

doi:10.11920/xnmdzk.2025.03.005

# 临床健康犬中一株猫泛白细胞减少症病毒的 分离鉴定及遗传进化分析

许佳,陈维,武凯璐,岳华,汤承,陈曦

(西南民族大学动物医学四川省高等学校重点实验室,四川成都610041)

**摘要:**已知猫泛白细胞减少症病毒(FPV)与犬细小病毒(CPV-2)的遗传关系密切,然而FPV不能感染犬及其细胞系。2024年6月在对四川成都一只2月龄临床健康犬做健康带毒情况调查时,经PCR检测分析意外发现该犬为FPV阳性。因此,对该临床健康犬中的FPV进行分离鉴定以及分子特征分析。无菌采集该FPV阳性犬的粪便样本,利用犬肾细胞(MDCK)进行病毒的分离纯化,并扩增其完整VP2和NS1序列。成功分离到该犬源FPV毒株并获得其完整VP2和NS1序列。根据其VP2蛋白关键位点氨基酸残基类型及遗传进化分析确定该分离毒株为FPV,其VP2序列与已知FPV完全一致,但在其NS1上有4个氨基酸位点的突变(V115I、V132L、H247Q、H595Q)。本研究首次从临床健康犬中分离鉴定到FPV,并对其主要基因序列进行了分析,为FPV的跨物种传播提供了证据。

**关键词:**临床健康犬;猫泛白细胞减少症病毒;分离鉴定;遗传进化;跨物种传播

中图分类号:S852.65

文献标志码:A

文章编号:2095-4271(2025)03-0272-09

## Isolation, identification, and genetic evolution analysis of a feline panleukopenia virus strain from a clinically healthy dog

XU Jia, CHEN Wei, WU Kailu, YUE Hua, TANG Cheng, CHEN Xi

(Sichuan Provincial Key Laboratory of Animal Medicine at Higher Educational Institutions,  
Southwest Minzu University, Chengdu 610041, China)

**Abstract:** Feline panleukopenia virus (FPV) is closely related to canine parvovirus (CPV-2) in genome, but FPV cannot infect dogs or canine cell lines. In June 2024, during a viral carriage survey of a clinically healthy dog in Chengdu, Sichuan, FPV was unexpectedly detected in a two-month-old clinically healthy dog by PCR analysis. Thus, this study aimed to isolate, identify, and characterize the molecular characteristic of FPV found in this clinically healthy dog. Aseptically collected fecal samples from the FPV-positive dog were used to isolate and purify the virus using canine kidney cells (MDCK) and to amplify its complete VP2 and NS1 sequences. The canine FPV strain was successfully isolated, and its complete VP2 and NS1 sequences were obtained. Based on the amino acid residues at key sites of its VP2 protein and genetic evolutionary analysis, the isolate was identified as FPV. Its VP2 sequence was identical to that of known FPV strains; however, mutations were observed at four amino acid sites (V115I, V132L, H247Q, H595Q) in its NS1 protein. This study represented the first successful isolation and identification of FPV from clinically healthy dogs, and the analysis of its major gene sequences provided evidence for potential cross-species transmission of FPV.

**Keywords:** clinically healthy dog; feline panleukopenia virus; isolation and identification; genetic evolution; cross-species transmission

收稿日期:2024-10-17

通信作者:陈曦(1990-),女,讲师,博士,研究方向:动物病原生物学研究,E-mail:cx15591859198@163.com

基金项目:四川省科技项目-四川省自然科学基金(青年基金)(20240066);西南民族大学科研启动金资助项目(RQD2023035)

猫泛白细胞减少症病毒(feline panleukopenia virus, FPV)于1928年首次报道,是引起幼猫重度肠炎及广泛性白细胞显著降低为特征的一种致死性传染病的病原<sup>[1]</sup>.FPV宿主范围广泛,除自然感染家养和野生猫科动物外,还可跨物种传播到熊猫、貂、小熊猫、浣熊、狐狸,甚至是猴子等珍稀野生动物,并造成严重疾病<sup>[2-3]</sup>.犬细小病毒(canine parvovirus, CPV-2)最早出现于1978年,是引起幼犬出血性胃肠炎和亚急性心肌炎的一种对犬危害极大的病原.由于FPV与CPV-2的基因组序列同源性高达98%以上,因此CPV-2常被认为是由FPV或其亲缘毒株通过遗传变异产生的一种能够感染犬的变异株<sup>[4-5]</sup>.已证实,FPV和CPV-2在VP2蛋白的一些氨基酸位点(80、93、103、323、564和568)具有显著差异,这些位点常被作为区别FPV和CPV-2的关键氨基酸位点<sup>[6-8]</sup>.此外,FPV和CPV-2对犬的感染能力也明显不同,早期研究利用FPV对犬细胞系及犬的感染性试验表明,FPV不能在犬癌细胞、犬肾细胞和犬淋巴细胞中增殖,并且经口服在犬中感染能力也有限,仅能在犬的胸腺和骨髓等器官被检出,而在消化道和呼吸道等CPV-2的易感器官不能感染,因此无法排毒引起传播<sup>[9]</sup>.

FPV为单链DNA病毒,基因组序列约为5 kb,包含两个开放阅读框(ORF),每个ORF通过剪接拼接各自编码2种蛋白质<sup>[10]</sup>.左边的ORF编码非结构蛋白NS1和NS2,其中NS1是病毒的主要复制蛋白,NS2与NS1具有相同的87个氨基酸残基的N-末端结构域,与NS1通过剪接产生的另外78个氨基酸残基拼接而成,可能有助于病毒的有效增殖<sup>[11-12]</sup>.右边的ORF编码两个结构蛋白VP1和VP2,VP1蛋白包含VP2蛋白的完整序列,连接与影响衣壳的核转运和细胞感染的N-末端的143个氨基酸残基<sup>[13-14]</sup>.VP1和VP2共同组成了病毒的核衣壳,其中VP2是最主要的衣壳蛋白,约占90%左右,在病毒的免疫应答、组织感染、受体识别、宿主范围、致病性和抗原性等方面发挥了重要作用<sup>[1,15]</sup>.因此,VP2蛋白的遗传异常被认为是细小病毒跨物种传播、与宿主受体互作、免疫特性改变等的主要因素.

本研究于2024年6月在对四川成都一只2月龄临床健康犬做健康带毒情况检测时,经PCR检测分

析发现该犬为FPV阳性.因此,本研究的目的是对临床健康犬中的FPV进行分离鉴定以及分子特征分析,寻找FPV跨物种传播的证据.

## 1 材料与方法

### 1.1 临床样本与材料

2024年6月,采集四川成都一只2月龄临床健康犬肛门棉拭子,进行常见病原的筛查.DMEM培养基购自Aidlab Biotech北京有限公司;2×Rapid Taq Master Mix购自南京诺唯赞有限公司;胎牛血清购自武汉普诺赛生物;FITC-山羊抗兔IgG、DAPI封片液购自Abbkine公司;pMD-19T克隆载体购自TaKaRa公司;DNA提取试剂盒购自天根生化科技有限公司;兔抗FPV高免血清, TOP 10大肠杆菌感受态, MDCK细胞由西南民族大学畜牧兽医学院实验室保存.

### 1.2 PCR检测

将样本置于2 mL离心管中,加入生理盐水1.5 mL,涡旋混匀后置于4 °C离心机中7 000 r/min离心5 min,收集上清保存备用.取300 μL样本处理液,用DNA提取试剂盒提取样本DNA,通过PCR对样本进行检测.FPV和CPV-2通用引物信息为F:5'-TGAT-TGTAAACCATGTAGACTAAC-3'; R: 5'-TAATCGAGT-TAAAGGACCATAAG-3',目的片段大小为567 bp(位于VP2蛋白上268-457位氨基酸)<sup>[16]</sup>.扩增体系为2×Rapid Taq Master Mix 10 μL, ddH<sub>2</sub>O 6 μL,上下游引物各1 μL,样本DNA 2 μL; PCR反应程序为95 °C 3 min预变性,95 °C 15 s变性,58 °C 15 s退火,72 °C 10 s延伸,共循环35次.PCR反应产物用1.5%琼脂糖凝胶电泳进行验证,并将阳性PCR产物送至北京擎科生物有限公司测序分析.

### 1.3 病毒的分离与鉴定

#### 1.3.1 病毒的分离

将MDCK细胞培养于6孔板,待其长至90%左右.吸取500 μL样本处理液用0.45 μm的无菌滤器过滤后入到6孔板中,阴性对照加入等量的DMEM培养基,放置于37 °C 5%CO<sub>2</sub>培养箱孵育1 h,孵育结束后弃去上清并加入2 mL DMEM培养基,放置培养箱每天观察,待细胞产生明显CPE现象后,反复冻融3次收集病毒液.将分离的病毒盲传3代,并进行噬斑纯化后分装保存于-80 °C备用.



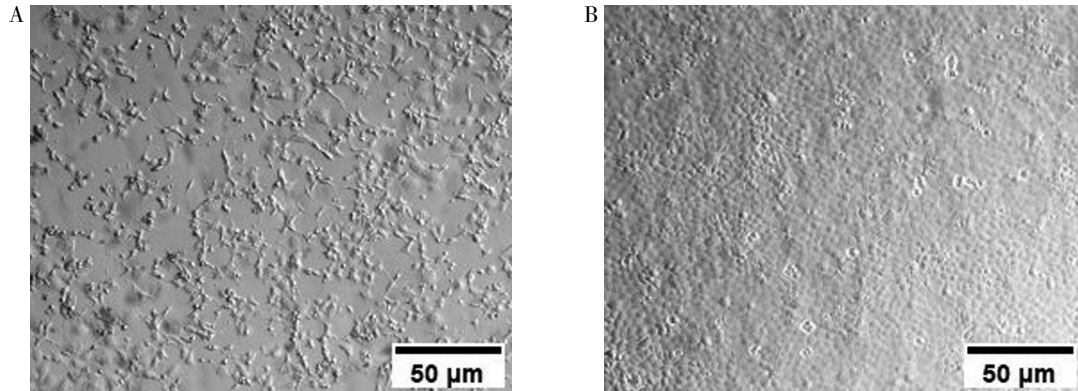


图 2 分离毒株 MDCK 病变图

Fig. 2 Cytopathic effect (CPE) of the isolated strain in MDCK

A. 阳性样本接种 MDCK 细胞; B. 阴性对照细胞

2.2.2 分离毒株病毒滴度测定

将 FPV-SWUN/G1/2024 毒株梯度稀释后分别接种于 MDCK 细胞,每天观察细胞病变情况,连续观察

4 d. 根据 Reed-Muench 法计算 FPV-SWUN/G1/2024 毒株的 TCID<sub>50</sub>,测定结果显示(表 2),FPV-SWUN/G1/2024 株 TCID<sub>50</sub>为 10<sup>-3.59</sup>/0.1 mL.

表 2 FPV-SWUN/G1/2024 株 TCID<sub>50</sub>测定结果

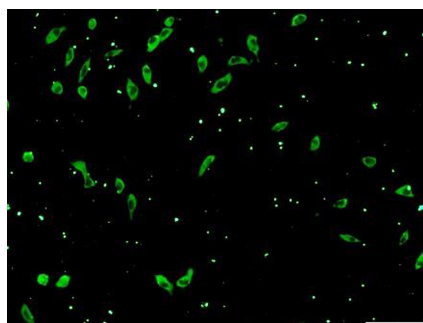
Table 2 TCID<sub>50</sub> determination results of FPV-SWUN/G1/2024 strain

稀释倍数	细胞病变孔数	累计孔数		累计病变孔数	
		有病变	无病变	比例	%
10 <sup>-1</sup>	8	25	0	25/25	100%
10 <sup>-2</sup>	8	17	0	17/17	100%
10 <sup>-3</sup>	7	9	1	9/10	90%
10 <sup>-4</sup>	2	2	7	2/9	22.2%
10 <sup>-5</sup>	0	0	15	0/15	0
10 <sup>-6</sup>	0	0	23	0/23	0

2.2.3 分离毒株间接免疫荧光鉴定

接种 FPV-SWUN/G1/2024 毒株于 MDCK 细胞,培养 48 h 进行间接免疫荧光鉴定,结果如图 3,可见

接毒细胞出现明显绿色荧光,且均匀分布在胞质内,而对照细胞无绿色荧光,表明该分离株可与 FPV 抗血清发生特异性反应.



接毒细胞



对照细胞

图 3 分离毒株间接免疫荧光结果

Fig. 3 Indirect immunofluorescence results of the isolate

2.3 分离毒株 VP2、NS1 基因组扩增及进化树分析

2.3.1 分离毒株 VP2、NS1 基因扩增

使用扩增 FPV 全长 VP2、NS1 基因引物 PCR 扩

增样本 DNA,经 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测,结果显示(图 4),阴性成立的条件下,分离毒株 VP2、NS1 扩增片段大小分别约为 1 755 bp 和 2 007 bp,与预期片

段大小一致.经测序结果分析本次扩增的两个片段为 FPV VP2 及 NS1 的基因序列.

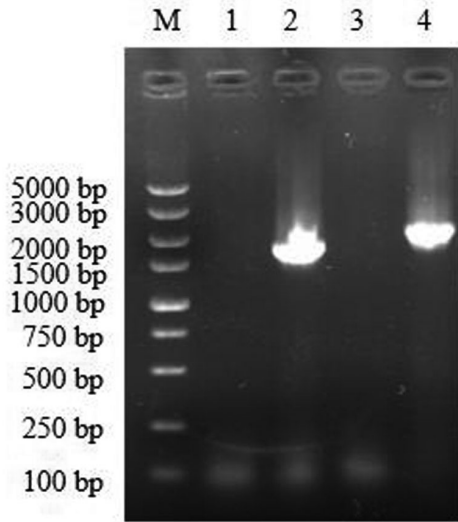


图 4 分离毒株 VP2、NS1 基因扩增

Fig. 4 The VP2 and NS1 genes of the isolated strains were amplified

注: M. DNA marker; 1. VP2 扩增阴性对照; 2. VP2 扩增; 3. NS1 扩增阴性对照; 4. NS1 扩增

表 3 分离株与 GenBank 中的 FPV/CPV-2 参考株 VP2 蛋白氨基酸残基的比较

Table 3 Comparison of amino acid residues in the VP2 protein of isolate with the reference strain FPV/CPV-2 in GenBank

基因分型	参考株	VP2 蛋白中关键氨基酸位点													
		80	87	91	93	101	103	232	297	300	305	323	426	564	568
FPV 原始毒株(疫苗株)	M38246	K	M	A	K	I	V	V	S	A	D	D	N	N	A
FPV	KX900570	K	M	A	K	T	V	V	S	A	D	D	N	N	A
FPVA91S	OL547737	K	M	S	K	T	V	V	S	A	D	D	N	N	A
FPV-SWUN/G1/2024		K	M	A	K	T	V	V	S	A	D	D	N	N	A
CPV-2	MN451664	R	M	A	N	I	A	I	S	A	D	N	N	S	G
CPV-2a	D26079	R	L	A	N	T	A	I	S	G	Y	N	N	S	G
CPV-2b	MN451662	R	L	A	N	T	A	I	S	G	Y	N	D	S	G
CPV-new 2a	MG583676	R	L	A	N	T	A	I	A	G	Y	N	N	S	G
CPV-new 2b	MT648206	R	L	A	N	T	A	I	A	G	Y	N	D	S	G
CPV-2C	KU508693	R	L	A	N	T	A	I	A	G	Y	N	E	S	G

2. 3. 3 分离毒株 NS1 分析

FPV-SWUN/G1/2024 分离株的 NS1 基因全长为 2 007 bp, 编码 669 个氨基酸残基. 与 FPV 的核苷酸和氨基酸同源性分别为 98. 7% ~ 100% 和 99. 1% ~ 100%; 与 CPV-2 的核苷酸和氨基酸同源性分别为 98. 5% ~ 99. 4% 和 98. 7% ~ 99. 4%, 与犬源 FPV 氨基酸同源性为 99. 3% ~ 100%. FPV-SWUN/G1/2024 分离株与 FPV 经典毒株相比, 在 NS1 蛋白上有氨基酸

2. 3. 2 分离毒株 VP2 分析

FPV-SWUN/G1/2024 分离株的 VP2 基因全长为 1 755 bp, 编码 584 个氨基酸残基. 与 FPV 的核苷酸序列和氨基酸序列的同源性分别为 98. 7% ~ 100% 和 99. 6% ~ 100%, 与 CPV-2 的核苷酸序列和氨基酸序列的同源性分别为 95. 5% ~ 96. 5% 和 96. 4% ~ 97. 8%, 与本实验室前期以及埃及和阿根廷腹泻犬样本中鉴定到的犬源 FPV (MZ913314 ~ MZ913318、OM638042、OM638043) 氨基酸序列的同源性为 100%. FPV-SWUN/G1/2024 与 GenBank 中 FPV/CPV-2 代表株的 VP2 蛋白中所有关键氨基酸残基的比较结果见表 3, FPV-SWUN/G1/2024 分离株 VP2 蛋白上含有 FPV 全部典型特征的氨基酸残基 80 K、93 K、103 V、232 V、323 D、564 N 和 568 A, 且可与 FPV VP2 基因序列 100% 一致. 将 FPV-SWUN/G1/2024 分离株与 GenBank 上的 71 条 FPV/CPV-2 完整的 VP2 氨基酸序列建立系统发育树(图 5) 显示, 本研究中的 FPV-SWUN/G1/2024 与 FPV 聚为一个大支, 但与 CPV-2 及其变异株有明显的遗传距离.

的突变 V115I、V132L, 并且其 247 位点的 Q 和 595 位点的 Q 与 CPV-2 的氨基酸残基一致, 而大多数 FPV 上为 247 I 和 595 L, 氨基酸位点变化见表 4. 将其 NS1 基因与 GenBank 上的 71 条 FPV/CPV-2 完整序列进行比较分析, 建立 NS1 氨基酸系统发育树如图 6, FPV-SWUN/G1/2024 分离株与本实验室前期发现的犬源 FPV (MZ913314 ~ MZ913318) 聚为一支, 具有明显区别于其他 FPV 毒株独特的遗传进化方式; 且与

国外发现的两株犬源 FPV(OM638042、OM638043) 比 酸残基一致,但在 95 位点还发生独特的 L 到 I 的突 对发现,这两株犬源 FPV NS1 在 247 和 595 位点氨基 变,表现出相似的遗传特征.

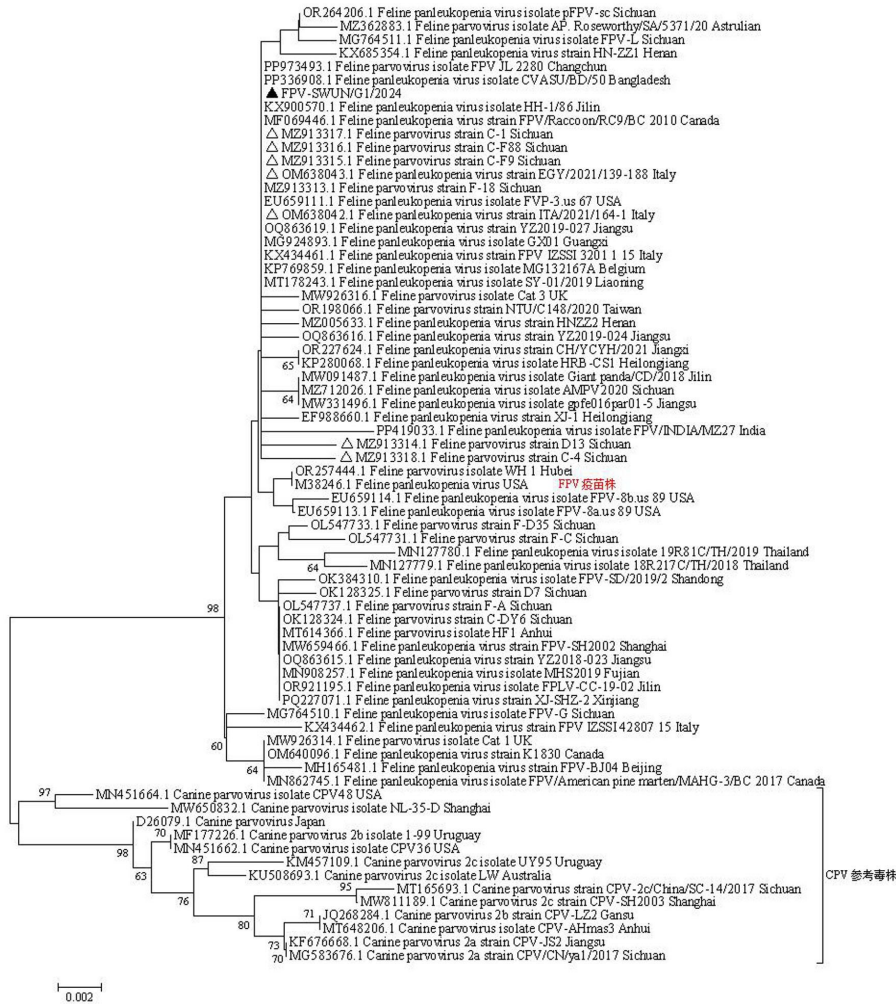


图 5 VP2 氨基酸序列遗传进化分析

Fig. 5 Genetic evolution analysis of VP2 amino acid sequences

注:▲. FPV-SWUN/G1/2024 分离株;△. 犬源 FPV.下同

表 4 分离株与 GenBank 中的 FPV/CPV-2 参考株 NS1 蛋白氨基酸残基的比较

Table 4 Comparison of amino acid residues in the NS1 protein of isolate with the reference strain FPV/CPV-2 in GenBank

基因分型	参考株	NS1 蛋白中关键氨基酸位点		
		115	132	247
FPV 原始毒株(疫苗株)	M38246	V	V	H
FPV	EU659113	V	V	H
FPV A91S	OL547737	V	V	H
FPV-SWUN/G1/2024		I	L	Q
CPV-2	MN451664	V	V	Q
CPV-2a	D26079	V	V	Q
CPV-2b	MN451662	V	V	Q
CPV-new 2a	MG583676	V	V	Q
CPV-new 2b	MT648206	V	V	Q
CPV-2C	KU508693	V	V	Q

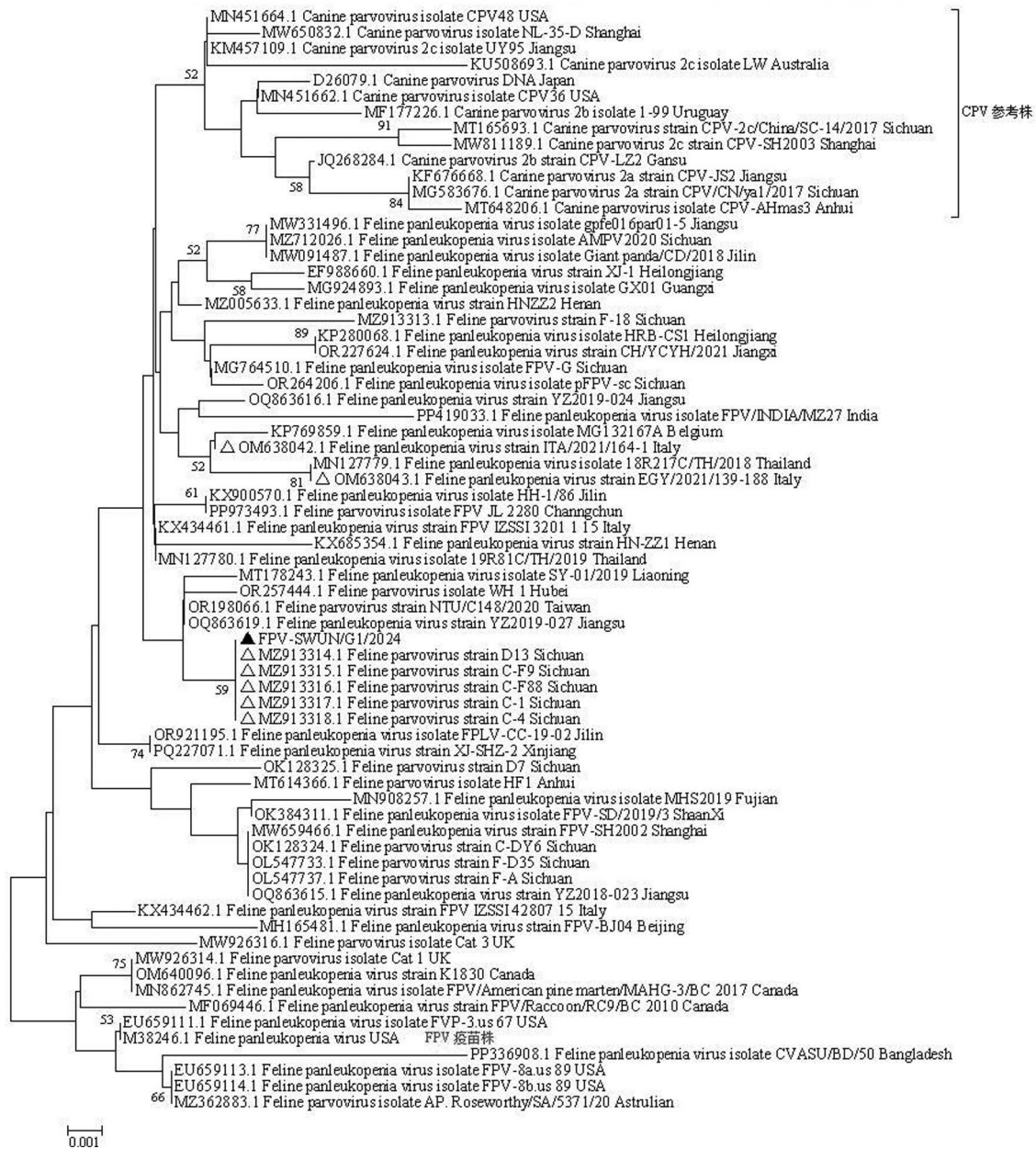


图 6 NS1 氨基酸序列遗传进化分析

Fig. 6 Genetic evolution analysis of NS1 amino acid sequences

### 3 讨论

自 1928 年 FPV 被发现以来,一直未有从犬中检测到 FPV 的报道.直到 2018 年,巴基斯坦学者首次从腹泻犬样本中检测到 FPV 的部分 VP2 序列,此后泰国、越南、中国等国学者相继报道了从腹泻犬粪便中检测到 FPV 的部分或完整 VP2 序列,但这些研究未进行病毒的分离,且未获得其基因组序列,无法进行基因组遗传变异特征分析<sup>[17-21]</sup>.本团队前期从 2019-2021 年收集的 119 份腹泻犬粪便样本中检测到 28 份

样本为 FPV 阳性,阳性率为 24.8%,表明一种类 FPV 毒株已在中国西南地区犬中流行.动物感染性试验发现,该毒株可引起犬轻微的腹泻症状,且可引起全身性的感染,证实该 FPV NS1 变异株具有感染犬的能力,且发生了从猫到犬的跨物种传播现象<sup>[22]</sup>.本研究从已无任何临床症状的犬中再一次检测到 FPV 的存在,并成功分离到该毒株;该毒株可在 MDCK 细胞中增殖并引起细胞病变,证明该毒株具有感染犬细胞系的能力;序列分析表明该 FPV 毒株的 VP2 序列未发

生氨基酸突变,与流行的FPV经典毒株的VP2序列100%同源,然而其NS1蛋白发生了有别于FPV经典毒株的特征性突变,证明是一种FPV NS1变异株;同样证明了该毒株是一种能够感染犬的FPV NS1变异株,与本实验室前期鉴定的犬源FPV基因同源率为100%。最近有学者从埃及和意大利病犬的组织中扩增获得了FPV基因组序列,其基因组特征与本实验室鉴定到的犬源FPV NS1具有相似的遗传特征<sup>[23]</sup>。本研究表明这一类可感染犬的FPV NS1变异株已经在亚洲和欧美洲存在,具有广泛的地域分布。

本研究首次从临床健康犬中分离鉴定到该FPV NS1变异株,与以往从腹泻犬粪便样本中鉴定到的病毒及其引起犬腹泻的报道有所不同。这种现象的产生可能与该2月龄幼犬体内母源抗体的抵抗力以及该病毒对犬的致病力较弱有关。尽管该病毒能够感染犬并排毒,但在具有抵抗力的犬体内可能形成一种不发病的健康带毒的现象,从而增加潜在的传播风险。此外,该FPV NS1变异株的VP2氨基酸序列与FPV流行毒株一致,鉴于VP2蛋白主要决定FPV与宿主受体的结合以及抗原性等特征,表明该类犬源FPV NS1变异毒株对猫仍然具有极大的威胁,需要进一步研究其对猫的致病性。现有检测方法主要集中在VP2序列,且对FPV的跨物种传播和抗原性研究多仅分析其VP2的变异,缺乏对NS1遗传变异的重视,这可能导致该FPV NS1变异株在猫中流行和传播的风险增加<sup>[24-26]</sup>。由于FPV感染猫后会引发致死性疾病,因此该犬源FPV NS1变异株对猫同样构成重大威胁。因此,需要加强对这种能够感染犬的新发FPV NS1变异株在健康犬及猫中的流行病学监测,以便更好地防控该病毒的传播以及进一步的遗传变异等。

NS1蛋白在细小病毒复制中具有重要的生物功能,其某些氨基酸的突变可以影响CPV-2对犬的致病性<sup>[11,27]</sup>。最近一项研究指出,NS1中的氨基酸位点248能够明确区分CPV-2和FPV,这一特征与VP2中的关键氨基酸位点相似<sup>[28]</sup>。此外,之前的一项研究表明,CPV-2部分NS1基因的替换有助于水貂肠炎病毒(也称为水貂源FPV)在犬细胞中的复制<sup>[29]</sup>。这些证据表明,NS1可能在细小病毒的宿主嗜性中也发挥作用。本研究中,在FPV NS1变异株中观察到4个独特的氨基酸残基(115I、132L、247Q和595Q),其中115I

和132L为该FPV NS1变异株独有,而247Q和595Q为CPV-2所特有。考虑到本研究中确认的FPV能够有效感染犬及其细胞系,而其VP2与FPV相应序列100%相同,因此合理推测NS1的氨基酸突变可能增强FPV NS1变异株在犬组织中的增殖能力,从而实现了FPV从猫到犬的跨物种传播。

## 4 结论

本研究首次从无临床症状的犬中成功分离到一株FPV NS1变异株,并命名为FPV-SWUN/G1/2024株。该毒株与实验室前期从腹泻犬粪便样本中分离到的FPV以及国外学者从阿根廷和埃及病犬组织中获得的FPV的VP2基因序列遗传特征相似,仅在其NS1基因上具有显著区别于FPV经典毒株的独特的分子特征。这种NS1的突变可能是FPV实现跨物种传播到犬的重要原因,但仍需进一步的实验验证。本研究的结果有助于了解FPV的遗传变异、跨物种传播和致病性等特征。

## 参考文献

- [1] BARRS V R. Feline panleukopenia A re-emergent disease[J]. *Veterinary Clinics of North America; Small Animal Practice*, 2019, 49(4): 651-670.
- [2] ALLISON A B, KOHLER D J, ORTEGA A, et al. Host-specific parvovirus evolution in nature is recapitulated by in vitro adaptation to different carnivore species[J]. *PLoS Pathog*, 2014, 10(11): 1004475.
- [3] HOELZER K, PARRISH C R. The emergence of parvoviruses of carnivores[J]. *Veterinary Research*, 2010, 41(6): 39.
- [4] THOMSON G W, GAGNON A n. Canine gastroenteritis associated with a parvovirus-like agent[J]. *La Revue Veterinaire Canadienne*, 1978, 19(12): 346.
- [5] ALLISON A B, KOHLER D J, FOX K A, et al. Frequent cross-species transmission of parvoviruses among diverse carnivore hosts[J]. *Journal of Virology*, 2013, 87(4): 2342-2347.
- [6] BATTILANI M, BALBONI A, USTULIN M, et al. Genetic complexity and multiple infections with more Parvovirus species in naturally infected cats[J]. *Veterinary Research*, 2011, 42(1): 43.
- [7] LI X D, WU H C, WANG L X, et al. Genetic characterization of parvoviruses in domestic cats in Henan province, China[J]. *Transboundary and Emerging Diseases*, 2018, 65(6): 1429-1435.
- [8] MIRANDA C, VIEIRA M J, SILVA E, et al. Genetic analysis of feline panleukopenia virus full-length VP2 gene in domestic cats between 2006-2008 and 2012-2014, Portugal[J]. *Transboundary and Emerging Diseases*, 2017, 64(4): 1178-1183.

- [9] TRUYEN U, PARRISH C R. Canine and feline host ranges of canine parvovirus and feline panleukopenia virus; Distinct host cell tropisms of each virus in vitro and in vivo [J]. *Journal of Virology*, 1992, 66(9): 5399-5408.
- [10] MIETZSCH M, PÉNZES J J, AGBANDJE-MCKENNA M. Twenty-five years of structural parvovirology [J]. *Viruses*, 2019, 11(4): 362.
- [11] NISKANEN E A, IHALAINEN T O, KALLIOLINNA O, et al. Effect of ATP binding and hydrolysis on dynamics of canine parvovirus NS1 [J]. *Journal of Virology*, 2010, 84(10): 5391-5403.
- [12] WANG D, YUAN W, DAVIS I, et al. Nonstructural protein-2 and the replication of canine parvovirus [J]. *Virology*, 1998, 240(2): 273-281.
- [13] ALLISON A B, ORGANTINI L J, ZHANG S, et al. Single mutations in the VP2 300 loop region of the three-fold spike of the carnivore parvovirus capsid can determine host range [J]. *Journal of Virology*, 2016, 90(2): 753-767.
- [14] VIHINEN-RANTA M, WANG D, WEICHERT W S, et al. The VP1 N-terminal sequence of canine parvovirus affects nuclear transport of capsids and efficient cell infection [J]. *Journal of Virology*, 2002, 76(4): 1884-1891.
- [15] CALLAWAY H M, WELSCH K, WEICHERT W, et al. Complex and dynamic interactions between parvovirus capsids, transferrin receptors, and antibodies control cell infection and host range [J]. *Journal of Virology*, 2018, 92(13): 00460.
- [16] MITTAL M, CHAKRAVARTI S, MOHAPATRA J K, et al. Molecular typing of canine parvovirus strains circulating from 2008 to 2012 in an organized kennel in India reveals the possibility of vaccination failure [J]. *Infection, Genetics and Evolution*, 2014, 23: 1-6.
- [17] AHMED N, RIAZ A, ZUBAIR Z, et al. Molecular analysis of partial VP-2 gene amplified from rectal swab samples of diarrheic dogs in Pakistan confirms the circulation of canine parvovirus genetic variant CPV-2a and detects sequences of feline panleukopenia virus (FPV) [J]. *Virology Journal*, 2018, 15(1): 45.
- [18] CHAROENKUL K, TANGWANGVIVAT R, JANETANAKIT T, et al. Emergence of canine parvovirus type 2c in domestic dogs and cats from Thailand [J]. *Transbound Emerg Diseases*, 2019, 66(4): 1518-1528.
- [19] CHEN B X, ZHANG X H, ZHU J, et al. Molecular epidemiological survey of canine parvovirus circulating in China from 2014 to 2019 [J]. *Pathogens*, 2021, 10(5): 588.
- [20] CHEN Y Z, WANG J Y, BI Z W, et al. Molecular epidemiology and genetic evolution of canine parvovirus in East China, during 2018-2020 [J]. *Infection, Genetics and Evolution*, 2021, 90: 104780.
- [21] HOANG M, WU C-N, LIN C F, et al. Genetic characterization of feline panleukopenia virus from dogs in Vietnam reveals a unique Thr101 mutation in VP2 [J]. *PeerJ*, 2020, 8: 9752.
- [22] WANG J L, CHEN X, ZHOU Y X, et al. Prevalence and characteristics of a feline parvovirus-like virus in dogs in China [J]. *Veterinary Microbiology*, 2022, 270: 109473.
- [23] DIAKOUDI G, DESARIO C, LANAVE G, et al. Feline panleukopenia virus in dogs from Italy and Egypt [J]. *Emerging Infectious Diseases*, 2022, 28(9): 1933-1935.
- [24] 刘琪, 史利军, 梁琳, 等. 一株猫泛白细胞减少症病毒的分离鉴定及其 VP2 和 NS1 基因的变异分析 [J]. *畜牧兽医学报*, 2019, 50(5): 1106-1112.
- [25] WANG R Y, DI G, PU C, et al. Genetic analysis of feline parvovirus reveals predominance of feline parvovirus-G1 group among cats in China [J]. *Journal of Veterinary Medical Science*, 2024, 86(9): 1032-1039.
- [26] LI L S, LIU Z R, LIANG R, et al. Novel mutation N588 residue in the NS1 protein of feline parvovirus greatly augments viral replication [J]. *Journal of Virology*, 2024, 98(5): 0009324.
- [27] MIAO B C, CHEN S B, ZHANG X Z, et al. T598 and T601 phosphorylation sites of canine parvovirus NS1 are crucial for viral replication and pathogenicity [J]. *Veterinary Microbiology*, 2022, 264: 109301.
- [28] MIRA F, CANUTI M, PURPARI G, et al. Molecular characterization and evolutionary analyses of carnivore protoparvovirus 1 NS1 Gene [J]. *Viruses*, 2019, 11(4): 308.
- [29] HORIUCHI M, GOTO H, ISHIGURO N, et al. Mapping of determinants of the host range for canine cells in the genome of canine parvovirus using canine parvovirus/mink enteritis virus chimeric viruses [J]. *The Journal of General Virology*, 1994, 75(6): 1319-1328.

(责任编辑:和力新,殷锋,付强,张阳,肖丽;英文编辑:周序林,郑玉才)