新冠病毒的基因组序列分析

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/8170.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！

新冠病毒的基因组序列分析。2月3日，《自然》在线发表论文介绍了上海公共卫生临床中心和复旦大学公共卫生学院教授张永振等人对2019-nCov的基因组序列的分析。该病毒基因组从就职于出现首批患者的海鲜市场的一名病人身上获得。基因组分析显示，该病毒与此前在中国蝙蝠体内找到的一组SARS样冠状病毒密切相关。

最近出现在武汉的一种2019-nCov已传播到中国其他地区和其他几个国家，其中包括美国、德国和日本。首例患者于2019年12月12日被收治入院，调查发现武汉一家同时销售野生动物的海鲜市场或是此次疫情的潜在来源。

张永振等研究了一名41岁的男性海鲜市场工人，其于2019年12月26日在武汉一家医院住院，表现出呼吸系统疾病症状，包括发烧、胸闷和咳嗽。联合使用抗生素、抗病毒药和糖皮质激素进行治疗，但患者表现出呼吸衰竭，治疗三天后病情无改善。

作者对从患者收集的支气管肺泡灌洗液（肺分泌物）进行了基因组测序。他们鉴定出了一种新型病毒，并发现该病毒基因组与蝙蝠体内发现的SARS样冠状病毒有89.1%的核苷酸相似性。

作者表示，尽管从单个患者的分析中不可能得出该冠状病毒是当前疫情爆发原因的结论，不过这些发现已被针对其他患者的独立调查研究证实。相关序列信息1月10日发表于病毒学网站。（来源：科学网 冯丽妃）

相关论文信息：

http://virological.org/t/novel-2019-coronavirus-genome/319

https://doi.org/10.1038/s41586-020-2008-3

作者：张永振等 来源：《自然》

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