

兽医

### TGEV的sM、M和N基因克隆及特征分析

程杰, 柳纪省, 吴润, 殷相平, 李宝玉, 兰喜, 王辉

1. 中国农业科学院兰州兽医研究所, 兰州 730046; 2. 兰州大学, 兰州 730000; 3. 甘肃农业大学动物医学院, 兰州 730070

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 参照GenBank中收录的TGEV sM、M和N基因序列各设计1对特异引物, 经RT-PCR扩增获得了TS株的相应基因片段, 分别约为346、932和1 217 bp, 其大小与预计的目的片段相符。与其他毒株的相应基因相比较, 并经剪接后, TS株的sM、M和N基因全长分别为248、789和1 149 bp, 各编码82个、262个和382个氨基酸; TS株与Purdue株、TFI株和96-1933株的sM基因核苷酸序列同源性分别为95.2%、92.7%和90.2%; 推导氨基酸的同源性分别为95.9%、97.2%、98.8%; 与Purdue株、TFI株、TGEV H株和96-1933株的M基因核苷酸序列同源性分别为95.2%、98.0%、99.6%和95.0%; 推导氨基酸的同源性分别为97.0%、97.3%、98.5%、93.5%; 与Purdue株、TFI株、FS722/70株、Korea株、TO14株、TGEV H株和96-1933株的N基因核苷酸序列同源性分别为98.1%、97.7%、99.0%、98.3%、99.2%、99.0%和95.9%, 推导氨基酸的同源性分别为97.9%、98.4%、99.0%、97.7%、99.5%、96.2%、96.6%。并对TS株基因间的保守序列和sM、M和N基因及其编码的相应氨基酸的结构特征进行了分析, 发现sM和N基因在TGEV中保守; 并提示在我国不仅存在有2个不同亚基因型的TGEV, 而且我国的TGEV可能是输入性的。

**关键词** [猪传染性胃肠炎病毒](#) [TGEV TS株](#); [sM基因](#); [M基因](#); [N基因](#); [克隆](#)

分类号

**DOI:**

通讯作者:

作者个人主页: [程杰](#); [柳纪省](#); [吴润](#); [殷相平](#); [李宝玉](#); [兰喜](#); [王辉](#)

#### 扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#)(2015KB)

▶ [\[HTML全文\]](#)(0KB)

▶ [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](#)

相关信息

▶ [本刊中包含“猪传染性胃肠炎病毒”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [程杰](#)

· [柳纪省](#)

· [吴润](#)

· [殷相平](#)

· [李宝玉](#)

· [兰喜](#)

· [王辉](#)