中老年人肠道真菌组图谱获解密

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/17162.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！

中老年人肠道真菌组图谱获解密。

人类中老年肠道真菌的构成和变化图谱 西湖大学供图

近日，西湖大学生命科学学院郑钜圣团队与中山大学陈裕明团队合作在国际期刊《胃肠》在线发表了题为《中老年人群的肠道真菌组图谱解析》的研究成果，首次揭示了人类衰老进程中的肠道真菌组图谱及其动态变化规律，发现了肠道真菌组与细菌组的跨界交互对人体代谢健康的潜在影响及多组学关联机制，为代谢病防治及药物开发提供了潜在的新型靶点。

基于真菌控生作用假说的启示，郑钜圣团队与中山大学团队合作，在广州营养与健康队列（GN

HS）中作了深入探索。GNHS队列是一个包含4000多名参与者的中老年人队列（45岁至75岁），从2008年至2013年间基线招募开始，每三年对所有的参与者进行跟踪随访。通过ITS2基因测序，研究团队描绘了1244个中老年参与者的肠道真菌组图谱，并鉴定了核心肠道真菌的组成。其中有184个参与者，在三年随访的前后两个时间点进行了肠道真菌组的重复测量。

该研究发现，中老年人群中肠道真菌组的相当一部分组成在时间上（衰老过程中）是稳定的。肠道真菌组的变化主要受年龄，饮食习惯以及生理状态的影响。具体而言，与中年个体相比，芽孢杆菌在老年人中更少，马拉色菌则更富集。长期乳制品摄入与酵母菌丰度呈正相关，但与念珠菌呈负相关。

同处一个生态系统，肠道真菌与细菌不可避免地会相互作用，并影响宿主代谢。肠道内的真菌与细菌是否可能通过生态交互协同调控宿主的代谢风险呢？

研究团队发现，酵母目下的特定属与肠道细菌多样性相互作用，共同影响胰岛素抵抗，这使得微生物组跨界医学的概念得以验证。为了探寻潜在的机制，研究团队利用高维度的多组学数据，分析了肠道真菌与细菌分类，功能及粪便代谢物的生态网络，并根据先验知识，推断出了潜在的作用通路，这也为未来进一步的实验验证奠定了重要基础。另外，双向中介分析则表明，肠道细菌的功能以及粪便组氨酸可能介导了毕赤酵母对血液低密度脂蛋白胆固醇的影响。

该研究报道了人类中老年人群中的肠道真菌组图谱，并首次分析了中老年人群的真菌组差异及其与衰老的关联。3年左右的长期随访揭示了人体肠道真菌菌群组成的长期稳定性，进一步奠定了肠道真菌作为肠道生态系统基石的可能。结合丰富的多组学以及临床表型数据，该研究深入探索了肠道真菌与细菌的跨界交互和人体代谢健康的关联及潜在机制，为后续微生物组跨界医学的研究提供了重要参考。

据悉，西湖大学博士生帅梦雷、副研究员付元庆及中山大学研究生钟海丽为本文共同第一作者，西湖大学研究员郑钜圣、中山大学教授陈裕明、莫纳什大学教授Mark L Wahlqvist是本文的共同通讯作者。（来源：中国科学报 温才妃 李凯娜）

相关论文信息：http://dx.doi.org/ 10.1136/gutjnl-2021-326298

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：付元庆等 来源：《胃肠》

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