

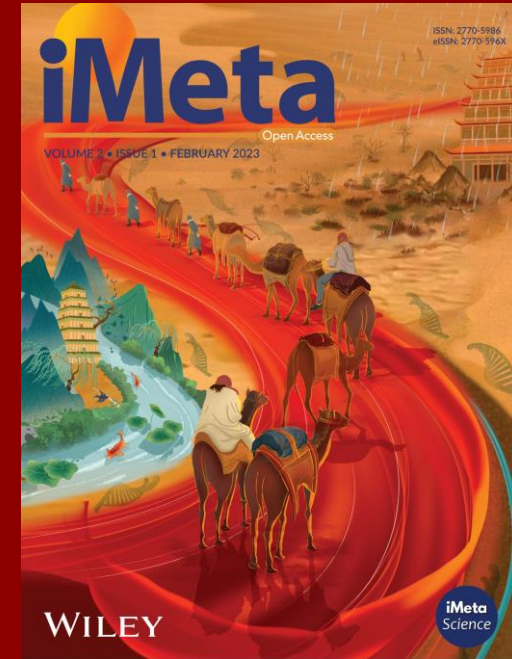


短期补充益生菌可影响本地肠道微生物群的多样性、基因、生长速率和相互作用

沈馨^{1,2,3#}，靳昊^{1,2,3#}，赵飞燕^{1,2,4}，郭丽如^{1,2,4}，赵志鑫^{1,2,4}，孙志宏^{1,2,3*}

¹乳品生物技术与工程教育部重点实验室；²农村部奶制品加工重点实验室；

³内蒙古乳品生物技术与工程重点实验室；⁴乳酸菌与发酵乳制品教育部协同创新中心，
内蒙古农业大学，呼和浩特 010018

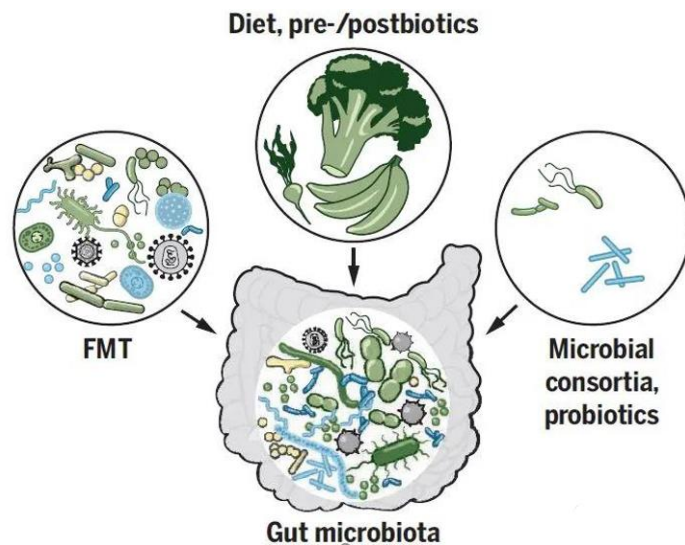
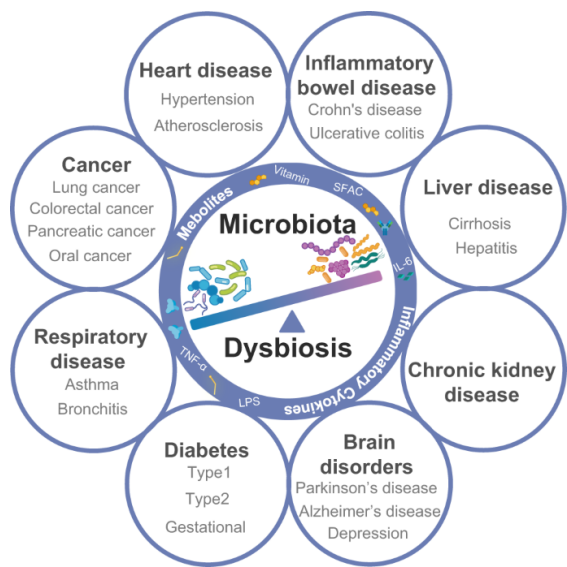


Xin Shen[#], Hao Jin[#], Feiyan Zhao, Lai-Yu Kwok, Zhixin Zhao, Zhihong Sun^{*}. 2024. Short-Term Probiotic Supplementation Affects the Diversity, Genetics, Growth, and Interactions of the Native Gut Microbiome. *iMeta* 3: e253. <https://doi.org/10.1002/imt2.253>



背景

- ❑ 人类肠道中蕴藏着高度多样化和动态的微生物群，其在维持机体健康和生理稳态中发挥着至关重要的作用。
- ❑ 益生菌是一种调节肠道健康的有效策略。临床前和临床研究均已证明益生菌补充剂在管理各种健康状况方面的潜力。然而，益生菌的作用效果可能因人而异。
- ❑ 益生菌与本地肠道微生物群相互作用的确切机制，特别是在物种和基因水平上，仍然没有得到充分的探索。



Microbiota Supplementation with **Bifidobacterium and Lactobacillus** Modifies the Preterm Infant Gut Microbiota and Metabolome: An Observational Study

Cristina Alcon-Giner, Matthew J Dalby, Shabbonam Calm, Jennifer Ketskemety, Alex Shaw, Kathleen Sim, Melissa AE Laws, Fahmina Fardus, Lindsay J Hall

subsp. BB-12 Protects against Antibiotic-Induced Functional and Compositional Changes in Human Fecal Microbiome

Daniel Merenstein, Claire M Fraser, Robert F Roberts, Tian Liu, Silvia Grant-Reumann, Tina P Tan

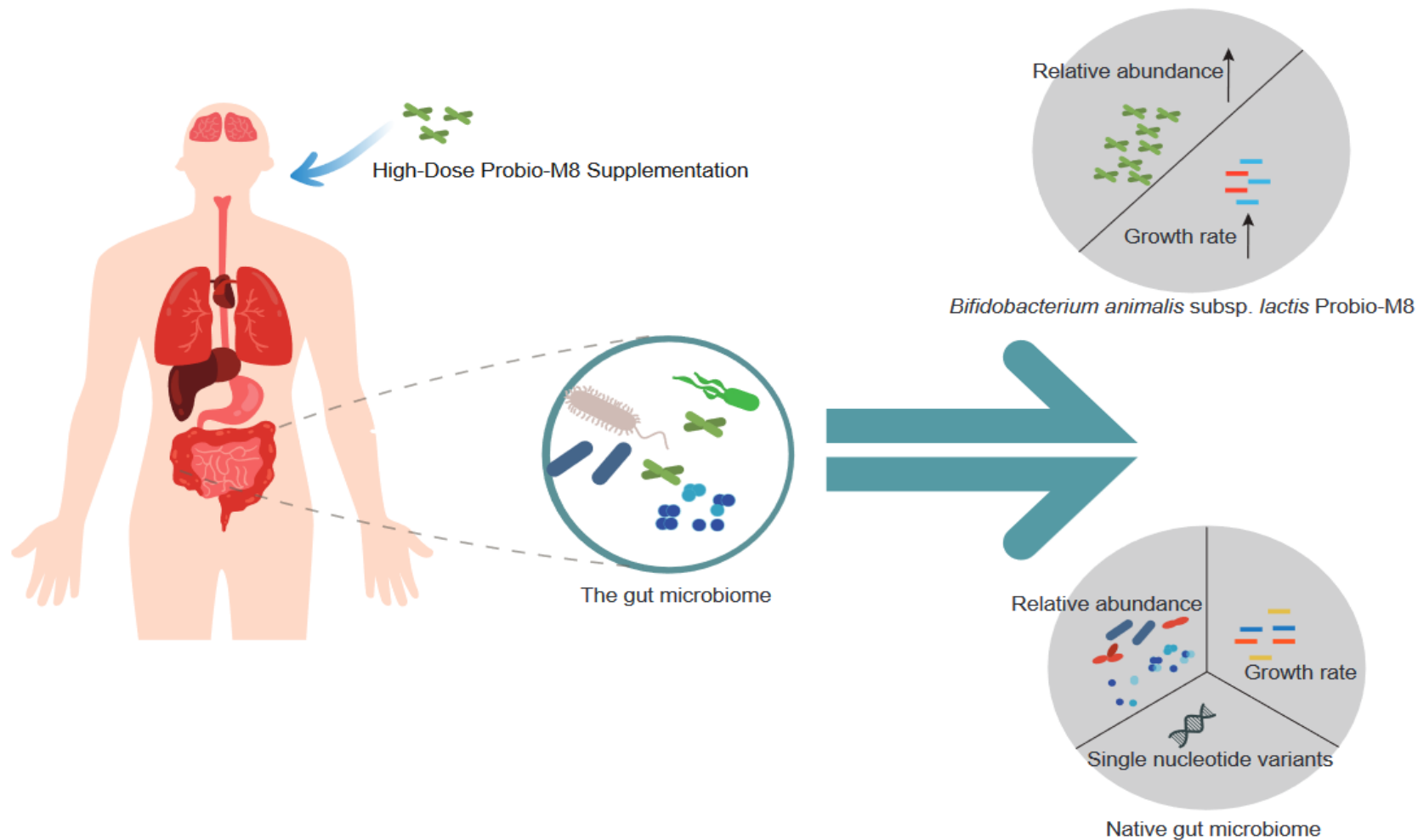
Keish Probiotic consumption relieved human stress and anxiety symptoms possibly via modulating the neuroactive potential of the gut microbiota

Probiotic supplementation improves cognitive function and mood with changes in gut microbiota in community-dwelling elderly: A randomized, double-blind, placebo-controlled, multicenter trial

Chong-Su Kim, Lina Cha, Minju Sim, Sungwoong Jung, Woo Young Chun, Hyun Wook Baik, Dong-Mi Shin



亮点

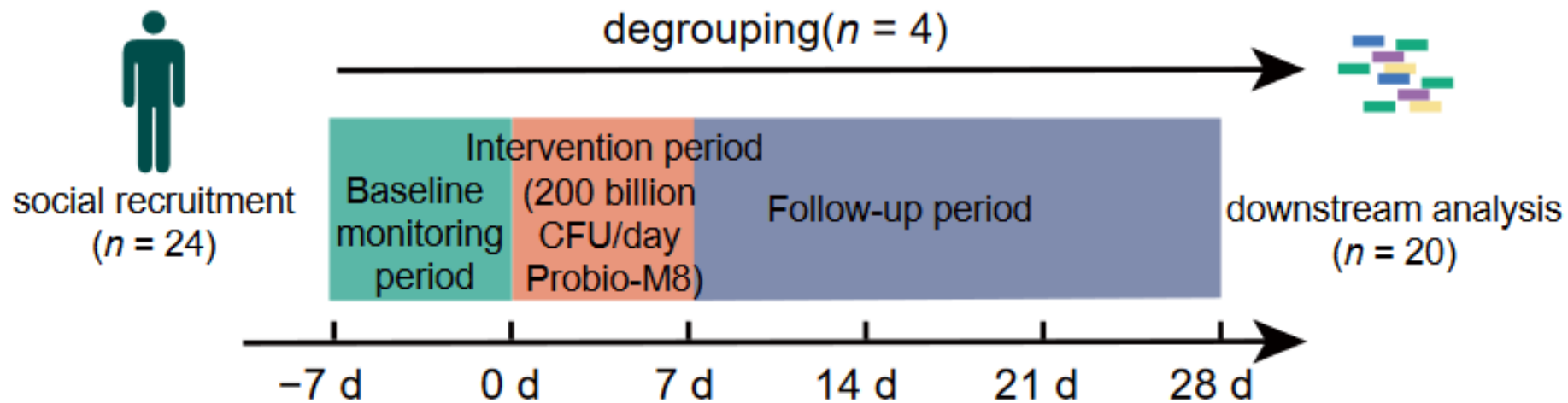


- 采用高剂量益生菌Probio-M8对人群进行干预，并对多个粪便样本进行深度宏基因组测序，从宏观和微观多样性的角度探究益生菌Probio-M8对肠道微生物群的影响。



实验设计

(A)

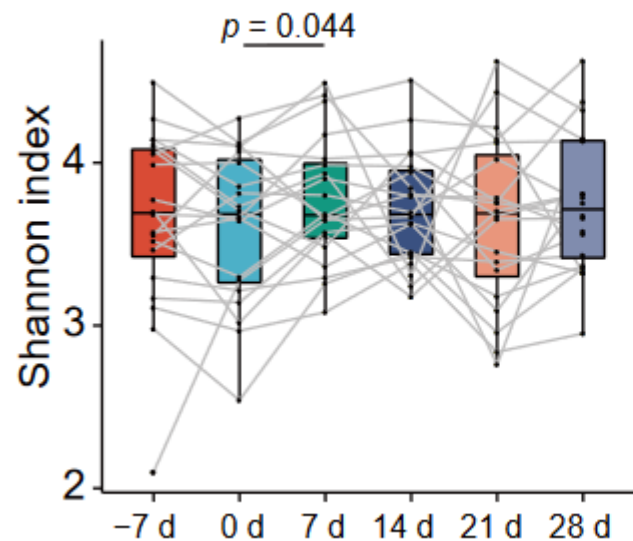


- 本研究通过对志愿者进行为期一周的高剂量益生菌Probio-M8干预（2000亿CFU/d），分别在益生菌干预前、干预后以及随访三周（共6个时间点）采集粪便样品，并对粪便样本进行深度宏基因组测序。

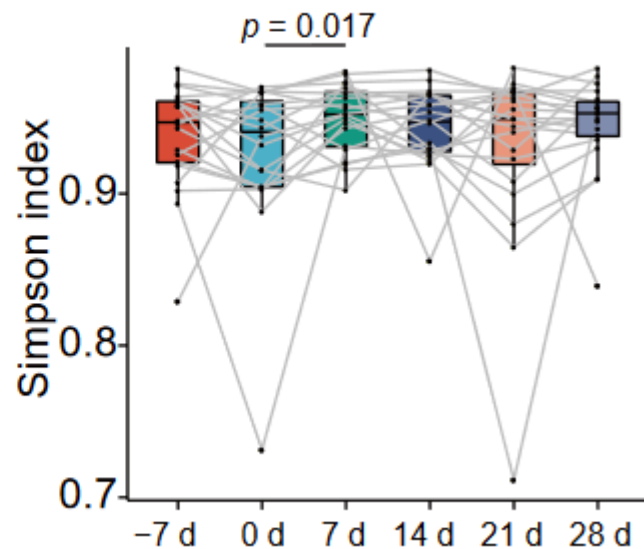


结果

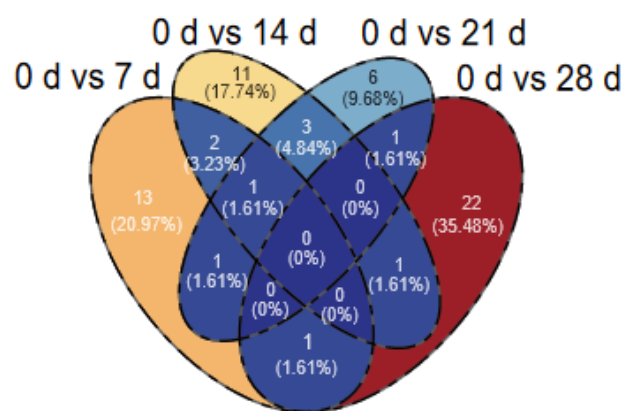
(B)



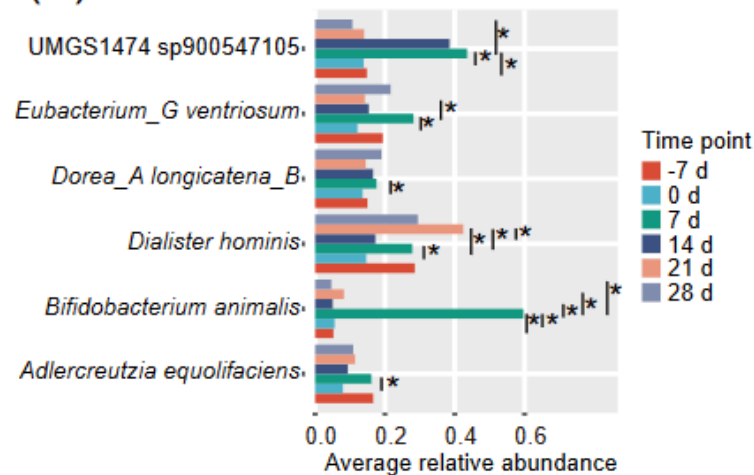
(C)



(D)



(E)

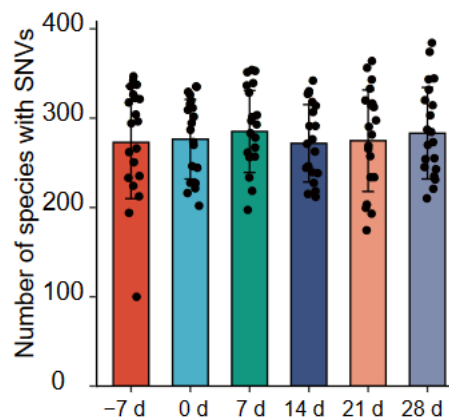


- 在补充Probio-M8后，肠道菌群 α 多样性指数均显著增加 ($p < 0.05$)，随后保持稳定。表明短期高剂量的益生菌摄入可以增加菌群多样性。
- 相比于基线期，在第7天时 *Bifidobacterium animalis* 的丰度显著增加 ($p < 0.05$)。通过平均核苷酸一致性分析确认，丰度增加主要归因于补充Probio-M8。



结果

(F)

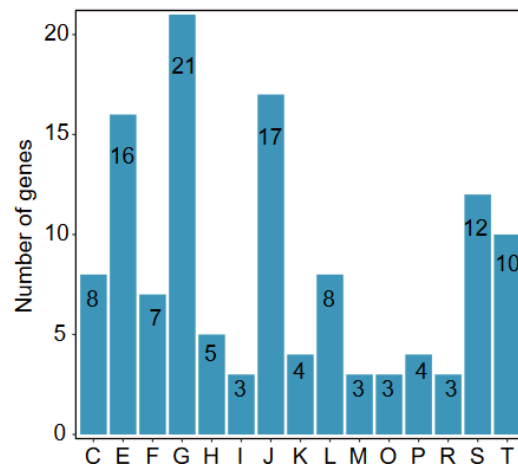


(G)

Position	mutation type
12 Sample.EQ4.7971.7388	N
11 Sample.AQ11.21135.1157	N
11 Sample.BL9.91178.116150	S
10 Sample.AQ4.66714.3474	S
10 Sample.BL9.114527.4680	N
10 Sample.BL9.14530.13502	S
10 Sample.BL9.15952.416	N
10 Sample.EQ13.49459.265	I
10 Sample.EQ4.133864.54377	S
10 Sample.EQ4.21205.4159	S
10 Sample.EQ4.49847.13071	S

Number of individuals at the 0 day and 7 day mutant site

(H)

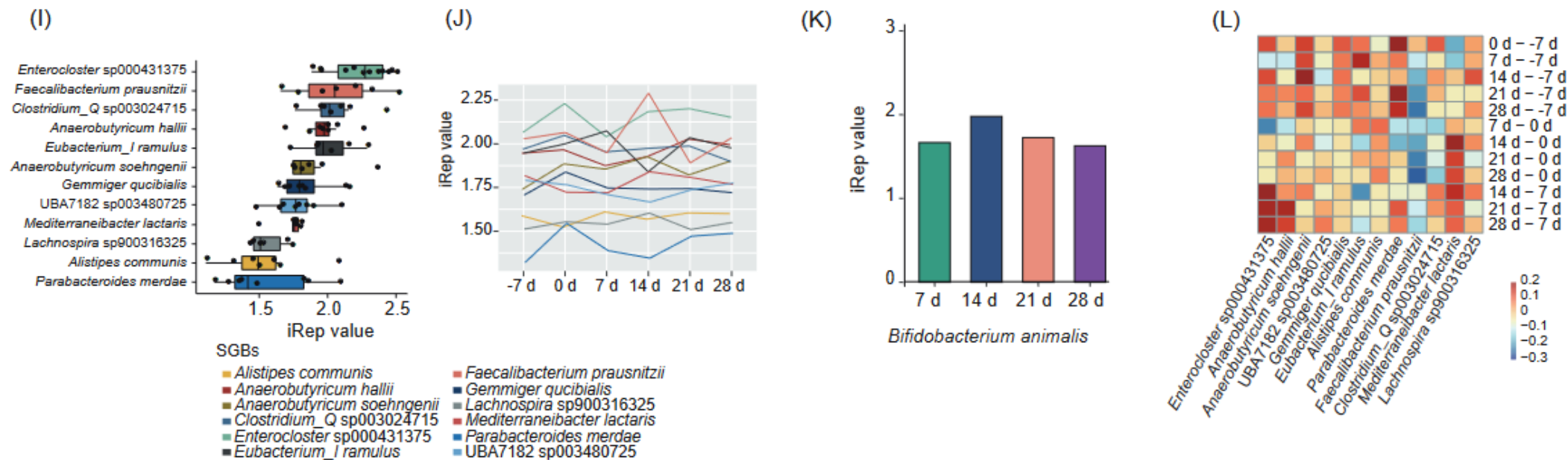


C: energy production and conversion
E: amino acid transport and metabolism
F: nucleotide transport and metabolism
G: carbohydrate transport and metabolism
H: coenzyme transport and metabolism
I: lipid transport and metabolism
J: translation, ribosomal structure and biogenesis
K: transcription
L: replication, recombination and repair
M: cell wall/membrane/envelope biogenesis
O: posttranslational modification, protein turnover, chaperones
P: inorganic ion transport and metabolism
R: general function prediction only
S: function unknown
T: signal transduction mechanisms

- ❑ 与基线期（-7天和0天）相比，Probio-M8干预7天后，出现SNV的物种数量增加，但无显著性差异；
- ❑ 根据干预前后是否有超过50%的位点差异，SNV位点被分为共享或非共享位点。在所有位点中，共识别出11个共享位点和2,442个非共享位点。基于COG数据库的功能注释显示，2,442个非共享位点分布在120个基因中，其中21个基因与碳水化合物转运和代谢相关。



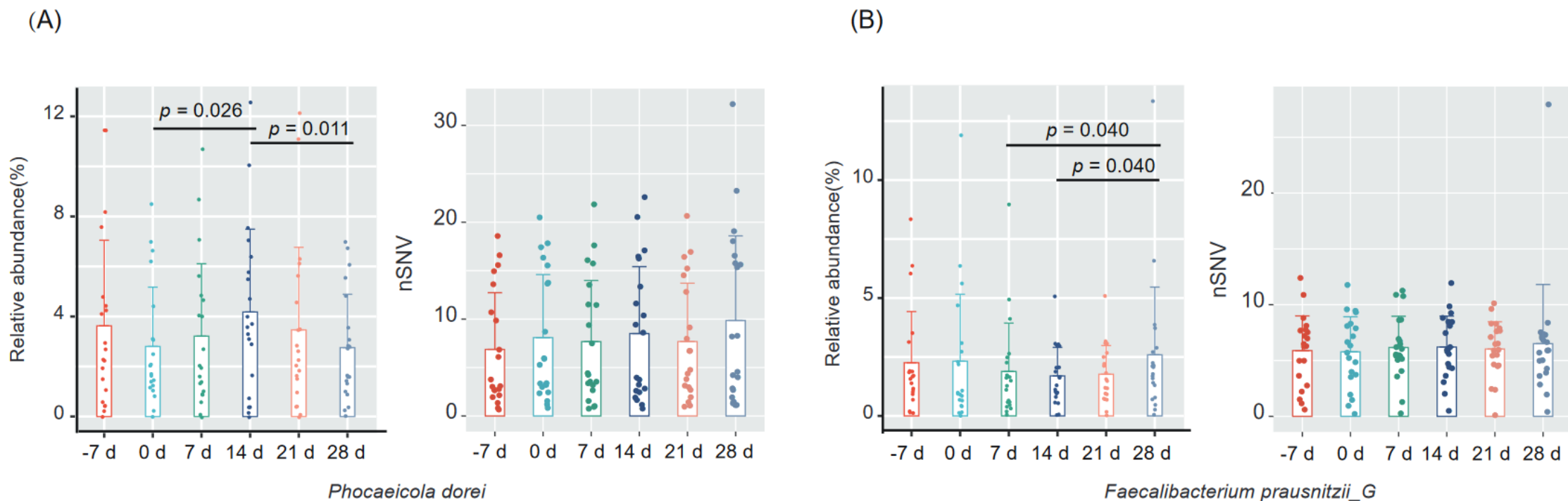
结果



- ❑ 不同菌株在益生菌摄入后其生长速率存在差异;
- ❑ 在Probio-M8摄入后, *Bifidobacterium animalis*的生长速率有所增加, iRep值在第14天几乎达到了2。
- ❑ 益生菌可影响本地肠道微生物群的生长动态。



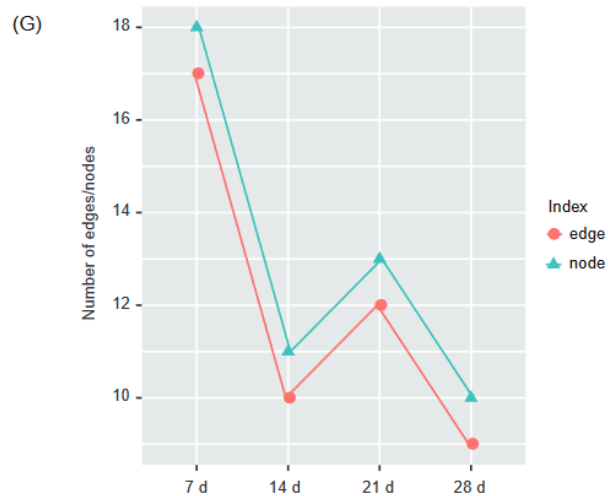
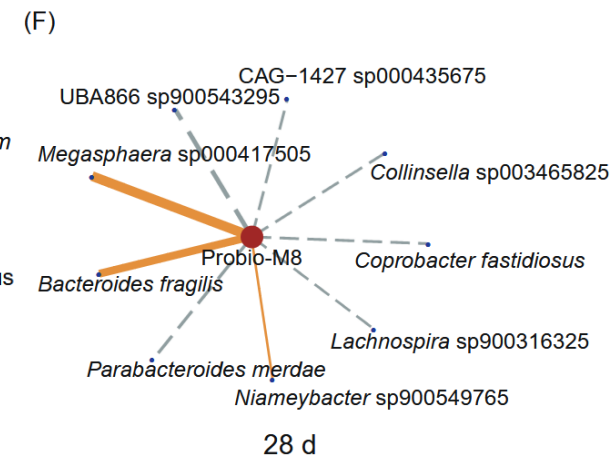
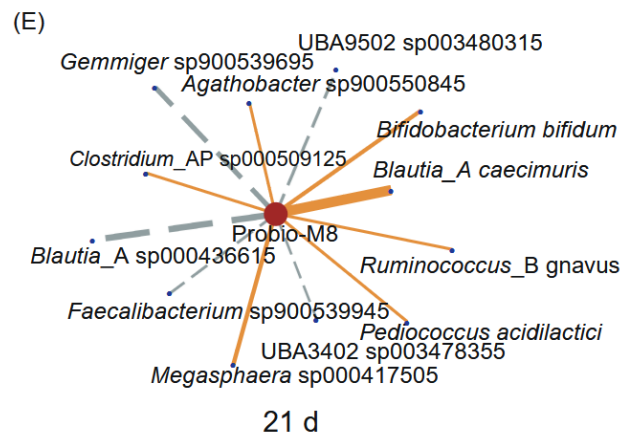
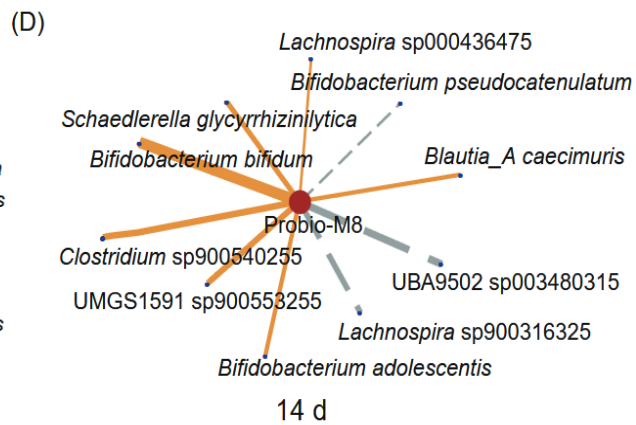
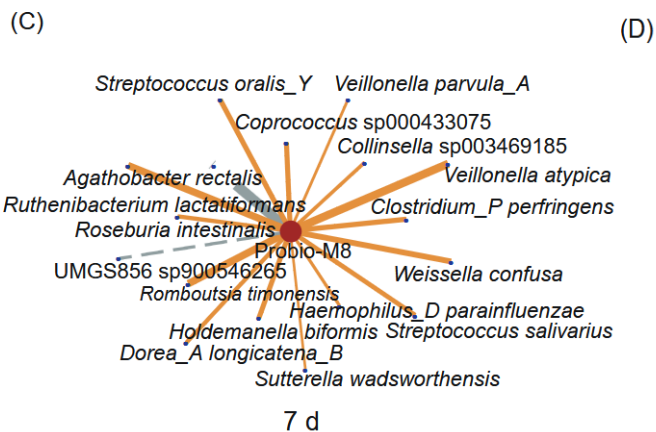
结果



- ❑ 优势物种的相对丰度在干预后发生显著变化（ $p < 0.05$ ），但在任何时间点都没有观察到这些物种的nSNV存在显著差异。因此，Probio-M8 的干预导致肠道微生物群落发生了显著的生态变化，但在研究期间，这些变化并没有伴随着优势物种显著的适应性变化。



结果



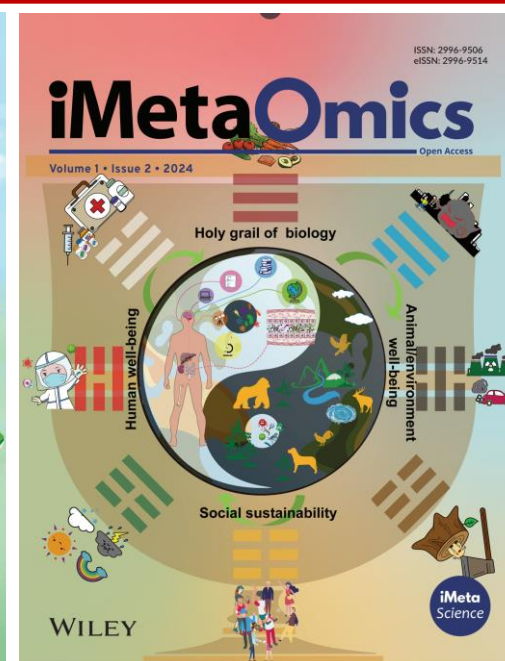
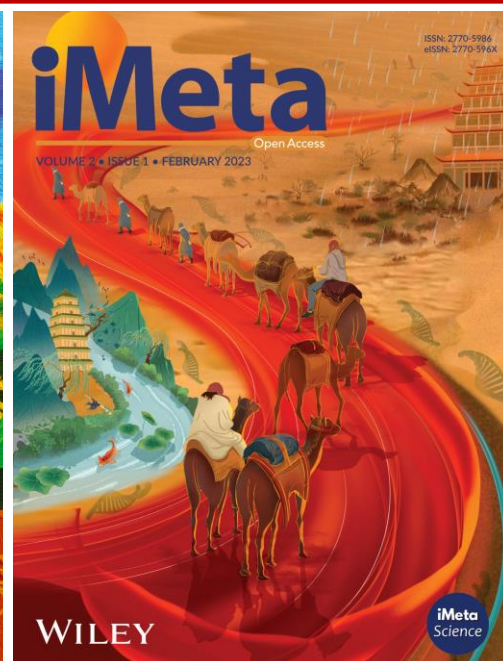
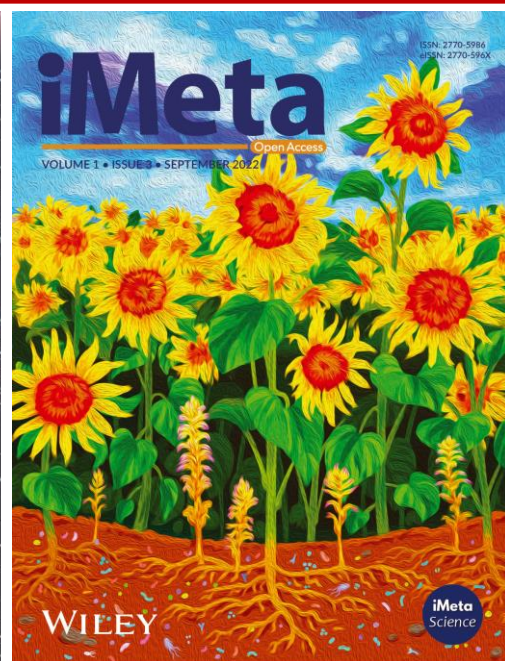
□ 在第7天，Probio-M8 与其他本地肠道微生物的关联数量最多，这表明干预后其相互作用增强。通过量化网络中的节点和边数，发现这两个指标在第7天达到峰值，但在随访中出现下降，表明这种增强的连接性是暂时的。



总结

- ❑ 短期服用Probio-M8可提高肠道微生物的多样性，并影响关键微生物的特性，包括核苷酸变异、生长速率和细菌间的相互作用。
- ❑ 微生物群落似乎经历了快速和多方面的生态调整，有可能先于长期的进化变化。

Xin Shen[#], Hao Jin[#], Feiyan Zhao, Lai-Yu Kwok, Zhixin Zhao, Zhihong Sun^{*}. 2024. Short-Term Probiotic Supplementation Affects the Diversity, Genetics, Growth, and Interactions of the Native Gut Microbiome. *iMeta* 3: e253. <https://doi.org/10.1002/imt2.253>



“**iMeta**” (影响因子**23.8**) 由威立、宏科学和千名华人科学家出版的期刊，主编刘双江和傅静远教授。
收稿范围：任何领域高影响力的研究、方法和综述，重点关注生物技术、生物信息和微生物组等；
影响力：[SCIE/WOS](#)、[PubMed](#)、[Google](#)、[Scopus](#)收录，**IF 23.8**位列**JCR**微生物学研究期刊全球第一；
时效性：外审平均21天；投稿至发表中位数57天；
“**iMetaOmics**” 主编赵方庆和于君教授，定位**IF>10**的高水平交叉学科综合期刊，欢迎投稿！

主页: <http://www.imeta.science>
出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>

 office@imeta.science
imetaomics@imeta.science

投稿: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>
<https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>

 宣传片

 [iMeta](#)

