



武汉益鼎天养生物科技有限公司



肠道菌群检测

Intestinal Flora Detection

风险评估和疾病干预报告

Risk Assessment And Disease Intervention Report



Wuhan Gut Flora Biotechnology Co., Ltd
武汉益鼎天养生物科技有限公司



武汉益鼎天养生物科技有限公司

个人信息

PERSONAL INFORMATION

姓 名	
性 别	
检测编号	
到样日期	
报告日期	

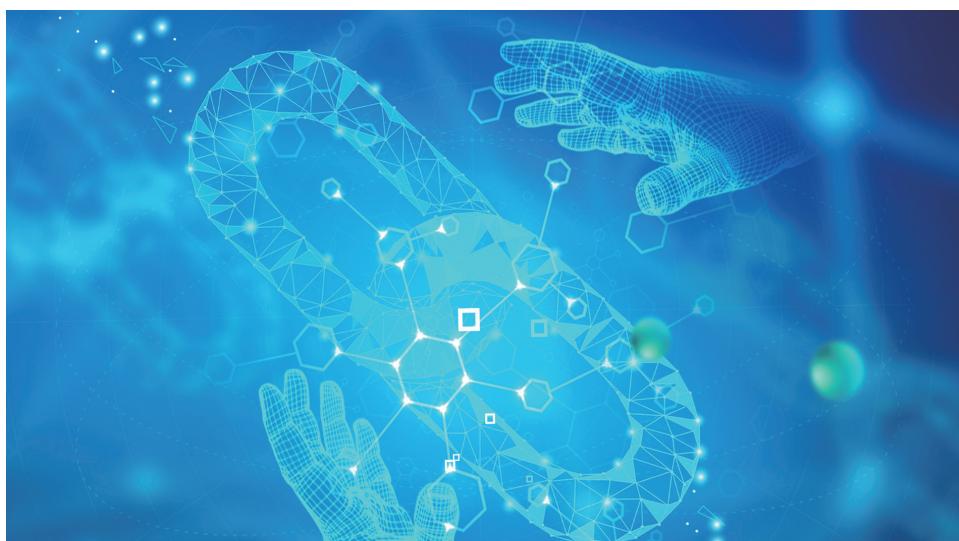
一切疾病皆源于肠道

——医学之父 希波克拉底

公司简介	01-03
技术背景介绍	04-06
健康风险评估结果总览	07
二型糖尿病	08-12
痛风	13-17
非酒精性脂肪性肝病	18-22
肥胖	23-28
便秘	29-33
炎症性肠病	34-38
克罗恩病	39-43
抑郁症	44-48
自闭症	49-53
结肠疾病	54-59
一型糖尿病	60-64
肠道菌群组成和丰度	65
报告补充说明	66

武汉益鼎天养生物科技有限公司，是一家专注于人类肠道微生态重建和肠道微生态个性化健康管理的高新技术企业。公司由“美益添生物医药（武汉）有限公司”和“湖北九鼎自然健康管理有限公司”共同创办，于2019年9月27日注册成立。公司积极响应《“健康中国2030”规划纲要》和《中共中央国务院关于促进中医药传承创新发展的意见》（2020）等国家政策，以“未病先防”“治未病”为目标，以中草药（药食同源）为工具，以肠道菌群为突破口，致力于人类的大健康事业。公司拥有国际领先的现代化微生态研发平台和通过官方机构验收的符合国际/国内标准的SPF（无特定病原体）级屏障小动物研究平台，联合华中科技大学、湖北大学、湖北工业大学和湖北中医药大学建立了“肠道微生态联合实验室”及“肠道菌群大数据联合实验室”。公司利用AI技术、大数据和微生态研发平台，系统分析研究了肠道菌群—疾病—中草药（天然食材）的生物学特性和关联关系，构建了全球独有的具有自主知识产权的肠道菌群—疾病—中草药（天然食材）数据库。

武汉益鼎天养生物科技有限公司拥有一系列专业检测设备和完整的标准化生物信息分析技术，能高效的完成人类肠道菌群检测与可靠的数据分析，为用户提供专业的肠道微生态个性化私人健康管理服务。基于肠道微生态以及中医药食同源的理论和技术，公司不仅可评估多种慢病的严重程度和早期预测重大疾病，还可以追根溯源确定发病原因，并能通过本草益生元产品重建肠道微生态，从而降低多种疾病的发生疾病的风险。公司以“天生人，必养人”的理念为发展导向，以精准营养和精准中医药让10亿人类多活20年为企业使命。





益鼎天养

武汉益鼎天养生物科技有限公司

武汉益鼎天养生物科技有限公司拥有超强的豪华研究团队阵容：

公司发起人沈鹤霄博士，曾就读和就职于湖北大学和中国科学院微生物研究所，国家人社部认证的正高级工程师（正教授级别），中国生物医药界最年轻的正高级工程师，在微生物领域有近20年的研究经验，三家诺贝尔奖工作站的总负责人，华中农业大学的博士后导师，湖北大学的博士后导师同时也是湖北大学建校史上最年轻的校董，华中科技大学的硕士生导师，武汉市科技局的评审专家，多所中科院单位的工程硕士答辩委员会专家！沈博士带领的研发团队接近700人，累计申请国家发明专利超过120项，多篇国际SCI文章，累计获得政府2000余万的科研经费。

沈鹤霄
董事长/总工程师



公司研发总裁刘庆军是中国科学院微生物研究所和军事医学科学院的联合培养细胞免疫学博士，美国Ohio州立大学Wexner医学中心的微生物与免疫学博士后，原军事医学科学院野战输血研究所副研究员，主持和参与过国家“973”和“863”项目和军队重点项目多项。刘庆军博士先后在Cellular & Molecular Immunology、Cell Death & Differentiation、Scientific Reports、Cell Cycle、JEM、Protein & Cell等SCI杂志发表研究论文20余篇。目前领衔公司的所有研发项目。



刘庆军
研发总裁/副总工程师



益鼎天养

武汉益鼎天养生物科技有限公司

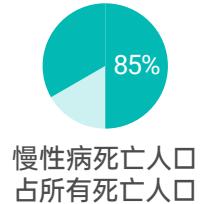
两位诺贝尔生理医学奖得主爱德华·莫索尔教授和哈特穆特·米歇尔教授作为公司的首席科学家重磅加盟。同时我们还有华中科技大学的博士生导师陈卫华教授作为生物信息学专家、湖北大学的刘敏教授作为大数据专家负责数据库的建立和软件算法的开发；湖北中医药大学教授章程鹏博士负责中草药配方的指导；来自新西兰奥克兰理工大学食品科学专业的王舒硕士负责个性化干预方案的把控、模式动物专家李国龙硕士负责疾病动物模型的构建及产品功效试验，以及具有10年以上临床医学工作经验的滕兆伟主任医师和刘韦成主任医师负责临床试验。除此之外还有数百名来自分子生物学、生物化学、动物医学、临床医学、生物信息学、计算机学的专职研发工作者。

武汉益鼎天养生物科技有限公司，通过对人体肠道菌群的检测，精确获知肠道中多种益生菌的种类与含量，进而评估整体身体状况，并基于自己独有的数据库根据需要提供有针对性地补充与调理肠道菌群，给出中草药（药食同源）个性化干预方案和产品，达到精准补充益生菌/中草药益生元的效果。通过检测人体粪便中的主要肠道菌，可及时预知潜在的身体问题的风险，精准指导益生菌/中草药益生元的补充，助力改善身体微生态环境健康，做到未雨绸缪，在慢性病发生之前逆转亚健康。相较于人体基因检测技术预测成功率低，即便预测准确也没有办法改变甚至干预的尴尬现状，公司提供私人订制的从检测到干预的一体化闭环方案。

公司已与武汉大学、武汉大学中南医院盆腹科等国内多家知名医疗机构建立临床科研合作关系，双方将就肠道菌群重建改善疾病展开研究；现已开发了竹盐草本益生菌、竹盐石榴益生元、竹盐燃轻蛋卷、微平衡调味料、竹盐豆浆粉等多款市场畅销的调理肠道微生态产品，更多款融合上品中药（药食同源）和肠道益生菌技术的产品即将面世。

武汉益鼎天养生物科技有限公司，从“肠”计议，为“菌”服务，呵护您的健康，是您值得信赖和托付的肠道健康专家！

3
亿左右
我国慢性病发病人数



慢性病全称是慢性非传染性疾病，不是特指某种疾病，而是对一类起病隐匿、病程长且病情迁延不愈、缺乏确切的传染性生物病因证据，病因复杂，且有些尚未完全被确认的疾病的概括性总称，包括肥胖、高血压、糖尿病、肠炎、便秘、非酒精性脂肪肝、痛风、自闭症、抑郁症等。《健康管理蓝皮书:中国健康管理与健康产业发展报告(2018)》显示，我国慢性病发病人数在3亿左右。这相当于每五个人中国居民中，就有一个患有慢性病。65岁以下人群慢性病负担占50%，男性慢性病患病率显著高于女性。由慢性病导致的疾病负担占到总疾病负担的近70%，由慢性病造成的死亡人口占所有死亡人口的85%左右。

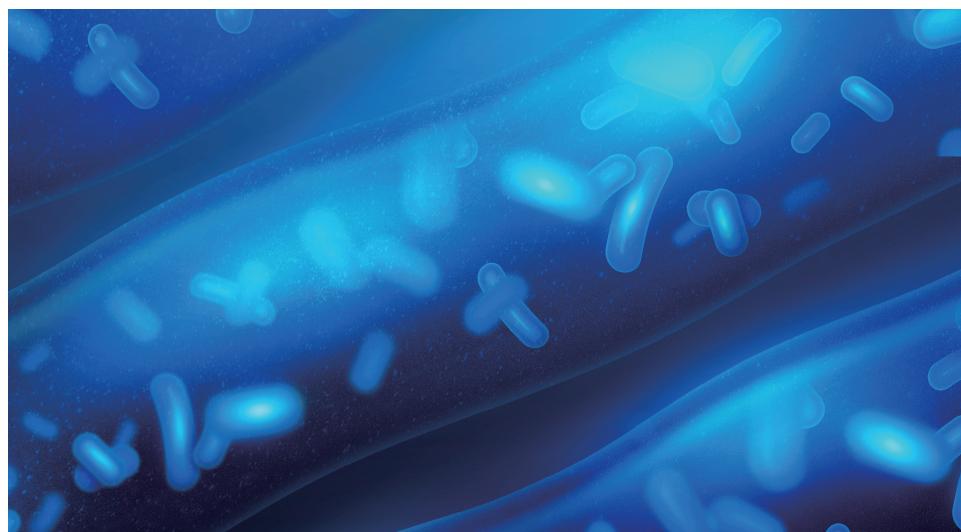
中国人健康大数据不容乐观，过去十年，平均每年新增慢性病例接近了2倍。我国慢性病呈现“患病人数多、患病时间长、医疗成本高、服务需求大”的特点。患者长期饱受病痛之苦，甚至出现精神上的失落和抑郁，身心负担重。个人、家庭和社会都为慢性病背负着沉重的经济压力。



人体肠道内携带有1000余种细菌，其数量是人体自身细胞数量的1-10倍（大约100万亿个，足有几公斤重），编码基因的数量超过人体的100倍，因此又被称为人体的“第二基因组”。肠道菌群通过“肠-脑”轴（Gut-brain-axis），“肠-肾”轴（Gut-kidney-axis），“肠-肺”轴（Gut-lung-axis），“肠-心脏”轴（Gut-heart-axis）等通路调控机体的脏器效能。根据肠道菌群对人体健康的影响，可将肠道细菌分为有益菌（益生菌）、中性菌和有害菌。益生菌是一类对健康有益的活性微生物的总称，通过代谢人体不能吸收的物质为机体提供营养，同时在机体的神经系统和免疫系统发育中也发挥着重要作用，具有预防或改善腹泻、促进肠蠕动与营养物质吸收、调节免疫力等功能。在健康的肠道中，肠道菌群、人体、环境组成一个动态平衡的系统。肠道菌群的健康与否直接影响着宿主的免疫、营养物质合成及药物代谢等，甚至共同调节着我们的情绪反应、新陈代谢、免疫系统、大脑发育与健康，所以肠道菌群是否健康直接决定了作为宿主的人体健康。

80

余种疾病与肠道菌群失调有密切关系



近年来国内外一万多个实验室，数万名科学家进行的大量研究表明，肥胖症、糖尿病、胃肠道疾病、过敏、哮喘、自闭症、焦虑、抑郁等80余种疾病与肠道菌群失调有密切关联，甚至是因果关系。肠道菌群的失调是多种因素造成的，不良生活习惯、不规律饮食、激素、抗生素、精神压力、放射治疗、手术均会引起菌群失调，导致有益菌减少，有害菌增加，进而引发多种身体问题。疾病的发生发展状态会在肠道菌群层面出现响应，因此肠道菌群是表征人体健康状态的晴雨表。



武汉益鼎天养生物科技有限公司

研究证实干预肠道菌群的组成,可以解决肥胖症、糖尿病、胃肠道疾病、过敏、哮喘、自闭症、焦虑、抑郁和阿尔茨海默等慢性疾病问题。中草药(药食同源)是调理这些慢病的首选方法,但存在很多痛点:由于患者个体差异化明显,中药的成分难以阐释清楚,同样的药方,对于不同患者的效果有明显差异;中药的作用机理尚不能用现代医学理论阐述,中医诊断多源于主观判断以及哲学辩证思想,缺乏有力的科学依据;中药的复方制剂成分复杂,研发技术难度较大,诊断过程严重依赖医疗人员的自身行医经验,可复制性较差;营养干预或者中药的疗效多源于病人主观感受,缺乏科学直观的评价标准,中药难以通过临床III期大样本随机双盲实验。

最近几年研究发现,很多中草药是通过调理机体的肠道菌群来发挥作用的,例如作为中国原创的阿尔茨海默新药, GV-971并非直接针对脑神经化学物质或斑块沉积的治疗,而是采用脑肠轴治疗技术路线,通过改善肠道菌群状态,抑制导致产生大脑斑块的 β 淀粉样蛋白的生成,降低神经炎症达到治疗阿尔茨海默的目的。由此可见,通过肠道菌群搞清中草药(药食同源)的作用机理可以解决中医药的很多痛点,为中草药(药食同源)精准干预慢病指明了重要方向。所以,通过肠道菌群检测对慢性病发病风险进行评估预测,针对肠道菌群的变化,提早利用中草药(药食同源)进行精准调理和干预,能够预防疾病的发生和发展。



腸菌检测



药食同源



预防疾病

虽然目前各大医院拥有口腔、肠道、呼吸道、泌尿生殖道等多个部位的微生物检测项目,但几乎都是采用细菌培养观察等传统方式进行检测,无法全面了解微生物群健康状况。随着测序技术的进步,新一代16SrDNA基因序列分析法等领先的核酸检测技术,可以全方位了解人体肠道菌群微生物和特定菌的情况。通过定期检测肠道菌群组成能够反映人体自身的健康状况,及时发现异常,也能提示健康变化趋势,为改善亚健康状态、进行有针对性的调理,并对预防相关疾病发生或缓解疾病症状等可提供重要参考。肠道菌群的准确测定,在肠道菌群和宿主代谢互作的疾病机制及防控研究中意义重大,是该研究领域创新的基础工具方法。



武汉益鼎天养生物科技有限公司

健康风险评估结果总览

OVERVIEW OF HEALTH RISK ASSESSMENT RESULTS



◆ 疾病介绍

II型糖尿病 (Type 2 diabetes mellitus, T2DM) 是最常见的糖尿病类型, 全世界有10多亿糖尿病患者, 其中90%以上患有T2DM^[1], T2DM患病率持续上升, 科学界普遍认为肠道菌群失调是T2DM的重要危险因素^[2]。T2DM患者因为机体代谢紊乱、抵抗力下降, 可能会合并心脑血管疾病, 发生消化道功能紊乱等, 但这些症状通过控制血糖及原发病可以完全消失。

①症状: 一般表现为易疲劳、易感冒、精神萎靡、记忆力下降。心血管系统:心悸、气促、心律不齐、直立性低血压等。消化系统:“多食”可能加重至表现为食欲亢进、特别易饥饿, 但是疾病加重时消化道功能紊乱, 反而出现食欲减退、恶心、腹胀。心理症状: 多数患者有情绪不稳、焦虑抑郁, 还可能出现失眠、多梦、易惊醒等症状。

②并发症: 酮症酸中毒(DKA)、高渗高血糖状态(HHS)、糖尿病视网膜病(DRP)、糖尿病肾病、动脉粥样硬化、糖尿病神经病变、糖尿病皮肤病变、感染、糖尿病足等。

肠道菌群可以影响机体糖类及能量的吸收, 促进脂肪的合成及存储以及肠道屏障的完整性。除了受遗传之外, T2DM与肠道菌群有很强的相关性^[3, 4], 特别是它们的丰度和多样性^[5, 6]。T2DM患者肠道菌群结构及功能与健康人不同, 影响宿主的营养及能量代谢、炎症反应等。在中国T2DM患者的肠道菌群中Bact. amylo-bacter普遍减少, 而潜在致病菌增多, 如Eubacterium eligens和acteroides减少。肠道微生物群落Clostridium hystoliticum, Eubacterium rectale, 和Clostridium coccoides影响肠脑信号通路中的神经递质, 从而调节食物的摄入量和体重^[7-9]。T2DM患者肠道中革兰氏阴性Proteobacteria增多, 从而导致内毒素脂多糖 (Lipopolysaccharide, LPS) 增多, 从而刺激炎症反应而导致内毒素血症^[10]。多项T2DM的动物模型和人群研究表明饮食、运动及药物均可通过干预肠道菌群的结构及功能可以改善糖尿病的发生和发展。

◆ 参考文献



武汉益鼎天养生物科技有限公司

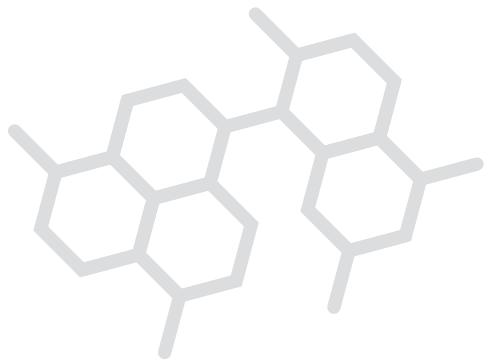
1. Holman, N., B. Young, and R. Gadsby, Current prevalence of Type 1 and Type 2 diabetes in adults and children in the UK. *Diabet Med*, 2015. 32(9): p. 1119-20.
2. Salgaço, M.K., et al., Relationship between gut microbiota, probiotics, and type 2 diabetes mellitus. 2019. 103(23-24): p. 9229-9238.
3. Machado, D.B. and J.M. Pescarini, Monitoring the progress of health-related sustainable development goals (SDGs) in Brazilian states using the Global Burden of Disease indicators. 2020. 18(Suppl 1): p. 7.
4. Okazaki, F. and L. Zang, Microbiome Alteration in Type 2 Diabetes Mellitus Model of Zebrafish. 2019. 9(1): p. 867.
5. Koopman, K.E., et al., Diet-induced changes in the Lean Brain: Hypercaloric high-fat-high-sugar snacking decreases serotonin transporters in the human hypothalamic region. *Mol Metab*, 2013. 2(4): p. 417-22.
6. Harsch, I.A. and P.C. Konturek, The Role of Gut Microbiota in Obesity and Type 2 and Type 1 Diabetes Mellitus: New Insights into "Old" Diseases. *Med Sci (Basel)*, 2018. 6(2).
7. Zhang, X., et al., Human gut microbiota changes reveal the progression of glucose intolerance. *PLoS One*, 2013. 8(8): p. e71108.
8. Naseer, M.I., et al., Role of gut microbiota in obesity, type 2 diabetes and Alzheimer's disease. *CNS Neurol Disord Drug Targets*, 2014. 13(2): p. 305-11.
9. Dicksved, J., et al., Molecular fingerprinting of the fecal microbiota of children raised according to different lifestyles. *Appl Environ Microbiol*, 2007. 73(7): p. 2284-9.
10. Gill, R.K., et al., Regulation of intestinal serotonin transporter expression via epigenetic mechanisms: role of HDAC2. *Am J Physiol Cell Physiol*, 2013. 304(4): p. C334-41.



武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 风险原因



◆ 个性化干预方案



益鼎天养

武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 推荐方案(免费)

*声明: 武汉益鼎天养生物科技有限公司免费为贵宾客户提供每种疾病最有效和最不利的食物与补充剂(营养素、天然提取物、中草药)方案, 该数据来源于网络大数据(源自美国及全球科研机构公开发布的文献报道(PubMed及其他权威医学期刊)、维基百科英文、维基百科中文, 以及中医名著)通过AI技术计算获得, 推荐等级和使用剂量仅供参考, 由此产生的任何问题, 公司不负有任何责任!

◆ 疾病介绍

痛风 (Gout) 是一种自身炎症性疾病, 由嘌呤代谢紊乱和由此导致的血尿酸慢性升高(即高尿酸血症)引起^[1]。高水平血尿酸是痛风的先决条件^[2], 持续性高尿酸可引起痛风, 尿石症, 甚至肾病。近年来, 在世界范围内痛风患病率和发病率呈上升趋势, 高尿酸逐渐成为“第四高”^[3]。痛风分为原发性痛风和继发性痛风, 各个年龄段均可能罹患本病。它通常表现为快速发作的急性单关节炎, 其中以第一跖趾关节是最常见的受累关节(足突)。此外, 痛风还可以影响其他关节; 诸如脚、脚踝、膝盖、手腕、手指和肘部的关节常受到影响。痛风的特征是尿酸盐晶体沉积, 导致急性单关节炎和皮肤晶体沉积(痛风石)。晶体沉积物(痛风石)可能在手、脚、肘和耳朵周围形成。明确的痛风诊断是基于滑液或痛风石物质中的晶体鉴定, 并以高尿酸血症的存在为依据^[4]。

据报道, 痛风影响约5%的男性和1%的女性, 男性发病率高于女性, 高达80%的人在3年内经历反复发作^[5]。危险因素包括: 年龄较大、非白人种族、肥胖、酒精、肉类和鱼类的消费和利尿剂的使用。高尿酸还可能与心血管疾病风险增加有关。

在尿酸代谢过程中, 健康人尿酸的排出主要有两种方式, 70%通过肾脏排出, 而剩下的30%通过肠道代谢^[6]。而人体肠道中生活着大量的微生物, 统称为肠道微生物群, 它们密切参与嘌呤和尿酸的代谢^[7]。例如, 负责嘌呤的氧化代谢的关键酶黄嘌呤脱氢酶能够由肠道细菌中的E.coli分泌产生; 肠道中的Lactobacillus和Pseudomonas的细菌能够合成与尿酸分解代谢有关的一些酶; 此外肠道中的一些细菌还能够分泌尿酸转运蛋白^[8]。痛风患者肠道菌群常处于失衡状态, 会进一步导致嘌呤和尿酸的代谢紊乱。

通过基因组测序技术分析肠道菌群的组成发现, 痛风患者肠道菌群失衡的主要表现为条件致病菌的增加和促使抗炎症因子产生细菌的减少两个方面^[10]。在门的水平上, 痛风患者体内Firmicutes细菌的相对含量明显偏低; 在属的水平上, 痛风患者体内Enterococcus, Escherichia/Shigella, Eubacterium, Paraprevotella和Caldimonas等条件致病菌的相对含量明显偏高, 而Faecalibacterium, Subdoligranulum, Coprococcus, Oscillibacter, Ruminococcus, Odoribacter和Megamonas的相对含量显著低于健康人群^[9]。



武汉益鼎天养生物科技有限公司

肠道菌群与痛风之间的强相关性表明肠道细菌的代谢在痛风的诊断和发病机理研究中的重要性。肠道菌群是人类进化过程中长期积累下来的特定模式,与经济水平、营养结构、进食习惯有关,当经济水平改变时迅速带来食物结构变化时,肠道菌群会相应改变,当肠道菌群处于失衡状态,进而导致高尿酸血症,引发痛风。在更大的群体或具有不同种族背景或不同饮食类型的人群中追踪肠道菌群的结构和功能活性将揭示不同个体间肠道菌群的异质性程度,也将为痛风的预防和控制提供新的方法。调节肠道菌群的组成将为防止痛风发作建立良好的保护屏障,并将痛风扼杀在摇篮里,让痛风远离我们健康的身体。

◆ 参考文献

1. Nielsen, S.M., et al., Nutritional recommendations for gout: An update from clinical epidemiology. *Autoimmun Rev*, 2018. 17(11): p. 1090-1096.
2. Peluso, I., et al., Camellia sinensis in asymptomatic hyperuricemia: A meta-analysis of tea or tea extract effects on uric acid levels. *Crit Rev Food Sci Nutr*, 2017. 57(2): p. 391-398.
3. Scuiller, A., et al., [Gout]. *Rev Med Interne*, 2020. 41(6): p. 396-403.
4. Hanssdaar, R., et al., Cardiovascular risk in inflammatory arthritis: rheumatoid arthritis and gout. *Lancet Rheumatol*, 2021. 3(1): p. e58-e70.
5. Singh, J.A. and A. Gaffo, Gout epidemiology and comorbidities. *Semin Arthritis Rheum*, 2020. 50(3S): p. S11-S16.
6. Sorensen, L.B. and D.J. Levinson, Origin and extrarenal elimination of uric acid in man. *Nephron*, 1975. 14 (1): p. 7-20.
7. Nicholson, J.K., et al., Host-gut microbiota metabolic interactions. *Science*, 2012. 336(6086): p. 1262-7.
8. Hosomi, A., et al., Extra-renal elimination of uric acid via intestinal efflux transporter BCRP/ABCG2. *PLoS One*, 2012. 7(2): p. e30456.
9. Guo, Z., et al., Intestinal Microbiota Distinguish Gout Patients from Healthy Humans. *Sci Rep*, 2016. 6: p. 20602.
10. Liu, X., et al., The altered gut microbiota of high-purine-induced hyperuricemia rats and its correlation with hyperuricemia. *PeerJ*, 2020. 8: p. e8664.



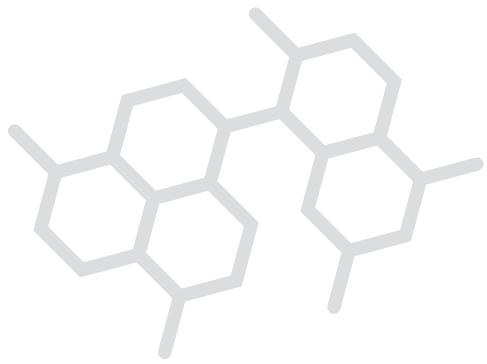
武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 风险原因



武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 个性化干预方案



武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 推荐方案(免费)

*声明: 武汉益鼎天养生物科技有限公司免费为贵宾客户提供每种疾病最有效和最不利的食物与补充剂(营养素、天然提取物、中草药)方案, 该数据来源于网络大数据(源自美国及全球科研机构公开发布的文献报道(PubMed及其他权威医学期刊)、维基百科英文、维基百科中文, 以及中医名著)通过AI技术计算获得, 推荐等级和使用剂量仅供参考, 由此产生的任何问题, 公司不负有任何责任!

◆ 疾病介绍

非酒精性脂肪性肝病 (Nonalcoholic fatty liver disease, NAFLD) 是指除酒精和其他明确的损肝因素外所致的以肝细胞内脂肪过度沉积为主要特征的临床病理综合征。NAFLD包括单纯性脂肪肝 (Simple fatty liver, SFL) 、非酒精性脂肪性肝炎 (Nonalcoholic steatohepatitis, NASH) 及其相关肝硬化。随着肥胖及其相关代谢综合征全球化的流行趋势, NAFLD现已成为我国富裕地区慢性肝病的重要病因, 普通成人NAFLD患病率10%~30%, 其中10%~20%为NASH, NASH患者10年内肝硬化发生率高达25%。

NAFLD是当代医学领域的新挑战, 可导致失代偿期肝硬化、肝细胞癌和移植肝复发, 并影响其他慢性肝病、2型糖尿病和动脉粥样硬化的发病。

NAFLD主要症状:

- ①无饮酒史或饮酒折合乙醇量每周<140g (男性), 每周<70g (女性)。
- ②部分患者可能有乏力、消化不良、肝区隐痛、肝脾肿大等非特异性症状及体征。在严重的情况下, 可能会导致瘙痒, 恶心和呕吐。
- ③可有体重超重和(或) 内脏性肥胖、空腹血糖增高、血脂紊乱、高血压等代谢综合征相关症状。
- ④肝胆或肝功能不全、长期肝硬化的患者, 可能会出现腹水、上消化道出血、水肿和肝性脑病。
- ⑤通常在疾病的晚期发生黄疸。

NAFLD患者表现出显著的肠道菌群紊乱特征: 细菌多样性减少^[1], 可生产酒精的E.coli、Enterobacteriaceae细菌在NAFLD患者体内显著增加。有研究报道, 1355名NAFLD患者表现出肠道菌群多样性较低与Coproccoccus 和Ruminococcus gnavus的存在有关。且NAFLD患者体内有大量的Proteobacteria, Enterobacteriaceae, and E. coli.^[2,3] 即使在NAFLD的早期, 肠道菌群已经发生异常。当这种疾病发展到更晚期时肠道菌群会变得更加紊乱^[4,5], 这一类显著特征能够帮助我们区分疾病早期和晚期肝纤维化。晚期肝纤维化与Proteobacteria和E.coli的增加同时出现, 而Firmicutes和F. prausnitzii则显著减少^[6-8]。

大量证据表明，肠道菌群可以将抗性淀粉和非淀粉多糖发酵成短链脂肪酸 (short-chain fatty acids, SCFA) (主要是乙酸, 丙酸和丁酸) 来影响宿主的代谢平衡。丁酸和丙酸可调节肠道生理和免疫功能, 而乙酸则可作为脂肪生成和糖异生的底物^[9]。高脂饮食可以通过减少丁酸盐的形成和增加醋酸盐来改变SCFA的平衡, 从而促进NAFLD的发展。SCFA在NAFLD的发病机制中产生的重要作用, 为进一步研究代谢性疾病提供了新的诊断或治疗靶点^[3, 10]。

◆ 参考文献

1. Alferink, L.J., et al., Microbiomics, metabolomics, predicted metagenomics and hepatic steatosis in a population-based study of 1355 adults. *Hepatology*, 2020.
2. Zhu, L., et al., Characterization of gut microbiomes in nonalcoholic steatohepatitis (NASH) patients: a connection between endogenous alcohol and NASH. *Hepatology*, 2013. 57(2): p. 601-9.
3. Mouzaki, M., et al., Intestinal microbiota in patients with nonalcoholic fatty liver disease. *Hepatology*, 2013. 58(1): p. 120-7.
4. Loomba, R., et al., Gut Microbiome-Based Metagenomic Signature for Non-invasive Detection of Advanced Fibrosis in Human Nonalcoholic Fatty Liver Disease. *Cell Metab*, 2019. 30(3): p. 607.
5. Lang, S., et al., Intestinal Virome Signature Associated With Severity of Nonalcoholic Fatty Liver Disease. *Gastroenterology*, 2020. 159(5): p. 1839-1852.
6. Scorletti, E., et al., Synbiotics Alter Fecal Microbiomes, But Not Liver Fat or Fibrosis, in a Randomized Trial of Patients With Nonalcoholic Fatty Liver Disease. *Gastroenterology*, 2020. 158(6): p. 1597-1610 e7.
7. Chong, C.Y.L., et al., Randomised Double-Blind Placebo-Controlled Trial of Inulin with Metronidazole in Non-Alcoholic Fatty Liver Disease (NAFLD). *Nutrients*, 2020. 12(4).
8. Aron-Wisnewsky, J., et al., Nonalcoholic Fatty Liver Disease: Modulating Gut Microbiota to Improve Severity? *Gastroenterology*, 2020. 158(7): p. 1881-1898.
9. Macfarlane, G.T. and S. Macfarlane, Fermentation in the human large intestine: its physiologic consequences and the potential contribution of prebiotics. *J Clin Gastroenterol*, 2011. 45 Suppl: p. S120-7.
10. Stams, A.J. and C.M. Plugge, Electron transfer in syntrophic communities of anaerobic bacteria and archaea. *Nat Rev Microbiol*, 2009. 7(8): p. 568-77.



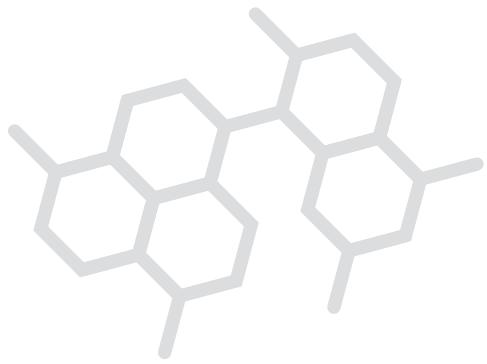
武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 风险原因



武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 个性化干预方案



益鼎天养

武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 推荐方案(免费)

*声明: 武汉益鼎天养生物科技有限公司免费为贵宾客户提供每种疾病最有效和最不利的食物与补充剂(营养素、天然提取物、中草药)方案, 该数据来源于网络大数据(源自美国及全球科研机构公开发布的文献报道(PubMed及其他权威医学期刊)、维基百科英文、维基百科中文, 以及中医名著)通过AI技术计算获得, 推荐等级和使用剂量仅供参考, 由此产生的任何问题, 公司不负有任何责任!

◆ 疾病介绍

肥胖症 (obesity) 是指一定程度的明显超重与脂肪层过厚, 是体内脂肪, 尤其是甘油三酯积聚过多而导致的一种状态。由于食物摄入过多或机体代谢的改变而导致体内脂肪积聚过多造成体重过度增长并引起人体病理、生理改变, 达到损害健康的程度。肥胖的儿童或成人体重均超过正常体重的20%以上, 或者达到平均体重的两个标准差以上一般认为是超重。体重与身高有关, 所以医学上一般用体重指数 (BMI) 来判断是否超重。计算公式为 $BMI = \text{体重(公斤)} / \text{身高(米)}^2$ 。20岁以上的成人正常体重指数为20-24, ≥ 24 为超重; 14岁以下的儿童正常体重指数为15.5-21.2, ≥ 21 为超重; 15-19岁男女青年正常体重指数为18-22, ≥ 22 为超重。

超重者并不一定肥胖, 向心性肥胖 (腹型肥胖) 者也不一定超重。有些运动量大的人肌肉发达, 骨骼健壮, 体重可能会超标, 但体内脂肪并不多, 就不属于肥胖。而一些向心性肥胖患者, 腹部脂肪很多, 全身体重却不一定超标。所以, WHO提议用腹围/身高 (WHR) 来判断是否有向心性肥胖: 成人 ≥ 0.5 , 男童 ≥ 0.48 , 女童 ≥ 0.46 , 就属向心性肥胖。向心性肥胖患者各种并发症的发生率较高, 动脉硬化、脑卒中、高血压、冠心病、糖尿病、高脂血症等并发症的危险性是全身匀称性肥胖者的2-3倍, 而且腰围越粗, 危险性越高。

肥胖患者活动时会出现呼吸急促、行动不灵活、下肢关节变形、心悸、头昏眼花、盗汗等; 体重过重会增加心脏负荷, 导致心衰及下肢水肿等; 胃肠道会出现便秘等症状。按脂肪组织的分布, 通常分为两种体型。向心性肥胖者脂肪主要分布在腹腔和腰部, 多见于男性, 故又称为内脏型、苹果型、男性型。另一类多见于女性, 脂肪主要分布在腰以下, 如下腹部、臀部、大腿, 称为梨型、女性型。苹果型者发生代谢综合征的危险大于梨型者。肥胖患者可因体型而引起自卑感、焦虑、抑郁等身心相关问题。与肥胖密切相关的一些疾病如心血管疾病、高血压、糖尿病等患病率和病死率也随着增加, 肥胖的并发症有睡眠呼吸暂停综合征、静脉血栓等, 并增加麻醉和手术的危险性。此外, 肥胖患者恶性肿瘤发生率升高, 肥胖妇女子宫内膜癌比正常妇女高2~3倍, 绝经后乳腺癌的发生率随体重增加而升高, 胆囊和胆道癌也较为常见。肥胖男性结肠癌、直肠癌和前列腺癌发生率较非肥胖者高。肥胖患者皮肤皱褶易发生皮炎、擦烂, 并容易合并条件致病菌感染。

根据世界卫生组织 (WHO) 的数据, 肥胖的患病率增加了三倍。正如WHO的报

告所强调的那样，肥胖是可以预防的，并且各种专家提出了不同的治疗方法，但肥胖的患病率仍在不断增加^[1]。

肥胖及其合并症与肠道菌群改变有关。当前的研究表明，由于肠道微生物群衍生的代谢产物和肠道营养不良会影响代谢疾病的生理学和生理病理学，因此代谢紊乱始于肠道^[2]。肠道菌群通过与免疫细胞和肠内分泌细胞 (EEC) 相互作用，产生胃肠道分泌的激素与肠道神经通讯^[3]。这些激素包括：胆囊收缩素 (CCK)，瘦素，胰高血糖素样肽1 (GLP-1)，胰高血糖素样肽2 (GLP-2)，肽YY (PYY) 和生长素释放肽，触发迷走神经和脊髓神经^[4]。最终信号整合到下丘脑调控能量代谢^[5]。肥胖患者与健康人群的肠道菌群在组成和功能上都存在实质性差异。饮食习惯（例如，西方饮食或限制性饮食）会改变这些参数，增加新陈代谢的压力，进而促进肥胖症的发展^[6]。肥胖症患者的肠道菌群紊乱的特征是菌群多样性大幅降低，Firmicutes与Bacteroidetes的比例增加。如果受试者体重减轻，此比例也会发生改变^[7]。组成上的差异反映在肠道菌群代谢功能的重大区别：在肥胖个体中，短链脂肪酸 (SCFA) 产生菌 (Actinobacteria) 和致病性Proteobacteria大量增加，表明这种细菌改变机体能量代谢从而导致肥胖^[8]。大量研究表明肥胖和与肥胖相关的代谢性疾病具有肠道菌群的特定变化特征^[9]。

当前多个临床研究发现可以使用益生菌和益生元治疗肥胖。许多益生菌已成功用于多种代谢紊乱的治疗。比如将Lactobacillus plantarum和Lactobacillus rhamnosus与低热量饮食结合使用可使体重减轻^[10]。

◆ 参考文献

1. Smith, K.B. and M.S. Smith, Obesity Statistics. *Prim Care*, 2016. 43(1): p. 121-35, ix.
2. Zawada, A., et al., Does Gut-Microbiome Interaction Protect against Obesity and Obesity-Associated Metabolic Disorders? *Microorganisms*, 2020. 9(1).
3. Sun, L.J., J.N. Li, and Y.Z. Nie, Gut hormones in microbiota-gut-brain cross-talk. *Chin Med J (Engl)*, 2020. 133(7): p. 826-833.
4. Bliss, E.S. and E. Whiteside, The Gut-Brain Axis, the Human Gut Microbiota and Their Integration in the Development of Obesity. *Front Physiol*, 2018. 9: p. 900.
5. Konturek, S.J., et al., Brain-gut axis and its role in the control of food intake. *J Physiol Pharmacol*, 2004. 55 (1 Pt 2): p. 137-54.
6. Di Domenico, M., et al., The Role of Oxidative Stress and Hormones in Controlling Obesity. *Front Endocrinol (Lausanne)*, 2019. 10: p. 540.



武汉益鼎天养生物科技有限公司

7. Shen, W., H.R. Gaskins, and M.K. McIntosh, Influence of dietary fat on intestinal microbes, inflammation, barrier function and metabolic outcomes. *J Nutr Biochem*, 2014. 25(3): p. 270-80.
8. Ojeda, P., et al., Nutritional modulation of gut microbiota - the impact on metabolic disease pathophysiology. *J Nutr Biochem*, 2016. 28: p. 191-200.
9. Ballini, A., et al., Microbiota and Obesity: Where Are We Now? *Biology (Basel)*, 2020. 9(12).
10. Crovesy, L., et al., Effect of Lactobacillus on body weight and body fat in overweight subjects: a systematic review of randomized controlled clinical trials. *Int J Obes (Lond)*, 2017. 41(11): p. 1607-1614.



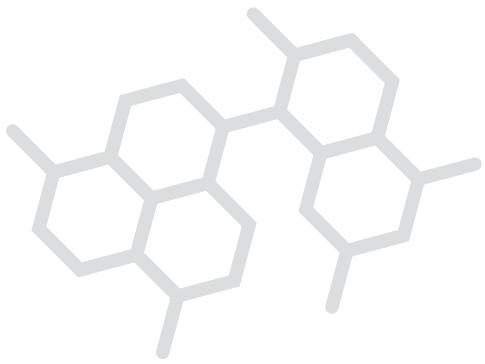
武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 风险原因



武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 个性化干预方案



益鼎天养

武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 推荐方案(免费)

*声明: 武汉益鼎天养生物科技有限公司免费为贵宾客户提供每种疾病最有效和最不利的食物与补充剂(营养素、天然提取物、中草药)方案, 该数据来源于网络大数据(源自美国及全球科研机构公开发布的文献报道(PubMed及其他权威医学期刊)、维基百科英文、维基百科中文, 以及中医名著)通过AI技术计算获得, 推荐等级和使用剂量仅供参考, 由此产生的任何问题, 公司不负有任何责任!

◆ 疾病介绍

便秘 (Constipation) 是消化系统的一种功能性疾病，是临幊上一种常见的复杂症状^[1]，主要是表现为排便次数减少、粪便量减少、粪便干结、排便费力等，可分为正常传输型便秘（功能型便秘）、慢传输型便秘、排便困难相关疾病^[2]。便秘会引起腹胀、腹痛、头痛、头晕和食欲不振等身体不适^[3]。便秘的病因学和病理生理学仍然不是很清楚，大多数是由于胃肠蠕动的改变所引起的。有许多因素与肠道动力有关，比如肠腔环境、免疫系统、肠道神经系统和中枢神经系统等因素。近年来，随着高通量测序等尖端技术的发展，越来越多的证据表明，肠道菌群失调是导致便秘的重要原因^[4]。

性便秘患者肠道菌群失调通常表现为有益菌的相对减少和有害菌的相对增加。这些改变可影响肠道蠕动和肠道分泌功能。爱尔兰科学家 Khalif 研究发现成年便秘患者体内的 Lactobacillus 和 Bifidobacterium 相对含量显著降低。便秘性的肠易激综合征患者表现出 Enterobacter Hormaeche and Edwards 相对含量显著增加，而 Bifidobacterium、Clostridium leptum 和 Faecalibacterium prausnitzii 的数量显著降低^[5]。其它研究发现，便秘患者 Firmicute 的部分细菌种属相对含量显著增加^[6]；便秘患者肠道中产丁酸菌，如 Fecal bacteria、Rothia Geory and Brown 呈现出相对增加的趋势。值得注意的是，不同的研究结果表现出一定的差异性，甚至互相冲突，可能是由于不同的人群、饮食习惯的差异、症状表现的差异以及检测方法的不同造成的。虽然如此，这也充分表明肠道菌群紊乱在便秘中的重要作用^[7]。

当前多项研究发现，菌群移植 (FMT) 对便秘有治疗功效，FMT 积极影响肠道菌群结构正常化，并纠正异常的代谢组成，进而增加慢性便秘患者的肠蠕动，改善便秘患者的生活质量^[8]。因此，通过益生菌、益生元或 FMT 干预便秘患者的肠道菌群，会有良好的临床效果和前景。

◆ 参考文献

1. Makizaki, Y., et al., Alleviation of low-fiber diet-induced constipation by probiotic Bifidobacterium bifidum G9-1 is based on correction of gut microbiota dysbiosis. *Biosci Microbiota Food Health*, 2019. 38(2): p. 49-53.
2. Cao, H., et al., Dysbiosis contributes to chronic constipation development via regulation of serotonin transporter in the intestine. *Sci Rep*, 2017. 7(1): p. 10322.
3. Zhao, Y. and Y.B. Yu, Intestinal microbiota and chronic constipation. *Springerplus*, 2016. 5(1): p. 1130.



武汉益鼎天养生物科技有限公司

4. Attaluri, A., et al., Methanogenic flora is associated with altered colonic transit but not stool characteristics in constipation without IBS. *Am J Gastroenterol*, 2010. 105(6): p. 1407-11.
5. Khalif, I.L., et al., Alterations in the colonic flora and intestinal permeability and evidence of immune activation in chronic constipation. *Dig Liver Dis*, 2005. 37(11): p. 838-49.
6. Zhu, L., et al., Structural changes in the gut microbiome of constipated patients. *Physiol Genomics*, 2014. 46(18): p. 679-86.
7. Simren, M., et al., Intestinal microbiota in functional bowel disorders: a Rome foundation report. *Gut*, 2013. 62(1): p. 159-76.
8. Ge, X., et al., Potential role of fecal microbiota from patients with slow transit constipation in the regulation of gastrointestinal motility. *Sci Rep*, 2017. 7(1): p. 441.



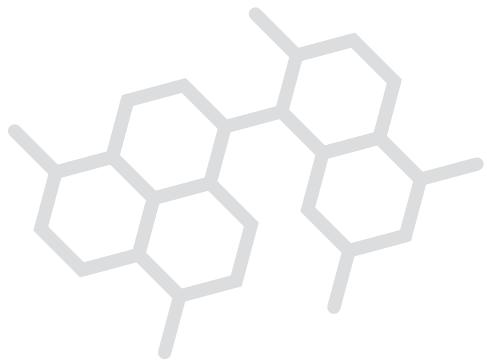
武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 风险原因



武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 个性化干预方案



益鼎天养

武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 推荐方案(免费)

*声明: 武汉益鼎天养生物科技有限公司免费为贵宾客户提供每种疾病最有效和最不利的食物与补充剂(营养素、天然提取物、中草药)方案, 该数据来源于网络大数据(源自美国及全球科研机构公开发布的文献报道(PubMed及其他权威医学期刊)、维基百科英文、维基百科中文, 以及中医名著)通过AI技术计算获得, 推荐等级和使用剂量仅供参考, 由此产生的任何问题, 公司不负有任何责任!

◆ 疾病介绍

炎症性肠病 (Inflammatory bowel disease, IBD) 是一种累及回肠、直肠、结肠的特发性肠道炎症性疾病，其可引起腹泻、腹痛、甚至便血；本病包括溃疡性结肠炎 (Ulcerative colitis, UC) 和克罗恩病 (Crohn's disease, CD)。UC是结肠黏膜层和黏膜下层连续性炎症，疾病通常先累及直肠，逐渐向全结肠蔓延，CD可累及全消化道，为非连续性全层炎症，最常累及部位为末端回肠、结肠和肛周。该病在青中年人流行，一般认为精神刺激、过度疲劳、饮食失调、继发感染等因素导致的肠道菌群紊乱与IBD的发生直接相关。如果一旦有上述病症，且持续较长时间，可以到医院消化内科进行内镜检查、组织细胞学特征检查。一旦确诊可以通过调整饮食、药物及手术进行治疗。任何年龄均可发病，20~30岁人群较为高发。据统计平均人群中每10万人出现该疾病约12例。

临床症状：患者会表现为反复的腹痛、腹泻、粘液血便，甚至出现各种全身并发症如视物模糊、关节疼痛、皮疹等。IBD患者肠道不能正常吸收进食的碳水化合物、蛋白质、脂肪、维生素及多种微量元素，加上肠道炎症或服用的药物可能造成食欲不佳，因此IBD常伴随着不同程度的营养不良，甚至影响儿童正常的生长发育。

许多研究表明，在多种人类疾病包括IBD患者的中的肠道菌群组成（多样性和丰度）发生了显著变化，称为菌群紊乱^[1,2]。CD和UC患者微生物总数和多样性都显著降低，有些研究证明肠道菌群改变和IBD之间存在因果关系，这为基于肠道菌群的干预措施（如粪菌移植）提供了理论基础。粪菌移植已被证明对Clostridium difficile感染有益^[3]，对IBD也显示出了明显的效果^[4-7]。

IBD患者的粪便使无菌小鼠的结肠炎易感性增加，部分原因是通过促进炎症性Th17细胞数量的增加和抗炎的调节性T (Treg) 细胞的数量减少^[8]。Atarashi等发现的由17个梭菌菌株的组合通过产生短链脂肪酸（例如丁酸和丙酸）促进Treg细胞的分化和IL-10的表达^{[9][10]}。该研究表明此组合以依赖微生物群落的方式协同发挥作用。因此通过精准改变肠道菌群微环境（组成和丰度），进而改善机体的免疫状态，最终可以更精准地预防和治疗的由肠道菌群紊乱导致的IBD^[11]。

◆ 参考文献

1. Schirmer, M., et al., Microbial genes and pathways in inflammatory bowel disease. *Nat Rev Microbiol*, 2019. 17(8): p. 497-511.
2. Skelly, A.N., et al., Mining the microbiota for microbial and metabolite-based immunotherapies. *Nat Rev Immunol*, 2019. 19(5): p. 305-323.
3. van Nood, E., et al., Duodenal infusion of donor feces for recurrent *Clostridium difficile*. *N Engl J Med*, 2013. 368(5): p. 407-15.
4. Costello, S.P., et al., Effect of Fecal Microbiota Transplantation on 8-Week Remission in Patients With Ulcerative Colitis: A Randomized Clinical Trial. *JAMA*, 2019. 321(2): p. 156-164.
5. Moayyedi, P., et al., Fecal Microbiota Transplantation Induces Remission in Patients With Active Ulcerative Colitis in a Randomized Controlled Trial. *Gastroenterology*, 2015. 149(1): p. 102-109 e6.
6. Paramsothy, S., et al., Multidonor intensive faecal microbiota transplantation for active ulcerative colitis: a randomised placebo-controlled trial. *Lancet*, 2017. 389(10075): p. 1218-1228.
7. Rossen, N.G., et al., Findings From a Randomized Controlled Trial of Fecal Transplantation for Patients With Ulcerative Colitis. *Gastroenterology*, 2015. 149(1): p. 110-118 e4.
8. Britton, G.J., et al., Microbiotas from Humans with Inflammatory Bowel Disease Alter the Balance of Gut Th17 and RORgammat(+) Regulatory T Cells and Exacerbate Colitis in Mice. *Immunity*, 2019. 50(1): p. 212-224 e4.
9. Atarashi, K., et al., Treg induction by a rationally selected mixture of Clostridia strains from the human microbiota. *Nature*, 2013. 500(7461): p. 232-6.
10. Furusawa, Y., et al., Commensal microbe-derived butyrate induces the differentiation of colonic regulatory T cells. *Nature*, 2013. 504(7480): p. 446-50.
11. Lim, B., et al., Engineered Regulatory Systems Modulate Gene Expression of Human Commensals in the Gut. *Cell*, 2017. 169(3): p. 547-558 e15.



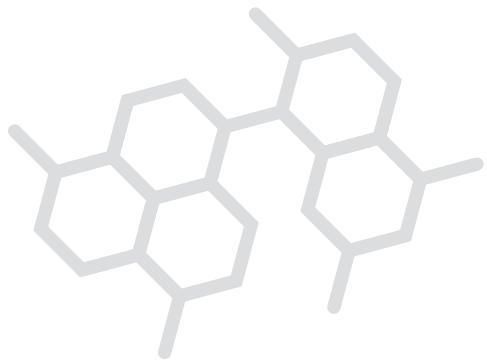
武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 风险原因



武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 个性化干预方案



益鼎天养

武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 推荐方案(免费)

*声明: 武汉益鼎天养生物科技有限公司免费为贵宾客户提供每种疾病最有效和最不利的食物与补充剂(营养素、天然提取物、中草药)方案, 该数据来源于网络大数据(源自美国及全球科研机构公开发布的文献报道(PubMed及其他权威医学期刊)、维基百科英文、维基百科中文, 以及中医名著)通过AI技术计算获得, 推荐等级和使用剂量仅供参考, 由此产生的任何问题, 公司不负有任何责任!

◆ 疾病介绍

克罗恩病(Crohn's disease, CD)是一种胃肠道慢性炎症性疾病，其症状以复发和缓解的方式演变。它也是一种导致肠道损伤和残疾的进行性疾病。患者胃肠道的所有部分都会受到影响，最常见的是末端回肠和结肠。炎症是典型的节段性、不对称和透壁性的。大多数患者在诊断时表现出炎症表型，但随着时间的推移，一半的患者会出现并发症(瘘或脓肿)。目前的治疗策略旨在实现深度和长期缓解，目的是预防并发症并阻止疾病的进展^[1, 2]。

CD被认为是遗传易感性、环境因素和肠道炎症相互作用的结果，导致粘膜免疫反应异常和上皮屏障功能受损。环境因素作用于遗传易感者，在肠道菌群参与下，启动肠道异常免疫应答，最终引起免疫损伤和炎症过程。因为CD患者免疫调节紊乱和(或)特异抗原的持续刺激，免疫炎症反应表现为过度且难以自限^[3]。

症状：

①主要症状：腹痛、腹泻、体重下降。大多数患者起病隐匿，进展缓慢，病程多呈慢性，活动期与缓解期交替，迁延不愈，并且有终身复发倾向。少数患者起病较急，可有急腹症表现，易与肠梗阻或急性阑尾炎混淆。

②伴随症状：克罗恩病可能与免疫系统异常有关，故可累及全身多个系统，伴发一系列肠外表现，包括口腔溃疡、脊柱关节炎、眼炎(虹膜睫状体炎、葡萄膜炎)、皮肤损害(结节性红斑、坏疽性脓皮病)、肝胆疾病(原发性硬化性胆管炎、慢性活动性肝炎)等^[4]。

CD患者和溃疡性结肠炎(UC)患者的菌群结构异于健康人群，CD患者的菌群紊乱程度更甚于UC患者^[5]。CD患者的肠道菌群多样性降低，Escherichia coli及产生硫酸盐的细菌显著增加，F.prausnitzii、C.prausnitzii及产生短链脂肪酸的Roseburia显著减少^[6]。另外发现，CD患者的Candida tropicalis、Escherichia coli和Serratia marcescens的丰度显著升高，Verrucae、Christensenellaceae减少，Trichospirillaceae和Rumen coccaceae减少，Enterobacteriaceae增加。CD患者的Bifidobacterium、UC患者的Desulfovibrio与抑郁负相关，克罗恩病患者的Sartrella、RF32和Lactococcus与生活质量正相关^[7, 8]。

◆ 参考文献



1. Torres, J., et al., Crohn's disease. *Lancet*, 2017. 389(10080): p. 1741-1755.
2. Quraishi, M.N., et al., Systematic review with meta-analysis: the efficacy of faecal microbiota transplantation for the treatment of recurrent and refractory Clostridium difficile infection. *Aliment Pharmacol Ther*, 2017. 46(5): p. 479-493.
3. Nishida, A., et al., Gut microbiota in the pathogenesis of inflammatory bowel disease. *Clin J Gastroenterol*, 2018. 11(1): p. 1-10.
4. Paramsothy, S., et al., Faecal Microbiota Transplantation for Inflammatory Bowel Disease: A Systematic Review and Meta-analysis. *J Crohns Colitis*, 2017. 11(10): p. 1180-1199.
5. Franzosa, E.A., et al., Gut microbiome structure and metabolic activity in inflammatory bowel disease. *Nat Microbiol*, 2019. 4(2): p. 293-305.
6. Shen, Z., et al., Update on intestinal microbiota in Crohn's disease 2017: Mechanisms, clinical application, adverse reactions, and outlook. *J Gastroenterol Hepatol*, 2017. 32(11): p. 1804-1812.
7. Humbel, F., et al., Association of Alterations in Intestinal Microbiota With Impaired Psychological Function in Patients With Inflammatory Bowel Diseases in Remission. *Clin Gastroenterol Hepatol*, 2020. 18(9): p. 2019-2029 e11.
8. Sun, M., et al., Microbiota metabolite short chain fatty acids, GPCR, and inflammatory bowel diseases. *J Gastroenterol*, 2017. 52(1): p. 1-8.



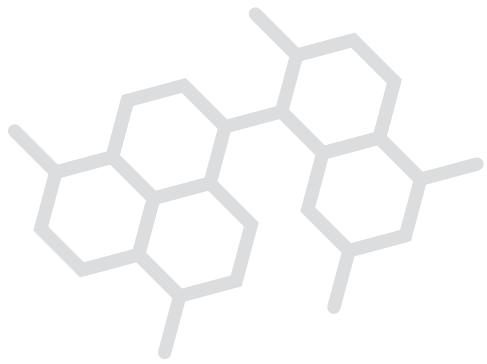
武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 风险原因



武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 个性化干预方案



益鼎天养

武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 推荐方案(免费)

*声明: 武汉益鼎天养生物科技有限公司免费为贵宾客户提供每种疾病最有效和最不利的食物与补充剂(营养素、天然提取物、中草药)方案, 该数据来源于网络大数据(源自美国及全球科研机构公开发布的文献报道(PubMed及其他权威医学期刊)、维基百科英文、维基百科中文, 以及中医名著)通过AI技术计算获得, 推荐等级和使用剂量仅供参考, 由此产生的任何问题, 公司不负有任何责任!

◆ 疾病介绍

抑郁症 (Depression) 以显著而持久的心境低落为主要临床特征。表现为心境低落与其处境不相称, 情绪的消沉可以从闷闷不乐到悲痛欲绝, 自卑抑郁, 甚至悲观厌世或有自杀企图或行为, 甚至发生木僵 (部分病例有明显的焦虑和运动性激越严重者可出现幻觉、妄想等精神病性症状)。每次发作持续至少2周以上、长者甚或数年, 多数病例有反复发作的倾向, 每次发作大多数可以缓解, 部分可有残留症状或转为慢性。

症状:

- ①心境低落: 显著而持久的情感低落, 抑郁悲观。轻者闷闷不乐、无愉快感、兴趣减退, 重者痛不欲生、悲观绝望、度日如年、生不如死。典型患者的抑郁心境有晨重夜轻的节律变化。
- ②思维迟缓: 思维联想速度缓慢, 反应迟钝思路闭塞。
- ③活动减退: 表现行为缓慢, 生活被动、疏懒, 不想做事, 不愿和周围人接触交往, 常独坐一旁, 或整日卧床, 闭门独居、疏远亲友、回避社交。
- ④认知功能损害: 主要表现为记忆力下降、注意力障碍、反应时间延长、警觉性增高、抽象思维能力差、学习困难, 语言流畅性差、空间知觉、眼手协调及思维灵活性等能力减退。
- ⑤躯体症状: 主要有睡眠障碍、乏力、食欲减退、体重下降、便秘、身体任何部位的疼痛、性欲减退、阳痿闭经等。

最近发现肠道菌群与大脑之间的关系对精神疾病 (包括重度抑郁症 (MDD)) 具有重要影响^[1,2]。把MDD患者的细菌移植到啮齿动物体内会产生抑郁症样的行为^[3]。在6项符合条件的研究中发现, MDD患者和对照组之间有50个分类群存在差异 ($p<0.05$)。MDD患者的九个菌属较高 (Anaerostipes, Blautia, Clostridium, Klebsiella, Lachnospiraceae incertae sedis, Parabacteroides, Parasutterella, Phascolarctobacterium, and Streptococcus), 六个菌属较低 (Bifidobacterium, Dialister, Escherichia/Shigella, Faecalibacterium, and Ruminococcus)^[3-5]。Naseribafrouei等人发现37名轻度至重度MDD患者的Bacteroidetes总体比例偏低^[6]。研究发现, 在MDD患者的Enterobacteriaceae和Alistipes的比例过高, 而Faecalibacterium的丰度低于健康对照组; 且发现Faecalibacterium与症状严重程度呈负相关^[2]。肠道菌群将是抑郁症治疗和干预的重要靶点。

◆ 参考文献

1. Zheng, P., et al., Gut microbiome remodeling induces depressive-like behaviors through a pathway mediated by the host's metabolism. *Mol Psychiatry*, 2016. 21(6): p. 786-96.
2. Jiang, H., et al., Altered fecal microbiota composition in patients with major depressive disorder. *Brain Behav Immun*, 2015. 48: p. 186-94.
3. Lin, P., et al., Prevotella and Klebsiella proportions in fecal microbial communities are potential characteristic parameters for patients with major depressive disorder. *J Affect Disord*, 2017. 207: p. 300-304.
4. Aizawa, E., et al., Possible association of *Bifidobacterium* and *Lactobacillus* in the gut microbiota of patients with major depressive disorder. *J Affect Disord*, 2016. 202: p. 254-7.
5. Chen, Z., et al., Comparative metaproteomics analysis shows altered fecal microbiota signatures in patients with major depressive disorder. *Neuroreport*, 2018. 29(5): p. 417-425.
6. Naseribarouei, A., et al., Correlation between the human fecal microbiota and depression. *Neurogastroenterol Motil*, 2014. 26(8): p. 1155-62.



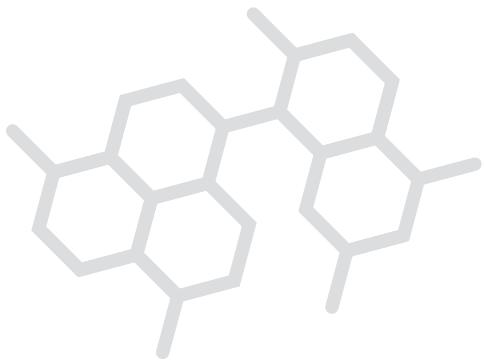
武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 风险原因



武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 个性化干预方案



益鼎天养

武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 推荐方案(免费)

*声明: 武汉益鼎天养生物科技有限公司免费为贵宾客户提供每种疾病最有效和最不利的食物与补充剂(营养素、天然提取物、中草药)方案, 该数据来源于网络大数据(源自美国及全球科研机构公开发布的文献报道(PubMed及其他权威医学期刊)、维基百科英文、维基百科中文, 以及中医名著)通过AI技术计算获得, 推荐等级和使用剂量仅供参考, 由此产生的任何问题, 公司不负有任何责任!

◆ 疾病介绍

自闭症 (autism) , 又称孤独性障碍 (autistic disorder) , 是广泛性发育障碍 (pervasive developmental disorder, PDD) 的代表性疾病。《DSM-IV-TR》将 PDD 分为 5 种: 孤独性障碍、Retts 综合症、童年瓦解性障碍、阿斯伯格综合征和未特定的 PDD。自闭症是 PDD 中最常见、最具有代表性的疾病。该疾病起病于婴幼儿时期, 以社会交往障碍、交流障碍、局限的兴趣、刻板与重复行为方式为主要临床表现, 多数患儿还会伴有不同程度的精神发育迟滞。自闭症以遗传因素为主, 遗传因素和环境因素相互作用而导致的结果。目前的研究显示, 自闭症患儿存在脑结构和功能的异常。部分孤独症患者存在小脑发育不良、脑干萎缩、杏仁核缩小、胼胝体缩小、海马缩小、侧扣带回缩小、早期脑体积增大等。

症状: 自闭症多起病于 3 岁前, 主要表现出社会交往障碍、沟通障碍, 以及局限性、刻板性、重复性行为。

① 社会交往障碍

自闭症患者在社会交往方面存在质的缺陷, 他们不同程度地缺乏与人交往的兴趣, 也缺乏正常的交往方式和技巧。

典型的表现为: 回避目光、对呼唤缺少反应、缺乏与人交往的兴趣、难以理解他人情绪和想法、不懂得社交规则、不能够根据社交场景和线索调整自己的社交行为、难以建立友谊。患儿具体表现随年龄和疾病严重程度的不同而有所不同, 其中以与同龄人的交往障碍最为突出。

② 交流障碍

自闭症患儿在儿童期言语交流和非言语交流方面, 均存在障碍, 其中以言语交流障碍最为突出, 通常这也是患儿就诊的最主要原因。

非言语交流障碍主要表现为交流的表情、动作、姿势很少。语言交流障碍主要表现为语言理解能力受损, 语言发育迟缓, 语言形式及内容异常, 语调、语速异常, 言语运用能力受损。

③ 兴趣狭窄和刻板重复的行为方式

自闭症患儿兴趣范围比较狭窄, 行为常常刻板重复, 倾向于使用僵化刻板、守成规的方式去应付日常生活。

自闭症患者及ASD小鼠的肠道菌群与对照组有明显差异。正常个体/小鼠中 *Bacteroides ovatus* 和 *Parabacteroides merdae* 有明显富集; 而自闭症个体/小鼠中毛螺菌科的菌种 *Lachnospiraceae* 则明显多于对照组^[1]。有益菌的缺乏也可能影响社会的大脑功能。相关性分析表明 *Bacteroides ovatus* 和 *Parabacteroides merdae* 与重复性行为的减少及社交行为的增加呈正相关; 而 *Lachnospiraceae* 的菌种则恰好相反^[2,3]。 *Clostridium* 属下的大量物种表征了自闭症儿童粪便样品的组成。 *Bacteroidetes* 和 *Firmicutes* 不平衡, 而 *Bacteroidetes* 和其他肠道菌如 *Bifidobacterium*, *Lactobacillus*, *Sutterella*, *Prevotella*, *Ruminococcus* 属的存在增加^[4,5]。2017年, Cryan 报告研究表明, 当患有自闭症的 *Bifidobacterium* 和 *Blautia* 菌的水平较低, 胆汁中色氨酸和胆汁酸的含量也降低, 而色氨酸和胆汁酸是产生5-羟色胺所需的化合物。与正常儿童相比, 自闭症儿童具有更低水平的 *Veillonellaceae*, *Coprococcus* 和 *Prevotella* 肠道菌群^[6]。研究人员还观察到, 某些自闭症患者可能具有异常多孔的血脑屏障, 从而使一些有毒细菌副产物进入血液并到达大脑^[7]。由此可见, 特定类型的肠道菌群或是引起自闭症相关症状的重要环节。

目前大量临床实验证实改变自闭症患者的肠道菌群组成后, 自闭症相关的症状也得到了很大的改善。粪菌移植后, 自闭症患者的细菌多样性显著增加, *Bifidobacterium* 和 *Prevotella* 的相对丰度也增高了^[7]。因此靶向干预肠道菌群组成可以作为一种治疗具有胃肠道问题的自闭症儿童的潜在疗法。

◆ 参考文献

1. Finegold, S.M., et al., Pyrosequencing study of fecal microflora of autistic and control children. *Anaerobe*, 2010. 16(4): p. 444-53.
2. Adams, J.B., et al., Gastrointestinal flora and gastrointestinal status in children with autism--comparisons to typical children and correlation with autism severity. *BMC Gastroenterol*, 2011. 11: p. 22.
3. Kang, D.W., et al., Reduced incidence of *Prevotella* and other fermenters in intestinal microflora of autistic children. *PLoS One*, 2013. 8(7): p. e68322.
4. Wang, L., et al., Increased abundance of *Sutterella* spp. and *Ruminococcus* torques in feces of children with autism spectrum disorder. *Mol Autism*, 2013. 4(1): p. 42.
5. Williams, B.L., et al., Application of novel PCR-based methods for detection, quantitation, and phylogenetic characterization of *Sutterella* species in intestinal biopsy samples from children with autism and gastrointestinal disturbances. *mBio*, 2012. 3(1).
6. Sharon, G., et al., Human Gut Microbiota from Autism Spectrum Disorder Promote Behavioral Symptoms in Mice. *Cell*, 2019. 177(6): p. 1600-1618.e17.
7. Svoboda, E., Could the gut microbiome be linked to autism? *Nature*, 2020. 577(7792): p. S14-s15.



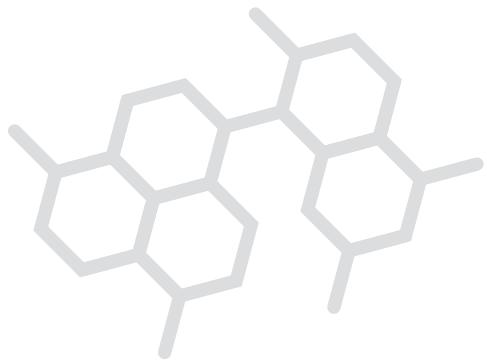
武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 风险原因



武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 个性化干预方案



益鼎天养

武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 推荐方案(免费)

*声明: 武汉益鼎天养生物科技有限公司免费为贵宾客户提供每种疾病最有效和最不利的食物与补充剂(营养素、天然提取物、中草药)方案, 该数据来源于网络大数据(源自美国及全球科研机构公开发布的文献报道(PubMed及其他权威医学期刊)、维基百科英文、维基百科中文, 以及中医名著)通过AI技术计算获得, 推荐等级和使用剂量仅供参考, 由此产生的任何问题, 公司不负有任何责任!

◆ 疾病介绍

结肠疾病是指大肠结肠区域的病理过程，包括结肠息肉、阿米巴肠病、慢性特异性结肠炎、急性细菌性痢疾、结肠黑变病、结肠癌、溃疡性结肠炎 (ulcerative colitis, UC)

①结肠息肉：结肠息肉泛指肠粘膜表面向肠腔突出的隆起性病变，包括有腺瘤、儿童型息肉、炎症息肉及息肉病等。从病理上来看，有的是良性肿瘤，有的是炎症增生的后果。但由于肉眼看来大体相似，因此这一含义笼统不清的病名“息肉”一直被习惯采用。其发生与饮食、遗传、炎症刺激等有关。其表现为：

息肉脱垂：在直肠内带有长蒂的息肉可以在排便时脱出肛门外，此种症状小儿比较多。结肠息肉与癌关系密切，尤其是多发腺瘤直径大于2.5cm、乳头状腺瘤和家族型息肉病癌变率较高。

粪便改变：大肠息肉可以造成较多黏液排出，有时息肉为多发性或体积较大者，亦可引起腹泻或造成排便困难。

腹痛：较少见，有时较大息肉可以引起肠套叠，以至造成肠梗阻而出现腹痛。

便血：常呈鲜红色，有时甚至可引起贫血。儿童期无痛性血便，以结肠息肉引起者最多见。

②阿米巴肠病：大多起病缓慢，病变主要位于盲肠、结肠、直肠。排便次数增多伴有下腹痛，典型者粪便呈果酱样有腐败腥臭味，也可为脓血便或血便，新鲜粪便检查可发现阿米巴包囊或滋养体。此病治疗效果比较好。

③慢性特异性结肠炎：起病多数缓慢，病程多时间较长，常有反复发作或持续加重的情况。精神刺激、劳累、饮食失调为本病发病的诱因。

症状：腹泻、黏液便及脓血便，轻度结肠炎患者每天3—4次，重者数十次或腹泻与便秘交替出现；腹痛：轻度结肠炎患者无腹痛或仅有腹部不适；一般有轻度至中度腹痛，下腹阵痛，涉及全腹有痛→便意→便后缓解的规律；便秘：结肠炎患者大便秘结4—5日排便一次，粪便如羊屎样，甚则不吃泻药不能通便；其他症状：腹胀、消瘦、乏力、肠鸣、失眠、多梦、怕冷等。

④急性细菌性痢疾：夏秋季多见，发病急，患者常常有发热、脓血样便，次数频繁伴有腹痛、里急后重及毒血症症状。反复粪便培养可找到致病菌，用抗生素治疗有效。



武汉益鼎天养生物科技有限公司

⑤结肠黑变病: 一种少见的非炎症性的、良性可逆性疾病。与长期喝减肥茶、便秘有关, 易伴发与肠癌和结肠息肉。这种病临床没有症状和体征, 诊断主要依靠肠镜及病理学检查。对习惯性便秘、腹泻、便血和长期服用泻剂的患者, 应定期进行肠镜检查。停药6个月以上肠道色素可逐渐消失。

⑥结肠癌: 表现为排便次数增多或腹泻、便秘交替, 便中有脓血、黏液。结肠镜检查可见肿瘤大小、形态并能做活检。

⑦溃疡性结肠炎 (ulcerative colitis, UC) 是一种影响结肠的慢性炎症疾病, 其发病率在世界范围内呈上升趋势。发病机制是多因素的, 包括遗传易感性、上皮屏障缺陷、免疫反应失调和环境因素, 以及肠道菌群紊乱。溃疡性结肠炎患者的粘膜炎症始于直肠, 可持续延伸至结肠近端。溃疡性结肠炎通常表现为血性腹泻, 通过结肠镜检查和组织学发现进行诊断^[1, 2]。

公司的大数据分析表明, 结肠疾病患者细菌多样性缺失, 菌群结构发生明显变化, 优势菌群的比例与疾病状况呈负相关性^[3]。UC患者粪便中Faecalibacterium prausnitzii及Eubacterium rectale含量显著降低^[4], Eubacterium rectum及Clostridium tenella在UC患者中的丰度显著降低, Escherichia coli显著富集。UC患者的粘膜相关细菌总数及Escherichia coli、Clostridium、Bacteroides数量均显著上升, Lactobacillus的丰度在UC患者中下降^[5, 6]。在UC患者中, 有益菌 (Clostridium tenella、Clostridium IV及XIVa簇、Bifidobacterium、Bacteroides、Roseburia等) 减少、有害菌 (粘附侵袭性Escherichia coli、Fusobacterium、Candida albicans) 增加^[7, 8]。

肠道菌群在结肠疾病发生和改善过程中都发挥重要作用: 肠道菌群失调导致的短链脂肪酸减少及T细胞应答的失调; 益生菌能改善肠黏膜屏障功能和免疫功能, 促进炎症因子的分泌, 从而抑制肠道有害菌的生长, 粪菌移植可降低肠道通透性, 利于维持上皮屏障的完整性, 并抑制Th1细胞分化, 恢复免疫平衡^[9]。因此, 利用益生菌、益生元或FMT等方法改善结肠疾病患者的肠道环境是结肠疾病的有效手段。

◆ 参考文献



武汉益鼎天养生物科技有限公司

1. Ungaro, R., et al., Ulcerative colitis. Lancet, 2017. 389(10080): p. 1756-1770.
2. Keshteli, A.H., K.L. Madsen, and L.A. Dieleman, Diet in the Pathogenesis and Management of Ulcerative Colitis; A Review of Randomized Controlled Dietary Interventions. Nutrients, 2019. 11(7).
3. Mar, J.S., et al., Disease Severity and Immune Activity Relate to Distinct Interkingdom Gut Microbiome States in Ethnically Distinct Ulcerative Colitis Patients. mBio, 2016. 7(4).
4. Li, K.Y., et al., Fecal microbiota in pouchitis and ulcerative colitis. World J Gastroenterol, 2016. 22(40): p. 8929-8939.
5. Zhong, W., et al., Distinct Microbial Populations Exist in the Mucosa-associated Microbiota of Diarrhea Predominant Irritable Bowel Syndrome and Ulcerative Colitis. J Clin Gastroenterol, 2019. 53(9): p. 660-672.
6. Deepak, P., et al., Safety of Tofacitinib in a Real-World Cohort of Patients With Ulcerative Colitis. Clin Gastroenterol Hepatol, 2020.
7. Zhang, S.L., S.N. Wang, and C.Y. Miao, Influence of Microbiota on Intestinal Immune System in Ulcerative Colitis and Its Intervention. Front Immunol, 2017. 8: p. 1674.
8. Poojary, P., et al., Predictors of Hospital Readmissions for Ulcerative Colitis in the United States: A National Database Study. Inflamm Bowel Dis, 2017. 23(3): p. 347-356.
9. Ungaro, R., et al., A Treat-to-Target Update in Ulcerative Colitis: A Systematic Review. Am J Gastroenterol, 2019. 114(6): p. 874-883.



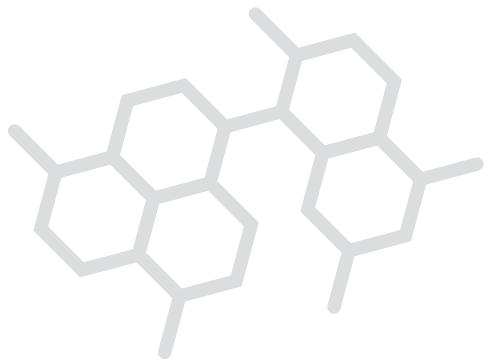
武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 风险原因



武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 个性化干预方案



益鼎天养

武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 推荐方案(免费)

*声明: 武汉益鼎天养生物科技有限公司免费为贵宾客户提供每种疾病最有效和最不利的食物与补充剂(营养素、天然提取物、中草药)方案, 该数据来源于网络大数据(源自美国及全球科研机构公开发布的文献报道(PubMed及其他权威医学期刊)、维基百科英文、维基百科中文, 以及中医名著)通过AI技术计算获得, 推荐等级和使用剂量仅供参考, 由此产生的任何问题, 公司不负有任何责任!

◆ 疾病介绍

I型糖尿病 (Type 1 diabetes, T1D) 是儿童中第二常见的自身免疫性疾病。为自身免疫机制引起的胰岛 β 细胞破坏、胰岛素绝对不足引起的一种糖尿病，导致胰岛素绝对缺乏，且具有酮症酸中毒倾向，多见于青少年，可见于任何年龄段，目前无法治愈，需终身使用胰岛素治疗。在儿童及青少年糖尿病患者中，I型糖尿病所占比例约为80%-90%。

发病初期症状：

- ①暴发性T1D：起病最急，会突然出现“三多一少(多饮、多食、多尿、体重减轻)”的典型症状，以及类似急性胰腺炎的表现，比如剧烈腹痛、恶心、呕吐等。
- ②儿童及青少年患者、成人急性起病者：常在感染等诱因下出现酮症酸中毒的症状，如头痛、烦躁、嗜睡、呼吸深快、呼气中有烂苹果味等，甚至直接表现为脱水、循环衰竭或昏迷等症状。
- ③“蜜月”缓解：部分患者在经胰岛素治疗后细胞功能明显改善，可减少胰岛素用量甚至停药，但蜜月期常不超过1年，之后胰岛素需求量又逐渐增加。

中后期症状：

病程10-15年以上的患者若不经合理治疗，会出现各种慢性并发症，如糖尿病肾病、糖尿病视网膜病变、冠心病、脑血管病等，后果严重。

最近研究表明，肠道菌群紊乱导致的营养不良和T1D的发病之间存在相关性^[1]。肠道菌群紊乱可能通过破坏肠黏膜屏障及扰乱免疫功能参与T1D的进程。紊乱的肠道菌群通过增加肠道通透性，促进肠道炎症，干扰免疫成熟^[2, 3]。

六项研究一致显示，与相应的健康者相比，T1D 患者的产丁酸的Clostridium丰度显著下降^[1,4-7]。是包括Roseburia faecis (Clostridium cluster XIVa的一种) 和 Faecalibacterium prausnitzii (Clostridium cluster IV的一种)。一项研究发现，一项研究发现产丁酸的Intestinimonas在T1D患者中也显著降低^[8]。Prevotella是一种粘蛋白降解菌，也是粘蛋白合成增加的标志物，其相对丰度在T1D患者中也明显低于健康者^[9]。一些属于Bacteroides的物种，包括外Bacteroides vulgatus, Bacteroides rodentium, 和Bacteroides xylosovens, 在T1D患者中显著高于健康者^[10]。

肠道菌群已被认为是T1D发病机理的主要参与者。越来越多的T1D模型已将肠道微生物的潜在作用视为T1D发病机理的重要因素。肠道菌群干预是探索T1D新的预防或治疗策略的新领域。常用的改变T1D肠道微生物组成的方法包括使用益生菌、使用抗生素、粪便微生物移植和饮食干预。

◆ 参考文献

1. Leiva-Gea, I., et al., Gut Microbiota Differs in Composition and Functionality Between Children With Type 1 Diabetes and MODY2 and Healthy Control Subjects: A Case-Control Study. *Diabetes Care*, 2018. 41(11): p. 2385-2395.
2. Bendtsen, K.M., et al., The influence of the young microbiome on inflammatory diseases--Lessons from animal studies. *Birth Defects Res C Embryo Today*, 2015. 105(4): p. 278-95.
3. Brown, E.M., D.J. Kenny, and R.J. Xavier, Gut Microbiota Regulation of T Cells During Inflammation and Autoimmunity. *Annu Rev Immunol*, 2019. 37: p. 599-624.
4. Higuchi, B.S., et al., Intestinal Dysbiosis in Autoimmune Diabetes Is Correlated With Poor Glycemic Control and Increased Interleukin-6: A Pilot Study. *Front Immunol*, 2018. 9: p. 1689.
5. Huang, Y., et al., Gut microbiota profiling in Han Chinese with type 1 diabetes. *Diabetes Res Clin Pract*, 2018. 141: p. 256-263.
6. de Groot, P.F., et al., Distinct fecal and oral microbiota composition in human type 1 diabetes, an observational study. *PLoS One*, 2017. 12(12): p. e0188475.
7. Qi, C.J., et al., Imbalance of Fecal Microbiota at Newly Diagnosed Type 1 Diabetes in Chinese Children. *Chin Med J (Engl)*, 2016. 129(11): p. 1298-304.
8. Pellegrini, S., et al., Duodenal Mucosa of Patients With Type 1 Diabetes Shows Distinctive Inflammatory Profile and Microbiota. *J Clin Endocrinol Metab*, 2017. 102(5): p. 1468-1477.
9. Mejia-Leon, M.E., et al., Fecal microbiota imbalance in Mexican children with type 1 diabetes. *Sci Rep*, 2014. 4: p. 3814.
10. Zhou, H., et al., Gut Microbiota Profile in Patients with Type 1 Diabetes Based on 16S rRNA Gene Sequencing: A Systematic Review. *Dis Markers*, 2020. 2020: p. 3936247.



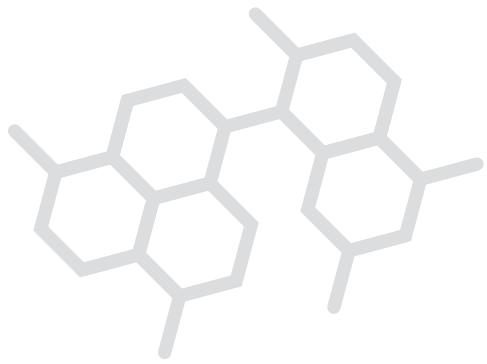
武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 风险原因



武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 个性化干预方案



益鼎天养

武汉益鼎天养生物科技有限公司



◆ 推荐方案(免费)

*声明: 武汉益鼎天养生物科技有限公司免费为贵宾客户提供每种疾病最有效和最不利的食物与补充剂(营养素、天然提取物、中草药)方案, 该数据来源于网络大数据(源自美国及全球科研机构公开发布的文献报道(PubMed及其他权威医学期刊)、维基百科英文、维基百科中文, 以及中医名著)通过AI技术计算获得, 推荐等级和使用剂量仅供参考, 由此产生的任何问题, 公司不负有任何责任!





武汉益鼎天养生物科技有限公司

报告补充说明

SUPPLEMENTARY REPORT

武汉益鼎天养生物科技有限公司提供对粪便样中的菌群DNA检测和分析。DNA使用磁珠法提取微生物DNA，并通过聚合酶链式反应(PCR)扩增标记基因(16S rDNA)V3-V4区段并进行文库构建。基于二代高通量测序技术，使用Illumina MiSeq PE300测序平台(根据检测实验室和检测批次可能使用Illumina其他型号测序仪)测序。可以鉴定来自粪便样品微生物菌属构成，并针对性分析其中的多个菌属的胃肠道微生物组成。疾病风险分析基于网络公共平台大数据、公司自有数据与客户菌群测序结果，经过多融合模型机器学习方法训练并评估每个样本的各项疾病风险几率(专利号：2020113702440)。公司依据自有的肠道菌群与植物多糖数据库计算出针对客户的菌群特征提供个性化干预方案。

疾病分析中提供的疾病概率可能受限于样本规模和个体状态，仅作为临床诊断参考和提示。肠道菌群与疾病和健康的关系尚在不断研究之中，本检测仅对检测样本结果负责，报告中未提示异常或风险不代表不存在疾病，仅作为菌群状况的辅助提示不作为单独诊断。公司不保证报告中描述的文献或相关性，以及所包含的健康状况和药物信息可能会发生变化。进一步的治疗或诊断需由专业医生结合其他检查综合判断。检测结果中包括各种微生物的构成和相对含量，这些微生物的一部分不一定具有致病性，但因反映了患者的健康状态而包含在检测内。微生物组与临床的相关性发展迅速，部分相关可能是临床疾病的发病因素。未检出也不排除存在引起疾病的微生物或疾病。请咨询医生或专家以解释本报告中的结果。

在利用报告开始或改变患者诊断检查或干预计划之前，医疗专业人员应与其他临床相关指标(例如患者病史，体检指标)，以及其他研究(如实验室，病理学和成像)相结合。患者管理决策必须基于治疗医学专业人员的独立医学判断。检测及随附的报告不能作为临床诊断或患者管理决策的唯一手段。医务专业人员在使用此信息时必须仔细考虑该样本中的不确定因素或存在其他环境或个体干扰因素。

武汉益鼎天养生物科技有限公司不声称可以诊断、治愈或预防任何疾病，菌群检测仅作为菌群状况的评估和辅助提示。本报告并不旨在涵盖所有可能的用途、方向、预防措施、警告、药物相互作用、过敏反应或不良反应。本报告不提供临床建议，信息仅供参考。您不应仅依靠报告的任何信息来诊断或治疗，请与合格的医疗保健专业人员进行咨询来正确理解检测结果，如果您要进行医疗急诊，请立即致电当地的急诊服务，或访问最近的急诊室或紧急护理中心，任何临床诊疗请与您的医生联系。



官方微博公众号

武汉益鼎天养生物科技有限公司
Wuhan Gut Flora Biotechnology Co., Ltd

地 址: 湖北省武汉市江夏区高新大道818号高科医疗器械园B10栋B入口4楼
电 话: 027-87168668