

鹅 *Pit-1* 基因部分序列多态性分析

程金花¹, 赵文明¹, 乔娜¹, 王学斌¹, 姜庆林², 张康宁³, 陈国宏^{1*}

(1. 扬州大学动物科学与技术学院, 扬州 225009; 2. 广东省家禽研究所, 广州 510520; 3. 常州市立华畜禽有限公司, 常州 213168)

摘要: 根据鸡 *Pit-1* mRNA 和基因组序列设计 1 对引物, 以籽鹅、狮头鹅、皖西白鹅、四季鹅、浙东白鹅和朗德鹅 6 个群体的 DNA 为模板, 扩增鹅 *Pit-1* 基因的部分片段。结果发现该片段存在 2 个插入/缺失突变, 共出现 3 种基因型, 分别为 AA、AB 和 BB; 与 AA 基因型相比, BB 基因型分别在扩增片段的 132 和 145 bp 后插入 3 和 13 bp。所有群体在该突变位点上的等位基因频率均处于哈代-温伯格平衡状态 ($P > 0.05$); 朗德鹅群体基因型分布与其他 5 个鹅群体均存在极显著差异 ($P < 0.01$); 籽鹅和狮头鹅群体内基因型的分布与其他 3 个鹅群体存在显著差异 ($P < 0.05$)。在狮头鹅和朗德鹅群体内, 等位基因 A 为优势等位基因, 而在皖西白鹅、四季鹅和浙东白鹅群体内等位基因 B 为优势等位基因。

关键词: 鹅; 垂体特异性转录因子; 多态性

中图分类号: S835; Q343.13

文献标识码: A

文章编号: 0366-6964(2009)05-0658-06

Analysis on the Polymorphism of Sequences of *Pit-1* Gene in Goose

CHENG Jin-hua¹, ZHAO Wen-ming¹, QIAO Na¹, WANG Xue-bin¹, JIANG Qing-lin²,
ZHANG Kang-ning³, CHEN Guo-hong^{1*}

(1. College of Animal Science and Technology, Yangzhou University, Yangzhou

225009, China; 2. Guangdong Poultry Research Institute, Guangzhou 510520,

China; 3. Changzhou Lihua Livestock and Poultry CO., LTD, Changzhou 213168, China)

Abstract: Genetic polymorphism of goose *Pit-1* gene fragment was analyzed in 6 goose populations. The primer was designed according to chicken *Pit-1* mRNA and genomic sequence. Two insertion/deletion mutations were found in the sequence of *Pit-1* gene, and 3 genotypes AA, AB and BB were detected in 6 goose populations. Compared with AA genotype, there were 3 and 13 bp insertions in BB genotype after position 132 and 145 bp, respectively. All the populations were in Hardy-Weinberg equilibrium at this polymorphic site ($P > 0.05$). The genotype distribution in Landosie was significantly different with that in other goose populations ($P < 0.01$). The genotype distribution in Zi goose and Shitou goose were significantly different with that in other populations ($P < 0.05$). Allele A was the dominant allele in Shitou and Landoise goose populations, while allele B was the dominant allele in Wanxi White goose, Siji goose and Zhedong White goose populations.

Key words: goose; pituitary specific transcriptional factor (*Pit-1*); polymorphism

收稿日期: 2008-05-19

基金项目: 国家科技部支撑计划重点项目(2006BDA14B06); 国家科技部支撑计划重大专项(2006BDA01A09); 江苏省属高校自然科学基金研究面上项目(07KJB230138); 国家水禽产业技术体系建设项目

作者简介: 程金花(1981-), 女, 江苏大丰人, 博士生, 主要从事动物遗传资源评估、保护和利用研究, E-mail: chengjh0531@163.com

* 通讯作者: 陈国宏, 博士, 教授, 主要从事动物遗传资源评价、保护和利用研究, Tel: 0514-87979230, E-mail: ghchen@yzu.edu.cn

垂体特异性转录因子(Pituitary Specific Transcriptional Factor, Pit/PIT)在垂体中表达,能够促进垂体器官的生长分化,并调控生长激素、催乳素和促甲状腺释放激素 Beta 因子等基因的表达^[1]。*Pit-1* 基因内的突变与人类生长激素、促甲状腺释放激素 Beta 因子和催乳素的缺乏以及垂体功能的衰退有关^[2]。迄今关于禽类 *Pit-1* 基因的研究多集中于鸡, Tanaka 等首次克隆了鸡 *Pit-1* 基因的序列,该基因位于鸡 1 号染色体上,全长约 12 kb,包含 7 个外显子和 6 个内含子,外显子 1、2 和 2a 参与编码 Pit-1 的 STA 区域,即富含丝氨酸和苏氨酸的转录活性区域,外显子 3 到 6 编码 Pit-1 的 POU 结构域^[3]。POU 编码区又由 2 个亚区构成,即 POU-S 编码区和位于下游的 POU-HD 编码区,二者之间是可以编码 15 个氨基酸残基的连接序列^[4]。研究表明, *Pit-1* 基因与猪、牛的生长、屠体及肉质性状显著相关^[5-8]。

本研究根据鸡 *Pit-1* 基因 mRNA 序列及鸡基因组序列设计引物,扩增 6 个鹅群体 *Pit-1* 基因的部分序列,并检测其多态性,分析不同群体间的差异,旨在为研究鹅 *Pit-1* 基因的结构和功能提供基础资料。

1 材料与方法

1.1 试验材料及其饲养管理

随机抽取健康狮头鹅、皖西白鹅及籽鹅雏鹅,同一条件下饲养于高邮送桥,浙东白鹅、四季鹅选自江苏农林职业技术学院,朗德鹅选自江苏省畜牧兽医学校。所有个体均在 11 周龄翅静脉采血,肝素钠抗凝。采用常规的酚/氯仿抽提法提取基因组 DNA, -20 °C 保存备用。

1.2 主要试剂

Taq 酶、dNTPs 购自大连宝生物有限公司,引物及其它常用试剂均购自上海生工生物工程公司。

1.3 引物设计及 PCR 扩增

将鸡 *Pit-1* 基因 mRNA 序列与基因组序列进行比对,获得鸡 *Pit-1* 基因全序列,据此设计 1 对引物,序列为: F: 5'-TGCTGACTTTTGCTTGC-3', R: 5'-TAGAGGCTTGATTTC-3', 预扩增片段约 270 bp。

PCR 扩增反应体系为: 10×PCR 缓冲液 2 μL, 2.5 mmol·L⁻¹ dNTP 1.5 μL, 10 μmol·L⁻¹ 上、下游引物各 1.0 μL, *Taq* 酶 1.0 U, 100 ng·μL⁻¹

DNA 模板 1 μL, ddH₂O 13.3 μL。PCR 程序为: 94 °C 预变性 5 min; 94 °C 变性 1 min, 55.6 °C 退火 1 min, 72 °C 延伸 1 min, 共 30 个循环; 72 °C 延伸 10 min; 10 °C 保存。

1.4 判型及测序

7 μL PCR 产物加 2~3 μL 上样缓冲液(98% 去离子甲酰胺、0.025% 溴酚蓝、0.025% 二甲苯青、10 mmol·L⁻¹ EDTA (pH 8.0)、2% 甘油), 10% 聚丙烯酰胺凝胶(Acr: Bis=49:1)电泳, 银染显色、判型。选取不同基因型个体, 切胶纯化后送上海生工生物工程有限公司测序。

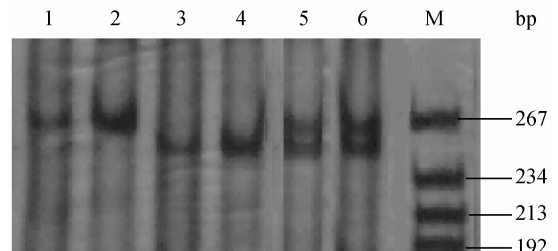
1.5 数据统计与分析

计算基因型和等位基因频率, 并进行卡方适合性和独立性检验; 运用 Align IR V2.0 软件对 AA、BB 基因型序列及对应的鸡 *Pit-1* 序列进行比对; 采用 Phylip 3.6 软件对不同群体进行聚类。

2 结果与分析

2.1 鹅 *Pit-1* 基因部分区域片段长度多态性分析

聚丙烯酰胺凝胶电泳显示 PCR 产物共出现 3 种类型, 分别为 AA、AB 及 BB 基因型(图 1)。测序结果显示, AA 基因型个体目的片段长度为 249 bp, BB 型为 265 bp; BB 与 AA 基因型个体相比, 分别在扩增片段的 132、145 bp 后插入 3 和 13 bp 的小片段, 同时在扩增片段的第 54 bp 处存在 1 个 A/G 突变(图 2)。



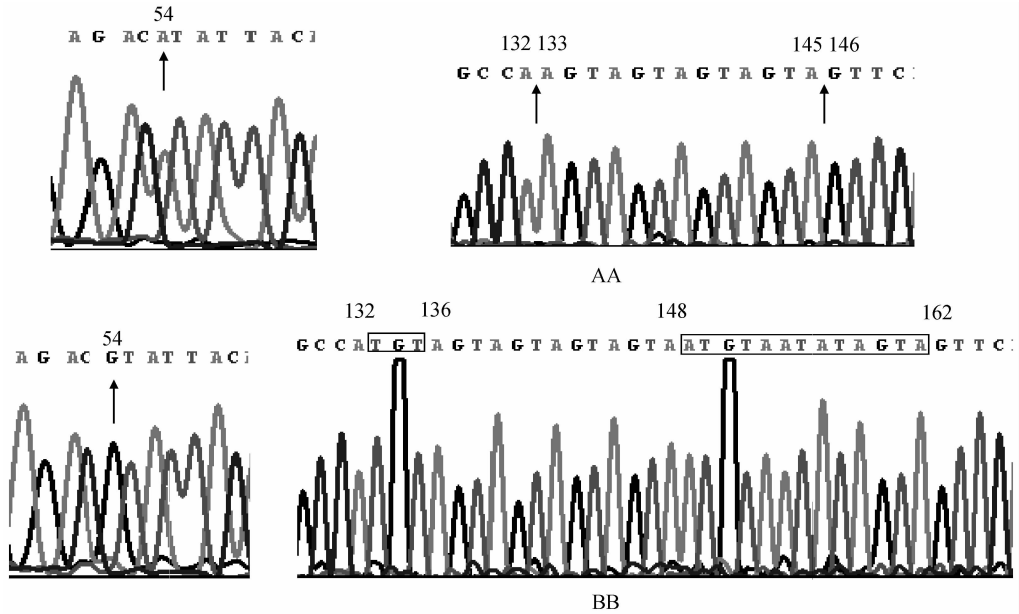
1, 2. BB; 3, 4. AA; 5, 6. AB; M. PBR322 marker

图 1 不同基因型的电泳图

Fig. 1 The different genotypes visualized by electrophoresis

2.2 不同基因型序列的比对

采用 AlignIR V2.0 对 AA、BB 基因型序列以及对应的鸡 *Pit-1* 基因片段进行比对(图 3), AA 与 BB 基因型序列的同源性为 93.6%, AA、BB 与鸡



箭头指示处为插入和突变位点,方框中的序列为插入片段

The arrows indicated the inserted and mutation positions, the inserted fragments were bold with the frame

图 2 基因型 AA 和 BB 的测序图谱

Fig. 2 The sequencing result of AA and BB genotypes

chicken <i>Pit-1</i>	TGCTGACTIT	TGCTTGCC-A	GAGATCGCCA	GATGGTTATG	TCCTAGATTA	TGTTAATGTT	60
AA	TGCTGACTIT	TGCTTGCCCTA	G-----CA	-----TAAG	T---GA---	----AATGA-	60
BB	TGCTGACTIT	TGCTTGCCCTA	G-----CA	-----TAAG	T---GA---	----AATGA-	60
chicken <i>Pit-1</i>	TGCAGGAGAA	CG--AGATA	CAAGGATATT	GTCTACCTCT	GAAGTAAAAG	GATGTATCTT	120
AA	---AGGAATA	CTCACAGAGA	CA---TATT	A-CAA-----	-AAC--AAA-	--TGT-T-TT	120
BB	---AGGAATA	CTCACAGAGA	CG---TATT	A-CAA-----	-AAC--AAA-	--TGT-T-TT	120
chicken <i>Pit-1</i>	GAATCC-TCA	TGCAT-TTTC	TTACCAG--T	CCCAT--CTG	TT-TTGTCTT	TGATA--CA-	180
AA	GAAACCATTA	TGAAAGTTTC	CTATCATTAT	CACATTGCTG	TTATTAATGT	TG-TAGCCA-	180
BB	GAAACCATTA	TGAAAGTTTC	CTATCATTAT	CACATTGCTG	TTATTAATGT	TG-TAGCCAT	180
chicken <i>Pit-1</i>	--A--ACTCC	TA--AAT---	-----GT	TCC-----C	AT--CTC--	CATTTTGCCA	240
AA	--AGTAGTAG	TAGTA-----	-----GT	TCATGTAAAC	ATAAACCCAA	CATATAACAA	240
BB	GTAGTAGTAG	TAGTAATGTA	ATATAGTAGT	TCATGTAAAC	ATAAACCCAA	CATATAACAA	240
chicken <i>Pit-1</i>	--TGATGACT	TCGGGAAAACG	TGTCAGCAGG	ACTACACTAC	TCTGTGCCCT	CCTGTCA--C	300
AA	AAT-ATAATT	TC--ATAC-	----A--AGA	AAAACATTTT	TCT----CCT	TCTG-CAGAC	300
BB	AAT-ATAATT	TC--ATAC-	----A--AGA	AAAACATTTT	TCT----CCT	TCTG-CAGAC	300
chicken <i>Pit-1</i>	-----T	ATGGAAATCA	AGCCTCTA				330
AA	AGAAACAGAT	GTGGAAATCA	AGCCTCTA				330
BB	AGAAACAGAT	GTGGAAATCA	AGCCTCTA				330

阴影部分为一一致序列

Sequences in the shadow were the identical bases

图 3 运用 Align IR V2.0 对 AA、BB 基因型序列及对应的鸡 *Pit-1* 基因片段的比对结果

Fig. 3 The alignment of AA、BB genotype and chicken *Pit-1* fragment by Align IR V2.0

Pit-1 基因片段序列的同源性分别为 40.71% 和 40.73%。

2.3 不同鹅群体 *Pit-1* 基因的基因型分布及等位基因频率

不同鹅群体基因型分布及等位基因频率见表 1。由表 1 可见,所有群体的等位基因频率均处于哈代温伯格平衡,其中籽鹅和狮头鹅以 BB 基因型个体数最少,朗德鹅全部为 AA 基因型;籽鹅 A、B 等

位基因频率相当,狮头鹅和朗德鹅以 A 等位基因占优势;皖西白鹅、四季鹅及浙东白鹅以 AA 基因型个体最少,B 等位基因占优势。

不同鹅群体基因型分布见表 2。由表 2 可知,朗德鹅与其余 5 个群体的基因型分布均存在极显著差异,籽鹅、狮头鹅基因型的分布分别与其它 3 个鹅群体间存在显著差异,而籽鹅与狮头鹅之间差异不显著,其余 3 个鹅群体相互之间没有显著性差异。

表 1 不同鹅群体基因型及等位基因频率

Table 1 Genotype and allele frequency of *Pit-1* gene in different populations

群体 Population	样本量 Number	基因型频率 Genotype frequency			等位基因频率 Allele frequency		χ^2
		AA	AB	BB	A	B	
籽鹅 Zi goose	55	0.309 1(17)	0.472 7(26)	0.218 2(12)	0.545 5	0.454 5	0.08
狮头鹅 Shitou goose	67	0.477 6(32)	0.403 0(27)	0.119 4(8)	0.679 1	0.320 9	0.15
皖西白鹅 Wanxi White goose	134	0.119 4(16)	0.417 9(56)	0.462 7(62)	0.328 4	0.671 6	0.15
四季鹅 Siji goose	43	0.069 8(3)	0.418 6(18)	0.511 6(22)	0.379 1	0.620 9	0.02
浙东白鹅 Zhedong White goose	62	0.064 5(4)	0.354 8(22)	0.580 6(36)	0.241 9	0.758 1	0.01
朗德鹅 Landoise	36	1.000 0(36)	0.000 0(0)	0.000 0(0)	1.000 0	0.000 0	

表 2 不同鹅群体 *Pit-1* 基因型分布的 χ^2 独立性检验

Table 2 Chi-Square analysis of genotype distribution of *Pit-1* in different populations

	狮头鹅 Shitou goose	皖西白鹅 Wanxi White goose	四季鹅 Siji goose	浙东白鹅 Zhedong White goose	朗德鹅 Landoise
籽鹅 Zi goose	4.27	10.63**	12.92**	20.03**	42.71**
狮头鹅 Shitou goose		27.98**	24.48**	39.97**	28.49**
皖西白鹅 Wanxi White goose			0.78	2.24	74.21**
四季鹅 Siji goose				0.50	67.84**
浙东白鹅 Zhedong White goose					82.51**

** . 表示品种之间的差异极显著 ($P < 0.01$)

** . Means the extremely significant differences among populations ($P < 0.01$)

2.4 不同群体之间的聚类

根据等位基因在各群体内的分布频率,运用 Phylip3.6 软件对不同群体进行聚类,其结果见图 4。由聚类图可以看出,6 个群体可分为 4 类,浙东白鹅和皖西白鹅首先聚在一起,然后与四季鹅聚为一类,籽鹅、朗德鹅和狮头鹅分别自成一类。

3 讨论

3.1 *Pit-1* 基因的多态性研究

Pit-1 基因是动物垂体前叶特异表达的一种具有重要功能的转录因子,研究发现人、牛、大鼠、小鼠

等哺乳动物的 cDNA 存在不同的变体,哺乳动物 *Pit-1* 基因的 mRNA 存在 α 、 β 和 T 3 种形式,不同的变异体仅在 5' 端存在差异^[9]。火鸡中发现了 3 种 mRNA,分别命名为 *tPit-1**、*tPit-1 β ** 及 *tPit-1 ω **^[10];Tanaka 等^[3]从鸡的垂体 cDNA 文库中克隆了 2 种 *Pit-1* cDNA,分别记为 *cPit-1 α* 和 *cPit-1 γ* 。杨甲芳分析发现猪 *Pit-1* 基因的第 600 位碱基发生了 C/T 的沉默突变^[11];俞沛初分析香猪 *Pit-1* 基因的多态性表明,香猪 *Pit-1* 基因的第 272、963 和 1429 位分别发生了碱基突变^[12];庞谨等在猪 *Pit-1* 基因上检测到 1 个 *Rsa* I 酶切多态位点,该位点的

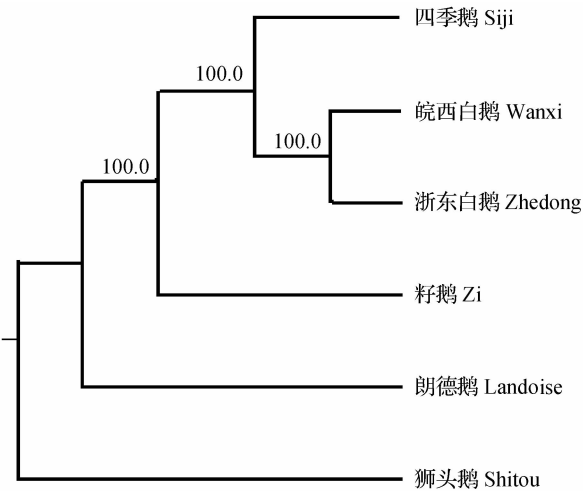


图 4 采用 NJ 法对不同群体进行聚类的结果

Fig. 4 The cluster result of different populations by NJ method

A 等位基因在 7 个国内猪种和 3 个外来猪种中均为优势等位基因^[13]。姜润深研究表明,鸡 *Pit-1* 基因 cDNA 序列 980 bp 处发生了 A/T 突变^[14]。Nie 等采用高效液相色谱技术在鸡 *Pit-1* 基因内发现了 23 个 SNP,其中 3 个位于 3'UTR 区域,16 个位于内含子内,同时在内含子 2 检测到一处 57 bp 的插入/缺失突变^[15]。本试验根据鸡 *Pit-1* 基因 mRNA 序列与基因组序列设计 1 对引物,扩增鹅 *Pit-1* 基因的部分序列,结果发现,扩增的目的片段存在长度多态性,同时在扩增片段的第 54 位存在 1 个 A/G 突变,共出现 AA、AB 和 BB 3 种基因型;与 AA 基因型相比,BB 型在所扩增序列的第 132 和 145 bp 后分别插入 3 和 13 bp 的小片段,分析推测该长度多态可能是 1 个以 AGT 为单位的微卫星多态,132 位后 3 bp 的插入可能是微卫星扩增过程中的滑配造成的,也可能是 BB 型个体基因组内本身存在的;至于 54 位的多态是否与序列的插入/缺失突变相关,还需进一步的试验验证。本研究结果表明,鹅 *Pit-1* 基因序列存在多态,不同类型群体内等位基因的分布存在差异。

3.2 不同鹅群体的聚类分析

本研究同时基于等位基因的分布频率对不同鹅群体进行了聚类。浙东白鹅、皖西白鹅及四季鹅体型中等,浙东白鹅主产于浙江省^[16],四季鹅主要分布于江苏省^[17],是利用浙东白鹅和主产于安徽的雁鹅进行多代选育而成的,皖西白鹅主产于安徽省^[18];籽鹅为小型蛋用鹅,主产于吉林省^[18];狮头鹅

为大型肉用鹅,主要分布于广东省^[18];朗德鹅原产于法国,是由大型的托罗土鹅和体型较小的玛瑟布鹅经长期连续杂交后选育而成,体型中等偏大,是著名的肥肝专用鹅^[18]。在本研究的聚类结果中体型中等的浙东白鹅、皖西白鹅及四季鹅优先聚为一类,体型较小的籽鹅、体型较大的朗德鹅和狮头鹅分别自成一类,符合各个群体的体型特征和经济类型。

3.3 DNA 多态性存在的原因及其可能的意义

本研究将鸡 *Pit-1* 基因 mRNA 与基因组序列进行比对,获得鸡 *Pit-1* 基因全序列,并据此设计 1 对引物,预扩增序列包含了鸡 *Pit-1* 基因内含子 1 部分序列和 48 bp 的外显子 2 序列。由于迄今尚没有关于鹅 *Pit-1* 基因 mRNA 序列的报道,因而无法预知所扩增鹅 *Pit-1* 基因部分序列的确切位置,初步推测该目的片段可能大部分位于内含子内。邱峰芳等研究表明,鸡 *Pit-1* 基因 57 bp 插入/缺失多态与 1~8 周龄体质量、胸肌质量及腿肌质量显著相关,其中 A 等位基因(即插入 57 bp 的等位基因)有利于体质量增加和肌肉生长^[19]。本研究表明,插入/缺失突变的不同等位基因的分布在不同体型和经济类型的群体间差异显著,表明该插入/缺失突变可能对不同类型鹅群体的生长产生不同的影响,至于如何影响还有待于扩大群体规模以及从 mRNA 和蛋白质水平进行进一步试验验证。

参考文献:

- [1] COHEN L E, WONDIFORD F E, RADOVICK S. Role of *Pit-1* in the gene expression of growth hormone, prolactin, and thyrotropin[J]. *Endocrinology & Metabolism Clinics of North America*, 1996, 25 (3): 523-540.
- [2] HENDRIKS-STEGEMAN B I, AUGUSTIJIN K D, BAKKER B, et al. Combined pituitary hormone deficiency caused by compound heterozygosity for two novel mutations in the POU domain of the *Pit-1/POU1F1* gene [J]. *The Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism*, 2001, 86(4): 1545-1550.
- [3] TANAKA M, YAMAMOTO I, OHKUBO T, et al. cDNA cloning and developmental alterations in gene expression of the two *Pit-1/GHF-1* transcription factors in the chicken pituitary[J]. *General and Comparative Endocrinology*, 1999, 114(3): 441-448.
- [4] 姜润深, 杨宁. 家禽垂体特异转录因子 *POU1F1* 研究进展[J]. *遗传*, 2004, 26(6): 957-961.
- [5] STANCEKOVA K, VASICEK D, PESKOVICOVA

- D, et al. Effect of genetic variability of the porcine pituitary-specific transcription factor (PIT-1) on carcass traits in pigs[J]. *Animal Genetics*, 1999, 30(4): 313-315.
- [6] BRUNSCH C, STEINSTEIN I, REINCKE P, et al. Analysis of associations of PIT1 genotypes with growth, meat quality and carcass composition traits in pigs[J]. *Applied Genetics*, 2002, 43(1): 85-91.
- [7] ZHAO Q, DAVIS M E, HINES H C. Associations of polymorphisms in the Pit-1 gene with growth and carcass traits in Angus beef cattle[J]. *Journal of Animal Science*, 2004, 82(8): 2229-2233.
- [8] JOUDREY E M, LECHNIAK D, PETRIK J, et al. Expression of growth hormone and its transcription factor Pit-1 in early bovine development[J]. *Molecular Reproduction and Development*, 2003, 64(3): 275-283.
- [9] MORRIS A E, KLOSS B, MC CHESNEY R E, et al. An alternatively spliced Pit-1 isoform altered in its ability to transactivate[J]. *Nucleic Acids Research*, 1992, 20(6): 1355-1361.
- [10] KURIMA K, WEATHERLY K L, SHAROVA L, et al. Synthesis of turkey *Pit-1* mRNA variants by alternative splicing and transcription initiation [J]. *DNA and Cell Biology*, 1998, 17(1): 93-103.
- [11] 杨甲芳. 七个猪种 *Pit-1* 基因部分 cDNA 序列的 SNPs 分析[D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2003.
- [12] 俞沛初. 香猪的特性及 *Pit-1* 基因多态性的研究[D]. 太谷: 山西农业大学, 2003.
- [13] 庞 谨, 李宏滨, 郑友民, 等. 猪 *Pit-1* 基因的多态性研究[J]. 畜牧兽医学报, 2005, 36(6): 531-535.
- [14] 姜润深. 鸡 *PRL*, *PRLR* 和 *POU1F1* 基因变异对繁殖及 *POU1F1* 对生长性状的遗传效应[D]. 北京: 中国农业大学, 2005.
- [15] NIE Q H, LEI M M, OUYANG J H, et al. Identification and characterization of single nucleotide polymorphisms in 12 chicken growth correlated genes by denaturing high performance liquid chromatography [J]. *Genetics Selection Evolution*, 2005, 37(3): 339-360.
- [16] 徐震宇, 陈维虎. 优质肉用中型鹅-浙东白鹅[J]. 中国牧业通讯, 2000, 3: 24-25.
- [17] 姚伟民, 张本荣, 蒋彩霞. 养四季鹅-经济实惠的农村家庭副业[J]. 中国畜牧杂志, 2003, 6(39): 57.
- [18] 陈国宏, 王克华, 王金玉, 等. 中国禽类遗传资源[M]. 上海: 上海科技出版社, 2004.
- [19] 邱峰芳, 聂庆华, 金卫根, 等. 鸡 *PIT-1* 基因 57 bp 插入/缺失多态与生长和屠体性状的相关研究[J]. 江西农业大学学报, 2006, 28(2): 284-288.

动物疫情速递

加拿大发生 A 型 H1N1 流感

2009 年 5 月 2 日,加拿大首席兽医官 Brian Evans 博士向 OIE 通报了 A 型 H1N1 流感疫情。疫情始于 2009 年 4 月 21 日,于 5 月 1 日确诊。疫区位于阿尔伯塔省清水县,易感动物是猪,有 2 020 头易感猪(2 个猪舍的 220 头母猪及其仔猪,4 个猪舍的 1 800 头生长猪),病例 450 例,生长猪群出现呼吸道症状,未出现死亡,未销毁、扑杀。CFIA 国家外来动物疾病中心(温尼伯)的 PCR 和基因测序结果显示 H1N1 流感病毒阳性。6 个样品的 Matrix 基因约 244 nt 片段测序结果显示与美国和墨西哥分离的新型 A/H1N1 流感病毒株的同源性为 100%,分析 H1 基因的约 500 nt 片段得到了相似的结果(99%~100%)。N 基因的约 1 400 nt 片段测序结果显示其与新型 A/H1N1 流感病毒高度相关。感染可能由人传播。加拿大采取了检疫措施,未禁止免疫,未对动物进行治疗。

科威特发生口蹄疫

2009 年 5 月 6 日,科威特 Nabeela Al-Khaleel 先生向 OIE 通报了口蹄疫疫情。疫情始于 2009 年 1 月 6 日,于 1 月 8 日确诊,是临床发病,病原是 A 型口蹄疫病毒。依靠临床检测和实验室检测作出诊断,兽医诊断和研究中心实验室(国家实验室)的抗原检测 ELISA 结果为阳性;Pirbright 实验室(OIE 参考实验室)的 RT-PCR 结果为阳性。疫区位于杰赫拉 Sulaibiya 地区,易感动物是牛,有 2 060 头易感牛,病例 60 例,未出现死亡,未销毁、扑杀。感染来源不详。科威特采取的控制措施有检疫、国内限制移运、筛查、区域化、紧急免疫、染疫场区消毒和浸洗/喷雾,未禁止免疫,对动物进行了治疗。

(摘译自 OIE 网站)