昆明动物所发表人类病毒组多样性变化模型

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/13973.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！

病毒在人体内以病毒群落形式存在，这些病毒群落的集合即为人类病毒组（Human Virome）。与肠道菌群中的细菌相比，病毒数量是细菌数量的10倍以上。人类病毒群落包括内源性逆转录病毒、感染人类细胞的真核病毒、感染细菌的噬菌体和感染古菌的病毒。人体病毒群落与宿主间存在协同进化，因而存在着复杂的相互作用。现有研究发现，人体病毒组与许多疾病间存在紧密联系，疾病可能影响病毒组的多样性以及病毒组成，同时病毒组的改变也影响疾病的发病和进程。这些疾病不仅包括病毒源性的疾病，即由病毒感染直接引发的疾病，例如艾滋病、埃博拉出血热和流行性感冒等，还包括非病毒源性疾病，例如囊性纤维化、牙周疾病、炎症性肠病等。

近期，中国科学院昆明动物研究所计算生物与医学生态学科组博士研究生肖琬蒙应用研究员马占山先前提出的“多样性-面积关系”（Diversity-Area Relationship, DAR系对经典SAR(Species-area relationship)的扩展）分析方法，首次获得了人类病毒群落多样性在个体间的异质性、群体水平的潜在多样性、以及“局部病毒群落”（例如单个人体病毒组）多样性在“全球病毒宏群落”（例如一地区人群）中所占的比值（Ratio of local diversity to global diversity, LGD），并探究了疾病对这些参数的影响。研究发现，疾病对人类病毒群落在个体间多样性、异质性的影响通常不显著，而潜在病毒多样性在健康对照与患者间可能存在显著差异；人体病毒群落的LGD参数远大于细菌群落。上述发现提示，尽管人体体内病毒个体数量是细菌数量10倍，但从群体角度看，个人对全球病毒多样性贡献比对细菌多样性的贡献高。

相关研究成果以*Inter-Individual Diversity Scaling Analysis of the Human Virome with Classic Diversity-Area Relationship (DAR) Modeling*为题，在线发表在*Frontiers in Genetics*
上。肖琬蒙为论文第一作者，马占山为论文通讯作者。研究工作得到国家自然科学基金、遗传资源与进化国家重点实验室以及中科院动物遗传与进化交叉创新卓越中心的支持。

论文链接

研究团队单位：昆明动物研究所

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