

BGI-Forschungsstudie enthüllt neue genomische Landschaft für menschliche Darmbakterien

SHENZHEN, GUANGDONG, CHINA, April 3, 2023 /EINPresswire.com/ -- Eine aktuelle Studie unter der Leitung von BGI-Research präsentiert 3.324 qualitativ hochwertige Genom-Entwürfe von Isolaten, die aus einer groß angelegten Kultivierung von bakteriellen Isolaten aus Stuhlproben gesunder Probanden ausgewählt wurden. Dies wird den Forschern helfen, den Prozess des Stoffwechsels von Nahrungsfasern und der Synthese kurzkettiger Fettsäuren der menschlichen Darmbakterien besser zu verstehen. In dieser Studie wurden wertvolle Gencluster für die Biosynthese von Sekundärmetaboliten in der Darmmikrobiota entdeckt und Verbindungen zwischen Phagen und Bakterien im menschlichen Darm hergestellt. Diese Studie wurde in Nature Communications veröffentlicht.

Der menschliche Körper besteht aus menschlichen Zellen und symbiotischen Mikroorganismen, darunter Bakterien, Archaeen, Pilze und Viren. Im menschlichen Darm kann die Anzahl der Bakterienzellen 10^{13} erreichen, was der Gesamtzahl der menschlichen Zellen entspricht.

Im Jahr 2019 stellte eine von BGI-Research geleitete Studie eine Sammlung von 1.520 nicht redundanten, qualitativ hochwertigen Genom-Entwürfen vor, die als Culturable Genome Reference (CGR) bezeichnet wurde und zu diesem Zeitpunkt die weltweit größte Sammlung von Genomen menschlicher Darmbakterien darstellte.

Vier Jahre später präsentierte das Forschungsteam CGR2, eine Fortsetzung der vorherigen Studie, die eine größere Bakterienbank bietet. Durch die Integration der Daten aus der CGR analysierte dieses Projekt 144 neu gesammelte Stuhlproben von gesunden Probanden und erhielt 3.324 hochwertige Bakteriengenom-Entwürfe von mehr als 20.000 Bakterienstämmen, die unter fast 40 Bedingungen gezüchtet wurden.

Die CGR2 enthält 527 Cluster auf Artniveau in acht Phyla und identifiziert 179 Cluster, über die bisher noch nie berichtet wurde. Im Vergleich zu den CGR-Daten wurden in der CGR2 drei neue Phyla und 189 Cluster hinzugefügt.

Diese Studie liefert auch eine umfassende Karte der Funktionen von Darmbakterien für den Kohlenhydratstoffwechsel. Sie zeigt, dass 193 Stämme, die zu 42 Gattungen gehören, über vollständige Stoffwechselwege für Ballaststoffe (einschließlich Pektin, Zellulose und Inulin) und die Synthese kurzkettiger Fettsäuren verfügen, die eine wichtige Rolle für die menschliche

Gesundheit spielen.

Bifidobacterium, eines der am häufigsten vorkommenden Probiotika, ist im Darm von gestillten Säuglingen weit verbreitet. Die Studie zeigt, dass die vom Forschungsteam kultivierten Bifidobakterienstämme auch über einen vollständigen Stoffwechselweg für Oligosaccharide aus menschlicher Milch verfügen, was die Rolle von Oligosacchariden aus menschlicher Milch als Präbiotika bei der Regulierung der Darmmikrobiota und der Verbesserung der menschlichen Gesundheit weiter unterstützt.

Diese Studie zeigt, dass auch Darmmikroorganismen ein reiches und vielfältiges Potenzial für die Synthese von Sekundärmetaboliten haben. Bisher haben Forscher hauptsächlich Sekundärmetaboliten in mikrobiellen Ressourcen des Meeres oder des Bodens erforscht. Diese Studie deutet darauf hin, dass menschliche Darmmikroorganismen als Quelle für Wirkstoffe wie antimikrobielle Peptide und Proteaseinhibitoren dienen können, was für die Arzneimittelforschung und -entwicklung von entscheidender Bedeutung ist.

Sekundärmetaboliten sind organische Verbindungen, die von jeder Lebensform produziert werden und nicht direkt am normalen Wachstum, der Entwicklung oder der Fortpflanzung des Organismus beteiligt sind. Sie sind nicht essentielle Substanzen für das bakterielle Wachstum, haben aber eine breite Palette von Anwendungen in der Medizin, der Landwirtschaft und der Ernährung.

Die Studie deckte das Phagen-Bakterien-Netzwerk im menschlichen Darm auf, das dazu beiträgt, die Stabilität des Darmmikrobioms zu erhalten. Auf der Grundlage des CGR2-Datensatzes konnte die Studie 2.820 hochwertige Bakteriophagen-Sequenzen vorhersagen, von denen die meisten zuvor noch nicht bekannt waren. Besonders wichtig ist, dass CGR2 in der Lage war, genaue Informationen über die Wirte dieser Bakteriophagen zu liefern.

Indem sie die Verbindungen zwischen Phagen und Bakterien nachwiesen, deckten die Forscher eine komplexe Interaktion zwischen beiden auf und stellten fest, dass mehr als die Hälfte der Bakteriophagen in der Lage war, mehrere Bakterienarten zu infizieren. Insbesondere entdeckte die Studie vier virale Cluster, die Bakterien aus verschiedenen Phyla infizieren können, was das derzeitige Verständnis der Spezifität von Bakteriophagen revolutioniert.

Die Studie fand Hinweise darauf, dass Bakteriophagen einen horizontalen Gentransfer zwischen Wirtsbakterien vermitteln können, der zur Verbreitung von Antibiotikaresistenzgenen und anderen schädlichen Genen führen kann.

Diese Forschung liefert wichtige Erkenntnisse und Daten für zukünftige Studien über die In-vitro-Funktionen der menschlichen Mikrobiota und ihrer funktionellen Produkte sowie für die Entwicklung und Industrialisierung von Probiotika. Für diese Studie wurde eine ethische Prüfung genehmigt.

Erfahren Sie mehr über die Forschung: <https://www.nature.com/articles/s41467-023-37396-x>

Richard Li

BGI Group

[email us here](#)

Visit us on social media:

[Facebook](#)

[Twitter](#)

[LinkedIn](#)

This press release can be viewed online at: <https://www.einpresswire.com/article/625737061>

EIN Presswire's priority is source transparency. We do not allow opaque clients, and our editors try to be careful about weeding out false and misleading content. As a user, if you see something we have missed, please do bring it to our attention. Your help is welcome. EIN Presswire, Everyone's Internet News Presswire™, tries to define some of the boundaries that are reasonable in today's world. Please see our Editorial Guidelines for more information.

© 1995-2023 Newsmatics Inc. All Right Reserved.