

## 预防兽医

一株野鸭源H4N6亚型禽流感病毒A/mallard/Yancheng/2005的全基因组克隆和序列分析

彭宜<sup>1</sup>, 薛峰<sup>1, 2</sup>, 李彦芳<sup>1</sup>, 陈浩<sup>3</sup>, 彭大新<sup>1</sup>, 刘秀梵<sup>1\*</sup>

1.扬州大学 农业部畜禽传染病学重点开放实验室, 扬州 225009;  
2.江苏出入境检验检疫局, 南京 210001; 3.盐城国家级珍禽自然保护区管理处, 盐城 224000

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 应用流感病毒通用引物对盐城珍禽自然保护区野鸭泄殖腔棉拭子分离株禽流感病毒A/mallard/Yancheng/2005 (简称Mallard/YC/2005) (H4N6) 进行全基因组序列扩增, 结合GenBank中的相关序列进行遗传进化分析。结果表明, Mallard/YC/2005 (H4N6) HA 基因与A/duck/Siberia/1701/1996(H4N6)的核苷酸同源性最高(97.5%), 推导的氨基酸剪切位点序列为PEKASR, 为典型低致病性禽流感病毒的特征序列; 神经氨酸酶(NA)、非结构蛋白(NS)均没有氨基酸缺失; 基质蛋白2 (M2) 与宿主特异性有关的位点及碱性聚合酶2 (PB2) 的627 位都是亲禽类细胞的氨基酸; M基因与家鸭分离株A/duck/Yangzhou/02/2005(H8N4)的核苷酸同源性为99.4%, PA基因与家鸭分离株A/duck/Jiangxi/1286/2005(H5N2)的核苷酸同源性达98.9%, 说明这2个基因已经在家鸭体内存在并参与了基因重排。

**关键词** [Mallard/YC/2005 \(H4N6\)](#); [禽流感病毒](#); [全基因组序列](#); [序列分析](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

刘秀梵 [xfliu@yzu.edu.cn](mailto:xfliu@yzu.edu.cn)

作者个人主页: 彭宜<sup>1</sup>; 薛峰<sup>1, 2</sup>; 李彦芳<sup>1</sup>; 陈浩<sup>3</sup>; 彭大新<sup>1</sup>; 刘秀梵<sup>1\*</sup>

## 扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(481KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“Mallard/YC/2005 \(H4N6\); 禽流感病毒; 全基因组序列; 序列分析”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [彭宜](#)
- [薛峰](#)
- [李彦芳](#)
- [陈浩](#)
- [彭大新](#)
- [刘秀梵](#)