



基于刺突蛋白的禽传染性支气管炎病毒进化图景 与血清型动态研究

张灏^{1#}, 韩宗玺^{2#}, 邹创超^{1#}, 黄逸晖^{1#}, 孙世平^{3#}, 彭欧阳¹, Usama Ashraf⁴,
徐秋萍⁵, 葛瑶³, 亢麒麟¹, 马秀丽⁶, 张新珩⁷, 赵烨⁸, 杨鑫⁹, 王红宁^{9*},
张国中^{8*}, 谢青梅^{7*}, 施莽^{10*}, 阮永森^{1*}, 廖敏^{3*}, 刘胜旺^{2*}, 曹永长^{1*}

¹中山大学生命科学学院

²中国农业科学院哈尔滨兽医研究所

³浙江大学农业农村部动物病毒学重点实验室

⁴杜克-新加坡国立大学

⁵中山大学孙逸仙纪念医院

⁶山东省农业科学院

⁷华南农业大学动物科学学院

⁸中国农业大学动物医学院

⁹四川大学生命科学学院

¹⁰中山大学药学院 (深圳校区)



Hao Zhang, Zongxi Han, Chuangchao Zou, Yihui Huang, Shiping Sun, Ouyang Peng, Usama Ashraf, et al. 2026.
The Evolutionary Landscape and Serotypic Dynamics of Avian Infectious Bronchitis Virus from Spike Protein.

iMetaOmics 2: e70077. <https://doi.org/10.1002/imo2.70077>



背景介绍

- 禽传染性支气管炎 (IB)
- 引起急性、高度接触传染性疾病

主要危害

短期：呼吸道症状、腹泻、死亡

中期：产蛋数量、质量下降

长期：生长速度变缓、产生“假母鸡”

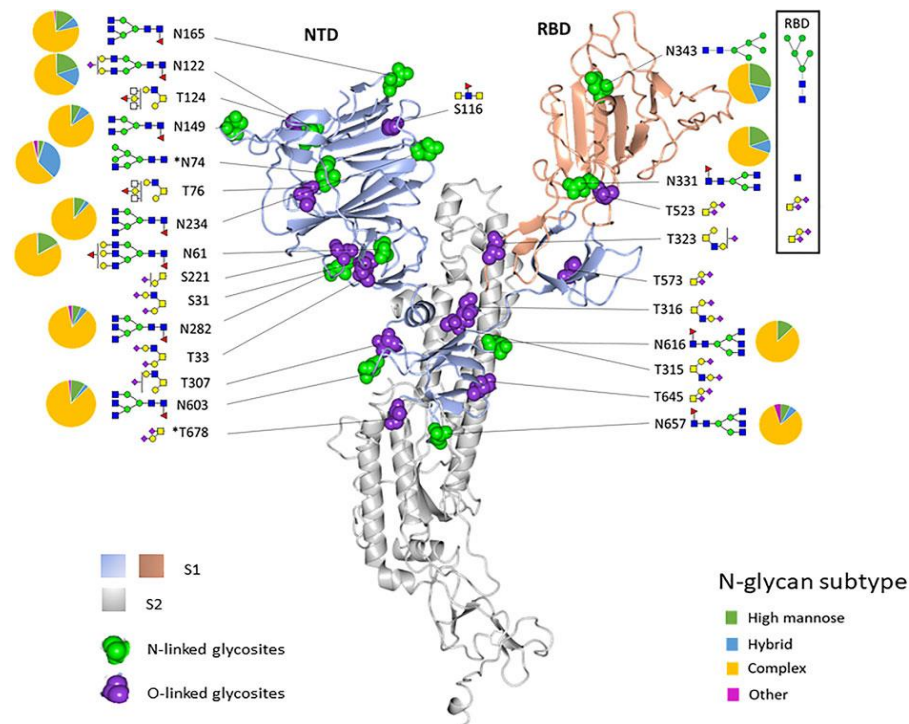
防控难点

变异速度快，血清型众多

疫苗免疫效果不佳，尚无有效药物

亟待开发新的防控策略

严重危害全球养禽业健康发展



(Tian et al., 2023)

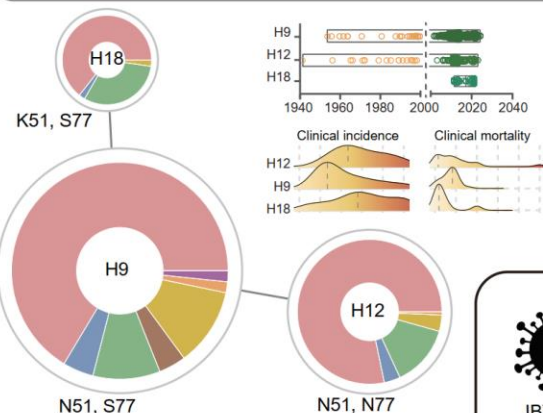
Spike蛋白是冠状病毒的关键表面蛋白（介导病毒入侵、免疫逃逸），其 N-糖基化修饰通过“糖盾”掩盖抗原表位、调节受体结合，但 IBV 的 S 蛋白糖基化进化动态、与病毒表型 / 传播的关联尚未明确。

亮点

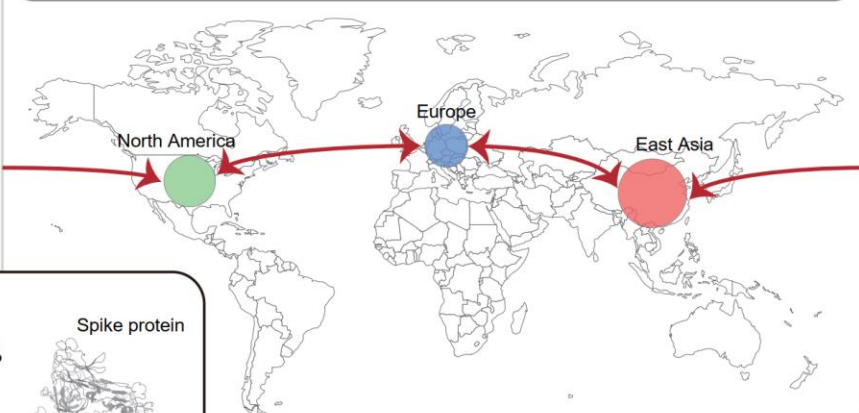


An Integrative Viral Genomic-Structural-Phenotypic Framework for Vaccine Design and Outbreak Preparedness

Glycosylation Haplotypes Drive Viral Evolution



Two-Decade Surveillance Reveals Global Spread

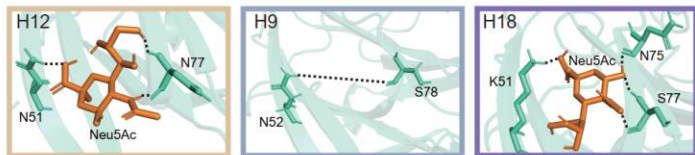


POS51 POS77

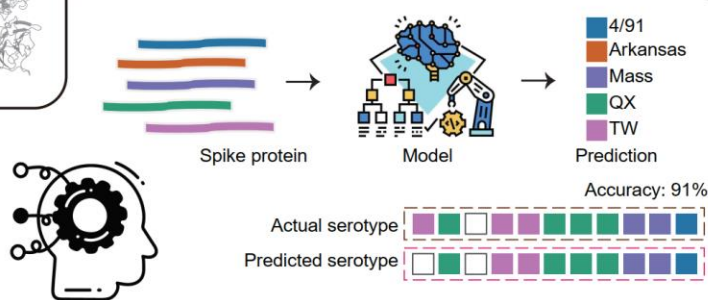
H12 44 GGAYAVVNISSE...RVVNASSIAMT 85

H9 45 GGAYAVVNTTNY...YNQSAASIAMT 86

H18 44 GGAYAVDKVFNE...YNISAASVAMT 85



Structural Insights: Glycans Modulate Receptor Binding



ML Model Enables Accurate Serotype Prediction from Spike Protein Sequence

- 流行病学监测与进化分析阐明IBV在全球范围内的复杂时空传播规律
- 刺突蛋白的关键N-糖基化单倍型与病毒受体结合特异性密切相关，且影响不同毒株的临床表型
- N-糖基化基序可作为结构基因组层面的分子标记，为预测冠状病毒进化与传播趋势提供可扩展的分析框架
- 基于刺突蛋白序列的机器学习方法能实现对IBV血清型的可靠预测



2003-2023年中国禽类病毒的流行情况

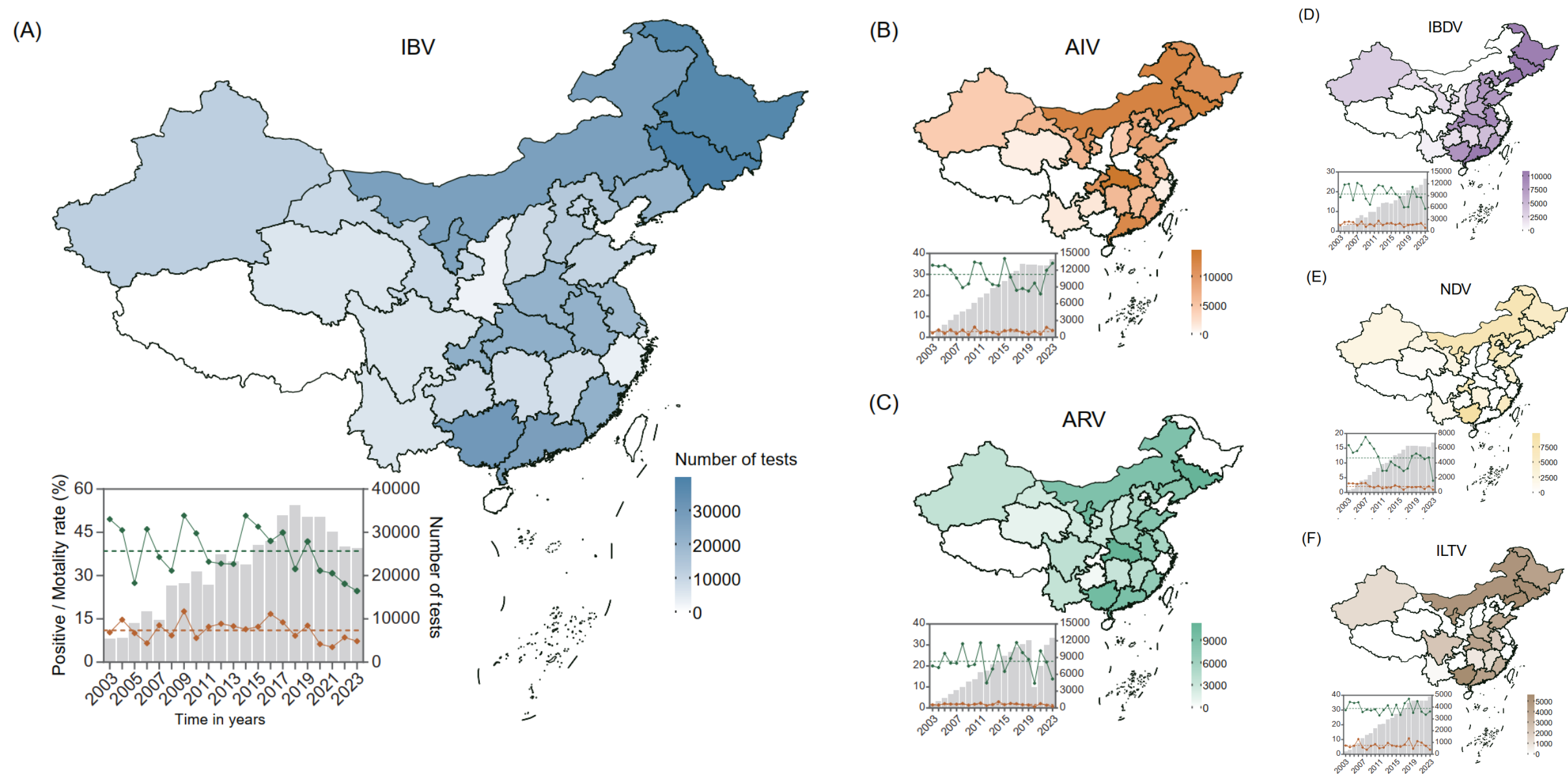


图1. 2003 年至 2023 年中国主要禽类病毒病的时空分布情况

传染性支气管炎病毒的系统发育、同源性及演化

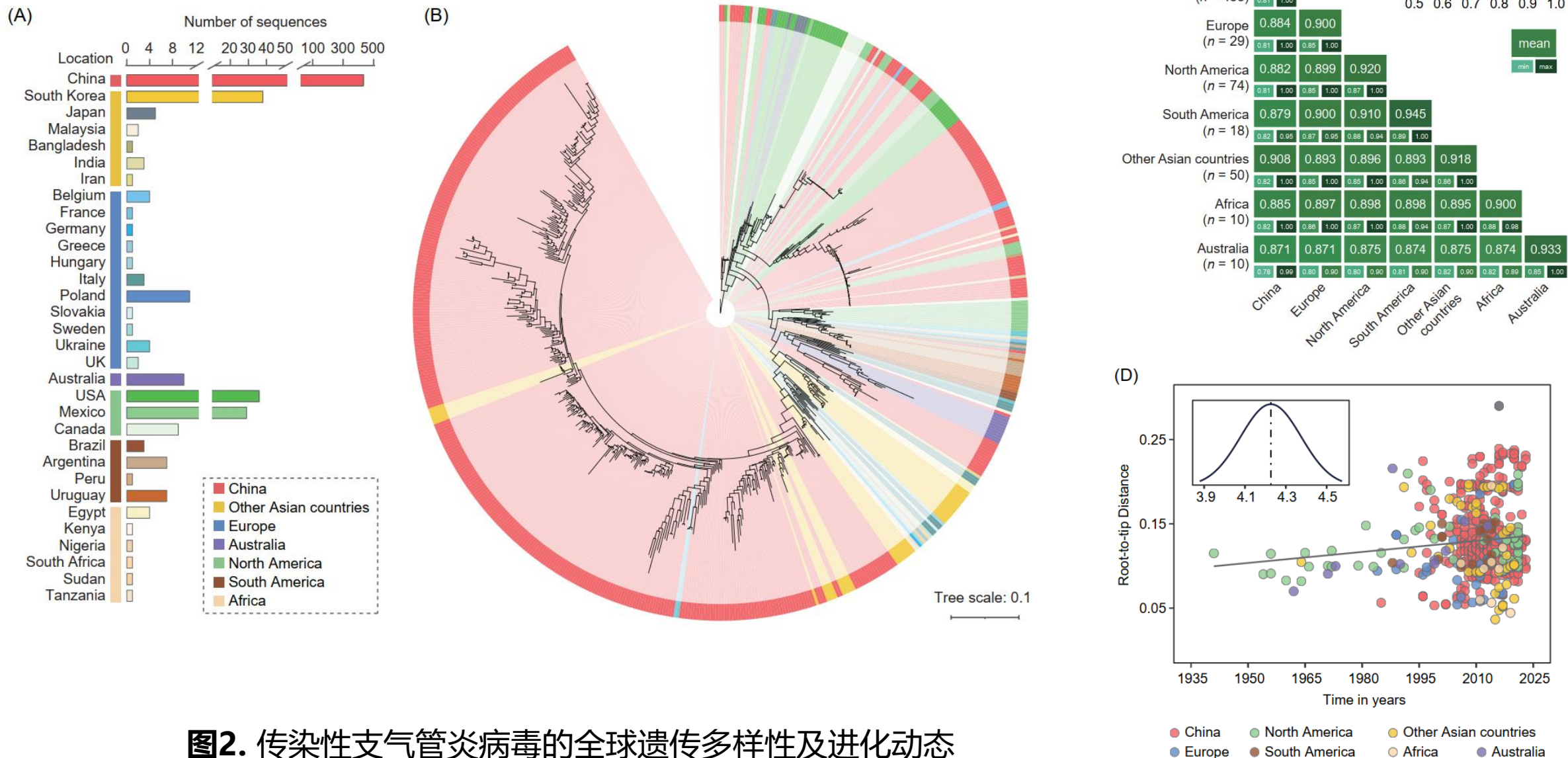


图2. 传染性支气管炎病毒的全球遗传多样性及进化动态



刺突蛋白N-糖基化位点的单倍型动态变化

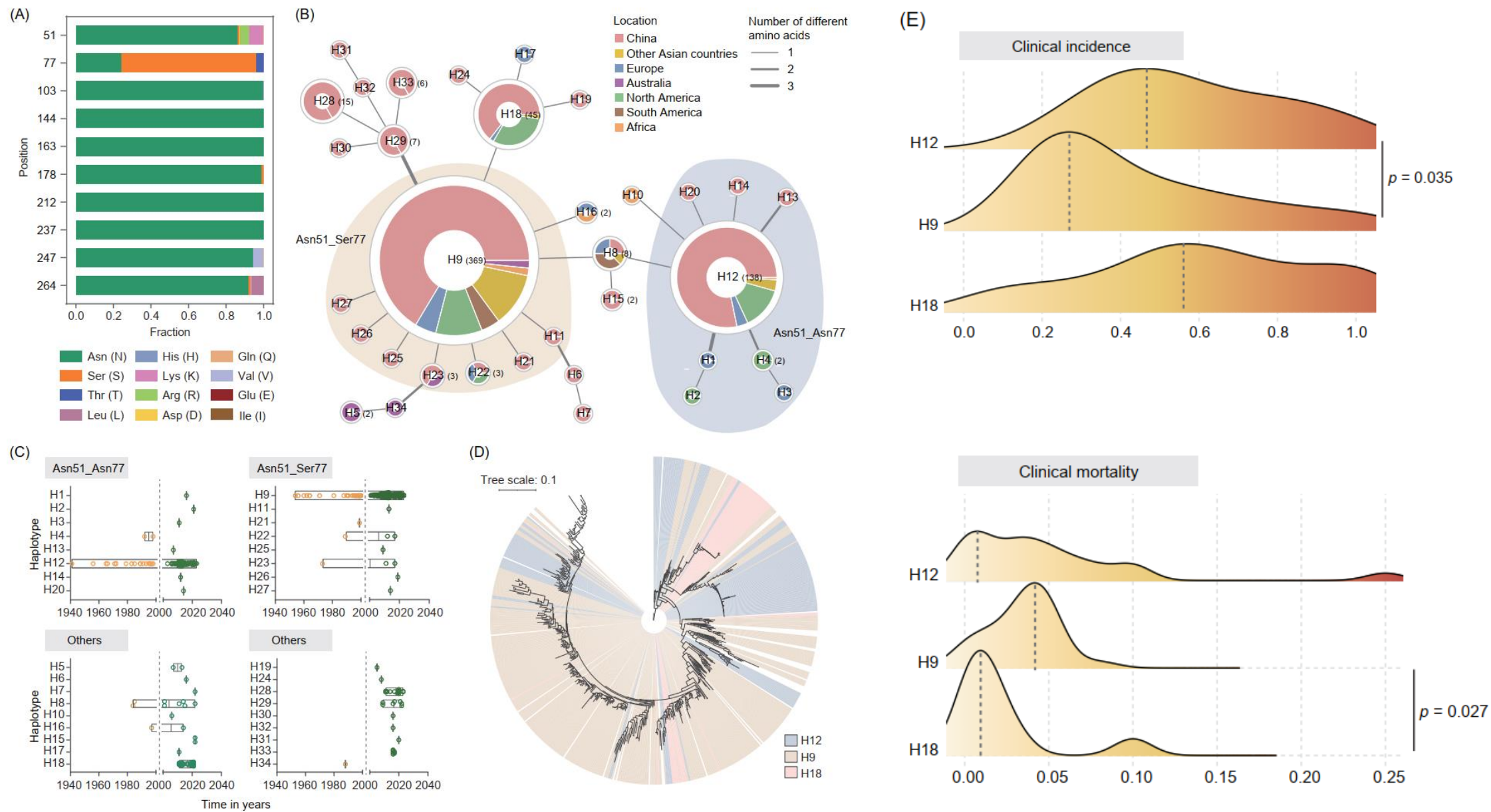


图3. IBV 刺突蛋白 N 端区域的 N-连接糖基化位点的分析



S蛋白N-糖基化的变化改变毒株与唾液酸的结合方式

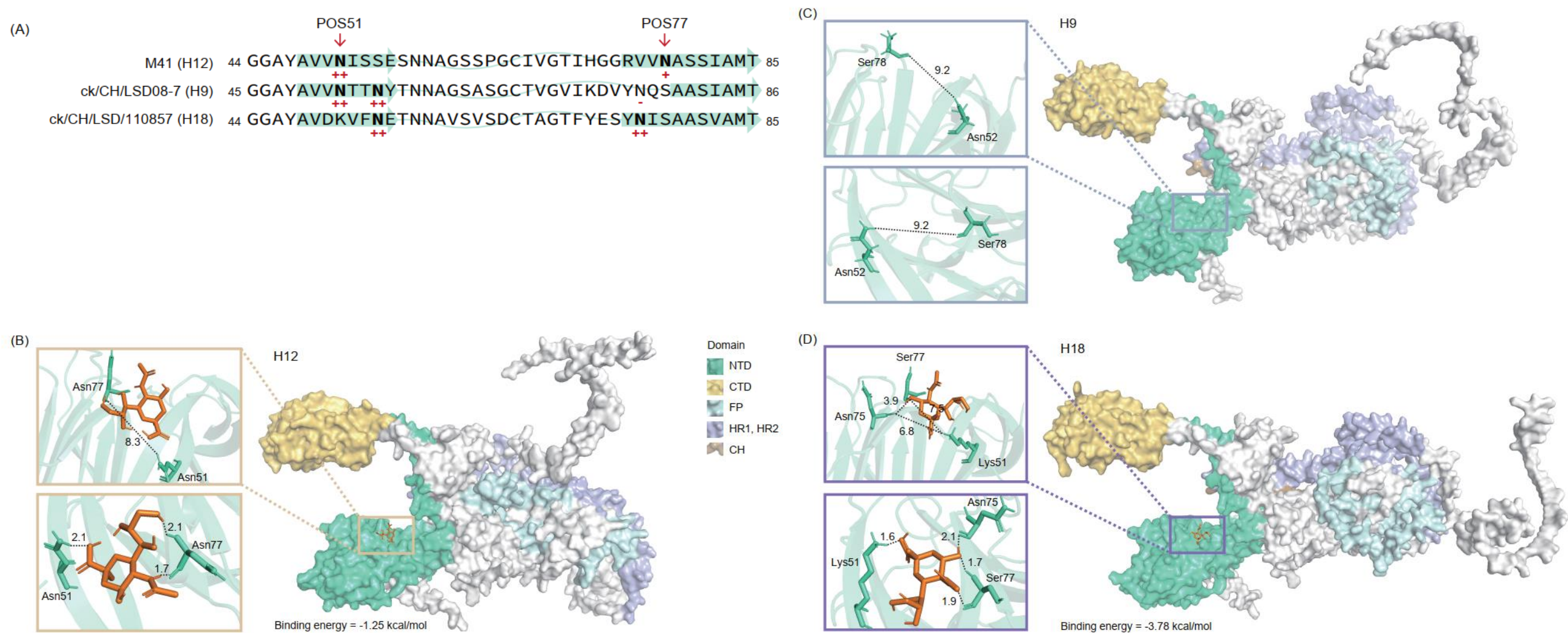


图4. IBV S NTD 各单倍型中由 N-糖基化介导的受体结合的结构解析



全球范围内IBV传播的时空分布重建

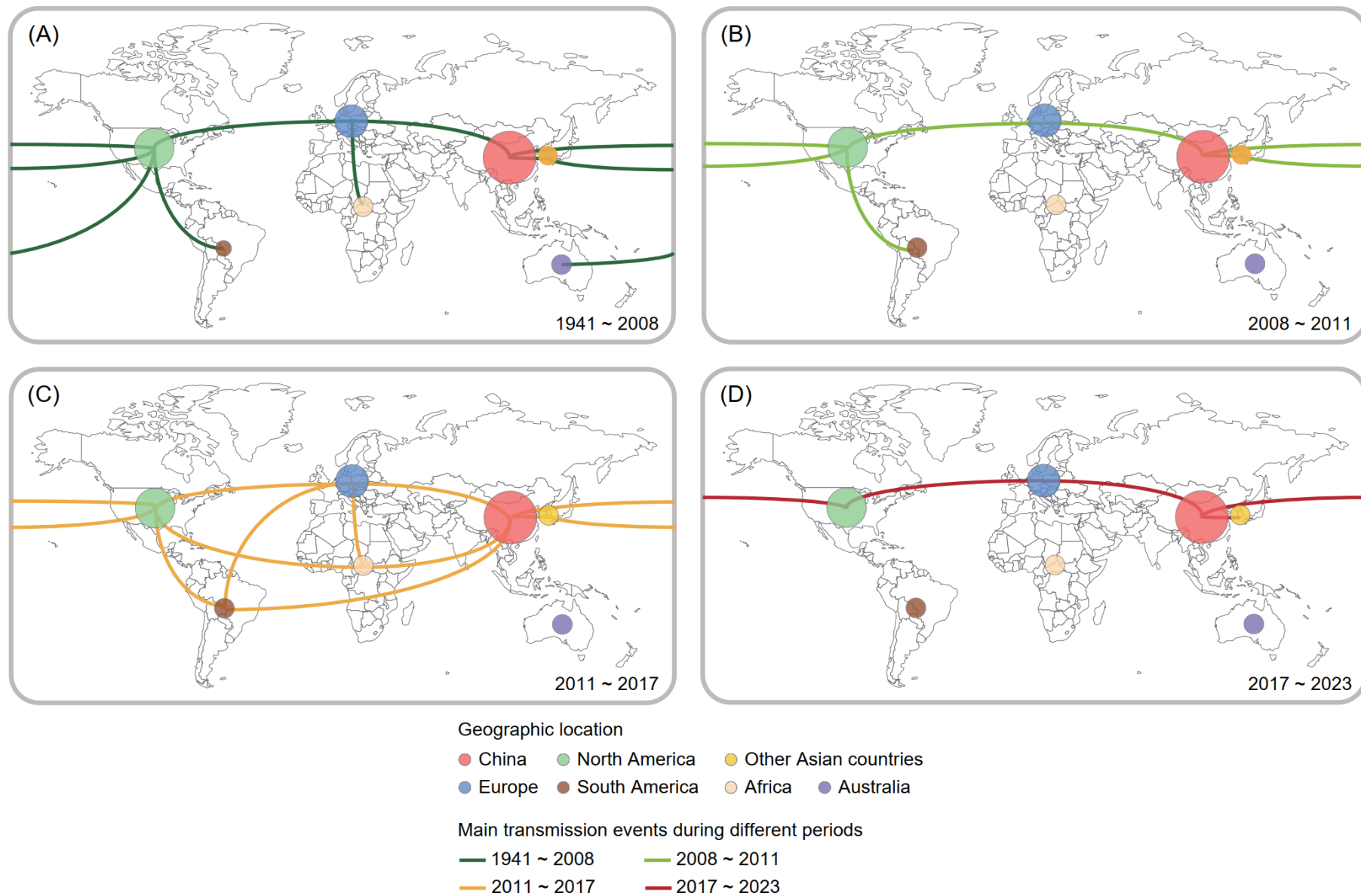


图5. 全球范围内 IBV 病毒株的时空传播情况



基于机器学习的IBV血清型模型构建与验证

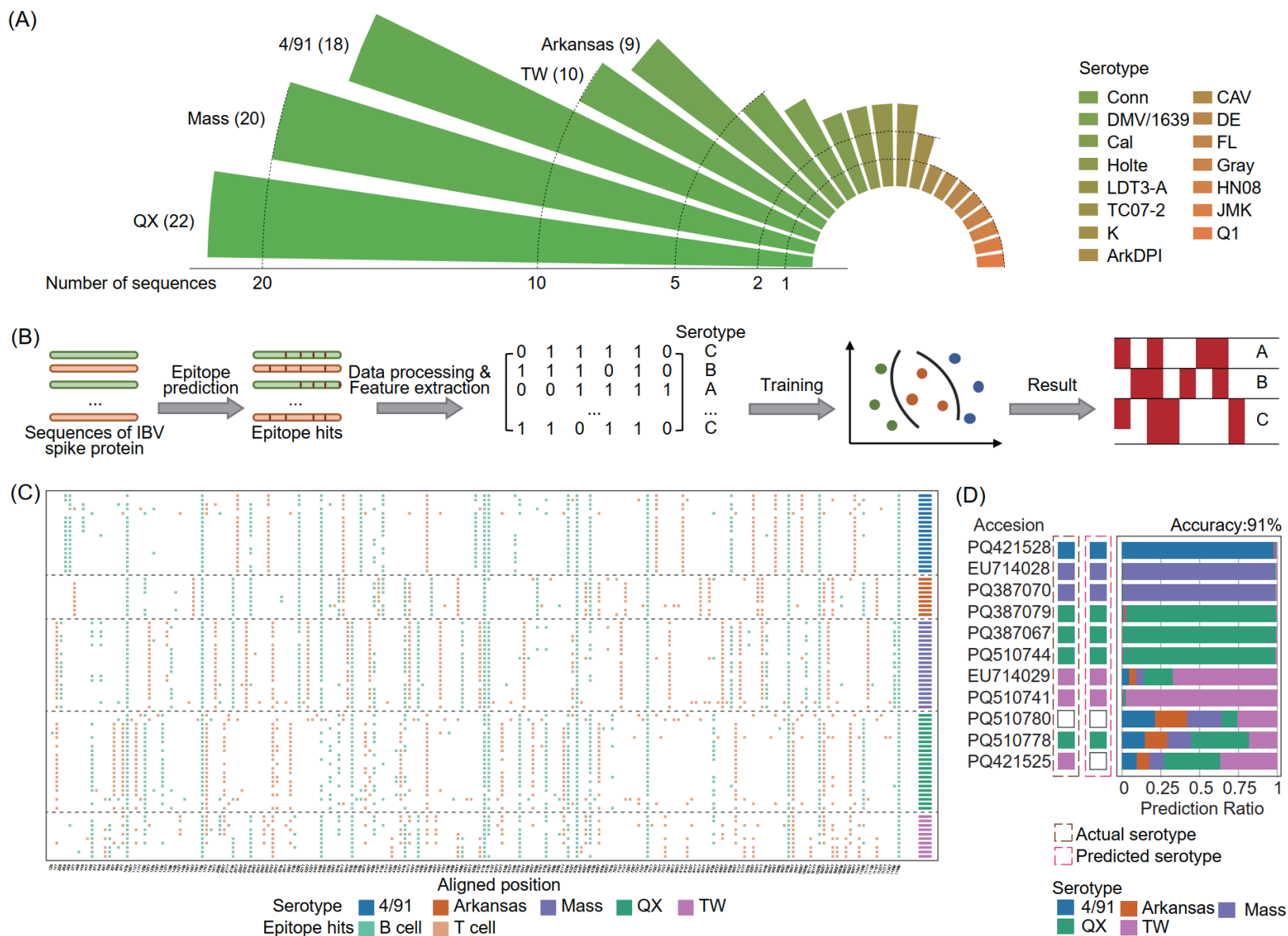


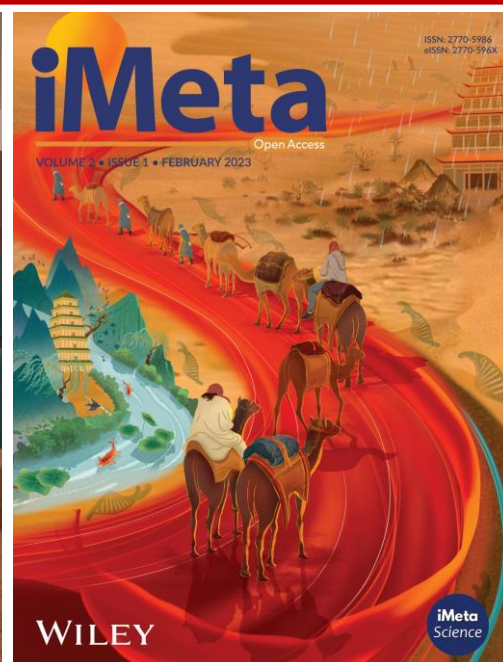
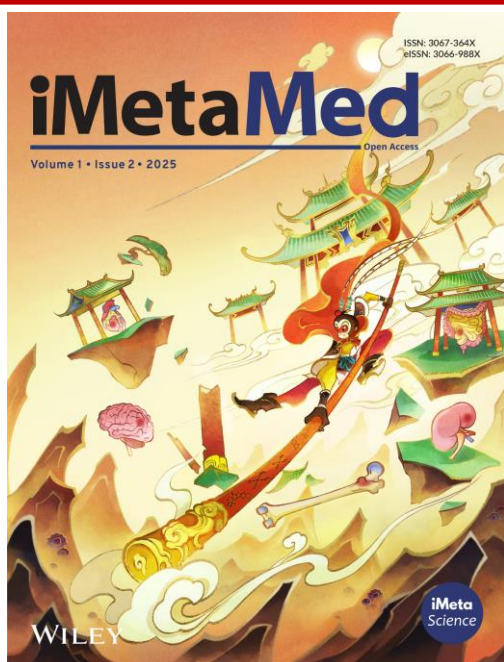
图6. 机器学习模型揭示了病毒序列与其对应血清型之间的关系



结论

- 本研究通过整合基因组学、结构生物学与机器学习技术，构建了冠状病毒进化趋势的预测框架。
- 刺突蛋白中的糖基化单体型可作为进化与流行病学标志物，其变异可能与受体结合能力、临床严重程度及传播效率存在关联。
- 本文所开发的计算模型可直接基于病毒序列数据实现高可靠性的血清型预测。
- 本文为解析病毒适应性进化轨迹提供了概念性框架，对疫苗设计优化及大流行的预防性应对具有直接的理论指导意义。

Hao Zhang, Zongxi Han, Chuangchao Zou, Yihui Huang, Shiping Sun, Ouyang Peng, Usama Ashraf, et al. 2026.
The Evolutionary Landscape and Serotypic Dynamics of Avian Infectious Bronchitis Virus from Spike Protein.
iMetaOmics 2: e70077. <https://doi.org/10.1002/imo2.70077>



iMeta(宏)期刊是由宏科学、千名华人科学家和威立共同出版，对标**Cell**的生物/医学类综合期刊，主编刘双江和傅静远教授，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，重点关注生物技术、大数据和组学等前沿交叉学科。已被**SCIE**、**PubMed**等收录，最新IF 33.2，位列全球SCI期刊第65位(前千分之三)，中国第5位，微生物学研究类全球第一，中科院生物学双1区Top。外审平均21天，投稿至发表中位数87天。

子刊**iMetaOmics** (宏组学)、**iMetaMed** (宏医学)定位IF>10和15的生物、医学综合期刊，欢迎投稿！



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>

iMeta: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

投稿: iMetaOmics: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>



office@imeta.science

imetaomics@imeta.science



宣传片



iMeta



更新日期
2025/7/6