研究建立规模最大婴儿微生物组数据集

作者： 唐一尘 来源：中国科学报

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/2689.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！

研究建立规模最大婴儿微生物组数据集。《自然》近日发表的两篇论文详细阐述了婴儿肠道菌群的形成。研究结果剖析了微生物组、婴儿发育以及I型糖尿病潜在影响之间的关系。

肠道菌群会不断变化，但从婴儿期到儿童期的变化过渡尚未得到全面理解。研究显示，微生物组可能与不同疾病病理特征有关，包括I型糖尿病青少年糖尿病环境决定因素(TEDDY)。为考察这一关系，TEDDY研究建立了迄今为止规模最大的婴儿微生物组数据集之一，样本来自美国、瑞典、德国和芬兰的6个临床中心。

美国得克萨斯州贝勒医学院的Joseph Petrosino及同事运用基因测序分析了TEDDY研究中903名儿童的12500个粪便样本，这些样本取自月龄为3~46个月的儿童，每月采集一次。作者发现，微生物群的构成以及多样性的变化可分为3个不同阶段：发育期(3~14个月)、过渡期(15~30个月)以及稳定期(31个月及以上)。在发育阶段，双歧杆菌含量升高与母乳喂养有关，而微生物组的多样性会随婴儿断奶后摄入辅食增多而增加。拟杆菌的临时性增加与产道分娩有关，而肠道菌群的多样性和肠道成熟度增加又与拟杆菌增加有关(与分娩方式无关)。此外，兄弟姐妹、接触宠物以及地理位置也是造成微生物组差异的因素。

在另一篇论文中，马萨诸塞州麻省理工学院—哈佛大学博德研究所的Curtis Huttenhower及同事通过分析TEDDY研究中783名婴儿的近11000个粪便样本，对发展为I型糖尿病儿童的早期肠道菌群进行了表征。研究人员发现，没有I型糖尿病的婴儿的微生物组中含有较多与发酵和短链脂肪酸合成相关的基因。结合之前的证据表明，短链脂肪酸或具有保护作用。

研究人员强调，进行取样的婴儿(大多数为非拉美裔白人以及I型糖尿病高危群体)可能无法代表其他群体。这两项研究都对婴儿肠道菌群进行了表征，并为研究人员提供了宝贵资源。(来源：中国科学报 唐一尘)

相关论文信息：DOI：10.1038/s41586-018-0617-x;10.1038/s41586-018-0620-2

《中国科学报》 (2018-10-30 第2版 国际)

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