



最新科研发现：婴儿肠道菌群与不同疾病病理特征有关

日期：2019年01月17日 来源：科技部

肠道菌群会不断变化，科学家近期发现：新生儿肠道微生物组可能与不同疾病病理特征有关，包括I型糖尿病。

美国得克萨斯州贝勒医学院的Joseph Petrosino及同事运用基因测序分析了903名儿童的12500个粪便样本后发现，微生物群的构成以及多样性的变化可分为3个不同阶段：发育期（3~14个月）、过渡期（15~30个月）以及稳定期（31个月及以上）。

在发育期，双歧杆菌含量升高与母乳喂养有关，微生物组的多样性会随婴儿断奶后摄入辅食增多而增加。拟杆菌的临时性增加与产道分娩有关，而肠道菌群的多样性和肠道成熟度增加又与拟杆菌增加有关（与分娩方式无关）。此外，兄弟姐妹、接触宠物以及地理位置也是造成微生物组差异的因素。

马萨诸塞州麻省理工学院—哈佛大学博德研究所的Curtis Huttenhower及同事通过分析783名婴儿的近11000个粪便样本，对发展为I型糖尿病儿童的早期肠道菌群进行了表征。研究人员发现，没有I型糖尿病的婴儿的微生物组中含有较多与发酵和短链脂肪酸合成相关的基因。结合之前的证据表明，短链脂肪酸或具有保护作用。

研究人员强调，进行取样的婴儿（大多数为非拉美裔白人以及I型糖尿病高危群体）可能无法代表其他群体。这两项研究都对婴儿肠道菌群进行了表征，并为研究人员提供了宝贵资源。

相关论文信息：DOI：10.1038/s41586-018-0617-x；10.1038/s41586-018-0620-2

扫一扫在手机打开当前页

打印本页

关闭窗口



版权所有：中华人民共和国科学技术部

地址：北京市复兴路乙15号 | 邮编：100862 | 地理位置图 | 京ICP备05022684 | 网站标识码bm06000001