
科学家揭秘全国范围内蚊虫病毒组特征

作者：writer 来源：科学网

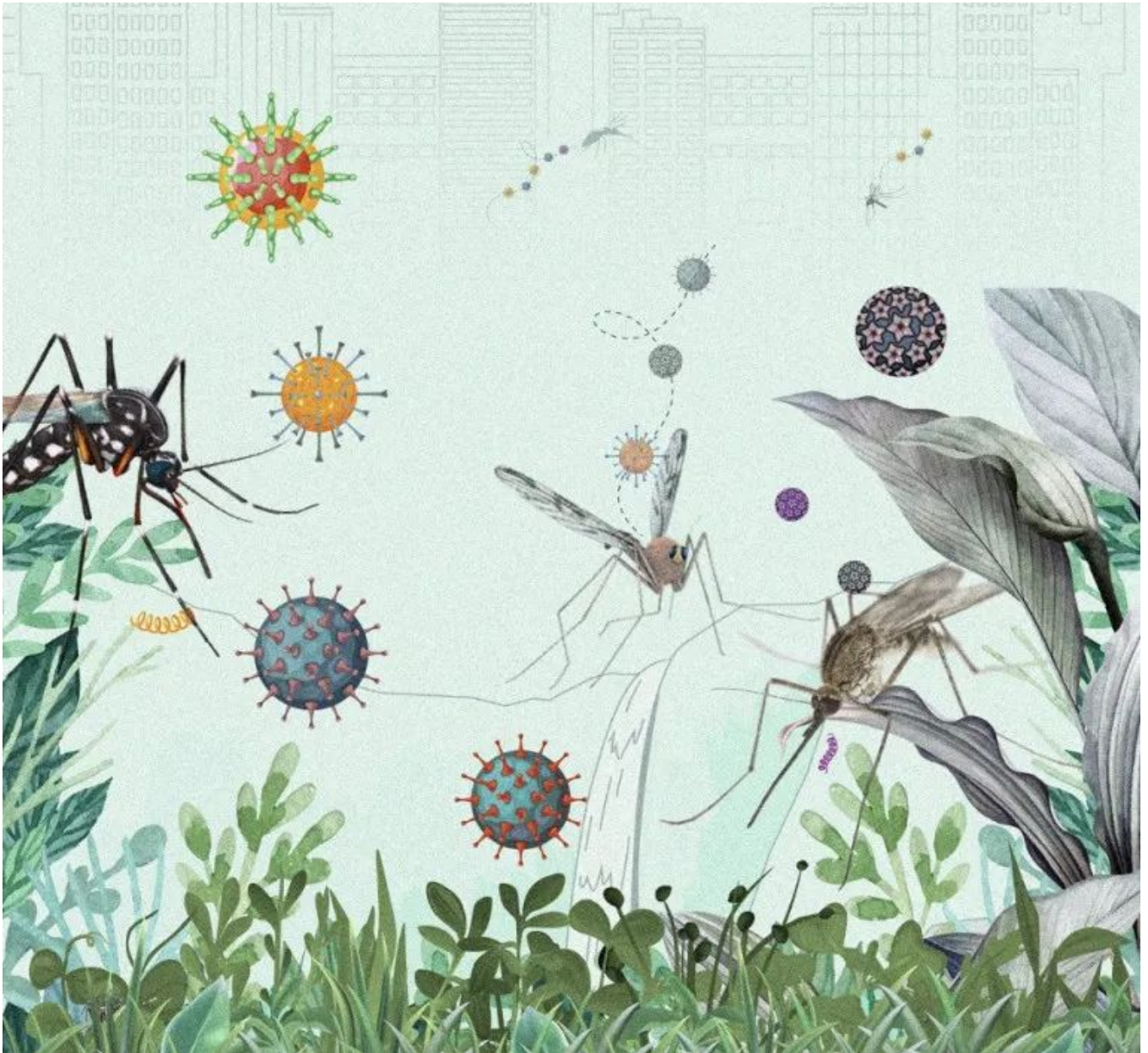
本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/26602.html>

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！

科学家揭秘全国范围内蚊虫病毒组特征。蚊子，除了日常恼人之外，更是一种常见的病毒传播媒介，通过其传播的疾病包括疟疾、黄热病、登革热等。

随着全球气候变暖，蚊虫的繁殖速度和传播疾病的能力也得到了增强，由虫媒病毒引起的新发传染病流行趋势不断上升，对全球公共卫生构成了严峻挑战。然而，目前人们对于蚊虫等常见媒介生物所携带的病毒多样性和生物地理格局的认识仍非常有限。

3月22日，中山大学、深圳华大生命科学研究院（简称华大）与复旦大学的合作团队在《自然—生态与演化》发表最新研究成果。合作团队携手开展了全国范围内蚊虫病毒组研究，揭示了多种蚊虫在不同生境下病毒的多样性、传播分布的影响因素及地理谱系特征，在多维尺度上为研究蚊虫病毒组提供了重要的新见解。



研究示意图 科研团队供图

不同条件下，蚊虫病毒存在多样性

研究团队历时5年收集了来自全国23个省82个县市的2438只蚊虫个体，这些样本来自不同的生态环境，包括人口密集区及边境省份。

研究团队基于华大智造自主研发的T系列测序平台，通过对单个蚊虫进行宏转录组测序，成功构建了迄今发表个体数最多、地域跨度最大的蚊虫病毒组数据资源。研究团队从中鉴定出393种蚊虫相关病毒，其中高达63%为潜在新种，包括3种潜在致病虫媒病毒新物种。这一发现大大拓展了已知蚊虫病毒的多样性和新颖性。

在进一步分析了蚊虫所携带的病毒类型及数量之后，研究团队发现蚊虫个体和种群水平的病毒组成与宿主系统发育、气候、土地利用类型等因素密切相关。在该研究中，合作团队发现骚扰阿蚊

、白纹伊蚊是病毒多样性的热点宿主，而温度适当、降雨丰富且哺乳动物多样性较高的地区成为蚊虫多样性的热点地区。这一发现为病原多样性热点假说提供了坚实的证据。

在该研究中，研究团队首次量化地描述了蚊虫病毒与其宿主专一性的对应关系，即有些病毒仅能特定感染单一种类的蚊虫，即专化，而有些病毒则能跨物种感染多个不同属的蚊虫，即泛化，展示了蚊虫病毒的宿主特异性呈现出从专化到泛化的连续谱特征。此前有研究表明，许多虫媒病毒在自然界中属于跨物种传播病毒，因此，了解病毒这一潜力特点对疾病防控有重要指导意义。

此外，不同地区蚊虫种群的遗传相似度与种群间共享的病毒物种数高度相关。也就是说，地理位置相隔很远的两个地区，如果蚊虫间的基因组相似度越高，其所对应携带的病毒种类越相似。这表明蚊虫种群的扩散可能是病毒长距离传播和大尺度生物地理格局形成的重要驱动力。

构建全球病原数据库

本研究极大地扩展了已知蚊虫病毒圈，为蚊虫病毒提供了全面的基因组和生态数据资源，同时，从蚊虫个体的病毒多样性与全国尺度上的生物地理格局联系起来，为媒介昆虫病毒组图谱提供了全新的认识。论文共同通讯作者、中山大学教授施莽表示。

据了解，为发现和监测动物中可能感染人类的病原，华大基于自主研发的高通量实验和分析平台，于2020年发起全球病原数据库项目。该项目旨在从基因组层面检测和发现人畜共患病原，致力于促进形成更加主动的疾病预防机制，并为发现预测已有和潜在的人畜共患病原提供坚实和全面的数据支撑。

文章共同通讯作者、深圳华大生命科学研究院研究员李俊桦表示：华大生命科学研究院病原组学团队将持续构建病原数据平台，汇集多种病原、媒介和生态等多维度信息，为生物安全防控和自然疫源疫病监测预警提供大数据保障。

据介绍，该科研成果符合伦理和数据安全法律法规，目前这一研究所产生的数据全部存储于深圳国家基因库生命大数据平台序列归档系统。（来源：中国科学报 刁雯蕙）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41559-024-02365-0>

作者：施莽等 来源：《自然—生态与演化》

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