

研究简报

3株鸭肝炎病毒 I 型结构基因VP1的克隆及序列分析

甘一迪¹, 刘家森^{1,2}, 姜骞¹, 郭东春¹, 司昌德¹, 孟庆文¹, 韩凌霞¹, 刘娣^{2*}, 曲连东^{1,2*}

1. 中国农业科学院 哈尔滨兽医研究所 兽医生物技术国家重点实验室/
实验动物中心, 哈尔滨150001; 2. 黑龙江省农业科学院, 哈尔滨150001

收稿日期 2008-2-25 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 通过RT-PCR方法扩增鸭肝炎病毒DHV-1:161/79/V、YH、HN株的VP1基因的核苷酸序列。系统发育分析表明, 3株病毒与已发表的DHV-1结构基因VP1核苷酸和氨基酸的同源性分别为92.7%~96.9%和95.4%~96.6%, 与DHV-1变异株核苷酸和氨基酸序列的相似性均分别低于75%和88%, 表明3株病毒属于DHV-1, 与变异株是不同的血清型。强毒DHV-1:161/79/V的VP1蛋白第49和第183位氨基酸为T和H, 弱毒DHV-1:YH、HN为S和Q, 推测这2处位点的改变可能与病毒的强弱有关; DHV-1和其变异株的VP1蛋白均没有保守的RGD序列; 变异株N-DHV:90D、04G在第50和51位比DHV-1多2个氨基酸(Q和D), 在第147和185位各缺失1个氨基酸(E和L), 而在变异株DHV:AP-03337、AP-04009、AP-04114、AP-04203的第145和146位比DHV-1多了2个氨基酸(G、G); 不同血清型的鸭肝炎病毒在46-64位、95-149位、180-223位抗原指数差别较大, 推测这些位点的改变可能影响病毒的生物学特性。

关键词 [鸭肝炎病毒 \(DHV\)](#); [VP1基因](#); [序列分析](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

刘娣, 曲连东 gld@hvri.ac.cn; liudi1963@sohu.com

作者个人主页: 甘一迪¹; 刘家森^{1,2}; 姜骞¹; 郭东春¹; 司昌德¹; 孟庆文¹; 韩凌霞¹; 刘娣^{2*}; 曲连东^{1,2*}

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF \(1536KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\] \(0KB\)](#)
- ▶ [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“鸭肝炎病毒 \(DHV\) ; VP1基因; 序列分析” 的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

- [甘一迪](#)
- [刘家森](#)
- [姜骞](#)
- [郭东春](#)
- [司昌德](#)
- [孟庆文](#)
- [韩凌霞](#)
- [刘娣](#)
- [曲连东](#)