港中大研发精准计算模型预测病毒基因演变

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/27069.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！

港中大研发精准计算模型预测病毒基因演变
。香港中文大学(港中大)2日公布，港中大医学院研究团队建立了一套精准计算模型“ beth-1 ”，能准确预测病毒基因演变，有助在设计流感疫苗时选择最具代表性的病毒株。

港中大医学院表示，流感病毒会持续出现基因进化演变，导致免疫逃脱，令已经感染过病毒或打过疫苗的人可能再次感染突变后的病毒，造成新的季节性流感高峰期。因此，流感疫苗包含的病毒株须每年更新，以确保疫苗效用。

是次研究中，研究人员分析大量有关流感病毒基因组和流行病学的数据，用以开发能识别可量化病毒基因变异之关键参数的崭新模型“ beth-1 ”。这套计算模型能够如天气预报般，推算病毒将出现的变异，借此令疫苗能有效覆盖预期将会流行的变异病毒株，加强其保护功效。

验证显示，从与流行病毒株的基因匹配度来看，“ beth-1 ”预测的疫苗株在近九成的流感季节中，比过往当季使用的疫苗株更准确，预计其应用可提高流感疫苗对香港常见的两种甲型流感亚型病毒(H1N1和H3N2)的效力。

港中大医学院表示，研究团队正与内地的科研机构合作进行动物实验，开发更具保护功效的疫苗。“ beth-1 ”亦有潜力应用到其他经常出现基因变异的病毒，如新冠病毒。

该机构相关项目负责人徐仲锲表示，这个模型在病毒学实验室、疫苗制造商和卫生机构方面，都具有广泛的应用潜力，可用于流感疫苗株的选择，以制造更有效的疫苗，保障人类福祉。(完)

作者：韩星童 来源：中国新闻网

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