

应用体内诱导抗原技术筛选结核分枝杆菌体内表达基因

李 霆^{1*}, 高志勇^{2*}, 王恒樑¹, 冯尔玲¹, 陈宗德², 李新月³, 黄留玉^{1, ①}, 黄翠芬¹

1.军事医学科学院生物工程研究所;北京 100071; 2.郑州大学医学院微生物与免疫学教研室;郑州 450052; 3.郑州市第六人民医院参比室;郑州 450003

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 为寻找新型抗结核药物靶标, 采用体内诱导抗原技术筛选结核分枝杆菌的体内诱导基因。首先构建了结核分枝杆菌基因组质粒表达文库, 库容量为 1.02×10^5 CFU。再用经过结核分枝杆菌和大肠杆菌的裂解产物吸附过的结核病人血清, 通过原位免疫印迹来筛选基因组表达文库, 共获得16个阳性克隆。对阳性克隆进行测序和生物信息学分析, 发现该16个阳性克隆可能包含22个开放阅读框(ORF)。按照功能将其分为7类基因: 脂类代谢2个、信号途径5个、PE/PPE蛋白家族2个、中间产物与能量代谢6个、细胞壁与细胞处理1个、假想蛋白4个和与牛型分枝杆菌定向进化同源的2个, 其中部分基因可能与毒力相关, 可以作为候选药物靶标。

关键词 [结核分枝杆菌](#) [体内诱导抗原技术](#) [药物靶标](#) [毒力](#)

分类号

The Agricultural College; Yangzhou University; Yangzhou 225009; China

Abstract

Key words [rice](#) [semidwarf gene](#) [SSR markers](#) [molecular mapping](#)

DOI:

通讯作者

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(282KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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“结核分枝杆菌”的相关文章](#)

▶ [本文作者相关文章](#)

- [李 霆](#)
- [高志勇](#)
- [王恒樑](#)
- [冯尔玲](#)
- [陈宗德](#)
- [李新月](#)
- [黄留玉](#)
- [黄翠芬](#)