

一种新的基于肠道微生物组单核苷酸变异的基因标记物的炎症性肠病预测模型的建立

姜帅铭，陈登辉，马臣臣，刘桓玮，黄适，张家超

海南大学食品科学与工程学院
美国加州大学圣地亚哥分校精神病学系
香港大学牙科学院



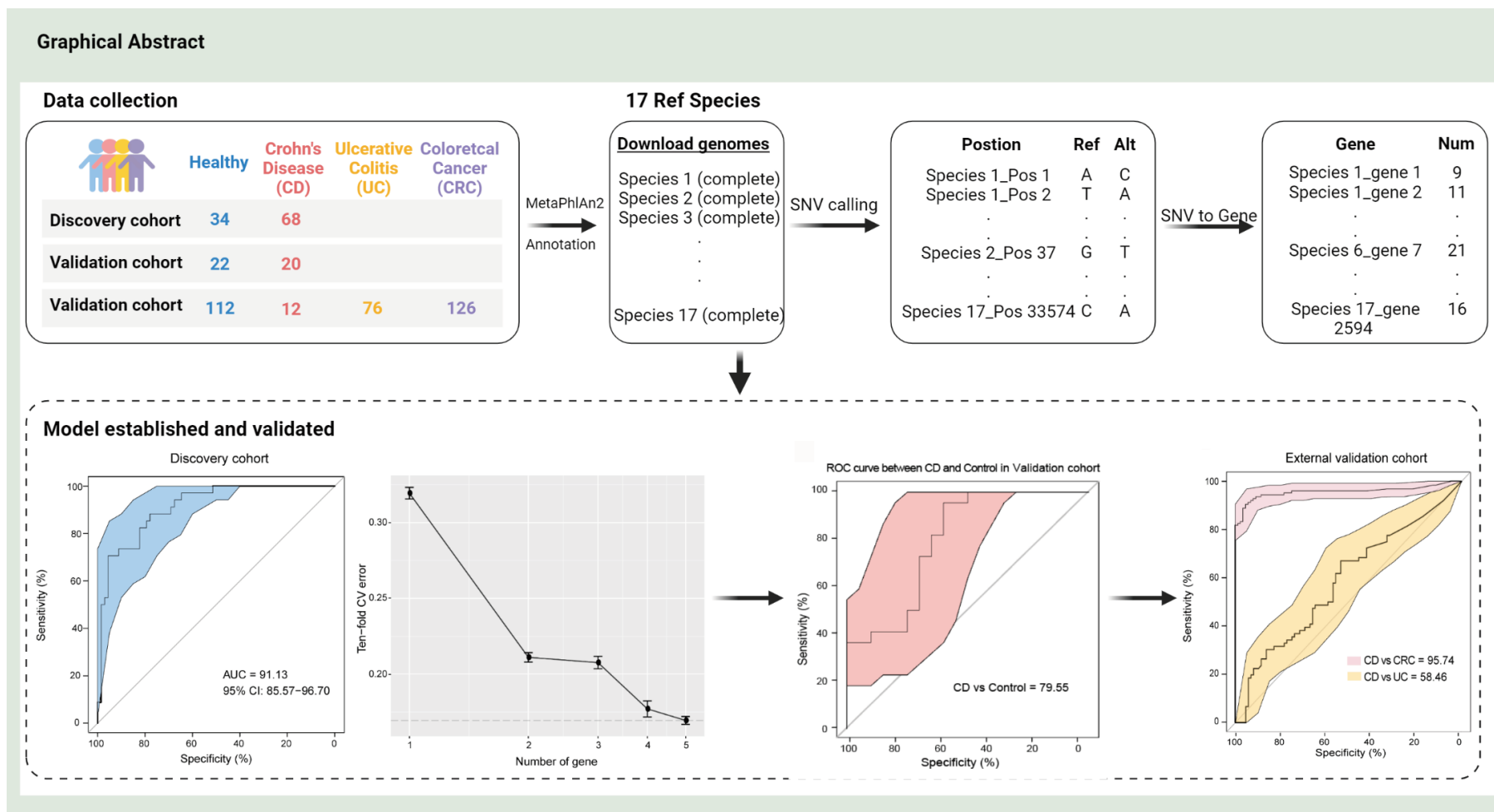
Shuaiming Jiang, Denghui Chen, Chencheng Ma, Huanwei Liu, Shi Huang, and Jiachao Zhang. 2022. “Establishing a Novel Inflammatory Bowel Disease Prediction Model Based on Gene Markers Identified from Single Nucleotide Variants of the Intestinal Microbiota.” *iMeta* e40. <https://doi.org/10.1002/imt2.40>

研究背景

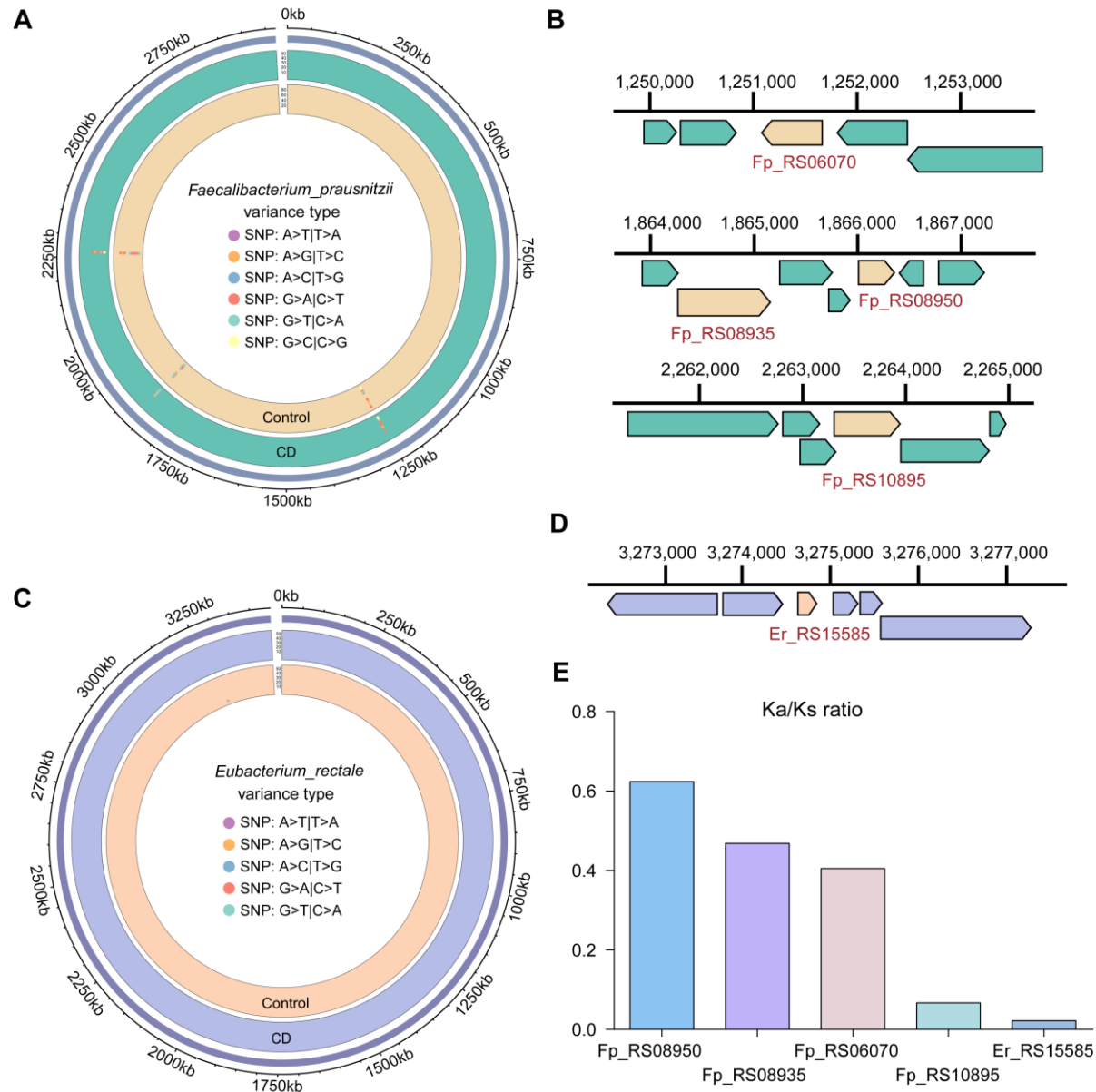
- 菌群SNV位点普遍存在
- 外界干预对宿主菌群SNV位点有影响



SNV位点是否具有疾病特异性？
能否作为生物标志物用于疾病诊断？



正文



➤ 五个突变基因标志物的功能注释。

(A, B) 普氏栖粪杆菌SNV的突变类型和位置；

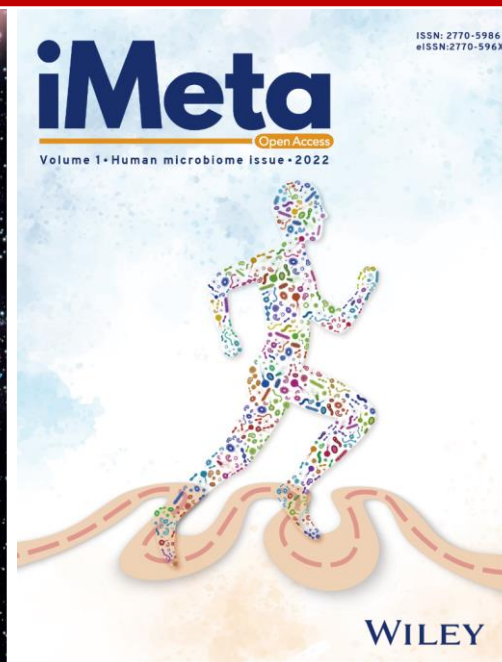
(C, D) 直肠真杆菌SNV的突变类型和位置；

(E) Ka/Ks是非同义替换率 (Ka) 与同义替换率 (Ks) 的比率。

总结

- 本研究在炎症性肠病(IBD)患者的肠道微生物组中发现了基于单核苷酸变异的特异性基因特征。
- 本研究建立了一种新的准确预测IBD的诊断方法。
- 普氏栖粪杆菌 (*Faecalibacterium prausnitzii*) 在不同肠道炎症疾病中均丰度降低, 但在基因标志物特征上呈现疾病特异性。

Shuaiming Jiang, Denghui Chen, Chencheng Ma, Huanwei Liu, Shi Huang, and Jiachao Zhang. 2022. “Establishing a Novel Inflammatory Bowel Disease Prediction Model Based on Gene Markers Identified from Single Nucleotide Variants of the Intestinal Microbiota.” *iMeta* e40. <https://doi.org/10.1002/imt2.40>



“iMeta” 是由威立、肠菌分会和本领域数百位华人科学家合作出版的开放获取期刊，主编由中科院微生物所刘双江研究员和荷兰格罗宁根大学傅静远教授担任。目的是发表原创研究、方法和综述以促进宏基因组学、微生物组和生物信息学发展。目标是发表前10%(IF > 15)的高影响力论文。期刊特色包括视频投稿、可重复分析、图片打磨、青年编委、前3年免出版费、50万用户的社交媒体宣传等。2022年2月正式创刊发行！



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://onlinelibrary.wiley.com/journal/2770596x>



投稿: <https://mc.manuscriptcentral.com/imeta>



office@imeta.science



[iMeta](#)

