

我科学家解析A型流感病毒逃逸天然免疫应答分子机制

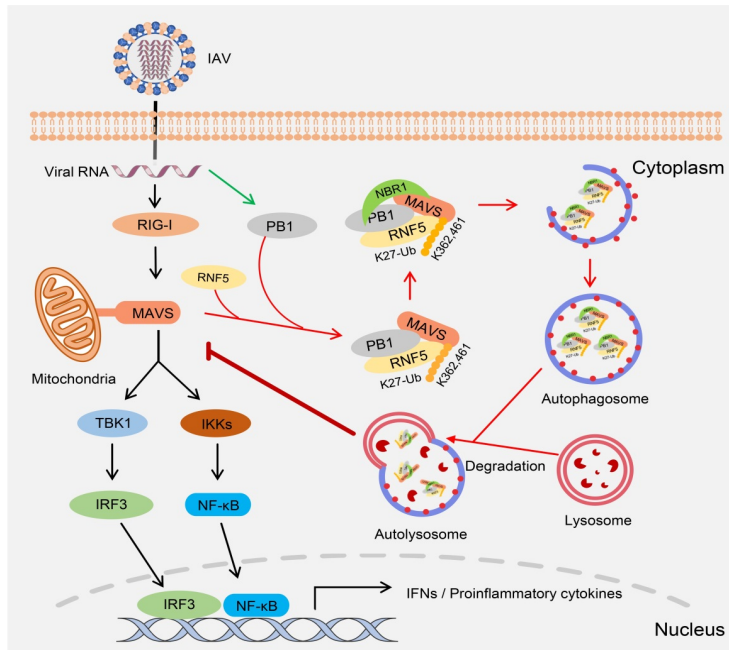
分享:

文章来源: 中国农业科学院兰州兽医研究所 作者: 发布时间: 2021-02-25

【字体: 大 中 小】

院网信息发布与管理

近日, 中国农业科学院兰州兽医研究所动物病毒分子生态学创新团队在流感病毒拮抗宿主天然免疫反应的分子机制方面取得新进展, 首次解析A型流感病毒利用宿主自噬系统逃逸天然免疫应答的分子机制, 揭示流感病毒PB1蛋白的新功能。



据兰州兽医研究所动物病毒分子生态学创新团队朱启运研究员介绍, 我国于2013年首次报道H7N9禽流感病毒可跨种间感染人, 该病毒可给养殖业造成极大经济损失, 而且严重威胁着人类健康。直至2017年, 我国H5/H7二联禽流感疫苗在家禽中的应用成功阻断了该病毒继续感染人的途径。但关于H7N9流感病毒的病毒学和免疫学方面的基础研究需要进一步深入研究。

研究人员首先对H7N9流感病毒基因组编码的重要蛋白进行筛选, 发现A型流感病毒PB1蛋白能够特异性抑制I型干扰素信号通路。进一步研究表明, PB1蛋白可和天然免疫信号通路重要接头蛋白MAVS分子结合, 招募选择性自噬受体NBR1, 后者可识别被E3泛素连接酶RNF5泛素化的MAVS, 然后将PB1-RNF5-MAVS-NBR1复合体和溶酶体融合成自噬溶酶体, 通过自噬途径降解MAVS。研究表明PB1蛋白通过宿主自噬系统降解天然免疫重要接头蛋白MAVS, 阻断天然免疫信号通路传导和I型干扰素的生成, 进而有利于流感病毒的复制。该研究不仅丰富了流感病毒介导天然免疫应答的基础研究内容, 而且为抗流感病毒药物的研发提供了思路。

本研究主要受国家重点研发计划和国家自然科学基金等项目经费的资助。(通讯员 郭海霞)

相关链接:

<https://journals.plos.org/plospathogens/article?id=10.1371/journal.ppat.1009300>

打印本页

关闭本页

院属单位

院机关

新闻媒体

政府机构和组织

科研机构

高校

