

预防兽医

一株高致病性猪繁殖与呼吸综合征病毒变异毒株的基因组特征

杨小蓉, 荫硕焱, 潘梦, 周磊, 盖新娜, 陈艳红, 郭鑫, 杨汉春*

中国农业大学动物医学院 农业部动物流行病学与人兽共患病重点实验室, 北京100193

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 为了监测我国近年来流行的高致病性猪繁殖与呼吸综合征病毒 (PRRSV) 的变异情况, 采用RT-PCR分段扩增, 对2009年从山东发病猪场分离到的1株PRRSV SD0901的全基因组进行了序列测定和分析。结果表明, 不包括Poly (A) 尾, 该毒株的基因组全长为15 320 nt; 与高致病性PRRSV毒株间的全基因组核苷酸相似性为98.6%~98.7%; 该毒株基因组的Nsp2编码区除存在与高致病性毒株相同的30个氨基酸的不连续缺失外, 还存在468位的氨基酸缺失和在585—586位间插入1个氨基酸, 同时, 该毒株的结构蛋白GP2、GP3、GP4和M编码区分别存在1个氨基酸的突变。演化分析表明, 该毒株尽管与高致病性毒株属于同一亚群, 但形成一个独立的小分支。由此表明, 该毒株为高致病性PRRSV的变异毒株, 说明我国的高致病性PRRSV在流行过程中已出现变异。笔者的研究结果为监测和分析我国的高致病性PRRSV的变异与演化提供了有价值的基因组信息数据。

关键词 [高致病性繁殖与呼吸综合征病毒; 全基因组; 序列测定; 变异分析](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

杨汉春 yanghanchun1@cau.edu.cn

作者个人主页: 杨小蓉; 荫硕焱; 潘梦; 周磊; 盖新娜; 陈艳红; 郭鑫; 杨汉春*

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(1303KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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“高致病性繁殖与呼吸综合征病毒; 全基因组; 序列测定; 变异分析”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [杨小蓉](#)

· [荫硕焱](#)

· [潘梦](#)

· [周磊](#)

· [盖新娜](#)

· [陈艳红](#)

· [郭鑫](#)

· [杨汉春](#)