



新闻中心

- 近期要闻
- 头条新闻
- 科研进展

您现在的位置: 首页 > 新闻中心 > 科研进展

微生物所刘翟研究员团队在埃博拉病毒宿主内进化领域取得重要进展

2016-09-07 | 作者: | 【大】 【中】 【小】 【打印】 【关闭】

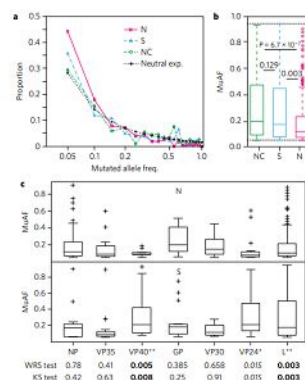
2016年9月5日,《自然-微生物学》杂志在线发表了中国科学院微生物研究所、中国人民解放军军事医学科学院、首都医科大学附属北京地坛医院等单位合作研究成果“*Intra-host dynamics of Ebola virus during 2014*”,第一次系统的揭示了埃博拉病毒在宿主内的进化模式,并指出了病毒基因与重要变异位点在病毒-宿主相互作用中的作用。

2013年至2015年,西非经历了史上最严重的埃博拉病毒暴发事件,超过28,000人感染,11,000多人死亡。中国政府向塞拉利昂政府派驻了以中国人民解放军军事医学科学院、中国疾病预防控制中心等单位的专业人员为主的移动医疗检测队,在非期间检测了大量临床样本,通过对175株埃博拉病毒进行全基因组测序,揭示了埃博拉病毒在塞拉利昂的传播规律,指出了病毒稳定的变异速率,相关结果于2015年发表在《自然》杂志,并入围“2015年度中国科学十大进展”。

在前期研究的基础上,研究团队再接再厉,继续瞄准病毒在体内的进化规律,力求揭开埃博拉病毒与宿主相互作用的面纱。研究团队设计开发了埃博拉病毒基因组的新测序策略-扩增了深度测序,并为此开发了一套全新的生物信息学分析流程,通过对135个样本的测定,在病毒暴发过程中第一次明确地发现了埃博拉病毒在宿主内进化过程中曾经产生的710个单核苷酸变异位点(*intra-host single nucleotide variation, iSNV*);通过对于上述*iSNV*位点的生物信息学分析、系统发生分析以及群体遗传学分析,首次发现非编码突变对于埃博拉病毒的影响,证实位于NP基因下游的两个连锁的突变位点能够显著提高NP基因的转录;发现了病毒最保守的基因VP40基因受到强烈的负选择,其突变对于病毒大都有害,可以作为最有效的抗病毒靶点。

该研究成果是人群中传播研究的基础上,从个体内种群变异这一崭新角度阐明了病毒的进化过程,解读了病毒的进化规律,推动了“宿主内进化”这一国际上病毒学的前沿领域发展,是进化领域的重大突破与必要补充。本研究成果的新技术、新理论,对于今后制定新发突发传染病的防控策略具有重大的意义。

本课题是国内多家科研单位协同努力的成果。研究工作受到科技部“973”、重大专项、“863”,中科院埃博拉专项,国家自然科学基金委员会,北京市科委等项目资助。军事医学科学院放射与辐射医学研究所倪铭博士、首都医科大学附属北京地坛医院传染病研究所陈晨博士和军事医学科学院军事兽医研究所钱军研究员作为论文并列第一作者。中国科学院微生物研究所刘翟研究员和军事医学科学院放射与辐射医学研究所伯晓晨研究员、中国科学院微生物研究所高福院士、军事医学科学院放射与辐射医学研究所王升启研究员作为文章通讯作者。

图1: 埃博拉病毒全基因组水平*iSNV*位点频率分布分析。

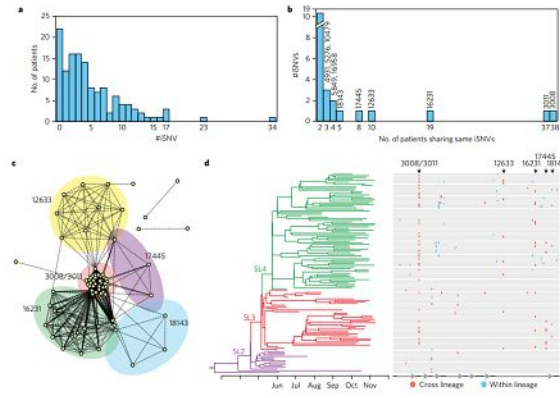


图2: 埃博拉病毒iSNV突变位点在人群中的分布网络与进化关系。

全文链接: <http://www.nature.com/articles/nmicrobiol2016151>



1996-2014 中国科学院微生物研究所 版权所有 备案序号: 京ICP备05064432号 文保网安备案号: 110402500054
地址: 北京市朝阳区北辰西路1号院3号 邮编: 100101 电话: 86-10-64807462 传真: 86-10-64807468 Email: office@im.ac.cn