

Environmental remodeling of human gut microbiota and antibiotic resistome in livestock farms

Jian Sun, Xiao-Ping Liao, Alaric W. D'Souza, Manish Boolchandani, Sheng-Hui Li1, Ke Cheng, José Luis Martínez, Liang Li, You-Jun Feng, Liang-Xing Fang, Ting Huang, Jing Xia, Yang Yu, Yu-Feng Zhou, Yong-Xue Sun, Xian-Bo Deng, Zhen-Ling Zeng, Hong-Xia Jiang, Bing-Hu Fang, You-Zhi Tang, Xin-Lei Lian, Rong-Min Zhang, Zhi-Wei Fang, Qiu-Long Yan4, Gautam Dantas & Ya-Hong Liu

Nature Communications, 2020 Mar 18;11(1):1427.

Speaker: Ya-Ru Li (李雅茹)

Time: 15:00~16:00, Oct 21st, 2020

Commentator: Dr. Po-Lin Chen (陳柏齡 醫師)

Place: Room 601

摘要:

先前的研究表明，在畜牧業經常使用抗生素來促進牲畜的生長和預防疾病，並促進換肉率。因此，後抗藥性基因在畜牧場廣為發現與傳播^[1]。在2016年時發現了一種針對大腸菌素 (colistin) 的位在質體的抗藥性基因 *mcr-1*，在中國東部的畜牧業中傳播^[2]。根據背景信息，作者在七個時間點收集了十四名學生的糞便樣本，以比較腸道菌群的組成和抗藥性基因體 (resistome) 的特徵。通過分析 16S rDNA 和完整的基因組 shotgun 定序數據，他們發現 42% 的完整基因組發生了變化，並歸納出土壤和豬糞是影響微生物組成的兩個主要環境傳播源。此外，由於學生在養豬場待了3個月，因此微生物組成發生了變化。當他們留下來時，抗藥性基因體也發生了變化，並獲得了與農場工人相似的特徵。微生物組和抗藥性基因體之間有很強的聯繫。因此，作者進一步檢查了抗生素抗性 (AR) 基因的發生率，結果表明，留在農場三個月內增加，離開農場三個月內下降。因此，結果表明，人類生活環境的劇烈變化可能會持續影響他們的腸道菌群和抗生素抵抗組。

關鍵字: 腸道菌群, 抗藥性基因體, 全基因定序, 抗生素抗藥性

資料來源:

1. Peter Collignon *et.al*, Antimicrob Resist Infect Control, 2015, 4:16.
2. Yi-Yun Liu *et.al*, Lancet Infect Dis, 2016, 16(2):161-8.