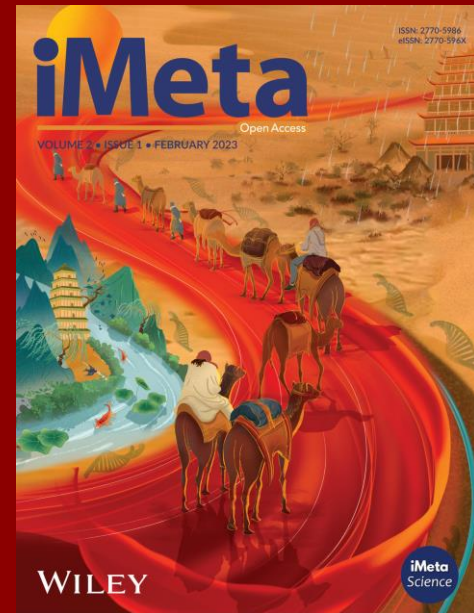




实验小鼠“无菌”器官微生物组的表征与肠道细菌向内部器官易位的证据

徐铭¹, 管淑芸¹, 仲超然¹, 马铭杨¹, 陶丽¹, 黄广华^{1,2}

¹复旦大学生命科学学院, 上海市重大传染病和生物安全研究院,
复杂表型遗传发育全国重点实验室,
复旦大学附属华山医院检验科/感染科
²西南大学药学院

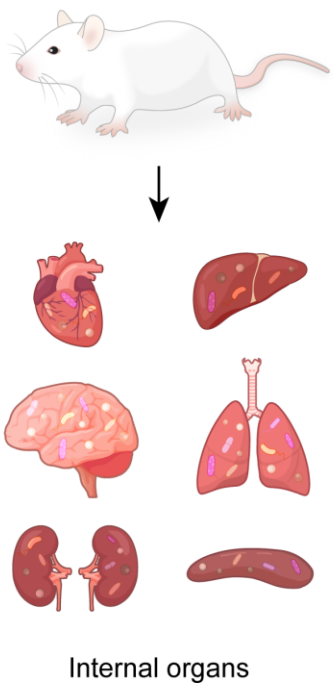


Ming Xu, Shuyun Guan, Chaoran Zhong, Mingyang Ma, Li Tao, and Guanghua Huang. 2025. Characterizing the Microbiome of “Sterile” Organs in Experimental Mice and Evidence of Translocation of Bacteria from the Gut to Other Internal Organs. *iMeta* 4: e70081. <https://doi.org/10.1002/imt2.70081>.

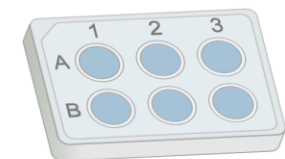


亮点

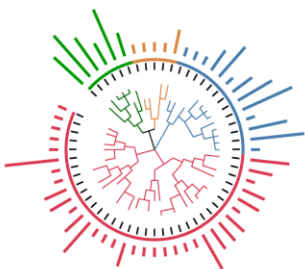
1. C57, BALB/c, and ICR mice



2. Species identification



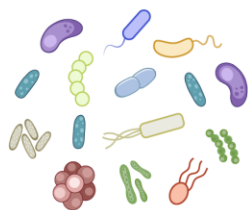
Culturomics



Metagenomics

3. Identified microbes

463 microbial species



Ligilactobacillus murinus

Alcaligenes faecalis

Micrococcus luteus

Pseudochrobactrum asaccharolyticum

Escherichia coli

Microbacterium sp.

... ..

❑ 超过20%的商业实验鼠内脏器官中被检出高微生物载量，这一发现直接挑战了对内脏器官“无菌”的传统认知。

❑ 经培养组学与宏基因组学联合分析，*Ligilactobacillus murinus*被确定为无菌组织中的优势定植菌。

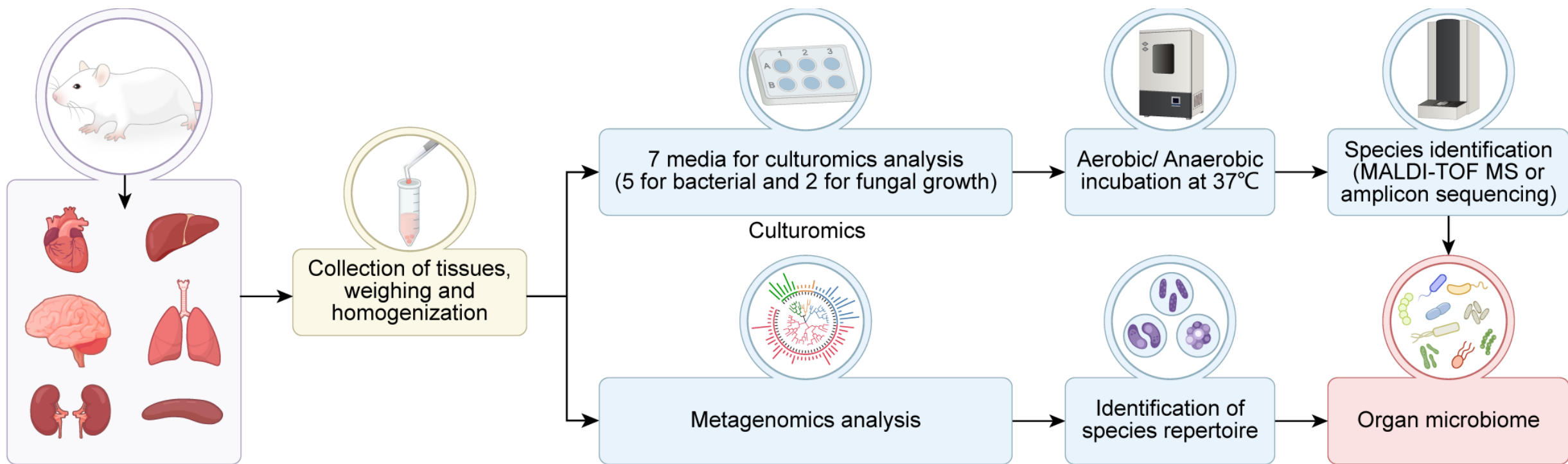
❑ “无菌”组织中的微生物与肠道菌群密切相关。

❑ 这些“无菌”组织中的微生物可能成为动物模型中的不可控变量，进而影响实验结果的可靠性与严谨性。



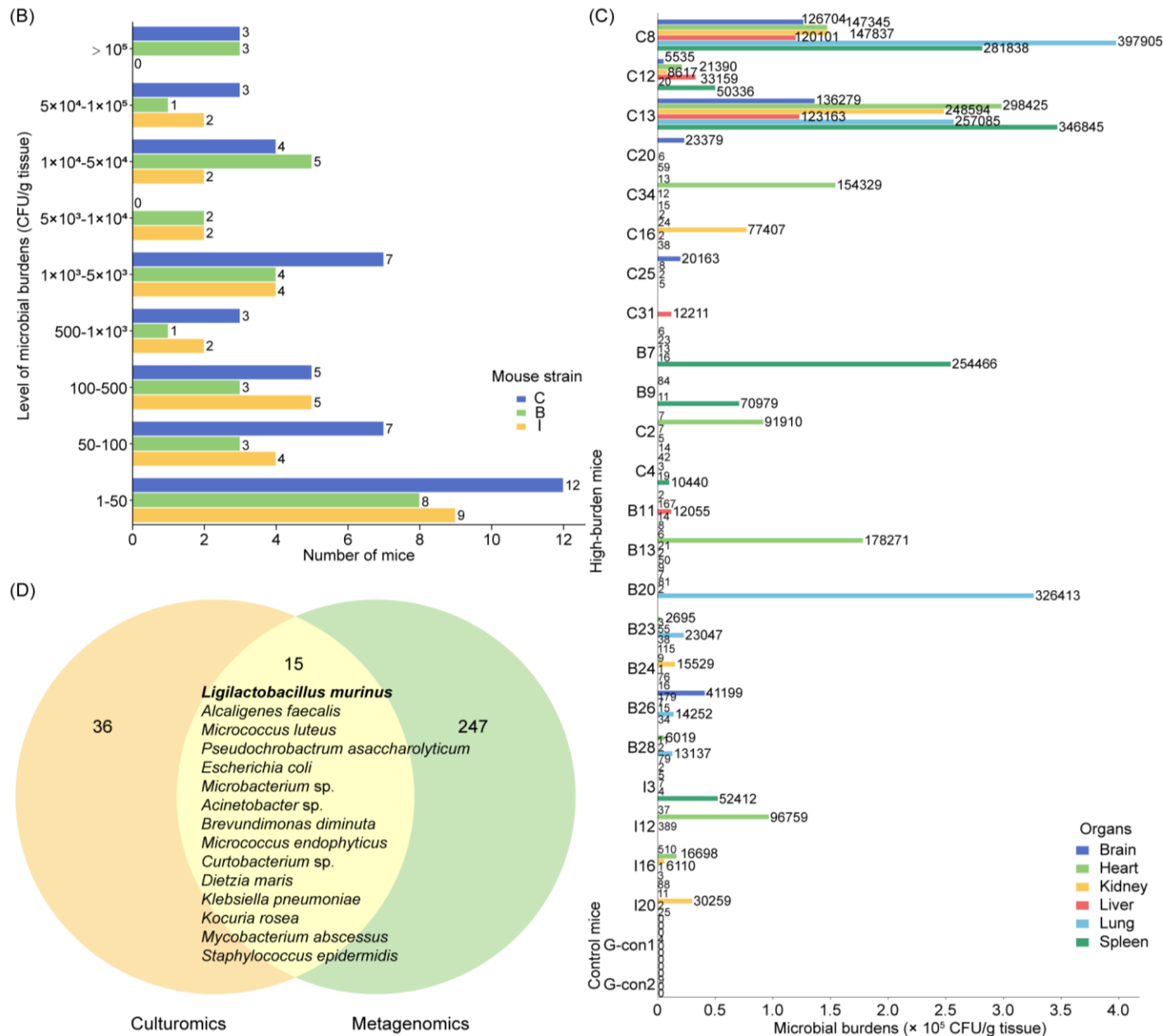
研究方案

◆实验小鼠器官微生物组的分析流程与研究方案





结果



◆ 健康的实验小鼠内脏器官中存在活的微生物

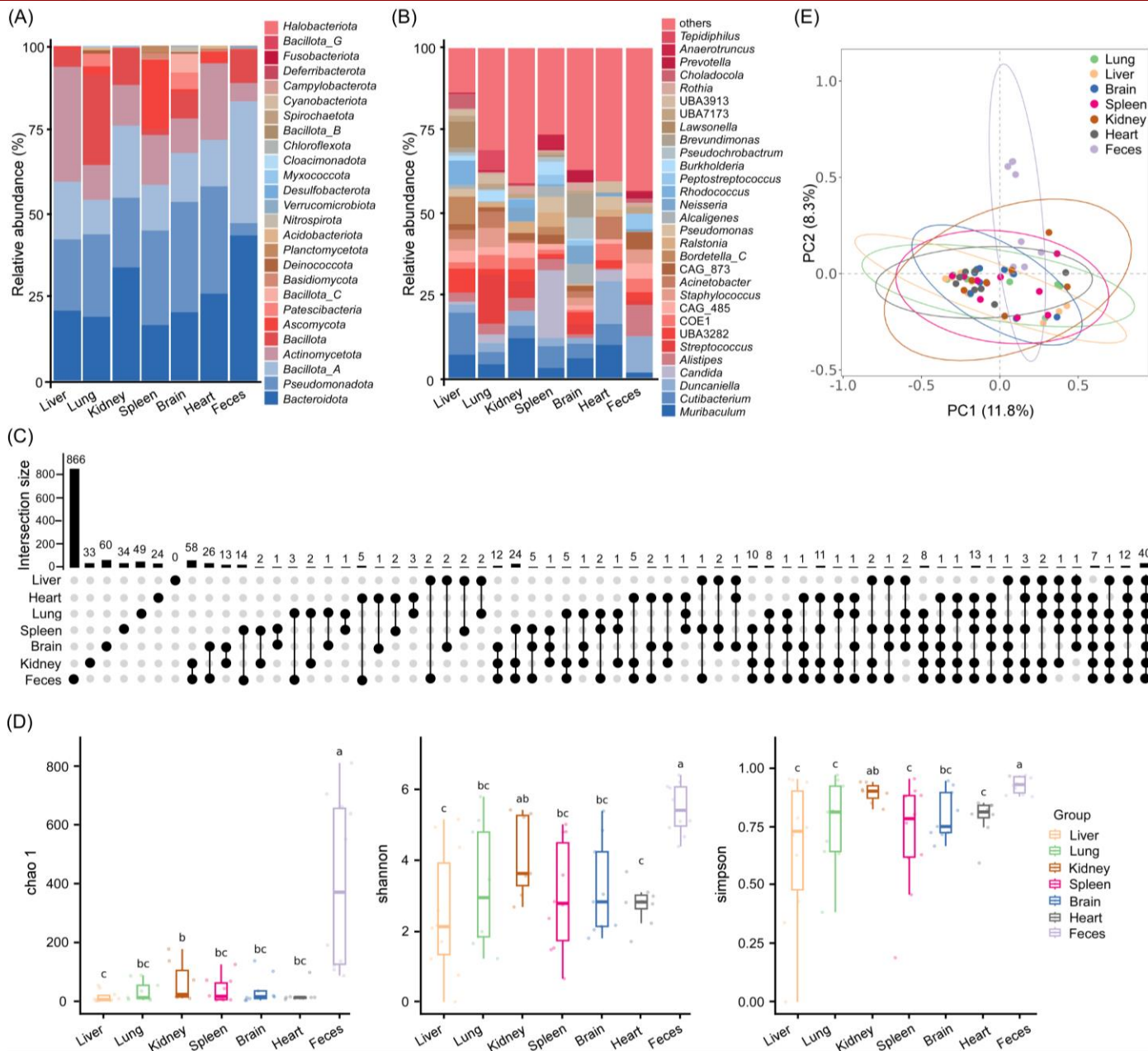
□ 23只小鼠 (22.1%) 的至少一个器官中微生物载量超过 1×10^4 CFU/g, 42只 (40.4%) 的至少一个器官中超过 1×10^3 CFU/g.

□ 15个物种在培养组学和宏基因组学分析中均被检测到。

□ 其中*L. murinus* 呈现较高的相对丰度。



结果



器官微生物组与粪便微生物组之间的潜在联系

与粪便微生物组相比，各器官之间的微生物组成更为相近。

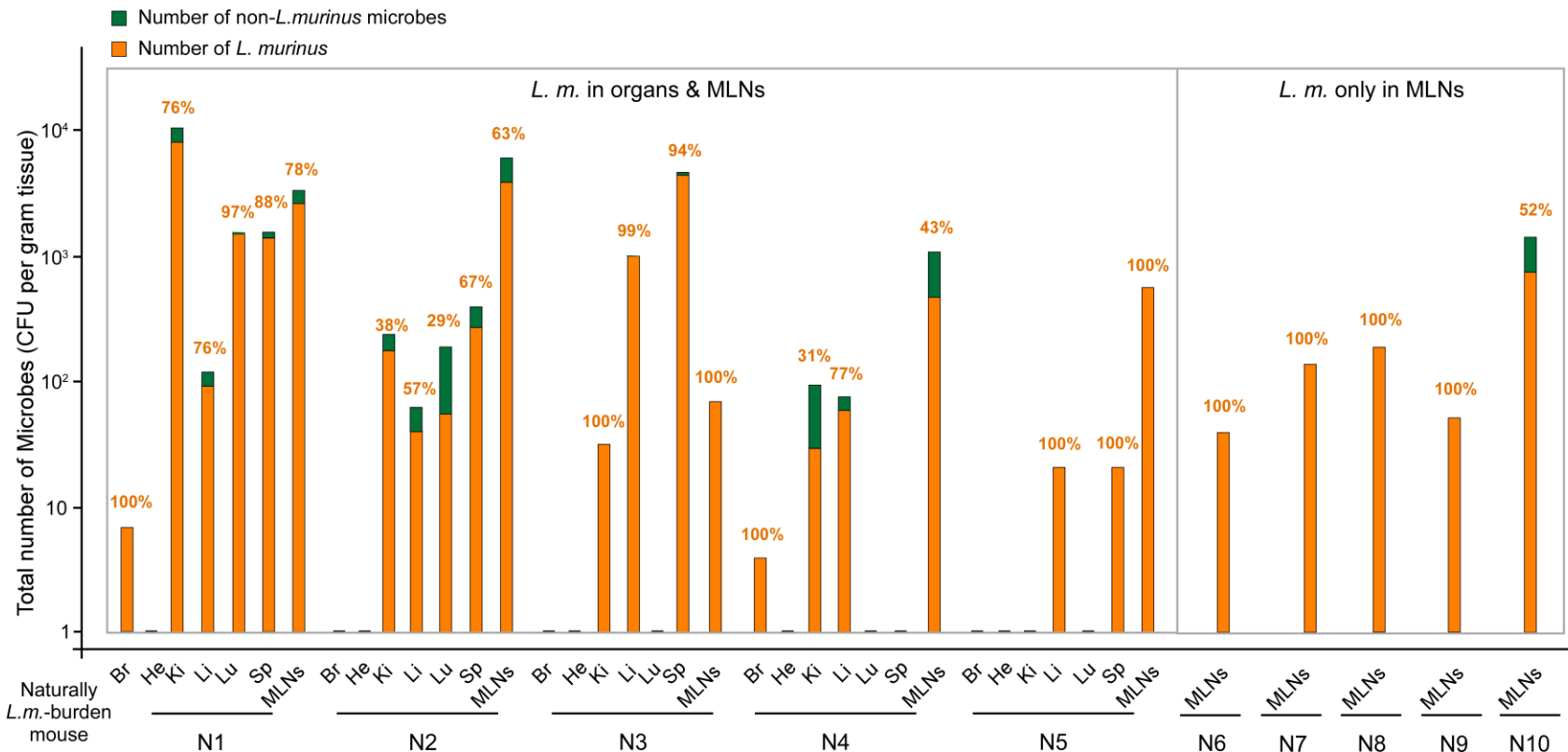
大多数器官内微生物物种也在粪便微生物组中被检测到，推测它们与肠道菌群存在关联。

L. murinus 在器官和粪便样本中均显示较高丰度。



结果

◆ *L. murinus* 在健康实验小鼠体内器官和肠系膜淋巴结 (MLNs) 中的分布情况



10只小鼠的MLNs中均检测到*L. murinus*。

2只小鼠的脑和肺组织、4只小鼠的肾脏和脾脏，以及5只小鼠的肝脏中也检测到该菌。

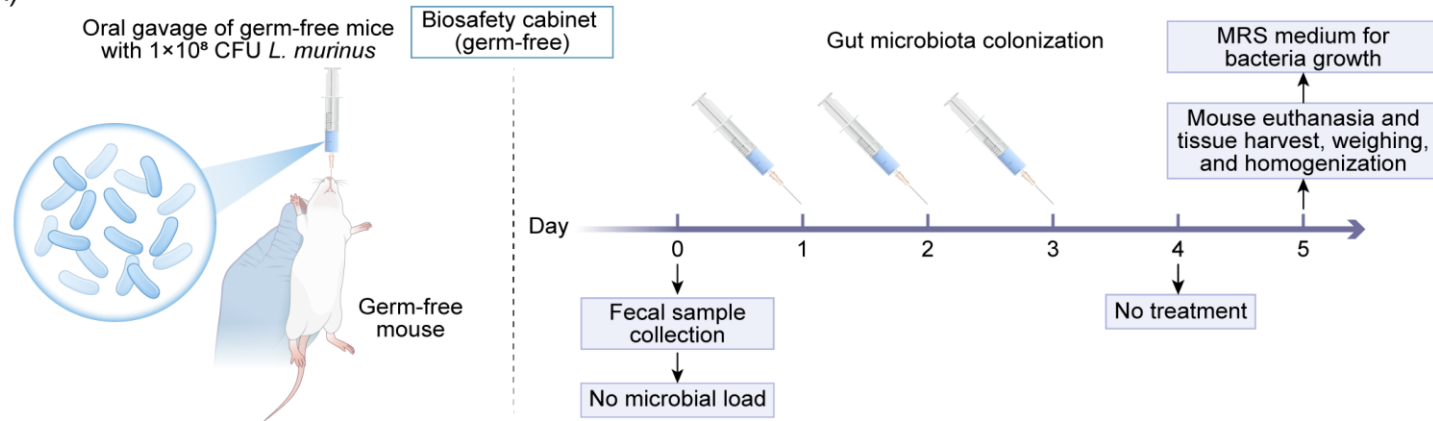
10只小鼠中有8只小鼠的MLNs中*L. murinus* 丰度高于其他器官。

表明小鼠器官中的*L. murinus* 细胞可以从肠道菌群转移到MLNs，然后再易位到其它器官。

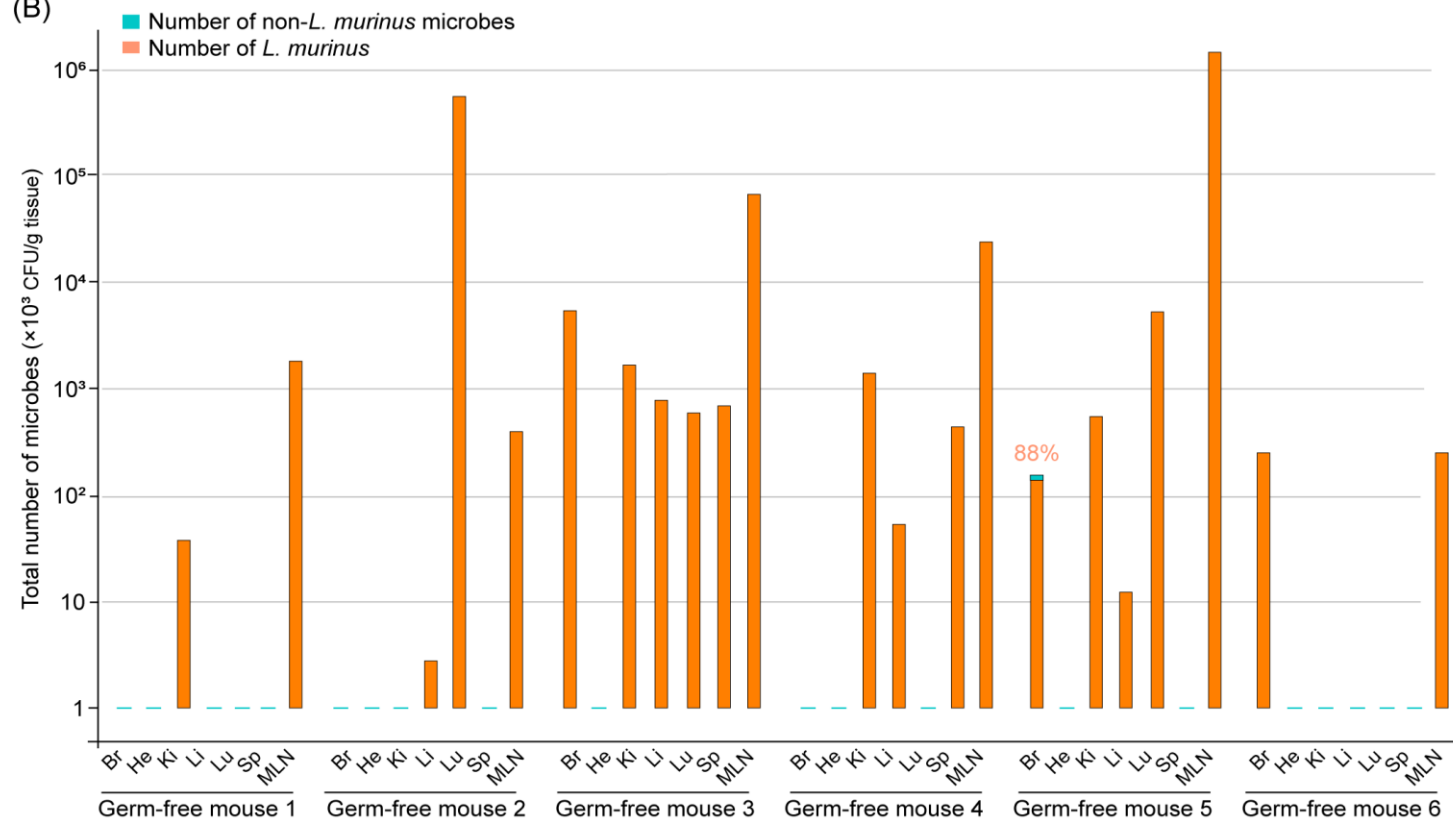


结果

(A)



(B)



◆ 无菌小鼠实验证实 *L. murinus* 可从肠道向“无菌”器官易位

□ 所有处理组小鼠的至少两个器官中均检测到 *L. murinus*。

□ 所有处理组小鼠的MLNs中均检测到 *L. murinus*，其中5只小鼠MLNs中的菌载量均高于其他“无菌”器官。

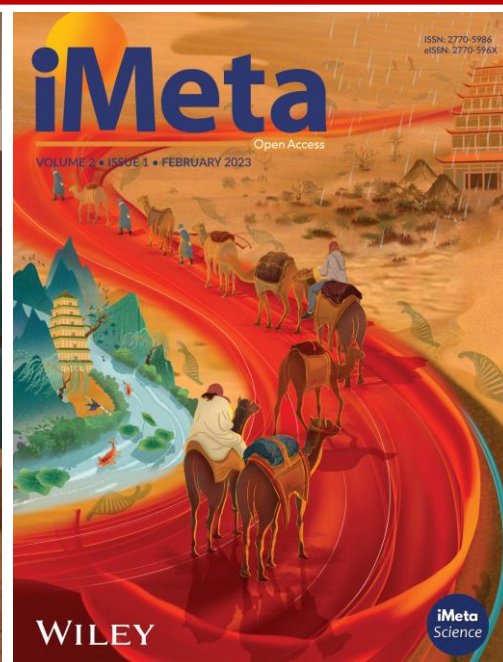
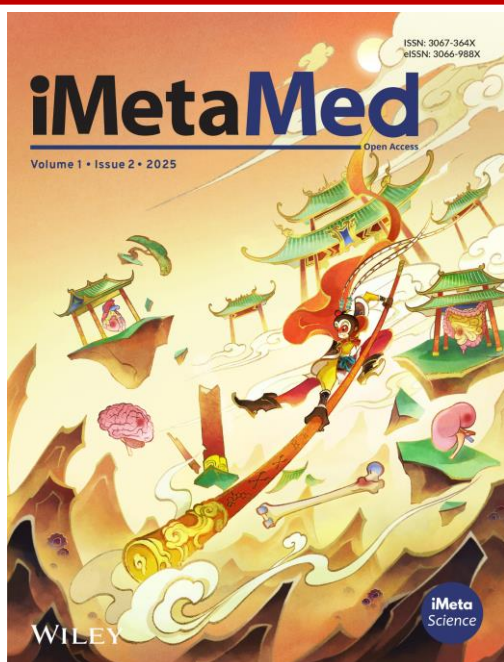
□ *L. murinus* 几乎是所有检测器官中唯一发现的细菌。



总结

- ❑ 在这项研究中，我们发现在不同遗传背景的实验小鼠体内，那些传统上认为“无菌”的器官中，也存在着微生物。
- ❑ 这些“无菌”组织中的微生物组成与肠道菌群密切相关。
- ❑ 这些“无菌”组织中的微生物可能成为动物模型中的不可控变量，进而影响实验结果的可靠性与严谨性。

Ming Xu, Shuyun Guan, Chaoran Zhong, Mingyang Ma, Li Tao, and Guanghua Huang. 2025. Characterizing the Microbiome of “Sterile” Organs in Experimental Mice and Evidence of Translocation of Bacteria from the Gut to Other Internal Organs. *iMeta* 4: e70081. <https://doi.org/10.1002/imt2.70081>.



iMeta(宏)期刊是由宏科学、千名华人科学家和威立共同出版，对标**Cell**的生物/医学类综合期刊，主编刘双江和傅静远教授，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，重点关注生物技术、大数据和组学等前沿交叉学科。已被**SCIE**、**PubMed**等收录，最新IF 33.2，位列全球SCI期刊第65位(前千分之三)，中国第5位，微生物学研究类全球第一，中科院生物学双1区Top。外审平均21天，投稿至发表中位数87天。

子刊**iMetaOmics** (宏组学)、**iMetaMed** (宏医学)定位IF>10和15的生物、医学综合期刊，欢迎投稿！



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>

iMeta: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

投稿: iMetaOmics: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>



office@imeta.science

imetaomics@imeta.science



宣传片



iMeta



更新日期
2025/7/6