

重复序列 ERIC(IRU)研究进展

林朝洪¹,倪学勤^{1*},曾 东¹,周小秋²

(四川农业大学¹动物科技学院²动物营养研究所 雅安 625014)

摘 要 重复序列几乎存在于所有生物的基因组中。“肠道细菌基因间重复序列”(Enterobacterial Repetitive Intergenic Consensus, ERIC)是主要存在于肠道细菌的一类基因间重复序列,也称为“基因间重复单位”(Intergenic Repetitive Unit, IRU)。ERIC(IRU)首先在大肠杆菌(*Escherichia coli*)中发现,后来又在多种其他细菌中发现。ERIC(IRU)长 127bp,有的还有插入序列。绝大多数 ERIC(IRU)都可以转录 mRNA 形成茎环结构。ERIC(IRU)局限于基因组可转录区,即多顺反子操纵子基因间区域,或开放阅读框架上、下游非翻译区。ERIC(IRU)很可能调节侧翼基因(fanking gene)的表达。ERIC(IRU)高度保守,可能其变异受到自然选择压力的限制或它本身就可能是“自私的 DNA”(selfish DNA)。Versalovic 等建立起 ERIC-PCR,它可以有效地同时平行分析不同生态系统的结构差异以及动态监测同一生态系统微生物群落结构的变化。近年来这一技术逐渐运用到对动物肠道菌群的研究上。

关键词 :重复序列;ERIC(IRU);ERIC-PCR;动物肠道菌群

中图分类号 :Q93.33 文献标识码 :A 文章编号 :0001-6209(2007)02-0370-04

重复序列几乎存在于所有生物的基因组中。人们已在许多生物中发现了多种重复序列。如哺乳动物的 Alu^[1],谷类的 pSau3A9^[2],真菌淋病奈瑟氏菌(*Neisseria gonorrhoeae*)和脑膜炎奈瑟氏菌(*Neisseria meningitidis*)的 26bp 重复序列^[3],肺炎支原体(*Mycoplasma pneumoniae*)的 RepMP1 和 RepMP2^[4],寄生虫马来丝虫(*Brugia malayi*)和彭亨丝虫(*Brugia pahangi*)的 320bp 重复序列^[5]。还有广泛存在于肠杆菌科的“肠道细菌基因间重复序列”(Enterobacterial Repetitive Intergenic Consensus, ERIC),也称为“基因间重复单位”(Intergenic Repetitive Unit, IRU)^[6]。

本文详细论述了 ERIC(IRU)的发现、结构、在染色体上的分布、功能、进化保守性的解释和 ERIC-PCR 及其在动物肠道菌群分析上的应用。

1 ERIC(IRU)的发现

最早有关原核生物 DNA 中存在重复序列的报道见于上世纪 80 年代早期。随着核酸数据库中细菌 DNA 的积累,人们认识到 DNA 中存在重复序列是原核生物的普遍特征^[7]。尽管细菌基因组通常都比较小,但仍然包含大量不同类型的重复序列,如大肠杆菌(*Escherichia coli*) K-12 中就有 8 种重复序列:ERIC(IRU)、BIME-1(Bacterial Interspersed Mosaic Elements)、BIME-2、Atypical BIME、Single PUs(Palindromic Units,也叫 REP, Repetitive Extragenic Palindromic)、RSA、boxC 和 29bp repeats^[8]。有时重复序列在细菌基因组中的比例可以达到甚至超过 10%^[9]。

ERIC(IRU)是 Sharples 等首先在大肠杆菌中发现的,命名为“基因间重复单位”(Intergenic Repetitive Unit, IRU)。1991 年 Hulton 等在鼠伤寒沙门氏菌(*Salmonella typhimurium*)假结核耶尔森氏菌(*Yersinia pseudotuberculosis*)肺炎克雷伯氏菌(*Klebsiella pneumoniae*)和霍乱弧菌(*Vibrio cholerae*)中也发现了同样高度保守的重复序列。由于该序列主要存在于肠杆菌科,故称之为“肠道细菌基因间重复序列”(Enterobacterial Repetitive Intergenic Consensus, ERIC)^[6]。值得注意的是霍乱弧菌(*Vibrio cholerae*)与肠杆菌科亲缘关系较远。

2 ERIC(IRU)的结构

2.1 ERIC(IRU)的基本结构

Sharples 等^[10]比对最早发现的 ERIC(IRU)和搜索到的另 17 个类似序列,获得一个 127bp 的共有序列(consensus sequence)。与这一共有序列相比,最早发现的 ERIC(IRU)和部分搜索到的序列不完整。这一共有序列较大的不足是少部分碱基未能完全确定。后来 Hulton^[11]等又比对了另 17 个序列,提出一个 126bp 的共有序列,并认为其中心是保守性很高的 44bp 核心序列^[12]。Versalovic 等^[12]据此核心序列设计的引物 ERIC1R 和 ERIC2^[12]在 ERIC-PCR 中得到了广泛应用。在这以后人们研究 ERIC(IRU)时多采用 Hulton 提出的序列,不同的是加上了第 127 个碱基“A”。随着更多 ERIC(IRU)的发现,应该可以对 ERIC(IRU)的共有序列进行修正,但目前还没有人提出新的共有序列。

绝大多数的 ERIC(IRU)都可以转录 mRNA 形成茎环结

基金项目 :教育部长江学者和创新团队发展计划(IRT0555)

* 通讯作者。Tel :86-835-2886037 ; Fax :86-835-2885814 ; E-mail :zend@sicau.edu.cn

作者简介 :林朝洪(1980-)男,四川资中人,硕士研究生,主要从事动物微生物生态学研究。E-mail :wstlaolin@yahoo.com.cn

收稿日期 :2006-07-26 接受日期 :2006-09-13 修回日期 :2006-11-20

构(stem-loop structure)。当茎上某个碱基发生改变时 ,与其相对应的碱基也要发生相应改变 ,从而保持二级结构的稳定性^[6]。Cromie 等^[13]认为 ERIC(IRU)转录能得到两种不同的 mRNA。这取决于经典链转录 ,还是它的互补链转录。模拟折叠表明 ,经典链的 mRNA 更加稳定 :其自由能为 -53.8kcal/mol ,而互补链 mRNA 自由能为 -41.3kcal/mol。如果 mRNA 的二级结构对 ERIC(IRU)发挥功能很重要 ,那么经典链就能调节 ERIC(IRU)的活性。

2.2 ERIC(IRU)的插入序列

Cromie 等^[13]通过搜索(程序 :MPSRCH-NNA ,数据库 :EMBL 原核生物数据库)确定了 3 个带插入序列的 ERIC(IRU)。它们分别位于催产克雷伯氏菌(*Klebsiella oxytoca*)的 *pddC* 3'端(E1) ,鼠伤寒沙门氏菌(*Salmonella typhimurium*)的 *nirD* 和 *nirC* 间(E2) ,以及鼠伤寒沙门氏菌(*Salmonella typhimurium*)的 *topA* 和 *cysB* 间(E3)。E1、E2、E3 分别长 69bp、70bp、75bp。带插入序列的 ERIC(IRU)的 mRNA 与正常 ERIC(IRU)的 mRNA 结构相似 ,而且 E1、E2、E3 的 mRNA 模拟折叠结构也极其相似。

比较插入序列和 ERIC(IRU) ,两者有一定相似性 ,这说明两者可能相关^[13]。Sharp 等^[14]认为插入序列是 ERIC(IRU)内部扩增形成的 ,但这只能解释插入序列某个局部的起源。他们还注意到插入序列间的相似程度相当高。如 E1 和 E2 虽然来自不同的物种 ,但它们的相似性高达 87% ,而两者对应的 ERIC(IRU)的相似性才 67% ,这说明两个插入序列起源相同 ,但是比各自的 ERIC(IRU)出现得更晚 ,而且形成过程是独立的。搜索 GenBank/EMBL 的结果显示这两个插入序列与大肠杆菌(*Escherichia coli*)染色体上 72、87、89min 处的 5S RNA 基因 *rrf* 下游的两个可能的终止子相似。

3 ERIC(IRU)在染色体上的分布

ERIC(IRU)散在分布于细菌染色体上 ,在噬菌体和质粒中没有发现^[8]。在染色体上 ERIC(IRU)局限于基因组可转录区 ,即多顺反子操纵子基因间区域 ,或开放阅读框架上、下游非翻译区 ,唯一的例外是霍乱弧菌(*Vibrio cholerae*)中的 ERIC(IRU) ,它位于 *sulA* 基因的 5'端^[6]。

有些 ERIC(IRU)分布在不同细菌相对应的基因间区域 ,如鼠伤寒沙门氏菌(*Salmonella typhimurium*)和大肠杆菌的 *metE-metR* 及 *ahpC-ahpF* 间 ;鼠伤寒沙门氏菌(*Salmonella typhimurium*)、弗氏枸橼酸杆菌(*Citrobacter freundii*)和丙二酸盐阴性枸橼酸杆菌(*Citrobacter amalonaticus*)的 *rpsU-dnaG* 间。目前已清楚知道多种细菌染色体中 ERIC(IRU)的具体位置^[8]。

4 ERIC(IRU)的功能

随着人们对 ERIC(IRU)研究的逐步深入 ,ERIC(IRU)的功能也得到一定揭示。

ERIC(IRU)主要的可能功能是调节侧翼基因(flanking gene)的表达 ,因为许多 ERIC(IRU)都在大的多顺反子操纵子基因间区域发现。这一过程可能有 3 种方式 :①调节 DNA 转录的终止。An 等研究了大肠杆菌(*Escherichia coli*)中 *rpsB-tsF*

间 ERIC(IRU)的 mRNA ,他们发现核糖体结合位点在 RNase III 切割位点附近^[10]。而核糖体结合到 mRNA 上 RNase III 切割位点的 5'端可以调节编码该位点的 DNA 转录的终止^[15]。②干扰核糖体的结合。ERIC(IRU)的 mRNA 茎环结构会干扰核糖体的结合 ,从而影响翻译^[10]。大肠杆菌的 *rplA-rplJ* 间整个区域对应的 mRNA 上另一个二级结构也有此功能^[16]。③促进或抑制 mRNA 片段的降解。Gregorio 等^[17]把小肠结肠炎耶尔森氏菌(*Yersinia enterocolitica*) Ye 161 中的 ERIC(IRU)分为两种类型 :离开开放阅读框架距离较远的为 A 方向型 ,与终止密码子重叠或紧挨着终止密码子(距离为 0~6bp)的为 B 方向型。A 方向型 ERIC(IRU)的上下游基因转录产物相当 ,而 B 方向型的下游基因产物量大约是上游基因的 4 倍。

ERIC(IRU)另外的可能功能包括 :①提供可被 DNA 新陈代谢相关蛋白或蛋白复合体识别的结构信号^[10]。②像 REP(PU)一样为细胞拟核内染色体的合成提供相关位点 :REP(PU)可被聚合酶 I 优先结合 ,从而既能作为复制起始位点 ,又能在复制的高保真机制中作为特定终止位点^[18]。③通过促进基因重排或突变来影响基因组的稳定性。④位于基因 3'端的 ERIC(IRU)可能会防止核酸外切酶对基因 3'端的降解^[6]。

5 关于 ERIC(IRU)高度进化保守性的解释

有两种机制解释 ERIC(IRU)的高度进化保守性。首先 ,自然选择压力限制了 ERIC(IRU)的变异 ,因为它可能代表着合成重要蛋白质(如 DNA 相互作用相关蛋白)的位点 ,就像 REP(PU)一样 :大肠杆菌的 DNA 促旋酶^[19]和聚合酶 I^[18]都结合在 REP(PU)序列上。

其次 ,ERIC(IRU)可能是“自私的 DNA”(selfish DNA) ,它与基因组的关系犹如寄生 ,其功能只是自身的扩增与繁衍。反转录子作为逆转录假基因增殖被认为是自然进化中遗传多样性的重要来源。ERIC(IRU)可能转录到 RNA ,并在其中散在分布。最近在细菌中发现逆转录酶的活性 ,这使得可能用以 RNA 为媒介的基因转换机制来说明原核生物中重复序列的广泛存在及其保守性^[12]。

6 ERIC-PCR

6.1 ERIC-PCR 的建立及引物瑕疵

由于 ERIC(IRU)在不同种属甚至同一种内不同菌株之间的拷贝数和定位都不同 ,所以可用于细菌的分类与鉴定。Versalovic 等^[12]1991 年首先建立起 ERIC-PCR ,相关的 REP-PCR 也同时建立。他们根据 Hulton 提出的 44bp 核心序列设计引物 ,扩增多种细菌 DNA ,得到了能清楚区分菌种和菌株的条带。他们设计的引物 ERIC1R 和 ERIC2 后来得到广泛应用。但现在用 OLIGO 分析会发现这两个引物存在瑕疵 :ERIC1R 自身和两引物间的二聚体(dimer)自由能为 -6.3kcal/mol ,两者间的 3'端二聚体(3'-dimer)自由能为 -4.8kcal/mol ,都超过能值 4.5^[20]的界限。或许这可以解释 Versalovic 等用 ERIC1R 不能得到图谱而同时用 ERIC1R 和 ERIC2 得到的图谱近似于单独用 ERIC2 的图谱 ,就像可以对

ERIC (IRU) 共有序列进行修正一样,今后应该可以设计出更好的引物。

6.2 ERIC-PCR 的实质

早期普遍认为能用 ERIC-PCR 扩增出产物的基因组中就含有 ERIC 序列。Gillings 等^[21]1997 年发现噬菌体、真菌、植物及动物基因组 DNA 也能扩增出特异性产物,但噬菌体和真菌基因组中没有 ERIC (IRU),因此他们认为 ERIC-PCR 是随机扩增。陈迎春等^[22]分析了大肠杆菌 K-12 MG1655 菌株的 ERIC-PCR 图谱主带后认为,ERIC-PCR 是半随机 PCR。如果基因组含有 ERIC (IRU),那么扩增产物通常一端含有 ERIC (IRU),另一端随机匹配;如果基因组中不存在 ERIC (IRU),ERIC-PCR 就成为较特殊的随机扩增。其引物较长(22bp),可产生具有较高可重复性和一定特异性的指纹图谱。这是对 ERIC-PCR 实质的正确认识。

6.3 ERIC-PCR 用于微生物群落的结构分析

ERIC-PCR 在建立后的很长时间里主要用于单个菌株的基因组多态性分析。Giovanni 等^[23]1999 年将其应用于人工混合菌的组成分析。2000 年以来 ERIC-PCR 逐渐用于微生物群落的结构分析。

ERIC-PCR 用于研究生态系统中微生物群落的结构,具有重复性好、简便快速和灵敏度高的特点,可以有效地同时平行分析不同生态系统的结构差异以及动态监测同一生态系统微生物群落结构的变化。国内上海交通大学在这方面做了很多工作。宋志刚等^[24]用 ERIC-PCR 研究海洋微生物群落,认为其条带特征可以反映出整个细菌基因组结构差异,具有很强的鉴别亚种和菌株的能力。高平等^[25]用 ERIC-PCR 对焦化废水处理系统微生物种群结构的多样性和稳定性进行了快速动态分析。朱红惠等^[26]认为 ERIC-PCR 能准确直观地检测到转基因微生物释放到环境中后对根际微生物的群落结构和种群数量的影响。

6.4 ERIC-PCR 用于动物肠道菌群的分析

动物肠道菌群与动物的营养、免疫、疾病等密切相关,是动物微生物学研究的重点。肠道菌群是一个以专性厌氧菌为主的微生态系统,定居在远端小肠和大肠内。据估计,约有 400 种细菌能够定居在人的肠道中,其中大概有 30~40 个主要菌种。由于不能对所有肠道细菌进行培养,所以对动物肠道菌群的定性定量研究一直是困扰动物微生物学研究者的难题。这一难题由于分子生物学方法的引入而得到了部分解决^[27]。

近年来 ERIC-PCR 逐渐运用到对动物肠道菌群的研究上。在人医上,乔德才等^[28]描述过中长跑运动员肠道菌群的结构特征:其 DNA 指纹图谱存在明显个体差异,运动负荷的变化可能改变运动员肠道菌群结构。潘莉等^[29]认为腹泻儿童肠道菌群结构多样性降低,粪检有白细胞腹泻个体较之粪检无白细胞腹泻个体的肠道菌群结构偏离健康个体更远。在兽医上,鲁海峰等^[30]分析了大熊猫的肠道菌群:不同个体之间菌群结构比较相似,同一个体在不同时期表现出较高的稳定性,但当个体出现健康问题时菌群结构有一定波动。丁德忠等^[31]发现无特定病原(Specific Pathogen Free, SPF)仔猪和

普通仔猪在断奶后肠道菌群的组成均发生较大变化,而且 SPF 仔猪的肠道菌群和普通仔猪的有显著差异。

笔者认为运用 ERIC-PCR 对动物肠道菌群进行系统研究有一个大致相同的思路。首先应获得健康动物正常图谱,然后测定有肠道疾病症状时的病理图谱,最后观察不同疗法的动态治疗图谱。比较各图谱,从而找出能使病理图谱迅速恢复到正常图谱的最佳疗法。另外,在健康动物样本足够大的情况下,可能将正常图谱作为动物的一项新的生理学指标。

参 考 文 献

- [1] Quentin Y. Origin of the Alu family: a family of Alu-like monomers gave birth to the left and the right arms of the Alu elements. *Nucleic Acids Res*, 1992, **20**(13): 3397–3401.
- [2] Jiang JM, Nasuda SH, Dong FG, et al. A conserved repetitive DNA element located in the centromeres of cereal chromosomes. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1996, **93**(24): 14210–14213.
- [3] Correia FF, Inouye S, Inouye M. A 26-base-pair repetitive sequence specific for *Neisseria gonorrhoeae* and *Neisseria meningitidis* genomic DNA. *J Bacteriol*, 1986, **167**(3): 1009–1015.
- [4] Wenzel R, Hermann R. Repetitive DNA sequences in *Mycoplasma pneumoniae*. *Nucleic Acids Res*, 1988, **16**(17): 8337–8350.
- [5] McReynolds LA, DeSimone SM, Williams SA. Cloning and comparison of repeated DNA sequences from the human filarial parasite *Brugia malayi* and the animal parasite *Brugia pahangi*. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1986, **83**(3): 797–801.
- [6] 孙永艳, 申 泉, 李艳琴. 肠杆菌基因间重复共有序列及 ERIC-PCR. *生命的化学*, 2004, **24**(4): 288–290.
- [7] Bachelier S, Clément JM, Hofnung M. Short palindromic repetitive DNA elements in enterobacteria: a survey. *Res Microbiol*, 1999, **150**(9–10): 627–639.
- [8] <http://www.pasteur.fr/recherche/unites/pmtg/rep/index.html>
- [9] 曹又方, 赵立平. ERIC 序列在不同细菌基因组中分布的分析. *山西大学学报(自然科学版)*, 2002, **25**(4): 354–357.
- [10] Sharples GJ, Lloyd RG. A novel repeated DNA sequence located in the intergenic regions of bacterial chromosomes. *Nucleic Acids Res*, 1990, **18**(22): 6503–6508.
- [11] Hulton CSJ, Higgins CF, Sharp PM. ERIC sequences: a novel family of repetitive elements in the genomes of *Escherichia coli*, *Salmonella typhimurium* and other enterobacteria. *Mol Microbiol*, 1991, **5**(4): 825–834.
- [12] Versalovic J, Koeuth T, Lupski JR. Distribution of repetitive DNA sequences in eubacteria and application to fingerprinting of bacterial genomes. *Nucleic Acids Res*, 1991, **19**(24): 6823–6831.
- [13] Cromie G, Collins J, Leach D. Sequence interruptions in enterobacterial repeated elements retain their ability to encode well-folded RNA secondary structures. *Mol Microbiol*, 1997, **24**(6): 1311–1314.
- [14] Sharp PM. Insertions within ERIC sequences. *Mol Microbiol*, 1997, **24**(6): 1314–1315.
- [15] McConnell DJ. Control sites in the sequence at the beginning of T7

- [16] Christensen T, Johnsen M, Fiil NP, *et al.* RNA secondary structure and translation inhibition : Analysis of mutants in the *rplJ* leader. *The EMBO J*, 1984, **3**(7): 1609 – 1612.
- [17] Gregorio ED, Silvestro G, Petrillo M, *et al.* Enterobacterial repetitive intergenic consensus sequence repeats in *Yersinia* : genomic organization and functional properties. *J Bacteriol*, 2005, **187**(23): 7945 – 7954.
- [18] Gilson E, Perrin D, Hofnung M. DNA polymerase I and a protein complex bind specifically to *E. coli* palindromic unit highly repetitive DNA : implications for bacterial chromosome organization. *Nucleic Acids Res*, 1990, **18**(13): 3941 – 3952.
- [19] Yang Y, Ames GFL. DNA gyrase binds to the family of prokaryotic repetitive extragenic palindromic sequences. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1988, **85**(23): 8850 – 8854.
- [20] 张新宇, 高燕宁. PCR 引物设计及软件使用技巧. 生物信息学, 2004, **2**(4): 15 – 19.
- [21] Gillings M, Holley M. Repetitive element PCR fingerprinting (rep-PCR) using enterobacterial repetitive intergenic consensus (ERIC) primers is not necessarily directed at ERIC elements. *Lett Appl Microbiol*, 1997, **25**(1): 17 – 21.
- [22] 陈迎春, 曹又方, 赵立平. 大肠杆菌 MG1655 菌株 ERIC-PCR 图谱主带序列组成分析. 微生物学通报, 2002, **29**(6): 28 – 32.
- [23] Giovanni GDD, Watrud LS, Seidler RJ, *et al.* Fingerprinting of mixed bacterial strains and BIOLOG gram-negative (GN) substrate communities by enterobacterial repetitive intergenic consensus sequence-PCR (ERIC-PCR). *Curr Microbiol*, 1999, **38**(4): 217 – 223.
- [24] 宋志刚, 许强芝, 鲁心安, 等. 中国东海海洋微生物种群多样性初步研究. 微生物学通报, 2006, **33**(1): 63 – 67.
- [25] 高平平, 赵义, 赵立平. 焦化废水处理系统微生物群落结构动态的 ERIC-PCR 指纹图谱分析. 环境科学学报, 2003, **23**(6): 705 – 710.
- [26] 朱红惠, 姚青, 赵立平. 用 ERIC-PCR 法研究番茄根际细菌群落结构变化. 微生物学通报, 2003, **30**(4): 10 – 14.
- [27] Tannock GW. Analysis of the intestinal microflora using molecular methods. *Eur J Clin Nutr*, 2002, **56**(Suppl 4): S44 – S49.
- [28] 乔德才, 陈敬, 魏桂芳, 等. 采用 DNA 指纹图谱技术分析中长跑运动员肠道菌群结构特征. 中国运动医学杂志, 2004, **23**(5): 517 – 521.
- [29] 潘莉, 杜惠敏, 黄海东, 等. 腹泻儿童肠道菌群结构特征的 ERIC-PCR 指纹图分析. 中国微生态学杂志, 2003, **15**(3): 141 – 143.
- [30] 鲁海峰, 魏桂芳, 李仲逵, 等. ERIC-PCR 分子杂交技术分析大熊猫肠道菌群结构. 中国微生态学杂志, 2005, **17**(2): 81 – 84.
- [31] 丁德忠, 庞小燕, 华修国, 等. SPF 仔猪肠道菌群结构的分子分析. 上海交通大学学报(农业科学版), 2005, **23**(3): 256 – 260.

Research progress of ERIC(IRU)

LIN Zhao-hong¹, NI Xue-qin^{1*}, ZENG Dong¹, ZHOU Xiao-qi²

(¹ College of Animal Science and Technology, ² Animal Nutrition Institute, Sichuan Agricultural University, Ya'an 625014, China)

Abstract: Repeat sequence exists in almost all organism genomes. Enterobacterial Repetitive Intergenic Consensus (ERIC), also named Intergenic Repetitive Unit (IRU), is a kind of intergenic repetitive sequence that exists predominantly in Enterobacteria. ERIC(IRU) was firstly discovered in *Escherichia coli*, followed by identification in many other bacteria. ERIC(IRU) is 127bp long, and some with inserted sequences. Most ERIC(IRU) can be transcribed, and mRNA forms a stem-loop structure. ERIC(IRU) is restricted to transcribed regions of the genome, either in intergenic regions of polycistronic operons or in untranslated regions upstream or downstream of open reading frames (ORF). ERIC(IRU) probably modulates the expression of flanking genes. ERIC(IRU) is highly conserved, for either its variation is restricted by the natural selection pressure, or it's " selfish DNA ". ERIC-PCR described by Versalovic *et al.* can efficiently analyze the variation of different ecological systems and monitor the development of microbial flora of the same ecological system. In recent years, this technology has been applied to study the microbial population of animal intestinal tract.

Keywords: repetitive DNA sequences; ERIC(IRU); ERIC-PCR; microbial population of animal intestinal tract

Foundation item: Program for Changjiang Scholars and Innovative Research Team in University (IRT0555)

* Corresponding author. Tel: 86-835-2886037; Fax: 86-835-2885814; E-mail: zend@sicau.edu.cn

Received: 26 July 2006/ Accepted: 13 September 2006/ Revised: 20 November 2006

© 中国科学院微生物研究所期刊联合编辑部 <http://journals.im.ac.cn>