

研究简报

4个旋毛虫隔离种18S rRNA基因分子克隆及序列比较分析

李冬梅,王秀荣,路义鑫,董晓波,宋铭忻

东北农业大学动物医学院寄生虫教研室

收稿日期 2004-10-27 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 【目的】旋毛虫的分类问题一直是众多学者关注的问题,笔者试图通过分子遗传机制来确定旋毛虫不同隔离种之间的关系,同时也为寄生虫学的分类研究奠定基础。【方法】通过RT-PCR方法,克隆4个不同旋毛虫隔离种的18S rRNA基因片段,并进行比较分析。【结果】序列分析结果表明,黑龙江省猪旋毛虫与*T. spiralis*的同源性为99.4%,犬旋毛虫与*T. nativa*的同源性为99.3%;猪旋毛虫与*T. nativa*的同源性为99.0%。犬旋毛虫与*T. spiralis*的同源性为99.1%。猪旋毛虫为旋毛形线虫(*T. spiralis*);犬旋毛虫为本地毛形线虫(*T. nativa*)。【结论】这与传统的分类结果基本一致。在分子水平上为传统的分类学提供了更强的理论依据,为旋毛虫病的流行病学和防治提供奠定基础。

关键词 [旋毛虫隔离种](#) [18S rRNA](#) [分类](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

宋铭忻 songmx@neau.edu.cn

作者个人主页: 李冬梅;王秀荣;路义鑫;董晓波;宋铭忻

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF \(298KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“旋毛虫隔离种”的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)

- [李冬梅](#)
- [王秀荣](#)
- [路义鑫](#)
- [董晓波](#)
- [宋铭忻](#)