又一研究佐证新冠病毒自然起源!

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/15528.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！

又一研究佐证新冠病毒自然起源!。8月30日，中国科学院遗传与发育生物学研究所钱文峰研究组提出一种新的溯源策略，并发现新冠病毒的起源与自然过程相符。相关论文在线发表于The Innovation杂志。

目前，与新冠病毒基因组序列最相似是从菊头蝠分离得到的RaTG13，其与新冠病毒的进化分歧大约发生在50年前。此后，直到疫情暴发前，新冠病毒已经积累了500多个突变。研究人员正是通过鉴定这500多个突变的频谱特征推测新冠病毒的历史宿主。

研究人员首先确认了这一策略运用所需要满足的三个前提假设：第一，细胞环境在不同宿主之间存在差异，会在其携带的病毒基因组上产生宿主特异性的突变；第二，病毒基因组的新生突变主要是由宿主细胞内环境造成的；第三，病毒在进化中积累的突变特征主要是由新生突变决定的。

研究人员在建立了该策略的理论基础后，构建了非典病毒、中东呼吸综合征病毒、新冠病毒以及与其相关的16种冠状病毒的进化树。这些病毒是前人从人、蝙蝠、骆驼、果子狸、穿山甲和刺猬等不同物种中分离得到并测序的。他们鉴定了病毒进化历史上不同时期积累的突变，发现来源于不同宿主的病毒带有不同的突变特征。宿主物种的差异越小，病毒的突变特征越相似。这一结果进一步确认了根据突变特征推测历史宿主这一计算生物学策略的可行性。

为了推测新冠病毒的进化历史，研究人员对新冠病毒在这段时间产生的突变特征开展了主成分分析，发现新冠病毒在疫情暴发前积累的突变特征与野生蝙蝠（尤其是菊头蝠）细胞环境高度相符，这为新冠病毒的自然起源提供了公开透明和实证性的数据支持。（来源：中国科学报李晨阳）

相关论文信息：http://doi.org/10.1016/j.xinn.2021.100159

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。
作者：钱文峰等 来源：《创新》

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