

微生物所在H7N9禽流感病毒动态重配模式研究方面获进展

文章来源：微生物研究所

发布时间：2014-01-26

【字号：小 中 大】

2013年3月，我国上海和安徽地区首先发现了人感染H7N9亚型禽流感病毒，并造成人死亡。之后，病毒快速传播至我国14个省、市、自治区和特别行政区，感染人数超过200人。在最近数周时间（新的流感季），我国东南部地区又出现了新的发病高峰。因此，理清病毒的演化和流行模式对于禽流感的防控至关重要。

中国科学院微生物研究所和国家CDC、江苏省CDC、杭州市CDC、泰山医学院等单位利用100多株H7N9禽流感病毒的基因信息，对于系统发生、溯祖、病毒分型以及遗传谱系进行了分析。绘制了H7N9禽流感病毒的动态重配模式和传播路径。该研究成果于2014年1月24日在国际学术期刊《自然》子刊《自然·通讯》(*Nature Communications*)在线发表。

研究表明，H7N9病毒的重要基因HA和NA没有发生抗原转变，结合流行病学调查，病毒人传人的可能性极小。但是，目前病毒的内部基因重配比较复杂，没有规律性，表明病毒在家禽和人中并没有适应，还处于快速的变异期。尤其是在家禽中，H7N9病毒和H9N2病毒的动态重配(dynamic reassortments)非常普遍，并依此对病毒自身的适应性进行遗传调整(genetic tuning)。研究结果还显示，家禽运输对于病毒的传播具有重要作用。

因此，我们认为控制人感染H7N9禽流感病毒最重要的是控制禽到人的传播路径。做好活禽市场的消毒防疫措施，定期进行活禽市场和家禽运输的监控将能够很好地控制病毒的传播与流行，有效降低人感染H7N9禽流感病毒的风险。

该研究工作是在研究员高福领导下完成的，获得了科技部“973”项目、基金委项目和中科院项目的资助。

[文章链接](#)

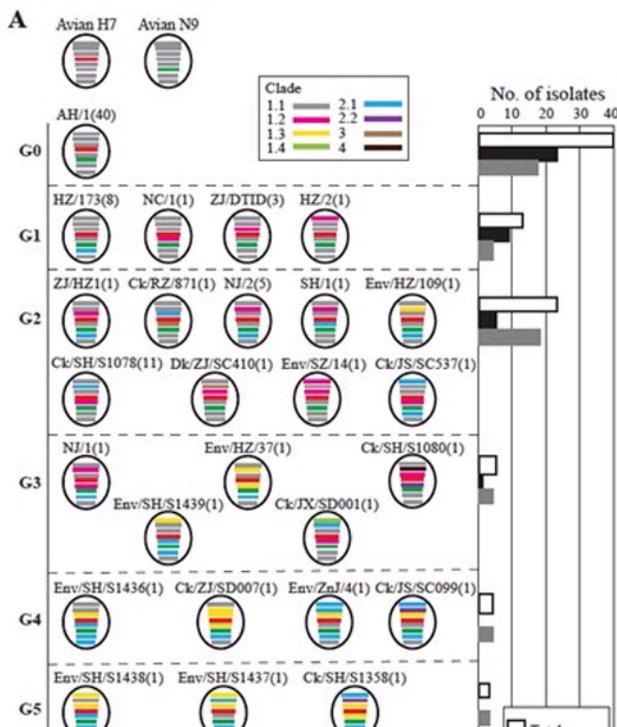




图1 目前出现的27种H7N9病毒基因型

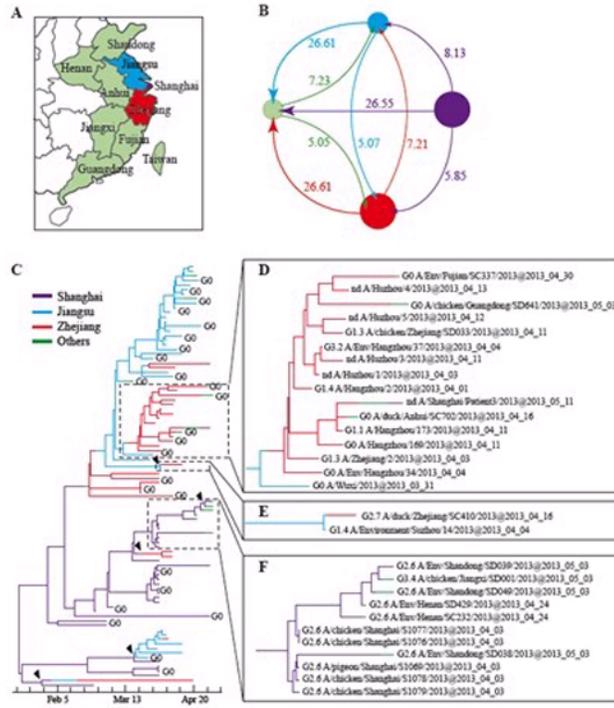


图2 H7N9病毒传播路径以及传播中的基因型变化

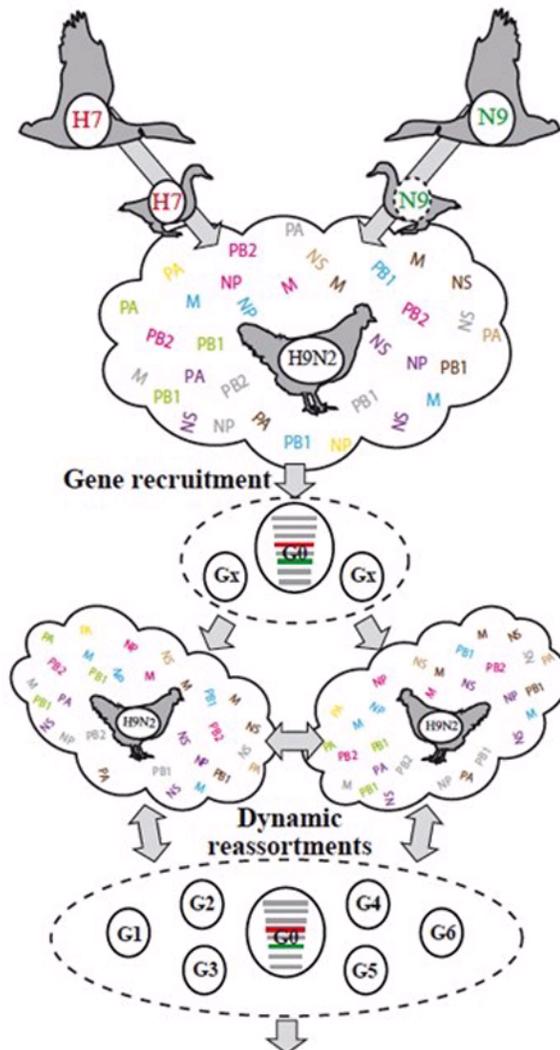




图3 H7N9病毒动态重配模式图

打印本页

关闭本页