



请输入关键字

首页 > 新闻动态 > 科研进展

北京基因组研究所（国家生物信息中心）合作发现没有直接证据表明新型冠状病毒RNA能够整合进宿主基因组

作者：

发布时间：2021-09-01

新型冠状病毒SARS-CoV-2是造成COVID-19在全球范围肆虐的病因。该病毒为一种单股正链RNA病毒，具有高传染性特性，能够感染人体各代谢系统的多种组织器官，并引发严重的临床症状，深入研究新冠病毒基因组RNA的特性十分必要。

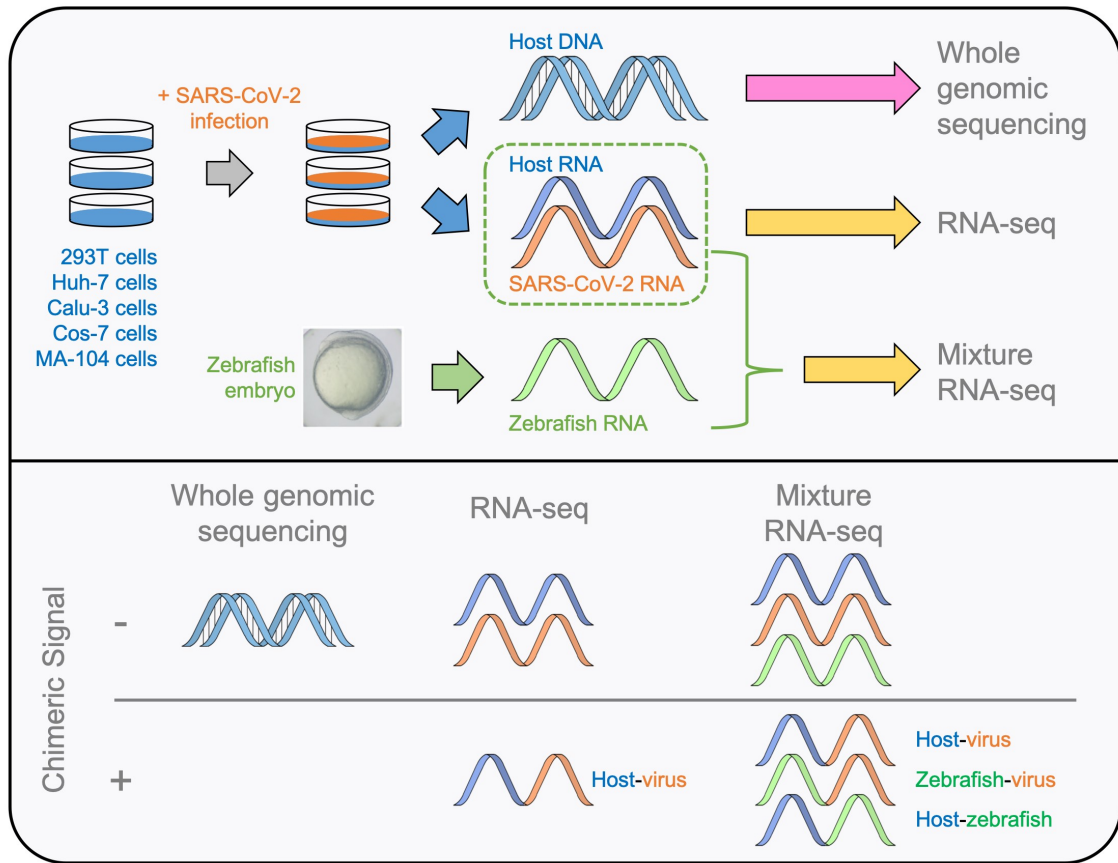
2021年8月2日，中国科学院北京基因组研究所（国家生物信息中心）杨运桂研究组和中国医学科学院医学生物学研究所彭小忠研究组合作在*Protein & Cell*杂志上发表了题为“Comprehensive analysis of RNA-seq and whole genome sequencing data reveals no evidence for SARS-CoV-2 integrating into host genome”的研究成果。借助RNA测序（RNA-seq）和全基因组测序，研究团队对SARS-CoV-2感染的人和猴细胞在转录组和基因组水平进行了分析，发现没有直接证据表明新型冠状病毒RNA能够整合进宿主基因组。

研究团队首先用SARS-CoV-2分别感染了人类细胞系（293T、Huh-7和Calu-3）和猴细胞系（Cos-7和MA-104），并进行了转录组测序。分析发现，测序结果中存在宿主-病毒嵌合序列，其数量约占病毒测序读段总量的0.5%-1.8%，但这些嵌合事件重复性极低，并与宿主基因表达水平正相关。之后对人类的三种细胞系进行全基因组测序，研究团队并未在转录组高频嵌合事件对应的DNA片段上鉴定到嵌合信号，甚至未检测到任何能与SARS-CoV-2参考基因组匹配的DNA读段。以上结果表明，SARS-CoV-2或并不具备整合进宿主基因组的能力，转录组测序数据中的嵌合序列可能来自其它途径，如RNA测序文库构建过程中的随机连接。

为验证该假设，研究团队将SARS-CoV-2感染细胞和未感染斑马鱼胚胎的RNA进行混合，构建RNA测序文库并进行转录组测序及分析。结果表明，除了人-病毒嵌合RNA片段，自然条件下不可能存在的斑马鱼-病毒嵌合RNA片段也出现在了转录组测序结果中，并且两物种的各自嵌合读段数与其在混合样本中RNA丰度比例几乎一致，证明了嵌合RNA读段来自文库构建过程中的随机

连接的推论。本研究通过对转录组测序、全基因组测序以及混合样本转录组测序结果的系统性分析，发现并没有直接证据表明SARS-CoV-2能够整合进宿主基因组，其嵌合信号主要来自于建库过程的随机连接。

该研究得到科技部国家重点研发计划等基金资助。



转录组及全基因组测序揭示新型冠状病毒RNA不具备整合进宿主基因组的能力



版权所有 © 中国科学院北京基因组研究所(国家生物信息中心) 京
ICP备05002857号 文保网安备案1101050063号
地址: 北京市朝阳区北辰西路1号院104号楼 邮编: 100101 电
话: 86-10-84097216

