



传染病诊断室《GUT》发表论文，在幽门螺杆菌混合感染及进化机制研究中获重要进展

2014-08-05 08:53 打印

我所传染病诊断室牵头，与德国、英国、日本及国内外多家科研及临床单位密切合作，于2014年7月31日（7月9日 Online）在《GUT》杂志上发表了题为“Progressive genomic convergence of two *Helicobacter pylori* strains during mixed infection of a patient with chronic gastritis”的学术论文，在幽门螺杆菌混合感染及进化机制研究中获重要进展。

幽门螺杆菌在人类胃部长期感染定植可引起包括胃癌在内的多种严重疾病，其中10%以上的感染者呈一株以上的幽门螺杆菌的多重感染状态，这种长期感染可以持续很多年，期间会因高频率的突变和重组发生基因组进化；由此产生的幽门螺杆菌菌株间的高度变异成为幽门螺杆菌的一个重要特征，其发生机制及与此关联的致病机制和耐药问题为全球关注热点和重要科学问题。

本研究通过对来自同一病人胃粘膜标本来源的两株共感染幽门螺杆菌（18个克隆）的基因组分析，首次直接揭示幽门螺杆菌两株菌的共同感染可稳定持续多年，并发现菌株间的重组较菌株自身的重组和突变更重要。为进一步研究在宿主内的幽门螺杆菌进化和临床干预策略奠定了重要基础。

论文全文下载：

[正文PDF](#)

[table S1](#)

[table S2](#)

[table S3](#)

[table S4](#)

[table S5](#)

Qizhi Cao,^{1,2,3} Xavier Didelot,⁴ Zhongbiao Wu,⁵ Zongwei Li,⁶ Lihuan He,^{1,2} Yunsheng Li,⁵ Ming Ni,⁶ Yuanhai You,^{1,2} Xi Lin,⁵ Zhen Li,⁶ Yanan Gong,^{1,2} Mingqiao Zheng,⁵ Minli Zhang,⁶ Jie Liu,^{1,2} Weijun Wang,⁵ Xiaochen Bo,⁶ Daniel Falush,^{7,8} Shengqi Wang,⁵ Jianzhong Zhang^{1,2}

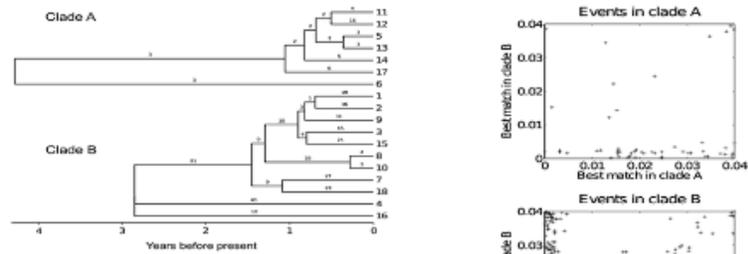


Figure 2 ClonalFrame time-scaled tree of the 18 isolates, with numbers of inferred recombination events indicates on branches.

genes shared by all 18 genomes were analysed based on their alignment in MAUVE.⁴⁹

Antibiotic susceptibility testing

Susceptibility of the *H. pylori* isolates to the six antibiotics:

Gut Online First, published on July 9, 2014 as 10.1136/gutjnl-2014-307345

Helicobacter pylori



中国疾病预防控制中心传染病预防控制所

中国疾病预防控制中心传染病预防控制所 京ICP备14025369号-1 建议使用1024*768 分辨率, IE6.0以上浏览器
地址: 北京市昌平流字5号 | 邮编: 102206 |