



肠道菌群 16S rDNA 高通量测序报告单

姓名	郭■	性别	女	年龄	38 岁
送检单位	深圳大学附属华南医院	科室	神经内科		
样本类型	粪便	条码	7602254757		
床号	36	报告日期	2025-12-08		



目 录

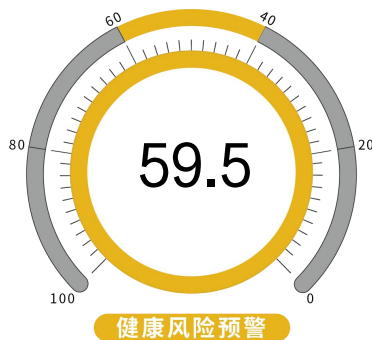
一、 肠道菌群健康指数 (GMHI)	4
二、 菌群多样性	5
三、 厚壁菌门/拟杆菌门指数	6
四、 肠龄	7
五、 肠型	8
六、 肠道菌群平衡指数	9
七、 肠道微生物组分分析	10
7.1 有益菌检测	11
7.2 有害菌检测	14
7.3 中性菌检测	16
八、 疾病风险评估	19
九、 物质代谢与营养素评估	30
十、 免疫力的评估	35
十一、 样本质量质控结果	36
十二、 检测说明	36
十三、 参考文献	37



基本信息

姓名	郭群	送检单位	深圳大学附属华南医院		
性别	女	科室	神经内科	床号	36
年龄	38 岁	条码	7602254757	实验号	NM25D3714
主诉或诊断	ALS				
采样日期	-	收样日期	2025-12-05	报告日期	2025-12-08
检测项目	肠道菌群检测	样本类型	粪便	检测方法	16SrDNA 高通量检测

检测结果概览



$40 \leq \text{GMHI} < 60$ 分, 属于健康风险预警水平, 提示您的肠道菌群 I 度结构紊乱, 菌群比例轻微失调, 建议进行针对性检查, 并启动菌群调节。

菌群多样性	较高
厚壁菌门/拟杆菌门	14.6153
肠道年龄	45
肠型	瘤胃球菌属
肠道菌群平衡指数	平衡
有益菌丰度	偏低
有害菌丰度	偏低
短链脂肪酸合成能力	正常
高风险疾病	未检出

1. 菌群种类较多, 菌群微生态稳定
2. 偏向于厚壁菌
3. 肠道年龄较时序年龄重度偏高, 提示您的肠道抗衰老能力差
4. 饮食习惯倾向于高碳水化合物、高热量饮食, 能量提取效率高
5. 菌群定植抗力好, 生物屏障功能强, 感染风险低
6. 核心有益菌不足, 有一定的健康风险
7. 致病菌/条件致病菌较低水平, 肠道更健康
8. 短链脂肪酸合成充足, 肠道免疫屏障和能量供应稳定
9. 未检出显著风险标志物。注意: 结果非确诊, 需结合临床评估

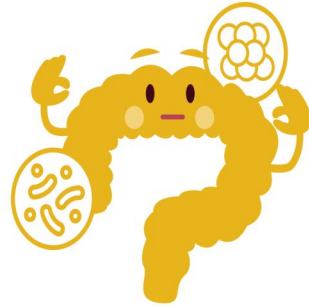
检测者: 黄燕娟

审核者: 

报告日期: 2025-12-08



一、肠道菌群健康指数 (GMHI)



检测结果: 59.5 | 结果评估: 健康风险预警

指标范围



注: 根据评估值将人体肠道健康状况分为:

GMHI \geq 80 分: 健康, 菌群处于平衡状态, 继续保持良好饮食、运动等生活习惯, 坚持营养均衡;

60 \leq GMHI $<$ 80 分: 亚健康, 菌群处于待调节状态, 可考虑通过益生菌、益生元干预;

40 \leq GMHI $<$ 60 分: 健康风险预警, 菌群 I 度紊乱, 建议进行针对性检查, 并可考虑启动菌群调节干预;

20 \leq GMHI $<$ 40 分: 高健康风险, 菌群 II 度紊乱, 建议进行全面检查, 并启动菌群调节干预;

! GMHI $<$ 20 分: 严重健康风险, 菌群 III 度紊乱, 强烈建议进行全面检查, 并尽快启动菌群调节干预;

肠道菌群健康指数是基于肠道微生物组的物种分类来评估肠道的健康状况, 其核心算法为 Gut Microbiome Health Index (GMHI), 对肠道菌群中促健康微生物与疾病相关微生物的相对平衡状态进行了量化。最低分 0 分, 满分 100 分, 分数越高表示您的肠道健康状态越好。



二、菌群多样性



检测指标	参考人群位置*/范围
菌群多样性 (Shannon-index*)	75.0955%
肠道菌群属水平数量	80-200
肠道菌群种水平数量	250-600

注: *Shannon-index 值参考范围: 2—10 之间。

*参考人群位置: Shannon-index 值对应的健康人群分位数范围。对照组人群 Shannon-index 值从小到大排序后, 检测值对应的相对位置范围。

参考人群位置 ≥ 80%: 多样性高; 60% ≤ 参考人群位置 < 80%: 多样性较高; 40% ≤ 参考人群位置 < 60%: 多样性正常; 20% ≤ 参考人群位置 < 40%: 多样性偏低; 参考人群位置 < 20%: 多样性低。



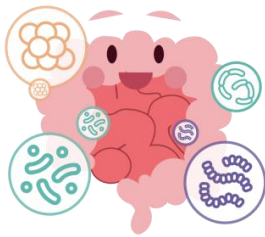
肠道菌群多样性表明菌群微生态的稳定性和面对外界致病菌等入侵的抵御能力, 多样性低不代表一定有疾病, 但是更容易受到饮食、环境或疾病的影响, 包括更易发生水土不服或更容易因饮食不洁导致腹泻等。

更高的多样性通常有着更健康的身体状况, 饮食中增加纤维素、规律运动可以提高菌群多样性。而抗生素的使用会大幅降低菌群多样性, 并且需要一段时间才能恢复。此外, 一些药物也降低菌群多样性, 如治疗胃溃疡和反酸的质子泵类药物会导致菌群多样性降低。

Shannon-index 值是评估样品中微生物多样性的指数之一, 它是反映 Alpha 多样性的常用指数。Shannon-index 值越大, 说明肠道微生物多样性越高。如果肠道菌群紊乱, 会抑制某些微生物的生长繁殖, 导致多样性指数偏低。



三、厚壁菌门/拟杆菌门指数



检测指标	检测结果	结果评价	参考范围
厚壁菌门/拟杆菌门 (F/B 值)	14.6153	偏向于厚壁菌	0.5-2
厚壁菌门	84.2847%	偏高	26.6808%-79.2852%
拟杆菌门	5.7669%	正常	5.3098%-48.5937%

厚壁菌门 (*Firmicutes*) 和拟杆菌门 (*Bacteroidetes*) 是人体肠道微生物群落中两个主要的细菌门类。厚壁菌门和拟杆菌门丰度比值又称为 F/B 比值，它与维持肠道稳态有关。研究显示，F/B 比值的变化可能与某些疾病和健康状态相关。

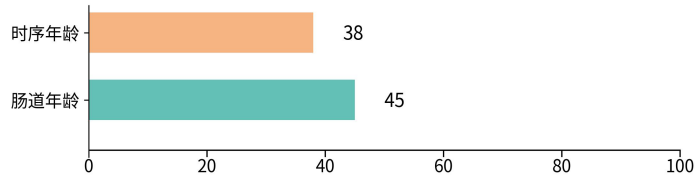
研究显示偏向拟杆菌门为主的肠道微生物生态的人群相对**体重较轻或与减重相关**。西方饮食方式通常会导致厚壁菌较多，**高热量饮食**会导致厚壁菌比例上升。通过增加或减少食谱中的特定食物可以改变这些菌的构成比例从而实现健康的体重。

F/B 比值的显著升高或降低通常与某些健康状况相关联，但这是一种相关性，而非绝对的因果关系。务必结合自身的饮食、健康状况，并在专业人士的指导下解读检测结果。

动态监测优于单次检测：如果您非常关心自己的菌群健康，在不同时间点（例如间隔 3-6 个月）监测 F/B 比值和其他指标的变化趋势，比只看一次绝对值更有意义。例如，在调整饮食结构后，观察比值是否向预期的方向变化。



四、肠龄



时序年龄: 按照出生日期计算的年龄。

肠道年龄: 根据肠道微生态状况评估的年龄, 并以此来预测肠道的老化状态。生物学和医学专家认为, 肠道的年龄与人体的健康状态密切相关, **拥有相对年轻的肠道可有助于延缓衰老**。“肠龄”的意义在于揭示您的肠道菌群状态是“超前”还是“滞后”于您的实际年龄, 从而为您的健康管理提供重要线索。

重要提示: 为准确判断肠道年龄是否处于健康合理区间, 根据大量人群数据研究, 不同年龄段设定了对应的肠道年龄正常偏差范围, 具体标准如下:

- 0~2 岁儿童: 肠道年龄正常偏差通常小于 3 个月;
- 3~5 岁儿童: 肠道年龄正常偏差需控制在 6 个月以内;
- 6~15 岁青少年: 肠道年龄正常偏差一般在 1 岁左右;
- 16~50 岁成年人: 肠道年龄正常偏差应在 3 岁以内;
- 50 岁以上人群: 肠道年龄正常偏差可放宽至 5 岁以内。

如果您的肠龄显著超出上述正常偏差范围 (无论是偏大还是偏小), 都可能表明您的肠道菌群处于异常状态, 提示存在健康风险或发育滞后问题。




• **肠龄 > 真实年龄:** 通常意味着肠道菌群多样性下降、有益菌减少、潜在有害菌增多, 或存在炎症等问题。

• **肠龄 < 真实年龄:** 可能表示肠道菌群发育不成熟或结构滞后, 未能随您的生理年龄同步进化。以下情况是导致肠龄显著偏离的常见原因:

- 肠道菌群紊乱 (生态失衡)
- 菌群结构过于单一, 多样性低
- 近期服用药物, 如抗生素、泻药等
- 正处于疾病状态或病原菌感染期
- 长期、单一地补充特定益生菌 (可能暂时改变菌群结构)



五、肠型

肠型 1 
肠型 2 
肠型 3 



★ 您的肠型评估结果为
肠型 3: 瘤胃球菌属型
(*ETF*)

肠型 (*Enterotype*) 是类似于人的血型的一种区分人体肠道微生物组成的指标, 在长期的饮食和生活习惯影响下而形成。肠道里的菌群类型和数量, 可以反映不同人的消化能力、免疫能力以及对药物的反应情况。根据对肠型分类起主要贡献的指示微生物种类的不同, 可将人体肠型大致分为三种:

肠型 1



拟杆菌型

该肠型以拟杆菌属 (*Bacteroides*) 细菌为特征, 通常与富含动物蛋白和饱和脂肪酸饮食相关, 且具有拟杆菌特异的碳水化合物酶而导致该肠型的碳水化合物代谢能力较强, 因此, 该肠型的糖和蛋白水解的潜能较强。

肠型 2



普雷沃型

该肠型以普氏菌属 (*Prevotella*) 细菌为特征, 通常与非西方或者富含纤维的饮食相关, 因为普氏菌属水解酶专门分解植物纤维; 也有报道指出该肠型脂肪和蛋白的分解发酵能力较低。

肠型 3



瘤胃球菌型

该肠型以瘤胃球菌属 (*Ruminococcus*) 为特征, 也有研究用厚壁菌型来代表此肠型。瘤胃球菌型通常具有较高的微生物多样性, 能降低宿主感染程度, 但该型的细菌生长率较低, 可能导致菌群平衡恢复的延迟。



六、肠道菌群平衡指数

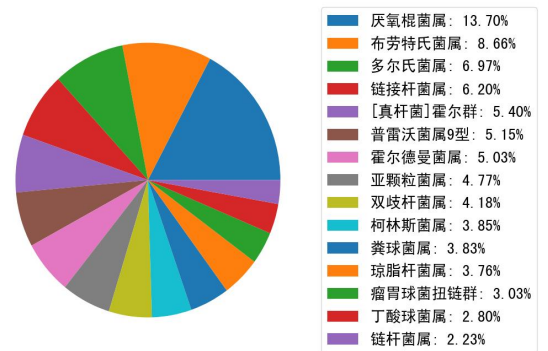
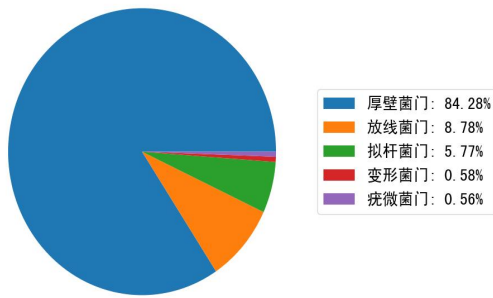


肠道菌群平衡指数，也可以称为菌群定植抗力，它的定义为：肠道共生菌群通过生态位竞争和代谢调控抑制病原体定植的生物学屏障功能。在菌群微生态检测中，使用双歧杆菌属与肠杆菌科的比值来进行表示，也就是肠道双歧杆菌属（*Bifidobacterium*）和肠杆菌科（*Enterobacteriaceae*）细菌相对丰度的比例。肠道内微生物定植抗力的细菌主要是包括双歧杆菌在内的厌氧菌，双歧杆菌等通过菌膜屏障，产生乙酸、乳酸降低肠道局部 pH 值，及产生具有广谱抗菌样作用的物质（甲醇、丙酮等）对肠道需氧的潜在致病菌起抑制作用。肠杆菌科等需氧条件致病菌的增加表明肠道定植抗力削弱或下降。

肠道微生物的定植抗力由于包含了肠道中构成定植抗力的主要有益专性厌氧菌（双歧杆菌）和主要的需氧条件致病菌（肠杆菌科）两个部分，所以能全面、简洁地反映肠道定植抗力概况。肠道微生物的定植抗力一般为大于 1，比值大于 1 说明肠道菌群的定植抗力正常；比值小于 1 则表示肠道菌群定植抗力受损；当比值低于 0.01 时提示肠道菌群定植抗力重度受损，肠道有益菌对致病菌的抑制作用大大减弱。

七、肠道微生物组分分析

肠道菌群是人体消化道内的微生物群落,对人体健康和代谢有着重要影响。下述结果根据门和属的相对丰度,展示您的肠道菌群结构组成。



您其中占比最高的十五种菌属依次为:

微生物属名	拉丁名	检测结果 (%)
厌氧棍菌属	<i>Anaerostipes</i>	13.70
布劳特氏菌属	<i>Blautia</i>	8.66
多尔氏菌属	<i>Dorea</i>	6.97
链接杆菌属	<i>Catenibacterium</i>	6.20
[真杆菌]霍尔群	<i>[Eubacterium] hallii group</i>	5.40
普雷沃菌属9型	<i>Prevotella_9</i>	5.15
霍尔德曼菌属	<i>Holdemanella</i>	5.03
亚颗粒菌属	<i>Subdoligranulum</i>	4.77
双歧杆菌属	<i>Bifidobacterium</i>	4.18
柯林斯菌属	<i>Collinsella</i>	3.85
粪球菌属	<i>Coprococcus</i>	3.83
琼脂杆菌属	<i>Agathobacter</i>	3.76
瘤胃球菌扭链群	<i>[Ruminococcus] torques group</i>	3.03
丁酸球菌属	<i>Butyricicoccus</i>	2.80
链杆菌属	<i>Fusicatenibacter</i>	2.23



7.1 有益菌检测



有益菌是定植于人体肠道中，对人体健康起到积极作用的活性微生物，可以改善宿主肠道微生态健康状况。研究表明，人的肠道里保持较多数量的有益菌群，将有利于维持身体健康。

微生物名	检测结果 (%)	参考范围 (%)	说明
有益菌总和	4.6696	-	-
嗜粘蛋白艾克曼菌 <i>Akkermansia muciniphila</i>	ND↓	0.0050-6.2738	专性降解黏蛋白作为能量来源，能刺激杯状细胞分泌黏蛋白，强化肠道屏障，其丰度与代谢健康（如减肥、胰岛素敏感性）正相关。
双歧杆菌属 <i>Bifidobacterium</i>	4.1760	0.0282-15.4602	肠道最重要的有益菌群之一，主导碳水化合物发酵，产生短链脂肪酸（如乙酸、乳酸），维持肠道酸性环境，抑制病原菌，强化肠道屏障，并参与免疫调节与维生素合成。
角双歧杆菌 <i>Bifidobacterium angulatum</i>	ND↓	0.0010-0.0500	其丰度与肠道菌群结构稳定性相关，参与膳食纤维的分解代谢。
动物双歧杆菌 <i>Bifidobacterium animalis</i>	ND	0-0.0414	以其强大的胃肠道耐受性和定植活力著称，能显著改善肠道运动，缓解便秘，调节免疫反应，是许多益生菌制品的重要菌株。
两歧双歧杆菌 <i>Bifidobacterium bifidum</i>	0.3952	0.0050-1.0000	是人体肠道最早的定植者之一，能有效利用母乳低聚糖，在婴儿期尤为重要；可降解硝酸盐，竞争性抑制致病菌粘附。
短双歧杆菌 <i>Bifidobacterium breve</i>	ND↓	0.0010-3.0000	在婴幼儿肠道中含量丰富，能有效利用多种低聚糖，减少肠道产气，缓解功能性胃肠不适，并具有抗过敏潜力。
链状双歧杆菌 <i>Bifidobacterium catenulatum</i>	ND↓	0.0050-1.0000	常以链状形式存在，其丰度与肠道菌群多样性正相关，参与维持微生物网络的稳定性。
长双歧杆菌 <i>Bifidobacterium longum</i>	0.0804	0.0013-11.7723	具有出色的定植能力和广泛的底物利用范围，能缓解肠道炎症，增强屏障功能，降解潜在致癌物，并通过“肠-脑轴”对压力应激产生积极调节作用。
粪双歧杆菌 <i>Bifidobacterium stercoris</i>	ND↓	0.0010-2.0000	成人肠道中的常见菌种，其丰度变化可能与肠道炎症性疾病及代谢状态有关。
氢营养布劳特菌 <i>Blautia hydrogenotrophica</i>	0.0260	0.0010-5.0000	能利用氢气还原二氧化碳产生乙酸，参与调节肠道氢分压，其丰度与较低的肥胖和代谢疾病风险相关。



穗状丁酸弧菌 <i>Butyrivibrio crossotus</i>	ND↓	0.0010-2.0000	活跃于膳食纤维降解, 是重要的丁酸生产者之一。
小克里斯滕森菌 <i>Christensenella minuta</i>	ND	0-5.0000	该属的模式菌种, 其定植显示出改善代谢表型的潜力, 是肠道菌群中与体重调控相关的关键菌。
丁酸梭菌 <i>Clostridium butyricum</i>	ND↓	0.0010-3.0000	重要的丁酸生产者, 能促进肠上皮细胞再生, 抑制炎症, 对预防和治疗抗生素相关性腹泻有显著效果。
粪杆菌属 <i>Faecalibacterium</i>	ND↓	2.0000-15.0000	是人体肠道中最丰富的丁酸生产菌之一, 其丰度下降是炎症性肠病等疾病的显著标志, 具有强效抗炎作用。
普拉梭菌 <i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	0.4676↓	5.0000-15.0000	肠道核心有益菌属, 其中普拉梭菌是产生丁酸的最重要菌种之一, 具有强效抗炎特性, 是肠道健康的关键指标。
乳酪杆菌属 <i>Lactocaseibacillus</i>	ND	0-0.2694	新划分的菌属, 包含一些原属乳杆菌的重要益生菌, 如鼠李糖乳杆菌, 擅长定植并调节免疫。
乳植杆菌属 <i>Lactiplantibacillus</i>	ND	0-0.0002	包含植物乳杆菌等, 能适应多种生态环境, 代谢灵活, 产生抗菌物质, 维持菌群平衡。
乳杆菌属 <i>Lactobacillus</i>	ND↓	0.0010-2.0365	一类重要的乳酸菌, 主导乳酸生产, 降低肠道 pH 值, 抑制有害菌, 是维持微生态平衡的核心菌属。
嗜酸乳杆菌 <i>Lactobacillus acidophilus</i>	ND	0-0.0030	能有效定植于小肠, 产生抗菌物质, 帮助控制小肠细菌过度生长, 促进营养吸收, 支持免疫功能。
德氏乳杆菌 <i>Lactobacillus delbrueckii</i>	ND	0-0.0049	在乳制品发酵中至关重要, 其某些亚种(如保加利亚乳杆菌)能改善乳糖不耐受, 促进肠道健康。
格氏乳杆菌 <i>Lactobacillus gasseri</i>	ND	0-0.1158	对酸和胆汁有良好的耐受性, 能调节脂肪代谢, 有助于体重管理, 并维持泌尿生殖道健康。
瑞士乳杆菌 <i>Lactobacillus helveticus</i>	ND	0-0.0001	具有强大的蛋白酶活性, 能产生降血压肽和 GABA, 对调节血压、改善睡眠和情绪有潜在益处。
约氏乳杆菌 <i>Lactobacillus johnsonii</i>	ND	0-0.0217	具有较强的免疫调节功能, 能增强宿主防御机制, 抑制幽门螺杆菌, 维护胃黏膜健康。
乳球菌属 <i>Lactococcus</i>	ND	0-0.0926	重要的乳酸菌, 常用于发酵, 在肠道中参与乳酸生产, 营造不利于致病菌的环境。
乳酸乳球菌 <i>Lactococcus lactis</i>	ND	0-0.0682	是食品工业的核心菌种, 也能作为益生菌传递抗原或酶制剂, 具有潜在的治疗应用价值。
棉子糖乳球菌 <i>Lactococcus raffinolactis</i>	ND	0-0.0004	可发酵棉子糖等特定糖类。
台湾乳球菌 <i>Lactococcus taiwanensis</i>	ND	0-0.0002	从发酵食品中分离得到, 其益生功能仍在探索中。
广布乳杆菌属 <i>Latilactobacillus</i>	ND	0-0.0006	广泛存在于发酵食品和肠道中, 参与糖类发酵。
乳酸明串珠菌 <i>Leuconostoc lactis</i>	ND	0-0.0021	用于乳制品发酵, 产生乳酸和风味物质。
肠膜明串珠菌 <i>Leuconostoc mesenteroides</i>	ND	0-0.0011	是泡菜等发酵食品的启动菌种, 能产生葡聚糖, 具有益生元潜力。



促生乳杆菌属 <i>Levilactobacillus</i>	ND	0-0.0005	与发酵过程密切相关, 某些菌种在维持肠道微生态平衡中起作用。
联合乳杆菌属 <i>Ligilactobacillus</i>	ND	0-0.4694	常定植于动物胃肠道黏膜, 与宿主共生, 参与黏膜免疫调节。
粘液乳杆菌属 <i>Limosilactobacillus</i>	ND	0-0.0862	对肠道黏膜层有亲和力, 能强化肠道生物屏障, 拮抗病原菌。
产甲酸草酸杆菌 <i>Oxalobacter formigenes</i>	ND	0-0.0584	专性降解和利用草酸盐, 其定植可显著降低尿液中草酸排泄, 是预防肾结石(草酸钙型)的关键细菌。
乳酸片球菌 <i>Pediococcus acidilactici</i>	ND	0-0.0009	产酸能力强, 能抑制食物腐败菌和病原菌, 作为益生菌可改善肠道菌群组成。
戊糖片球菌 <i>Pediococcus pentosaceus</i>	ND	0-0.0007	常用于发酵香肠和泡菜, 具有良好的益生特性, 能耐受胃肠道环境并定植。
琥珀酸考拉杆菌 <i>Phascolarctobacterium succinatutens</i>	ND	0-0.0244	主要代谢琥珀酸和乳酸, 产生丙酸, 其丰度与碳水化合物发酵能力相关, 影响能量代谢。
嗜热链球菌 <i>Streptococcus thermophilus</i>	ND	0-1.2649	广泛用于酸奶发酵, 能产生 β -半乳糖苷酶, 改善乳糖消化, 其代谢产物有助于肠道健康。

注: ND 是 "Not Detected" 的缩写, 代表未检出。

结果评价: 核心有益菌不足, 有一定的健康风险

结果解读: 核心共生菌群水平偏低, 表明肠道内核心菌属的数量和多样性不足, 肠道微生态处于失衡状态。这种情况可能导致消化不良、免疫力降低、肠道屏障功能受损以及代谢紊乱等问题。建议调节菌群平衡, 同时保持规律作息、减轻压力、适度运动, 以改善肠道健康。如情况需要, 也可在医生指导下考虑菌群移植, 以重建健康的肠道微生态环境。



7.2 有害菌检测



有害菌是肠道中危害健康的微生物，其过度增殖会破坏菌群平衡。长期失衡可导致免疫力下降、慢性炎症，增加感染及代谢性疾病风险。部分有害菌代谢产生的毒素还可能直接损伤肠道屏障，诱发腹泻、肠炎等病症。控制有害菌数量是保障肠道健康的关键。

微生物名	检测结果(%)	参考范围(%)	说明
气单胞菌属 <i>Aeromonas</i>	ND	0	广泛存在于水环境中，是条件致病菌，可导致腹泻、伤口感染和败血症，尤其在免疫力低下或暴露于污染水的个体中。
蜡样芽孢杆菌 <i>Bacillus cereus</i>	ND	0	广泛存在于环境中，特定条件下可导致食物中毒和其他感染，主要与其产生的毒素有关，食物中毒分为呕吐型和腹泻型。
布鲁杆菌属 <i>Brucella</i>	ND	0	人畜共患病原体，引起布鲁菌病（波浪热）。主要通过感染动物接触或食用未熟肉奶传播，导致发热、多汗、关节痛等。
弯曲菌属 <i>Campylobacter</i>	ND	0-0.0467	重要的人畜共患病原体，是细菌性肠胃炎的主要病因之一，主要通过污染的食物（尤其是禽肉）传播。
空肠弯曲菌 <i>Campylobacter jejuni</i>	ND	0-0.0017	弯曲菌属中最常见的人类致病种，引起发热、腹泻、腹痛，偶可引发吉兰-巴雷综合征等严重并发症。
艰难梭菌 <i>Clostridioides difficile</i>	ND	0-0.2907	专性厌氧菌，是抗生素相关性腹泻和假膜性肠炎的主要病原体。其过度生长与肠道菌群失调密切相关。
肉毒梭菌 <i>Clostridium botulinum</i>	ND	0-0.0021	产生肉毒毒素，引起以神经系统症状为主的肉毒中毒，如不及时治疗死亡率高。通常由摄入被污染的食物引起。
产气荚膜梭菌 <i>Clostridium perfringens</i>	ND	0-5.1427	广泛存在的厌氧菌，可导致食物中毒（肠毒素型）、气性坏疽（组织毒素型）等疾病。
克罗诺杆菌属 <i>Cronobacter</i>	ND	0	俗称“阪崎肠杆菌”，是婴儿配方奶粉中重要的污染菌，可引起新生儿脑膜炎、败血症等严重感染。
幽门螺杆菌 <i>Helicobacter pylori</i>	ND	0-0.0020	定植于胃黏膜的专性致病菌，是慢性胃炎、消化性溃疡、胃黏膜相关淋巴瘤和胃癌的主要病因。
单核细胞增生李斯特菌 <i>Listeria monocytogenes</i>	ND	0	食源性病原体，可在冷藏温度下生长，对孕妇、新生儿、老人和免疫低下者危害大，可导致脑膜炎、败血症。
分枝杆菌属 <i>Mycobacterium</i>	ND	0	包含多种重要病原体，可引起结核病、非结核分枝杆菌感染等，其定植或感染状况需结合临床综合判断。



微生物名	检测结果(%)	参考范围(%)	说明
结核分枝杆菌 <i>Mycobacterium tuberculosis</i>	ND	0	是引起人类结核病的专性病原体, 主要侵犯肺部, 也可累及全身其他器官。检测到需高度警惕并立即进行临床验证。
沙门菌属 <i>Salmonella</i>	ND	0-0.0906	重要的食源性病原菌, 包含伤寒沙门菌和非伤寒沙门菌, 可引起从自限性肠胃炎到危及生命的伤寒、败血症等疾病。
志贺菌属 <i>Shigella</i>	ND	0-1.1330	志贺菌属是引起人类细菌性痢疾的主要病原体, 其致病性非常强。其致病过程涉及多个环节, 主要包括侵入、细胞内繁殖、细胞间传播以及毒素作用。
金黄色葡萄球菌 <i>Staphylococcus aureus</i>	ND	0-0.8832	常见的革兰氏阳性球菌, 是皮肤软组织感染、食物中毒、肺炎、败血症及中毒性休克综合征的重要病原体, 耐甲氧西林菌株治疗挑战大。
弧菌属 <i>Vibrio</i>	ND	0	嗜盐革兰氏阴性菌, 常见于海水环境。霍乱弧菌引起霍乱, 副溶血性弧菌等可引起肠胃炎和伤口感染。
霍乱弧菌 <i>Vibrio cholerae</i>	ND	0	一种烈性肠道传染病—霍乱的病原体, 被列为甲类传染病, 具有极高的传染性。主要通过饮用被患者或带菌者粪便污染的水、食用污染的食物传播。
副溶血弧菌 <i>Vibrio parahaemolyticus</i>	ND	0	一种典型的食源性致病菌, 主要引起急性肠胃炎。其致病性主要与耐热直接溶血素(TDH)和相关溶血素(TRH)等有关。这些毒素可导致肠道细胞损伤和炎症反应。
耶尔森菌属 <i>Yersinia</i>	ND	0-0.0020	人畜共患病原菌, 其中鼠疫耶尔森菌和肠结肠炎耶尔森菌是重要人类病原体。
小肠结肠炎耶尔森菌 <i>Yersinia enterocolitica</i>	ND	0	能在4°C的低温下生长。是一种具有独特嗜冷特性的食源性病原体, 主要与猪肉相关。其临床重要性在于可引起类似阑尾炎的病症和感染后自身免疫并发症。
鼠疫耶尔森菌 <i>Yersinia pestis</i>	ND	0-0.0020	引起烈性传染病鼠疫, 可通过跳蚤叮咬或呼吸道飞沫传播, 致死率高, 是A类生物恐怖剂。

注: ND 是 “Not Detected” 的缩写, 代表未检出。

结果评价: 致病菌/条件致病菌较低水平, 肠道更健康

结果解读: 检测结果显示部分食源性致病菌水平偏低, 这通常表明肠道菌群中潜在致病微生物数量较少, 属于相对理想的肠道状态。建议继续保持均衡饮食、规律作息和适度运动等健康生活方式, 以维持良好的肠道微生态平衡。



7.3 中性菌检测



中性菌是具有多种功能的菌群，在不同的疾病、不同的微生态环境中发挥不同的作用，是具有**有益和有害作用的双向性菌群**，本报告仅列举了部分中性菌。

微生物名	检测结果 (%)	参考范围 (%)	说明
沙阿另枝菌 <i>Alistipes shahii</i>	0.0023	0-1.0559	另枝菌属的成员，能够产生琥珀酸，其丰度变化在炎症性肠病和抑郁症等疾病中均有报道，作用复杂。
产酸拟杆菌 <i>Bacteroides acidifaciens</i>	ND	0-0.1205	其代谢产物可能对宿主免疫有调节作用，在动物模型中显示与改善代谢综合征相关，在人体中的作用仍在深入研究中。
粪拟杆菌 <i>Bacteroides caccae</i>	ND	0-4.3430	肠道常见拟杆菌属成员，其临床意义需结合具体菌株和微环境判断。
脆弱拟杆菌 <i>Bacteroides fragilis</i>	ND	0-7.0369	拟杆菌属的模式菌种。绝大多数菌株是安全的共生菌，但有一小部分约 1-2%) 可能携带肠毒素基因，与肠道感染相关。
卵形拟杆菌 <i>Bacteroides ovatus</i>	ND	0-9.2406	高效的碳水化合物降解菌，能利用多种植物多糖。其功能具有菌株特异性，是维持肠道代谢功能的重要参与者。
粪便拟杆菌 <i>Bacteroides stercoris</i>	ND	0-9.1515	人体肠道核心菌群之一，参与多糖发酵。其丰度变化可能与肠道炎症状态相关，需结合整体菌群结构评估。
多形拟杆菌 <i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	ND	0-4.3295	肠道中最具代表性的多糖降解菌，能分解多种膳食纤维，对宿主营养代谢至关重要，但其过度生长也可能与生态失调有关。
单形拟杆菌 <i>Bacteroides uniformis</i>	ND	0-11.0351	常见的共生拟杆菌，其丰度与较高的菌群多样性和健康的代谢表型相关，被认为是有益菌群的标志之一。但可能引起机会性感染，如菌血症、腹腔脓肿等。
布劳特氏菌属 <i>Blautia</i>	8.6565	1.0000-15.0000	重要的产乙酸菌属，其丰度与代谢疾病风险相关，是肠道健康的积极指标。在极少数特定情况下，某些菌株可能与其他细菌协同作用，产生不太好的代谢物。



微生物名	检测结果 (%)	参考范围(%)	说明
卵形布劳特氏菌 <i>Blautia obeum</i>	ND↓	0.0050-5.0000	常见的产乙酸菌, 可能通过代谢氢气和二氧化碳来维持肠道厌氧环境, 支持其他有益菌生长。
生产布劳特氏菌 <i>Blautia producta</i>	ND	0-1.2418	能够产生乙酸和乳酸, 但其某些菌株也能产生 D-乳酸, 在特定病理状态下可能与 D-乳酸酸中毒相关。
韦克斯勒布劳特氏菌 <i>Blautia wexlerae</i>	ND	0-2.9036	布劳特氏菌属的一种, 具有产乙酸和改善代谢健康的潜力。
梭菌属 <i>Clostridium</i>	0.1178↓	1.0000-20.0000	一个极其多样化的菌属, 包含致命病原体(如肉毒梭菌), 也包含许多重要的共生菌, 不能一概而论, 需结合具体物种和临床背景分析。
粪球菌属 <i>Coprococcus</i>	3.8329	0.0050-5.0000	重要的产丁酸菌属之一, 其丰度与肠道健康正相关。同时, 某些物种可能参与多巴胺等神经活性物质的代谢, 与“肠-脑轴”相关。
灵巧粪球菌 <i>Coprococcus catus</i>	ND↓	0.0050-3.0000	粪球菌属的一员, 具有产丁酸能力, 但其具体的生理和病理作用有待更深入的研究。
脱硫弧菌属 <i>Desulfovibrio</i>	ND↓	0.0001-0.9287	硫酸盐还原菌, 其代谢产物硫化氢在高浓度时对肠上皮细胞有毒性, 其丰度增加可能与肠道炎症和屏障功能受损相关。
戴阿李斯特菌属 <i>Dialister</i>	2.0631	0.0010-7.4543	口腔和肠道中的常见菌属, 某些物种与牙周健康相关, 在肠道中其丰度变化与不同疾病状态相关, 作用复杂。
喜琥珀酸戴阿李斯特菌 <i>Dialister succinatiphilus</i>	ND	0-0.1319	利用琥珀酸作为底物, 其代谢活动可能影响肠道微环境的稳态。
迟缓埃格特菌 <i>Eggerthella lenta</i>	ND	0-0.1937	能够代谢宿主来源的化合物(如胆汁酸、植物雌激素等), 其活动可能影响药物代谢。在免疫抑制个体中可能引起机会性感染。
粪肠球菌 <i>Enterococcus faecalis</i>	ND	0-1.2451	常见的条件致病菌, 是医院内感染的重要病原体, 易产生耐药性, 可导致尿路感染、菌血症等。其存在需引起关注。
屎肠球菌 <i>Enterococcus faecium</i>	ND	0-0.5653	与粪肠球菌类似, 是重要的多重耐药条件致病菌, 特别是在免疫力低下个体中可引起严重感染。
大肠埃希菌 <i>Escherichia coli</i>	ND↓	0.0010-1.0000	肠道正常菌群主要成员, 但某些致病性菌株可引起腹泻、尿路感染、血流感染等多种疾病。
真杆菌属 <i>Eubacterium</i>	0.0362↓	3.0000-15.0000	一个多样化的菌属, 包含多种重要的产丁酸菌如 <i>E. rectale</i> , 是肠道健康的关键指标, 但部分菌种功能尚不明确。
具核梭杆菌 <i>Fusobacterium nucleatum</i>	ND↓	0.0010-1.0000	口腔常见共生菌, 但在结直肠癌组织中常异常富集。其丰度升高可能与肠道屏障受损、炎症加剧及肿瘤发生发展相关。
埃氏巨型球菌	ND	0-0.1414	主要代谢乳酸产生丙酸和丁酸, 在维持代谢平衡中



微生物名	检测结果 (%)	参考范围(%)	说明
<i>Megasphaera elsdenii</i>			起双重作用，其影响取决于营养环境。
马赛巨型球菌 <i>Megasphaera massiliensis</i>	ND	0-0.3368	功能与埃氏巨型球菌类似，是乳酸利用菌，其生态角色需进一步研究。
颤杆菌属 <i>Oscillibacter</i>	0.0566	0-5.0000	与较高的膳食纤维摄入和健康的代谢表型相关，但其具体代谢途径和功能尚在研究中，通常被认为是良性菌属。
颤螺菌属 <i>Oscillospira</i>	0.0815	0-5.0000	在健康人体内，它与许多积极健康指标相关，但在某些疾病状态下，它的丰度会发生变化，但其因果关系尚不明确。
副拟杆菌属 <i>Parabacteroides</i>	0.1030	0.0050-7.2812	肠道核心菌属之一，部分物种如狄氏副拟杆菌)被认为具有益生潜力，其属水平的变化可反映肠道代谢环境。
狄氏副拟杆菌 <i>Parabacteroides distasonis</i>	ND	0-4.3346	一种常见的肠道共生菌，近期研究显示其可能具有抗肥胖和改善葡萄糖稳态的潜力，其丰度下降与某些代谢疾病相关。
副普雷沃菌属 <i>Paraprevotella</i>	0.0102	0.0010-2.0000	与普雷沃菌属类似，其丰度与富含纤维的饮食相关，但在疾病中的具体角色尚不明确。
考拉杆菌属 <i>Phascolarctobacterium</i>	ND↓	0.0050-5.0000	重要的共生菌，主要代谢产物为丙酸，是一种有益的短链脂肪酸，与血糖调节和食欲控制相关。但在注意缺陷多动障碍 (ADHD) 较高。
普通海豹杆菌 <i>Phocaeicola vulgatus</i>	ND	0-21.0494	原为普通拟杆菌 (<i>Bacteroides vulgatus</i>) 重要的肠道共生菌，参与多糖代谢，但某些菌株可能在特定条件下具有促炎潜力，功能具有菌株依赖性。
普雷沃菌属 <i>Prevotella</i>	0.1483↓	1.0000-30.0000	其丰度与以植物性饮食为主的人群相关。在某些情况下与肠道健康正相关，但也可能与类风湿性关节炎等黏膜炎症性疾病相关，具有生态位特异性。
活泼瘤胃球菌 <i>Ruminococcus gnavus</i>	ND	0-0.0589	其丰度升高是肠道菌群失调的一个敏感标志，与炎症性肠病、湿疹等多种炎症性疾病显著相关，通常被视为有害菌。

注: ND 是 “Not Detected” 的缩写，代表未检出。



八、疾病风险评估



人体肠道微生态和许多疾病相关联，涵盖消化系统疾病、免疫系统疾病、神经系统疾病、内分泌代谢系统疾病以及心血管系统疾病等。如果某种肠道细菌的数量随着疾病加重而增加、随病情减轻而减少，两者为正相关，表明该菌种可能与疾病的发生发展存在协同变化关系。由于人体疾病的发生和发展是复杂的，是生活习惯、遗传因素和环境因素等共同作用的结果，因此疾病风险概率也会动态变化。本检测目前仅作为健康评估不作为疾病诊断，消化道出血或同时患有多种疾病可能会产生干扰并导致风险偏高。此外本检测存在概率，低风险不一定代表完全没有疾病，建议健康人群每半年进行一次全面评估，以实现健康风险的动态监测。若存在特殊健康状况，建议在专业医师指导下调整检测频率。

注：疾病风险仅基于本样本中的肠道微生态特征进行风险评估，并不作为临床诊断依据。

风险概率值范围为 0-1.0，根据每种疾病的风险值，将检测疾病风险分为以下四个等级：



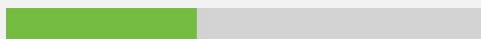

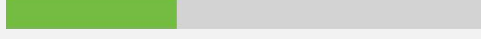
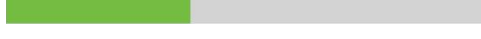
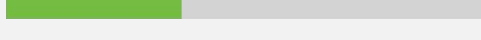

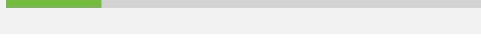

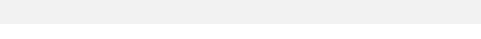
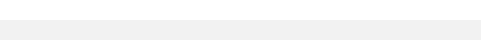
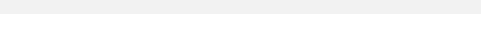
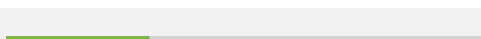

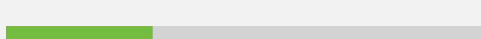

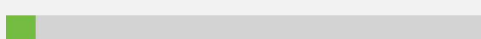


0 ≤ 风险概率值 ≤ 0.4: 归为低风险，表明菌群状态提示疾病风险较低；

0.4 < 风险概率值 ≤ 0.6: 归为注意，表明通过饮食调理和相应的注意就可以降低风险；

0.6 < 风险概率值 ≤ 0.8: 归为中风险，表明可能患有该疾病或处于疾病风险阶段，建议最好前往医院相关科室进行检查；

0.8 < 风险概率值 ≤ 1.0: 归为高风险，应重点关注并预防疾病的发生，且分值越高表明风险越高。因此我们强烈建议去医院进行相应检查并听从医生建议。



编号	疾病类型	疾病名	风险评估值	结果评价
1	消化系统	溃疡性结肠炎	 0.40	低风险
2	消化系统	腹泻	 0.45	注意
3	消化系统	便秘	 0.36	低风险
4	消化系统	肠易激综合征	 0.39	低风险
5	消化系统	克罗恩病	 0.37	低风险
6	心血管疾病	心血管病	 0.41	注意
7	心血管疾病	高血压	 0.20	低风险
8	心血管疾病	冠心病	 0.51	注意
9	代谢性疾病	非酒精性脂肪性肝病	 0.22	低风险
10	代谢性疾病	代谢综合征	 0.20	低风险
11	代谢性疾病	2型糖尿病	 0.12	低风险
12	代谢性疾病	高脂血症	 0.45	注意
13	神经精神疾病	抑郁症	 0.30	低风险
14	免疫相关疾病	类风湿关节炎	 0.60	注意
15	免疫相关疾病	食物过敏	 0.31	低风险
16	免疫相关疾病	过敏性鼻炎	 0.23	低风险
17	肿瘤	结直肠肿瘤	 0.06	低风险
18	肿瘤	胃癌	 <0.01	低风险



1、溃疡性结肠炎

是一种慢性非特异性炎症性肠病，病变主要连续性地累及结肠黏膜及黏膜下层，多从直肠开始，向近端延伸。其临床主要表现为反复发作的腹泻、黏液脓血便、腹痛及里急后重。该病病因未完全明确，目前公认为是遗传易感个体在环境因素触发下，肠道黏膜免疫系统对肠道菌群产生异常、持续的免疫反应所致。



0.40

低风险

微生物名	拉丁名	疾病相关性	检测结果 (%)	参考范围 (%)
华德萨特氏菌	<i>Sutterella wadsworthensis</i>	正相关	ND	0-1.3110
平常拟杆菌	<i>Bacteroides plebeius</i>	负相关	ND	0-10.1883
粪考拉杆菌	<i>Phascolarctobacterium faecium</i>	负相关	ND	0-3.1738
普氏栖粪杆菌	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	负相关	ND	2.0000-15.0000

2、腹泻

指排便次数增多 (>3 次/日) 或粪质稀薄、水量增加。其发生机制包括渗透性、分泌性、渗出性和动力异常等。病因涵盖感染 (病毒、细菌)、炎症性肠病、肠易激综合征、药物反应及肠道菌群失调等。



0.45

注意

微生物名	拉丁名	疾病相关性	检测结果 (%)	参考范围 (%)
卵形拟杆菌	<i>Bacteroides ovatus</i>	负相关	ND	0-9.2406
大肠埃希菌	<i>Escherichia-Shigella coli</i>	正相关	ND	0.0010-1.0000
弗氏柠檬酸杆菌	<i>Citrobacter freundii</i>	正相关	ND	0-0.5042
普氏栖粪杆菌	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	负相关	ND	2.0000-15.0000



3、便秘

是一种症状，表现为排便费力、次数减少（<3次/周）、粪便干硬或排便不尽感。可分为功能性和器质性，与结肠传输缓慢、盆底肌功能障碍、药物、内分泌疾病及不良生活方式等多种因素相关。



0.36

低风险

微生物名	拉丁名	疾病相关性	检测结果 (%)	参考范围 (%)
腐烂别样杆菌	<i>Alistipes putredinis</i>	正相关	ND	0-4.4987
唾液链球菌	<i>Streptococcus salivarius</i>	正相关	ND	0-3.4797
韦氏布劳特氏菌	<i>Blautia wexlerae</i>	负相关	ND	0-2.9036
卵形布劳特氏菌	<i>Blautia obeum</i>	负相关	ND	0.0050-5.0000

4、肠易激综合征

是一种功能性肠病，以腹痛、腹部不适伴排便习惯改变为特征，但无器质性病变。其发病与内脏高敏感性、胃肠道动力异常、中枢神经系统处理功能失调、肠道菌群紊乱及精神心理因素密切相关，即“脑-肠轴”互动异常。



0.39

低风险

微生物名	拉丁名	疾病相关性	检测结果 (%)	参考范围 (%)
沃氏嗜胆菌	<i>Bilophila wadsworthia</i>	正相关	ND	0-0.0138
普氏栖粪杆菌	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	负相关	ND	2.0000-15.0000
卵形拟杆菌	<i>Bacteroides ovatus</i>	负相关	ND	0-9.2406
卵形布劳特氏菌	<i>Blautia obeum</i>	负相关	ND	0.0050-5.0000



5、克罗恩病

是一种可累及消化道任何部位的慢性、透壁性、肉芽肿性炎症性肠病，以节段性、跳跃性病变为特征。病因涉及遗传、免疫、环境及肠道微生物等因素，病理核心为免疫系统对肠道微生物抗原的异常反应。



0.37

低风险

微生物名	拉丁名	疾病相关性	检测结果 (%)	参考范围 (%)
大肠埃希菌	<i>Escherichia-Shigella coli</i>	正相关	ND	0.0010-1.0000
唾液链球菌	<i>Streptococcus salivarius</i>	正相关	ND	0-3.4797
普氏栖粪杆菌	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	负相关	ND	2.0000-15.0000
副流感嗜血杆菌	<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	正相关	ND	0-0.0420

6、心血管病

是一组涉及心脏和血管的疾病，主要包括心力衰竭、心律失常、心肌病、心脏瓣膜病、先天性心脏病等。这类疾病是由于动脉粥样硬化、高脂血症等病理改变导致心脏和血管功能异常，进而引起全身组织器官缺血或出血性病变。



0.41

注意

微生物名	拉丁名	疾病相关性	检测结果 (%)	参考范围 (%)
大肠埃希菌	<i>Escherichia-Shigella coli</i>	正相关	ND	0.0010-1.0000
粪考拉杆菌	<i>Phascolarctobacterium faecium</i>	负相关	ND	0-3.1738
卵形布劳特氏菌	<i>Blautia obeum</i>	负相关	ND	0.0050-5.0000
唾液链球菌	<i>Streptococcus salivarius</i>	正相关	ND	0-3.4797



7、高血压

是以体循环动脉压升高为主要特点的临床综合征。诊断标准为未使用降压药物情况下，非同日 3 次测量诊室血压，收缩压 $\geq 140\text{mmHg}$ 和/或舒张压 $\geq 90\text{mmHg}$ 。它是心脑血管疾病最重要的独立危险因素。



0.20

低风险

微生物名	拉丁名	疾病相关性	检测结果 (%)	参考范围 (%)
简明弯曲杆菌	<i>Campylobacter concisus</i>	正相关	ND	0
龋齿罗斯氏菌	<i>Rothia dentocariosa</i>	正相关	ND	0-0.0065
牙髓卟啉单胞菌	<i>Porphyromonas endodontalis</i>	正相关	ND	0
回肠龙包茨氏菌	<i>Romboutsia ilealis</i>	负相关	ND	0-1.8836

8、冠心病

冠状动脉发生粥样硬化引起管腔狭窄或闭塞，导致心肌缺血、缺氧或坏死的心脏病。典型表现为胸痛（心绞痛），可发展为心肌梗死。动脉粥样硬化的形成是脂质沉积、炎症反应共同作用的慢性过程。



0.51

注意

微生物名	拉丁名	疾病相关性	检测结果 (%)	参考范围 (%)
产气柯林斯氏菌	<i>Collinsella aerofaciens</i>	正相关	ND	0-2.0421
黏液罗斯氏菌	<i>Rothia mucilaginosa</i>	正相关	ND	0-0.2969
短双歧杆菌	<i>Bifidobacterium breve</i>	负相关	ND	0.0010-3.0000
卵形拟杆菌	<i>Bacteroides ovatus</i>	负相关	ND	0-9.2406



9、非酒精性脂肪性肝

是一种与胰岛素抵抗和遗传易感相关的代谢应激性肝损伤，谱系包括单纯性脂肪变、脂肪性肝炎，可进展为肝纤维化、肝硬化。其发生与肥胖、2型糖尿病、高脂血症等代谢紊乱密切相关。



0.22

低风险

微生物名	拉丁名	疾病相关性	检测结果 (%)	参考范围 (%)
韦氏布劳特氏菌	<i>Blautia wexlerae</i>	负相关	ND	0-2.9036
卵形布劳特氏菌	<i>Blautia obeum</i>	负相关	ND	0.0050-5.0000
粪布劳特氏菌	<i>Blautia faecis</i>	负相关	ND	0-1.1096
普氏栖粪杆菌	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	负相关	ND	2.0000-15.0000

10、代谢综合征

是一组以腹型肥胖、高血压、血糖异常、致动脉粥样硬化性血脂紊乱等代谢危险因素聚集为特征的临床症候群。其核心病理生理机制是胰岛素抵抗，显著增加患2型糖尿病和心血管疾病的风险。



0.20

低风险

微生物名	拉丁名	疾病相关性	检测结果 (%)	参考范围 (%)
唾液链球菌	<i>Streptococcus salivarius</i>	正相关	ND	0-3.4797
粪便罗斯拜瑞氏菌	<i>Roseburia faecis</i>	负相关	ND	0-0.6364
瘤胃球菌双环变种	<i>Ruminococcus bicirculans</i>	正相关	ND	0-4.3978
转化异黄酮斯奈克氏菌	<i>Slackia isoflavoniconvertens</i>	正相关	ND	0-0.1293



11、2 型糖尿病

是由于胰岛素抵抗伴进行性胰岛素分泌不足所致的慢性高血糖代谢性疾病。典型症状为“三多一少”，但多数患者早期无症状。其发生与肥胖、缺乏运动等生活方式及遗传因素密切相关。



0.12

低风险

微生物名	拉丁名	疾病相关性	检测结果 (%)	参考范围 (%)
产气柯林斯氏菌	<i>Collinsella aerofaciens</i>	正相关	ND	0-2.0421
食葡萄糖罗斯拜瑞氏菌	<i>Roseburia inulinivorans</i>	负相关	ND	0-2.2280
韦氏布劳特氏菌	<i>Blautia wexlerae</i>	负相关	ND	0-2.9036
普氏栖粪杆菌	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	负相关	ND	2.0000-15.0000

12、高脂血症

指血浆中胆固醇、甘油三酯等脂质水平升高，是动脉粥样硬化性心血管疾病的明确危险因素。根据升高的脂质成分不同，可分为高胆固醇血症、高甘油三酯血症等类型。



0.45

注意

微生物名	拉丁名	疾病相关性	检测结果 (%)	参考范围 (%)
短双歧杆菌	<i>Bifidobacterium breve</i>	负相关	ND	0.0010-3.0000
卵形拟杆菌	<i>Bacteroides ovatus</i>	负相关	ND	0-9.2406
韦氏布劳特氏菌	<i>Blautia wexlerae</i>	负相关	ND	0-2.9036
普氏栖粪杆菌	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	负相关	ND	2.0000-15.0000



13、抑郁症

是以显著而持久的心境低落为核心临床表现的精神障碍，可伴有思维迟缓、意志活动减退及躯体症状。其发病与遗传、神经生化（如单胺类递质失调）、内分泌及心理社会因素有关。



0.30

低风险

微生物名	拉丁名	疾病相关性	检测结果 (%)	参考范围 (%)
大肠埃希菌	<i>Escherichia-Shigella coli</i>	正相关	ND	0.0010-1.0000
卵形布劳特氏菌	<i>Blautia obeum</i>	负相关	ND	0.0050-5.0000
铜绿假单胞菌	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	正相关	ND	0-0.0162
回肠龙包茨氏菌	<i>Romboutsia ilealis</i>	负相关	ND	0-1.8836

14、类风湿关节炎

是一种以侵蚀性、对称性多关节炎为主要表现的自身免疫病。基本病理改变为滑膜炎，可有关节外多系统受累。血清中可出现类风湿因子、抗环瓜氨酸肽抗体等自身抗体。



0.60

注意

微生物名	拉丁名	疾病相关性	检测结果 (%)	参考范围 (%)
缓慢爱格士氏菌	<i>Eggerthella lenta</i>	正相关	ND	0-0.1937
普氏栖粪杆菌	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	负相关	ND	2.0000-15.0000
口腔链球菌	<i>Streptococcus oralis</i>	正相关	ND	0-0.8973
粪副拟杆菌	<i>Parabacteroides merdae</i>	负相关	ND	0-4.0840



15、食物过敏

是免疫机制介导的食物不良反应，由特异性免疫球蛋白 E (IgE) 或非 IgE 机制引发。临床表现多样，轻者为皮肤、消化道症状，重者可发生过敏性休克。



0.31

低风险

微生物名	拉丁名	疾病相关性	检测结果 (%)	参考范围 (%)
黏液罗斯氏菌	<i>Rothia mucilaginosa</i>	正相关	ND	0-0.2969
唾液链球菌	<i>Streptococcus salivarius</i>	正相关	ND	0-3.4797
金黄色葡萄球菌	<i>Staphylococcus aureus</i>	正相关	ND	0-0.8832
短双歧杆菌	<i>Bifidobacterium breve</i>	负相关	ND	0.0010-3.0000

16、过敏性鼻炎

是 IgE 介导的鼻黏膜非感染性慢性炎性疾病。典型症状为阵发性喷嚏、清水样涕、鼻痒和鼻塞。根据过敏原暴露时间可分为常年性和季节性。



0.23

低风险

微生物名	拉丁名	疾病相关性	检测结果 (%)	参考范围 (%)
托拉斯假单胞菌	<i>Pseudomonas tolaasii</i>	正相关	ND	0
戴氏西地西菌	<i>Cedecea davisae</i>	正相关	ND	0
维罗尼假单胞菌	<i>Pseudomonas veronii</i>	正相关	ND	0
两歧双歧杆菌	<i>Bifidobacterium bifidum</i>	负相关	0.3952	0.0050-1.0000



17、结直肠肿瘤

是发生于结直肠的肿瘤性病变，包括腺瘤和癌。多数结直肠癌遵循“腺瘤-癌”序列演变。危险因素包括高脂低纤维饮食、炎症性肠病、遗传因素（如林奇综合征）等。



0.06

低风险

微生物名	拉丁名	疾病相关性	检测结果 (%)	参考范围 (%)
卵形布劳特氏菌	<i>Blautia obeum</i>	负相关	ND	0.0050-5.0000
韦氏布劳特氏菌	<i>Blautia wexlerae</i>	负相关	ND	0-2.9036
回肠龙包茨氏菌	<i>Romboutsia ilealis</i>	负相关	ND	0-1.8836
宠大厌氧棒状菌	<i>Anaerostipes hadrus</i>	负相关	8.4255	0-3.6984

18、胃癌

是起源于胃黏膜上皮的恶性肿瘤，主要为腺癌。其发生是多因素、多步骤的过程，涉及幽门螺杆菌感染、饮食因素、萎缩性胃炎、肠上皮化生、不典型增生等多个阶段。



<0.01

低风险

微生物名	拉丁名	疾病相关性	检测结果 (%)	参考范围 (%)
牙周梭杆菌	<i>Fusobacterium periodonticum</i>	正相关	ND	0-0.0279
幽门螺杆菌	<i>Helicobacter pylori</i>	正相关	ND	0-0.0020
口腔内普雷沃氏菌	<i>Prevotella oris</i>	正相关	ND	0
短双歧杆菌	<i>Bifidobacterium breve</i>	负相关	ND	0.0010-3.0000



九、物质代谢与营养素评估



肠道微生态和人体的营养摄入以及物质合成代谢等功能存在密切关联，比如主要营养物质（碳水化合物、蛋白质、脂肪等）的摄入水平就和某些特定种类的细菌丰度存在强相关性。另外，越来越多研究表明，人体健康所需的微量元素、短链脂肪酸以及多种维生素的合成代谢也非常依赖于特定种类细菌的生命活动。

利用目前已有的研究论文结果以及营养健康与肠道微生态相关性的数据库，我们针对多种营养物质构成的摄入和构成水平进行预测，对多种微量元素、短链脂肪酸以及维生素的合成代谢能力进行评估。我们的检测可以有效评估大部分的营养缺乏或者过剩。

但需要注意的是，本检测目前仅作为营养摄入评估，不作为疾病诊断的依据。此外本检测仅提示近期肠道微生态结构所反映某种营养物质过高或缺乏的概率情况。如有必要，需进行更为专业的营养学检测。

宏量营养素代谢

评估指标	评估值	参考范围	说明
碳水化合物	212.08	197.47-412.10	负责降解人体无法消化的膳食多糖与抗性淀粉，生成葡萄糖等能量物质，并为短链脂肪酸（SCFAs）的合成提供前体，是宿主能量平衡的关键调节者。
蛋白质	62.90	62.09-126.44	通过蛋白酶和肽酶参与蛋白质的分解代谢，将膳食蛋白转化为氨基酸及短链脂肪酸。
脂肪	76.45	68.25-156.33	通过胆汁酸代谢介导脂质乳化与吸收，并能将膳食脂肪转化为共轭亚油酸（CLA）等生物活性分子，直接参与宿主的脂代谢调节与能量稳态维持。



膳食纤维代谢

评估指标	评估值	参考范围	说明
膳食纤维	53.97	52.75-109.71	菌群最核心的代谢功能之一，主要产物为短链脂肪酸（乙酸、丙酸、丁酸），显著降低肠道 pH，抑制病原菌生长，并强化肠道屏障功能与免疫调节。

神经递质合成

评估指标	评估值	参考范围	说明
多巴胺	3.25 ↓	3.84-8.79	合成多巴胺前体 L-酪氨酸或表达酪氨酸羟化酶，直接影响中枢及肠神经系统的多巴胺水平，参与运动控制、情绪及动机行为的调节。
γ-氨基丁酸	69.08	65.13-137.37	谷氨酸脱羧酶将谷氨酸转化为 GABA（中枢神经系统主要的抑制性神经递质），菌源 GABA 通过肠-脑轴影响焦虑、应激反应与睡眠质量。
血清素	2.46	1.91-5.21	菌群通过调节色氨酸代谢途径直接影响血清素水平，进而调控胃肠动力、情绪及骨密度。

短链脂肪酸合成

评估指标	评估值	参考范围	说明
乙酸	127.60 ↓	130.45-270.80	作为能量底物，参与胆固醇代谢和脂质合成，并通过激活 GPR43 受体发挥全身性抗炎和调节食欲的作用。
丙酸	27.84	26.46-55.59	参与糖异生，并作为信号分子抑制胆固醇合成、增强饱腹感。还具有免疫调节功能，能诱导调节性 T 细胞（Tregs）的分化。
丁酸	10.31 ↓	10.39-22.24	结肠上皮细胞的主要能量来源，通过激活 GPR109A 和抑制 HDACs，发挥强效抗炎和抗肿瘤作用，是肠道健康的关键指标。
戊酸	81.07	73.28-152.96	一种较少研究的 SCFA，主要由蛋白质发酵产生。其生理功能可能与丁酸类似，参与肠道能量供应。



嘌呤代谢

评估指标	评估值	参考范围	说明
嘌呤	153.64	149.29-310.39	菌群参与嘌呤的分解与回收利用,影响内源性尿酸的生成。菌群失调可能导致嘌呤代谢异常,尿酸水平升高,增加痛风及代谢综合征的风险。

葡萄糖代谢

评估指标	评估值	参考范围	说明
葡萄糖合成	41.73	28.25-63.86	菌群通过糖异生和糖酵解途径贡献内源性葡萄糖生成,影响血糖稳态。
葡萄糖分解	92.39 ↓	98.34-210.83	反映菌群对葡萄糖的分解能力,直接关系到能量供给与糖代谢健康。

支链氨基酸代谢

评估指标	评估值	参考范围	说明
亮氨酸	79.10	72.20-147.98	一种必需支链氨基酸 (BCAA)。菌群参与其代谢,分解产物 (如 α -酮异己酸) 可作为信号分子,调节肌肉蛋白质合成代谢和胰岛素分泌。
异亮氨酸	84.65	74.84-156.12	支链氨基酸之一,菌群代谢产物 (如 2-甲基丁酸) 影响能量代谢和细胞应激反应。其代谢紊乱与胰岛素抵抗和代谢综合征相关。
缬氨酸	107.93	98.44-203.28	支链氨基酸,菌群代谢对其体内平衡至关重要。代谢异常可能与肝性脑病、氮排泄障碍等有关。

次级胆汁酸合成

评估指标	评估值	参考范围	说明
次级胆汁酸	12.18	9.28-40.71	作为重要的信号分子,激活 FXR 和 TGR5 受体,调控宿主脂质、葡萄糖代谢和能量消耗,但过高水平具有肠上皮毒性。



维生素合成

评估指标	评估值	参考范围	说明
维生素 A	0.31	0.00-0.78	菌群本身不直接合成视黄醇, 但可通过代谢膳食纤维促进短链脂肪酸产生, 进而影响视黄醇代谢。
维生素 B1	54.50	46.58-100.58	菌群合成硫胺素焦磷酸 (TPP), 它是碳水化合物代谢和支链氨基酸分解中关键酶 (如丙酮酸脱氢酶复合物) 的辅因子。
维生素 B2	23.64	21.64-46.68	菌群合成核黄素 (FMN/FAD 前体), 对细胞能量生成 (呼吸链)、抗氧化防御 (谷胱甘肽还原酶) 及脂质代谢至关重要。
维生素 B3	16.92	16.08-32.81	菌群通过合成烟酸和调节 NAD+ 代谢影响 Sirtuins 信号通路, 从而增强其 DNA 修复、能量代谢和抗炎功能。
维生素 B5	34.68	27.84-60.93	菌群合成泛酸, 是辅酶 A 和酰基载体蛋白的组成部分, 广泛参与三羧酸循环、脂肪酸合成与降解、胆碱乙酰化等核心代谢过程。
维生素 B6	14.72 ↓	18.02-36.62	菌群合成吡哆醛 5'-磷酸, 主要参与氨基酸代谢 (转氨、脱羧)、神经递质合成 (如 GABA、多巴胺)、血红蛋白生成和免疫调节。
维生素 B12	11.24	8.38-20.09	菌群合成钴胺素 (甲硫氨酸合成酶和甲基丙二酰 CoA 变位酶的辅因子), 参与造血、中枢神经系统髓鞘维持和奇数链脂肪酸代谢。
维生素 C	23.53	16.82-41.52	菌群通过抗氧化作用和产生 SCFAs 降低肠道氧化应激, 间接节约和稳定维生素 C, 但其对维生素 C 水平的直接影响很小。
维生素 D	0.01	0.00-0.02	菌群通过 SCFAs 和免疫调节影响维生素 D 受体 (VDR) 表达和活性, 从而放大其促进钙吸收、抗菌肽表达和免疫调节的作用。
维生素 E	1.82 ↓	4.58-12.45	菌群代谢产生的 SCFAs 有助于维持肠道健康环境, 能间接促进维生素 E 的吸收和再循环, 保护细胞膜免受脂质过氧化损伤。
维生素 H/B7	1.36 ↓	7.21-35.89	生物素在维持肠道上皮细胞的健康和完整性方面扮演着关键角色。肠道上皮细胞是隔绝肠道内细菌和毒素进入血液的重要物理屏障。
维生素 K1	0.34 ↓	0.74-8.30	其吸收依赖于菌群维持的健康肠道环境。作为羧化酶辅因子, 主要负责激活肝脏凝血因子 (II、VII、IX、X), 维持正常凝血功能。
维生素 K2	5.77 ↓	13.95-90.95	负责激活骨钙素和基质 Gla 蛋白, 引导钙离子沉积于骨骼、抑制血管钙化, 对心血管和骨骼健康至关重要。
维生素 K3	13.06 ↓	13.98-32.30	人工合成形式, 菌群可能参与其转化与代谢。
叶酸/维生素 B9	39.60 ↓	42.93-89.17	菌群合成四氢叶酸 (THF), 参与嘌呤、胸苷酸合成及 DNA 甲基化修复, 对细胞分裂、造血功能和神经系统发育至关重要。



常量元素吸收

评估指标	评估值	参考范围	说明
镁	5.34	4.81-12.00	菌群提高镁离子的溶解度和生物利用度, 促进其吸收。镁是 300 多种酶的辅因子, 参与 ATP 代谢、DNA 稳定和肌肉神经功能。

微量元素吸收

评估指标	评估值	参考范围	说明
硒	14.27 ↓	16.27-32.98	硒是谷胱甘肽过氧化物酶和硫氧还蛋白还原酶的必需组分, 在抗氧化防御和甲状腺激素代谢中起核心作用。
铁	22.98	18.78-40.31	菌群通过多种机制复杂地调节铁稳态: 竞争性利用铁限制病原菌生长; 发酵产物调节十二指肠细胞铁吸收蛋白的表达。

其他

评估指标	评估值	参考范围	说明
辅酶 Q 合成	7.16 ↓	10.08-24.30	菌群合成泛醌, 它是线粒体电子传递链中的关键电子载体和强大的脂溶性抗氧化剂, 对细胞能量 (ATP) 生成和防止脂质过氧化至关重要。
NAD+合成	48.94 ↓	52.12-119.87	菌群参与烟酸/烟酰胺代谢, 提供 NAD+合成的前体。NAD+是 sirtuins 和 PARPs 等酶的底物, 参与氧化还原反应、DNA 修复、细胞衰老和能量代谢的核心调控。
GLP-1 合成	12.36	9.93-42.55	GLP-1 以葡萄糖浓度依赖性方式促进胰岛素分泌、抑制胰高血糖素释放、延缓胃排空并增加饱腹感, 是血糖稳态和体重调节的关键调节因子。
氨生成	53.98 ↓	55.50-112.86	肠道细菌通过脲酶和氨基酸脱氨酶分解含氮物质 (尿素、蛋白质) 产生氨。过量氨可损伤肠上皮细胞, 增加肝脏尿素循环负担。
氨消除	17.55 ↓	19.43-43.00	部分菌群能利用氨合成自身氨基酸和蛋白质, 或将其转化为其他含氮废物, 从而帮助宿主降低氨负荷, 维持氮代谢平衡。
苯乙胺代谢	3.26 ↓	3.92-9.97	菌群通过氨基酸脱羧酶代谢苯丙氨酸产生苯乙胺。苯乙胺是一种生物胺, 影响神经调节、血压和多巴胺系统, 过量可能与偏头痛和高血压相关。

备注: 代谢数值是基于检测到的菌群种类及相对丰度通过功能预测计算得出, 其数值大小示合成或者代谢能力的强弱。



十、免疫力的评估

肠道作为人体重要免疫器官，承载着 70% 以上的免疫功能，聚集了超过 70% 的免疫细胞，构成抵御病原体的重要防线。在现代医学与生命科学领域，维持肠道微生态平衡已被公认为提升机体免疫力的关键策略。需要明确的是，评估肠道免疫功能并非直接检测免疫细胞，而是采用间接分析手段—通过测定与免疫反应密切相关的肠道菌群丰度，构建肠道免疫状态的评估模型。同样，肠道抗炎能力的量化也依赖于特定菌群的检测：通过分析具有抗炎特性的肠道菌群数量变化，精准推断促炎因子与抗炎因子的动态平衡，从而全面掌握肠道的抗炎效能。

评估指标	评估值	参考范围	说明
肠道免疫力	11.48	11.14-24.04	肠道菌群通过分泌细菌素、乳酸等，直接抑制或杀死病原菌。促进调节性 T 细胞的产生；调节辅助性 T 细胞 (Th1/Th2/Th17) 的平衡。
肠道抗炎能力	1.17	0.20-2.09	肠道菌群发酵膳食纤维后产生的短链脂肪酸，是最强的“抗炎武器”。促进肠道上皮细胞分泌粘蛋白，能有效防止细菌、毒素等“炎症触发物”进入血液循环。



十一、样本质量质控结果

内容	测序序列数	Q30	GC
样本数据	1,200,000	95.72%	52.63%
质控标准	≥500,000	≥90%	40%-60%
质控结果	合格	合格	合格

注: Q30, 表示碱基错误识别的概率为 0.1%, 即正确率为 99.9%, Q30 比例指正确率超过 99.9%的碱基占比。

十二、检测说明

1. 人体肠道微生态中的微生物代谢活跃, 被认为是人体后天获得的"第二基因组"。这些微生物在肠道中保持着一种动态的平衡, 能够合成维生素、帮助人体从食物中吸收营养、维持肠道免疫系统功能、抵挡有害微生物的侵害。而当肠道微生态发生紊乱时, 可能会导致某种疾病或不良健康状况。
2. 本检测采用高通量基因测序, 通过从粪便样本中提取细菌总DNA, 进行16S rDNA靶向扩增, 基于Salus等高通量测序平台进行DNA测序, 根据Silva138 (涵盖物种序列信息>70000个种, >8000个属) 等数据库, 进行生物信息分析, 分析人体肠道微生态结构及多样性, 了解肠道微生态总体失衡状况, 监测及评估患者肠道健康状况, 为下一步诊疗提供依据。同时可用于微生态治疗后的随访检测。微生物宏基因组检测可检测样本中更多微生物的DNA, 包括细菌、真菌、寄生虫、病毒等, 物种鉴定更精准。如需更详细的微生态状况, 可进行微生物宏基因组检测。
3. 本报告仅针对本次送检标本, 仅供临床参考, 如有问题请与我实验室联系。



十三、参考文献

- Ren, Y., et al., (2023). *Scientific reports*,13(1), 14425.
- Qi, Q., et al., (2022). *Gut*,71(6), 1095–1105.
- Kang, X., et al., (2023). *Gut*,72(11), 2112–2122.
- Stephen-Victor, E., et al., (2025). *Nature*,638(8051), 760–768.
- Fackelmann, G., et al., (2025). *Nature microbiology*,10(1), 41–52.
- Zhang, T., et al., (2025). *Nature microbiology*,10(2), 348–361.
- Yin, Q., et al., (2025). *Nature microbiology*,10(2), 541–553.
- Wu, Y., et al., (2024). *Nature communications*,15(1), 9291.
- Huang, H. J., et al., (2024). *iMeta*,3(5), e242.
- Zhang, J., et al., (2024). *Advanced science*,11(19), e2310068.
- Ma, F., et al., (2024). *Cell metabolism*,36(11), 2367–2382.e5.
- Zhang, Z., et al., (2025). *Cell reports*,44(2), 115265.
- Wang, X., et al., (2024). *Cancer cell*,42(10), 1729–1746.e8.
- Zha, X., et al., (2025). *Cell metabolism*,37(1), 169–186.e9.
- Fu, K., et al., (2024). *Cell*,187(4), 882–896.e17.
- Wang, Z., et al., (2025). *Microbiome*,13(1), 16.
- Nychas, E., et al., (2025). *Microbiome*,13(1), 10.
- Wan, Y., et al., (2024). *Gut microbes*,16(1), 2418984.
- Li, M., et al., (2024). *Gut microbes*,16(1), 2377576.
- de Oliveira Alves, et al., (2024). *Gut microbes*,16(1), 2320291.
- Sun, X. W., et al., (2024). *Gut microbes*,16(1), 2347725.
- Srivastava, S., et al., (2024). *Gut microbes*,16(1), 2338322.
- Xu, J., et al., (2024). *Gut microbes*,16(1), 2302065.
- He, X., et al., (2025). *Nature medicine*,31(2), 627–638.
- Bongiovanni, T., et al., (2025). *Microbiome*,13(1), 1.
- Wang, X., et al., (2025). *Nature microbiology*,10(1), 169–184.
- Lee, Y. C., et al., (2024). *JAMA*,332(19), 1642–1651.
- He, Z., et al., (2024). *Cell host & microbe*,32(12), 2080–2091.e6.
- Pennisi E. (2024). *Science*,385(6716), 1404.
- Zhang, L., et al., (2024). *Nature microbiology*,9(9), 2292–2307.
- Hayase, E., et al., (2024). *Cell host & microbe*,32(9), 1621–1636.e6.
- Cornish, A. J., et al., (2024). *Nature*,633(8028), 127–136.
- Kim, Y., et al., (2024). *Cell host & microbe*,32(8), 1380–1393.e9.
- Nie, Q., et al., (2024). *Cell*,187(11), 2717–2734.e33.
- Tropini C. (2025). *Nature reviews. Gastroenterology & hepatology*,22(2), 84–85.
- Zheng, J., et al., (2024). *Nature medicine*,30(12), 3555–3567.
- Haifer, C., et al., (2022). *The lancet. Gastroenterology & hepatology*,7(2), 141–151.
- Liu, Q., et al., (2023). *Gut*,72(1), 5–7.
- Haifer, C., et al., (2022). *Gut*, gutjnl-2022-327742.
- Wang, Z., et al., (2022). *Cell reports*,41(13), 111890.
- Lopetuso, L. R., et al., (2023). *Gut*,72(9), 1642–1650.
- Zhang, B., et al., (2023). *Microbiology spectrum*,11(1), e0215921.
- Xu, Y. S., et al., (2022). *Beneficial microbes*,13(6), 427–436.
- Balakrishnan, B., et al., (2023). *Science advances*,9(35), eadg1129.
- Zhou, J., et al., (2024). *Microbial pathogenesis*,192, 106667.
- Wu, G., et al. (2024). *Cell*, 187(23):6550–6565.e11.
- Chang, D., et al., (2024). *Nature Communications*, 15(1).
- Gupta, VK., et al., (2020). *Nature communications*, 11(1):4635.
- Wang, T., et al., (2024). *Nature Medicine*,30(6):29.
- Tito, R. Y., et al., (2024). *Nature medicine*, 30(5), 1339–1348.

