

日本血吸虫中国大陆株基因多态性研究

俞小淙¹, 吴观陵², 张耀娟², 吴宜琴², 朱昌亮², 章子豪², 陈丙莺²

1.中国科学院遗传研究所分子遗传研究室;北京 100101; 2.南京医科大学寄生虫学教研室;南京 210029

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 对日本血吸虫中国大陆株湖南、湖北、江西、安徽、四川、云南隔离群以及一个实验室传代品系从基因水平进行了多态性研究。首先,在用PCR-SSCP技术分析了28SrDNA-D2高变区基础上,测定了该区安徽和云南隔离群的DNA序列;其次,用PCR获得了含有ITS的rDNA片段,并对其进行了酶切位点重复序列的多态性分析;最后,用RAPD技术分析了全基因组DNA的多态性。结果表明,安徽与云南隔离群的28S rDNA-D2区序列仅有2个碱基的差异,碱基相同率达99.7%,大大高于与日本血吸虫菲律宾株的相同率87%,可以解释为什么7个隔离群D2区单链构象完全一致的原因;ITS的8种酶切图谱显示共有58条DNA片段,有差异者仅3条,占5.2%;对随机扩增的284个片段的分析显示7个隔离群的平均遗传距离D=0.22,四川和云南间最小(D=0.13),安徽和云南间最大(D=0.3)。通过由点到面的研究及综合评估认为日本血吸虫中国大陆株虽然存在一定程度的点突变和多态性差异,但变异的程度较小,具有相对的遗传稳定性。由于我国血吸虫病流行区分布范围广,各地流行特点不尽相同,因此对日本血吸虫中国大陆株遗传变异的研究不仅有助于种下分类,更有利于流行病学研究及防治对策的制订。

关键词 [日本血吸虫](#) [遗传变异](#) [多态性](#) [基因](#) [DNA](#) [RAPD](#)

分类号

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(298KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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](#)
- ▶ [复制索引](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ [本刊中 包含“日本血吸虫”的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)

- [俞小淙](#)
- [吴观陵](#)
- [张耀娟](#)
- [吴宜琴](#)
- [朱昌亮](#)
- [章子豪](#)
- [陈丙莺](#)