

论文

泉州市2009年甲型H1N1流感基因特性分析

郑友限, 陈明春, 王耿, 龚彩婷, 陈杰毅, 林锦忠

泉州市疾病预防控制中心微生物检验科, 福建 362000

摘要:

目的 了解福建省泉州市2009年甲型H1N1流感病毒的HA和NA基因特征,探讨该病毒的遗传变异及分子特性.方法采集泉州市甲型H1N1流感患者咽拭子,采用实时荧光聚合酶链反应方法检测病毒核酸及MDCK细胞培养进行病毒分离、鉴定,提取其中2株代表性毒株病毒核糖核酸(RNA),采用逆转录-聚合酶链反应(RT-PCR)扩增病毒HA和NA基因,纯化产物进行核苷酸序列测定,用DNASTAR Megalign软件进行序列分析.结果 1020份咽拭子检出甲型H1N1流感病毒核酸阳性200份;季节性流感病毒核酸阳性70份,其中H3N2亚型53份,H1N1亚型14份,B型3份,并分离到29株甲型H1N1流感病毒株;HA基因核苷酸序列测定显示,该毒株与北美流行株高度同源,由HA基因核苷酸序列推导的氨基酸序列与疫苗株A/Brisbane/59/2007比较,有22个位于抗原决定簇的氨基酸位点发生变异,但受体结合特异性仍为人样受体,NA基因耐药性位点分析显示,对达菲药物依然敏感.结论 2009年泉州市甲型H1N1流感流行毒株与北美流行株高度同源,相对于疫苗代表株出现了HA蛋白抗原性漂移.

关键词: 甲型H1N1流感病毒 实时荧光聚合酶链反应 序列分析

Surveillance and analysis of genetic characteristics of predominant strains of influenza A(H1N1) in Quanzhou city in 2009

ZHENG You-xian, CHEN Ming-chun, WANG Geng

Department of Microorganic Laboratory, Quanzhou Municipal Center for Disease Control and Prevention, Fujian Province Quanzhou 362000, China

Abstract:

Objective To understand the influenza A(H1N1) surveillance in Quanzhou city in 2009 and to analyze hemagglutinin(HA) and neuraminidase(NA) gene of influenza A(H1N1) virus and its genetic variation and molecular characteristics. **Methods** The specimens of throat swabs from the patients with influenza were collected and detected with real-time RT-PCR. Viruses were isolated with Macdin-Darby Canine Kidney cells and identified with serological test. Two influenza virus isolates were extracted, and their HA and NA genes were amplified with reverse transcription polymerase chain reaction(RT-PCR). The purified PCR products were sequenced. The data obtained were analyzed with DNASTAR Megalign software. **Results** To tally 200 influenza type A(H1N1) virus RNA were detected from 1020 specimens and 70 seasonal influenza virus RNA were detected. To tally 29 influenza A(H1N1) virus strains were identified. The nucleotide homology in the HA gene was highly homologous with that of in North America influenza pandemic. The amino acid sequences deduced from the nucleotide sequences in HA region of the isolated strain had 22 variations compared with A/Brisbane/59/2007 vaccine strain recommended by WHO. The characteristics of the receptor was human. The analysis of amino acid sequences of NA indicated that the virus possessed oseltamivir sensitivity. **Conclusion** The influenza A(H1N1) strains caused the epidemic in 2009 in Quanzhou city was highly homologous with that of in North America influenza pandemic. And they are antigenic and genetic differences compared to the vaccine strain.

Keywords: influenza A(H1N1) virus real-time RT-PCR sequence analysis

收稿日期 2010-06-12 修回日期 网络版发布日期

DOI: 10.11847/zgggws2011-27-01-05

基金项目:

通讯作者:

作者简介:

参考文献:

[1] WHO. Viral gene sequences to assist updated diagnostics for swine influenza A(H1N1)[EB/OL]. [2010-03-18]. http://www.emro.who.int/arabic/csr/h1n1_viralgene.pdf.

扩展功能

本文信息

- ▶ Supporting info
- ▶ PDF(KB)
- ▶ [HTML全文]
- ▶ 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

本文关键词相关文章

- ▶ 甲型H1N1流感病毒
- ▶ 实时荧光聚合酶链反应
- ▶ 序列分析

本文作者相关文章

- ▶ 郑友限
- ▶ 陈明春
- ▶ 王耿
- ▶ 龚彩婷
- ▶ 陈杰毅
- ▶ 林锦忠

PubMed

- ▶ Article by
- ▶ Article by
- ▶ Article by
- ▶ Article by
- ▶ Article by
- ▶ Article by

- [2] Dawood FS, Jain S, Finelli L, et al. Emergence of a novel swine origin influenza A(H1N1)virus in humans [J]. *N Engl J Med*, 2009, 360(25): 2605-2615.
- [3] Smith G J, Vijaykrishna D, Bahl J. Origins and evolutionary genomics of the 2009 swine origin H1N1 influenza A epidemic [J]. *Nature*, 2009, 459(7250): 1122-1125.
- [4] Outbreak news. Swine influenza [J]. *Wkly Epidemiol Rec*, 2009, 84(18): 149-153.
- [5] WHO. CDC protocol of real time RT-PCR for influenza A(H1N1) [EB/OL]. [2010-04-30]. <http://www.who.int/csr/resources/publications/swineflu/realtimepcr/>.
- [6] 郭元吉, 程小雯. 流行感冒病毒及其试验技术 [M]. 北京: 中国三峡出版社, 1997: 43-102.
- [7] WHO. Sequencing primers and protocol [EB/OL]. [2010-05-12]. http://www.who.int/csr/resources/publications/swineflu/GenomePrimers_20090512.pdf.
- [8] 舒跃龙. 新A(H1N1)病毒疫情及病原学概况 [C]. 全国新甲型H1N1防控培训, 2009. 5.
- [9] 李翔, 董红军, 方挺, 等. 宁波市H1N1型流感病毒监测分析 [J]. *中国公共卫生*, 2010, 26(4): 392-394.

本刊中的类似文章

1. 毛玲玲, 姜海, 雷露, 刘学升, 张旭, 李晓英, 高建民, 李松岩, 姚文清, 崔步云. 辽宁省2010年布鲁氏菌病疫情及MLVA分型 [J]. *中国公共卫生*, 2012, 28(12): 1650-1652
2. 梁英, 范荣军, 怀清杰, 张炳丽, 梁爽, 任莉娜, 李晓鹏, 王建. 哈尔滨市肠道病毒71型VP1区基因序列分析 [J]. *中国公共卫生*, 2012, 28(8): 1108-1111
3. 彭振仁, 杨莉, 刘勇, 张海英, 陈世艺, 尹晔, 覃莉. 南宁市2000-2009年道路交通伤害时间序列分析 [J]. *中国公共卫生*, 2012, 28(5): 574-575
4. 赵九洲, 徐瑾, 蒋红丽, 僧明华, 郭万申, 郭永豪, 薛长贵. 河南省甲型H1N1流感病毒神经氨酸酶基因进化分析 [J]. *中国公共卫生*, 2012, 28(4): 503-505
5. 王涛, 蔡廷娜, 刘凯, 赵爱兰, 白雪梅, 叶长芸, 熊衍文. 大肠埃希菌O157:H7分离株MLVA分子分型 [J]. *中国公共卫生*, 2011, 27(8): 972-974
6. 刘勇, 黄海涛, 刘鹏, 张颖, 高志刚, 苏旭, 李永成. 天津市百日咳确诊病例分子流行病学分析 [J]. *中国公共卫生*, 2011, 27(8): 987-989
7. 刘侗, 林艺, 王爽, 张圣洋, 尹玉岩, 李忠, 王昱军, 毕振强. 甲型H1N1流感病毒神经氨酸酶基因进化分析 [J]. *中国公共卫生*, 2011, 27(1): 20-22
8. 郭永豪, 张明瑜, 蒋红丽, 僧明华, 丰达星, 郭万申. 甲型H1N1流感病毒抗原HA基因进化分析 [J]. *中国公共卫生*, 2011, 27(1): 28-30
9. 罗洪斌, 杨明, 陈汉彬. 红色链球菌色素氧化酶COI基因克隆及鉴定 [J]. *中国公共卫生*, 2010, 26(11): 1383-1385
10. 王玉明, 孟蕾, 刘新风. 时间序列分析方法在肺结核发病预测中应用 [J]. *中国公共卫生*, 2010, 26(9): 1203-1203
11. 马一君, 段广才, 张荣光, 范清堂, 张卫东, 郗园林, 朱静媛. 幽门螺杆菌分离株iceA基因克隆及序列分析 [J]. *中国公共卫生*, 2010, 26(8): 991-992
12. 高雯洁, 姚莘莘, 朱函坪, 王恒辉, 陈黎霞, 梅玲玲. 猪链球菌2型浙江嘉兴株毒力基因序列分析 [J]. *中国公共卫生*, 2010, 26(6): 762-763
13. 高雯洁, 姚莘莘, 朱函坪, 王恒辉, 陈黎霞, 梅玲玲. 猪链球菌2型浙江嘉兴株毒力基因序列分析 [J]. *中国公共卫生*, 2010, 26(6): 762-763
14. 张绪富, 戴迎春, 周迎春, 吕志平. GII-4型诺如病毒ORF2基因克隆及序列分析 [J]. *中国公共卫生*, 2010, 26(2): 194-196
15. 戴佳琳, 廖兴江, 胡旭初, 徐劲, 余新炳, 吴璇, 黄江. 亚洲牛带绦虫自吞噬相关蛋白3基因克隆及表达 [J]. *中国公共卫生*, 2009, 25(12): 1443-1444
16. 谢东方, 方政, 童海燕, 徐邦生, 黄为群, 沈勤. 马来丝虫肌球蛋白基因序列及编码产物预测 [J]. *中国公共卫生*, 2009, 25(10): 1222-1224
17. 符鹏, 邓巍, 鲍琳琳, Nicole Vidal, 何启亚, 秦川, Martine Peeters, Eric Delaporte, Jean-Marie Andrieu, 王召乾, 邝继深, 张帆, 胡玉鉴, 卢葳. 海南省HIV-1基因亚型分析 [J]. *中国公共卫生*, 2009, 25(9): 1142-1143
18. 戴鹏, 戴佳琳, 黄江, 廖兴江, 郎书源, 周灵贵, 申萍香. 亚洲牛带绦虫TaCRISP基因克隆、表达和序列分析 [J]. *中国公共卫生*, 2009, 25(4): 398-400
19. 周永兵, 左丽, 刘伟, 谢庭华, 何成友, 王定明. 不明原因发热病人血清中登革病毒核酸检测 [J]. *中国公共卫生*, 2008, 24(5): 623-624
20. 李志伟, 王志钢. 细粒棘球蚴内蒙株疫苗候选基因EG95克隆 [J]. *中国公共卫生*, 2008, 24(1): 56-57
21. 吴少慧, 何雅慧, 于伟, 张眉眉, 崔健秋, 刘敏, 付荣华, 赵晓光. 辽宁省甲1亚型流感病毒HA1基因变异分析 [J]. *中国公共卫生*, 2007, 23(12): 1522-1523
22. 邢爱华, 邢辉, 李翔, 王百锁, 王敬军, 崔萌, 常文辉, 马鹏飞, 王丽, 邵一明. 陕西省HIV-1流行毒株亚型分析 [J]. *中国公共卫生*, 2007, 23(9): 1044-1046
23. 芮勇宇, 阚飙, 高守一, 刘延清, 祁国明. 霍乱弧菌新类型溶源性噬菌体基因组结构研究 [J]. *中国公共卫生*, 2007, 23(4): 406-408
24. 张训保, 卓朗, 刘沛, 陆召军, 黄水平. 苏北地区新型农村合作医疗资金使用情况分析 [J]. *中国公共卫生*, 2006, 22(10): 1155-1156
25. 芮勇宇, 阚飙, 高守一, 俞守义. 霍乱弧菌4种新类型tcpA基因发现及序列分析 [J]. *中国公共卫生*, 2005, 21(12): 1418-1420
26. 胡族琼, 赵卫, 晏辉钧, 张文炳, 刘志伟, 郭新雄, 何凡, 江丽芳, 龙北国. SARS冠状病毒M基因变异规律分析 [J]. *中国公共卫生*, 2005, 21(12): 1451-1452

27. 芮勇宇, 许锐恒, 阚飙, 高守一, 俞守义. 霍乱弧菌主要毒力和管家基因序列分析[J]. 中国公共卫生, 2006,22(1): 31-33
28. 孙谨芳, 刘桂芬, 陈博文. 自回归移动平均模型评价社区卫生服务连续性[J]. 中国公共卫生, 2004,20(12): 1507-1508
29. 潘秀珍, 李先富, 郭恒彬, 王长军, 唐家琪. 不同人群TTV检测及阳性标本核苷酸序列分析[J]. 中国公共卫生, 2004,20(11): 1289-1291
30. 陈伟红, 陈传德, 刘卫民, 卓菲, 何梅英. 深圳地区麻疹病毒核蛋白N基因序列分析[J]. 中国公共卫生, 2004,20(10): 1188-1189
31. 刘凤娟, 俞守义, 聂军, 陈清, 朱丽, 芮勇宇, 李建栋, 江晓玲, 吴敏, 李志锋. 卡介苗D2株分泌蛋白基因植物表达载体的构建[J]. 中国公共卫生, 2004,20(10): 1193-1195
32. 操敏, 郭恒彬, 郁兴明, 杨文富, 王柏仁, 张云, 吴光华, 唐家琪. 恙虫病东方体的分离及外膜蛋白基因序列分析[J]. 中国公共卫生, 2004,20(9): 1135-1136
33. 文小宁, 尚红, 韩晓旭, 张旻, 张子宁, 王亚男, 姜拥军. HIV/AIDS患者基因变异与疾病关系的研究[J]. 中国公共卫生, 2004,20(4): 390-391
34. 龙军, 陈清, 俞守义. 金黄色葡萄球菌肠毒素D产毒基因的序列分析[J]. 中国公共卫生, 2004,20(3): 274-275
35. 卓菲, 陈伟红, 刘卫民, 陈传德. 麻疹病毒血凝蛋白基因的序列分析[J]. 中国公共卫生, 2004,20(3): 291-292
36. 李孜, 余新炳, 吴忠道, 徐劲, 彭寨玉, 田春林, 赵霞. 日本血吸虫新基因精氨酸酶的扩增及序列分析[J]. 中国公共卫生, 2004,20(2): 150-152
37. 张静, 李盛长, 傅继华, 于修平, 刘学真, 黄涛, 梁浩, 邢辉. 山东省HIV-1B亚型毒株分子流行病学研究[J]. 中国公共卫生, 2003,19(12): 1487-1488
38. 韩晓旭, 卢春明, 周立平, 姜凤霞, 姜拥军, 王亚男, 张子宁, 文小宁, 尚红. 辽宁省HIV-1株的基因序列测定和亚型分析[J]. 中国公共卫生, 2003,19(11): 1312-1313
39. 彭寨玉, 余新炳, 吴忠道, 徐劲, 吴德, 李孜. 日本血吸虫酪蛋白激酶II β 亚基的序列分析[J]. 中国公共卫生, 2003,19(10): 1174-1176
40. 傅继华, 李盛长, 梁浩, 邢辉, 张静, 魏民, 刘学真, 黄涛, 邵一鸣. 山东省HIV-1C亚型毒株的分子流行病学研究[J]. 中国公共卫生, 2003,19(10): 1204-1205
41. 钟朝晖, 刘达伟, 张燕. 重庆市主城区人口死亡率的时间序列分析[J]. 中国公共卫生, 2003,19(7): 796-798
42. 何忠平, 庄辉, 董庆鸣, 闫杰, 周育森, 黄呈辉. 3株TT病毒的基因组结构特点及其在肝炎病人中感染情况[J]. 中国公共卫生, 2003,19(3): 266-268
43. 孙素霞, 王红, 王勇, 俞守义. 福氏志贺菌ipaC基因的克隆及序列分析[J]. 中国公共卫生, 2003,19(3): 273-274
44. 王珊珊, 李文玲, 彭桂福, 李珉珉, 金惠玲, 曾年华, 王志斌. 乙型肝炎病毒母婴传播途径的初步研究[J]. 中国公共卫生, 2003,19(3): 282-284
45. 黄呈辉, 汤正好, 马会慧, 姚集鲁, 欧阳玲. 广东省HIV-1流行株的基因亚型分析[J]. 中国公共卫生, 2003,19(3): 310-312
46. 白立石, 孟仁, 陶伟英, David Brown. RT-PCR诊断风疹及E1膜蛋白基因序列分析[J]. 中国公共卫生, 2002,18(3): 304-306
47. 王占菊, 郭剑声, 黄芳, 王健, 许鸣. 流感病毒H9N2亚型毒株RNA₄节段基因序列分析[J]. 中国公共卫生, 2002,18(1): 31-32
48. 潘秀珍, 单祥年, 唐家琪, 李先富, 郭恒彬. 肝炎病人中不同基因型TTV的检出及序列分析[J]. 中国公共卫生, 2001,17(2): 97-99
49. 陈勇, 洪艳, 杨连华, 凌志强, 俞为群. 庚型肝炎病毒杭州株E₂/NS₁基因区的克隆及序列分析[J]. 中国公共卫生, 2001,17(1): 29-30
50. 张志强, 鲁志新, 冯立, 吴益民, 杨青, 魏安明, 郭恒彬, 胡玲美. 东北地区恙虫病东方体分离株sta56基因片段的扩增及序列分析[J]. 中国公共卫生, 2000,16(10): 929-930
51. 冯铁建, 陈琳, 何建凡, 李良成. 不同HIV-1亚型毒株混合感染的分子流行病学分析[J]. 中国公共卫生, 2000,16(4): 333-335

文章评论 (请注意:本站实行文责自负, 请不要发表与学术无关的内容!评论内容不代表本站观点.)

| | | | |
|------|----------------------|------|---------------------------|
| 反馈人 | <input type="text"/> | 邮箱地址 | <input type="text"/> |
| 反馈标题 | <input type="text"/> | 验证码 | <input type="text"/> 0078 |