上海巴斯德所新型冠状病毒早期进化机制研究取得进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/8134.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！

中国科学院上海巴斯德研究所、中科院生物安全大科学中心上海分部崔杰研究组成员魏小曼、李祥等根据目前发表的新型冠状病毒（2019-nCoV）分析结果及公共数据库里上传的基因组比对结果，进行综合分析，推测出此次暴发的新型冠状病毒的早期进化机制，为新型冠状病毒感染肺炎疫情防控提供科学依据。

2019-nCoV不同于以往任何一种已知的HCoV-229E、HCoV-OC43、SARS-CoV、HCoV-NL63、HCoV-HKU1和MERS-CoV等六种能够感染人类的冠状病毒，属于第七种能够感染人类的冠状病毒，并且能引起肺炎。对2019-nCoV进行基因组学分析结果显示，其与SARS、MERS病毒皆有较大的区别，基因组差异度分别21%和50%。尽管同属于Beta冠状病毒，2019-nCoV与SARS、MERS冠状病毒却并不相同，可认为是SARS冠状病毒的远亲，而绝非SARS冠状病毒的变种或SARS复燃。

研究认为，在冠状病毒和宿主长期共存的情况下，病毒通常会因为宿主限制而在同一物种例如蝙蝠中流行，但是少数情况下，不同病毒通过感染同一宿主细胞后会发生重组，从而产生一系列遗传物质不同的重组体，这些新重组的病毒中有些具备感染新宿主（其它动物或者人类）的能力。从现有数据来看，新型冠状病毒在早期进化中显示较弱的感染力，也可在人与人之间传播，但传播能力不容忽视。系统发育分析显示病毒缺少拓扑结构，聚类不明显。但是针对2019-nCoV的分析发现在不同的蛋白上至少有17个位点涉及氨基酸的改变，而其中几种突变在一起广东家庭聚集性病例中比较常见。这表明，病毒在发生人与人之间传播后开始产生突变。

至于病毒有没有发生适应性进化，目前还无法定论，需要更多的病毒基因组分析及后续针对突变位点的功能实验验证。研究人员未来将集中分析病毒在自然界及人群中的进化模式，阐明2019-nCoV的起源及与中间宿主作用的进化机制。研究人员同时呼吁，严密监控病毒的突变、进化及传播，这对指导疫情的控制十分必要。

论文链接

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