
北京生科院揭示生命早期肠道菌群演变规律及决定因素

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/15415.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！

8月25日，中国科学院北京生命科学研究院赵方庆团队在Genome Biology

杂志上在线发表研究文章。该团队收集并分析了来自全球17个国家的超过1万例新生儿肠道菌群数据，揭示了全球新生儿肠道菌群的地域特征，并通过生态学模型和系统功能分析阐明了人类肠道菌群由婴幼儿向成人转变的确定性模式。

在该研究中，研究人员采用机器学习算法和统计学模型，对来自1956个新生儿的13776个自测及公共数据集进行了整合挖掘，通过比较不同年龄段的微生物组特征，将出生后前三年的新生儿划分为了四个显著不同的肠型，分别由厚壁菌门、双歧杆菌属、拟杆菌属和普氏菌属主导。研究人员发现四种肠型具有明显的成熟度区别，各自代表着不同的发育阶段：以厚壁菌和双歧杆菌为主导的婴儿其肠道微生物生态结构更为松散，菌群成熟度较低，对应新生儿发育的早期阶段；而以拟杆菌和普氏菌为主导的婴儿，其肠道菌群相关的代谢通路更为复杂，具有更高的物种多样性和更高的成熟度，对应于新生儿发育的稍晚时期。同时，四种肠型在全球新生儿人群中也呈现出特定的地域分布模式：在经济卫生水平较高的国家，新生儿肠道菌群倾向于快速成熟，以拟杆菌-普氏菌肠型为主导；而在医疗卫生水平欠佳的地区，新生儿肠道菌群的成熟出现明显的滞后现象，以厚壁菌-双歧杆菌为主导。

在婴幼儿前三年的发育过程中，肠道菌群逐渐发育成熟，肠型也经历了由不成熟的厚壁菌-双歧杆菌向成熟的拟杆菌-普氏菌的确定性转变。研究人员首次利用随机进化生态模型，探究肠道菌群转变过程中的随机性和确定性因素。该模型通过计算每个群落的最近邻分类群指数（Nearest Taxon Index）与洛浦克里克指数（Raup-Crick Index）来确定该群落受到的进化驱动力。群落的进化驱动力随机性越低，则生态群落越成熟，其在随后的发育过程中也倾向于进化得更加稳定。而以拟杆菌和普氏菌为主导的肠道菌群符合这一特征。

该研究覆盖了全球6个主要大陆的17个国家，样本超过1万例，是目前为止最大规模的新生儿肠道菌群研究。该研究阐明了新生儿在出生后前三年肠道菌群的确定性转变，引入生态模型探究了菌群成熟的内在机制，并通过大人群队列分析揭示了肠型在全球新生儿中的特定分布模式。该研究对于新生儿肠道的菌群发育进行了系统总结，拓展了对人类肠道早期发育模式的认识。

该研究得到国家自然科学基金项目和科技部重点研发项目的支持，并在临床样本与信息采集方面得到温州医科大学合作者的帮助。

[论文链接](#)

研究团队单位：北京生命科学研究院

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