

SARS冠状病毒的变异特性分析

徐东平, 王福生^①, 张玲霞

北京解放军第302医院;北京 100039

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 通过对目前所发表或公布的SARS相关资料进行分析, 结合所做的一些工作, 对SARS-CoV的变异特性、影响变异的可能因素以及变异与临床病程发展的联系进行了探讨。结果显示, SARS-CoV在变异发生频率和动态变化上具有RNA病毒的普遍特性, 但由于其在人类的传播时间较短, 相对于常见的引起慢性感染的RNA病毒, 如丙型肝炎病毒(HCV)、人类免疫缺陷病毒(HIV)等, 得到鉴定的变异序列数量相对较少。SARS-CoV S基因尤其是S1区变异程度较高, N基因较为保守。就目前有限的研究结果分析, 没有发现病毒变异与临床病程发展之间有明确的联系。

关键词 [SARS冠状病毒](#) [RNA病毒](#) [基因变异](#) [序列分析](#)

分类号

Beijing 302 Hospital of PLA; Beijing 100039; China

Abstract

Key words [SARS-CoV](#) [RNA virus](#) [gene variation](#) [sequence analysis](#)

DOI:

通讯作者

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(299KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [参考文献](#)

服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [复制索引](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ 本刊中 包含“[SARS冠状病毒](#)”的 [相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [徐东平](#)
- [王福生](#)
- [张玲霞](#)