

上海巴斯德所等在H7N9病毒溯源研究中获

文章来源：上海巴斯德研究所

发布时间：2014-03-20

3月12日，国际学术期刊*Journal of Virology*在线发表了中国科学院上海巴斯德研究所与浙江省湖州市疾病预防控制中心合作的研究论文*Co-circulation of three HA and two NA influenza viruses in Huzhou, China, April 2013: implication for the origin of the*（《2013年4月湖州出现3个HA和2个NA流感亚型共流行》）

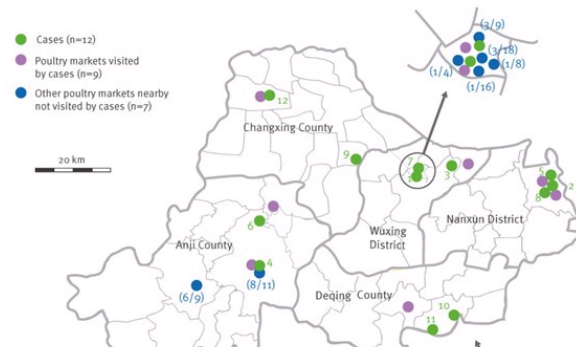
2013年2月开始，我国长三角地区爆发了由新型H7N9禽流感病毒感染人类导致的严重疫情，地处长三角腹地，与江苏、安徽省接壤，紧邻上海，是H7N9疫情较严重的地区之一（图1情通报，湖州于2013年4月4日确诊首例病例（为全国第10例确诊病例）。根据与湖州市疾病预防控制中心，上海巴斯德所副所长蓝柯带领由冷启彬、周东明、张驰宇研究员以及王莉莉、刘嘉等技术队，赴湖州开展合作研究。

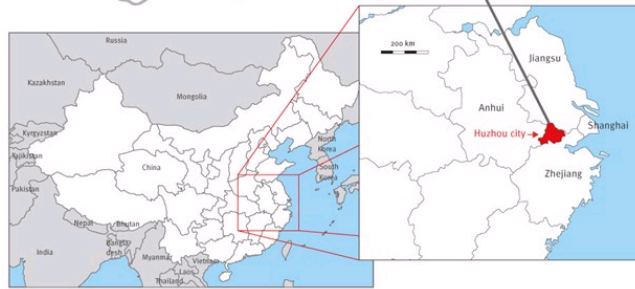
进化时间动力学分析显示，新型H7N9禽流感病毒的NA基因起源时间早于HA基因，表明H7N9二次不同的重排事件：第一次重排事件使N9型NA基因整合到H9N2的基因组形成H7N9的进化中间基因通过第二次重排事件整合到H9N9的基因组形成H7N9（图2）。通过对湖州2013年4月采集的禽水等进行流感基因片段扩增、测序和进化分析，发现禽类中存在H7、H9、H5三个HA基因型和一个NA基因型的共流行。一株H9N2病毒A/Chicken/Huzhou/C143/2013（H9N2）在流感6个内部基因是紧密地聚类在新型H7N9形成的进化簇（cluster）的外侧，表明A/Chicken/Huzhou/C143/2013型H7N9最相关的H9N2流感病毒株。此外，研究还发现了2株疑似H9N9毒株。湖州北邻我国第三个天然的野鸟栖息地，具备流感病毒共流行的环境条件。

该研究结果发表前，研究团队描述了湖州出现的第一例H7N9确诊死亡病例的临床特征（*E Infect.* 2013, 2:e23），对湖州所有H7N9确诊病例进行了系统的流行病学研究，并检测了H7N9下的流行状况。研究发现确诊病人均有与禽类接触或暴露史，进一步证明禽类是新型H7N9的直接来源（*Surveill.* 2013;18(20):pii=20481）；新型H7N9病毒对高温具有很强的适应性（*Int J Infect Dis* press）。

该项合作研究为湖州的疾病防控提供了重要的参考依据，是上海巴斯德所利用自身研究的成功案例。该研究在蓝柯、张驰宇、周东明、冷启彬等研究员指导下，与湖州疾病预防控制中心合作完成，得到了国家科技重大专项及李嘉诚基金会的支持。

FIGURE 1
Distribution of the influenza A(H7N9) confirmed cases (n=12) and live poultry markets in Huzhou city, China, March-May 2013





For markets that the cases did not visit, the numbers of the samples positive for influenza A(H2N9) virus are shown (number of positive/ number of total samples). The results for the markets that the cases visited are shown in Table 1. In our investigation, a 'visit' includes only occasions in which a case either bought poultry or touched live poultry booths at the market.

图1. 2013年春季湖州市确诊病例和活禽市场分布