

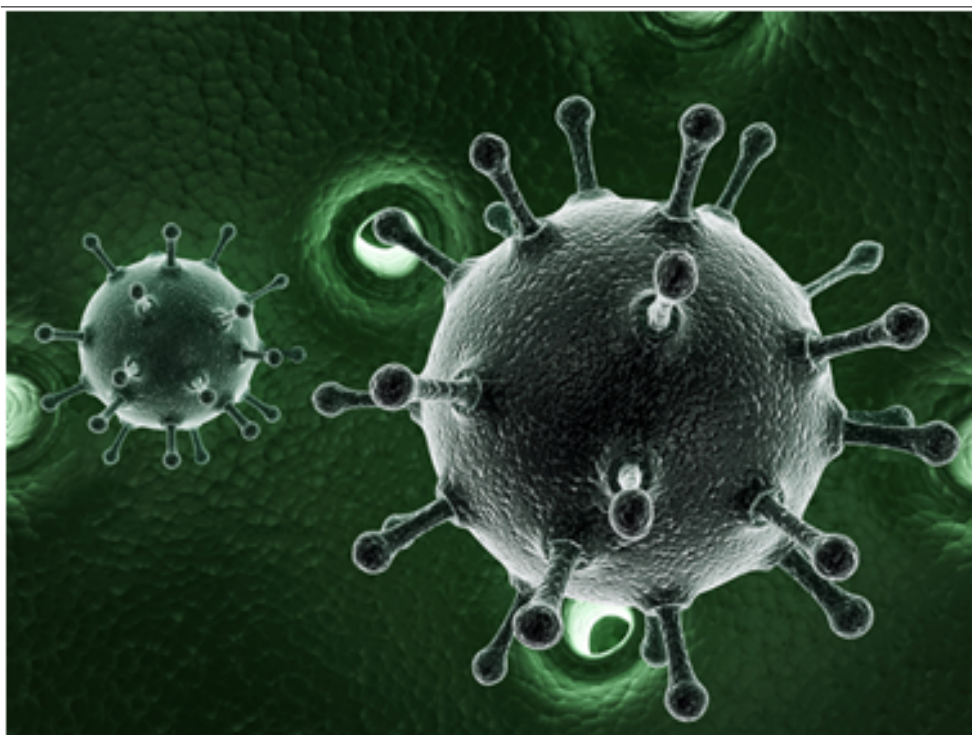
多篇Nature和Science论文揭示古人也感染上乙肝病毒

作者：writer 来源：本站

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/500.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！

2018年5月11日讯，乙型肝炎病毒(HBV, 也译作乙肝病毒)感染人类的肝脏，并导致人体患上乙型肝炎(即乙肝)。目前全球有2.5多亿人感染上HBV。尽管每年有数十万HBV感染者死于HBV相关的并发症(如肝硬化和肝癌)，但是这种病毒的起源仍未得到很好地理解。在一项新的研究[1]中，来自英国、丹麦、德国、哈萨克斯坦、美国、蒙古、吉尔吉斯斯坦、捷克、俄罗斯、瑞典、匈牙利、法国和荷兰的研究人员在存在了200 ~ 4500年的欧亚人遗骸(Eurasian remains)的人基因组中发现HBV存在的证据，这提示着人类与这种病毒共存了数千年。相关研究结果于2018年4月9日在线发表在Nature期刊上，论文标题为Ancient hepatitis B viruses from the Bronze Age to the Medieval period。



肝炎病毒颗粒，图片来自Sarathsasidharan/iStock

澳大利亚多尔蒂研究所维多利亚传染病参考实验室高级医学科学家Margaret Littlejohn(未参与这项研究)告诉《科学家》杂志，在这项研究之前，在乙型肝炎领域，我们总是认为HBV是人类的一种古老的病原体，但是迄今为止还没有证据表明这种病毒存在了400多年。这项研究对这个领域

来说无疑是一次伟大的飞跃。

这项研究始于英国剑桥大学和丹麦哥本哈根大学进化遗传学家Eske Willerslev和同事们设计的旨在理解横跨欧洲和亚洲8000公里的人口历史的实验。这些研究人员对200多个古代人---这些古代人的遗骸已存在了500~11000年---的基因组进行了测序。Willerslev说，我们通过鸟枪测序法对这些基因组进行测序，而且我们获得的绝大部分DNA实际上并不是人类的。起初，这并不是我们所关注的目标。它仅是废物，但是如今我们开始研究这种废物是否可能存在病原体。在意识到废物DNA可能有助深入了解HBV的起源之后，他们分析了这些基因组中的137个来寻找HBV存在的证据，与此同时还分析了2015年在Nature期刊上发表的已被测序的其他古代人类的167个基因组[2]

。

Willerslev和同事们在欧亚大陆发现的12个800~4500年前的古代人基因组中鉴定出12个HBV基因组。他们发现如今在非洲和亚洲常见的HBV型别在几千年前就已存在于这个地区。他们还证实三个古老的HBV基因组与现代的大猩猩和黑猩猩HBV存在着最为密切的亲缘关系。

维多利亚传染病参考实验室高级医学科学家Lilly Yuen(未参与这项研究)说，当人们开始试图推测HBV存在了多少年时，早期的数据表明HBV很可能存在了几百年到几千年。但是其他的科学家们已在古代鸟类基因组中发现了禽类HBV，这提示着它可能存在了数百万年。

Willerslev测序的HBV基因组包含重组和谱系灭绝的证据，这提示着HBV肯定存在了4500多年---这是因为这种病毒需要时间来经历这些进化变化。所有的这些研究发现都表明存在一种更为古老的HBV起源。德国马克斯普朗克人类历史科学研究所进化遗传学家Johannes Krause(未参与这项研究)说道，我们对我们实际上能够将HBV起源追溯到这么远感到非常兴奋。在2018年5月6日，Krause和同事们在预印本在线期刊BioRxiv上发表了一篇文章[3]，描述了在人类牙齿样品中发现的三个古老的HBV基因组，其中的一个HBV基因组大约存在了7000年。

Krause说，根据他自己的研究和Willerslev团队的研究，目前仍不清楚HBV到底存在了多少年。他补充道，它可能更加古老。它甚至可能来自非洲，这将会解释着为何黑猩猩和大猩猩一起都携带着最为古老的HBV基因组。这可能是一种解释，但是我们也在六千万年前分隔开的新大陆猴(new world monkey)和旧大陆猴(old world

monkey)中发现它，因此它不太可能是那么古老。这里有很多疑问需要人们去解答。

第一篇论文共同第一作者、剑桥大学研究生Barbara Mühlemann告诉《科学家》杂志，探究人类与病毒共存的历史的下一步就是更加深入地研究古老HBV的序列来观察这些古老序列中的变异是否揭示了这种病毒在未来可能发生的变化。

2018年5月9日在Science期刊上在线发表的一项相关研究[4]中，Willerslev和同事们利用古代基因组追踪马驯化对古代人类在欧亚大陆活动的影响。他们的分析揭示出人类地理迁移与利用马来拉战车和骑马时手持弓箭紧密相关联。从过去的研究来看，Willerslev团队确定大约五千年前中欧人迁移到欧亚大陆，但是如今居住在中亚和西亚的人主要是亚洲人种。在2018年5月9日在线发表在Nature期刊上的第二项研究[5]中，Willerslev团队利用基因组分析证实随着逐渐地向西扩张，亚洲人种完成了对中欧人种的替换。

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://iikx.com)转发