

德国发力量子计算 帮欧盟争夺数字主权

【本报北京13日电】

德国政府最近宣布，将投入巨资研发量子计算技术，以增强其在数字经济领域的竞争力。这一举措被视为德国在量子计算领域迈出的重要一步，旨在帮助欧盟在数字主权方面占据领先地位。



德国政府最近宣布，将投入巨资研发量子计算技术。

一种脂肪酸可杀死癌细胞

刺突糖蛋白结构揭示新冠病毒自然演化新线索

或对疫苗设计具有借鉴意义

【本报北京13日电】英国《自然·结构和分子生物学》杂志近日发表的一篇论文，英国弗朗西斯·克里克研究所取得了一项最新成果：表征了新冠病毒及其近缘蝙蝠病毒RaTG13的刺突糖蛋白结构——刺突糖蛋白可以让病毒与细胞结合并进入细胞。

研究人员认为，蝙蝠冠状病毒可能是新冠病毒的演化前体，此前研究发现，蝙蝠病毒RaTG13与新冠病毒的亲缘关系是已知关系中最近的。

美国西雅图华盛顿大学的生物信息学专家特雷弗·贝德福德曾经将病毒间核苷酸的差异与其他冠状病毒的假定突变率相结合，认为这两种病毒在25年至65年前具有共同的祖先。

英国弗朗西斯·克里克研究所科学家安东尼·沃罗贝尔、唐纳德·本通及其同事，此次比较了新冠病毒和蝙蝠病毒RaTG13的刺突糖蛋白。他们发现，两者虽然结构相似，但新冠病毒的刺突糖蛋白形式更为稳定，与人受体蛋白ACE2的亲合力要高出1000倍左右。

研究团队还发现，新冠病毒刺突上的弗林蛋白酶切位点，可能对病毒有利，因为它可能会促进病毒与细胞上受体的结合。基于这些观察结果，研究人员认为与RaTG13相似的蝙蝠病毒，不太可能感染人类细胞。

因此，科学家迄今尚不清楚新冠病毒是如何演化到可以感染人类，目前推测有两种机制：在成为人和动物共患病之前，在动物宿主中进行选择（可能通过中间宿主）；或直接作为一种人和动物共患病传播给人类后，在人体内进行自然选择。

此外，研究人员指出，他们的新病毒刺突糖蛋白分辨率高，几近完整，比之前报道的结构有更多的外部环（loop），对于当前的疫苗设计或具有重要意义。

刺突糖蛋白结构揭示新冠病毒自然演化新线索

或对疫苗设计具有借鉴意义

【本报北京13日电】英国《自然·结构和分子生物学》杂志近日发表的一篇论文，英国弗朗西斯·克里克研究所取得了一项最新成果：表征了新冠病毒及其近缘蝙蝠病毒RaTG13的刺突糖蛋白结构——刺突糖蛋白可以让病毒与细胞结合并进入细胞。

研究人员认为，蝙蝠冠状病毒可能是新冠病毒的演化前体，此前研究发现，蝙蝠病毒RaTG13与新冠病毒的亲缘关系是已知关系中最近的。

美国西雅图华盛顿大学的生物信息学专家特雷弗·贝德福德曾经将病毒间核苷酸的差异与其他冠状病毒的假定突变率相结合，认为这两种病毒在25年至65年前具有共同的祖先。

英国弗朗西斯·克里克研究所科学家安东尼·沃罗贝尔、唐纳德·本通及其同事，此次比较了新冠病毒和蝙蝠病毒RaTG13的刺突糖蛋白。他们发现，两者虽然结构相似，但新冠病毒的刺突糖蛋白形式更为稳定，与人受体蛋白ACE2的亲合力要高出1000倍左右。

研究团队还发现，新冠病毒刺突上的弗林蛋白酶切位点，可能对病毒有利，因为它可能会促进病毒与细胞上受体的结合。基于这些观察结果，研究人员认为与RaTG13相似的蝙蝠病毒，不太可能感染人类细胞。

因此，科学家迄今尚不清楚新冠病毒是如何演化到可以感染人类，目前推测有两种机制：在成为人和动物共患病之前，在动物宿主中进行选择（可能通过中间宿主）；或直接作为一种人和动物共患病传播给人类后，在人体内进行自然选择。

此外，研究人员指出，他们的新病毒刺突糖蛋白分辨率高，几近完整，比之前报道的结构有更多的外部环（loop），对于当前的疫苗设计或具有重要意义。

第02版：国际新闻

上一版 下一版

- ▶ 一种脂肪酸可杀死癌细胞
- ▶ 德国发力量子计算 帮欧盟争夺数字主权
- ▶ 刺突糖蛋白结构揭示新冠病毒自然演化新线索
- ▶ 日本加入美“深空门户”计划参与探月
- ▶ 新冠肺炎可致患者多器官受损
- ▶ 新方法造粉末复合材料效益能提高30%
- ▶ 破坏野生动植物世界会增加物种污染风险
- ▶ 正确饮食即可安全清除体内垃圾

◀ 上一篇 下一篇 ▶

2020年07月14日 星期二

放大 缩小 默认

刺突糖蛋白结构揭示新冠病毒自然演化新线索

或对疫苗设计具有借鉴意义

国际战“疫”行动

科技日报北京7月13日电（记者张梦然）据英国《自然·结构和分子生物学》

杂志近日发表的一篇论文，英国弗朗西斯·克里克研究所取得了一项最新成果：表征了新冠病毒及其近缘蝙蝠病毒RaTG13的刺突糖蛋白结构——刺突糖蛋白可以让病毒与细胞结合并进入细胞。该结构为进一步了解新冠病毒刺突的演化过程提供了信息，对疫苗设计具有重要借鉴意义。

研究人员认为，蝙蝠冠状病毒可能是新冠病毒的演化前体，此前研究发现，蝙蝠病毒RaTG13与新冠病毒的亲缘关系是已知关系中最近的。但新冠病毒与RaTG13的基因组序列存在3.8%的差异性，这差异意味两者有近1100个核苷酸不同。

美国西雅图华盛顿大学的生物信息学专家特雷弗·贝德福德曾经将病毒间核苷酸的差异与其他冠状病毒的假定突变率相结合，认为这两种病毒在25年至65年前具有共同的祖先，类似RaTG13的病毒至少需要数十年才能突变为新冠病毒。

英国弗朗西斯·克里克研究所科学家安东尼·沃罗贝尔、唐纳德·本通及其同事，此次比较了新冠病毒和蝙蝠病毒RaTG13的刺突糖蛋白。他们发现，两者虽然结构相似，但新冠病毒的刺突糖蛋白形式更为稳定，与人受体蛋白ACE2的亲合力要高出1000倍左右。

研究团队还发现，新冠病毒刺突上的弗林蛋白酶切位点，可能对病毒有利，因为它可能会促进病毒与细胞上受体的结合。基于这些观察结果，研究人员认为与RaTG13相似的蝙蝠病毒，不太可能感染人类细胞。

因此，科学家迄今尚不清楚新冠病毒是如何演化到可以感染人类，目前推测有两种机制：在成为人和动物共患病之前，在动物宿主中进行选择（可能通过中间宿主）；或直接作为一种人和动物共患病传播给人类后，在人体内进行自然选择。

此外，研究人员指出，他们的新病毒刺突糖蛋白分辨率高，几近完整，比之前报道的结构有更多的外部环（loop），对于当前的疫苗设计或具有重要意义。

◀ 上一篇 下一篇 ▶