

无栏目

猪瘟病毒流行株与疫苗株E~(rns)基因的序列分析

@王琴\$中国兽医药品监察所/农业部兽药创

@王琴\$中国兽医药品监察所/农业部兽药创新与生物安全评价重点实验室!北京100081 @宁宜宝\$中国兽医药品监察所/农业部兽药创新与生物安全评价重点实验室!北京100081 @王在时\$中国兽医药品监察所/农业部兽药创新与生物安全评价重点实验室!北京100081 @宋立\$中国兽医药品监察所/农业部兽药创新与生物安全评价重点实验室!北京100081 @赵耘\$中国兽医药品监察所/农业部兽药创新与生物安全评价重点实验室!北京100081 @陈振海\$中国兽医药品监察所/农业部兽药创新与生物安全评价重点实验

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 采用RT-PCR技术扩增了HCV 10个野毒株、4批不同厂家生产的兔化弱毒疫苗株和1个标准SM株Erns基因的cDNA片段并对其进行了序列测定。应用DNASTar序列分析软件对所测的15个HCV毒株与国内外6个参考毒株Alfort、Ald、Brescia、Gpe、C、CW株的相应片段进行了同源性比较分析。15株HCV Erns基因长度均为696 bp,其核苷酸及氨基酸的同源性分别为83.0%~100.0%和87.9%~100.0%。系统发生分析可将这些毒株分为I和II两大基因群及4个亚群,Erns基因与E2、

关键词 [猪瘟病毒,Erns基因,序列分析](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: @王琴\$中国兽医药品监察所/农业部兽药创

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#)(0KB)

▶ [\[HTML全文\]](#)(0KB)

▶ [参考文献\[PDF\]](#)

▶ [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](#)

相关信息

▶ [本刊中 包含“猪瘟病毒,Erns基因,序列分析”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [@王琴\\$中国兽医药品监察所/农业部兽药创](#)