



面向世界科技前沿, 面向国家重大需求, 面向国民经济主战场, 率先实现科学技术跨越发展, 率先建成国家创新人才高地, 率先建成国家高水平科技智库, 率先建设国际一流科研机构。

——中国科学院办院方针



### 武汉病毒所等发现新型蝙蝠丝状病毒并鉴定其特征

文章来源: 武汉病毒研究所 发布时间: 2019-01-15 【字号: 小 中 大】

我要分享

丝状病毒, 尤其是埃博拉病毒 (EBOV) 和马尔堡病毒 (MARV), 其致病性强和致死率高, 被归为生物安全四级病毒。先前研究结果证实蝙蝠是MARV的自然宿主; 而Lloviu病毒 (LLOV) 和邦巴利病毒 (BOMV) 的发现表明蝙蝠可能携带有更多新型丝状病毒。

日前, 中国科学院武汉病毒研究所研究员石正丽团队联合杜克-新加坡国立大学医学院王林发团队对新发现的一株蝙蝠丝状病毒 (命名为: 勤腊病毒, MLAV) 进行了特征鉴定, 相关研究结果发表于Nature Microbiology (《自然-微生物学》)。

国内蝙蝠携带丝状病毒的研究起步相对较晚, 2012年石正丽团队首次发文证实国内蝙蝠携带有丝状病毒的抗体 (Yuan et al., Virology Journal, 2012), 2015年其他研究团队在云南地区的果蝠中发现了一段丝状病毒的序列, 2017年石正丽团队在云南地区的果蝠中发现了遗传多样的新型丝状病毒的序列 (Yang et al., Emerg Infect Dis, 2017)。基于前期研究结果, 石正丽团队和王林发团队选取其中一株病毒进行了深入研究。首先通过高通量测序技术和传统PCR扩增了该病毒的基因组编码区序列, 全长为18, 330bp, 同其他丝状病毒一样, 该基因组顺序编码NP, VP35, VP40, GP, VP30, VP24和L基因。在基因组水平, 该病毒同已知丝状病毒相似度为32%-54%, 基于国际病毒分类委员会的分类标准, 该病毒属于丝状病毒科新属、新种, 命名为滇丝病毒属 (Dianlovirus) 勤腊病毒种 (MLAV)。在遗传进化关系上, MLAV更接近于MARV, 因为其GP基因不存在翻译移码。通过CRISPR-Cas9技术证实了MLAV同其他丝状病毒一样利用尼曼匹克C1 (NPC1) 为受体。基于最小基因组技术, 证实了MLAV的复制酶系统可以同EBOV和MARV互换。同时MLAV的假病毒可以入侵多种宿主来源的细胞, 表明MLAV存在跨种感染的风险。

该研究进一步证实了蝙蝠是多种病原的自然宿主, 为了降低跨种感染的风险, 要减少对野生蝙蝠的接触。石正丽长期聚焦于野生动物新病原的发现, 致力于在病毒传播到人群之前发现它们, 并评估其致病性。武汉病毒所副研究员杨兴姿和Duke-Nus医学院博士后Tan Chee Wah为论文共同第一作者, 石正丽和王林发为论文通讯作者。该研究得到中科院先导项目、新加坡MINDEF项目的支持。

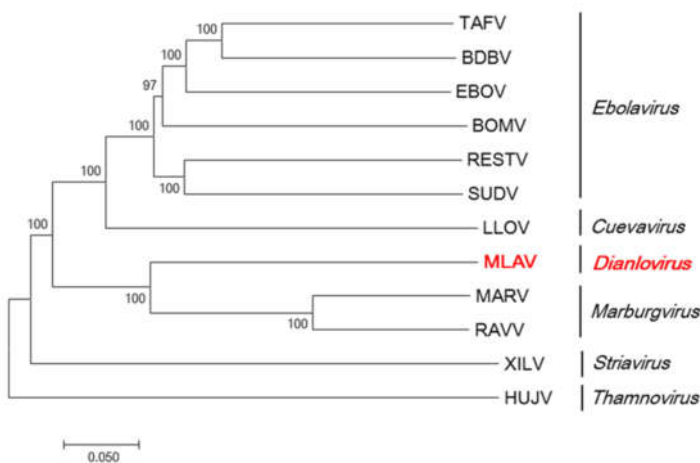


图: 基于MLAV基因组序列构建的进化树, MLAV属于丝状病毒科滇丝病毒属

(责任编辑: 叶瑞优)

### 热点新闻

#### 中科院与吉林省签署科技合作协...

- 中科院与江苏省会谈深化科技合作
中科院与潍柴动力会谈推进科技合作
中科院A类先导专项“美丽中国生态文明建...
张江实验室管委会第二次会议在沪召开
中科院与中核集团签署全面战略合作协议

### 视频推荐



【新闻联播】“率先行动”计划 领跑科技体制改革



【吉林卫视】2019年中科院院所进吉林活动开幕

### 专题推荐



