

网络出版日期:2016-03-06

网络出版地址: <http://www.cnki.net/kcms/detail/61.1220.S.20160306.1610.004.html>

中国新疆小反刍兽疫病毒 *F* 基因序列分析

马海璐¹, 刘永宏¹, 赵 丽¹, 曹胜波², 刘学锋³, 王海国⁴,
李岳洋¹, 马世强¹, 蒋秀梅¹, 张保军¹, 萨依甫加玛·卡依萨尔¹,
努尔古丽·图尔贡¹, 廖秋萍¹, 焦海宏¹

(1. 塔里木大学 动物科学学院, 新疆生产建设兵团塔里木畜牧科技重点实验室, 新疆阿拉尔 843300;

2. 华中农业大学 动物医学院, 武汉 430070; 3. 新疆生产建设兵团 第十四师一牧场, 新疆和田 848306;

4. 新疆生产建设兵团 第三师红旗农场生产科, 新疆阿图什 845350)

摘 要 为分析中国新疆小反刍兽疫病毒(PPRV)毒株分子演变特点和疫情传播路线,从 GenBank 数据库下载所有国家全部的 PPRV *F* 基因全序列,应用 DNASTar 软件,结合疫情毒株时空分布进行序列分析。结果显示,中国新疆 PPRV 株 *F* 基因全序列,与 2014 年小反刍兽疫中河南和北京毒株核苷酸的同源性最高,为 99.8%~99.9%,与中国西藏 3 个毒株核苷酸的同源性为 97.7%,与中国采用的疫苗株核苷酸同源性为 92.9%,核苷酸同源性最低的是肯尼亚毒株,与国外毒株核苷酸同源性最高的是印度毒株。*F* 基因系统进化关系分析显示,中国新疆 PPRV 株属于基因 IV 系。*F* 蛋白氨基酸同源性结果显示,除与科特迪瓦 1989 年毒株 ICV89 氨基酸同源性最低外,与其他氨基酸同源性比对结果均与核苷酸的比对结果一致。中国新疆 PPRV 株存在一定程度的变异,可能是由周边国家传入。

关键词 中国;新疆;小反刍兽疫;*F* 基因

中图分类号 S855.3

文献标志码 A

文章编号 1004-1389(2016)03-0328-07

小反刍兽疫(Peste des petits ruminants, PPR),是由小反刍兽疫病毒(Peste des petits ruminants virus,PPRV)引起的一种小反刍动物急性接触性传染病。有报道^[1-2]显示,牛、水牛、骆驼和狮均可感染该病毒,表现为发热、眼鼻分泌物增多、口炎、肠炎和肺炎等。

1942 年,西非科特迪瓦首次报道 PPR^[3],之后 PPR 在多个国家和地区均有发生,呈全球蔓延趋势。据报道,目前至少有 49 个国家发生 PPR 疫情^[2,4],其中亚洲有 23 个国家,中国周边有 12 个国家^[4-5]。

2005 年,通过发病情况和血清学调查发现,中国西藏发生小反刍兽疫疫情;随后,通过分子流行病学调查确证西藏于 2007 年 7 月发生 PPR^[6-8]。2008 年和 2010 年,西藏至少发生 3 次 PPR 疫情^[7-9]。2013 年年底,新疆伊犁地区成为

中国第 2 个发生 PPR 疫情的省区,随后,新疆多地暴发该疫情^[10]。2014 年,PPR 疫情呈大流行趋势,在中国的至少 22 省(市、自治区)256 个县发生,其中,云南、江苏、安徽、湖北和贵州等省为重灾区,并于 4 月达到发病高峰。截止 2014 年 9 月,中国约有 7 万多只绵羊和山羊因患 PPR 被扑杀,损失巨大^[11]。

PPRV 为副粘病毒科麻疹病毒属的成员^[12],只有 1 个血清型^[13],该病毒核酸类型为单股负链 RNA,基因组约为 15 948 nt,从 3'到 5'依次为 *N*、*P*、*M*、*F*、*H* 和 *L* 6 个基因,分别编码核衣壳蛋白 *N*、磷蛋白 *P*、基质蛋白 *M*、融合蛋白 *F*、血凝蛋白 *H*、大蛋白 *L* 等 6 个结构蛋白^[14]。

2013 年 11 月,新疆伊犁哈萨克自治州霍城县三宫乡某村发生 PPR 疫情,提取该村患病山羊淋巴结组织样品,通过病毒 RNA 提取、RT-PCR、

收稿日期:2015-07-30 修回日期:2015-11-20

基金项目:国家级大学生创新创业训练计划(201510757011);塔里木大学动物科学学院大学生创新项目(DKY2014004, DKY2014009);华中农业大学塔里木大学科研联合基金(HNTDLH1404)。

第一作者:马海璐,男,本科生,研究方向为传染病与免疫病理学。E-mail:420723205@qq.com

通信作者:刘永宏,男,副教授,研究方向为传染病与免疫病理学。E-mail:lyhdky@126.com

赵 丽,女,博士,副教授,研究方向为寄生虫病与免疫病理学。E-mail:zhaolidky@126.com

PCR 产物纯化测序及末端 RACE 法,获得完整 PPRV 基因组序列,命名为 PPRV China/XJYL/2013,为新奇变异株,GenBank 登录号为 KM091959^[15]。根据文献^[1,14]报道,以 *N* 或 *F* 基因序列可进行遗传演化分析。

本研究从 GenBank 数据库下载各国 PPRV *F* 基因全序列,并结合每次疫情发生的时空分布,对中国新疆小反刍兽疫疫情毒株分子演变特点和疫情传播路线进行系统分析,以期为该病防治及

疫病消灭提供依据。

1 材料与方法

1.1 材料

中国新疆仅有的一个 PPRV China/XJYL/2013 株 *F* 基因全序列,中国其他地区和其他国家的全部 PPRV *F* 基因全序列,均来源于 GenBank 数据库,各毒株的具体信息见表 1。

表 1 参考毒株

Table 1 Reference isolates

序号 No.	毒株名称 Strain name	序列命名 Sequence name	GenBank 登录号 GenBank accession numbers	备注 Remarks
1	China/XJYL/2013	XJYL2013	KM091959	2013 年,中国新疆伊犁 Yili of Xinjiang, China 2013
2	BD/PPR/Dhaka-1/2010	Bangladesh2010	KC812765	2010 年,孟加拉国 Bangladesh 2010
3	China/BJ/2014	BJ2014	KP260624	2014 年,中国北京 Beijing, China 2014
4	Ethiopia 1994	Ethiopia1994	KJ867540	1994 年,埃塞俄比亚 Ethiopia 1994
5	Ethiopia 2010	Ethiopia2010	KJ867541	2010 年,埃塞俄比亚 Ethiopia 2010
6	Ghana/NK1/2010	Ghana2010	KJ466104	2010 年,加纳 Ghana 2010
7	CH/HNNY/2014	HNNY2014	KM089830	2014 年,中国河南 Henan, China 2014
8	CH/HNZK/2014	HNZK2014	KM089831	2014 年,中国河南 Henan, China 2014
9	CH/HNZM/2014	HNZM2014	KM089832	2014 年,中国河南 Henan, China 2014
10	ICV89	ICV1989	EU267273	1989 年,科特迪瓦 Ivory Coast 1989
11	Izatnagar-94	India1994	KF752444	1994 年,印度 India 1994
12	Sungri/96	India1996	KF727981	1996 年,印度 India 1996
13	Sungri 1996 MSD (The Netherlands)	India1996-1	KJ867542	1996 年,印度 India 1996
14	Jhansi/2003	India2003	GQ410434	2003 年,印度 India 2003
15	Revati 05	India2005	EU344743	2005 年,印度 India 2005
16	Revati-2006	India2006	GU014576	2006 年,印度 India 2006
17	Guj/2007	India2007	JN632534	2007 年,印度 India 2007
18	Kurdistan 2011	Iraq2011	KF648287	2011 年,伊拉克 Iraq 2011
19	KN5/2011	Kenya2011	KM463083	2011 年,肯尼亚 Kenya 2011
20	Morocco-2008	Morocco2008	KC609746	2008 年,摩洛哥 Morocco 2008
21	Morocco 2008	Morocco2008-1	KC594074	2008 年,摩洛哥 Morocco 2008
22	Nigeria/75/1	Nigeria1975	HQ197753	1975 年,尼日利亚 中国疫苗毒株 Nigeria 1975,China vaccine strain
23	Ng76/1	Nigeria1976	EU267274	1976 年,尼日利亚 Nigeria 1976
24	Oman 1983	Oman1983	KJ867544	1983 年,阿曼 Oman 1983
25	E32/1969	Senegal1969	KP789375	1969 年,塞内加尔 Senegal 1969
26	SnDk11113	Senegal2013	KM212177	2013 年,塞内加尔 Senegal 2013
27	Tibet/Bharal/2008	Tibet2008	JX217850	2008 年,中国西藏 Tibet 2008
28	China/Tibet/0701	Tibet200701	EU364809	2007 年,中国西藏 Tibet, China 2007
29	China/Tibet/Geg/07-30	Tibet200730	FJ905304	2007 年,中国西藏 Tibet, China 2007
30	Turkey 2000	Turkey2000	NC_006383	2000 年,土耳其 Turkey 2000
31	UAE 1986	UAE1986	KJ867545	1986 年,阿联酋 United Arab Emirates 1986
32	Uganda 2012	Uganda2012	KJ867543	2012 年,乌干达 Uganda 2012

1.2 方法

搜索 GenBank 数据库全部的 PPRV *F* 基因全序列,运用 DNASTar 软件的 EditSeq 程序将其核苷酸和氨基酸序列保存为 *.Seq 和 *.Pro 格式文件,运用该软件 MegAlign 程序的 Clustal W 法进行比对,然后在 Veiw 菜单中通过 Sequence Distance 和 Phylogenetic Tree 提取序列比对结果,并绘制进化树图。同时,结合毒株时空分布,分析中国新疆伊犁地区 PPRV 来源及演变特征。

2 结果与分析

2.1 中国新疆 PPRV *F* 基因核苷酸序列分析

对不同时空分布的 32 个 PPRV *F* 基因全序列进行核苷酸同源性分析,结果显示,2013 年新疆伊犁地区 PPRV 株 China/XJYL/2013 *F* 基因与 2014 年 PPP 疫情大流行中河南和北京 PPRV

毒株 *F* 基因核苷酸同源性最高,达到 99.8%~99.9%;与中国西藏阿里地区和那曲地区 3 个 PPRV 毒株 *F* 基因核苷酸同源性均达到 97.7%;与中国疫苗株 Nigeria/75/1 *F* 基因核苷酸同源性为 92.9%;核苷酸同源性最低的是肯尼亚 2011 年 KN5/2011 株,与其他国家毒株核苷酸同源性最高的是印度 1994 年 Izatnagar-94 株;中国毒株与其他国家毒株核苷酸同源性为 87.8%~98.3%(表 2 右上)。

采用 PPRV *F* 基因核苷酸全序列绘制基因进化树(图 1),结果显示,1989 年西非科特迪瓦的 1 个毒株和 1969 年塞内加尔的 1 个毒株构成 1 个小分支(Ⅱ);2 个西非尼日利亚的毒株、1 个塞内加尔 2013 年毒株和 1 个加纳 2010 年毒株构成 1 个小分支(Ⅰ);亚洲邻国阿联酋和阿曼各 1 个毒株、非洲东北部埃塞俄比亚 1994 年 1 个毒株、

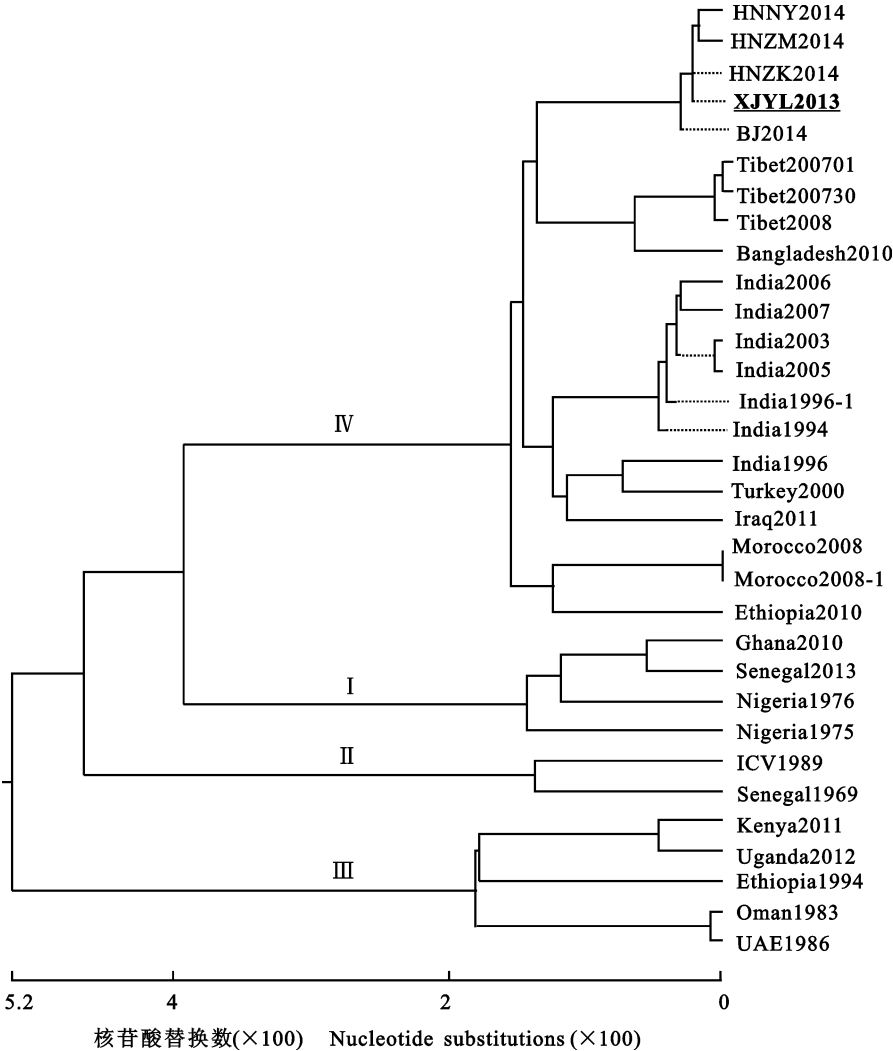


图 1 不同地区 and 不同年代的小反刍兽疫病毒毒株 *F* 基因系统进化树

Fig.1 Phylogenetic tree of *F* gene of PPRV isolated from different regions and different ages

表 2 PPRV F 基因核苷酸和氨基酸同源性比较结果
Table 2 Homology of amino acid and nucleotide sequences comparison of F gene of PPRV

序号 No.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	
1	—	97.6	99.8	89.3	97	91.7	99.9	99.9	99.8	89.5	98.3	95.8	98.2	98.1	98.2	97.7	98	97	88	97.4	97.4	92.9	93.5	89.1	91.3	92	97.7	97.7	97.7	97.2	89.2	88.1	
2	98.7	—	97.4	89.3	96.6	91.8	97.4	97.5	97.3	89.8	98.2	95.7	98.2	98	98.2	97.6	98	96.8	87.8	97.3	97.3	92.9	93.5	89.3	91.3	92.1	98.7	98.8	98.8	97.1	89.3	88.1	
3	100	98.7	—	89.1	96.8	91.5	99.7	99.8	99.6	89.3	98.1	95.6	98	97.9	98	97.5	97.9	96.8	87.8	97.4	97.4	92.7	93.4	88.9	91.1	91.8	97.6	97.6	97.6	97	89	87.9	
4	94.7	94.5	94.7	—	89.2	91.7	89.2	89.2	89.2	90.9	90.5	88.4	90.4	90.3	90.5	90	90.2	89.3	96.5	90	90	91.8	92.6	97	92.3	91.7	89.4	89.4	89.4	89.6	97	96.6	
5	98.4	97.8	98.4	94.1	—	91.6	96.8	96.9	96.7	89.5	98	95.6	98	97.9	98	97.4	97.8	96.8	87.6	97.6	97.6	92.7	93.1	88.8	91.3	91.7	96.8	96.8	96.8	97	88.8	87.9	
6	96.9	96.3	96.9	95.2	96.3	—	91.6	91.7	91.5	91.2	92.7	90.4	92.6	92.5	92.6	92.2	92.4	91.4	89.8	92.1	92.1	96.5	97.6	90.7	93.1	98.9	91.8	91.8	91.8	90.9	90.1		
7	99.8	98.5	99.8	94.5	98.2	96.7	—	99.8	99.6	89.4	98.2	95.7	98.1	98	98.1	97.6	97.9	96.9	87.9	97.3	97.3	92.7	93.4	89	91.2	91.8	97.6	97.6	97.7	97.1	89	87.9	
8	100	98.7	100	94.7	98.4	96.9	99.8	—	99.7	89.5	98.2	95.7	98.2	98	98.2	97.6	98	97	87.9	97.4	97.4	92.8	93.5	89	91.2	91.9	97.7	97.7	97.7	97.1	89.1	88	
9	99.8	98.5	99.8	94.5	98.2	96.7	99.6	99.8	—	89.3	98	95.6	98	97.9	98	97.4	97.8	96.8	87.9	97.2	97.2	92.6	93.3	88.8	91	91.7	97.5	97.5	97.5	97	88.9	87.9	
10	94.1	94.1	94.1	94	93.8	95.1	94	94.1	94	—	90.3	88.4	90.2	90.1	90.2	89.8	90.1	89.3	89.3	89.9	89.9	91.4	92.3	90.2	97.3	91.1	89.6	89.7	89.6	90.2	89.5		
11	99.1	98.9	99.1	94.7	98.5	96.9	98.9	99.1	98.9	94.5	—	97	99.8	99.7	99.8	99.3	99.6	98.2	88.8	98.7	98.7	93.8	94.5	90.1	92.2	92.9	98.4	98.4	98.4	98.4	90.2	89	
12	96	95.8	96	91.9	95.4	93.8	95.8	96	95.8	91.4	96.5	—	97	96.8	96.9	96.5	96.8	97.1	87	96	96	91.6	92.2	88.1	90.2	90.8	96	95.9	95.9	98.5	88.2	87.1	
13	99.1	98.9	99.1	94.7	98.5	97.1	98.9	99.1	98.9	94.5	99.6	96.5	—	99.8	99.9	99.3	99.7	98.2	88.8	98.6	98.6	93.8	94.4	90.1	92.1	92.9	98.3	98.3	98.3	98.3	90.1	89	
14	99.1	98.9	99.1	94.7	98.5	97.1	98.9	99.1	98.9	94.5	99.6	96.5	100	—	99.9	99.3	99.7	98	88.7	98.5	98.5	93.7	94.3	89.9	92	92.7	98.2	98.2	98.2	98.2	90	88.8	
15	97.1	96.9	97.1	92.7	96.5	95	96.9	97.1	96.9	92.5	97.6	94.5	98	98	—	99.4	99.8	98.1	88.7	98.5	98.5	93.7	94.3	90	92.1	92.8	98.2	98.2	98.2	98.2	90.1	88.9	
16	98	97.8	98	93.6	97.4	96	97.8	98	97.8	93.4	98.5	95.4	98.9	98.9	96.9	—	99.4	97.6	88.4	98	98	93.4	94	89.6	91.7	92.4	97.7	97.7	97.7	97.9	89.7	88.5	
17	98.7	98.5	98.7	94.3	98.2	96.7	98.5	98.7	98.5	94.1	99.3	96.2	99.6	99.6	97.6	98.9	—	98	88.6	98.4	98.4	93.6	94.2	89.9	92	92.7	98.1	98.1	98.1	98.1	89.9	88.8	
18	98.5	98.4	98.5	94.1	98	96.3	98.4	98.5	98.4	94	99.1	96.3	99.1	99.1	97.1	98	98.7	—	87.8	97.3	97.3	92.6	93.2	89.3	91.2	91.7	97.1	97	97	98.4	89.3	88	
19	94.3	94.1	94.3	98.5	94	94.9	94.1	94.3	94.1	93.8	94.3	91.6	94.3	94.3	92.5	93.2	94	93.8	—	88.3	88.3	89.3	90.4	96.1	90.9	89.7	88	87.9	87.9	88.1	95.9	99.1	
20	98.4	98.4	98.4	94.1	98.2	96.2	98.2	98.4	98.2	94.5	98.9	95.8	98.9	98.9	96.9	97.8	98.5	98.4	94	—	100	93.1	93.6	89.7	91.6	92.2	97.5	97.5	97.5	97.4	89.8	88.5	
21	98.4	98.4	98.4	94.1	98.2	96.2	98.2	98.4	98.2	94.5	98.9	95.8	98.9	98.9	96.9	97.8	98.5	98.4	94	100	—	93.1	93.6	89.7	91.6	92.2	97.5	97.5	97.5	97.4	89.8	88.5	
22	96.7	96.2	96.7	94.7	96.2	98.4	96.5	96.7	96.5	95.1	96.7	93.6	96.7	96.7	94.7	95.6	96.3	96.2	94.5	96	96	—	97.9	90.8	93.4	96.6	92.7	92.7	92.7	92.8	91	89.6	
23	97.8	97.3	97.8	95.2	97.3	99.1	97.6	97.8	97.6	95.6	97.8	94.7	97.8	97.8	95.8	96.7	97.4	97.3	94.9	97.1	97.1	98.9	—	92	94.1	97.7	93.5	93.5	93.5	92.2	90.6		
24	95.1	94.9	95.1	97.8	94.7	95.6	94.9	95.1	94.9	94.1	95.1	92.1	95.1	95.1	93	94	94.7	94.5	98.2	94.7	94.7	95.1	95.6	—	92	90.8	89.4	89.4	89.3	99.8	96		
25	96.7	96.5	96.7	95.8	96	97.4	96.5	96.7	96.5	97.4	97.1	94	97.1	97.1	95	96	96.7	96.5	95.4	96.7	96.7	97.4	98	96.2	—	92.8	91.2	91.2	91.2	91.4	91.2		
26	96.9	96.3	96.9	95.2	96.3	99.8	96.7	96.9	96.7	95.1	96.9	93.8	97.1	97.1	95	96	96.7	96.3	94.9	96.2	96.2	98.4	99.1	95.6	97.4	—	92.1	92.1	92.1	92	91	90	
27	98.9	99.5	98.9	94.7	98	96.5	98.7	98.9	98.7	94.3	99.1	96	99.1	99.1	97.1	98	98.7	98.5	94.3	98.5	98.5	96.3	97.4	95.1	96.7	96.5	—	99.9	99.9	97.4	89.5	88.1	
28	98.7	99.3	98.7	94.5	97.8	96.3	98.5	98.7	98.5	94.5	98.9	95.8	98.9	98.9	96.9	97.8	98.5	98.4	94.1	98.4	98.4	96.2	97.3	95.2	96.5	96.3	99.8	—	100	97.3	89.5	88.1	
29	98.7	99.3	98.7	94.5	97.8	96.3	98.5	98.7	98.5	94.5	98.9	95.8	98.9	98.9	96.9	97.8	98.5	98.4	94.1	98.4	98.4	96.2	97.3	95.2	96.5	96.3	99.8	100	—	97.3	89.5	88.1	
30	98.5	98.4	98.5	94.3	98	96.3	98.4	98.5	98.4	94	99.1	97.4	99.1	99.1	97.1	98	98.7	98.9	94	98.4	98.4	96.2	97.3	94.7	96.5	96.3	98.5	98.4	98.4	98.4	—	89.3	88.2
31	94.9	94.7	94.9	97.6	94.5	95.8	94.7	94.9	94.7	94	94.9	91.9	94.9	94.9	92.8	93.8	94.5	94.3	98	94.5	94.5	95.2	95.8	99.8	96	95.8	94.9	95.1	95.1	94.5	—	96.1	
32	94.3	94.1	94.3	98.5	94	94.9	94.1	94.3	94.1	93.6	94.3	91.6	94.3	94.3	92.5	93.2	94	93.8	99.6	94	94	94.5	94.9	98.2	95.4	94.9	94.3	94.1	94.1	94	98	—	

注:右大部分为核苷酸同源性比对结果,左下部分为氨基酸同源性比对结果。序号 1~32 为毒株序号,各序号代表的毒株与表 1 中各序号代表的毒株一致。
Note: Top right is homology results of nucleotide sequence, bottom left is homology results of amino acid sequence. Number 1—32 in table 2 is serial number of strains and consistent with serial number of strains in table 1.

非洲东部的肯尼亚和乌干达各 1 个毒株构成 1 个分支(Ⅲ);亚洲 18 个毒株、非洲东北部埃塞俄比亚 2010 年 1 个毒株和非洲西北部摩洛哥 2 个毒株构成 1 个分支(Ⅳ)。F 基因系统进化树显示,埃塞俄比亚和塞内加尔不同年代的毒株被划分到不同的分支;2013 年中国新疆伊犁地区毒株与中国西藏毒株和 2014 年 PPP 疫情中国其他毒株被划分在同一个大分支(Ⅳ),但 2013—2014 年毒株与中国西藏毒株被划分为 2 个不同的小分支,与孟加拉国 2010 年毒株系统进化关系最近。

2.2 中国新疆 PPRV F 蛋白氨基酸序列分析

对不同时空分布的 32 个 PPRV F 蛋白全序进行氨基酸同源性分析,结果显示,2013 年中国新疆伊犁地区 PPRV 株 China/XJYL/2013 F 蛋白与 2014 年 PPP 疫情大流行中国河南和北京 PPRV 毒株 F 蛋白氨基酸同源性最高,达到 99.8%~100%;与中国西藏阿里地区 and 那曲地区 3 个 PPRV 毒株 F 蛋白氨基酸同源性为 98.7%~98.9%;与中国疫苗株 Nigeria/75/1 F 蛋白氨基酸同源性为 96.7%;与科特迪瓦 1989 年毒株 ICV89 氨基酸同源性最低,与国外毒株氨基酸同源性最高为印度 1994 年 Izatnagar-94 株、1996 年 Sungri/96 株和 2003 年 Jhansi/2003 株,同源性均为 99.1%;中国毒株与其他国家毒株氨基酸同源性为 94.0%~99.3%(表 2 左下)。

3 讨论

3.1 2014 年中国 PPR 疫情来源分析

通过对 F 基因核苷酸序列进行遗传演化分析^[1],可反映出 PPRV 更多的以时间为轴地演化过程,从而为该病毒在不同地理区域间的传播途径提供线索^[12]。研究者们用 PPRV F 基因部分核苷酸序列进行分析,将不同来源的 PPRV 毒株划分为 4 系,其中,Ⅰ系由塞内加尔和尼日利亚的毒株组成,Ⅱ系由几内亚和科特迪瓦的毒株组成,Ⅲ系包括埃塞俄比亚、也门、苏丹以及 1 株 1992 年分离自印度南部的毒株,Ⅳ系均为亚洲毒株^[16]。

本研究采用 PPRV F 基因全序列进行系统进化分析,将 GenBank 数据库的 32 个 PPRV 流行株 F 基因全序列进行分系,结果显示,新疆 China/XJYL/2013 株与西藏 3 个毒株均划分为 Ⅳ系,与前人报道相符^[12,17]。但是,中国 2014 年 PPP 疫情中的 PPRV 毒株与早前中国西藏毒株

未划分在同一个小分支,且基因序列也有差异。由于 2010—2013 年 11 月中国未发生过小反刍兽疫疫情;同时,考虑新疆少数民族生活习惯及消费羊产品的群体、新疆丰富的野生小反刍兽资源、新疆的地理位置和国家对新疆大力发展养羊业的政策等导致羊只流动频繁、接触性大等因素,分析得出,2014 年 PPP 疫情为西藏疫情的延续或者是西藏毒株为适应中国环境和易感动物而发生一些基因变异的可能性极小。

另外,China/XJYL/2013 株与国外毒株中的 2010 年孟加拉国毒株遗传演化关系最近,这与王志亮等^[17]报道不一致,可能与该文献 PPRV 进化分析中采用的是 F 基因的部分序列有关,采用具有代表性基因的全序列分析遗传发生关系,可能更具代表性;若能结合宿主、发生时间和地点进行分析则更有意义。

F 蛋白氨基酸同源性分析显示,2013 年中国新疆 PPRV 毒株 F 蛋白与 2014 年 PPR 疫情大流行中国其他毒株氨基酸同源性最高,与之前中国西藏毒株氨基酸同源性也较高,与国外毒株氨基酸同源性最高为印度不同年代的 3 个毒株,且同源性高于其与中国西藏毒株的同源性。F 蛋白氨基酸同源性比对结果与核苷酸比对结果相似。

综合分析,此次 PPR 大流行疫情可能是周边国家毒株的跨境传入。至于更全面更准确的结果,有待于不同时空分布的更多 PPRV 毒株 F 基因全序列的报道。

3.2 国外 PPR 疫情特征

本研究显示,Ⅰ系和Ⅱ系毒株分类与前人报道相符^[1,16];Ⅲ系为亚洲邻国阿联酋和阿曼各 1 个毒株、非洲东北部埃塞俄比亚 1994 年 1 个毒株、非洲东部的肯尼亚和乌干达各 1 个毒株构成;Ⅳ系包括 21 个毒株,其中 18 个亚洲毒株,1 个非洲东北部和 2 个非洲西北部毒株。由此可知,在系统分类中出现一个地区或一个国家存在多个 PPRV 基因系的情况。若一些国家出现多个基因系毒株或新奇毒株,可能与其在自身进化中受到独特的易感动物、生存环境等的影响有关。

综上所述,周边国家疫情、养殖特点、兽医卫生制度、动物及动物产品生产条件等均对中国畜牧业发展和疫情发生有一定影响,尤其对新疆等周边多国的中国边境地区有明显影响。此外,中国的引种制度、活畜频繁交易而检疫实际操作不严格或不作为等,均可能与中国多种疫情的发生

有至关重要的关系。

4 结 论

2013 年中国新疆伊犁地区 PPRV 株 China/XJYL/2013 F 基因与 2014 年 PPR 疫情大流行中国河南和北京 PPRV 毒株 F 基因核苷酸同源性最高,与肯尼亚 2011 年毒株 KN5/2011 核苷酸同源性最低,与国外毒株核苷酸同源性最高为印度 1994 年 Izatnagar-94 株。2013 年中国新疆伊犁地区毒株属于 IV 系毒株,该毒株可能是由周边国家传入。

参考文献 Reference:

- [1] BALAMURUGAN V, SEN A, VENKATESAN G, *et al.* Peste des petits ruminants virus detected in tissues from an Asiatic lion (*Panthera Leo Persica*) belongs to Asian lineage iv[J]. *Journal of Veterinary Science*, 2012, 13(2): 203-206.
- [2] 刘永宏,曹胜波,赵 丽,等.中国小反刍兽疫疫情分析[J].西北农业学报,2014,23(9):19-26.
LIU Y H, CAO SH B, ZHAO L, *et al.* Analysis of epidemic Chinese Peste des Petits Ruminants[J]. *Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica*, 2014, 23(9): 19-26 (in Chinese with English abstract).
- [3] GARGADENNEC L, LALANNE A. La peste des petits ruminants[J]. *Bulletin des Services Zoo Technique et des Epizootie de l'Afrique Occidentale Franfaise*, 1942, 5: 16-21.
- [4] 罗 静,何宏轩.小反刍兽疫病毒的分子生物学特性及其在全球的流行[J].河北师范大学学报(自然科学版),2009,3(4):533-540.
LUO J, HE H X. The molecular biological characterization of peste des petits ruminants virus and its prevalence in the world [J]. *Journal of Hebei Normal University (Natural Science Edition)*, 2009, 3(4): 533-540 (in Chinese with English abstract).
- [5] 蒋 梅,杨仕标,张念祖.小反刍兽疫的流行趋势与防控[J].动物医学进展,2007,28(S1):88-91.
JIANG M, YANG SH B, ZHANG N Z. Epidemic trend and control of peste des petits ruminants[J]. *Progress in Veterinary Medicine*, 2007, 28(S1): 88-91 (in Chinese).
- [6] BAO J, LI L, WANG Z, *et al.* Development of one-step real-time RT-PCR assay for detection and quantitation of peste des petits ruminants virus [J]. *Journal of Virological Methods*, 2008, 148(1-2): 232-236.
- [7] 次仁罗布.西藏阿里地区小反刍兽疫的流行情况与综合防控[J].山东畜牧兽医,2013,5(34):44-45.
CIRLB. The epidemic situation and comprehensive prevention and control of Tibet Ali region of peste des petits ruminants[J]. *Shandong Journal of Animal Science and Veterinary Medicine*, 2013, 5(34): 44-45 (in Chinese).
- [8] WANG Z, BAO J, WU X, *et al.* Peste des petits ruminants virus in Tibet, China[J]. *Emerging Infectious Diseases*, 2009, 15(2): 299-301.
- [9] 王乐元,次 真,吴国珍,等.中国西藏小反刍兽疫的发生状况与防控[J].畜牧兽医学报,2011,42(5):717-720.
WANG L Y, TSED, WU G ZH, *et al.* Occurrence and control strategy of peste des petits ruminants in Tibet Autonomous region of China[J]. *Chinese Journal of Animal and Veterinary Sciences*, 2011, 42(5): 717-720 (in Chinese with English abstract).
- [10] 刘永宏,赵 丽,曹胜波,等.小反刍兽疫在中国的流行趋势及应对措施[J].动物医学进展,2015,36(1):110-113.
LIU Y H, ZHAO L, CAO SH B, *et al.* Popular trends and countermeasures of peste des petits ruminants in China [J]. *Progress in Veterinary Medicine*, 2015, 36(1): 110-113 (in Chinese with English abstract).
- [11] WU X, LI L, LI J, *et al.* Peste des petits ruminants viruses re-emerging in China, 2013-2014 [J]. *Transboundary & Emerging Diseases*, 2015.
- [12] 包静月,王志亮,李 林,等.我国西藏小反刍兽疫病毒 China/Tib/Gej/07-30 核衣壳蛋白基因和基因组启动子区的分子特征分析[J].病毒学报,2008,24(6):464-471.
BAO J Y, WANG ZH L, LI L, *et al.* Sequence analysis of the nucleocapsid gene and genome promoter region of peste des petits ruminants virus of Chinese origin [J]. *Chinese Journal of Virology*, 2008, 24(6): 464-471 (in Chinese with English abstract).
- [13] 包静月,李 林,王志亮,等.一步法实时定量 RT-PCR 检测小反刍兽疫病毒方法的建立[J].中国动物检疫,2007,24(8):27-29.
BAO J Y, LI L, WANG ZH L, *et al.* One-step real-time quantitative reverse transcriptase PCR (qRT-PCR) for the detection of peste des petits ruminants virus [J]. *Chinese Journal of Animal Health Inspection*, 2007, 24(8): 27-29 (in Chinese with English abstract).
- [14] BAILEY D, BANYARD A, DASH P, *et al.* Full genome sequence of peste des petits ruminants virus, a member of the Morbillivirus genus [J]. *Virus Research*, 2005, 110(1/2): 119-124.
- [15] BAO J Y, WANG Q H, ZHANG Y Q, *et al.* Complete genome sequence of a novel variant strain of peste des petits ruminants virus, China/XJYL/2013 [J]. *Genome Announcements*, 2014, 2(5): 1-2.
- [16] SHAILA M S, SHAMAKI D, FORSYTH M A, *et al.* Geographic distribution and epidemiology of peste des petits ruminants virus [J]. *Virus Research*, 1996, 43(2): 149-153.
- [17] 王志亮,包静月,吴晓东,等.我国首例小反刍兽疫诊断报告[J].中国动物检疫,2007,24(8):24-26.
WANG ZH L, BAO J Y, WU X D, *et al.* Diagnosis of the first outbreak of peste des petits ruminants in Tibet [J]. *Chinese Journal of Animal Health Inspection*, 2007, 24(8): 24-26 (in Chinese).

Sequence Analysis of *F* Gene of Peste Des Petits Ruminants in Xinjiang

MA Hailu¹, LIU Yonghong¹, ZHAO Li¹, CAO Shengbo², LIU Xuefeng³,
WANG Haiguo⁴, LI Yueyang¹, MA Shiqiang¹, JIANG Xiumei¹, ZHANG Baojun¹,
Sayifujiaama Kayisaer¹, Nuerguli Tuergong¹, LIAO Qiuping¹ and JIAO Haihong¹

(1. College of Animal Science, Tarim University, Key Laboratory of Tarim Animal Husbandry Science and Technology of Xinjiang Production & Construction Corps, Alar Xinjiang 843300, China; 2. College of Veterinary Medicine, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China; 3. The 1st Pasturage Farm, Agricultural Division 14 of Xinjiang Production and Construction Corps, Hetian Xinjiang 848306, China; 4. Hongqi Farm Production Department, Third Divisions, Xinjiang Production and Construction Corps, Artush Xinjiang 845350, China)

Abstract In order to analyze the molecular evolution characteristic of peste des petits ruminants virus (PPRV) and the epidemic disseminated route in Xinjiang. We downloaded the complete sequences of *F* gene of PPRV from GenBank of all the countries in the world. We used DNASTar software and combined it with spatial and temporal distribution of strains from NCBI to analyze its sequence. The results showed that the nucleotide homology of Xinjiang strain was the highest with the epidemic strain-sof other places in China, the nucleotide homology with Tibet strain which was epidemic before, and with Chinese vaccine strain used were 97.7% and 92.9% respectively. The nucleotide homology with Kenya strain was the lowest, with India strain was the highest among foreign strains. The phylogenetic analysis of *F* gene showed that Xinjiang strain belongs to the gene series IV. The amino acid homology of *F* protein was consistent nearly with the nucleotide homology, but was the lowest with ICV89 strain from Ivory Coast. There are certain variation in the PPRV strain, it may be introduced into the neighboring countries.

Key words China; Xinjiang; PPR; *F* gene

Received 2015-07-30

Returned 2015-11-20

Foundation item College Students Innovation and Entrepreneurship Training Program of China (No. 201510757011); College Students Innovation Program of College of Animal Science, Tarim University (No. DKY2014004, No. DKY2014009); Joint Fund Project of Huangzhou Agricultural University and Tarim University (No. HNTDLH1404).

First author MA Hailu, male, undergraduate student. Research area: infectious diseases and immune pathology. E-mail: 420723205@qq.com

Corresponding author LIU Yonghong, male, associate professor. Research area: infectious diseases and immune pathology. E-mail: lyhdky@126.com

ZHAO Li, female, Ph. D, associate professor. Research area: parasitic diseases and immune pathology. E-mail: zhaolidky@126.com

(责任编辑:郭柏寿 Responsible editor: GUO Baishou)