上海巴斯德所揭示海洋无脊椎动物RNA病毒的遗传多样性

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/13807.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！

5月6日，《中国科学：生命科学》（*SCIENCE CHINA Life Sciences*）在线发表了中国科学院上海巴斯德研究所研究员崔杰课题组题为*Virome in Marine Ecosystems Reveal Remarkable Invertebrate RNA virus Diversity*的研究成果。

海洋蕴藏着丰富的资源，具有开发潜力；海洋生物安全问题同样需要引起足够的重视。海洋中不仅存在尚未被发现的动、植物物种，还存在数量更庞大、种类繁多的微生物。传统的海洋病毒研究多集中在以噬菌体为代表的DNA病毒上，对多样性高、基因组不稳定的RNA病毒的遗传多样性、分布特征及传播模式等均不清楚。

该研究中，研究人员从不同海域共采集到3门6纲58种的海洋无脊椎动物样品，并利用宏转录组的测序方法对不同物种的RNA病毒组进行研究。研究人员使用改进的生物信息分析方法，鉴定出涵盖9个病毒家族（Durnavirales、Totiviridae、Bunyavirales、Chuviridae、Picornavirales、Flaviviridae、Hepelivirales、Solemoviridae、Tombusviridae）的363个RNA病毒，其中的315个与已知的RNA病毒相似度较低，被认为是全新的RNA病毒。该研究首次报道了海洋汉坦样病毒，其较陆地汉坦病毒更古老，因此，提出了汉坦病毒可能具有海洋起源的假说。结合基因组结构和统计学分析，研究人员展示了丰富的海洋病毒遗传多样性和病毒基因组可塑性，揭示了不同海域间、不同宿主类别间可能存在的病毒传播现象。整体而言，该研究通过解析海洋无脊椎动物RNA病毒组，描绘病毒生态圈，为海洋RNA病毒的起源、进化、传播提供了重要见解。

硕士研究生张誉译和科研助理陈毅聪为论文的共同第一作者，崔杰为论文通讯作者。研究工作得到国家自然科学基金、中科院分子病毒与免疫重点实验室等的资助。

论文链接

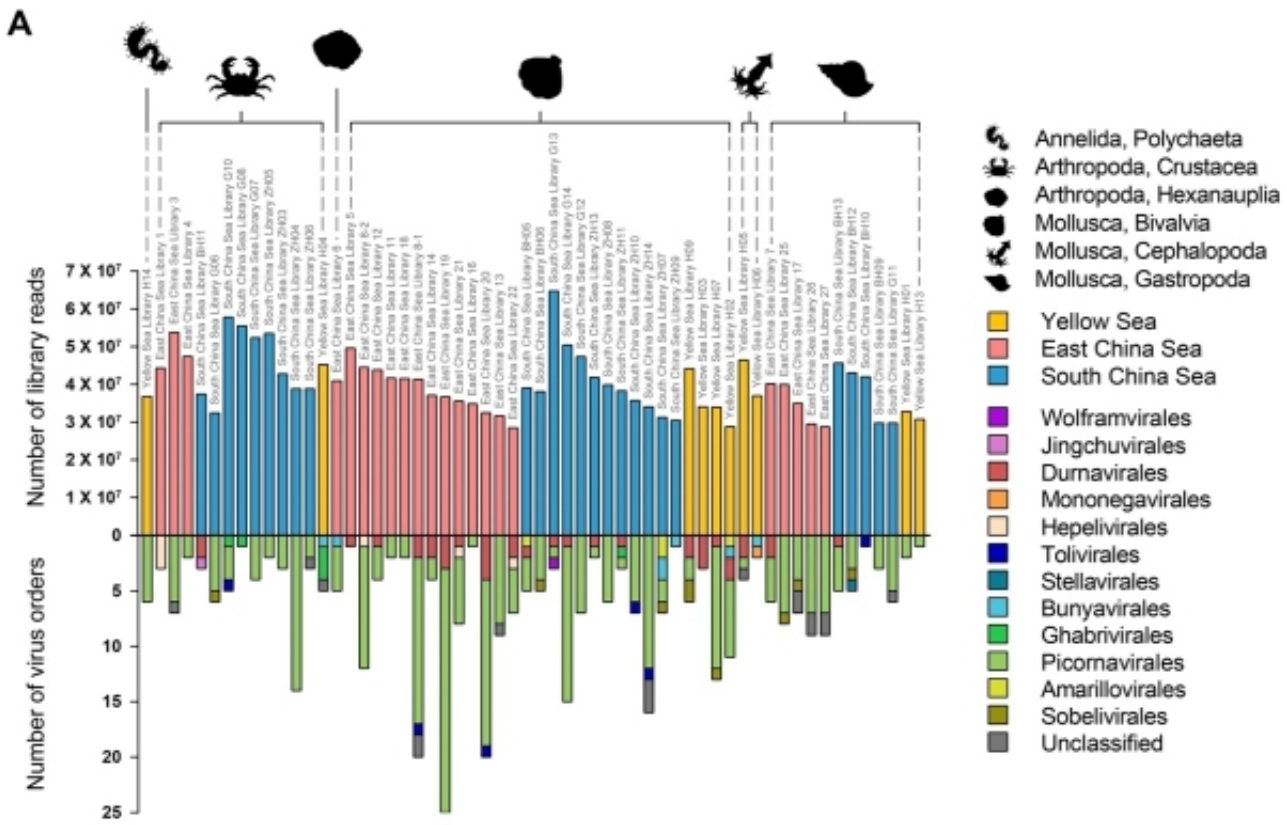


图1.无脊椎动物转录组中病毒的病毒分布和多样性：上方的柱状图展示了每个文库中的PE reads数目，不同颜色代表不同的样品采集地点：东海——红色，黄海——黄色，南海——蓝色，每个文库的名称和宿主的分类在柱状图的顶部展示。下方的柱状图展示了每个文库中发现的病毒种类和数量

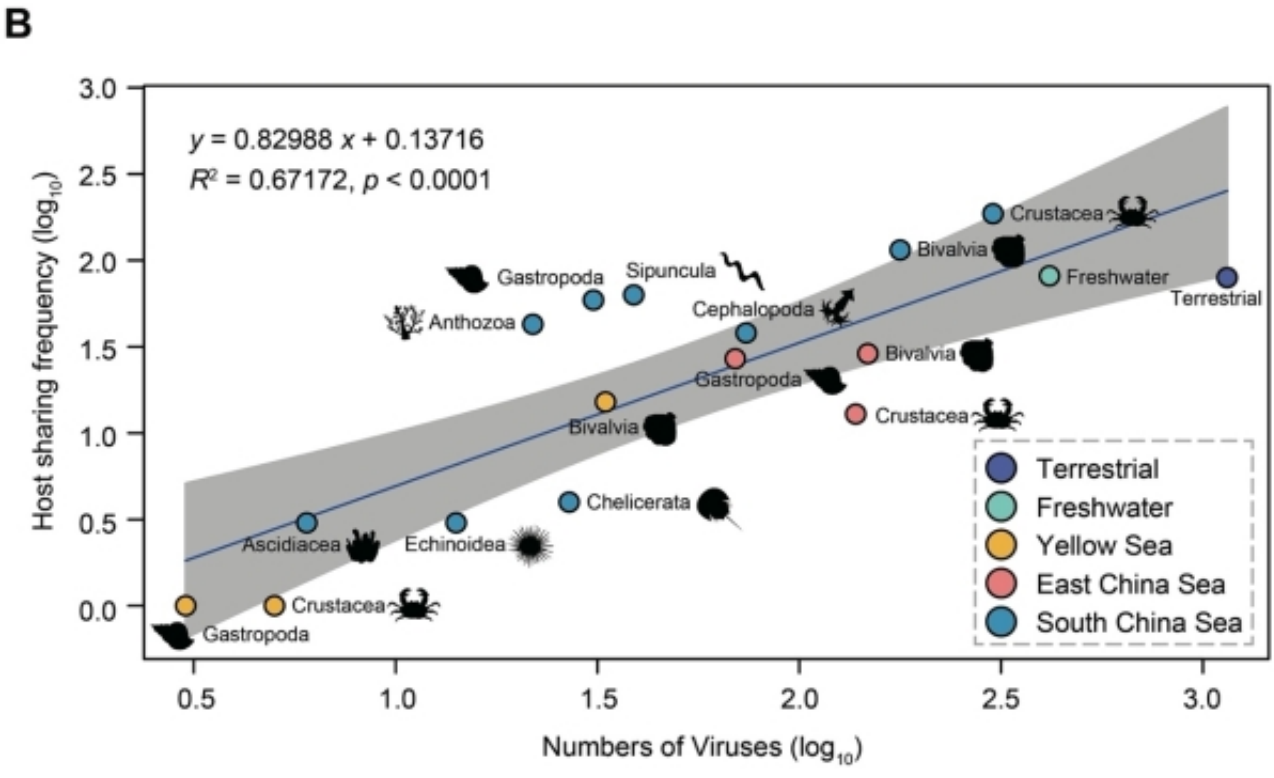


图2.病毒跨宿主传播速率与病毒数目的相关性：横坐标反映了病毒的数量，纵坐标反映了病毒跨宿主传播事件的频率，连线和灰色区域代表了线性回归分析的拟合曲线以及95%的置信区间

研究团队单位：上海巴斯德研究所

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

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发