

仇保丰,董蓉莲,宋鸿雁,等.柔嫩艾美耳球虫核糖体蛋白 *S3a* 基因的克隆及分析[J].江苏农业科学,2016,44(12):68-71.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2016.12.017

# 柔嫩艾美耳球虫核糖体蛋白 *S3a* 基因的克隆及分析

仇保丰<sup>1</sup>,董蓉莲<sup>2</sup>,宋鸿雁<sup>3</sup>,顾炳泉<sup>1</sup>,景瑾<sup>3</sup>,刘文斌<sup>1</sup>,邵义祥<sup>3</sup>,高逢结<sup>1</sup>,李 建<sup>1</sup>

(1.南通出入境检验检疫局,江苏南通 226004;2.江苏省疾病预防控制中心,江苏南京 210009;3.南通大学实验动物中心,江苏南通 226001)

**摘要:**根据 GenBank 中收录的柔嫩艾美耳球虫核糖体蛋白 *S3a* 基因序列,利用计算机软件设计 1 对引物,从纯化的柔嫩艾美耳球虫第 2 代裂殖子中提取总 RNA,然后应用 RT-PCR 技术扩增出约 810 bp 的产物,将其连入 pMD18-T 载体,经双酶切和 PCR 鉴定正确后,进一步进行 DNA 序列测定。将本研究测序结果与 GenBank 收录的柔嫩艾美耳球虫 *S3a* 基因进行比对,发现两序列间有 6 个碱基发生突变,其中 3 个为无义突变,其余为有义突变,同源性和 97.9%;本研究扩增的 *S3a* 基因包含了一个全长 795 bp 的完整开放阅读框(ORF),编码 264 个氨基酸,蛋白分子量约为 29.9 KD,ORF 碱基同源性和 99.0%,推导氨基酸序列同源性和 98.1%。将本研究克隆的核糖体蛋白 *S3a* 基因与 GenBank 中收录的人和哺乳动物、植物、真菌、禽鸟等共 15 种真核生物的核糖体蛋白 *S3a* 基因进行比对发现,虽然本研究克隆和 GenBank 中收录的柔嫩艾美耳球虫 *S3a* 基因之间同源性最高,但是两者却与硕大利什曼原虫和布氏锥虫这 2 种原虫的 *S3a* 基因同源性较低,反而与禽鸟 *S3a* 基因的同源性较高。

**关键词:**柔嫩艾美耳球虫;*S3a* 基因;克隆;分析

**中图分类号:** Q785 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2016)12-0068-03

鸡柔嫩艾美耳球虫(*Eimeria tenella*) *S3a* 基因是从 *E. tenella* 第 1 代裂殖体 λ Zap II cDNA 文库中筛选出来的 1 种核糖体蛋白(EtS3a)基因,由于它与具有调节细胞周期进程和参与蛋白合成的哺乳动物核糖体蛋白 *f1e-1*、植物核糖体蛋白 *cyc-07* 和酵母菌核糖体蛋白 MFT1 均具有较高的同源性,且其 mRNA 仅在 *E. tenella* 裂殖体和裂殖子阶段能够检测到,故而推测 EtS3a 可能在激发 *E. tenella* 裂殖子和裂殖体发育、黏附和侵袭宿主细胞、适应环境变化等过程中发挥重要的调节作用<sup>[1]</sup>。除此之外,Cordeiro-Da-Silva 等在研究中发现,硕大利什曼原虫(*Leishmania major*)的 *S3a* 蛋白还具有调节 T 细胞和 B 细胞活性,参与免疫调节的作用<sup>[2]</sup>。Zemzoumi 等报道硕大利什曼原虫 *S3a* 蛋白可由胞内转运至胞外,并与被膜结合,具有保护抗原的特性<sup>[3]</sup>。但截止目前,国内外尚未发现关于 *E. tenella* *S3a* 基因克隆和分析的研究报道,这对进一步研究 *E. tenella* *S3a* 蛋白的生物学功能和免疫学意义等造成不利影响。本研究通过对鸡 *E. tenella* 江苏分离株的 *S3a* 基因进行克隆和分析,为相关工作者提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

1.1.1 球虫卵囊 *E. tenella* 卵囊分离自江苏某鸡场,由南通出入境检验检疫局有害生物检疫实验室鉴定并保存。

收稿日期:2015-09-27

基金项目:国家自然科学基金(编号:31301926);江苏省自然科学基金(编号:BK20130388)。

作者简介:仇保丰(1978—),男,安徽长丰人,博士,兽医师,从事动物及动物产品病原体的检测及研究。Tel:(0513)68588403;E-mail:baofengqiu2008@163.com。

通信作者:宋鸿雁,博士,副教授,研究方向为实验动物学。E-mail:songhongyanv@ntu.edu.cn。

1.1.2 试验鸡 1 日龄 AA 肉鸡购自江苏南通某商品鸡孵化场,饲养于严格消毒无球虫的笼舍中,饲喂的饲料中不含抗球虫药。

1.1.3 试剂 DEPC,购自 Amresco 公司;M-MLV 和 Oligo(dT)15 Primer,购自 Promega 公司;pMD18-T 克隆载体、Taq DNA 聚合酶、dNTP、DL2 000 Marker、限制性内切酶 *Bam*H I、*Eco*R I 和 DNA 胶回收试剂盒,均购自宝生物工程(大连)有限公司。

### 1.2 试验方法

1.2.1 引物设计和合成 根据 GenBank 中收录的 *E. tenella* *S3a* 基因序列,利用 Primer Premier 5.0 软件设计 1 对扩增引物:*S3a*-F,5'-AGGATCCATGGCGGTCGGTAAGAACAAG-3';*S3a*-R,5'-TTGAATTCTCAGACAGAGTCTTGACAG-3',画线部分为 *Bam*H I 和 *Eco*R I 酶切位点,引物由宝生物工程(大连)有限公司合成。

1.2.2 cDNA 模板的制备 30 只 1 日龄 AA 肉鸡饲养至 14 日龄,经口接种新鲜孢子化卵囊  $1 \times 10^5$  个/羽,接种后 120 h 杀鸡取盲肠。参考文献[4]的方法分离和纯化 *E. tenella* 第 2 代裂殖子,再采用一步法<sup>[5]</sup>提取总 RNA 并进行反转录,以反转录 cDNA 作为 PCR 模板。

1.2.3 *S3a* 基因的克隆及鉴定 以“1.2.2”节制备的 cDNA 为模板,用特异性引物进行 *S3a* 基因的 PCR 扩增,PCR 反应体系如下:10 × Taq Buffer 2.5 μL, MgCl<sub>2</sub> (25 mmol/L) 1.0 μL, dNTP Mix (10 mmol/L each) 0.5 μL, 上、下游引物 (50 μmol/L) 各 0.5 μL, Taq DNA 聚合酶 (5 U/μL) 0.5 μL, 灭菌双蒸水 14.5 μL, cDNA 模板 5 μL。 *S3a* 基因的 PCR 反应条件为:94 °C 预变性 5 min;94 °C 55 s, 57 °C 55 s, 72 °C 55 s, 35 个循环,然后 72 °C 延伸 15 min。循环反应完毕后,将扩增产物中加入 5 μL 上样缓冲液在 1% 琼脂糖凝胶上电泳,结束后在紫外灯下观察结果。回收 *S3a* 基因目的条带、连接

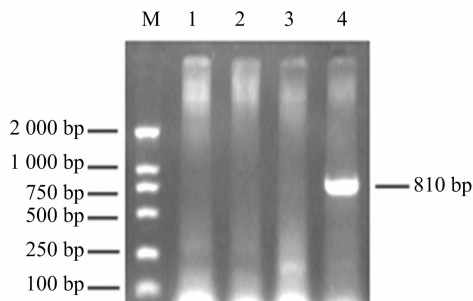
pMD18-T 载体并转化 DH5 $\alpha$ , 用双酶切和 PCR 鉴定出阳性克隆, 并挑取 3 个克隆送宝生物工程(大连)有限公司测序。

1.2.4 *S3a* 基因序列分析 用 DNASTar 4.0 软件对 *S3a* 基因的测序结果进行编辑, 分析开放阅读框(ORF)的碱基序列, 并推导出编码蛋白的氨基酸序列。收集 GenBank 中报道 *E. tenella* *S3a* 基因序列, 用 MegAlign Clustal V 软件对 *S3a* 基因的碱基序列和推导氨基酸序列进行比对和分析。最后将所得 *S3a* 基因测序结果输入 <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/> 进行网上比, 同时分别选取原虫、真菌、植物、鸟类、人和其他哺乳动物的核糖体蛋白 *S3a* 基因, 并用 MEGA 6.06 软件构建遗传进化发生树, 分析了本研究克隆 *S3a* 基因和上述物种 *S3a* 基因之间的遗传进化关系。

## 2 结果与分析

### 2.1 *S3a* 基因的克隆

提取 *E. tenella* 第 2 代裂殖子的总 RNA 并反转录, 分别用 *S3a* 基因特异性引物进行 PCR 扩增, 经琼脂糖凝胶电泳检测, 发现第 1、2、3 泳道未能扩增出目的片段, 第 4 泳道有约 810 bp 的目的条带(图 1), 与预期大小相吻合。切胶回收第 4 泳道的目的条带, 连接 pMD18-T 载体并转化大肠埃希菌 DH5 $\alpha$ 。



M—DL2 000 DNA Ladder; 1~4—*S3a* 基因 PCR 扩增产物

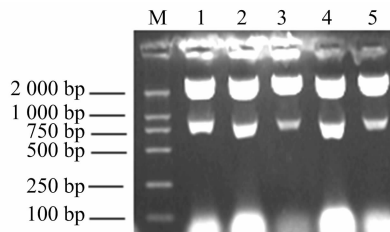
图1 *S3a* 基因的 PCR 扩增结果

### 2.2 *S3a* 基因的鉴定

目的基因 *S3a* 连接 T 载体并转化 DH5 $\alpha$  后, 提取质粒 T-S3a 经 *EcoR* I + *Bam*H I 双酶切鉴定和特异性引物的 PCR 鉴定, 均能获得与预期结果一致的目的条带(图 2 和图 3), 挑取 3 个阳性克隆送宝生物工程(大连)有限公司测序并进行 BLAST 比对, 结果显示, 本研究所扩增的 *S3a* 基因与 GenBank 收录的 *E. tenella* *S3a* 基因同源性最高(达 97.9%), 说明本研究 *E. tenella* *S3a* 基因克隆成功。

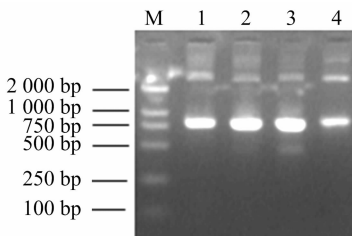
### 2.3 *S3a* 基因序列分析

用 DNASTar 4.0 软件编辑 *S3a* 基因测序结果发现, 上、下游引物间的碱基数量为 810 bp, 与预期大小一致。与 GenBank 中收录的 *E. tenella* *S3a* 全基因(登陆号: AF042107.1)比较发现, 本研究扩增序列有 6 个碱基发现突变(分别为第 332、357、420、459、520、526 位, 引物设计时人工突变的碱基未计算在内, 下同), 比较推导氨基酸序列发现, 仅第 332、520、526 位碱基突变为有义突变, 引起氨基酸序列第 111、174 和 176 位 3 个位点发生突变, 其余为无义突变。将江苏株 *E. tenella* *S3a* 基因与 GenBank 收录序列的 ORF 进行比对, 发现本研究扩增的江苏株 *E. tenella* *S3a* 基因包含了 795 bp 的



M—DL2 000 DNA Ladder; 1~5—*S3a* 基因连接 T 载体的酶切鉴定

图2 *S3a* 基因连接 T 载体的酶切鉴定结果

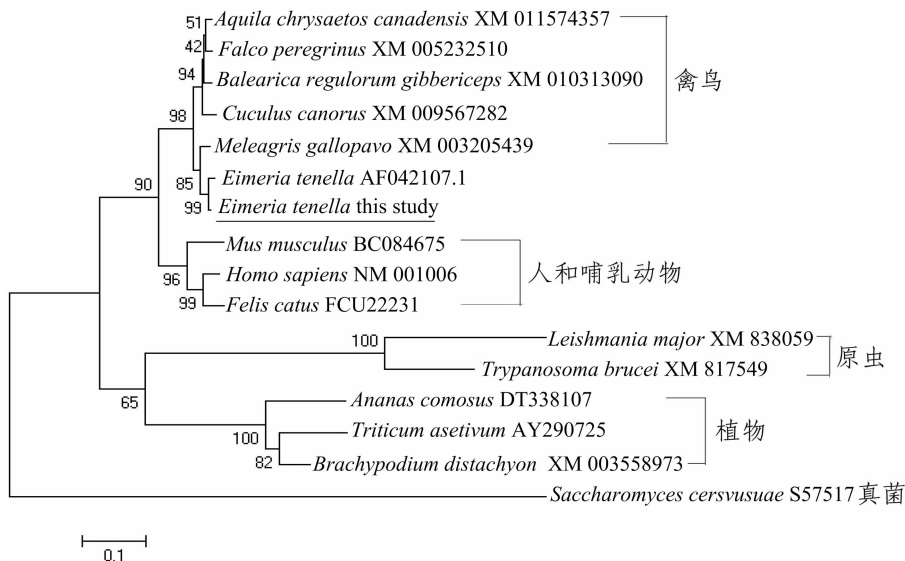


M—DL 2000 DNA Ladder; 1~4—*S3a* 基因连接 T 载体 PCR 鉴定

图3 *S3a* 基因连接 T 载体的 PCR 鉴定结果

完整开放阅读框(ORF), 编码蛋白为 264 个氨基酸, 蛋白分子量约 29.9 ku, 两序列间 ORF 碱基同源性为 99.0%, 推导氨基酸序列同源性为 98.1%。

已有研究表明, *E. tenella* *S3a* 基因与哺乳动物核糖体蛋白 *fte-1*、植物核糖体蛋白 *cyc-07* 和酵母菌核糖体蛋白 MFT1 均具有较高的同源性<sup>[1]</sup>。本研究收集了 GenBank 中人和哺乳动物、植物、真菌、鸟类共 15 种生物的核糖体蛋白 *S3a* 基因, 其中包括 *E. tenella*、*Leishmania major* 和布氏锥虫(*Trypanosoma brucei*) 3 种原虫, 人(*Homo sapiens*)、小鼠(*Mus musculus*)和家猫(*Felis catus*) 3 种哺乳动物, 菠萝(*Ananas comosus*)、小麦(*Triticum aestivum*)和二穗短柄草(*Brachypodium distachyon*) 3 种植物, 金雕东北亚种(*Aquila chrysaetos canadensis*)、游隼(*Falco peregrinus*)、灰冠鹤(*Balearica regulorum gibbericeps*)、欧洲普通杜鹃(*Cuculus canorus*)和火鸡(*Meleagris gallopavo*) 5 种禽鸟, 酿酒酵母(*Saccharomyces cerevisiae*) 1 种真菌, 结合本研究克隆的 *S3a* 基因共同用 MegAlign Clustal V 软件进行分析, 发现上述 *S3a* 基因间的同源性在 35.0% ~ 97.9% 之间不等, 总体表现是生物分类关系较近的物种, 如不同种禽鸟之间 *S3a* 基因的同源性相对较高; 而生物分类关系较远的不同物种间, 如禽鸟类和植物之间, *S3a* 基因的同源性较低。但例外的是, 虽然本研究克隆和 GenBank 中收录的 *E. tenella* *S3a* 基因之间同源性最高, 但是两者却与硕大利什曼原虫和布氏锥虫这 2 种原虫的同源性较低, 反而与禽鸟 *S3a* 基因的同源性较高。接着用 MEGA 6.06 软件构建遗传进化发生树, 也发现相同结果, 即 *E. tenella* *S3a* 基因与禽鸟 *S3a* 基因分布在一个进化关系较近的分支上, 而与硕大利什曼原虫和布氏锥虫这 2 种原虫所处的分支相距较远(图 4)。进一步将 *E. tenella* *S3a* 基因序列输入 GenBank 进行 Blast 比对, 也发现 *E. tenella* *S3a* 基因与多种禽鸟 *S3a* 基因之间的同源性远远高于其他物种的 *S3a* 基因, 但为何会出现此结果, 还需要进一步研究和探讨。

图4 *S3a* 基因系统进化树

### 3 讨论

真核生物核糖体蛋白 *S3a* 存在于 40S 核糖体亚基上,且位于大小核糖体亚基的接触面上,该部位是核糖体结合翻译启动因子 2 (eIF2)、eIF3、eIF2、Met - tRNA、Phe - tRNA 及 mRNA 的位置,因而 *S3a* 水平的变化将影响核糖体翻译功能的启动,很可能特异性地抑制某些参与生命活动的重要蛋白质的合成,影响细胞代谢<sup>[6-7]</sup>。例如,人的 *fte-1* (*v-fos* transformation effector) 基因早已是公认的 *v-fos* 转化效应蛋白基因,它编码的蛋白与核糖体蛋白 *S3a* 为同一产物, *fte-1* 蛋白参与细胞转化、生长、蛋白合成及向线粒体转运蛋白,另外还有在淋巴细胞中参与信号传递的作用<sup>[1,8]</sup>。国外学者在研究核糖体蛋白 *S3a* 时发现,当 *v-fos* 基因受到抑制时,已发生转化效应的细胞可恢复正常功能,从而推断 *S3a* 蛋白在核糖体外还应具有其他功能<sup>[9]</sup>。目前认为,核糖体蛋白 *S3a* 在细胞中具有多种功能,除了参与翻译起始之外,还在调节增殖、恶性转化、细胞凋亡和细胞免疫等方面起重要作用。因此,国内外研究人员目前已对人、青鳉、家蚕、利什曼原虫等大量真核生物的核糖体蛋白 *S3a* 进行了深入的研究。GenBank 中也收录了大量来源于各种真核生物的 *S3a* 基因或疑似 *S3a* (*S3a-like*) 基因序列。

与此相对应的是,尽管 Ouarzane 等早在 1998 年就报道了从鸡 *E. tenella* 第 1 代裂殖体  $\lambda$ Zap II cDNA 文库中筛选出 *E. tenella S3a* 基因,同时推测该基因编码的蛋白可能在调节蛋白合成,进而激发裂殖子、裂殖体侵袭和感染宿主细胞,适应环境变化等过程中都发挥重要作用<sup>[1]</sup>。但截止到目前,国内外既缺乏关于 *E. tenella S3a* 基因克隆和分析的报道,也没有针对 *E. tenella S3a* 蛋白生物学功能的后续研究。GenBank 中也仅收录了 Ouarzane 等上传的 1 条的 *E. tenella S3a* 基因序列<sup>[1]</sup>。本研究利用 PCR 技术,从鸡 *E. tenella* 江苏分离株第 2 代裂殖子中成功克隆出 *S3a* 基因。将本研究克隆的江苏株 *E. tenella S3a* 基因与 GenBank 中收录的 *S3a* 基因序列进行比对发现,本研究扩增序列有 6 个碱基发现突变,且其中第 332、520、526 位碱基突变为有义突变,引起推导氨基酸序列

第 111、174、176 位 3 个位点发生突变,其余为无义突变。2 条 *S3a* 基因序列同源性为 97.9%, ORF 碱基同源性为 99.0%, ORF 推导氨基酸同源性为 98.1%。至于在不同来源的鸡 *E. tenella* 分离株中, *S3a* 基因存在的碱基突变概率和位点的普遍性、规律性及其在生物进化和适应宿主中的意义等问题,这还需要比对大量不同来源的 *E. tenella S3a* 基因并进行更深入的研究才能得出。

通常认为鸡球虫的免疫原性主要在其无性生殖阶段(裂殖生殖),而有性生殖阶段(配子生殖)或子孢子几乎没有免疫原性。Ouarzane 等则研究发现,仅在第 1 代裂殖体和第 2 代裂殖子阶段能够检测到 *E. tenella S3a* 基因的 mRNA,在孢子化和未孢子化卵囊未能检测到<sup>[1]</sup>。如果在球虫第 1 代裂殖体和第 2 代裂殖子阶段都大量表达的 *S3a* 蛋白能够被转运到胞外发挥保护性抗原的作用,那么用 *S3a* 基因构建的球虫亚单位苗或核酸疫苗将会在抑制球虫增殖、阻断球虫侵袭和感染中发挥一定作用。再加之 Cordeiro - Da - Silva 等在研究中发现,硕大利什曼原虫的 *S3a* 蛋白还具有调节 T 细胞和 B 细胞活性,参与免疫调节的作用<sup>[2]</sup>。Zemzoumi 等则报道了硕大利什曼原虫 *S3a* 蛋白可由胞内转运至胞外并与被膜结合,具有保护抗原的特性<sup>[3]</sup>。Barros 等在研究克氏锥虫时也有类似的发现,他们一致认为是 *S3a* 蛋白由胞内转运出来与体外的被膜结合,使 *S3a* 蛋白成为了保护性抗原<sup>[10]</sup>。因此,本研究对鸡 *E. tenella S3a* 基因进行了体外扩增和分析,也可以为筛选理想的 *E. tenella* 保护性抗原、构建新型疫苗和研制抗球虫新药等打下基础。

除此之外,将本研究克隆的 *E. tenella S3a* 基因与 GenBank 中人和哺乳动物、植物、真菌、鸟类共 15 种生物的核糖体蛋白 *S3a* 基因进行比对发现,虽然本研究克隆和 GenBank 中收录的 *E. tenella S3a* 基因之间源性最高,但是两者却与硕大利什曼原虫和布氏锥虫这 2 种原虫的 *S3a* 源性较低,反而与禽鸟 *S3a* 基因的同源性较高。这可能会对研究鸡 *E. tenella* 寄生于宿主的过程中, *S3a* 基因发挥的生物学功能和免疫学作用等有重要的启发意义,应该引起研究人员的关注。

王 辉,董盼盼,李文丽,等. 与番茄黄化曲叶病毒病抗病基因 *Ty-3* 紧密连锁标记的比较与分析[J]. 江苏农业科学,2016,44(12):71-73.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2016.12.018

# 与番茄黄化曲叶病毒病抗病基因 *Ty-3* 紧密连锁标记的比较与分析

王 辉,董盼盼,李文丽,王 富

(青岛农业大学园艺学院,山东青岛 266109)

**摘要:**以番茄黄化曲叶病毒病(tomato yellow leaf curl virus,简称 TYLCD)抗病纯合基因型(*Ty-3/Ty-3*)材料 A45、感病纯合基因型(*ty-3/ty-3*)材料 A39 及其构建的  $F_2$  代分离群体(145 个单株)为试验材料,采用接种鉴定的方法,同时进行 TYLCV 抗性遗传分析,比较 P6-25、UF\_TY3-P23、UF\_TY3-P19 等 3 个标记与 *Ty-3* 基因的连锁程度。结果显示,番茄黄化曲叶病毒病抗性遗传符合 1 对显性基因控制;P6-25、UF\_TY3-P23、UF\_TY3-P19 等 3 个标记与抗病基因 *Ty-3* 间的遗传距离分别为 15.2、14.5、10.3 cM;利用分子标记 UF\_TY3-P19 可提高黄化曲叶病毒病抗性材料的效率。

**关键词:**番茄;黄化曲叶病毒病;*Ty-3* 基因;分子标记

**中图分类号:** S436.412.1<sup>+</sup>9 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2016)12-0071-03

番茄黄化曲叶病毒(tomato yellow leaf curl virus,简称 TYLCV)是侵染番茄的重要病毒之一,近年来因其在番茄上的广泛流行而受到人们的关注。传统的番茄抗 TYLCV 育种受到时间、环境等的限制,缺乏快速的检测鉴定方法。近年来,分子标记技术辅助育种被广泛应用,相对于传统育种,分子标记辅助育种可以缩短育种周期,并且可以从分子水平找

到相关抗性基因和相关位点。因此,研究挖掘利用有效的分子标记,对相关育种工作具有重要意义。

番茄抗 TYLCV 植株材料先后在细叶番茄(*Solanum pimpinellifolium*)、秘鲁番茄(*Solanum peruvianum*)、智利番茄(*Solanum chilense*)、多毛番茄(*Solanum habrochaite*)、契斯曼尼番茄(*Solanum cheesmaniae*)等野生材料中发现。抗源材料不同,其抗性遗传规律也不同。目前已发现的抗性基因主要有 *Ty-1*、*Ty-2*、*Ty-3*、*Ty-3a*、*Ty-4*、*Ty-5*<sup>[1-7]</sup>。*Ty-3* 抗性基因最早的报道是在 2007 年, Ji 等通过易感番茄品种 7781x 抗病自交系 021108 (*Lycopersicon chilense* LA2779)、易感番茄品种 8248X 抗病自交系 034611 (*Lycopersicon chilense* LA1932) 杂交获得的  $F_2$  代分离群体进行连锁分析及 QTL 定位分析<sup>[4]</sup>,确定 *Ty-3* 抗性基因位点位于番茄 6 号染色体长臂的 Cleg-31-P16 (20cM)、T1079 (27cM) 之间。随着研究工作的开展,*Ty-3* 基因位点被进一步精确定位,*Ty-3* 基因被定为在标记 UF\_TY3-P1、UF\_TY3-P23 之间,约 71 kb 间隔

收稿日期:2015-10-12

基金项目:山东省良种工程农业生物资源创新利用研究项目(编号:PTBR2013);青岛市民生计划(编号:13-1-3-3-nsh);山东省现代农业产业技术体系(编号:SDAIT-02-022-02);山东省自然科学基金(编号:ZR2010CM047、ZR2014CQ034);青岛农业大学高层次人才科研基金(编号:663-1115041)。

作者简介:王 辉(1981—),男,山东郓城人,博士,主要从事蔬菜遗传育种及生物技术研究。E-mail:fromstick@163.com。

通信作者:王 富,博士,教授,研究方向为番茄遗传育种及生物技术。E-mail:wangfuabcd@163.com。

## 参考文献:

- [1] Quarzane M, Labbé M, Péry P. *Eimeria tenella*: cloning and characterization of cDNA encoding a S3a ribosomal protein[J]. Gene, 1998, 225(1/2):125-130.
- [2] Cordeiro - Da - Silva A, Borges M C, Guilvard E, et al. Dual role of the *Leishmania major* ribosomal protein S3a homologue in regulation of T- and B- cell activation[J]. Infection and Immunity, 2001, 69(11):6588-6596.
- [3] Zemzoumi K, Guilvard E, Sereno D, et al. Cloning of a *Leishmania major* gene encoding for an antigen with extensive homology to ribosomal protein S3a[J]. Gene, 1999, 240(1):57-65.
- [4] 蒋建林, 蒋金书. 柔嫩艾美耳球虫各阶段虫体纯化方法的改进[J]. 中国农业大学学报, 1996, 1(5):99-102.
- [5] 萨姆布鲁克 J, 拉塞尔 D W. 分子克隆实验指南[M]. 3 版. 黄培堂, 王嘉玺, 朱厚础, 等译. 北京: 科学出版社, 2002:1256-1259.
- [6] 孙阿萍, 吕晓平, 张秋迟, 等. 细胞凋亡过程中核糖体蛋白质 S3a 水平变化的研究(一)[J]. 黑龙江医药科学, 2001, 24(3):1-2.
- [7] Shemer R, Eibschitz I, Cavari B. Isolation and characterization of *medaka* ribosomal protein S3a (*fle-1*) cDNA and gene[J]. Gene, 2000, 250(1/2):209-217.
- [8] 邵 源, 肖 声, 翟文静, 等. CD2 胞内区结合蛋白的分子克隆与鉴定[J]. 科学通报, 2000, 45(11):1163-1167.
- [9] Nolte D, Taimor G, Kalff - Susse M, et al. The human S3a ribosomal protein: sequence, location and cell - free transcription of the functional gene[J]. Gene, 1996, 169(2):179-185.
- [10] Barros H C, Da Silva S, Verbisek N V, et al. Release of membrane - bound trails by *Trypanosoma cruzi* amastigotes onto modified surfaces and mammalian cells[J]. The Journal of Eukaryotic Microbiology, 1997, 43(4):275-285.