



当前位置： 首页 > 所内新闻

## 所内新闻

# 长江所科研人员在国际权威期刊发表草鱼呼肠孤病毒研究成果


字号： T | T

日前，中国水产科学研究院长江水产研究所范玉顶博士为第一作者、曾令兵研究员为通讯作者的研究论文“Identification and genomic characterization of a novel fish reovirus, Hubei grass carp disease reovirus, isolated in 2009 in China”（2013,94:2266-2277）在病毒学国际权威期刊《普通病毒学杂志》（《Journal of General Virology》）刊登。该期刊2012年影响因子为3.127。

论文详细介绍了长江所关于一株新的草鱼呼肠孤病毒分离、鉴定的最新研究成果。论文阐述了长江所科研人员在患出血病草鱼体内分离到了一株新呼肠孤病毒HGDRV (Hubei grass carp disease reovirus, 原名GCRV104)，并利用国际先进水平的基因组克隆技术“FLAC技术”测定了该病毒的全基因组序列。HGDRV全基因组大小为23706 bp，由11条（S1-S11）分节段的dsRNA组成，共编码12种蛋白（S11编码两种蛋白），其中7条片段(S1-S6, S8)编码的蛋白和已知水生呼肠孤病毒同源蛋白的相似性在15 - 46%之间，而另外4个片段(S7、S9、S10、S11)编码的蛋白经过Blastp检索没有发现同源蛋白。论文还通过全基因组数据的比对分析，证实HGDRV不同于任何已分离到的水生呼肠孤病毒，应为水生呼肠孤病毒属（Aquareovirus）的一个新种。

HGDRV基因组自2012年4月公布以来，引起了国内外病毒学家的极大兴趣。短短一年时间，中国、美国、加拿大等国的研究人员就引用了HGDRV的基因组数据并将文章发表在《Journal of Virology》、《PLOS ONE》、《Virology Journal》等著名杂志上。同时，HGDRV的分离鉴定也更新了我国草鱼呼肠孤病毒基因分型系统，使草鱼呼肠孤病毒基因分型由原来的两个型（I、II）增加到现在的三个型（I、II、III），而HGDRV是目前III型的唯一代表株。此外，范玉顶博士还利用FLAC技术获得了另外4株我国不同地区草鱼呼肠孤病毒典型代表株的全基因组序列，使Genbank数据库中可查询到的水生呼肠孤病毒全基因组序列由原来的6株增加为现在的11株。

由草鱼呼肠孤病毒引起的草鱼出血病一直是危害我国草鱼健康养殖最为严重病毒性疾病。目前,草鱼出血病仍无有效的治疗药物,最为有效的办法是免疫预防。论文发现了草鱼呼肠孤病毒的新的株型,丰富了水生呼肠孤病毒基因组资源,有利于进一步研究病毒的遗传进化、致病机理,同时对研究与开发具普遍保护性的广谱疫苗具有重要的理论意义和应用价值。



您是第 924121 位访客

版权所有：长江水产研究所 鄂ICP备12002942号

地址：湖北省武汉市东湖新技术开发区武大园一路8号 邮政编码：430223