

无栏目

马传染性贫血病毒L株前病毒全基因组核苷酸序列分析

刘红全,王柳,杨志彪,孔宪刚,童光志

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

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 本实验所用的马传染性贫血病毒(EIAV)L株(EIAV-L)是我国研制成功的EIAV弱毒疫苗的原强毒株。以EIAV-L感染马外周血液白细胞中DNA为模板,利用PCR技术,分4个片段扩增EIAV-L前病毒DNA,并分别克隆到载体质粒pBluescript SK中,得到4个重组质粒p2.8、p2.4、p3.1和p1.2,经酶切鉴定后测序。对测序结果分析、拼接,得到EIAV-L前病毒基因组全序列。EIAV-L前病毒基因组全长8235bp,其中G+C含量为38%。通过使用计算机软件DNASIS分析,EIAV-L与马传贫驴强毒和马传贫驴白细胞疫苗毒序列同源性分别为98.4%和96.9%。同源性如此接近反映了它们之间的亲缘关系,另外EIAV-L与驴强毒的同源性高于其与驴白细胞弱毒疫苗株的同源性,这符合驴白细胞弱毒疫苗株的衍生过程。基因组两端是长为316bp的LTR,其中U3为197bp,R为80BP,U5为39bp。前病毒基因组有3个较大的开放阅读框架(ORF),分别编码gag、pol和env基因。gag基因位于713~1912位碱基之间,全长1200bp;p01基因位于1708~5109位碱基之间,全长

**关键词** [马传染性贫血病毒](#) [L株](#) [前病毒核替酸](#) [序列分析](#)

分类号

**DOI:**

通讯作者:

作者个人主页: 刘红全;王柳;杨志彪;孔宪刚;童光志

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(694KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(OKB\)](#)

▶ [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](#)

相关信息

▶ [本刊中 包含“马传染性贫血病毒”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [刘红全](#)

· [王柳](#)

· [杨志彪](#)

· [孔宪刚](#)

· [童光志](#)