**基于宏基因组测序的儿童肥胖与肠道菌群和抗生素耐药的关联研究**

**王莹莹1、李锐1、彭慧2、王娜1、邵月琴2、姜庆五1**

**1. 复旦大学公共卫生学院流行病学教研室**

**2. 上海市嘉定区疾病预防控制中心**

**目的：**学龄儿童肥胖和抗生素暴露的相关性研究在国内较为少见。抗生素可通过改变肠道菌群的组成和功能介导肥胖发生。前期研究发现上海市学龄儿童体内存在抗生素残留，肥胖儿童和正常儿童肠道菌群的分布有较大差异，但缺乏基因测序信息。本研究旨在探索肥胖和正常儿童肠道菌群中功能基因和抗生素耐药基因的分布差异，探讨抗生素暴露对学龄儿童肥胖的潜在影响。

**方法：**采用病例对照研究设计，在课题组前期建立的儿童队列中，随机抽取5名肥胖儿童，根据年龄和性别进行1:1配对随机抽取5名正常儿童。收集研究对象的清晨粪便样本、饮食习惯、运动情况等信息。对所有粪便样本进行宏基因组测序，使用KEGG、CAZy和CARD数据库进行注释，分析两组对象肠道菌群在代谢功能及抗生素耐药性上的基因分布差异。

**结果：**与正常儿童相比，肥胖儿童肠道菌群中碳水化合物代谢、能量代谢、氨基酸代谢、次级代谢物生物合成和脂类代谢基因相对数量较低（P=0.005, P=0.017，P=0.021，P=0.036，P=0.039）；肥胖儿童糖肽类生物合成相关基因和糖苷水解酶相关基因富集（P=0.004，P=0.012)。肥胖儿童肠道菌群中抗生素耐药基因属显著高于正常儿童(P=0.041)，主要分布在flo和erm基因簇(P=0.038，**P=0.032)。**

**结论：**学龄肥胖儿童和正常儿童的肠道菌群基因分布有显著差异，肥胖儿童代谢功能基因分布较少、抗生素耐药基因分布较多，提示肥胖儿童可能存在更高的抗生素暴露风险。