
科学家解析人体肠道真菌组及其生物功能

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/27420.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！

5月21日，中国科学院上海药物研究所果德安课题组、大连医科大学马骁驰与王超课题组，联合法国农业科学研究院教授Francis Martin，在《细胞》（Cell）上在线发表了题为A genomic compendium of cultivated human gut fungi characterizes the gut mycobiome and its relevance to common diseases的研究论文。

该研究通过大规模人类肠道真菌培养测序，建立了迄今为止最大的人类培养肠道真菌参考基因组目录，完成了代谢功能解析，揭示了人类肠道真菌多样性及其在常见疾病中的潜在作用，扩展了现有肠道真菌基因组资源，为肠道真菌群落结构、生物功能等方面的研究提供了重要的参考数据。

人体的消化系统由多种微生物组成，包括细菌、古细菌、真菌和病毒。目前，关于人体肠道细菌的群落结构以及生物功能已有较多研究。作为肠道微生态的重要组成部分，肠道真菌群落对宿主的各种生理、病理过程会产生影响。尽管研究人员能够通过真菌18S rRNA基因或核糖体DNA内部转录间隔区区域的DNA元条形码来研究肠道真菌组，丰富了对人体肠道真菌群落的认知，但对于人类肠道真菌的遗传、功能的系统研究仍然有限。上述现象出现的原因在于有限的参考基因组。

该研究利用培养组技术在135名健康中国人粪便样本中培养出12453株真菌并进行全基因组测序，获得760个肠道真菌基因组（涵盖48科、206种），其中69种为首次鉴定。研究对206种真菌进行功能基因分析以及靶向代谢组学测定，阐述了肠道真菌在基因功能和代谢产物方面的特点。进一步，研究分析1.1万个人类粪便宏基因组数据，揭示了中国和非中国人群的肠道真菌群落结构特征。研究分析28个疾病的肠道真菌组特征，鉴定出疾病相关的肠道真菌特征信号，并聚焦炎性肠病患者的肠道真菌特征，在多种小鼠结肠炎模型中验证了目的菌株的生物功能、部分活性物质和分子机制。

该研究构建的真菌基因组目录以及开展的功能解析工作，拓展了科学家对人体肠道菌群的生物多样性和疾病相关性的认知，为肠道菌相关疾病的诊疗提供了新思路。

[论文链接](#)

研究团队单位：上海药物研究所

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](http://www.iikx.com)转发