

# 云南省 2007—2009 年流行性腮腺炎病毒 SH 和 HN 基因的遗传特征分析

马绍辉 施海晶 何春艳 陈俊英 杨卉娟 孙强明

**【摘要】** 目的 分析 2007—2009 年云南省腮腺炎病毒 (MuV) 分离株的 SH 和 HN 遗传特征。方法 采用反转录-聚合酶链反应从 Vero 细胞分离的病毒株基因组中扩增出 SH 基因和 HN 基因, 测序后用 Mega 4.1 软件分析其遗传特征。结果 云南省分离 14 株 MuV 的 SH 基因其核苷酸和氨基酸同源率为 98.3%~100.0% 和 96.5%~100.0%, 与其他省份比较其同源率为 92.6%~99.4% 和 87.7%~100.0%, 其中 Wsh1 和 Wsh2 与其他 F 基因型差异较大; 与疫苗株同源率为 84.5%~85.1% 和 77.2%; 与其他基因型同源率为 83.4%~90.9% 和 70.1%~86.0%。6 株 MuV 分离株的 HN 基因与核苷酸和氨基酸同源率分别为 99.3%~99.5% 和 99.1%~99.7%; 与中国分离株 SP 株的核苷酸和氨基酸同源率均为 99.8%; 与其他基因型同源率为 94.7%~96.8% 和 95.5%~99.1%; 与疫苗株的同源率为 92.4%~93.2% 和 95.5%~96.4%。结论 2007—2009 年云南省流行的 MuV 均为 F 基因型; 其 HN 基因比 SH 基因保守。

**【关键词】** 腮腺炎病毒; F 基因型; SH 基因; HN 基因

**Genetic characteristics on the small hydrophobic protein and hemagglutinin-neuraminidase genes of mumps virus in Yunnan province, China from 2007 to 2009** MA Shao-hui, SHI Hai-jing, HE Chun-yan, CHEN Jun-ying, YANG Hui-juan, SUN Qian-ming. Institute of Medical Biology, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College, Kunming 650118, China  
Corresponding author: MA Shao-hui, Email: shaohuima70@hotmail.com

This work was supported by a grant from Basic Research Foundation (General Program) of Yunnan Province (No. 2008CD153).

**【Abstract】** Objective To analyze genetic characterization of the small hydrophobic and hemagglutinin-neuraminidase genes of mumps virus (MuV) isolated in Yunnan province, China from 2007 to 2009. Methods Fourteen MuV strains were isolated in Yunnan, China from 2007 to 2009. Using RT-PCR, the SH gene fragments contained 316 nucleotides in all strains and HN gene of six strains were sequenced. The sequences were aligned with other mumps virus sequences downloaded from GenBank using Mega 4.1 software. Results Fourteen isolated strains were closely related to other reference strains of F genotypes. In SH gene, the homology of nucleotide and amino acid among the fourteen isolated strains were 98.3%–100.0% and 96.5%–100.0%, respectively, and 92.6%–99.4% and 87.7%–100.0% of homology when compared with that of strains isolated from other provinces in China, respectively. Wsh1 and Wsh2 strains had less homology when compared to other strains of F genotypes. The fourteen strains had homology of 84.5%–85.1% and 77.2% compared to vaccine strains on nucleotide and amino acid, respectively, and had homology of 83.4%–90.9% and 70.1%–86.0% compared to that of other genotypes. In HN gene, the homology of nucleotide and amino acid among the six isolated strains were 99.3%–99.5% and 99.1%–99.7%, respectively, and also 99.8% and 99.8% of homology respectively when compared to the SP strain in China. All the six strains had homology of 92.4%–93.2% and 95.5%–96.4% when compared to the vaccine strains on nucleotide and amino acid, respectively, and had homology of 94.7%–96.8% and 95.5%–99.1% compared to other genotypes. Conclusion Fourteen strains isolated in Yunnan from 2007 to 2009 belonged to F genotype of MuV while the HN gene seemed more conservative than SH gene.

**【Key words】** Mumps virus; F genotype; SH gene; HN gene

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2011.04.011

基金项目: 云南省基础研究面上项目(2008CD153)

作者单位: 650118 昆明, 中国医学科学院北京协和医学院医学生物学研究所

通信作者: 马绍辉, Email: shaohuima70@hotmail.com

腮腺炎病毒(MuV)是引起急性呼吸道传染病流行性腮腺炎的病原。MuV 属于副粘病毒科,其基因组为一负链、不分节段的单链 RNA,其排列顺序为:3' N-P/V/I-M-F-SH-HN-L 5',分别对应核壳蛋白(N)、磷蛋白(P)、基质蛋白(M)、融合蛋白(F)、小疏水蛋白(SH)、血凝素-神经氨酸酶(HN)和大蛋白(L)。其中HN是抗MuV感染的主要抗原位点,与受体结合,神经氨酸酶活性和提高F蛋白功能有关;SH的变异最大,其基因的功能尚未完全清楚,目前推测在阻止宿主细胞的信号传导如TNF-α的信号传导途径上有重要的作用<sup>[1]</sup>。基于SH基因的系统进化分析将MuV株分为A~M 13个基因型,各型病毒之间SH基因序列的差异>8%,而其他基因变化不大<sup>[2,3]</sup>。

已有资料显示<sup>[4]</sup>,中国大部分地区MuV的主要流行株为F基因型,而目前作为西南地区的云南省至今缺乏相应的资料。为此,本研究对2007—2009年度云南省暴发流行性或散发的腮腺炎人群分离到MuV的SH基因序列和部分HN基因序列分析,并与GenBank中已有的MuV SH和HN基因序列比对,了解云南省该病毒的分子流行病学特征及其遗传特性。

材料与方 法

1. 材料:小牛血清和DMEM为Sigma产品;Qiamp Viral RNA Mini Kit为Qiagen产品;RT-PCR试剂盒为大连宝生物产品;引物为上海生工生物工程有限公司合成。

2. 标本采集:分别于2007—2009年在云南省昭通、红河、玉溪、临沧、昆明、曲靖和楚雄市等地采集流行性腮腺炎暴发点或散发病例52份口漱液标本,在-20℃冰箱保存。

3. 病毒分离:腮腺炎患儿口漱液标本经除菌过滤,将其分别接种Vero细胞,37℃吸附30min,加入含5%小牛血清的DMEM培养液,37℃培养并观察细胞病变(CPE),出现者为阳性,保存于-70℃冰箱。未出现CPE的标本,盲传2代,仍未出现CPE者为阴性。

4. 病毒RNA提取:病毒RNA的提取按Qiamp Viral RNA Mini Kit说明书进行,病毒经裂解后加入Qiamp吸附柱中,经数次离心洗涤后加入AVE洗脱缓冲液,室温放置1min,8000r/min离心1min。收集洗脱的RNA,-20℃贮存。

5. 测序和基因扩增:参考文献[5-7]方法,并根据参考株SP(DQ649478)株,引物设计:SH3:5'-ATG ATC TCA TCA GGT AC-3'(6143~6159),

SH4:5'-TCC TAA GTT TGT TCT GG-3'(6555~6539);HN1:GTT TCG ATC ACT CAC TCT AGA(6422~6442),HN2:TAC ATT ATG GGT ATA GCA CCT(7184~7204),HN3:TTC TCT ATC GGC CAT CCA CT(7082~7101),HN4:GCT CGC AAT TTG TAA CTA GG(7793~7774),HN5:TTC AGG ACC ACA ACA AGA(7663~7683),HN6:GTA CTT CGG GTA GGA GTA TC(8474~8455)。

采用反转录-聚合酶链反应(RT-PCR)扩增SH基因和其旁侧区及HN基因的相应的核苷酸片段,扩增后产物经1%琼脂糖凝胶电泳鉴定,纯化后经标记反应在ABI公司的3100测序仪上自动完成序列测定。

6. 序列分析:用Mega 4.1软件对分离的MuV流行株和33株MuV参考株的SH基因和部分分离株的HN基因做序列处理和分析(表1)。

表1 本研究中MuV核酸序列的基因登录号

分离株	SH	HN	国家	分离年份
MuVs-CHN04-4B060742-F	EU780218	-	中国	2004
MuVs-CHN04-4B050505-F	EU780217	-	中国	2004
Wlz1	Z77158	-	中国	1995
Wsh1	Z77160	-	中国	1995
Wsh2	z81005	-	中国	1996
Wsh3	U80435	-	中国	1995
Wlz2	Z77161	-	中国	1996
Wlz3	Z77159	-	中国	1995
SP	DQ649478	DQ649478	中国	2005
Zhejiang06-30-10	EF102880	-	中国	2006
Zhejiang06-26-09	EF102877	-	中国	2006
JL2	AF345290	AF345290	美国	1963
JL5	AF338106	AF338106	美国	1963
87 1004	AF314560	AF314560	加拿大	1987
Lit-1023	AY039721	AY502060	立陶宛	1999
Lit-976	AY039730	AY502059	立陶宛	1999
ZgA-Cro69	AY376447	AY376470	克罗地亚	1969
Kent1-3UK97	AF142767	-	英国	1997
Gloucl-UK96	AF280799	AF280799	英国	1996
Du-CRO05	DQ139784	DQ139783	克罗地亚	2005
88-1961	AF467767	AF467767	美国	1988
MP-93-N	AB003415	AB003415	日本	1993
MP-94-H	AB003417	AB003417	日本	1994
KN991092	AF528342	AF528330	韩国	1999
Dae981134	AF528340	-	韩国	1998
Edinburgh2	X63711	-	英国	1992
Edinburgh6	X63712	-	英国	1992
Tokyo S-III-10-JPN.01	AB105480	-	日本	2001
Tokyo M-50-JPN.00	DQ136174	-	日本	2000
Minsk.Belarus/10.02	DQ136175	-	白俄罗斯	2002
Phang-nga.THA-4.08-5	EU497656	-	泰国	2008
DK-83-07	AF365919	-	丹麦	2007
TK087-Ja97	AB056147	-	日本	1997

### 结 果

1. RT-PCR 及测序: 52 份标本中有 20 份阳性, 将其细胞培养液提取相应的病毒 RNA, 将病毒 RNA 用 SH3 和 SH4 引物经 RT-PCR 扩增, 1% 琼脂糖凝胶电泳检测后有 14 份标本扩增出特异性 PCR 产物, 长度约为 397 bp, 并以引物 SH3 进行 DNA 测序。测序结果通过 NCBI BLAST 比对, 确定有 14 份为 MuV, 将其 SH 基因序列登录 GenBank, 获得基因登录号分别为: HQ199874~HQ199887。对部分分离株 (cx-15-07、M3-08、yl-2-09、yx-2-09、zt-15-08 和 qj-10-08) 的 HN 基因扩增, 同样获得 3 段产物 1282 bp、711 bp 和 812 bp, 并测序, 处理序列并获得基因登录号 HQ693821~HQ693826。

2. 种系进化分析: 利用 Mega 4.1 软件对所获得的 14 株 MuV 和 GenBank 中的 33 株 MuV 的 SH 基因, 选用 Neighbor-joining 方法进行种系进化分析。结果显示: 14 株 MuV 在亲缘关系树上与目前 MuV F 基因型参考株最为接近, 在亲缘关系树形成一个独立分支, 而早期分离株 (1995 年分离) Wsh1 和 Wsh2 与其他 F 基因型 MuV 又独立成为另一支 (图 1)。

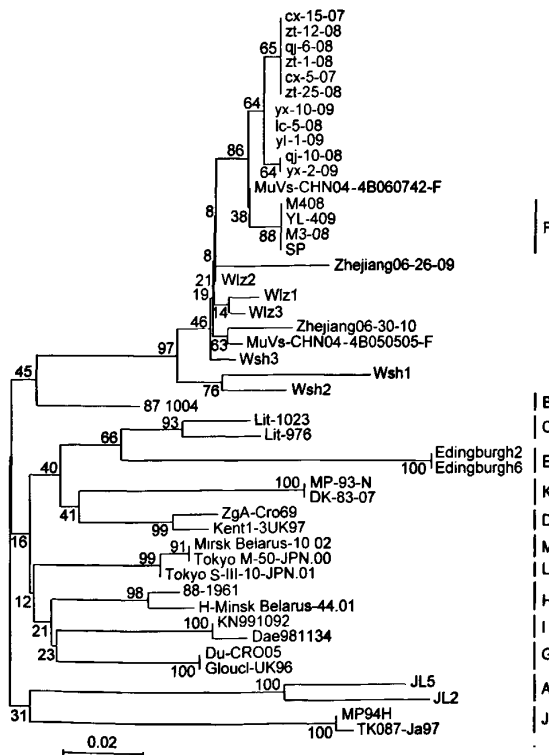


图 1 MuV F 基因型系统进化图

另外, 对 5 株 MuV 分离株和 GenBank 中 13 株

MuV 的 HN 基因, 用同样方法进行种系进化分析发现 (图 2), 5 株 MuV 分离株与 SP 株最为接近, 形成一个独立分支; 与基于 SH 种系进化分析的结果相类似。以上结果提示在云南省目前流行的 MuV 同属 F 基因型, 且基于 SH 和 HN 基因的 MuV 种系进化分析结果类似。

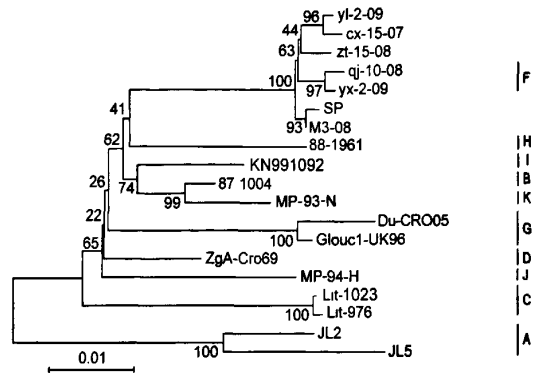


图 2 MuV 基于 HN 基因的系统进化图

3. SH 和 HN 核苷酸序列同源性分析: 对 2007—2009 年云南省获得的 14 株 MuV 和 33 株参考株的 SH 基因 316 个核苷酸片段分析。结果显示 (表 2): 14 株 MuV 核苷酸的同源性为 98.3%~100.0%, 与其他省份的同源性为 92.6%~99.4%, 其中与 Wsh1 和 Wsh2 分别为 92.6% 和 94.3%; 与疫苗株 (JL2 和 JL5) 同源性均为 77.2%; 与其他基因型同源性为 83.4%~90.9%, 其中 Tokyo S-III-10-JPN.01 和 Kent1-3UK97 最高, MP-93-N 为最低。按照不同基因型间 SH 基因的差异 > 8%, 型内差异为 2%~4%<sup>[8]</sup>, 说明云南省目前流行的 MuV 与其他省流行的 MuV 属相同的基因型。另外, 与其他基因型的参考株比对, F 基因型在 MuV 株 SH 基因上出现不同于其他基因型的突变 [A(G)<sub>15</sub>→C<sub>15</sub>, T<sub>55</sub>→C<sub>55</sub>, A<sub>87</sub>→G<sub>87</sub> 和 T<sub>142</sub>→C<sub>142</sub>] (数据未显示)。

对 6 株分离株和 13 株参考株的 HN 基因的 1740 个核苷酸片段分析表明 (表 3): 6 株 MuV 分离株之间的 HN 基因核苷酸同源性为 99.3%~99.5%; 与我国分离株 SP 株的 HN 基因核苷酸为 99.8%; 与其他基因型同源性为 94.7%~96.8%; 与疫苗株核苷酸的同源性为 92.4%~93.2%。

4. SH 和 HN 氨基酸序列同源性分析: 对 2007—2009 年云南省所获得的 14 株 MuV 和 33 株参考株的 SH 基因 57 个氨基酸分析。结果显示 (表 2): 14 株 MuV 的氨基酸同源性为 96.5%~100.0%, 与其他省份的同源性为 87.7%~100.0%, 其中 Wsh1 最低

表 2 MuV 分离株 M3-08 与其他分离株 SH 基因的核苷酸和氨基酸同源性(%)分析

分离株	SH	分离株	SH
MuVs-CHN04-4B060742-F	99.4(100.0)	M4-08	100.0(100.0)
MuVs-CHN04-4B050505-F	98.3(96.5)	JL2	85.1(77.2)
Wlz1	97.7(94.7)	JL5	84.6(77.2)
Wsh1	92.6(87.7)	Du-CRO05	88.6(82.5)
Wsh2	94.3(89.5)	88-1961	90.3(82.5)
Wsh3	98.3(96.5)	MP-93-N	83.4(70.1)
Wlz2	98.9(98.2)	MP-94-H	85.1(71.9)
Wlz3	97.7(94.7)	KN991092	89.7(82.5)
SP	100.0(100.0)	Dae981134	89.1(80.7)
Zhejiang06-30-10	96.6(94.7)	Edinburgh2	85.1(73.7)
Zhejiang06-26-09	97.7(94.7)	Edinburgh6	85.1(73.7)
cx-15-07	98.3(96.5)	Tokyo S-III-10-JPN.01	90.9(80.7)
cx-5-07	98.3(96.5)	Tokyo M-50-JPN.00	90.3(80.7)
yl-1-09	98.9(98.2)	Minsk.Belarus/10.02	90.3(80.7)
yl-4-09	99.8(100.0)	Phang-nga.THA-4.08-5	85.7(77.2)
zt-1-08	98.3(96.5)	DK-83-07	85.7(77.2)
zt-12-08	98.3(96.5)	TK087 Ja97	84.6(70.2)
zt-25-08	98.3(96.5)	87 1004	89.7(86.0)
yx-10-09	98.9(98.2)	Lit-1023	89.7(82.5)
yx-2-09	98.3(96.5)	Lit-976	89.7(82.5)
qj-10-09	98.3(96.5)	ZgA-Cro69	89.7(77.2)
qj-6-09	98.3(96.5)	Kent1-3UK97	90.9(78.9)
lc-5-08	98.9(98.2)	Gloucl-UK96	88.6(82.5)

注:括号内外数据分别为氨基酸和核苷酸同源性(%)

(Wsh2 为 89.5%) ; 与疫苗株的同源性为 77.2% ~ 77.5%; 与其他基因型同源性为 70.1% ~ 86.0%, 其中 87 1004 最高, MP-93-N 为最低。另外, 本研究的 F 基因型(包括云南省分离株 MuV) 与其他基因型的参考株比对(图 3), F 基因型病毒株在 SH 基因编码的氨基酸序列上出现不同于其他基因型的突变 [Q<sub>5</sub>→H<sub>5</sub>, S(Y, C)<sub>19</sub>→H<sub>19</sub>, 和 I(V, L, T)<sub>29</sub>→M<sub>29</sub>]。

对 6 株 MuV 分离株和 13 株参考株的 HN 基因的 583 个氨基酸分析发现(表 3): 6 株 MuV 分离株之间的 HN 基因氨基酸同源性为 99.1% ~ 99.7%; 与我国分离株 SP 株的 HN 基因氨基酸同源性为 99.8%; 与其他基因型的同源性为 95.5% ~ 99.1%; 与疫苗株同源性为 95.5% ~ 96.4%。从以上分析发现, HN 基因比 SH 基因保守。

### 讨 论

MuV 作为 RNA 病毒, 其 RNA 聚合酶无修正功能, 核苷酸的替代突变率为 10<sup>-3</sup> ~ 10<sup>-4</sup> 位点/年<sup>[9]</sup>, 对 F 基因型 MuV, 基于 SH 基因的突变率为 1.86 × 10<sup>-2</sup><sup>[10]</sup>。目前资料显示 MuV 疫苗株和野毒株间存在重组现象<sup>[11]</sup>。因此, 对 MuV 监测有利于了解病毒的变异,

表 3 MuV 分离株 M3-08 与其他分离株 HN 基因的核苷酸和氨基酸同源性(%)分析

分离株	HA
87 1004	96.8(98.5)
88-1961	96.0(97.9)
ZgA-Cro69	96.6(99.3)
Du-CRO05	94.7(97.3)
KN991092	96.5(99.1)
Gloucl-UK96	95.4(98.3)
Lit-1023	95.0(97.8)
Lit-976	94.9(97.4)
MP-93-N	96.1(98.1)
MP-94-H	95.5(98.5)
JL2	93.2(96.4)
JL5	92.4(95.5)
SP	99.8(99.8)
cx-15-07	99.3(99.1)
yl-2-09	99.4(99.7)
yx-2-09	99.4(99.3)
zt-15-08	99.5(99.5)
qj-10-08	99.5(99.4)

注:同表 2

并对传播途径、疫苗使用效果和疫苗选择等有重要意义。

MuV 各基因型存在明显的地域分布特性<sup>[12]</sup>。C-E、G、H 基因型主要出现在西半球, 而 B、F、I、L 基因型则主要出现在亚洲。并且在同一个国家或地区, 几种 MuV 基因型可同时存在, 而且不同阶段可出现不同的 MuV 基因型: 如在瑞典, 1970-1980 年为 A 和 D 型, 1983-1985 年为 C 和 D 型, 1985 到现在为 A 型; 在英国, 1975-1988 年 C 型为主要流行株, 随后在 1989-1998 年为 C、D、H 和 G 型; 日本 1967-1989 年为 B 型, 1993-1998 年出现 D 型, 1999 年以后 G 型为主要流行株<sup>[13]</sup>。

本研究通过对云南省部分地区 MuV SH 基因分析未发现其他基因型, 这提示 MuV F 基因型将继续在云南省流行。同时也发现所分离到 MuV 各株序列以及与其他 F 基因型之间存在差异, 说明相同基因型中也存在一定地域分布特性, 如在同一地区获得的分离株 M3-08、M4-08 和 SP 具有相同的同源性, 且随着时间的推移, 我国流行的 MuV 发生了一定程度的变异。

腮腺炎减毒活疫苗自 20 世纪 60 年代末开始使用以来, 其年发病率虽有大幅度下降, 但每年世界各地包括中国均出现暴发或散发病例。现有资料认为腮腺炎疫苗免疫区域内的暴发是由于 MuV 疫苗单剂量接种效力低和疫苗接种失败所致<sup>[14, 15]</sup>。近年研

究发现:我国使用的 MuV 疫苗 S79 株为 A 基因型,而流行株为 F 基因型<sup>[4,16]</sup>。以前对 SP 株 MuV 研究发现<sup>[16]</sup>: MuV A 基因型和 F 基因型在抗原位点上有明显差异。本研究通过比较云南省不同地区 MuV 分离株的 HN 基因发现,在核苷酸和氨基酸上的同源性均超过 99%,且 3 个中和抗体表位 aa264~288、

329~340 和 352~360 均一致,未发生变异;而与疫苗株的同源性均低于 97%;在 aa264~288 和 352~360 位点存在明显差异(图 4)。说明我国使用的 MuV 疫苗株与流行株存在中和抗体表位差异,这可能是我国腮腺炎继续流行的一个重要原因,但还需要进一步研究。

	I						57
JL5	MPAIQPPLYL	TFLVLILLYL	IITLYVWTIL	TINYKTAVRY	AALYQRSFSR	WGFDJSL	
JL2	.....	.....	.....	.....	.....	.....	.....
871004	.....P	.....S	.....V	.....I	.....S	.....T	.....V
Lit-1023	.....L	.....L	.....V	.....V	.....S	.....T	.....V
KN991092	.....	.....M	.....A	.....I	.....T	.....H	.....G
MP-93-N	.....L	.....L	.....T	.....S	.....T	.....T	.....H
88-1961	.....H	.....L	.....T	.....I	.....T	.....H	.....T
DK-83-07	.....L	.....P	.....L	.....T	.....S	.....T	.....T
Edinburgh2	.....L	.....L	.....M	.....R	.....S	.....L	.....S
Edinburgh6	.....L	.....L	.....M	.....R	.....S	.....L	.....S
H-Minsk.Belarus-44.01	.....H	.....L	.....M	.....R	.....S	.....L	.....S
Dae981134	.....	.....L	.....M	.....A	.....I	.....L	.....T
ZgA-Cro69	.....V	.....S	.....L	.....F	.....V	.....I	.....T
MP-94-H	.....S	.....L	.....V	.....A	.....I	.....A	.....T
Lit-976	.....	.....L	.....L	.....I	.....V	.....I	.....V
Minsk.Belarus-10.02	.....	.....L	.....L	.....C	.....I	.....T	.....E
Du-CRO05	.....	.....L	.....L	.....I	.....T	.....V	.....H
Tokyo M-50-JPN.00	.....	.....L	.....L	.....C	.....I	.....T	.....E
Tokyo S-III-10-JPN.01	.....	.....L	.....L	.....C	.....I	.....T	.....E
TK087-Ja97	.....S	.....L	.....V	.....A	.....I	.....A	.....T
Glouc1-UK96	.....	.....L	.....L	.....I	.....T	.....V	.....H
Kent1-3UK97	.....V	.....S	.....L	.....I	.....I	.....T	.....H
Zhejiang 06-30-10	.....H	.....R	.....L	.....H	.....I	.....I	.....M
Zhejiang 06-26-09	.....H	.....L	.....L	.....H	.....N	.....M	.....I
MuVs-CHN04-4B050505-F	.....H	.....L	.....M	.....H	.....I	.....M	.....T
MuVs-CHN04-4B060742-F	.....H	.....L	.....M	.....H	.....I	.....M	.....T
M4-08	.....H	.....F	.....L	.....H	.....I	.....M	.....T
M3-08	.....H	.....F	.....L	.....H	.....I	.....M	.....T
cx-15-07	.....H	.....F	.....L	.....H	.....I	.....M	.....T
cx-5-07	.....H	.....F	.....L	.....H	.....I	.....M	.....T
qj-10-08	.....H	.....F	.....L	.....H	.....I	.....M	.....T
qi-6-08	.....H	.....F	.....L	.....H	.....I	.....M	.....T
yl-4-09	.....H	.....F	.....L	.....H	.....I	.....M	.....T
yl-1-09	.....H	.....F	.....L	.....H	.....I	.....M	.....T
zt-1-08	.....H	.....F	.....L	.....H	.....I	.....M	.....T
zt-25-08	.....H	.....F	.....L	.....H	.....I	.....M	.....T
zt-12-08	.....H	.....F	.....L	.....H	.....I	.....M	.....T
lc-5-08	.....H	.....F	.....L	.....H	.....I	.....M	.....T
yx-10-09	.....H	.....F	.....L	.....H	.....I	.....M	.....T
yx-2-09	.....H	.....F	.....L	.....H	.....I	.....M	.....T
SP	.....H	.....F	.....L	.....H	.....I	.....M	.....T
Wsh1	.....S	.....H	.....L	.....H	.....I	.....M	.....T
Wlz1	.....S	.....H	.....L	.....H	.....I	.....M	.....T
Wlz2	.....H	.....	.....L	.....H	.....I	.....M	.....T
Wlz3	.....H	.....	.....L	.....H	.....I	.....M	.....T
Wsh2	.....S	.....H	.....L	.....H	.....I	.....M	.....T
Wsh3	.....H	.....	.....L	.....H	.....I	.....M	.....T

图 3 MuV 的 SH 基因氨基酸序列

JL2 (A)	265	TD	288	329	340	352	360
JL5 (A)		DD	YAG	NST	LG	GPP	QEL
871004 (B)		YAG	SP	TL	VK	QEL	DQR
88-1961 (H)		SP	PT	QK	SARE	DQR	
Du-CRO05 (G)		PT	QK	TL			
Glouc1-UK96 (G)		QK	TL	LF			
KN991092 (I)		TL	LF	YND			
MP-94-H (J)		LF	YND	TIK			
ZgA-Cro69 (D)		YND	TIK				
MP-93-N (K)		TIK					
Lit-976 (C)							
Lit-1023 (C)							
SP (F)							
M3-08 (F)							
qj-10-08 (F)							
yl-2-09 (F)							
yx-2-09 (F)							
cx-15-07 (F)							
zt-15-08 (F)							

图 4 云南省 MuV 分离株 3 个中和抗体表位与其他分离株

综上所述,今后除需继续对 MuV 的 SH 基因监测外,还应监测流行株的其他基因特别是具有抗原特性的基因,以确定变异情况以及是否发生重组。

### 参 考 文 献

- [1] Wilson RL, Fuentes SM, Wang P, et al. Function of small hydrophobic proteins of paramyxovirus. *J Virol*, 2006, 80 (4): 1700-1709.
- [2] Santos CLS, Ishida MA, Foster PG, et al. Detection of a new mumps virus genotype during parotitis epidemic of 2006-2007 in the state of Sao Paulo, Brazil. *J Med Virol*, 2008, 80(2): 323-329.
- [3] Wu L, Bai Z, Li Y, et al. Wild type mumps viruses circulating in China establish a new genotype. *Vaccine*, 1998, 16(7): 281-285.
- [4] Cui AL, Zhu Z, Wang CY, et al. Genetic characteristics of mumps virus in China from 2006 to 2008. *Chin J Vaccines Immunizat*, 2009, 15(1): 8-13. (in Chinese)  
崔爱利, 朱贞, 王常银, 等. 中国 2006—2008 年流行性腮腺炎病毒的基因特征分析. *中国疫苗与计划免疫*, 2009, 15(1): 8-13.
- [5] Ma SH, Zhang RS, Liu LD, et al. Sequence analysis of the SH gene and its flanking region of mumps virus isolated strain (SP strain). *J Microbes Infect*, 2006, 1(2): 87-90. (in Chinese)  
马绍辉, 张蓉松, 刘龙丁, 等. 腮腺炎病毒分离株 (SP 株) SH 基因及其旁侧序列的初步分析. *微生物与感染*, 2006, 1(2): 87-90.
- [6] Uchida K, Shinohara M, Shimada S, et al. Characterization of mumps virus isolated in saitama prefecture, Japan, by sequence analysis of the SH gene. *Microbiol Immunol*, 2001, 45 (12): 851-855.
- [7] Ivancic JJ, Santak M, Forcic D. Variability of hemagglutinin-neuraminidase and nucleocapsid protein of vaccine and wild-type mumps virus strains. *Infect Genet Evol*, 2008, 8: 603-613.
- [8] Johansson B, Teclé T, Orvell C, et al. Proposed criteria for classification of new genotypes of mumps virus. *Scand J Infect Dis*, 2002, 34(5): 355-357.
- [9] Laura W, Pomeroy ON, Bjørnstad, et al. The evolutionary and epidemiological dynamics of the paramyxoviridae. *J Mol Evol*, 2008, 66(2): 98-106.
- [10] Cui A, Myers R, Xu W. Analysis of the genetic variability of the mumps SH gene in viruses circulating in the UK between 1996 and 2005. *Infect Genet Evol*, 2009, 9(1): 71-80.
- [11] Zhang W, Liu W. Evidence for recombination between vaccine and wild-type mumps virus strains. *Arch Virol*, 2010, 155 (9): 1493-1496.
- [12] Muhlemann K. The molecular epidemiology of mumps virus. *Infect Genet Evol*, 2004, 4(3): 215-219.
- [13] Akcali A, Yilmaz N, Uyar Y, et al. Genotyping of mumps virus circulating in Turkey in the 2006-2007 winter season. *Arch Virol*, 2009, 154(11): 1807-1812.
- [14] Dayan GH, Quinlisk MP, Parker AA, et al. Recent resurgence of mumps in the United States. *N Engl J Med*, 2008, 358 (15): 1580-1589.
- [15] Schwarz NG, Bernard H, Melnic A, et al. Mumps outbreak in the Republic of Moldova, 2007-2008. *Pediatr Infect Dis J*, 2010, 29 (8): 703-706.
- [16] Ma SH, Liu JS, Shi HJ, et al. Complete nucleotide sequence of a mumps virus SP strain isolated in China. *Viol Sinica*, 2009, 24 (1): 28-36.

(收稿日期: 2010-10-11)

(本文编辑: 张林东)

## · 消息 ·

### 第六届全国中青年流行病学工作者学术会议征文通知

由中华预防医学会流行病学分会主办, 中青年学组承办的“第六届全国中青年流行病学工作者学术会议暨《中华流行病学杂志》创刊 30 周年纪念会”, 拟定于 2011 年 7—8 月在内蒙古举行。这是我国流行病学界又一次难得的学术盛会, 届时同行们将就我国流行病学各领域中的研究成果和进展作广泛交流及深入讨论, 会议将邀请国内外流行病学界知名专家作专题报告。欢迎从事流行病学和疾病预防控制的广大同行踊跃投稿和积极参会。会议有关征文内容通知如下:

1. 征文内容: 流行病学、疾病预防控制领域的科研成果与防治实践经验; 流行病学教学的研究成果与经验交流; 国内外流行病学研究进展等。

2. 征文要求: ①文稿不应涉及版权问题, 未在国内外公开发表; ②论著、综述类文章字数一般不超过 4000 字 (含图表、摘要、参考文献等); ③论著需附中文摘要, 包括目的、方法、结果 (应给出主要数据)、结论四部分; ④作者姓名在文题下按序依次排列, 同时脚注作者单位全称及邮政编码, 如集体署名文章需明确对该文的负责人 (通信作者); ⑤参考文献依《中华流行病学杂志》的稿约格式按引用顺序列于文末; ⑥来稿用 word 软件编辑。务请在全文和摘要首页注册作者姓名、单位、通信地址和邮编、联系电话及 Email。

3. 一律采用电子版投稿。文稿以附件形式发至: [epidemiology7@yahoo.com.cn](mailto:epidemiology7@yahoo.com.cn) 请在电子邮件中注明“全国中青年流行病学会议征文”字样。《中华流行病学杂志》编辑部咨询电话: 010-58900730。

4. 截稿日期: 2011 年 5 月 31 日。