

程静, 陈俭, 肖薇, 等. 2023—2024 年华东地区 PRRSV *ORF5* 基因的分子流行病学与遗传演化分析 [J]. 畜牧与兽医, 2026, 58 (10): 85–92.
Cheng J, Chen J, Xiao W, et al. Molecular epidemiology and genetic evolution of PRRSV *ORF5* in East China during 2023–2024 [J]. Animal Husbandry & Veterinary Medicine, 2026, 58 (10): 85–92.

2023—2024 年华东地区 PRRSV *ORF5* 基因的分子流行病学与遗传演化分析

程静^{1#}, 陈俭^{2#}, 肖薇¹, 吴金龙³, 孙春清³, 刘兆喜³,
李铎¹, 李玉博¹, 刘林青^{4*}, 张振东^{1*}

- (1. 扬州大学兽医学院, 江苏 扬州 225009;
2. 福建省海新集团有限公司, 福建 漳州 363100;
3. 勃林格殷格翰 (中国) 动物保健, 上海 静安 200040;
4. 中国动物疫病预防控制中心, 北京 100125)

摘要: 旨在分析华东地区猪繁殖与呼吸综合征病毒 (PRRSV) 的流行特征及 *ORF5* 基因遗传演化规律。本研究于 2023—2024 年从华东地区六省一市的规模化猪场收集 236 份疑似 PRRSV 感染的临床样品, 荧光定量 PCR (qPCR) 检测样品显示, PRRSV2 总体阳性率为 19.92% (47/236), 未检出 PRRSV1; 经反转录 PCR (RT-PCR) 扩增与基因测序, 成功获得 32 条 *ORF5* 全长基因序列。与 GenBank 常见参考毒株 *ORF5* 基因进行核苷酸同源性分析并构建系统发育进化树, 结果显示 32 条 *ORF5* 序列分布在谱系 1 (占比 75%)、谱系 5 (占比 9.4%) 和谱系 8 (占比 15.6%) 3 个谱系中, 其与代表性毒株 NADC30/NADC34 (谱系 1)、VR2332 (谱系 5) 和 JXA1 (谱系 8) 的核苷酸同源性范围分别为 84.4%~95.9%、81.8%~99.3% 和 81.7%~99.3%。重组分析表明, 32 条 *ORF5* 基因序列中有 10 条存在不同程度的重组, 重组模式以 NADC30 (谱系 1.8) 与 NADC34 (谱系 1.5) 为主 (8/10)。GP5 蛋白氨基酸序列变异分析显示, 变异主要集中于 2 个高变区与诱饵靶位区。本研究结果丰富了华东地区 PRRSV 的分子流行病学数据, 为该区域猪繁殖与呼吸综合征的综合防控提供了参考。

关键词: 猪繁殖与呼吸综合征病毒; 华东地区; *ORF5*; 分子流行病学; 重组

中图分类号: S855.3 **文献标志码:** A **文章编号:** 0529-5130(2026)10-0085-08

Molecular epidemiology and genetic evolution of PRRSV *ORF5* in East China during 2023–2024

CHENG Jing^{1#}, CHEN Jian^{2#}, XIAO Wei¹, WU Jinlong³, SUN Chunqing³, LIU Zhaoxi³,
LI Duo¹, LI Yubo¹, LIU Linqing^{4*}, ZHANG Zhendong^{1*}

- (1. College of Veterinary Medicine, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China;
2. Fujian Hai Xin Group Co., Ltd., Zhangzhou 363100, China;
3. Boehringer Ingelheim Animal Health Co., Ltd., Shanghai 200040, China;
4. China Animal Disease Control Center, Beijing 100125, China)

Abstract: The high variability of porcine reproductive and respiratory syndrome virus (PRRSV) poses an ongoing threat to China's swine industry. In the present study, the epidemiological characteristics and *ORF5* gene genetic evolution of PRRSV in East China were investigated. A total of 236 clinical samples (suspected PRRSV) were collected from large-scale pig farms across seven provinces in East China during 2023–2024. qPCR detection revealed an overall PRRSV2 positivity rate of 19.92% (47/236), with no PRRSV1 detected. Thirty-two *ORF5* genes were successfully obtained via RT-PCR amplification and sequencing. Nucleotide homology analysis and phylogenetic tree with reference strains from GenBank showed that the 32 *ORF5* sequences clustered into three lineages: lineage 1 (75%, 24/32), lineage 5 (9.4%, 3/32), and lineage 8 (15.6%, 5/32). Their nucleotide identities with representative strains NADC30/NADC34 (lineage 1),

收稿日期: 2025-10-26; 修回日期: 2026-07-20

基金项目: 扬州大学人才引进启动项目

第一作者: 程静, 女, 本科生; 陈俭, 男, 博士, 高级兽医师。#共同第一作者

* 通信作者: 张振东, 副教授, 主要从事 PRRSV 的流行病学、防控净化研究工作, E-mail: zhangzhendong90@126.com; 刘林青, 高级兽医师, 主要从事动物疫病监测工作, E-mail: 111sph@163.com。

VR2332 (lineage 5), and JXA1 (lineage 8) were 84.4%–95.9%, 81.8%–99.3%, and 81.7%–99.3%, respectively. The recombination analysis identified recombination events in 31.25% (10/32) of the *ORF5* sequences, predominantly (8/10) from NADC30 (lineage 1.8) and NADC34 (lineage 1.5). The amino acid variation analysis of the GP5 protein highlighted mutations concentrated in two hypervariable regions (HVRs) and the decoy epitope region. These findings enriched molecular epidemiological data on PRRSV in Eastern China, and provided crucial reference for prevention and control of PRRS in the region.

Keywords: PRRSV; East China; *ORF5*; molecular epidemiology; recombination

猪繁殖与呼吸综合征 (PRRS) 是一种由猪繁殖与呼吸综合征病毒 (PRRSV) 引发的严重的接触性传染病, 俗称“蓝耳病”。在我国, PRRS 被划为二类传染病, 感染后主要表现为母猪流产、死胎、早产等, 断奶后仔猪会出现呼吸困难、生长发育迟缓等临床症状。据 Zhang 等^[1]对母猪场与育肥场的调查发现, 我国猪群 PRRS 暴发后带来的经济损失约为 1 424 元/头, 该病是影响我国生猪产业最重要的疾病之一^[2–3]。PRRSV 隶属套式病毒目、动脉炎病毒科 (Arteriviridae)、猪动脉炎病毒属 (*Porarterivirus*), 是一种单股正链 RNA 病毒, 全基因组长约 15 kb, 根据全长核苷酸序列同源性可将 PRRSV 分为以 LV 株为代表的 PRRSV1 (常称欧洲型) 与以 VR2332 为代表的 PRRSV2 (常称美洲型)^[4]。我国主要以 PRRSV2 的流行为主, 具有丰富的毒株多样性, 其中由 *ORF5* 编码的 GP5 蛋白是结构蛋白中变异程度最高的糖基化蛋白, 常作为 PRRSV 分子流行病学监测和遗传变异演化分析的靶标^[5]。基于 NCBI 数据库中 82 237 条 *ORF5* 序列, 最新的研究可将 PRRSV2 分为 11 个谱系 (lineage)^[6], 而我国主要以谱系 1、3、5、8 为主, 代表毒株分别为 NADC30、QYYZ、VR2332、JXA1^[7–8]。关于华东地区 PRRSV 的分子流行病学调查研究较少, 张杰等^[9]于 2021—2022 年的调查发现, 24 个阳性样品中 11 个属于谱系 8, 10 个属于谱系 1, 2 个属于谱系 3, 1 个属于谱系 5。为了进一步了解该区域 PRRSV 的流行现状及 *ORF5* 变异演化规律, 本研究于 2023—2024 年共收集华东地区规模化猪场 236 份疑似 PRRSV 临床样品进行检测, 对其中 40 条 *ORF5* 基因进行序列测定及变异分析, 以期丰富该区域 PRRSV 的分子流行病学数据。

1 材料与方法

1.1 临床样品

本实验室于 2023—2024 年期间在华东地区六省一市共收集 236 份疑似 PRRSV 阳性样品, 包含肺脏、淋巴结、血样、睾丸处理液等, 保存在 -20 ℃ 冰箱备用。

1.2 主要试剂和仪器

病毒基因组 DNA/RNA 提取试剂盒 (DP315),

北京天根生化科技有限公司产品; 2×*Taq* Plus Master Mix II (Dye Plus)(P213-01)、HiScript III 1st Strand cDNA Synthesis Kit (+ gDNA wiper) (R312-01)、DL2000 Plus DNA Marker (MD101-01) 和 HiScript III U+ One Step qRT-PCR Probe 5 × Master Mix (Q611), 南京诺唯赞生物科技股份有限公司产品。

主要仪器: PCR 扩增仪 (A37835), 产自美国 Applied Biosystem 公司; 实时荧光定量 PCR (qPCR) 仪 (QuantStudio™ 3), 产自美国 Applied Biosystem 公司; 琼脂糖凝胶电泳仪 (122-3146), 产自北京六一仪器厂; 凝胶成像分析仪 (5200 Multi), 产自上海天能科技有限公司; 低温高速离心机 (Centrifuge 5420), 产自美国 Eppendorf 公司; 核酸提取均质仪 (TGrinder H24), 产自北京天根生化科技有限公司; -80 ℃ 超低温冰箱 (FORMA 900 SERIES), 产自美国赛默飞世尔科技公司; 漩涡混合器 (Vortex-Genie2), 产自美国 Scientific Industries; 超净工作台 (SJ-CJ-2F), 产自苏州正德智能科技有限公司; 恒温水浴锅 (HH-2), 产自上海力辰仪器科技有限公司。

1.3 *ORF5* 引物的设计与合成

根据 GenBank 中 PRRSV2 常见参考毒株 (表 1) 基因序列设计 1 对可扩增 *ORF5* 全长基因引物, *ORF5*-F: 5'-TGCTTCATTTCATGACACCTG-3'; *ORF5*-R: 5'-ATATCATCACTGGCGTGTAGG-3', 产物长度 742 bp, 引物由上海生工生物工程技术有限公司合成。

1.4 样品核酸提取、qPCR 检测与反转录

按照 DNA/RNA 提取试剂盒说明书提取肺脏与淋巴结组织样品研磨液、血清、睾丸液的基因组, 以提取的 RNA 为模板, 使用先前建立的 qPCR 方法对样品进行检测^[10–11]; 应用 HiScript III 1st Strand cDNA Synthesis Kit 反转录酶试剂将 qPCR 检测为阳性样品的 RNA 反转录为 cDNA, 用于后续 *ORF5* 扩增。

1.5 *ORF5* 扩增与测序

以上述得到的 cDNA 为模板, 进行 *ORF5* PCR 扩增。反应体系: 上、下游引物各 1.5 μL, cDNA 5 μL, 2×*Taq* Plus Master Mix II (Dye Plus) 25 μL, ddH₂O 17 μL; 反应程序: 95 ℃ 预变性 3 min; 95 ℃

变性15 s, 56 ℃退火 20 s, 72 ℃延伸 1 min, 35 个循环; 72 ℃终延伸 5 min。同时设阴性对照。PCR 产物

用 1%琼脂糖凝胶电泳检测, 鉴定为阳性的 PCR 产物送至上海生工生物工程技术有限公司进行测序。

表 1 参考毒株信息

毒株	GenBank 登录号	来源	谱系/亚谱系	毒株	GenBank 登录号	来源	谱系/亚谱系
VR2332	U87392	美国	5	QYYZ	JQ308798	中国	3
RespPRRS	AF066183	美国	5	GM2	JN662424	中国	3
R98	DQ355796	中国	5	JXwn06	EF641008	中国	8
CHjs2021	PP053519	中国	5	CHjs2020	PP053520	中国	8
CH-1α	AY032626	中国	8	NADC30	JN654459	美国	1. 8
CH-1R	EU807840	中国	8	CHsx1401	KP861625	中国	1. 8
JXA1	EF112445	中国	8	CHah2022	PP053521	中国	1. 8
JXA1-P80	FJ548853	中国	8	LNWK96	MG860516	中国	1. 8
TJ	EU864232	中国	8	LNWK130	MG913987	中国	1. 5
TJbd14-1	KP742986	中国	8	CHjs2022	PP053518	中国	1. 5
HuN4	EF635006	中国	8	MN184A	DQ176019	美国	1. 5
HeN1201	MF689000	中国	8	NADC34	MF326985	美国	1. 5

1.6 ORF5 序列分析

利用 DNASTAR 7.3 软件对样品与 GenBank 参考毒株 ORF5 基因进行核苷酸和氨基酸同源性分析; 应用 Mega 11 软件中“最大似然法”(Maximum Likelihood)绘制遗传进化树; 利用 SimPlot 3.5.1 软件(Window: 80 bp; Step: 10 bp)分析 ORF5 序列与不同谱系代表毒株的重组情况。

2 结果

2.1 临床样品检测及 ORF5 基因的扩增

对 2023—2024 年在华东地区收集的 236 份疑似 PRRSV 感染的组织样品和血清进行 PRRSV1 与 PRRSV2 的 qPCR 检测, 结果显示 PRRSV2 阳性率为 19.92% (47/236), 未检测到 PRRSV1。利用设计的 ORF5 引物进行反转录 PCR (RT-PCR) 扩增, 47 份阳性样品中扩增出 40 个与目的片段大小一致的条带, 克隆后测序获得 32 条 ORF5 基因序列(剔除同场区核苷酸同源性 100%的序列)。ORF5 基因序列根据样

品来源的地点及时间命名。

2.2 ORF5 基因的核苷酸同源性分析

使用 DNASTAR 7.3 软件中 Megalign 比较 32 条 ORF5 序列与国内外常见 ORF5 基因的核苷酸同源性。结果显示, 32 条 ORF5 序列与 PRRSV2 不同谱系代表毒株 NADC30、NADC34、QYYZ、VR-2332、JXA1 ORF5 基因的核苷酸同源性分别为 85.6%~92.9%、84.4%~95.9%、80.1%~84.9%、81.8%~99.3%和 81.7%~99.3% (表 2), 表明华东地区 PRRSV2 变异程度较大。福建省不同地区的 2 个样品 FJgh-24-2 与 FJnaxwt-24 同源性为 100%, 表明该毒株可能为该区域流行的优势毒株且存在交叉传播; 山东地区同一个场区不同时间测序样品 SDdez-2310 与 SDdez-2403 同源性为 99%, 表明该毒株可在场区持续循环传播; 江苏地区同一个猪场同时时间测序样品 JSds-2310-1 与 JSds-2310-2 同源性仅为 88.1%, 表明同一个猪场可能存在完全不同的 2 个毒株。以上结果表明华东地区猪场仍面临较大的 PRRS 防控压力。

表 2 PRRSV2 ORF5 基因核苷酸及氨基酸同源性分析 %

序列名称	地区	参考毒株				
		VR-2332	NADC30	NADC34	QYYZ	JXA1
JSds-2310-1	江苏	84. 2/83. 1	92. 9/94. 5	86. 2/90. 0	82. 3/82. 1	83. 9/85. 1
JSds-2310-2	江苏	82. 8/79. 1	90. 5/90. 0	85. 7/85. 6	80. 1/78. 6	81. 6/81. 1
JSxd-2310	江苏	89. 1/87. 6	85. 7/86. 1	87. 1/87. 1	83. 4/82. 6	99. 3/99. 5
JSha-2311-1	江苏	87. 4/86. 6	87. 6/91. 0	95. 2/94. 5	84. 2/83. 6	86. 6/89. 1
JSha-2311-2	江苏	86. 9/85. 6	87. 2/90. 0	95. 5/94. 5	83. 9/83. 1	86. 1/88. 1

续表 2

%

序列名称	地区	参考毒株				
		VR-2332	NADC30	NADC34	QYYZ	JXA1
JSgm-2306-1	江苏	84. 6/82. 6	92. 2/91. 0	86. 9/89. 1	83. 3/80. 6	84. 4/85. 1
JSgm-2306-4	江苏	86. 2/85. 6	91. 4/93. 0	92. 0/94. 0	84. 9/85. 1	86. 2/86. 6
SDkz-2312-1	山东	86. 7/85. 5	88. 8/92. 0	87. 7/91. 5	83. 2/83. 5	90. 5/89. 0
SDhz-2312	山东	84. 9/81. 6	92. 0/92. 5	86. 2/88. 6	83. 4/82. 6	84. 1/83. 1
SDdze-2310	山东	87. 6/86. 6	87. 9/90. 0	95. 5/94. 5	84. 4/83. 6	86. 7/89. 1
SDdze-2403	山东	87. 2/86. 1	88. 1/90. 0	96. 0/94. 5	84. 1/83. 1	86. 6/88. 1
SDhz-2401	山东	85. 1/82. 1	92. 2/92. 5	86. 1/88. 6	83. 3/82. 1	84. 2/83. 6
SHsj-2404	上海	88. 4/86. 1	85. 9/85. 6	86. 9/86. 6	83. 4/82. 1	99. 3/98. 0
AHcm-2310	安徽	89. 1/87. 1	85. 7/86. 1	87. 1/87. 1	83. 6/82. 1	98. 5/98. 0
AHbzby-2405-1	安徽	98. 2/96. 5	85. 6/83. 1	87. 9/85. 1	83. 6/80. 1	89. 1/86. 1
AHbzby-2405-2	安徽	85. 1/83. 6	91. 2/91. 5	87. 2/89. 6	82. 9/82. 1	84. 7/85. 1
AHdc-2401	安徽	84. 9/84. 1	86. 6/89. 6	94. 5/94. 5	83. 1/82. 1	85. 1/85. 6
AHfc-2402	安徽	88. 9/87. 6	85. 6/86. 1	86. 9/87. 1	83. 3/82. 6	99. 2/99. 5
AHxd-2402	安徽	86. 1/86. 1	87. 7/90. 5	95. 9/95. 0	83. 6/83. 1	85. 6/88. 1
JXwn-2405	江西	86. 2/85. 1	87. 4/90. 0	94. 0/93. 5	83. 9/83. 1	85. 4/86. 6
JXwn-2404-1	江西	85. 7/85. 1	87. 2/90. 5	93. 5/93. 0	83. 7/83. 1	85. 1/86. 6
JXwn-2404-2	江西	81. 8/78. 1	91. 7/89. 6	84. 4/85. 1	81. 9/78. 1	82. 8/81. 6
FJb4-2404	福建	84. 2/84. 6	92. 0/93. 0	86. 7/91. 0	84. 4/84. 1	84. 9/86. 1
FJscxs-24	福建	84. 7/81. 1	91. 9/89. 6	85. 7/85. 1	81. 8/79. 1	84. 4/82. 6
FJgh-24-2	福建	83. 4/83. 6	91. 5/90. 0	86. 4/89. 6	82. 6/82. 6	82. 8/84. 1
FJwyxm-24	福建	83. 3/83. 6	91. 4/90. 0	86. 2/89. 6	82. 4/82. 6	82. 6/84. 1
FJnaxwt-24	福建	83. 4/83. 6	91. 5/90. 0	86. 4/89. 6	82. 6/82. 6	82. 8/84. 1
ZJzgl-24	浙江	82. 4/82. 1	90. 4/88. 6	85. 4/88. 1	81. 4/81. 1	81. 6/82. 6
ZJnbch-24	浙江	85. 6/82. 1	86. 1/88. 6	94. 2/88. 1	83. 4/81. 1	84. 6/84. 6
ZJlidx-24	浙江	86. 2/84. 6	87. 4/90. 5	95. 7/94. 0	84. 2/85. 6	85. 6/87. 6
ZJdt-24	浙江	99. 0/98. 0	85. 9/83. 6	87. 9/86. 1	83. 7/81. 1	88. 7/87. 1
ZJtf-24	浙江	99. 3/98. 5	86. 2/84. 1	88. 2/86. 1	84. 1/81. 6	88. 9/87. 1

注：表中数据，分子为核苷酸序列同源性，分母为氨基酸序列同源性。

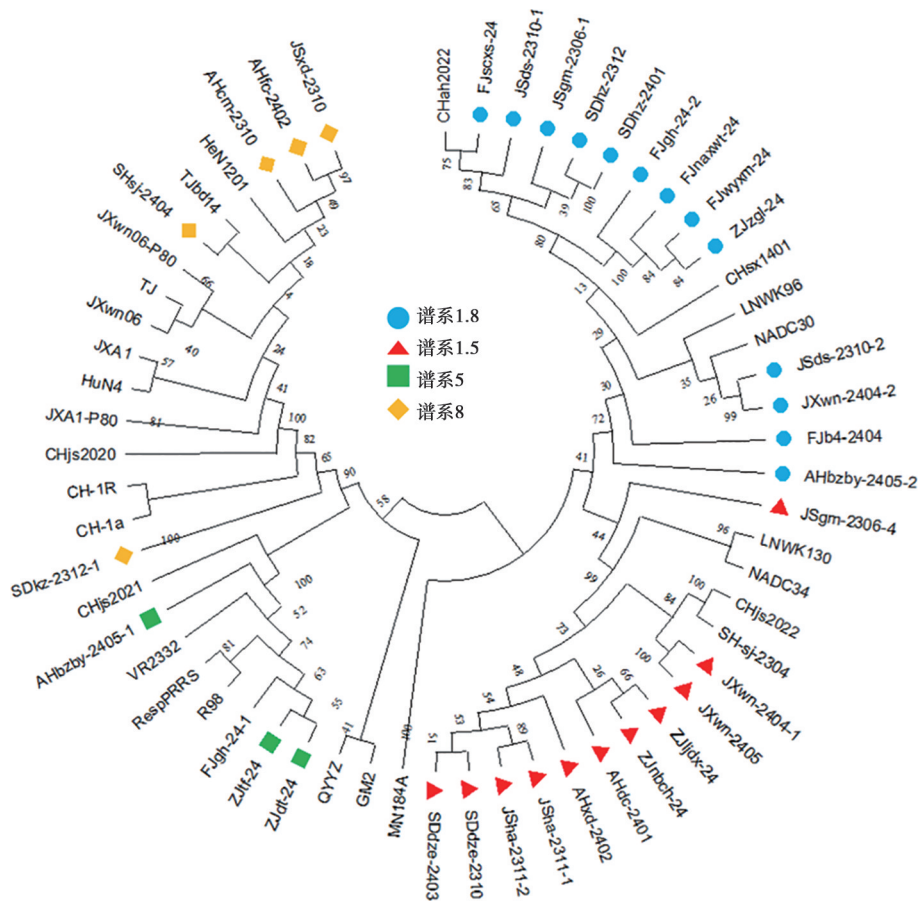
2.3 ORF5 基因的遗传演化分析

将获得的 32 条序列与常见 PRRSV2 毒株的 *ORF5* 基因进行比对，使用 Mega 软件构建遗传进化树。结果如图 1 所示，32 条 *ORF5* 序列被划分至 3 个谱系：谱系 1（NADC34-like 11 条，NADC30-like 13 条），谱系 5（3 条）和谱系 8（5 条），分别占比 75%、9.4% 和 15.6%，表明 2023—2024 年华东地区 PRRSV 的流行以谱系 1 毒株为主。福建地区获得的 5 条 *ORF5* 基因序列均属于谱系 1，表明该区域需加强做好 PRRSV 谱系 1 流行毒株的防控；谱系 8 中 4 条 *ORF5* 序列与疫苗演化毒株 TJbd14-1 处于同一个分支，谱系 5 中 3 条 *ORF5* 序列与经典毒株 VR2332 及其疫苗毒株 RespPRRS 处于同一分支，表明谱系 8、

谱系 5 分离毒株可能均与 PRRSV 减毒活疫苗的使用有关。

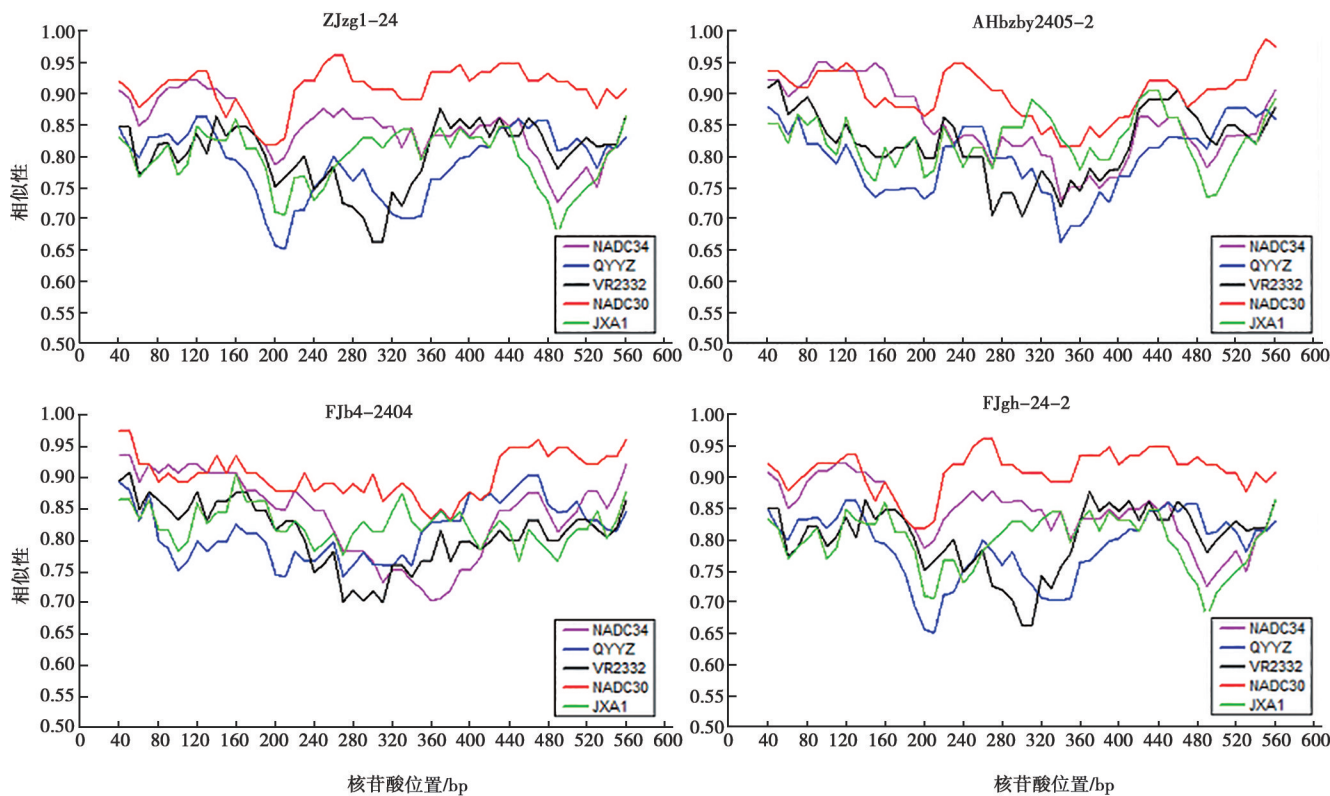
2.4 ORF5 基因的重组分析

将获得的 32 条序列与 PRRSV 2 不同谱系代表毒株（NADC30、NADC34、QYYZ、VR2332、JXA1）的 *ORF5* 基因比对，使用 SimPlot 软件进行重组分析。结果如图 2 所示，10 条 *ORF5* 基因序列发生了重组活动，其中 8 条序列来源于谱系 1 内毒株 NADC30 与 NADC34 的重组；JXwn-2404-1 重组于 NADC34（谱系 1）、QYYZ（谱系 3）、JXA1（谱系 8），而 SDkz-2312-1 由 NADC30（谱系 1）、NADC34（谱系 1）、JXA1（谱系 8）3 个毒株重组而来。



注：不同颜色符号标记表示本试验获得的不同谱系序列。

图 1 PRRSV ORF5 遗传进化分析



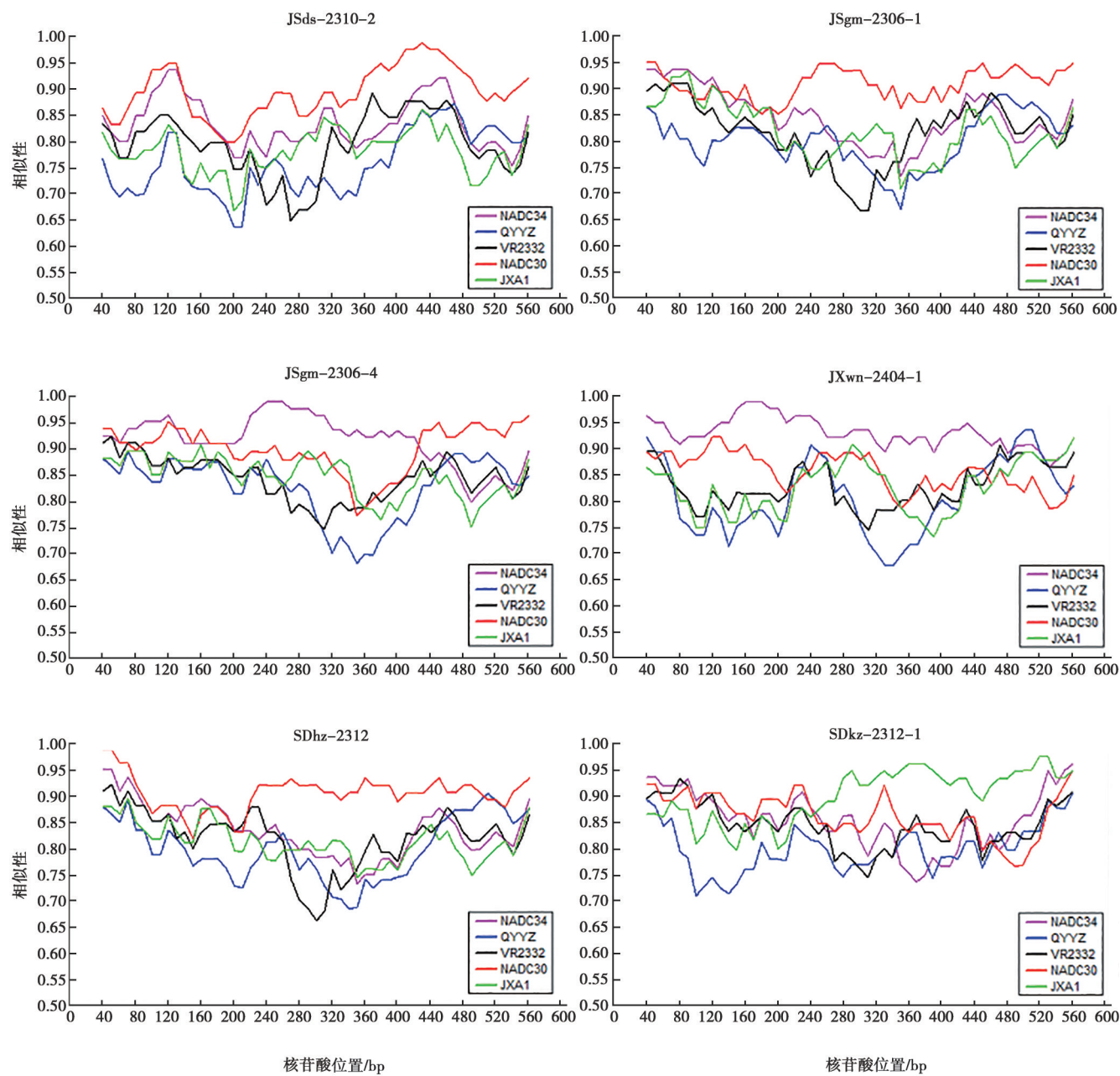


图 2 ORF5 基因的重组分析

2.5 ORF5 基因推导的氨基酸同源性及变异分析

ORF5 基因编码 GP5 蛋白，其由 200 个氨基酸组成。将 32 条 ORF5 基因推导的氨基酸序列（GP5 蛋白）与常见参考毒株进行比对，结果如表 2 所示。与 PRRSV2 不同谱系代表株 NADC30、NADC34、QYYZ、VR-2332、JXA1 的氨基酸同源性分别为 83.1%~94.5%、85.1%~95.0%、78.1%~85.6%、78.1%~98.5%和 81.1%~99.5%。参照李松倍等^[12]

的分析方法，对该区域主要流行的谱系 1 毒株与 NADC30、NADC34 进一步比对分析，结果如图 3 所示。24 个 GP5 蛋白中有 21 和 17 个分别在高变区 1（HVR1，32~35 位氨基酸处）与高变区 2（HVR2，57~61 位氨基酸处）发生不同程度的变异，15 个蛋白在诱饵表位区域（Decoy，²⁷ALVN³⁰）发生变异，而中和表位区域（NE，37~45 位氨基酸处）则变异较小（3 个 L41S 的突变，1 个 N44K 的突变）。

Majority	Decoy				HVR1	NE				HVR2							
	MLGKCLTAGCCS	QLLFLWCIVFFCF	VALVNANGNS	SHLQLIYNI	TICELNGTDW	NKSF	NAVET	FVIFPVLTHIVSY	GALTTS	SHFLDTVGLIT	VSTAG						
	10	20	30	40	50	60	70	80	90	100							
NADC30	.	Y.	P.	A.	.	S.	.	ER.	Y.	.	.	.	.	.	.		
NADC34	.	.	P.	.	.	NS.	.	.	.	.	.	.	.	.	A.		
JSds-2310-1	.	Y.	LP.	P.	.	V.	.	S.	.	EK.	.	.	.	.	L.		
JSds-2310-2	.	.	S.	P.	SLY.	AVI.	.	S.	.	SDR.	G.	.	I.	.	M.		
JSha-2311-1	.	.	V.	.	Y.	.	L.	.	D.	.	.	.	.	.	.		
JSha-2311-2	.	R.	.	V.	.	Y.	.	L.	.	D.	.	.	.	.	.		
Jsgm-2306-1	.	R.	.	Y.	L.	P.	.	V.	.	SN.	N.	.	.	.	K.		
Jsgm-2306-4	.	.	Y.	L.	.	.	.	V.	.	D.	.	.	.	.	.		
SDhz-2312	.	.	Y.	.	P.	.	A.	.	S.	.	N.	.	.	.	A.		
SDdze-2310	.	R.	.	Y.	.	Y.	.	L.	.	D.	.	.	.	.	L.		
SDdze-2403	.	R.	.	.	P.	.	Y.	.	L.	.	D.	.	.	.	.		
SDhz-2401	.	.	Y.	.	P.	.	A.	.	S.	.	.	.	.	.	.		
AHbzby-2405-2	.	.	Y.	.	S.	.	.	.	DS.	N.	.	.	.	.	A.		
AHdc-2401	.	S.	R.	.	.	P.	.	L.	.	TE.	.	.	.	.	A.		
AHxd-2402	.	.	.	P.	.	X.	L.	S.	.	D.	.	.	.	.	.		
JXwn-2405	.	R.	.	.	.	L.	P.	.	SRN.	.	.	.	.	.	.		
JXwn-2404-1	.	R.	.	.	.	L.	P.	.	SRN.	.	E.	.	.	.	.		
JXwn-2404-2	.	.	Y.	.	L.	.	Y.	.	VP.	.	V.	.	S.	.	G.		
FJb4-2404	.	.	Y.	.	.	S.	.	.	SD.	.	.	.	.	.	K.		
FJscxs-24	.	.	Y.	.	S.	.	LS.	S.	VPA.	.	SST.	.	S.	.	SER.		
FJgh-24-2	.	.	.	S.	H.	.	.	P.	.	D.	.	.	.	.	SNK.		
FJwmx-24	.	.	.	S.	H.	.	.	P.	.	D.	.	.	.	.	SNK.		
FJnaxwt-24	.	.	.	S.	H.	.	.	P.	.	D.	.	.	.	.	SNK.		
ZJzgl-24	.	.	.	S.	H.	K.	S.	.	P.	.	D.	.	.	.	SNK.		
ZJnbch-24	.	.	.	S.	P.	.	.	L.	S.	.	S.	.	.	.	SEN.		
ZJlidx-24	.	.	.	L.	.	S.	.	DN.	.	.	.	.	.	.	Y.		

图3 谱系1毒株 *ORF5* 基因推导的氨基酸序列比对分析

3 讨论

疫病是制约生猪产业健康发展的主要障碍。自1996年郭宝清等首次分离到CH-1a毒株以来,PRRSV在我国不断变异与演化,至今仍是影响我国生猪产业最为棘手的问题之一^[13]。分子流行病学调查有助于及时跟踪了解PRRSV的流行动态,为制定针对性的综合防控策略提供依据。

我国 PRRSV 的流行以 PRRSV2 为主, 偶有 PRRSV1 的出现^[4,13]。李松倍等^[12]对华南地区 2023 年采集的 328 份样品检测发现, PRRSV 感染率高达 54.27%; 而赵婵娟等^[14]发现, 西南地区健康猪群中 PRRSV 的检出率不足 0.3%, 这表明 PRRSV 的流行具有明显的地域差异。本研究对 2023—2024 年在华东地区猪场收集的 237 份临床样品进行 qPCR 检测, 结果显示 PRRSV2 阳性样品 47 份, 阳性率为 19.92%, 该结果与黄文琳等^[15]在福建地区的调查结果 (18.8%, 45/240) 相近, 但后者同时检出 PRRSV 1 (6/240), 差异可能与样品收集的时间、数量及来源有关。与张杰等^[9]报道的 2021—2022 年华东地区 38.89% (175/480) 的 PRRSV 阳性率相比, 本研究检出率呈下降趋势, 表明近年来该地区 PRRSV 的防控工作取得一定成效。*ORF5* 编码的 GP5 是 PRRSV 基因组中变异最大的结构蛋白, 研究表明其可诱导产生中和抗体, 与 PRRSV 的保护性免疫应答有关, 常被用作分子流行病学调查的靶标。本研究共获得 32 条 *ORF5* 基因序列, 遗传进化树分析显示 24 条序列 (75%) 与 NADC30/NADC34 聚类于同一

大分支,属于谱系 1,相较于张杰等^[9]2021—2022 年的调查结果,该区域的流行毒株已发生变化,谱系 8 的流行显著减弱,谱系 1 成为主要的流行谱系,这与全国范围内目前流行的 PRRSV 毒株一致。值得注意的是,近期云南发生了高致病毒株疫苗返强株引起双阴群体暴发 PRRS 的案例^[16],本研究中被划分至谱系 5 和谱系 8 的 8 条序列均与疫苗演化毒株距离最近,提示临床上需合理使用减毒活疫苗,避免疫苗的广泛传播、流行甚至毒力返强的风险。此外,本调查还发现同一个猪场存在 2 种核苷酸同源性差异显著的毒株(JSds-2310-1 与 JSds-2310-2),以及同一个毒株在猪场内持续性存在(SDdez-2310 与 SDdez-2403),这提示降低猪群 PRRSV 毒株的多样性并尽快清除病毒是临床防控的关键^[17]。

重组是 PRRSV 变异与演化的重要机制^[18]。刘建奎等^[19]对 2017—2021 年福建地区分离的 32 株 PRRSV 进行全基因组分析,发现 27 株病毒发生了 9 种不同模式的重组;李晓冰等^[20]对 2019—2023 年期间获得的 154 条 PRRSV2 全基因组序列分析亦表明,4 个谱系均发生了重组事件。本研究利用 SimPlot 软件对获得的 32 条 *ORF5* 序列进行重组分析,发现 10 条序列出现了不同程度的重组活动,重组序列占比 31.25%,PRRSV 的频繁重组对现有疫苗及其免疫策略的保护效果及下一代疫苗的研发均提出了严峻挑战。重组模式主要以 NADC30 (谱系 1.8) 与 NADC34 (谱系 1.5) 为主 (8/10),其中 JXwn-2404-1 的重组来源于 NADC34 (谱系 1)、QYYZ (谱系 3)、JXA1 (谱系 8) 这 3 个谱系,提示需加强

对谱系 3 毒株的监测。PRRSV 全长基因组约 15.4 kb, *ORF5* 基因仅 603 bp, 刘建奎等^[19]研究发现, 基于 PRRSV 全基因组与基于 *ORF5* 基因构建的遗传进化树对 32 株 PRRSV 分型的符合率为 75% (24/32)。因此, 鉴于当前 PRRSV 重组毒株的普遍性与复杂性, 对 PRRSV 进行准确分型应当以全基因组分析结果为准, *ORF5* 基因测序分析在临床应用中应谨慎解读^[21]。此外, 与既往大量研究结果一致^[9, 12, 15], 本研究发现 *ORF5* 编码的 GP5 蛋白氨基酸序列变异主要集中在 2 个高变区与诱饵表位区域, 但其在毒株致病性、免疫逃逸等生物学特性中的具体功能并不明确, 值得后续进一步研究。

4 结论

对华东地区 PRRSV 的分子流行病学调查表明, 该区域当前以谱系 1 毒株为主要流行毒株, 同时存在谱系 5 与谱系 8 疫苗演化毒株。临床防控中, 应持续加强 PRRSV 的流行病学监测, 尤其关注重组毒株及疫苗演化毒株的流行动态, 根据流行毒株及时制定并优化综合防控措施, 积极推进以种猪场为核心的 PRRS 区域净化计划。

参考文献:

[1] Zhang Z, Li Z, Li H, et al. The economic impact of porcine reproductive and respiratory syndrome outbreak in four Chinese farms; based on cost and revenue analysis [J]. *Front Vet Sci*, 2022, 9: 1024720.

[2] 杨汉春, 周磊. 2023 年猪病流行情况与 2024 年流行趋势及防控对策 [J]. *猪业科学*, 2024, 41 (2): 61-64.

[3] 章红兵, 毛建东, 安玉甫. 2024 年猪病防控回顾与 2025 年流行趋势分析及防控对策 [J]. *今日养猪业*, 2025 (1): 1-7.

[4] Zhou L, Han J, Yang H. The evolution and diversity of porcine reproductive and respiratory syndrome virus in China [J]. *Vet Microbiol*, 2024, 298: 110252.

[5] Han J, Zhou L, Ge X, et al. Pathogenesis and control of the Chinese highly pathogenic porcine reproductive and respiratory syndrome virus [J]. *Vet Microbiol*, 2017, 209: 30-47.

[6] Yim-Im W, Anderson T K, Paploski I A D, et al. Refining PRRSV-2 genetic classification based on global *ORF5* sequences and investigation of their geographic distributions and temporal chan-

ges [J]. *Microbiol Spectr*, 2023, 11 (6): e0291623.

[7] 张振东, 曲向阳, 徐孝宙, 等. 基因 2 型猪繁殖与呼吸综合征病毒的遗传变异与演化 [J]. *畜牧与兽医*, 2021, 53 (4): 139-143.

[8] Cui X Y, Xia D S, Luo L Z, et al. Recombination of porcine reproductive and respiratory syndrome virus: features, possible mechanisms, and future directions [J]. *Viruses*, 2024, 16 (6): 929.

[9] 张杰, 张路捷, 周昊然, 等. 2021—2022 年华东地区猪繁殖与呼吸综合征病毒的分子流行病学调查 [J]. *中国兽医科学*, 2024, 54 (4): 519-525.

[10] 徐之恒, 孙少辉, 董友富, 等. 猪繁殖与呼吸综合征病毒 2 型 TaqMan MGB 探针荧光定量 PCR 方法的建立 [J]. *畜牧与兽医*, 2024, 56 (4): 84-88.

[11] 闫才杰, 王聪, 刘纪玉, 等. 猪繁殖与呼吸综合征病毒 1 型和 2 型毒株 *ORF6* 双重 qPCR 检测方法的构建 [J]. *中国猪业*, 2025, 20 (3): 80-88.

[12] 李松倍, 谢永生, 龙晓琴, 等. 2023 年华南地区猪繁殖与呼吸综合征病毒的遗传变异分析 [J]. *中国畜牧兽医*, 2025, 52 (1): 331-340.

[13] 杨汉春. 猪繁殖与呼吸综合征 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2015.

[14] 赵娟娟, 鄢行安, 曹立亭. 2022—2024 年西南地区部分规模化猪场健康猪群 4 种重要疫病的病原学调查与分析 [J]. *中国兽医杂志*, 2025, 61 (5): 33-42.

[15] 黄文琳, 于慧, 蓝欣, 等. 2020—2023 年福建省猪繁殖与呼吸综合征病毒分子流行病学调查及 *ORF5* 基因变异分析 [J]. *动物医学进展*, 2025, 46 (5): 9-16.

[16] Wu W, Lin L, Ye Z, et al. A vaccine revertant of highly pathogenic porcine reproductive and respiratory syndrome virus: re-emergence after lurking for 12 years [J]. *Microbiol Spectr*, 2025, 13 (7): e0072825.

[17] 董友富, 蒋广志, 唐伟明, 等. 猪繁殖与呼吸综合征病毒 *ORF5* 扩增产物与其克隆后测序结果的比较 [J]. *中国动物检疫*, 2022, 39 (10): 100-104.

[18] Cui X Y, Xia D S, Luo L Z, et al. Recombination of porcine reproductive and respiratory syndrome virus: features, possible mechanisms, and future directions [J]. *Viruses*, 2024, 16 (6): 929.

[19] 刘建奎, 徐叶, 刘辰, 等. 基于全基因组分析 2017—2021 年福建省猪繁殖与呼吸综合征病毒基因组特征 [J]. *畜牧兽医学报*, 2023, 54 (4): 1579-1589.

[20] 李晓冰, 李鸿喜, 方来杉, 等. 2019—2023 年我国 PRRSV 系统发育、基因重组和多样性分析 [J]. *中国兽医杂志*, 2024, 60 (12): 30-40.

[21] 张振东, 王聪, 王小泉, 等. 猪繁殖与呼吸综合征病毒基因测序的临床应用 [J]. *动物医学进展*, 2022, 43 (9): 110-113.