

www.most.gov.cn

[微信公众号](#) [官方微博](#) [公务邮箱](#) [English](#)**中华人民共和国科学技术部**  
Ministry of Science and Technology of the People's Republic of China

搜索

[首页](#) [组织机构](#) [信息公开](#) [科技政策](#) [科技计划](#) [政务服务](#) [党建工作](#) [公众参与](#) [专题专栏](#)

当前位置: 科技部门户 &gt; 国内外科技动态

【字体: 大 中 小】

## 科学家利用大规模比较基因组学绘制A群链球菌候选疫苗图谱

日期: 2019年07月15日 09:21 来源: 科技部

近日, 澳大利亚昆士兰大学等科研人员在Nature Genetics上发表了题为“Atlas of group A streptococcus vaccine candidates compiled using large-scale comparative genomics”的文章, 利用大规模比较基因组学绘制A群链球菌候选疫苗图谱。

A群链球菌 (Group A streptococcus, GAS) 也称化脓性链球菌 (Streptococcus pyogenes), 是链球菌中对人类致病力最强的细菌, 其引起的疾病约占人类链球菌感染的90%。GAS在整个现代医学史上一直是对科学家和临床医生的挑战。即使在合适的抗生素治疗的情况下, GAS造成的侵袭性感染仍导致高死亡率的发生。然而, 迄今为止仍然没有安全有效的GAS疫苗。

在本研究中, 科研人员利用DNA高通量测序技术在疫苗设计中的优势, 分析了世界范围内采样获得的2083个GAS基因组。GAS种群结构显示了由同源重组引起的广泛的基因组异质性, 并被可塑性水平较高的附属基因所覆盖。科研人员在22个国家发现了超过290个临床相关的基因组系统群, 这对全球实用性疫苗的设计具有一定的挑战性。为了确定候选疫苗覆盖率, 科研人员研究了先前报道的所有GAS候选抗原的基因携带和基因序列异质性情况, 发现在28个候选疫苗抗原中, 只有15个候选疫苗抗原的序列自然变异较低, 同时对GAS种群的覆盖率 (>99%) 较高。这一疫苗覆盖率测定技术平台同样适用于在未来研究中对前瞻性GAS疫苗抗原的鉴定。

(摘译自Nature Genetics, Published: 27 May 2019)

扫一扫在手机打开当前页

打印本页

关闭窗口



版权所有: 中华人民共和国科学技术部

地址: 北京市复兴路乙15号 | 邮编: 100862 | 联系我们 | 京ICP备05022684 | 网站标识码bm06000001