

科学家揭示H2N2流感病毒跨种传播机制与潜在风险

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/30560.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！

科学家揭示H2N2流感病毒跨种传播机制与潜在风险。

H2N2流感病毒引起了1957年“亚洲流感”，并在大流行后转为季节性流感病毒。而1968年后，这一病毒逐渐从人群中消失，但其跨种传播以及造成大流行的机制至今尚未清晰阐明。近日，中国科学院微生物研究所研究员毕玉海团队和中国科学院院士高福团队发现了H2N2大流行病毒结合人源受体的新分子机制，预警了当前在家禽中流行的H2N2禽流感病毒的公共卫生风险。11月19日，相关研究成果在线发表在《自然-通讯》（*Nature Communications*）上。

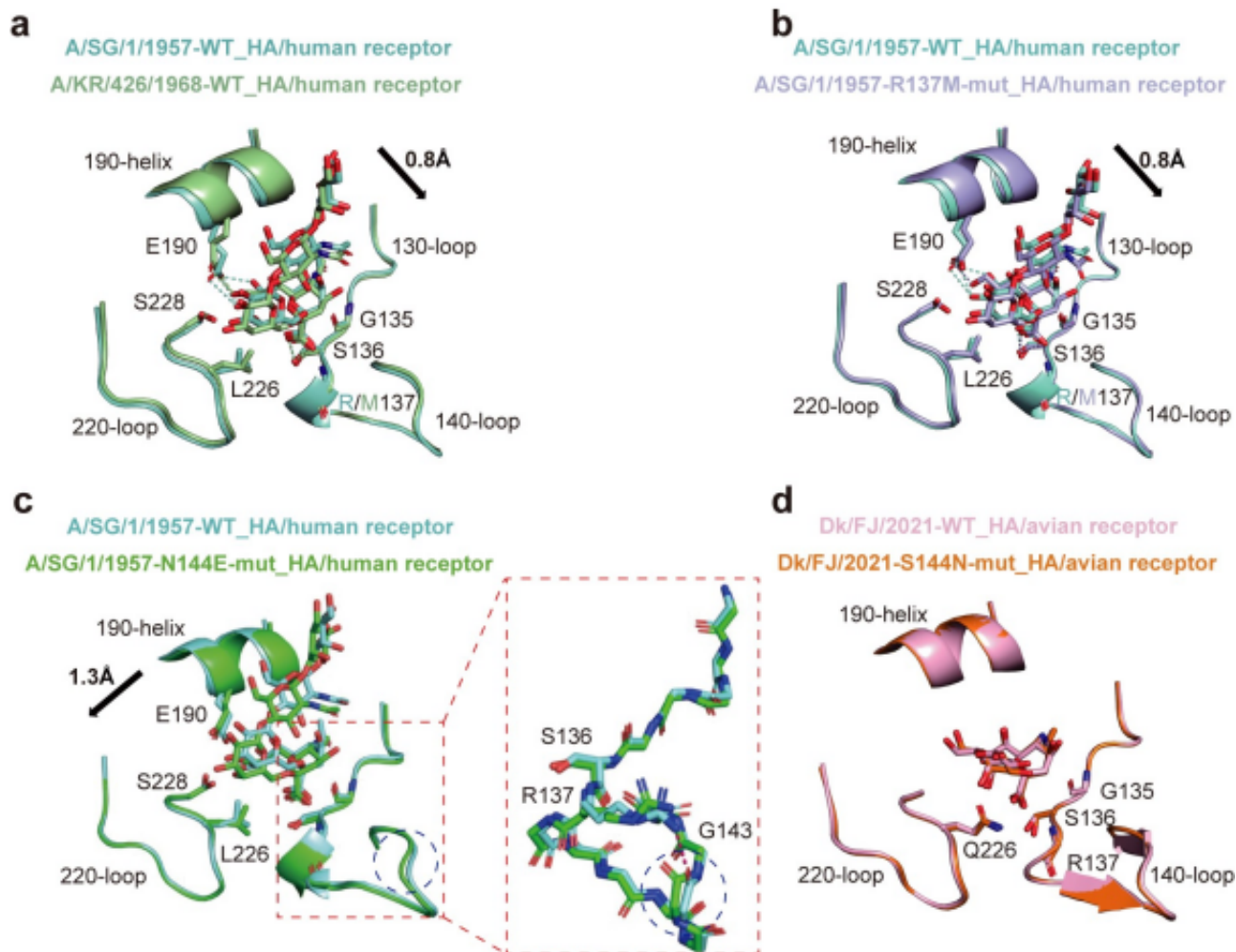
H2N2大流感病毒的HA基因来源于禽流感病毒，HA蛋白主要负责与宿主受体结合。该团队鉴定到一种H2N2新型禽流感病毒，其具有人源和禽源受体结合的能力。同时，研究发现，1957年大流行初期的H2N2病毒同样具有人源和禽源受体的亲和特征。而随着病毒流行，H2N2病毒逐渐适应人群，转变为主要结合人源受体。这提示H2N2病毒在流行中逐渐适应人群的动态变异过程。

进一步的研究发现，HA蛋白R137M或N144E的单独突变，促使1957年H2N2大流感病毒由人和禽源双受体结合转变为主要结合人源受体。同时，HA蛋白上的N144S突变，是导致鉴定的新型H2N2禽流感病毒结合人源受体的关键。研究在蛋白水平发现，HA蛋白N144S结合Q226L或Q226L-G228S突变，导致新型H2N2禽流感病毒具有主要结合人源受体的能力。研究鉴定了H2N2病毒HA蛋白上影响受体亲和的两个新的关键位点——137和144，揭示了H2N2流感病毒跨种传播的新机制；发现并预警了促使H2流感病毒结合人源受体的突变模式。

研究显示，H2N2新型禽流感病毒可以感染人源细胞，还可以感染、快速适应哺乳动物，甚至在哺乳动物中有限传播。同时，当前流行的H2Ny禽流感病毒的HA基因进化出独立分支，并与H2N2大流感病毒发生抗原漂移。尽管1968年前出生的人群存在针对H2N2大流感的抗体，但对新型H2N2及流行的H2Ny禽流感病毒基本没有交叉反应，表明人群对H2Ny禽流感病毒缺乏有效免疫保护力。这提示当前动物中流行的H2Ny禽流感病毒对人类构成一定风险。

研究工作得到国家杰出青年科学基金等的支持。该工作由微生物所和山西农业大学合作完成。

[论文链接](#)



137和144位氨基酸影响H2N2流感病毒受体结合特性的分子机制

研究团队单位：微生物研究所

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](https://www.iikx.com)转发