

● 电子杂志
● 高影响力论文
● 友情链接
访问总次数

今日访问

当前在线

周军, 曾浔, 尹焱, 郭欣, 张建中. 幽门螺杆菌CagA基因及蛋白序列多态性分析.
世界华人消化杂志 2004年 6月;12(6):1307-1312

幽门螺杆菌CagA基因及蛋白序列多态性分析

周军, 曾浔, 尹焱, 郭欣, 张建中.

102206, 北京昌平流字5号, 中国疾病预防控制中心传染病预防与控制所传染病诊断室. helico@public.bta.net.cn

目的: 结合本实验室研究结果, 充分利用NCBI的核酸和蛋白数据库中检索到的CagA基因碱基和蛋白质氨基酸序列, 分析其序列特征以及与地域和疾病的相关性. 方法: 利用Vector NTI Suite 9.0, ClastalX(version 1.8), Phylip (version 3.5)和Treeview (version 1.61)软件对检索到的幽门螺杆菌CagA基因碱基和蛋白质氨基酸序列进行多序列比较和系统发育分析. 结果: 检索到可以利用的全序列44条, 部分序列560条. 通过44条全序列比对, 相似性分析和构建系统进化树, 发现CagA基因碱基和蛋白质氨基酸序列可分为具有明显地域特征的东西方两类. 通过44条CagA全序列和266条C端部分序列分析, 发现C端相对多变区的重复序列可分为两类: 第一类为菌株共有的不连续重复序列, 第二类为个别菌株特有的连续重复序列, 此类重复序列包含EPIYA模体的重复. 序列特征与疾病的关系分析表明, 非胃癌株中包含第二类重复序列的菌株占13% (9/71), 胃癌株中包含第二类重复序列的菌株占31% (12/39), χ^2 检验 $P=0.021<0.05$, 故可以认为胃癌株中包含第二类重复序列出现率高于非胃癌株, 可以认为包含第二类重复序列的菌株与胃癌有关. 结论: 幽门螺杆菌CagA基因及蛋白序列多态性明显, 具有东西方两个地域聚类特征, 重复序列可分为两类. 第二类重复序列中包含EPIYA模体的重复可能导致菌株致病性增强.

世界胃肠病学杂志社, 北京百世登生物医学科技有限公司, 100023, 北京市2345信箱, 郎辛庄北路58号院怡寿园1066号

电话: 010-85381892

传真: 010-85381893

E-mail: wjg@wjgnet.com

http: //www. wjgnet. com

2004-2007年版权归世界胃肠病学杂志社和北京百世登生物医学科技有限公司