



科学研究

科研方向

科研团队

科研成果 ▾

论文

专利

专著

奖励

科研动态

科研项目 ▾

[首页](#) [院所介绍](#) [科学研究](#) [技术平台](#) [人才发展](#) [党群文化](#)

研究生教育

2022-05-30

系统所吴爱平团队开发新冠病毒潜在适应性突变识别新策略

自新冠疫情 (COVID-19) 暴发以来，其致病原新冠病毒 (SARS-CoV-2) 的基因组已经发生了大量位点突变。其中，大部分突变并不会对病毒功能产生显著影响，但也有少部分突变可能导致病毒适应能力增加。因此，如何从众多位点突变中，高效识别出与病毒功能改变密切相关的适应性突变，是新冠病毒变异趋势监测和预防控制中一个极为重要的问题。



an Open Access Journal by MDPI

Detecting Potentially Adaptive Mutations from the Parallel and Fixed Patterns in SARS-CoV-2 Evolution

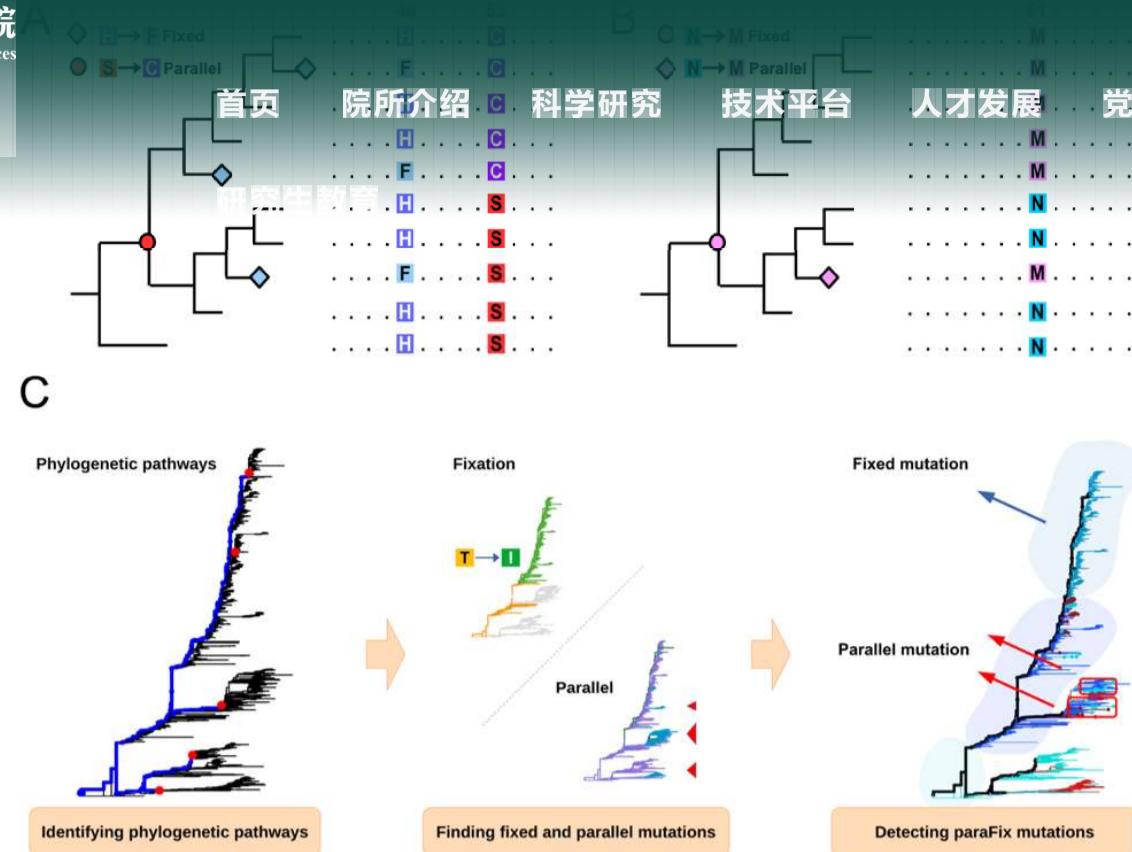
Cheng-Yang Ji; Na Han; Ye-Xiao Cheng; Jingzhe Shang; Shenghui Weng; Rong Yang; Hang-Yu Zhou; Aiping Wu

Viruses 2022, Volume 14, Issue 5, 1087



2022年5月18日，中国医学科学院系统医学研究院/苏州系统医学研究所吴爱平研究团队在*Viruses*杂志在线发表题为“Detecting Potentially Adaptive Mutations from the Parallel and Fixed Patterns in SARS-CoV-2 Evolution”研究论文，该研究工作系统阐述一种利用病毒平行及固定模式识别病毒潜在适应性突变的策略。

在本项研究中，吴爱平团队利用其自主开发的一套病毒固定替换和平行突变自动化识别工具sitePath (<https://wuaipinglab.github.io/sitePath/>)，对2020年6月至2021年6月期间27个时间点的病毒演变情况进行动态分析，发现新冠病毒除固定替换、平行突变及随机突变这三种模式外，结合平行突变和固定替换的时序出现的信息，能够给出第四种模式：即平行且固定的突变。通过与已有文献报道对照，本研究识别出的发生于病毒棘突蛋白的固定且平行突变有超过70%与病毒在宿主体内适应性密切相关。同时，通过回溯被定义为固定且平行突变的时间点，其中大部分突变能够在其导致大规模爆发的1-3个月前被预测。利用本研究策略对固定且平行突变位点的动态追踪和发现，可以为新冠病毒的变异监测和疫苗设计等提供前瞻性参考。



系统所博士研究生季承扬为论文第一作者，吴爱平研究员和周航宇副研究员为论文共同通讯作者。该研究得到国家重点研发计划、国家自然科学基金委重大研究计划、中国博士后科学基金会、中国医学科学院医学与健康科技创新工程和中国医学科学院中央级公益性科研院所基本科研业务费等项目支持。

论文链接：<https://www.mdpi.com/1999-4915/14/5/1087>



中国医学科学院系统医学研究院/苏州系统医学研究所（以下简称“院所”）成立于2014年，是由中国医学科学院北京协和医学院与江苏省、苏州市、苏州工业园区地方政府共建的新型研究机构。院所秉承“尽微知至，谙医厚生”的办所理念和治所精神，着力于探索新的研究模式和管理体制，推动系统生物学与基础医学、临床医学与预防医学的多学科交叉和协同创新，实现从实验室研究成果向临床应用和医药产业发展的迅速转化，努力建成具有国际影响力的开放性生物医学创新高地和生物医药创新产业培育基地。

电话：0512-62873780

传真：0512-62873779

邮编：215123

邮箱：office@ism.cams.cn;
hr@ism.cams.cn

地址：江苏省苏州工业园区崇文路100号

