

模型动物中的肠道菌群分析及微生物组研究

张建中

(《微生物学通报》编委会 北京 100101)

肠道菌群与多种疾病密切相关,从消化道疾病(如炎症性肠病)、心脑血管疾病(如动脉粥样硬化)到代谢类疾病(如 II 型糖尿病)和许多免疫性疾病(如风湿性关节炎),肠道菌群研究为诸多疾病研究和防治开辟了新的方向^[1-3]。

在肠道菌群研究领域,模型动物应用和实验结果的动物实验验证非常重要,本刊 2016 年第 7 期刊登的姬玉娇、孔祥峰等的论文“高、低营养水平饲料对环江香猪结肠菌群结构及代谢物的影响”^[4],通过对高、低营养水平饲料对环江香猪结肠菌群结构多样性及其代谢产物的影响,探讨了日粮-肠道微生物-宿主间的互作,作者通过标本中 16S rRNA 基因 V4 区测序分析菌群结构,并平行分析了乙酸、丙酸、丁酸、异丁酸、戊酸、异戊酸、氨氮、吲哚、粪臭素和生物胺的含量,发现短期饲喂高营养水平饲料可改变环江香猪结肠中的部分微生物含量及其代谢特性,值得一读;由于粪便采样无创、方便等特殊性质,研究中常用粪便菌群代表肠道菌群,本文对动物模型结肠肠段间 OTU、Chao1、Shannon 和 Simpson 指数变化的分析,对理解不同部位菌群间的代表性也有参考价值。随着中国经济和人群生活水平的迅速改善,中国人营养结构变化所伴随的肠道微生物群落结构变化和相关疾病谱变化值得高度关注。

2016 年 5 月,美国颁布了一项新的美国微生物组计划,首次把微生物研究提高到国家战略地位,强化解决人类健康和环境保护等重大问题,并以其跨学科、跨行业、跨部门及战略先导性特点引发了全球微生物组研究的热潮;随着各国及“国际微生物组计划”的纷纷推出^[5],必将带动关键技术的突破和关键问题的解决。在中国启动“国家微生物组计划”时,肠道微生物组研究也将是重点领域,对模型动物和动物模型中的微生物(包括肠道菌群)的分析不可或缺。

关键词: 微生物组, 菌群, 代谢产物, 模型动物

参考文献

- [1] Schloissnig S, Arumugam M, Sunagawa S, et al. Genomic variation landscape of the human gut microbiome[J]. *Nature*, 2013, 493(7430): 45-50
- [2] Kaiko GE, Ryu SH, Koues OI, et al. The colonic crypt protects stem cells from microbiota-derived metabolites[J]. *Cell*, 2016. DOI: 10.1016/j.cell.2016.05.018
- [3] Falony G, Joossens M, Vieira-Silva S, et al. Population-level analysis of gut microbiome variation[J]. *Science*, 2016, 352(6285): 560-564
- [4] Ji YJ, Zhu Q, Geng MM, et al. Effect of diets with high- or low-level nutrient on colonic microbial community structure and metabolites in Huanjiang mini-pigs[J]. *Microbiology China*, 2016, 43(7): 1650-1659 (in Chinese)
姬玉娇, 祝倩, 耿梅梅, 等. 高、低营养水平饲料对环江香猪结肠菌群结构及代谢物的影响[J]. *微生物学通报*, 2016, 43(7): 1650-1659
- [5] The NIH HMP Working Group, Peterson J, Garges S, et al. The NIH human microbiome project[J]. *Genome Research*, 2009, 19(12): 2317-2323

Gut microbial community and microbiome of test animals

ZHANG Jian-Zhong

(The Editorial Board of Microbiology China, Beijing 100101, China)

Keywords: Microbiome, Microbial community, Metabolites, Test animal