
研究揭示肠道菌群在指导精准营养干预改善代谢综合征中的重要作用

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/15060.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！

7月30日，中国科学院上海营养与健康研究所研究员陈雁研究组和研究员林旭研究组在Molecular Nutrition Food Research上，在线发表了题为Gut Microbiota Composition is Associated with Responses to Peanut Intervention in Multiple Parameters Among Adults with Metabolic Syndrome Risk的研究论文。研究揭示出肠道菌群在指导精准营养干预改善代谢综合征中的重要作用。

代谢综合征（metabolic syndrome，MetS）是以胰岛素抵抗和系统性炎症反应为病理生理特征的、一组相互关联危险因素的集合，以腹型肥胖为核心特征，糖脂代谢异常、高血压等也是其重要的病理表现。MetS是发生2型糖尿病、非酒精性脂肪性肝病和动脉粥样硬化等疾病的高危风险因素，由不合理的饮食习惯和不当生活方式引发的MetS及相关疾病已成为重大公共卫生健康问题。

越来越多研究表明，不同个体对同样的食物可能有不同反应，这体现在餐后血糖、疾病干预和治疗效果等方面。产生差异的一个重要原因来自于不同个体肠道中的微生物群。因此，人们在选择食物或进行营养干预时，应将自己视作人和微生物的超级共生体，通过基于个性化的营养支持来优化健康或预防、管理、治疗疾病，这一概念称为精准营养（precision nutrition）或个体化营养（personalized nutrition）。近年来的研究表明，肠道菌群是精准营养的关键特征之一。

今年1月，林旭研究组在The American Journal of Clinical Nutrition

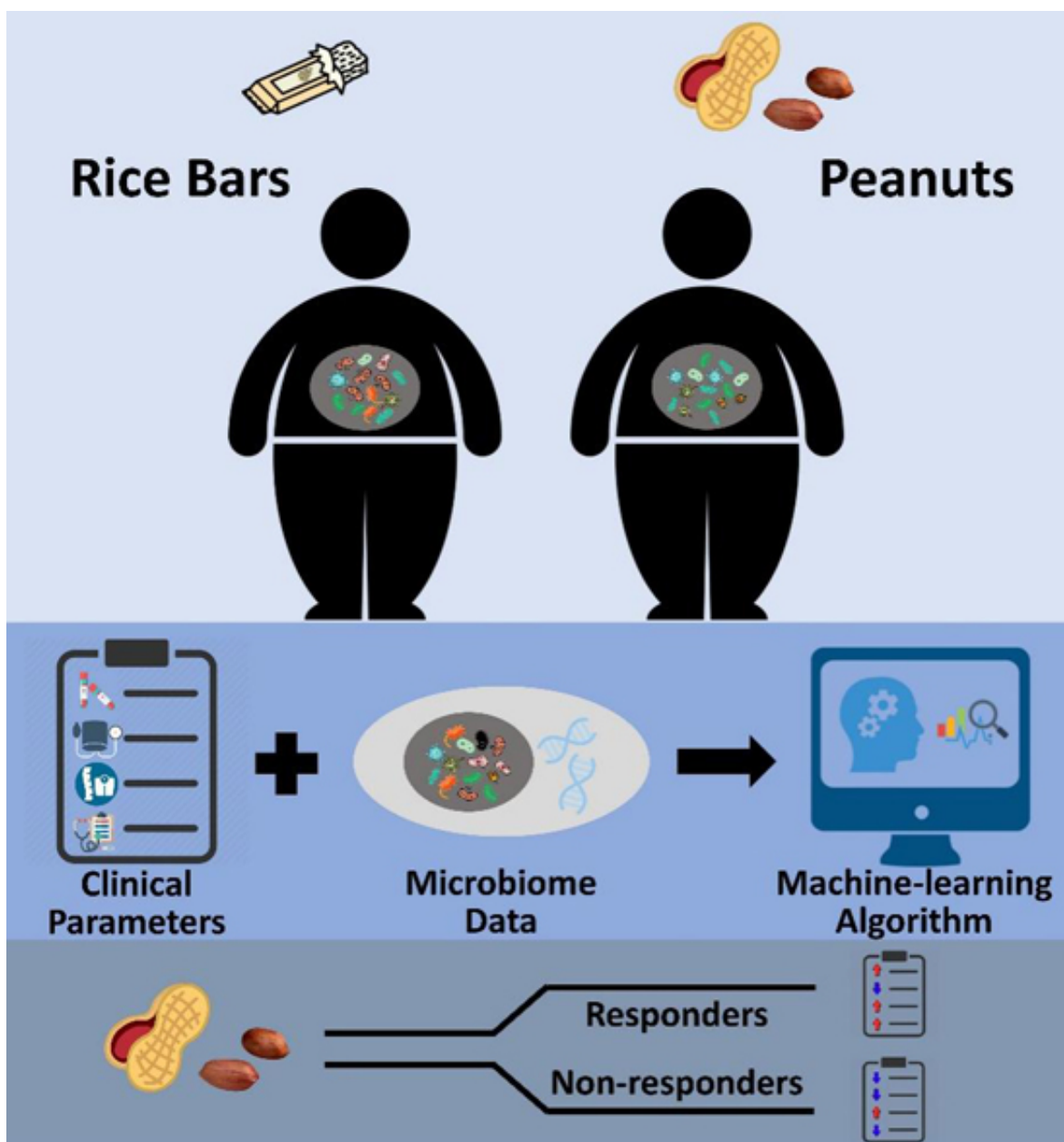
上发表了针对代谢综合征及其高风险人群开展的连续12周的饮食干预研究。该研究利用花生替代等能量的精制谷物摄入，而对照组食用等热量的精制谷物棒，发现花生替代等能量的精制谷物能显著提高代谢综合征的逆转率。在该研究基础上，科研人员开展肠道菌群的采集与分析，并将菌群信息与临床指标进行关联研究。通过分析临床指标，研究发现花生干预后各临床检验指标和身体测量指标的变化呈现高度的个体差异性。通过分析人群肠道菌群的组成，研究发现无论是组间比较还是组内前后比较，菌群结构均具有高度的个体特异性，其组成变化的一致性规律较少。

鉴于人群对花生干预响应程度的差异，科研人员根据每个代谢相关指标的前后改善情况以及代谢综合征风险的逆转情况，将花生干预组的人群分为应答者（responders）与非应答者（non-responders）。应用机器学习的算法，研究利用干预前样本的菌群测序数据特征建立了针对每个指标和代谢综合征整体风险逆转情况的响应预测模型。在检测的9项临床指标中，有6项指标的预测模型取得一定的预测效果（ROC曲线下面积AUC > 0.70），特别是在舒张压（DBP）和体重的干预效果预测上达到了较高的准确度（ROC曲线下面积分别为AUC=0.91和AUC=0.8）；此外，代谢综

合征整体风险逆转情况也可通过建立的模型达到较好的预测效果（ROC曲线下面积为AUC=0.71）。综上，研究揭示出肠道菌群在精准营养干预改善代谢和治疗疾病策略中的关键地位，为后续以肠道菌群为功能性食物或药物作用的靶点研究，或开展更大规模精准营养干预和临床应用提供新的思路 and 理论依据。

研究工作得到科技部、国家自然科学基金委员会以及中科院等的资助，并得到复旦大学附属华东医院的支持。

[论文链接](#)



利用肠道菌群和机器学习算法建立在花生干预代谢综合征中各指标响应的预测模型

研究团队单位：上海营养与健康研究所

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](http://www.iikx.com)转发