



1株H6N5亚型禽流感病毒A/duck/Yangzhou/013/2008的全基因测序及遗传进化分析

<http://www.firstlight.cn> 2009-12-13

在对华东地区家养水禽中流感病毒的带毒状况进行流行病学监测的过程中，采用常规的血清学试验和特异性RT-PCR方法，分离鉴定出1株H6N5亚型禽流感病毒A/duck/Yangzhou/013/2008(简称Dk/YZ/013/08)。为了探讨该亚型病毒在流感病毒生态分布中的作用，作者对Dk/YZ/013/08进行了全基因序列测定，并结合GenBank中已收录的所有H6N5亚型病毒的基因组序列及其它参考序列进行了遗传进化分析。结果表明Dk/YZ/013/08的血凝素基因(HA)与近年中国台湾分离的鸭源毒株A/duck/Kingmen/E322/2004(H6N2)的核苷酸一致性最高(94%)，推导的氨基酸剪切位点序列为“P Q I E T R G”，为典型低致病性禽流感病毒的特征序列；神经氨酸酶基因(NA)与瑞士分离株A/mallard/Switzerland/WV4060167/2006(H3N5)的亲缘关系最近(核苷酸一致性96.9%)；而碱性聚合酶2(PB2)基因则与A/duck/Zhejiang/11/2000(H5N1)的遗传距离最近，可能由H5N1亚型流感病毒提供，提示该毒株可能是一株重组病毒。

[存档文本](#)