

兽医

### 猪附红细胞体16S rRNA基因的序列测定和系统进化分析

张浩吉, 谢明权, 张健骅, 覃宗华, 顾万军, 蔡建平

1. 佛山科学技术学院动物医学系, 佛山 528231; 2. 广东省农业科学院兽医研究所, 广州 510640

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 从确诊为猪附红细胞体感染的猪场, 无菌采集血样, 抽提猪附红细胞体基因组DNA, 采用真细菌的通用引物进行16S rRNA基因扩增, 对扩增产物进行克隆和测序。从3个地理位置不同的猪场均成功地扩增出长度为1469 bp的核苷酸序列。系统进化分析表明, 3个猪场样品所测序列一致性达99.52%以上, 具有相同的基因型, 但与国外报道的猪附红细胞体Illinois株同源率为95%, 属于同一基因群, 但基因型不同; 所有种类的附红细胞体和血巴尔通氏体组成同一进化分支, 这类血营养菌与支原体科, 支原体属的病原最靠近(75%), 而与立克次氏体目的病原较远(70%)。上述研究证实, 广东所流行的猪附红细胞体是一种新基因型的猪附红细胞体, 建议命名为猪附红细胞体广东株型; 为反映进化关系, 猪附红细胞体和其它血营养菌应划归于支原体科的支原体属。

**关键词** [猪附红细胞体](#); [16S rRNA基因](#); [系统进化分析](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: 张浩吉; 谢明权; 张健骅; 覃宗华; 顾万军; 蔡建平

#### 扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#) (1930KB)

▶ [\[HTML全文\]](#) (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](#)

▶ [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“猪附红细胞体; 16S rRNA基因; 系统进化分析” 的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

• [张浩吉](#)

• [谢明权](#)

• [张健骅](#)

• [覃宗华](#)

• [顾万军](#)

• [蔡建平](#)