大多数疾病相关肠道细菌实际上与疾病无关

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/30405.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！

大多数疾病相关肠道细菌实际上与疾病无关。许多与细菌相关的疾病，如炎症性肠病或结直肠癌，与肠道微生物组的改变有关。德国科学家的一项研究表明，这些疾病可能是由细菌负荷（微生物密度）的变化而不是某个细菌的相对丰度引起的。他们使用机器学习模型发现，至少有一半通常被认为是细菌相关状况的肠道细菌种类的变化，可能是由细菌负荷的总变化而非疾病本身所触发的。相关研究11月14日发表于《细胞》。

我们惊讶地发现，许多以前被认为与疾病相关的细菌，实际上更多地是由细菌负荷的变化来解释的。这些细菌主要与腹泻和便秘等症状相关，而不是直接与疾病状况本身联系在一起。论文通讯作者、德国海德堡欧洲分子生物学实验室（EMBL）的Peer Bork说。

细菌密度与体内粪便运输时间、稠度、水分含量和肠道pH值密切相关。腹泻或便秘等会影响肠道细菌密度，进而影响菌群多样性。因此，当我们看到某种细菌种类发生变化时，它可能不是由某种特定疾病引起的，而是由许多疾病共有的一般症状引起的，比如腹泻。

细菌负荷一直被认为是微生物组研究中的一个重要部分，但由于实验方法的高成本和劳动密集型特征，大规模分析在很大程度上受到限制。研究人员使用机器学习方法来克服这一限制。他们开发了一种粪便细菌负荷预测模型，并将其应用于大规模宏基因组数据集，以探索相关微生物在健康和疾病中的变化。

测量粪便样本中的细菌负荷需要付出很多努力，我们很高兴能够访问两个大型宏基因组数据集，其中的细菌负荷已经通过实验测量。论文共同通讯作者、EMBL的Michael Kuhn说，通过我们的方法，我们希望将这些数据推广到更大的领域，并利用我们提供的工具，所有成人肠道微生物组研究都可以预测细菌负荷。

团队为研究生成的新数据集包括数千个宏基因组以及欧盟资助的GALAXY项目和诺和诺德基金会资助的MicrobLiver项目中实验测量的细菌负荷。他们还使用了先前公开的MetaCardis研究的宏基因组和细菌负荷数据。对于探索性数据集，他们使用了来自先前研究的数万个宏基因组，包括来自日本和爱沙尼亚的深度表型人群。

不过，该研究存在局限性。因为分析仅仅基于关联性，研究人员无法建立因果关系的明确方向，也无法提供机制上的洞察。此外，所开发的方法仅适用于人类肠道微生物组：需要不同的训练数据集来预测其他物种的细菌负荷。

未来的研究将集中在与疾病更直接相关的菌群上，不仅限于细菌负荷，以更好地了解它们在疾病

病因学中的作用及其作为生物标志物的潜在用途。此外，研究人员计划改进预测模型，以应用于其他环境，如海洋和土壤微生物组，可以进一步了解全球范围内的微生物生态。（来源：中国科学报 冯维维）

相关论文信息：http://doi.org/10.1016/j.cell.2024.10.022

作者：Peer Bork 来源：《细胞》

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