



面向世界科技前沿, 面向国家重大需求, 面向国民经济主战场, 率先实现科学技术跨越发展, 率先建成国家创新人才高地, 率先建成国家高水平科技智库, 率先建设国际一流科研机构。

——中国科学院办院方针



- 首页 组织机构 科学研究 人才教育 学部与院士 资源条件 科学普及 党建与创新文化 信息公开 专题

搜索

首页 > 科技动态

口腔与肠道菌群有玄机

类风湿关节炎病理新机制获揭示

文章来源: 中国科学报 萧杨 发布时间: 2015-09-02 【字号: 小 中 大】

我要分享

中国医学科学院北京协和医院张焜团队与深圳华大基因研究院王俊、李英睿等研究人员合作, 于日前完成了类风湿关节炎患者口腔和肠道微生物元基因组研究, 发现口腔和肠道微生物菌群异常是类风湿关节炎病理生理和疾控的重要环节。相关成果发表于《自然-医学》。

类风湿关节炎是一种致残率较高的自身免疫性疾病, 研究界对参与该疾病发生或疾病保护的细菌及其功能认知有限。因此, 全面了解类风湿关节炎相关的微生物菌群, 有助推动对其病理生理的深入探索、早期诊断和精准医疗。

科研人员收集了未经药物治疗类风湿关节炎患者的牙菌斑、唾液和粪便样本, 以健康人群作为对照, 采用元基因组鸟枪法测序技术检测微生物组DNA, 并对缓解抗风湿药治疗前后类风湿关节炎患者的口腔和肠道微生物菌群的变化进行了对比研究。

研究发现, 与健康人群相比, 类风湿关节炎患者的口腔与肠道菌群在氧化还原条件——铁、硫、锌和精氨酸的转运和代谢以及类风湿关节炎相关抗原如瓜氨酸环化的分子拟态等方面均表现出明显异常, 提示这种菌群异常在类风湿关节炎的病理生理机制中具有重要的作用, 可能直接参与疾病发生。

研究人员指出, 对口腔和肠道微生物菌群元基因组进行的关联分析, 在国际上尚属首次。研究还揭示了此项分析在人类重大慢性非感染性疾病中的机制和临床意义, 对此开展进一步的临床验证将有利于深入了解类风湿关节炎发病机制。

(责任编辑: 侯茜)

热点新闻

中科院与铁路总公司签署战略合...

- 中科院举行离退休干部改革创新形势...
中科院与内蒙古自治区签署新一轮全面科...
发展中国家科学院中国院士和学者代表座...
中科院与广东省签署合作协议 共同推进粤...
白春礼在第十三届健康与发展中山论坛上...

视频推荐

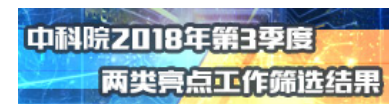


【新闻联播】“率先行动”计划 领跑科技体制改革



【新闻直播间】中科院: 粤港澳交叉科学中心成立

专题推荐



© 1996 - 2018 中国科学院 版权所有 京ICP备05002857号 京公网安备110402500047号 联系我们 地址: 北京市三里河路52号 邮编: 100864