
科学家成功揭示乙肝病毒的起源和传播模式

作者：writer 来源：本站

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/1363.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

2018年8月9日讯 近日，一项刊登在国际杂志eLife上的研究报告中，来自雅典大学的科学家们通过研究阐明了两类乙肝病毒(HBV)的地理起源和全球传播模式，研究者表示，D型HBV和A型HBV(HBV-D和HBV-A)或许起源于中东地区和北非地区，文章中，研究人员揭示了这两种乙肝病毒亚型在全球传播模式上的巨大差异，这或能帮助理解全球乙肝病毒流行传播的特性。

据世界卫生组织数据显示，HBV是诱发肝脏疾病的主要原因，也是全球人群面临的重大公共卫生问题，目前全球有2.57亿乙肝病毒感染者，HBV能分为九种亚型(A-I)，HBV-D和HBV-A分布自全球各地，HBV-A主要分布在欧洲和非洲，而HBV-D则主要分布在欧洲和中东地区。

研究者Evangelia-Georgia Kostaki博士指出，由于缺乏相关的研究，目前我们并不清楚HBV-A和HBV-D的流行病学历史，为了能够阐明这种HBV亚型的流行特征，研究人员就想通过研究来阐明HBV在不同地理区域中的传播流行模式/机制。文章中，研究人员利用916个HBV-D和493个HBV-A的全基因组序列重建了这些乙肝病毒基因型的全球进化发展和多样化图谱(即系统发生图谱)，同时分析了其区域集聚的水平;研究结果表明，尽管研究人员无法从现有的数据中准确推断出其准确的来源，但HBV-D的地理起源还是在北非和中东地区，HBV-A的起源更接近于非洲和欧洲，可能位于中东和中亚地区。

研究者表示，HBV-D的主要传播途径比较复杂，包括不同的地理区域，在北非和中东地区，HBV-D通常会表现出低水平的传播模式，这就提示，这些地区的病毒感染人群或许有大量的迁徙，这与研究人员之前观察的结果似乎是一致的，或许是因为农业早期发展以及HBV-D的传播和遗传重组所致。

当HBV-A开始在中非传播后，其基因型就会遵循两种截然不同的途径，一条通向东方和南非地区，一条通向撒哈拉以南地区和西非地区;随后扩散到巴西、海底和印度次大陆地区，而后期的传播可能是源于奴隶贸易的结果。本文研究中，研究人员阐明了HBV-A和HBV-D两种乙肝病毒亚型在全球传播模式上的巨大差异，以及其不同层次的区域集群水平，这或许就能反映出史前和近代以来人类迁徙及其它活动对HBV病毒亚型进化的影响。

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://iikx.com)转发