

## 研究简报

### 10株H9N2亚型禽流感病毒HA和NA基因的序列分析

徐栋<sup>1</sup>, 张秀美<sup>2, 3</sup>, 黄艳艳<sup>2, 3</sup>, 胡北侠<sup>2, 3</sup>, 李建亮<sup>1</sup>, 崔言顺<sup>1\*</sup>

1. 山东农业大学动物医学院, 泰安 271018; 2. 山东省农业科学院畜牧兽医研究所, 济南 250100; 3. 山东省动物疫病防治与繁育重点实验室, 济南 250100

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 为了从分子水平上掌握我国H9亚型禽流感的变异情况和流行规律, 本研究汇集近年来从我国部分省市养殖场分离的10株禽流感H9N2亚型毒株, 采用RT-PCR技术对其HA和NA基因进行扩增、克隆和测序, 并对所得全序列进行同源性和遗传进化分析。结果显示, 本试验分离到的10株病毒的HA和NA基因变异程度不大, 变异概率大; 在遗传进化树中均属于欧亚分支中的类CBJ194亚分支, 与CBJ194的HA基因核苷酸同源性在88.8%~95.8%, NA基因核苷酸同源性在93.4%~97.6%, 可能与CBJ194由同一毒株进化而来。由于基因突变使ACHB101毒株的HA基因出现了新的糖基化位点, ACHN102毒株的保守受体结合位点发生变异。NA基因推导氨基酸序列中第63、64、65位有T、E、I 3个氨基酸的缺失, 导致61位糖基化位点的丢失。唾液酸吸附位点上有明显的突变。HA和NA基因的变异可能与频繁的疫苗免疫选择压力有关。

**关键词** [禽流感病毒; H9N2亚型; HA基因; NA基因; 序列分析](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

崔言顺 [yscui666@126.com](mailto:yscui666@126.com)

作者个人主页: [徐栋<sup>1</sup>](#); [张秀美<sup>2, 3</sup>](#); [黄艳艳<sup>2, 3</sup>](#); [胡北侠<sup>2, 3</sup>](#); [李建亮<sup>1</sup>](#); [崔言顺<sup>1\\*</sup>](#)

## 扩展功能

### 本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF \(552KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\] \(0KB\)](#)
- ▶ [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“禽流感病毒; H9N2亚型; HA基因; NA基因; 序列分析”的相关文章](#)

### ▶ 本文作者相关文章

- [徐栋](#)
- [张秀美](#)
- [黄艳艳](#)
- [胡北侠](#)
- [李建亮](#)
- [崔言顺](#)