呼吸道微生物组决定机制研究获进展

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/19942.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！

呼吸道微生物组决定机制研究获进展。近日，中山大学中山医学院教授丁涛团队与教授田国宝团队合作，研究揭示了口腔细菌对于肺部菌群和肺部健康的差异化塑造作用。相关研究在线发表于《先进科学》（Advanced Science）。

该研究团队发现，肺部菌群由口腔和鼻腔菌的输入共同塑造，而口腔菌输入占比越高所塑造的肺部菌群与肺部炎症因子的上升和肺功能水平的下降显著相关。

肺部曾经一度被认为是无菌的。近年来针对肺部样本的微生物组研究已经证实了，在健康个体的肺部中也存在共生细菌，然而其起源和形成方式目前尚不明确。口腔和上呼吸道与肺部在生理结构上直接相连，口腔中的细菌是肺部菌群最可能的来源，然而对于口腔和上呼吸道的菌群对于肺部菌群塑造的具体过程，以及这一过程是否影响肺部健康，我们目前的认知仍不清楚。

在该研究中，研究人员在中山大学附属第五医院招募了包含99名受试者的临床队列，并对其口腔、鼻拭子、咽拭子、肺泡灌洗液（BAL）中的微生物群落进行宏基因组测序。随后通过应用中性模型建模分析，研究团队发现口腔和鼻腔通过占据肺部菌群的不同生态位共同塑造肺部菌群，其中口腔菌群占据肺部的优势生态位。对肺部菌群的溯源分析进一步发现，口腔菌群对于肺部菌群肺输入存在显著的个体异质性，呈现双峰分布的特征。基于该发现，研究团队提出菌群肺型（pneumo-types）的概念，将肺部菌群识别为两种肺型，并且通过两组外部数据进一步验证了两种肺型的存在。

研究人员进一步探索了两种肺型的微生物表型和功能差异，发现高口腔输入型（HOIT: High oral input type）的人群其肺部菌群中的厌氧菌占比更高，并且形成生物膜的能力更强；同时富含大环内酯类的耐药基因。为了探索口腔菌群输入对于肺部健康的影响，研究人员结合临床资料和肺泡灌洗液的细胞因子测定的结果，发现HOIT肺型的肺功能水平（DLCO）明显更低，促炎因子（IL-1α、IL-1β、PDGF-AA等）水平更高，同时术后住院时间更长，由此可以知道口腔菌输入对肺部菌群的这种差异化塑造会显著影响肺部的健康情况。

这项研究关注肺部菌群的决定机制和组装过程，首次阐明了口腔菌在塑造肺部菌群中的关键作用，揭示差异化塑造肺部菌群的具体过程，并探索了肺型和呼吸道健康之间的关联；这项工作的发现提示了使用口腔微生物作为非侵入性样本替代BAL来评估肺部健康的潜力，为口腔微生物干预来调节肺部微生物乃至呼吸健康提供了理论支持。（来源：中国科学报朱汉斌）

相关论文信息：http://doi.org/10.1002/advs.202203115

作者：丁涛等 来源：《先进科学》

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