GAPVIR9*, *GAPVIR10* 和 *GAPVIR13* 聚在同一个大的分支上,并且这一支与猫的 *CATVIR2* 基因聚在一起。

除了上述基因以外,其他的大熊猫和北极熊的 V1R 基因分布比较分散。北极熊的 *POBVIR10* 基因和大熊猫的 *GAPVIR6* 基因聚在同一支,而且有较高的支持率;类似地情况还存在于 *POBVIR8* 和 *GAPVIR5*, *POBVIR12* 和 *GAPVIR1*, *POBVIR9* 和 *GAPVIR12* 等基因之间。另外北极熊的 *POBVIR14* 基因和大熊猫的 *GAPVIR2* 基因属同一进化支,并与狗的 *DOGVIR1* 基因聚于同一分支。类似地,北极熊的 *POBVIR11* 基因和大熊猫的 *GAPVIR4* 基因属于同一分支,并和狗的 *DOGVIR2* 基因聚于一支;北极熊的 *POBVIR13* 基因和大熊猫的 *GAPVIR3* 基因属于同一分支并和猫的 *CATVIR12* 基因聚于一支;北极熊的 *POBVIR1* 基因和 *POBVIR2* 基因属于同一分支并且和狗的 *DOGVIR9* 基因聚于一支。



注:图中 GAP,POB,DOG,MUS,RAT 和 CAT 分别表示大熊猫、北极熊、狗、小鼠、大鼠和猫;数字表示为进化树分支可信度,即 Bootstrap

图 1 以 VIR 基因编码的氨基酸序列构建的系统进化树

Fig. 1 The systemic phylogenetic tree based on the sequences of amino acids encoded by VIR genes

### 3 讨论

目前对大熊猫犁鼻器的认识主要在宏观方面,缺乏对该物种 VNS 的遗传学研究。V1R 在哺乳动物犁鼻系统中具有重要作用。本研究利用基因组测序结果,采用比较基因组学的方法,对大熊猫和北极熊的 V1R 基因的分布和序列进行分析,以期加深对二者犁鼻嗅觉系统认识。

本研究在大熊猫基因组中共搜索到 72 个 V1R 基因,其中只有 13 个 V1R 基因序列包含完整的 ORF;在北极熊中共搜索到 91 个 V1R 基因,其中有 24 个 V1R 功能基因。由于 V1R 的结构相对比较简单,科学家们在大鼠、小鼠、人(*Homo sapiens*)、猪(*Sus scrofa domesticus*)、牛(*Bos taurus*)、狗、兔(*Oryctolagus cuniculus*)、鸭嘴兽(*Ornithorhynchus anatinus*)等多种哺乳动物中做了相关研究<sup>[15-16,21-25]</sup>。研究表明,鸭嘴兽 V1R 基因家族中有大约 270 个完整基因和 580 个假基因,在所报道过的脊椎动物中具有最庞大的 V1R 基因家族<sup>[24]</sup>;鼠狐猴(*Cheirogaleus major*)有大约 210 个完整的 V1R 基因,兔有大约 160 个完整的 V1R 基因,所有的啮齿类动物如啮齿目(Rodentia)和兔形目(Lagomorpha)具有约 60 到 120 个完整的 V1R 基因<sup>[23]</sup>。相比之下,灵长类动物除了阔鼻猴(*Platyrrhinids*)外均仅有不到 10 个完整的 V1R 基因,猫和狗约有 10~30 个完整的 V1R 基因,小棕蝠(*Myotis*

*lucifugus*)中没有完整的 *V1R* 基因<sup>[3]</sup>,猪的 25 个 *V1R* 基因中功能基因有 10 个<sup>[22]</sup>。因此,不同哺乳动物谱系中 *V1R* 基因家族的基因数量存在差异。本研究还利用大熊猫和北极熊的 *V1R* 基因家族与已报道的狗、大鼠、小鼠和猫的 *V1R* 基因,通过 NJ 法构建了上述物种 *V1R* 基因编码的氨基酸序列的系统进化树。结果表明,不同的物种之间的 *V1R* 基因存在很大的分化。这与基因的快速新生和消亡有关,不同物种 *V1R* 基因的差异反映出不同物种对信息素的感受能力不同<sup>[26]</sup>。通过对不同物种 *V1R* 基因家族的大小和多样性的差异性深入细致地研究,将有助于对 VNO 介导的信息素相关的社会和性行为的相对复杂性和物种特异性有进一步的了解。

虽然犁鼻器是嗅觉系统的重要组成部分并起着重要作用,但已有研究表明,某些物种犁鼻器的功能已大部分丧失了。例如,人的基因组中共鉴定出了 120 个 *V1R* 基因,仅有 5 个基因是完整的,而且它们很大可能是假基因进化的残留物,表明人的犁鼻器功能逐渐丧失<sup>[27]</sup>。而本研究的结果显示,大熊猫和北极熊基因组中分别仅有 13 个和 24 个完整 *V1R* 基因序列,这表明二者在进化过程中均存在 *V1R* 基因的大量丢失情况。这一研究结果也支持了韩宝银等人<sup>[3]</sup>的观点,即:在哺乳动物进化过程中,大部分 *V1R* 基因是处于假基因化过程中,有些哺乳动物的犁鼻器功能甚至已经丧失或者受到强烈地进化选择和功能限制。

随着越来越多物种的基因组被测序并公开,多物种 *V1R* 基因家族的比较分析将为深入了解这一重要基因家族提供新的视角。本研究获得了大熊猫和北极熊 *V1R* 基因家族的基础信息,这将有助于进一步研究它们的 VNS,为详细地揭示信息素受体即犁鼻器的功能以及信息素感知的分子机制奠定了基础。

#### 参考文献:

- [1] BUCK L B. The molecular architecture of odor and pheromone sensing in mammals[J]. *Cell*, 2000, 100(6): 611-618.
- [2] GRUS W E, ZHANG J. Distinct evolutionary patterns between chemoreceptors of 2 vertebrate olfactory systems and the differential tuning hypothesis[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2008, 25(8): 1593-1601.
- [3] 韩宝银, 汪凯, 武进伟. 蝙蝠犁鼻器受体 *V1R* 基因的分子进化[J]. *兽类学报*, 2017(1): 97-103.  
HAN B Y, WANG K, WU J W. Molecular evolution of the vomeronasal receptor *V1R* gene in bats[J]. *Acta Theriologica Sinica*, 2017(1): 97-103.
- [4] 李小朋, 梁刚, 王宏元. 4 种两栖爬行动物嗅器和犁鼻器的显微结构比较[J]. *动物学杂志*, 2009, 44(3): 108-112.  
LI X P, LIANG G, WANG H Y. Microstructure Comparison of olfactory and vomeronasal organs in four amphibians and reptiles[J]. *Chinese Journal of Zoology*, 2009, 44(3): 108-112.
- [5] 任宝军, 郇发道. 哺乳类两大嗅觉系统功能的研究进展[J]. *动物学杂志*, 2005, 40(6): 129-136.  
REN B J, TAI F D. Advancements in the research on the function of two olfactory systems in mammals[J]. *Chinese Journal of Zoology*, 2005, 40(6): 129-136.
- [6] DULAC C, AXEL R. A novel family of genes encoding putative pheromone receptors in mammals[J]. *Cell*, 1995, 83(2): 195-206.
- [7] 杨晖, 张亚平. 小鼠基因组中犁鼻器受体 *V2R* 基因的分布和序列分析[J]. *科学通报*, 2007, 52(1): 67-73.  
YANG H, ZHANG Y P. Distribution and sequence analysis of *V2R* gene in mouse genome[J]. *Chinese Science Bulletin*, 2007, 52(1): 67-73.
- [8] 王建礼, 郇发道, 安书成. 哺乳动物主要嗅觉系统和犁鼻器信息识别的编码模式[J]. *兽类学报*, 2004, 24(4): 339-345.
- [9] 吴民耀, 张凡, 王宏元. 犁鼻器的结构和功能[J]. *动物医学进展*, 2012, 33(1): 111-114.  
WU M Y, ZHANG F, WANG H Y. Structure and function of vomeronasal organ[J]. *Progress in Veterinary Medicine*, 2012, 33(1): 111-114.
- [10] 汤纯香. 大熊猫采食行为的研究[J]. *动物学杂志*, 1992, 27(4): 46-49.  
TANG C X. Study on the feeding behaviour of giant panda (*Ailuropoda melanoleuca*) [J]. *Chinese Journal of Zoology*, 1992, 27(4): 46-49.
- [11] 胡锦涛. 大熊猫的摄食行为[J]. *生物学通报*, 1995, 30(9): 14-18.  
HU J C. The feeding behaviour of giant panda (*Ailuropoda melanoleuca*) [J]. *Bulletin Biology*, 1995, 30(9): 14-18.
- [12] 简佐义, 李午佼, 张修月, 等. 大熊猫嗅觉受体基因家族的生物信息学分析[J]. *四川动物*, 2017, 36(1): 1-6.  
JIAN Z Y, LI W J, ZHANG X Y, et al. Bioinformatics analysis of the giant panda olfactory receptor gene family [J]. *Sichuan Journal of Zoology*, 2017, 36(1): 1-6.
- [13] LI R Q, FAN W, TIAN G, et al. The sequence and *de novo* assembly of the giant panda genome[J]. *Nature*, 2009, 463(7279): 311-317.
- [14] NIIMURA Y. Identification of chemosensory receptor genes from vertebrate genomes in pheromone signaling [J]. *Methods in Molecular Biology*, 2013, 1068: 95-105.

- [15] RODRIGUEZ I, MOMBAERTS P. Novel human vomeronasal receptor-like genes reveal species-specific families [J]. *Current Biology*, 2002, 12(12): R409-R411.
- [16] GRUS W E, ZHANG J Z. Rapid turnover and species-specificity of vomeronasal pheromone receptor genes in mice and rats [J]. *Gene*, 2004, 340(2): 303-312.
- [17] SONNHAMMER E L L, VON H G, KROGH A. A hidden Markov model for predicting transmembrane helices in protein sequences [J]. *International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology*, 1998, 6: 175-182.
- [18] FELSENSTEIN J. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap [J]. *Evolution*, 1985, 39(4): 783-791.
- [19] SAITOU N, NEI M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees [J]. *Molecular biology and evolution*, 1987, 4(4): 406-425.
- [20] TAMURA K, PETERSON D, PETERSON N, et al. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods [J]. *Molecular biology and evolution*, 2011, 28(10): 2731-2739.
- [21] KUBO H, OTSUKA M, KADOKAWA H. Sexual polymorphisms of vomeronasal 1 receptor family gene expression in bulls, steers, and estrous and early luteal-phase heifers [J]. *Journal of Veterinary Medical Science*, 2016, 78(2): 271-279.
- [22] DINKA H, LE M T, HA H, et al. Analysis of the vomeronasal receptor repertoire, expression and allelic diversity in swine [J]. *Genomics*, 2016, 107(5): 208-215.
- [23] YOUNG J M, KAMBERE M, Trask B J, et al. Divergent V1R repertoires in five species: amplification in rodents, decimation in primates, and a surprisingly small repertoire in dogs [J]. *Genome Research*, 2005, 15(2): 231-240.
- [24] GRUS W E, SHI P, ZHANG J. Largest vertebrate vomeronasal type 1 receptor gene repertoire in the semiaquatic platypus [J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2007, 24(10): 2153-2157.
- [25] SHI P, ZHANG J. Comparative genomic analysis identifies an evolutionary shift of vomeronasal receptor gene repertoires in the vertebrate transition from water to land [J]. *Genome Research*, 2007, 17(2): 166-174.
- [26] GRUS W E, SHI P, ZHANG Y, et al. Dramatic variation of the vomeronasal pheromone receptor gene repertoire among five orders of placental and marsupial mammals [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2005, 102(16): 5767-5772.
- [27] ZHANG J, WEBB D M. Evolutionary deterioration of the vomeronasal pheromone transduction pathway in catarrhine primates [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2003, 100(14): 8337-8341.

## Animal Sciences

### Distribution and Sequence Analysis of VIR Gene in Giant Panda and Polar Bear Genome

HUANG Jie<sup>1</sup>, YANG Bo<sup>2</sup>, CAO Yaru<sup>1</sup>, TANG Dan<sup>2</sup>, HUANG Yan<sup>2</sup>, YANG Chengzhong<sup>3</sup>

(1. College of Biology and Food, Shangqiu Normal University, Shangqiu Henan 476000;

2. China Conservation and Research Centre for the Giant Panda, Dujiangyan Sichuan 611830;

3. Chongqing Key Laboratory of Animal Biology, College of Life Sciences, Chongqing Normal University, Chongqing 401331, China)

**Abstract:** [Purposes] The mammalian vomiting system (VNS) mainly senses pheromones, and pheromones play a regulatory role in animal breeding and social behavior. In order to study the distribution and molecular evolution of the receptors of the giant panda (*Ailuropoda melanoleuca*) and the polar bear (*Ursus maritimus*). [Methods] The giant panda and the polar bear genome sequences were retrieved using reported VIR genes of the mouse (*Mus musculus*) and rat (*Rattus norvegicus*) were used as query sequences. The phylogenetic tree were established by NJ method (Bootstrap set to 1 000) using the obtained giant panda and polar bear VIR genes, and the VIR sequences of dogs (*Canis lupus*), mice and cats (*Felis catus*) which downloaded from NCBI. [Findings] The results showed that there were 72 VIR genes in the giant panda genome, among which 13 sequences of VIR gene contained complete open reading frame (ORF). Twenty four VIR genes were found in polar bear, while the VIR genes of giant panda and polar bear were not concentrate in the whole genome. The VIR genes of different species were well differentiated in the phylogenetic tree. [Conclusions] Both the giant panda and the polar bear had lost a great number of VIR genes during evolution. This study will help the study of the function of pheromone receptors and pheromone-sensitized molecules mechanism.

**Keywords:** vomeronas; VIR gene family; giant panda; polar bear