

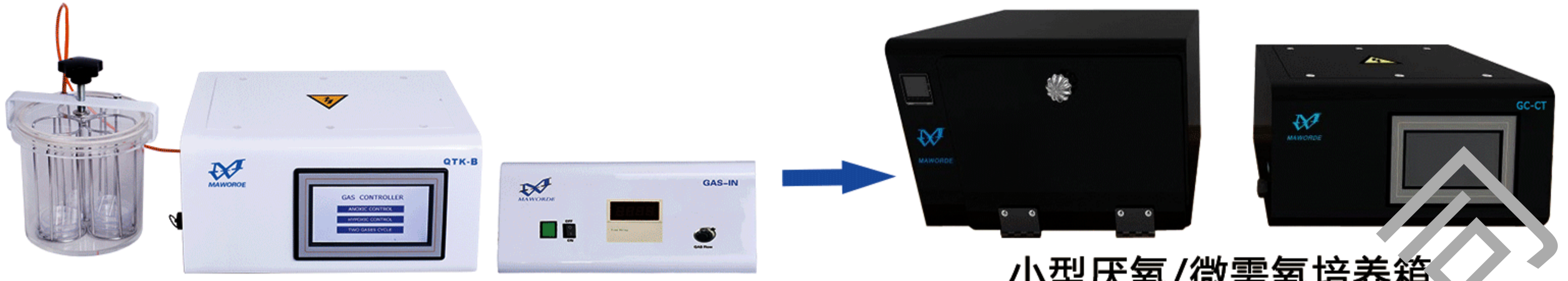


论文选集

肠道微生物专刊

北京隆福佳生物科技有限公司
Beijing Longfujia life sciences Ltd

微生物厌氧/微需氧系列产品



全自动/半自动厌氧罐控制系统

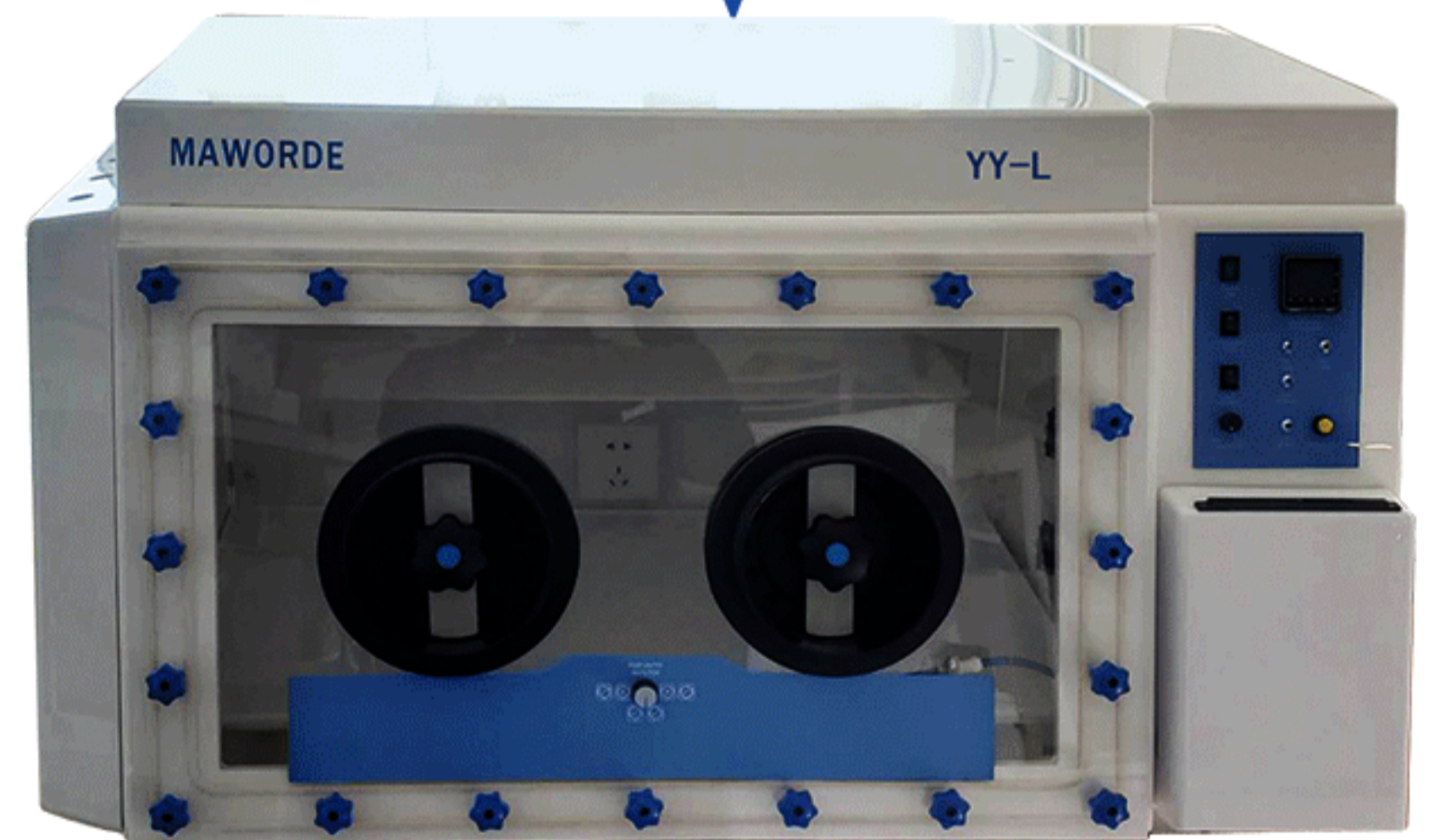
小型厌氧/微需氧培养箱



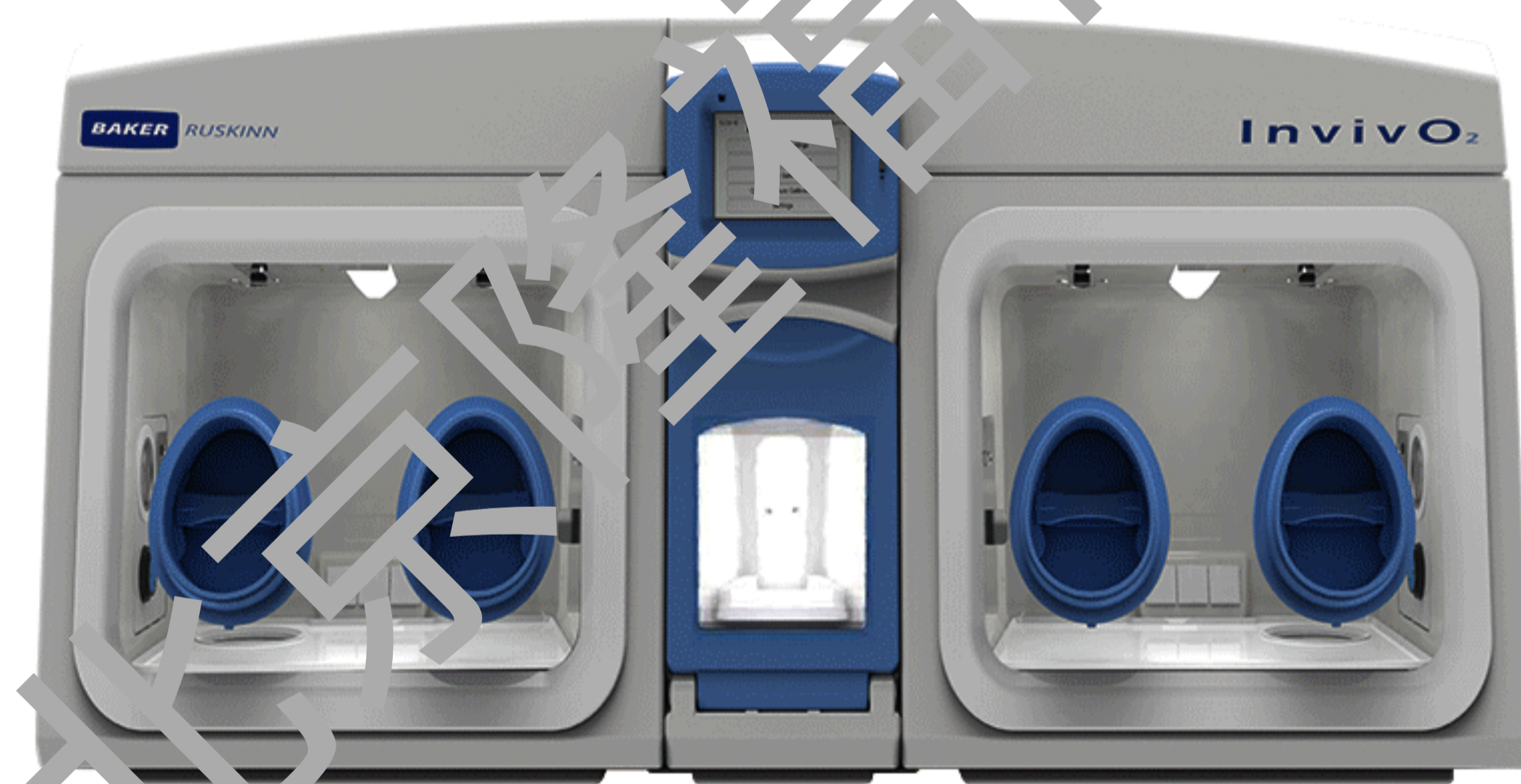
双通道厌氧/微需氧培养箱
(可同时用也可单独使用)



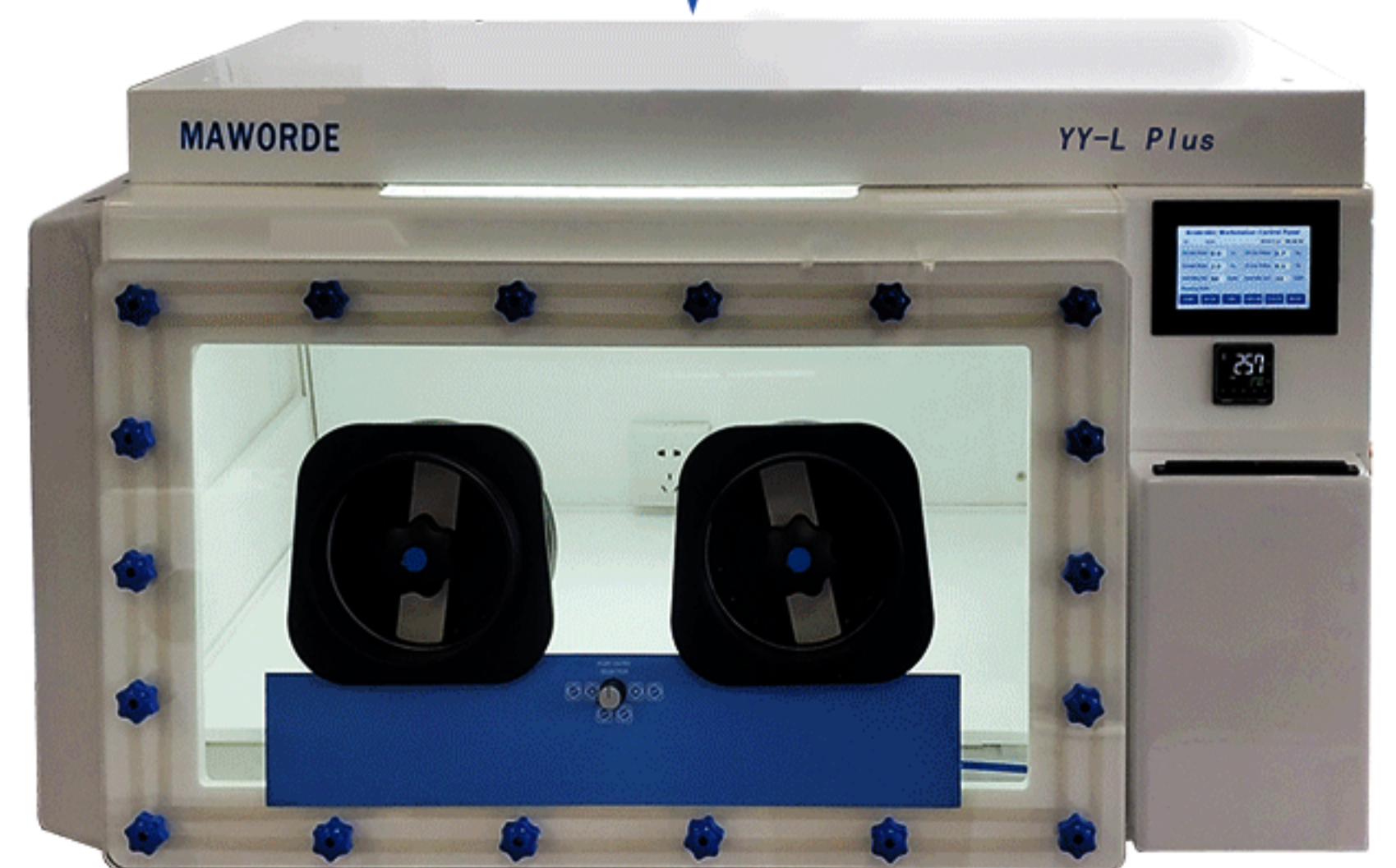
迷你厌氧/微需氧工作站



MAWORDE品牌厌氧/微需氧工作站



BAKER RUSKINN品牌厌氧工作站
(诺奖得主推荐)



MAWORDE品牌高端厌氧/微需氧工作站
实时监测并调整O₂/CO₂/H₂浓度

目录

厌氧工作站应用案例——肠道菌群与炎症性肠病(一).....	1
厌氧工作站应用案例——肠道菌群与炎症性肠病(二).....	2
厌氧工作站应用案例——肠道菌群与肠易激综合征.....	3
厌氧工作站应用案例——肠道菌群与结直肠癌.....	4
厌氧工作站应用案例——肠道菌群与糖尿病.....	5
厌氧工作站应用案例——微生物菌群与肥胖.....	6
厌氧工作站应用案例——肠道菌群与自闭症.....	7
厌氧工作站应用案例——肠道菌群与分娩.....	8
厌氧工作站应用案例——克雷伯菌与脂肪肝.....	9
厌氧工作站应用案例——肠道微生物与乙型肝炎.....	10
厌氧工作站应用案例——肠道菌群与抑郁症.....	11
厌氧工作站应用案例——肠道菌群与幽门螺杆菌.....	12
厌氧工作站应用案例——肠道菌群与AKK菌.....	13
其他.....	14

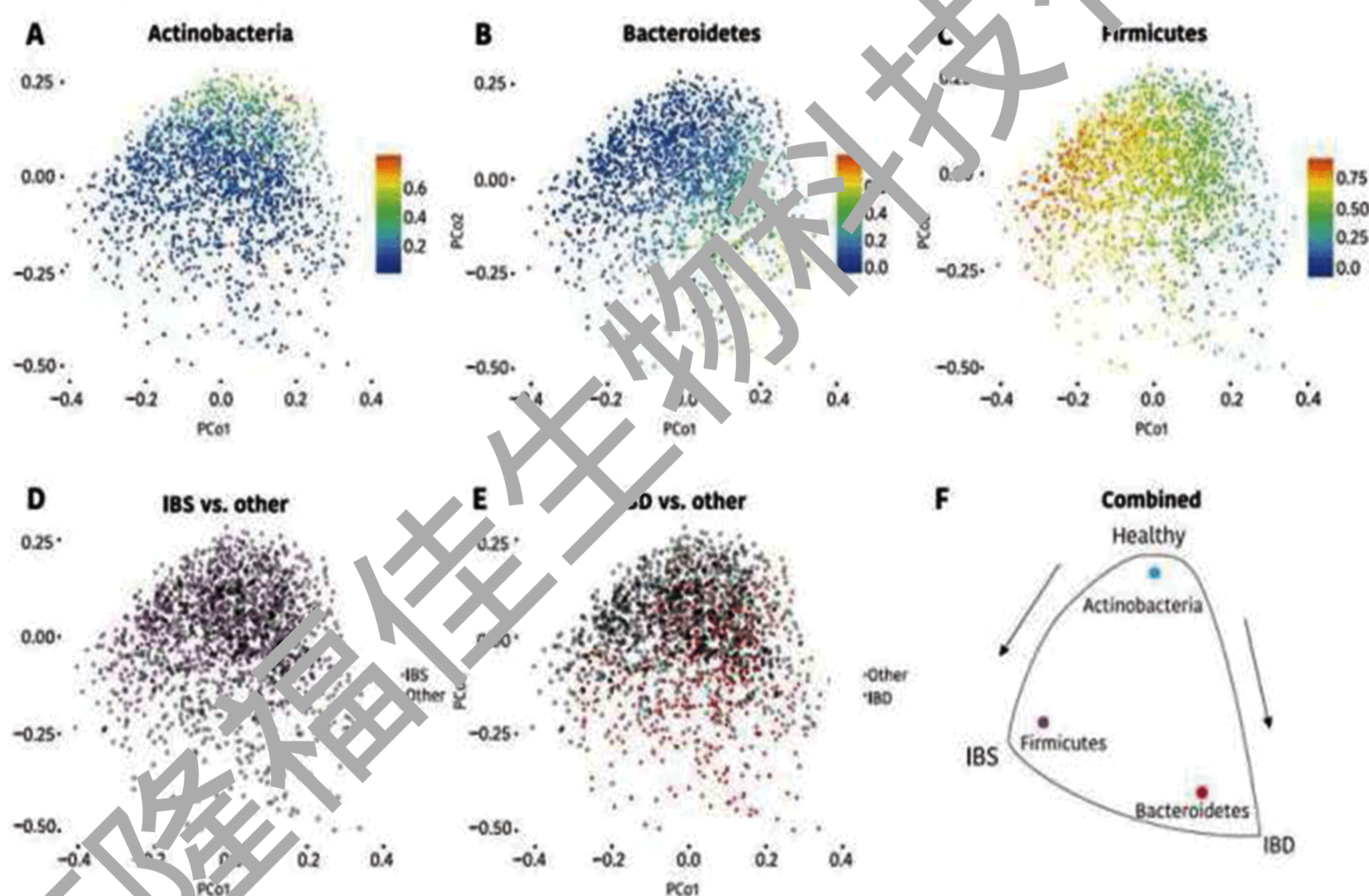
北京隆福佳世

厌氧工作站应用案例——肠道菌群与炎症性肠病（一）

文章题目： Gut microbiota composition and functional changes in inflammatory bowel disease and irritable bowel syndrome. 炎症性肠病和肠易激综合征肠道菌群组成及功能变化

文章出处： Science Translation Medicine 2018 Dec 19;10(472); DOI:10.1126/scitranslmed.aap8914

主要内容： 炎症性肠病（IBD）和肠易激综合征（IBS）这两种胃肠疾病均与肠道菌样的变化有关。使用 shotgun metagenomic sequencing 对 1792 名参与者的粪便样本进行了分析，通过将物种水平分布和菌株水平分布与细菌生长速率、代谢功能、抗生素抗性和毒力因子分析相结合，从而确定可能与两种常见胃肠道疾病有关的关键细菌种类。



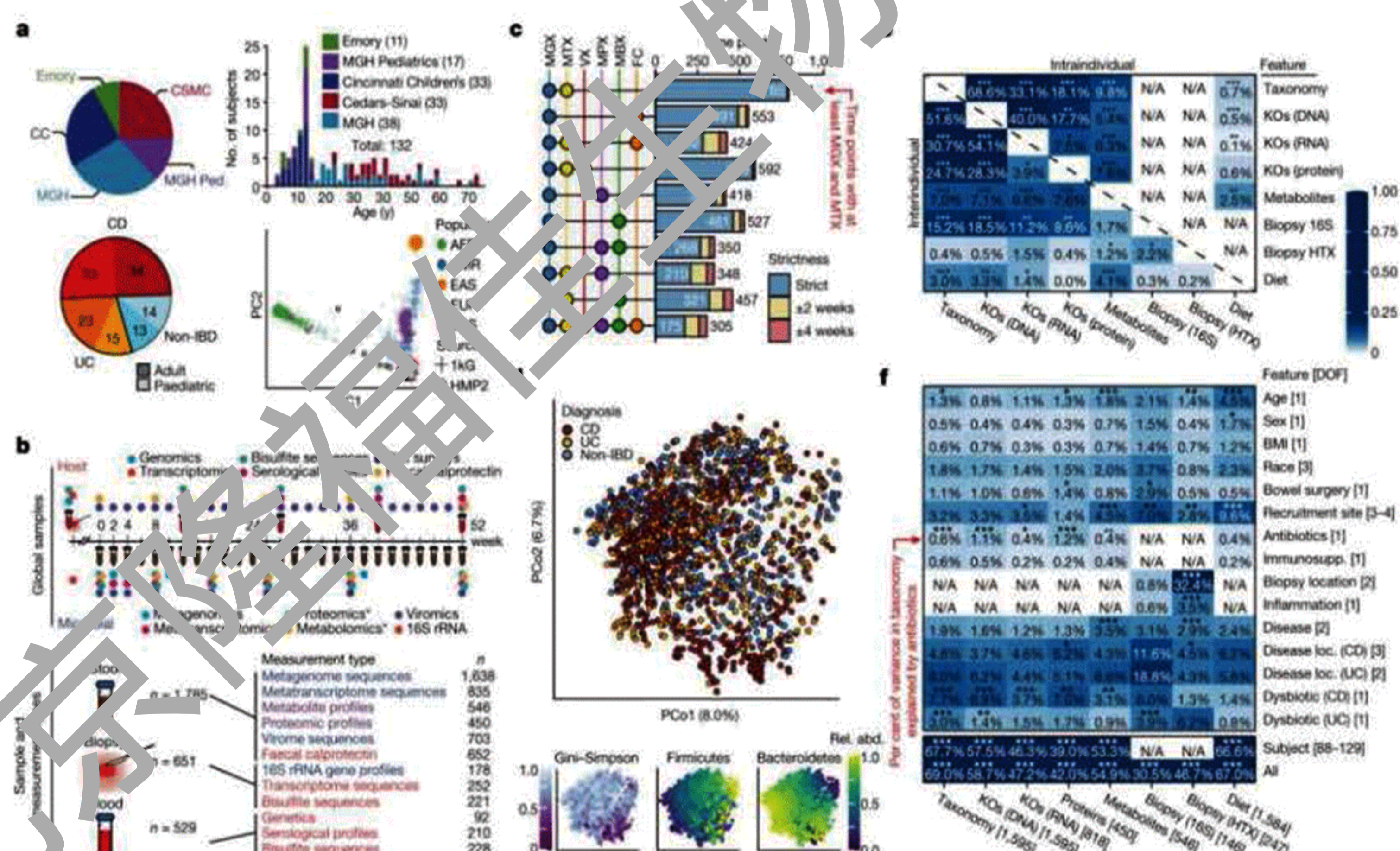
厌氧工作站在严格厌氧环境条件下为研究肠道菌群提供了培养环境，在该环境下可以进行微生物扩培，鉴定，药敏等一系列实验操作。能模拟真实的肠道微生物生长环境。

厌氧工作站应用案例——肠道菌群与炎症性肠病（二）

文章题目: Multi-omics of the gut microbial ecosystem in inflammatory bowel diseases 炎症性肠炎肠道微生物生态系统的多重组学研究

文章出处: Nature 569, 655 - 662 (2019). <https://doi.org/10.1038/s41586-019-1237-9>. 哈佛大学 Curtis Huttenhower

主要内容: 炎症性肠炎(IBD),影响着全世界数百万人。肠道菌群在 IBD 发生、发展及预后中扮演重要角色。研究发现: (1) IBD 患者的微生物组和免疫反应明显不如健康的对照组稳定,他们的微生物组可以在几周中变得完全不同; (2) IBD 患者的肠道微生物多样性改变,比如专性厌氧菌(包括 *Faecalibacterium prausnitzii* 和 *Roseburia hominis*) 的耗尽、大肠杆菌 *Escherichia coli* 等兼性厌氧菌的富集; (3) IBD 肠道中短链脂肪酸等有益代谢产物减少,泛酸和烟酸(维生素 B5 和 B3) 非常低,但出现了原代胆汁酸胆酸及其甘氨酸和牛磺酸结合物的富集; (4) 本研究首次观察到 IBD 患者肠道中酰基肉碱水平的显著升高。发病期的患者多不饱和脂肪酸水平较高,花生酰肉碱减少,游离花生四烯酸盐增加。



厌氧工作站在严格厌氧环境条件下为研究肠道菌群提供了培养环境,在该环境下可以进行微生物扩培,鉴定,药敏等一系列实验操作。能模拟真实的肠道微生物生长环境。

厌氧工作站应用案例——肠道菌群与肠易激综合征

文章题目: Gut Microbiota in Patients With Irritable Bowel Syndrome—a Systematic Review. 肠易激综合征患者肠道菌群的系统综述

文章出处: Gastroenterology 2019;157:97 - 108; doi: 10.1053/j.gastro.2019.03.049

主要内容: 肠易激综合征(irritable bowel syndrome, IBS)是一种功能紊乱性肠病,患病率达10%-20%,但很难治疗。改变肠道菌群已被提出作为治疗肠易激综合征的一种策略,但肠道菌群与肠易激综合征症状之间的关系尚未得到很好的证实。对24项病例对照研究进行系统综述,总结了与IBS相关的肠道微生物类别,与对照相比,IBS患者中,肠杆菌科、乳杆菌科和拟杆菌属增加,而不可培养的梭菌目 I、粪杆菌属(包括普氏粪杆菌)和双歧杆菌属减少;IBS患者的菌群多样性降低或者与对照无差异;

序号	中文名	拉丁学名	微生物变化情况	革兰氏属性	需氧情况
1	肠杆菌科	Enterobacteriaceae	4项研究显著增加,2项无显著差异	革兰氏阴性	厌氧
2	乳杆菌科	Lactobacillaceae	3项研究显著增加,1项无显著差异	革兰氏阳性	微需氧、兼性厌氧、严格厌氧
3	梭菌目	Clostridiales	7项研究减少	革兰氏阳性	厌氧
4	粪杆菌属	Faecalibacterium	3项研究减少	革兰氏阳性	厌氧
5	普氏粪杆菌	Faecalibacterium prausnitzii	4项研究显著减少,1项无差异	革兰氏阳性	严格厌氧
6	双歧杆菌属	Bifidobacterium	5项研究显著减少,1项减少不显著,1项无差异	革兰氏阳性	严格厌氧
7	坦纳菌	Tannerella	2项研究显著减少,2项无差异	革兰氏阳性	厌氧
8	另枝菌属	Alistipes	3项研究显著减少,2项显著增加		

厌氧工作站在严格厌氧环境条件下为研究肠道菌群提供了培养环境,在该环境下可以进行微生物扩培,鉴定,药敏等一系列实验操作。能模拟真实的肠道微生物生长环境。

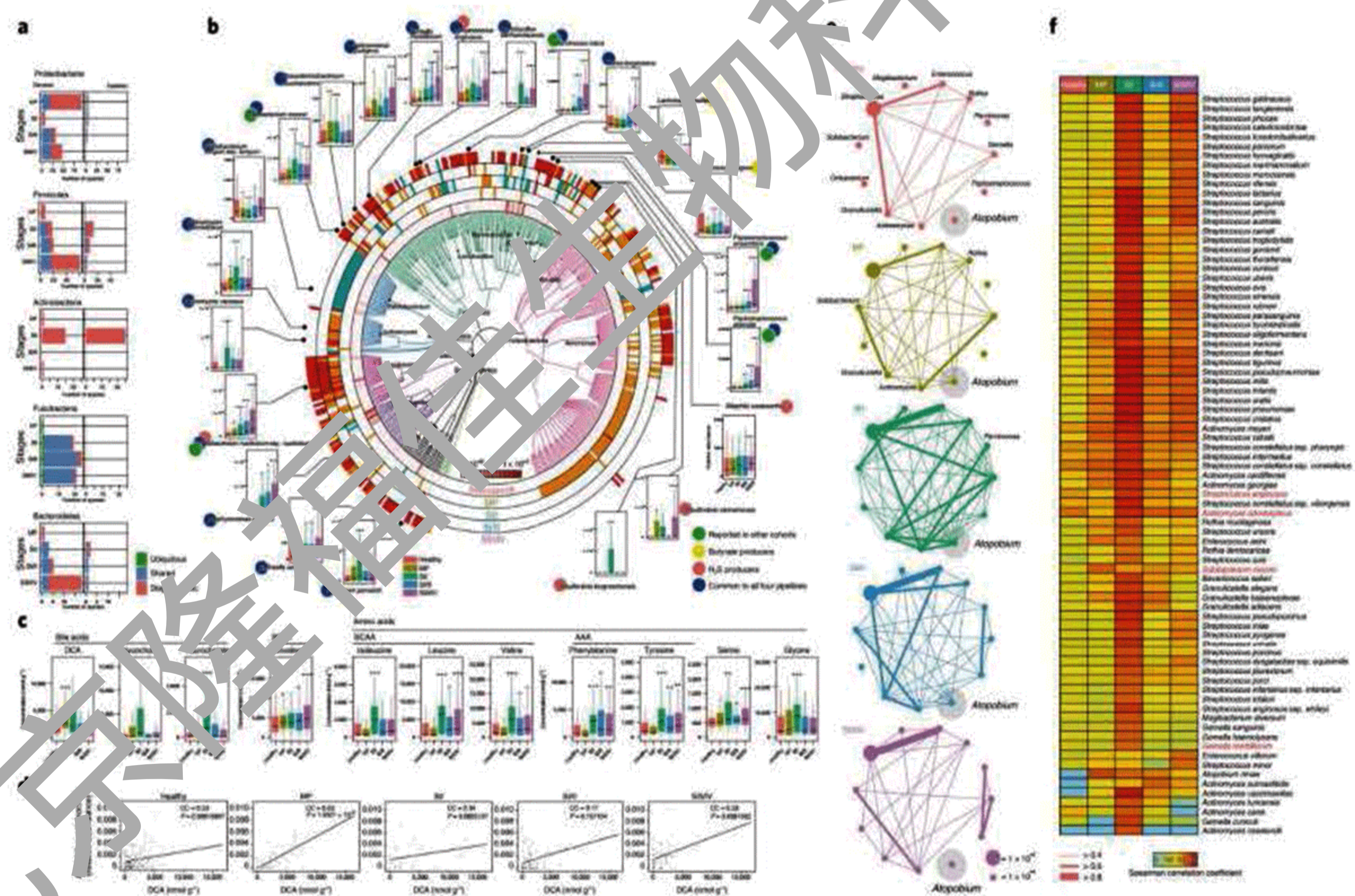
厌氧工作站应用案例——肠道菌群与结直肠癌

文章题目：Metagenomic and metabolomic analyses reveal distinct stage-specific phenotypes of the gut microbiota in colorectal cancer.

宏基因组和代谢组分析揭示肠道菌群明显的结直肠癌阶段性特异表型

文章出处：Nat. Med. 2019 06;25(6); 10.1038/s41591-019-0458-7 大阪大学

主要内容：结直肠癌是全球第三大流行的癌症，人类肠道微生物与结直肠癌的发展有关。研究发现，在粘膜内癌和息肉样腺瘤病例中，肠道微生物组和代谢组在结直肠癌发展的早期阶段均发生了改变：（1）在粘膜内癌至晚期的发展过程中，具核梭杆菌（*Fusobacterium nucleatum* spp.）的相对丰度持续显著升高；在粘膜内癌和息肉样腺瘤病例中极小阿托波氏菌（*Atopobium parvulum*）和龋齿放线菌（*Actinomyces odontolyticus*）显著增加；（2）代谢组学分析显示，粘膜内癌支链氨基酸和苯丙氨酸显著升高，而包括脱氧胆酸在内的胆汁酸在息肉样腺瘤和/或粘膜内癌中显著升高。



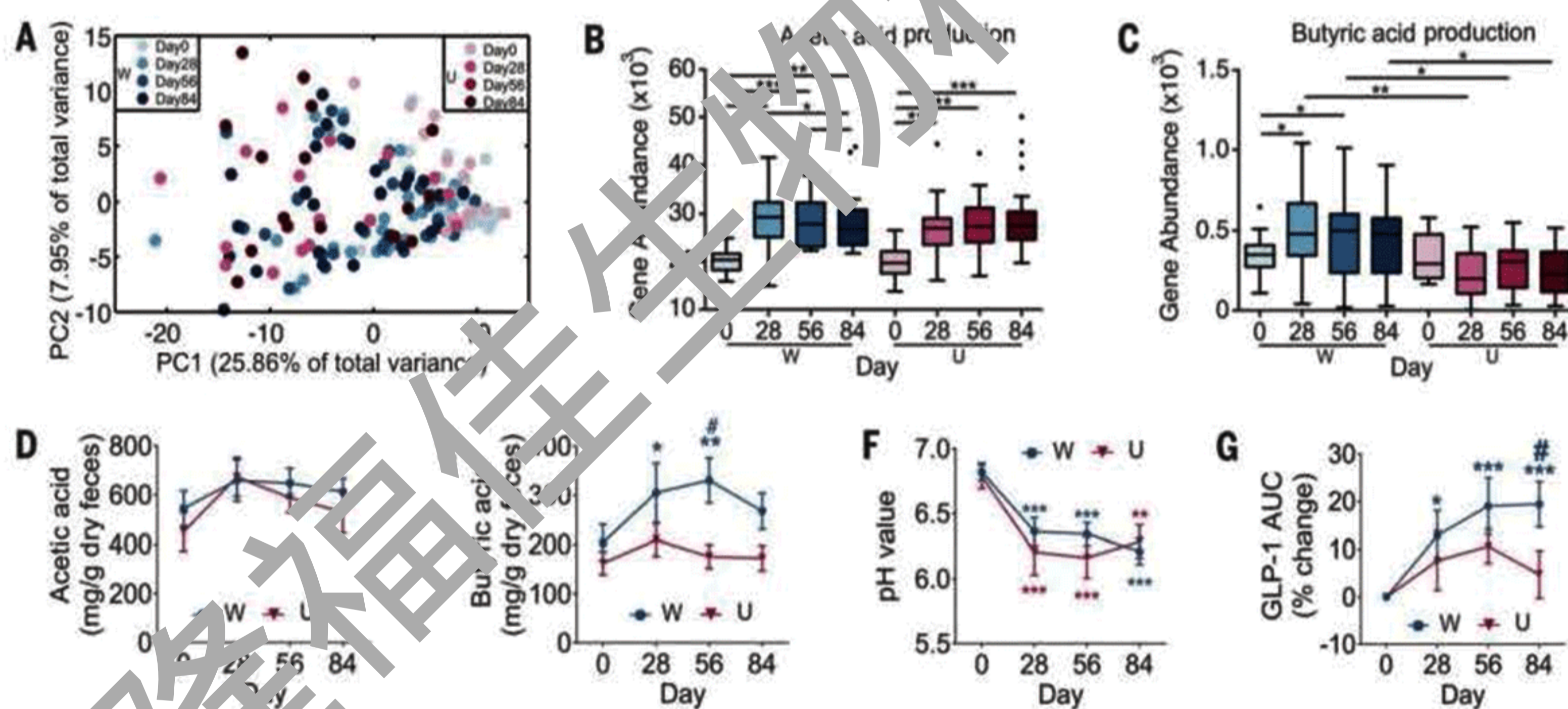
厌氧工作站在严格厌氧环境条件下为研究肠道菌群提供了培养环境，在该环境下可以进行微生物扩培，鉴定，药敏等一系列实验操作。能模拟真实的肠道微生物生长环境。

厌氧工作站应用案例——肠道菌群与糖尿病

文章题目: Gut bacteria selectively promoted by dietary fibers alleviate type 2 diabetes. 膳食纤维选择性促进肠道菌群改善 II 型糖尿病

文章出处: Science 09 Mar 2018:Vol. 359, Issue 6380, pp. 1151-1156; DOI: 10.1126/science.aao5774 上海交通大学

主要内容: 类食物中不能消化吸收的膳食纤维却可以促进肠道有益菌的生长, 肠道微生物发酵产生对人体健康有重要作用的短链脂肪酸(SCFA)。II 型糖尿病的发生与短链脂肪酸不足有关。高膳食纤维在 II 型糖尿病患者肠道中富集了一组特定的短链脂肪酸产生菌, 证明了产生该种菌的丰度和多样性越高, 通过增加胰高血糖素样肽-1 分泌使受试者糖化血红蛋白改善得也越好。这一发现提示以肠道关键菌为靶点的个性化营养干预可能是控制 II 型糖尿病的一种新的有效手段。



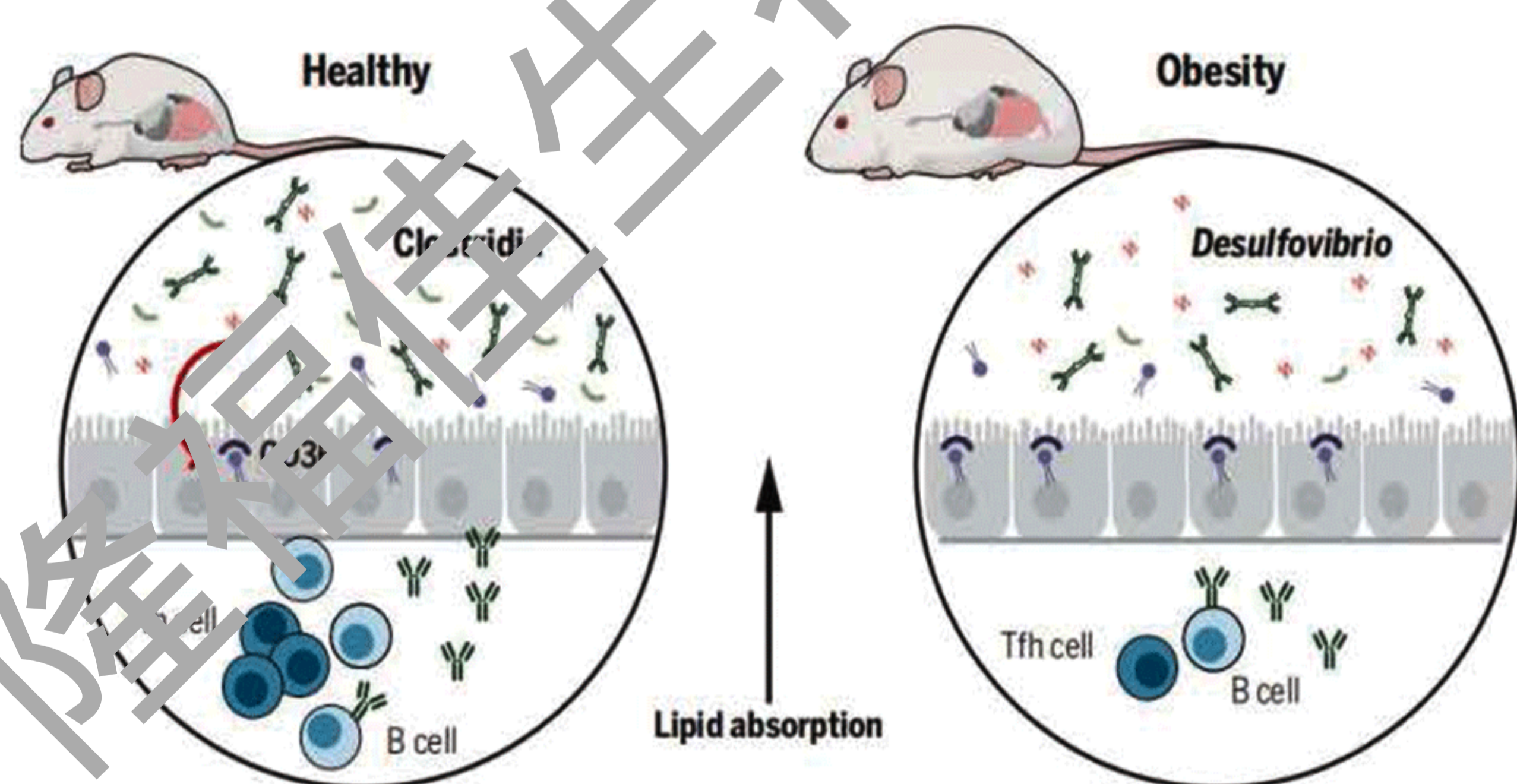
厌氧工作站在严格厌氧环境条件下为研究肠道菌群提供了培养环境, 在该环境下可以进行微生物扩培, 鉴定, 药敏等一系列实验操作。能模拟真实的肠道微生物生长环境。

厌氧工作站应用案例——微生物菌群与肥胖

文章题目: T cell - mediated regulation of the microbiota protects against obesity T 细胞介导的微生物群调节可阻止肥胖

文章出处: Cell Metab. 2019 Oct 01;30(4): DOI: 10.1016/j.cmet.2019.08.018 首都儿科研究所; 中科院武汉病毒研究所; 军事医学科学院微生物流行病学研究所

主要内容: 梭菌属细菌主要是通过阻止肠道吸收脂肪从而避免了体重的增加。只含梭菌属细菌的小鼠比不含肠道菌群的小鼠的 CD36 基因表达水平也更低。该基因可以调控机体摄取脂肪酸。Myd88 是免疫反应的核心基因, 没有 Myd88 的小鼠处于免疫受损的状态。在 Myd88 基因敲除小鼠中, 梭状芽胞杆菌 (Clostridia) 的定植和功能丧失, 脱硫弧菌 (Desulfovibrio) 过度生长。这两细菌的此消彼长, 将影响小鼠的脂肪吸收能力, 从而肠道对脂肪的吸收增加, 体重也相应增加, 而随着时间的推移, 这些小鼠也会出现 II 型糖尿病的迹象, 这一发现提示了肠道菌群的免疫控制缺陷是如何引起代谢性疾病的。另外也有研究表明, 肥胖症患者或者 II 型糖尿病患者也会有相应的免疫损伤, 该研究作为研究免疫耐受微生物以及代谢疾病奠定了基础。



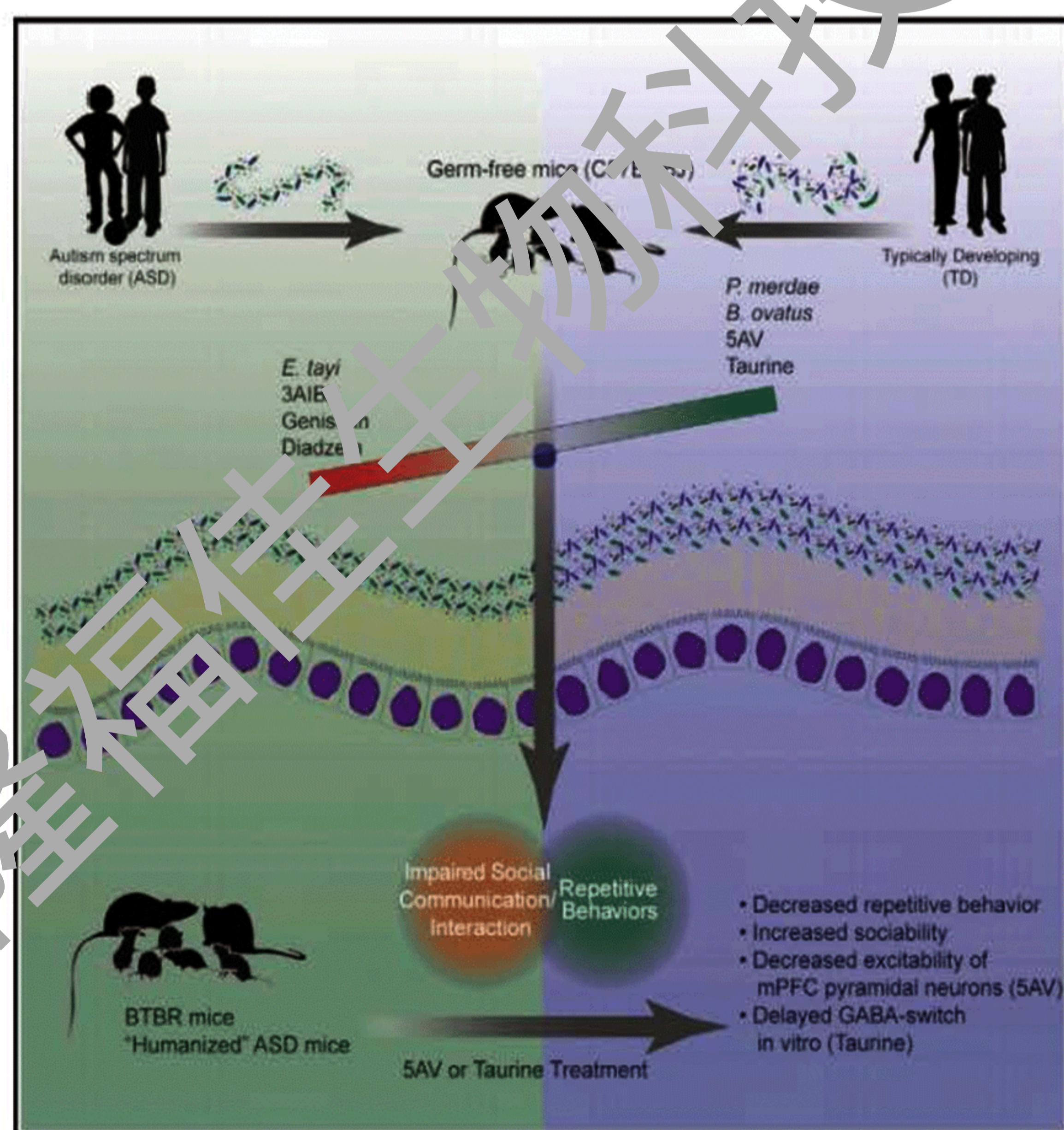
厌氧工作站在严格厌氧环境条件下为研究微生物菌群提供了培养环境, 在该环境下可以进行微生物扩培, 鉴定, 药敏等一系列实验操作。能模拟真实的肠道微生物生长环境。

厌氧工作站应用案例——肠道菌群与自闭症

文章题目: Human Gut Microbiota from Autism Spectrum Disorder Promote Behavioral Symptoms in Mice. 来自自闭症谱系障碍 ASD 患者的肠道菌群可促进小鼠的病理行为症状

文章出处: Cell 2019 May 30;177(6); DOI: 10.1016/j.cell.2019.05.004 加州理工学院

主要内容: ASD(Autism Spectrum Disorder)孤独症谱系障碍,是一系列复杂的神经发育障碍性疾病,主要症状有社会交流障碍、语言交流障碍和重复刻板行为。有研究证明自闭症患者和正常人的肠道菌群间存在差异。研究发现肠道菌群通过产生神经活性代谢物来调节小鼠的行为,这表明,未来ASD的症状可能可以用细菌代谢物或益生菌药物来治疗。



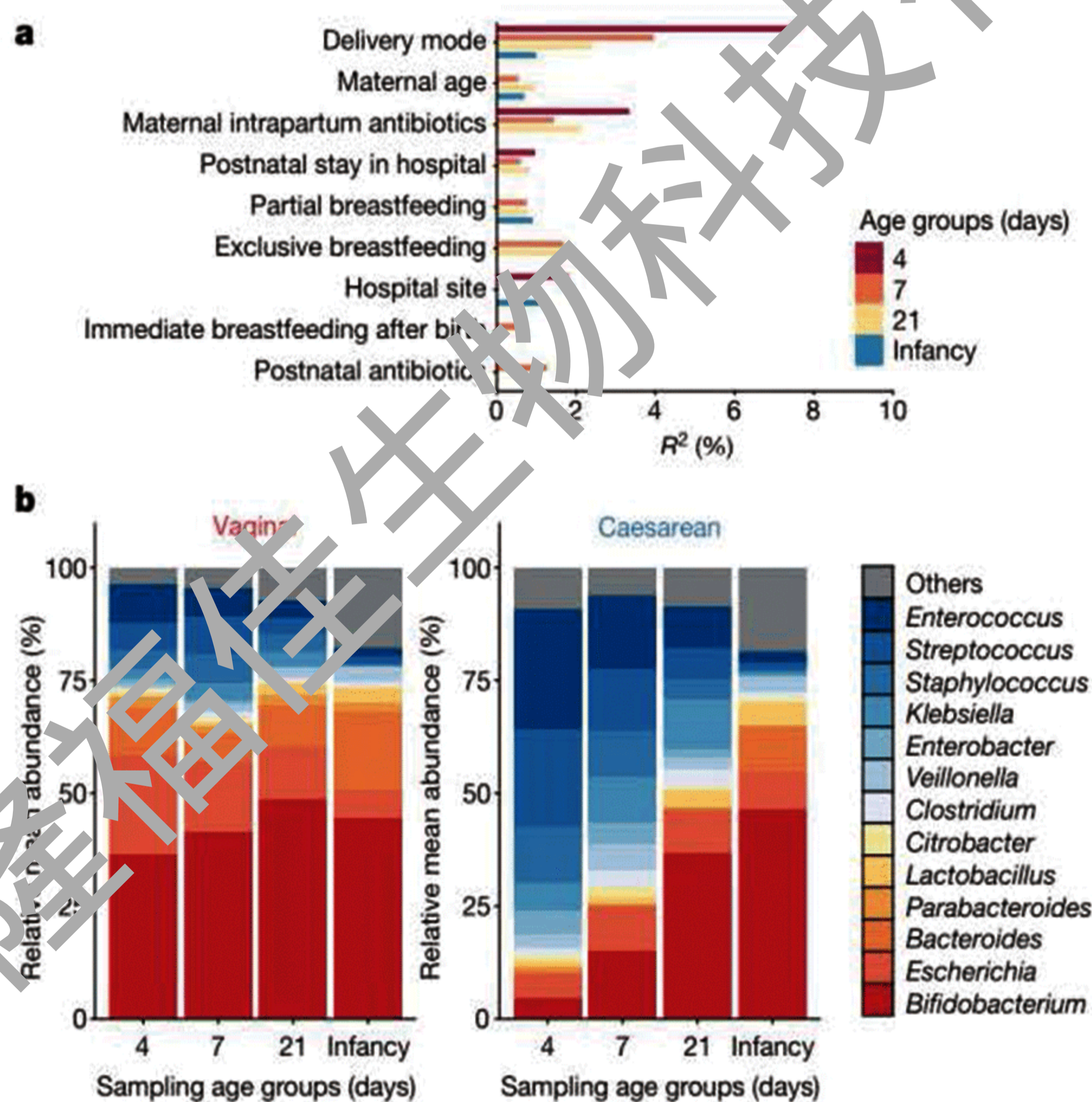
厌氧工作站在严格厌氧环境条件下为研究肠道菌群提供了培养环境,在该环境下可以进行微生物扩培,鉴定,药敏等一系列实验操作。能模拟真实的肠道微生物生长环境。

厌氧工作站应用案例——肠道菌群与分娩

文章题目: Stunted microbiota and opportunistic pathogen colonization in caesarean section birth. 剖宫产时菌群发育不良和条件致病菌的定植

文章出处: Nat. Med. 2019 06;25(6); DOI: 10.1038/s41586-019-1560-1. 英国 Wellcome Trust Sanger 研究所; 伦敦大学

主要内容: 新生儿出生后不久就会经历来自母亲和周围环境的微生物的快速定植, 儿童期和以后生活中的疾病可能是由婴儿肠道微生物定植的扰动介导。分析发现分娩的方式是在新生儿期驱动肠道微生物群的变化最重要的因素: 顺产婴儿肠道菌群与剖宫产出生的婴儿肠道菌群组成存在较大差异, 研究发现, 约 83%的剖宫产婴儿携带潜在的致病菌, 而这一比例在阴道分娩的婴儿中只有 49%左右。



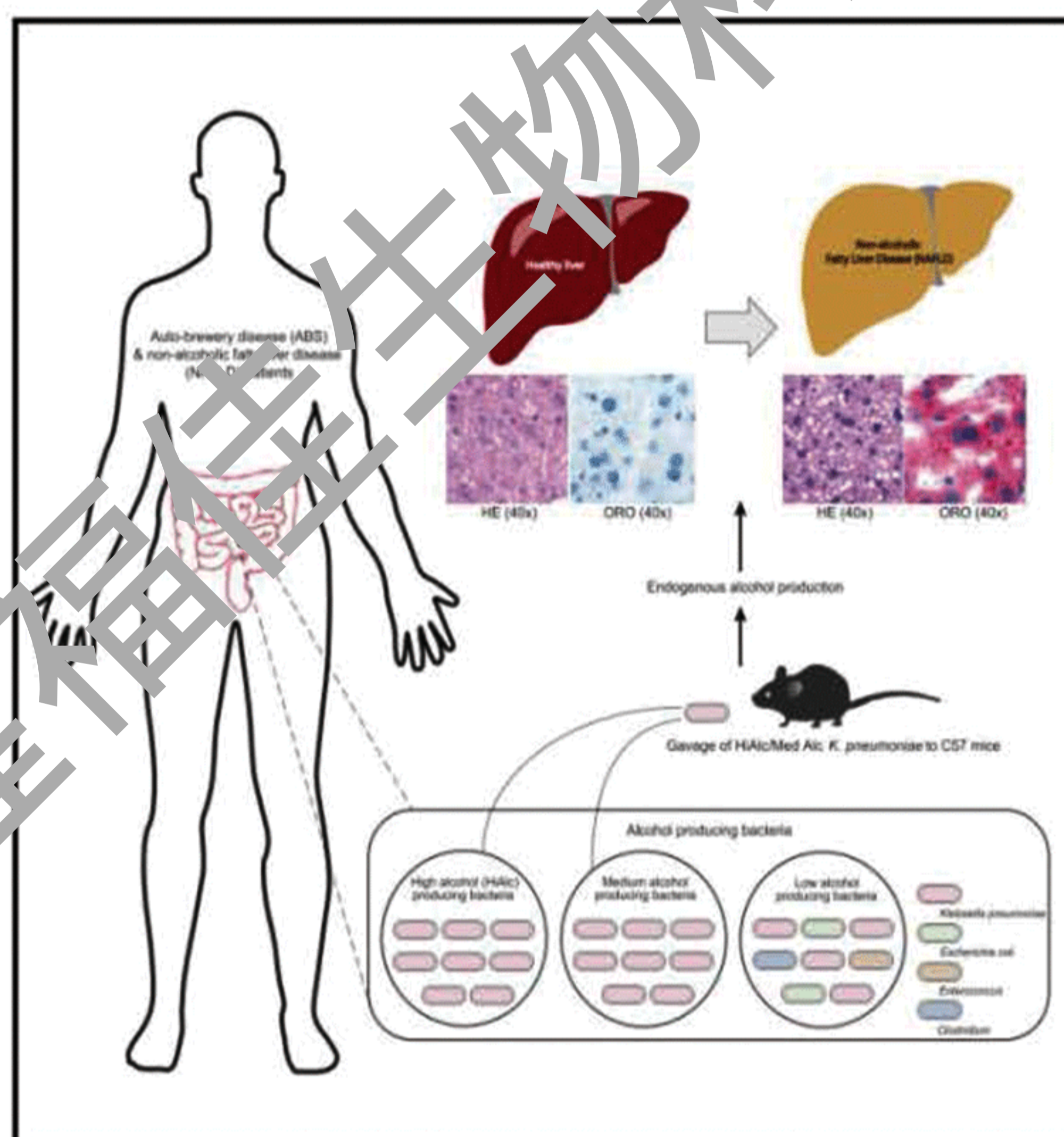
厌氧工作站在严格厌氧环境条件下为研究肠道菌群提供了培养环境, 在该环境下可以进行微生物扩培, 鉴定, 药敏等一系列实验操作。能模拟真实的肠道微生物生长环境。

厌氧工作站应用案例——克雷伯菌与脂肪肝

文章题目: atty Liver Disease Caused by High-Alcohol-Producing *Klebsiella Pneumoniae* 高产酒精的肺炎克雷伯菌可引起脂肪肝

文章出处: Cell Metab. 2019 Oct 01;30(4): DOI: 10.1016/j.cmet.2019.08.018 首都儿科研究所、中科院武汉病毒研究所、军事医学科学院微生物流行病学研究所

主要内容: 非酒精性脂肪肝 (NAFLD) 是指除酒精等明确肝损伤因素外其他因素所导致的代谢应激性肝损伤, 其致病因素至今仍不明确, 近年研究表明这种疾病与肠道菌群的改变有密切关联。通过无菌小鼠、粪菌移植、噬菌体和抗生素治疗, 以及浸润细胞特征性信号分子分析, 证明了肠道菌群中 HiAlc *Kpn* 是 NAFLD 疾病发生发展的新病因, 高产乙醇的 HiAlc *Kpn* 在肠道内定殖产生大量乙醇, 经门脉系统到肝脏内, 引起肝细胞线粒体的功能失调而形成脂肪肝, 这在高产酒精的肠道菌群引起非酒精性脂肪肝致病机制领域取得重要进展。。



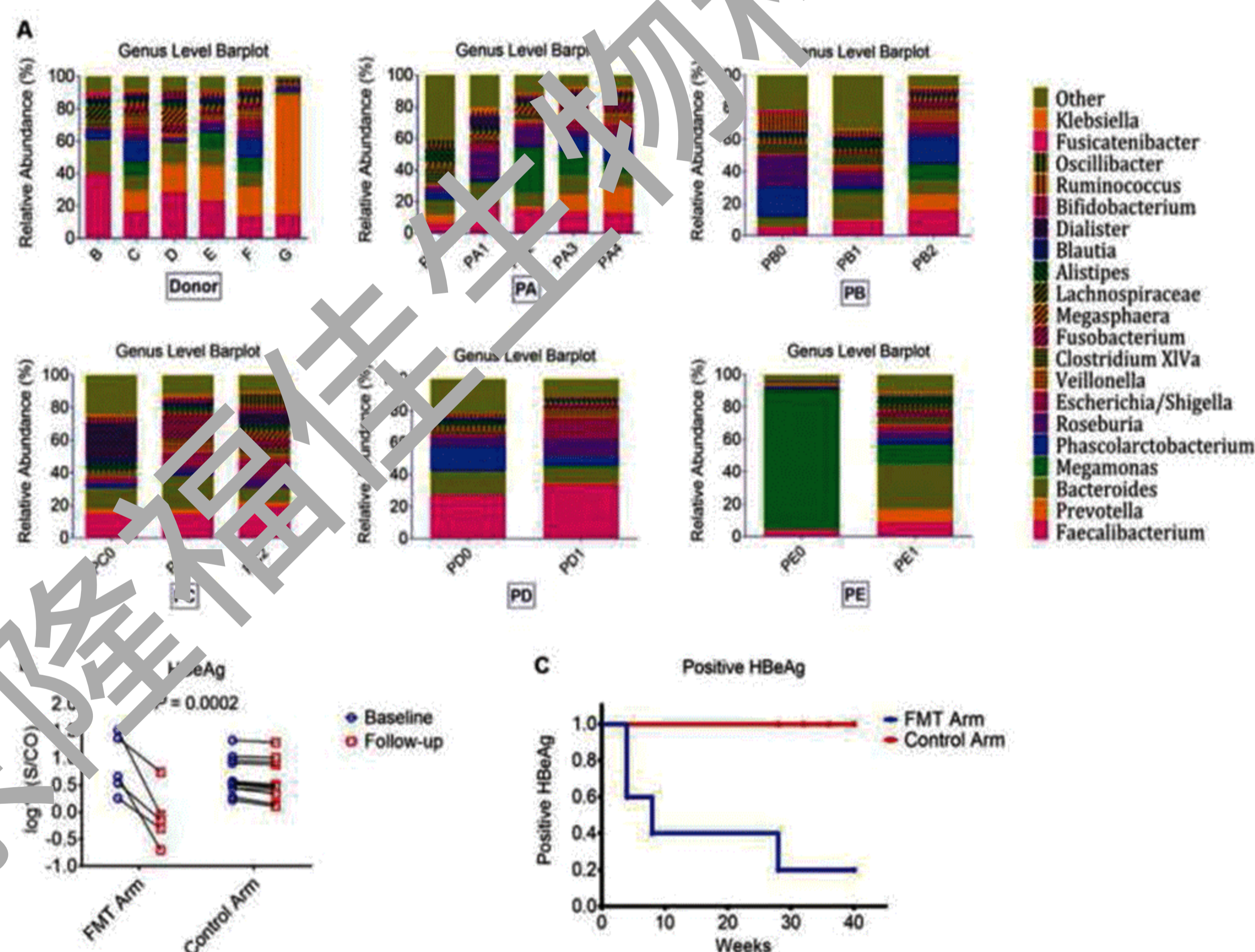
厌氧工作站在严格厌氧环境条件下为研究肠道菌群提供了培养环境, 在该环境下可以进行微生物扩培, 鉴定, 药敏等一系列实验操作。能模拟真实的肠道微生物生长环境。

厌氧工作站应用案例——肠道微生物与乙型肝炎

文章题目: Fecal Microbiota Transplantation Induces Hepatitis B Virus e-Antigen (HBeAg) Clearance in Patients With Positive HBeAg After Long-Term Antiviral Therapy. 长期抗病毒治疗后粪菌移植可诱导乙型肝炎 E 抗原 HBeAg 阳性患者的 HBeAg 清除

文章出处: Hepatology 2017 05;65(5); DOI: 10.1002/hep.29008 厦门大学附属中山医院

主要内容: 慢性乙型肝炎 (CHB) 患者接受抗病毒治疗的目标是最大限度地长期抑制 HBV 复制, 减轻肝细胞炎性坏死及肝纤维化, 延缓和减少肝功能衰竭、肝硬化失代偿、HCC 及其他并发症的发生, 从而改善生活质量和延长生存时间。已有的研究表明, CHB 患者肠道微生物与健康人不同。本研究对 18 例使用 ETV 或 TDF (类病毒移植) 进行抗病毒治疗超过 3 年仍持续 HBeAg 阳性的患者进行分组实验, 结果表明, 在经过长期抗病毒治疗 HBeAg 持续阳性的病例中, FMT 可诱导 HBeAg 的清除。



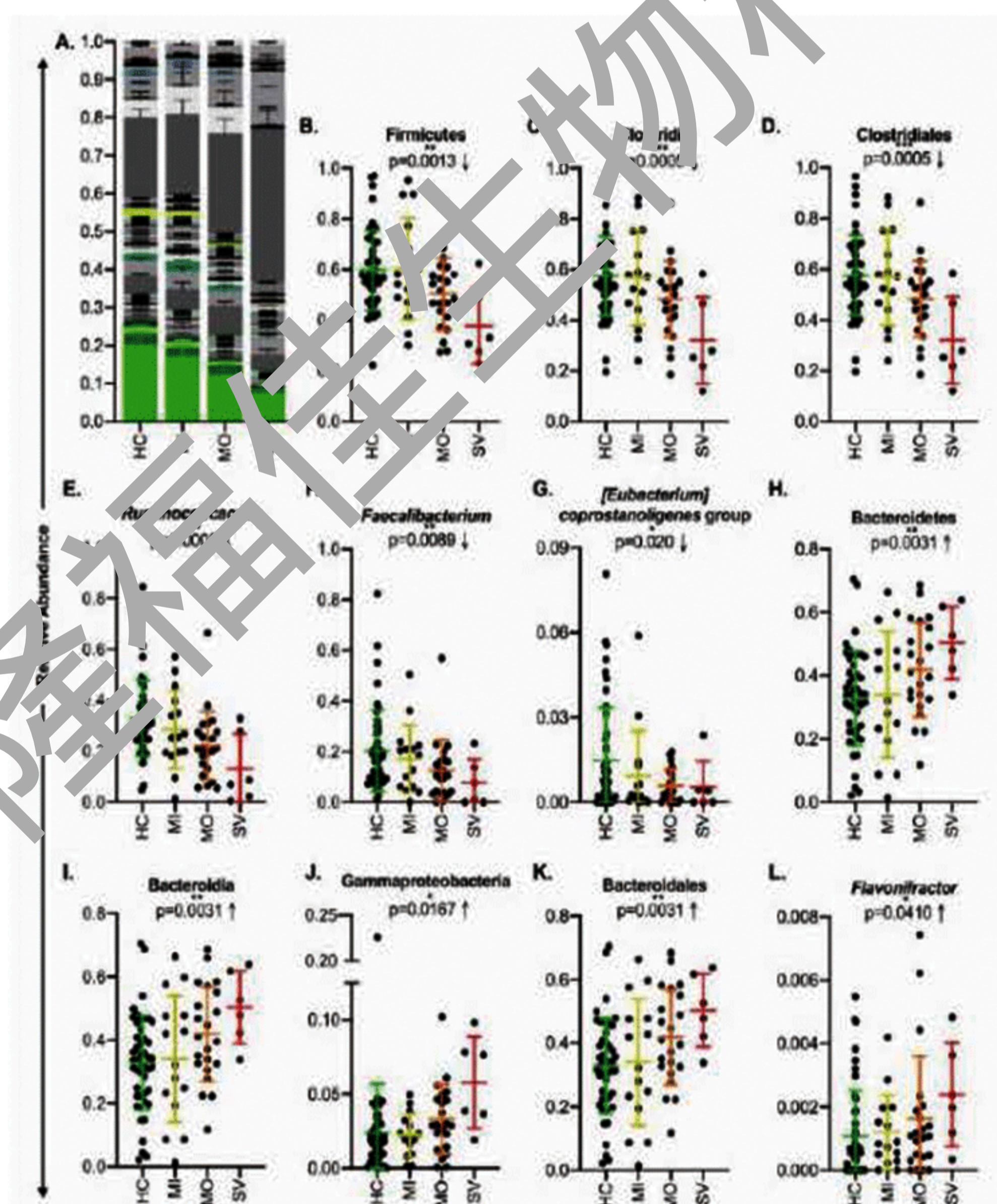
厌氧工作站在严格厌氧环境条件下为研究肠道微生物提供了培养环境, 在该环境下可以进行微生物扩培, 鉴定, 药敏等一系列实验操作。能模拟真实的肠道微生物生长环境。

厌氧工作站应用案例——肠道菌群与抑郁症

文章题目: Reductions in anti-inflammatory gut bacteria are associated with depression in a sample of young adults 年轻人中抗炎性肠道细菌的减少与抑郁症相关

文章出处: Richard T. Liu, 美国罗德岛州 Alpert Medical School of Brown University, Department of Psychiatry and Human Behavior; 2020 Mar

主要内容: 在本研究中, 作者评估了 90 名美国年轻人的肠道菌群, 比较了 47 名患有重度抑郁症 (major depressive disorder, MDD) 的参与者和 43 名健康对照者, 发现在多个分类学水平上, MDD 受试者的肠道菌群与健康对照者相比都存在显著差异。在门的水平, 患有 MDD 的参与者的纤维门水平较低, 而拟杆菌的水平较高, 在纲水平 (梭状芽孢杆菌和拟杆菌) 和目水平 (梭状芽孢杆菌和拟杆菌) 的趋势相似。在属水平上, MDD 组具有较低水平的粪杆菌, 瘤胃菌家族中的其他相关成员相对于健康对照组, 其水平也降低了。



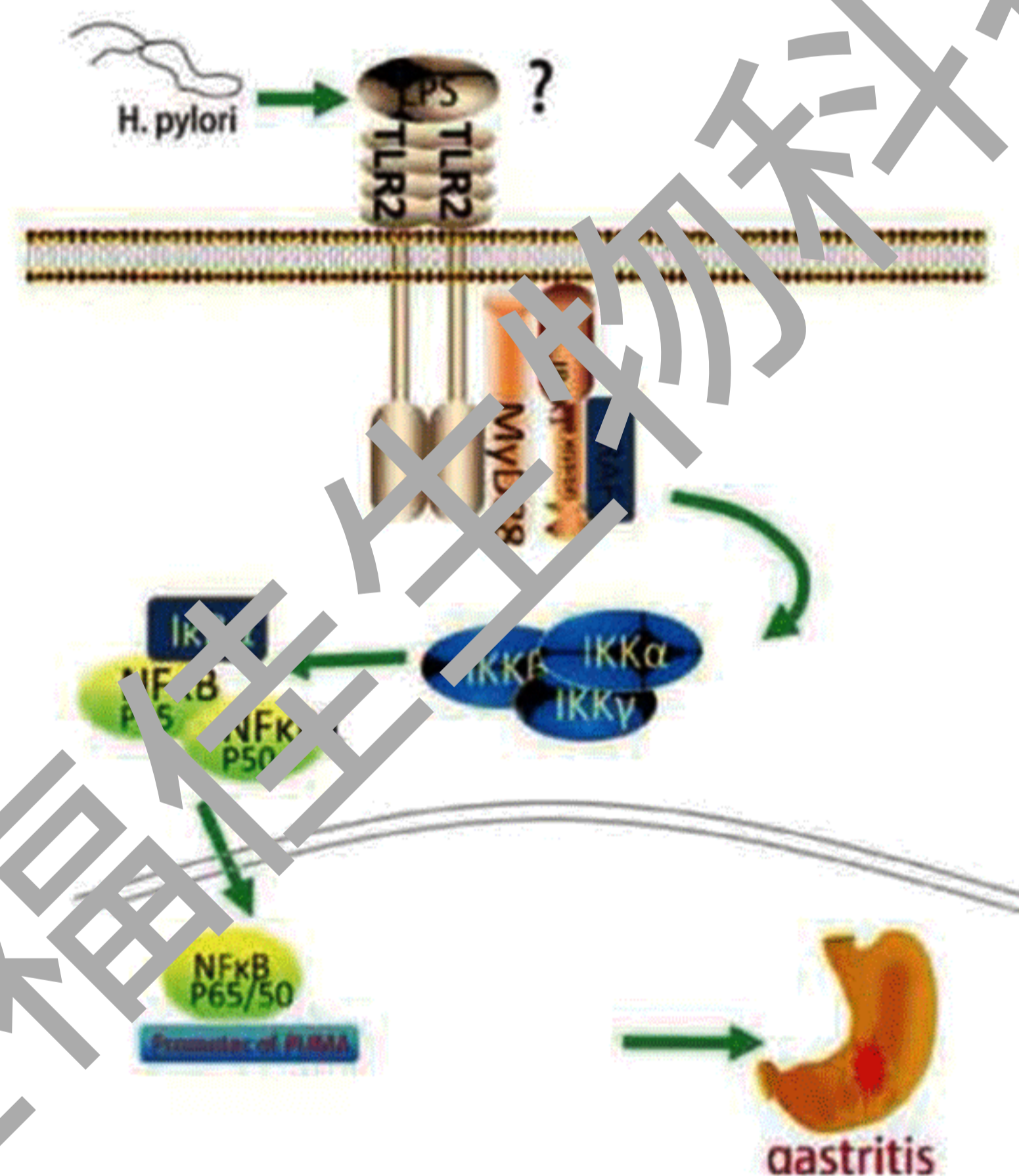
总体而言, 我们的结果支持 MDD 与较低水平的抗炎性丁酸生产菌之间的联系, 并且可能支持肠道菌群与 MDD 患者中经常观察到的慢性低度炎症之间的联系。

厌氧工作站应用案例——肠道菌群与幽门螺杆菌

文章题目： PUMA-mediated epithelial cell apoptosis promotes *Helicobacter pylori* infection-mediated gastritis PUMA介导的上皮细胞凋亡促进幽门螺杆菌感染介导的胃炎的发生

文章出处： *Cell Death and Disease*; 2020 (11): 139. 南京医科大学附属第一医院消化内科

主要内容： 幽门螺杆菌感染介导的胃炎和致癌作用的分子机制尚未阐明。越来越多的证据表明，慢性胃炎(chronic gastritis)和胃上皮细胞(GEC)凋亡升高是胃癌转化过程中发生的至关重要的事件。PUMA是一种有效的促凋亡Bcl-2蛋白，可介导急性组织损伤。在这项研究中，我们旨在研究PUMA在H诱导的GEC细胞凋亡和幽门螺杆菌感染炎症中的作用。



幽门螺杆菌的治疗方案：

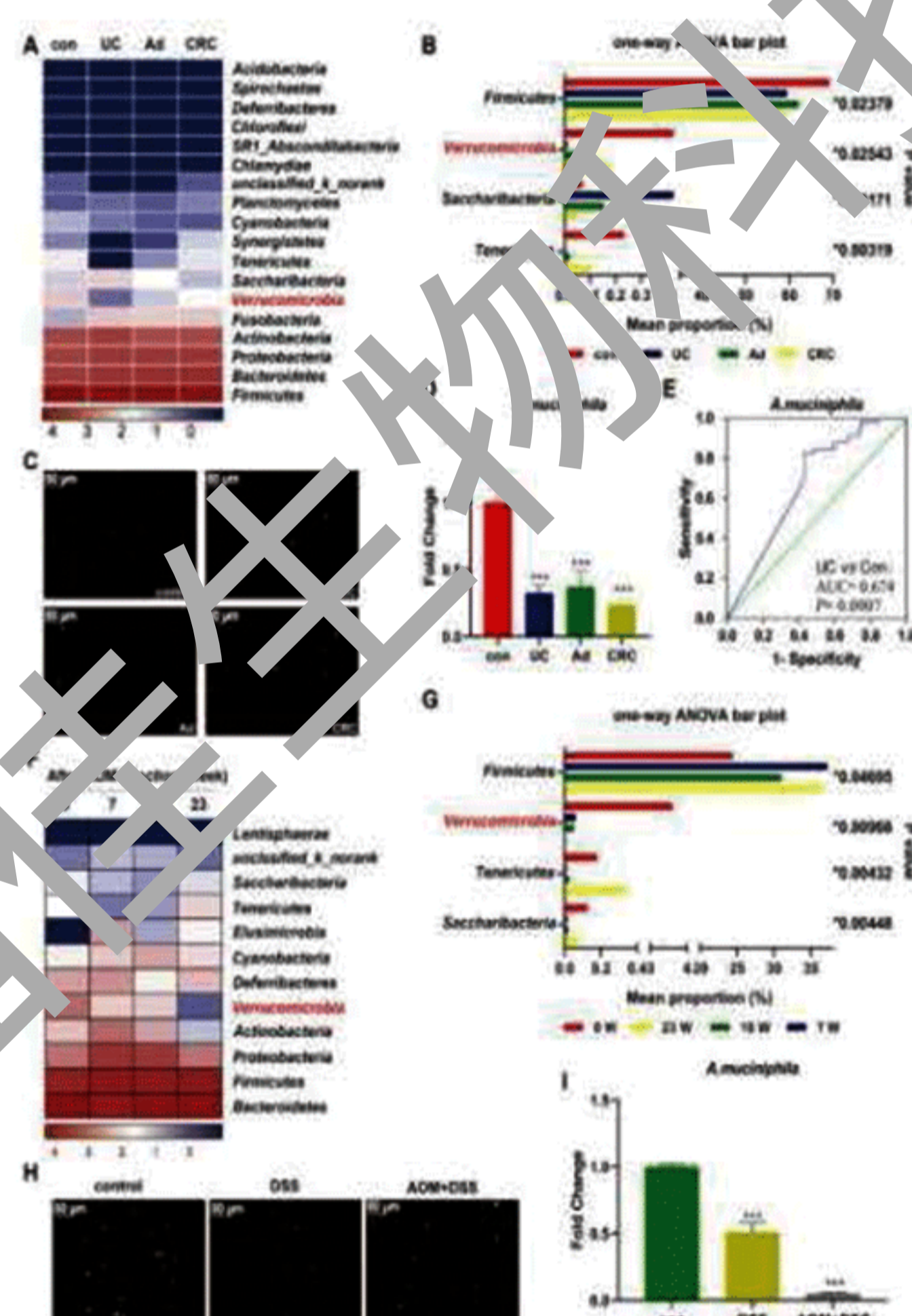
- 幽门螺杆菌是引起口臭的最直接病菌之一，由于幽门螺杆菌可以在牙菌斑中生存，在口腔中发生感染后，会直接产生有臭味的碳化物，引起口臭。感染幽门螺杆菌后可能导致口气重，即口腔有异味，严重者往往还有一种特殊口腔异味，无论如何清洁，都无法去除。
- 幽门螺杆菌是胃炎、慢性咽喉炎、口腔溃疡等消化性溃疡的主要原因，对于患有这些疾病的患者来说，治疗收腰就是要根除幽门螺杆菌。

厌氧工作站应用案例——肠道菌群与AKK菌

文章题目: Akkermansia muciniphila purified membrane protein from or the pasteurised bacterium blunts colitis associated tumorigenesis by modulation of CD8 T cells in mice 嗜粘蛋白-阿克曼氏菌通过调节小鼠 CD8 T 细胞来钝化结肠炎相关的肿瘤发生

文章出处: DOI : 10.1136/gutjnl-2019-320105

主要内容: 研究人员从江苏省中医院收集了一些溃疡性结肠炎、肠道肿瘤和肠癌患者的粪便样本。经 16S rRNA 测序结果表明, 和健康志愿者粪便微生物组相比, UC、AD 和 CRC 患者粪便中的 Akk 菌丰度都明显降低。和人类患者一样, 结肠炎和结肠炎相关肠癌的小鼠的 Akk 菌丰度也降低了, 且在肿瘤发展过程中, Akk 菌的丰度以时间依赖性的方式逐渐减少。



该课题组在成功表达和纯化 Amuc_1100 蛋白 (Akk 菌的外膜蛋白) 的基础上, 干预 UC 和肠炎相关结直肠癌 (CAC) 小鼠, 发现灭活 Akk 菌、Amuc_1100 能显著降低 CD16/32+巨噬细胞和 CD8+T 细胞进而改善 UC 小鼠的临床症状; 灭活 Akk 菌、Amuc_1100 能显著增加 CAC 小鼠肠道淋巴结中 CD8+T 细胞数目, 更为重要的是其能活化 CD8+T 细胞的功能 (诱导 TNF- α 、抑制 PD-1) 进而抑制 CAC 的发生与发展。这项研究可能为溃疡性结肠炎和结直肠癌提供新的预防及临床治疗策略。

参考文献（其它）

1. Yan Dong, Fan Pengcheng, Sun Wenlong et al. Anemarrhena asphodeloides modulates gut microbiota and restores pancreatic function in diabetic rats.[J] .Biomed Pharmacother, 2021, 133: 110954.
2. Weiss GA, Grabinger T, Glaus Garzon J, et al. Intestinal inflammation alters mucosal carbohydrate foraging and monosaccharide incorporation into microbial glycans. Cell Microbiol. 2021;23(1):e13269. doi:10.1111/cmi.13269
3. García Carlos J, Beltrán David, Tomás-Barberán Francisco A, Human Gut Microbiota Metabolism of Dietary Sesquiterpene Lactones: Untargeted Metabolomic Study of Lactucopicrin and Lactucin Conversion In Vitro and In Vivo.[J] .Mol Nutr Food Res, 2020, 64: e2000619.
4. Sóki J, Wybo I, Hajdú E, et al. A Europe-wide assessment of antibiotic resistance rates in Bacteroides and Parabacteroides isolates from intestinal microbiota of healthy subjects. Anaerobe. 2020;62:102182. doi:10.1016/j.anaerob.2020.102182
5. Urbán E, Terhes G, Gajdács M. Extraintestinal Clostridioides difficile Infections: Epidemiology in a University Hospital in Hungary and Review of the Literature. Antibiotics (Basel). 2020;9(1):10. Published 2020 Jan 2. doi:10.3390/antibiotics9010016
6. Zheng Dechong, Liu Zumei, Zhou You et al. Urolithin B, a gut microbiota metabolite, protects against myocardial ischemia/reperfusion injury via p62/Keap1/Nrf2 signaling pathway.[J] Pharmacol Res, 2020, 153: 104655.
7. Hiippala K, Bar et al G, Burrello C, et al. Novel Odoribacter splanchnicus Strain and Its Outer Membrane Vesicles Exert Immunoregulatory Effects in vitro. Front Microbiol. 2020;11:575455. Published 2020 Nov 12. doi:10.3389/fmicb.2020.575455
8. Sheridan PO, Martin JC, Scott KP. Conjugation Protocol Optimised for Roseburia inulinivorans and Eubacterium rectale. Bio Protoc. 2020;10(7):e3575. Published 2020 Apr 5. doi:10.21769/BioProtoc.3575
9. Fujimoto K, Kimura Y, Shimohigoshi M, et al. Metagenome Data on Intestinal Phage-Bacteria Associations Aids the Development of Phage Therapy against Pathobionts. Cell Host Microbe. 2020;28(3):380-389.e9. doi:10.1016/j.chom.2020.06.005

10. Pareek S, Kurakawa T, Das B, et al. Comparison of Japanese and Indian intestinal microbiota shows diet-dependent interaction between bacteria and fungi. *NPJ Biofilms Microbiomes*. 2019;5(1):37. Published 2019 Dec 20. doi:10.1038/s41522-019-0110-9
11. Chang Y, Hou F, Pan Z, et al. Optimization of Culturomics Strategy in Human Fecal Samples. *Front Microbiol*. 2019;10:2891. Published 2019 Dec 17. doi:10.3389/fmicb.2019.02891
12. Burgos-Edwards A, Fernández-Romero A, Carmona M, Thuissard-Vasillo I, Schmeda-Hirschmann G, Larrosa M. Effects of gastrointestinal digestion of polyphenolic enriched extracts of Chilean currants (*Ribes magellanicum* and *Ribes punctatum*) on in vitro fecal microbiota. *Food Res Int*. 2020;129:108848. doi:10.1016/j.foodres.2019.108848
13. Wang Wei, Lin Liyuan, Du Yahui et al. Assessing the viability of transplanted gut microbiota by sequential tagging with D-amino acid-based metabolic probes. [J]. *Nat Commun*, 2019, 10: 1317.
14. Ito Tamaki, Sekizuka Tsuyoshi, Kishi Norimasa et al. Conventional culture methods with commercially available media unveil the presence of novel culturable bacteria. [J]. *Gut Microbes*, 2019, 10: 77-91.
15. Mortelé O, Iturrospe E, Beyerleert A, et al. Optimization of an in vitro gut microbiome biotransformation platform with chlorogenic acid as model compound: From fecal sample to biotransformation product identification. *J Pharm Biomed Anal*. 2019;175:112768. doi:10.1016/j.jpba.2019.07.016
16. Sauerwein Jessica L, Baker Corey C, Pradhananga Sabindra et al. Protease-Mediated Suppression of DRG Neuron Excitability by Commensal Bacteria. [J]. *J Neurosci*, 2017, 37: 11758-11768.
17. Wu Xiaoqian, Zheng Dechong, Qin Yuyan et al. Nobiletin attenuates adverse cardiac remodeling after acute myocardial infarction in rats via restoring autophagy flux. [J]. *Biochem Biophys Res Commun*, 2017, 492: 262-268.

工作站租赁服务

北京隆福佳生物科技有限公司受英国Ruskinn Technology Ltd.委托在中国生产Bugbox系列工作站，并于2017年3月在英国获得了CE认证，标志着工厂生产水平及产品达到了国际化标准。



- 1.低氧/厌氧工作站广泛应用于微生物、细胞研究领域。设备集培养、操作、观察于一体，可模拟生物体内环境。
- 2.随着全球科技的发展，越来越多的科研工作者对实验环境严格要求，以确保实验结果真实性。
- 3.为满足所有科研工作者能够及时、有效的使用相关设备，北京隆福佳生物科技有限公司携手英国Ruskinn公司，提供部分型号低氧/厌氧工作站租赁服务。

更贴心的**租赁服务**面对的客户群体：

- ★因资金紧张而无法购买仪器
- ★需要尽快开展实验而无法等待长时间招标、到货流程
- ★需要做预实验进行验证
- ★短期的实验设计，无需长时间使用仪器

专业定制厌氧/微需氧设备



北京隆福佳生物科技有限公司
Web: www.longfubiotech.com
E-mail: service@longfubiotech.com
Address: 北京市石景山区石景山路万达广场E座1001
Tel: 010-88693537/68647489



官方网址



微信公众号