

兽医

猪瘟疫病毒3'非编码区的多态性及其二级结构分析

范运峰,赵启祖,赵耘,邹兴启,张仲秋,王琴,宁宜宝

(中国兽医药品监察所)

收稿日期 2009-4-9 修回日期 2009-5-22 网络版发布日期 2010-3-2 接受日期 2010-3-2

摘要

【目的】分析CSFV 3'-UTR一级序列和二级结构,为研究其对病毒复制、增殖和毒力的关系奠定良好的基础。**【方法】**利用RT-PCR技术扩增CSFV Thiverval株、HCLV株和Shimen株的3'-UTR并测序,使用DNASTAR、Sequencher和RNAstructure软件进行CSFV 3'-UTR基因组序列的比对分析和二级结构模拟。**【结果】**Thiverval株3'-UTR最长可达259个碱基,与母源株Alfort相比,含有32 nt的插入,最短只有233个碱基,含有6 nt的插入。HCLV株最长有244个碱基,含有17 nt的插入;最短有233个碱基,含有8 nt的插入。同时,疫苗株的插入片段导致3'-UTR空间构型和自由能发生改变,自由能随着插入片段的增加而升高。**【结论】**(1) CSFV 3'-UTR存在两个高度变异的区域。(2) CSFV疫苗株Thiverval株和HCLV株3'-UTR同一样品不同克隆株中插入片段呈现明显的不均一。(3) 疫苗株的插入片段影响3'-UTR二级结构的稳定性,可能是导致疫苗株毒力减弱的原因之一。

关键词 [猪瘟疫病毒](#) [3'-UTR](#) [不均一性](#) [二级结构分析](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

范运峰 fanyunfeng2000@yahoo.com.cn

作者个人主页:

范运峰;赵启祖;赵耘;邹兴启;张仲秋;王琴;宁宜宝

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF \(654KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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](#)

相关信息

▶ [本刊中包含“猪瘟疫病毒”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [范运峰,赵启祖,赵耘,邹兴启,张仲秋,王琴,宁宜宝](#)