

您的位置: 首页>中科院科研进展

研究揭示新型冠状病毒2019-nCoV或来源于蝙蝠

发布时间: 2020-02-03

【字号: 大 中 小】

2月3日, 中国科学院武汉病毒研究所/生物安全大科学研究中心、武汉市金银潭医院及湖北省疾病预防控制中心合作, 在引起武汉市新冠肺炎疫情的2019新型冠状病毒(2019-nCoV) 鉴定研究工作方面取得新进展。相关研究团队从核酸检测、血清学诊断、病毒分离和受体利用等方面揭示了该冠状病毒的基本生物学特性, 为疫情控制和药物研发等工作提供了重要线索。

研究团队从早期的5位患者样本中获得了该病毒的全基因组序列, 来自5位患者的病毒序列相似性达到99.9%, 与SARS-CoV的序列一致性为79.5%。通过对病毒保守蛋白氨基酸分析发现, 2019-nCoV与SARS-CoV均属于SARS相关冠状病毒(SARSr-CoV)。研究人员进一步将2019-nCoV基因组与实验室早期检测的冠状病毒的部分基因序列进行比较, 发现该病毒与来源于蝙蝠样本的一株冠状病毒(简称TG13)的基因相似, 后对该蝙蝠样本进行测序, 获得了蝙蝠病毒TG13的全基因组序列, 发现两种病毒序列一致性高达96%(图1)。

该研究团队对患者不同时期的支气管肺泡灌洗液(BALF)、咽拭子(OS)等样本进行了核酸检测, 发现早期样本的病毒核酸量比后期高约1000倍以上。通过采用实验室早期储备的SARSr-CoV抗原, 他们对患者血清样本进行了检测, 发现患者产生了相应的IgM和IgG抗体(图2)。随后从一位重症患者的支气管肺泡灌洗液中, 分离获得了2019-nCoV病毒, 电镜观察可见其在细胞内清晰的冠状病毒颗粒形态(图3)。

研究团队发现，2019-nCoV能感染过表达人ACE2（血管紧张素转换酶，SARS-CoV的细胞受体）的非敏感细胞，表明2019-nCoV可以利用SARS-CoV的受体入侵细胞（图4）。

在与时间和疫情争分夺秒的赛跑中，该研究在较短时间内提供了较详细的2019-nCoV病毒的基本生物学特性，并揭示出该病毒可能的自然宿主是蝙蝠。研究还表明，2019-nCoV可以利用SARS-CoV的受体感染细胞，为后续疫情防控和药物研究等打下了工作基础。

该工作得到中科院战略性先导科技专项、国家自然科学基金、传染病重大专项、中科院青促会等项目的大力支持。

[《自然》论文链接](#)

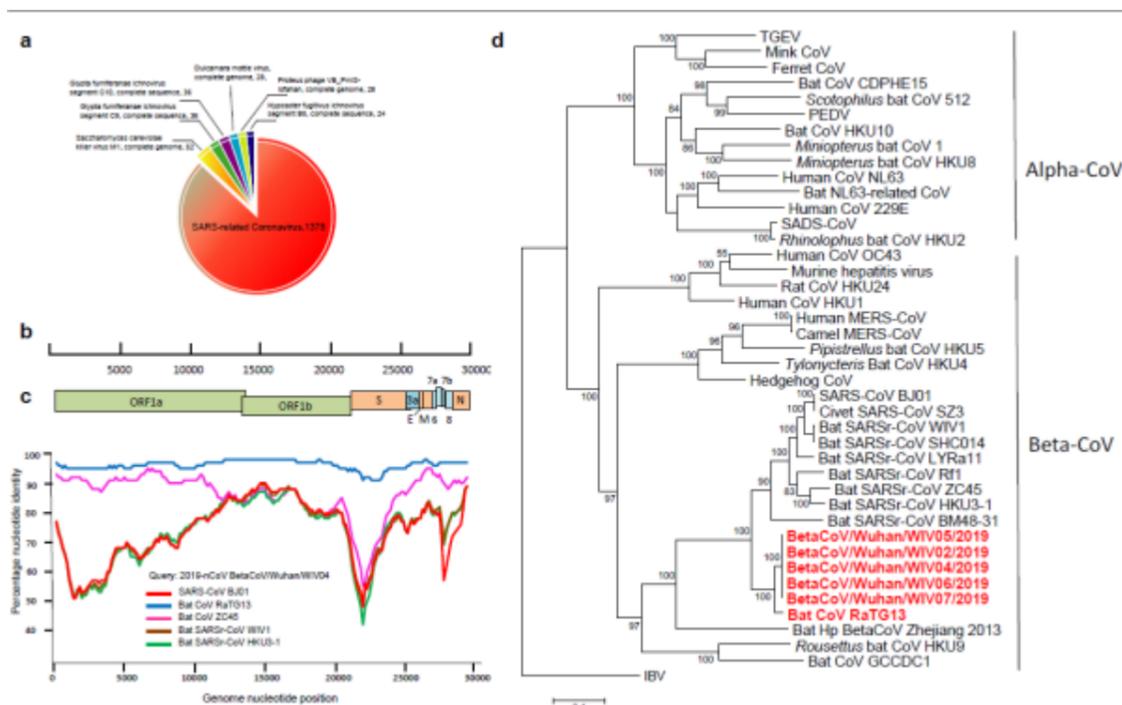


图1. 高通量测序从病人样本中获得病毒的全基因组序列 (a) ; 2019-nCoV基因组示意图 (b) ; 与人SARS病毒和蝙蝠SARSr-CoV同源性分析 (c) ; 利用2019-nCoV的复制酶基因完成的进化分析 (d)

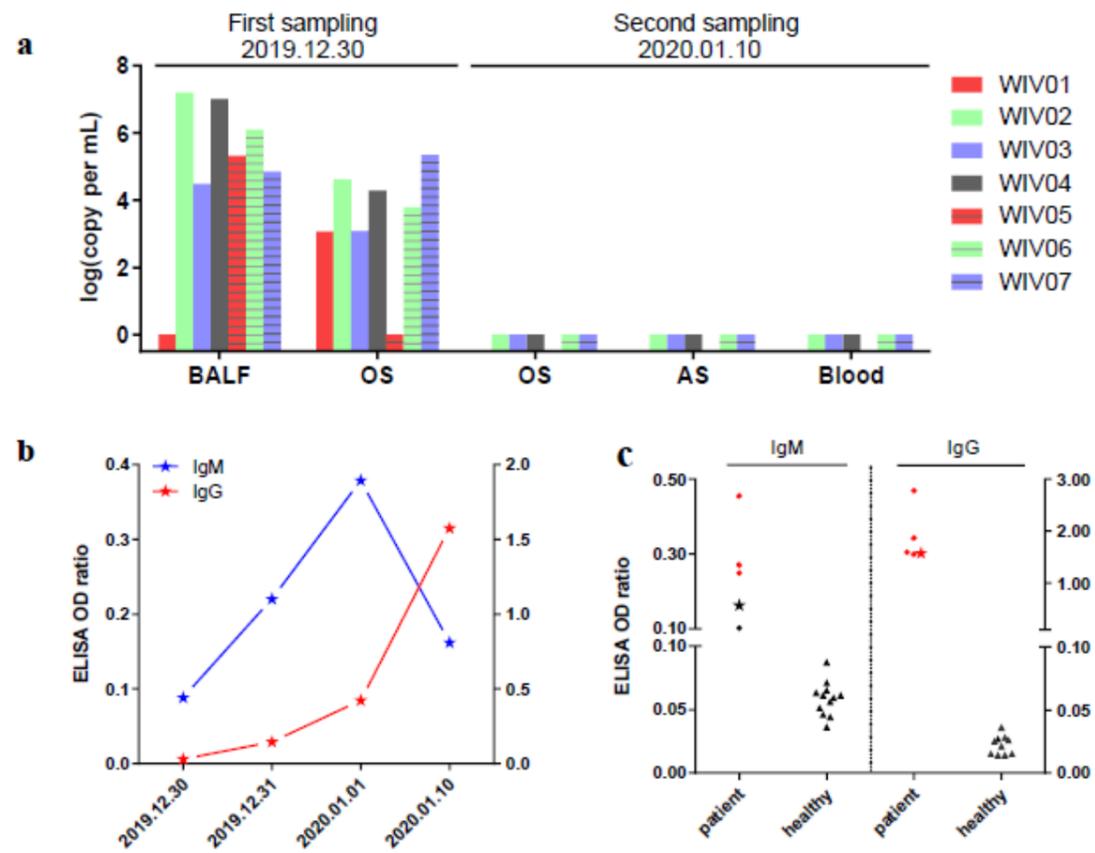


图2. 七位患者体内病毒核酸检测 (a) ; 一个患者体内血清学变化情况 (b) ; 七位患者抗体水平检测 (c)

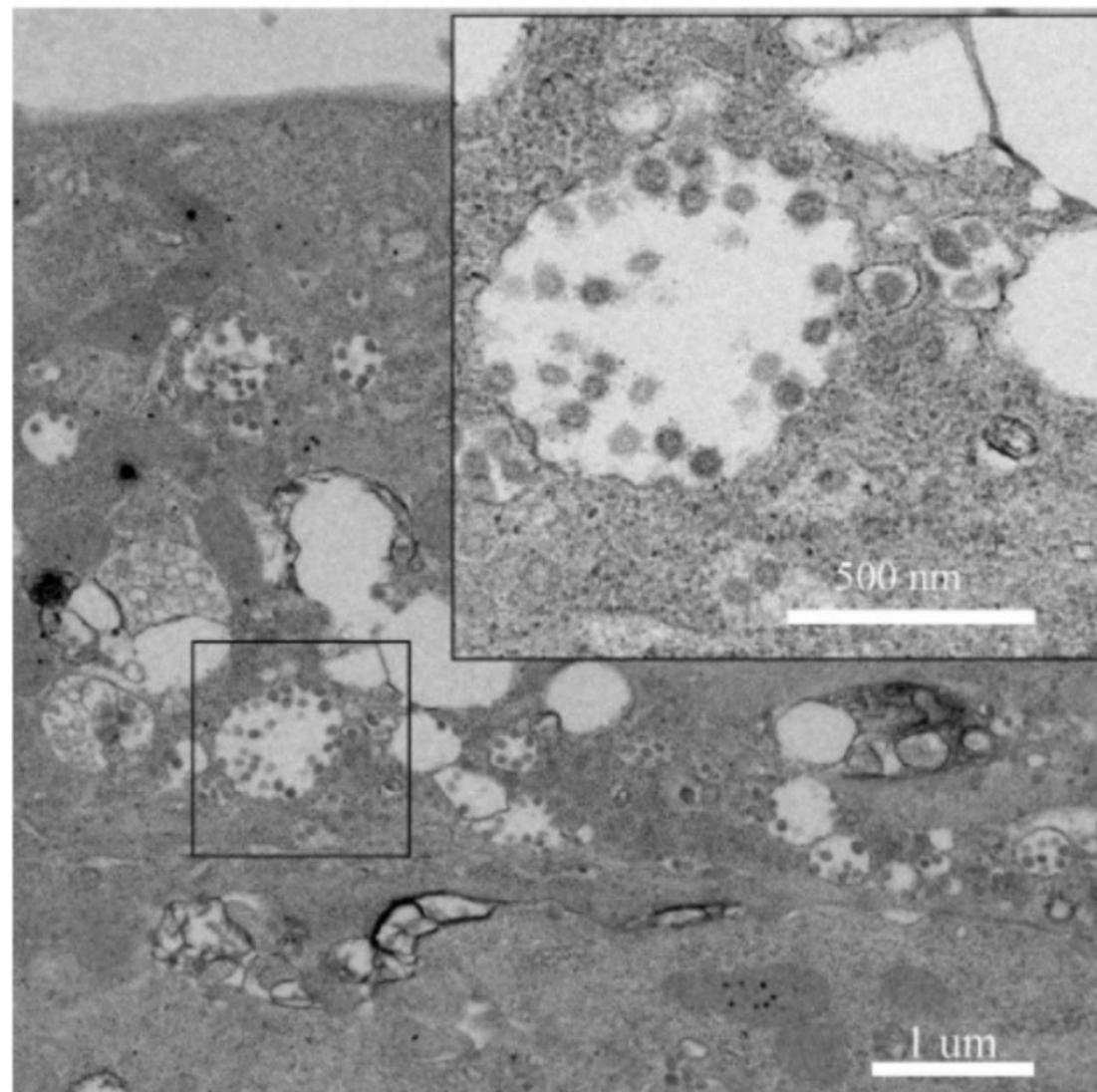


图3. 2019-nCoV在细胞内的电镜观察

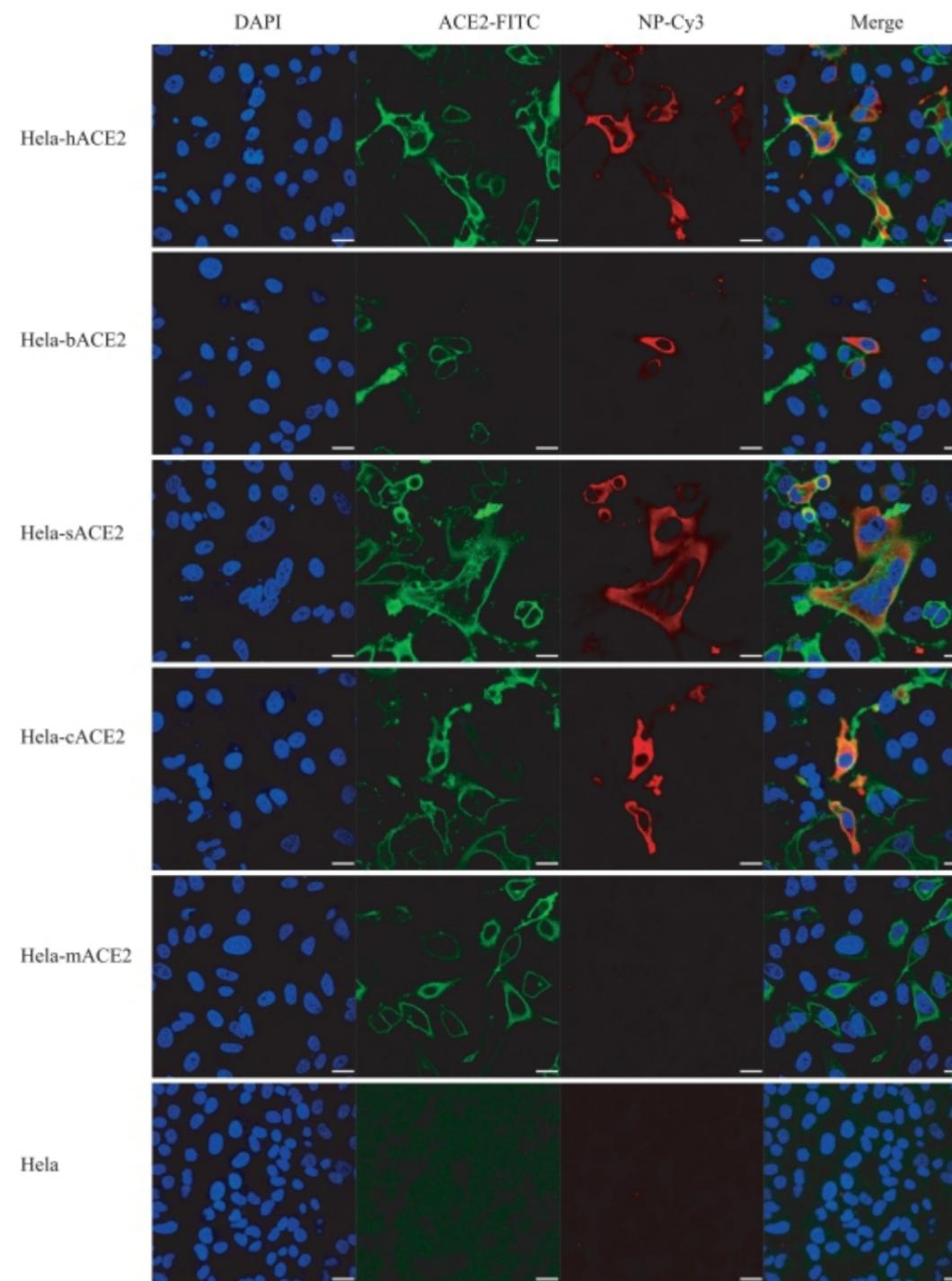


图4. 2019-nCoV在表达有来自于人、蝙蝠、猪、果子狸和小鼠ACE2的HeLa细胞中感染情况

(责任编辑: 任霄鹏)

© 1996 - 2020 中国科学院 版权所有 备案序号: 京ICP备05002857号 联系我们 地址: 北京市三里河路52号 邮编: 100864

