



新闻 频道

校园快讯
华农人物

人才培养
狮山时评

科学研究
媒体华农

学术交流
南湖视点

社会服务
电子校报

青春

光影

网视

悦读

首页 > 新闻 > 科学研究 > 正文

我校在猪链球菌传播机制研究中取得新进展

2021-06-18 22:46 食品科学技术学院 郭亚停 我要评论 0 扫描到手持设备 字号: T T

核心提示: 近日, 我校食品科学与技术学院李锦铨课题组在猪链球菌的跨宿主传播的分子机制、地域传播规律以及毒力的进化方面取得了新的进展, 为有效阻断该病原在食品生产链中的传播和对人类健康造成的威胁提供科学依据。

南湖新闻网讯 (通讯员 郭亚停) 近日, 我校食品科学与技术学院、交叉科学研究院李锦铨课题组在猪链球菌的跨宿主传播的分子机制、地域传播规律以及毒力的进化方面取得了新的进展。该研究首次提出猪链球菌人类适应性种群已经形成, 证实了该类菌株的强致病性并建立了针对该类型菌株的检测方法, 为有效阻断该病原在食品生产链中的传播和对人类健康造成的威胁提供科学依据。相关科研成果以 “The global emergence of a novel Streptococcus suis clade associated with human infections” 为题发表在EMBO Molecular Medicine上。

图1 猪链球菌可感染的宿主

猪链球菌是一种致病性的革兰氏阳性菌, 其引起的猪链球菌病是一种新发的人畜共患病, 可通过猪传人途径传播, 导致人类感染并出现脑膜炎、败血症, 听力减弱或者丧失, 以及罕见的中毒性休克等多种临床症状。越来越多的研究表明猪链球菌的感染宿主的范围在不断的扩大, 涵盖野生动物类、家禽类、牲畜类以及宠物类, 感染宿主范围的拓展和人群感染率的不断增加表明这种新型病原的环境适应能力和致病性都在不断的进化, 提示我们要重视该新发病原, 并阻断其在食品生产链中的传播。

今日推荐

- 狮山大爱伴君行: 2020年毕业典礼隆重举行
- 2020年毕业典礼暨学位授予仪式组图
- 【毕业季】毕业生返校日: 温暖涌动狮山
- 【毕业季】生命的绽放: 万千纸鹤在这里翱翔
- 风雨无阻! “异曲同工” 工学院2020年现代农业
- 华中农业大学师生青春告白祖国 立志强农兴农



新闻排行

浏览 评论

- 1 我校获批20项国家重点研发计划项目
- 2 我校受邀参加“2022年中日大学科技创新论坛”
- 3 湖北省第一届微生物培养基艺术设计大赛举行
- 4 《自然—遗传》: 棉属泛基因组——架起棉花种
- 5 我校在第八届中国国际“互联网+”大学生创新
- 6 我校获批41项省重点研发、种业“揭榜挂帅”项
- 7 校领导班子召开2022年第38次调度会
- 8 高翘勉励华农青年: 争做有理想、敢担当、能吃
- 9 舞动青春, 学校2022年校园舞蹈大赛举行
- 10 【学习二十大】张启发院士: 为人民生命健康开

推荐图片



直击: 2022年毕业典礼暨学位授予



定格青春 “我与校长拍张照”



纸鹤与梦想齐飞翔



“钢铁长龙” 毕业巡游欢乐举行

推荐视频

图2 全基因组系统发育树揭示了猪链球菌宿主相关性

研究人员对全世界1634个菌株的全基因组数据进行了比较基因组学分析，揭示了3个与宿主密切相关的种群结构，分别为人类适应性菌株组（HAC, Human-associated Clade）、健康猪组（HPC, Healthy-pig Clade）和病猪组（DPC, Diseased-pig Clade）。研究发现，HAC组的菌株来源于9个不同的国家，说明该类型的菌株已经在全球进行传播和扩散，其中在亚洲形成3个平行进化的流行性支系（I、II、III），其中支系I为引起了中国的两次大爆发的中国特有序列型——ST7菌株；支系II为ST1型菌株组成，该支系的菌株携带一个与89kb高度类似的78kb的毒力岛，正在中国和越南之间传播；支系III为新型的ST7菌株，该支系的菌株携带一个含多类抗性基因的127kb的耐药岛，目前已经在中国境内多个省份发现。支系II、III为本研究新鉴定的2个支系，需要引起我们高度重视。

图3 生物地理学推断HAC组菌株全球可能的传播路径

华中农业大学食品科学技术学院研究生董星星和上海巴斯德研究所研究员晁彦杰为本论文共同第一作者。华中农业大学李锦铨研究员和浙江大学的冯晔副教授为共同通讯作者。本研究获得了国家重点研发计划，国家自然科学基金，湖北省科技创新专项，华中农业大学自主创新基金资助。

审核人 刘石林

【英文摘要】

Streptococcus suis, a ubiquitous bacterial colonizer in pigs, has recently extended host range to humans, leading to a global surge of deadly human infections and three large outbreaks since 1998. To better understand the mechanisms for the emergence of crossspecies transmission and virulence in human, we have sequenced 366 *S. suis* human and pig isolates from 2005 to 2016 and performed a large-scale phylogenomic analysis on 1,634 isolates from 14 countries over 36 years. We show the formation of a novel human-associated clade (HAC) diversified from swine *S. suis* isolates. Phylogeographic analysis identified Europe as the origin of HAC, coinciding

with the exportation of European swine breeds between 1960s and 1970s. HAC is composed of three sub-lineages and contains several healthy-pig isolates that display high virulence experimental infections, suggesting healthy-pig carriers as a potential source for human infection. New HAC-specific genes are identified as promising markers for pathogen detection and surveillance. Our discovery of a human-associated *S. suis* clade provides insights into the evolution of this emerging human pathogen and extend our understanding of *S. suis* epidemics worldwide.

原文链接:

<https://www.embopress.org/doi/full/10.15252/emmm.202013810>

相关阅读

关键词: 食品科学技术学院 猪链球菌 传播机制

- 我校第六届食文化节举行 2021-05-10
- 食品科学技术学院全员述职共话奋斗 2021-01-21
- 邓秀新院士谈青年教师能力提升与团队建设 2020-08-30
- 食品科学技术学院举行第九届青年教师发展论坛 2020-08-20
- 【湖北电视台】潘思轶:果酒加工 转化增值拉动水果规模化种植 2020-05-26
- 【战“疫”故事】凝聚抗“疫”力量, 食科党员在行动 2020-02-25
- 改变评教方式和指标体系 提升评教参与度和质量 2019-06-24
- 食品科学技术学院教育思想大讨论动员会召开 2019-04-26
- 猪链球菌致脑膜炎分子机制研究获新进展 2017-12-21

责任编辑: 蒋朝常 于栩申

复制网址 打印 收藏



网友评论

已有 0 人发表了评论

您需要登录后才可以评论, [登录](#) | [注册](#)

发表评论

[关于我们](#) | [联系方式](#) | [加入我们](#) | [版权声明](#) | [友情链接](#) | [举报平台](#)

Copyright 2000-2005 HZAU ALL Rights Reserved

版权所有: 华中农业大学

网站运营: 党委宣传部(新闻中心)