



上海光源用户在高致病性禽流感 H7N9 感染人传播机制研究中取得重要突破

2013 年 9 月 5 日, 中国科学院北京生命科学研究院微生物研究所高福课题组在 *Science* 快讯上 (*Science Express*) 在线发表了题为 “Structures and Receptor Binding of Hemagglutinins from Human-Infecting H7N9 Influenza Viruses” 的文章, 报道了他们在高致病性禽流感 H7N9 感染人传播机制研究中取得的最新成果。

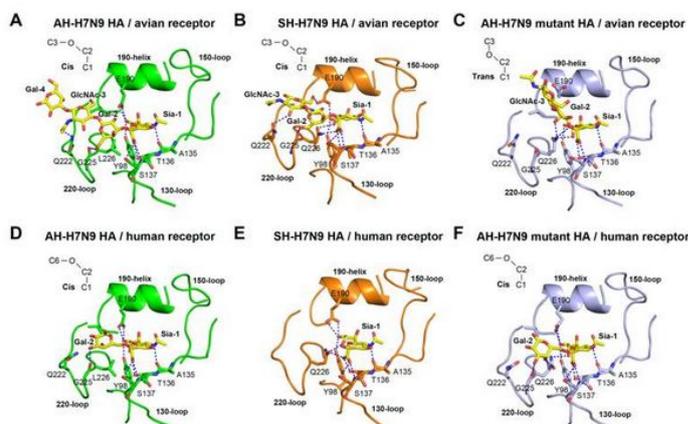
2013 年 2 月底暴发的人感染 H7N9 禽流感病毒是一种新型重配病毒, 于上海和安徽两地率先被发现。该病毒对禽类并不致病, 而感染人却会引起严重呼吸道疾病。截至目前, 我国内地共报告 134 例确诊病例, 其中死亡 45 人, 病例分布于北京、上海、江苏、浙江等 12 个地市。高福研究员率领的中国科学院微生物研究所、北京生命科学研究院以及中国疾病预防控制中心联合应急攻关团队着重关注此次流感暴发事件中最早报道的两个毒株, 安徽株 (A/Anhui/1/2013) 和上海株

(A/Shanghai/1/2013), 探究 H7N9 禽流感病毒感染人的奥秘。安徽株是此次流感暴发事件中的流行毒株, 而上海株则只在一个病例中分离得到, 两株病毒在一级序列上显示出各自的独特性。研究人员利用固相结合实验和表面等离子共振技术分别从病毒水平和蛋白水平检测安徽株和上海株的受体结合特性, 发现安徽株既能结合禽源受体, 又能结合人源受体, 而上海株却偏好性地结合禽源受体。这充分解释了安徽株由于获得人源受体的结合能力, 使得该毒株具备在人群中普遍流行的趋势。研究人员还发现, 与之前报道的 H5N1 病毒不同, Q226L 氨基酸突变对于 H7N9 病毒的表面血凝素蛋白获得人源受体结合能力不是唯一关键位点, 受体结合位点的其它相关氨基酸也至关重要。

同时, 研究团队利用上海光源生物大分子晶体学线站 (BL17U1) 成功解析了两个毒株的血凝素蛋白及其

突变体与受体类似物的复合体结构, 阐明了受体结合特性发生变化的结构基础。目前科学家们认为此次暴发的 H7N9 禽流感病毒具备有限的人际传播能力, 研究人员推测由于 H7N9 病毒仍然具备强结合禽源受体的能力, 而人呼吸道上有很多带禽源受体的黏液素束缚住了病毒的扩散, 使得 H7N9 病毒无法有效传播。研究人员表示, 我们要密切关注 H7N9 病毒在人群中的演化, 尤其是某些突变病毒一旦丧失强结合禽源受体能力, 而继续保留人源受体的结合能力, 有可能引发流感大流行。密切关注、监测病毒的变异, 对于流感爆发的预防与应对具有重要意义。

此次人感染 H7N9 禽流感事件中, 我国科学家们从病毒溯源、病毒跨宿主传播、流行病学、免疫和临床医学等不同角度对该 H7N9 病毒进行了细致的阐释, 为 H7N9 病毒再发和新型流感暴发的防控策略提供重要的理论基础。



H7N9 病毒血凝素蛋白及其突变体与受体类似物的复合体结构

这项成果由中国科学院与中国疾病预防控制中心合作完成, 上海光源提供了重要的技术支持。

