



开发微生物分类层级加权聚合算法 (BHWA) 揭示膳食纤维对人类疾病的影响

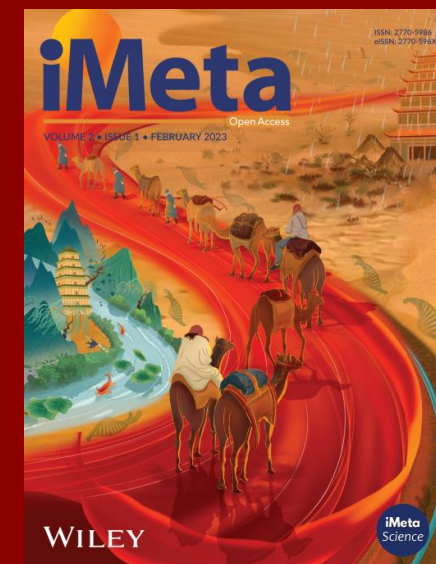
张鑫¹, 刘欢², 李煜³, 温燕龙², 许天昕¹, 陈晨¹, 郝淑霞¹, 胡婕伦², 聂少平², 高飞^{1,4}, 贾耿介¹

¹中国农业科学院（深圳）农业基因组研究所

²南昌大学食品科学与资源国家重点实验室

³香港中文大学计算机科学与工程系

⁴哥本哈根大学健康与医学科学学院



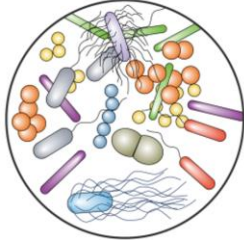
Zhang, Xin, Huan Liu, Yu Li, Yanlong Wen, Tianxin Xu, Chen Chen, Shuxia Hao, Jielun Hu, Shaoping Nie, Fei Gao, Gengjie Jia. 2025. Linking Dietary Fiber to Human Malady Through Cumulative Profiling of Microbiota Disturbance.

iMeta 4: e70004. <https://doi.org/10.1002/imt2.70004>

背景

01 种类多, 数量庞大

Bacterial Microbiota:
10¹³-10¹⁴
(Bacteriome)



02 动态变化

易受到干扰

Microbiome-directed interventions

Untargeted

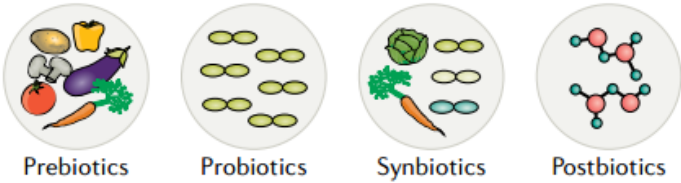


Exercises Individualized nutrition Faecal microbiota transplantation

Targeted



Bio-engineered commensals Drugs targeting selected microbial metabolism



Prebiotics Probiotics Synbiotics Postbiotics



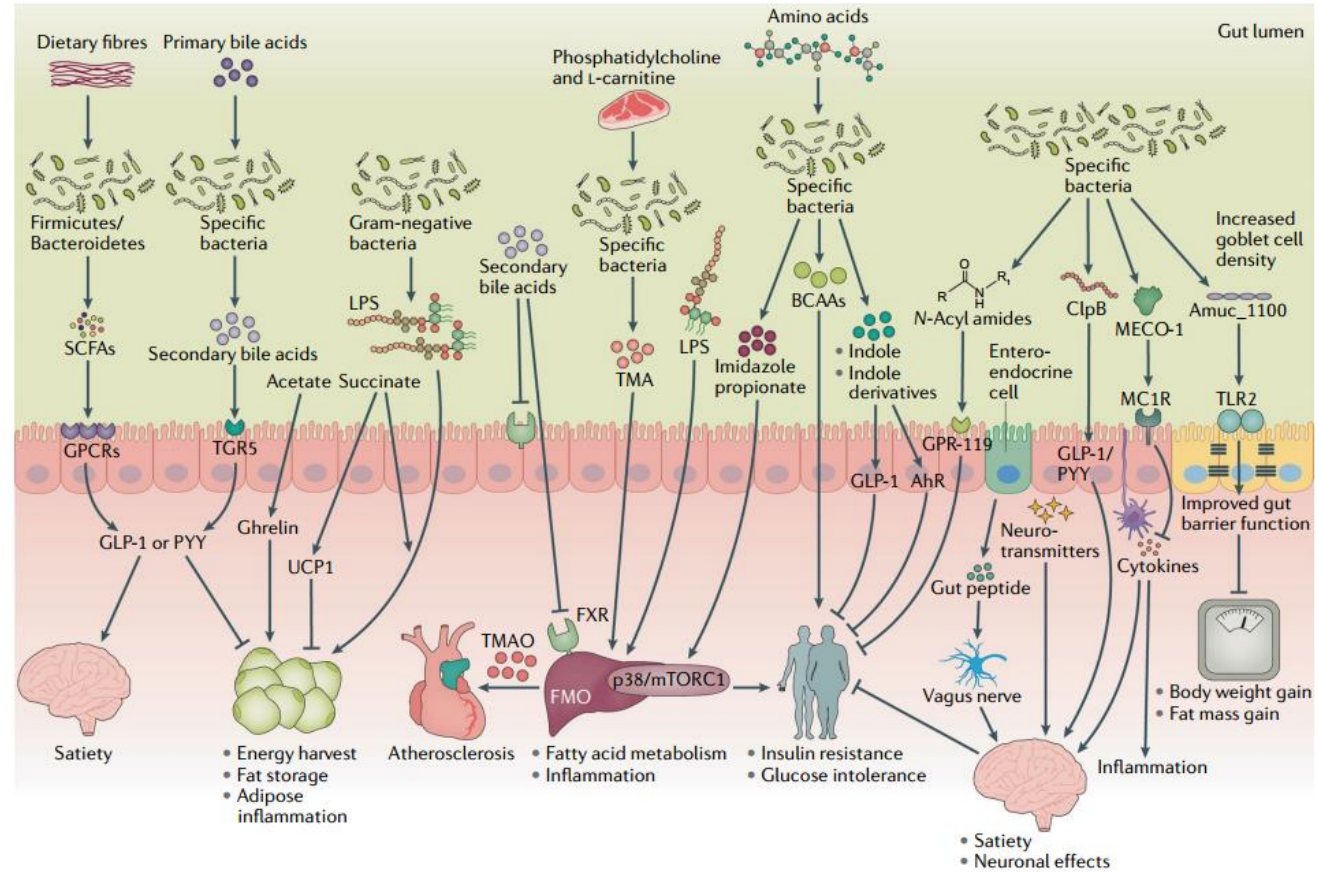
Phage therapy CRISPR-Cas9-based therapy

General improvement in microbial composition and functions

Specific modification in metabolism-related gut microbiota

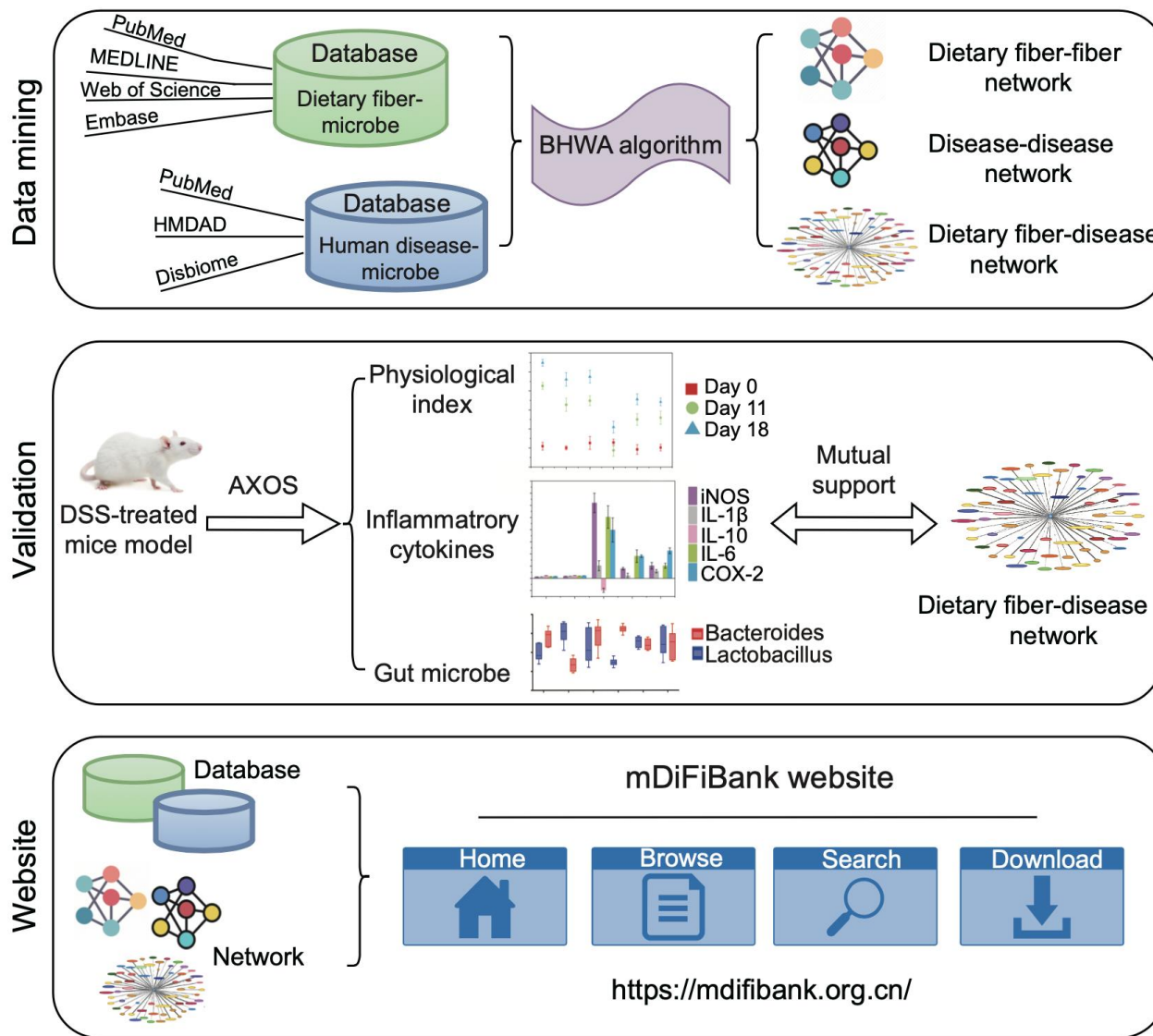
03 微生物-宿主关系

代谢、炎症、免疫、神经递质、发育



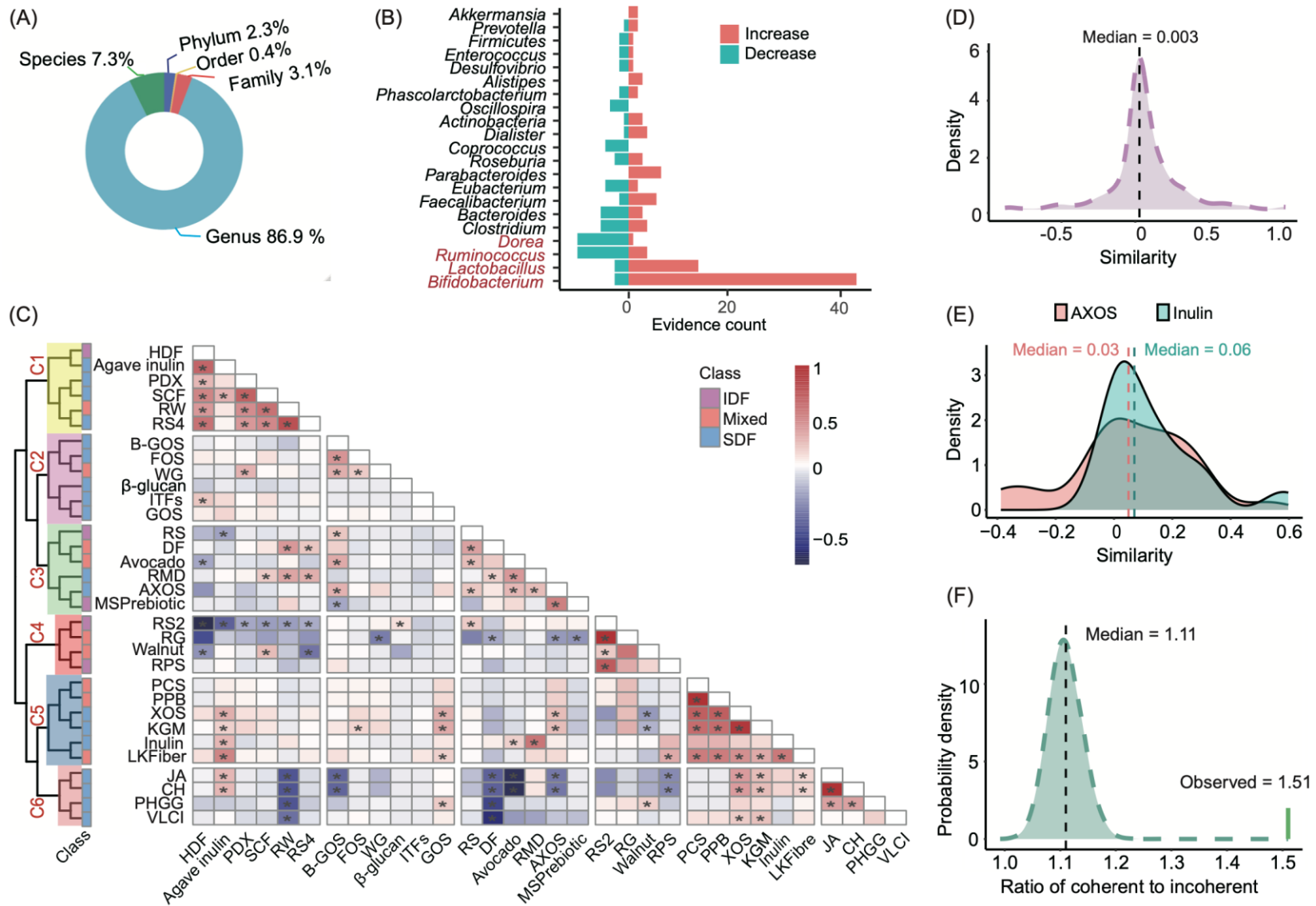


研究概览



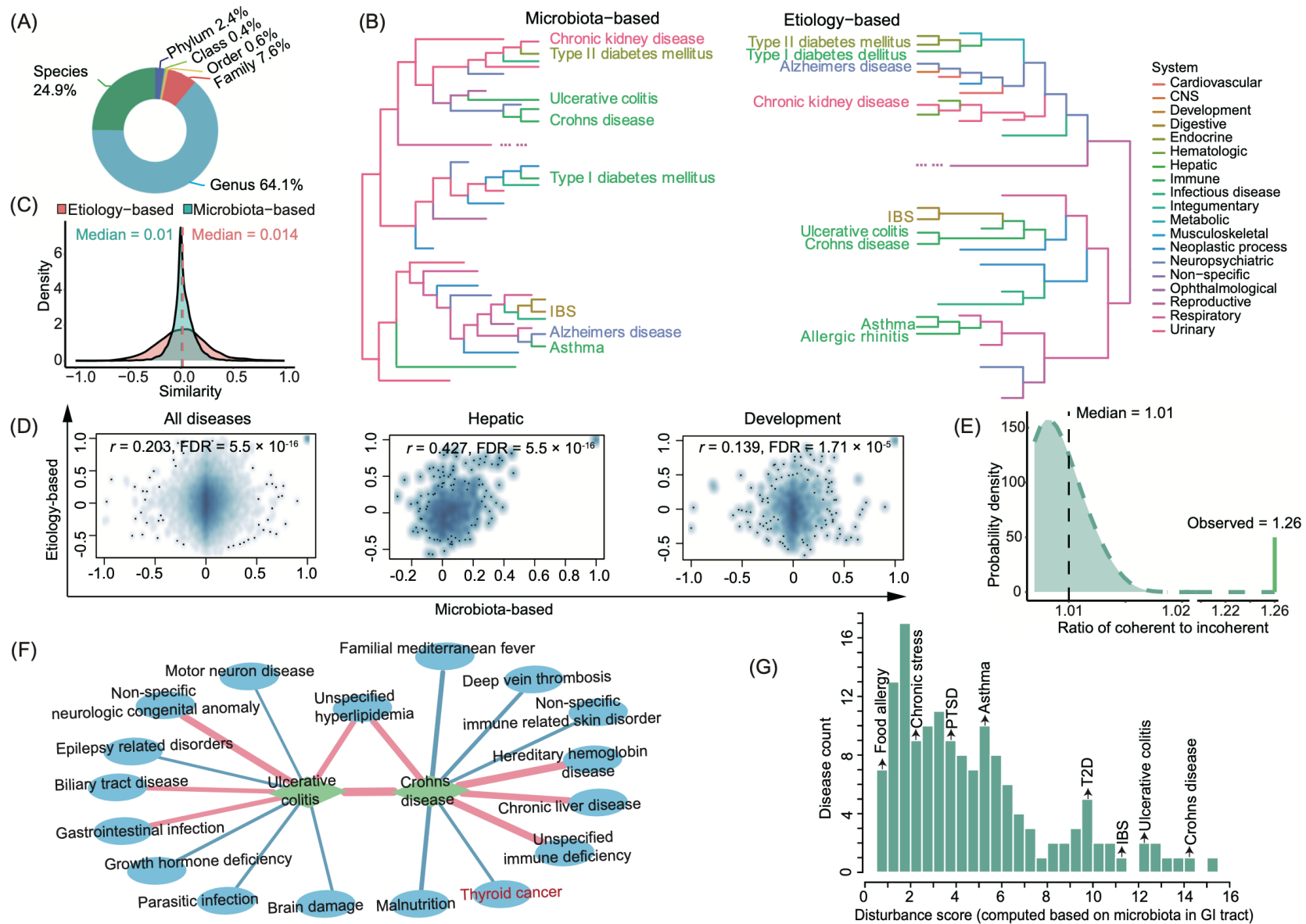
本研究主要分为三部分：数据挖掘，实验验证，网站搭建

膳食纤维-微生物数据库构建及其分类



利用微生物波动模式相似性构建膳食纤维网络并进行功能分类

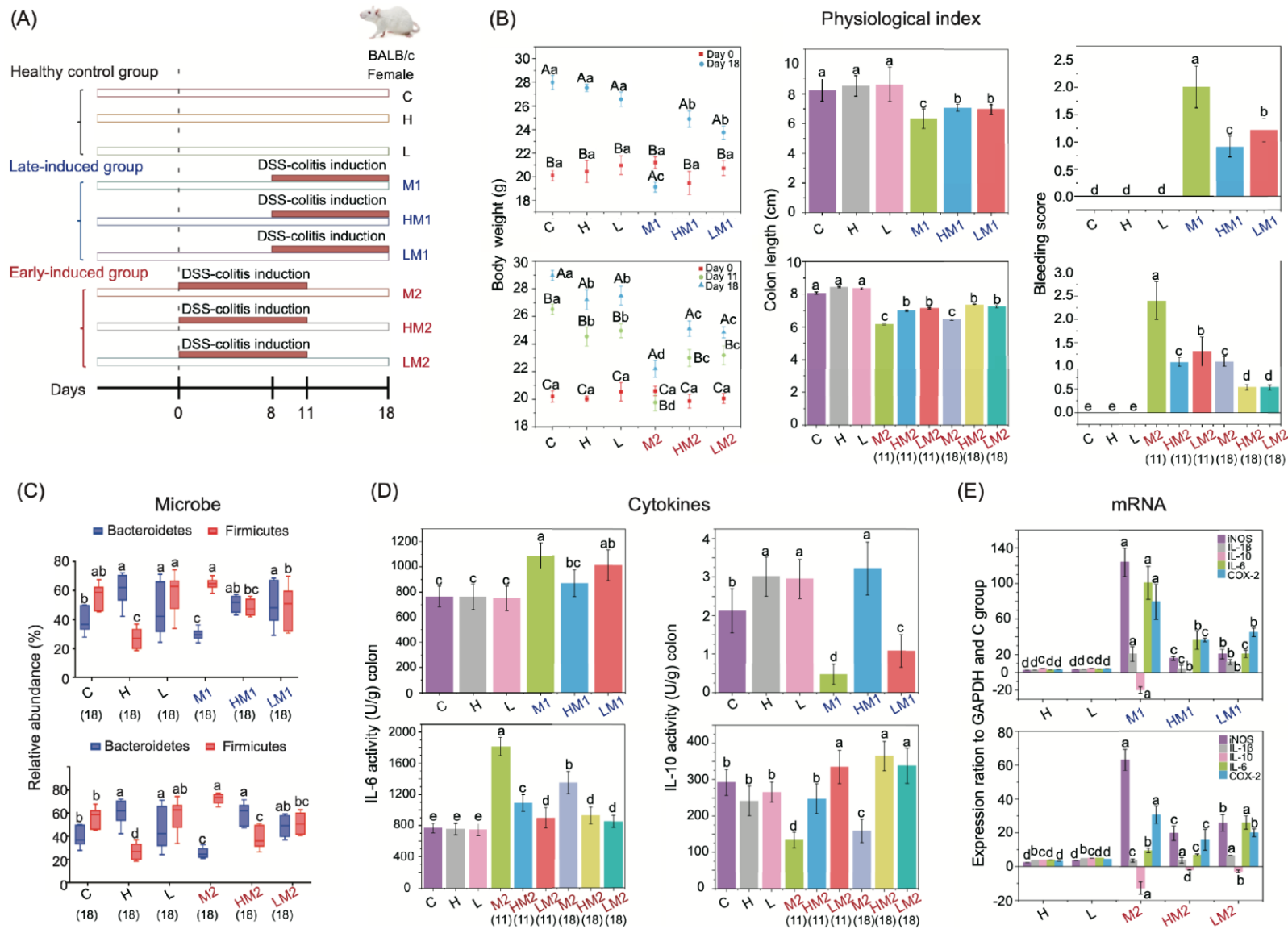
疾病-微生物数据库构建及疾病间的关联



利用微生物波动模式相似性搭建疾病间网络并对不同身体部位的疾病进行微生物扰动评分



小鼠炎症性肠炎模型的验证实验



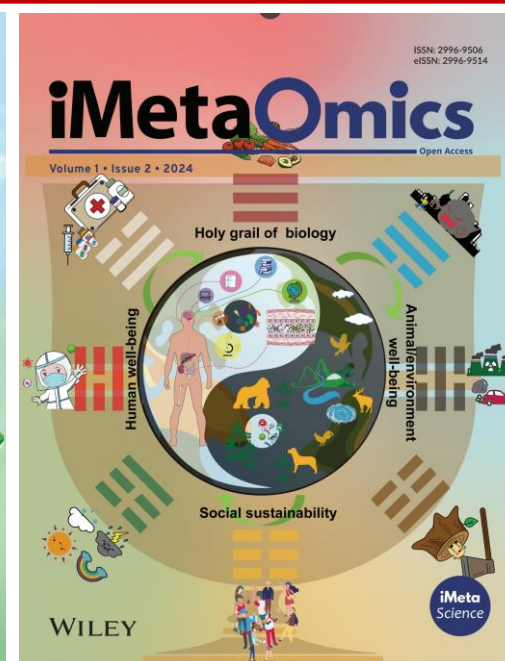
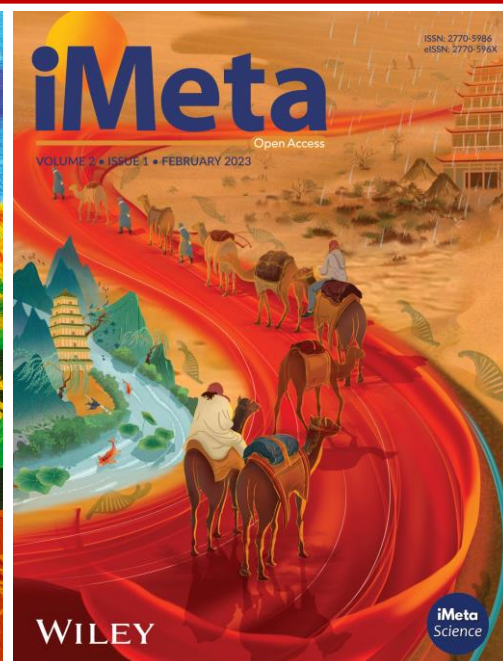
从身体指标变化、微生物群落结构改变、炎症因子水平波动以及蛋白表达等多个维度，对网络中的关键节点展开验证，以此充分证明网络构建的正确性以及算法设计的合理性



总结

- ❑ 本研究通过深入检索现有文献库和数据库，以微生物扰动为指标，系统揭示膳食纤维、微生物与疾病间复杂关系，并利用小鼠模型验证了其中的关键节点；
- ❑ 为了解决微生物多层次的数据特点，以及量化膳食纤维与疾病的关联，开发了BHWA算法框架，为特定疾病人群制定了科学的个性化膳食摄入建议；
- ❑ 搭建了互动式网络平台-mDiFiBank（<https://mdifibank.org.cn/>），以促进个性化膳食干预的开发。

Zhang, Xin, Huan Liu, Yu Li, Yanlong Wen, Tianxin Xu, Chen Chen, Shuxia Hao, Jielun Hu, Shaoping Nie, Fei Gao, Gengjie Jia. 2025. Linking Dietary Fiber to Human Malady Through Cumulative Profiling of Microbiota Disturbance. *iMeta* 4: e70004. <https://doi.org/10.1002/imt2.70004>



“**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](#)

