
我国团队发现肠道菌群是决定人体年龄的重要因素

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/27599.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！

我国团队发现肠道菌群是决定人体年龄的重要因素

。在人类的肠道中，居住着数以万亿计的肠道微生物，称之为肠道菌群。肠道菌群深度参与人体的各种生理过程，与人体的健康或疾病状态息息相关。

近年来，越来越多的研究证明，肠道菌群与人体的衰老与代谢密切相关。然而，截至目前的研究结果，大多缺乏前瞻性。尤其是对肠道菌群在衰老和代谢中的作用，以及对心血管疾病风险调控的作用缺乏深入研究。

发表的论文。本文图片 上海交通大学医学院附属瑞金医院供图

北京时间2024年6月6日，上海交通大学医学院附属瑞金医院国家代谢性疾病临床医学研究中心、上海市内分泌代谢病研究所王卫庆教授、毕宇芳教授团队与华大生命科学研究院、华大基因智惠医学研究院在《自然-医学》（《Nature Medicine》）杂志上发表论文，首次提出“肠道菌龄”的概念，认为肠道菌群是决定人体年龄的重要因素，这一年龄并不以人的生理年龄为标准。也就是说，拥有健康肠道菌群的老年人也会更“年轻”，不健康的肠道菌群让年轻人更“衰老”。这一研究揭示了肠道菌群调节代谢衰老的潜在价值，有望为衰老评价体系提供新标志。

此外，该研究分析还发现，这些“年轻”菌群对代谢紊乱的老年人群的远期心血管疾病，具有显著的调控作用。这意味着，“肠道菌龄”或许能够治疗或减缓衰老、降低与代谢相关的心血管疾病。

在这项研究中，专家团队收集了近2万例、40岁以上人群，积累了最长11年的随访数据，综合考虑了包括肥胖、胰岛素敏感性、糖代谢、脂代谢、血压、肝功能、肾功能等在内的21项代谢指标，开创性地构建了5种“代谢共患病亚型簇”，揭示了代谢异常亚型与心血管疾病发生风险的关联。用日常体检的简单指标就可以把各种代谢异常分成不同类型，即便是同一种疾病，但不同的代谢共患病亚型，治疗方法都不一样，为代谢疾病精准治疗提供了依据。



研究团队。

这5种代谢共患病亚型簇，包括：代谢健康簇（MC1）、脂代谢紊乱簇（MC2、MC3）、肥胖与胰岛素抵抗簇（MC4）及糖代谢异常簇（MC5）。

根据11年的随访显示，与代谢健康簇相比，肥胖与胰岛素抵抗簇和糖代谢异常簇人群的心血管疾病发病风险分别增加了75%和117%。

研究团队在另一个独立验证队列中证实，肥胖与胰岛素抵抗簇、糖代谢异常簇与更高的心血管疾病风险有关。这表明，通过识别个体的代谢共患病亚型，可以准确地预测和管理心血管健康风险。这一研究突破了既往千篇一律的单一代谢病评价方式，提出需要针对不同代谢亚型簇，采取不同策略、个体化管理远期心血管健康，从而推动从群体到个体的精准管理方案的制定。

那么肠道菌龄和衰老、代谢病及心血管疾病存在什么微妙关系呢？

研究团队表示，在很多人眼里，代谢病、心血管病是随着年龄增长而很难避免的老年病。现有的研究普遍关注的衰老指标，如表观遗传改变、端粒损耗、蛋白组稳态失衡等，没有考虑肠道微生物的作用。

研究团队对随机入选的4491名个体的粪便宏基因组数据进行了深入分析，揭示肠道菌群组成与个体的年龄和代谢状态存在差异化关联。其中，拟杆菌属（Bacteroides）在年轻人中更为丰富，而普氏菌属（Prevotella）在老年人中更为常见。

基于55种与年龄相关的肠道微生物，研究团队发现，在60岁以上的老年人群中，即使代谢状态严重紊乱，若个体的肠道普氏菌丰度较低，其肠道菌龄更“年轻”，可大幅度降低心血管病的风险。这种保护作用与年龄、性别、教育水平、生活方式、饮食习惯、用药等无关。这表明，肠道菌龄作为一种生物标志物，有望预测心血管疾病风险，成为调节代谢健康老龄化的关键标志。

代谢紊乱与衰老是影响人体健康的重要因素，以中国庞大的人口规模，更是影响国计民生的重要问题。研究团队的这一发现，或有可能从源头控制代谢病、心血管病的发生。

本项研究由上海交通大学医学院附属瑞金医院国家代谢性疾病临床医学研究中心、上海市内分泌代谢病研究所与华大基因合作完成。瑞金医院王卫庆教授为论文最后通讯作者，瑞金医院毕宇芳教授和华大基因李俊桦研究员、钟焕姿博士为共同通讯作者；瑞金医院王天歌研究员、徐敏研究员、陆洁莉教授，华大基因石准博士、任华慧博士为共同第一作者。

作者：陈斯斯，李东 来源：澎湃新闻

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://iikx.com)转发