



## 动物所关于机体流感病毒致病力差异研究取得系列成果

文章来源: 动物研究所

发布时间: 2011-05-09

【字号: 小 中 大】

H5N1禽流感是一种禽类烈性传染性疾病,鸭、鸡、鸽子等家禽及野生鸟类斑头雁等均可被感染,但是这些物种之间对流感病毒的易感性存在明显差异。流感在亚洲、欧洲和非洲的多个国家不断发生和流行,造成了巨大的经济损失甚至人员死亡。对H5N1禽流感病毒的致病性差异研究一直在进行中,科研人员希望从不同物种间对致病毒株的致病性差异方面找到防治流感病毒的突破口。在这些物种中,以鸭和鸡的致病性差异研究居多,而关于野生禽类等非模式物种对流感致病性差异的机理研究甚少。

中科院动物研究所野生动物疫病研究组在何宏轩研究员的带领下进行了一系列的研究,从宿主方面较为广泛的研究了这些物种的免疫相关基因及其表达差异方面情况。

野生动物疫病研究组用H5N1流感病毒攻击鸡胚成纤维细胞和鸭胚成纤维细胞,用实时荧光定量PCR的方法从细胞因子方面来总体分析目前公认的鸡和鸭对高致病性禽流感感染差异。此试验系统研究了IL-1 $\beta$ , IL-2, IL-6, IFN- $\alpha$ , IFN- $\beta$ , IFN- $\gamma$ , TLR-7, MHC class I, MHC class II和IL-8。研究结果从宿主本身的先天固有免疫方面阐明了对流感病毒响应变化,为流感病毒的防治提供了宿主方面的信息。该研究结果发表在2011年48卷第6-7期的*Molecular Immunology*上,是由梁庆龙、罗静、周凯、董建新和何宏轩等人共同完成([原文链接](#))。

该研究的主要创新点是:本研究首次用鸡胚成纤维细胞和鸭胚成纤维细胞来研究其对流感病毒的响应,研究发现IL-1 $\beta$ 在感染H5N1病毒36h后,DEF和CEF表达差异显著,DEF要的表达要高于CEF;IFN- $\alpha$ , IFN- $\beta$ 的表达变化在整个试验阶段8h, 24h, 36h, DEF和CEF差异都达到显著和极显著的程度,并且CEF的水平要高于DEF的水平;MHC class I在8hCEF是表达上调的,而DEF是表达下调的,并且表达变化差异极显著,MHC class II在整个试验阶段都是下调的,在24hCEF和DEF表达差异显著。这些研究结果从宿主本身的细胞因子方面阐明了对流感病毒响应变化,为流感病毒的防治提供了宿主方面的信息。

*Molecular Immunology*的评审专家认为:“该论文试图从先天固有免疫方面来观察这一个重要的病毒对不同宿主的影响,研究得到的信息是很有用的,为深入了解病毒的致病性提供了帮助。”研究者认为,该研究结果为流感病毒药物的开发和临床应用打下了基础,为更好的了解病毒的致病性提供了宿主方面的信息。

主要组织相容性复合物(MHC)是提呈抗原的主要分子,由主要识别内源性抗原的MHC I类和识别外源性抗原及寄生虫的MHC II类分子组成,流感病毒在机体主要是被MHC I类分子识别,再提呈给抗原识别分子,最终达到清除病原体的目的。2005年青海湖的斑头雁因为高致病性禽流感的侵袭而发生了大批死亡,研究人员提取了保存的斑头雁的肝脏样品,根据已经发表的鸡、鸭、鹅、火鸡和鹌鹑的MHC I序列设计引物,成功地从这些样品组织中扩增出了斑头雁的MHC I类基因,这是斑头雁MHC I类基因的首次报道,通过测序分析,发现斑头雁个体中至少含有4种不同的MHC I类基因序列,经系统进化分析,知道斑头雁与鹅和鸭亲缘关系都比较近。这些数据的获得为斑头雁这种非模式物种疾病抗性的研究提供了免疫基因信息学方面的内容。相关研究结果发表在2010年33卷第3期的*Genetics and Molecular Biology*上,是由梁庆龙、魏磊、王新卫和何宏轩等人共同完成([原文链接](#))。

本研究项目受科技部十一五计划(2009BAI83B01),中国科学院创新方向项目(KSCX2-YW-R-157, YZ200807),科技部“973”项目(9732007BC109103),和USDA-CAS联合项目等资助。

