



面向世界科技前沿, 面向国家重大需求, 面向国民经济主战场, 率先实现科学技术跨越发展, 率先建成国家创新人才高地, 率先建成国家高水平科技智库, 率先建设国际一流科研机构。

——中国科学院办院方针



首页 组织机构 科学研究 人才教育 学部与院士 资源条件 科学普及 党建与创新文化 信息公开 专题

搜索

首页 > 科研进展

微生物所等揭示H6N1亚型禽流感病毒跨物种传播机制

文章来源: 微生物研究所 发布时间: 2015-05-06 【字号: 小 中 大】

我要分享

2013年6月, 在台湾发现了全球首例人类感染H6N1亚型禽流感病例。从患者体内所分离的病毒基因序列显示, 此病毒为一典型的低致病性禽流感病毒, 与台湾本土家禽中的H6N1病毒株非常接近, 其跨物种传播的分子机制成为世界科学家所关注的焦点, 中国科学院微生物研究所研究员、中科院院士高福课题组在此方面的研究取得新进展, 相关研究成果已于5月4日在线发表在国际杂志The EMBO Journal上。

1972年以来, H6N1亚型禽流感病毒感染已在台湾家禽中流行, 病毒在台湾家禽之间的流行具有独特的基因谱系, 不同于香港和中国大陆东南部的流行。研究人员通过分析台湾地区所有H6N1亚型流感病毒的HA蛋白中决定受体结合特性的关键性氨基酸位点变化, 选取代表性毒株从蛋白和病毒水平上对其受体结合特性进行了研究, 从而提出台湾地区的H6N1亚型流感病毒按其受体结合特性变化, 可分为两个不同的主要时期, 即早期为偏好禽源受体结合期和后期为双受体结合期, 而这次人感染H6N1则偏好结合人源受体。通过对突变体受体结合特性的研究, 鉴定了其受体结合特性发生转变的关键性氨基酸位点, 即186、190、228位氨基酸在H6N1亚型流感病毒的受体结合特性转变中发挥了重要的作用, E190V、G228S的突变可使H6N1亚型流感病毒获得人源受体结合能力, 而P186L突变可使其偏好性结合人源受体。同时研究人员还通过结构生物学的方法从原子水平上阐明了P186L突变使得H6N1亚型流感病毒发生受体偏好性改变的结构基础。

研究人员认为目前大部分H6N1亚型的流感病毒仍保持着高水平地结合禽源受体的能力, 这可能限制了其在人体内有效的复制和传播, 但其对人类的生命安全还是会造成一定威胁, 正如新型H7N9流感病毒一样, 尤其是当H6N1亚型病毒与H9N2亚型流感病毒发生基因重组后, 可能会引起新的流感大暴发。更为重要的是, 这次人感染H6N1禽流感病毒偏好性结合人源受体, 这表明它在受体结合特性上已与人流感病毒类似, 如果加上其它的基因变异, 极有可能引发大流行。

该研究工作是在高福的领导下完成的, 研究获得了科技部“973”项目、基金委项目和中科院项目的资助。高福课题组的中国农业大学博士生王飞和微生物所齐建勋为文章的第一作者。同时该研究还得到了中国科学院北京生命科学研究院的施一、微生物所张蔚、毕玉海、严景华, 中国农业大学汪明、刘金华等的大力帮助。

论文链接

(责任编辑: 叶瑞优)



© 1996 - 2018 中国科学院 版权所有 京ICP备05002857号 京公网安备110402500047号 联系我们
地址: 北京市三里河路52号 邮编: 100864

热点新闻

中科院与北京市推进怀柔综合性...

发展中国家科学院第28届院士大会开幕
14位大陆学者当选2019年发展中国家科学...
青藏高原发现人类适应高海拔极端环境最...
中科院举行离退休干部改革创新形势...
中科院与铁路总公司签署战略合作协议

视频推荐



【新闻联播】“率先行动”计划 领跑科技体制改革



【朝闻天下】邵明安: 为绿水青山奋斗一生

专题推荐

