

兽医

口蹄疫病毒基因组的遗传变异剖析

中国农业科学院兰州兽医研究所/家畜疫病病原生物学国家重点实验室/农业部畜禽病毒学重点实验室/农业部草食动物疫病重点开放实验室

收稿日期 2007-6-26 修回日期 2007-10-4 网络版发布日期 2008-9-10 接受日期

摘要

【目的】明确口蹄疫病毒基因组的结构特征及其变异与结构、功能的关系以及系统发生关系。**【方法】**利用DNASTAR和ClustalX程序进行184个口蹄疫病毒基因组序列的同源性分析、多重排比。**【结果】**口蹄疫病毒基因组ORF大小有所差异, 范围为6 963~7 120 nt, 编码2 320~2 339 aa的多聚蛋白。核苷酸和氨基酸序列的同源性, 7个不同血清型间>77.6%和>78.3%, 本研究发现了可能和生物学功能相关的新的保守和变异区域。**【结论】**口蹄疫病毒RNA的变异类型丰富和多样性程度较高, 自然界存在的毒株可能大于血清学和测序发现的FMDV的毒株数目。

关键词 [口蹄疫](#) [遗传变异](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

刘永生 liuyongshengvip@sina.com.cn

作者个人主页:

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(332KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(OKB\)](#)

▶ [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“口蹄疫”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [陈豪泰, 张杰, 孙德惠, 马丽娜, 刘湘涛, 刘永生](#)