

快速通道 ▾

中科院 (<http://www.cas.cn/>) | 巴斯德网络 (<https://www.pasteur.fr/fr>) | 联系我们(http://www.shanghaipasteur.cas.cn/qt2016/qt_lxwm2016/) |CHN (<http://www.shanghaipasteur.cas.cn/>) / ENG (<http://english.shanghaipasteur.cas.cn/Home>)

请输入关键字

邮箱: @ips.ac.cn密码:

登录

(<http://www.shanghaipasteur.cas.cn>)
[首页](#) (../..../) > [科学研究](#) (../..../) > [科研进展](#) (../..../)

科学研究

[> 科研进展](#) (../..../)

[> 发表论文](#)
(../..../fblw2016/)

[> 成果转化](#)
(../..../kjcgyzh20...)

崔杰研究组在新型冠状病毒早期进化机制方面取得进展

更新时间: 2020-01-31 | 更新人: | 来源: | [【打印】](#) [【关闭】](#)

中国科学院上海巴斯德研究所、中科院生物安全大科学中心上海分部崔杰研究组成员魏小曼、李祥等根据目前发表的新型冠状病毒（2019-nCoV）分析结果及公共数据库里上传的基因组比对结果，进行综合分析，推测出此次暴发的新型冠状病毒的早期进化机制，为新型冠状病毒感染肺炎疫情防控提供科学依据。研究成果以观点形式于2020年1月29日在线发表在《国家科学评论》（*National Science Review*）。

2019-nCoV不同于以往任何一种已知的HCoV-229E、HCoV-OC43、SARS-CoV、HCoV-NL63、HCoV-HKU1和MERS-CoV等六种能够感染人类的冠状病毒，属于第七种能够感染人类的冠状病毒，并且能引起肺炎。对2019-nCoV进行基因组学分析，结果显示其与SARS、MERS病毒皆有较大的区别，基因组差异度分别21%和50%。尽管同属于Beta冠状病毒，2019-nCoV与SARS、MERS冠状病毒却并不相同，可以认为是SARS冠状病毒的远亲，而绝非SARS冠状病毒的变种或SARS复燃。

研究指出，在冠状病毒和宿主长期共存的情况下，病毒通常会因为宿主限制而在同一物种例如蝙蝠中流行，但是少数情况下，不同病毒通过感染同一宿主细胞后会发生重组，从而产生一系列遗传物质不同的重组体，这些新重组的病毒中有些具备感染新宿主（其它动物或者人类）的能力。从现有数据来看，新型冠状病毒在早期进化中显示较弱的感染力，也可在人与人之间传播，但传播能力不容忽视。系统发育分析显示病毒缺少拓扑结构，聚类不明显。但是针对2019-nCoV的分析发现在不同的蛋白上至少有17个位点涉及氨基酸的改变，而其中几种突变在一起广东家庭聚集性病例中比较常见。这表明，病毒在发生人与人之间传播后开始产生突变。

至于病毒有没有发生适应性进化，目前还无法定论，需要更多的病毒基因组分析及后续针对突变位点的功能实验验证。研究人员未来将集中分析病毒在自然界及人群中的进化模式，阐明2019-nCoV的起源及与中间宿主作用的进化机制。研究人员同时呼吁，严密监控病毒的突变、进化及传播，这对指导疫情的控制十分必要。

论文链接: Wei et al., 2020. Evolutionary Perspectives on Novel Coronaviruses Identified in Pneumonia Cases in China. *National Science Review*. (<https://doi.org/10.1093/nsr/nwaa009>) (<https://doi.org/10.1093/nsr/nwaa009>)



版权所有 © 中国科学院上海巴斯德研究所
地址：上海市徐汇区岳阳路320号生命科学实验楼(近肇嘉浜路)
邮编：200031
电话：86-21-5492 3042 传真：86-21-5492 3044
电子邮箱：ips@ips.ac.cn

