

【光明日报】人体肠道菌群耐药基因研究获新突破

文章来源：光明日报 齐芳

发布时间：2013-08-22

【字号：小 中 大】

滥用抗生素会引发一系列问题，我国微生物学家日前关于肠道微生物耐药基因的研究更深一步：不仅是医院，畜牧养殖业中抗生素的滥用也可能会造成临床耐药细菌增多。

日前，中科院微生物研究所朱宝利研究员带领的研究团队对中国、丹麦和西班牙人的肠道微生物耐药基因进行了分析，结果发现，中国人肠道微生物的耐药基因类型较多，理论上讲，也就是能让更多类型的抗生素“失效”。同时，科学家们还进一步发现，这三个国家的人群，肠道微生物的四环素耐药基因型都很高，因为这类抗生素主要用于兽药，因此科学家们猜测这或许与兽药抗生素的使用有关。

肠道微生物：“人体的第二个基因组”

肠道微生物也就是我们通常所说的“肠道菌群”，这类微生物数量超过人体自身细胞的10倍以上，对营养物质代谢、人体自身发育、免疫及疾病的产生等方面都起到极其重要的作用。

朱宝利介绍，近来有研究者认为，肠道菌群的抗生素耐药基因，是人体对抗生素产生耐药性的重要原因之一。然而，这一问题并没有被深入揭示。

“因为所处环境、饮食结构等因素的影响，家庭成员间的肠道菌群极为相似，比如因为哺乳和亲密接触的原因，孩子的菌群类型就与母亲非常一致。”朱宝利说，因此肠道微生物的基因组又被称为是“人体的第二个基因组”。这也是他们要研究肠道菌群耐药基因的原因。

中国人肠道菌群耐药基因型较多

课题组胡永飞、杨犀等研究人员对来自丹麦、西班牙和中国的162个健康人的肠道微生物元基因组中的耐药基因深入分析。他们首先利用华大基因建立的一个含有四百万个人体肠道微生物基因的数据集，采用生物信息学方法，从中鉴别出1093个耐药基因，并按照能够“抵御”抗生素种类的不同，和基因序列的差别，将这1093个抗生素耐药基因分成149个耐药基因型。

结果发现，中国人肠道菌群含有70个耐药基因型；其次是西班牙人，49个；丹麦人最少，45个。朱宝利说：“理论上说，所含的耐药基因型越多，能耐抗生素的类型就越多。”

研究还进一步发现，中国人耐药基因型与丹麦和西班牙人差距较大，而丹麦人和西班牙人的耐药基因型则比较相似。朱宝利推测，这种差异可能一方面与地域差别有关，“地域不同，接触细菌类型不同，肠道菌群可能出现差异”；另一方面很可能是因为抗生素使用的偏好不同。

兽药抗生素也可能改变人类肠道菌群的耐药基因

科学家们的另一个重要发现是：这三个国家人群，四环素耐药基因型都很高。“我们没有拿到中国的数据，但是通过对欧洲20个国家近10年抗生素使用情况的统计，四环素类抗生素很少用于临床，但在动物中的使用量、包括畜牧养殖要显著高于其他抗生素。”朱宝利说。

科研人员据此猜测，这种情况的产生很可能与兽用抗生素相关。因为这些耐药基因可能通过多种途径，例如食物链最终传递到人体中，而肠道这种细菌密度极高的环境又极大地增加了基因横向转移的风险；“一旦某些耐药基因转移到人体病原菌中，将使临床抗感染治疗面临更多新的挑战”。

朱宝利说，抗生素的滥用和过度使用无疑将富集或诱导出各种类型的耐药基因，不仅医院临床不能滥用抗生

素，畜牧业抗生素的使用也应该进行合理的控制。但他同时强调，社会也没有必要因此而过度紧张，因为研究结果只能显示耐药细菌在肠道中的情况，虽然侧面反映了抗生素的使用状态，但这也并不说明能给人类健康带来威胁。另外，从目前其他的耐药细菌相关研究结果看，耐药细菌的繁殖能力一般都低于不耐药的细菌，因此，只要没有抗生素的存在，耐药细菌会逐渐被不耐药的细菌替代。所以，未来医院临床可以通过抗生素的轮换使用来达到治疗细菌感染的目的。

(原载于《光明日报》 2013-08-22 06版)

打印本页

关闭本页