



武汉物数所在消化道代谢特征研究方面取得进展

文章来源：武汉物理与数学研究所

发布时间：2012-11-19

【字号：小 中 大】

哺乳动物肠道中居住着通过共进化而与宿主共生的肠道菌群。这些微生物与宿主之间通过共代谢而相互作用，影响宿主的免疫、生理和健康。肠道菌群的组成会根据宿主的胃肠道各区域功能不同而不同。因此，分析肠道菌群在宿主不同肠段的区域性差异可以帮助我们进一步认识这些微生物对宿主健康的影响机制，也可以为人类疾病的预防和药物研究提供有用信息。但是，分析动物各肠段的肠道菌群组成并非一件容易的事情，常需要通过测序等昂贵手段，因此还有不少挑战。

中科院武汉物理与数学研究所波谱与原子分子物理国家重点实验室的唐惠儒研究组最近在此方面取得进展。该组的田园博士采用NMR为基础的代谢组学检测技术并结合多变量统计分析方法，对正常生理状态下不同年龄组大鼠的空肠、回肠、盲肠、结肠内容物以及粪样的代谢物组成进行了系统分析。他们发现，动物各肠段内容物的代谢物组成有其区域性特征，该特征与动物各肠段的吸收功能密切相关，也有显著的发育依赖性。

同时研究还发现，教科书上关于（包括食物来源的）一些小分子代谢物的吸收具体（空肠、回肠及结肠）区域位置不尽准确。这些发现提示，认识肠道微生物组成及其功能也可以通过分析其代谢特征而实现。

研究结果已发表在美国化学会杂志 *Journal of Proteome Research* (2012, 11:3423-3435) 上。

打印本页

关闭本页