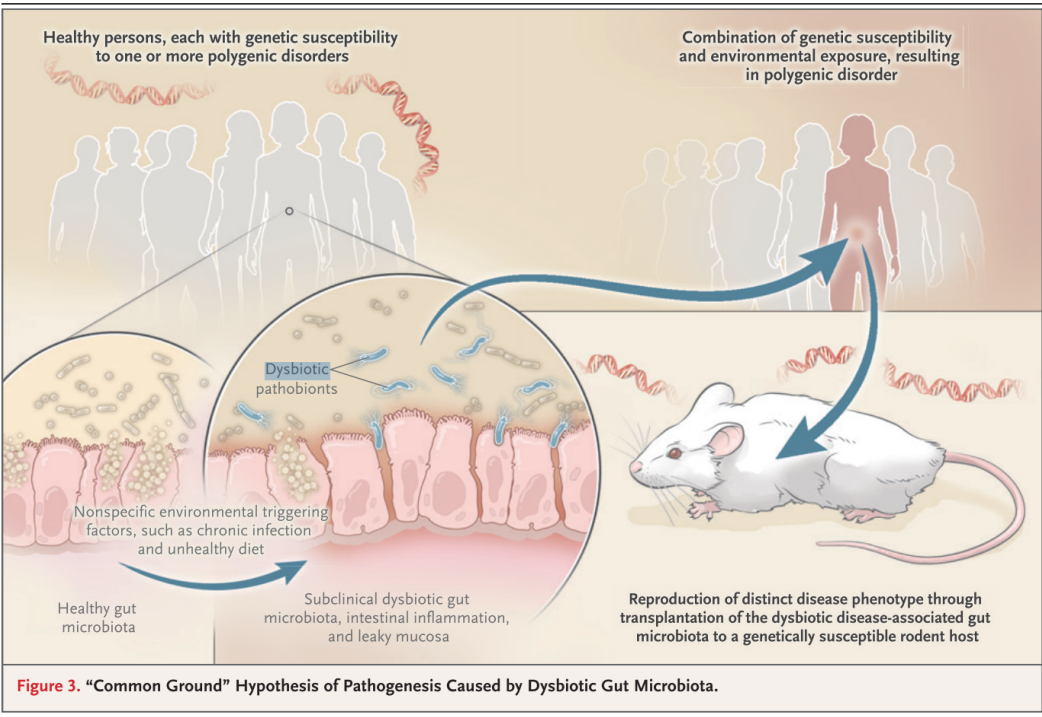


# 肠道微生物失衡致病的『共识』假说

The Human Intestinal Microbiome in Health and Disease



# 肠道微生物失衡致病的『共识』假说

一个尚未被严格证明的『共识』假说被提出来以探索肠道微菌群失衡是慢性多基因病导致的结果还是造成慢性多基因病原因的问题[1]。首先，该假说假定多种内源性和外源性因素或者两种因素的结合能够直接或通过对肠道微生物群的选择性压力触发肠道通透性的增加或者肠道粘膜炎症；其次，对一种或者多种慢性疾病遗传易感的个体来说，亚临床的肠道微生物异常有助于机会性微生物扩散和向病原菌的过渡；然后，来自失衡致病的肠道菌群的微生物基因产物促进局部或者全身性的致病性的形态或者功能上的改变；最后，一旦疾病相关的肠道微生物群在遗传易感的个体中形成，它们就可以从该个体转移到其他遗传敏感的个体，从而形成一个持续促进疾病的机制。

1. Hansen TH, Gøbel RJ, Hansen T, Pedersen O. The gut microbiome in cardio- metabolic health. Genome Med 2015; 7: 33.