



中国科学院学部“科学与技术前沿论坛”第117次
——微生物组与大健康

会议手册

主办单位：中国科学院学部

承办单位：中国科学院生命科学和医学学部

中国科学院地学部

中国科学院化学部

中国科学院学部学术与出版工作委员会

协办单位：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

中国·上海

2021年6月19日



“微生物组与健康”科学与技术前沿论坛



目 录

论坛简介.....	1
论坛日程.....	2
召集人（执行主席）简介.....	4
摘要文集.....	8
邓子新 微生物组与大健康.....	9
焦念志 微生物驱动的海洋碳汇与生态健康.....	10
吴清平 中国食品微生物安全科学大数据库构建及其创新应用.....	11
陈鹏 肠道菌群与肝脏缺血再灌注损伤.....	12
戴磊 空间微生物组学技术.....	13
董海良 深地微生物与人体健康关系初探.....	14
胡泽汗 肠黏膜抗菌屏障与肠道病原体感染.....	16
李志勇 海绵共生微生物组：结构与功能、互动与响应.....	17
刘双江 肠道微生物培养及肠道微生物资源库.....	19
孟广勋 肠道菌群与免疫系统互动维持粘膜器官稳态的机制.....	20
史贤明 沙门氏菌组学分析与健康.....	21
唐鸿志 微生物组与生态修复.....	22
汪海峰 仔猪肠道微生物及其益生菌与宿主互动调控肠道屏障功能.....	23
王爱杰 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.....	24
王四宝 微生物组与蚊虫互作的机制及防控应用探索.....	25
王炜 基于分子探针工具的活体肠道微生物组研究.....	27



王源超	
构建植物持久抗病性—微生物组与植物免疫.....	28
吴浩	
从多组学角度剖析肠道菌对非酒精性脂肪肝、糖尿病等代谢性疾病的影响.....	29
肖湘	
深海热液区微生物群落与环境适应性机理研究.....	30
谢鹏	
微生物-肠-脑轴：神经疾病研究新切入点.....	31
徐健	
RACS-Seq 和(MP-G)n: 菌群“单细胞代谢表型组-基因组”仪器与大数据.....	32
杨云锋	
升温情景下北极土壤微生物的碳排放机制.....	34
张晨虹	
营养、肠道微生物组与糖脂代谢.....	35
张发明	
微生物组重建研究：从临床倒推.....	36
赵立平	
研究肠道菌群与健康关系的四个方法学支柱.....	37
周宏伟	
人体微生物组：从因果机制到临床研究.....	38
朱伟云	
微生物组与消化道营养.....	39
论坛嘉宾及代表名单.....	40
论坛须知.....	44



论坛简介

为将中国科学院学部建设成为创新思想活跃、学术作风严谨的我国科学技术方面的最高学术机构，切实发挥学部的学术引领作用，并为决策咨询工作提供科学技术支撑，2011年3月25日，中国科学院学部主席团六届十次会议决定开展“科学与技术前沿论坛”（简称“论坛”）活动。

论坛活动是中国科学院学部主席团统一领导下、各学部常委会和学部学术与出版工作委员会等共同承办的高层次学术活动，着眼于科学技术前沿探索、系统评述和前瞻预测。

论坛旨在推动前沿科学理论和技术探索，促进学科发展战略研究系统深入开展，促进学科交叉融合及国际学术交流，发现和培养优秀人才，倡导科学民主，鼓励学术争鸣，充分发挥学部对我国科学技术前沿和未来创新发展的引领作用。

论坛特邀若干报告人做主题报告，鼓励与会院士、专家围绕主题进行自由讨论，一般向社会开放。特邀的报告人一般为科研一线的优秀科学家，重视邀请国外专家和优秀青年学者。报告人应提交符合《中国科学》、《科学通报》（简称“两刊”）出版要求的论文，论坛论文和综述稿以“两刊”专栏或专辑、年度论坛报告集等方式公开出版。

科学探索无止境，百家争鸣创新篇。中国科学院学部愿为中青年科技专家提供展示才华的“舞台”，共同促进学术繁荣，为促进我国科技发展和服务国家发展战略做出应有的贡献。



论坛日程

2021年6月19日

时 间	报告人	内 容	主持人
开幕式			
08:45-08:55		嘉宾致辞	冯 雁
08:55-09:25	邓子新	微生物组与大健康	
09:25-09:40		合照&茶歇	
议题一：微生物组与人体健康			
09:40-10:10	赵立平	研究肠道菌群与健康关系的四个方法学支柱（线上）	赵方庆
10:10-10:30	谢 鹏	微生物-肠-脑轴：神经疾病研究新切入点	
10:30-10:50	孟广勋	肠道菌群与免疫系统互作维持粘膜器官稳态的机制	
10:50-11:10	张发明	微生物组重建研究：从临床倒推	刘星吟
11:10-11:30	张晨虹	营养、肠道微生物组与糖脂代谢	
11:30-11:50	陈 鹏	肠道菌群与肝脏缺血再灌注损伤（线上）	
11:50-13:30		午 休	
议题二：微生物组与动植物健康			
13:30-14:00	汪海峰	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	周志刚
14:00-14:20	朱伟云	微生物组与消化道营养	
14:20-14:40	史贤明	沙门氏菌组学分析与健康	
14:40-14:55		茶 歇	
14:55-15:15	王四宝	微生物组与蚊虫互作的机制及防控应用探索	白 洋
15:15-15:35	李志勇	海绵共生微生物组：结构与功能、互作与响应	
15:35-15:55	王源超	构建植物持久抗病性—微生物组与植物免疫	
15:55-17:00		议题一、二讨论	谢 鹏 王四宝
18:15-19:45		晚 餐	



论坛日程

2021年6月20日

时 间	报告人	内 容	主持人
议题三：微生物组共性技术			
09:00-09:30	吴清平	中国食品微生物安全科学大数据库构建及其创新应用（线上）	朱怀球
09:30-09:50	刘双江	肠道微生物培养及肠道微生物资源库	
09:50-10:10	徐 健	RACS-Seq 和(MP-G)n: 菌群“单细胞代谢表型组-基因组”仪器与大数据	
10:10-10:25	茶 歇		
10:25-10:45	周宏伟	人体微生物组：从因果机制到临床研究（线上）	朱宝利
10:45-11:05	戴 磊	空间微生物组学技术（线上）	
11:05-11:25	吴 浩	从多组学角度剖析肠道菌对非酒精性脂肪肝、糖尿病等代谢性疾病的影响	
11:25-11:40	王 炜	基于分子探针工具的活体肠道微生物组研究	
11:40-11:55	胡泽汗	肠黏膜抗菌屏障与肠道病原体感染	
11:55-13:30	午 休		
议题四：微生物组与环境生态			
13:30-14:00	焦念志	微生物驱动的海洋碳汇与生态健康	张友明
14:00-14:20	杨云锋	增温情景下北极土壤微生物的碳排放机制	
14:20-14:40	肖 湘	深海热液区微生物群落与环境适应性机理研究	
14:40-14:55	茶 歇		
14:55-15:15	王爱杰	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	梁运祥
15:15-15:30	董海良	深地微生物与人体健康关系初探	
15:30-15:45	唐鸿志	微生物组与生态修复	
15:45-16:45	议题三、四讨论		刘双江 王风平
16:45-17:00	会议总结		

注：1. 主旨报告每个 30 分钟、特邀报告每个 15-20 分钟，其中含提问 2 分钟；
2. 讨论环节口头发言每次 3 分钟，有 PPT 的可以延长至 5 分钟，可多次发言。

召集人（执行主席）简介



邓子新，中国科学院院士，发展中国家科学院士，美国微生物科学院、英国皇家化学学会 Fellow。中国微生物学会理事长，中国农业生物技术学会副理事长，全球工业微生物学会（GIM）主席。上海交通大学教授，生命科学技术学院院长，微生物代谢国家重点实验室主任。长期从事微生物代谢的分子生物学研究，主攻放线菌遗传学及抗生素生物合成的化学生物学。主要科学贡献：发现 DNA 骨架硫修饰，并系统研究了 DNA 硫修饰发生的生物化学机理和生物学意义，在国际上开创了表观遗传学一个崭新的分支领域。发表学术论文 400 余篇。荣获国家自然科学二等奖、上海市科技进步一等奖、农业部科技进步一等奖、教育部自然科学一等奖、二等奖等重大奖项。

召集人（执行主席）简介



焦念志，中国科学院院士，发展中国家科学院院士，美国微生物科学院院士。国际海洋探索理事会（ICES）和北太平洋海洋科学组织（PICES）“海洋负排放”（WG46）国际联合工作组主席。厦门大学长江学者特聘教授。主攻海洋生态过程及其资源环境效应。主要科学贡献：提出了海洋储碳新机制—“微型生物碳泵（MCP）”理论。Science 评论 MCP 为“巨大碳库的幕后推手”，并为 MCP 出版了 Science 增刊。2019 年，MCP 纳入联合国政府间气候变化专门委员会（IPCC）特别报告，2021 年，MCP 纳入联合国教科文组织政府间海洋学委员会（IOC）海洋碳报告。在 Nature 系列、Science 及其子刊、Proc Natl Acad Sci U S A、ISMEJ、mBio 等一流刊物发表学术论文 300 余篇，被引用万余次，2014 年起持续入选 ESI 中国高被引作者。

召集人（执行主席）简介



岳建民，中国科学院院士，中国化学会会士，兰州大学双聘院士。中国科学院上海药物研究所研究员、学位委员会主任。研究方向为天然药物化学。长期从事新颖结构天然活性物质的发现、结构和功能研究、活性天然化合物的全合成、结构优化和构效关系研究，以及新药研发。主要科学贡献：发现大量的新骨架类型化合物、重要生物活性分子，以及多个药物候选和药物先导。已在 *Chem Rev*、*Cell Res*、*J Am Chem Soc*、*Angew Chem Int Ed*、*J Med Chem*、*Org Lett* 等刊物发表学术论文 300 余篇，获授权专利 13 项。荣获国家自然科学二等奖，上海市自然科学一等奖，吴阶平-保罗·杨森医学药学奖等重大奖项。

特邀嘉宾



吴清平，中国工程院院士，微生物安全与健康专家。广东省科学院微生物研究所名誉所长、广东省科学技术协会副主席。中国食品科学技术学会副理事长、中国食用菌协会名誉会长、国家微生物种业产业技术创新战略联盟理事长，第十三届全国人大代表。长期致力于中国微生物安全与健康菌种、基因与组学大数据库构建和应用研究。主要科学贡献：发明先进的共性监控技术并建立起相关理论体系，研制出重点产业食品安全控制技术和与国际接轨的先进标准，解决了食品安全中的重要科学问题和关键技术难题，显著推动我国食品安全科学理论不断提升和产业健康发展。发表论文 500 多篇，主持国家及省部级项目 52 项，获省级鉴定国际领先或国际先进水平成果 39 项、授权发明专利 110 项，制定国家及地方标准 11 项，获国家科技进步二等奖、省部级一等奖、中国专利优秀奖等重大奖项。



摘要文集



特邀报告

微生物组与大健康

邓子新

上海交通大学

多个种类的微生物以群居的形式存在于特定环境中，其所有成员的遗传信息和代谢能力的集合被称为“微生物组”。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。由于组成复杂、分布广泛，影响深远，微生物组成为与人的大脑并列、作用巨大但又尚未被充分认识的复杂生物系统。全面解析微生物组的结构和功能，有可能为人类面临的健康、能源、粮食、环境等重大问题带来革命性的解决办法。本次论坛以微生物组与大健康为主题，希望借助学部平台，充分听取生物、医学、制药、环境和农业等领域专家学者的学术观点，充分交流在相关领域取得的最新学术成果，对目前微生物组学的发展现状进行深入讨论，对未来发展路径进行全面梳理，以进一步加强微生物与医学、环境、农业等学科的交叉融合，整合国内力量，协同攻关，推动我国微生物组学研究的跨越式发展，并为在国家层面上进行相关领域的跨学科发展的决策提供前瞻性与可行性的规划与建议。

【关键词】 微生物组 大健康



特邀报告

微生物驱动的海洋碳汇与生态健康

焦念志

厦门大学

海洋是地球表面最大的活跃碳库，是大气碳库的近 50 倍、陆地碳库的近 20 倍。海洋吸收了人类活动排放近三分之一的 CO_2 ，发挥着全球气候变化“缓冲器”的作用。海洋中绝大部分的有机碳以溶解有机碳 (Dissolved organic carbon, DOC) 的形式存在，占总有机碳的 97%，这其中约有 95% 的是生物难以利用的惰性溶解有机碳 (Refractory Dissolved Organic Carbon, RDOC)。海洋 RDOC 碳库巨大 (约 7000 亿吨)，可与大气 CO_2 总碳量相媲美。 ^{14}C 测定表明海洋 RDOC 年龄约 5000 年，构成了海洋的长期储碳。然而 RDOC 库的成因一直是个悬而未决的科学难题，被 Nature 文章称之为难解之谜 (Enigma)。微型生物碳泵 (Microbial Carbon Pump, MCP) 概念的提出对海洋 RDOC 库给出了一个合理的解释。MCP 理论指出，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转化为 RDOC，长期储存形成碳汇。MCP 理论框架的建立，提供了若干可验证的科学假说。例如，浮游植物藻华、海水缺氧酸化等影响生态环境健康的问题都是海洋碳汇主线上碳的迁移转化使然。近海氮磷富营养化导致浮游植物藻华频发，产生大量活性有机碳，很容易被异养微生物吸收利用，成为细菌繁殖的温床。这个过程增强了微生物的呼吸作用，同时消耗大量氧气，造成水体缺氧，不仅如此，异养呼吸放出 CO_2 造成内源性海水酸化。因而整个过程不仅不利于形成碳汇，还会引发一系列生态环境问题。在缺氧等环境中微生物碳氮硫代谢，进一步导致 CH_4 、 N_2O 等更厉害的温室气体，以及有害物质 (H_2S 等)。本文将阐明这些微生物驱动的生源要素循环，并遵循生态系统可持续发展理念，在研阐明有关过程机制的基础上趋利避害，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。



特邀报告

中国食品微生物安全科学大数据库构建及其创新应用

吴清平

广东省科学院微生物研究所

食品安全是食品工业健康发展的根本，是构筑健康中国的基石。随着人民物质生活水平的不断提高，食品安全问题已成为全人类关注的焦点。在影响食品安全的各类要素中，微生物是最主要因素，其中食源性致病微生物污染是全球食品安全的主要威胁。研究团队近十年来对全国重点城市和地区的主要市售食品全面系统开展了食品微生物安全风险识别、重点追踪和定点监测研究，并进行了食源性致病微生物组学分析，建立具全国代表性的食源性致病微生物专业菌种库，保藏量 5 万余株，健康微生物 6 万余株（国际保藏量最大）以及库容达 1 万余条的食品微生物安全基因组数据库，开发了食源性致病微生物监测与控制新技术，在此基础上率先建成了我国首个食品微生物安全科学大数据库，从“大数据”——“菌种基因”——“新靶标”——“控制关键技术”主线解决了我国食品微生物安全“卡脖子”重要科技问题。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。

【关键词】 食品安全 科学大数据库 食品微生物 食源性致病微生物

肠道菌群与肝脏缺血再灌注损伤

陈鹏

南方医科大学

肝脏缺血再灌注损伤是机体休克、肝脏移植手术等器官功能衰竭领域的常见并发症，其严重程度与术后器官功能恢复与维持直接相关。近两年来，人们开始把目光从肝脏自身转移到了肠道，认为肠道菌群也是肝脏缺血再灌注损伤的核心调控因素，适当抗生素清除肠道菌群可明显缓解肝移植手术患者术后肝功能不全，但肠道菌群与肝脏缺血再灌注损伤的调控全貌仍不清晰。我们的工作首先发现肝脏缺血再灌注损伤具有明显的昼夜节律，且这种节律与肠道菌群直接相关。进一步机制研究表明菌群的相关代谢分子及特定肠道共生菌可以明显改善小鼠肝脏缺血再灌注损伤。我们的工作为肝脏缺血再灌注损伤的发病机制提出了新的线索，也为其临床干预提供了若干候选策略。

【关键词】 肠道菌群 缺血再灌注 肝损伤



陈鹏，南方医科大学基础医学院教授，博士生导师。Front Pharmacol、Exp Mol Med 期刊编委，J Hepatol、Hepatology 等十余个期刊特约审稿人。教育部“青年长江学者”获得者，广东省杰出青年基金获得者。2012年获南京理工大学博士学位，2012-2015年在美国加州大学圣地亚哥分校从事博士后研究工作，2015年引进南方医科大学工作。研究方向为肠道菌群与多器官衰竭，以第一或通讯作者在 Gastroenterology、Hepatology、J Hepatol、Theranostics、Acta Pharm Sin B、FASEB J 等国际期刊发表多篇论文。主持国家自然科学基金面上项目、青年项目等。

空间微生物组学技术

戴磊

中国科学院深圳先进技术研究院

自然界的微生物群落具有丰富的多样性和复杂的空间结构。日益进步的测序技术能够精准解析微生物组的组成和功能，但是我们对微生物群落空间结构的理解仍然十分有限。空间微生物组学技术可以广泛应用于表征微生物组物种组成、基因表达、代谢产物的空间分布，对理解微生物群落的组装、不同微生物之间以及微生物与宿主之间的相互作用有重要的意义。以本课题组的研究为例，我将主要介绍荧光原位杂交技术在空间微生物组学中的应用，利用靶向微生物 rRNA 的探针，成像并表征不同样本中微生物的空间分布。然而，现有的方法受到荧光基团光谱重叠的限制，能同时表征的物种数量仍然有限。通过序贯荧光原位杂交方法和可纠错的编码方案，我们成功实现了对复杂微生物群落的空间标记，有效提高了可标记物种的数量和物种识别的准确率。

【关键词】 空间微生物组 成像技术 荧光原位杂交



戴磊，中国科学院深圳先进技术研究院研究员，博士生导师，合成微生物组学研究中心主任。国家重点研发计划青年项目首席科学家，海外高层次人才计划获得者。长期从事微生物组、合成生物学的交叉领域研究，致力于理解宿主共生微生物组的生态和进化机制，通过微生物组的工程化改造来促进宿主健康。主要研究内容包括：（1）微生物组的精准解析；（2）微生物组的靶向调控；（3）合成微生物组的设计与应用。研究成果以第一或通讯作者发表在 *Science*、*Nature*、*Proc Natl Acad Sci U S A* 等国际期刊。入选《麻省理工科技评论》中国区“35岁以下科技创新35人”。

深地微生物与人体健康关系初探

董海良

中国地质大学

随着人类对地下深部环境的开发（譬如地铁、地下城市的建设，地下水、金属矿产与油气资源的开采等），深地微生物与人体微生物便出现了作用的交集，当人长时间生活在地下环境（譬如煤矿工人），人体肠道微生物是否会受深地微生物的影响而发生演替，亦或是通过水平基因转移而适应地下极端环境甚至发生病变？同样地，深地微生物是否会受到人类活动的影响而发生变异？在大型油气盆地（譬如松辽盆地），为了增加石油采收率，大量的热水、蒸汽、表面活性剂输入到地下环境，势必对地下生物圈造成影响，但是目前人们对这些影响没有系统的认识。

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，这两类微生物之间的相互作用以及时空变化规律，目前基本上是研究空白，有必要将深地微生物与人体（医学）微生物研究人员聚焦到一起，来共同探讨这一前沿交叉领域。

【关键词】 深地微生物 人体健康 代谢速率 人类活动



董海良，中国地质大学教授，博士生导师。美国地质学会学士，*Chem Geol* 主编，*Geochim Cosmochim Acta*、*Geomicrobiology J*、*Clays Clay Miner* 等副主编。国家特聘专家，海外杰出青年基金获得者，长江学者特聘教授。发起成立中国微生物学会地质微生物专业委员会并担任主任委员。主要研究方向为：（1）各种极端地质环境的微生物过程与元素循环，特别是深地微生物分布、功能与地质过程之间的关系；（2）矿物-微生物相互作用与土壤碳循环；（3）



重金属、核素与有机污染物的治理；(4) 医学矿物学。在 *Science* 正刊、*Nature* 子刊等国际期刊发表论文近 300 余篇，他引 13000 余次，H 指数 62，连续入选爱思唯尔中国高被引学者。先后主持国家自然科学基金委面上项目、重点项目、科技部 973 项目、重点研发计划等。获美国粘土学会中年科学家成就奖。

肠黏膜抗菌屏障与肠道病原体感染

胡泽汗

上海交通大学

肠道是众多微生物群落的天然寄居场所，这些肠道微生物对机体的免疫和代谢功能起着非常重要的作用，但同时它们对人体健康也是一个潜在的威胁。作为机体直接接触众多肠道微生物的第一道屏障，肠上皮细胞在营养物质吸收和代谢、抵御细菌入侵、维持肠道微生物稳态以及调控其它免疫细胞的成熟和分化的过程中起着至关重要的作用。然而，目前对肠上皮细胞是如何响应肠道微生物定植以及肠黏膜屏障如何抵御微生物感染的分子机制仍然知之甚少。我们最近的一项工作鉴定了一类新的肠道抗菌蛋白，并揭示其在稳态、病原菌感染和肠道寄生虫感染等多种条件下对小鼠肠黏膜抗菌屏障维持的重要作用。

【关键词】 肠道黏膜免疫 抗菌蛋白 肠道细菌 肠道寄生虫



胡泽汗，上海交通大学长聘教轨副教授，博士生导师。2013年获北京生命科学研究所和北京师范大学联合培养博士学位，分别在清华大学生命科学学院、美国德克萨斯大学西南医学中心免疫系和霍华德·休斯医学研究所从事博士后研究工作。2019年晋升为讲师职位，2021年全职回国工作。研究方向为固有免疫相关蛋白质结构与功能、肠上皮细胞响应肠道菌群定植及肠道病原体感染的分子机制。以第一或通讯作者在 *Science*、*Proc Natl Acad Sci U S A* 和 *Cell Res* 等国际期刊发表多篇研究论文。

海绵共生微生物组：结构与功能、互动与响应

李志勇

上海交通大学

海绵 (Sponge) 是最古老 (6.4 亿年) 的多细胞动物, 有 1 万多种, 在海洋中分布广泛。通过亿万年协同进化, 海绵与微生物形成了已知生物中最复杂的共生体——海绵全功能体 (Sponge Holobiont): (1) 海绵共生微生物包括了已知的 52 个门细菌、3 个门古菌、4 个门真菌以及众多未知的微生物门类, 因此海绵是研究宿主-微生物共生、协同进化的理想模型生物; (2) 由于海绵独特的滤食习性, **Sponge Loop** 在海洋珊瑚礁生态系统的 C、N、P、S 元素循环中发挥着重要作用, 其中海绵共生微生物是主要驱动者, 可能解释珊瑚礁悖论之谜; (3) 海绵是海洋药物最重要来源, 其天然产物占据了已发现海洋天然产物的 1/3, 溯源研究发现海绵共生微生物其实是大多数海绵来源天然产物的真正制造者。因此, 从海绵共生微生物入手将可能解决海绵药源限制的瓶颈问题。可见, 海绵共生微生物组具有极其重要的科学价值, 代表了海洋微生物组一个重要前沿方向。报告将以南海代表性海绵为例, 介绍上海交通大学在海绵共生微生物群落结构与功能、宿主-微生物互动、环境响应与适应方面的部分研究进展。

【关键词】海绵 微生物组 共生互动 群落结构 生态功能 环境适应



李志勇, 上海交通大学长聘教授, 博士生导师。主要从事海绵与珊瑚共生微生物组研究。上海市微生物学会海洋微生物专业委员会主任委员, 中国海洋湖沼学会理事, 中国微生物学会海洋微生物专业委员会委员。Frontiers in Microbiology、Frontiers in Marine Science 负责 Microbial Symbioses 的副主编; FEMS Microbial Ecology: Sponge microbiome 专辑编辑。1998 年获华南理工大学博士学位, 1998-2000 年在华东理工大学从事博士后工作, 2007 -2008 年加州大学圣地亚哥分校 Scripps Institution of Oceanography 访问教授。



重点研究海绵、珊瑚共生微生物的种群结构、代谢潜力与功能，同时研究宿主-微生物的共生互作及其对海洋环境、气候变化的适应机制。发表 SCI 论文 90 余篇，引用近 3000 次，授权专利 18 项。负责国家重大科学研究计划、863 项目、自然科学基金等国家级课题。参加中国第 34 次南极科考、北极科考。主编英文专著 *Symbiotic Microbiomes of Coral Reefs Sponges and Corals* (Springer Nature, 2019)。

肠道微生物培养及肠道微生物资源库

刘双江

山东大学/中国科学院微生物研究所

按照现有微生物物种定义和分类学操作，人类肠道大约有 5000 种微生物，其中大约一半的物种还没有纯培养，且这类微生物在宿主内的功能也不清楚。开展肠道微生物培养（组）研究、构建微生物资源库，可以服务于认知肠道微生物多样性、服务于揭示肠道微生物的功能及其与宿主互作机制，同时也是开发利用肠道微生物的必经之路。本报告将结合近年来开展的相关工作，讨论肠道微生物资源收集、构建不同类型和层级的生物资源库等内容。

【关键词】 肠道微生物资源库 培养组 功能 多样性



刘双江，山东大学特聘教授，中国科学院微生物研究所研究员。第九届中国科学院微生物研究所所长，中国生物物理学会肠道菌群专业委员会主任。国家杰出青年基金获得者，全国优秀科技工作者，中国科学院“百人计划”引进人才。主要研究领域为环境微生物和肠道微生物，包括环境和肠道微生物培养、生理和生态以及与环境与宿主的互作等方面。研究成果在国内外杂志共发表 SCI 收录文章 60 余篇。承担国家 863 项目、国家自然科学基金重点项目、面上项目等。

肠道菌群与免疫系统互作维持粘膜器官稳态的机制

孟广勋

中国科学院上海巴斯德研究所

消化道、呼吸道、生殖道和皮肤等粘膜器官作为机体与外界环境的互作界面，存在有大量种类繁多的共生微生物，包括细菌、真菌、病毒等。共生微生物与宿主在漫长的进化过程中形成了互相依存、互相影响的关系：共生微生物可以塑造宿主的免疫系统，使其处于一定的活化状态，以应对病原感染、肿瘤、过敏等挑战；反过来，宿主的免疫系统通过生理性炎症反应等机制控制共生微生物，将其限制在特定区域，防止病理损伤的发生发展。共生微生物与宿主免疫系统的互作平衡是维持粘膜器官稳态的先决条件，这种平衡的破坏是导致多种重大疾病的首要原因。粘膜器官稳态失衡不但会直接导致炎症性肠病、哮喘、生殖道和皮肤的感染、炎症等局部疾病，而且可通过微生物代谢产物、免疫因子、免疫细胞的游走到达神经系统等远端部位，造成其他器官、系统的多种疾病。因此，粘膜器官稳态的维持是控制多种重大疾病的关键环节，对肠道菌群与免疫系统互作的机制研究将为个体化综合诊疗奠定基础。

【关键词】 肠道菌群 免疫 粘膜 稳态



孟广勋，中科院上海巴斯德研究所研究员，博士生导师，微生物、发育与健康研究中心执行主任，天然免疫学研究组长。粘膜免疫学会终身会员，美国免疫学会会员，中国免疫学会会员，中国细胞生物学学会理事，上海市细胞生物学学会资深理事。中科院“百人计划”引进人才。2004年获德国慕尼黑工业大学博士学位，2010年在美国国立卫生研究院从事博士后研究工作。主要从事粘膜炎症和天然免疫研究。在国际期刊 *Immunity*、*Nat Commun*、*Cell Rep*、*Cell Res*、*J Immunol*、*J Biol Chem* 等发表论文多篇，获专利多项。承担国家自然科学基金委重点项目、国际合作重点项目、科技部重点研发计划、中科院国际合作重点项目等。

沙门氏菌组学分析与健康

史贤明

上海交通大学

沙门氏菌作为重要的食源性致病菌，是导致食物中毒的重要因素。抗逆因子决定了沙门氏菌在外界逆境中的存活能力。通过基因组学、转录组学和蛋白质组学分析，揭示了沙门氏菌应对逆境（抗生素、消毒剂及蛋清基质）的作用机制。研究发现，*bla*_{CTX-M}、*fosA3*、*dsrA*、*hiuH*、*proX*、*yoaE* 和 *ybgC* 等基因是沙门氏菌应对上述逆境的重要抗逆因子。其中，*bla*_{CTX-M} 和 *fosA3* 分别是导致沙门氏菌对头孢菌素类和磷霉素类耐药性形成的重要因子；小 RNA *DsrA* 在沙门氏菌过氧化氢抗性中起到重要作用；*hiuH* 和 *proX* 基因介导了沙门氏菌乙醇抗性的形成；*ybgC* 和 *yoaE* 基因介导了沙门氏菌对蛋清逆境抗性的产生。*ybgC* 基因通过影响细胞膜脂肪酸的组成、细胞膜的完整性来响应蛋清中的溶菌酶的胁迫；*yoaE* 基因受 *CpxR* 蛋白直接正向调控并以此对抗蛋清抗菌肽和碱性 pH 的影响

【关键词】 沙门氏菌 抗生素 消毒剂 蛋清基质 抗逆因子



史贤明，上海交通大学二级教授，博士生导师，国际食品科学院院士，科技部中美食品安全联合研究中心主任。全球食品安全法规标准科学家协调组织(GHI)中国委员、国际食品保护学会中国分会副理事长、教育部高等学校食品科学与工程类教学指导委员会副主任、中国食品科学技术学会食品安全分会副理事长。曾任国务院第五届学位委员会学科评议组成员。在食源性致病菌分子生态和分子检测方法以及控制理论等方面取得了丰硕成果。作为首席专家参与了上海世博会食品安全保障体系建设；获上海市优秀学科带头人、中国科协抗震救灾先进个人、上海交通大学十佳导师和中国食品科学技术学会突出贡献奖等奖项。

微生物组与生态修复

唐鸿志

上海交通大学

环境污染是二十一世纪人类面临的共同挑战。大量难降解有毒有机污染物进入土壤、水体，通过食物链被逐级富集、浓缩和放大，带来了巨大的环境危害，威胁人类健康和生存(致畸、致癌、致突变)，正在演变为制约我国经济和社会可持续发展的主要因素。微生物是自然界物质循环的引擎，在环境有机污染物治理中具有不可替代的作用。微生物组的研究一方面可为环境修复提供微生物和基因资源；另一方面，人工合成微生物组的迅速发展，对于理解并操纵天然群落，揭示群落稳定互作的分子机制具有重要意义。

【关键词】 微生物组 环境修复 生态健康



唐鸿志，上海交通大学教授，博士生导师。中国微生物学会-环境微生物专业委员会委员兼秘书长，中国生物工程学会-合成生物学专业委员会委员。国家优秀青年基金获得者，上海市“优秀学术带头人”，“曙光学者”，“青年科技启明星”。长期从事环境微生物研究，解析环境有害物如尼古丁、六溴环十二烷等降解的分子和生化机理，提出环境微生物研究的新策略；引入合成生物学理念，在单细胞水平提高菌株抗逆性，在多细胞水平实现人工降解体系的构建。以第一或通讯作者在国际期刊 Nat Commun、Mol Microbiol、mBio、Cell Discov、PLoS Genet、J Biol Chem、Appl Environ Microbiol 等发表论文 50 余篇。获教育部自然科学一等奖。

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

汪海峰

浙江大学

动物肠道是一个具有生物多样性的微环境，肠道微生物与宿主相互适应、共同进化形成精细的共生系统，肠道微生物对维持肠道屏障功能至关重要。仔猪断奶诱发采食量下降、消化不良、生长缓慢和腹泻等一系列症状称为“仔猪早期断奶应激综合征”，为导致仔猪死亡的重要原因。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。乳酸杆菌为研究最多的益生菌之一，在仔猪肠道中广泛分布。乳酸菌与肠道粘液素和肠上皮细胞互作，借助群体感应信号的介导形成生物膜，发挥定植和益生作用。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。

【关键词】 仔猪 肠道微生物 益生菌 肠道屏障



汪海峰，浙江大学研究员，博士生导师。入选科技部中青年科技创新领军人才、国家“万人计划”科技创新领军人才。主要从事动物消化道微生物、营养代谢与生物饲料研究。系统开展了仔猪断奶应激肠损伤机制、肠道微生物调控、功能性乳酸杆菌发掘等工作，开发了新型发酵生物饲料与乳仔猪配合饲料，优化形成动物采食、营养代谢与肠道健康调控技术和产品。

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

王爱杰

城市水资源与水环境国家重点实验室(深圳)/哈尔滨工业大学

当前,城市水系统中广泛存在新污染物,例如抗生素与抗生素抗性基因 ARGs,对污水再生利用和环境健康造成巨大的潜在威胁。如何有效识别和阻控新污染物的生态风险,如何最大程度发挥微生物的生态功能,是我们面临的新挑战。高通量环境微生物组研究为揭示和解决上述问题开启了一个新视角。本报告重点讨论以下内容:活性污泥如何响应抗生素压力发展出功能稳定的降解菌(群)?水环境抗性基因组的典型特征及关键塑造因子是什么?非抗菌剂类化学品是否可以加速 ARG 的传播?针对水系统生物安全目前还面临哪些机遇和挑战?报告还指出,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。

【关键词】 城市水生态安全 新污染物 抗生素抗性 微生物组



王爱杰,哈尔滨工业大学教授,博士生导师,城市水资源与水环境国家重点实验室(深圳)主任。国际水协会厌氧专委会主席,中国传感器与物联网产业联盟智慧环境与水务专委会理事长,国际水协会会士,中国发明协会会员会士。Environmental Research 主编,Environmental Science & Ecotechnology 执行主编。国家杰出青年基金获得者,长江学者特聘教授,国家万人计划领军人才。长期从事污水深度处理与资源化研究,聚焦市政与园区污水的控源减排,发展了生物调控理论与方法,创建了系列低碳耗、少能量、高效率的技术系统。同时,积极推进城市水系统生态风险识别与阻控、城市水系统智慧管控研究。以第一或通讯作者发表 SCI 论文 230 余篇,申请和授权专利 80 余项,第一完成人获国家技术发明二等奖和国家科技进步二等奖。

微生物组与蚊虫互作的机制及防控应用探索

王四宝

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）

昆虫是自然生态系统中极其多样且不可或缺的重要动物群体，对农业生产和人类健康产生重大影响。昆虫体内和体表栖息着多样的微生物，这些微生物与宿主已经进化形成了互生、共生和寄生等多种互作关系，参与调节昆虫的各种生命活动和生理功能，对于维持昆虫健康发挥重要的作用。蚊子是疟疾、登革等多种疾病的传播媒介，严重威胁着人类的健康和国家安全。肠道共生菌在蚊虫的代谢、生长发育、免疫调节等发挥重要调控作用，是影响疟原虫和病毒在蚊虫肠道内感染和传播的重要生物屏障。近年来，利用共生菌控制害虫和阻断虫媒病传播的策略受到广泛关注。很多基于共生菌的病害虫控制理论被提出，有些已成功应用。合成生物学的发展与昆虫共生菌的研究融合出一种全新的虫媒病虫害防控策略—**Paratransgenesis**（转基因共生菌），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。报告将简要介绍昆虫微生物组的多样性、生物学功能、介导调控宿主-病原体互作机制、基因改造工程共生菌的策略及其在防控蚊媒疾病上的研究进展。

【关键词】 昆虫微生物组 微生物组-昆虫互作机制 肠道共生虫媒病阻断控制



王四宝，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）研究员，博士生导师。美国 NSF EEID study section 成员。入选国家高层次人才特殊支持计划领军人才、国家百千万人才工程、科技部中青年科技创新领军人才、中国科学院“引进国外杰出人才计划”、上海领军人才。被授予国家有突出贡献中青年专家称号。2007 年获中科院上海生命科学研究院博士学位，2007-2009 年美国马里兰大学昆虫系博士后，2009-2013 年美国约翰霍普金



斯大学公共卫生学院分子微生物与免疫学系博士后，2013年2月回国后任中科院上海植物生理生态所课题组长、研究员。主要从事媒介昆虫-肠道微生物-病原体互作的分子机理及防控新策略研究，近年在蚊虫与微生物互作的表观遗传调控机制、肠道共生菌调控宿主与病原体互作机制等领域取得系列成果，研究成果发表在 *Science*、*Nat Microbiol*、*Sci Adv*、*Nat Commun*、*Proc Natl Acad Sci U S A* 等国际主流学术期刊，得到国际同行的高度认可，并受邀在 *Trends in Parasitology*、*Annual of Entomology*、*Trends in Biotechnology* 等期刊撰写综述。

基于分子探针工具的活体肠道微生物组研究

王伟

上海交通大学

随着 DNA 测序技术的发展，人们对肠道菌群的物种组成及其变化可以进行较为直接的研究。但目前仍然缺乏能够直观获取各类细菌在肠道内生物活动信息的研究方法，因此对一些关键的科学问题无法进行深入研究，例如外源细菌在肠道内的成活和定植情况，各类细菌、尤其是体外难培养细菌如何进行生长和分裂，细菌在肠道内的生长代谢活性如何受内外源因素的影响等。在本次报告中将介绍我们通过化学生物学的分子探针工具在活体中进行肠道菌群代谢标记开展的如下几项研究：(1) 植入菌群体内成活分析的新方法；(2) 不可培养肠道细菌的在体生长分裂模式研究；(3) 肠道细菌在体代谢活性的直接定量新方法开发；(4) 选择性细菌亚群标记探针的开发。这一系列新的化学探针工具与研究策略，不仅拓展了化学生物学的研究领域，也将为真正揭示菌群在肠道内的复杂微生物活动提供有力的帮助。

【关键词】肠道菌群 化学生物学 代谢标记探针 荧光成像分析



王伟，上海交通大学副研究员。中国生物化学与分子生物学会糖复合物专业委员会青年委员，中国生物物理学会肠道菌群分会委员。2014 年获美国密苏里大学生物化学博士学位，2017 年在北京大学化学与分子工程学院完成博士后研究工作。主要研究方向：通过开发和利用各类新型的化学工具，研究与人类健康相关的各类复杂细菌体系的微生物活动与生理病理功能。围绕肠道菌群在体活动的研究开发了一套相对独立于 DNA 测序之外的定性定量研究的方法学。在 *Nat Commun*、*Sci Adv*、*Angew Chemie*、*Accounts Chem Res* 等期刊发表 SCI 论文 10 余篇，申请发明专利 4 项。

构建植物持久抗病性—微生物组与植物免疫

王源超

南京农业大学

利用植物抗病性是农业绿色发展的重要方向，而持久性是田间抗病性利用的难题。土壤微生物组是植物免疫系统的延伸，土壤对植物病害具有天然的免疫重塑现象，解析免疫过程被诱导的机制，探索加快土壤免疫重塑过程的新技术，可望实现对土传病原菌更快更持久的免疫抗性。我们前期鉴定了能够诱导植物免疫的激发子及其植物受体，提出了以植物疫苗和抗性遗传改良等方式诱导植物体内广谱抗病性的方法。进一步发现，病原菌的激发子也能够诱导土壤免疫并形成免疫记忆，该发现有助于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。

【关键词】 植物及土壤免疫 微生物组 激发子



王源超，南京农业大学植物病理学系教授、博导，长江学者、国家杰青，校长助理。长期从事重要农作物病理学和植物免疫学的研究，以大豆生产上的主要病害——疫霉根腐病为研究对象，对疫霉菌与寄主大豆的互作机制进行了系统研究，阐明了核心效应子的作用机制和植物对效应子的识别机制，提出了病原菌致病的“诱饵模式”和植物“分层免疫”等植物免疫学新概念。主持国家自然科学基金、国家重点研发计划等科研项目 20 余项，以通讯作者在 *Science*、*Nat Commun*、*Plant Cell*、*Molecular Plant* 等学术期刊发表论文 150 余篇，获授权专利十余项、省部级以上科技奖励 6 项。成果入选近年“中国高校十大科技进展”和“中国农业重大科学研究进展”等。

从多组学角度剖析肠道菌

对非酒精性脂肪肝、糖尿病等代谢性疾病的影响

吴浩

复旦大学

作为新兴的“代谢器官”，肠道菌可以帮助调节人体的发育、免疫及代谢。已有证据表明肠道菌失衡与很多代谢性疾病比如肥胖、非酒精性脂肪肝、糖尿病等的发生发展都密切相关。但背后的因果关系和作用机制有待进一步挖掘。我们课题组主要通过多组学数据整合的角度，致力于挖掘与该类疾病发病及防治有关的菌群代谢物及其对宿主代谢的调控作用，寄希望于有一天可以通过饮食或益生元等干预方式使得我们人体与肠道菌之间可以达到阴阳平衡。

【关键词】 肠道菌 代谢性疾病 多组学



吴浩，复旦大学青年研究员。2012年获浙江大学沃森基因研究院生物信息学博士学位，2012-2015在中科院北京基因组研究所任助理研究员，2015-2020年在瑞典哥德堡大学 Sahlgrenska 医院工作，2021年加入复旦大学人类表型组研究院任青年研究员。目前研究方向主要集中在肠道菌群变化对人体不同代谢类疾病，比如肥胖、糖尿病及非酒精性脂肪肝的影响，主要通过多组学整合策略及系统生物学方法挖掘肠道微生物与人的具体相互作用方式。在 ISME J、Cell Metab、Nat Med 等期刊发表多篇文章。

深海热液区微生物群落与环境适应性机理研究

肖湘

上海交通大学

深海热液区被认为是生命起源的摇篮，也是微生物多样性最为丰富的环境。我们研究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”。首次在超嗜热古菌中报道了超高的无偏突变速率，比所有已知独立生存的原核生物高 1-2 个数量级，并发现基因组大小与突变率呈负相关，随着基因组减小，微生物从自然选择逐步转向随机漂变。成功从热液样品中分离了一株代表新门的嗜热嗜压细菌，发现与其它已知嗜热细菌门形成了一个嗜热超门。

【关键词】 热液 超嗜热古菌 随机漂变 嗜热细菌新门



肖湘，上海交通大学特聘教授。先后担任中国大洋第一个生物基因航段首席科学家与中国载人深潜航段指挥部科学家。国家杰出青年基金获得者，“新世纪百千万人才工程”国家级人选。1998 年获华中农业大学分子生物学博士学位，1999-2001 年在德国 Osnabrueck 大学任博士后研究员，2007 年作为中国代表团代表赴纽约参加联合国关于深海生物基因资源保护的非正式磋商。研究团队目前主要开展高压下深海生物地球化学循环、生命演化与生命极限研究。主持、承担国家自然科学基金委创新群体、科技部重点研发计划等项目。获首届德国学术交流协会“生物科学特别项目奖”。

微生物-肠-脑轴：神经疾病研究新切入点

谢鹏

重庆医科大学附属第一医院

肠道微生物深刻影响着人类健康。在神经精神领域，肠道微生物通过微生物-肠-脑轴调控宿主行为，介导疾病的发生。在前期研究中，我们通过对无菌小鼠进行抑郁症患者粪便的重定植，诱导其产生抑郁样行为。后续研究发现，微生物-肠-脑轴对抑郁症的调控作用与精神分裂症、重症肌无力、双相情感障碍等相关疾病具有高度特异性。基于机器学习方法，我们成功建立了微生物源的生物标志物，用于诊断抑郁症、正常人群和其他精神疾病，并发现拟杆菌是导致抑郁的潜在关键菌属。此外，经过十余年长期观察，我们基于非人灵长类，成功建立了与人类抑郁症高度类似的抑郁模型和量化评价体系，并基于该模型揭示肠道微生物可能通过调控宿主的甘油磷脂和鞘脂代谢，进而影响宿主的脑功能，介导抑郁症的发生。

【关键词】 微生物肠脑轴 抑郁症 非人灵长类 微生物诊断



谢鹏，重庆医科大学附属第一医院教授，博士生导师，国家卫健委功能性脑疾病诊治重点实验室主任，国家重点学科（神经病学）带头人。国家 973 项目首席科学家，中国医师协会神经内科医师分会名誉会长。第二届全国创新争先奖获得者，中国神经科学高被引学者。长期从事神经病学的教学、医疗和科研工作，致力于临床神经病学、脑血管疾病、中枢神经系统病毒感染性疾病和神经生化与分子生物学研究。主持 973、863、国家重点研发专项等项目。以通讯作者在 *N Engl J Med*、*Lancet* 等期刊发表 SCI 论文 300 余篇，他引 7000 余次，单篇最高他引 600 次。获国家科技进步二等奖、中华医学科技一等奖、重庆市科技进步一等奖，全国第五届吴阶平医学研究奖等奖项。授权发明专利 7 项，科技成果转化 2000 万元。研究成果改写美国 FDA 用药指导规范，并写入中国医学科学院 2016 年度《中国医学科技发展报告》、中国科学院 2019《科学发展报告》。

RACS-Seq 和 (MP-G)n:

菌群“单细胞代谢表型组-基因组”仪器与大数据

徐健

中国科学院青岛生物能源于过程研究所

菌群中细胞个体的精确身份(Who)及其原位代谢功能(What),是菌群功能调控的原理与基础,但“Who is doing What, Why”(3W)通常难以快速、原位、深入地探测。我们针对此共性瓶颈:(1)提出了拉曼组(Ramanome)和元拉曼组(Meta-ramanome)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;(2)开发了一系列单细胞拉曼分选(RACS)核心器件,包括 pDEP-RADS、RAGE 等,研制成功国内外首台“单细胞拉曼分选-测序耦合系统”(RACS-Seq)和“高通量流式拉曼分选仪”(FlowRACS),实现了菌群单细胞代谢快检、分选与测序的全流程仪器化;(3)基于上述原创仪器,提出了“单细胞代谢表型组-基因组”((MP-G)n)概念,并针对人体、海洋、土壤等典型菌群,围绕临床感染用药、地球碳循环机制等应用,示范了 3W 问题的刻画与回答。(MP-G)n 将作为一种全新的科学数据类型和大数据引擎,服务生命暗物质的快速探测和利用。

【关键词】 元拉曼组 单细胞代谢表型组 单细胞基因组
RACS-Seq (MP-G)n



徐健, 中国科学院青岛生物能源于过程研究所研究员, 所务委员, 生物能源室、单细胞中心、山东省能源生物遗传资源重点实验室主任。mSystems 高级编辑。首届中组部万人计划获得者, 国家杰出青年基金获得者。2003 年获华盛顿大学计算机专业硕士学位和生物化学博士学位, 2004 年在华盛顿大学基因组科学中心



完成博士后研究，2004-2006 年担任华盛顿大学基因组测序中心“序列组装和分析”研究小组创建人和负责人。致力于计算生物学和微生物结构和功能基因组学的研究工作，研制和产业化单细胞分析仪器系列（CAST-R、FlowRACS、RACS-Seq、EasySort 等），提出拉曼组、元拉曼组等新概念，开发(MP-G)n、MSE (www.MSE.ac.cn) 等原创的菌群大数据系统。同时，以微拟球藻为模式，建立了富有特色的光合固碳合成生物技术体系，推动了工业微藻分子育种。在 *Science*、*Cell Host Microbe*、*Nat Commun*、*Sci Adv* 等国际期刊发表论文 130 余篇，被引近 12000 次，H 指数 49。获中国青年科技奖、中源协和生命医学创新突破奖等奖项。

增温情景下北极土壤微生物的碳排放机制

杨云锋

清华大学

大气中温室气体浓度的快速增长引发了全球气候普遍变暖。北极土壤碳库约为全球土壤碳库的 50%，其增温幅度是全球平均增温速度的两倍，是气候变化研究的重中之重。而永久冻土的融化使古老病毒释放到环境中，产生环境健康风险。研究发现，由真菌和细菌共同影响的北极土壤呼吸特征迥异于全球其他地区。稳定性同位素标记实验证明 *Proteobacteria* 为主要的木质素降解菌，其在增温条件下上升了 1-2 个数量级，增温使激发效应提高了一倍，通过纳入功能微生物参数的模型模拟证实了土壤呼吸速率上升和土壤碳库快速损失。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。由于碳氮耦合，增温引发土壤氮限制，激发了深层土壤固氮菌丰度和多样性。绝大多数微生物功能基因对环境扰动高度敏感，可用于环境安全与健康监测。土壤碳通量与微生物功能种群强烈相关，因此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。

【关键词】 温室气体排放 功能微生物 北极土壤 模型模拟



杨云锋，清华大学教授，环境模拟与污染控制国家重点联合实验室研究员。中国生态学学会微生物生态专业委员会副主任，*Microbiome*、*BMC Microbiology*、*Soil Ecology Letters*、*mLife* 副主编。国家杰出青年基金获得者。研究领域为土壤微生物学，以第一或通讯作者在 *Proc Natl Acad Sci U S A*、*Nat Clim Chang*、*Nat Commun*、*Trends Microbiol*、*ISME J*、*Microbiome* 等国际学术期刊发表论文 160 余篇，被引 7000 次，H 指数 45，入选 2020 年全球前 2% 顶尖科学家榜单。获两项国外技术专利授权。

营养、肠道微生物组与糖脂代谢

张晨虹

上海交通大学

肥胖及相关代谢性疾病如 2 型糖尿病在全球范围内的爆发，已成为世界性的公共健康威胁，因此研究代谢性疾病的发病机制、寻找新的防治靶点和发展有效的防治手段，是关系到国计民生的重大课题。我们在肠道菌群与肥胖等代谢性疾病关系的领域进行了多年的研究，遵循科赫法则的微生物病原学逻辑框架和生态学原理，采用多变量统计学整合分析元基因组学、代谢组学数据，为建立系统识别影响肥胖、2 型糖尿病乃至衰老的关键肠道细菌的研究策略做出重要贡献。取得多项原创新成果：(1) 认识肠道菌群以低水平、全身性的慢性炎症为重要病理条件的代谢性疾病和衰老中的作用机制；(2) 找到代谢病发生发展中具有重要贡献的关键细菌。在临床上对通过营养调控肠道菌群改善肥胖和 2 型糖尿病等进行了有益的探索并取得显著进展。

【关键词】 膳食营养 肠道菌群 糖尿病



张晨虹，上海交通大学研究员。上海市微生物学会基础微生物专业委员会委员，上海市预防医学会微生态专业委员会委员，中国生物物理学会肠道菌群分会理事。国家优青青年基金获得者，入选第四批国家“万人计划”青年拔尖人才、仲英青年学者、上海市教委曙光人才计划、上海市科委青年科技英才扬帆计划等。2011 年获上海交通大学微生物学博士学位，2011-2013 年在法国国家农业科学研究院从事博士后研究工作，2013 年加入上海交通大学。主要进行人体及动物肠道菌群的研究，以元基因组学、转录组学、代谢组学等手段，分析肠道菌群的结构与功能，节食及功能性食品对肠道菌群的影响，肠道菌群与宿主之间的互作，研究肠道菌群在肥胖等复杂代谢性疾病以及衰老中的作用。以第一或通讯作者在国际学术期刊 *Science*、*Nat Commun*、*Microbiome*、*ISME J* 等发表论文多篇。

微生物组重建研究：从临床倒推

张发明

南京医科大学

本报告重点涉及微生物组多层次重建及其所需的核心介入途径，从临床端口倒推微生物组重建的研究，将聚焦洗涤菌群移植、选择性菌群移植、益生菌/益生元三个层次，及其所需的核心介入途径——经内镜肠道植管术等。强调该全新的核心介入途径，主要是用于从极端的角度验证肠道微生物组重建的价值，包括临床实践和早期探索性研究的需求。

【关键词】 菌群移植 微生物组



张发明，南京医科大学主任医师，教授，博士生导师。洗涤菌群移植南京共识专家组牵头人，粪菌移植国际指南专家组成员，中国抗癌协会肿瘤与微生态专业委员会副主任委员，中国肠道大会共同创始发起人。江苏省十三五科教强卫工程领军人才。致力于菌群移植体系和整合微生态技术研究，发明世界首台用于洗涤菌群移植的智能粪菌分离系统以及经内镜肠道植管术（TET），实现全结肠途径重复菌群移植、给药和肠道引流技术，成果已在境外地区和国家应用。建立中国菌群移植平台并实时公开菌群移植安全性评价结果。创建南京医科大学第二附属医院肠病中心、南京医科大学附属逸夫医院微生态治疗中心。主持国家级、省部级等项目15项。

研究肠道菌群与健康关系的四个方法学支柱

赵立平

上海交通大学

越来越多的证据表明，菌群失调造成内毒素入血引起的慢性炎症是推动肥胖、糖尿病等代谢疾病表型发展的重要致病因素之一。不合理的膳食结构会破坏菌群结构，将其从一个维护健康的“伙伴”，转变成引起慢性疾病的“病原物”。例如，我们从一个重度肥胖患者肠道里分离到一个占绝对优势且能产内毒素的条件致病菌（阴沟肠杆菌 B29），单独接种到无菌小鼠中，可以引起严重的肥胖表型，包括炎症、胰岛素抵抗和脂肪过度积累等，表明肠道菌群的某些具体成员具有引发代谢疾病的能力。因此，在研究人体代谢表型组时，需要关注肠道菌群的贡献。通过对尿液的代谢组学分析可以表征人体的代谢表型特征；通过对粪便样品的元基因组学分析可以表征肠道菌群的功能基因组学特征，通过对这两个组学数据的全局性关联分析，可以找到对代谢表型有贡献的肠道细菌的基因组。通过膳食干预可以纠正或者修复失调的肠道菌群，有助于恢复健康。深入研究肠道菌群对人体代谢表型组的贡献对于揭示人体代谢疾病的发生机理、开发新的用于慢性病防治的新的营养干预方法具有重要意义。

【关键词】 微生物组 营养治疗 肥胖 糖尿病



赵立平，上海交通大学特聘教授，美国新泽西州立罗格斯大学生物化学与微生物学系埃弗里芬腾冠名（终身）讲席教授。美国微生物科学院 Fellow、加拿大高等研究院 Fellow，美国胃肠病学会《微生物组研究与教育中心》科学顾问。长期从事肠道微生物组与代谢健康研究，发现首例可以引起肥胖的人体肠道病菌，发展了以肠道菌群为靶点的肥胖症、糖尿病营养干预方案。在 *Science*、*Proc Natl Acad Sci U S A*、*ISME J*、*Nat Commun*、*Nat Rev Microbiol* 等国际学术期刊发表论文 70 余篇，美国《科学》周刊进行专题报道。应邀在国际微生物生态学大会、国际人类微生物组大会、国际糖尿病技术大会、美国微生物学会年会等国际会议做大会报告或特邀报告。

人体微生物组：从因果机制到临床研究

周宏伟

南方医科大学

人体微生物组与疾病存在广泛关联，有望成为众多疾病诊治防新靶标。其走向临床应用关键有两点：一是运用动物模型阐明因果机制，二是通过多中心临床研究明确菌群标志物的证据级别。我将首先综述国际国内关于人体微生物组临床研究的进展，再介绍本课题组开展的相关基础与临床研究。本课题组基于前期发现的区域间疾病特征菌谱的异同，提出“菌群模型的地域依赖性”假说。我们建立了中国临床微生态研究协作组(CALM)平台，针对课题组前期发现的子痫前期、卒中、炎性肠病等菌群与疾病因果线索，开展母婴、卒中、育龄期女性生殖道、早产儿、肠道疾病、以及多种重疾等多项人体微生物组多中心临床研究，以期阐明我国跨区域多种疾病的关键特征菌，以推动以肠道菌群为代表的人体微生物组新型标志物的临床转化。

【关键词】 肠道菌群 临床研究 心脑血管疾病 母婴健康



周宏伟，南方医科大学教授，博士生导师，南方医科大学珠江医院检验医学部主任。国际期刊 *Medicine in Microecology* (Elsevier) 主编，*mSystems* 编委。国家杰出青年科学基金获得者，国家优秀青年科学基金获得者，获国务院政府特殊津贴。主要从事人体微生物组学及临床检验新方法研究，创新提出人体菌群标志物挖掘区域化策略，在心脑血管、妊娠并发症、炎性肠病等多种疾病发现基于菌群的病原学新机制及诊治新靶标，带领团队开发新冠、登革等具有诊断价值的高敏抗体。以通讯作者在 *Nat Med*、*Gut* 等著名期刊发表封面研究论文。创立中国临床微生态研究协作组(CALM)，牵头开展多项大规模人群微生物组多中心研究。

微生物组与消化道营养

朱伟云

南京农业大学

胃肠道是机体消耗能量主要场所，胃肠道上皮细胞营养和微生物营养是保障胃肠道功能及结构正常的基础，消化道营养代谢是机体营养代谢的前提。为此我们提出“消化道营养”这一理念。“消化道营养”的核心是营养素-微生物-宿主互作。胃和小肠中的微生物数量相对较少，但是我们发现小肠微生物在营养素特别是蛋白质和氨基酸代谢方面起重要作用，小肠微生物与肠上皮细胞在氨基酸代谢中存在分工协作作用。瘦肉猪研究表明，增加日粮肽含量，促进胃肠运动，提高小肠微生物碳水化合物代谢，进而促进小肠健康。通过瘦肉猪靶向干预大肠微生物代谢研究表明，增加后肠碳水化合物含量，促进微生物碳水化合物代谢；通过胆汁酸代谢，促进后肠健康以及机体整体代谢；通过减少微生物对芳香族氨基酸代谢，提高芳香族氨基酸在大肠-血液-下丘脑循环浓度，促进下丘脑神经递质表达。这些研究表明肠道微生物组在消化道营养过程中起重要作用。

【关键词】 消化道营养 小肠微生物 胃肠运动 芳香族氨基酸



朱伟云，南京农业大学教授，博士生导师，江苏省消化道营养与动物健康重点实验室及国家消化道营养国家级国际联合研究中心主任。“动物营养国家重点实验室”学术委员会委员，中国畜牧兽医学学会动物营养学分会副理事长。国家杰出青年基金获得者，国家 973 项目首席科学家。1992 年获英国阿伯丁大学博士学位，1997 年作为高层次引进人才入职南京农业大学。从事动物消化道微生物研究工作。2005 年创办我国“动物消化道微生物国际学术研讨会”，2015 年组织第一届“肠道微生物与人体健康研讨会”。Elsevier 中国高被引学者，获教育部自然科学二等奖 2 项。



论坛嘉宾及代表名单

(按姓名字母排序)

序号	姓名	单位	职称	邮箱/电话
1	邓子新	上海交通大学	院士	zxdeng@sjtu.edu.cn
2	吴清平	广东省科学院微生物研究所	院士	wuqp203@163.com wuqp@gdim.cn
3	焦念志	厦门大学	院士	jiao@xmu.edu.cn
4	岳建民	中国科学院上海药物研究所	院士	jmyue@simm.ac.cn
5	白林泉	上海交通大学	长聘教授	bailq@sjtu.edu.cn
6	白洋	中国科学院遗传与发育生物学研究所	研究员	ybai@genetics.ac.cn
7	陈东生	武汉菲沙基因信息有限公司	总经理	dongshengchen@icloud.com
8	陈鹏	南方医科大学	教授	perchen@smu.edu.cn
9	戴磊	中国科学院深圳先进技术研究院	研究员	lei.dai@siat.ac.cn
10	丁涛	中山大学	教授	dingt8@mail.sysu.edu.cn
11	董海良	中国地质大学	教授	dongh@cugb.edu.cn
12	董雯	中科院学部局学术与文化处	副研究员	dongwen@cashq.ac.cn
13	方曙光	微康益生菌(苏州股份有限公司)	董事长	frank.fang@wecare-bio.com
14	冯雁	上海交通大学	特聘教授	yfeng2009@sjtu.edu.cn
15	盖忠辉	微康益生菌(苏州股份有限公司)	首席科学家	zhgai@aliyun.com
16	胡泽汗	上海交通大学	长聘教轨副教授	zehan.hu@sjtu.edu.cn
17	姜卫红	中国科学院分子植物科学卓越创新中心	研究员	wjiang@cemps.ac.cn
18	金安江	华中农业大学生物医学与健康学院	研究员	jaj@mail.hzau.edu.cn
19	李后开	上海中医药大学	教授	houkai1976@126.com
20	李英俊	华中农业大学	研究员	yingjun@mail.hzau.edu.cn
21	李响	《中国科学: 生命科学》杂志社	编辑	lixiang@scichina.org



22	李越中	山东大学	教授	lilab@sdu.edu.cn
23	李志勇	上海交通大学	长聘教授	yli@sjtu.edu.cn
24	梁运祥	华中农业大学	教授	fa-lyx@163.com
25	林双君	上海交通大学	特聘教授	linsj@sjtu.edu.cn
26	刘陈立	中国科学院深圳先进技术研究院	研究员	cl.liu@siat.ac.cn
27	刘双江	中国科学院微生物研究所/ 山东大学	研究员/教授	liusj@im.ac.cn
28	刘万里	清华大学	长聘教授	LiuLab@tsinghua.edu.cn
29	刘星吟	南京医科大学	教授	xingyinliu@njmu.edu.cn
30	刘勇	中科院学部局学术与文化处	副处长	yliu@cashq.ac.cn
31	吕晖	上海交通大学	特聘教授	huilu@sjtu.edu.cn, hui_genomehealth@qq.com
32	马百平	军事医学科学院	研究员	mabaiping@sina.com
33	孟广勋	中国科学院上海巴斯德研究所	研究员	gxmeng@sibs.ac.cn
34	倪俊	上海交通大学	长聘教轨副教授	tearroad@sjtu.edu.cn
35	宁康	华中科技大学	教授	ningkang@hust.edu.cn
36	全哲学	复旦大学	教授	quanzx@fudan.edu.cn
37	施春雷	上海交通大学	研究员	clshi@sjtu.edu.cn
38	史贤明	上海交通大学	教授	xmshi@sjtu.edu.cn
39	苏建强	中国科学院城市环境研究所	研究员	jqsu@iue.ac.cn
40	孙冬雷	上海交通大学	长聘教轨副教授	dongleisun@sjtu.edu.cn, sdlhust@gmail.com
41	唐鸿志	上海交通大学	教授	tanghongzhi@sjtu.edu.cn
42	陶飞	上海交通大学	研究员	taofei@sjtu.edu.cn
43	童垚俊	上海交通大学	长聘教轨副教授	yaojun.tong@sjtu.edu.cn
44	田焯	中国科学院遗传与发育生物学研究所	研究员	ytian@genetics.ac.cn
45	汪海峰	浙江大学	研究员	haifengwang@zju.edu.cn



46	王爱杰	哈尔滨工业大学	研究员	ajwang@rcees.ac.cn
47	王风平	上海交通大学	特聘教授	fengpingw@sjtu.edu.cn
48	王军	中国科学院微生物研究所	研究员	junwang@im.ac.cn
49	王四宝	中国科学院上海植物生理生态研究所	研究员	sbwang@cemps.ac.cn
50	王伟	上海交通大学医学部	副研究员	wwang@shsmu.edu.cn
51	王寅熠	上海交通大学	长聘教轨副教授	wyz@sjtu.edu.cn
52	王源超	南京农业大学	教授	wangyc@njau.edu.cn
53	韦中	南京农业大学	教授	weizhong@njau.edu.cn
54	吴浩	复旦大学	青年研究员	hao_w@fudan.edu.cn
55	肖湘	上海交通大学	特聘教授	zjxiao2018@sjtu.edu.cn
56	谢鹏	重庆医科大学	教授	xiepeng@cqmu.edu.cn
57	徐健	中国科学院青岛生物能源与过程研究所	研究员	xujian@qibebt.ac.cn
58	许平	上海交通大学	特聘教授	pingxu@sjtu.edu.cn
59	杨琛	中国科学院分子植物科学卓越创新中心	研究员	cyang@cemps.ac.cn
60	杨晟	中国科学院分子植物科学卓越创新中心	研究员	syang@sibs.ac.cn
61	杨雅麟	中国农业科学院饲料研究所	研究员	yangyalin@caas.cn
62	杨云锋	清华大学	教授	yangyf@tsinghua.edu.cn
63	袁聪俐	上海交通大学	研究员	ycl@sjtu.edu.cn
64	张晨虹	上海交通大学	研究员	zhangchenhong@sjtu.edu.cn
65	张发明	南京医科大学第二附属医院	教授	fzhang@njmu.edu.cn
66	张晓君	上海交通大学	研究员	xjzhang68@sjtu.edu.cn
67	张雪洪	上海交通大学	长聘教授	xuehzhang@sjtu.edu.cn
68	张友明	山东大学	教授	zhangyouming@sdu.edu.cn
69	张宇	上海交通大学	研究员	zhang.yusjtu@sjtu.edu.cn
70	赵方庆	中国科学院北京生命科学研究院	研究员	zhfq@biols.ac.cn



71	赵立平	上海交通大学	特聘教授	lpzhao@sjtu.edu.cn
72	周宏伟	南方医科大学	教授	hzhou@smu.edu.cn
73	周志刚	中国农业科学院饲料研究所	研究员	zhouzhigang03@caas.cn
74	朱宝利	中国科学院微生物研究所	研究员	zhubaoli@im.ac.cn
75	朱怀球	北京大学	教授	hqzhu@pku.edu.cn
76	朱建国	微康益生菌（苏州股份有限公司）	副总经理	cai.zhu@wecare-bio.com
77	朱瑞新	同济大学	教授	rxzhu@tongji.edu.cn
78	朱书	中国科学技术大学	教授	zhushu@ustc.edu.cn
79	朱伟云	南京农业大学	教授	zhuweiyun@njau.edu.cn



论坛须知

“科学与技术前沿论坛”是中国科学院学部开展的高层次学术活动，着眼于科学技术前沿探索、系统评述和前瞻预测。为共同推进我国科技事业的发展，让学术思想广泛传播，中科院学部将对论坛的报告进行录制并在剪辑加工之后发布到互联网进行传播。现特此声明，如您对此有异议，可与会务组工作人员联系，协商解决。

热忱欢迎各位代表参加本次论坛，为保证您在论坛期间的工作和生活顺利，请您注意以下事项：

一、报到安排

报到时间：2021年6月18日

报到地点：上海建滔诺富特酒店一楼

二、会议地点

会议地点：上海建滔诺富特酒店一楼虹桥 B 厅

三、餐饮安排

会议午餐由大会提供，集体安排，请妥善保管有关证件。

请凭餐票在指定就餐地点用餐。

四、住宿安排与接送

会议建议住宿酒店为上海建滔诺富特酒店。

所有参会人员住宿自理。



五、会务组联系人

1. 于 晴 上海交通大学，电话: 13311695626
2. 卞松萍 上海交通大学，电话: 13585818657
3. 郭晨晨 上海交通大学，电话: 15102195150

六、注意事项

1. 请将航班或列车信息提前告知会务组联系人，以便安排接送。
2. 请妥善保管论坛相关证件，遵守会议时间，配合会务组安排。

七、会场地理位置

上海市长宁区协和路 1102 号

距 2 号线淞虹路地铁站-5 号口 800 米



