

猪源PIV5毒株的全基因组 序列测定及其生长特性研 究

汇报人：

2024-01-13





目录

- 引言
- 猪源PIV5毒株全基因组序列测定
- 猪源PIV5毒株生长特性研究
- 猪源PIV5毒株基因组结构分析
- 猪源PIV5毒株生长特性影响因素探讨
- 结论与展望



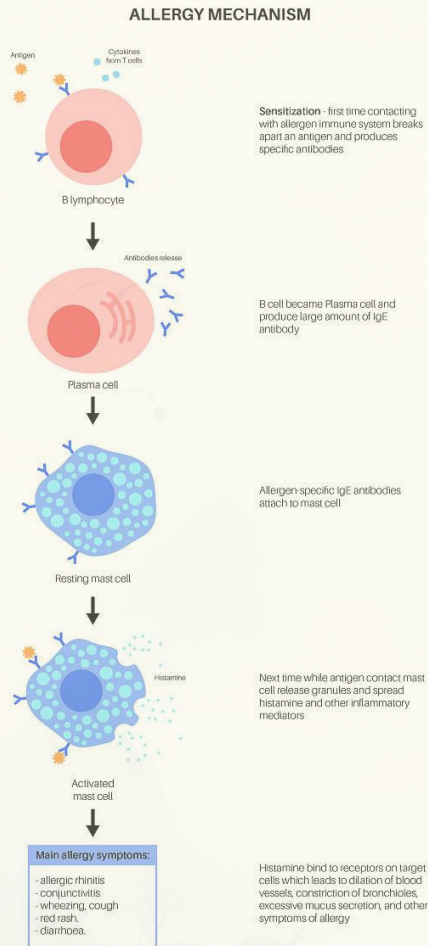
01

引言





研究背景和意义



猪源PIV5毒株的重要性

猪源PIV5毒株是一种重要的猪病毒，对猪养殖业造成严重影响，研究其全基因组序列有助于深入了解病毒特性。

全基因组测序技术的意义

随着测序技术的发展，全基因组测序已成为研究病毒基因组和病毒特性的重要手段，对于疫苗研发和病毒防控具有重要意义。



国内外研究现状及发展趋势



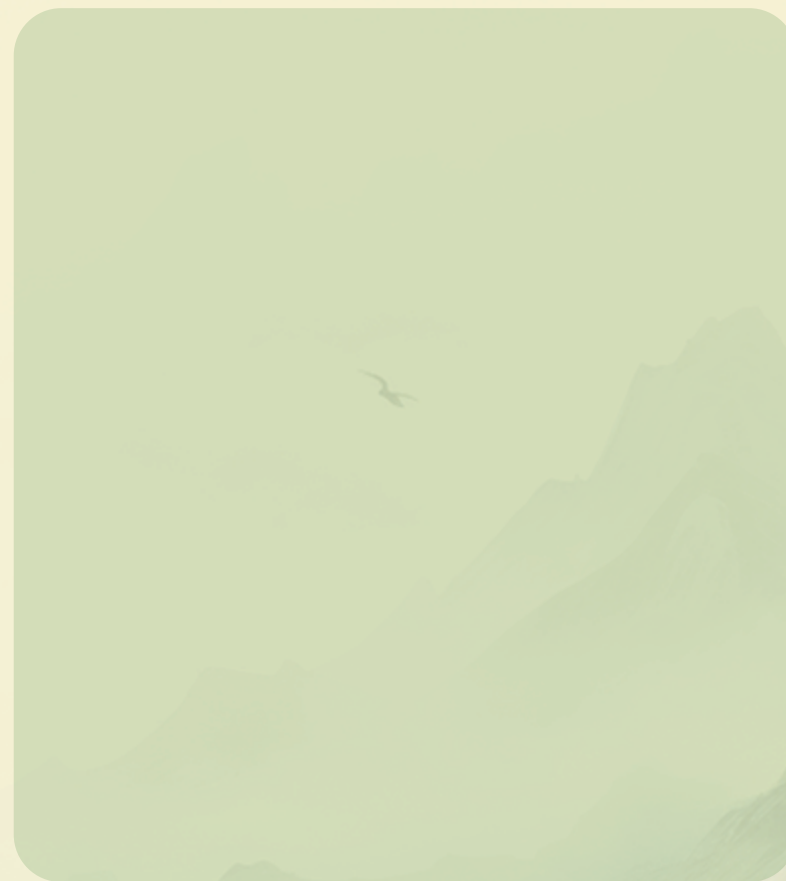
国内外研究现状

目前，国内外对于猪源PIV5毒株的研究主要集中在病毒的分离鉴定、基因组结构和功能等方面，但全基因组序列测定及其生长特性研究相对较少。

发展趋势

随着测序技术的不断发展和完善，未来对于猪源PIV5毒株的全基因组序列测定及其生长特性研究将更加深入，为疫苗研发和病毒防控提供更多科学依据。

研究目的和内容





研究目的和内容





研究目的和内容



3. 猪源PIV5毒株基因组结构和功能分析。

4. 猪源PIV5毒株生长特性研究。



02

猪源PIV5毒株全基因组序列测定

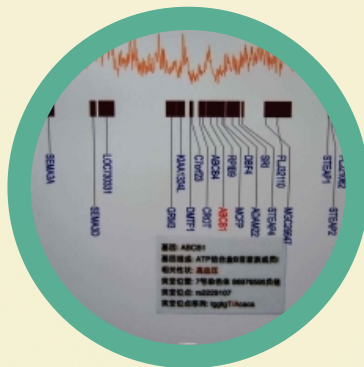


病毒样本采集和处理



样本来源

从疑似感染猪源PIV5的猪只中采集组织样本，如肺、淋巴结等。



样本处理

将采集的样本进行处理，包括研磨、离心等步骤，以获取病毒颗粒。



病毒纯化

通过超滤、层析等方法对病毒颗粒进行纯化，以提高后续测序的准确性。



全基因组序列测定方法



测序技术选择

根据研究需求和实验室条件，选择合适的测序技术，如Sanger测序、下一代测序（NGS）等。

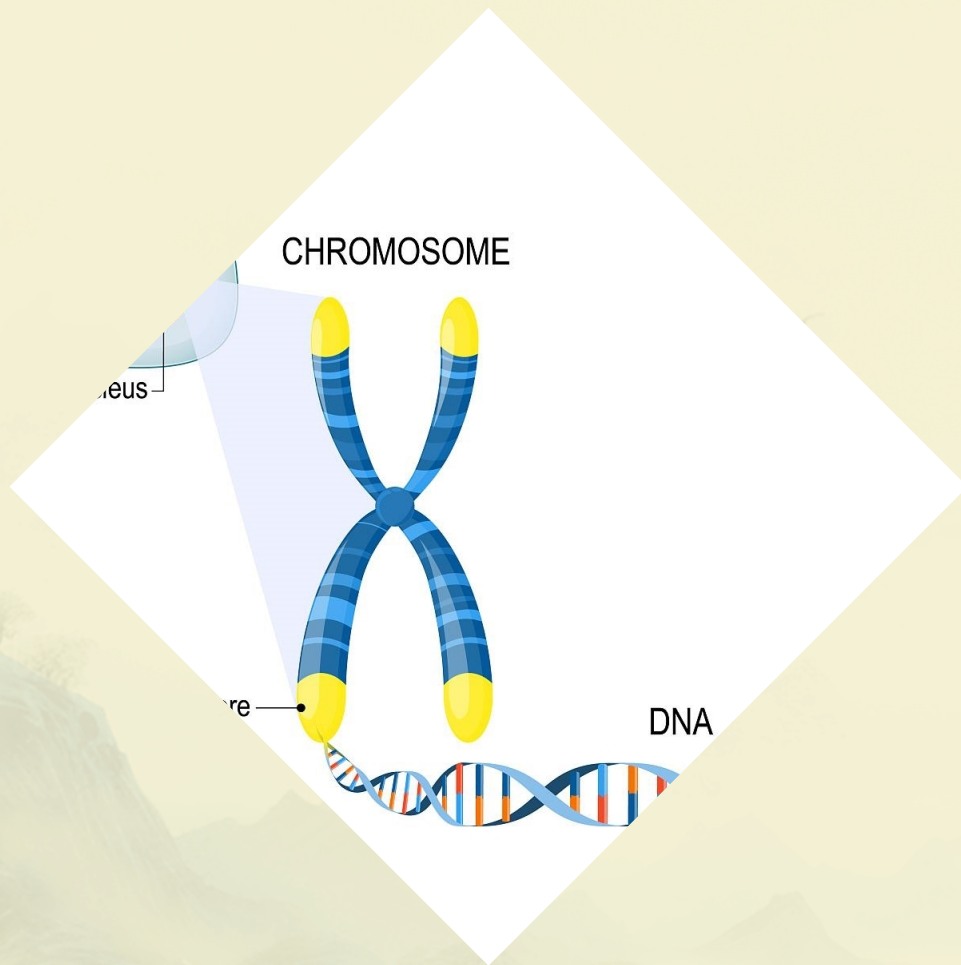
测序文库构建

将纯化的病毒DNA或RNA构建成测序文库，包括片段化、连接接头、PCR扩增等步骤。

上机测序

将构建好的测序文库上机进行测序，获取原始测序数据。





序列组装

利用生物信息学软件对原始测序数据进行组装，得到病毒的全基因组序列。

序列注释

对组装好的全基因组序列进行注释，包括开放阅读框（ORF）、基因功能等信息的标注。

序列比对分析

将注释好的全基因组序列与已知PIV5毒株的序列进行比对分析，了解其同源性、变异情况等。



03

猪源PIV5毒株生长特性研究



病毒培养和滴定方法



细胞培养

采用适宜的细胞系（如Marc-145、BHK-21等）进行病毒培养，使用含适量血清和抗生素的培养基，在37℃、5% CO₂条件下进行培养。



病毒滴定

采用TCID₅₀或PFU等方法进行病毒滴定，以确定病毒的感染滴度和病毒产量。



病毒接种

将猪源PIV5毒株接种到生长良好的细胞单层上，吸附一定时间后，弃去接种液，加入维持液继续培养。



以上内容仅为本文档的试下载部分，为可阅读页数的一半内容。如要下载或阅读全文，请访问：
<https://d.book118.com/827106005001006116>