
研究提出人兽共患隐孢子虫宿主适应性演化新观点

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/19456.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！

中国农业大学、华南农业大学和岭南现代农业科学与技术广东省实验室合作，研究提出人兽共患隐孢子虫宿主适应性演化新观点。相关研究近日在线发表于Molecular Biology and Evolution。

微小隐孢子虫是常见寄生原虫，引起人和家畜水样腹泻，严重影响人类健康和畜牧业发展，其中不同地理来源分离株具有宿主范围差异。为此，本研究对不同国家和地区的101个分离株进行全基因组测序，并开展了比较基因组学和遗传进化分析，重点解析了世界各地人兽共患微小隐孢子虫的遗传特征、基因渗入部位、遗传重组机制及宿主适应性演化过程。本研究测序的微小隐孢子虫基因组是目前公共数据库中的数倍，也为隐孢子虫生物学和分子流行病学研究提供了宝贵资源。

研究发现人兽共患微小隐孢子虫（IIa和IIc亚型家族）有7个主要亚群体，呈现一定的地理相关性和宿主范围多样性。其中，IIa亚型主要来自欧洲，IIc亚型主要来自亚洲。二者宿主范围不同，在各自主要来源地每个亚型的群体遗传结构相对简单，但在二者同时流行的区域（如埃及），亚型间的重组可以导致新的亚群产生，而随后的选择性清除可以进一步改变病原的宿主适应性。

研究发现，在宿主不同的分离株之间，位于染色体亚端粒区的入侵相关基因拷贝数不同，这些可能与病原宿主适应性的改变相关，并由此提出了微小隐孢子虫宿主适应性演化的新观点，也解析了我国人兽共患隐孢子虫的来源和演化过程。

研究进一步证实伴随动物贸易的病原引进，可改变隐孢子虫的群体结构、宿主范围和人兽共患性，提示我国应该加强生物安全和隐孢子虫分子监测，以防止在集约化养殖发达的国家流行的IIa亚型在我国的涌现。

该论文由华南农业大学和岭南现代农业科学与技术广东省实验室教授肖立华为主要通讯作者，中国农业大学农业生物技术国家重点实验室教授张子丁、华南农业大学和岭南现代农业科学与技术广东省实验室教授冯耀宇为共同通讯作者。中国农业大学农业生物技术国家重点实验室博士研究生王天鹏、华南农业大学和岭南现代农业科学与技术广东省实验室副教授郭亚琼为共同第一作者。

相关研究得到了广东省基础与应用基础研究重大项目、国家自然科学基金、111计划和广东省普通高校创新团队项目的资助。（来源：中国科学报朱汉斌）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1093/molbev/msac150>

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：肖立华等 来源：《分子生物学和进化》

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](https://www.iikx.com)转发