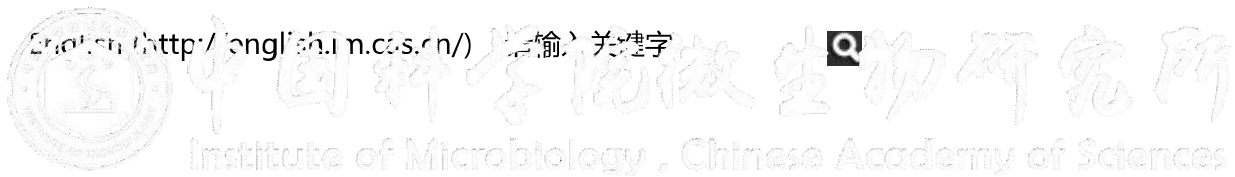


六十周年 (<http://60th.im.ac.cn/>) | 所内网站 (<http://home.im.ac.cn/>) |

所内邮箱 (<https://mail.cstnet.cn/>) | ARP ([https://arp.im.ac.cn/por/login\\_psw.csp](https://arp.im.ac.cn/por/login_psw.csp)) |



## 新闻中心

[近期要闻 \(../jqyw/\)](#)

[头条新闻 \(../ttxw/\)](#)

[科研进展 \(../\)](#)

当前位置: [首页 \(../..\)](#) > [新闻中心 \(../..\)](#) > [科研进展 \(../\)](#)

## 中科院流感研究与预警中心揭示H7N9流感病毒生物学和致病特性多样性

发布时间: 2019.01.21

近日,中国科学院流感研究与预警中心(CASCIRE)中国科学院微生物研究所(IMCAS)在基于对第5波疫情H7N9病毒遗传特征研究的基础上,筛选H7N9高致病力禽流感突变病毒株(HP-H7N9)和低致病力禽流感病毒(LP-H7N9)流行病毒代表毒株,联合中国医学科学院医学实验动物研究所(ILASCAMS)等团队系统对筛选的代表毒株进行了生物学特性和感染致病特性研究。

研究发现,不同HP-H7N9和LP-H7N9代表毒株在受体亲和力、感染致病雪貂能力和在雪貂间的传播能力差异较大。在3株HP-H7N9代表毒株中,1株只结合禽源受体( $\alpha 2-3-SA$ );2株和祖先病毒(A/Anhui/1/2013)类似,表现出双受体结合特性【既能结合禽源受体,又能结合人源受体( $\alpha 2-6-SA$ )】和相当的禽源受体结合能力,但对人源受体结合能力1株略高于另外1株代表毒株。值得注意:1株LP-H7N9代表毒株同样具有双受体结合特性,但表现出优先结合人源受体的趋势。虽然这种结合优势是由于禽源受体结合能力显著降低而导致,而人源受体结合能力与祖先病毒相比并没有增加。进一步哺乳动物感染实验显示,这些代表毒株对小鼠表现出不同的致病力。当固定病毒滴度( $10^6$  EID<sub>50</sub>)感染时,有的毒株仅引起小鼠微弱体重下降;有的毒株可以引起10-50%的小鼠致死率(结果未列出)。在雪貂的感染实验中具有类似的结果,不同毒株对雪貂表现出了不同的致病能力和在雪貂呼吸道组织器官中的复制能力。同时,在代表毒株中(包括3株HP-H7N9病毒)未发现可以直接感染而导致雪貂死亡的野生型病毒株;也仅有1株HP-H7N9病毒可以有限的在雪貂间传播。综上,第5波疫情中H7N9代表病毒株的受体结合能力、对哺乳动物致病能力、在雪貂中的传播能力表现出

多样性，而且与祖先病毒相比并没有增强；结合前期发现的第5波疫情病毒具有遗传多样性的特点（*Journal of Virology*, 14;92(11). pii: e00301-18.），进一步确定：H7N9病毒在遗传特性、生物学特征、感染致病特性上存在多样性；目前H7N9病毒感染人的能力没有增强，公共卫生风险等级没有增大，但要增强监测警惕病毒的进一步变异。同时提示：在评估H7N9流感等变异率较高病毒的公共卫生风险的时候，要尽可能的多选择一些代表毒株，才能更加真实地评估出病毒的实际感染力和风险。

相关研究结果以“Diverse biological characteristics and varied virulence of H7N9 from Wave 5”为题，于2019年1月16日在线发表在*Emerging Microbes & Infections*杂志上（<https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/22221751.2018.1560234>）。ILASCAMS 鲍琳琳博士、中国科学院青促会会员CASCIRE（<http://10.20.40.10/wcm/app/editor/editor/%20https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/22221751.2018.1560234>）。%20ILASCAMS%20鲍琳琳博士、中国科学院青促会会员CASCIRE)毕玉海博士、Gary Wong博士（现任中科院上海巴斯德研究所研究员）为第一作者，CASCIRE主任高福院士和ILASCAMS所长秦川教授为通讯作者。CASCIRE监测网点合作单位华南农业大学、深圳市第三人民医院等参与并贡献了本研究。这是CASCIRE自2013年H7N9出现，对其病毒溯源和遗传变异（*Lancet*, 2013；*Journal of Virology*, 2018）、致病和跨种间传播分子机制（*Science*, 2013；*Journal of Virology*, 2015；*Journal of Virology*, 2016）、耐药分子机制（*Cell Research*, 2013）、基于耐药机制的抗流感新药设计（*Journal of Medicinal Chemistry*, 2016）、人感染HP-H7N9的发现和发病特征（*Journal of Infection*, 2017）等研究后，又一重要研究成果。CASCIRE将基础研究与临床相结合，利用建立的病毒耐药等突变检测方法（*BMC Infectious Diseases*, 2018）实时监控感染患者体内的病毒载量和耐药变异情况，配合临床医生对H7N9感染患者实施个性化精准治疗，使CASCIRE哨点医院/监测分中心——深圳市第三人民医院H7N9感染的病死率降低至9%（全国平均36.2%）。本研究为如实掌握H7N9流感病毒变异和感染致病特征的动态、及H7N9的科学防控提供了理论依据。本研究得到国家重点研发计划、中国科学院B类先导专项、中国科学院青促会、国家自然科学基金（优秀青年科学基金、创新研究群体、面上项目）等项目的资助。

CASCIRE立志服务于国家需求，着力解决我国流感等疫情的基础性、机理性、前沿性等重大科学问题，为我国流感等突发新发传染病的防控、保障一带一路战略的顺利实施和人民健康提供理论基础。该中心成立后，先后在H5N1、H7N9、H10N8、H5N6等新型流感病毒、寨卡病毒、中东呼吸综合征冠状病毒等突发新发传染病病原感染和致病机制研究中，做出了系列成绩。

### H7N9 HP/LPAIVs in Wave Five (genetic, biological and pathogenic characteristics are diverse)

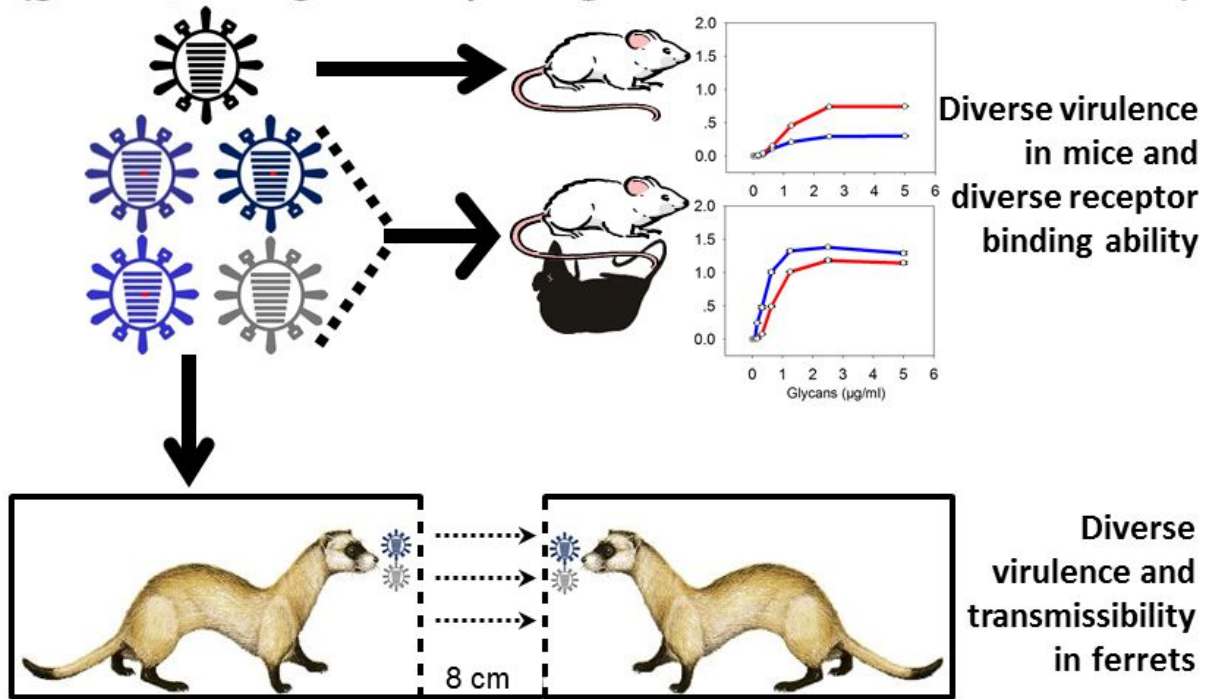


图1. H7N9代表毒株的生物学和致病性特征

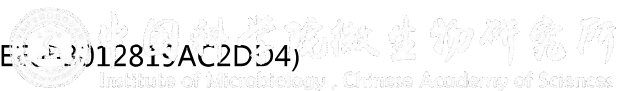


(//bszs.conac.cn/sitename?



中国科学院 (http://www.cas.cn/)

method=show&id=07CED1FBEA704F7E...12813AC2D04)



(http://www.im.cas.cn/)



联系我们 (http://www.im.cas.cn/gkjj2018/lxwm/)

北京市朝阳区北辰西路1号院3号 100101

86-10-64807462

office@im.ac.cn

中国普通微生物菌种保藏管理中心 (CGMCC) (http://www.cgmcc.net/)