



新闻中心

您现在的位置: [首页](#) > [新闻中心](#) > [科研进展](#)

- [近期要闻](#)
- [头条新闻](#)
- [科研进展](#)

微生物所等科学家揭示出寨卡病毒保护性抗体结合病毒的分子基础

2016-05-04 | 作者: | [【大】](#) [【中】](#) [【小】](#) [【打印】](#) [【关闭】](#)

寨卡疫情自2015年在巴西爆发以来已迅速蔓延至南美其他各国、中北美加勒比海地区,并进一步扩散到全球66个国家和地区。我国于今年2月第一输入性病例至今已有12人感染了寨卡病毒。目前,越来越多研究表明寨卡病毒感染与胎儿和新生儿小头畸形密切相关,该病毒的感染还能引起许多神经系统的疾病,比如格林巴利综合征(Guillain-Barre syndrome)。但目前尚未研发出针对寨卡病毒的疫苗和有效治疗手段。寨卡病毒对人类健康的危害引起了各国高度重视,相关科研机构就该病毒的致病机理开展系列研究。

目前还没有针对寨卡有效抗体的报道。研究推测寨卡病毒与黄病毒属的其它成员一样,由单一的开放读码框编码的3个结构蛋白(C、prM/M和E),及7个非结构蛋白(NS1、NS2A、NS2B、NS3、NS4A、NS4B和NS5)组成。现在研究发现黄病毒的囊膜蛋白(E蛋白)主要负责病毒与感染宿主的受体的识别,介导病毒的入侵,因此是该类病毒最主要的保护性抗原。黄病毒的中和抗体一般通过靶向E蛋白阻止病毒的入侵,进而帮助宿主清除病毒。在此基础上,高福院士研究与军事医学科学院团队通力合作在寨卡病毒致病与防治研究方面取得重要进展。该项研究结果以“Structures of the Zika virus envelope protein and its complex with a flavivirus broadly-protective antibody (寨卡病毒囊膜蛋白以及其结合黄病毒广谱保护性抗体的结构研究)”为题于2016年5月2日在线发表在国际权威学术期刊 *Cell Host & Microbe* 上。

科学家们率先解析了高分辨率的E蛋白的一维晶体结构。研究发现寨卡的融合前E蛋白呈现二聚体构象,与黄病毒属其他成员的E蛋白的结构比较相似。但不同的是,寨卡病毒E蛋白的表面存在独有的一片正电荷区带。这一特性可能使得寨卡病毒对宿主吸附有所不同。此外,他们发现黄病毒E蛋白的融合肽区在寨卡病毒E蛋白上序列和结构都高度保守,因此选取了一种靶向到这一区域的黄病毒广谱中和保护抗体进行研究。这种称为2A10G6的抗体在他们之前的报道中能够有效的中和与寨卡病毒亲缘关系很近的其它黄病毒,包括四种血清型的登革热病毒、黄热病毒以及西尼罗热病毒。他们发现这种抗体对寨卡病毒的E蛋白具有很高的结合能力,并具有体外中和活性和小鼠的致死保护作用。进一步的抗原抗体复合物结构分析揭示出该抗体通过紧密的包裹对黄病毒入侵关键的融合肽区从而阻止病毒对宿主的入侵。该项研究提升了人们对寨卡病毒的认识,为针对寨卡病毒治疗药物的开发提供了重要的理论基础和研究思路。

中国科学院北京生命科学研究院戴连攀助理研究员、中国科学院微生物研究所宋健、天津工业生物技术研究所路希山助理研究员、军事医学科学院邓永强博士为文章的共同第一作者,军事医学科学院秦成峰副研究员、中科院微生物所齐建勋副研究员和高福院士为文章的共同通讯作者。研究得到了中科院寨卡病毒应急攻关项目、自然科学基金委应急管理项目等项目的资助。

论文链接: DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.chom.2016.04.013>

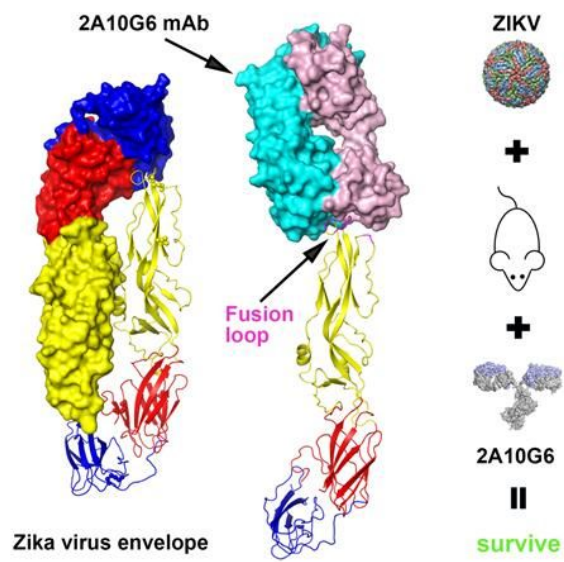


图1: 寨卡病毒囊膜蛋白结构以及保护性抗体结合病毒的分子机制, 为寨卡病毒的治疗提供了重要的理论基础和研究思路。



1996-2014 中国科学院微生物研究所 版权所有 备案序号: 京ICP备05064432号 文保网安备案号: 110402500054
地址: 北京市朝阳区北辰西路1号院3号 邮编: 100101 电话: 86-10-64807462 传真: 86-10-64807468 Email: office@im.ac.cn