



### 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 ▾

📅 2022-03-11

## 系统所吴爱平课题组揭示新冠病毒局部片段删除的分子进化规律

新冠病毒在人群中暴发流行后，除了发生频繁的位点突变，还可能通过局部的片段删除来导致基因组结构变异，进而影响病毒功能和疫苗有效性。因此，系统研究新冠病毒进化过程中的基因组局部片段删除规律，对于新冠疫情的精准防控具有重要意义。

2022年3月7日，中国医学科学院系统医学研究院/苏州系统医学研究所（简称系统所）吴爱平课题组在美国微生物学会（ASM）旗下《*Microbiology Spectrum*》期刊发表题为“Conserved Pattern and Potential Role of Recurrent Deletions in SARS-CoV-2 Evolution”的研究论文，系统揭示了新冠病毒流行分化过程中基因组上局部片段删除的分子进化规律。



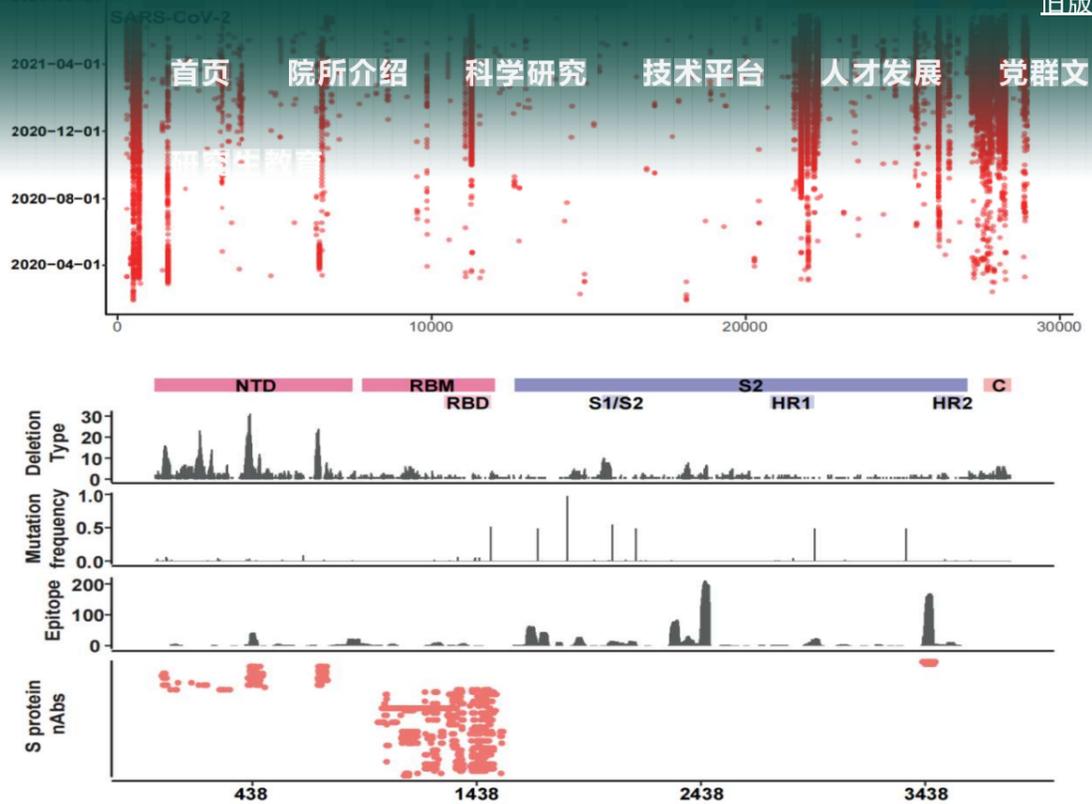
RESEARCH ARTICLE



### Conserved Pattern and Potential Role of Recurrent Deletions in SARS-CoV-2 Evolution

Shenghui Weng,<sup>a,b</sup> Hangyu Zhou,<sup>a,b</sup> Chengyang Ji,<sup>a,b</sup> Liang Li,<sup>c</sup> Na Han,<sup>a,b</sup> Rong Yang,<sup>a,b</sup> Jingzhe Shang,<sup>a,b</sup> Aiping Wu<sup>a,b</sup>

研究发现，新冠病毒的删除变异在基因组上并不是随机分布，而是具有一定的基因组位置偏好性。研究人员在不同类型冠状病毒（包括新冠病毒）中发现了3个共同的插入/删除热点区域（HAD 1-3），分别位于编码基因nsp3、S和ORF8，表明不同冠状病毒间存在普适的插入/删除机制。进而，在新冠病毒持续变异中，在基因组上发现了45个重复删除区域（RDRs），包括nsp6  $\Delta$ 106-109, S  $\Delta$ 69-70, S  $\Delta$ 144和 $\Delta$ 28271四个反复出现的高频删除片段，提示它们对病毒适应的潜在贡献。此外，研究还发现病毒棘突（S）蛋白上的删除主要富集在N-端结构域，和S2区的主要位点突变形成一种互补模式，提示它们在逃逸宿主免疫中的协同效应。该研究系统阐述了新冠病毒中删除变异的保守特征，以及这些删除对病毒传播的潜在影响，为疫情防控与疫苗开发提供了重要参考。



该研究由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课题组完成，翁晟慧为论文第一作者，吴爱平研究员与商敬哲副研究员为论文的共同通讯作者。该研究得到国家重点研发计划、国家自然科学基金、江苏省科技计划和中国医学科学院医学与健康科技创新工程与中央级公益性科研院所基本科研业务费等项目的支持。

文章链接: <https://journals.asm.org/eprint/AIMJHIWFYMZ8QQRNUPDQ/full>