

研究简报

1997-2005年中国水禽新城疫分子流行病学特点分析

刘华雷¹, 郑东霞¹, 孙承英¹, 徐天刚¹, 王永坤², 吴延功¹, 王志亮^{1*}

1. 中国动物卫生与流行病学中心国家新城疫参考实验室, 青岛 266032;
2. 扬州大学兽医学院, 扬州 225009

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 对1997-2005年从国内分离到的10株水禽源新城疫病毒(NDV)进行了生物学特性和遗传特性研究。致病指数MDT和ICPI测定结果表明10株分离株均属于强毒株。采用RT-PCR扩增了各分离株F基因主要功能区片段(535 bp)并进行了序列分析。10株分离株F蛋白裂解位点的氨基酸组成均为112RRQKRF117, 具有典型的强毒特征, 与致病指数测定结果一致。参照国内外已发表的部分毒株的F基因序列, 构建NDV的遗传进化树, 分析毒株间的遗传进化关系。遗传进化树分析表明10株NDV分离株中有8株属于基因VII d型, 1株属于基因VII c型, 1株属于基因IX型。表明基因VII型NDV是造成中国水禽近年来发生新城疫的主要原因, 与同期中国鸡群发生新城疫感染的流行特点一致。

关键词 [新城疫病毒](#); [水禽](#); [分子流行病学](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

王志亮

作者个人主页: [刘华雷¹](#); [郑东霞¹](#); [孙承英¹](#); [徐天刚¹](#); [王永坤²](#); [吴延功¹](#); [王志亮^{1*}](#)

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF \(345KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\] \(0KB\)](#)
- ▶ [参考文献\[PDF\]](#)
- ▶ [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“新城疫病毒：水禽；分子流行病学”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [刘华雷](#)
- [郑东霞](#)
- [孙承英](#)
- [徐天刚](#)
- [王永坤](#)
- [吴延功](#)
- [王志亮](#)