

【光明日报】我科学家破解H7N9感染人奥秘

文章来源：光明日报 齐芳

发布时间：2013-09-08

【字号：小 中 大】

中国科学院北京生命科学研究院、微生物研究所高福课题组在H7N9禽流感病毒感染人的跨宿主传播机制研究上取得新的突破，进一步破解H7N9感染人的奥秘，研究成果5日在《科学》杂志在线发表。

今年2月，在上海和安徽两地率先发现的人感染H7N9禽流感病毒是一种新型重配病毒。该病毒禽类感染后不会致病，但人感染后却会引起严重呼吸道疾病。

由高福率领的中科院北京生命科学研究院、微生物研究所及中国疾病预防控制中心联合应急攻关团队着重关注此最早报道的两个毒株，安徽株和上海株。据该论文第一作者、中科院北京生命科学研究院副研究员施一介绍，安徽株是此次流感爆发事件中的流行毒株，而上海株则只在一个病例中分离得到，两株病毒显示出各自的独特性。

研究人员发现安徽株既能结合禽源受体，又能结合人源受体——也就是人更容易被感染；而上海株却偏好性地结合禽源受体——也就是说这种毒株基本不传染人类。高福介绍，研究人员揭示了安徽毒株感染人体的分子机制，同时成功解析了H7N9病毒感染人体时，受体结合特性发生变化的结构基础。

施一解释说，目前科学家认为此次爆发的H7N9禽流感病毒具备“有限的人际传播能力”，研究人员推测这是由于H7N9病毒仍然更容易结合禽源受体，而人的呼吸道上有很多带禽源受体的黏液素，这些粘液素吸引了H7N9病毒，从而束缚住了病毒的扩散，使得H7N9病毒无法大面积传播。施一认为，必须密切关注H7N9病毒的变异，做好监测检测工作，因为某些突变病毒一旦丧失强结合禽源受体能力，而继续保留人源受体的结合能力，就有可能引发流感大流行。

（原载于《光明日报》 2013-09-08 01版）

打印本页

关闭本页