



[高级]

[首页](#) [新闻](#) [机构](#) [科研](#) [院士](#) [人才](#) [教育](#) [合作交流](#) [科学传播](#) [出版](#) [信息公开](#) [专题](#) [访谈](#) [视频](#) [会议](#) [党建](#) [文化](#)
 您现在的位置：[首页](#) > [科研](#) > [科研进展](#)

上海光源用户在禽流感H5N1跨种间传播机制研究中获进展

文章来源：上海应用物理研究所

发布时间：2013-05-10

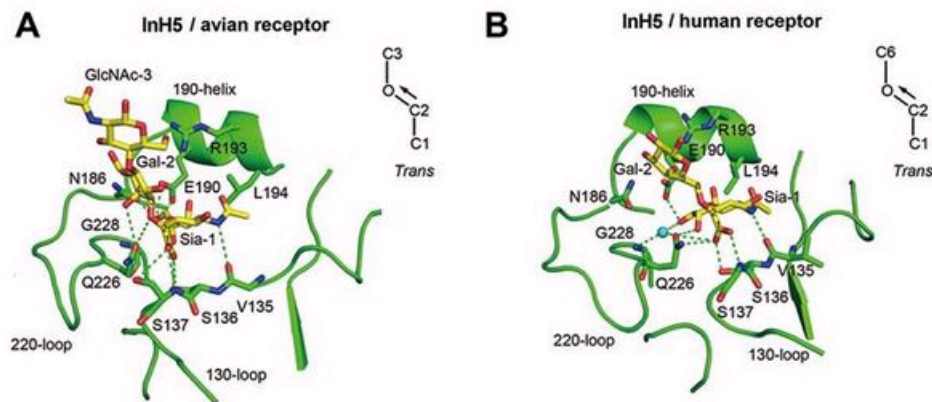
【字号：小 中 大】

5月3日，中国科学院微生物研究所高福课题组在*Science Express*在线发表了题为*An Airborne Transmissible Avian Influenza H5 Hemagglutinin Seen at the Atomic Level*的文章，报道了他们在高致病性禽流感H5N1跨种间传播机制研究中取得的最新成果。

高致病性流感病毒溯源和跨种传播机制研究是流感疫情科学预判和科学防控的基础。自2005年报道青海湖野鸟暴发H5N1禽流感研究以来，中科院微生物研究所高福课题组深入开展流感病毒的系统研究工作，包括病毒溯源、生物信息学分析、流感病毒重要蛋白的功能与结构解析、流感病毒数据库建设等，并不断取得重要进展。

近期，该研究团队在高致病性H5N1禽流感病毒跨种传播机制方面取得重大突破。该团队利用表面等离子共振技术研究H5N1病毒野生型和突变型HA蛋白分别与禽源和人源受体类似物的结合能力，发现野生型HA只结合禽源受体，而突变型HA不仅具有了结合人源受体的能力，还保留了对禽源受体的结合能力，只是亲和力有所下降，这表明突变型H5N1病毒有可能感染哺乳动物上呼吸道，并侵染肺部组织造成严重感染。

之后，研究团队主要利用上海光源生物大分子晶体学线站（也部分利用了日本PF的生物大分子线站）解析了高致病性H5N1禽流感病毒的野生型和突变型HA蛋白分别与禽源和人源受体类似物的复合物结构，揭示了突变型HA与人、禽受体结合的特点以及结构基础，发现关键的Q226L氨基酸突变决定了受体结合特性转换并进一步阐明了这种转换机制，同时证明了该突变型HA的其他三个氨基酸突变也对病毒获得空气传播能力起重要作用。该研究是国际上首次对分子水平对重要氨基酸突变能够导致H5N1病毒于哺乳动物间获得空气传播能力这一重要现象进行解析，是禽流感跨种传播研究领域的重要突破。这一研究成果也将对H7N9流感病毒的系统研究提供重要的参考信息。



图为利用SSRF BL17U1线站解析的高致病性H5N1禽流感病毒的野生型HA蛋白与禽源和人源受体类似物复合物的晶体结构

