1型鸭肝炎病毒 R 株全基因组分析与检测技术的研究

罗玉均^{1,2},张桂红¹,陈建红²,廖明¹,徐小芹¹,任涛¹,张济培²,罗开健¹

(¹华南农业大学兽医学院,广州 510642; ²佛山科学技术学院生命科学学院,广东南海 528231)

摘要:【目的】测定1型鸭肝炎病毒(DHV1)毒株 R 全基因组,建立鸭肝炎病毒1型巢式 PCR 与实时荧光定量 RT-PCR。【方法】设计特异性引物测定 DHV1 毒株 R 全基因组,以 3D 为靶基因序列的引物 P1 和 P2, P3 和 P4 进行巢式 PCR,引物 F 和 R 进行实时荧光定量 RT-PCR。【结果】序列分析发现该毒株与其它 GenBank 上发表的 DHV1 毒株基因组核苷酸序列同源性为 94.2% ~ 99.2%,编码聚合蛋白氨基酸序列同源性为 98% ~ 98.8%,表明 DHV1-R 株 与其它 DHV1 毒株之间病毒基因组一级结构有较高的同源性。基因组结构 5′UTR-VP0-VP3-VP1-2A1-2A2-2B-2C-3A-3B-3C-3D-3′UTR 在遗传进化关系上与副肠孤病毒属(Parechovirus)亲缘关系较近。参照鸭肝炎病毒1型基 因序列设计特异性引物,分别进行巢式 PCR 和 SYBR Green I 实时荧光定量 RT-PCR 方法检测鸭肝炎病毒1型,结果 表明巢式 PCR 敏感性为 6 pg·m1⁻¹。实时荧光定量 RT-PCR 确定特异性产物的 Tm 值,同时做普通 RT-PCR。试验结果 表明,特异性产物的 Tm 值为 85.6℃,最低能检测到含 0.015 fg·μ1⁻¹ 阳性质粒标准品。【结论】建立的巢式 PCR 与 SYBR Green I 实时荧光定量 RT-PCR 检测方法显示了较好的特异性、敏感性,为鸭肝炎病毒1型的临床检测和流行情况调查提供了新的技术手段。

关键词: 1 型鸭肝炎病毒; 全基因组; 巢式 PCR; 荧光定量 RT-PCR

Genomic Analysis and Establishment of Diagnostic Technology for Duck Hepatitis Virus Type 1

LUO Yu-jun^{1,2}, ZHANG Gui-hong¹, CHEN Jian-hong², LIAO Ming¹, XU Xiao-qin¹, REN Tao¹, ZHANG Ji-pei², LUO Kai-jian¹

(¹College of Veterinary Medicine, South China Agricultural University, Guangdong 510642; ²College of Life and Science, Foshan University, Nanhai 528231, Guangdong)

Abstract: **[**Objective**]** To determine the genomic sequence of a duck hepatitis virus type1 (DHV-1) strain and establish nested PCR and real-time PCR. **[**Method**]** Real-time quantitative polymerase chain reaction (RTQ-PCR) assay based on SYBR Green I technology and nested PCR were developed to target 3D gene of DHV-1. **[**Result**]** Comparative sequence analysis showed that the genome has a typical picornarivus genetic organization, and strain DHV1-R genetic organization is 5' UTR-VP0-VP3-VP1-2A1-2A2-2B-2C-3A-3B-3C-3D-3' UTR, DHV1-R has a close realationship with Parechovirus, DHV1-R has 94.2%-99.2% nucleotide sequence identity and has 98%-98.8% amino acid identity with other DHV-1 strains. Based on the DHV-1 sequences in GenBank, three pairs of specific primers were designed to amplify DHV-1 using nested PCR and real-time PCR. The results showed that sensitivity of nested PCR is 6pg·ml⁻¹, and real-time PCR Tm value is 85.6°C, and the detected limit of postive plasmid is 0. 015 $fg·\mu l^{-1}$. **[**Conclusion**]** All results showed that the nested PCR and real-time PCR have high sensitivity and specificity to detect DHV-1. These methods are rapid, sensitive, and reliable, and can be readily adopted for detection of DHV-1 from other clinical samples.

Key words: Duck hepatitis virus type 1; Complete genome; Nested PCR; Real-time RT-PCR

收稿日期: 2007-07-10; 接受日期: 2007-10-08

基金项目:广东省自然科学基金项目(5006678)

作者简介: 罗玉均(1980-),男,广东韶关人,硕士,研究方向为预防兽医学。Tel: 020-85280242; E-mail: yujunluo@126.com。通讯作者张桂红(1968-),女,黑龙江哈尔滨人,教授,研究方向为动物分子病毒学。E-mail: guihongzh@scau.edu.cn

0 引言

【研究意义】鸭肝炎病毒1型(duck hepatitis virus 1, DHV1) 是引起的雏鸭的一种急性高度致死性传染 病,主要侵害4周以内的雏鸭,特别是1周以下的雏 鸭最易感染,死亡率较高,是危害养鸭业最为严重的 传染病之一^[1]。1型鸭肝炎病毒含 RNA 分类上属于小 核糖核酸病毒科^[2]。Sandhu 等^[3]发现种1型鸭肝炎病 毒变异株,称为1a型鸭肝炎。用鸡胚作交叉中和试验 证实,1型和1a型之间有部分交叉反应,但结果有些 反复。他们还证实当用其中任一毒株攻击用另一毒株 免疫过的雏鸭时,可产生部分交叉保护。Woolcosk^[4-6] 也报道了这两型病毒在鸭胚肾细胞上进行的空斑减少 试验的不同。因此研究和阐明 DHV1 中国株基因结构 特征,与世界各地分离到的不同 DHV1 地理区域毒株 进行比较,分析其基因结构之间可能存在着的差异, 对与中国 DHV1 诊断试剂与疫苗的开发具有重要价 值。【前人研究进展】目前鸭肝炎病毒1型在世界多 数养鸭国家均有发生和流行,在中国许多养鸭的省市 均有本病的流行。当前对鸭肝炎病毒1型的病原鉴定 方法主要是中和试验^[7]、血清保护试验,以及其它的 血清学诊断方法如 ELISA^[8]、Dot-ELISA、胶体金免疫 电镜技术^[9]、琼脂扩散试验^[10]以及间接血凝试验^[11]等, 随着鸭肝炎病毒1型全基因组的测定, PCR 技术也开 始用于鸭肝炎病毒1型的诊断[8,12,13]。【本研究切入点】 但目前国内外尚未见报道巢式 PCR 与荧光定量 PCR 检测鸭肝炎病毒1型的报道。【拟解决的关键问题】 为此,笔者对该毒株全基因组进行了分子克隆,并且 对其核苷酸和氨基酸序列进行了分析,建立了一种用 于鸭肝炎病毒1型的巢式 PCR 与荧光定量 PCR 检测 方法结果报告如下。

1 材料与方法

1.1 病毒

鸭肝炎病毒 1 型 FS 株、鸭肝炎病毒 1 型 R 株分 别为 2001、2007 年于广东佛山、广州等地病死白鸭肝 组织中所分离毒株,鸭肝炎病毒 1 型 FS 株为强毒株, 鸭肝炎病毒 1 型 R 株为中等毒力毒株,新城疫病毒 (NDV)、禽流感病毒(H5 和 H9)、鸭瘟病毒(DPV)、 鹅副粘病毒(GPMV)为本实验室保存。

1.2 主要试剂

RT-PCR 试剂盒、PMD18-T 载体、凝胶回收试剂 盒, 购自 TaKaRa 公司; LB 培养基、Trizol 抽提试剂, 购自 Invitrogen 公司; 氨苄青霉素为 Promaga 公司产品。Marker DL 2000 均购自 TaKaRa 公司; SYBR Green I 预混剂购自 TOYOBO 公司; 其它试剂均为国产分析纯。

1.3 引物的设计与合成

根据 GenBank 中登录的鸭肝炎病毒 1 型基因序列,用 Primer Premier 5.0 软件设计全基因组扩增引物、 巢式 PCR 引物和巢氏 PCR 引物。

巢式 PCR 引物序列为:

P1: 5'-AGATATGGCAGTAGAGG-3'

P2: 5'-TTGCTGTTTGAATCTTCTGTCCC-3'

P3: 5'-ATgTACCACTgTggTCATT-3'

P4: 5'-TCTTCAgAATTCATCTC-3'

外引物 P1/P2 扩增片段长度为 400 bp,内引物 P3/P4 扩增片段长度为 250 bp。

荧光定量 PCRPCR 引物序列为:

F: 5'-CTGTCAGTGCCAGAGTGCC-3'

R: 5'-CCAATAATTTTGCGGTCCG-3',预计扩 增片段大小为 175 bp,由上海生工生物工程有限公司 合成。

1.4 全基因组 PCR 扩增和序列测定

首先用 Trizol 提取病毒 DNA,具体操作见 Trizol 说明书,然后用全基因组扩增引物(表 1)对病毒基 因组进行扩增 PCR 反应条件为 94℃ 4 min;94℃ 50 s, 60℃ 1 min,72℃ 3 min,共 30 个循环,之后 72℃延伸 10 min,将扩增产物用胶纯化试剂盒(Omega 公司产品)纯化,具体步骤参照试剂盒说明书。取适量经纯化回收的 PCR 产物,按 pMD18-T 载体说明加入连接体系,于16℃连接过夜,取10 μl连接产物转化 DH5α大肠杆菌。挑取在含氨苄青霉素的 LB 培养基上长出的白色菌落,少量培养,用碱裂解法抽提质粒 DNA 进行 PCR 鉴定。阳性克隆菌由上海生物技术有限公司进行测序。而 R 株 5′与 3′端序列采用 RACE 方法进行,具体步骤参照试剂盒说明书。

1.5 序列分析和基因进化树的建立

为了研究 R 株同其它 DHV1 毒株之间的基因进化 关系,笔者以全基因组序列为根据建立了进化树,所 选 DHV1 毒株基本上涵盖了所有已发表的有完整基因 序列的 DHV1 毒株序列,应用 DNASTAR 5.07 基因分 析软件包,应用 MegAlign 软件的 Cluster W 计算法, 进行核苷酸序列与氨基酸序列同源性比较。

1.6 GenBank 登录号

DHV1-R 株全基因组序列已经被 GenBank 收入,

ruore r	implified primers for Diff i it genome			
序号	上游引物	下游引物	片段长度	
No.	Forward primer 5'-3'	Reverse primer 5'-3'	Length (bp)	
1	GTTGTCACTTGGCCTCTGTAC	AGTTAGGGTGACTGCCCTGGA	1354	
2	AAGTTTCAGGGCAGCA	TTGGCAAATGAGACAA	1741	
3	CTTCTGCGAAATTGTTCTAATG	GTAATCTTTTTCAGTTCTTAGCATA	1611	
4	AAAAACTGACCCCTCTTCAGGG	CACAAGTGACATAATGGTCCAGG	1119	
5	GATTCTTGGTATAGGAACTTGGA	AATAACAAGTGAAACAGTGTGG	1168	
6	GGCAATGTGTTTCAGCCTCCCT	GTTTCGCGACACCCAAGGTAAT	1138	

表 1 DHV1-R 毒株全基因组扩增引物

Table 1 Amplified primers for DHV1-R genome

登录号为 EF585200。

1.7 鸭肝炎病毒 1 型巢式 PCR 扩增

第一次 PCR 扩增以 25 μ l 反应体系进行,包括 Premix EX-Taq 12.5 μ l, 20 pmol· μ l⁻¹上、下游引物 F、 R 各 0.5 μ l,模板 cDNA 2 μ l,加 ddH₂O 补足至 25 μ l。 反应条件为: 94°C3 min,94°C 50 s,55°C 50 s,72°C 50 s, 30 次循环,72°C延伸 4 min。取 4 μ l PCR 产物, 进行琼脂糖凝胶电泳。反应结束后,取 1 μ l PCR 产物, 做 10~10⁷ 倍梯度稀释,作为第二轮扩增的模板。第 二轮扩增方法除使用不同的特异引物和 1 μ l 不同稀释 度的第一次 PCR 产物为模板外,反应体系与第一轮一 致。PCR 扩增参数为:94°C预变性 3 min 后进入以下 循环,94°C变性 40 s,49°C退火 40 s,72°C延伸 40 s, 进行 30 个循环,最后于 72°C延伸 4 min。取 PCR 产 物各 4 μ l,在 15 g·L⁻¹琼脂糖凝胶 (0.5 μ g·ml⁻¹ EB) 上进行电泳,用凝胶成像系统进行拍照。

1.7.1 巢式 PCR 扩增的特异性试验 用鸭肝炎病毒 1型、新城疫病毒(NDV)、禽流感病毒(H5和H9)、 鸭瘟病毒(DPV)、NDV、鹅副粘病毒(GPMV)cDNA 或 DNA 抽提物进行 RT-PCR 扩增,每次扩增反应同 时设双蒸水作阴性对照,扩增反应结束后用凝胶电泳 检测。

1.7.2 巢式 PCR 扩增的敏感性测定 利用紫外分光 光度法测定模板 cDNA 的浓度。将所提取的 cDNA 依 次做 10 倍梯度稀释然后每个稀释度取 2 μl 为模板,

用引物 P1 与 P2 进行 PCR 扩增,反应结束后进行凝胶 电泳检测。以第一次 RT-PCR 产物为模板,以 P3 和 P4 为引物进行第二次扩增,反应结束后进行凝胶电泳 检测。

1.7.3 临床样品的巢式 PCR 检测 扩增方法和扩增 条件同 1.7。

1.8 实时荧光定量 RT-PCR 快速检测

通过对引物和探针浓度、退火温度等条件的优化, 最终确定反应体系为: SYBR Green I 预混剂 12.5 µl, 上游引物 F (20 pmol·µl⁻¹) 0.5 µl, 下游引物 R (20 pmol·µl⁻¹) 0.5 µl, 标准品 cDNA 2 µl, SYBR Green I 0.3 µl, 加 ddH₂O 补足至 25 µl; 反应条件为: 95℃ 2 min, 95℃ 15 s, 59℃ 20s, 72℃ 30 s, 80℃ 35 s; 然 后 95℃ 15 s, 60℃ 20 s, 95℃ 15 s 做熔解曲线。80℃ 时收集荧光信号,进行 40 个循环。

1.8.1 鸭肝炎病毒 1 型分离株的检测 分别以制备的阳性标准品和分离株提取的 cDNA 为模板进行实时 荧光定量 RT-PCR 扩增,观察比较所形成的扩增曲线 和熔解曲线,反应条件和反应体系同 1.8。

1.8.2 实时荧光定量 PCR 检测的敏感性试验 将质 粒标准品做 1:10、1:10²、1:10³、1:10⁴、1:10⁵、 1:10⁶、1:10⁷、1:10⁸稀释后同时进行实时荧光定 量 RT-PCR 和普通 RT-PCR,比较两种检测方法的灵 敏度。

1.8.3 标准曲线的制作

 8.3.1 实时荧光定量 RT-PCR 扩增 将标准品质粒 DNA 依次做 1:10、1:10²、1:10³、1:10⁴、1:10⁵、 1:10⁶、1:10⁷、1:10⁸ 稀释后进行实时荧光定量 PCR,制作标准曲线。反应条件同上。

1.8.3.2 标准品拷贝数的计算 采用 NanoDrop ND-1000型分光光度计测定纯化的鸭肝炎病毒1型质 粒 DNA 浓度(为1500 ng·μl⁻¹),将标准品质粒 DNA 以 10 倍倍比稀释后进行浓度测定,确认稀释后标准品 的浓度基本符合倍比关系,证明标准品稀释的准确性, 进而得到1μl标准品的拷贝数为:[1500×10⁻⁶/(2692+ 175)×330×2]×6.02×10²³=1.9×10¹¹copy·μl⁻¹。

2 结果与分析

2.1 DHV1-R 株病毒全基因组序列分析

9期

DHV1-R 株病毒经 RT-PCR 扩增后,共产生 8 个 片段,长度从 401 bp 到 1 741 bp。测序结果表明 DHV1-R 株 cDNA 全长为 7 703 bp,3′端有多聚腺嘌呤 核苷酸[ploy (A)]尾巴。腺嘌呤 (A)含量为 28.88%, 胞嘧啶 (C)含量最低,为 20.51%,鸟嘌呤 (G)为 22.63%,尿嘧啶 (U)为 27.98%,G+C 含量为 43.14%。 基因组 5'UTR 由 623 bp,这比 DHV1-DRL-62 毒株、 DHV1-C80 毒株 稍短一些, 而基因组 3'UTR 与 DHV1-C80 毒株一致。DHV1-R 株全基因组核苷酸序 列与己发表的 DHV1 毒株的同源性为 94.2%~99.2%, 氨基酸序列同源性为 98%~98.8%。表明该毒株与世 界其它各地的 DHV1 毒株之间病毒基因组一级结构有 较高的同源性(图 1,表 2)。

2.2 进化树分析

同一性白分率 Percent identity																	
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13			
计率 Divergence	1		97.0	97.1	95.7	95.1	95.1	95.7	94.2	96.5	98.6	99.2	95.7	95.8	1	DHV strain R	
	2	3.1		97.1	95.5	94.9	95.3	95.4	93.8	96.4	96.1	96.6	95.5	95.5	2	DQ219396 (韩国 Korea)	
	3	2.9	3.0		95.7	95.2	95.3	95.6	94.0	99.1	96.4	97.0	95.7	95.7	3	DQ226541 (韩国 Korea)	
	4	4.3	4.4	4.1		95.3	94.8	96.5	95.1	95.4	95.4	95.8	100.0	96.5	4	DQ249299 (中国台湾 Taiwan) DQ249300 (中国台湾 Taiwan) DQ249301 (中国台湾 Taiwan)	
	5	4.6	4.8	4.4	4.6		94.5	95.2	94.1	95.4	95.3	95.4	95.6	95.3	5		
	6	4.7	4.4	4.3	5.2	5.8		94.3	93.3	95.5	95.2	95.3	95.0	94.4	6		
	7	4.4	4.8	4.5	3.7	5.0	6.0		97.9	95.0	95.3	95.7	96.3	99.5	7	DQ886445 (中国China)	
Ē	8	4.5	4.9	4.6	3.7	5.1	5.9	0.5		95.4	95.7	95.6	96.4	99.5	8	EF093502 (中国China)	
呈	9	3.1	3.2	0.3	4.4	4.7	4.4	4.7	4.8		96.8	96.8	95.6	95.5	9	EF151312 (中国China)	
<i>≸</i> IJ∄	10	0.9	3.4	3.0	4.3	4.7	4.7	4.4	4.5	3.2		99.3	95.7	95.8	10	EF151313 (中国China)	
玊	11	0.8	3.4	3.0	4.3	4.8	4.8	4.4	4.6	3.3	0.7		95.5	95.6	11	EF382778 (中国China)	
[12	4.3	4.4	4.1	0.0	4.6	5.2	3.7	3.7	4.4	4.3	4.3		96.5	12	NC_008250 (中国台湾 Taiwan)	
	13	4.3	4.7	4.4	3.6	4.9	5.9	0.5	0.5	4.7	4.4	4.4	3.6		13	DQ864514 (中国China)	
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13			

图 1 DHV1-R 株与其它各地 DHV1 毒株全基因组核苷酸序列同源性比较

Fig. 1 Homology comparison of nucleotide sequences of DHV1

表 2 DHV1-R 株与其它 DHV1 毒株的基因组特征比较

Table 2 Comparison of the genomic features of DHV-1 strains, DRL-62, C80

基因		编码氨基酸力	Ν	端潜在裂解位	Z点	DHV1-R 株与其它毒株的核苷酸序列同源性 Homology of nucleotide sequences (%)		
Gene		Amino acids s	Predicted	N-terminal cle	eavage sites			
	R	DRL-62	C80	R	DRL-62	C80	DRL-62	C80
5'UTR	623	626	625	-	-	-	-	-
Polyprotein	2249	2249	2249	-	-	-	-	-
L	30	-	30	-	-	-	-	96.7
VP0	226	256	226	L/G	Q/G	L/G	96.2	95.9
VP3	237	237	237	Q/G	Q/G	Q/G	95.5	95.2
VP1	238	238	238	Q/G	Q/G	Q/G	96.6	95.0
2A1	20	20	20	E/S	E/S	E/S	95.0	95.0
2A2	285	285	285	NPG/P	NPG/P	NPG/P	97.3	95.6
2B	119	119	119	Q/s	Q/s	Q/s	100	97.5
2C	333	333	333	Q/s	Q/s	Q/s	98.0	95.8
3A	93	93	93	Q/s	Q/s	Q/s	96.8	95.3
3B	28	34	28	Q/s	Q/s	Q/s	98.8	95.2
3C	187	181	187	E/T	Q/S	E/T	93.2	96.1
3D	453	453	453	Q/G	Q/G	Q/G	96.3	95.7
3'UTR	314	315	314	-	-	-	-	-

* 5'UTR 和 3'UTR 大小与编码基因氨基酸个数 * No. of nucleotides for 5'UTR and 3'UTR and amino acids for proteins

术的研究

基于全基因组序列建立的进化树,结果表明 DHV1-R 株与中国分离毒株 EF151313、EF382778 亲 缘关系较近,处于同一较小的分支。而与中国分离株 C80(DQ864514),韩国分离株 DRL-62(DQ219396)、 DQ249301 以及中国台湾 DHV1 毒株的亲缘关系都较 远(图 2)。与其它小 RNA 病毒属的病毒(HPeV、 LV、EMCV、FMDV)进行全序列比较,进化树分析 发现,DHV1 与 Parachovirus 遗传进化关系较近。



图 2 基于全基因组序列建立的进化树

Fig. 2 Phylogenetic tree of DHV1

2.3 巢式 PCR 特异性

以参考鸭肝炎病毒 1 型 FS 株为模板,以 P1 和 P2 为引物,对反应体系和扩增条件优化后进行 PCR 扩 增。扩增产物经凝胶电泳显示 1 条约 400 bp 的目的片 段,由此说明所用的引物设计合理,反应体系及条件 都适宜。将引物 P1 和 P2 的 PCR 产物做 100 倍稀释, 作为第二次扩增的模板,内部引物用 F 和 R,可扩增 出 1 条约 250 bp 的目的片段,说明该反应体系及条件 也合适,从而证明该方法是可行的(图 3)。

2.4 巢式 PCR 敏感性测定

利用紫外分光光度法测定模板 cDNA 的浓度为 600 ng·μ1⁻¹。将所提取的 cDNA 依次做 10 倍梯度稀释 然后每个稀释度取 2 μl 为模板,用引物 P1 与 P2 进行 PCR 扩增,反应结束后进行凝胶电泳检测。以第一次 RT-PCR 产物为模板,以 P3 和 P4 为引物进行第二次 扩增,反应结束后进行凝胶电泳检测,结果见图 4, 结果表明,第一次 PCR 的敏感性为 0.06 ng·μ1⁻¹,第二 次 PCR 的敏感性为 6 pg·m1⁻¹。通过第二次巢式 PCR 扩增后敏感性提高了 1 000 倍。



M: DL2000; 1: DHVI; 2: AIV-H5; 3: AIV-H9; 4: NDV; 5: DPV; 6: GPMV; 7: 阴性对照

M: DL2000; 1: DHVI; 2: AIV-H5; 3: AIV-H9; 4: NDV; 5: DPV; 6: GPMV; 7: Negative control

图 3 巢式 PCR 特异性测定

Fig. 3 Specificity of nested PCR



M: DL2000; 1: 6 000 pg ml ⁻¹; 2: 600 pg ml ⁻¹; 3: 60 pg ml ⁻¹; 4: 6 pg ml ⁻¹; 5: 0.6 pg ml ⁻¹; 6: 0.06 pg ml ⁻¹; 7: 0.006 pg ml ⁻¹; 8: 阴性 对照

M: DL2000; 1: 6 000 pg·m1⁻¹; 2: 600 pg·m1⁻¹; 3: 60 pg·m1⁻¹; 4: 6 pg·m1⁻¹; 5: 0.6 pg·m1⁻¹; 6: 0.06 pg·m1⁻¹; 7: 0.006 pg·m1⁻¹; 8: Negative control

图 4 巢式 PCR 扩增的敏感性测定

Fig. 4 Sensitivity of nested PCR

2.5 临床样品的巢式 PCR 检测

用巢式 PCR 对 10 份鸭肝炎病毒 I 型病料,用引物 P1 和 P2 扩增时,得到 5 份阳性 PCR 产物,阳性检出率为 5/10,而病毒分离阳性率为 9/10;将第一次 PCR 产物进行第二次扩增,得到 8 份阳性 PCR 产物(部分病料第二次扩增的 PCR 产物电泳结果图 5),阳性检出率为 8/10,表明巢式 PCR 敏感性较高。

2.6 分离株的实时荧光定量 RT-PCR 检测

试验结果显示,分离株和阳性对照都产生了"S" 形的扩增曲线(图 6)。从熔解曲线上可以看出,2 个毒株都具有相同的 Tm 值 85.6℃,表明引物特异性 较好。

2.7 实时荧光定量 RT-PCR 的敏感性



M: DL2000; 1: DHVI 阳性标准; 2~4: 临床病料; 5: 阴性对照 M: DL2000; 1: DHVI positive sample; 2-4: Clinical samples; 5: Negative control

图 5 部分病料 PCR 产物的电泳结果

Fig. 5 Amplified product of nested PCR for tissue samples



1, 2: 阳性标准对照; 3~5: 分离株 1, 2: Positive control; 3-5: Isolate strain

图 6 阳性标准株和分离株的扩增曲线

Fig. 6 Amplified curve of DHV1 for real-time PCR

质粒标准品做 1:10、1:10²、1:10³、1:10⁴、 1:10⁵、1:10⁶、1:10⁷、1:10⁸稀释后同时进行实时 荧光定量 RT-PCR 板,按优化的反应条件进行实时荧 光定量 PCR,最后使用分析软件自动生成动力学曲线 (图 7)。从扩增曲线图可以看出,阳性质粒做 10⁷ 稀释可作为检测的极限,及最低的检测量为 0.015 fg·µl⁻¹。其特异性产物的 Tm 值为 85.6℃。而普通 RT-PCR 的电泳结果表明阳性质粒 1:10⁶稀释后未能 扩增出特异性条带(图 8)。

本试验用 1:10~1:10⁸ 的标准样品进行实时荧 光定量 RT-PCR 扩增,最后用进行数据分析,以起始 模板拷贝数的对数为 X 轴,以 Ct 值为 Y 轴,建立标 准曲线。由图 9 可见,模板 Ct 值与该模板起始拷贝数



1~8: 分别为阳性标准品 1:10~1:10⁸稀释 1-8:1:10-1:10⁸ serially dilution of positve standard samples

图 7 倍比稀释的阳性对照的扩增曲线

Fig. 7 Amplified curve of serially dilution of positive plasmids



M: DNA 分子质量标准: $1\sim5$: $1:10^2\sim1:10^6$ 标准品 M: DNA marker DL2000; 1-5: $1:10^2-1:10^6$ serially dilution of positve samples

图 8 普通 RT-PCR 的扩增结果

Fig. 8 Amplified product of conventional RT-PCR



图 9 实时荧光定量 RT-PCR 检测的标准曲线

Fig. 9 Standard curve of real-time PCR

的对数存在线性关系,起始拷贝数越大,Ct值就越小。 较低的 Ct 值敏感性较高。斜率为-1.039,截距为 12.32,相关系数为 0.995,从而得到标准曲线: y= -1.039x+12.32。进行检测样品时,待测样品的 Ct 值 可以从仪器中读取,把待测样品的 Ct 值代入标准曲线 就可以得出样品的起始拷贝数。

3 讨论

本研究报道了一株 DHV1 的全基因组序列, 经 DNAstar 分析发现, DHV1-R 株包含一个大开放阅读 框,编码聚合蛋白由 2 249 个氨基酸组成。DHV1 基 因组具有典型的小 RNA 病毒基因组特点。DHV1-R 株与其它 GenBank 发表的 DHV1 毒株基因组核苷酸同 源性为为 94.2%~99.2%, 编码聚合蛋白氨基酸序列同 源性为 98%~98.8%, 表明 DHV1-R 株与其它毒株之 间病毒基因组一级结构有较高的同源性。在遗传进化 关系上与副肠孤病毒属(Parechovirus)亲缘关系较近。 通过分析表明 DHV1-R 株基因组结构为 'UTR-VP0-VP3-VP1-2A1-2A2-2B-2C-3A-3B-3C-3 D-3'UTR, 这与 Ding^[14]、Kim^[15,16]、Tseng^[17~19]报道的 基本一致。但 Tseng 报道的 2A 蛋白中还额外多预测 了一种 2A3。目前报道的 DHV1 基因组变异程度不大, DHV1a 型鸭肝炎基因组是否会与 DHV1 存在较大的 差异,还需要进一步研究。对于 FMDV VP1 蛋白大部 分暴露在病毒的表面,是决定病毒抗原性的主要成分。 能诱导动物产生中和抗体,也是抗原性的高变区^[20-23]。 一般认为, 衣壳蛋白 VP1 上的 RGD 序列是细胞表面 受体的配体,是小 RNA 病毒科病毒侵染细胞所必需 的^[24]。因此分析该基因对 DHV1 遗传变异的研究具有 指导意义,而且对 DHV1 流行病学的研究以及新型疫 苗的研制也很重要。

本研究建立的巢式 PCR 方法应用于检测鸭肝炎 病毒1型在国内外尚属首次。为了增加 PCR 反应的敏 感性,针对鸭肝炎病毒 I型 3D 保守区设计了两对引 物,第一对引物扩增 400 bp 大小的片段,结果可检出 0.06 ng·µ1⁻¹cDNA;再设计第二对巢式引物,以初次扩 增产物为模板,扩增 250 bp 的特异片段,结果检出 6 pg·m1⁻¹ cDNA,反应的敏感性提高了 1 000 倍。

本研究建立的运用 SYBR Green I 的实时荧光定量 RT-PCR 方法应用于检测鸭肝炎病毒 I 型在国内外尚属首次。用标准品分别做实时荧光定量 RT-PCR 和常规 RT-PCR,结果显示实时荧光定量 RT-PCR 方法可以检测到 0.015 g·µl⁻¹的样本,比普通 RT-PCR 敏感

性要高 1 000 倍,说明本研究建立的实时荧光定量 RT-PCR 检测确实有着很高的敏感性。常规 PCR 技术 能够快速、特异地检测目的基因,但是存在不能定量、 需要接触 EB 等有害物质、易污染、出现假阳性等缺 点。实时荧光定量 PCR 所使用的实时定量 PCR 仪是 特异性靶基因检测与定量的一体化平台,它将 PCR 热 循环、荧光检测和应用分析软件结合在一起,可动态 地观察 PCR 每一循环各反应管中 PCR 产物逐渐增 加,具有省时、可重复、灵敏度高和线性范围宽等优 点。而 SYBR Green I 荧光染料在核酸的实时检测方 面有很多优点,由于它与所有的双链 DNA 相结合, 因此通用性好,且价格相对较低,所以本研究建立的 检测鸭肝炎病毒 1 型的实时荧光定量 PCR 比较实用。

因此,本研究建立的巢式 PCR 方法与实时荧光定量 RT-PCR 方法用于检测鸭肝炎病毒 1 型具有准确性高、敏感性强、特异性好的特点,可以用于鸭肝炎病毒 1 型快速诊断与基础研究。

4 结论

本研究结果表明 DHV-1 具有典型的小 RNA 病毒 基因组结构特征。目前 GeneBank 数据库中公布的 DHV-1 序列在核苷酸与蛋白质水平上均分别具有较 高的同源性。DHV-1 在小 RNA 病毒科多聚蛋白氨基 酸序列进化树上形成一个独立的进化分枝,显示可能 是小 RNA 病毒科的一个新属病毒。预测 DHV-1 全长 多聚蛋白总共被切割成 12 个成熟产物,形成其结构蛋 白与非结构蛋白,这与小 RNA 病毒多聚蛋白加工特 点相符。所建立的巢式 PCR 与 SYBR Green I 实时荧 光定量 RT-PCR 检测方法显示了较好的特异性、敏感 性,为鸭肝炎病毒 1 型的临床检测和流行情况调查提 供了新的技术手段。

References

- Saif Y M, Barnes H J, Glisson J R, Fadly A M, McDougald L R, Swayne D E. *Diseases of Poultry* (11th ed). Iowa State University Press, 2003: 343-354.
- [2] Tauraso N M, Coghill G E, Klutch M J. Properties of the attenuated vaccine strain of duck hepatitis virus. *Avian Disease*, 1969, 13: 321-329.
- [3] Sandhu T S, Calnek B W, Zeman L. Pathologic and serologic characterization of a variant of duck hepatitis type I virus. Avian Disease, 1992, 36: 932-936.
- [4] Woolcock P R, Fabricant J. Duck virus hepatitis. Disease of Poultry

(9th ed). Iowa State University Press, 1991: 597-608.

- [5] Zhao X L, Phillips R M, Li G D, Zhong A Q. Studies on the detection of antibody to duck hepatitis virus by enzyme-linked immunosorbent assay. Avian Disease, 1991, 35(4): 778-782.
- [6] Davis D, Woolcock P R. Passage of duck hepatitis virus in cell cultures derived from avian embryos of different species. *Research in Veterinary Science*, 1986, 41(1): 133-134.
- [7] Gabridge M G, Newman J P. Gel diffusion method for determining the titer of duck hepatititis virus. *Applied Microbiology*, 1971, 21(1): 147-148.
- [8] 马秀丽, 冯 涛, 宋敏训, 李 峰, 廖 明, 辛朝安. 鸭病毒性肝炎病毒 RT-PCR 检测方法的建立与初步应用. 广东农业科学, 2007, (7): 81-84.

Ma X L, Feng T, Song M X, Li F, Liao M, Xin C A. Establishment of reverse transcriptional polymerase chain reaction for detection of duck hepatitis virus. *Journal of Guangdong Agricultural Science*, 2007, (7): 81-84. (in Chinese)

- [9] 程安春, 汪铭书, 廖得惠. 应用胶体金免疫电镜技术检测鸭肝炎病毒. 中国兽医杂志, 1994, 20(6): 3-4. Cheng A C, Wang M S, Liao D H. Detection of duck hepatitis virus using colloidal gold immunoelectron microscopy. *Chinese Journal of Veterinary Medicine*, 1994, 20(6): 3-4. (in Chinese)
- [10] Davis D. Duck hepatitis virus: adaptation of a plaque assay to determine 50 per cent end points with duck sera. *Research in Veterinary Science*, 1987, 42(2): 167-169.
- [11] Hwang J. Duck hepatitis virus-neutralization test in chicken embryos. American Journal of Veterinary Research, 1969, 30(5): 861-864.
- [12] Kim M C, Kwon Y K, Joh S J, Kwon J H, Kim J H, Kim S J. Development of one-step reverse transcriptase-polymerase chain reaction to detect duck hepatitis virus type1. Avian Disease, 2007, 51(2): 540-545.
- [13] 程安春, 汪铭书, 信洪一, 陈海军, 杨苗, 郭字飞, 朱德康, 贾仁勇, 袁桂萍, 陈孝跃. 1 型鸭病毒性肝炎病毒 RT-PCR 检测方法的建立.
 中国兽医科学, 2007, 37 (1): 38-42.
 Cheng A C, Wang M S, Xin H Y, Chen H J, Yang M, Guo Y F, Zhu D

K, Jia R Y, Yuan G P, Chen X Y. Development of a RT-PCR assay to detect duck hepatitis virus type 1. *Veterinary Science in China*, 2007, 37(1): 38-42. (in Chinese)

[14] Ding C Y, Zhang D B. Molecular analysis of duck hepatitis virus type

1. Virology, 2007, 361: 9-17.

- [15] Kim M C, Kwon Y K, Joh S J, Kim S J, Tolf C, Kim J H, Sung H W, Lindberg A M, Kwon J H. Recent Korean isolates of duck hepatitis virus reveal the presence of a new geno- and serotype when compared to duck hepatitis virus type 1 type strains. *Archive of Virology*, 2007, 152(11): 2059-2072.
- [16] Kim M C, Kwon Y K, Joh S J, Lindberg A M, Kwon J H, Kim J H, Kim S J. Molecular analysis of duck hepatitis virus type 1 reveals a novel lineage close to the genus Parechovirus in the family Picornaviridae. *Journal of General Virology*, 2006, 87(11): 3307-3316.
- [17] Tseng C H, Tsai H J. Sequence analysis of a duck picornavirus isolate indicates that it together with porcine enterovirus type 8 and simian picornavirus type 2 should be assigned to a new picornavirus genus. *Virus Research*, 2007, 129: 104-114.
- [18] Tseng C H, Tsai H J. Molecular characterization of a new serotype of duck hepatitis virus. *Virus Research*, 2007, 126 (1-2): 19-31.
- [19] Tseng C H, Knowles N J, Tsai H J. Molecular analysis of duck hepatitis virus type 1 indicates that it should be assigned to a new genus. *Virus Research*, 2007, 123(2): 190-203.
- [20] Taylor P L, Hanson L E. Indirect hemagglutination with duck hepatitis virus. Avian Disease, 1967, 11(4): 586-593.
- [21] Balamurugan V, Renji R, Saha S N. Protective immune response of the capsid precursor polypeptide (P1) of foot and mouth disease virus type O produced in *Pichia pastoris*. *Virus Research*, 2003, 92(2): 141-149.
- [22] Mason P W, Grubman M J, Bant B. Molecular basis of pathogenesis of FMDV. *Virus Research*, 2003, 91(3): 9-32.
- [23] Carrillo C, Wigdorovitz A, Oliveros J C, Zamorano P I, Sadir A M, Gomez N, Salinas J, Escribano J M, Borca M V. Protective immune response to foot and mouth disease virus with VP1 expressed in transgenic plants. *Journal of Virology*, 1998, 72(2): 1688-1690.
- [24] Brown F, Benkirane N, Limal D, Halimi H, Newman J F, Van Regenmortel M H, Briand J P, Muller S. Delineation of a neutralizing subregion within the immunodomain epitope (GH Loop) of foot-andmouth disease virus VP1 which does not contain the RGD motif. *Vaccine*, 1999, 18(1-2): 50-56.

(责任编辑 张云霞,林鉴非)