

中国科学院学部 科学与技术前沿论坛简报 第 117 次

学部工作局学术与文化处 编报
《中国科学》杂志社

2021 年 11 月 日

“微生物组与大健康”论坛综述

一、背景

微生物是自然界分布最广泛、生物多样性最为丰富的生命形式，是地球生物圈的奠基者，也是地球生态循环的驱动者。在自然界生态体系中微生物主要以群居的形式来体现其功能和驱动作用，并以此维系地球各层次生态系统的运动和平衡。“微生物组”是特定环境或者生态系统中群居的所有微生物成员的遗传信息和代谢能力的集合，作为一个复杂动力系统，其内涵包括了微生物与其环境和宿主的相互作用。“微生物组学”是研究微生物组结构和功能关系及其调控机制和方法的新学科。微生物组学研究涉及生命科学领域的各个学科，是驱动未来生命科学领域研究的主导学科。

微生物组研究已经成为人类健康和疾病预防诊治、工农业生产及环境治理等领域的全球科技战略竞争高地。研究微生物组的结构和功能，以及它们与环境的相互作用，不但需要颠覆性创新理论，还需要革命性的研究方法和技术。微生物组研究领域需要解决的一个共性的科学问题就是微生物组核心菌群如何与环境相互作用并达到平衡状态

以维持所在生态系统的健康。在维持宿主或生存环境健康稳态中发挥不可或缺作用的菌群成员构成核心菌群。由于经过长期共同演化，菌群与其宿主发展成牢固的共生关系，因此核心菌群对于特定的宿主来说，应该满足的特征是：在群体中普遍存在、长时间跨度中保持相对稳定、维持特有的生态系统结构、为宿主提供必需的生理功能和特定环境条件下的竞争优势。解析生态平衡状态下影响核心菌群结构的主要因素，以及核心菌群在有机体病态和环境生态紊乱之间的相互作用机制是微生物组学的主要任务。解决这个共性的核心科学问题，微生物组研究将给人类健康维护、疾病诊治、工农业生产、生态环境保护治理及生物安全保障等方面带来革命性的变化。

国际上已经出台多项大科学计划支持微生物组研究。从2004年微生物组研究开展以来，欧美等国家投入了大量的经费，研究取得重要进展。近年来欧美国家在微生物组领域规划布局重点由微生物组普查研究转向应用研究。运用生态学、多组学关联、菌群干预等手段，将微生物组与人体健康、农业生产、环境治理、工业生物技术等领域进行跨领域跨学科的交叉融合。从技术发展来看，开发跨领域的颠覆性平台技术，促进数据整合汇聚、交互使用、智能挖掘，加速基础研究和应用转化是各国重点布局方向。微生物组学研究具有涉及领域宽泛、数据复杂密集、使能技术工程化和学科交叉会聚等四大特点，对研究组织机制创新的要求更为迫切。从人类微生物组研究领域发展看，微生物组研究正迈向一个新的台阶。大规模人群研究为解释不同地区、不同人群微生物组的时空多样性提供了前所未有的数据集，微生物组与人类健康和疾病的研究从关联上升到因果机制，解析了微生物组小分子代谢物对疾病发生发展的关键调控作用，改写了人们对包括糖尿病和癌症在内的慢性疾病发生发展机制的认识，将人类微生物组研究重要性提升到前所未有的新高度。从产业发展角度看，人类微生物组的进展为疾病治疗和营养干预策略提供了新视角，成为医药、食品、

保健品行业的又一个创新点，巨大潜力引发全球激烈竞争。

近年来我国在微生物组研究技术体系和微生物组资源库建设方面处在国际前沿；在基础科学研究方面的领先主要体现在人体微生物组与疾病关系研究中，不仅在多种疾病——例如肝病、癌症、自身免疫性疾病和抑郁症等与微生物组的相关关系分析方面取得进展，在肥胖和糖尿病研究中更是获得对引发和加重疾病有因果关系作用的微生物种类并深入研究了其分子机制；在动物、植物及环境微生物组研究方面，我国科学家的研究水平一直处在相对比较领先的地位，例如，植物根际微生物组研究，水环境微生物组以及养殖环境和动物体微生物组研究等。相对于欧美等国家微生物组研究计划，我国比较侧重微生物组研究和计算技术，基础研究比较重视农业和环境微生物组研究。因此，我国在人体微生物组、人体肠道微生物组基因资源及生物信息学、动物微生物组学、培养组学及植物微生物组学研究方面都取得了国际领先的突出成绩。

目前美国在人体微生物组、动物和植物微生物组，以及环境微生物组研究方面处于全方位的领先地位。总体而言，我国在微生物组研究领域的某些方面与美国等先进国家并跑，甚至领先美国，但整体布局和研究现状还有待优化和提升。我国近十几年在微生物组研究方面的成绩主要在局部，广泛性交叉学科领域的研究比较少，微生物组应用性研究较薄弱。究其原因主要是中国在微生物组学研究方面的人才队伍和资源投入没有欧美国家多，我国在微生物组研究方面有能力获得领跑的位置，但需要对微生物组研究进行顶层设计和资源投入。目前，欧美等国家为了在微生物组研究方面取得领先地位，都在纷纷加大投入。中国的微生物组研究能否保持现在的并跑状态并最终领先于其他国家则依赖于国家的支持。

二、论坛概况

2021年6月19~20日，“微生物组与大健康”科学与技术前沿论

坛在上海召开。本次论坛由中国科学院学部主办，中国科学院生命科学和医学学部、地学部和化学部承办，上海交通大学、厦门大学、中国科学院上海药物研究所、《中国科学》杂志社等单位协办。上海交通大学邓子新院士、厦门大学焦念志院士、中国科学院上海药物研究所岳建民院士担任共同主席。

论坛设立微生物组与人体健康、微生物组与农业动植物健康、微生物组共性技术、微生物组与生态系统健康四大议题，以学术报告与圆桌讨论相结合的形式开展，中国科学院分子植物科学卓越创新中心/植物生理生态研究所赵国屏院士、广东省科学院微生物研究所吴清平院士等近百位专家学者线上线下共聚一堂，充分交流了最新学术成果，深入讨论了微生物组学的发展现状。

三、论坛目的、重要性和必要性

微生物组是整个地球生态系统的“基石”，从人和动物的肠道到植物、土壤、海洋，几乎无处不在，推动着地球上的物质循环，影响着人体乃至整个地球生物圈的健康。微生物组一旦出现结构失衡和功能失调，其所在的人体等复杂生命体系，乃至地球圈层等宏大的环境就会出现病态。因此，目前人类面临的疾病流行、粮食安全、森林退化、能源短缺、环境污染、气候变暖等问题的背后，几乎都有微生物组的身影。从人体、动物、植物和生态系统等层面，全面解析微生物组的结构和功能，破解微生物组与宿主或环境的相互作用机制，为医疗、能源、粮食、环境等重大问题带来革命性的解决办法，整体提升人类健康。

四、论坛重点关注的议题及报告

（一）议题 1：微生物组与人体健康

聚焦人体健康领域，专家们重点关注肠道微生物组与机体的代谢、免疫以及神经系统之间的相互作用，结合临床研究，探讨人体微生物

群对包括 2 型糖尿病、肥胖、肠道感染以及神经疾病等多种疾病的预防和治疗作用。

上海交通大学赵立平教授以多项肠道菌群与人体健康的研究为例，提出肠道菌群研究推进到临床应用需要遵循“四个方法学支柱”：临床医学支柱，鉴定肠道菌群中与疾病发生发展之间有因果关系的具具体关键功能成员；微生物学支柱，要在亚种乃至菌株水平验明关键功能细菌的有害或有益作用；生态学支柱，要将分类地位不同的菌株划分到同一个生态功能群来阐明其与疾病的关系；系统生物学支柱，要舍弃对现有数据库的依赖，从数据本身的结构出发，鉴定参与疾病发生发展的生态功能群和关键功能菌株。

国家卫生健康委功能性脑疾病诊治重点实验室谢鹏教授指出，微生物-肠-脑轴（MGB）在脑梗死、帕金森病、记忆障碍、多发性硬化等神经系统疾病的病因及诊断方面均有重要作用，并讨论了多种神经疾病和肠道微生物的关系。肠道菌群特异性改变可以部分解释抑郁症的病因，同时可以辅助抑郁症和双向情感障碍的鉴别诊断；拟杆菌和肠道噬菌体具有作为抑郁症诊断的潜在生物标志物作用；重症肌无力患者的肠道菌群结构发生改变，可进一步开展因果关联研究；非人类灵长类动物或许是 MGB 轴研究的理想模型。

中国科学院上海巴斯德所孟广勋研究员讨论了肠道菌群与免疫系统互作对复杂疾病发生发展的影响机制。肠道菌群对于肠上皮屏障和肠道免疫系统的发育和成熟均有重要的调节作用。NLRP3 炎症小体在该过程中发挥重要作用，携带 NLRP3 R258W 突变的 CAPS 模型小鼠对实验性结肠炎和结直肠癌具有较强的抗性，其通过重塑肠道菌群，诱导增加调节性 T 细胞（Treg）以提高抗炎能力。此外，NLRP3 R258W 突变仅在固有层单核吞噬细胞中增强 IL-1 β （而非 IL-18）的分泌，进而增强抗菌肽分泌，促进肠道菌群的重建。

南京医科大学张发明教授从物质与技术两个层面陈述和评价了该

领域的全球进展。肠道微生物重组包含三个层次：洗涤菌群移植、选择性菌群移植和益生菌/益生元，其中洗涤菌群移植包括造物（安全性、统一度量衡）和造术（合适的时机和对象）；洗涤菌群移植、选择性菌群移植和益生菌与益生元的作用效果是递减的；肠道微生物组重建的核心介入途径包括经内镜肠道植管术等，其价值体现在从极端的角度验证问题，包括临床实践和早期探索性研究的需求。

上海交通大学张晨虹研究员围绕营养、肠道菌群和各种代谢型疾病之间的关系，讨论了膳食结构改变、节食等对肠道菌群和整体健康的影响。膳食纤维干预靶向特定菌群菌株，促进短链脂肪酸生产从而改善代谢；节食可优化高脂饮食小鼠肠道微生物组的结构和减轻慢性炎症，节食干预具有节律性；节食塑造的菌群在化疗药物作用下更加稳定，减轻化疗肠道副作用；间歇性禁食可改善小鼠糖脂代谢，与鼠乳杆菌丰度升高相关；日常生活中可能接触的特殊化学物质会导致菌群失调，肠道菌群特定成员易位到胰腺，从而引发的胰腺免疫反应可能是胰岛素依赖型糖尿病发生的机制之一。

南方医科大学陈鹏教授探讨了肠道菌群与肝脏等远端器官损伤及重症的关系。通过转录组学、蛋白质组学和代谢组学等手段发现肠道菌群与肝脏健康密切相关，肠道菌群直接参与调控各种肝脏损伤的发生与发展；肠道菌群可以通过单菌、菌群-宿主互作，以及菌群代谢产物-宿主互作来调控肝脏病理生理状态；肠道菌群及其代谢产物可通过影响肠道黏膜屏障、机体氧化还原状态、宿主炎症反应等方式，调控各种肝脏损伤进程；针对肠道菌群的干预策略必将成为未来临床上治疗肝病的重要新兴手段。

讨论：如何真正找到影响疾病发生发展的肠道微生物组关键成员？

大量的证据表明肠道菌群的失调与重大慢性疾病的发生和发展有密切关系，因此了解肠道微生物组核心菌群的基本特征，以及其维持

肠道微生态系统稳态和机体平衡的机制是十分重要的。由于前期菌群研究方法策略的局限性,肠道菌群与复杂疾病的研究仍处于早期阶段。肠道菌群是一个复杂的生态群落,其中的成员绝非杂乱无章、相互孤立的,而是通过合作、竞争等生态关系形成网络系统发挥作用。而复杂疾病则涉及人体多器官、多系统,因此多维度、多层次解析肠道微生物生态系统的关键成员与宿主互作的分子机制是微生物组与疾病研究的方向。

(二) 议题 2: 微生物组与动植物健康

围绕动植物健康议题,论坛就重要的经济动植物健康和微生物群之间的重要关系展开讨论,探讨减少抗生素和农药使用、预防动植物疾病和防控虫媒病虫害等微生物组新技术的开发和使用,展望将植物育种、精准农业、农业管理和微生物群研究有机结合,从而提高作物可持续生产能力的前景。

浙江大学汪海峰研究员围绕仔猪肠道微生物与仔猪肠道健康内容作了题为“仔猪肠道微生物及其益生菌与宿主互作调控肠道屏障功能”的报告。报告指出,仔猪阶段肠道微生物的动态发育与宿主互作对肠道屏障调节具有重要作用。肠道微生物发酵产物丁酸(前体物三丁酸甘油酯)在仔猪肠道健康调节上发挥重要作用。此外,作为研究最多的益生菌之一,乳酸杆菌菌体及其不同成分通过调节炎症信号通路,发挥肠道免疫调控作用。

南京农业大学朱伟云教授提出“消化道营养”理念,其核心是营养素-微生物-宿主互作。通过瘦管猪靶向干预胃肠道不同部位的微生物,聚焦小肠、大肠和大脑健康,展开了一系列研究,表明肠道微生物组在消化道营养过程中起重要作用。

上海交通大学史贤明教授的报告围绕重要食源性致病菌沙门氏菌与健康这一主题,基因组学、转录组学和蛋白质组学分析数据揭示了沙门氏菌应对逆境(抗生素、消毒剂及蛋清基质)的一系列作用机

制，报告分析了关键基因的功能，为指导临床用药和靶向控制技术提供了指导。

中国科学院上海植物生理生态研究所王四宝研究员聚焦肠道共生菌与蚊虫互作及其在疟疾等虫媒病防控上的应用探索，提出一种全新的虫媒病虫害防控策略，即通过对昆虫共生菌进行遗传改造，使其作为基因表达载体对宿主产生转基因效果，实现对害虫和虫媒传染病的防治。

上海交通大学李志勇教授指出，海绵共生微生物组具有极其重要的科学价值和应用价值，代表了海洋微生物组一个重要前沿方向。海绵是海洋药物的最重要来源，也是研究宿主-微生物共生、协同进化的理想模型。通过海绵共生微生物组分析，揭示其氮循环机制，并介绍了海绵共生微生物群落结构与功能、宿主与微生物互作、环境与响应等方面的研究进展。

南京农业大学王源超教授围绕微生物组与植物免疫内容，介绍了利用激发子诱导植物体内广谱抗病性和重塑植物根系免疫微生物组的机制与过程，提出通过激发子重塑土壤免疫微生物组，实现对植物诱导体内基础免疫和体外微生物组免疫的“内外兼修”的绿色持久防控策略。

讨论：

(1) 营养素中添加酪蛋白酶解物与未酶解酪蛋白相比，如何改变动物肠道内微生物多样性及糖代谢？

酪蛋白上具有丰富的糖基化修饰，酪蛋白酶解以后的小肽物质，能更好的被小肠组织及小肠内微生物吸收和代谢，其中也包括蛋白上的糖类物质。此外，不同的菌对所利用的糖类具有选择性，例如酪蛋白上的N糖就与乳酸杆菌呈现正相关。

(2) 微生物组与动植物健康在产业化应用中需要考虑哪些方面？

首先，考虑到目前微生物组在环境领域的应用情况，未来在动植物健康产业化应用时需要考虑微生物组稳定性和持久性的问题；第二，需要综合考虑和评价不同的应用方法，例如，是直接添加益生菌还是采用营养素调节等间接手段；第三，需要考虑到自主知识产权的问题，为企业解除后顾之忧；第四，要更好的实现产业化应用，需要将所运用的一种或几种菌株的作用机制做得更加扎实和深入。

（三）议题 3：微生物组与环境生态

与会代表将微生物群与土壤及陆生生态系统、水生生态系统、海洋生态系统以及极地生态系统之间的联系进行充分讨论，并对解决环境污染治理与生态修复、废物污水再生利用、土壤碳排放以及全球气候变暖等问题提出了微生物版解决方案。

厦门大学焦念志院士以“微生物驱动的海洋碳汇”为主题，指出海洋微生物（细菌、古菌、病毒）等将光合作用产生的易降解的活性溶解有机碳长期储存形成碳汇，海洋碳汇主线上碳的迁移转化是浮游植物藻华、海水缺氧酸化等影响生态环境健康问题的关键原因。该现象的研究可以阐明微生物驱动的生源要素循环，研发海洋负排放（主动增汇）的路径，为国家“碳中和”目标提供科技支撑，为应对全球气候变化提供中国方案。

清华大学杨云锋教授基于自己的工作，介绍了“增温情景下北极土壤微生物的碳排放机制”的相关研究。他认为增温引发的永久冻土融化使表层和深层土壤微生物生物量和群落组成出现明显变化，增加了北极植物、哺乳动物、鸟类等的病毒感染风险。而土壤碳通量与微生物功能种群强烈相关，对微生物功能种群的监测可很好地定量预测未来增温所引发的土壤碳排放。

上海交通大学肖湘教授讲述了“深海热液区微生物群落与环境适应性机理研究”的研究进展，发现海底热液区微生物生态系统的演替主要受到能量来源的转换所控制，在典型的热液硫化物烟囱体从初始

形成到完全熄灭的过程中，栖息在其中的微生物群落由“热液主控型”演变成“矿物主控型”，研究超嗜热古菌对深海热液区微生物群落具有重要意义。

哈尔滨工业大学王爱杰教授作了题为“城市水生态安全微生物组——以新污染物的生态风险识别与评价为例”的报告。她认为面向城市水系统生态安全，未来研究重点和挑战主要包括构建典型水系统抗性组/病原菌/致病病毒库、识别/评价新污染物如微塑料对 ARGs/病原微生物传播/进化的贡献、基于抗生素调控、脱毒与抗性分子标记建立水安全检测高通量生物传感器、介水抗性组/病原微生物组与人类健康关系等。

中国地质大学董海良教授就“深地微生物与人体健康关系初探”作了报告。他指出，无论从物种、功能或代谢速率上，深地微生物与人体有着巨大的区别，深地微生物生活在一个极端环境，代谢速率极其缓慢（地质时间尺度），但是人体微生物代谢活跃，周转速度快，对于这两类微生物之间的相互作用以及时空变化规律的研究，目前基本上是空白，有必要将深地微生物与人体（医学）微生物研究人员聚集到一起，共同探讨这一前沿交叉领域。

上海交通大学唐鸿志教授围绕“多组学工业废水微生物组资源挖掘”和“人工合成微生物组策略与应用”两个关键内容作了题为“微生物组与生态修复”的报告。报告指出，组学技术与高通量筛选技术的结合成为微生物分离策略的重要参考和手段；人工合成微生物组是环境修复的新驱动力，能够降低单一菌株的代谢负担，弥补单一菌株自身的缺陷，提升微生物在复合污染下的复杂生态修复能力。

讨论：

（1）多组学研究策略在研究生态修复中具有什么优势？

首先，多组学研究策略不依赖传统的菌株分离策略，可以在原位环境下对微生物群落内的基因、蛋白、代谢物进行检测，对以往不可

培养/难培养微生物的生态学功能进行研究。其次，传统研究以纯培养菌株表征其对环境污染物降解潜能，无法真实反应菌株在自然环境下的修复过程与生态功能，而多组学研究策略可以在自然条件下研究菌株如何通过群落间复杂代谢作用实现生态修复。最后，多组学分析可通过统一的取样检测分析标准，实现大尺度时空范畴（如全球范围）的生态学研究，为生态修复与治理的宏观性研究提供有效观测手段。

（2）人工合成微生物组目前存在什么局限，需要如何解决？

目前适于进行正交遗传线路操作的底盘菌株种类不足，需要进一步开发具备良好的兼容性与稳定性，有明确的基因组图谱和简易遗传操作的新底盘细胞；原位的生态修复面临的是多种污染物构成的复合污染，需要合成微生物组设计朝着多种污染并行处理的方向发展；计算生物学目前仍无法有效预测群落演替，复杂微生物群体与自然环境因子间的长期作用，需要后续开发新的生物信息学分析工具和模型。

（四）议题 4：微生物组与共性技术

围绕微生物组共性技术议题，论坛就微生物组研究的前沿方法和技术展开讨论，包括肠道微生物资源库的构建、基于靶向微生物 rRNA 探针的空间微生物组技术、代谢标记探针技术、多组学数据整合方法、悉生动物模型技术、对菌群进行单细胞水平研究的单细胞代谢表型组和基因组技术等。这些新方法和技术将助力多领域的微生物组研究，推动我国微生物组研究迈上新的台阶。

广东省科学院微生物研究所吴清平院士作了题为“中国食品微生物安全科学大数据库构建及其创新应用”的报告。介绍了研究团队近十年来对全国重点城市和地区主要市售食品的微生物安全风险识别、重点追踪和定点监测研究情况，并建立了具有全国代表性的食源性致病微生物专业菌种库，开发了食源性致病微生物监测与控制新技术，在此基础上建成了我国首个食品微生物安全科学大数据库。大数据库的构建对于推动我国食品安全检测、监测和风险预警、溯源与控制技

术发展进步，支撑我国食品安全保障技术及标准体系创新发展，全面提高我国食品微生物安全水平具有重要意义。

中国科学院微生物研究所、山东大学刘双江教授/研究员围绕肠道微生物培养及肠道微生物资源库建设，梳理了目前肠道微生物分离培养和鉴定的技术，提出了肠道微生物分离培养和物种鉴定的最简流程和标准，并介绍了按照该标准构建的中华健康人肠道菌株资源库。同时建议从两个维度构建肠道微生物资源库，一是按照生物学系统，以物种为主要分类单元，建立健康人体微生物资源库；二是针对不同疾病等非健康来源的菌株，建立专门的菌株资源库。

中国科学院青岛生物能源与过程研究所徐健研究员介绍了在菌群单细胞“代谢表型组-基因组”仪器开发和应用方面的最新进展，提出了拉曼组和元拉曼组概念，证明其作为一种广谱适用、免标记、非侵入式的单细胞代谢表型组，可快速鉴别微生物种类，并测量细胞活性、底物代谢、大分子产物、环境应激、药敏等关键代谢功能。开发了一系列单细胞拉曼分选核心器件，研制成功国内外首台单细胞拉曼分选-测序耦合系统和高通量流式拉曼分选仪，实现了菌群单细胞代谢快检、分选与测序的全流程仪器化。

南方医科大学周宏伟教授指出，肠道疾病是很多疾病治疗的关键靶标，但是不同研究间疾病关键菌普遍不一致，有时甚至得到截然相反的结论。研究发现地域是肠道菌群变异的首要影响因素，疾病菌群模型很难克服地域影响，并据此提出疾病特征菌谱的地域性假说。

中国科学院深圳先进技术研究院戴磊研究员介绍了空间微生物组学技术，提出通过多轮的 FISH 成像技术可以突破荧光标记的限制，实现高复杂度微生物群落的定量表征。

复旦大学吴浩研究员主要从多组学数据整合的角度，剖析肠道菌群及其代谢物对非酒精性脂肪肝、糖尿病等代谢性疾病的影响，指出饮食和肠道菌干预可以用于该类疾病的防治。

上海交通大学王炜副研究员介绍了分子探针工具在活体肠道微生物研究方面的应用，例如体内肠道菌群的生长分裂模式和代谢活性分析，以及选择性细菌亚群标记探针的开发。

上海交通大学胡泽汗副教授围绕宿主和肠道微生物相互作用，运用无菌小鼠模型研究肠道响应微生物定植和感染的分子机制，并就课题组最新发现的一类新型肠道抗菌蛋白的功能和作用机制展开讨论。

讨论：在微生物组研究过程中需要建立一套统一的质量控制标准。

为了提升微生物组研究领域的数据共享、交流和整合，需要在微生物组研究过程中建立一套统一的质量控制标准，当然这并非要求所有的研究者都使用同样的方法和试剂盒，而是尽可能提高微生物组研究的完整性、可靠性和无偏差性。

首先，对于样品的收集需要考虑不同收集方法之间存在的偏差。很多微生物在离体收集后，在收集固定液中依然会有相当一部分微生物会生长和变化，因此需要对采样试剂盒进行标准控制。

其次，不同 DNA 提取方法对结果也会造成偏差。由于不同方法和试剂盒的细菌裂解和 DNA 提取效率存在差异，因此会造成检测结果出现很大的偏差。

最后，在微生物组数据挖掘和分析过程中，需要重新考虑运用微生物组某种特征作为功能分析单位。由于微生物组的功能差异性更多地是体现在菌株水平，因此目前常用的运用生物分类单元（纲目科属种）作为功能单位以及基于宏基因组的通路分析均存在很大的缺陷，造成分析结果的偏差。建议微生物组数据分析基于单个菌株基因组整合的生态功能群开展。

五、论坛总结

本次论坛以“微生物组与大健康”为主题，借助学部平台，充分听取生物、医学、制药、环境、农业等领域专家学者的学术观点，交

流了相关方向的最新学术成果，对微生物组研究现状和未来发展方向进行了深入讨论，论坛达成共识并提出共同建议：

1. Microbiome 中文译名应由“微生物组”更正为“微生物群系”

“微生物组”中文名称是从英文 **Microbiome** 翻译而来。**Microbiome** 的本意是指群居在某个生态栖息地的所有微生物的总和。其词根是 **-biome**，而不是 **-ome**。翻译为“微生物组”存在两个问题：（1）忽略了 **microbiome** 的生态学本质；（2）容易与微生物基因组学（**Microbial Genomics**）混淆，而且过于强调基因组学技术在该领域的应用，不利于学科发展。与会专家经过热烈讨论，建议 **Microbiome** 中文译名更改为“微生物群系”，以凸显微生物群体与生态系统相互关系的学科内涵。这样的更名，有利于“微生物群系学”成为一门将微生物生态系统自身丰富的遗传及代谢功能，与特定环境中的其他生命体或环境因子发生互利或相克作用作为研究对象的新兴前沿学科。

2. 建立学科交叉融合的微生物群系学学科

微生物群系学已经成为国际新一轮科技革命的战略必争“高地”，研究范围日趋广泛，应用导向更加明确，研究中更加注重技术发展和学科交叉融合。未来应从人体、动物、植物和生态系统层面进行集成式、汇聚式、综合性研究，进一步加强微生物与医学、环境、农业、制造等学科的交叉融合，在国家层面上进行相关领域的跨学科研究力量协同攻关。

我国拥有丰富的生态和环境资源，蕴藏着应用潜力无限的特色微生物群系，这为我国开展微生物与大健康相关的研究工作提供了独特的优势，也提出了更加紧迫的需求和任务。全面解析微生物群系的结构和功能，破解微生物群系与宿主或环境的相互作用机制，推动我国微生物群系学研究的跨越式发展，将为医疗、能源、粮食、环境等重大问题带来革命性的解决办法，整体提升人类和地球的健康水平。

（作者：邓子新，中国科学院院士，上海交大学生命科学技术学院教授；焦念志，中国科学院院士，厦门大学海洋与地球学院教授；岳建民，中国科学院院士，中国科学院上海药物研究所研究员；赵立平，上海交大学生命科学技术学院教授）

联系方式：中国科学院学部工作局学术与文化处，010-59358366