

导读与评议(2017年第3期)

瞿涤

复旦大学基础医学院病原生物学系,医学分子病毒学教育部/卫生部重点实验室,上海 200032

目前,人体微生物组已成为生物医学研究的热点,有关成果将改变以往人们对微生物的认识。本刊特邀请有关专家撰写了人体微生物组方面的文章。郭晓奎教授在《人体微生物群与微生物组》一文中,对微生物群和微生物组的概念进行了解释,阐述了人体微生物群与机体的相互作用模式,概括了微生物群与人体有关疾病的关系,提出了人体微生物组研究中亟待解决的问题:基础研究技术的发展、相关数据的规范化和挖掘、微生物群与宿主如何相互作用、人体微生物群致病机制、以微生物群为靶标的疾病诊断技术和产品及干预技术和产品的研发、相关诊断和干预技术或产品的规范管理。周学东教授等从口腔微生物组的角度,讨论了口腔微生物的组成、演替特点、与口腔和全身系统性疾病的关系及肠道微生物组交互作用对宿主的影响,指出利用高通量测序技术分析口腔微生物群可获得海量数据,但如何有效地将生物学大数据转化为具有实际应用价值的临床诊疗手段等仍需进一步研究。秦金红研究组分析比较了农村家养鸡与大型养殖场鸡肠道菌群组成及抗四环素抗性基因在肠道菌群中的分布情况,发现家养鸡较养殖场鸡的肠道菌群更具多样性,而抗生素抗性基因在养殖场鸡的肠道菌群中分布更广泛,提示在畜牧业中存在抗生素抗性基因扩散至人的潜在可能性。

本期刊出的论著中,有2篇通过构建动物模型或病毒突变模型对相关病原进行了研究。牛辰课题组利用CRISPR/Cas9技术构建了肿瘤坏死因子 α (tumor necrosis factor α , TNF- α)突变型斑马鱼,并研究了海分枝杆菌感染在该TNF- α 突变型斑马鱼

中的增殖情况,为后续研究TNF- α 在斑马鱼抵抗海分枝杆菌感染中的作用及其免疫调节机制打下了基础。邓强和高月求课题组基于乙型肝炎病毒X蛋白(hepatitis B virus X protein, HBx)基因删除(X-null)的HBV重组共价闭合环状DNA(recombinant covalently closed circular DNA, rcccDNA)模型系统,在细胞水平和尾静脉高压注射小鼠模型中研究了HBx的作用机制,揭示细胞增殖特征与CRL4不依赖HBx上调病毒抗原分泌表达的效应密切相关,有助于HBx生物学意义的准确分析和理解。

此外,彭清忠和刘先凯课题组利用改良克隆方法构建基因打靶质粒,并以炭疽芽孢杆菌A16D2株为出发菌株构建了与毒力有关的碱性丝氨酸蛋白酶基因(BA2380)缺失突变株,为后续研究BA2380基因的功能和作用机制打下了基础。钟照华课题组构建了柯萨奇病毒B3型(coxsakievirus B3, CVB3)3D蛋白原核表达质粒,纯化了重组蛋白,制备了效价高且特异性强的抗CVB3 3D蛋白的多克隆抗体,可用于后续CVB3 3D蛋白在心肌表达中的时序和分布研究。这些研究均为以后相关病原的深入研究奠定了良好的基础。

本期还刊登了2篇综述。一篇讨论了新的程序性细胞死亡:细胞焦亡(pyroptosis),又称细胞炎性坏死。炎性小体的激活在细胞焦亡过程中扮演重要角色,深入研究炎性小体激活和细胞焦亡的相关机制,有助于认识其在炎性疾病的发生发展和转归中的作用,为临床相关疾病的治疗和预防提供新策略。另一篇讨论了艾滋病痴呆综合征蛋白质组学的近期研究进展。