

科

T ---

<u>.</u>•

科研首页 科研动态 基础研究 生物科学 资源环境 高新技术 成果博览 科研专题

当前位置:中国科学院>>>科研>>>科研动态>>>生物科学

#### S 网站搜索 earch

关键词:

|输入关键词

搜索类别:

标题搜索 ▼

## 搜索 高级搜索

### 中国科学院-当日要闻

- ▶ 白春礼应邀为《科学通报》撰写评论文章
- ▶全国政协副主席、科技部 部长万钢视察近物所…
- ▶中科院与国家电网合作研制防污闪涂层纳米材···
- ▶中国科学院召开夏季党组 扩大会议
- ▶ 中国科普博览日全食直播 创多项记录
- ▶我科学家在世界上首次利 用iPS细胞培育出···
- ▶国际科联启动地球系统研 究远景规划
- ▶九地同辉:一场"室内" 日食秀
- ▶2009国际天文年日全食观测和科普活动周···
- ▶中国重离子癌症治疗中心 落户兰州

# 上海地区儿童支气管炎和肺炎鼻病毒研究取得重要进展

#### 上海生命科学研究院

通过对上海急性呼吸道感染儿童病人分离的鼻病毒基因组的详细研究,中科院上海巴斯德研究所杜文圣研究员(Vincent Deubel)领导的新生病毒研究组和巴黎巴斯德研究所的科研人员首次在一种新病毒-鼻病毒C中发现大量多重重组。该重组使得鼻病毒具有高遗传变异性。同时还发现,该重组出现在不同亚型鼻病毒共感染的病人组织中。从儿童支气管炎和肺炎病人鼻咽喉样本分离到的病毒中发现鼻病毒重组的数量非常大,这增加了我们对该病毒正在进化以适应于宿主和环境趋势的担忧。这项工作发表在7月27日的PLoSONE杂志上。

鼻病毒和流感病毒,呼吸道合胞病毒是儿童呼吸感染主要致病病毒。鼻病毒分为3种亚型:即HRV-A,HRV-B和HRV-C亚型。2006年美国首次发现了HRV-C。上海巴斯德研究所新生病毒研究组研究人员与上海南翔医院儿科合作,通过系统研究急性呼吸道感染致病病毒,发现HRV-C在所有鼻病毒感染病例中占50%以上。其中,一半以上含有一个长度不一属于HRV-A的5'端的基因片段。该发现表明HRV-C可以分为两个新亚种。通过新亚种全基因组测序,研究人员还发现了基因组其他位置的重组点。此外,分析表明HRV-A和HRV-C共感染可能是产生病毒重组的原因。

本研究同时证明儿童人群存在鼻病毒高遗传多样性,该样本人群在同一医院就诊,来自有一百万居民的同一社区,其中40%是外来人口。这表明,鼻病毒在这样的社区内有很高的进化能力。鼻病毒C主要是在支气管炎和肺炎门诊儿童病人中发现的,然而,重组导致5,端非编码区二级结构变化对病毒扩增周期的影响尚未确定,因为它无法进行细胞培养也不能感染小鼠。

这项研究首次提出,与脊髓灰质炎病毒相似,不同鼻病毒有重组能力,导 致极大的病毒多样性,从而使病毒诊断和分离更加困难。

这项研究的结果提示我们,应进行全球范围的鼻病毒亚型的病毒学监测。

这项工作得到了法国发展署、李嘉诚基金会资助的"急性呼吸道感染研究

行动计划"和"东南亚流行病状况调查与监测"两个国际合作项目以及国家科技重大专项"艾滋病和病毒性肝炎等重大传染病防治"的支持。

[时间: 2009-07-28]

[关闭窗口]