构建解析肠道菌群对膳食纤维应答的生态学模型

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/18503.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！

构建解析肠道菌群对膳食纤维应答的生态学模型。膳食纤维，因为不能被人体消化和利用，常常会进入到大肠，成为肠道微生物生长利用的主要食物。部分微生物能够以膳食纤维为食物，而其他微生物则无法利用，这也使得膳食纤维成为调节肠道菌群结构和功能的主要策略之一。

然而，对于膳食纤维这一美食，不同的肠道微生物并不会按照我们想的那样，安安静静互不打扰的吃完这顿饭。如果两种微生物都能够利用，二者之间则可能会发生争抢食物的现象。那么，如何揭开不同肠道微生物间的食物纷争，进而可以利用膳食纤维更加精准的调控肠道菌群呢？基于时间序列数据的生态动力学模型为我们提供了一种有力工具。

5月21日，中国科学院深圳先进技术研究院合成生物学研究所、深圳合成生物学创新研究院戴磊课题组在Nature子刊ISME Journal上发表最新成果，该团队基于肠道微生物组的时序数据，构建了解析膳食纤维调控肠道菌群变化的生态动力学模型。该方法突破了传统研究在横断面实验设计、微生物生态学互作方面的瓶颈，为系统性理解肠道微生物组以及开发相应的精准营养调控手段奠定了技术基础。团队成员刘红宾博士和美国纪念斯隆-
凯特琳癌症中心廖辰博士为共同第一作者，戴磊为通讯作者。

解析膳食纤维干预后肠道菌群变化的机制，已经成为核心关键。团队通过连续采集肠道微生物组的时间序列变化数据，借力生态动力学模型，推断利用膳食纤维的关键微生物，以及不同微生物之间的相互作用关系，由此揭开不同肠道微生物对膳食纤维的纷争。通过这一方法，该团队成功推断了小鼠肠道菌群中膳食纤维代谢功能的关键响应菌，以及关键微生物之间的互作关系。当关键微生物缺失时，膳食纤维对肠道菌群的调控作用可能会失效。

随后，团队对已有的人群队列时序数据进行了相同的建模分析，成功推断出具有菊粉代谢功能的青春双歧杆菌。此外，发现了青春双歧杆菌与粪便拟杆菌之间存在的竞争关系，并通过体外培养实验进行了验证。比如，通过向肠道菌群中补充青春双歧杆菌，可以观察到粪便拟杆菌丰度的下降。

与以往研究相比，该团队将时序数据与生态学建模的方法相结合，深入解析肠道菌群的生态学规律。该研究揭示了微生物生态网络对于理解与预测肠道菌群应答的重要性，为开发生态层次的靶向调控手段奠定了理论基础。未来，该技术将推动肠道微生物组的生态学机制研究，有望实现肠道微生物组的精准营养调控和相关疾病的预防和治疗。(来源：中国科学报刁雯蕙)

相关论文信息：https://doi.org/10.1038/s41396-022-01253-4

作者：戴磊等 来源：《国际微生物生态学学会杂志》

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