

论文

中国部分地区159株结核分枝杆菌临床分离株MLVA-19分型分析

吕冰¹, 刘梅², 李兆娜³, 刘志广¹, 赵秀芹¹, 万康林¹

1. 中国疾病预防控制中心传染病预防控制所, 传染病预防控制国家重点实验室, 北京102206; 2. 四川大学基础医学院与法医学院; 3. 首都医科大学附属北京儿童医院

摘要:

目的初步了解中国部分地区结核分枝杆菌临床分离菌株数目可变串联重复序列(variable number of tandem repeats, VNTRs)基因多态性特征。方法采用多位点VNTRs分析(multiple loci VNTRs analysis, MLVA)技术, 随机选取159株中国部分地区结核分枝杆菌临床分离菌株, PCR和琼脂糖凝胶电泳技术, 对结核分枝杆菌的19个VNTRs位点进行检测, 用BioNumerics (Version 5.0) 软件进行结果分析, 数据结果与国际MLVA数据库(http://minisatellites.u-psud.fr) 比对, 初步分析结核分枝杆菌DNA 多态性特征。结果159株菌株大致被分成4个主要的簇, 其中73.8%的菌株为北京家族菌株, 其次为H37Rv相似菌株及在数据库中没有比对结果的一簇, 这一簇的MLVA特点是ETRD>3, MIRU10、MIRU27、MIRU39、MIRU40及Mtub21位点结果为22221, 与其他簇的菌株结果有比较明显的区别。可能是中国特有的菌株。另外发现与BCG相似的一簇。结论本次研究中的中国结核分枝杆菌具有明显的VNTR基因多态性, 主要流行菌株为北京家族菌株, 可能存在中国特异的VNTR基因型。BCG临床分离株的发现, 提示BCG疫苗相关病例可能成为值得关注的卫生问题。

关键词: 结核分枝杆菌; 多位点数目可变串联重复序列分析; 基因分型; 卡介苗

收稿日期 2009-01-06 修回日期 网络版发布日期

DOI: 10.3784/j.issn.1003-9961.2009.05.016

基金项目:

通讯作者:

作者简介:

本刊中的类似文章

文章评论

反馈人	<input type="text"/>	邮箱地址	<input type="text"/>
反馈标题	<input type="text"/>	验证码	<input type="text"/> 7674

扩展功能

本文信息

- [Supporting info](#)
- [PDF\(2541KB\)](#)
- [\[HTML全文\]\(1KB\)](#)
- [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](#)

本文关键词相关文章

- [结核分枝杆菌; 多位点数目可变串联重复序列分析; 基因分型; 卡介苗](#)

本文作者相关文章

[PubMed](#)