乙醇暴露与肠道菌群空间及分类群特异性重塑相关

近日,江南大学食品科学与资源挖掘全国重点实验室毛健教授/刘双平教授团队在国际顶级期刊《Gut Microbes》(Q1,中科院1区Top,IF=15.3)上发表了题为“Ethanol exposure is associated with spatial and taxon-specific gut microbiota remodeling characterized by ecological adaptation rather than broad activation of microbial ethanol metabolism(乙醇暴露与肠道菌群的空间及分类群特异性重塑相关,其主要特征是生态适应,而非微生物乙醇代谢的广泛激活)”的研究性论文。



目前,全球酒精消费仍处于较高水平,过量饮酒已成为重要的公共卫生问题,并与200多种疾病和损伤相关。近年来,越来越多的研究发现,乙醇不仅直接影响宿主组织,还会显著扰动肠道菌群稳态,改变菌群结构并诱发菌群失衡,进而参与酒精相关组织损伤和疾病进程。然而,现有研究更多关注“哪些微生物发生了变化”,对于肠道菌群如何在乙醇暴露下进行代谢重编程,以及这种功能变化如何影响微生物之间的生态竞争,仍缺乏系统认识。其中,一个关键问题是:肠道微生物是否直接参与宿主的乙醇代谢?既往的体外实验和无菌动物研究揭示,肠道菌群可将乙醇氧化为乙醛,并可能成为局部乙醛的重要来源。但多组学研究给出了更复杂的结果。

有研究发现,重度饮酒者肠道菌群具有更强的乙醇代谢遗传潜力,也有证据表明,菌群可能更倾向于促进乙醛解毒和乙酸代谢,而非直接氧化乙醇。与此同时,肠道不同区域的乙醇、乙醛暴露水平以及菌群组成和代谢特征均存在明显差异,使这一问题更加复杂。

基于此,本研究采用区域分辨的研究框架,将乙醇和乙醛动力学与微生物组成、遗传潜力及蛋白水平功能表达相结合,重点探讨乙醇暴露是否能真正激活微生物乙醇代谢功能,以及在缺乏广泛激活条件的情况下,哪些功能模块参与菌群生态适应。结果表明,乙醇暴露并未引起微生物乙醇代谢相关功能在蛋白水平上的普遍增强,而是呈现出明显的肠道区域和菌群分类群特异性功能重塑。

■技术前沿

车间微生态对大曲品质影响新研究

近日,由劲牌研究院Bin Lin为第一作者,题为“不同车间微生态下真菌群落与非生物因子驱动中温大曲品质分化”的文章,在国际期刊《Food Research International》(IF=8.8)上发表。

研究表明,对比老车间大曲,新车间大曲酶活更低,真菌群落组成显著不同;真菌群落与酶活显著相关,说明真菌对大曲酶活有重要贡献。老车间空气微生物生物量更高,群落组成独特,空气微生物对大曲微生物组(尤其真菌)贡献更大。新车间大曲发酵峰值温度更高、发酵末期pH值更低,富集大量嗜热微生物与乳酸菌,抑制大曲产酶和酶活性。网络分析表明,新车间大曲微生物共发生网络复杂度低于老车间。本研究揭示了不同生产年限车间的微生物与非生物因子如何共同塑造大曲品质,有助于加深对大曲微生物演替和品质形成机制的理解,为提升新车间大曲品质提供理论依据。

科研阐释黄酒为何“通血脉”

近日,澳门科技大学中药机制与质量全国重点实验室李娜教授、伍建林教授团队在国际期刊《Food Research International》上发表了题为“黄酒为何‘通血脉’:人工智能辅助SGIMO策略,深度注释和挖掘黄酒隐藏的化学空间与潜在活性成分”的研究成果。

研究团队创新建立了SIRIUS引导的修饰组学与寡糖组学整合分析策略,结合SIRIUS、PEAKS及自主开发的寡糖解析程序(AOG),实现了黄酒中修饰氨基酸、低聚糖及修饰肽等复杂代谢物的系统解析。借助该策略,研究团队从黄酒中共注释出420种潜在的新型修饰肽、3种首次报道的糖类衍生物、28种修饰氨基酸衍生物及41种低聚糖,并挖掘出5种表现出潜在的心血管保护活性的焦谷氨酰化肽和果糖基亮氨酸。

该研究不仅揭示了黄酒中修饰性代谢物的丰富多样性,而且为阐释黄酒“通血脉”的传统认识及其现代心血管保护潜力,提供了新的物质基础线索,同时也为复杂发酵饮料体系中功能成分的系统注释和精准挖掘,提供了可行的方法学路径。

