

武汉病毒所在HIV基因进化与传播耐药等研究中获系列进展

文章来源：武汉病毒研究所

发布时间：2013-09-02

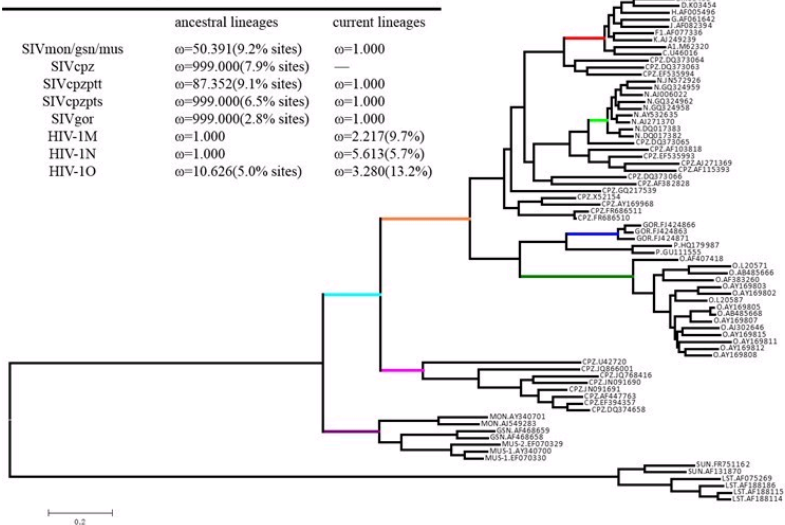
【字号：小 中 大】

中科院武汉病毒研究所杨荣阁研究员带领的科研团队在HIV基因进化与传播耐药研究上厚积薄发，2013年上半年共累计发表SCI高水平论文达12篇，并取得了系列重要科研进展。

杨荣阁研究员带领的学科组针对HIV基因型的流行情况进行了系统、深入的研究，研究成果相继发表于 *AIDS*, *PLOS ONE*, *AIDS Res Hum Retroviruses* 等艾滋病研究领域国际期刊上。特别是在HIV进化研究中，从新的视角对HIV以及其祖先SIV的进化规律和特点进行了对比，揭示出经过长时间的进化，SIV相对于HIV具有更好的宿主适应性，今后如果给予足够长的时间，现在相对“年轻”的HIV可能会进化成如SIV一样与宿主共生的状态，提出了HIV进化趋势及宿主适应性研究的新思路。在追踪近年新的HIV-1流行重组毒株（CRFs）相关研究发现，目前新的CRFs命名条件过低，使未稳定的过渡型重组毒株均被命名为新的CRFs，导致全球CRFs被过大估计。对国际上沿用数十年的HIV重组毒株命名国际通用标准提出异议，呼吁HIV分子流行病学专家对命名系统的缺陷问题加以重视，并提出了建设性的修改意见。两篇相关结果论文连续被世界艾滋病权威学术杂志 *AIDS* 接收。

近年，该学科组在“十一五”、“十二五”国家“艾滋病和病毒性肝炎等重大传染病防治”科技重大专项的支持下，人才队伍结构逐步完善，科研工作硕果累累，受到了国际广泛关注。学科组长杨荣阁研究员不仅受邀成为了国际学术期刊 *PLOS ONE* 编委，近期还受邀成为艾滋病领域权威期刊 *AIDS* 杂志的外审专家。该学科组在HIV基因变异与进化、HIV毒株生物学特性改变、HIV致病机制等研究方面逐步深入，为艾滋病防控工作做出了贡献。

calculations of selective pressure of different SIV/HIV(ω):



武汉病毒所在HIV基因进化与传播耐药等研究中获系列进展

