



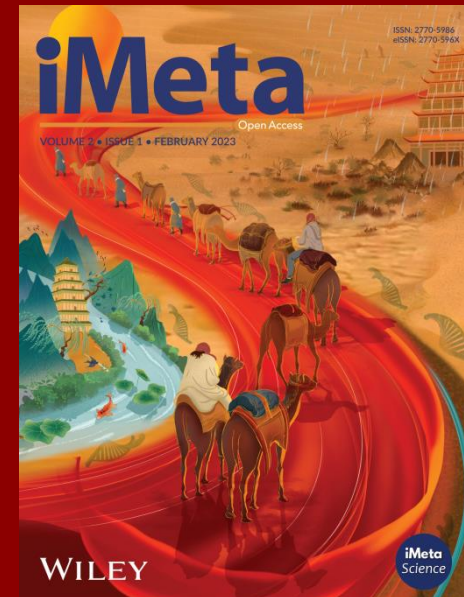
与健康人相比，结直肠癌患者有更多环境来源的抗生素耐药基因

刘伟鑫¹，刘焯晞¹，丁筱¹，殷晓乐²，胡嘉麒¹，
黄曦³，沈祖尧³，张彤^{2*}，于君^{1*}

¹ 香港中文大学李嘉诚健康科学研究所、香港中文大学深圳研究院、消化疾病研究所、医学及药物治疗学系、消化疾病国家重点实验室

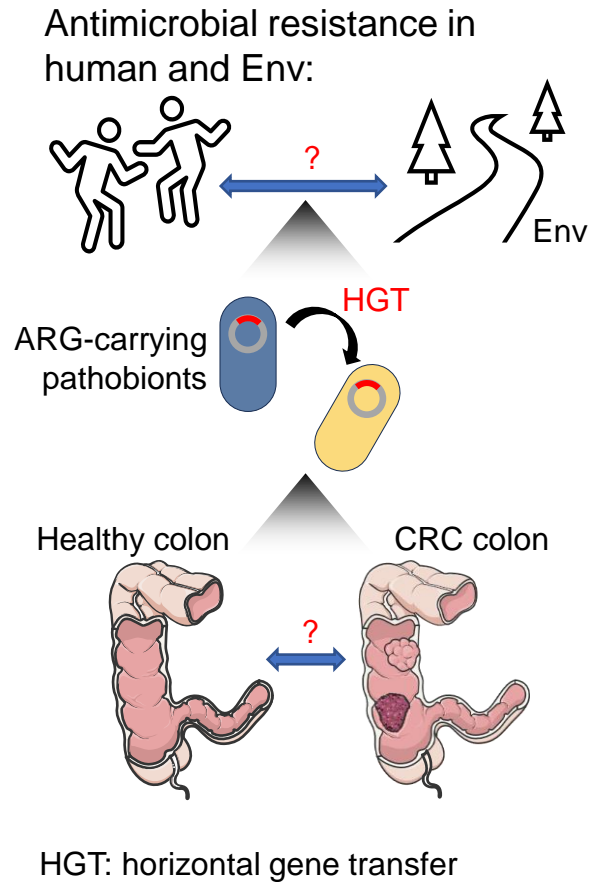
² 香港大学土木工程系环境工程研究中心环境微生物组工程与生物技术实验室，中国香港特别行政区

³ 新加坡南洋理工大学李光前医学院



Weixin Liu, Harry CH Lau, Xiao Ding, Xiaole Yin, William Ka Kei Wu, Sunny Hei Wong, Joseph JY Sung, Tong Zhang*, Jun Yu*. 2025. Transmission of antimicrobial resistance genes from the environment to human gut is more pronounced in colorectal cancer patients than in healthy subjects. *iMeta* 4: e70008. <https://doi.org/10.1002/imt2.70008>

背景



- 抗生素耐药性是全球最受关注的公共卫生问题之一；
- 人类与其生活环境（environment; Env）紧密相连、相互依存；
- 结直肠癌（colorectal cancer; CRC）是全球第二大致命癌症；
- 目前尚不清楚 CRC 患者是否携带更多的抗生素耐药性，以及 CRC 中携带抗生素耐药基因（antibiotic resistant gene; ARG）的肠道致病菌的数量是否增加；
- 评估环境 - 肠道传播 ARG 的风险对于深入了解环境与人类 CRC 之间的联系非常重要

样本收集

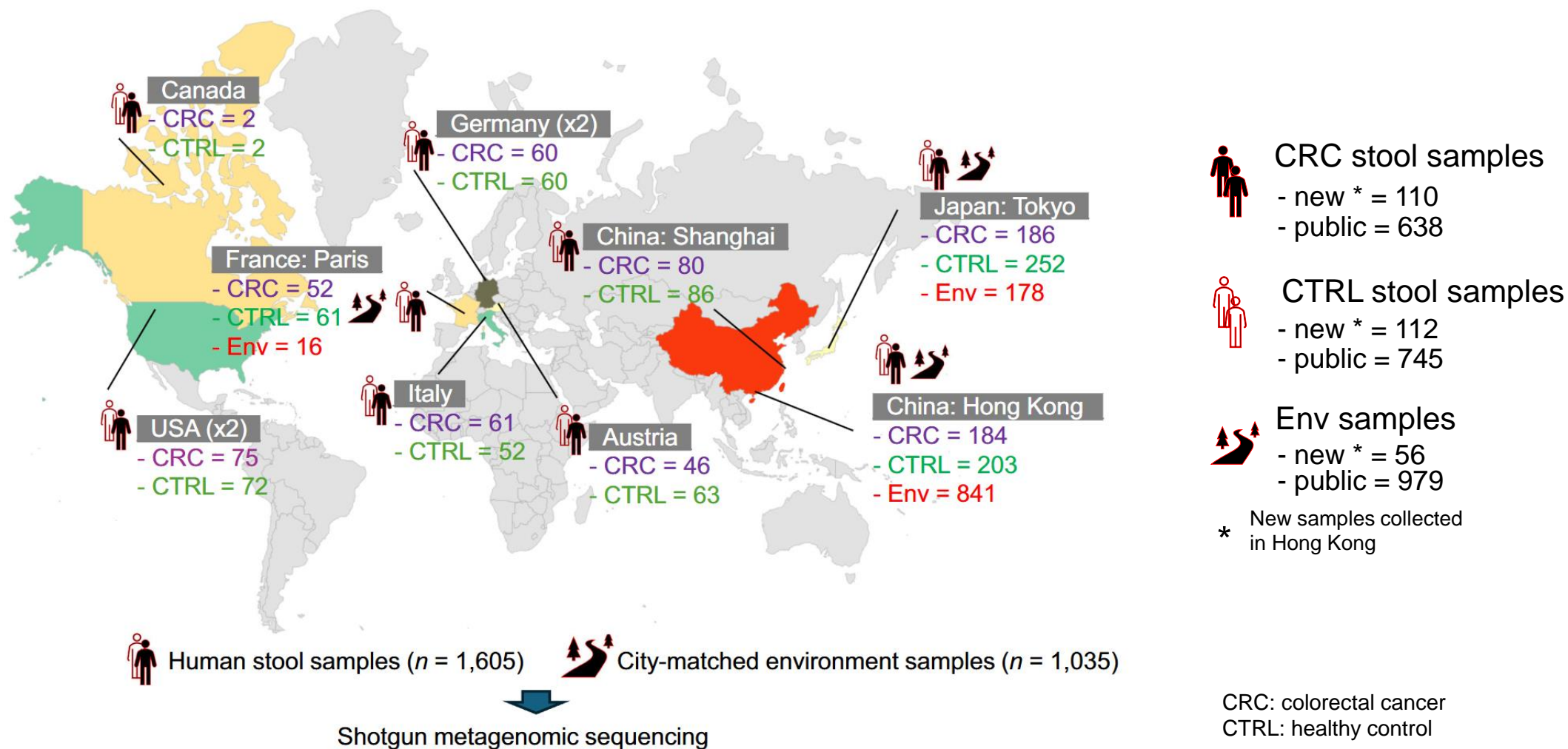


图 1 研究设计。在世界各地收集了结直肠癌（CRC）患者和健康受试者（CTRL）的人类粪便样本以及城市匹配的环境样本。



分析流程和方法

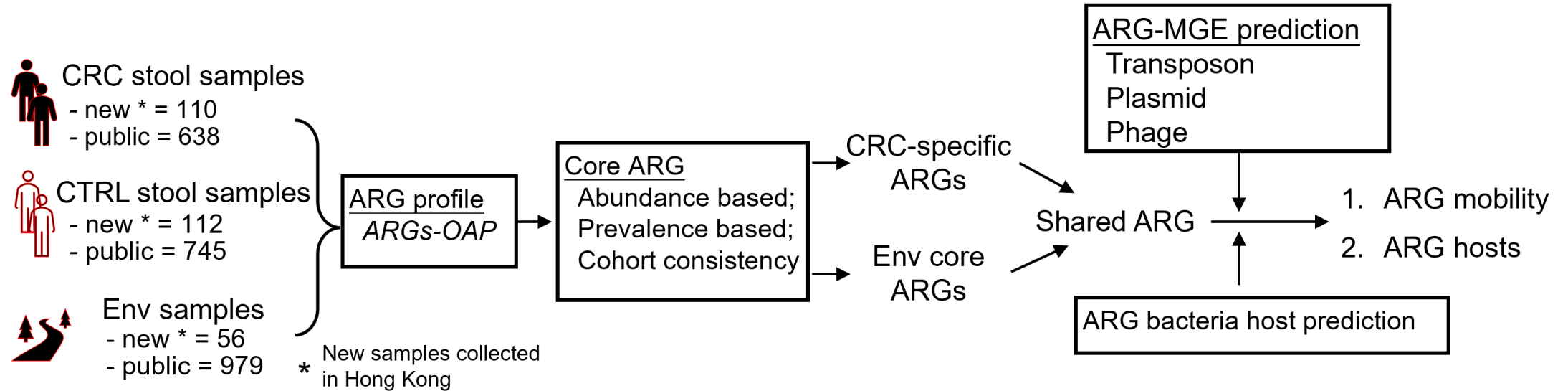


图 1 分析工作流程。工作流程摘要，包括核心抗菌素耐药性基因（ARG）鉴定、ARG移动性和ARG细菌宿主的分析。

CRC患者的抗生素耐药基因水平显著高于健康人群

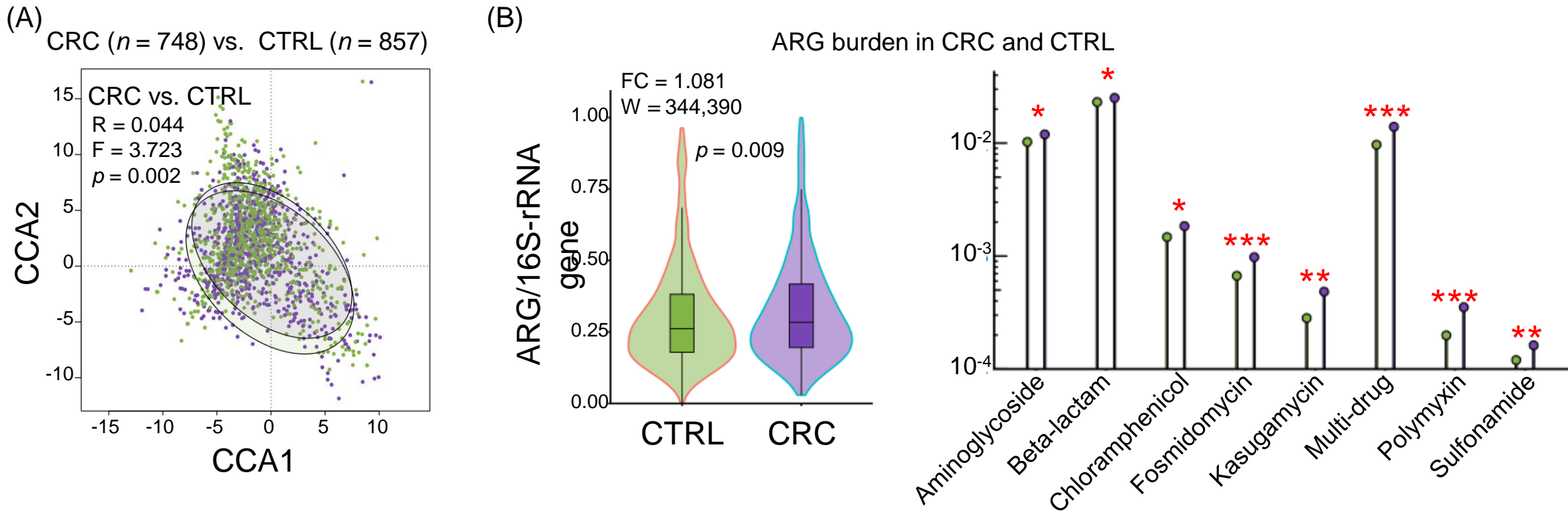
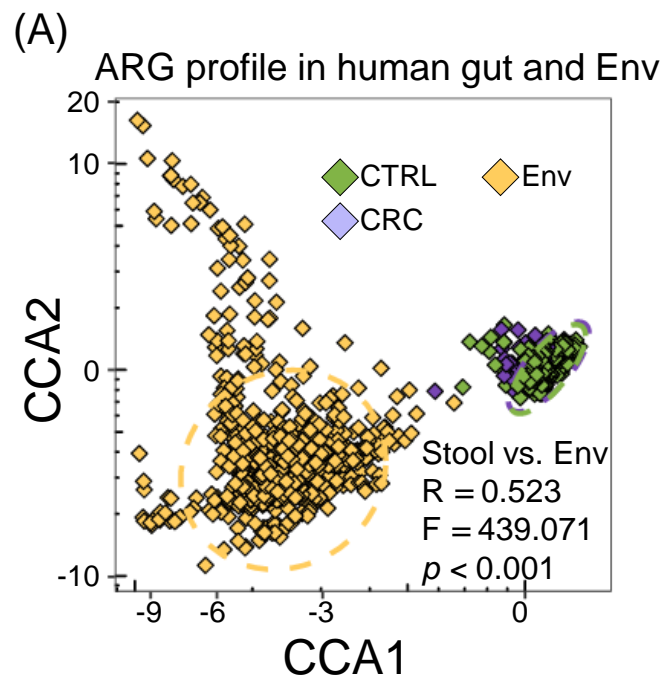
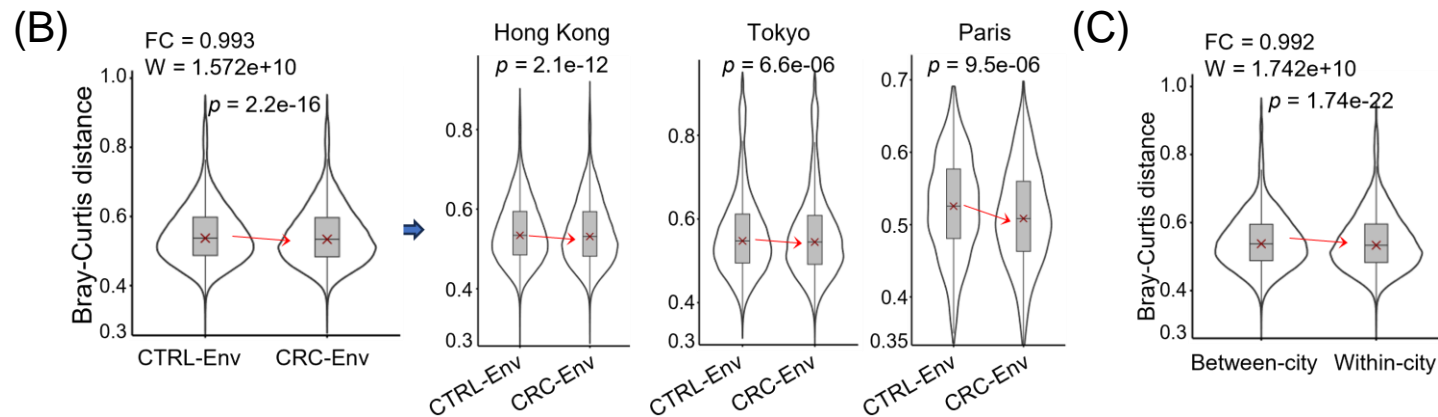


图 2 CRC患者和健康个体的ARG概况。(A) CRC患者和CTRL之间的总体ARG概况。(B) CRC患者和健康受试者之间的总体ARG负担(左图)和抗生素特异亚型ARG负担(右图)。

人体肠道和环境中的抗生素耐药基因的相似性



➤ 与健康人群相比，CRC 患者肠道和环境之间的ARG更相似



➤ 与健康人群相比，环境（如污泥）抗性组对结直肠癌中 ARG 负担增加的贡献更大

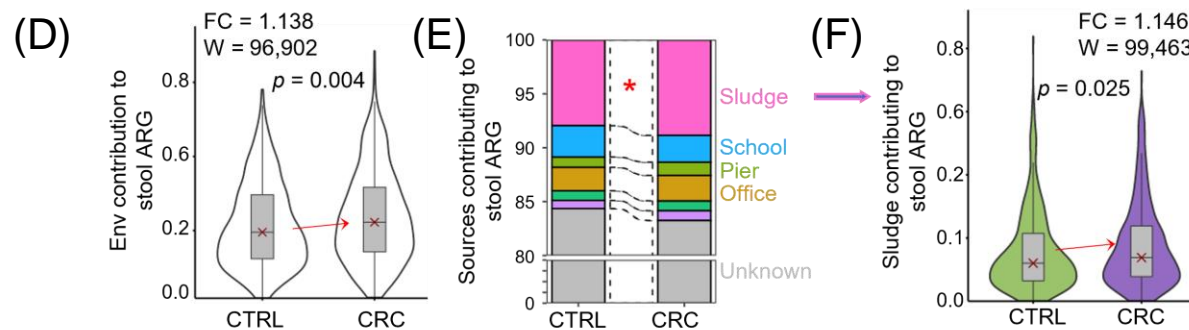


图 2 人类肠道和环境中的ARG的联系。(A) 人类肠道和环境样本之间的ARG谱；(B) CRC患者和CTRL的城市内环境-肠道ARG差异；(C) CRC患者的同一城市内环境-肠道ARG差异；(D-F) 城市匹配的环境ARG对CRC患者的影响。

CRC 患者肠道中特定 ARG 与环境的核心理 ARG 共享

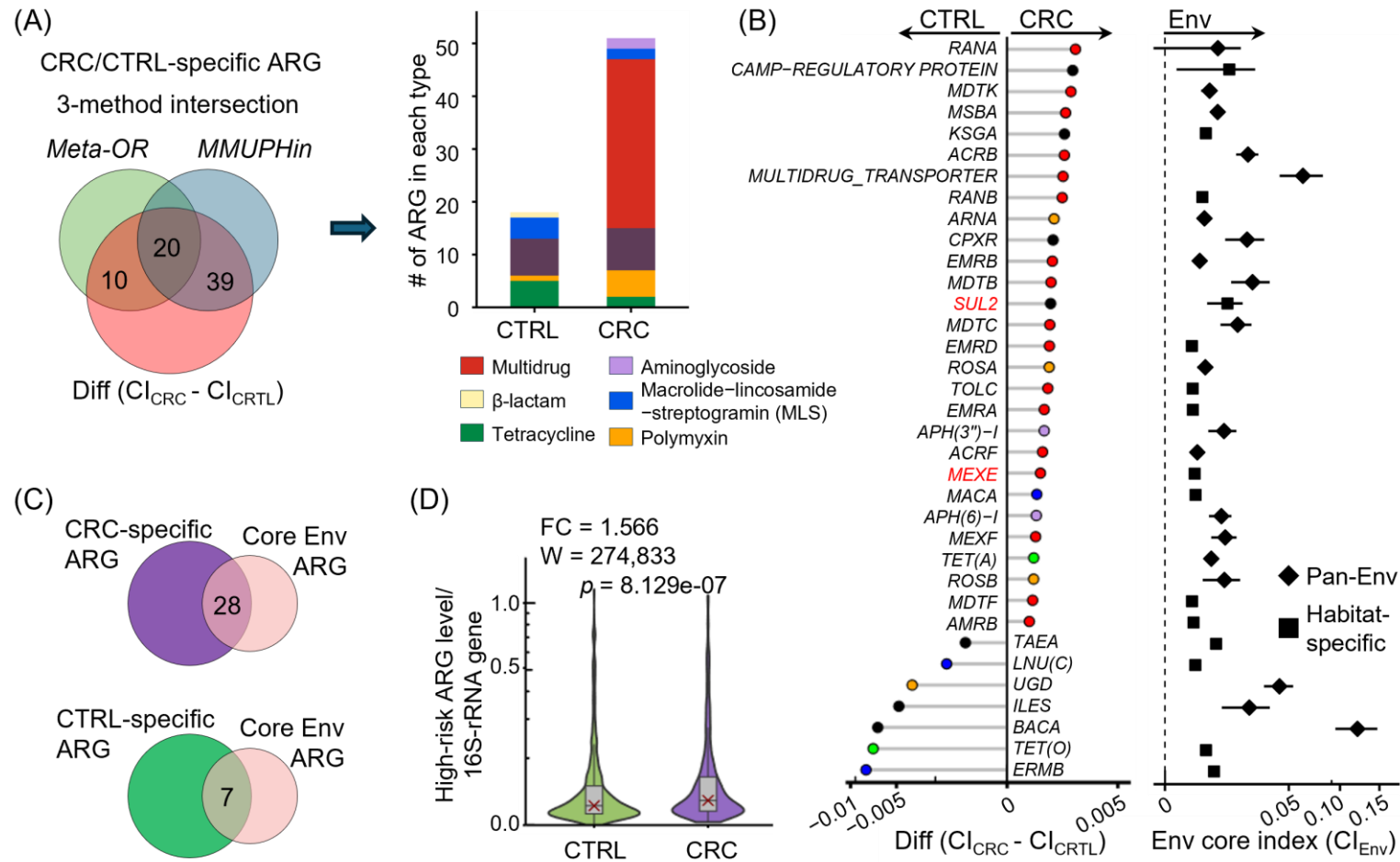


图 3 CRC特异性ARG与核心环境ARG共享。 (A) CRC患者与CTRL之间的差异 ARGs; (C) CRC/CTRL特异性ARG与核心环境ARG共享; (C) CRC/CTRL特异性ARG与核心环境ARG之间共享ARG的数量; (D) 高危ARGs的水平。

CRC患者中可转移的 ARG 数量更多，ARG 传输效率更高

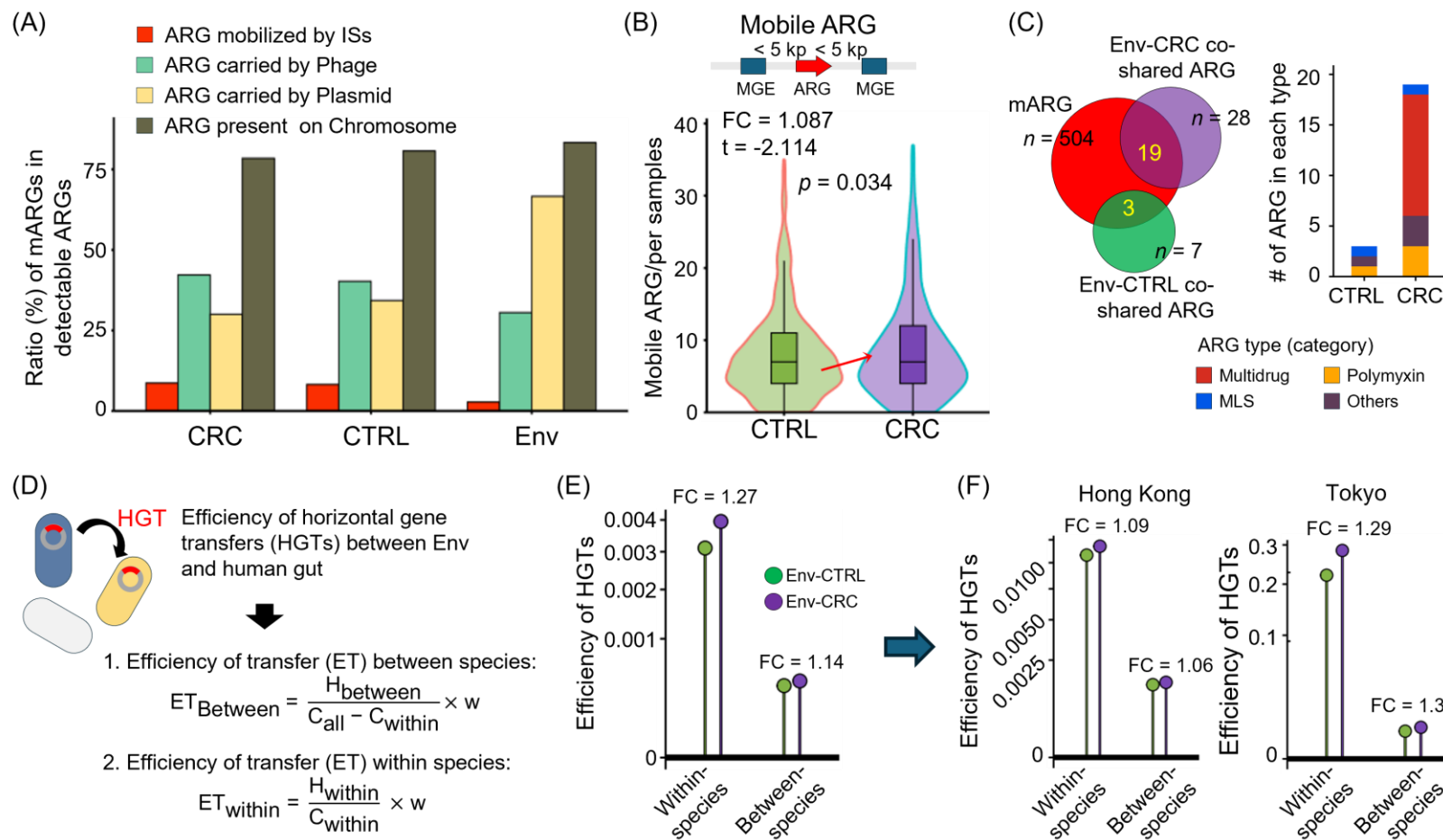


图 4 人类肠道和环境中的移动ARG (mARGs)。 (A) 各类别 (ISs、噬菌体、质粒和染色体) 中mARG的比例; (B) CRC患者和CTRL中的mARG; (C) CRC患者和CTRL中的环境-肠道共同共享mARG; (D-F) CRC和CTRL中的环境-肠道传输效率。

可转移ARG的宿主是机会性致病菌

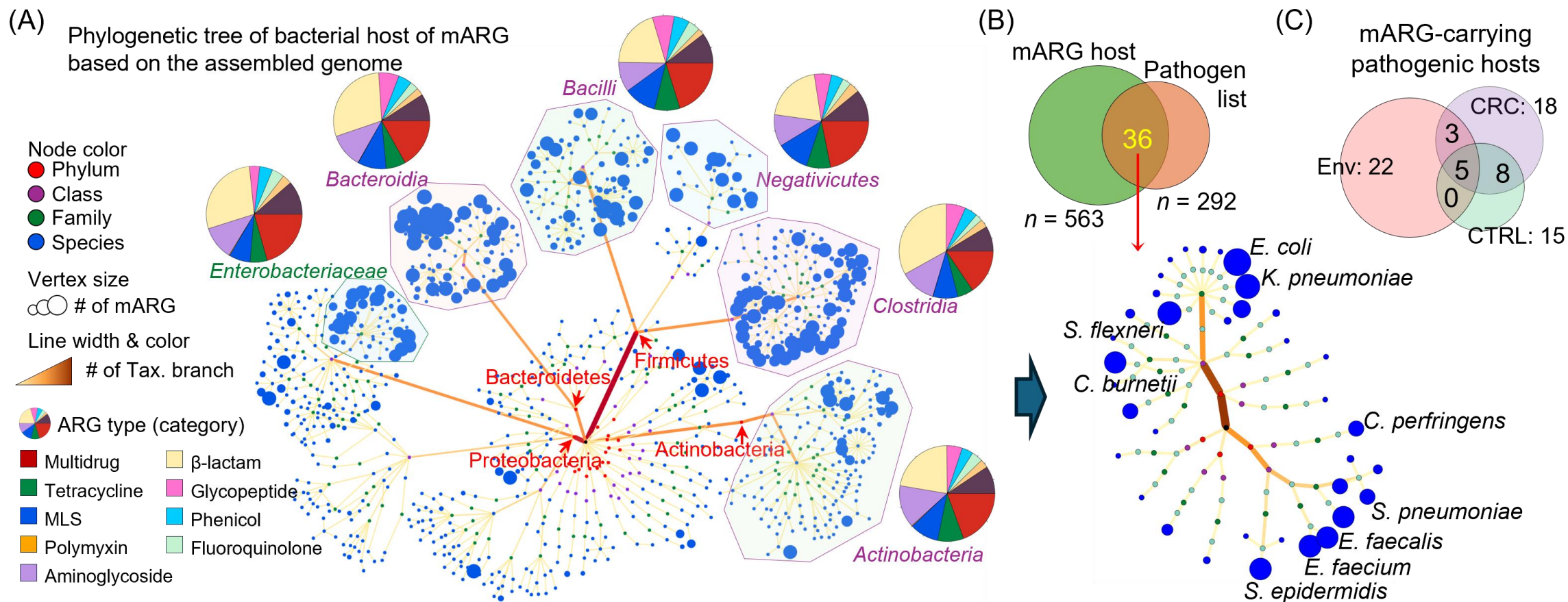


图 5 mARG的细菌宿主。(A) mARG细菌宿主的系统发育树; (B) 携带mARG的致病菌数量; (C) 与健康受试者相比, CRC患者中发现的携带mARG的致病菌(环境-肠道共同共享)更多。

携带可转移ARG的致病菌在CRC患者肠道中富集

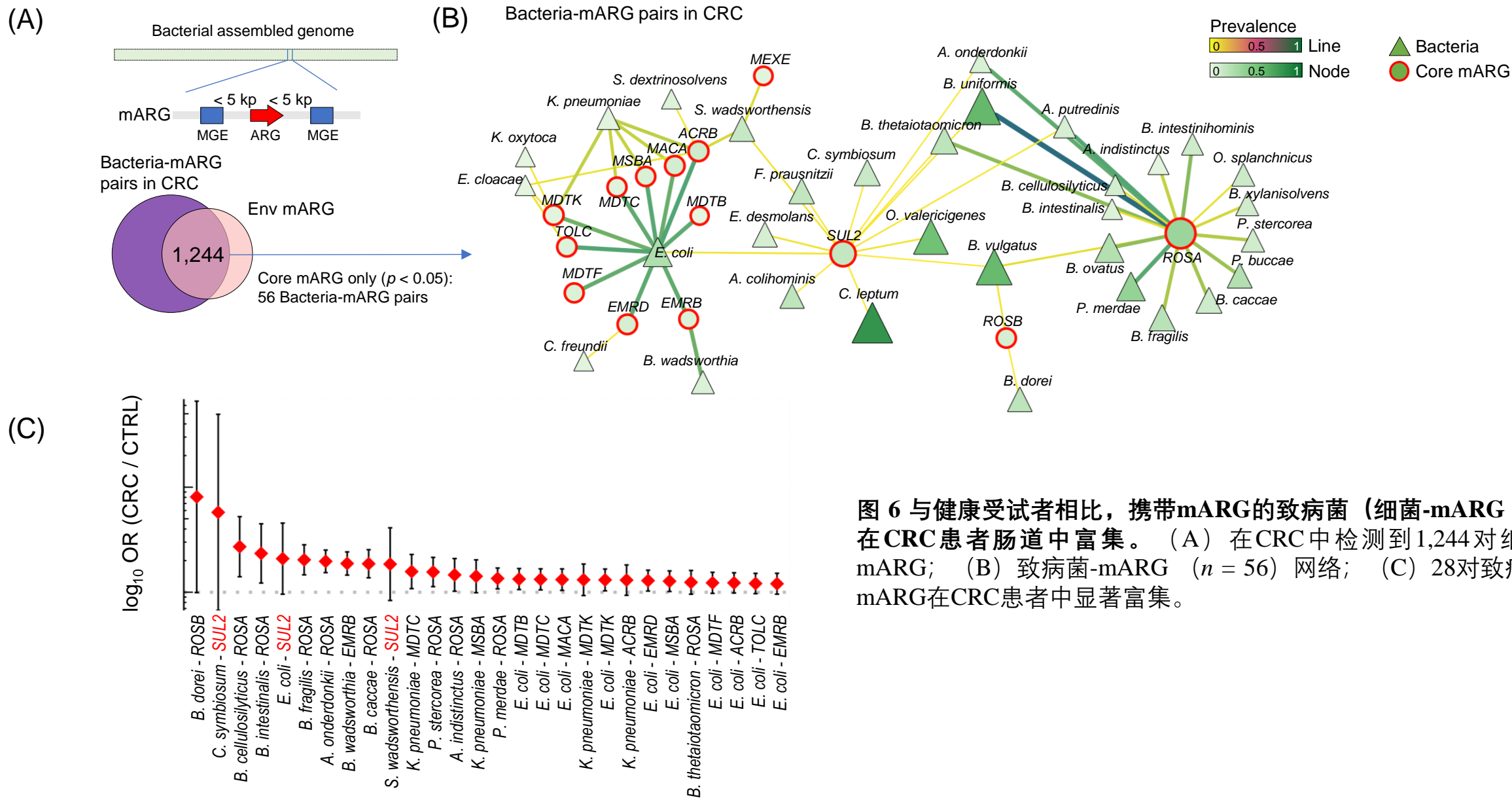
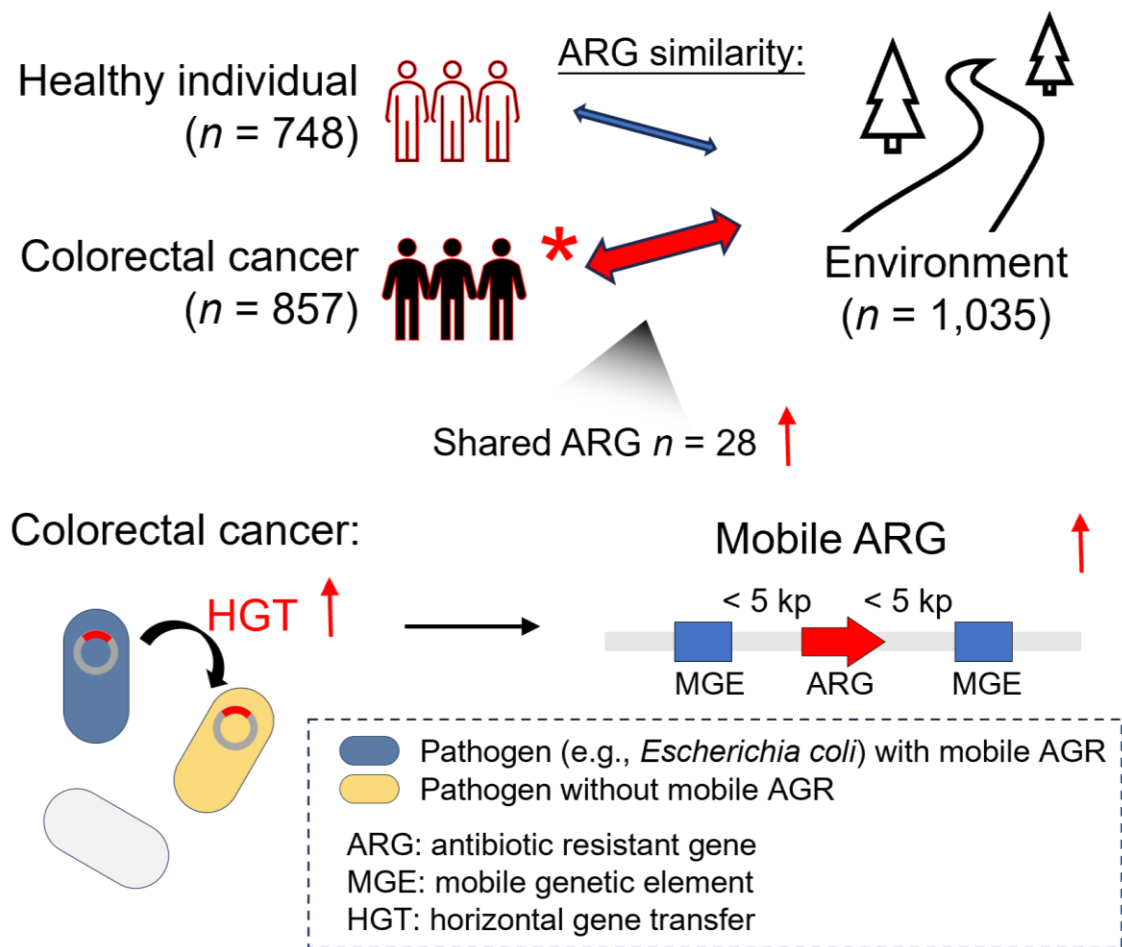


图 6 与健康受试者相比，携带mARG的致病菌（细菌-mARG对）在CRC患者肠道中富集。（A）在CRC中检测到1,244对细菌-mARG；（B）致病菌-mARG（ $n = 56$ ）网络；（C）28对致病菌-mARG在CRC患者中显著富集。

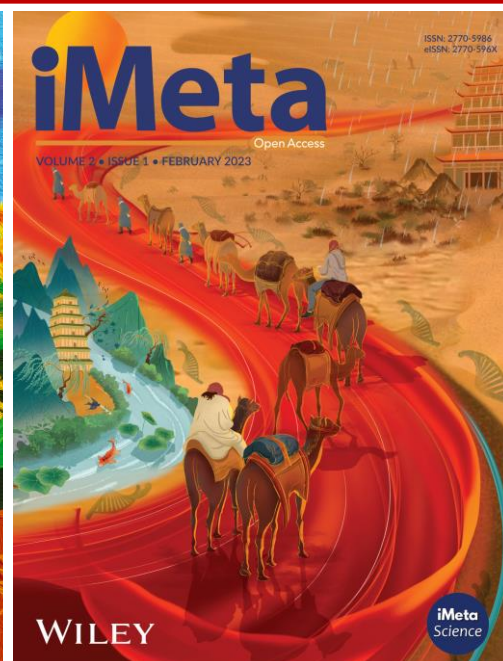


总结



- 与健康人群相比，结直肠癌（CRC）患者的抗菌素耐药基因（ARG）负担更高；
- 与健康人群相比，CRC患者肠道ARG与来源于同一城市的环境ARG更相似；
- 与健康人群相比，结直肠癌患者与环境共享更多的ARG、有更多可转移ARG（mARG）和更高的从环境到肠道ARG传输效率；
- mARG的细菌宿主主要是致病菌（例如大肠杆菌和共生梭菌），与健康人群相比，CRC患者中的致病菌显著增加

Weixin Liu, Harry CH Lau, Xiao Ding, Xiaole Yin, William Ka Kei Wu, Sunny Hei Wong, Joseph JY Sung, Tong Zhang*, Jun Yu*. 2025. Transmission of antimicrobial resistance genes from the environment to human gut is more pronounced in colorectal cancer patients than in healthy subjects. *iMeta* 4: e70008. <https://doi.org/10.1002/imt2.70008>.



iMeta期刊(影响因子**23.8**)由宏科学、千名华人科学家和威立出版, 主编刘双江和傅静远教授。目标为生物医学国际综合顶刊群(对标Nature/Cell), 任何领域高影响力的研究、方法和综述均欢迎投稿, 重点关注生物技术、生信和微生物组等前沿交叉学科, 已被SCIE、PubMed等收录, 位列全球SCI期刊前千分之五, 微生物学研究类期刊全球第一; 外审平均21天, 投稿至发表中位数57天。
子刊*MetaOmics*(主编赵方庆和于君教授)、*MetaMed*定位IF>10的综合、医学期刊, 欢迎投稿!



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>



office@imeta.science

imetaomics@imeta.science



投稿: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

<https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>



宣传片



iMeta

