研究揭示多耐-高毒肺炎克雷伯氏菌形成新机制

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/33304.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！

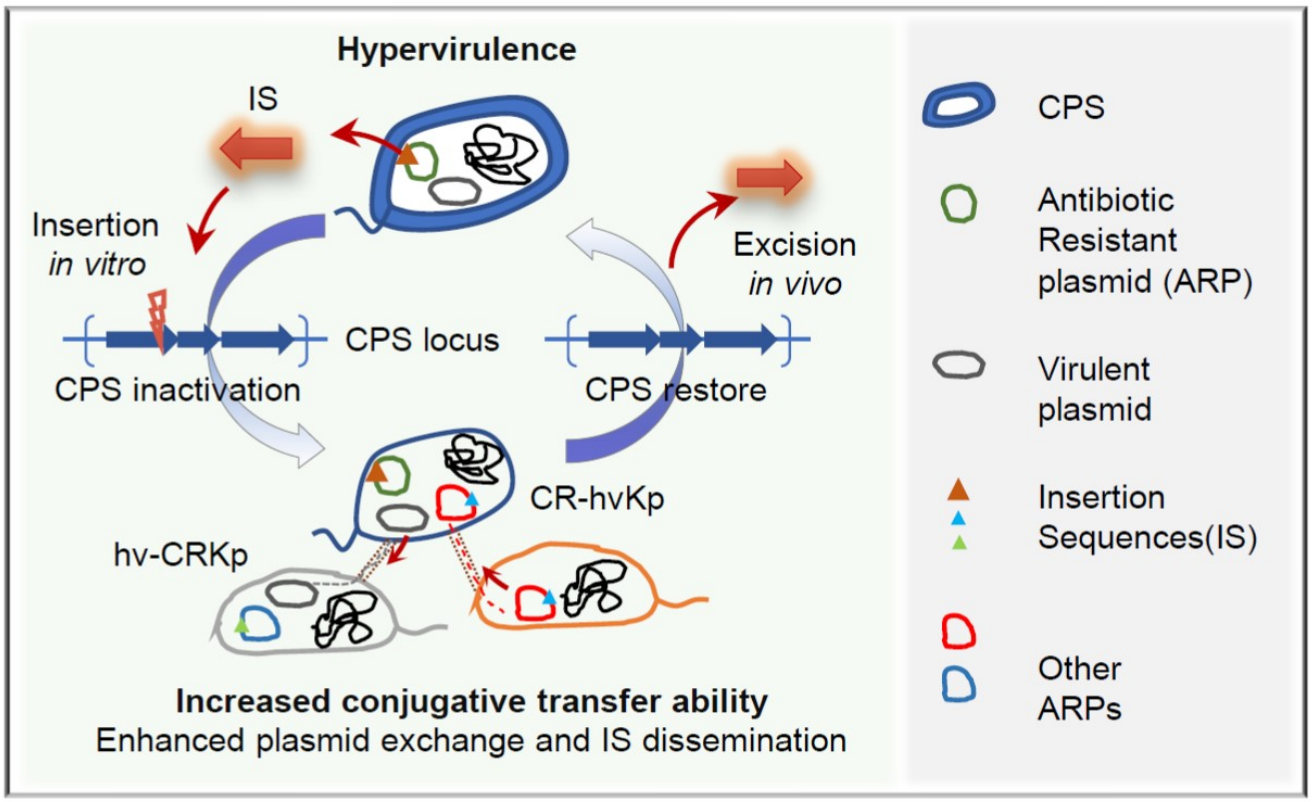
研究揭示多耐-高毒肺炎克雷伯氏菌形成新机制
。肺炎克雷伯菌是临床常见致病菌，能够引发肺炎、血流感染等多种疾病。近年来，碳青霉烯耐药（CRKP）和高毒力（hvKP）菌株导致的感染不断增加，威胁公共卫生安全。更严峻的是，这两类菌株特征正在融合，形成同时具备高毒力与多重耐药性的CR-
hvKP。它们的融合与质粒的水平转移相关，但具体机制尚不明晰。

中国科学院微生物研究所
研究员冯婕团队发现，插
入序列在CR-hvKP的进化中发挥了重要作用。
插入序列是能够“ 跳跃 ”的移动遗传元件，可插入或切离基因组特定位置。研究显示，高毒力肺炎克雷伯菌获得了携带碳青霉烯耐药基因*bla*
NDM-1的IncX3质粒，而该质粒携带插入序列IS*5*和IS*Kox3*。这些
插入序
列能够高频插
入荚膜多糖合成基因，并导
致细菌失去荚膜。在体外实验中，这种由
插入序列介导的“ 荚膜相变 ”提高了耐药质粒与毒力质粒的接合转移效率，使多耐药和高毒力快速融合，并
增强了细菌的生长速度
和生物膜形成能力，提升其环境适应性。进一
步，
小鼠
模型实验
显示，荚膜缺失会
导致毒力和肠道定植能力下降。但是
，在长期定植过程中，
插入序列的自发切除可恢复荚膜表达，使细菌重新获得高毒力和定植优势。

该研究揭示了插入序列通过调控荚膜表达，推动耐药性与毒力基因融合的动态机制，为研究CR-hvKP的进化与传播提供了新思路。

近日，相关研究成果发表在《基因组医学》（*Genome
Medicine*）上。研究工作得到科学技术部、中国科学院等的支持。

论文链接



插入序列促进了肺炎克雷伯菌多重耐药性与高毒力基因的基因组趋同进化

研究团队单位：微生物研究所

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