

## ANALIZA CZYNNIKÓW WIRULENCJI *HELICOBACTER PYLORI* W ŚWIETLE GENOMIKI

**Renata Godlewska, Elżbieta Katarzyna Jagusztyn-Krynicka**

1. Wstęp. 2. Ogólna charakterystyka *H. pylori*. 2.1. Charakterystyka genomu. 3. Zmienność szczepów *H. pylori*. 3.1. Mozaikowość genu *vacA*. 3.2. Białko CagA i wyspa patogenności. 3.3. Zmienność fazowa genów *H. pylori*. 4. Ureaza - główny czynnik kolonizacji *H. pylori*. 5. Adhezja. 6. Systemy transportu białek na powierzchnię komórki. 7. Regulacja ekspresji genów. 8. Podsumowanie

### ***Helicobacter pylori* pathogenicity and bacterial genomics**

*Abstract:* *Helicobacter pylori*, one of the most common bacterial pathogens of humans, is a curved, microaerophilic, Gram-negative bacterium that persistently colonizes the gastric epithelium, causes gastritis, peptic ulcer disease, and is associated with certain types of gastric cancer. The analysis of the complete genomic sequence of two unrelated pathogenic *H. pylori* strains and other pathogens has extended our knowledge of bacterial genomic system, molecular mechanisms of genetic change and adaptive mutations, mechanisms of pathogenesis and evolutionary history of this organism. This review focuses on the contributions of published *H. pylori* sequences, as well as the contributions of recent findings from genetic studies, to understanding of determinants of pathogenicity.

1. Introduction. 2. Characteristic of *H. pylori*. 2.1. Characteristic of genome. 3. Genomic diversity of *H. pylori* strains. 3.1. *vacA* mosaicism. 3.2. CagA and pathogenicity islands. 3.3. Phase-variation of the *H. pylori* genes. 4. Urease - major colonization factor of *H. pylori*. 5. Adhesion. 6. Protein secretion. 7. Regulation of gene expression in *H. pylori*. 8. Summary

Zakład Genetyki Bakterii, Instytut Mikrobiologii UW  
Ul. Miecznikowa 1, 02-096 Warszawa  
e-mail: [renatag@biol.uw.edu.pl](mailto:renatag@biol.uw.edu.pl)

*Wpłynęło w styczniu 2003 r.*