

---

# 灵长类肠道菌群在全生命周期中的动态变化获揭示

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/17119.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！**

灵长类肠道菌群在全生命周期中的动态变化获揭示。近日，江南大学-广东省科学院动物研究所慢性病灵长类研究联合实验室、广东省科学院动物研究所非人灵长类研究课题组，研究揭示了灵长类肠道菌群在全生命周期中的动态变化。相关研究发表于基因组和遗传学领域知名期刊《基因组学、蛋白质组学与生物信息学》(Genomics, Proteomics Bioinformatics)。魏志远博士、饶军华副研究员为该论文共同第一作者，陈建欢教授为通讯作者。

年龄如何影响肠道菌群成为近来研究热点之一。由于人群中复杂的环境因素在个体间的差异，年龄的实际作用不可避免地会被混杂因素所干扰，因此通过控制良好的环境来减少混杂因素的影响对于客观揭示健康灵长类中肠道菌群随年龄改变而发生的变化是必不可少的。

食蟹猴是研究中广泛使用的非人灵长类动物，其肠道菌群和基因与人高度相似。研究人员以健康的食蟹猴为模型，研究了灵长类肠道菌群在组成结构和互作网络拓扑结构等层面的年龄依赖性变化，并鉴定了与该过程相关的关键驱动微生物。

菌群多样性分析表明：在各个年龄组的食蟹猴粪便样本中厚壁菌门和拟杆菌门为两个优势门。研究发现，与婴幼儿组相比，成年组尤其是中老年组中厚壁菌门与拟杆菌门的比值显著增加，多样性变化非常明显。菌群丰度与年龄的进一步相关性分析表明：在门水平上，Epsilonbacteraeota等6个门与年龄呈负相关，而Actinobacteria等9个门与年龄呈正相关；在属水平上，共有112个属与年龄显著相关，与年龄相关性最强的有40个属。在这些微生物中，23个属与年龄呈负相关，其中大部分是潜在的共生菌，包括来自Lachnospiraceae的11个属，来自Prevotellaceae的2个属，来自Ruminococcaceae的2个属。这些发现为更好地了解疾病中肠道菌群的变化提供重要的参考。

拓扑学分析结果显示，婴幼儿组中肠道菌群网络连接性最低。菌群互作网络在青年组中发展到更成熟的阶段，而在中年组中具有最高的连接性。出乎意料的是，尽管在老年组和中年组之间发现有相似的肠道菌群多样性，但在老年组中菌群互作网络的连接性急剧下降，提示菌群互作网络的连接性可能是比生物多样性更适合反映菌群衰老的指标。关键菌属分析发现Prevotella 9是四个年龄组以及使用所有样本构建的网络唯一共有的关键属。

此外，影响菌群变化的驱动微生物分析结果提示Prevotella 9是影响婴幼儿组和青年组之间菌群互作改变的唯一驱动菌。与婴幼儿组相比，青年组的肠道菌群建立了与Prevotella 9的新相互作用。在中年组中，Rikenellaceae RC9和Megasphaera则是肠道菌群长期发育相关的关键驱动微生物。

该研究对圈养食蟹猴的肠道菌群进行了16S rRNA基因测序，研究其从婴幼儿期到老年期过程中年龄

---

相关肠道菌群在组成结构和功能、微生物互作网络拓扑结构等方面的表征，系统揭示了灵长类肠道菌群在全生命周期中的动态变化，为理解灵长类全生命周期中肠道菌群的发育及其与健康老龄化的关系提供了重要参考。

该工作得到国家重点研发计划、国家自然科学基金、广东省科技计划项目、广东省科学院科技发展专项等基金项目资助。（来源：中国科学报朱汉斌）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.gpb.2021.09.009>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：陈建欢等 来源：《基因组学、蛋白质组学与生物信息学》

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](https://www.iikx.com)转发