中外学者揭示环境对人肠道菌群和耐药基因组影响

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/8887.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！

中外学者揭示环境对人肠道菌群和耐药基因组影响。华南农业大学、岭南现代农业科学与技术广东省实验室和国家兽医微生物耐药性风险评估实验室刘雅红教授团队与中外合作者，发现人体和环境间存在广泛的菌株和基因交换，而且环境对人肠道菌群的影响可能会持续4~6个月。相关研究3月18日在线发表于《自然—通讯》。

生物圈中的微生物种类众多，其分布无处不在。同样，人类也拥有复杂的微生物群落。人体胃肠道是一个开放的生态系统，通过直接或者间接的方式，人体能够从外部环境中获取微生物。反之，人体也不断释放自身的微生物进入外部环境。但是，环境与人类肠道菌群之间微生物交换的程度和持续时间仍未得到很好的理解。

研究人员通过整合16s rRNA测序、宏基因组、培养组等技术，发现职业暴露会影响人的肠道微生物组，从而导致潜在动物病原菌和抗生素耐药基因在肠道内的富集。比较实习生与工人及猪场环境的宏基因组样本，发现在实习生、工人和环境间普遍存在菌株和耐药基因交换。通过动态贝叶斯网络建模预测，观察到实习生肠道菌群会在返回学校后4~6个月的时间逆转回实习前状态，但是部分耐药基因仍然会残留在人体肠道。

养殖环境中富集大量的微生物，往往成为菌群和耐药基因交换的热点地区。刘雅红表示，人类生活环境的变化可以持续塑造人体肠道菌群和耐药基因组。随着下一代测序技术的突飞猛进，通过与传统技术相结合，在解析未知的科学问题上迸发出巨大的生命力。（来源：中国科学报 朱汉斌 方玮）

相关论文信息：https://doi.org/10.1038/s41467-020-15222-y

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。
作者：刘雅红等 来源：《自然—通讯》

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