



当前位置: 科技部门户 > 国内外科技动态

【字体: 大 中 小】

科学家分离出近八千种人体消化道菌株样本

日期: 2019年10月15日 09:12 来源: 科技部



人体消化道是成千上万种不同细菌的家园。美国麻省理工学院和布罗德研究所目前已分离保存了近8000种人体消化道菌株的样本，并揭示了其遗传和代谢背景。相关研究发表在最新一期Nature Medicine上。

MENU ▾

nature
medicine

Resource | Published: 02 September 2019

A library of human gut bacterial isolates paired with longitudinal multiomics data enables mechanistic microbiome research

M. Poyet, M. Groussin, S. M. Gibbons, J. Avila-Pacheco, X. Jiang, S. M. Kearney, A. R. Perrotta, B. Berdy, S. Zhao, T. D. Lieberman, P. K. Swanson, M. Smith, S. Roesemann, J. E. Alexander, S. A. Rich, J. Livny, H. Vlamakis, C. Clish, K. Bullock, A. Deik, J. Scott, K. A. Pierce, R. J. Xavier & E. J. Alm

Nature Medicine 25, 1442–1452 (2019) | Download Citation | 6371 Accesses | 1 Citations | 285 Altmetric | Metrics >>

研究小组在长达两年的时间里收集了大约90人的粪便样本，深入了解了微生物种群在个体内的变化情况。这项研究的重点是生活在波士顿地区的人们，但研究小组也在收集来自全球各地的更多样本，希望能够保留生活在工业化社会中的人们所没有的微生物菌株。

研究人员从主导人类胃肠道的6种主要细菌门类中分离出总共7758种菌株，并对其中3632个菌株进行了全基因组测序。通过分析单个宿主中微生物种群随时间的变化，发现了菌株之间的一些新的相互作用。在一个案例中，他们发现3种相关的拟杆菌菌株在宿主体内共存，所有这些菌株似乎都与宿主体内的一个祖先菌株不同；在另一个案例中，一株菌株几乎在一夜之间完全取代了相同物种的相关菌株。

研究人员还测量了粪便样本中发现的许多代谢物的数量。该分析显示，氨基酸水平的变化与单个人体内微生物种群随时间的变化密切相关。而且，不同人群中微生物种群组成的差异与不同水平的胆汁酸密切相关，胆汁酸有助于消化。研究小组将在未来研究中继续探究这些氨基酸和胆汁酸水平差异的产生原因。

本研究所分离的细菌菌株样本的所有数据已提供在线，使其他科学家能够研究这些菌株的功能及其在人类健康中的潜在作用。

研究人员表示，全面和高分辨率的细菌分离物收集开启了机制性研究生活方式如何塑造人体肠道微生物组、新陈代谢和炎症的可能性。该数据集（BIO-ML）有助于揭示人体肠道中微生物种群的动态变化，并帮助科学家开发针对多种疾病的新疗法。

参考链接：<http://dx.doi.org/10.1038/s41591-019-0559-3>

扫一扫在手机打开当前页

打印本页

关闭窗口



版权所有：中华人民共和国科学技术部

地址：北京市复兴路乙15号 | 邮编：100862 | 联系我们 | 京ICP备05022684 | 网站标识码bm06000001