

预防兽医

7株鸭肝炎病毒分离株及疫苗株的全基因组序列测定与变异分析

马秀丽¹, 于可响¹, 吴静¹, 宋敏训¹, 廖明^{2*}, 辛朝安²

1 山东省农业科学院家禽研究所 山东省禽病诊断与免疫重点实验室, 济南 250023;

2 华南农业大学兽医学院 农业部养禽与禽病防治重点实验室, 广州 510642

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 为了分析中国鸭肝炎病毒 (DHV) 的遗传变异和进化关系, 作者测定了中国不同地区分离的7株DHV及1株疫苗株的全基因组序列, 并与公布的40株DHV序列进行比较分析。结果发现VP1变异程度较大, 高变区主要集中在180-190位; 不同毒株的潜在N-糖基化位点存在较大差异。多数基因的进化分析均表现出一致的结果, 测序的8个毒株均分布在同一个遗传谱系, 属基因A型, 与基因B型和基因C型遗传距离较远, 不在同一分支上。而JYZ02株与R85952株的遗传亚支, 提示JYZ02株可能由毒株R85952演化而来。结合氨基酸序列相似性分析和代表毒株的血清交叉中和试验结果, 表明近年分离并测序的上述7个毒株未发生抗原变异。从多毒株进化分析结果可以看出, 血清1型DHV仍是我国流行的优

关键词 [鸭肝炎病毒](#); [遗传变异](#); [进化分析](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

廖明 mjliao@scau.edu.cn

作者个人主页: [马秀丽¹](#); [于可响¹](#); [吴静¹](#); [宋敏训¹](#); [廖明^{2*}](#); [辛朝安²](#)