

# 日本血吸虫乙醛脱氢酶全长基因编码序列的预测、验证与分析

王伟<sup>1,2</sup>, 刘德立<sup>2</sup>, 胡薇<sup>1</sup>, 冯正<sup>1</sup>, 杨忠<sup>3,4\*</sup>

**【摘要】** 目的 利用生物信息学和实验相结合的方法, 补平已知拼接序列中的缺失片段, 获得日本血吸虫乙醛脱氢酶全长基因编码序列。方法 通过生物信息学方法从已公开发表的日本血吸虫转录组数据库中提取乙醛脱氢酶表达序列标签(EST)序列数据, 与其他物种的同源基因进行多序列联配, 寻找分别与同一蛋白氨基酸序列的 N 端和 C 端配对的序列; 设计引物, 用 RT-PCR 扩增得到全长基因中间的缺失片段并测序。最终获得全长基因序列, 并分析该蛋白的理化性质。结果 找到日本血吸虫乙醛脱氢酶基因的可能 EST 序列片段 8 条, 对其中的 1 对 EST 序列 (AAW27891 和 AAW27047 对应的氨基酸序列, 中间缺少约 80 个氨基酸)进行 blastn 比对结果, 预测为同一基因的 2 条片段。根据这两对 EST 序列设计正、反向引物, 通过 PCR 扩增、对扩增产物进行测序及序列的生物信息学鉴定, 找回了缺少的核酸序列, 并与预测序列大小大致吻合(430 bp)。组合成 1 条完整的日本血吸虫乙醛脱氢酶基因的编码序列(提交 GenBank, 其登录号为 EF503564)。ORF 全长为 1 596 bp, 编码 531 个氨基酸, 编码的蛋白相对分子质量理论值为  $M_r$  573 30.7, pI 值为 7.94, 此序列的 290~297 位氨基酸与乙醛脱氢酶的模式序列 [LIVMFGA]-E-[LIMSTAC]-[GS]-G-[KNLM]-[SADN]-[TAPFV]相匹配。结论 利用生物信息学和实验相结合的方法, 可以补平已知拼接序列中的缺失片段, 获得日本血吸虫乙醛脱氢酶的全长基因编码序列。

**【关键词】** 日本血吸虫; 乙醛脱氢酶; 生物信息学; 序列拼接

中图分类号: R383.24 文献标识码: A

## Putation, Identification and Bioinformatics Analysis of *Schistosoma japonicum* Aldehyde Dehydrogenase Full Coding Sequence

WANG Wei<sup>1,2</sup>, LIU De-li<sup>2</sup>, HU Wei<sup>1</sup>, FENG Zheng<sup>1</sup>, YANG Zhong<sup>3,4\*</sup>

(1 National Institute of Parasite Diseases, Chinese Centre for Disease Control and Prevention, WHO Collaborating Centre for Malaria, Schistosomiasis and Filariasis, Shanghai 200025, China; 2 College of Life Sciences, Central China Normal University, Wuhan 430079, China; 3 Shanghai Center of Bioinformatics and Technology, Shanghai 200235, China; 4 State Key Laboratory of Bioreactor Engineering, East China University of Science and Technology, Shanghai 200237, China)

**【Abstract】** **Objective** To acquire the full coding sequence of *Schistosoma japonicum* aldehyde dehydrogenase, and fill the gaps of the partial aldehyde dehydrogenase sequences. **Method** Putative sequence fragments of the *S. japonicum* aldehyde dehydrogenase were extracted from the transcriptome database by use of bioinformatics tools, through the multiple sequences alignment with homologous sequences of other species. Primers were designed according to the EST sequences matching the N terminal and C terminal respectively, and the gap sequence fragment was amplified by RT-PCR and sequenced. The full gene sequence was obtained finally by combining the old 2 EST sequences with the amplified sequence. The physico-chemical parameters of the new sequence were analyzed by using bioinformatics software. **Result** Eight EST sequences of *S. japonicum* were predicted as partial sequences of aldehyde dehydrogenase. Two of which (AAW27891, AAW27047) were predicted to represent the N terminal and C terminal of one protein, respectively. The gap between them was deduced as about 80 amino acids according to the result of multiple sequences alignment. Primers located on the flanking of the gap were designed according to the known EST sequences of AAW27891 and AAW27047. The gap between the AAW27891 and AAW27047 were obtained by RT-PCR and then sequenced, as well as confirmed by bioinformatics software. The full sequence of aldehyde dehydrogenase was

基金项目: 国家自然科学基金 (No. 30570429)

作者单位: 1 中国疾病预防控制中心寄生虫病预防控制所, 世界卫生组织疟疾、血吸虫病和丝虫病合作中心, 卫生部寄生虫病原与媒介生物学重点实验室, 上海 200025; 2 华中师范大学生命科学学院, 武汉 430079; 3 上海生物信息技术研究中心, 上海 200235; 4 华东理工大学生物反应器工程国家重点实验室, 上海 200237

\* 通讯作者, E-mail: yangzzh@ecust.edu.cn

reassembled by filling of the gap sequence. The reassembled gene coding sequence was submitted to GenBank with an accession number of EF503564. The coding sequence contains an intact ORF of 1 596 bps with deduced 531 amino acids. Bioinformatic analysis of new amino acids sequence was performed as deduced molecular weight of 57 330.7 and PI value of 7.94. The aldehyde dehydrogenase pattern of [LIVMFGA]-E-[LIMSTAC]-[GS]-G-[KNLM]-[SADN]-[TAPFV] was found located in the position 290–297 of the new sequence. **Conclusion** The gap between two partial nucleotide sequences is filled and the full coding sequence of aldehyde dehydrogenase gene has been obtained by the method combining bioinformatics tools and experiments together.

**[Key words]** *Schistosoma japonicum*; Aldehyde dehydrogenase; Bioinformatics; Sequence splicing

Supported by the National Natural Science Foundation of China (No. 30570429)

\* Corresponding author, E-mail: yangzzh@ecust.edu.cn

日本血吸虫基因组和基因转录组数据的公布, 对于进一步研究和控制日本血吸虫病, 如药物靶点的大规模筛选及新药开发、新基因预测以及疫苗研制等提供了广阔的空间<sup>[1-5]</sup>。各类组学研究所形成的数据, 在计算机处理过程中, 可能会漏掉一些具有深入研究意义的材料或数据。本研究在日本血吸虫基因转录组数据的基础上, 以乙醛脱氢酶为例, 阐述一种生物信息学预测与简单生物学实验相结合的方法, 此法可用于转录组序列数据中序列片段的拼接、发现新基因, 以及优化转录组数据等。

## 材料与方法

### 1 材料

#### 1.1 生物信息学数据和软件

1.1.1 数据库 日本血吸虫不同发育阶段 6 个虫期的表达序列标签(EST)序列, 及其由其组装成的基因转录组数据库 (从 <http://schistosoma.chgc.sh.cn/sj-proteome/download/download.php> 下载), 共 8 420 条, 其中有 3 077 条(36.5%)被预测具有全长编码区, 有 3 695 条(43.9%)被认为具有片段编码区。日本血吸虫基因组数据库(从 [ftp://lifecenter.sst.cn/pub/sjc\\_release2/](ftp://lifecenter.sst.cn/pub/sjc_release2/) 下载)。以上两个数据库均由国家人类基因组南方研究中心(上海)提供。乙醛脱氢酶的氨基酸序列数据库从日本京都基因与基因组百科全书 (KEGG) 数据库([http://www.genome.jp/dbget-bin/www\\_bget?enzyme+1.2.1.5](http://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?enzyme+1.2.1.5))中提取。

1.1.2 生物信息学分析软件 多序列联配软件(clustalx) 下载自法国遗传和分子细胞生物学研究所(IGBMC) (<ftp://ftp-igbmc.u-strasbg.fr/pub/ClustalX/>), 基本局部相似性比对搜索工具 (blast) 软件下载自 NCBI(<ftp://ftp.ncbi.nih.gov/blast/executables/release/2.2.12>), 蛋白理化性质及相关性质通过在线分析工具(<http://www.expasy.org/tools/>)分析。

#### 1.2 实验材料

1.2.1 菌株 感受态大肠埃希菌 (*Escherichia coli*) JM109 株为本实验室制备。

1.2.2 主要试剂 反转录试剂盒购自日本 TOYOBO 公司, T 载体系统购自美国 Promega 公司, *Taq* DNA 聚合酶、异丙基- $\beta$ -D-硫代半乳糖苷(IPTG)和脱氧核苷三磷酸(dNTP)均购自上海赛百胜公司, 琼脂糖(agarose)购自上海博大泰克公司。小片段核酸快速回收试剂盒(QIAquick)购自德国 QIAGEN 公司。

## 2 方法

2.1 日本血吸虫乙醛脱氢酶氨基酸序列的提取 采用双向最佳匹配(Bi-directional best hit, BBH)方法, 使用 blast 软件中的 blastp 程序, 分别以 KEGG 乙醛脱氢酶氨基酸序列为提问序列, 与日本血吸虫转录组对应的氨基酸序列进行比对, 和以日本血吸虫转录组对应的氨基酸序列为提问序列与 KEGG 乙醛脱氢酶氨基酸序列进行比对, e 值切分点为  $10^{-5}$ 。只有在双向比对中同时出现的日本血吸虫氨基酸序列, 才列为日本血吸虫乙醛脱氢酶的候选氨基酸序列。然后再将这些候选氨基酸序列与非冗余(nr)库进行比对, 进行最后确认, 剔除明显的非乙醛脱氢酶氨基酸序列。

2.2 不完整氨基酸序列的组合 将提取出来的日本血吸虫乙醛脱氢酶氨基酸序列与 nr 库进行比对的结果进行分析, 用 perl 语言编写的程序脚本在比对的结果中挑选 15 个常用模式生物物种的乙醛脱氢酶同源基因序列, 使用 clustalx 软件进行多序列联配, 在联配的结果中找到分别匹配到乙醛脱氢酶氨基酸序列的 N 端和 C 端, 中间片段缺失的日本血吸虫氨基酸序列的组合。预测这样的一对序列组合为同一蛋白质序列的 N 端和 C 端片段。

2.3 组合序列的再次确认 利用日本血吸虫基因组数据, 对这些预测为同一基因的序列组合所对应的核苷酸序列, 对日本血吸虫基因组数据进行 blastn 比对。在比对的序列中, 只有都在同一个基因组拼接序列(super contig)上, 且相距很近时, 才能确认为同一基因的序列对组合。

2.4 缺失基因片段的克隆 以日本血吸虫成虫 cDNA

文库为模板, 根据预测组合在一起的两条序列片段的核苷酸序列设计引物 (引物由上海英骏生物技术有限公司合成)。在设计引物时, 为了验证扩增产物是否为缺失片段, 在预测的缺失序列与设计的引物序列之间, 均留有有已知序列。PCR 扩增, 总体积为 20  $\mu$ l, 反应条件为 95  $^{\circ}$ C 5 min; 94  $^{\circ}$ C 1 min, 55  $^{\circ}$ C 1 min, 72  $^{\circ}$ C 1 min, 35 个循环; 72  $^{\circ}$ C 10 min。1% 琼脂糖凝胶电泳分析结果。PCR 产物的纯化按 QIAquick 回收试剂盒说明进行。

**2.5 重组质粒的构建** 用 T<sub>4</sub> 连接酶将 PCR 产物和质粒 pGEM-T 连接, 连接产物转化感受态大肠埃希菌 JM109 株, 均匀涂布于含氨苄青霉素的 LB 平板上(0.1 mg/ml), 37  $^{\circ}$ C 倒置培养过夜。随机挑取少量细菌克隆, 用公共引物 T7 promoter 和 sp6 promoter 进行 PCR 鉴定, 本次 PCR 产物中大小与上一步 PCR 产物中大小相同的细菌克隆被判断为阳性克隆, 将此细菌克隆培养 2 h, 送交上海英骏生物技术有限公司测序。重组克隆的菌液与适当量的丙三醇混合, -80  $^{\circ}$ C 保存备用。

**2.6 序列补全及生物信息学分析** 根据引物序列及引物序列与待测序列之间保留的已知序列, 将测序得到的 PCR 扩增产物的核苷酸序列与预测为同一基因两端的片段序列进行拼接, 从而形成一个全新的、包含完整的开放阅读框(ORF)的 cDNA 序列。将此序列递交到 GenBank, 并对其进行相关的生物信息学分析。

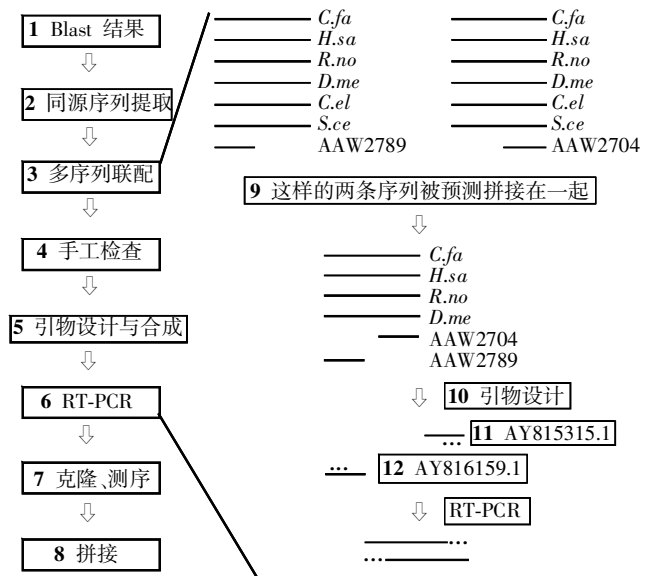
## 结 果

### 1 映射到乙醛脱氢酶的序列

共找到乙醛脱氢酶的候选基因 8 条, 其 GenBank 的登录号分别为 AAW25914、AAX27256、AAW25564、AAX28589、AAX28390、AAX26012、AAW27891 及 AAW27047。

### 2 不完整氨基酸序列的组合

对映射到乙醛脱氢酶的多条序列, 使用 perl 程序编写的脚本在 blast 结果中挑选 15 个物种的同源序列通过多序列联配, 可以看出有些序列对是同一个氨基酸序列的 N 端和 C 端, 而且两条序列中间没有重叠 (图 1)。这样的序列对找到 1 对, 登录号分别为 AAW27891 和 AAW27047。同时把这对氨基酸序列对应的 cDNA 序列也挑取出来, 分别为 AY815315.1 和 AY816159.1。根据氨基酸序列的多序列联配结果可以看出, AAW27047 和 AAW27891 中间缺失约 80 个氨基酸, 设计引物时, 两端分别取 118 bp 和 160 bp 的已知序列(便于 PCR 验证时找到重叠部分), 预计扩增出来的片段大约为 518 bp。



1: Blast 结果 Blast result, 2: 同源序列提取 Homologue sequences extraction, 3: 多序列联配 Multiple sequence alignment, 4: 手工检查 Manual check, 5: 引物设计与合成 Primer design and synthesis, 6: RT-PCR, 7: 克隆、测序 Clone and sequencing, 8: 拼接 Assembly, 9: 这样的两条序列被预测拼接在一起 These two sequences are predicted to be assembled, 10: 引物设计 Primers design, 11, 12: 氨基酸序列 AAW2704 对应的核苷酸序列为 AY815315.1, 氨基酸序列 AAW2789 对应的核苷酸序列为 AY816159.1, The corresponding nucleotide sequences of amino acid sequence AAW2704 and AAW2789 are AY815315.1 and AY816159.1 respectively.

犬 *C. fa* 人类 *H. sa* 大鼠 *R. no* 果蝇 *D. me* 线虫 *C. el* 酵母 *S. ce*

图 1 序列的测序拼装流程图

Fig. 1 Work flow of sequencing and assembling

### 3 利用基因组数据进行再次确认

以这两对 cDNA 序列为提问序列, 对日本血吸虫基因组数据库进行 blastn 比对, 这两对序列对都能比对到同一个 super contig 上, 同时人工查看 blast 结果, 根据在 contig 上的比对位置, 预测为同一基因的两条片段。

### 4 PCR 产物的鉴定

根据上一步得到的序列对的 cDNA 序列设计引物, 正、反两个方向的引物分别位于预测缺少片段的上游和下游, 期望通过 PCR 找回缺少的核苷酸序列。AY816159.1 和 AY815315.1 的中间缺少序列经 PCR 后, 鉴定与预测序列大小大致吻合(图 2)。

引物序列如下:

F: 5'-GCAGGTGATGACAGTGGCCGAGAAC-3';

R: 5'-CACCATTTTCTACAGCTGAATTCAC-3'。

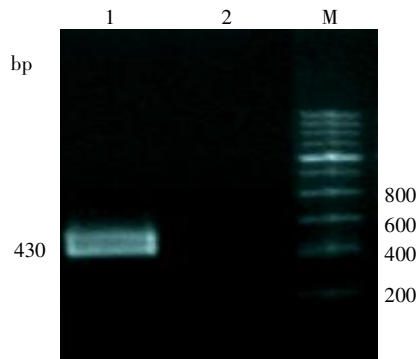
### 5 新全长编码序列的拼接

将与预测吻合的 PCR 扩增产物送交上海英骏生

## 讨 论

表达序列标签(EST)是从表达的基因片段的一端或者两端通过基因测序获得的长度为 200~500 bp 的核苷酸序列<sup>[6]</sup>。目前基因库中的寄生虫基因序列多为 EST 序列, EST 数据库中包含有表达的基因的潜在有用信息, 包括剪切位点和多态性, 因此 EST 数据库可以有效地用于新基因的发现<sup>[7]</sup>。应用生物信息技术对 ESTs 进行同源性搜索、电子拼接或组装, 可加速寄生虫新基因的识别及全长 cDNA 克隆的步伐。但是, EST 数据具有一定的错误率和冗余性, 有相当一部分非全长基因的 EST 簇<sup>[8]</sup>在找到 1 个 ORF 之后就被误判为 1 个全长基因的 EST 簇。本研究即从转录组数据库中搜索日本血吸虫乙醛脱氢酶基因的 EST 序列, 与其他物种的同源基因进行多序列联配, 通过电子拼接找到 1 对可能拼接在一起的序列, 并对这 1 对序列中间缺失部分的 PCR 产物进行了测序, 组装成 1 条完整的基因。此项研究可为寄生虫基因序列拼接、新基因发现及转录组数据优化提供参考资料。本研究使用的 8 420 条日本血吸虫 EST 簇中, 有 3 077 (36.5%) 条被预测具有全长编码区, 有 3 695 (43.9%) 条被认为具有片段编码区。这些编码区不完整, 或者是错误预测编码区的 EST 簇严重的影响后续研究与分析。部分片段的 EST 簇因为具有一个 poly A 的尾巴和一个“ATG”的密码子, 易被误判为一个具有全长的编码区的 EST 簇, 而有可能此“ATG”密码子只是序列中的一个蛋氨酸密码子而非翻译起始位点。如 AY816159.1 和 AY815315.1 都被预测为具有全长编码序列的 EST 簇, 而在本研究中, 这两条序列被拼接起来, 形成了一个更长的 EST 簇, 并且此 EST 簇的 ORF 所表达的蛋白被预测为全长蛋白, 此全长氨基酸序列通过多序列联配得到了验证。因此, 本研究提供了一个快速得到全长编码序列的普遍适用的方法。

当两条 EST 簇中间缺少 1 条 EST 序列将其连接起来时, 这两个 EST 簇可能被预测为 2 个基因。本研究将这些 EST 簇与其他多个物种的同源序列进行多序列联配, 为拼接 EST 簇提供了可靠的依据。并且通过多序列联配的结果, 甚至可预测出两条 EST 簇中间所缺少的核苷酸数目, 为后续实验验证 RT-PCR 产物是否正确提供了依据。例如, 本研究扩增出 1 条约 430 bp DNA 序列, 通过与多序列联配结果相比较, 这个 RT-PCR 产物同时覆盖了 2 条 EST 簇的部分序列, 并且与两条 EST 簇的末端安全匹配的核苷酸序列长度分别为 118 bp 和 160 bp, 据此完全可以确定, 2 条 EST 簇实际为同一个基因的两个片段。本研究不仅将其拼接起来, 同时还找回了中间的缺失序列。



M: DNA 标志物(200 bp), 1: 乙醛脱氢酶 cDNA, 2: 阴性对照。  
M: DNA marker(200 bp), 1: PCR products of Aldh cDNA, 2: Negative control.

图 2 乙醛脱氢酶 cDNA 的 PCR 扩增产物(1.0% 琼脂糖凝胶电泳)  
Fig. 2 PCR products of aldehyde dehydrogenase cDNA  
(1.0% agarose gel electrophoresis)

物技术有限公司测序, 将测序结果补全到 AY816159.1 和 AY815315.1 之间, 去除重叠部分后形成新的 cDNA 序列, 并提交 GenBank, 其登录号为 EF503564。ORF 分析含有一个完整的阅读框, 共 1 596 bp 编码 531 个氨基酸。起始密码子位于第 42~44 个核苷酸。AAW 27891 和 AAW27047 序列可以完全吻合于此 ORF 编码氨基酸序列的 N 端和 C 端。

在以上操作步骤中, 对于预测为同一基因的两个 EST 序列簇的预测方法如图 1 所示, 日本血吸虫 EST 序列簇 A 与 EST 序列簇 B 在进行同源序列提取并多序列联配后, 大部分的同源序列是相同的, 并且它们分别匹配到了同源序列的 N 端和 C 端。将这样的两条序列及其他相同的同源序列提取出来, 重新进行多序列联配, 如果得到的结果仍然是分别匹配到同源序列的 N 端和 C 端, 则根据已知序列设计引物进行 RT-PCR 验证。

## 6 新序列的生物信息学分析

此乙醛脱氢酶基因共编码 531 个氨基酸, 理论相对分子质量为  $M_r$  57 330.7, pI 值为 7.94。使用 ScanProSite ([http://npsa-pbil.ibcp.fr/cgi-bin/npsa\\_automat.pl?page=npsa\\_prosite.html](http://npsa-pbil.ibcp.fr/cgi-bin/npsa_automat.pl?page=npsa_prosite.html)) 分析目的序列, 此序列与乙醛脱氢酶基因氨基酸序列具有相同的模式序列[LIVMF-GA]-E-[LIMSTAC]-[GS]-G-[KNLM]-[SADN]-[TAPFV], 此模式中的“E”为活性位点, 与目的蛋白的 290~297 位氨基酸相匹配。同时对该序列进行同源比对发现, 与其同源性最近的序列是大鼠的乙醛脱氢酶基因, 序列一致性达到 48%, 相似性为 64%, 因此, 可以初步确定得到的序列为日本血吸虫乙醛脱氢酶基因的编码序列。

以上结果表明,本研究基于生物信息学和简单实验,从转录组中得到日本血吸虫乙醛脱氢酶基因全长序列和找回 2 条 EST 簇中间缺失序列的方法。此法可增加转录组数据的精确性和利用率,可快速地得到全长编码序列。本研究编制的计算机程序脚本,没有特定的物种针对性,因此本程序脚本在其他物种中具有潜在的普遍适用性。作者等在后续工作中将继续对其精确性进行研究和评价,并提高其实用性,以便构建一个能对较多物种的转录组数据进行优化的平台。

参 考 文 献

[1] Ross AG, Sleight AC, Li Y, et al. Schistosomiasis in the People's Republic of China: prospects and challenges for the 21st century [J]. Clin Microbiol, 2001, 14: 270-295.

[2] Engels D, Chitsulo L, Montresor A, et al. The global epidemiological situation of schistosomiasis and new approaches to control and research[J]. Acta Trop, 2002, 82: 139-146.

[3] Liu F, Lu J, Hu W, et al. new perspectives on host-parasite in-

terplay by comparative transcriptomic and proteomic analyses of *Schistosoma japonicum*[J]. PLoS Pathogens, 2006, 2: 268-281.

[4] Hu W, Yan Q, Shen DK, et al. Evolutionary and biomedical implications of a *Schistosoma japonicum* complementary DNA resource[J]. Nature Genetics, 2003, 35: 139-147.

[5] Le Paslier MC, Pierce RJ, Merlin F, et al. Construction and characterization of a *Schistosoma mansoni* bacterial artificial chromosome library[J]. Genomics, 2000, 65: 87-94.

[6] Adams MD, Kelley JM, Gocayne JD, et al. Complementary DNA sequencing: expressed sequence tags and human genome project [J]. Science, 1991, 252: 1651-1656.

[7] Burke J, Wang H, Hide W, et al. Alternative gene form discovery and candidate gene selection from gene indexing projects [J]. Genome Res, 1998, 8: 276-290.

[8] Zhang DL, Ji L, Li YD. Analysis, identification and correction of some errors of model refseqs appeared in NCBI Human Gene Database by in silico cloning and experimental verification of novel human genes[J]. Acta Gene Sin, 2004, 31: 431-443. (in Chinese) (张德礼, 季梁, 李衍达. 通过新基因计算机识别与实验确认对 NCBI 人类基因数据库一些模式参考序列错误的分析与纠正[J]. 遗传学报, 2004, 31:431-443.)

(收稿日期: 2007-05-24 编辑: 富秀兰)

文章编号: 1000-7423(2008)-01-0034-03

【研究简报】

东方田鼠 IgG3 抗体抗血吸虫病作用研究

蒋守富<sup>1</sup>, 魏梅雄<sup>1</sup>, 林娇娇<sup>2</sup>, 潘彩娥<sup>1</sup>, 邱倩雯<sup>1</sup>, 何艳燕<sup>1</sup>, 李浩<sup>2</sup>, 石耀军<sup>2</sup>

【提要】采用 ELISA 方法,平行检测东方田鼠、BALB/c 小鼠和昆明小鼠在攻击感染前、后的血清抗血吸虫童虫(SSA)、成虫(SAWA)和虫卵(SEA) IgG3 抗体水平,并进行体内、外试验,观察 IgG3 抗体抗血吸虫效应。结果攻击感染后第 4 周,东方田鼠抗 SSA 和 SAWA 的 IgG3 抗体水平增幅较大,分别较感染前增加 79.6%和 49.6%,BALB/c 小鼠 IgG3 抗体在攻击感染后无明显增加。野生和室内繁殖的东方田鼠的 IgG3 抗体所致童虫死亡率分别为昆明小鼠的 5.88 和 2.35 倍,前者还诱生出较高的减虫率(39.8%)。提示东方田鼠 IgG3 抗体可能是其抗血吸虫感染的主要免疫物质。

【关键词】东方田鼠; IgG3 抗体; 血吸虫

中图分类号: R532.21 文献标识码: B

Effect of IgG3 Antibody Purified from Sera of *Microtus fortis* Against *Schistosoma japonicum*

JIANG Shou-fu<sup>1</sup>, WEI Mei-xiong<sup>1</sup>, LIN Jiao-jiao<sup>2</sup>, PAN Cai-e<sup>1</sup>,  
QIU Qian-wen<sup>1</sup>, HE Yan-yan<sup>1</sup>, LI Hao<sup>2</sup>, SHI Yao-jun<sup>2</sup>

(1 Shanghai Center of Disease Control and Prevention, Shanghai 200336, China; 2 Shanghai Institute of Veterinary Medicine, CAAS, Shanghai 200232, China)

【Abstract】 IgG3 antibody reaction to soluble antigens prepared from schistosomula (SSA), adult worms (SAWA) and eggs (SEA) in laboratory-bred *Microtus fortis* (Mf), BALB/c mice and Kunming (Km) mice challenged by cercariae of *Schistosoma japonicum* was detected by indirect ELISA. The effect of purified IgG3 antibody on *in vitro* killing schistosomula and protecting mice from infection of *S. japonicum* was evaluated. The IgG3 antibody level in Mf against SSA and SAWA increased significantly by 79.6 percent and 49.6 percent after the fourth week of challenge infection, but no significant increase in BALB/c mice. Purified IgG3 antibody from laboratory-bred Mf and wild Mf effectively killed schistosomula, and that of the wild Mf induced higher worm-reduction rate. The death rate of schistosomula due to IgG3 antibody purified from sera of laboratory-bred Mf and wild Mf was 2.35 and 5.88 times as high as that of Km mice respectively.

基金项目: 上海市科学技术发展基金 (No. 054909002)

作者单位: 1 上海市疾病预防控制中心, 上海 200336; 2 中国农业科学院上海兽医研究所, 农业部动物寄生虫学重点开放实验室, 上海 200232