



首页 (http://www.im.cas.cn/)	概况简介 (http://www.im.cas.cn/gkjj2018/)
机构设置 (http://www.im.cas.cn/jgsz2018/)	科研成果 (http://www.im.cas.cn/kycg2018/)
人才队伍 (http://www.im.cas.cn/rcdw2018/)	研究生 (http://www.im.cas.cn/yjs2018/)
成果转化 (http://www.im.cas.cn/cgzh2018/)	国际合作 (http://www.im.cas.cn/gjhz2018/)
党群园地 (http://www.im.cas.cn/dqyd2018/)	科学传播 (http://www.im.cas.cn/kxcb/)
学术期刊 (http://www.im.cas.cn/xsqk2018/)	信息公开 (http://www.im.cas.cn/xxgk2018/)

新闻中心

当前位置: [首页 \(../..\)](#) > [新闻中心 \(../..\)](#) > [科研进展 \(../..\)](#)

近期要闻

微生物所科学家建成小鼠肠道微生物资源库

(../jqyw/)

发布时间: 2020.01.08

图片新闻

(../ttxw/)

科研进展 (../..)

媒体扫描

(../mtsm/)

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—微生物相互作用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。我们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刘畅博士等人完成,刘双江研究员和刘宏伟研究员为文章通讯作者。该项工作历时二年多,得到了中国科学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: <https://www.nature.com/articles/s41467-019-13836-5>
(<https://www.nature.com/articles/s41467-019-13836-5>)

ARTICLE

<https://doi.org/10.1038/s41467-019-13836-5>

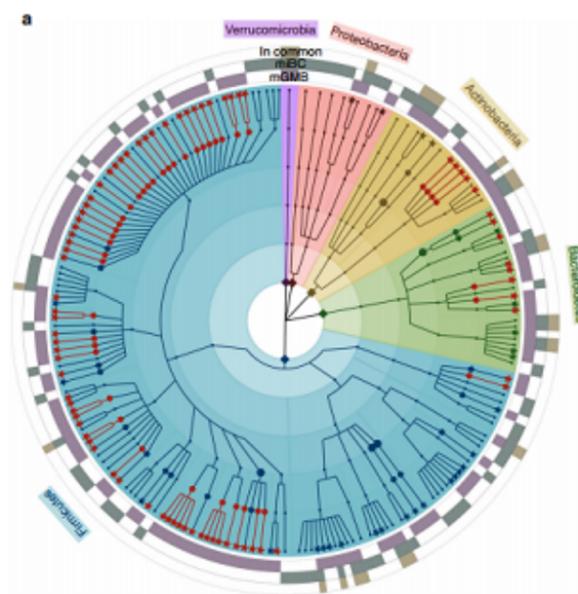
OPEN

The Mouse Gut Microbial Biobank expands the coverage of cultured bacteria

Chang Liu^{1,2}, Nan Zhou^{1,2}, Meng-Xuan Du¹, Yu-Tong Sun¹, Kai Wang^{3,4}, Yu-Jing Wang^{1,3}, Dan-Hua Li¹, Hai-Ying Yu¹, Yuqin Song^{1,2}, Bing-Bing Bai⁵, Yuhua Xin⁶, Linhuan Wu⁶, Cheng-Ying Jiang^{1,2,3}, Jie Feng^{1,2}, Hua Xiang¹, Yuguang Zhou⁶, Juncai Ma⁶, Jun Wang^{3,5}, Hong-Wei Liu^{3,4*} & Shuang-Jiang Liu^{1,2,3*}

Mice are widely used as experimental models for gut microbiome (GM) studies, yet the majority of mouse GM members remain uncharacterized. Here, we report the construction of a mouse gut microbial biobank (mGMB) that contains 126 species, represented by 244 strains that have been deposited in the China General Microorganism Culture Collection. We sequence and phenotypically characterize 77 potential new species and propose their nomenclatures. The mGMB includes 22 and 17 species that are significantly enriched in *ob/ob* and wild-type C57BL/6J mouse cecal samples, respectively. The genomes of the 126 species in the mGMB cover 52% of the metagenomic nonredundant gene catalog (sequence identity $\geq 60\%$) and represent 93–95% of the KEGG-Orthology-annotated functions of the sampled mouse GMs. The microbial and genome data assembled in the mGMB enlarges the taxonomic characterization of mouse GMs and represents a useful resource for studies of host-microbe interactions and of GM functions associated with host health and diseases.

论文发表



小鼠肠道菌株资源库(mGMB)菌种分类学多样性



([http://bszs.conac.cn/sitename?](http://bszs.conac.cn/sitename?method=show&id=07CED1FBEA704F7EE053012819AC2DD4)

[method=show&id=07CED1FBEA704F7EE053012819AC2DD4](http://bszs.conac.cn/sitename?method=show&id=07CED1FBEA704F7EE053012819AC2DD4)



(<http://www.cas.cn/>)

中国科学院微生物研究所
Institute of Microbiology, Chinese Academy of Sciences

(<http://www.im.cas.cn/>)

联系我们 (<http://www.im.cas.cn/gkjj2018/lxwm/>)

北京市朝阳区北辰西路1号院3号 100101

86-10-64807462

office@im.ac.cn

中国普通微生物菌种保藏管理中心 (CGMCC) (<http://www.cgmcc.net/>)

菌种销售: 86-10-64807596

菌种保藏与鉴定: 86-10-64807850