环境污染暴露、呼吸道菌群与呼吸健康关系获揭示

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/23547.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！

环境污染暴露、呼吸道菌群与呼吸健康关系获揭示。

6月22日，华南师范大学生命科学学院研究员王璋团队联合广东省疾控中心、广州医科大学附属第一医院-广州呼吸健康研究院等研究机构，通过大规模人群呼吸道菌群多组学分析，揭示了环境污染暴露、呼吸道菌群与呼吸健康的关系。相关研究发表于Nature Medicine。

该研究依托2019年广东省居民慢性阻塞性肺疾病(慢阻肺)流行病学调查项目，对广东省6个城市/地区，18个社区，36个居委会，共3,800余居民进行了问卷调查、肺功能检查、身体测量、并进行了诱导痰样本的采集。对诱导痰样本进行了严格的质控及微生物组分析，共获取了呼吸道细菌16 S rRNA基因扩增子1,651例、真菌ITS扩增719例、宏基因组1,128例。

研究发现，不同的污染暴露因素通过不同的呼吸道细菌或真菌群落发挥作用。基于呼吸道奈瑟菌(Neisseria)将人群分为两个亚组，其呼吸道症状评分与职业污染暴露之间的关联具有显著差异。基于呼吸道细菌与真菌群落特征，研究测算了个体化的呼吸道菌群健康指数，发现其随着污染暴露、呼吸道症状及呼吸疾病同步发生变化，提示该指数可能指示个体受污染暴露所导致的潜在呼吸健康风险。环境污染暴露是早期慢阻肺发生的重要风险因子。

通过多元网络分析，研究发现环境污染暴露可促进呼吸道细菌-真菌的交互作用。该互作模式从健康人群、慢阻肺风险人群、到慢阻肺患者中显著增强，且慢阻肺风险人群及慢阻肺患者中具有独特的呼吸道细菌-真菌互作模式。提示基于呼吸道跨界微生物群落的个体化健康指数和互作模式可能为早期慢阻肺的发生提供潜在新型标志物。

该研究通过大规模人群呼吸道菌群分析，揭示了环境污染暴露通过呼吸道菌群影响呼吸健康的可能方式，为基于呼吸道菌群的环境污染暴露风险分层，及靶向呼吸道菌群的风险预防提供科学依据。(来源：中国科学报 朱汉斌)

相关论文信息：https://doi.org/10.1038/s41591-023-02424-2

作者：王璋等 来源：《自然—医学》

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