

新研究揭示微生物群落组装机制

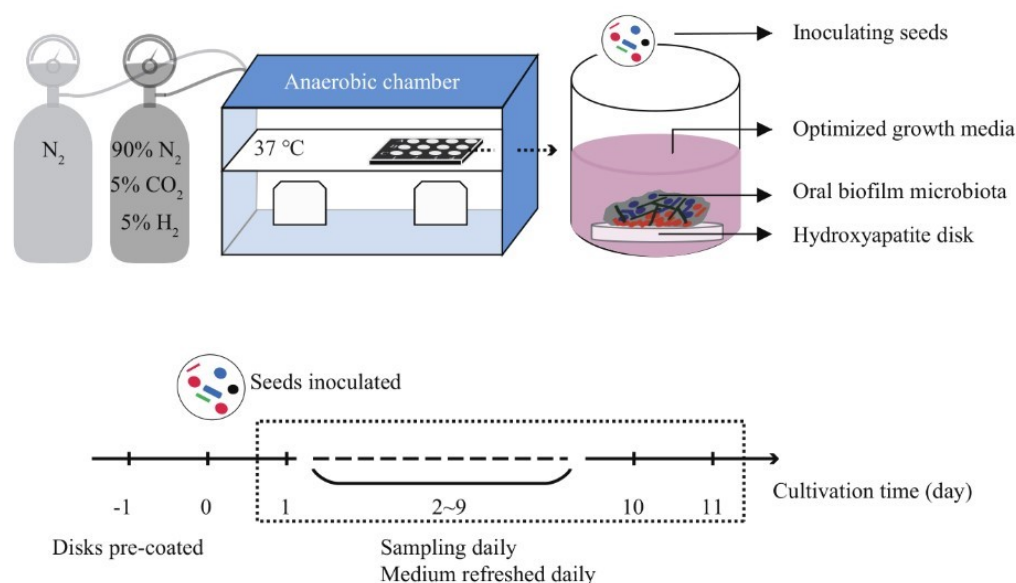
作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/24894.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！

新研究揭示微生物群落组装机制。中山大学中山医学院教授丁涛团队研究揭示了人类口腔生物被膜（OBM）菌群过程中的纵向时序群体感应网络，并通过实验验证了细菌群体感应网络在预测和操纵菌群装配过程中的有效性。近日，相关成果在线发表于《微生物组》。

此前，丁涛团队全面综述了细菌群体感应机制在病原菌驱动胃肠道感染的角色和作用，列举了在胃肠道菌群中发现的细菌群体感应信号以及它们参与调控菌群生理代谢功能的实例。相关文章发表于《肠道微生物》。

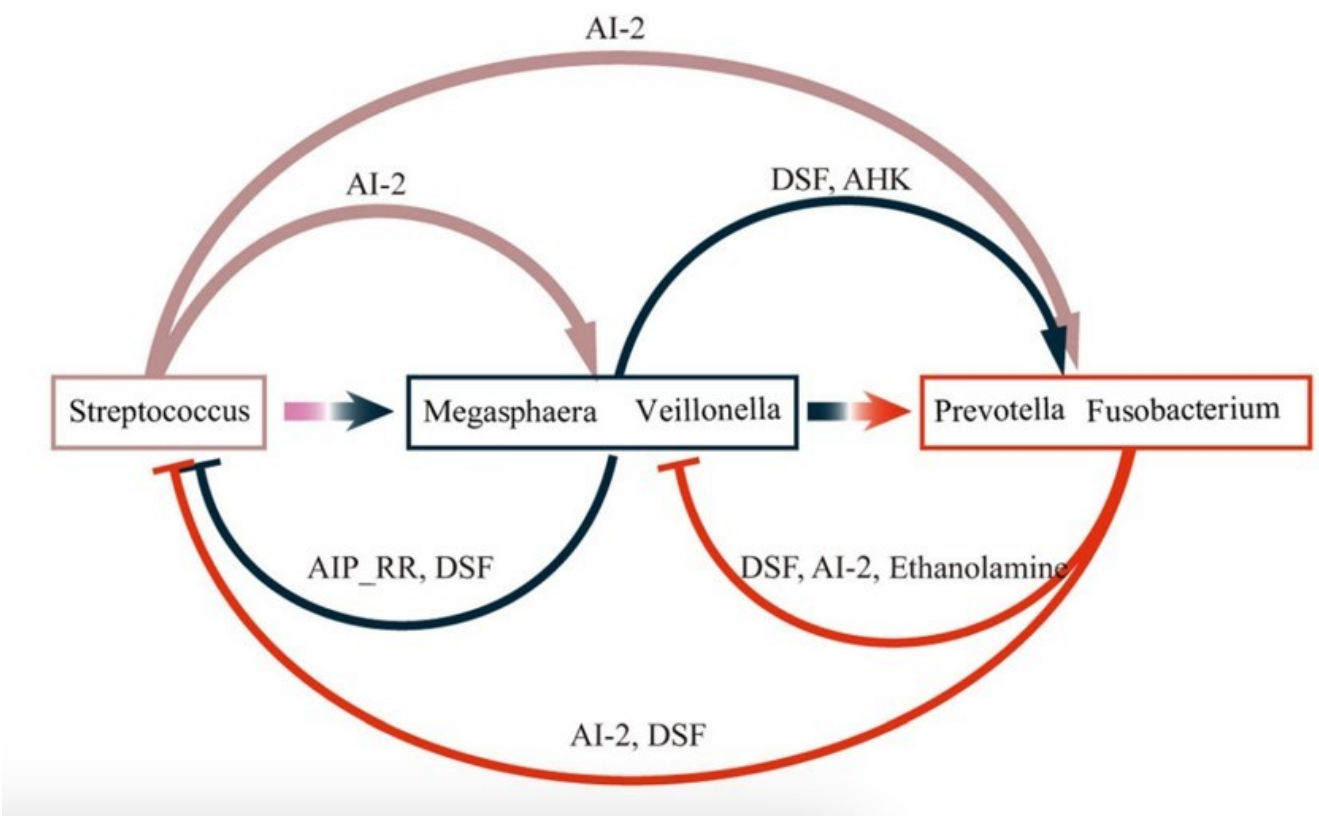


自主搭建的体外菌群组装观测模型。丁涛团队 供图

论文通讯作者丁涛表示，人体菌群与多种疾病密切相关，精准调控菌群已经成为微生物组学的热门科学问题。然而，人体菌群多样性高、人群异质性大、组成和功能的动态复杂，实现菌群精准调控挑战巨大。此外，细菌群体感应如何调控人类微生物群落的组装过程尚不清楚。

该研究利用在体外搭建的优化的OBM的组装平台，真实模拟并追踪了OBM菌群OBM的组装全过程。同时发现OBM的组装过程中，依次处于优势地位的核心菌包括链球菌、韦荣氏球菌-巨球型菌、普雷沃菌-梭杆菌，通过时序性的细菌群体感应网络进行信息交流实现菌种间互作，推动菌群结构的序贯演替。

该研究构建了细菌群体感应通路中信号合成和信号感应蛋白序列参考库，并将其与时序OBM宏基因组进行同源比对，从中发现了2291个细菌群体感应同源蛋白，涉及21条细菌群体感应通路。这些细菌群体感应通路大多在OBM中是首次发现，并在OBM组装过程中呈现时序富集特点。



口腔菌群组装过程中的核心菌信号调节网络。丁涛团队 供图

经过对获得的细菌群体感应同源蛋白进行物种归类分析，研究人员发现OBM中的细菌群体感应通路主要来源自菌群组装过程中时序富集的优势物种。同时发现细菌群体感应信号在菌群通讯网络中是双向传递的，并对菌群组装过程中的群落结构定向转换具有关键作用。

丁涛表示，该研究作为揭示自然复杂微生物群聚集的潜在机制提供了新的视角，并为通过干预细菌群体感应网络最终精确操纵人类菌群提供了重要的理论基础。（来源：中国科学报 朱汉斌）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1186/s40168-023-01699-4>

<https://doi.org/10.1080/19490976.2023.2252780>

作者：丁涛等 来源：《微生物组》

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