

棉铃虫核多角体病毒 *iap2* 基因的克隆和序列分析*

张小霞, 张忠信**, 丁清泉

(中国科学院武汉病毒研究所, 湖北武汉 430071)

Cloning and Sequence Analysis of the *iap2* Gene of *Helicoverpa armigera* Single-nucleocapsid Nucleopolyhedrovirus

ZHANG Xiao-xia, ZHANG Zhong-xin**, DING Qing-quan

(Wuhan Institute of Virology, Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430071, China)

Abstract: An *iap2* gene of *Helicoverpa armigera* single-nucleocapsid nucleopolyhedrovirus was identified. It was localized *Bam*H I-F fragment of the genome. Nucleotide sequencing showed the open reading frame was 753nt, encoded 250 amino acids with a predicted size of 29.2kD. A "TATA" box was found -30 ~ -33nt upstream of the translational start codon ATG. There is an early consensus translational motif CAAT, -50 ~ -53nt upstream of the translational start codon ATG. A typical poly(A) signal was identified 46 ~ 51nt downstream of the translational stop codon TAA. HaSNPV *iap2* gene encode one typical RING and two BIRs. The alignment of AcMNPV, OpMNPV, LdMNPV, LdMNPV, SeMNPV, DIAP and XIAP indicated that they had consensus BIR motifs and RING zinc finger motif. It was suggested HaNPV IAP2 had a potential anti-apoptotic function.

Key words: *Helicoverpa armigera* single-nucleocapsid nucleopolyhedrovirus; IAP; RING; BIR; Homologue

摘要: 棉铃虫核多角体病毒 (*Helicoverpa armigera* single-nucleocapsid nucleopolyhedrovirus, HaSNPV) 基因组中发现了一个抗细胞凋亡基因 *iap2*。该基因位于病毒基因组的 *Bam*H I-F 片段, 全长 753 个核苷酸, 编码 250 个氨基酸, 预计蛋白质分子量 29.2kD。在 *iap2* 基因上游 -30 ~ -33 的位置有一个 TATA 框, 在 -50 ~ -53 的位置有一个早期转录信号 CAAT, 在终止密码子下游有一个 poly(A) 信号 AATAAAA, HaSNPV *iap2* 基因编码一个锌指结构和两个 BIR 结构。与 LdMNPV、AcMNPV、SeMNPV 和 OpMNPV 的 IAPs 及果蝇 DIAP2 和人类 XIAP 等九种 IAPs 相比较, HaSNPV IAP2 与其它 BIR (baculovirus IAP repeater) 和 RING 结构在 Cys/His 基元 (motif) 位点上高度保守。

关键词: 棉铃虫核多角体病毒; 细胞凋亡; BIRs; 锌指结构; IAP

中图分类号: S435.62 文献标识码: A 文章编号: 1003-5125(2001)04-0338-06

细胞凋亡 (apoptosis) 或细胞程序性死亡 (cell programmed death, PCD) 是一种有秩序、受控制并按某种预定程序发展的生理性自然死亡过程^[1]。诱导细胞发生凋亡的因素很多, 而病毒感染是导致细胞

凋亡的重要因素之一。由于细胞快速死亡不利于病毒的繁殖, 作为打破宿主防御体系的一种策略, 不少病毒 (如腺病毒、疱疹病毒、杆状病毒等) 自身基因组编码抗细胞凋亡基因, 使之能获得最大的生长优

收稿日期: 2000-09-15, 修回日期: 2000-12-20

* 基金项目: 中国科学院“区系分类”特别支持项目 (990014)

作者简介: 张小霞 (1974-), 女, 河南省籍, 硕士, 研究方向为分子病毒学。

** 通讯作者: 张忠信 (1957-), 男, 山西省籍, 副研究员, 研究方向为病毒学。Correspondence author.

势,以利于生存和繁衍^[2]。昆虫杆状病毒基因组携带有两类抗细胞凋亡基因,一类是 *p35* 基因,另一类是 *iap* (inhibitor of apoptosis) 基因家族^[3,4],目前已发现有 *iapl*、*iap2*、*iap3* 等亚基因家族。现已证实杆状病毒的 OpNPV *iap-3*^[5] 和 CpGV *iap-1*^[6] 基因具有明显的抗细胞凋亡功能,其它 *iap* 基因的功能还有待研究,但由于这些 *iap* 编码的 Cys/His 基元(包括 baculovirus IAP repeater, BIRs 和 RING 结构)不仅与 OpNPV IAP 和 CpGV IAP 的 Cys/His 基元具同源性,而且与果蝇 DIAP^[7]、人类 C-IAP、X-IAP 编码的 Cys/His 基元具有同源性,杆状病毒 *iap* 基因家族的研究正受到越来越多的重视。棉铃虫核多角体病毒是重大农业害虫棉铃虫的主要病原之一,目前已开发成病毒杀虫剂在全国大面积应用,每年应用面积达 $14 \times 10^4 \sim 20 \times 10^4 \text{ hm}^2$,近年来,中国科学院武汉病毒所开展了重组病毒杀虫剂的研究,正在进行重组棉铃虫病毒杀虫剂的中试,棉铃虫核多角体病毒 *iap* 基因的研究,对于提高重组病毒杀虫剂效率、扩大杀虫谱都具有重要意义。本文报道了棉铃虫核型多角体病毒 *iap-2* 基因的序列分析及其编码的 Cys/His 基元结构分析,为研究 *iap* 基因的功能奠定了良好的基础。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 棉铃虫单粒包埋核多角体病毒 (*Helicoverpa armigera* single-nucleocapsid nuclearpolyhedrovirus) 由本实验室保存。

1.1.2 菌种 DH5 α 、克隆载体 pUC19 为本实验室保存。

1.1.3 实验试剂

T₄DNA 连接酶、溶菌酶、RNase、 λ DNA/*Hind* III 分子量标准均购自 TakaRa; Proteinase K 购自 Merk 公司; *Bam*HI、*Eco*RI 购自 GIBCO 公司;柱离心式胶回收试剂盒、一次性胶切割器均为上海华舜生物工程有限公司产品;质粒小量抽提试剂盒购自 Promega。

1.1.4 培养基及碱解液

LB 液体培养基及固体培养基, SOC 液体培养基的配方参见文献^[9];

病毒碱解液: 0.1 mol/L NaCO₃、0.01 mol/L EDTA、0.17 mol/L NaCl, pH > 10

1.2 方法

1.2.1 病毒的增殖和多角体纯化

取 4℃ 冰箱保存的棉铃虫核多角体病毒以 2×10^7 PIB/mL 的浓度, 喂食感染健康的 4 龄初棉铃虫幼虫, 4~6d 后收集典型的病毒致死虫, 研磨匀浆, 加水稀释后三层纱布过滤, 1 000r/min 离心 1min, 取上清, 4 000r/min 离心 30min, 用水充分悬浮沉淀, 如此差速离心数次(一般为 3 次)后, 沉淀用 ddH₂O 充分悬浮, 混匀后计数, 分装于 1.5mL 的离心管, 4℃ 保存备用。

1.2.2 病毒 DNA 的制备

取纯化的多角体悬液, 加入溶菌酶 (10mg/mL), 37℃ 保温 1~2h, 用水洗 2~3 遍, 再加入 Proteinase K (20mg/mL) 5 μ L, 37℃ 保温 30min, 加入 500 μ L 碱解液, 37℃ 保温 30min (溶液变清), 再加入 10% SDS 至终浓度为 1%, 37℃ 保温 30min, 碱解产物经平衡酚抽提 2 次, 氯仿: 异戊醇 (24:1) 抽提一次后, 用 ddH₂O 透析 48h, 纯化的 DNA 置 4℃ 保存备用。

1.2.3 病毒 DNA 的限制性内切酶消化

取 9 μ L 病毒 DNA (约 0.5~1 μ g), 加 0.5 μ L *Bam*HI, 37℃ 消化 2~3h, 酶消化液在 0.75% 琼脂糖凝胶上电泳 10~16h, λ DNA/*Hind* III 用作分子量标准。

1.2.4 *iap2* 基因所在的 *Bam*HI-F 片段的克隆和回收 感受态细胞 DH5 α 的制备参照文献^[9]进行。在含 Amp, IPTG 和 X-Gal 的培养基上挑取白斑, 通过酶切电泳筛选出含 F 片段的重组子。用一次性胶切割器在长波长的紫外灯下切下体积尽量小的含目的 DNA 片段的凝胶, 用柱离心式胶回收试剂盒回收 F 片段, 具体操作参考使用说明书进行。将回收的纯净 DNA 在 0.7% 琼脂糖凝胶中电泳, 检查其回收率。

1.2.5 F-*Eco*RI 3.5Kb 片段的亚克隆 *Eco*RI 消化 *Bam*HI-F 片段, 回收 3.5kb 片段。将纯化的 3.5kb 片段与经同样酶切处理的 pUC19 进行连接, 转化 DH5 α , 方法参照文献^[9]进行, 酶切电泳筛选重组克隆子。

1.2.6 序列测定及分析 序列测定按“primer walking”方案即引物步移法进行。DNA 序列和编码的氨基酸序列用 DNATool、DNAclub、DNAstar 软件分析, 同源性比较分析用 BLAST 及 GENEDOC 软件^[10]。

2 结果

2.1 基因定位与克隆策略

参考棉铃虫核型多角体病毒的物理图谱, 发现 *iap2* 基因位于基因组的 *Bam*HI-F 片段中^[11] (图 1)。我们通过克隆获得含 *Bam*HI-F 片段的阳性克隆子

pUC-F(图2A),进而用 *EcoR* I 消化 *Bam*HI-F 片段, 0.8%琼脂糖凝胶电泳回收含 *iap2* 基因的 3.5kb 片段进行亚克隆(图2B),筛选阳性克隆子 pUC-*iap2* 通过引物步移法对 3.5kb 片段进行双向序列测定。

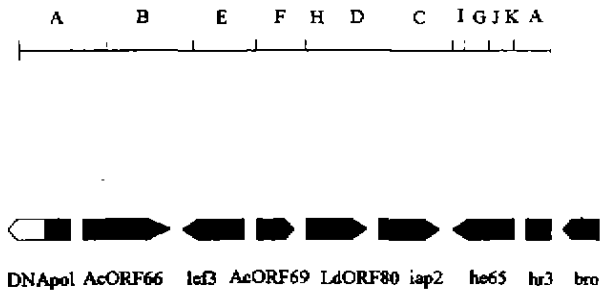


图1 HaSNPV的 *Bam*HI-F 片段的结构(单位:kb)
箭头表示 HaSNPV 细胞凋亡阻碍子基因 *iap2* 的开放阅读框架及方向

Fig.1 The *Bam*HI of fragment map of HaSNPV genome
The arrow shows the ORF and their orientation

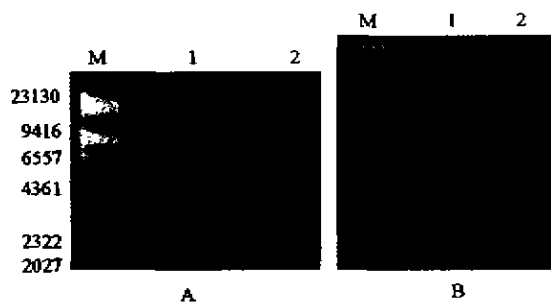


图2 重组质粒的电泳图

Fig.2 Electrophoresis of recombinant plasmid(A-pMC-F; B-pUC-*iap2*)
A: Lane 1, λ DNA/*Hind* III; Lane 2, Recombinant plasmid digested with *Bam*HI; Lane 3, Linearized pUC19.
B: Lane 1, λ DNA/*Hind* III; Lane 2, Recombinant plasmid digested with *Eco*R I and *Bam*HI; Lane 3, Linearized pUC19.

2.2 *iap2* 基因的全序列及分析

通过序列分析, *iap2* 基因确实位于 3.5kb 亚克隆片段上,其编码区全长 753 个核苷酸,共编码 250 个氨基酸,预计蛋白分子量 29.9kD。该基因起始密码子 ATG 上游 -30 ~ -33 的位置有一个 TATA 框,在 -50 ~ -53 的位置有一个早期转录信号 CAAT,在其终止密码子 TAA 下游 46 ~ 51 的位置有一个典型的 poly (A) 信号 AATAAA (图3)。与大多数杆状病毒

iap2 基因一样^[17],棉铃虫核多角体病毒 *iap2* 基因编码两个 BIRs (baculovirus IAP repeater) 和一个 RING 锌指结构的 Cys/His 基元(图3)。

2.3 HaIAP2 锌指结构、BIRs 序列与其它 IAPs 同源区的比较

棉铃虫核多角体病毒 IAP2 蛋白(HaSNPV IAP2) 的 C 一端含有一个锌指结构,该结构位于 IAP2 的第 199 位 ~ 250 位氨基酸,共有 52 个氨基酸残基。HaNPV IAP2 与来源于杆状病毒 AcMNPV、OpMNPV、LdMNPV、HaSNPV 及果蝇和人类的 IAPs 相比较,结果显示,HaNPV IAP2 与其它九种 IAPs 的 RING 锌指结构有很高的同源性,它们编码的 Cys₂CysX₁₀₋₂₇CHisX₂CysX₂CysX₅₋₁₆CysProXCys 结构(X 代表任意氨基酸),即 C₃HC₄ 基元^[12]完全保守(图4)。另外,HaNPV IAP2 锌指结构与其它九种 IAPs 锌指结构相比,其中含有更多的半胱氨酸(Cys)残基,实际上形成 C₄HC₆ 的特殊 Cys/His 基元,这种特异 Cys/His 基元在大多数杆状病毒 IAP2 中存在(LdNPV IAP2 中 Cys 残基更多),预示杆状病毒 IAP2 在结构和功能上可能有别于其它 IAPs。

HaNPV IAP2 的 N 一端和中间区域编码两个杆状病毒 IAP 重复序列(BIRs),其中 BIR1 位于 HaNPV IAP2 氨基酸序列的第 13 位到第 78 位氨基酸,共 66 个氨基酸残基, BIR2 位于第 87 位到第 156 位氨基酸,共 70 个氨基酸残基。HaNPV IAP2 的 BIR1 和 BIR2 分别与其它九种 IAPs 的 BIR1 和 BIR2 比较,其序列中存在的一 GlyX₂TyrX₈CysX₂CysX₁₄₋₁₆ HisX₁₄₋₁₆ HisX₆₋₁₀Cys—基元序列高度保守(图5A、5B)。但在这一 Cys/His 基元中,HaNPV IAP2 的 BIR1 与人类 XIAP 的 BIR2 都含有较多的 Cys 氨基酸残基,只不过在 XIAP BIR2 的这一基元中,Cys/His 的排列为 GlyX₂ TyrX₈ CysXCysX₂ X₉ XysX₆ HisX₆ Cys, 而 HaNPV IAP2 BIR1 中 Cys/His 的排列为 GlyX₂ TyrX₇ Cys₂ X₂ CysX₁₄HisX₄Cys。由于 BIRs 是各种 IAPs 的主要功能区,且人类 XIAP 的 BIR2 可单独执行抗细胞凋亡的功能^[13],BIRs 的 Cys/His 基元中 Cys 氨基酸增加或改变,可能对 IAPs 的功能具有重要影响。

```

ATCAGAAAATACTCAATAAAGTGTGTAAATTAATATAAGAACACTCAGGCTGTCACCGCCAAUGGCAATGGATTGTGTCATCAAAGCAGAC
M D C V I K A D
TTGCCGCGCCCTATCATTCTTCTAGACAATCGTCTTATAACATTTTATCATGTGAATTTAAGCCGCGACTTGTCCAAAAACTGGCCAAGGC
L A P P Y H F L D N R L I F Y H V N L S R D L C Q K L A K A
TGGAATATATTACAATGTCAAAAACAAGCACATACTGTTGTAATTTTGCACATTTACTATGTTAAAAGTTGATATGCGCTCGATTGGGTCCAC
G I Y Y N V K T S T Y C C A F C T F T M L K V D M R S I R S
ATTCAATCTCTTTGTGTCCACCGCAGTCTACATTTGCTGGGACAAAGCGAATATCTGCGTCCGCGACTCGTTTCGTCAATACAAAAAGGCCAAG
H S F S L C P R S L H L L R Q S E Y L R R D S F R Q Y K K A K
TCCTATTTAAAAATCTTTAGATTGCTCGCACAAAATGGATTTTATCTTTGGAGTCAAAACTGAAGTTAGATGTGCATACTGTTTGTCT
S Y F K N S L D L L A Q N G F Y Y F G V K T E V R C A Y C L L
TGTAATCGTCAAGTTAATTTGAGCGACAATCTTGGCGATATTCATCGTATCAATTCGAATTGATTGTTTGTAAACCAACGACGACCAAT
V I V K F N F S D N L A D I H R I N S I D C I F V N H H D Q
CGATTCCTTCGCGCCTACTCTGATCGATATAGACAAATCAAACTATAGCGAAGAAGAAGGAAACGATTGTAATGATCTTGTGGTTATTAAC
S I P S A P T L I D I D K S N Y S E E D G N D C N D L V V I N
AAAACAACCAACGAAGATGATAGTTTGTGCAAAATATGTTTCGACCAAGTCCAGCAGGTTTGTGTTTATGCCGTGTCGTATGTAATGAC
K N N T N E D D S L C K I C F D Q S R Q V C F M P C R H V M T
TTGCAAAATTTGTGACGACGATGTAACGATGCTGTTTGTGCGAGCAAAAATAGTCGAACGATTGGAAGTGTATTTACAGTAATGGTGT
C K I C A A R C K R C C L R A K I V E R F E V Y L Q *
CTGTAATAATTTTTTGTGAGATGTAACATGTTGAAATAAACATATA.....
    
```

图 3 HaSNPV-*iap2* 的核苷酸序列及编码的氨基酸序列虚线表示 BIR1, 实线表示 BIR2, 双线表示 RING

Fig. 3 Nucleotide sequence of HaSNPV-*iap2*

Below the DNA sequence is the deduced amino acid sequence. An early transcriptional start site(CAAT), TATA box, and polyadenylation signals downstream of the ORF are framed. The broken line indicate BIR1, the real line indicate BIR2, the crewel indicate RING.

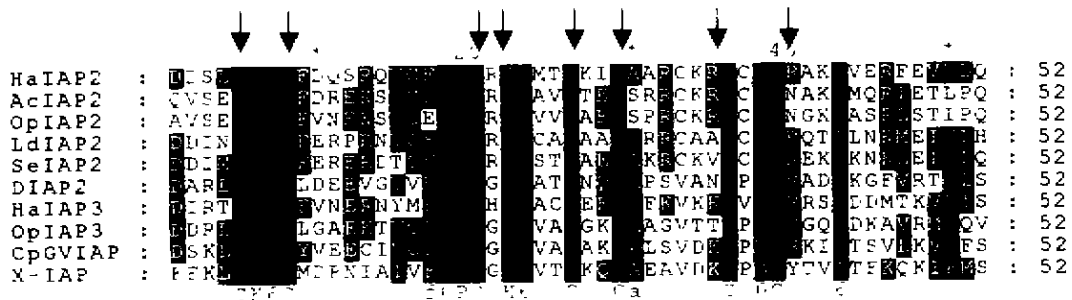


图 4 10 种 RING 氨基酸序列的比较

Fig. 4 Amino acid alignment of ten RING

Identical residues are colored darked. The C₄HC₆ Cys/His motif of HaSNPV is indicated by arrows.

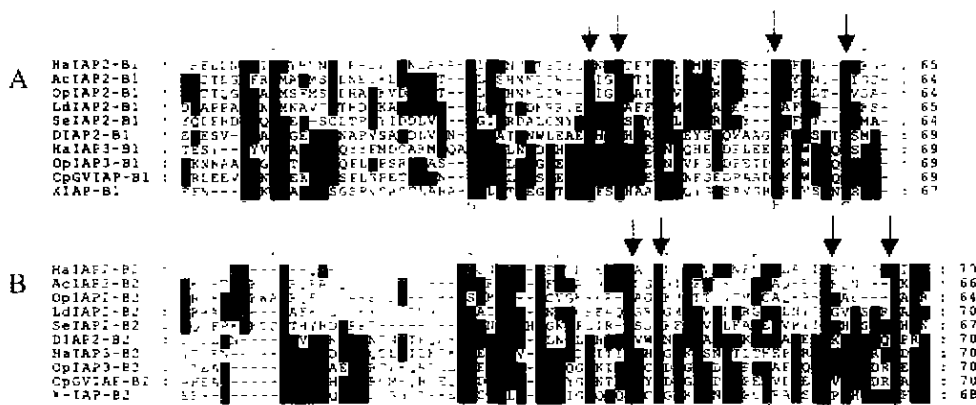


图5 10种BIR1和BIR2的氨基酸排列比较

Fig.5 Amino acid alignment of ten BIR1(A) and BIR2(B)

The '-' indicate gaps introduced to optimize the alignment, the C₄H₆C₆Cys/His motif is indicated by arrows.

3 讨论

细胞凋亡是生物机体清除受伤细胞或无用细胞的一种生理机制,是在进化上非常保守的细胞死亡程序^[14].执行细胞凋亡的核心物质是一组半胱氨酸-天冬氨酸蛋白水解酶(Caspases),又称胱冬肽酶。该酶含有天冬氨酸残基特异位点,从属于半胱氨酸蛋白酶基因家族。Caspases酶原由三个功能性元件组成,一个为支持区,另外两个为功能性亚单位,其中大单位为P20,小单位为P10。三个功能性元件由天冬氨酸残基连接。在细胞凋亡的最后阶段,上游促进凋亡信号通过一系列过程使Caspases酶原在其特异天冬氨酸残基位点切割,形成大量功能性的亚单位执行加速细胞凋亡的功能^[15]。

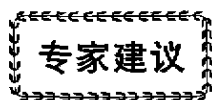
由于Caspases是细胞凋亡的主要执行者之一,在细胞凋亡研究中对Caspases的调控研究就显得尤为重要。目前发现的能调控Caspases活性的物质主要是一组抗细胞凋亡蛋白家族(IAPs)。IAPs首先从杆状病毒CpGV和OpNPV编码的蛋白质中发现,现已从病毒、昆虫到人类的多种生物中发现IAPs^[16,17]。IAPs和Caspases相互作用并阻止细胞凋亡的详细机制目前还不清楚,但在IAPs的N-端均含有1~3个BIRs,大多数IAPs在其C-端还有一个锌指结构区,这些Cys/His基元区在其功能的发挥上具有重要作用。业已证明人类XIAP的BIR2可与Caspases-3和Caspases-7作用阻止细胞凋亡。果蝇,Sf IAP的BIR1、BIR2和锌指结构共同与Caspases作用阻止细胞凋亡。本研究对杆状病毒HaNPV*iap2*基因进行了克隆和测序,并对其编码的BIRs和RING结构与其它九种IAPs进行了比较,显示HaNPV IAP2的BIR1

和XIAP BIR2在Cys/His基元中都有较多的Cys氨基酸残基,关于HaNPV IAP2的结构特异性对其功能的影响有待于进一步的研究。

参考文献

- [1] Rosser M T. Hepatitis B virus x-gene product: a promiscuous transcriptional activator[J]. *J Med Virol*, 1992, 36: 101-117.
- [2] 施光宗,王均章,龙紫新,等.粉纹夜蛾型多角体病毒(TnNPV) P35基因功能的研究[J]. *病毒学报*, 1999, 15: 78-83.
- [3] Koek J, Theumann L, Calle P, et al. Hepatitis B virus nucleic acids associated with human peripheral blood mononuclear cells do not originate from replicating virus[J]. *Hematology*, 1996, 23: 405-413.
- [4] Kwee L, Lucito R, Aufiero B, et al. Alternative translation initiation on hepatitis B virus X m RNA produces multiple polypeptides that differentially transactivate class II and III promoters[J]. *J Virol*, 1992, 66: 4382-4389.
- [5] Manji C A, Hozak R R, Lacount D J, et al. Baculovirus inhibitor of apoptosis functions at or upstream of the apoptosis suppressor P35 to prevent programmed cell death[J]. *J Virol*, 1997, 71: 4509-4516.
- [6] Crook N E, Clem R J, Miller L K. An apoptosis-inhibiting baculovirus gene with a zinc finger-like motif[J]. *J Virol*, 1993, 23: 2168-2174.
- [7] Hay B A, Wassarman D A, Ruben G M. Drosophila homologs of baculovirus inhibitor of apoptosis proteins function to block cell death[J]. *Cell*, Vol. 83, 1253-1262.
- [8] 张忠信,孙修炼,张小霞,等.棉铃虫病毒杀虫剂的研究和区域性应用[J]. *干旱区研究*, 2000, 17: (Sup)125-130.
- [9] Sambrook J, Fritsch E F, Maniatis T. *Molecular cloning. A Laboratory Manual*, 2nd ed. USA, NY: Cold Spring Harbor, 1989.
- [10] 陈新文,胡志红.中国棉铃虫单粒包埋核型多角体病毒多角体蛋白基因的序列分析[J]. *中国病毒学*, 1997, 12: 346-353.
- [11] Chen X, Li M, Sun X, et al. Genomic organization of *Helicoverpa armigera* single-nucleocapsid nucleopolyhedrovirus[J]. *Arch Virol*, 2000(Accepted).
- [12] Freemont P S, Hanson I M, Trowsdale J. A novel cysteine-rich se-

- quence motif[J]. Cell, 1991, 64: 483-484.
- [13] Takahashi R, Deveraux Q, Tamm I, et al. A single BIR domain of XI-AP sufficient for inhibiting caspase[J]. J Biol Chem, 1998, 273: 7787-7790.
- [14] 赵宇彤、赵晶、崔秀云,等. 细胞凋亡的分子机制[J]. 生物工程进展, 1999, 19: 3.
- [15] Hawkins C J, Ekert P G, Uren A G, et al. Anti-apoptotic potential of insect cellular and viral IAPs in mammalian cells[J]. Cell Death Differ, 1998, 5: 569-576.
- [16] Vincent O' Brien. Virus and apoptosis[J]. J Gen Virol, 1998, 79: 1833-1845.
- [17] Mark J, Birnbaum R J, Clem R J, et al. An apoptosis-inhibiting gene from a nuclear polyhedrosis virus encoding a polypeptide with Cys/His sequence motif[J]. J Virol, 1994, 68: 2521-2528.



专家建议

关于 *Helicoverpa armigera* nucleopolyhedrovirus 中文译名的建议

张忠信

(中国科学院武汉病毒研究所, 湖北武汉, 430071)

杆状病毒的命名一般为宿主拉丁文名 + 病毒属名, 病毒的中文名称亦遵循这一规则, 由病毒宿主名加病毒名构成^[1]。

Helicoverpa armigera Nucleopolyhedrovirus 由病毒宿主拉丁文名 *Helicoverpa armigera* 和杆状病毒核多角体病毒属名构成。*Helicoverpa armigera* 原为 *Heliothis armigera*, 近年来改为现名, 中文译名一直为棉铃虫^[2,3]。棉铃虫为夜蛾科日夜型亚科 *Helicoverpa* 属的昆虫, 种异名 *Bombyx obsoleta*, 英文俗名 cotton bollworm, 该种昆虫主要发生于旧大陆, 包括亚洲、非洲、南欧和澳洲等地。除了棉铃虫, *Helicoverpa* 属还包括其它 6 种昆虫^[4], 其中 *Helicoverpa zea* 发生于新大陆, 主要包括南美洲和北美洲, 英文俗名 American cotton bollworm, cotton bollworm, 或 corn earworm, 中文译名为美洲棉铃虫, *Helicoverpa armigera* Nucleopolyhedrovirus 中文名称为棉铃虫核多角体病毒。*Helicoverpa punctigera* 仅在澳洲发生, 中文译名为澳洲棉铃虫。根据病毒的命名规则, *Helicoverpa armigera* Nucleopolyhedrovirus 中文名称为棉铃虫核多角体病毒。*Helicoverpa zea* Nucleopolyhedrovirus 中文名称则为美洲棉铃虫核多角体病毒中国株或棉铃虫核多角体病毒湖北株、棉铃虫核多角体病毒新疆株等, 而不能称为中国棉铃虫核多角体病毒或新疆棉铃虫核多角体病毒、湖北棉铃虫核多角体病毒等。建议贵刊在使用这一名称时予以统一。

在病毒的结构中, 病毒 DNA 或 RNA 构成髓核(core), 髓核外面是蛋白质的衣壳(capsid), 髓核与衣壳合称为核衣壳(nucleocapsid)。部分病毒粒子在核衣壳外有一层囊膜, 核衣壳加囊膜合称为病毒粒子(particulate)。另外一些病毒无囊膜, 核衣壳亦称为病毒粒子。核多角体病毒为具囊膜病毒, 囊膜包含核衣壳数量有两种情况: 一种为一个囊膜中含单个核衣壳, 称为单核衣壳核多角体病毒(single-nucleocapsid Nucleopolyhedrovirus), 另一种为一个囊膜中含多个核衣壳, 称为多核衣壳核多角体病毒(multiple-nucleocapsid Nucleopolyhedrovirus)^[5]。这两种类型病毒的中文译名不应再称单粒包埋型核多角体病毒和多粒包埋型核多角体病毒。

参考文献

- 1 谢天恩. 病毒的分类与命名进展概况[J]. 中国病毒学, 1992, 7: 375-382.
- 2 刘国土. 棉铃虫之初步观察, 昆虫与植病[J]. 1934, 2(27): 52-831.
- 3 盛承发. 棉铃虫大发生原因探讨[J]. 自然灾害学报, 1993, 2(2): 20-26.
- 4 吴坤君. 关于棉铃虫的几个问题[J]. 昆虫知识, 1996, 33: 238-243.
- 5 孙修炼, 张光裕. 棉铃虫核多角体病毒四个分离株的比较研究[J]. 中国病毒学, 1994, 9: 309-318.

收稿日期: 2001-09-12