
微生物所建成小鼠肠道微生物资源库

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/7940.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

1月7日，《自然-通讯》发表了中国科学家完成的小鼠肠道微生物资源库工作。

肠道微生物是近年来生命科学和健康领域研究的前沿和热点。越来越多的证据表明，肠道微生物与宿主健康和生长发育密切相关，在未来人体健康管理和医疗产业发展中，具有十分重要的作用。肠道微生物资源库的建设，是开发利用肠道微生物的基础，是认知宿主—微生物互作机制和开发微生物药物的关键。

此次报道的小鼠肠道微生物资源库包括126种微生物及其基因组。其中77种微生物是首次成功分离培养的新物种，并对其进行了分类学鉴定和命名，这些新物种的发现和鉴定，大幅度提高了对于小鼠肠道菌群高通量16S rRNA扩增子测序数据的物种注释比例。该小鼠菌株资源库覆盖了超过88%小鼠肠道的核心属，其基因组代表了超过52%的小鼠肠道微生物的非冗余功能基因集。该资源库的构建使得可培养的小鼠肠道微生物菌株资源从48个属增加到110个属、从76种增加到180种，为后续基于小鼠模型开展肠道菌-宿主互作机理研究和功能菌株开发奠定了资源基础。研究人员前期利用该资源库中的一株狄氏副拟杆菌开展了肠道菌群与宿主互作的研究，发现狄氏副拟杆菌通过产生琥珀酸、次级胆酸来激活不同的信号通路，发挥多靶点整体调节作用，是一种潜在的、新型抗代谢综合征益生菌(Wang et al. 2019. *Cell Rep.*)。

该项工作由中国科学院微生物研究所博士刘畅等人完成，研究员刘双江和刘宏伟为文章通讯作者。该项工作历时二年多，得到了中科院微生物组计划项目和国家自然科学基金项目的支持。

[文章链接](#)

研究团队单位：微生物研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发