
预测心血管风险有了新指标

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/27967.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！

预测心血管风险有了新指标。心血管疾病是全球第一大致死病因，衰老和代谢异常是此类疾病的主要危险因素。深入了解肠道微生物组与新陈代谢和衰老之间的关联，对于定制干预措施以促进健康长寿至关重要。

6月6日，华大生命科学研究院、华大基因智惠医学研究院与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合作成果发表于《自然—医学》。

合作团队基于两个40岁及以上、共计2万人、随访11.1年的中老年人群样本，构建了五种代谢共患病亚型簇，揭示了代谢异常亚簇与心血管疾病风险的关系。此外，研究团队完成了4491个个体的肠道宏基因组测序，开发了一种新的肠道菌群健康衰老指标——肠道菌龄，并揭示了肠道菌龄进一步区分心血管风险人群的有效性。

跨越11年，构建五大慢病代谢亚型

人体肠道菌群与衰老和代谢紊乱密切相关。即使年龄相仿，人们肠道菌群的衰老速率也会有所差异，与个体健康水平显著相关，这提示肠道菌群可能成为调节健康老龄化的关键。

然而，由于缺乏前瞻性人群队列，在衰老和代谢异常人群中肠道微生物对长期心血管风险的影响尚不明确。

在该研究中，合作团队首先在10207名自然人群中，利用21项精准测量的代谢指标，将人群分为五大代谢共患病亚型簇，包括：代谢健康簇、脂代谢紊乱簇、肥胖与胰岛素抵抗簇及糖代谢异常簇。

在11.1年的随访显示，与代谢健康的人群相比，肥胖与胰岛素抵抗、糖代谢异常人群的心血管疾病发病风险分别增加了75%和117%。同时，研究团队在另一独立验证队列中，证实了肥胖与胰岛素抵抗的人群和糖代谢异常的人群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。

随后，研究团队对此人群中随机入选的4491个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，拟杆菌属在年轻人中更为丰富，而普氏菌属在老年人中更为常见。

这为深入理解肠道菌群与人体衰老及代谢异质性之间的相互作用提供了全新视角。文章第一作者

、上海交通大学医学院附属瑞金医院研究员王天歌表示。

描述肠道菌群状态的新指标

在进一步研究中，合作团队基于55种与年龄相关的肠道微生物，利用随机森林算法开发了一种新的生物学年龄指标——肠道菌龄，用以描述肠道菌群健康衰老状态。

研究发现，60岁以上的老年人群，即使代谢状态严重紊乱，但如果肠道普氏菌的丰度较低，其肠道年龄会更年轻，可在一定程度上抵御心血管疾病风险。这种保护作用独立于个体的实际年龄、性别、生活方式、饮食习惯和用药情况。

此外，即使在更高龄的老年人群中，年轻菌龄也能降低不健康代谢带来的心血管高风险。这表明，肠道菌龄作为一个生物标志物，在监测与管理代谢紊乱老年人群的心血管疾病风险方面具有重要作用。

未来，我们希望通过评估肠道菌龄、开发靶向调节肠道菌群来降低菌龄的新策略，以期降低心血管疾病发病风险，促进健康衰老。王天歌说道。

文章共同通讯作者、华大基因智惠医学研究院专项科学家钟焕姿表示，通过将宏基因组学及最新的前沿组学技术应用于大规模纵向自然人群、疾病-对照人群、药物临床研究队列等，未来，我们将更深入全面地挖掘代谢病与衰老的组学标志物、解析代谢性疾病的发病机制、探索靶向肠道菌群来实现健康的新途径。（来源：中国科学报刁雯蕙）

相关论文信息：<https://www.nature.com/articles/s41591-024-03038-y>

作者：钟焕姿等 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](https://www.iikx.com)转发