



返回首页

“863”课题狂犬病毒完整结构特点研究开题

<http://www.firstlight.cn> 2007-05-16

健康报2007年5月16日报道，为什么我国狂犬病持续严重流行？为什么相当一部分狂犬病死亡病例犬伤后接种过疫苗却没能奏效？近日启动的国家“863”课题——“狂犬病毒反向遗传系统建立与我国狂犬病持续流行机理探讨”将对此做出回答。

该课题负责人、中国疾病预防控制中心病毒病预防控制所唐青研究员表示，这是我国首次对狂犬病毒完整结构特点展开研究，探求我国狂犬病持续流行机理与免疫失败机理，进而制定实施更有效的狂犬病预防控制策略。

据介绍，狂犬病毒分子结构及其变异状况直接关系到狂犬病毒的致病性与流行程度，而目前我们对狂犬病毒完整结构特点尚不清楚，其遗传变异及毒力特点的盲区也较多。近年我国狂犬病持续攀升，发病数居世界第二，病死率常年居全国报告传染病之首。为此，科技部将该研究课题列入国家高技术研究发展计划，将首次进行我国狂犬病毒全基因测序，首次构建我国狂犬病毒基因组全长感染性分子克隆，进而阐明我国狂犬病流行毒株基因结构和遗传变异特点，阐明狂犬病毒的感染特性、致病特性及狂犬病疫苗与所流行毒株间的差异等，明确狂犬病流行毒株生物学特征以及持续地域性流行的病原学因素。

唐青研究员说，狂犬病毒在不同地理环境和不同宿主动物中的分布和传播，是病毒与自然界、宿主动物间互相适应的结果，其行为表象反映在病毒分子结构上。该课题组将选择我国狂犬病毒流行代表株结构基因，用基因置换方法嵌合病毒，调查研究流行株结构与功能间的关系。该课题对我国传统的狂犬病疫苗质量控制，对生产用毒株鉴别均有重要意义。

[存档文本](#)