

武汉物数所抗生素诱导菌群失调与宿主代谢相关研究获进展

文章来源：武汉物理与数学研究所

发布时间：2013-09-22

【字号：小 中 大】

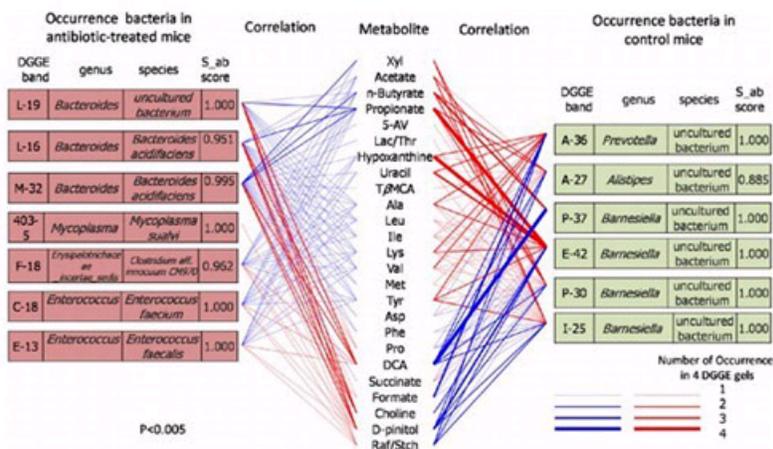
近日，依托于中科院武汉物理与数学研究所的中国科学院生物磁共振分析重点实验室的生物医学代谢组学研究组，在抗生素诱导菌群失调与宿主代谢组相关性研究方面取得新进展，相关研究结果发表在 *Journal of Proteome Research* 上。

宿主及其寄生的肠道菌群一直保持着互惠共生的关系，肠道菌群不仅随着宿主一起生长变化，还影响着宿主的健康和疾病状态。大量研究表明肠道菌群的紊乱扰乱宿主正常的生理平衡，从而引发各类疾病。掌握肠道菌群的基本组成及其特征，认识肠道菌群的基本功能及代谢，是了解肠道菌群与宿主相互作用机制的基础。目前肠道菌群相关研究很多，但是肠道菌群与宿主代谢的相互关系，特别是特定菌群与具体某个代谢物之间的联系，知之甚少。

武汉物数所与华中科技大学联合培养博士生赵滢，结合微生物分子生态学和代谢组学技术，研究了庆大霉素和/或头孢曲松干扰后小鼠肠道菌群的基本组成分布，和相应尿样代谢组的动态变化规律。研究发现，经抗生素处理后小鼠肠道菌群的分布具有选择性，体现在处理后粪样中 *Barnesiella*、*Prevotella* 和 *Alistipes* 的显著降低，而 *Bacteroides*、*Enterococcus* 和 *Erysipelotrichaceae incertae sedis* 以及 *Mycoplasma* 的显著增加。此外，抗生素处理后的小鼠粪样中短链脂肪酸、氨基酸、初级胆汁酸的代谢水平都有显著降低，而寡糖、松醇、胆碱和次级胆汁酸（去氧胆酸）则显著升高。这一现象反映了肠道中细菌发酵、蛋白质降解等途径都受到了抑制，同时胆汁酸循环途径也受到了影响。本研究结果阐述了肠道菌群与宿主代谢的相互关系，为更好的利用肠道菌群改善人类健康提供了一定的理论依据。

本研究得到了国家自然科学基金委、国家科技部和中国科学院项目的重点支持。

[论文链接](#)



粪样中代谢物与肠道菌群关联图 ($p < 0.005$)

