
中国学者首次绘制哺乳动物高分辨率微生物图谱

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/35324.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！

中国学者首次绘制哺乳动物高分辨率微生物图谱。复旦大学公共卫生学院教授栗硕团队首次系统解析了大量此前未知的哺乳动物微生物组多样性，并绘制了临床重要功能元件ARGs的跨宿主共享网络，就像给微生物世界绘制了一张前所未有的地图，拓展了人类对于微生物组成和多样性的认知边界和深度，并为微生物源疾病和抗生素耐药性防控提供重要理论基础。相关研究8月26日发表于《细胞》。

哺乳动物微生物组是指不同哺乳动物宿主体内全部微生物群落的总和，其中部分微生物及其功能元件（如ARGs）能够在不同宿主间发生跨物种传播。哺乳动物体内微生物及其携带的ARGs的跨宿主传播，是潜藏的重大公共卫生风险源，但解析复杂的跨宿主传播网络仍极具挑战。

研究团队首先构建了交叉多组学高分辨率微生物组解析框架，并回收了245个病毒、25442个细菌、13个真菌和2个寄生虫基因组。经过测序和分析，研究团队鉴定出128种病毒、10255种细菌、201种真菌和7种寄生虫，其中约70%的细菌物种（超过7,000种）被推测为潜在新物种，揭示了哺乳动物体内丰富的微生物暗物质。多层次群落结构分析显示，微生物群落在相同地理区域、宿主分类及生活方式下显著相似，表明这些因素是形成与维持群落的关键驱动力。此外，研究团队系统揭示了哺乳动物微生物组中广泛的跨地理区域、宿主分类及生活方式界限的菌株共享现象，涵盖多类微生物群体。

研究团队同时构建了ARG与MGE高精度注释框架，进而在哺乳动物微生物组中鉴定出521种潜在ARGs，涵盖13类抗生素，反映了哺乳动物微生物组中长期未被系统评估的耐药潜力。研究团队同时观测到ARGs与MGEs高度共现，其中约五分之四的共现事件由插入序列介导，提示哺乳动物微生物组可能成为潜在可移动ARGs的储存库。

进一步地，研究团队鉴定出270种重要ARG亚型，涉及七类抗生素，其中多个高频基因在样本库中检出率超过50%，并表现出高丰度，可能会影响多种关键抗生素的疗效。此外，研究团队发现157种重要ARG在哺乳动物与人类微生物组间共享，提示这些重要ARG存在潜在跨物种交换的风险。

栗硕表示，研究中构建的框架未来可应用于探索人类对微生物的认知边界和深度，系统监测微生物群落变化、预测重要耐药性扩散趋势，为制定精准、高效的公共卫生防控策略提供核心技术支撑。（来源：中国科学报 王兆昱）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.cell.2025.08.016>

作者：栗硕等 来源：《细胞》

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