

预防兽医

H1N2亚型猪流感病毒HA、NP、NA、M和NS基因的克隆与序列分析

蒙雪琼<sup>1</sup>, 陈义祥<sup>2\*</sup>, 刘棋<sup>2</sup>, 郑敏<sup>2</sup>, 施开创<sup>2</sup>, 胡杰<sup>2</sup>

1. 广西大学动物科学技术学院, 南宁 530005;
2. 广西动物疫病预防控制中心, 南宁 530001

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 对3株H1N2亚型猪流感病毒(SIV): Sw/GX/17/05、Sw/HN/1/05和Sw/GX/13/06的血凝素(HA)、核蛋白(NP)、神经氨酸酶(NA)、基质蛋白(M)和非结构蛋白(NS)基因进行克隆和序列分析。结果显示: 3株分离毒株HA、NP、NA、M和NS基因之间核苷酸同源性分别为91.3%~98.0%、98.4%~98.8%、97.4%~98.3%、98.8%~99.8%和98.1%~98.4%。遗传进化分析显示: 分离毒株与美国分离的三源基因重排H1N2 SIV具有较近的亲缘关系; 在HA、NP、M和NS基因进化树中, 3株分离毒株均位于古典H1N1亚型SIV群, 在NA基因进化树中, 3株分离毒株则位于人流感病毒群。HA和NA基因推导氨基酸序列分别与代表毒株古典H1N1 SIV A/swine/Maryland/23239/1991(H1N1)和人H3N2流感病毒A/Buenos Aires/4459/96(H3N2)比较分析显示: HA(95.4%~96.1%)和NA(96.6%~97.2%)具有较高的氨基酸同源性; 糖基化位点、抗原位点和受体结合位点(HA)处氨基酸存在一定的差异, 这些氨基酸差异对病毒生物学特性的影响有待于进一步研究。

**关键词** [H1N2亚型SIV](#); [HA基因](#); [NP基因](#); [NA基因](#); [M基因](#); [NS基因](#); [克隆](#); [序列分析](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

陈义祥 [yche502@gmail.com](mailto:yche502@gmail.com)

作者个人主页: [蒙雪琼<sup>1</sup>](#); [陈义祥<sup>2\\*</sup>](#); [刘棋<sup>2</sup>](#); [郑敏<sup>2</sup>](#); [施开创<sup>2</sup>](#); [胡杰<sup>2</sup>](#)

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(1751KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“H1N2亚型SIV; HA基因; NP基因; NA基因; M基因; NS基因; 克隆; 序列分析”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [蒙雪琼](#)
- [陈义祥](#)
- [刘棋](#)
- [郑敏](#)
- [施开创](#)
- [胡杰](#)