

[本期目录](#) | [下期目录](#) | [过刊浏览](#) | [高级检索](#)

[\[打印本页\]](#) [\[关闭\]](#)

论文

多位点序列分型及其应用

张少敏（综述）；徐建国（指导）

传染病预防控制国家重点实验室 中国疾病预防控制中心传染病预防控制所，北京 102206

摘要：

多位点序列分型（multilocus sequence typing, MLST）是一种基于核酸序列测定的细菌分型方法。这种方法通过PCR扩增多个管家基因内部片段并测定其序列，分析菌株的变异。MLST操作简单，结果能快速得到并且便于不同实验室的比较，已经用于多种细菌的流行病学监测和进化研究。随着测序速度的加快和成本的降低，以及分析软件的发展，MLST逐渐成为细菌的常规分型方法。

关键词：[管家基因](#) [多位点序列分型](#) [应用](#)

收稿日期 2008-03-27 修回日期 网络版发布日期 2009-02-23

DOI: 10.3784/j.issn.1003-9961.2008.10.648

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" value="6908"/>

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(397KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(1KB\)](#)
- ▶ [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

- ▶ [管家基因](#)
- ▶ [多位点序列分型](#)
- ▶ [应用](#)

本文作者相关文章

PubMed