

成都地区猫杯状病毒的检测及其 *VP1* 基因的遗传进化分析

傅安静¹, 黄名英^{1*}, 张斌^{2**}

1. 成都农业科技职业学院, 四川 成都 611130

2. 西南民族大学畜牧兽医学院, 四川 成都 610041

摘要: 本研究旨在通过分子生物学检测,明确成都地区猫杯状病毒(FCV)的流行情况及其遗传变异特征,以期为研发具有更广泛交叉保护效力的新型FCV疫苗提供理论依据。本试验于2020-2023年分别从成都地区采集113份有呼吸道及口炎症状的猫的眼鼻咽分泌物样本,使用RT-PCR方法进行样本检测。FCV阳性样本24份,阳性率21.24%。随后对*VP1*基因区域进行克隆、测序,并与国内外FCV参考毒株进行同源性分析及系统发育学分析。本研究获得的5株FCV*VP1*基因与参考毒株之间的核苷酸同源性为72.6%~84.1%,氨基酸同源性为84.0%~95.9%。系统进化分析显示,本研究获得的毒株在国内外FCV毒株进化树中聚类出2个基因群(GI、GII),SMU-M2、SMU-M7、SMU-M13和SMU-M71株均位于GII亚型,SMU-M8株位于GI亚型,其中FCV疫苗株与成都地区流行的FCV毒株亲缘关系较远。成都市猫群中FCV的流行较为普遍,且流行株与疫苗株之间基因同源性较低,序列差异较大。

关键词: 猫杯状病毒; 同源性分析; *VP1* 基因

中图分类号: S852.65

文献标识码: A

文章编号: 1000-2324(2026)05-0985-08

Detection of Feline Calicivirus in Chengdu and Phylogenetic Analysis of Its *VP1* Gene

FU An-jing¹, HUANG Ming-ying^{1*}, ZHANG Bin^{2**}

1. Chengdu Agricultural College, Chengdu 610041, China

2. College of Animal and Veterinary Science/Southwest Minzu University, Chengdu 610041, China

Abstract: This study aimed to investigate the prevalence and genetic variation of feline calicivirus (FCV) in Chengdu using molecular biological methods, and to provide a theoretical basis for the development of a novel FCV vaccine with broader cross-protective effects. This experiment collected a total of 113 samples of eye, nose, and throat secretions from cats with respiratory and stomatitis symptoms in Chengdu from 2020 to 2023, and employed the RT-PCR method for sample detection. 24 FCV-positive samples were identified, with a positive rate of 21.24%. Subsequently, the *VP1* gene region was cloned and sequenced, followed by sequence alignment and phylogenetic analysis with domestic and international FCV reference strains. The nucleotide homology between the *VP1* genes of the five FCV strains obtained in this study and the reference strains ranged from 72.6% to 84.1%, while the amino acid homology ranged from 84.0% to 95.9%. Phylogenetic analysis showed that the strains obtained in this study clustered into two gene groups (G I and G II) alongside Chinese and international FCV strains. SMU-M2, SMU-M7, SMU-M13, and SMU-M71 are all located in the G II subtype, while the strain SMU-M8 belongs to the G I subtype. Among them, the FCV vaccine strain showed a relatively distant genetic relationship with the FCV strains prevalent in the Chengdu region. The prevalence of FCV among cats in Chengdu is relatively common, and the genetic homology between the prevalent strains and the vaccine strains is low, with significant sequence differences.

Keywords: Feline calicivirus; homology analysis; *VP1* gene

猫杯状病毒(Feline calicivirus, FCV)是导致猫患口腔和上呼吸道感染性疾病的一种重要病原^[1],可使患病动物出现结膜炎、打喷嚏、咳嗽、呼吸困难等症状,最多见为口腔溃疡,严重

时,可引发急性全身性疾病^[2],对宠物行业的影响极大。经研究发现该病毒除感染猫外,对所有猫科动物均具有感染性^[3,4],近年来有研究人员在东北虎、孟加拉虎、东非狮群和猎豹等野

收稿日期: 2025-10-18

修回日期: 2026-09-14

基金项目: 成都农业科技职业学院院级孵化(自然科学)重点项目(22ZR107);成都农业科技职业学院 2025 年产教融合校企合作项目(CNY-CJRH-202522)

第1作者简介: 傅安静(1976-),男,硕士,正高级兽医师,研究方向:预防兽医学。E-mail: 603006944@qq.com

*同等贡献作者: 黄名英(1977-),女,硕士,正高级兽医师,研究方向:预防兽医学。E-mail: 376979067@qq.com

**通讯作者: Author for correspondence. E-mail: binovy@sina.com

生猫科动物体内检出该病毒^[5]。发病动物为 FCV 主要传染源,病毒可随着患病动物的口鼻分泌物排出以感染健康动物^[6,7]。部分患病猫康复后仍会携带病毒,并持续排毒,可继续作为传染源感染健康动物。以上均表明 FCV 具有较强的传染性,使其在世界各国均有流行。目前国内普遍使用 FCV 商品化灭活疫苗进行免疫,但由于 FCV 是一种基因组易发生变异的 RNA 病毒,临床上疫苗预防效果不佳,频繁发生免疫失败的现象。

FCV 属于杯状病毒科(Caliciviridae)水疱疹病毒属(*Vesivirus*)成员^[8],为无囊膜的单股正链小 RNA 病毒,基因组全长为 7 683 bp,包含 3 个开放性阅读框(open reading frame, ORF)^[9,10]。其中 ORF1 编码较为保守的非结构蛋白;ORF2 编码衣壳蛋白 *VPI*,包含 A-E 六个区,其中 C、E 区为高变区,易发生变异,是导致疫苗保护力下降的原因之一。FCV 可根据 *VPI* 分为 GI 和 GII 两个亚型^[11]。由于 *VPI* 极易发生变异,FCV 不同毒株之间的交叉反应与 *VPI* 的高变区 E 相关,故 *VPI* 常被当作临床诊断的靶标^[12]。ORF3 编码与感染性病毒粒子的合成、成熟复制有关的次要衣壳蛋白 VP2^[13-15]。FCV 只有一个血清型,但因其易变异,可产生多种基因型,导致主要临床症状有差异,且复杂、高致病性毒株会提高患病猫的致死率^[2]。

本研究收集了来自成都市 113 份有呼吸道及口炎症状的猫眼鼻咽分泌物样本,采用 RT-PCR 方法进行检测,并对样本进行了流行病学诊断,以了解 FCV 的感染情况是否与猫的性别、年龄、品种和免疫情况等具有一定的关联性。此外,本研究在 24 份阳性样本中扩增出 5 株衣壳蛋白 *VPI* 部分序列,并与疫苗株和国内不同地区流行的毒株进行同源性分析,以了解 FCV 在成都与其他地区的分子流行病学特点以及病毒遗传变异情况的异同。本研究结果有望为研发新型有效的 FCV 疫苗提供理论方向。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 临床样本 临床样本采集于 2020—2023 年,来自成都地区的 17 家动物医院和 3 个猫舍,具体

为患有呼吸道疾病、口炎或有 FCV 病史的猫的眼鼻咽拭子,共计 113 份。记录样本宿主、品种、性别、年龄、症状、免疫情况等部分临床样本信息(见表 1)。(注:本研究共收集并检测了 113 份临床样本。在按性别、年龄等变量进行分层统计时,因部分样本信息记录不全,故各项分类统计的实际样本量基于有效信息数计算,因而少于 76 份。所有统计分析均以各类别的有效样本量为准。)将获得的样本加入病毒保存液,置于 -80 °C 保存备用。患猫主要表现出打喷嚏、眼鼻分泌物增多、结膜炎、呼吸困难、咳嗽、多涎和口腔溃疡等临床症状。

1.1.2 主要试剂及仪器 Trizol™ Reagent、Prime Script™ RT 试剂盒,生物工程(大连)有限公司产品;Quick Taq HS Dye Mix,东洋纺(上海)生物科技有限公司产品;Goldview(EB 替代品),陕西中晖赫彩生物医药科技有限公司产品;DL2000 DNA Marker、高纯度低电渗琼脂糖,北京擎科新业生物技术有限公司产品;普通 PCR 仪,Thermo Fisher Scientific 公司产品;凝胶成像系统、核酸电泳仪,Bio-Rad 公司产品。

1.2 方法

1.2.1 样本 RNA 的提取及 FCV 检测 使用涡旋震荡仪充分震荡样本管,使拭子头部的样本充分洗脱到保存液中,8 000 rpm 离心分离上清液,避免细胞碎片或污染物干扰检测。取 500 μL 上清液用 TRIzol 法进行 RNA 提取,然后用 Prime Script™ RTreagentKit 反转录试剂盒将 RNA 反转录成 cDNA,提取样本 RNA 采用 RT-PCR 法进行 FCV 检测,引物序列为:FCV-456 F:GAATTGGCTAARATCTTRCATGA,FCV-456 R:GGRGTTTCAGAGTTDGARGTCA,目的片段为 456 bp,反应条件为:94 °C 2 min,94 °C 30 s,53 °C 30 s,72 °C 1 min,72 °C 8 min。共 35 个循环。引物由上海生工生物公司合成。

1.2.2 *FCV-VPI* 基因序列的扩增 参考 GenBank 上发表的 *VPI* 基因序列,合成用于 *FCV-VPI* 基因部分基因扩增的引物进行 PCR 扩增,序列为:*FCV-VPI* F: GTTGGTGGTGTGA-TTGCCGA,*FCV-VPI* R: CTCCAGCCAGCAGTT TCTTG,预期目的片段大小为 720 bp。PCR 反应体系为 25 μL:HS 酶 12.5 μL、*FCV-VPI* F 1 μL、*FCV-VPI*

R 1 μ L、ddH₂O 8.5 μ L、cDNA 2 μ L。反应条件: 94 $^{\circ}$ C 2 min; 94 $^{\circ}$ C 30 s; 58 $^{\circ}$ C 30 s; 68 $^{\circ}$ C 1 min; 72 $^{\circ}$ C 8 min。将PCR产物回收纯化后与pET-28a(+)载体连接并进行克隆和转化,挑取10个平板上的菌落进行PCR鉴定,取10 μ L经PCR鉴定为阳性的细菌送至生工生物工程(上海)股份有限公司双向测序,获得FCV-VP1基因部分区序列信息。

1.2.3 基因遗传进化分析 将本研究获得的5株FCV的VP1基因测序结果与GenBank中的国内不同地域的流行毒株的VP1基因序列和已发表的疫苗株序列进行比对分析。使用MEGA 11.0软件进行多序列比对(ClusterW算法)和同源性分析,并根据基因比对结果采用邻接法(Neighbor-Joining Algorithm)构建聚类树。采用邻近法(Bootstrap自举值选择1 000次)根据VP1基因的比对构建系统遗传发育树。

1.2.4 统计学(流行病学)分析 将收集到的患病动物的性别、年龄、品种及免疫情况等样本信息,通过卡方分析,使用非参数检验比较FCV检出率在品种、年龄、性别以及免疫情况方面是否存在差异。相关性分析和双因素ANOVA分析通过IBM SPSS Statistics 28.0进行。若相关 P 值<0.05或<0.01,则认为数据差异具有统计学显著性或极显著性。

2 结果

2.1 FCV检测结果与分析

2.1.1 样本阳性检出率 用RT-PCR方法对113份猫眼鼻咽分泌物样本进行FCV检测。结果显示在2020—2023年成都部分地区采集的113份样本中检出FCV阳性样本24个,占样本总数的21.24%(95%CI=13.79%~28.69%)。

2.2 FCV感染发生率与猫性别、年龄、品种及免疫情况的关联分析

在性别上,FCV在雄性猫和雌性猫中的检出率分别为22.92%和28.57%,雌性猫的感染率略高于雄性猫,统计学分析结果表明成都地区的FCV感染率与猫的性别无显著相关性($P=0.59$)(表1);在年龄上,幼龄猫(≤ 12 月龄)和成年猫(> 12 月龄)检出率分别为24.14%和27.66%,成年猫的感染率略高于幼龄猫,统计学分析结果显示

成都地区FCV感染率与猫的年龄无相关性($P=0.735$)(表1);在品种上,中华田园猫、英短、美短、银渐层、金渐层和布偶猫的阳性检出率分别为15.38%、25%、50%、28.57%、40%、16.67%,其中美短、金渐层及英短的感染率较高,但统计学分析表明FCV感染率与猫的品种无相关性($P=0.660$)(表1);在免疫情况上,检测的76份样本中,已免疫的18份样本中有8份呈阳性,未免疫的58份样本中有11份呈阳性,FCV的感染率与猫的免疫情况间存在显著相关性($P=0.029$)(表1)。综上,成都地区FCV感染率与猫的性别、年龄、品种无显著相关性,但与免疫情况显著相关。

2.3 FCV-VP1基因同源性分析

为进一步研究成都地区FCV-VP1基因的分子特征和遗传变异,利用设计的扩增引物对24份阳性样本进行VP1部分区序列扩增,最终获得5株新的FCV毒株VP1序列(见图1),分别命名为SMU-M2、SMU-M7、SMU-M8、SMU-M13、SMU-M71,序列长度分别为719 bp、717 bp、724 bp、743 bp、737 bp。结果表明,本研究中5株毒株之间的核苷酸序列同源性为76.2%~97.3%(见图2),氨基酸序列同源性为84.0%~95.9%(见图3);与GenBank中分别来自中国华北、华东、华中、东北、西南五个地区的流行毒株的VP1基因参考序列以及3株疫苗株序列之间的核苷酸同源性为72.6%~84.1%,氨基酸同源性为80.7%~94.2%。

2.4 FCV-VP1基因遗传进化分析

将5株猫杯状病毒扩增的基因序列与国内五大地区的流行毒株和FCV疫苗株的基因序列构建遗传进化树和聚类树(见图4),结果显示这些FCV分为基因群I(GI)和基因群II(GII)两个大类。SMU-M2、SMU-M7、SMU-M13和SMU-M71株均属于GII亚型,SMU-M8株属于GI亚型。其中SMU-M2、SMU-M7和SMU-M13株处于同一分支,而其余两株(SMU-M8、SMU-M71)在GI和GII型各单独形成一个分支。对5株FCV进行序列分析发现,它们与疫苗株(见图4▲)遗传距离较远,均不在一个分支上。结果表明,本试验新获得的5株FCV与国内不同地区现有的病毒毒株具有明显的遗传多样性,5株毒株之间遗传进化关系复杂,且均与FCV疫苗株遗传距

表 1 FCV 流行率与猫性别、年龄、品种及免疫情况之间的相关性
Table 1 Correlation between the prevalence of FCV and gender, age, breed, and vaccination status in cats

变量 Variable	样本总数 Total samples	阳性样本数 Positive samples	阴性样本 数 Negative samples	阳性率(95% CI) Positive rate (95% CI)	比值比 OR	P 值 P-value
性别(n=76) Gender (n=76)						
雄性 Male	48	11	37	22.91%(10.95%~34.87%)	1.04	0.59
雌性 Female	28	8	20	28.57%(11.91%~45.23%)		
年龄(n=76) Age (n=76)						
小于 12 月龄 (≤12 month)	29	7	22	24.14%(8.66%~39.62%)	0.83	0.735
大于 12 月龄 (>12months)	47	13	34	27.66%(16.94%~41.75%)		
免疫情况(n=76)Vaccination status (n=76)						
已免疫 Vaccinated	18	8	10	44.44%(24.56%~66.30%)	3.42	0.029
未免疫 Unvaccinated	58	11	47	18.97%(10.94%~30.85%)		
品种(n=76) Chinese domestic cat						
中华本土猫	42	13	29	30.95%(18.88%~46.38%)	1.25	0.660
国外品种猫 Exotic breed cat	34	9	25	26.47%(14.15%~43.72%)		

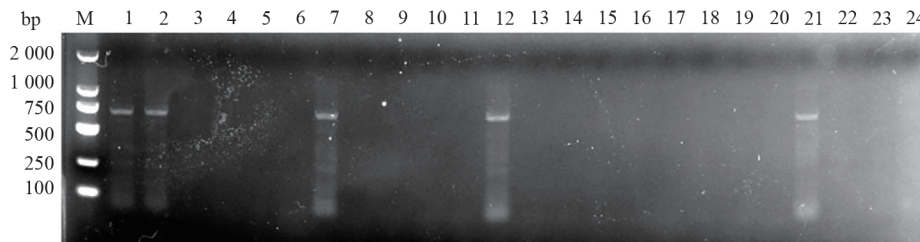


图 1 FCV 阳性样本 VPI 基因扩增结果

Fig. 1 VPI gene amplification results of FCV-positive samples

注:M:DNA 分子量标准;1~23:FCV 阳性样本;24:阴性对照。

Note: M: DNA molecular weight marker; 1-23: FCV-positive samples; 24: negative control.

离较远,这可能是目前临床上猫杯状病毒商品化灭活疫苗免疫失败的原因之一。

3 讨论

FCV 最早于 1957 年被 Fastier 分离得到^[7],之后陆续在欧洲、亚洲、非洲、美洲都分离到 FCV 毒株,目前已呈世界性分布^[16,17],且 FCV 在各个国家的流行情况均有一定的差异。因 FCV 为 RNA 病毒,变异速度较快^[2]在国内不同地区流行的毒株不同,流行情况也有所差异,选取北京^[18,19]、哈尔滨、安徽^[20]、上海^[21]、山东^[22]、西安^[23]、成都及重庆等城市作为中国东北、华北、华

东、西北以及西南 5 个地区的代表,与成都地区的流行情况做对比分析。

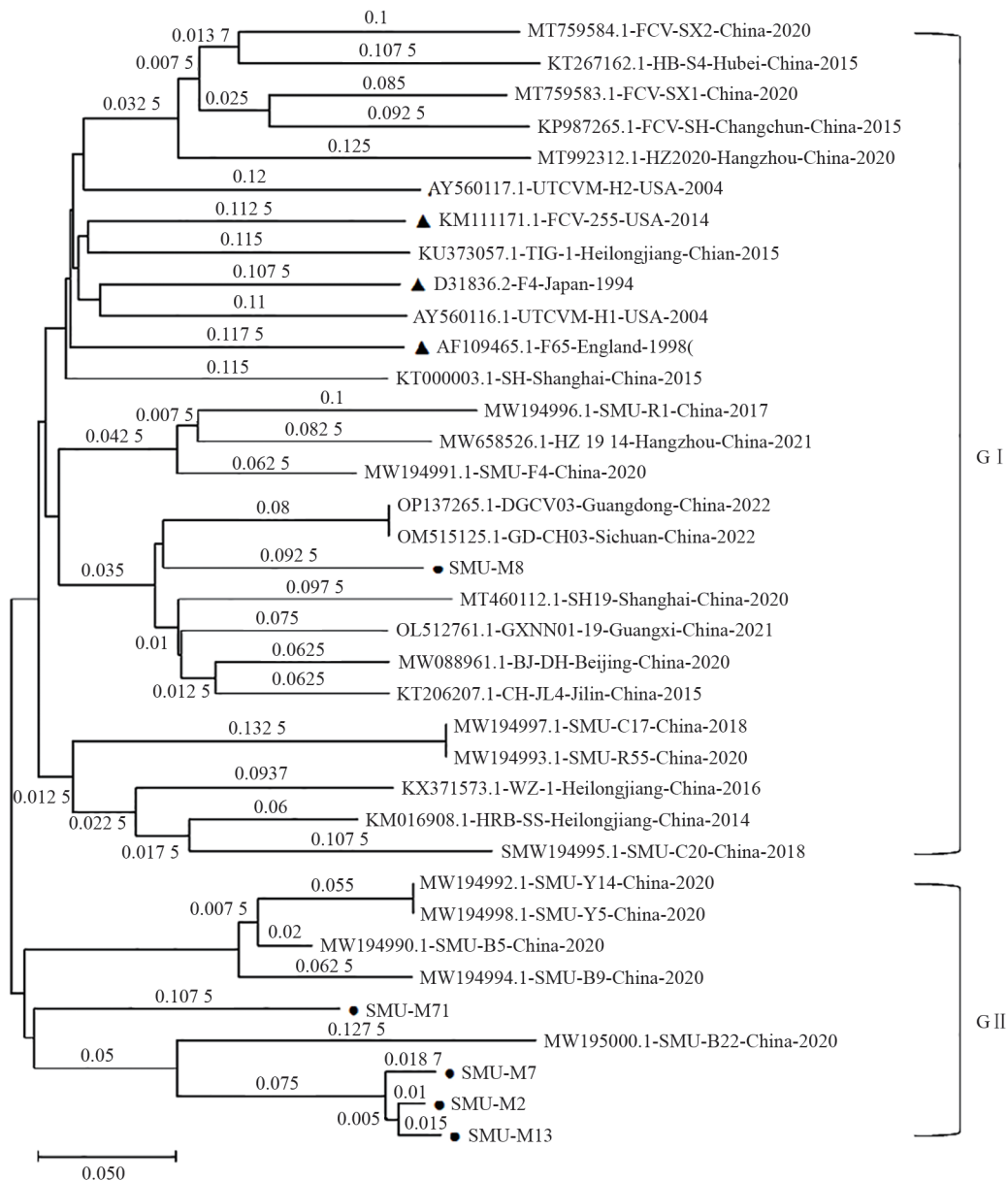
本次检测的 113 份样本中有 24 份为阳性,阳性率为 21.24%,西安(西北地区)、北京(华北地区)、哈尔滨(东北地区)、安徽(华东地区)、山东(华东地区)、上海(华东地区)、川渝(西南地区)的阳性率分别为 46.30%、46.30%、13.75%、58.67%、13.42%、27.20%、30.29%。与国内其他五个地区相比,华东地区阳性率较低,其中阳性率最高的是以安徽(58.67%)为代表的华东地区,可能与高密度养殖或者特定流行毒株和样本来源偏差有关。对不同年龄、不同性别、不同品种以及不同

	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		
1		80.0	80.5	80.2	78.6	78.7	78.5	77.4	76.6	78.5	78.2	76.2	78.7	77.5	77.2	76.6	79.9	79.9	75.2	71.8	76.2	78.7	76.8	75.5	76.6	76.8	76.9	77.5	77.3	1	YM-F4.seq
2	23.6		79.3	79.4	77.7	78.6	78.2	76.4	76.5	78.2	78.9	75.6	79.0	77.4	76.5	78.0	79.8	79.9	77.3	74.1	75.9	79.0	76.8	76.9	77.3	77.9	78.2	78.3	2	YM-F65.seq	
3	23.0	24.6		80.2	78.5	78.5	78.7	76.7	76.4	78.7	78.2	76.3	78.9	78.7	76.5	77.0	79.6	79.2	77.2	73.8	77.1	78.8	78.1	75.9	75.5	75.3	78.6	75.6	80.1	3	YM-255.seq
4	23.3	24.3	23.4		79.1	78.8	78.5	77.1	76.6	78.5	78.7	76.3	79.8	77.2	77.5	77.2	79.5	79.8	74.9	71.9	76.2	79.3	76.0	77.8	75.7	76.4	75.6	76.6	78.3	4	TIG-1-HLJ.seq
5	25.5	26.8	25.7	24.7		77.5	78.0	76.4	75.3	78.0	77.7	75.9	81.8	78.8	76.4	75.5	78.9	78.6	75.7	72.0	83.2	79.3	76.0	78.8	74.8	74.6	75.6	75.5	77.9	5	WZ-1-HLJ.seq
6	25.3	25.5	25.7	25.2	27.0		84.8	76.9	76.7	84.8	86.4	76.2	79.4	77.2	77.0	84.3	80.1	79.4	75.6	73.9	74.4	82.3	75.5	75.5	75.8	75.7	82.0	76.4	78.0	6	BJ-DH. seq
7	25.7	26.2	25.4	25.6	26.3	17.5		76.7	76.8	100.0	83.9	76.2	79.6	77.3	76.9	83.3	79.8	78.6	76.4	74.7	74.4	82.2	75.7	76.5	76.6	76.6	84.4	77.3	78.3	7	DGCV03-GD.seq
8	27.1	28.6	28.2	27.5	28.6	27.8	28.2		80.0	76.7	76.5	79.7	76.5	77.2	78.9	76.7	76.6	70.6	74.9	74.8	74.5	76.7	74.0	75.2	77.6	77.4	75.8	78.2	76.5	8	FCV-SX1.seq
10	28.4	28.5	28.7	28.3	30.3	28.2	28.0	23.6		76.8	77.0	81.6	76.4	75.1	78.6	75.2	76.6	76.2	73.2	75.2	72.2	76.7	72.8	74.2	79.6	79.4	77.1	79.9	76.8	9	FCV-SX2-S.seq
10	25.7	26.2	25.4	25.6	26.3	17.5	0.0	28.2	28.0		83.9	76.2	79.6	77.3	76.9	83.3	79.8	78.6	76.4	74.7	74.4	82.2	75.7	76.5	76.6	76.6	84.4	77.3	78.3	10	GD-CH03-SC.seq
11	26.0	25.0	26.0	25.4	26.7	15.3	18.5	28.4	27.7	18.5		76.2	80.5	78.1	76.7	84.1	80.2	80.0	76.2	74.1	74.9	85.2	75.7	76.1	75.2	75.5	82.7	75.9	76.8	11	GXXN01-19-GX. seq
12	29.0	29.9	28.8	28.8	29.3	28.9	28.9	23.9	21.4	28.9	28.9		77.4	74.4	78.8	74.4	76.5	76.3	73.8	74.2	73.2	76.0	72.9	75.3	77.7	78.2	74.4	78.1	75.3	12	HB-S4.seq
13	25.4	24.9	25.1	23.8	21.1	24.4	24.1	28.5	28.6	24.1	22.9	27.1		77.5	76.7	76.7	83.7	80.2	75.0	72.2	84.5	81.0	75.1	78.9	76.6	76.6	75.4	77.0	77.5	13	HRB-SS-HLJ. sec
14	27.1	27.2	25.2	27.6	25.2	27.6	27.5	27.4	30.6	27.5	26.3	31.6	27.2		73.7	76.5	78.8	78.4	76.6	72.5	76.5	86.1	75.8	76.8	75.0	75.0	78.5	75.3	79.8	14	HZ_19_14.sec
15	27.5	28.5	28.5	27.0	28.5	27.7	27.8	25.0	25.5	27.8	28.2	25.2	28.2	32.6		74.6	76.6	76.5	75.5	72.6	72.2	76.4	74.8	73.9	73.7	73.8	75.3	74.2	75.7	15	HZ2020.seq
16	28.5	26.5	27.8	27.5	30.0	18.2	19.4	28.2	30.6	19.4	18.5	31.6	28.3	28.7	31.2		76.7	77.1	74.8	74.9	74.2	77.0	75.2	75.8	76.6	76.6	82.5	77.1	75.8	16	SH. seq
17	23.7	23.9	24.2	24.3	25.1	23.4	23.9	28.4	28.4	23.9	23.3	28.5	18.7	25.2	28.3	28.4		79.8	75.7	72.3	76.1	80.3	75.6	77.9	74.5	75.0	77.1	75.3	77.2	17	Shanghai. sec
18	23.8	23.7	24.8	23.7	25.4	24.4	25.5	28.4	28.8	25.5	23.5	28.7	23.3	25.7	28.5	27.5	23.9		92.0	75.1	76.8	80.6	92.8	76.5	77.1	76.6	78.8	77.5	79.8	18	SMU-B5.seq
19	30.5	27.3	27.4	31.1	29.7	29.9	28.5	30.8	33.5	28.5	28.8	32.5	30.9	28.3	29.9	31.0	29.8	8.7		74.8	76.2	76.7	87.9	75.8	78.3	78.0	78.7	79.0	78.9	19	SMU-B9.seq
20	35.9	32.1	32.5	35.9	35.6	32.5	31.3	31.1	30.5	31.3	32.2	31.8	35.4	34.9	34.9	31.0	35.0	30.5	31.1		71.6	73.2	74.5	73.4	81.2	80.8	76.4	82.0	77.5	20	SMU-B22. sec
21	28.8	29.5	27.6	29.0	19.5	31.7	31.6	31.4	35.0	31.6	30.9	33.4	18.0	28.5	35.2	31.8	29.2	28.1	28.9	36.3		75.5	77.4	77.0	73.8	73.3	74.9	74.5	77.1	21	SMU-C20. seq
22	25.4	24.9	25.1	24.5	24.4	20.5	20.7	28.1	28.2	20.7	16.8	29.2	22.3	15.8	28.7	27.9	23.1	22.7	28.3	33.6	30.1		77.7	78.5	75.9	76.0	80.0	76.6	77.5	22	SMU-F4.seq
23	28.1	28.0	26.3	29.4	29.3	30.0	29.7	32.3	34.2	29.7	29.7	34.0	30.9	29.6	31.1	30.3	30.1	7.7	13.4	31.4	27.1	26.8		77.0	77.0	76.5	77.2	77.5	78.9	23	SMU-Y14.seq
24	30.0	28.1	29.4	26.5	25.1	30.1	28.5	30.5	31.8	28.5	29.2	30.1	25.1	28.2	32.5	29.7	26.5	28.5	29.7	33.2	27.9	25.6	27.8		76.5	76.3	77.9	77.1	78.5	24	SMU-R55.seq
25	28.5	27.3	30.0	29.8	31.2	29.6	28.2	26.8	24.0	28.2	30.4	26.6	28.3	30.7	32.9	28.2	31.6	27.7	26.1	22.2	32.9	29.3	27.9	28.5		96.9	76.9	97.8	77.2	25	SMU-M2.seq ●
26	28.2	27.4	30.3	28.4	31.6	29.7	28.3	27.1	24.2	28.3	30.0	25.9	28.4	30.7	32.8	28.3	30.8	28.5	26.4	22.8	33.6	29.2	28.5	28.8	3.1		76.5	97.5	77.0	26	SMU-M7.seq ●
27	28.0	26.7	25.4	30.3	30.2	31.2	18.0	29.7	27.7	18.0	20.4	31.6	30.3	25.9	30.4	20.8	27.8	26.1	25.2	29.1	31.2	23.5	27.5	26.7	27.9	28.5		76.9	78.2	27	SMU-M8.seq ●
28	27.3	26.1	30.0	28.6	30.4	28.7	27.3	26.0	23.6	27.3	29.5	26.2	27.9	30.3	32.3	27.6	30.5	27.1	25.2	21.4	31.9	28.5	27.3	27.8	2.3	2.6	2.7		77.3	28	SMU-M13. seq ●
29	27.4	25.9	23.5	26.0	26.7	26.3	25.9	28.6	28.2	25.9	28.3	30.2	27.0	23.8	29.8	29.7	27.5	23.9	25.2	27.2	27.8	27.2	25.2	25.6	27.6	27.9	26.3	27.5		29	SMU-M71.seq ●
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			

图2 核苷酸同源性比对结果

Fig. 2 Nucleotide sequence homology alignment results

	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			
1		61.4	7.4	60.8	58.8	58.2	26.8	85.5	57.5	55.7	26.8	57.9	55.5	59.4	87.0	56.7	60.5	7.2	86.2	81.5	88.8	7.6	85.2	87.0	7.1	16.4	87.1	6.7	6.5	1	YM-F4. seq.pro	
2	53.7		7.6	60.4	57.1	58.1	27.1	87.6	56.3	55.6	27.1	59.4	54.2	59.2	87.0	55.7	59.6	7.3	85.8	82.0	85.2	7.5	86.5	87.2	7.1	16.8	87.6	6.7	6.1	2	YM-F65. seq.pro	
3	84.5	0.775		7.6	7.3	7.7	30.0	6.5	7.3	7.0	30.0	7.9	7.2	7.6	6.2	6.9	6.8	51.4	6.3	6.0	5.5	49.8	5.8	5.8	37.7	6.3	5.4	37.9	48.2	3	YM-FCV-255. seq.pro	
4	54.9	55.7	796.0		59.8	59.9	27.0	87.1	56.9	56.0	27.0	59.3	55.4	61.7	89.8	57.1	60.1	7.3	85.5	81.0	88.8	7.1	89.2	87.2	7.1	16.4	86.7	6.7	6.5	4	TIG-1-HLJ. seq.pro	
5	59.1	62.8	845.0	57.0		56.9	27.3	85.5	55.2	54.1	27.3	57.4	55.7	63.2	87.1	56.7	59.1	6.4	84.0	80.8	90.0	6.5	87.8	85.0	7.1	16.4	85.5	6.7	6.5	5	WZ-1-HLJ. seq.pro	
6	60.2	60.5	775.0	56.8	63.2		32.4	91.9	55.2	55.1	32.4	70.4	55.3	60.4	85.1	55.4	61.5	7.4	84.8	82.2	84.5	7.2	84.8	84.0	7.5	15.5	93.0	6.7	6.1	6	BJ-DH. seq.pro	
7	182.4	180.7	159.6	180.9	179.0	145.7		8.8	24.8	26.2	100.0	33.6	26.4	30.2	8.7	26.5	29.3	29.2	8.3	9.1	8.6	30.7	8.1	9.1	42.3	7.1	7.9	43.3	46.5	7	DGCV03-GD. seq.pro	
8	16.2	13.6	1000.0	14.1	16.2	8.5	605.0		84.5	83.9	8.8	92.4	82.8	86.2	85.4	82.7	85.9	6.2	83.8	83.0	83.8	7.4	84.5	83.8	7.1	15.1	93.0	6.7	6.1	8	FCV-SH. seq.pro	
9	61.7	64.5	845.0	63.1	66.9	66.9	197.0	17.5		59.9	24.8	55.2	60.9	56.2	85.7	59.7	54.7	6.8	83.5	85.0	83.0	7.1	83.2	83.5	7.5	16.0	86.7	7.1	5.7	9	FCV-SX1. seq.pro	
10	65.9	66.0	1000.0	65.2	69.5	67.1	187.3	18.2	56.7		26.2	57.0	64.7	56.2	84.0	58.3	55.4	7.1	82.2	86.0	81.5	7.1	82.5	82.2	6.7	16.0	87.6	6.7	5.7	10	FCV-SX2. seq.pro	
11	182.4	180.7	159.6	180.9	179.0	145.7	0.0	605.0	197.0	187.3		33.6	26.4	30.2	8.7	26.5	29.3	29.2	8.3	9.1	8.6	30.7	8.1	9.1	42.3	7.1	7.9	43.3	46.5	11	GD-CH03-SC. seq.pro	
12	60.9	57.8	736.0	58.1	62.0	37.6	139.3	8.0	66.9	62.9	139.3		55.9	63.4	86.8	54.9	61.4	8.0	85.0	82.8	85.2	7.7	86.2	85.0	7.1	16.4	91.3	6.7	6.1	12	GXXN01-19-GX. seq.pro	
13	66.2	69.2	874.0	66.4	65.8	66.7	186.4	19.6	54.8	47.5	186.4	65.4		58.1	84.6	59.2	55.9	7.4	83.5	84.5	83.5	7.2	84.8	83.0	7.1	15.1	85.1	6.7	6.5	13	HB-S4. seq.pro	
14	57.7	58.7	796.0	53.2	50.2	55.8	158.4	15.2	64.7	64.8	158.4	49.8	60.6		88.3	56.6	70.0	7.7	84.8	81.5	92.5	7.3	89.0	86.2	7.1	15.1	85.1	6.7	6.5	14	HRB-S5-HLJ. seq.pro	
15	14.3	14.3	1000.0	10.9	14.1	16.7	615.0	16.3	16.0	18.0	615.0	14.5	17.3	12.7		81.3	87.0	6.6	83.5	83.2	86.2	7.5	85.8	84.0	7.1	16.0	87.6	6.7	6.5	15	HZ_19_14. seq.pro	
16	63.5	65.9	1000.0	62.7	63.6	66.6	185.0	19.8	57.2	60.2	185.0	67.7	58.3	63.9	21.5		55.5	6.8	83.5	80.8	82.5	7.0	83.5	82.2	7.1	14.7	84.2	6.7	5.7	16	HZ2020. seq.pro	
17	55.6	57.4	1000.0	56.3	58.4	53.6	164.3	15.6	68.1	66.5	164.3	33.8	65.4	38.2	14.3	66.3		6.7	83.0	82.5	83.8	6.5	87.2	84.0	7.5	15.5	86.7	7.1	6.1	17	Shanghai. seq.pro	
18	874.0	874.0	76.3	874.0	1000.0	180.9	165.1	1000.0	965.0	165.1	703.0	819.0	775.0	1000.0	1000.0	1000.0		7.6	6.0	6.5	53.4	6.3	6.8	44.4	9.2	6.6	45.8	48.6	18	SMU-B5seq. seq.pro		
19	15.2	15.8	1000.0	16.2	18.0	17.1	661.0	18.4	18.7	20.3	661.0	16.8	18.7	17.1	18.7	18.7	19.3	796.0		83.8	86.8	8.1	85.2	94.2	8.3	19.2	89.7	7.6	6.3	19	SMU-B9. seq.pro	
20	21.3	20.6	1000.0	22.0	22.3	20.3	586.0	19.3	16.8	15.5	586.0	19.7	17.4	21.3	19.0	22.3	20.0	1000.0	18.4		81.8	7.6	81.8	84.2	8.3	19.9	89.7	7.6	6.3	20	SMU-B22. seq.pro	
21	12.2	16.5	1000.0	12.2	10.8	17.4	637.0	18.4	19.3	21.3	637.0	16.5	18.7	17.9	15.2	20.0	18.4	1000.0	14.6	21.0		7.6	87.8	88.0	8.3	18.5	85.3	7.6	6.3	21	SMU-C20. seq.pro	
22	796.0	796.0	80.3	907.0	1000.0	874.0	15.5	845.0	907.0	945.0	155.7	775.0	907.0	845.0	796.0	1000.0	1000.0	71.2	703.0	796.0	796.0		7.6	7.8	38.5	8.8	6.6	39.2	43.7	22	SMU-F4. seq.pro	
23	16.5	14.9	1000.0	11.6	13.4	17.1	703.0	17.4	19.0	20.0	1000.0	15.2	17.1	19.0	15.8	18.7	14.0	1000.0	16.5	21.0	13.4	796.0		86.5	8.3	19.2	86.5	7.6	6.3	23	SMU-R55. seq.pro	
24	14.3	14.0	1000.0	14.0	16.8	18.0	586.0	18.4	18.7	20.3	586.0	16.8	19.0	15.2	17.1	20.3	18.0	1000.0	6.0	17.7	13.1	736.0	149.0		8.3	19.9	89.1	7.6	6.3	24	SMU-Y14. seq.pro	
25	907.0	907.0	128.0	907.0	907.0	796.0	10.3	907.0	796.0	1000.0	1000.0	103.0	907.0	907.0	907.0	907.0	796.0	96.3	661.0	661.0	661.0	117.4	661.0	661.0		8.5	6.8	95.8	44.4	25	SMU-M2. seq.pro	
26	301.0	292.0	1000.0	301.0	301.0	317.0	907.0	325.0	309.0	309.0	907.0	301.0	325.0	325.0	309.0	335.0	317.0	569.0	255.0	248.0	265.0	605.0	255.0	248.0	637.0		14.4	8.5	8.4	26	SMU-M7. seq.pro	
27	14.1	13.6	1000.0	14.7	16.2	7.4	736.0	7.4	14.5	13.6	736.0	9.2	16.7	16.7	13.6	17.8	14.7	14.0	1000.0	11.1	11.1	16.5	1000.0	14.9	11.8	1000.0	342.0		6.8	5.5	27	SMU-M8. seq.pro
28	1000.0	1000.0	119.7	1000.0	1000.0	1000.0	99.7	1000.0	945.0	99.7	1000.0	1000.0	1000.0	1000.0	1000.0	1000.0	945.0	91.7	775.0	775.0	775.0	114.7	775.0	775.0	4.3	637.0	1000.0		45.8	28	SMU-M13. seq.pro	
29	1000.0	1000.0	84.9	1000.0	1000.0	1000.0	89.6	1000.0	1000.0	1000.0	89.6	1000.0	1000.0	1000.0	1000.0	1000.0	1000.0	83.7	1000.0	1000.0	1000.0	98.5	1000.0	1000.0	96.3	661.0	1000.0	91.7		29	SMU-M71. seq.pro	
	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			

图 4 基于 *FCV-VPI* 序列利用邻近法构建的遗传进化树Fig. 4 Phylogenetic tree of *FCV-VPI* sequences constructed using the neighbor-joining (NJ) method

注: ● 本研究中的毒株; ▲ 猫杯状病毒疫苗株。

Note: ● Strains in this study; ▲ Feline calicivirus vaccine strains.

段组内核苷酸序列同源性为76.2%~97.3%,组内同源性较低;同中国不同地区毒株的同源性都较低,其中与四川毒株(GD-CH03)以及广西毒株(GXNN01-19)同源性较高,为84.1%;这说明FCV在中国本土存在跨地域传播感染,且流行的FCV毒株也存在着一定的变异。这种跨区域传播的可能途径包括宠物贸易,通过被污染的用具或人员接触,间接导致病毒传播,为不同来源毒株的引入、混合与再扩散提供了条件,这

可能是导致本地毒株遗传多样性高的主要原因^[24]。然而,由于本研究测序样本量有限,上述传播路径仍需通过更广泛的持续性监测和全基因组测序来精确绘制。同3株疫苗株FCV-255(KM111171)、F65(AF109465)和F4(D31836)的同源性较低,在75.0%~79.8%之间,这可能是成都地区部分猫接种疫苗后仍会感染FCV的原因之一。

系统发育分析显示,本研究的5株FCV毒株

与 GenBank 中 FCV 参考毒株在进化树中分为 2 个基因型,成都地区流行的 FCV 毒株在 GI、GII 两个亚型均有分布,其中 SMU-M2、SMU-M7、SMU-M13 和 SMU-M71 株均位于 GII 亚型,SMU-M8 株位于 GI 亚型。它证实了至少存在两种不同的基因型(GI 和 GII)在成都地区同时流行,并且在本研究的小样本集合中,可观察到 GII 型毒株占多数(4/5)的趋势。这一趋势为后续研究提供了一个明确的科学假说:成都地区 FCV 的优势流行基因型可能为 GII 型,这与华中地区的报道中称中国主要流行 GII 亚型相同。其中 M2、M7、M13 序列与我国 2020 年分离的毒株 SMU-B22(GenBank No.MW195000.1)亲缘关系最近,处于同一分支上;SMU-M8 毒株与其余 4 株亲缘关系较远,与我国 2022 年分离的广东毒株 DGCV03(GenBank No.OP137265.1)和四川毒株 GD-CH03(GenBank No.OM515125.1)距离相对较近。本次研究发现的 5 个毒株与其他地区的毒株遗传距离较远,且只与成都本地的 SMU-B22 毒株亲缘关系较近,这说明 FCV 毒株各基因型存在较大变异,且不同地域分布的毒株差异较大,在同一地区流行的毒株也存在多样性,不同地区的流行特征也各有不同。值得注意的是,本研究中的 5 株 FCV 毒株与疫苗株 FCV-255(KM111171)、F65(AF109465)和 F4(D31836)显示出较远的遗传关系,本地流行株可能正在经历定向的进化。虽然这些突变的具体功能意义,尤其是它们是否影响抗原性,即导致免疫原性漂移,需要进一步的实验来直接证实,但本研究的序列数据为这一科学假说提供了初步的遗传学线索。未来研究可聚焦于当下 FCV 流行株免疫原性变化情况,评估现有疫苗对流行株的保护效力,为相关疫苗研发提供一定的思路。

4 结论

本文研究通过对成都地区的 113 份患有呼吸道、口炎症状或有 FCV 病史的猫的眼鼻咽拭子样本通过 RT-PCR 进行 FCV 检测,结果显示共有 24 份阳性样本,总阳性率为 21.24%;通过对 5 株分离株的同源性分析,结果显示与四川毒株和广西毒株同源性较高,表明该病毒存在跨地域传播的可能;对年龄、性别、品种及免疫情况进行统计学分析,结果显示成都地区 FCV 感染率与

猫的性别、年龄、品种无相关性,而在不同免疫情况的猫间存在显著差异。

参考文献

- [1] Hofmann-Lehmann R, Hosie M J, Hartmann K, et al. Calicivirus Infection in Cats[J]. Viruses, 2022, 14 (5):937.
- [2] 王 洁,廖均乐,钱 鹏,等.猫杯状病毒的进化与致病性研究进展[J].中国兽医杂志,2021,57(02):62-65.
- [3] Tian J, Liu D, Liu Y, et al. Molecular characterization of a feline calicivirus isolated from tiger and its pathogenesis in cats[J]. Vet Microbiol, 2016,192:110-117.
- [4] Wei Y, Zeng Q, Gou H, et al.. Update on feline calicivirus: viral evolution, pathogenesis, epidemiology, prevention and control[J]. Front Microbiol, 2024, 15: 1388420.
- [5] 任灿斌,李 伟,谢 曦,等.圈养白化孟加拉虎感染猫杯状病毒的诊断和防治[J].经济动物学报,2020,24 (01):22-23.
- [6] Spiri A M. An update on feline calicivirus[J]. Schweiz Arch Tierheilkd, 2022,164(3):225-241.
- [7] 孙雅鑫,吴 斌.猫杯状病毒及疾病诊疗研究进展[J].动物医学进展,2015,36(11):97-101.
- [8] 洪 健,周雪平. ICTV 第八次报告的最新病毒分类系统[J].Virologica Sinica, 2006(01):84-96.
- [9] 王 浩,白安斌,刘金凤,等.三株猫杯状病毒的分离鉴定及致病性研究[J].中国兽医科学,2020,50(06): 717-724.
- [10] Zhang S J, Su D, Zhao S B, et al. Isolation, identification, and genetic evolution analysis of VP1 gene of feline calicivirus strain ZZ202306[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2025,26 (6):2565.
- [11] 杨 敬,李永清.猫杯状病毒的分子生物学[J].动物医学进展,2001(03):16-19.
- [12] Tang A, Zhu M, Zhu J, et al. The recombinant feline herpesvirus 1 expressing feline Calicivirus VP1 protein is safe and effective in cats[J]. Vaccine, 2024, 42(26):126468.
- [13] Li L, Liu Z, Shi J, et al. The CDE region of feline Calicivirus VP1 protein is a potential candidate subunit vaccine[J]. BMC Veterinary Research. 2024, 20(1):80.
- [14] 孟凯闻,孟 赓,林德贵,等.猫杯状病毒研究进展[J].中国兽医杂志,2018,54(04):60-63+1.
- [15] Sosnovtsev S V, Belliot G, Chang K O, et al. Feline

- calicivirus VP2 is essential for the production of infectious virions[J]. *Journal of Virology*, 2005,79(7): 4012-4024.
- [16] Bannasch M J, Foley J E. Epidemiologic evaluation of multiple respiratory pathogens in cats in animal shelters[J]. *Journal of Feline Medicine and Surgery*, 2005,7(2):109-119.
- [17] 何 平,杨文娟,李法凯,等. 猫杯状病毒的分离鉴定及其全基因组的序列分析[J]. *中国动物传染病学报*, 2016,24(01):1-6.
- [18] 许楚楚,胡士玲,陈宋杰,等. 北京地区猫杯状病毒和疱疹病毒流行病学调查[J]. *中国兽医杂志*, 2017,53(11):23-26, 29.
- [19] 王 洁,丁航天,廖均乐,等. 猫杯状病毒分离鉴定及其 VP1 基因序列分析[J]. *动物医学进展*, 2021,42(08):50-56.
- [20] 杨玥晗. 安徽省猫疱疹病毒I型和猫杯状病毒的流行病学调查与分析[D]. 合肥:安徽农大, 2020.
- [21] 谢画画. 上海地区猫疱疹病毒和杯状病毒感染病例的流行病学调查及治疗效果评价[D]. 银川:宁夏大学, 2021.
- [22] 曲雪婷,王 森,原昆鹏,等. 山东部分地区猫细小病毒、疱疹病毒、杯状病毒流行情况调查[J]. *中国兽医杂志*, 2020,56(11):81-84.
- [23] 高楚茜,陈冰洁,米 洁,等. 西安地区猫杯状病毒流行病学调查与分析[J]. *中国兽医杂志*, 2022,58(03): 101-105.
- [24] Sun Y, Deng M, Peng Z, et al. Genetic and phylogenetic analysis of feline calicivirus isolates in China[J]. *The Veterinary Journal*, 2017,220:24-27.