研究揭示幽门螺杆菌如何“走出非洲”

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/20873.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

研究揭示幽门螺杆菌如何“走出非洲”。11月1日，中国科学院上海巴斯德研究所研究员Daniel Falush团队与挪威奥斯陆大学合作，在《自然-通讯》（*Nature Communications*）上，在线发表了题为*Repeated out-of-Africa expansions of Helicobacter pylori driven by replacement of deleterious mutations*的研究论文，报道了多次新的幽门螺杆菌非洲谱系“走出非洲”，并逐渐取代欧洲、中东当地谱系的独特进化历史。该研究证实“走出非洲”过程中“瓶颈效应”造成的有害突变累计是后续迁徙和取代其他地区当地谱系的原因。

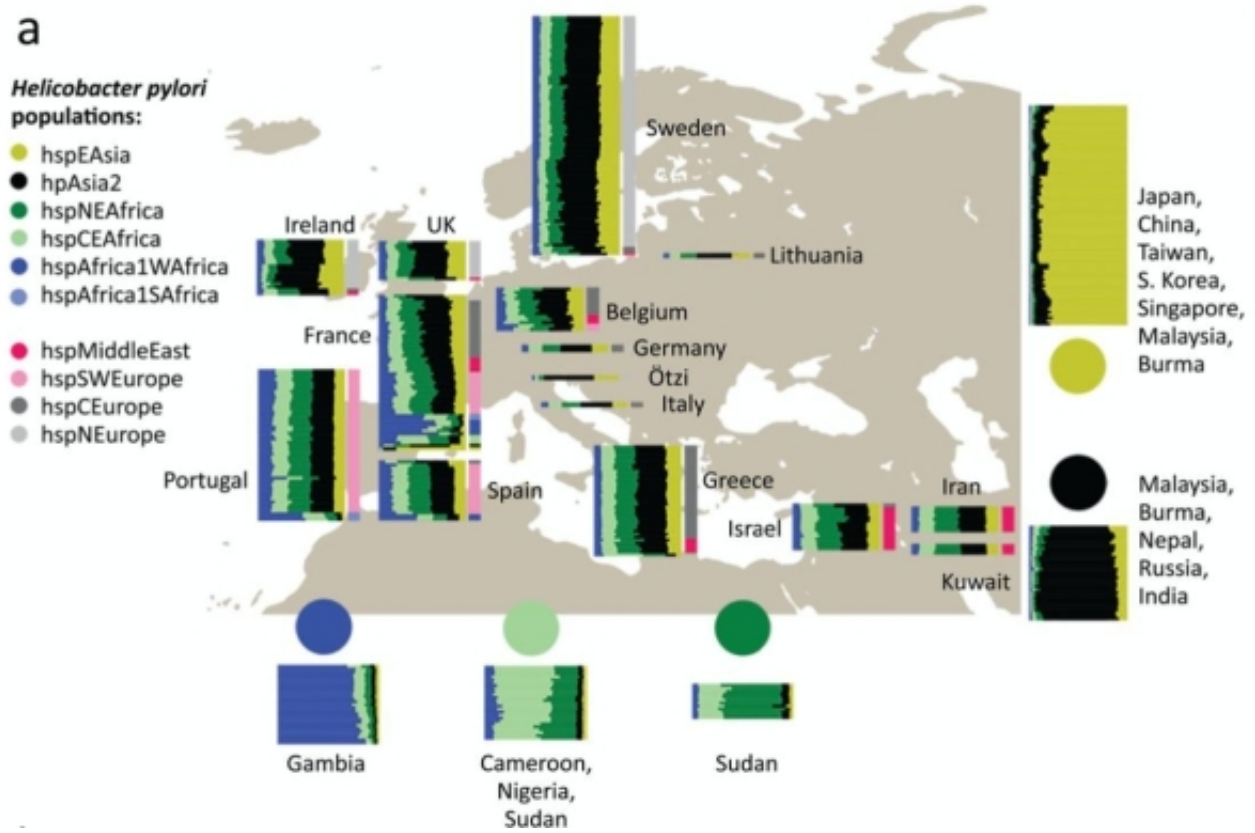
幽门螺杆菌是一种寄生在人体胃内的细菌，是世界上人群感染率最高的细菌之一。幽门螺杆菌感染会导致慢性胃炎和消化性溃疡，并会显著增加胃癌风险。以往研究通常认为幽门螺杆菌与其宿主人类具有颇为相似的进化历史，在人类祖先5万年前通过一次“走出非洲”事件被传播至世界各地。

该研究分析来自非洲、欧洲和亚洲的幽门螺杆菌基因组序列，发现至少存在三次独立的“走出非洲”事件。研究进一步表明，在遗传多样性水平相似的情况下，与非洲菌株相比，欧亚菌株积累了更多的非同义突变，证明了最初迁徙出非洲后对于细菌适应性产生了重要影响。作为杂合体的欧洲菌株缺乏亚洲血统（ancestry），表明了后续基因融合过程中这部分血统被取代。

研究表明，尽管幽门螺杆菌依赖人类传播，但其DNA与人类DNA的传播模式不同。该研究证明重要种群事件（如“走出非洲”）影响细菌适应性以及种群动态变化模式。

研究工作得到上海市市级科技重大专项等的支持。

论文链接



幽门螺杆菌hpEurope菌株祖先血统（ancestry）构成

研究团队单位：上海巴斯德研究所

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发