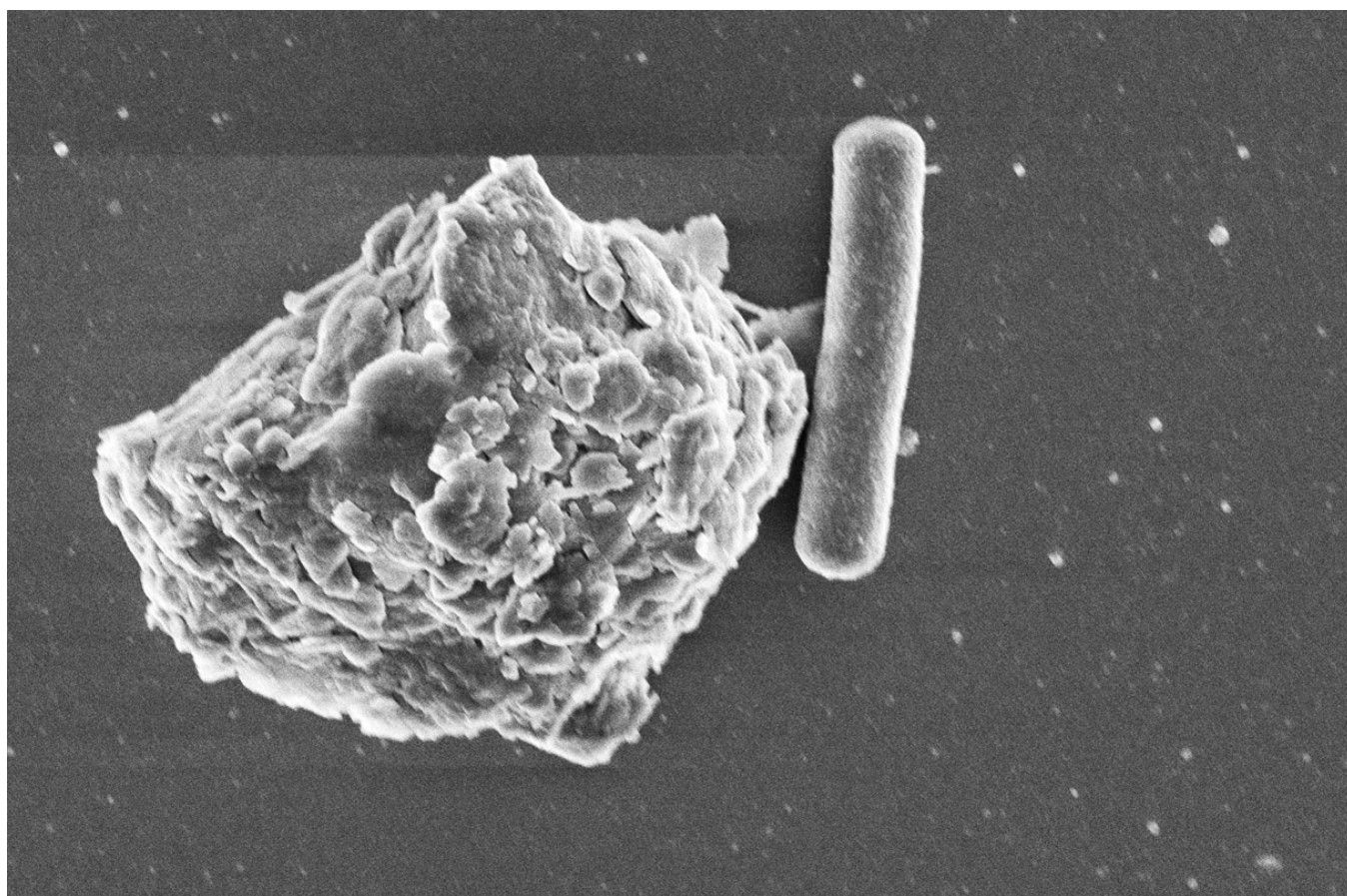

人类关键肠道微生物可能来自奶牛

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/26544.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！

人类关键肠道微生物可能来自奶牛。即使是严格的素食主义者也需要微生物的帮助来消化植物。尽管人类口腔、胃和肠道中的酶可以分解糖果和土豆中的简单碳水化合物，但它们不能自行溶解植物细胞壁的关键成分纤维素。相反，人们依靠肠道中的细菌来完成这项工作。



纤维素（左）和肠道细菌哈氏真杆菌。图片来源：ITZIK-MIZRAHI

近日，一个研究小组在《科学》报道称，数千年前，人类可能首次从奶牛或其他动物身上获得了这些有益的微生物。然而，该研究小组得出结论，现在，这些微生物在一些人群中变得越来越稀少，尤其是在工业化国家人群中。

罪魁祸首可能是人类越来越沉迷于快餐和包装食品。没有参与这项研究的美国哈德逊医学研究所

微生物学家Samuel Forster说，食用高度加工的食品似乎改变了这些细菌群落，而这些变化可能对我们的健康产生不利影响。

几年前，以色列本·古里安大学的微生物生态学家Itzik Mizrahi和Sarah Morais发现，一种名为cttA的基因不仅存在于奶牛肠道细菌中，也存在于人类肠道微生物中。人们经常依赖肠道细菌将膳食纤维分解为副产品，如短链脂肪酸，以保持人体免疫和心血管系统的运转，并帮助新陈代谢。微生物学家深入研究人类肠道微生物组，即组织中细菌和其他细菌的混合物，发现了一种处理纤维素的细菌，但它缺乏cttA基因。

Morais、Mizrahi和同事想知道在人类肠道微生物中是否能发现其他奶牛的细菌基因。他们扫描了近5000个牛肠道微生物DNA样本和92143个人类肠道微生物DNA样本，最终确定了62个完整的人类和奶牛的微生物基因组进行分析。

研究小组报告称，比较这些基因组中的纤维素体编码基因时，他们发现了3种人类肠道微生物物种的纤维素体与奶牛细菌的纤维素体非常相似。Mizrahi认为，早期的农民可能在大约1万年前驯化初期处理奶牛粪便时首次获得了这些细菌。一旦进入人体，这些反刍动物的微生物就会适应新的环境，并变得多样化。

为了更好地了解这段历史，研究人员在墨西哥和美国西南部1000至2000年前的人类粪便，以及现代狩猎采集者和农村居民的粪便中寻找纤维素降解细菌。他们将所有这些数据与工业国家的人类微生物数据进行了比较。

研究表明，几个世纪以来，在工业化社会的许多人身上，特定的纤维素降解细菌菌株已经减少甚至消失，很可能是因为那里的饮食往往含有较少的纤维素，而这些微生物需要纤维素才能茁壮成长。超过40%的古人类样本中有这些细菌，五分之一的现代狩猎采集者和农村居民也有这些细菌。但研究小组报告称，在丹麦、瑞典、美国和中国等地，只有不到二十分之一的人有这些细菌。研究人员说，如果没有这些细菌，消化纤维素将非常困难。

比利时根特大学的微生物生态学家Tom Van de Wiele说：归根结底，工业化使我们的肠道似乎失去了巨大的微生物多样性，剥夺了我们的饮食中的膳食纤维，使我们失去了帮助我们获得更好肠道健康的微生物。

然而，丹麦技术大学的生物化学家Bernard Paul Henrissat表示，未来还需要做更多工作来确定纤维素是否真的被人体肠道分解，如果是的话，是哪种细菌分解的。美国密歇根大学医学院的微生物学家Eric Martens也质疑这些细菌是否与奶牛的工作方式相同。他指出，反刍动物需要很长时间才能分解生纤维素，在人类身上，这些细菌可能只是处理更易消化的纤维素。（来源：中国科学报李惠钰）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1126/science.adj9223>

作者：Itzhak Mizrahi 来源：《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](https://www.iikx.com)转发