



## 我所结核病室与其他单位合作在《Nature Genetics》发表论文，揭示结核分枝杆菌耐药新机制

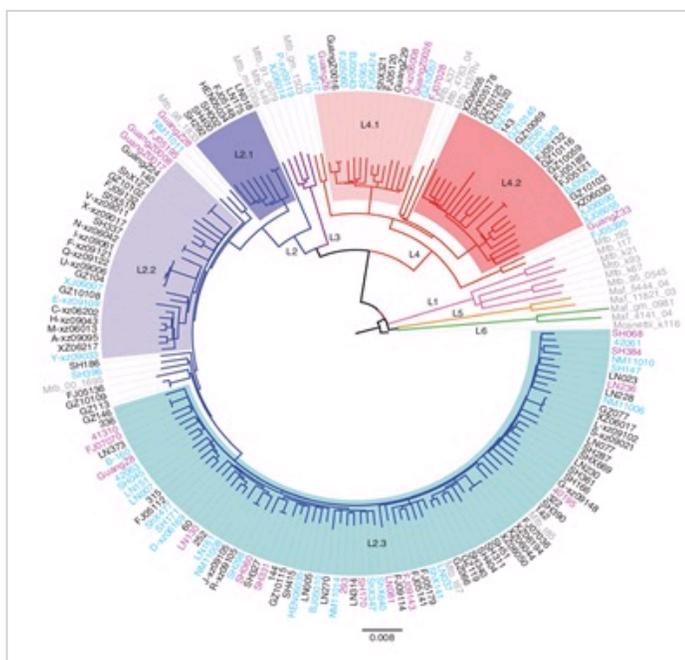
2013-09-16 18:09 打印

我所结核病室与中科院生物物理所、深圳华大基因研究院合作，于2013年9月1日，在《Nature Genetics》杂志上发表了题为“Genome sequencing of 161 Mycobacterium tuberculosis isolates from China identifies genes and intergenic regions associated with drug resistance”的学术论文，揭示结核分枝杆菌耐药新机制的研究成果。

我国是结核病高负担国家之一，仅次于印度，居世界第二位。每年有130万新发结核病患者。最新的全国结核病耐药基：数据显示：我国肺结核病患者中耐多药（MDR-TB）率为8.32%，广泛耐药（XDR-TB）率为0.68%。耐多药/广泛耐药性结核出现和蔓延严重阻碍了我国结核病防治工作的进程。近年来，结核分枝杆菌的耐药研究也成为全球关注的热点和难点问题。

研究人员对来自中国12个省份的161株结核分枝杆菌，包含44株敏感菌，94株多耐药（MDR）菌和23株泛耐药（XDR）进行了全基因组测序和系统分析。研究结果显示：中国地区的结核病人主要受到lineage2和lineage4两个基因家系结核分枝杆菌感染，而且，其中95%的lineage2结核分枝杆菌属于国际上高度关注的北京家族。北京家族的结核分枝杆菌一直被认为有更强的和更容易产生耐药性。

通过本项研究，获得了我国临床耐药结核分枝杆菌中已知耐药相关基因的突变情况，新发现了与结核分枝杆菌耐药性相关72个编码基因和28个基因间隔区的突变状况等。由于该研究分析的菌株来源于全国各地，其结果具有广泛的代表性，并为研究结核分枝杆菌耐药性发生机理及治疗药物提供了一定的基础和新的线索。



图示：从中国12个省份中收集的161结核分枝杆菌的进化分析图。其中，灰色菌株名代表以前公布过的结核分枝杆菌株。

菌株名代表敏感结核分枝杆菌株，黑色菌株名代表多耐药（MDR）结核分枝杆菌株，粉红色菌株名代表广泛耐药（XDR）结核分枝杆菌株。

[点击下载论文全文](#)