



作者: 戴磊等 来源: 《国际微生物生态学学会杂志》 发布时间: 2022/5/24 19:54:08

选择字号: 小 中 大

构建解析肠道菌群对膳食纤维应答的生态学模型

科研人员揭开不同肠道微生物间的食物纷争

膳食纤维, 因为不能被人体消化和利用, 常常会进入到大肠, 成为肠道微生物生长利用的主要食物。部分微生物能够以膳食纤维为食物, 而其他微生物则无法利用, 这也使得膳食纤维成为调节肠道菌群结构和功能的主要策略之一。

然而, 对于膳食纤维这一美食, 不同的肠道微生物并不会按照我们想的那样, 安安静静互不打扰的吃完这顿饭。如果两种微生物都能够利用, 二者之间则可能会发生争抢食物的现象。那么, 如何揭开不同肠道微生物间食物纷争, 进而可以利用膳食纤维更加精准的调控肠道菌群呢? 基于时间序列数据的生态动力学模型为我们提供了一种有力工具。

5月21日, 中国科学院深圳先进技术研究院合成生物学研究所、深圳合成生物学创新研究院戴磊课题组在Nature子刊ISME Journal上发表最新成果, 该团队基于肠道微生物组的时序数据, 构建了解析膳食纤维调控肠道菌群变化的生态动力学模型。该方法突破了传统研究在横断面实验设计、微生物生态学互作方面的瓶颈, 为系统性理解肠道微生物组以及开发相应的精准营养调控手段奠定了技术基础。团队成员刘红宾博士和美国纪念斯隆-凯特琳癌症中心廖辰博士为共同第一作者, 戴磊为通讯作者。

解析膳食纤维干预后肠道菌群变化的机制, 已经成为核心关键。团队通过连续采集肠道微生物组的时间序列变化数据, 借力生态动力学模型, 推断利用膳食纤维的关键微生物, 以及不同微生物之间的相互作用关系, 由此揭开不同肠道微生物对膳食纤维的纷争。通过这一方法, 该团队成功推断了小鼠肠道菌群中膳食纤维代谢功能的关键响应菌, 以及关键微生物之间的互作关系。当关键微生物缺失时, 膳食纤维对肠道菌群的调控作用可能会“失效”。

随后, 团队对已有的人群队列时序数据进行了相同的建模分析, 成功推断出具有菊粉代谢功能的青春双歧杆菌。此外, 发现了青春双歧杆菌与粪便拟杆菌之间存在的竞争关系, 并通过体外培养实验进行了验证。比如, 通过向肠道菌群中补充青春双歧杆菌, 可以观察到粪便拟杆菌丰度的下降。

与以往研究相比, 该团队将时序数据与生态学建模的方法相结合, 深入解析肠道菌群的生态学规律。该研究揭示了微生物生态网络对于理解与预测肠道菌群应答的重要性, 为开发生态层次的靶向调控手段奠定了理论基础。未来, 该技术将推动肠道微生物组的生态学机制研究, 有望实现肠道微生物组的精准营养调控和相关疾病的预防和治疗。(来源: 中国科学报 刁雯蕙)

相关论文信息: <https://doi.org/10.1038/s41396-022-01253-4>

打印 发E-mail给:



相关新闻

相关论文

- 1 构建解析肠道菌群对膳食纤维应答的生态学模型
- 2 一个古老的小片段基因缺失改变了肠道菌群
- 3 我国科学家发现宿主基因影响肠道菌群的因果突变
- 4 环境和生活方式塑造肠道微生物组
- 5 患上抑郁症, 问题或出在肠道
- 6 AI助力, “捞出”肠道菌群中耐药菌“杀手”
- 7 灵长类肠道菌群在全生命周期中的动态变化获揭示
- 8 烟和增加体重的肠道菌群相关

图片新闻



>>更多

一周新闻排行

- 1 “生命之源”从何而来? 科学家研究揭示路径
- 2 56岁著名植物学家张大兵遭遇重大交通事故逝世
- 3 他, 撤稿184篇, “勇夺”世界第一
- 4 岳麓山实验室第一届理事会和学术委员会成立
- 5 五年跻身全球第一方阵, 这期刊如何做到
- 6 黑龙江发布职务任免通知, 涉及多所高校
- 7 导师不来实验室, 学生却以唯一一作发《科学》
- 8 曹宏斌: 为工业增添一点“绿”
- 9 肖建庄任广西大学副校长
- 10 绝口不提AI, 但苹果已经成为一家人工智能公司

>>更多

编辑部推荐博文

- 科学网5月十佳博文榜单公布! 你的上榜了吗?
- 美捷登精彩点评2023JCR受关注的SCI期刊影响因子
- 事情要先做起来
- 南极冰事(8) 冰川和冰架
- 诺曼底的世界文化遗产——圣米歇尔山
- 科爱38本期刊获得影响因子

>>更多