



科学家在化脓性链球菌的发病机制研究中获得新发现

日期: 2019年03月13日 08:57 来源: 科技部

近日, 美国休斯顿文理公会医院等研究人员在Nature Genetics上发表了题为“Integrated analysis of population genomics, transcriptomics and virulence provides novel insights into Streptococcus pyogenes pathogenesis”的文章, 通过群体基因组学、转录组学和毒力的综合分析为化脓性链球菌(Streptococcus pyogenes)的发病机制提供了新的见解。

化脓性链球菌是致病力最强的一种链球菌, 广泛存在于自然界、人及动物粪便和健康人鼻咽部, 能产生多种毒素(链球菌溶素O和S、红疹毒素)、M蛋白、脂磷壁酸和链激酶、链道酶、透明质酸酶等致病因子, 可引起急性咽炎、呼吸道感染、丹毒、脓疱病、软组织感染、心内膜炎和脑膜炎等。尽管全世界每年因化脓性链球菌感染的病人已达7亿, 然而目前尚无针对这种细菌的疫苗获批。虽然已有许多大规模的细菌病原体基因组学研究发表, 但是目前对大型细菌种群的基因组、转录组和毒力之间的关系仍知之甚少。化脓性链球菌按照M蛋白编码基因emm的不同, 可分为上百种型别, 产生的抗原性、毒素种类、毒性强弱及引起的症状均有不同, 其中emm 28是引起侵袭性感染和儿童链球菌中毒性休克综合征(STSS)的主要型别之一。在本研究中, 科研人员对2101株emm 28化脓侵袭性菌株进行了基因组测序, 并从中选择492个系统发育不同的菌株进行转录组分析、50个菌株进行毒力评估。通过全基因组关联研究、表达数量性状基因座分析、机器学习和等基因突变株鉴定并确认了基因间区的单个核苷酸的插入缺失能够显著改变全基因组转录谱, 并最终改变细菌毒性。该研究采用的综合研究策略可普遍适用于任何微生物, 并且可能为许多病原体引起的疾病提供新的治疗方法。(摘译自Nature Genetics, Published: 18 February 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 | 地理位置图 | 京ICP备05022684 | 网站标识码bm06000001