# Article information:

Determination of Genomic Epidemiology of Historical Clostridium perfringens Outbreaks in New York State by Use of Two Web-Based Platforms: National Center for Biotechnology Information Pathogen Detection and FDA GalaxyTrakr - PMC  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8111140/>

# Article summary:

1. 产气荚膜梭菌是美国细菌性食源性疾病的第二大原因，纽约州卫生部的沃兹沃思中心（WC）列举了主要患者和食物样本的感染剂量。

2. 基于全基因组序列的亚型可以像其他肠道生物一样有益于这种病原体的流行病学研究，使用两个基于Web的平台构建系统发育树：国家生物技术信息病原体检测中心（NCBI-PD）和GalaxyTrakr。

3. WGS系统发育簇与流行病学定义的暴发基本一致，具有有限的成对SNP多样性，允许将系统发育簇与散发病例区分开来，并可以通过识别异常值和多克隆样本来帮助流行病学调查。

# Article rating:

May be slightly imbalanced: The article presents the information in a generally reliable way, but there are minor points of consideration that could be explored further or claims that are not fully backed by appropriate evidence. Some perspectives may also be omitted, and you are encouraged to use the research topics section to explore the topic further.

# Article analysis:

本文是一篇关于使用全基因组序列分析历史性产气荚膜梭菌暴发的研究。文章提到了使用两个基于Web的平台进行系统发育树构建，并对76年2010月至2020年52月期间收到的13份患者和食物样本进行了回顾性测序。文章得出结论，无论使用何种分析平台或参考基因组，WGS系统发育簇与流行病学定义的暴发基本一致，并且具有有限的成对SNP多样性，允许将系统发育簇与散发病例区分开来。

从文章内容来看，作者并没有表现出明显的偏见或宣传内容。但是，文章可能存在一些缺失和未探索的反驳点。例如，在分析过程中是否考虑了其他可能影响结果的因素？在确定暴发范围时是否考虑了其他可能存在的感染源？此外，文章并没有提及任何可能存在的风险或注意到可能存在的局限性。

总之，这篇文章提供了有关使用全基因组序列分析历史性产气荚膜梭菌暴发的重要信息，并得出了相关结论。然而，在进一步研究中需要更加全面地考虑可能存在的因素和风险。

# Topics for further research:

* Other factors that may affect the results of the analysis
* Other possible sources of infection when determining the outbreak scope
* Risks and limitations that may exist
* Further research needed to consider all possible factors and risks
* Limitations of the study
* Potential biases or limitations not addressed in the article

# Report location:

<https://www.fullpicture.app/item/85599b371aa91a51b5f920f8a7c09dd1>