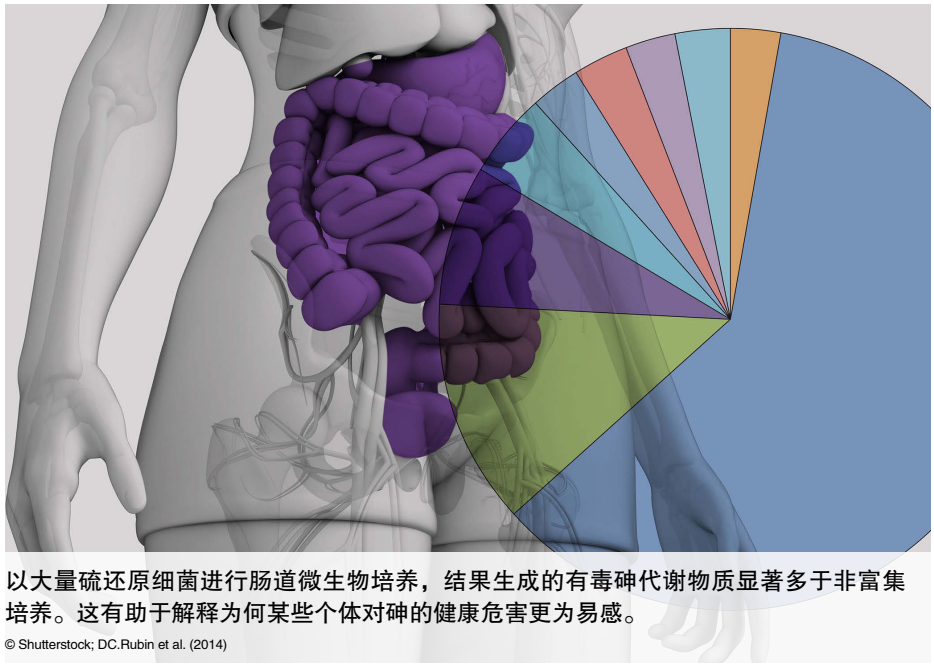
# 肠道内的硫还原微生物促进砷的硫醇化作用

无机砷是一种环境中普遍存在的有毒物质。众所周知，它会危害人类健康，造成癌症、糖尿病和心血管疾病。人们通常认为，诸如甲基砷酸（$MMA^V$）这样的有机砷毒性弱于无机砷。发表在本期*EHP* [(122(8):817–822 (2014)]一文中，研究人员在人体的结肠中发现了某种细菌，它能促使$MMA^V$转化成毒性更强的代谢物甲基硫代砷酸（$MMMTA^V$）。

$MMMTA^V$，即经过硫醇化作用的含砷物质。硫醇化作用意味着该物质含硫。硫醇化的含砷物质的细胞毒性是未经硫醇化作用的的含砷物质的100倍。研究人员在饮用过无机砷污染水的人的尿液中测得了$MMMTA^V$及另一种硫醇化代谢物——二甲基一硫代砷酸。

作者推测硫还原细菌可能对于$MMA^V$转化为硫醇化形式至关重要。他们通过人体肠道微生物生态系统模拟器（SHIME）来验证了这个假设。SHIME可以模拟胃部、小肠、升结肠、横结肠、降结肠的消化过程。它是一个能够机械地解释体内观察结果的体外工具。该研究团队的负责人Tom Van de Wiele说，可以在改变某些参数的同时保持其他常数不变。



**以大量硫还原细菌进行肠道微生物培养，结果生成的有毒砷代谢物质显著多于非富集培养。这有助于解释为何某些个体对砷的健康危害更为易感。**

© Shutterstock; DC.Rubin et al. (2014)

研究人员采用排泄物样本开展了一系列的实验。这些样本能够反映肠道微生物情况，样本中的硫还原细菌或是很活跃或是遭到抑制，对脱硫脱硫弧菌进行纯培养（piger）。研究人员采集了7个个体的排泄物样本，这7个个体在过去的半年内均未服用过抗生素。

作者发现，大多数砷的生物转化过程发生在升结肠和横结肠。肠道细菌生成的硫化氢促进了生物转化，钼酸盐阻止硫化氢产生和$MMA^V$转化成$MMMTA^V$。7个个体排泄物中的微生物生成了不同数量的硫化氢，对应了不同的$MMMTA^V$构成。基于此，作者推断肠道内含砷物质的硫醇化过程“可能需要生物触发，而这个触发物质就是代谢活跃的硫化物（硫还原细菌）”。

肠道内生成的硫醇化甲基砷物质的健康结局仍然未知。“这是一种需要警惕的标志，也反映了某些微生物是如何增加毒性风险的”，Tom Van de Wiele说。人类微生物组计划（Human Microbiome Project）的数项研究表明，微生物组在人类健康中起到了不可或缺的作用。与之相类似地，毒理动力学和药动力学也起到了重要作用。Van de Wiele说，“这些微生物过程不容忽视”。

这些化合物的潜在风险无法直接估计。人类的胃肠道内有约100万亿的微生物，它们可能不停地与砷发生相互作用。要估计潜在风险，首先可以测量人类排泄物样本中$MMA^V$转化为$MMMTA^V$。Van de Wiele认为，最大和最小的砷转化结果也许能为微生物过程是如何控制有毒物质转化提供线索。

位于（佐治亚州）雅典市的佐治亚大学的助理教授Kun Lu未参加这项研究，不过他说，“硫还原细菌积极参与砷的硫醇化过程，这为调整砷的代谢提供了新的思路——改变这些细菌”。Lu说，这项研究还表明这些细菌会显著影响硫醇化作用的个体差异，肠道细菌影响个体对砷的易感性也值得进一步探究。Lu和他的同事已观察到，疑似由肠易激疾病引起的幽门螺杆菌感染的小鼠不仅发生了肠道微生物外观上的改变，同时小鼠尿液中的砷代谢物的甲基化和硫醇化过程也发生了改变。

Carol Potera，定居蒙大拿州，自1996年起为*EHP*撰稿。她还为《微生物》（*Microbe*）、《基因工程快讯》（*Genetic Engineering News*）以及《美国护理期刊》（*American Journal of Nursing*）撰稿。

译自*EHP* 122(8):A222 (2014)
翻译：张伊人

***本文参考文献请浏览英文原文**

**原文链接**

http://dx.doi.org/10.1289/ehp.122-A222