

研究简报

中国弓形虫虫株529bp重复序列的PCR扩增、克隆及分析

宋慧群, 张德林, 廖申权, 翁亚彪, 林瑞庆, 朱兴全

华南农业大学兽医学院

收稿日期 2006-7-20 修回日期 网络版发布日期 2007-9-11 接受日期

摘要 【目的】首次对中国来源于不同宿主、不同地域的9个弓形虫虫株(ZS1人株、PY猪株、GY猪株、ZC猪株、NT猪株、ZS人株、SH人株、CN猪株、QHO绵羊株)以及国际标准强毒RH株之间在529 bp重复序列的变异进行研究, 从而为进一步的分子诊断和分子遗传学研究以及弓形虫病的防制奠定基础。【方法】抽提基因组DNA后, 用PCR方法对10个虫株的529 bp重复序列进行扩增; 扩增产物经纯化后克隆于pGEM-T Easy质粒载体, 再经菌落PCR及酶切鉴定阳性克隆, 然后对阳性克隆进行测序及序列分析。【结果】10个弓形虫虫株的529 bp重复序列都不完全相同, 它们之间的核苷酸序列变异范围为0.8%~2.9%。变异主要位于第32~55位碱基之间, 这些碱基变异与虫株的宿主来源、地域来源及毒力之间没有相关性。【结论】529 bp重复序列可作为遗传标记, 用于弓形虫与其它寄生虫的种间鉴定, 但不适合用于研究弓形虫的种内遗传变异。

关键词 [弓形虫, PCR, 529 bp重复序列, 序列分析, 遗传变异](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

朱兴全 xingquanzh@scau.edu.cn

作者个人主页: [宋慧群](#); [张德林](#); [廖申权](#); [翁亚彪](#); [林瑞庆](#); [朱兴全](#)

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF \(386KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\] \(0KB\)](#)

▶ [参考文献 \[PDF\]](#)

▶ [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](#)

▶ [引用本文](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

▶ [本刊中 包含“弓形虫, PCR, 529 bp重复序列, 序列分析, 遗传变异” 的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [宋慧群](#)

· [张德林](#)

· [廖申权](#)

· [翁亚彪](#)

· [林瑞庆](#)

· [朱兴全](#)