**我国部分地区人腺病毒3型的基因特征及遗传变异研究**

段亚丽1、徐保平1、李昌崇2、鲍一笑3、安淑华4、周云连5、陈爱欢6、邓力7、宁丽敏8、朱云1、王巍1、张萌1、许黎黎1、陈祥鹏1、谢正德1

1. 首都医科大学附属北京儿童医院

2. 温州医科大学附属第二医院育英儿童医院

3. 上海交通大学医学院附属新华医院

4. 河北省儿童医院

5. 浙江大学医学院附属儿童医院

6. 广州医科大学附属第一医院

7. 广州市妇女儿童医疗中心

8. 长春市儿童医院

**目的：**了解我国儿童呼吸道感染中人腺病毒3型（HAdV-3）的分子流行病学及遗传变异特征。

**方法：**选取2014-2018年从北京、温州、上海、石家庄、杭州、广州和长春地区的急性呼吸道感染患儿呼吸道样本中分离的54株HAdV-3毒株进行基因扩增和序列分析，共获得54株HAdV-3毒株的六邻体（hexon）、五邻体（penton）和纤突（fiber）基因序列；选取20株毒株进行全基因组序列测定；对获得的序列进行生物信息学分析。

**结果：**基于全基因组序列、主要衣壳蛋白基因（hexon和penton）序列和早期基因（E1、E2、E3和E4）序列所构建的系统进化树的分支结构不完全一致，除基于hexon基因的进化树形成6个进化分支外，其他基因的系统进化树均形成3个进化分支；本研究获得的毒株与我国大陆的参考毒株在所有基因的系统进化树中均位于同一进化分支，HAdV-3原型株独立形成一个进化分支。与HAdV-3原型株相比，本研究中的54株毒株在hexon的loop1和loop2主要中和抗原位点区域存在9个氨基酸突变，同源模型显示在氨基酸突变位点无明显结构变化；在penton的HVR1和RGD loop区存在2个氨基酸变异。此外，部分毒株在penton高度保守的 PPPSY 基序中存在一个氨基酸插入 (20P)，这在之前文献中从未被报道。全基因组序列重组分析显示本研究HAdV-3毒株的部分protein IIIa precursor、penton和protein VII precursor基因是由HAdV-7型重组而来。

**结论：**本研究获得的HAdV-3毒株的基因组序列保守且具有较高的同源性，但其hexon基因的loop1和loop2主要中和抗原位点区域以及penton基因的HVR1和RGD loop区存在氨基酸差异，其意义有待进一步研究；HAdV-3毒株的部分protein IIIa precursor、penton和protein VII precursor基因是由HAdV-7型重组而来。我们的研究阐述了我国流行的 HAdV-3 的分子特征，为监测HAdV-3的流行状况及疫苗和药物的开发提供了基础数据。