微生物所等在调控微生物组的组成和功能相关宿主基因定位研究中获进展

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/12888.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

微生物组在人类健康和疾病中发挥的作用日益受到学界关注，近年来，已成为生命科学的热点和重点领域。学界在人体微生物组（如肠道菌群的基础组成和功能）的研究中已积累了大量数据，但影响微生物组的环境及宿主因素仍存在亟待解决的问题。人的基因组与代谢和免疫相关的基因及微生物组互作密切，可能影响微生物的多样性；微生物组作为复杂的生态系统，又受大量的随机因素干扰，因此，研究人体影响宿主微生物组成的基因需在大群体中进行全基因组关联研究（GWAS），同时也需要创新分析方法。

近期，*Nature Genetics*在线发表国际大型研究计划“ MiBioGen ”的最新研究成果——*Large-scale association analyses identify host factors influencing human gut microbiome composition*，中国科学院微生物研究所研究员王军为论文的共同第一作者，同时也是唯一来自中国的参与者。该研究纳入了欧美、中东、东亚多个国家和种族的24个队列、超过1.8万人的基因组和肠道菌群数据，是迄今最大的肠道菌群的GWAS工作。该研究揭示了肠道菌群在不同人群间的异质性，鉴定出遗传性较高的细菌类群及多个影响菌群组成特征的基因位点；通过基因集富集分析、全表型组关联研究和孟德尔随机化方法等，探索了遗传-微生物关联对宿主健康相关特征的潜在影响。

MiBioGen是由王军和比利时、荷兰的科学家发起，旨在从全基因组的层面研究人体基因对肠道菌群影响的大型国际研究计划。该计划已建立一系列新型研究方法，上述成果是计划正式发表的首批研究成果。

此外，王军还和西湖大学、中山大学的科研人员合作，近期在*Microbiome*上，发表题为*The interplay between host genetics and the gut microbiome reveals common and distinct microbiome features for complex human diseases*的研究成果。研究人员选取1475名中国人的微生物组进行GWAS分析，探究遗传对肠道菌群的影响；通过双向孟德尔随机化分析，研究了人肠道菌群与复杂疾病之间的因果关系，并根据菌群特征的共性和特性对不同疾病进行了聚类，发现不同疾病之间共通的菌群特性（如帕金森病与结直肠癌之间、系统性红斑狼疮和慢性粒细胞白血病之间）可能相似的菌群特征。该研究是在中国人群中第一次系统进行菌群相关的GWAS研究，对理解中国人群中的基因和菌群互作及疾病发生具有重要意义。

王军课题组长期关注健康和疾病中人体基因与微生物组的互作关系，利用GWAS工具进行了一系列深入的研究。2016年，在*Nature Genetics*发表封面文章，完成第一个菌群GWAS（*Genome-wide association analysis identifies variation in vitamin D receptor and other host factors influencing the gut microbiota.*2016, 48:1396-1406）研究工作以后，应邀在*Protein Cell*上，发表综述文章*Of genes and microbes: solving the intricacies in host genomes*（2018, 9(5):446-461），系统介绍了基因-微生物组互作的研究方法和已有工作；在《中国科学：生命科学》（*Science China: Life Science*）上发表评论文章*Strengthening the functional research on the interaction between host genes and microbiota*（2020，63：929 – 932），呼吁进行更多在中国人群中的研究及国内外的合作，共同解析人体微生物组结构功能的基因基础。

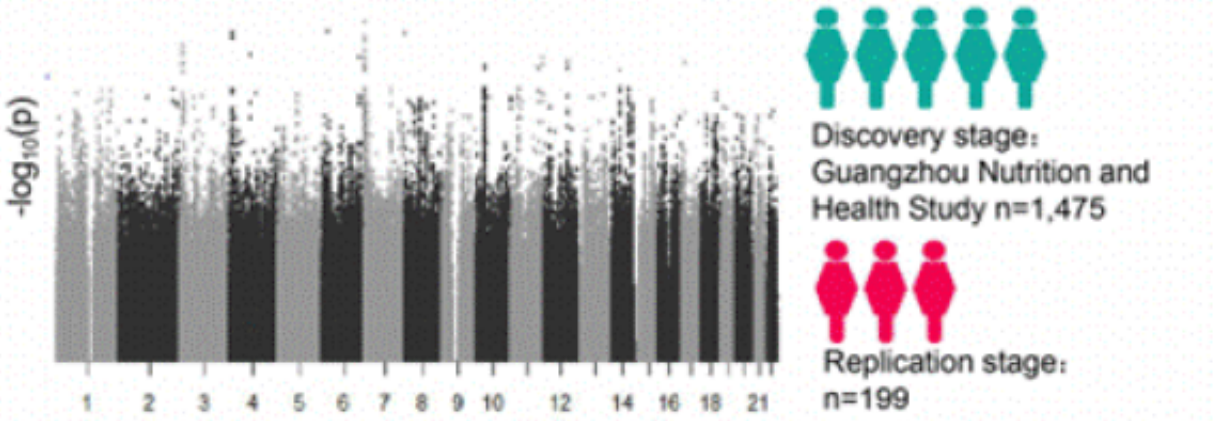
王军课题组的研究项目得到中科院战略性先导科技专项“病原体宿主适应性与免疫干预”、科学技术部重点研发项目、国家自然科学基金重大研究计划培育项目和面上项目等的资助。

论文链接

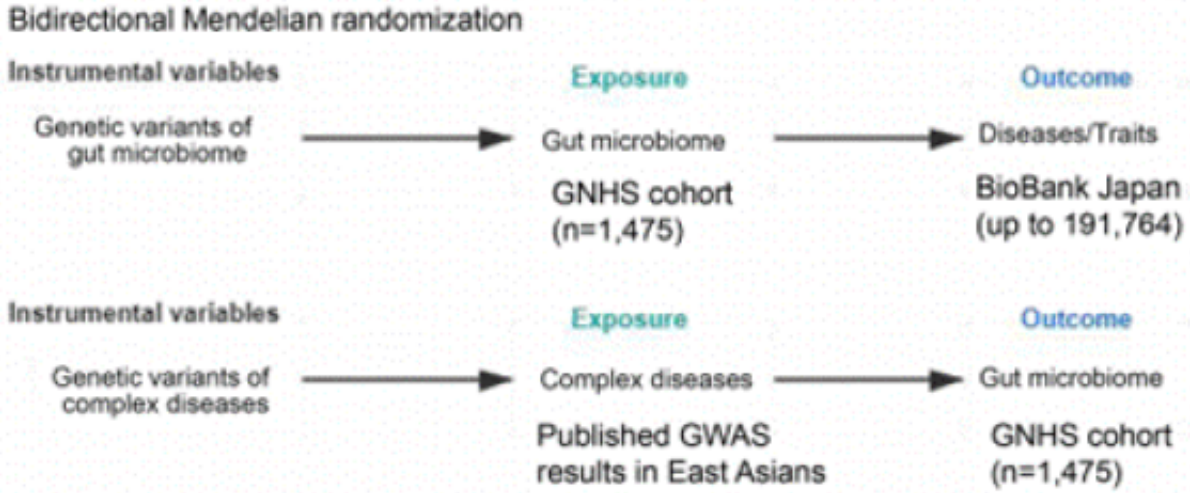


图1.自然遗传学文章标题以及在项目中所收集的人群基本信息

A. Association of host genetics with gut microbiome in a Chinese population.



B. The causal relationships between gut microbiome and complex human diseases.



C. The shared and distinct microbiome features among complex human diseases.



图2.在中国人群中进行的GWAS分析以及后续与疾病的关联研究

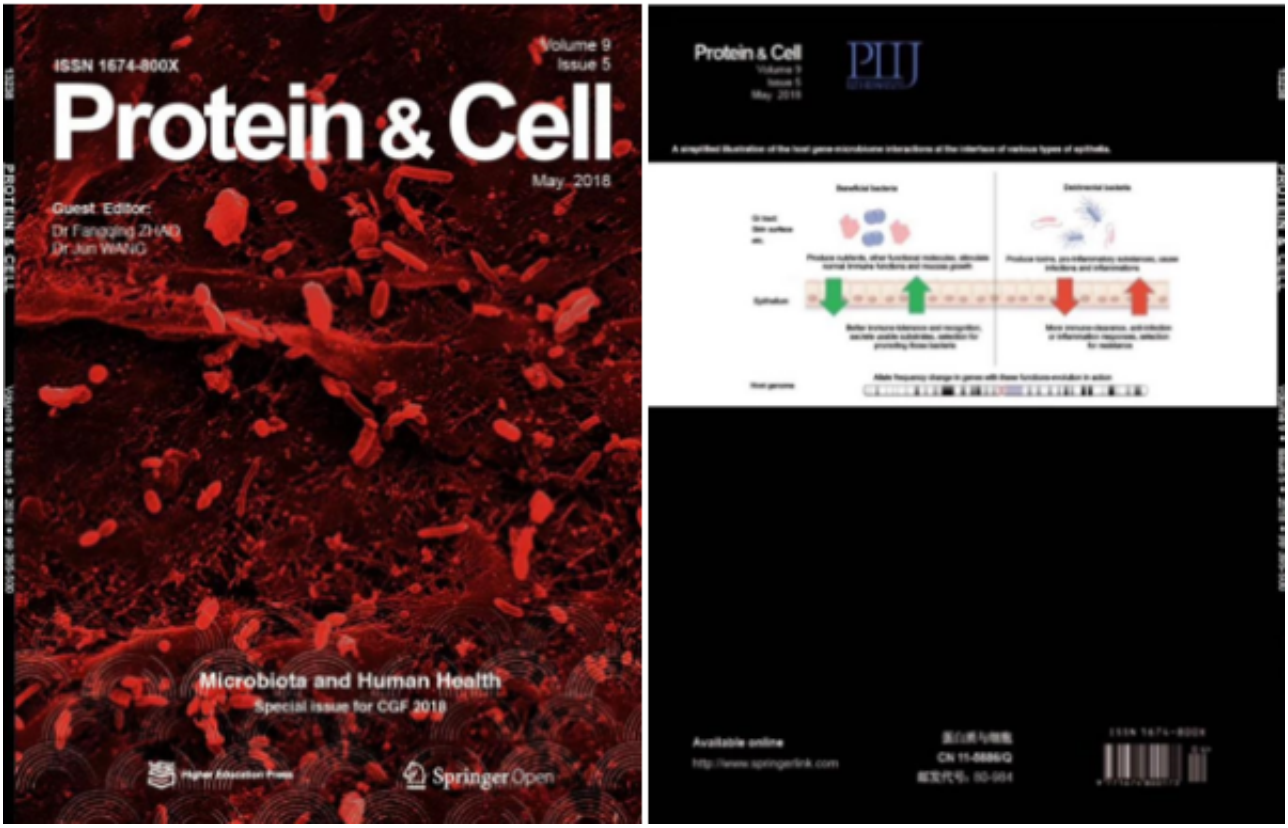


图3.王军应邀为*Protein Cell*特刊所做综述，主图被选为当期的封底图片

研究团队单位：微生物研究所

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发