

张永振组在脊椎动物病毒进化领域取得重要进展

Zhang Yongzheng group has made important progress in the field of vertebrate virus evolution

【Nature 系列】: 2018年6月26日,中国疾病预防控制中心传染病所研究员张永振团队在《Nature》杂志上发表了题为“The evolutionary history of vertebrate RNA viruses”的文章,通过使用大规模的元转录组学方法,发现了爬行动物、两栖动物、肺鱼、鳍条鱼、软骨鱼和无颌鱼中的214种脊椎动物相关病毒。



张永振

RNA病毒具有高度遗传多样性,而目前人们对整个RNA病毒的进化过程所知还十分有限。对于无脊椎动物RNA病毒来说,2016年,张永振团队在Nature发表的文章显示,他们在湖北、浙江和新疆陆地地区以及黄海、东海和南海海洋地区调查了九个动物门(节肢动物门、环节动物门、星虫动物门、软体动物门、线形动物门、扁形动物门、腔肠动物门、棘皮动物门、脊索动物门背囊亚门)超过220种无脊椎动物,通过深度转录组测序共计发现超过1445种全新的病毒,其中一些病毒与现有已知病毒的差异性足以把它们定义为新的病毒科。该研究在发表的论文中直接命名了五个新的病毒科或病毒目——越病毒、秦病毒、赵病毒、魏病毒和燕病毒。

对于脊椎动物RNA病毒来说,对其多样性和进化的理解很大程度上局限于在哺乳动物和禽类宿主中发现的病毒。在张永振团队最新的这项研究成果中,研究人员对能够代表脊索动物门(phylum Chordata)的超过186种宿主物种进行了一个大规模的元转录组分析(meta-transcriptomics),最终鉴定到了过去未曾报道过的214种脊椎动物相关病毒,其中196种被认为是脊椎动物特异性的(vertebrate-specific)。这些数据表明,与此前的认识相比,在鸟类和哺乳动物以外的脊椎动物中,RNA病毒数量更多,多样性更显著。特别值得注意的是,每一个已知感染哺乳动物和鸟类的脊椎动物特异性病毒家族或属也同样存在于两栖动物、爬行动物或鱼类。

同时,该研究还为大多数脊椎动物RNA病毒群建立了长期的进化历史,并使用直系同源内源病毒元件评估进化时间尺度(evolutionary timescales)来支持这一观点。特别值得一提的是,作者在论文讨论部分提到,鉴于我们对RNA病毒多样性的取样仍然非常有限,将一个特定的寄主群体鉴定为另一个寄主群体的祖先显然是太简单化了,或许还会是错误的。此外,该研究还鉴定新的脊椎动物特异性RNA病毒和基因组结构,并重新评估媒传RNA病毒(vector-borne RNA viruses)的进化。

综上,该研究揭示了脊椎动物相关病毒家族的长期病毒-宿主关系,拓展了人们对RNA病毒进化的认识。

The evolutionary history of vertebrate RNA viruses

脊椎动物RNA病毒的进化史

中国疾病预防控制中心传染病预防控制所, 复旦大学海市公共卫生临床中心 张永振
2018年6月26日

DOI: <https://doi.org/10.1038/s41586-018-0012-7>



Our understanding of the diversity and evolution of vertebrate RNA viruses is largely limited to those found in mammalian and avian hosts and associated with overt disease. Here, using a large-scale meta-transcriptomic approach, we discover 214 vertebrate-associated viruses in reptiles, amphibians, lungfish, ray-finned fish, cartilaginous fish and jawless fish. The newly discovered viruses appear in every family or genus of RNA virus associated with vertebrate infection, including those containing human pathogens such as influenza virus, the Arenaviridae and Filoviridae families, and have branching orders that broadly reflected the phylogenetic history of their hosts. We establish a long evolutionary history for most groups of vertebrate RNA virus, and support this by evaluating evolutionary timescales using dated orthologous endogenous virus elements. We also identify new vertebrate-specific RNA viruses and genome architectures, and re-evaluate the evolution of vector-borne RNA viruses. In summary, this study reveals diverse virus–host associations across the entire evolutionary history of the vertebrates.