

生物物理所等新型流感H7N9病毒溯源研究获得重要进展

文章来源：生物物理研究所

发布时间：2013-09-23

【字号：小 中 大】

自2013年3月底发现首例感染人的流感H7N9病毒以来，迄今为止该病毒已导致逾130人的感染和40人的死亡。这一新型流感病毒对人的高致死率给我国公共卫生防控体系带来巨大压力，也引起了全球的持续关注。已有研究推测这种H7N9病毒是由不同流感病毒在不同宿主中重配而来，但对于H7N9病毒具体的起源与进化路径还知之甚少，这严重影响了有效病毒防控政策的制订。最近，中国科学院生物物理所蒋太交课题组及其合作者描绘出了新型H7N9病毒的详细起源和进化路径。该研究成果已经被权威杂志*Cell Host & Microbe*于9月19日在线发表，并在国际上得到了广泛关注。*The Scientist*、*Science Daily*和*Science World Report*等媒体相继进行了报道。

通过对公共数据库中的新型流感H7N9病毒基因组分析，蒋太交课题组发现这一病毒的产生至少经历了两次连续的重配。随后，为了进行更精确地研究H7N9病毒溯源，他们与扬州大学彭大新教授、国家流感中心舒跃龙教授以及中科院其他研究所展开合作，基于更丰富全面的禽流感监控数据，不仅对H7N9病毒的基因多样性进行了细致分类，还准确地识别出了H7N9病毒起源的中间病毒及重配发生的宿主，从而描绘出了相对详细的H7N9病毒起源路径。

他们的研究表明，第一次病毒重配事件产生了一个原初的H7N9病毒，它是由具有欧亚起源的禽流感病毒提供了HA和NA基因和中国野鸟携带的H9N2病毒提供内部基因。随后，这种原初的H7N9病毒从野鸟传入家禽中，并与原来在华东地区家禽中流行的H9N2病毒发生第二次重配。这次重配发生在2012年早期，从而导致了家禽中爆发了这次能感染人的多样的新型H7N9病毒。

这一研究工作首次深入地揭示了新型H7N9病毒的起源和进化路径，并识别出了病毒产生的中间病毒及重配宿主。这一研究还表明新型流感病毒的产生可能是一个多宿主中多次重配的结果，因此对于流感病毒的防控应进行多宿主的监控，需要多部门的通力合作。

中国科学院生物物理所的吴爱平副研究员、扬州大学的硕士研究生宿春虎、国家流感中心的王大燕教授以及湖南大学的彭友松博士为论文的共同第一作者。该项工作得到了科技部、国家卫生和计划生育委员会、国家自然科学基金委以及江苏省的基金支持。

[论文链接](#) [The Scientist报道](#) [ScienceDaily报道](#)

