

新闻公告

[通知公告](#)
[新闻快讯](#)
[下载中心](#)
[更多>>](#)

- ▶ 浙江省医学遗传学重点实验室突发事件应急预案 [12-20]
- ▶ 浙江省医学遗传学重点实验室管理制度 [12-20]
- ▶ 浙江省医学遗传学重点实验室财务管理规定 [12-20]
- ▶ 学院会议室使用管理规定 [12-20]
- ▶ 基因诊断室准入须知 [12-20]

新闻快讯

您现在的位置在：[首页](#) > [新闻公告](#) > [新闻快讯](#)**Sci. Transl. Med.:** 霍乱正在改变疫区居民的基因组

浏览次数: 175 来源: 中国科技网 作者: 陈丹 发布时间: 2013-07-10 返回

中国科技网讯据《科学》杂志网站近日报道,霍乱每年夺去成千上万人的生命,但人体并没有坐以待毙,研究人员现已找到证据:在霍乱流行的孟加拉国,当地人的基因组已经进化出多种不同的方式来应对这种疾病。这是人类进化发生在现代社会的一个引人注目的例子,研究传染病对人类进化的影响将有助于设计更有效的疫苗。

霍乱已经蔓延到了全球,但这种疾病的中心地带位于分属印度和孟加拉的恒河三角洲。孟加拉国儿童长到15岁时,就有一半已经感染了经由受污染的水和食物传播的霍乱病菌。这种微生物可导致严重腹泻,如果得不到治疗,“它能在几小时内就置你于死地”,参与这项研究的哈佛大学计算遗传学家埃莉诺·卡尔森说。不过,很多感染霍乱的人只有轻微症状、甚至毫无症状,表明他们已经产生了适应性。波士顿马萨诸塞州总医院的传染病专家里贾纳·拉罗克认为,这是霍乱病菌推动人类进化的一个线索。

为了弄清霍乱对人类进化的影响,研究人员使用了一种新的统计技术,能够精确定位受到自然选择影响的部分基因组。通过分析孟加拉国36个家庭的DNA,并将其与欧洲西北部、西非和东亚人的基因组进行比对,他们发现,自然选择在这些孟加拉人基因组上的305个区域留下了痕迹。

这项于7月3日在线发表于《科学·转化医学》上的研究显示,一类正在演变为对抗霍乱的基因是负责编码钾离子通道的,该通道可以释放氯离子进入肠道,而霍乱病菌释放的毒素正是通过刺激这一通道进而引发严重腹泻的;第二类基因帮助管理NF- κ B蛋白,该蛋白是炎症的主控制器,参与调控人体对霍乱病菌的反应;第三类基因是调节炎性体活性的,炎性体是细胞内的一组复杂蛋白群,能够检测病原体、激发炎症反应。不过,研究人员尚不清楚自然选择究竟促使这些基因发生了什么样的变化,才加强了人体防御霍乱病菌的能力。

科学家此前也发现过传染病推动人类进化的其他例子,例如镰状细胞等位基因这种基因变异能够抵抗非洲疟疾。这是第一次用搜索整个基因组的方法来研究霍乱。

拉罗克说,这一研究结果可能不会用于开发新的霍乱疗法,因为目前的霍乱救治措施——迅速帮患者补充水和电解质——效果很好。她说:“霍乱真正的问题在于我们应该如何防范。”这对于缺乏洁净水源的地区来说,确实是一个难题。但了解人类怎样通过进化来对抗霍乱,可能帮助研究人员开发更有效的疫苗。(生物谷Bioon.com)

生物谷推荐的英文摘要



Sci. Transl. Med. DOI: [10.1126/scitranslmed.3006338](https://doi.org/10.1126/scitranslmed.3006338)

Natural Selection in a Bangladeshi Population from the Cholera-Endemic Ganges River Delta

Elinor K. Karlsson^{1,2,*}, Jason B. Harris^{3,4}, Shervin Tabrizi^{1,2}, Atiqur Rahman^{3,5,†}, Ilya Shlyakhter^{1,2}, Nick Patterson², Colm O' Dushlaine², Stephen F. Schaffner^{2,6}, Sameer Gupta⁷, Fahima Chowdhury⁵, Alaullah Sheikh^{5,‡}, Ok Sarah Shin^{3, §}, Crystal Ellis³, Christine E. Becker⁸, Lynda M. Stuart^{2,8}, Stephen B. Calderwood^{3,9,10}, Edward T. Ryan^{3,6,9}, Firdausi Qadri^{5,¶}, Pardis

C. Sabeti^{1,2,6,*},¶ and Regina C. LaRocque^{3,9,*},¶

As an ancient disease with high fatality, cholera has likely exerted strong selective pressure on affected human populations. We performed a genome-wide study of natural selection in a population from the Ganges River Delta, the historic geographic epicenter of cholera. We identified 305 candidate selected regions using the composite of multiple signals (CMS) method. The regions were enriched for potassium channel genes involved in cyclic adenosine monophosphate - mediated chloride secretion and for components of the innate immune system involved in nuclear factor κ B (NF- κ B) signaling. We demonstrate that a number of these strongly selected genes are associated with cholera susceptibility in two separate cohorts. We further identify repeated examples of selection and association in an NF- κ B/inflammasome - dependent pathway that is activated in vitro by *Vibrio cholerae*. Our findings shed light on the genetic basis of cholera resistance in a population from the Ganges River Delta and present a promising approach for identifying genetic factors influencing susceptibility to infectious diseases.

(责任编辑: shuisong.ye)

友情链接:



[网站导航](#) | [网站地图](#) | [隐私保护](#) | [联系我们](#) | [帮助信息](#)

中国检验医学教育网_版权所有 地址: 中国温州茶山高教园区温州医学院 邮编: 325035

Copyright © China Laboratory Medicine and Education, All Rights Reserved

电话: 0577-86699209 0577-86689776 浙ICP备09020369号

温州瑞星科技