

范金鹏, 石蒙蒙, 李永涛, 等. 2023—2025年河南地区猪流行性腹泻病毒分子流行病学调查 [J]. 畜牧与兽医, 2026, 58 (5): 99–108.

FAN J P, SHI M M, LI Y T, et al. Epidemiological investigation of porcine epidemic diarrhea virus in Henan Province in 2023–2025 [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2026, 58 (5): 99–108.

2023—2025年河南地区猪流行性腹泻病毒分子流行病学调查

范金鹏¹, 石蒙蒙¹, 李永涛¹, 陈陆¹, 张宁^{2,3*}, 于林洋^{1*}

(1. 河南农业大学动物医学院, 河南 郑州 450046;

2. 河南丰源和善农牧股份有限公司, 河南 西平 463900;

3. 河南牧业经济学院, 河南 郑州 450046)

摘要: 为了解目前河南地区猪流行性腹泻病毒 (PEDV) 流行毒株的基因型和流行情况, 于2023年11月到2025年2月期间, 在河南周口、南阳、郑州、许昌、平顶山、濮阳、鹤壁等18个地区的23个中小型猪场共收集62份发生仔猪腹泻的临床肠道、粪便样本, 对样本进行核酸提取后, 采用RT-PCR方法检测样本的PEDV N基因。对PEDV阳性样本的S基因全长进行扩增和测序, 并将所得PEDV S基因全长序列进行构建遗传进化树、核苷酸、氨基酸同源性分析。结果: 62份样本中PEDV阳性样本为38份, 阳性率为61.29%; 38份阳性样本中有19份扩增出S基因全长; 同源性分析显示PEDV S基因全长的核苷酸同源性为93.4%~100%, 氨基酸同源性为80.9%~87.7%, 与G I基因型经典毒株CV777的核苷酸同源性为89.7%~93.3%, 氨基酸同源性为73.1%~75.9%; 与PEDV的近几年流行G II亚型毒株CH-HeN-ZLH-2022核苷酸同源性为94.8%~99.2%, 氨基酸同源性为83.0%~86.5%; 遗传进化树结果显示目前河南地区PEDV流行情况以G II亚型为主, 其中15株为G II a亚型、4株为G II c亚型; 另外, 根据搜集样本的时间来看, 在近期搜集的样本中属于G II c亚型的比例呈现上升趋势, 说明G II c亚型毒株呈现成为优势流行毒株的趋势。本试验通过对现阶段河南省PEDV S基因流行变异情况进行了分析, 为未来河南省PED的疫情防控和疫苗研发提供参考依据。

关键词: 猪流行性腹泻病毒; 河南; S基因; 遗传进化; G II a/G II c

中图分类号: S858.28

文献标志码: A

文章编号: 0529-5130(2026)05-0099-10

Epidemiological investigation of porcine epidemic diarrhea virus in Henan Province in 2023–2025

FAN Jinpeng¹, SHI Mengmeng¹, LI Yongtao¹, CHEN Lu¹, ZHANG Ning^{2,3*}, YU Linyang^{1*}

(1. College of Veterinary Medicine, Henan Agricultural University, Zhengzhou 450046, China;

2. Henan Fengyuan Hepu Agricultural and Animal Husbandry Co., Ltd., Xiping 463900, China;

3. Henan University of Animal Husbandry and Economy, Zhengzhou 450046, China)

Abstract: To understand the genotypes and epidemic status of currently circulating PEDV strains in Henan Province, China, a total of 62 clinical intestinal and fecal samples from diarrheic piglets were collected in the period between November 2023 and February 2025. These samples were collected on 23 small to medium-sized pig farms across 18 regions in Henan, including Zhoukou, Nanyang, Zhengzhou, Xuchang, Pingdingshan, Puyang, Hebi and so on. Following nucleic acid extraction, the samples were screened for PEDV using RT-PCR targeting the N gene. The full-length S gene of the PEDV-positive samples was amplified, sequenced, and subjected to phylogenetic tree construction, as well as nucleotide and amino acid homology analyses. The results showed that 38 out of the 62 samples (61.29%) were PEDV-positive. Among these, the full-length S gene was successfully amplified from 19 samples. The homology analysis showed that the nucleotide sequence identity of the full-length S gene among the strains ranged from 93.4% to 100%, and the amino acid identity ranged from 80.9% to 87.7%. Compared with the classical G I genotype strain CV777, the nucleotide similarity was 89.7%–93.3%, and the amino acid identity was 73.1%–75.9%. In contrast, the strains showed higher nucleotide identity (94.8%–99.2%) and amino acid identity (83.0%–86.5%) with the recently prevalent G II subtype strain CH-HeN-ZLH-2022. The phylogenetic analysis indicated that the pre-

收稿日期: 2025-05-02; 修回日期: 2026-03-09

基金项目: 河南省自然科学基金青年科学基金项目 (252300423606); 国家自然科学基金青年科学基金 (C类) 项目 (32503038); 河南省博士后科研启动基金资助项目 (HN2022124); 校企合作资助项目 (30803350)

第一作者: 范金鹏, 男, 硕士研究生

* 通信作者: 于林洋, 博士, 讲师, 研究方向为猪流行性腹泻病毒 (PEDV)、塞内卡病毒 A 型 (SVA) 的致病分子机制, E-mail: linyan-gyuhenu@163.com; 张宁, 博士, 研究方向为动物病毒学, E-mail: 75964476@qq.com。

dominant circulating strains in the Henan area belonged to the G II subtype, specifically with 15 strains classified as GIIa and 4 as G II c. Furthermore, the temporal analysis of the collected samples exhibited an increasing proportion of the G II c subtype in recent collections, suggesting a potential trend for G II c strains to become the predominant epidemic variant. This study provided an analysis of the current prevalence and variation of the PEDV S gene in Henan Province, offering valuable insights for future PED prevention, control strategies, and vaccine development in the region.

Keywords: porcine epidemic diarrhea virus; Henan Province; S gene; genetic evolution; G II a/G II c

猪流行性腹泻 (porcine epidemic diarrhea, PED) 是由猪流行性腹泻病毒 (porcine epidemic diarrhea virus, PEDV) 引起的以腹泻、呕吐、脱水为特征的肠道传染病^[1]。PED 可感染各年龄段猪只,特别是初生仔猪感染后症状最为严重,且死亡率最高可达 100%^[2]。1970 年首次在英国一农场发现的猪肠道疾病最初被称为流行性病毒性腹泻,直到 1978 年,在比利时暴发流行性病毒性腹泻的猪场分离出首株毒株,并在 1982 年被命名为 PEDV^[3-4]。目前,根据 PEDV 的 S 基因将 PEDV 分为 G I 和 G II 两种基因型,包括 G I a、G I b、G II a、G II b、G II c 5 种亚型,G I 基因型是 PEDV 经典毒株,G II 基因型是 PEDV 经典毒株的变异株,其毒力比 G I 型强^[5-6]。2010 年之前,我国 PEDV 的流行毒株为 G I 基因型,由于其致病性、死亡率低,对养猪业威胁不大,并未受到国内广泛关注。自 2010 年 PEDV G II 基因型变异毒株出现以来,变异毒株引起了大规模猪流行性腹泻疫情,对我国养猪业构成了巨大经济损失^[7]。现有研究表明,经典的 CV777 疫苗不能有效预防当前 PEDV 变异株引起的疫情,导致免疫 CV777 疫苗的猪场仍然暴发 PED^[8]。

PEDV 是单股正链 RNA 病毒,属于冠状病毒科 (Coronaviridae) α 冠状病毒属 (*Alphacoronavirus*),其基因组大小约为 28 kb,包含 5' 和 3' 非翻译区 (UTR) 和 7 个开放阅读框 (ORF),其中 ORFs 包括 5' 端 ORF1a 和 ORF1b,它们编码 2 个复制酶多聚蛋白 (pp1a 和 pp1a/b),其他 5 个 ORFs 分别编码 4 个结构蛋白和 1 个非结构蛋白:即刺突蛋白 (S)、包膜蛋白 (E)、膜蛋白 (M)、核衣壳蛋白 (N) 和辅助蛋白 ORF3^[9-11]。S 蛋白是结构蛋白中最大的蛋白,位于病毒粒子最外层,其主要负责介导病毒进入宿主细胞的膜融合,对诱导宿主产生中和抗体起关键作用^[12-14]。此外,S 蛋白容易发生缺失、突变、插入等变异情况,因此 S 基因常被用于 PEDV 遗传进化分析^[15-16]。

本研究针对河南地区发生仔猪腹泻的临床样本本进行 PEDV N 基因 RT-PCR 鉴定和 PEDV S 基因全长测序,并对 PEDV S 基因全长进行同源性对比和遗传进化分析,以揭示河南地区 PED 最新流行的现状及遗

传进化关系,进一步扩充完善河南地区 PED 流行病学数据库,并为 PED 疫苗的研发提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 样品采集及处理

在河南周口、南阳、郑州、许昌、平顶山、濮阳、鹤壁等 18 地区的 23 个中小型猪场共收集 62 份发生腹泻的仔猪肠道、粪便样本,将样本剪碎后,加入 1 mL PBS 和少量钢珠,使用研磨机研磨 3 次,将研磨后的组织匀浆在 -80 °C 冰箱中反复冻融 3 次后用台式冷冻离心机 10 000 r/min 离心 8 min,取上清液,-80 °C 冻存。

1.2 主要试剂

琼脂糖,购自生工生物工程(上海)股份有限公司;DNA 分子量标准 Marker,购自北京擎科生物科技股份有限公司;绿色荧光核酸染料,购自北京索莱宝科技有限公司;HiScript II 1st Strand cDNA Synthesis Kit (+gDNA wiper) 反转录试剂盒,购自南京诺唯赞生物科技股份有限公司;RNAsimple 总 RNA 提取试剂盒(离心柱型),购自天根生化科技(北京)有限公司。

1.3 引物设计与合成

根据 GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) 公布的 PEDV 变异株序列(登录号 MZ803010.1) 筛选保守设计引物,一共设计 4 对引物,1 对针对 N 基因的检测引物,用来进行 PEDV 阳性检测,另外 3 对引物用于扩增 PEDV S 基因全长。引物由生工生物工程(上海)股份有限公司合成,引物详细信息见表 1。

表 1 PEDV N 基因和 S 基因的引物

引物名称	引物序列 (5'→3')	片段大小/bp
PEDV-N-F	TCAACAGCTTCCCAGCGTAG	550
PEDV-N-R	GCTGCTACGCTATTTTCGCC	
PEDV-S1-F	TGTGATGGGGAGAACGTGTCTAAAG	1 648
PEDV-S1-R	AAACCGAGATGCAAGTATCCAAAC	
PEDV-S2-F	ATCCTCATTTAGCTACCTTCACCA	1 673
PEDV-S2-R	TCAGCGTCAACAACACCAG	
PEDV-S3-F	TGTGCTGGGTGTTTCTGTGTATG	1 699
PEDV-S3-R	ATAAAAGTGGGCAATAAAGAACAAT	

1.4 样本 PEDV N 基因的检测

取处理后的样本上清液，利用 RNAsimple 总 RNA 提取试剂盒（离心柱型）提取样品 RNA。使用 HiScript II 1st Strand cDNA Synthesis Kit (+gDNA wiper) 反转录试剂盒将 RNA 反转录成 cDNA，采用 RT-PCR 方法对获得的 cDNA 进行检测。检测 PCR 采用 50 μL 体系：25 μL 2×Rapid Taq Master Mix Buffer，上、下游引物各 2 μL，ddH₂O 加至 50 μL。反应条件为：95 °C 预变性 3 min；95 °C 变性 15 s，58 °C 退火 45 s，72 °C 延伸 15 s，34 个循环；72 °C 终延伸 10 min；12 °C 冷却。反应结束后，PCR 产物通过 1% 琼脂糖凝胶电泳来检测扩增产物。

1.5 PEDV S 基因的扩增及测序

对 RT-PCR 检测结果为阳性的核酸样本进行

PEDV S 基因的全长扩增。PEDV S 基因被分为 3 个片段 (S1、S2、S3)，并为 3 个片段设计了特定的引物来进行 PCR 扩增，RT-PCR 扩增体系与反应条件同 1.4。反应结束后通过 1% 琼脂糖凝胶电泳来检测扩增产物，并将 S1、S2、S3 均为阳性的 RT-PCR 产物送至生工生物工程（上海）股份有限公司测序。

1.6 遗传进化树分析

使用 MEGA-X 软件对上述拼接得到的 PEDV S 基因序列与在 GenBank 上收录的流行毒株和经典毒株代表序列（表 2）进行比对分析并构建遗传进化树。利用 MegAlign 和 SnapGene 软件对 S 基因序列进行遗传进化分析。

表 2 PEDV 参考毒株信息

毒株名称	GenBank 登录号	来源	基因群	毒株名称	GenBank 登录号	来源	基因群
HNZMD2202-1405	OQ269592.1	中国	G II a	HBXY2	KY775041.1	中国	G II c
CH/HLJJS/2022	ON968723.1	中国	G II a	CH/GX/2015/750A	KY793536.1	中国	G II c
CH-HeN-ZLH-2022	OQ703966.1	中国	G II a	HBXY2	KY775041.1	中国	G II c
CH/JX-1/2013	KF760557.2	中国	G II b	LYG	KM609212.1	中国	G II c
LZW	KJ777678.1	中国	G II b	1842/2016 ITA	KY111278.1	意大利	G I b
USA/Iowa/16465/2013	KF452322.1	美国	G II b	NL/GD002/2014	KR011122.1	荷兰	G I b
USA/Colorado/2013	KF272920.1	美国	G II b	USA/Hawaii/2014	KR265761.1	美国	G I b
USA/Kansas166/2014	KR265814.1	美国	G II b	LZC	EF185992.1	中国	G I a
MYG-1/JPN/2014	LC063838.1	日本	G II b	CH/S	JN547228.1	中国	G I a
CAN/Quebec334/2014	KR265831.1	加拿大	G II b	DR13	DQ462404.2	韩国	G I a
ON-018	KM189367.2	加拿大	G II b	CV777	JN599150.1	比利时	G I a
WS	KM609213.1	中国	G II c	SD-M	JX560761.1	中国	G I a
CH/HNLH/2015	KT199103.1	中国	G II c	GDS03	AB857235.1	中国	G I a
CH/GDZHDM/1401	KX016034.1	中国	G II c	HLJBY	KP403802.1	中国	G I a
CH/GX/2015/750A	KY793536.1	中国	G II c				

2 结果与分析

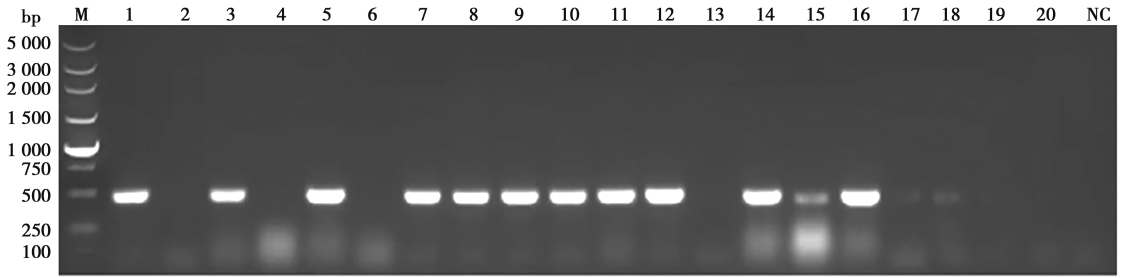
2.1 PEDV N 基因鉴定阳性

运用 RT-PCR 方法对搜集的 62 份疑似 PEDV 阳性病料进行 PEDV N 基因检测。部分检测结果显示（图 1），扩增出的片段在 550 bp 左右，与预期大小一致，62 份病料样本中 38 份样本为 PEDV 阳性，阳性率达 61.29%。

2.2 PEDV S 基因全长扩增

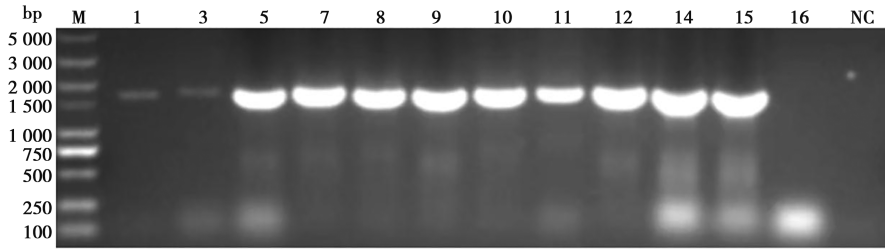
使用 S1、S2、S3 引物对 PEDV N 基因检测结果

为阳性的样本分别进行 RT-PCR 扩增。部分 RT-PCR 扩增结果显示（图 2~4），38 份 PEDV 阳性样本中 19 份扩增出了 S1、S2、S3 基因片段，且扩增出的片段大小与对应的 S1、S2、S3 目的片段大小一致。将扩增出的 19 份 S1、S2、S3 基因的 PCR 产物进行 Sanger 测序，并使用 SnapGene 软件拼接获得 S 基因全长序列，然后上传 GenBank，并获得登录号，见表 3。



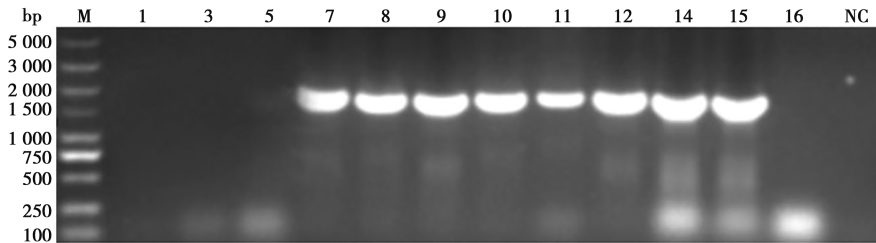
M. DNA 分子量标准 Marker; 1~20. 部分 PEDV N 基因的 PCR 产物; NC. 阴性对照。

图 1 PEDV N 基因 PCR 扩增产物凝胶电泳



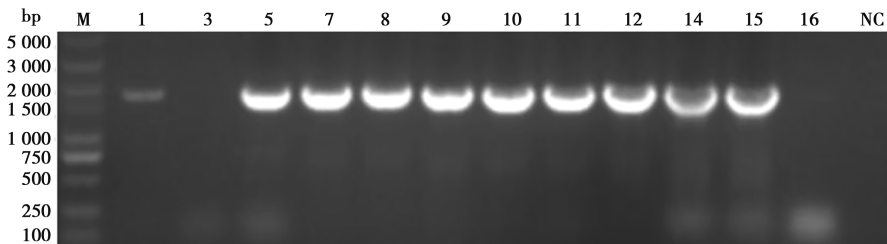
M. DNA 分子量标准 Marker; 1~16. 部分 PEDV S1 基因的 PCR 扩增产物; NC. 阴性对照。

图 2 PEDV S1 PCR 扩增产物凝胶电泳



M. DNA 分子量标准 Marker; 1~16. 部分 PEDV S2 基因的 PCR 扩增产物; NC. 阴性对照。

图 3 PEDV S2 PCR 扩增产物凝胶电泳



M. DNA 分子量标准 Marker; 1~16. 部分 PEDV S3 基因的 PCR 扩增产物; NC. 阴性对照。

图 4 PEDV S3 PCR 扩增产物凝胶电泳

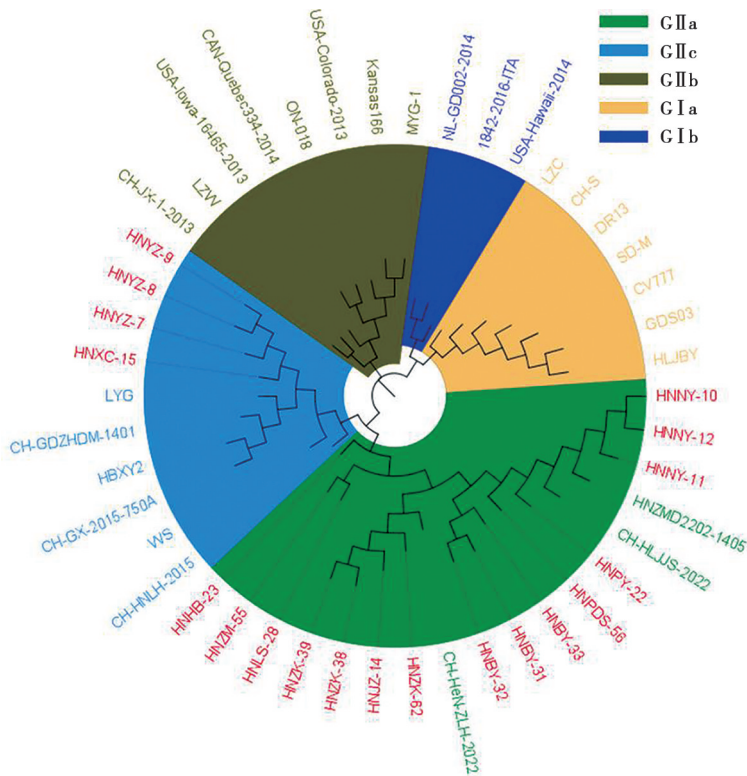
2.3 PEDV S 基因进化树构建

运用 MEGA-X 软件对获得 19 份 PEDV S 基因全长构建遗传进化树。遗传进化树结果显示 (图 5), 19 份 PEDV 阳性样本均属于 PEDV G II 型分支, 其中 HNYZ-7、HNYZ-8、HNYZ-9、HNXC-15 样本属于 G II c 亚型、其他 15 份 PEDV 阳性样本均属于

G II a 亚型, 说明河南地区 PEDV 流行毒株以 PEDV G II 型为主。另外, 根据搜集样本的时间来看, 在近期搜集的样品中属于 G II c 亚型的比例呈现上升趋势, 说明 G II c 亚型毒株呈现成为优势流行毒株的趋势。

表 3 河南地区 PEDV 分离株 S 基因信息

样品名称	GenBank 登录号	来源	基因群	样品名称	GenBank 登录号	来源	基因群
HNNY-10	PV890852	南阳	G II a	HNBY-31	PV890862	驻马店	G II a
HNNY-11	PV890853	南阳	G II a	HNBY-32	PV890863	驻马店	G II a
HNNY-12	PV890854	南阳	G II a	HNPY-22	PV890864	濮阳	G II a
HNJZ-14	PV890855	焦作	G II a	HNHB-23	PV890865	鹤壁	G II a
HNXC-15	PV890856	许昌	G II c	HNLS-28	PV890866	平顶山	G II a
HNYZ-7	PV890857	许昌	G II c	HNBY-33	PV890867	驻马店	G II a
HNYZ-8	PV890858	许昌	G II c	HNZK-62	PV890868	周口	G II a
HNYZ-9	PV890859	许昌	G II c	HNPDS-56	PV890869	平顶山	G II a
HNZK-38	PV890860	周口	G II a	HNZM-55	PV890870	郑州	G II a
HNZK-39	PV890861	周口	G II a				



红色字体表示本试验鉴定的毒株。

图 5 根据 PEDV S 基因构建的遗传进化树

2.4 PEDV S 基因的重组分析

为检测测序所得的 19 个 PEDV 的 S 基因是否存在重组事件，使用 RDP4 软件对测序的 PEDV S 基因和参考毒株 S 基因进行重组分析，发现样本 HNZM-55 被预测到可能存在重组。结果如图 6 所示，预测的 HNZM-55 样本的重组片段位置在 2 017~2 728 bp 之间，HNZM-55 样本可能是由主要亲本 HNPY-22 和次要亲本 HNBY-23 形成的重组毒株，其中重组毒株与亲本毒株均是本次样本检测得到的毒株，均为

G II a 亚型。如图 7 所示，进一步使用 Simplot 软件对重组毒株和其亲本毒株进行了基因组序列同源性分析，且分析结果与 RDP4 的预测结果一致。

2.5 PEDV S 蛋白氨基酸特征分析

为研究 19 个样本 S 蛋白的遗传特征，将样本 S 蛋白的氨基酸序列与其他 PEDV 参考毒株 S 蛋白的氨基酸序列进行了比较。这些 PEDV 参考毒株属于 2 个基因型，包括 G I 型（经典毒株）和 G II 型（变异毒株）。结果显示（图 8），与经典毒株 CV777 S 蛋白

B

	COE(499-638aa)													SS2(748-755aa)			SS6(764-771aa)			2C10(1368-1374aa)				
	316	319	322	325	328	331	334	337	340	343	346	349	352	748	749	750	764	765	766	1370	1371	1372		
CV777	LPSFDHSHFVNLITVSA	GGHSGANLIASDIT	INGFSFVCDTRQFT	FVAVTNSYGVVYKSDQSNCP	FLQSNVDYLSFSKFCVSTSYFQFT	KGELITGTPPK	FVAVTNSYGVVYKSDQSNCP	FLQSNVDYLSFSKFCVSTSYFQFT	KGELITGTPPK	FVAVTNSYGVVYKSDQSNCP	FLQSNVDYLSFSKFCVSTSYFQFT	KGELITGTPPK	FVAVTNSYGVVYKSDQSNCP	FLQSNVDYLSFSKFCVSTSYFQFT	KGELITGTPPK	FVAVTNSYGVVYKSDQSNCP	FLQSNVDYLSFSKFCVSTSYFQFT	KGELITGTPPK	FVAVTNSYGVVYKSDQSNCP	FLQSNVDYLSFSKFCVSTSYFQFT	KGELITGTPPK	FVAVTNSYGVVYKSDQSNCP	FLQSNVDYLSFSKFCVSTSYFQFT	KGELITGTPPK

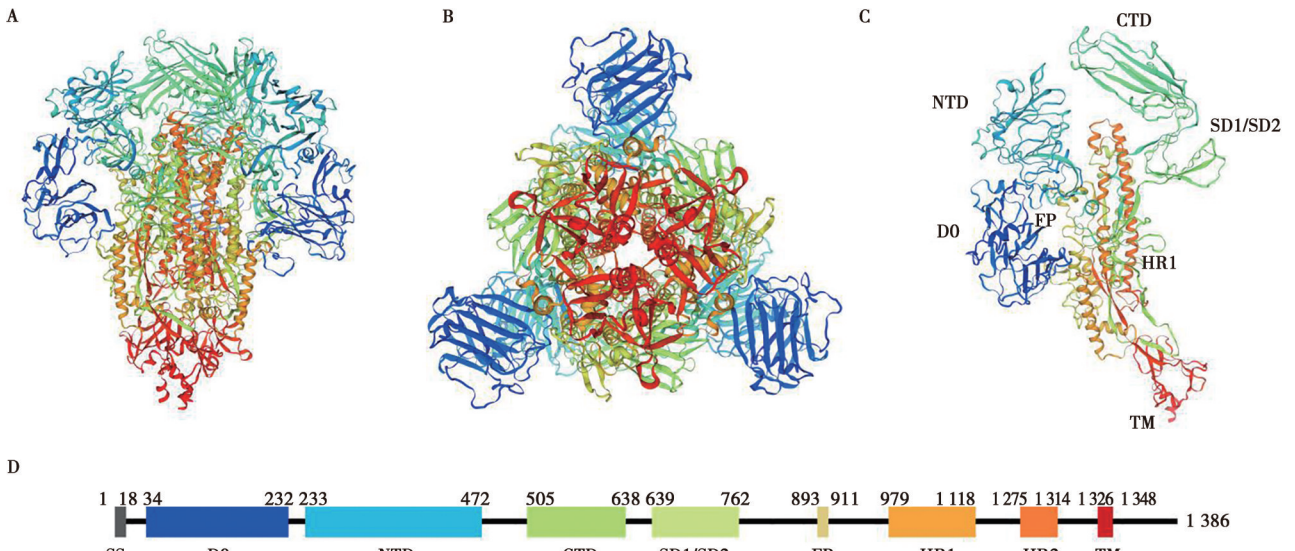
A. S 蛋白 S1 亚基的 N 端区域突变分析; B. S 蛋白中和抗原表位区突变分析。

图 8 PEDV S 蛋白氨基酸突变位点分析

2.7 PEDV S 蛋白的结构预测

为了探究氨基酸的缺失和突变对 PEDV S 蛋白整体结构的影响,使用 SWISS-MODEL 预测重组样本 HN2M-55 的 S 蛋白三维结构。如图 9 所示,HN2M-55 的 S 蛋白包含 N 端 S1 和 C 端 S2 结构域。

进一步分为 N 端结构域 (NTD)、C 端结构域 (CTD)、亚结构域 1 (SD1) 和亚结构域 2 (SD2)。S2 结构域包括融合肽 (FP)、七肽重复序列 1 (HR1)、七肽重复序列 2 (HR2) 和跨膜片段 (TM)。



A. S 蛋白三聚体结构预测; B. S 蛋白三聚体结构预测旋转 90°; C. S 蛋白单体结构预测; D. S 蛋白结构域预测 (单位: bp)。

图 9 HN2M-55 样本 S 蛋白的结构预测

2.8 PEDV S 基因同源性分析

为了探究 19 份样本 PEDV S 基因的同源性,运用 MegAlign 软件对 PEDV S 基因进行同源性分析。结果如图 10、图 11 所示,本研究的 19 株 PEDV 的 S 全

长基因相互之间的核苷酸同源性为 93.40%~100%,氨基酸同源性为 80.9%~87.7%,与以 CV777 为代表的 G I 基因型经典毒株的核苷酸同源性为 92.1%~93.3%,氨基酸同源性为 73.1%~75.9%。与 PEDV

本试验得到的 19 份阳性样本均为 G II 基因型, 其中 15 份为 G II a 亚型, 4 份为 G II c 亚型。遗传进化分析显示, 属于 G II c 亚型毒株的样本与 G II c 亚型参考毒株的亲缘关系相对较远; 而属于 G II a 亚型毒株的样本与 PEDV 近几年流行的 G II a 亚型毒株 CH-HeN-ZLH-2022 的亲缘关系相对较近。基因同源性分析进一步揭示, 河南地区流行的毒株相较于经典毒株 CV777 已发生显著的变异, 两者之间的核苷酸和氨基酸序列同源性显著降低。上述结果证实 G II 基因型毒株仍是河南地区 PEDV 的主要流行毒株, 此流行趋势与郭子仪等^[17]的研究结论一致。值得注意的是, 近期研究显示我国不同省份流行的优势毒株存在差异, 张志豪等^[18]研究结果发现在山东省 G II c 亚型所占比例呈上升趋势, Peng 等^[19]和 Sun^[20]等研究结果表明 G II c 亚型已经是四川省和安徽省主要流行毒株。这提示 G II c 亚型在我国部分省份正逐渐成为或已成为优势流行株。结合本试验搜集样本的时间来看, 发现在近期搜集的样本中属于 G II c 亚型的比例呈上升趋势, 预示着河南地区的 PEDV 流行毒株也可能向 G II c 亚型转变。

PEDV 的 S 蛋白是结构蛋白中最大的蛋白, 属于 I 型糖蛋白, 在宿主体内 S 蛋白会被蛋白酶切割为 S1 亚基和 S2 亚基^[21], S 蛋白有 4 个丰富的中和表位区域 (499 ~ 638 aa, 748 ~ 755 aa, 764 ~ 771 aa 和 1 368 ~ 1 374 aa), 其中前 3 个位于 S1 区^[22]。S1 亚基位于 N 端, 包含受体结合域 (RBD), 负责与宿主表面受体结合; S2 亚基位于 C 端, 负责促进病毒与宿主细胞膜的融合^[23]。在病毒表面 S 蛋白以三聚体形式存在, 每个三聚体由 3 个 S1-S2 异二聚体组成^[24]。S1 亚基可以进一步分为有与唾液酸结合活性 N 端结构域 (S1-NTD, 20~324 aa) 和与蛋白质受体相互作用的 C 端结构域 (S1-CTD, 253~638 aa) 2 个结构域均可以作为受体结合域^[25]。本研究发现, 流行毒株的氨基酸相对规律变化位点大多位于 S1 区, 基本符合 S1 区变异频率高的特点。S1 区氨基酸的突变很可能有利于病毒逃避获得性免疫应答^[26]。相较于 S1 亚基, S2 亚基的氨基酸序列相对保守, 变异较少。其结构包括 FP、HR1、HR2 以及 TM^[27]。在膜融合蛋白中, FP 主要负责启动病毒与宿主细胞膜融合; HR1 和 HR2 则协同折叠形成六螺旋束结构 (6-HB), 驱动膜融合过程; TM 对病毒粒子的组装和稳定性很重要^[28-29]。

综上, 本研究针对河南地区收集的腹泻仔猪临床样本, 通过 RT-PCR 检测 PEDV N 基因, 对阳性样本进行 S 基因全长扩增与测序, 成功获得 19 份 S 基因全长序列; 通过对这些序列进行遗传进化树构建、

核苷酸同源性分析、氨基酸同源性分析, 明确了河南地区 PEDV 主要流行毒株为 G II 型, 且有向 G II c 型毒株靠近的趋势。提示, 需加强对 G II c 型毒株的监测和研究, 优化现有疫苗配方及防控策略, 提升疫苗保护力, 降低 PEDV 对养猪业的冲击。

参考文献:

- [1] SONG D, PARK B. Porcine epidemic diarrhoea virus: a comprehensive review of molecular epidemiology, diagnosis, and vaccines [J]. *Virus Genes*, 2012, 44 (2): 167-175.
- [2] LUO H, LIANG Z, LIN J, et al. Research progress of porcine epidemic diarrhea virus S protein [J]. *Front Microbiol*, 2024, 15: 1396894.
- [3] ZHANG H, ZOU C, OUYANG P, et al. Global dynamics of porcine enteric coronavirus PEDV epidemiology, evolution, and transmission [J]. *Mol Biol Evol*, 2023, 40 (3): msad052.
- [4] 伊淑帅, 张易瑞, 孙晶, 等. 猪流行性腹泻病毒分子特征、基因分型及流行现状 [J]. *黑龙江畜牧兽医*, 2024 (7): 1-6.
- [5] JUNG K, SAIFF L J, WANG Q. Porcine epidemic diarrhea virus (PEDV): an update on etiology, transmission, pathogenesis, and prevention and control [J]. *Virus Res*, 2020, 286: 198045.
- [6] ZHANG Y, CHEN Y, ZHOU J, et al. Porcine epidemic diarrhea virus: an updated overview of virus epidemiology, virulence variation patterns and virus-host interactions [J]. *Viruses*, 2022, 14 (11): 2434.
- [7] 周孝奎. 猪流行性腹泻病的发病趋势及防控 [J]. *中国动物保健*, 2023, 25 (4): 16-17.
- [8] LEI J, MIAO Y, BI W, et al. Porcine epidemic diarrhea virus: etiology, epidemiology, antigenicity, and control strategies in China [J]. *Animals*, 2024, 14 (2): 294.
- [9] 吴学婧, 于吉锋, 肖璐, 等. 猪流行性腹泻病毒 CH/SCJY/2022 株的分离鉴定及遗传进化分析 [J]. *黑龙江畜牧兽医*, 2024 (18): 64-74, 133.
- [10] 李云涛, 董雅琴, 刘晓君, 等. 猪流行性腹泻病毒主要结构蛋白抗原表位研究进展 [J]. *中国兽医科学*, 2024, 54 (12): 1651-1657.
- [11] WANG Q, VLASOVA A N, KENNEY S P, et al. Emerging and re-emerging coronaviruses in pigs [J]. *Curr Opin Virol*, 2019, 34: 39-49.
- [12] 包银莉, 许洵锴, 郑灿阳, 等. 猪流行性腹泻病毒 S 基因全序列扩增方法的建立及应用 [J]. *中国兽医科学*, 2023, 53 (12): 1563-1569.
- [13] TSAI K J, DENG M C, WANG F I, et al. Deletion in the S1 region of porcine epidemic diarrhea virus reduces the virulence and influences the virus-neutralizing activity of the antibody induced [J]. *Viruses*, 2020, 12 (12): 1378.
- [14] SU M, LI C, QI S, et al. A molecular epidemiological investigation of PEDV in China: characterization of co-infection and genetic diversity of S1-based genes [J]. *Transbound Emerg Dis*, 2020, 67 (3): 1129-1140.
- [15] 朱利塞, 贾爱卿, 王贵平, 等. 猪流行性腹泻病毒 S 蛋白不同表位基因的原核表达及免疫原性分析 [J]. *中国动物传染病学*

- 报, 2020, 28 (6): 42-47.
- [16] LEE D K, PARK C K, KIM S H, et al. Heterogeneity in spike protein genes of porcine epidemic diarrhea viruses isolated in Korea [J]. *Virus Res*, 2010, 149 (2): 175-182.
- [17] 郭子仪, 许夕雅, 邓梦梦, 等. 2020—2021 年河南省猪流行性腹泻病毒流行株遗传进化及 S 蛋白变异分析 [J]. *中国兽医学报*, 2022, 42 (7): 1335-1342.
- [18] 张志豪, 李建达, 曹志, 等. 山东地区猪流行性腹泻病毒分子流行病学调查及流行毒株的分离鉴定 [J]. *畜牧与兽医*, 2025, 57 (7): 80-88.
- [19] PENG Q, FU P, ZHOU Y, et al. Phylogenetic analysis of porcine epidemic diarrhea virus (PEDV) during 2020-2022 and isolation of a variant recombinant PEDV strain [J]. *Int J Mol Sci*, 2024, 25 (20): 10878.
- [20] SUN L, LI D, YAN C, et al. Phylogenetic and genetic variation analysis of porcine epidemic diarrhea virus in east Central China during 2020-2023 [J]. *Animals*, 2024, 14 (15): 2185.
- [21] 杨昆, 王兰, 赵志虎, 等. 冠状病毒组装及释放机制的研究进展 [J]. *实用医学杂志*, 2024, 40 (18): 2654-2659.
- [22] 郑芳园, 陈攀, 范宝超, 等. 猪流行性腹泻病毒 M 和 S 蛋白的原核表达及多克隆抗体的制备 [J]. *畜牧与兽医*, 2014, 46 (5): 35-40.
- [23] 沈媚, 陈冰清, 于瑞嵩, 等. 冠状病毒 S 蛋白及其受体的结构和功能 [J]. *微生物学通报*, 2017, 44 (10): 2452-2462.
- [24] LIN F, ZHANG H, LI L, et al. PEDV: insights and advances into types, function, structure, and receptor recognition [J]. *Viruses*, 2022, 14 (8): 1744.
- [25] WRAPP D, MCLELLAN J S. The 3.1-angstrom cryo-electron microscopy structure of the porcine epidemic diarrhea virus spike protein in the prefusion conformation [J]. *J Virol*, 2019, 93 (23): e00923-e00919.
- [26] 王鑫文, 吴静楠, 郭红瑞, 等. 猪流行性腹泻病毒云南省流行毒株 S1 基因序列分析 [J]. *中国动物检疫*, 2022, 39 (9): 18-25.
- [27] 杨海龙, 刘允, 杨斌. 新冠病毒刺突蛋白及其受体的结构与相互作用 [J]. *大学化学*, 2020, 35 (12): 1-8.
- [28] HEO C K, LIM W H, YANG J, et al. Novel S2 subunit-specific antibody with broad neutralizing activity against SARS-CoV-2 variants of concern [J]. *Front Immunol*, 2023, 14: 1307693.
- [29] YANG H, RAO Z. Structural biology of SARS-CoV-2 and implications for therapeutic development [J]. *Nat Rev Microbiol*, 2021, 19 (11): 685-700.