

新研究直击结核病基因组与耐药性

文章来源：中国科学报 张章

发布时间：2013-09-02

【字号：小 中 大】

数个独立研究团队为来自世界不同地区的结核分枝杆菌进行了全基因组测序，成果于9月2日发表在《自然—遗传学》期刊上。相关研究有望为耐药性结核病疫情的出现提供新见解，并为耐药性测试和药物开发提供新靶靶。

美国马萨诸塞州总医院教授Maha Farhat领衔的研究小组，为全球123种具有代表性的结核分枝杆菌菌株（包括耐药性菌株）进行了全基因组测序和分析。该研究小组借鉴了菌株之间的进化关系，开发出一种在微生物基因组中搜寻耐药性标记的新方法，并在结核分枝杆菌的基因组中确认了39个与耐药性有关的基因组区段。

来自美国新泽西医学院的David Alland教授与其研究团队，为渗入了一线抗结核药乙胺丁醇的结核分枝杆菌菌株进行了基因组测序，并在63个临床菌株中找到与研究结果相关的发现。他们的功能研究为一个多步骤、包含了基因突变相互作用的乙胺丁醇耐药模型提供了支持理据。

最后，西班牙公共健康研究中心教授Iñaki Comas及其同事分析了259个结核分枝杆菌菌株复合体基因组序列，为这种病菌的遗传多样性和与人类宿主一起的进化过程提供了见解。分析结果显示，分枝杆菌菌株复合体约70万年前在非洲出现，然后随人类迁徙而蔓延出非洲。

打印本页

关闭本页