- (2) 李健 , 正志强 , 胡茂红 , 第. 山东省肾综合征出血热死亡病例分析 [J]. 中国公共卫生 2007 23(4):490-491.
- (4) 徐昭 陈锦英 李力 等. 汉坦病毒 S 基因在大肠埃希菌中的克隆及表达[J]. 天津医药 2006 34(2):324-327.
- (5) 赵凤玲 陈锦英,吕莉琨,等.汉坦病毒重组核蛋白抗体用于鼠肺组织病毒抗原的检测[J].中国人兽共患病学报,2008,24(6):510-513.
- (6) 苏凤菊,曾令兰. 肾综合征出血热的实验室早期诊断[J]. 中国 医学文摘·检验与临床 2006 20(3):23-25.
- (7) Tai PW Chen LC Huang CH. Hanta hemorrhagic fever with renal

- syndrome: a case report and review [J]. J Microbiol Immunol Infect 2005 38: 221 223.
- (8) 李鹤,马力,李黎. 免疫磁性微球的研究进展[J]. 食品工程, 2007 3:33-36.
- (9) Safarik I Safarikova M. Magnetic techniques for the isolation and purification of proteins and peptides [J]. Biomagn Res Technol, 2004 2:7.

收稿日期: 2011 - 02 - 26

(宋艳萍编辑 郭薇校对)

【检验技术】

辽宁省水痘 - 带状疱疹病毒基因型分析*

王艳 冯艳 韩悦 郭军巧

关键词: 水痘 - 带状疱疹病毒; 基因型; 单核苷酸多态性(SNP) 分析

中图分类号: R 373.1 文献标志码: A 文章编号: 1001-0580(2012)01-0076-03

Genotype analysis of varicella-zoster virus in Liaoning province WANG Yan MA Yan HAN Yue et al. Department of Planned Immunization Liaoning Provincial Center for Disease Control and Prevention (Shenyang 110005 China)

Abstract: Objective To examine the genetype of varicella-zoster virus in Liaoning province. Methods The serum and throat swabs speciments were collected from 7 patients clinically diagnosed with varicella for the detection varricella-zoster virus (VZV) IgM and the amplification of DNA of the open reading frame (ORF) 22. The DNA was sequenced and analyzed with the data of VZV reference strains downloaded from GenBank. Results All the 7 patients were VZV IgM positive and the amplification and sequencing of 3 throat swabs (VZV001, VZV-002, VZV-005) confirmed the VZV. The results of ORF22 single nucletotide polymorphism (SNP) analyses showed that VZV-002 and VZV-005 had the same sequence and the single base transvertion was A→C. The sequence of VZV-001 had 2 changed bases suggesting the point mutation of the gene. Compared with Dumas strain the 3 strains had 4 bases different on 6 key site and completely matched with P-Oka strain. The 3 strains were identified as J genotype and the nucleotide homology was 99.56% -99.78% with P-Oka. Conclusion The genotype of 3 VZV strains detected in Liaoning province belongs to J genetype.

Key words: varicella-zoster virus(VZV); genotype; SNP analysis

水痘病毒是儿童期水痘的病原体,其潜伏后再感染表现为带状疱疹,因而水痘病毒又称水痘 - 带状疱疹病毒(varicella-zoster-virus, NZV)。近年来从基因学上探索不同毒株间的差异及基因分类很受关注,NZV病毒虽然只有一个血清型,但是不同毒株之间仍存在着变异,其基因组变异率为0.05%~0.06%,与人类基因组变异率0.078%相近⁽¹⁾。为了解辽宁地区 VZV 基因型别的分布特点 本研究对 7 例临床诊断为水痘患者的咽拭子进行了聚合酶链反应(PCR)分析和

序列测定。现将结果报告如下。

1 对象与方法

1.1 对象 2009 年 12 月份选取沈阳市传染病院临床诊断为水痘患者 7 例,分别采集咽拭子标本,编号为 $VZV-001 \sim VZV-007$;同时采集患者血清标本进行 VZV IgM 抗体检测。所有标本均置于 -80 $^{\circ}$ C 保存。

1.2 方法

1. 2. 1 主要试剂 ELISA 试剂盒(德国维润(塞润)试剂公司); DNA 提取试剂盒、Taq™试剂盒、质粒 pMDl9-T、大肠埃希菌 JM109 感受态细胞(日本 TaKaRa 公司); PCR 纯化试剂盒(美国 Qiagen 公司); 2% 琼脂糖凝胶(美国 Promega 公司)。

1.2.2 水痘 IgM 抗体检测 采用抗体捕捉酶联免疫吸附实

* 基金项目: 辽宁省博士科研基金(20052135)

作者单位: 辽宁省疾病预防控制中心免疫规化所 沈阳 110005

作者简介: 王艳(1978 -) 友 辽宁沈阳人 注管技师 孝士 注要从

事病毒检验工作。

通讯作者: 郭军巧 E-mail: guojunqiao@ lncdc. com

验(ELISA)检测病人血清中水痘 IgM 抗体,均按试剂说明书操作。

1.2.3 聚合酶链反应(PCR) (1)核酸(DNA)提取:使用DNA 提取试剂盒从咽拭子标本中直接提取 VZV 的 DNA。按试剂说明书操作。上游引物 vzv-p22R1f: 5′-GGGTTTTGTAT-GAGCGTTGG-3′; 下游引物 vzv-p22R1r: 5′-CCCCGA-

GGTTCGTAATATC-3[°] 特异性扩增 ORF22 基因 37837 ~ 38283 之间 447 个核苷酸片段⁽²⁾。(2) 目的片断扩增: PCR 扩增试剂采用 Taq^{TM} 试剂盒。PCR 反应条件: 94 ℃ 预变性 3 min; 94℃变性 1 min 55℃复性 1 min 72 ℃延伸 1 min ,共 35 个循环; 72 ℃延伸 10 min。阳性对照株来源于国产长春祈建水痘疫苗。

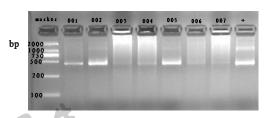
1.2.4 序列测定与基因型判定 采用 PCR 纯化试剂盒回收阳性逆转录聚合酶链反应(RT-PCR)产物 将回收产物与质粒pMD 19-T 载体按常规方法连接 然后转入大肠埃希菌 JM109感受态细胞 通过 PCR 进行蓝白斑筛选和菌落初步鉴定。鉴定为阳性的克隆菌株送北京三博远志生物技术有限责任公司测序 测序结果在 GenBank 中用 Blastn 进行比较分析。基因型判定依据文献 ② J,VZV 病毒基因 ORF22 在 37837~38283位点之间有 6 个位点可准确的将 VZV 分为 E、J、M1 和 M2 等4 个基因型。6 个位点分别为 37902、38019、38055、38081、38177、38229; 其中 E 基因型在 6 个位点的碱基依次为 A、G、T、A、G、A、代表株为 Dumas 株; J 基因型依次为 G、G、C、C、A、A、代表株为 p-Oka 株; M1 基因型依次为 A、G、T、C、G、A、代表株为 CA123 株; M2 基因型分为 3 个亚型 ,也依据这 6 个位点的碱基不同而分型。

1.2.5 序列整理和分子生物信息学分析 序列资料以标准 图形文件(.ab1)格式保存,使用Sequencher4.0.5软件

(GeneCode ,Ann Arbor ,Michigan ,USA) 整理序列资料 ,从 Gen-Bank 数据库下载 VZV 各基因型参考株的序列资料 ,采用MEGA 3.1 软件进行相关对比分析。

2 结 果

2.1 水痘 - 带状疱疹病毒鉴定(图 1) (1) IgM 抗体: 按照 试剂盒结果判定标准 7 例患者血清标本的吸光度值均大于临界值(cutoff)上限 判定为水痘 IgM 抗体阳性 表明 7 例患者均为实验室确诊病例。(2) 扩增产物: 7 份咽拭子标本中,VZV-001、002、005 等 3 份标本的 PCR 产物在约 447 bp 处均有一明显的特异性条带 鉴定为水痘病毒。



注:1~7: VZV-001~VZV-007; +: 阳性疫苗对照

图 1 7 份咽拭子标本扩增产物琼脂凝胶电泳图

2. 2 序列分析与基因型(图 2) 对 PCR 扩增阳性的 3 株 ORF22 基因 37837~38283 之间 447 个核苷酸位点进行序列测定和分析 .结果显示 .VZV - 002 和 VZV - 005 基因序列完全一致 .且在 37920 位点的碱基由 C 代替了 A; VZV - 001 序列在 38036 位点和 38070 位点的碱基分别由 C 代替了 T G 代替了 A。提示其基因可能发生了点突变。与 GenBank 上公布的 Dumas 株和 P-Oka 株序列进行比较的结果显示(图 2) .与 Dumas 株序列比较 3 株分离株在 6 个关键位点上有 4 个核苷酸不同 .与 P-Oka 株则完全一致 .据此判定本研究鉴定的 3 株水痘 - 带状疱疹病毒的 ORF22 基因为 J 基因型。

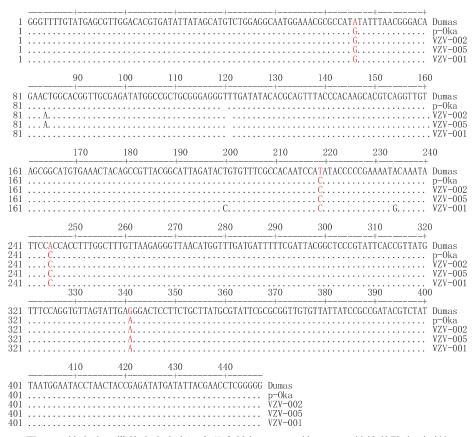


图 2 3 株水痘 – 带状疱疹病毒辽宁分离株与 Dumas 株、p-Oka 株核苷酸序列对比

2.3 基因亲缘性关系(图3) 将3株 VZV 分离株的 ORF22 基因序列与 GenBank 上4 个基因型 21 株参考株的对应序列 构建系统进化树 结果显示,系统进化树明显分为 E 和 J2 个 分支 其中 3 株分离株与 J 基因型参考株最为接近 ,与水痘 - 带状疱疹病毒 P-Oka 株的同源性为 $99.56\% \sim 99.78\%$,进一步表明辽宁省目前流行的 VZV 为 J 基因型。

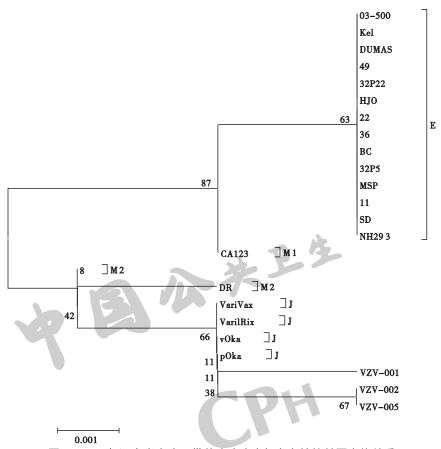


图 3 2009 年辽宁省水痘 - 带状疱疹病毒与参考株的基因亲缘关系

3 讨论

VZV 属于疱疹病毒科(herpes) α - 疱疹病毒属 ,人类疱疹病毒 3 型 ,即 HHV - 3 型。其引起的水痘在世界范围内均有发生⁽³⁾ 易在无免疫力的儿童中形成爆发流行⁽⁴⁾。水痘至今仍未纳入我国法定传染病管理 ,因此实验室缺乏 VZV 病原学资料 特别对 VZV 的基因型别研究基本上处于空白阶段。

不同 VZV 株间的遗传变异主要表现为单核苷酸多态性 (single nucleotide polymorphism SNP) (5) 。世界上各实验室在 SNP 分析的基础上选择不同的方法对 VZV 的基因型进行命 名^(2 6-7) 因此对 VZV 基因型的命名至今仍不统一。目前公 认的将 VZV 基因分为 E(European 型)、M(mosaic 型) 和 J (Japanese 型) (2) 。近2年来 Loparev 等人(8) 又将 ORF22 结合 ORF21 或 ORF50 的序列进行 SNP 分析将 E 基因型分为 E1 和 E2 两个亚型 将 M 基因型进一步划分为 M1、M2、M3、M4 等 4 个亚型。中国关于 VZV 基因分型的报道很少 ,仅 Loparev 等(2)人2004年报道从中国南方(广东等地)收集的3份临床 标本均为 M 型 从中国北方(山东等地) 收集的 3 份临床标本 均为 E 型。杨吉星等⁽⁹⁾人 2008 年报道的上海地区 1 株 VZV 基因型为 J型 周小勇等(10)人 2009年报道的武汉地区 78株 VZV 基因型也为 J 型。本研究分离的辽宁省 3 份临床标本均 为 J 型 与上海和武汉地区流行株基因型别一致。虽然 3 个 地区均检测出有 J 基因型 VZV ,但并不排除之前报道的 E 和 M 基因型仍在流行。流行病学调查结果表明,本研究中的3 例阳性患者在发病前1个月均无水痘疫苗接种史 因此认为, 目前」基因型野病毒正在辽宁省流行。

本研究结果显示 3 份阳性标本基因序列中 , 有 3 个位点 出现碱基代替提示该基因可能发生了点突变 , 也可能是由于限制性内切酶(Taq 酶) 缺少 3′-5′校对功能导致复制出现错误 $^{(9)}$ 。其原因还有待更深入的研究。

参考文献

- (1) Quinlivan M ,Breuer J. Molecular studies of varifcella-zoster virus [J]. Rev Med Virol 2006 ,16(4):225-250.
- (2) Loparev VN, Gonzalez A, Deleon-Carnes M, et al. Global identification of three major genotypes of varicella-zoster virus: longitudinal clustering and strategies for genotyping [J]. J Virol, 2004, 78 (15): 8349 8358.
- (3) 姜昌龙 陈琪 白冰 爲. 部队医院法定传染病住院病例流行特征分析[J]. 中国公共卫生 2009 25(9):1144-1145.
- (4) 武晶 祖荣强 梁祁 海. 江苏省传染病突发公共卫生事件特征分析[J]. 中国公共卫生 2010 26(3): 364-365.
- (5) 刘静静, 王明丽, 杨森, 海, 水痘 带状疱疹病毒基因型的研究进展[J]. 国际生物制品学杂志, 2008, (31) 5:215-220.
- 进展[J]. 国际生物制品学杂志 2008 (31) 5: 215 220.

 (6) Barrett-Muir W Nichols R Breuer J. Phylogenetic analysis of vari-
- cella-zoster virus: evidence of intercontinental spread of genotypes and recombination [J]. J Virol 2002 76(4):1971-1979.

 (7) Fags B Maury W Bruckner DA et al. Identification and mapping
- of single nucleotide polymorphisms in the varicella-zoster virus genome [J]. Virology 2001 280(1):1-6.

 (8) Loparev VN. Rubtcova EN Bostik V et al. Identification of five major and two minor genotypes of varicella-goster virus strains a practical
 - and two minor genotypes of varicella-zoster virus strains a practical two-amplicon approach used to genotype clinical isolates in Australia and New Zealand [J]. J Virol 2007 \$1(23):12758 12765.
 - (9) 杨吉星 居丽雯 施强.上海地区水痘带状疱疹病毒基因型研究 [J].中国卫生检验杂志 2008 ,18(2):223-224.
- (10) 周小勇, 曾志良, 冯永芳. 武汉地区水痘带状疱疹病毒基因型分析[J]. 中华皮肤科杂志 2009 42(10):688-690.

收稿日期: 2011-02-16 (孔繁学编辑 郭薇校对)