

预防兽医

猪链球菌2型血清混浊因子基因的鉴定及其结构特征分析

冯亚莉^{1, 2}, 冉雪琴¹, 王嘉福^{1*}, 钱龙¹

1. 贵州大学动物科学学院, 贵阳 550025; 2. 石药集团恩必普药业有限公司, 石家庄 052160

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 猪链球菌是猪的主要病原, 也可导致人感染, 其致病机理尚未明确。作者设计了1对特异性引物, 采用特异性PCR从2株猪链球菌血清2型606中国分离株和607日本分离株的基因组中, 分离出2种血清混浊因子(ofs)基因, 全长3 016 bp, 编码938个氨基酸, 其中日本分离株607的ofs基因序列与已知基因完全相同。中国分离株606的ofs基因与已知基因相差7个碱基, 导致3个氨基酸替换, 其中1个突变(Asp353Gly)位于蛋白的N端功能区, 可能影响其血清混浊功能; 另外2个氨基酸突变位于蛋白的C端重复区内。从2种OFS蛋白中, 找出了细菌黏附因子共有的结构特征, 2种OFS蛋白C端区含有保守的LPXTG结构, 使OFS蛋白可固定于细菌的表面, 但其中的3个重复序列与纤黏蛋白结合蛋白A等的相似性很低, 两种OFS蛋白可能通过特殊的途径协助猪链球菌的黏附。猪链球菌ofs基因中重复序列和突变使得编码的蛋白表现出丰富的长度多态性。本研究获得的2种OFS属于中等长度的蛋白, 均来自强毒力型猪链球菌。这些结果提示菌株606和607携带的ofs基因可能是猪链球菌的毒力基因, 对猪链球菌的致病机理及其防治具有重要的意义。

关键词 [II型猪链球菌](#); [血清混浊因子](#); [多态性](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

王嘉福 jfwang@gzu.edu.cn

作者个人主页: [冯亚莉](#)^{1; 2}; [冉雪琴](#)¹; [王嘉福](#)^{1*}; [钱龙](#)¹

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(1839KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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“II型猪链球菌; 血清混浊因子; 多态性”的 相关文章](#)

▶ [本文作者相关文章](#)

· [冯亚莉](#)

· [冉雪琴](#)

· [王嘉福](#)

· [钱龙](#)