

预防兽医

口蹄疫病毒Asia1/JS/China/2005株基因组全长感染性克隆的构建

李平花<sup>1</sup>, 白兴文<sup>1</sup>, 卢曾军<sup>1</sup>, 孙普<sup>1</sup>, 郭建宏<sup>1</sup>, 曹伟军<sup>2</sup>, 刘湘涛<sup>1</sup>, 殷宏<sup>1\*</sup>, 刘在新<sup>1\*</sup>

1 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, 国家口蹄疫参考实验室, 兰州 730046; 2 甘肃农业大学, 兰州 730070

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 利用长距离RT-PCR技术扩增病毒基因组3'端覆盖口蹄疫病毒Asia1/JS/China/2005株近全长的3个片段(共约7.5 kb), 并利用单一酶切位点将其分别克隆到pBluescriptSK+载体上。利用融合PCR扩增到基因组5'端含有15个C碱基的基因片段(约700 bp), 并将其连接至pGEM-T载体。最后将这4个片段的阳性克隆装配至剔除T7启动子的低拷贝载体pcDNA3.1/Zeo(+)中构建该病毒株的全长cDNA克隆。以构建的FMDV Asia1/JS/China/2005株全长cDNA为模板, 使用T7RNA聚合酶在体外转录得到病毒RNA, 通过脂质体将其导入BHK细胞获得拯救病毒。对收获的病毒分别用RT-PCR、间接免疫荧光、电子显微镜观察和乳鼠致病性分析结果证实, 通过体外转录获得了具有感染性的口蹄疫病毒。该株感染性克隆的构建为深入研究口蹄疫病毒的致病机制及研制新型疫苗等奠定了基础。

**关键词** [口蹄疫病毒](#); [Asia1/JS/China/2005株](#); [全长cDNA](#); [转录物RNA](#); [病毒拯救](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

刘在新; 殷宏

作者个人主页: [李平花<sup>1</sup>](#); [白兴文<sup>1</sup>](#); [卢曾军<sup>1</sup>](#); [孙普<sup>1</sup>](#); [郭建宏<sup>1</sup>](#); [曹伟军<sup>2</sup>](#); [刘湘涛<sup>1</sup>](#); [殷宏<sup>1\\*</sup>](#); [刘在新<sup>1\\*</sup>](#)

## 扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(808KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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“口蹄疫病毒; Asia1/JS/China/2005株; 全长cDNA; 转录物RNA; 病毒拯救”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

- [李平花](#)
- [白兴文](#)
- [卢曾军](#)
- [孙普](#)
- [郭建宏](#)
- [曹伟军](#)
- [刘湘涛](#)
- [殷宏](#)
- [刘在新](#)