

狩猎采集者肠道菌群“目录”出炉 受环境影响其体内缺少“好细菌”

文章来源：科技日报 张梦然

发布时间：2014-04-17

【字号： 小 中 大 】

我们已熟知菌群“好细菌”与“坏细菌”的概念区分，但对于微生物学来讲，其划分并不是绝对的。4月15日出版的英国《自然—通讯》杂志上一篇论文指出，坦桑尼亚的哈扎人的肠道菌群中令人意外地缺少双歧杆菌——一类通常存在并被认为是对我们健康非常有益的“好细菌”。此研究指出了他们可能受采集生活方式影响的肠道菌群组成的特别之处，同时表明，所谓“正常”或者“健康”的微生物菌群概念，应是受环境影响的。

此次最新出炉的研究描述了哈扎人——一群仍然保持着狩猎采集生活方式的人类的肠道菌群的“详细目录”，研究者包括德国马克斯普朗克演化人类学研究所的阿曼达·亨利、美国内华达大学的艾丽莎·克里腾和她们的研究团队。研究人员从粪便中分析了哈扎人和西方人肠道中的细菌和一些微生物代谢物（短链脂肪酸，SCFAs）。他们发现这两个族群在微生物和短链脂肪酸的组成上都有区别，哈扎人的肠道菌群更加多样化；哈扎人的肠道菌群的另一个特点是男女的肠道微生物组成有差异，这可能与不同性别分工有关。

而更令人惊讶的是，哈扎人的肠道菌群中缺少双歧杆菌，一种厌氧的革兰氏阳性杆菌。有1000多亿个细菌在人的肠道中“盘踞”着，按照它们对人体的影响，被分为有益菌、无害菌和有害菌3大类。其中双歧杆菌就是有益菌的杰出代表，其1899年就被法国学者从母乳营养儿的粪便中分离出来，由于近几十年来生态学的崛起和医学革命的进展，双歧杆菌的重要性越来越被认识到，其制品也在世界范围都得到广泛应用。肠道微生物早已被确认与人体健康息息相关，双歧杆菌尤其可作为判断人体肠道健康与否的指标，但哈扎人的肠道菌群竟缺少这种在其他人类和牲畜肠道内都有的“好细菌”。

新石器时代人类从狩猎采集到农业社会的转变，带来了在饮食结构和生活方式上的显著改变，人类和他们的肠道菌群都需要适应这些改变。新的研究代表了我们对理解这种共同适应中的重要一步，并且提示我们，“正常”或者“健康”的微生物菌群的概念是受环境影响的。

打印本页

关闭本页