宏基因组检测报告

姓名 张三

年龄

3岁0月

样本编号

64XXXXX09

报告日期

2024-04-05

健康总分

64

健康总分 64 分,处于亚健康及营养饮食不合理状态,表明目前健康状况处于中等偏下水平,主要原因是饮食营养不均衡,需要通过调整饮食结构和生活习惯来改善健康状况。

肠道年龄

5.47 岁

当肠道菌群反映的年龄大幅偏离真实年龄时通常代表您的肠道菌群出现了紊乱、存在疾病风险或发育滞后

肠型

普雷沃氏菌型

肠型为"普雷沃氏菌",意味着在您的肠道菌群中,普雷沃氏菌是主要优势菌。这种肠型通常与高碳水化合物、高纤维的饮食方式相关,常见于偏好植物性食物的人群中。

宏基因组报告指南

① 本宏基因组报告旨在提供对您肠道中微生物群落的全面分析与理解。以下是一些基本概念技术解析和注意事项。

② 什么是肠道菌群的宏基因组? 和 16s 有什么区别?

● 肠道菌群的宏基因组是指从肠道微生物群体中提取的所有微生物(如细菌、古菌、真菌和病毒等)的遗传物质(DNA)进行分析和研究的领域。宏基因组报告提供更为详尽和全面的微生物分析,可以揭示微生物的功能和相互作用,而 16S rRNA 报告则更侧重于分类学上的信息,适合用作微生物群落的初步分析。

▲ 本报告采用高通量测序对肠道菌群进行宏基因组检测,然后使用大数据和人工智能技术对各项指标进行评估,以下是您在阅读报告时要注意的事项:

• 结果的解读并非绝对:

报告中的数据和分析结果只是对您肠道菌群的一个快照,它们可能会受到多种因素的影响,如饮食、生活方式、地理环境等。因此,请保持对结果的审慎态度,不要将其视为绝对的健康指标。

• 个体差异:

肠道菌群的构成因人而异,个体差异可能会导致相同的微生物组成在不同人群中的健康影响截然不同。因此,报告中某些相关性的普遍性可能无法适用于每个人。

• 技术和方法的限制:

- 尽管高通量测序和人工智能技术能提供强大的分析能力,但这些技术也有局限性。例如,某些微生物可能在 样本处理中丢失,或存在序列的拼接错误,这可能导致结果的不准确性或偏差。

• 功能预测的局限性:

报告中对微生物功能的预测基于已有数据库和算法,这些预测并不一定能准确反映微生物的实际生理功能。 请谨慎对待这些预测,尤其是在临床决策时。

• 临床相关性并不确定:

报告可能会提到与某些健康状况的相关性,但关联并不等于因果关系。个别结果需结合您的整体健康状况和 其他临床因素进行判断,而不是单一指标决定健康状况。

• 避免过度解读:

 有些微小的变化可能并不具有临床意义,因此请避免对微小差异进行过度解读。务必要将结果视为整体趋势, 而非孤立的指标。

• 跟踪研究的重要性:

 肠道菌群是动态的,定期监测和跟踪会提供更好的健康状态评估。单次测试结果的意义有限,尤其是在没有 长期数据对比的情况下。

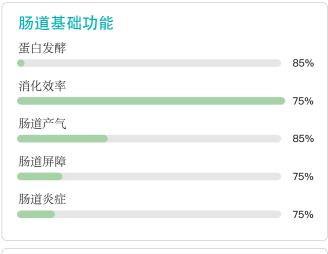
肠道菌群整体评估

- む本部分总结了您本次肠道菌群检测的各项关键指标,主要包含三个核心维度:
 - 肠道基础功能: 评估肠道的基础生理功能,包括蛋白质发酵能力、消化吸收效率、肠道产气情况、肠道屏障完整性以及炎症状态
 - 代谢相关指标: 反映肠道菌群的代谢活性,评估包括代谢健康水平和特定物质(如草酸盐)的代谢能力
 - 菌群分析: 全面评估肠道菌群的整体状况,包括菌群数量、多样性、群落平衡性以及菌群的恢复能力等关键特征

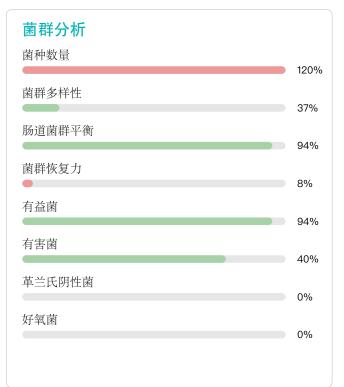
同时,我们对检测到的上千种细菌进行了特性分析,包括: • 革兰氏阴性/阳性菌分布 • 生物膜形成能力 • 致病潜力评估 • 好氧/厌氧/兼性厌氧菌比例 • 氧化胁迫状况

这些特性分析对后续临床用药具有重要的指导意义,例如: • 针对革兰氏特性选择适当的抗生素 • 根据肠道氧环境选择合适的药物(如柳氮磺胺吡啶)

需要注意的是,健康的肠道菌群应当具备以下特征: 菌群构成合理,物种多样性丰富以及有益菌占优,有害菌较少。







- € 检测到的主要病毒及其特点:
 - 分枝杆菌噬菌体 Echild: 一种专门感染分枝杆菌的病毒,通过调控宿主菌的数量来维持菌群平衡。
 - 草履虫绿藻病毒 1 号: 常见的水生环境病毒,可能通过饮食进入肠道,对人体无害。
 - 人内源性反转录病毒 K:人类基因组的组成部分,在进化过程中整合入人类 DNA,通常处于沉默状态。
 - Cbastvirus ST 和 Shalavirus Shbh1:新发现的病毒类型,目前研究表明在正常范围内对人体健康无明显影响。
- ◆ 检测结果显示,所有病毒的丰度都维持在正常范围(0-0.05%)内,表明您的肠道病毒群处于稳定和健康的状态,这种平衡有助于维持肠道微生态系统的正常运作。

肠道基础功能评估

1 肠道基础功能是反映消化系统健康状况的重要指标,包括消化吸收、代谢转化和防御屏障等核心功能。通过这些指标的评估,可以全面了解肠道的工作状态和功能完整性。

❸ 肠道基础功能评估有什么临床意义?

● 肠道基础功能评估的临床意义包括但不限于以下方面:

- 蛋白发酵:评估蛋白质在肠道内的代谢过程及其产物的影响可以指导优化蛋白质摄取,调节饮食结构。
- 消化效率: 反映机体消化吸收能力, 可以指导饮食调整(如低脂饮食)或酶补充治疗。
- 肠道产气: 评估微生物发酵代谢导致气体生成情况, 识别肠道菌群异常与气体代谢问题。
- 肠道屏障: 反映肠道通透性及防御功能,可以提示全身性炎症和代谢紊乱(如肥胖、糖尿病)。
- 肠道炎症: 评估肠道免疫系统活性和炎症水平,诊断炎症性疾病,动态监测治疗效果。

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价
蛋白发酵 Protein fermentation	0–70	3	正常
1 反映肠道菌群对蛋白质的分解能力,	影响氨基酸的吸收和利用效率。		
消化效率 Digestive Efficiency	25–100	99	正常
评估肠道对各类营养物质的消化吸收	能力,包括碳水化合物、脂肪和蛋	百百质的处理效率。	
肠道产气 Intestinal Gas Production	0–70	47	正常
1 反映肠道菌群发酵过程的活跃程度,	与肠道微生态平衡密切相关。		
肠道屏障 Intestinal Barrier	25–100	28	正常
评估肠黏膜的完整性和防御功能,是	阻止有害物质进入体内的重要屏障		
肠道炎症 Intestinal Inflammation	0–75	18	正常
反映肠道免疫状态和炎症反应水平,	是肠道健康的重要指标。		

♣ 所有指标的评估值都在参考范围之内。总体来看,您的消化吸收功能较强,肠道炎症水平较低,但需要关注蛋白发酵偏低和肠道屏障功能偏低的情况。建议在保持良好饮食习惯的同时,可以考虑适当补充有益菌,增强肠道菌群活性和屏障功能。

代谢功能评估

1 肠道代谢功能评估是反映消化系统代谢能力的重要指标组合,主要包括代谢健康和草酸盐代谢两个核心维度。通过这些指标的评估,可以深入了解肠道的代谢状态和功能完整性。

② 代谢功能评估有什么临床意义?

- 代谢功能评估的临床意义包括但不限于以下方面:
 - 代谢功能评估: 通过指标判断肠道代谢效率和能量转化能力。
 - 结石风险: 评估草酸盐代谢情况, 预测肾结石等疾病风险。
 - 营养吸收: 反映机体对营养物质的利用效率。

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价
代谢健康 Metabolic health	25–100	1 I	缺乏
反映肠道整体的代谢状态和效率,	是评估机体能量代谢和营养物质转化的	的重要指标。	
草酸盐代谢 Oxalate metabolism	25–100	1 I	缺乏
评估肠道对草酸盐的处理能力,			

- € 代谢指标严重偏低需要重点关注:
 - 代谢健康(1,参考范围 25-100): 这个关键指标严重低于正常范围,表明肠道代谢功能显著受损,就像一台运转效率极低的发动机,需要及时干预和调节。
 - 草酸盐代谢(1,参考范围 25–100):同样处于极低水平,提示机体对草酸盐的处理能力严重不足,可能增加肾结石等健康风险。
- 建议:
 - 及时就医进行专业评估和干预
 - 调整饮食结构,避免高草酸食物
 - 可能需要相关营养补充和代谢调节治疗

菌群整体评估

③ 菌群整体评估是评估肠道微生态系统的核心指标,通过对菌群的数量、类型和功能特征的分析,可以全面了解肠道微生态的健康状况。

❸ 菌群整体评估有什么临床意义?

- 菌群整体评估的临床意义包括但不限于以下方面:
 - 微生态评估:全面了解肠道菌群结构和功能状态。
 - 健康预警: 及早发现微生态失衡风险。
 - 治疗指导: 为精准用药和菌群调节提供依据。

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价
菌种数量 Gut microbial species count	0–100	101	超标
反映肠道微生物的总体丰度,是评估原♠	肠道微生态稳定性的基础指标。		
菌种多样性 Gut microbial diversity	15–95	36	正常
表征肠道菌群的物种丰富度和均匀度。	,高多样性通常预示着更稳定的微	效生态系统。	
菌群平衡 Gut microbiota balance	15–100	94	正常
评估有益菌与有害菌的比例关系,反时	映肠道微生态的协调程度。		
菌群恢复力 Gut microbial resilience	25–100	8	缺乏
衡量肠道菌群对外界干扰的抵抗能力	和自我修复能力。		

€ 菌群指标异常需要重点关注:

- 菌种数量(101,参考范围0-100):略微超出正常范围上限,表明肠道菌群总量偏多,需要适度关注。
- 菌群恢复力(8,参考范围 25-100):该指标严重低于正常范围,说明肠道微生态系统的自我修复和调节能力显著减弱,就像免疫系统失去了自我修复的能力,需要及时干预。
- 其他指标情况:
 - 菌群多样性(36,参考范围 15-95):处于正常范围内,但偏低,表明肠道菌群种类相对单一。
 - 菌群平衡 (94,参考范围 15-100):接近正常范围上限,显示各类菌群比例分布较为合理。

菌群微环境评估

1 肠道菌群微环境评估是反映肠道生态系统健康状况的重要指标组合,通过对不同类型菌群的分析,可以全面了解肠道 微生态的平衡状态。

② 菌群微环境评估有什么临床意义?

- 菌群微环境评估的临床意义包括但不限于以下方面:
 - 菌群平衡评估: 了解有益菌与有害菌的比例关系。
 - 免疫功能: 反映肠道免疫屏障的状态。
 - 微环境稳定性: 评估肠道生态环境的稳定程度。

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价
有益菌 Beneficial bacteria	16–100	94	正常
包括双歧杆菌、乳酸菌等对肠道健	康有利的菌群,能促进营养物质吸收	和免疫功能。	
有害菌 Pathogenic bacteria	0–84	34	正常
1 指可能导致肠道功能紊乱的菌群,	过高水平可能引起消化问题。		
革兰氏阴性菌 Gram-negative bacteria	0-0.4	0	正常
1 这类细菌的细胞壁结构特殊,与某	些疾病风险相关。		
好氧菌 Aerobic bacteria	0-0.3	0	正常
需要氧气生存的菌群,反映肠道氧	化还原环境状态。		

? 有益菌水平需要关注:

• 有益菌 (94,参考范围 16–100): 处于参考范围上限附近,表明肠道中有益菌群数量充足,这对维持肠道健康和 免疫功能非常有利。

₹ 其他指标情况:

- 有害菌(34,参考范围0-84):处于正常范围内的中低水平,显示肠道环境相对健康。
- 革兰氏阴性菌(0,参考范围 0-0.4):处于正常范围内的最低值,表明这类潜在致病菌得到了很好的控制。
- 好氧菌(0,参考范围0-0.3): 同样处于正常范围内的最低值,说明肠道氧化还原环境维持在理想状态。

总体来看,您的肠道菌群微环境状况良好,特别是有益菌含量充足,而其他可能造成不良影响的菌群都维持在较低水平, 这是非常理想的状态。

肠道菌群检测

- ① 肠道微生物以细菌为主要组成部分,在人体肠道中约有数千种不同的细菌物种,总数量高达数十万亿个。健康成年人肠道中的细菌主要由厚壁菌门(Firmicutes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、放线菌门(Actinobacteria)和变形菌门(Proteobacteria)等构成,其中厚壁菌门和拟杆菌门的数量占比最高,可达 90% 以上。
- **1** 肠道微生物以细菌为主要组成部分,在人体肠道中约有数千种不同的细菌物种,总数量高达数十万亿个。健康成年人肠道中的细菌主要由厚壁菌门(Firmicutes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、放线菌门(Actinobacteria)和变形菌门(Proteobacteria)等构成,其中厚壁菌门和拟杆菌门的数量占比最高,可达 90% 以上。
- ① 肠道微生物以细菌为主要组成部分,在人体肠道中约有数千种不同的细菌物种,总数量高达数十万亿个。健康成年人肠道中的细菌主要由厚壁菌门(Firmicutes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、放线菌门(Actinobacteria)和变形菌门(Proteobacteria)等构成,其中厚壁菌门和拟杆菌门的数量占比最高,可达 90% 以上。
- ① 肠道微生物以细菌为主要组成部分,在人体肠道中约有数千种不同的细菌物种,总数量高达数十万亿个。健康成年人肠道中的细菌主要由厚壁菌门(Firmicutes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、放线菌门(Actinobacteria)和变形菌门(Proteobacteria)等构成,其中厚壁菌门和拟杆菌门的数量占比最高,可达 90% 以上。

细菌 90% 病毒 5% 真菌 3% 原生生物 1% 寄生虫 1%

肠道细菌

① 肠道微生物以细菌为主要组成部分,在人体肠道中约有数千种不同的细菌物种,总数量高达数十万亿个。健康成年人肠道中的细菌主要由厚壁菌门(Firmicutes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、放线菌门(Actinobacteria)和变形菌门(Proteobacteria)等构成,其中厚壁菌门和拟杆菌门的数量占比最高,可达 90% 以上。我们可以从两个重要维度来评估肠道菌群中的细菌:丰度和致病性,这两个维度的组合可以帮助我们更全面地理解不同菌属在肠道微生态中的重要性和分布特征。

肠道菌群细菌分类体系

按菌群丰度分

核心菌属

在绝大多数健康人群肠道中普遍存在的优势菌 属,包括厚壁菌属、拟杆菌属等,占据总菌群的 主要组成部分。

非核心重要菌属

虽然丰度相对较低,但对维持肠道健康具有重要 作用的菌属,如乳酸菌属、双歧杆菌属等。

按菌群致病性分

有益菌

对人体健康有益的菌群,如双歧杆菌、乳酸菌等。 它们参与营养物质的消化吸收,产生维生素,增 强免疫力。

机会致病菌

通常情况下与人体和平共处,但在特定条件下(如免疫力下降时)可能导致疾病的菌群。

致病菌

能够直接导致疾病的有害菌群,它们会破坏肠道环境,引起感染和炎症等症状。

核心菌属

- ① 核心菌属是指在肠道菌群中丰度(相对数量)较高、具有重要生理功能的优势菌群,它们在维持肠道健康、参与营养物质代谢、调节免疫系统等方面发挥着主导作用,是构成肠道微生态系统的基石。主要包括拟杆菌属(Bacteroides)、普雷沃氏菌属(Prevotella)和瘤胃球菌属(Ruminococcus)等,这些菌群在正常情况下能帮助消化纤维、产生短链脂肪酸、维持肠道屏障功能。如果这些核心菌属丰度异常(过高或过低),可能导致肠道菌群失衡,引发炎症反应、免疫功能紊乱,甚至增加肥胖、糖尿病等代谢性疾病的风险。
 - 在本报告中,核心菌属指的是在 90% 人群中可被检测出,且人群平均丰度在 1% 以上的菌属。

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检
梭菌属 Clostridium	0-4.464	1.90370	正常	67%	99.52%
+ 検菌属是肠道中的	的重要菌群,参与碳水化合物	物代谢,免疫调节等,在	肠道中发挥重要作用		
普雷沃氏菌属 Prevotella	0–67.8009	0.04290	正常	50%	99.52%
该菌属具有降解析	直物多糖和黏蛋白的能力,	在肠道中参与碳水化合物	代谢,是维持肠道健康	的重要菌群	
瘤胃球菌属 Ruminococcus	0.0544–19.7985	9.84521	正常	44%	99.52%
1 消化纤维素菌群,	纤维素代谢和降解的重要	菌群,能够产生短链脂肪	酸,维持肠道健康		
拟杆菌属 Bacteroides	1.0578–47.3225	0.08974 I	偏低	2%	99.04%
重要的肠道共生菌	菌,参与碳水化合物代谢,约	维持肠道稳态,产生短链	脂肪酸		
真杆菌属 Eubacterium	0.1146-9.4883	5.75186	正常	95%	98.56%
 产生短链脂肪酸, 	参与胆固醇代谢,具有抗	炎作用,维持肠道健康			
乳酸杆菌属 Lactobacillus	0-0.4302	0.00660 Ĭ	正常	8%	91.83%
重要的益生菌,参	参与碳水化合物代谢,产生	乳酸,维持肠道健康			
芽孢杆菌属 Bacillus	0.0001-0.5535	ND	未检出	27%	77.88%
1 具有益生功能,可	可产生多种酶类和抗菌物质	增强免疫力			
Lachnoclostridi u	0-0.2086	0.17516	正常	8%	98.56%

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检出
A	1.9351-17.7942 m 产菌,下一代益生菌,抗炎, 菌等交叉调节,生产 B12,约				98.08%
6	0.0846-6.9056 合物,健康菌,偏低与炎症组 会减少,参与实菌群,差异乳		超标 巴有效果,缓解炎症性疫	75% 疾病和代谢疾病,抑制病	97.60% 病原菌,老年,氟喹诺酮
6	属 0-3.7365 ,产短链脂肪酸,许多种都 丰度高难以减肥,油炸食品		正常 症感者缺乏,关节炎恶	79% 者富集,与强直性脊柱	96.15%
	0.583-16.3581 , 丙酸,乙酸,影响结肠运动 少,与神经、兔疫,过敏相				
直肠真杆菌属 Agathobacter	0-8.6328	0.00038 I 命后恢复 抑制症康复右:	正常	27%	95.67%
1	0.0038-0.973 蔬、谷物及豆类饮食含量高, 早期肝癌丰度富集	0.18163 与维激素分泌相关,缓角	正常 释便秘,与脂肪堆积分布	9% 万负相关,双相情感障碍	95.67% 导和抑郁,阿尔兹海默症
1	0.1095-8.7303 S 改善脂肪肝病,产生强大的F 食、铁皮石斛,玉米纤维可足		偏低 顺产宝宝和长寿老人肠	9% 道丰富,过多会导致菌	95.19%
6	0.0807-18.1199 酸,乙酸生产者,参与原敏运 虑患者增加,丰度增加可能-		偏低 吲哚和苯酚,诱发溃疡	15% 杨性结肠炎,肝纤维化,	91.83% 心房颤动,自闭症患者
(1)	0.0347-8.6596 谢肠道纤维,利用果蔬果胶产 腺功能亢进、II 型糖尿病相分		正常 质量呈负相关,过少与多	70% 多种疾病相关,哮喘、ì	88.94% 过敏、认知障碍、系统性
1	0-3.7492 icterium 心菌属,高易减肥,与水果i 止鸡蛋岭固定植,低聚果糖;				88.94% 住富集,利用碳铝酸的细

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检出
巨单胞菌属 Megamonas 发酵各种碳水化 弱,炎症肠病,智	0-0.6916 合物,产乙酸、丙酸、乳酸 营养不良有关	0.00049 I ,自闭症谱系障碍、注意	正常 缺陷、多动障碍(ADHE	58%))急性脑卒中(AIS)	87.50% 较对照增高,减少与虚
粪球菌属 Coprococcus 可产丁酸,抑制结 油三酯的变化呈面	0.0826-9.4195 免疫反应,降低过敏,抑郁 E相关	0.05595 【 、帕金森、认知障碍便秘,	偏低 ,慢性肾病、虚弱者减少	64%,过多导致菌群失衡	86.06%,与体重、总胆固醇和甘
(1)	1.7546-35.5006 基石菌,维持肠道菌群平 瘤,多种疾病发生和进展期				97.12% 太和抑制病原菌,抗感染,
6	0-0.4302 生菌,消化和代谢蛋白质和 旦固醇,抗菌,丰度过高体			8% 代谢胆汁盐,改善消	91.83% 化缓解过敏,增强免疫,
6	0.0001-0.5535 自闭症儿童显著较高,可能 病菌(蜡样芽孢杆菌,炭奶			27% 古草芽孢杆菌,凝结芽	77.88% 产孢杆菌,克劳氏芽孢杆
菌),部分条件致	病菌(蜡样芽孢杆菌,炭漿	 百杆菌),过多致病,导致	菌群失衡		

? 异常核心菌群分析:

- 拟杆菌属 (Bacteroides) 检测的丰度为 0.08974 (参考范围: 1.0578-47.3225), 属于严重缺乏:
 - 功能: 消化蛋白和多糖, 维持免疫和肠道稳态
 - 影响: 可能导致肠道免疫功能失调, 影响炎症调节
 - 建议:增加膳食纤维和植物性蛋白摄入,多吃含低聚果糖的多叶蔬菜、豆类、种子、坚果等
- 1.62X 粪杆菌属 (Faecalibacterium) 显著升高:
 - 当前值: 28.86665, 参考范围: 1.9351-17.7942
 - 功能: 丁酸盐产菌, 抗炎, 维持肠道, 参与免疫调节
 - 影响:可能提示肠道处于炎症状态
 - 建议: 乳杆菌补充, 亚麻籽、壳寡糖、椰子糖(甜菜)
- 1.47X 经黏液拟杆菌属 (Blautia) 降低:
 - 当前值: 10.17279, 参考范围: 0.0846-6.9056
 - 功能: 消化复合碳水化合物,健康菌,慢性与炎症疾病相关
 - 影响: 营养不良相关,减肥有效菌,糖尿病慢性疾病和代谢疾病
 - 建议:高脂肪酸,红酒、啤酒
- 15.99X 副拟杆菌属 (Parabacteroides) 严重降低:
 - 当前值: 0.00675, 参考范围: 0.1095-8.7303
 - 功能:帮助脂肪代谢,改善免疫功能
 - 影响:可能导致代谢功能紊乱
 - 建议: 补充益生菌, 二甲双胺氧甲基吡嗪
- 74.00X 另枝菌属 (Alistipes) 严重降低:
 - 当前值: 0.00099, 参考范围: 0.0807-18.1199
 - 功能:参与色氨酸代谢,产生神经递质如 5-羟色胺、H2S
 - 影响:可能影响情绪调节,神经递质代谢异常
 - 建议:服用褪黑素,加强色氨酸补充,高脂肪含量和低糖饮食
- 1.47X 粪球菌属 (Coprococcus) 降低:
 - 当前值: 0.05595, 参考范围: 0.0826-9.4195
 - 功能: 广泛存在,参与碳水化合物代谢
 - 影响:可能影响肠道健康和代谢功能
 - 建议:增加大麦、粉红色水果和坚果摄入
- 53.07X 双歧杆菌属 (Bifidobacterium) 严重降低:
 - 当前值: 0.03296, 参考范围: 1.7546-35.5006
 - 功能: 益生菌的主力菌群,维持肠道屏障,产生神经递质 GABA
 - 影响: 免疫功能下降, 维生素合成受影响
 - 建议: 益生菌补充, 发酵乳制品, 低聚糖摄入, 益生元补充
- 100.00X 芽孢杆菌属 (Bacillus) 未检出:
 - 当前值: ND (未检出),参考范围: 0.0001-0.5535
 - 功能: 益生菌的重要菌群,可增加肠道菌群的稳定性
 - 影响:可能影响肠道菌群稳态

? 异常的核心菌属需要关注:

- 拟杆菌属 (Bacteroides, 0.089741, 显著低于参考值 1.0578-47.3225): ↓11.77 倍, 作为主要产丁酸菌显著减少,提示肠道保护屏障功能可能减弱。
- 粪杆菌属 (Faecalibacterium, 28.86665, 超出参考值 1.9351–17.7942): ↑1.62 倍, 过度升高可能影响肠道代谢平衡。
- 布劳特氏菌属 (Blautia, 10.17279, 超出参考值 0.0846-6.9056): ↑1.47 倍, 过度升高可能影响碳水化合物代谢。
- 副拟杆菌属 (Parabacteroides, 0.006751, 显著低于参考值 0.1095–8.7303): ↓15.99 倍, 严重偏低可能影响 肠道免疫功能。
- 别孢菌属 (Alistipes, 0.000991, 显著低于参考值 0.0807–18.1199): ↓74.00 倍, 严重不足提示肠道微生态多样性受损。
- 柔嘟菌属 (Coprococcus, 0.055951, 显著低于参考值 0.0826-9.4195): ↓1.47 倍, 减少可能影响短链脂肪酸的产生。
- 双歧杆菌属 (Bifidobacterium, 0.032961, 显著低于参考值 1.7546–35.5006): ↓ 53.07 倍, 重要益生菌严重不足。
- 芽孢杆菌属 (Bacillus, 未检出, 参考值 0.0001-0.5535): ↓100.00 倍, 完全未检出, 提示益生菌群严重缺失。

● 针对性改善建议:

- 益生菌补充: 优先补充双歧杆菌和芽孢杆菌等重要益生菌 选择含有多菌株的复合益生菌制剂 注意分阶段、循序渐进地补充
- 饮食调整: 增加发酵乳制品的日常摄入 适量食用全谷物、豆类等益生元 多食用富含膳食纤维的蔬菜水果 减少精制碳水化合物的摄入
- 生活习惯: 保证充足睡眠,规律作息 坚持适度运动,每天 30 分钟 保持心情愉悦,避免过度压力
- 环境因素: 避免不必要的抗生素使用 保持居室通风和适宜湿度 注意个人卫生,预防肠道感染

需要特别注意的是,多个核心菌属同时严重异常,提示肠道菌群整体失衡比较严重。建议在专业医生指导下进行系统调理,定期进行菌群检测以评估改善效果。调理过程中如出现明显不适,应及时就医。同时要保持信心,因为肠道菌群的重建是一个需要时间的过程,持续坚持才能取得良好效果。

其他非核心重要菌属

- ❶ 其他非核心重要菌属指的是在人群中丰度不高,但对肠道健康有重要影响的菌属。
- ② 如何阅读这个表格中的各项指标?
- 🧠 下列为各项指标的解读方式:
 - 菌种名称: 分别提供了各个其他非核心重要菌属的中文学术名和拉丁名。
 - 正常范围:表示该菌种在健康人群中的丰度范围。
 - 检测丰度:实际检测到的该菌种的数量,其中 ND 代表该菌属的丰度过低未检测到。
 - 结果评价: 根据检测丰度与正常范围的比较,给出的健康状态评估。
 - 超过%的人:表示您肠道检测的该菌属的丰度值比人群中%的人要高。(-%代表该菌属的丰度超标过高)
 - 有%的正常人检出:表示在正常人群中,有%的健康人能够检测到该菌属。

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检
柯林斯氏菌属 Collinsella	0-9.1529	0.01763	正常	82%	90.38%
• 柯林斯氏菌是一刻	美革兰氏阳性细菌,其水 ^宝	平与肥胖、糖尿病和心血管;	疾病等代谢病风险相关	٥	
嗜酸菌属 Bilophila	0-0.1545	0.73111	超标	- %	66.83%
		中参与氨基酸的代谢,其丰			IH
→ 刀以音唱散困闹起	B怀,廷以瑁加唐银纤维·	有发酵食品的摄入,减少糖	和稍制恢尔化合物,问	的限制红肉和加工肉 市	J柏。
黄酮还原菌属 Flavonifractor	0-0.7285	2.44087	超标	57%	91.83%
黄酮还原菌属通过	过发酵黄酮等植物化合物系	夹获取能量,参与植物性膳	食成分的降解。		
♣ 减少黄酮含量高的	的食物:限制富含黄酮的食	食物如水果、蔬菜和茶类。			
多雷氏菌属 Dorea	0.0581–5.212	0.43735	正常	20%	89.42%
多雷氏菌属是一种	中厌氧菌,主要通过发酵作	作用代谢碳水化合物,尤其:	是膳食纤维和复杂的多	糖,分解膳食纤维,产	生短链脂肪酸。
洪氏菌属 Hungatella	0-0.027	0.14743	超标	18%	89.42%
1 洪氏菌属是一种质	 天氧菌,主要通过发酵代谢	村有机物,尤其是耐消化的码	碳水化合物,如纤维和:	多糖,有助于分解食物	残渣,产生短链脂肪酸。
▲ 减少高糖和高脂肪	方食品,增加膳食纤维,技	聂入发酵食品,保持水分。			
颤螺菌属 Oscillospira	0.0033-0.5346	ND	未检出	36%	87.50%
	R 与 /m 共	孝食物成分,能够代谢一些B	☆ ヘルエル・エロ ++ /ル /= カ .カカ	및 J. / J. A Mar > 4 La har hat	

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检出
图里希菌属 Turicibacter	0-0.1234	0.00252	正常	-%	49.52%
⑤ 发酵生成乳酸,参与	与肌肉和疲劳调节 。在脉	6道中发挥重要作用,与运	动和肌肉代谢相关。丰	度变化可能影响体能和	肌肉功能。
丁酸弧菌属 Butyrivibrio 利用纤维素、淀粉和	0-3.2594 和其他多聚糖生成丁酸。	0.02421	正常 与碳水化合物代谢,维	98% 持肠道健康。产生的丁	35.58% 酸对肠道屏障功能和免
疫系统有重要作用。 克里斯滕森菌属		0.00192			
Christensenella	0-0.0054 重要菌群,可能与代谢促	建康和体重控制有关。遗传	正常 性较强,被认为是最具	83% 遗传性的肠道菌群之一	5.77% -。在健康人群中普遍存

? 其他重要菌属异常分析:

- 嗜胆菌属 (Bilophila, 0.73110, 超出参考值 0-0.1545): ↑4.73 倍 与脂肪代谢和胆汁酸代谢密切相关 显著 升高提示肠道中胆汁酸水平可能异常 - 可能与高脂饮食有关
- Flavonifractor (2.44087,超出参考值 0-0.7285): ↑3.35 倍 参与肠道儿茶素代谢,减轻免疫反应 过度升高可能影响肠道免疫平衡 与植物黄酮类物质代谢相关
- Hungatella (0.14743,超出参考值 0-0.027): ↑1.84 倍 参与生成氧化三甲胺和丁酸 升高可能影响心血管健康 与饮食结构失衡有关
- 鞭螺菌属(Oscillospira,未检出,参考值 0.0033-0.5346): ↓100 倍 重要的产丁酸菌,与心脑血管健康和免疫功能相关 完全缺失提示肠道微生态严重失衡 可能影响宿主代谢和能量平衡

● 针对性改善建议:

- 饮食调整: 控制饮食中的饱和脂肪酸摄入 增加富含膳食纤维的绿叶蔬菜 适量补充深海鱼油,调节脂质代谢 选择全谷物,减少精制碳水化合物
- 营养补充: 补充含有丁酸梭菌的益生菌制剂 适量补充 omega-3 脂肪酸 添加植物性多酚和黄酮类物质 补充适量的益生元,如菊粉、低聚果糖
- 生活方式: 规律作息, 避免熬夜 适度运动, 促进肠道蠕动 保持充足的水分摄入 控制情绪压力
- 定期监测: 建议 3-6 个月复查肠道菌群 关注血脂、胆固醇等指标变化 监测炎症因子水平 评估改善方案的效果

特别提醒:多个菌属的异常提示肠道菌群失衡较为复杂,建议在专业医生指导下进行系统调理。改善过程需要循序渐进,避免操之过急。同时要注意观察身体反应,如出现不适及时就医。保持耐心和信心,坚持科学的改善方案,才能逐步恢复肠道菌群的平衡。

(常见) 有益菌

€ 本报告列出了 54 种人体常见的肠道有益菌,有益菌能够调节肠道内生态平衡,促进人体健康。

② 什么是肠道有益菌?

→ 有益菌是指那些对宿主健康有积极作用的微生物,它们通过与宿主和其他微生物的相互作用,在维持机体健康中发挥重要作用。从功能角度来看,有益菌主要通过产生营养物质、调节免疫系统、维持肠道屏障完整性、抑制致病菌生长等多种途径发挥作用,对预防疾病、增强免疫力和改善肠道健康具有重要意义。典型的有益菌包括:乳酸杆菌属(Lactobacillus)和双歧杆菌属(Bifidobacterium),它们能产生乳酸等有机酸,抑制有害菌生长;布特菌属(Butyrivibrio)能产生丁酸等短链脂肪酸;粪肠球菌属(Faecalibacterium)则具有显著的抗炎特性。

❸ 肠道有益菌越多越好吗?

● 肠道有益菌对健康至关重要,适度的数量和多样性能够增强免疫功能、改善消化和维护整体健康。然而,肠道微生物群是复杂的,过度生长或某一特定菌种的过量并不一定是有益的。维护肠道健康的关键是实现菌群的多样性与平衡,以及配合健康的饮食和生活方式。

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检出
嗜粘蛋白-艾克曼菌 A. muciniphila	0-6.6395	0.00394 I	丰度较低	27%	95.67%
6 肠道益生菌,维护肠	黏膜健康。参与肠道	屏障功能的维护,与代谢健	康密切相关。		
凝结芽孢杆菌 Bacillus coagulans	0-0.08	0.00027 I	丰度较低	15%	88.94%
益生菌,改善消化功	能。能够产生乳酸,	具有良好的耐受性, 可以改	善肠道环境。		
枯草芽孢杆菌 Bacillus subtilis	0-0.08	0.00185	丰度较低	58%	87.50%
3 益生菌、增强免疫力	。产生多种有益物质	,具有较强的环境适应能力	0		
多形拟杆菌 Bacteroides thetaic	ota © m 2.7 856	0.00020 I	丰度较低	64%	86.06%
	养代谢。对复杂碳水	化合物的分解具有重要作用。	٥		
青春双歧杆菌 Bifidobacterium ac	lole : 0:44.286	ND	未检出	24%	97.12%
益生菌,调节肠道菌	群。是成年人肠道中	最主要的双歧杆菌之一。			
角双歧杆菌 Bifidobacterium an	0-0.15257 ngulatum	ND	未检出	8%	91.83%
益生菌,维护肠道健	康。参与碳水化合物	的代谢,产生有益的代谢产品	物。		

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检出
动物双歧杆菌 Bifidobacterium。	0–0.18833 animalis	0.00113	丰度较低	27%	77.88%
3 益生菌,改善肠道	功能。具有良好的耐受性	上 ,常用于发酵乳制品。			
两歧双歧杆菌 Bifidobacterium	0–2.1225 bifidum	ND	未检出	8%	98.56%
重要益生菌,增强	免疫力。对婴幼儿肠道像	建康特别重要。			
短双歧杆菌 Bifidobacterium	0-0.08 breve	0.00158	丰度较低	67%	99.52%
益生菌,抑制有害	菌。对维持肠道菌群平衡	5月有重要作用。			
链状双歧杆菌 Bifidobacterium	cater 0.+0.5 0838	ND	未检出	50%	99.52%
	江平衡。能够分解多种复杂	兴碳水化合物。			
乳双歧杆菌 Bifidobacterium。	0-0.08 crudilactis	ND	未检出	44%	99.52%
益生菌,促进营养	吸收。在发酵乳制品中常	约见。			
婴儿双歧杆菌 Bifidobacterium	0-0.08 infantis	ND	未检出	2%	99.04%
嬰幼儿益生菌, 預	防肠道感染。对婴幼儿肠	 6 6 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1			
长双歧杆菌 Bifidobacterium	0-6.854 longum	0.01861	丰度较低	95%	98.56%
1 重要益生菌,改善	肠道环境。具有抗炎和免	色疫调节作用。			
胃痛双歧杆菌 Bifidobacterium	0-0.08 merycicum	ND	未检出	8%	91.83%
益生菌、保护胃肠	i道。对维持胃肠道健康有	 丁重要作用。			
穆卡拉巴双歧杆菌 Bifidobacterium		0.00021	丰度较低	27%	77.88%
	平衡。是较新发现的双屿	技杆菌种。			
假长双歧杆菌 Bifidobacterium	pseud@=0.08	0.00142	丰度较低	83%	5.77%
	代谢。对维持肠道健康有	百重要作用。			
分支双歧杆菌 Bifidobacterium	0-0.08 ramosum	ND	未检出	98%	35.58%
益生菌,促进营养	吸收。参与多种营养物质				

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检验
罗伊氏双歧杆菌 Bifidobacterium	0-0.08	ND	未检出	83%	5.77%
益生菌,具有免	疫调节作用。能产生多种有	「益代谢物。			
短柄双歧杆菌 Bifidobacterium	n stellen 0 -0.08	ND	未检出	27%	77.88%
i 益生菌,参与碳	水化合物代谢。维持肠道微	性态平衡。			
粪双歧杆菌 Bifidobacterium	0-0.08 n stercoris	ND	未检出	8%	91.83%
 益生菌,参与肠 	道代谢。对肠道健康有积极	作用。			
布劳特氏菌属氢 Blautia hydroge		0.00262	丰度较低	27%	77.88%
参与氢气代谢,	维持肠道环境平衡。对肠道	微生态有重要作用。			
穗状丁酸弧菌 Butyrivibrio cro	0-2.9334 essotus	0.00239	丰度较低	8%	91.83%
1 产生丁酸,维护	肠道健康。参与纤维素降解	7.50			
丁酸梭菌 Clostridium but	0-0.08 tyricum	0.01350	丰度较低	27%	77.88%
1 产生丁酸,具有	益生作用。改善肠道环境。				
霍氏真杆菌 Eubacterium ha	0–3.5506 allii	0.02035	丰度较低	8%	91.83%
产生短链脂肪酸	,维护肠道健康。参与多科	代谢过程。			
直肠真杆菌 Eubacterium re	0-13.029 ectale	2.14287	检出	75%	95.67%
1 产生丁酸,维护	肠道健康。参与碳水化合物	7代谢,具有抗炎作用。			
普拉梭菌 Faecalibacteriu	0.18043-14.003 ım prausnitzii	26.23325	超标	98%	99.52%
	生丁酸。具有抗炎作用,与构,增加膳食纤维摄入	万肠道健康密切相关。			
嗜酸乳杆菌 Lactobacillus a	0-0.08 cidophilus	ND	未检出	15%	88.94%
1 重要益生菌,产	生乳酸。改善肠道环境,增	强免疫力。			
短乳杆菌 Lactobacillus b	0-0.08 revis	0.00028	丰度较低	27%	77.88%
★生营 岩藤到	制品常见。具有抗氧化作用	1,			

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检出
干酪乳杆菌 Lactobacillus ca	0-0.08 sei	ND	未检出	8%	91.83%
 益生菌,改善消化 	乙 功能。增强免疫系统,维	主护肠道健康。			
卷曲乳杆菌 Lactobacillus cri	0-0.08 spatus	0.00489	丰度较低	67%	99.52%
益生菌,维持微生	E态平衡。产生抗菌物质,	保护肠道。			
德氏乳杆菌 Lactobacillus de	0–0.08 Ibrueckii	ND	未检出	44%	99.52%
 益生菌,发酵乳制 	品重要菌种。改善消化な)能 。			
发酵乳杆菌 Lactobacillus fer	0–0.08 mentum	0.00013	丰度较低	27%	77.88%
益生菌,参与发酵	过程。产生多种有益代谢	村物。			
格氏乳杆菌 Lactobacillus ga	sseri 0-0.08	ND	未检出	8%	91.83%
益生菌,调节免疫	医系统。维护肠道健康。				
瑞士乳杆菌 Lactobacillus he	0-0.08 Iveticus	ND	未检出	44%	99.52%
益生菌,发酵乳制	旧常见。改善营养吸收。				

€ 异常的有益菌群需要关注:

- 普拉梭菌(26.23325,超出参考值 1.87 倍): 虽然是重要的抗炎益生菌,但当前水平明显升高,提示肠道菌群结构可能失衡。
- 食葡糖罗斯拜氏菌(5.12041,超出参考值 1.85 倍): 该菌参与碳水化合物代谢,显著升高可能提示肠道代谢功能异常。
- 经典益生菌普遍缺乏: 多种重要乳杆菌(如植物乳杆菌、嗜酸乳杆菌等)未检出,提示肠道保护功能可能减弱。

♀ 改善建议:

- 饮食调整: 适量控制精制碳水化合物的摄入 每天食用发酵乳制品,补充活性乳酸菌 增加膳食纤维摄入,如全谷物、蔬菜水果等
- 生活调节: 保持规律作息,避免熬夜 适度运动,每天 30 分钟有氧运动 控制精神压力,保持心情愉悦
- 益生菌补充: 建议在医生指导下选择含有多菌株的复合益生菌制剂,特别是补充缺乏的乳酸菌类。

需要注意的是,有益菌群的异常往往反映了肠道微生态的整体失衡。建议通过综合调理来改善菌群结构,必要时可以咨询消化科医生进行专业评估和指导。同时,在调理过程中要循序渐进,避免激进干预可能带来的不适。

(常见) 有害菌

1 有害菌指得是机会致病菌 + 致病菌。

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检出
埃希氏菌属 Escherichia	0-3.83	0.14296	丰度较低	6%	99.52%
1 正常菌属,条件致病	詩菌。过多致病,导致 服	复泻并失衡。			
链球菌属 Streptococcus	0-0.3496	0.31690	丰度较低	13%	99.52%
可引起化脓性炎症,	个别菌为益生菌,常见	D皮肤、口腔、咽喉、婴幼	儿常见菌。		
韦荣菌属 Veillonella 过多导致菌群失衡, 生物膜形成。 建 议调整饮食结构,		0.38326	超标 菌,婴幼儿见粪便中。/	7% 代谢乳酸产生丙酸可以:	98.56% 提供运动能力,有助于微
泛菌属 Pantoea 属于变形菌门肠杆菌 染。	0-0.05 有科,条件致病菌,环 ^埃	0.00225 竟土壤、水、植物常见菌, 5	丰度较低 免疫力低下,婴幼儿和老	-% ど年人常检出,过多导	0.02% 致感染症系统,炎症和感
梭杆菌属 Fusobacterium	0-0.05	0.00976	丰度较低	38%	80.29%
聚合梭杆菌可诱发促	2进宫颈癌,产生菌多糖	唐, 代谢生成素酶, 引发炎	症和肝炎症,胃癌到肺	癌患者富集。	
志贺氏菌属 Shigella	0-0.05	0.04732	丰度较低	-%	62.98%
致病菌,引发腹泻等	F疾病,有不同的血清型	型,人类肠道菌唯一病毒,	离口途径传播,通常与	卫生条件差和食品安全	有关。
弯曲杆菌属 Campylobacter	0-0.05	0.04799	丰度较低	-%	55.29%
1 人和动物兼性致病菌	首,导致肠道疾病,常见	见肠胃炎和菌群紊乱,空肠	弯曲杆菌会引起腹泻发	烧,食物家禽宠物都可	「能携带弯曲杆菌。
素, 开放性伤口。		0.09652 多道菌群紊乱,在口腔和肠	超标 道均有分布,易引发感	-% 染炎症,耐药,易感因	89.06%
♣ 建议调整饮食,加强	基口腔卫生				
(1)		0.02325 复泻,对肠道上皮具严生毒 更化症患者富集,与普拉梭		-% 约 50% 人的口腔和服	33.65% 6道携带,过多通常肥胖,
螺杆菌属 Helicobacter = 兰氏阴性菌,微需 关,包括幽门螺旋杆		0.00373 中被发现在人类上消化道内	丰度较低 部,部分种为致病菌, ^且	-% 与消化性溃疡、慢性胃	22.12% 炎、十二指肠炎、胃癌有
		0.00209			

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有%的正常人检
厌氧螺菌属 Anaerobiospirillum	0-0.05	0.00044 I	丰度较低	-%	0.00%
1 引起腹泻,腹痛,常见	见于猫狗体内,过多会	会导致菌群紊乱。			
肠球菌属 Enterococcus 常见上呼吸道,口腔ョ 在肝病,肠黏膜中富身 建议调整饮食结构,注	ŧ.	0.12259	超标 料或远洋中,抑菌调节	52% 肠道菌群,部分病原体	81.25% 引起血血症,很多耐药,
奈瑟氏菌属 Neisseria 部分为人体病原菌,口 环境趋,婴幼儿易检出		0.00957 ● 呼吸道常菌,需氧,对干燥、	丰度较低 热、消毒剂敏感,部	-% 分菌种产生内毒素 LPS	46.15% 6 引起坏死、出血,微氧
不动杆菌属 Acinetobacter 条件致病菌,医院感染 境和医院生态中重要。		0.11947 CU,易引起呼吸道感染、泡	<mark>超标</mark> 必尿道感染、创伤感染,	83% 聚积不同耐药基因多3	45.19% 重抗生素耐药,在医院环
假单胞菌属 Pseudomonas 属于变形菌门,环境广 院患者丰度增加。 建议加强卫生防护,注		0.07830 适应力强,好氧致病菌,全	<mark>超标</mark> 导致感染和食物变质,	69% 医院致病性感染主要原	45.19%
霍尔德曼氏菌属 Holdemania	0-0.0003	0.10581	超标	98%	29.33%
● 厌氧共生菌,酵解粒至● 建议进行肠道菌群调节		〉数研究表明与肠风正相关。	,铅含含,双向情感障	碍患者富集。	

€ 异常的有害菌属需要重点关注:

- 韦荣菌属 (Veillonella, 0.38326, 超出参考值 0-0.0086): ↑44.79 倍 过多导致龋齿风险, 口臭和牙龈炎 可能影响口腔和肠道健康
- 克雷伯菌属 (Klebsiella, 0.09652, 超出参考值 0-0.05): ↑1.21 倍 条件致病菌, 过度增长可能引起感染 可能导致呼吸道和肠道感染
- 肠球菌属 (Enterococcus, 0.12259, 超出参考值 0-0.05): ↑1.53 倍 部分为耐药菌,可引起泌尿系统感染 过度增长可能导致肠道炎症
- 不动杆菌属 (Acinetobacter, 0.11947, 超出参考值 0-0.05): ↑1.49 倍 条件致病菌,可引起呼吸道感染 部分菌株具有耐药性,需要关注
- 假单胞菌属 (Pseudomonas, 0.07830, 超出参考值 0-0.05): ↑0.98 倍 机会致病菌,可导致多系统感染 易产生耐药性,治疗难度大

● 针对性改善建议:

- 就医建议: 及时就医进行专业评估 在医生指导下进行针对性治疗 注意用药依从性, 完整疗程
- 日常预防: 加强口腔卫生, 定期洁牙 保持环境卫生, 勤通风换气 注意个人卫生, 勤洗手
- 饮食调理: 调节饮食结构,避免过甜过腻 增加益生菌食品摄入 保证充足蛋白质和维生素摄入
- 生活习惯: 规律作息,避免过度疲劳 适量运动,增强体质 保持心情愉悦,减少压力

需要特别注意的是,多个条件致病菌同时升高,且部分菌属存在耐药性风险,建议在专业医生指导下进行系统治疗。同时,要关注可能的诱因(如免疫力下降、抗生素使用等),并进行相应的生活方式调整。定期复查很重要,可以及时了解治疗效果并调整方案。

(常见) 机会致病菌

① 机会致病菌是指在正常情况下与人体和平共处的微生物,但当宿主免疫力下降或菌群失衡时可能导致感染的细菌。它们通常以低水平存在于人体中,在特定条件下才表现出致病性。常见的机会致病菌包括:粪肠球菌(Enterococcus faecalis)在免疫力低下时可能引起尿路感染或心内膜炎;阴沟肠杆菌(Enterobacter cloacae)可能导致呼吸道和泌尿系统感染;鲍曼不动杆菌(Acinetobacter baumannii)在医院环境中可引起院内感染,特别是在危重患者中可导致肺炎。这类细菌的检出不一定需要立即治疗,但需要关注宿主状态和菌群平衡,必要时在医生指导下进行干预。

鲍曼不动杆菌 Acinetobacter bau ③ 医院感染常见病原菌 ♣ 建议加强消毒防护, 醋酸钙不动杆菌		0.11308	超标	_	
♣ 建议加强消毒防护,	1,正常存在于呼吸道。		KE 小小	83%	45.19%
醋酸铒 不动杆菌	避免医院感染。	免疫力低下时可致肺炎,。	具有多重耐药性。		
Acinetobacter calc	0-0.01 coaceticus	0.00023	正常	15%	88.94%
1 常见于人体皮肤和黏	店膜。条件致病菌,可	日起伤口感染。			
约氏不动杆菌 Acinetobacter johr	0-0.02 nsonii	0.00145	正常	27%	77.88%
 ● 人体正常菌群成员。 		尿路感染。			
琼氏不动杆菌 Acinetobacter junii	0-0.03	0.00567	正常	38%	80.29%
存在于人体皮肤表面	T的常见菌。可能引起 车	次组织感染。			
鲁氏不动杆菌 Acinetobacter lwof	0–0.01 ffii	0.02145	超标	52%	81.25%
① 皮肤正常菌群成员。▲ 建议注意个人卫生,		攻病菌。			
蜡样芽孢杆菌 Bacillus cereus	0-0.02	0.00089	正常	13%	99.52%
1 土壤中常见细菌。过	性量可导致食物中毒。				
脆弱拟杆菌 Bacteroides fragilis	0–1.8852 S	0.00145	丰度较低	7%	98.56%
重要肠道共生菌。参	与维生素 K 的合成,	维持肠道健康。			
普通拟杆菌 Bacteroides vulgat	0-20.066 tus	ND	未检出	8%	91.83%
1 肠道重要益生菌。维	注持肠道菌群平衡,促 进				
难辨梭菌 Clostridioides diffic	0-0.05 cile	0.08647	超标	98%	99.52%
① 正常菌群成员,使用◆ 建议谨慎使用抗生素					
阴沟肠杆菌 Enterobacter cload	0-0.05 cae	0.00692	丰度较低	27%	77.88%
1 肠道常驻菌群。免疫	五九低下时可致感染。				
粪肠球菌 Enterococcus faec	0-0.05 calis	0.01415	丰度较低	38%	80.29%

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检
屎肠球菌 Enterococcus fa	0-0.05 necium	0.10070	超标	83%	45.19%
動道共生菌,具有建议调节肠道菌素	有较强耐药性。过量可致愿 样平衡	菜。			
大肠埃希氏菌 Escherichia coli	0-3.8364	0.14497	正常	6%	99.52%
肠道优势菌,维持	寺肠道稳态。过量可致腹沟				
具核梭杆菌 Fusobacterium r	0-0.05 nucleatum	0.00459	丰度较低	38%	80.29%
1 口腔常见菌。可引	旧起牙周感染。				
肺炎克雷伯菌 Klebsiella pneun	0-0.24019 noniae	0.09579	正常	52%	81.25%
呼吸道定植菌。	免疫力低下时可致肺炎。				
铜绿假单胞菌 Pseudomonas a	0-0.05 eruginosa	0.04152	丰度较低	69%	45.19%
环境常见菌,具有	有适应性强特点。可引起 <u>阿</u>	呼吸道感染。			
脱氮假单胞杆菌 Pseudomonas d	0-0.05 enitrificans	ND	未检出	8%	91.83%
1 土壤中的分解菌。	参与环境氮循环。				
荧光假单胞菌 Pseudomonas fl	0-0.05 uorescens	0.00093	丰度较低	27%	77.88%
水体常见菌。可引	日起局部感染。				
黄褐假单胞菌 Pseudomonas fu	0-0.05	ND	未检出	15%	88.94%
环境菌群成员。	艮少引起感染。				
门多萨假单胞菌 Pseudomonas m	0-0.05 nendocina	ND	未检出	8%	91.83%
	少引起感染 。				
恶臭假单胞菌 Pseudomonas p	utida 0-0.05	0.00065	丰度较低	27%	77.88%
环境中的益生菌。	促进植物生长。				
斯氏假单胞菌 Pseudomonas s	0-0.05 tutzeri	0.00116	丰度较低	38%	80.29%

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检出
咽峡链球菌 Streptococcus ang	0-0.05 ginosus	0.00280	丰度较低	52%	81.25%
口咽部定植菌。可引	起口腔感染。				
肺炎链球菌 Streptococcus pne	0-0.05 eumoniae	0.03111	丰度较低	69%	45.19%
1 上呼吸道定植菌。可	「导致肺部感染。				
小韦荣球菌 Veillonella parvula	0-0.13203	0.07774	检出	83%	45.19%
	耐(4):H 46:H±□ 18:/#=	le:			

1 口腔常驻菌。参与乳酸代谢,维持口腔健康。

€ 超标的机会致病菌群需要关注:

- 鲍曼不动杆菌 (0.11308,超出参考值 2.26 倍):该菌正常存在于呼吸道,但当前水平明显升高,需要注意预防呼吸道感染风险。
- 难辨梭菌(0.08647,超出参考值1.73倍):水平升高可能与抗生素使用史有关,需警惕腹泻风险。
- 屎肠球菌(0.10070,超出参考值2.01倍):作为耐药性较强的条件致病菌,当前水平升高需要关注。

● 改善建议:

- 加强免疫力: 保证充足睡眠, 适量运动, 均衡饮食。
- 谨慎用药: 避免不必要的抗生素使用, 必要时在医生指导下用药。
- 饮食调整:增加益生菌食品摄入,如酸奶、泡菜等发酵食品。
- 生活习惯:保持良好的个人卫生习惯,勤洗手,避免交叉感染。

需要注意的是,这些机会致病菌的升高往往与身体免疫状态密切相关。建议在日常生活中注意调节身体状态,必要时可 以咨询专业医生进行进一步评估。

致病菌

- ① 肠道致病菌是指能直接引起疾病的肠道病原微生物,它们具有明确的致病性,一旦在肠道中检出就可能对健康造成 威胁。这类细菌通常具有特定的致病机制,如产生毒素、侵犯宿主细胞、触发炎症反应等。 常见的肠道致病菌包括:
 - 沙门氏菌属 (Salmonella): 能引起食物中毒和肠道感染。
 - 志贺氏菌属 (Shigella): 可导致细菌性痢疾。
 - 产气荚膜梭菌 (Clostridium perfringens): 能产生多种毒素,引起食物中毒和肠道感染。
 - 幽门螺杆菌(Helicobacter pylori): 与胃炎、消化性溃疡等胃部疾病密切相关。
- 一旦检测到这些致病菌,通常需要及时进行针对性治疗以防止疾病的发生和发展。

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检出
豚鼠气单胞菌 Aeromonas caviae	0-0.05	ND	未检出	15%	88.94%
 水环境常见病原菌。 	可引起胃肠道感染,常	常见腹泻症状 。			
嗜水气单胞菌 Aeromonas hydro _l	0-0.05 phila	ND	未检出	8%	91.83%
广泛分布于水环境中	中。可引起皮肤软组织原	以 染和腹泻。			
温和气单胞菌 Aeromonas sobria	0-0.05	0.00037	丰度较低	27%	77.88%
水生环境常见菌。可以	可引起急性胃肠炎和腹沟	- = 0			
牛布鲁氏杆菌 Brucella abortus	0-0.05	ND	未检出	8%	91.83%
重要人畜共患病原体	本。通过接触感染牛或食	t用污染乳制品传播。			
犬布鲁氏杆菌 Brucella canis	0-0.05	ND	未检出	15%	88.94%
 犬类布鲁氏菌病病原	原体。可引起慢性感染和	口发热。			
羊布鲁氏杆菌 Brucella melitensi:	0-0.05 S	0.00142	丰度较低	38%	80.29%
最主要的人畜共患者	布鲁氏菌。可引起多系统	范感染。			
绵羊布鲁氏杆菌 Brucella ovis	0-0.05	ND	未检出	8%	91.83%
主要感染绵羊。人类	类感染风险较低。				
猪布鲁氏杆菌 Brucella suis	0-0.05	ND	未检出	15%	88.94%
猪群常见布鲁氏菌。	可引起关节炎和全身症	臣状。			
唐菖蒲伯克霍尔德 Burkholderia gladi	0.005	0.00049	丰度较低	27%	77.88%
主要与植物相关的环	环境菌。免疫力低下者易				
大肠弯曲菌 Campylobacter co	0-0.05	0.00283	丰度较低	38%	80.29%
 常见食源性致病菌。 	可引起急性肠炎和腹痛	Ĭ.			
胎儿弯曲菌 Campylobacter fe	0-0.05 tus	0.00034 I	丰度较低	15%	88.94%
生殖系统感染菌。	可引起流产和全身感染。				

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检出
空肠弯曲菌 Campylobacter	0-0.05 jejuni	0.03914	丰度较低	52%	81.25%
最常见的弯曲菌/	属致病菌。可引起急性肠炎	€.			
肉毒梭菌 Clostridium bota	0–0.05 ulinum	0.00372	丰度较低	38%	80.29%
产生致命神经毒	素的土壤菌。可引起重症因	肉毒中毒。			
产气荚膜梭菌 Clostridium perf	0-0.05 fringens	0.00419	丰度较低	27%	77.88%
常见食源性致病	菌。可引起急性食物中毒。				
阪崎肠杆菌 Cronobacter sal	0-0.05 kazakii	0.00482	丰度较低	38%	80.29%
环境条件致病菌。	。新生儿易感,可致严重愿	以 染。			
猪红斑丹毒丝菌 Erysipelothrix rh	0–0.05 nusiopathiae	0.00020	丰度较低	15%	88.94%
	。主要感染猪类。可引起。	人类皮肤蜂窝织炎。			
大肠埃希菌 O15 5 Escherichia coli	0-0.05	ND	未检出	8%	91.83%
重要食源性致病	菌。可引起出血性腹泻和肾	 子 万 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1			
幽门螺杆菌 Helicobacter py	0-0.05	0.00204	丰度较低	38%	80.29%
胃部定植菌。可	引起慢性胃炎、消化性溃疡	荡 和胃癌。			
博杰曼军团菌 Legionella boze	0-0.05 manae	ND	未检出	15%	88.94%
水环境中的机会付	性致病菌。可引起军团菌病	हें .			
杜莫夫军团菌 Legionella dumo	0-0.05	ND	未检出	8%	91.83%
常见于空调冷却。	系统。可引起呼吸道感染。				
长滩军团菌 Legionella longk	0–0.05 peachae	ND	未检出	15%	88.94%
土壤环境常见菌。	。可引起肺部感染。				
嗜肺军团菌 Legionella pneu	0-0.05 mophila	0.00115	丰度较低	27%	77.88%
	菌。可引起严重肺炎。				

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检出
单核细胞增生李斯 Listeria monocy		0.02299	丰度较低	52%	81.25%
环境和食品中常	见。可引起脑膜炎,孕妇需	言特别注意。			
<mark>鸟分枝杆菌复合</mark> Mycobacterium		ND	未检出	8%	91.83%
f 环境常见机会性	致病菌。免疫力低下者易愿	艾。			
龟分枝杆菌 Mycobacteroide	0-0.05 es chelonae	ND	未检出	15%	88.94%
	可引起皮肤和软组织感染。				
偶发分枝杆菌 Mycobacterium	0-0.05 fortuitum	0.00024	丰度较低	27%	77.88%
 广泛分布于环境 	中。可引起皮肤和软组织愿	菜菜。			
堪萨斯分枝杆菌 Mycobacterium	0-0.05 kansasii	0.00026	丰度较低	38%	80.29%
	。可引起类结核样肺部感染	i.			
海洋分枝杆菌 Mycobacterium	0-0.05 marinum	0.00031	丰度较低	27%	77.88%
1 水生环境常见。	可引起游泳池肉芽肿。				
瘰疬分枝杆菌 Mycobacterium	scrofu-0-0.05	0.00020 I	丰度较低	15%	88.94%
1 环境中广泛分布	。可引起颈部淋巴结炎。				
结核分枝杆菌 Mycobacterium	0-0.05 tuberculosis	0.13505	超标	95%	35.19%
重要呼吸道传染;▲ 及时就医检查,	病病原体。可引起肺结核等 进行规范治疗	等。需高度重视。			
溃疡分枝杆菌 Mycobacterium	0-0.05 ulcerans	ND	未检出	8%	91.83%
. 热带地区特有菌	种。可引起伯鲁利溃疡。				
类志贺邻单胞菌 Plesiomonas sh	0-0.05 igelloides	0.00020	丰度较低	27%	77.88%
1 水生环境常见。	可引起胃肠道感染。				
猪霍乱沙门氏菌 S. enterica ser.	Cholera@-0.05	ND	未检出	15%	88.94%
	。可引起人类严重感染。				

n= 1/2					有%的正常人检出
肠炎沙门氏菌 S. enterica ser. Er	0-0.05 nteritidis	ND	未检出	15%	88.94%
重要食源性致病菌。	是沙门氏菌感染的主要	要原因之一。可引起急性胃	肠炎。		
副伤寒沙门氏菌-A S. enterica ser. Pa	0-0.05 aratyphi A	ND	未检出	8%	91.83%
1 人类特异性致病菌。					
副伤寒沙门氏菌-B S. enterica ser. Pa	0-0.05	ND	未检出	15%	88.94%
1 人类特异性病原体。	引起B型副伤寒。发	热和胃肠道症状显著。			
副伤寒沙门氏菌-C S. enterica ser. Pa		ND	未检出	8%	91.83%
致病性相对较弱的晶	削伤寒菌。可引起 C 型	副伤寒。			
伤寒沙门氏菌 S. enterica ser. Ty	yphi 0-0.05	ND	未检出	27%	77.88%
严重的人类特异性病	病原体。可引起伤寒, _厥	找胁生命。			
鼠伤寒沙门菌 S. enterica ser. Ty	/- 0-0.05	ND	未检出	15%	88.94%
f) 广谱性致病菌。可愿	感染多种宿主,引起急性	上 胃肠炎。			
鲍氏志贺氏菌 Shigella boydii	0-0.05	ND	未检出	8%	91.83%
肠道致病菌。可引起	足细菌性痢疾,主要在发				
痢疾志贺氏菌 Shigella dysenteria	0-0.05 ae	ND	未检出	15%	88.94%
i 最严重的志贺氏菌。	可引起出血性痢疾,产	生致命毒素。			
福氏志贺氏菌 Shigella flexneri	0-0.05	0.03009	丰度较低	52%	81.25%
i 痢疾常见病原体。可	可引起急性细菌性痢疾。				
宋内志贺氏菌 Shigella sonnei	0-0.05	0.01473	丰度较低	38%	80.29%
i 相对温和的痢疾菌。	常引起轻症腹泻和肠道				
金黄色葡萄球菌 Staphylococcus au	0-0.08 ureus	0.50389	超标	95%	35.19%
重要致病菌。可引起♪ 及时就医诊治,注意		穿多种疾病。需警惕。			

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检出
猪链球菌 Streptococcus su	0-0.05	0.00938	丰度较低	27%	77.88%
重要人兽共患病原係	体。可引起脑膜炎等严重	重感染。			
齿垢密螺旋体 Treponema dentic	0-0.05	0.00071	丰度较低	15%	88.94%
⑤ 口腔常见菌。与牙序	 司疾病发生相关。				
梅毒密螺旋体 Treponema pallid	0-0.05 um	ND	未检出	8%	91.83%
1 性传播疾病病原体。	。可引起梅毒,需及时治	治疗。			
文氏密螺旋体 Treponema vincer	0-0.05	ND	未检出	15%	88.94%
⑤ 口腔常见螺旋体。	与急性坏死性龈炎有关。				
霍乱弧菌 Vibrio cholerae	0-0.05	0.00047	丰度较低	27%	77.88%
重要肠道致病菌。	可引起霍乱,造成严重朋	复泻。			
拟态弧菌 Vibrio mimicus	0-0.05	ND	未检出	8%	91.83%
海洋环境常见菌。	可引起胃肠炎和腹泻。				
副溶血弧菌 Vibrio parahaemo	0-0.05 lyticus	0.00119	丰度较低	38%	80.29%
海产品相关致病菌。	。可引起急性胃肠炎和食	t 物中毒。			
创伤弧菌 Vibrio vulnificus	0-0.05	0.00188	丰度较低	38%	80.29%
海洋环境中的严重到	政病菌。可通过伤口感染	於或食用海产品引起重症感	染,免疫力低下者风险更	1高。	
小肠结肠炎耶尔森i Yersinia enteroco	0-0.05	ND	未检出	15%	88.94%
重要食源性致病菌。	。可引起急性肠炎,常追	通过污染的食品和水传播。			
鼠疫耶尔森菌 Yersinia pestis	0-0.05	ND	未检出	8%	91.83%
重要烈性传染病病	原体。可引起鼠疫,主要	 更通过啮齿类动物和跳蚤传	播。需严格防控。		
假结核耶尔森菌 Yersinia pseudotu	0-0.05 iberculosis	ND	未检出	15%	88.94%
1 人兽共患病病原体。	。可引起类似结核的症状	代,通过污染的食物和水传	番。		

肠道真菌

(常见) 真菌

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检出
白色念珠菌 Candida albicans	0-0.05	0.00034	丰度较低	27%	77.88%
人体常见条件致病菌	。正常菌群成员,免疫	变力下降时可过度生长。			
酿酒酵母 Saccharomyces ce	0-0.05 revisiae	0.00022	丰度较低	15%	88.94%
3 益生菌,广泛应用于	发酵工业。参与营养的	弋谢,促进肠道健康。			
真贝酵母 Saccharomyces eu	0-0.05 bayanus	ND	未检出	8%	91.83%
1 低温发酵酵母。参与	啤酒发酵过程。对人们	本无害。			
奇异酵母 Saccharomyces pa	0-0.05 radoxus	ND	未检出	15%	88.94%
野生酵母菌种。与酿	酒酵母亲缘关系密切。	。一般不致病。			
木糖发酵酵母 Scheffersomyces s	0-0.05 tipitis	ND	未检出	8%	91.83%
特殊碳源利用菌。可	发酵木糖。工业应用	 類种。			
黄曲霉 Aspergillus flavus	0-0.05	ND	未检出	27%	77.88%
1 常见真菌。可产生黄	曲霉毒素。注意储存的	食品防霉。			
烟曲霉 Aspergillus fumigat	0-0.05 tus	ND	未检出	38%	80.29%
重要条件致病真菌。	可引起肺部感染。免疫	变力低下者易感。			
米曲霉 Aspergillus oryzae	0-0.05	ND	未检出	15%	88.94%
食品发酵工业常用菌	种。参与酱油等发酵的	食品制作。益生菌。			
新型隐球菌 Cryptococcus neof	0-0.05 ormans	ND	未检出	8%	91.83%
条件致病真菌。可引	起中枢神经系统感染。	需警惕。			
汉氏德巴利氏酵母 Debaryomyces han	0-0.05 senii	0.00022 I	丰度较低	27%	77.88%
1 耐盐酵母。参与发酵	食品制作。对人体无管	事。			

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有%的正常人检验
产甘油假丝酵母 Eremothecium go	ossypii 0-0.05	ND	未检出	15%	88.94%
	维生素 B2 生产。一般7	下致病。			
轮枝镰刀菌 Fusarium verticill	0-0.05 ioides	ND	未检出	8%	91.83%
1 植物病原真菌。可	产生真菌毒素。注意食品	品储存。			
尖孢镰刀菌 Fusarium oxyspo	0–0.05 rum	0.00073	丰度较低	27%	77.88%
1 常见土壤真菌。部	分株系可致病。注意防护	÷.			
禾谷镰刀菌 Fusarium gramin	0-0.05 earum	ND	未检出	15%	88.94%
1 作物病原真菌。可	产生真菌毒素。影响粮食	(安全。			
乳酸克鲁维酵母 Kluyveromyces la	0-0.05	ND	未检出	8%	91.83%
1 工业发酵菌种。参	与乳制品发酵。益生作用	3.			
稻瘟病菌 Pyricularia grisea	0-0.05	ND	未检出	15%	88.94%
1 水稻重要病原真菌	i。一般不感染人类。环境	汽真菌。			
玉米黑粉菌 Ustilago maydis	0-0.05	ND	未检出	8%	91.83%
↑ 工业帐已州房百贯	。食用菌品种。对人体为	害。			

肠道真核生物

(常见) 肠道寄生虫

1 肠道常见寄生虫检测对于评估肠道健康和潜在感染风险具有重要意义。虽然部分寄生虫在低水平时可能不会造成明显症状,但持续监测对预防寄生虫相关疾病至关重要。检测结果显示所有检出的常见寄生虫均在安全范围内或未检出。

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检验
人隐孢子虫 Cryptosporidium	0-0.05 n hominis	ND	未检出	8%	91.83%
寄生虫病原体,司	可引起腹泻。主要通过被汽	万染的水传播 。			
布氏麦片吸虫 Fasciolopsis bus	0-0.05	0.00207	丰度极低	27%	77.88%
消化道寄生虫。前	通过食用受污染的水生植物	加感染。			
脑炎微孢子虫 Encephalitozoor	0-0.05 n hellem	ND	未检出	15%	88.94%
1 机会性病原体。	可引起免疫力低下者感染。				
卫氏并殖吸虫 Paragonimus we	0-0.05 estermani	0.00256	丰度极低	38%	80.29%
1 肺部寄生虫。通过	过食用未煮熟的淡水蟹类原	艾柒。			
毛首鞭形线虫 Trichuris trichiun	0-0.05 ra	0.00173	丰度极低	27%	77.88%
動 肠道蠕虫。通过治	亏染的土壤和食物传播。				
疟原虫 Plasmodium ova	0-0.05	0.00389	丰度极低	8%	91.83%
1 通过蚊虫叮咬传播	番。可引起间日疟。				
肉胞子虫 Sarcocystis neu	0-0.05 rona	ND	未检出	15%	88.94%
寄生原虫。主要原	感染神经系统。				
十二指肠钩口线s Ancylostoma du	0-0.05	0.00136	丰度极低	27%	77.88%
1 土源性线虫。可引	月起贫血。				
蠕形住肠线虫 Enterobius verm	0–0.05 nicularis	0.00456	丰度极低	38%	80.29%
常见蠕虫。引起用	江门瘙痒。				

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检验
美洲钩口线虫 Necator americanus	0-0.05	0.00252	丰度极低	27%	77.88%
土源性线虫。可致贫血和	口营养不良。				
巴西利士曼原虫 Leishmania braziliens	0-0.05 is	ND	未检出	8%	91.83%
通过白蛉叮咬传播。可引	起皮肤病变。				
杜氏利什曼原虫 Leishmania donovani	0-0.05	ND	未检出	15%	88.94%
的 内脏利什曼病病原体。	沙响免疫系统 。				
硕大利什曼虫 Leishmania major	0-0.05	ND	未检出	27%	77.88%
皮肤利什曼病病原体。	通过昆虫叮咬传播	Ž o			
婴儿利什曼虫 Leishmania infantum	0-0.05	ND	未检出	38%	80.29%
可引起内脏利什曼病。	L童易感。				
布氏锥虫 Trypanosoma brucei	0-0.05	0.00028	丰度极低	8%	91.83%
非洲锥虫病病原体。通过	过采采蝇传播。				
柱氏锥虫 Trypanosoma cruzi	0-0.05	0.00859	丰度极低	38%	80.29%
美洲锥虫病病原体。通过	过锥蝽叮咬传播。	可引起心脏和消化道病变。			
阴道毛滴虫 Trichomonas vaginalis	0-0.05	0.00693	丰度极低	27%	77.88%
泌尿生殖道寄生虫。可引	起感染性疾病。	需及时诊治。			
蓝氏贾第鞭毛虫 Giardia intestinalis	0-0.05	ND	未检出	8%	91.83%
肠道原虫。通过污染的力量	、和食物传播。 可	致腹泻。			
溶组织内阿米巴 Entamoeba histolytica	0-0.05	0.00062 I	丰度极低	15%	88.94%
致病性原虫。可引起肠道	道和肝脏感染。需	警惕。			
小隐孢子虫 Cryptosporidium parv	0-0.05 um	ND	未检出	27%	77.88%
1 人畜共患寄生虫。通过污	- 3.3.66-1.45-14-14-14-15-15-15-15-15-15-15-15-15-15-15-15-15-	「大石」			

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检出
鼠隐孢子虫 Cryptosporidium	0-0.05 muris	0.00012	丰度极低	38%	80.29%
1 主要感染啮齿类动	为物。偶见人类感染。可 致	江消化道症状 。			
刚地弓形虫 Toxoplasma gon	0-0.05	0.00767	丰度极低	52%	81.25%
1 人畜共患虫病。通	通过生食传播。孕妇需特别	注意。			
恶性疟原虫 Plasmodium falc	0-0.05 iparum	0.00137	丰度极低	27%	77.88%
€ 最严重的疟疾病质	原体。通过按蚊传播。可到	文重症疟疾。			
间日疟原虫 Plasmodium viva	0-0.05	0.00318	丰度极低	38%	80.29%
最常见的疟原虫。	可引起间日疟。有潜伏期	J.			
牛环形泰勒虫 Theileria annulat	0-0.05	ND	未检出	8%	91.83%
1 主要感染牛。通过	过蜱虫传播。人类较少感染	L C o			
小泰勒虫 Theileria parva	0-0.05	ND	未检出	15%	88.94%
1 牛重要病原体。通	通过蜱虫传播。人类不易愿	染。			
肠脑炎微孢子虫 Encephalitozoon	0-0.05 intestinalis	ND	未检出	27%	77.88%
1 机会性病原体。可	T.感染免疫力低下者。 影响	河消化道。			
兔脑炎微孢子虫 Encephalitozoon	0-0.05 cuniculi	ND	未检出	38%	80.29%
1 主要感染兔类。人	类偶见感染。可致神经系	系统疾病。			
日本血吸虫 Schistosoma jap	0-0.05 onicum	0.00343	丰度极低	52%	81.25%
重要人体寄生虫。	通过受染水体感染。可到	女肝纤维化。			
曼 氏血吸虫 Schistosoma ma	0-0.05 Insoni	0.00349	丰度极低	27%	77.88%
1 人体寄生虫。通过	过淡水感染。影响肝脏和肠	治道 。			
埃 及血吸虫 Schistosoma hae	0-0.05 ematobium	0.00308	丰度极低	27%	77.88%
1 泌尿生殖系统寄生	E虫。通过接触被污染水体	x感染。可引起尿路系统损	害。		

# 大きな	菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检出
牛帶绦虫 Taenia saginata 0-0.05 0.00046 丰度极低 38% 80.29% ① 人畜共患寄生虫。经感染牛肉传播。主要寄生于小肠。 99蚴蠕虫 Ascaris lumbricoides 0-0.05 0.00358 丰度极低 52% 81.25% ① 最常见的人体蠕虫。通过被污染的土壤和食物传播。可致营养不良。 52% 77.88% ① 人普共患寄生虫。通过食用感染肉类传播。可致肌肉疼痛。 27% 77.88% ① 人普共患寄生虫。通过食用感染肉类传播。可致肌肉疼痛。 4度极低 38% 80.29% ② F 支睾吸虫 Clonorchis sinensis 0-0.05 0.00137 丰度极低 38% 80.29% ③ 肝胆管寄生虫。通过食用生鱼传播。可引起肝胆疾病。 1年度极低 27% 77.88% 环孢子虫 Cyclospora cayetanensis 0-0.05 0.00635 丰度极低 27% 77.88%		0-0.05	*	丰度极低	15%	88.94%
Taenia saginata	重要人兽共患寄生	虫。通过食用感染猪肉的	专播。可引起囊虫病。			
蛔蚴蠕虫 Ascaris lumbricoides 0-0.05 0.00358 丰度极低 52% 81.25% ① 最常见的人体蠕虫。通过被污染的土壤和食物传播。可致营养不良。 *** 27% 77.88% ① 人兽共患寄生虫。通过食用感染肉类传播。可致肌肉疼痛。 *** *** *** 80.29% ② 内兽共患寄生虫。通过食用生鱼传播。可引起肝胆疾病。 *** *** *** 80.29% ③ 肝胆管寄生虫。通过食用生鱼传播。可引起肝胆疾病。 *** *** *** 77.88% 下孢子虫 Cyclospora cayetanensis 0-0.05 0.00635 *** *** *** 77.88%		0-0.05	0.00046	丰度极低	38%	80.29%
Ascaris lumbricoides	 人畜共患寄生虫。 	经感染牛肉传播。主要等	寄生于小肠。			
旋毛形线虫 Trichinella spiralis 0-0.05 0.00099		0-0.05 ides	0.00358	丰度极低	52%	81.25%
Trichinella spiralis 1 人兽共患寄生虫。通过食用感染肉类传播。可致肌肉疼痛。 1	最常见的人体蠕虫	。通过被污染的土壤和1	食物传播。可致营养不良。			
华支睾吸虫 Clonorchis sinensis 0-0.05 0.00137 車度极低 180.29% 1 肝胆管寄生虫。通过食用生鱼传播。可引起肝胆疾病。 50-0.05 10.00635		0-0.05	0.00099	丰度极低	27%	77.88%
Clonorchis sinensis ① 肝胆管寄生虫。通过食用生鱼传播。可引起肝胆疾病。 环孢子虫 Cyclospora cayetanensis ① 0.00635 丰度极低 27% 77.88% 	 人兽共患寄生虫。 	通过食用感染肉类传播。	可致肌肉疼痛。			
环孢子虫 0-0.05 0.00635 丰度极低 27% 77.88%		0-0.05 sis	0.00137	丰度极低	38%	80.29%
O-0.05 Cyclospora cayetanensis 77.88%	新用胆管寄生虫。通	过食用生鱼传播。可引起	^记肝胆疾病 。			
1 食源性原虫。通过污染的水果蔬菜传播。可致腹泻。		0-0.05 tanensis	0.00635	丰度极低	27%	77.88%
	食源性原虫。通过	污染的水果蔬菜传播。可	可致腹泻。			

肠道病毒

检出病毒

① 肠道微生物除了细菌外,还包含大量病毒。研究表明,健康人的肠道中约有数万种病毒,其中超过 **90%** 是噬菌体。下表展示了在您肠道中检测到的病毒,按检出的病毒丰度从高到低排列了前 **15** 位(如无检出将没有显示)。

② 有哪些常见的肠道菌群病毒分类?

🍛 肠道菌群中的病毒可以分成噬菌体,植物性病毒,内源性病毒,人类肠道病毒和其它病毒等。

• 噬菌体

- 病毒简介: 噬菌体是专门感染细菌的病毒,它们在肠道微生物群中扮演重要角色,通过控制细菌的种群动态, 促进微生物的多样性。噬菌体可用于天然的抗菌剂,有助于对抗抗生素耐药菌。
- 感染途径: 主要通过摄入被噬菌体污染的食物或水,或通过接触被感染细菌的表面传播。
- 潜在影响: 噬菌体通过感染和裂解细菌来调节肠道内的细菌种群,增加微生物多样性,并可能用于对抗抗生素耐药菌。它们在维持肠道微生态平衡方面发挥着重要作用,并可能增强宿主的免疫反应。

• 植物性病毒

- 病毒简介:植物性病毒主要感染植物,但它们也可能通过植物和动物的食物链间接影响肠道微生物群。它们的存在可能会影响植物的营养成分,从而间接影响食物链中的微生物群落。
- 感染涂径: 主要通过食用受感染的植物或其衍生产品,尤其是生吃的蔬菜和水果。
- 潜在影响:虽然主要感染植物,植物性病毒通过改变植物的营养成分影响食物链,这可能间接影响人类肠道 微生物的组成及功能。长时间接触受感染植物的食物可能影响宿主的健康和营养状况。

• 内源性病毒

- 病毒简介:内源性病毒是指病毒基因组的残余,这些基因组在进化过程中整合到宿主基因组中。它们可以在宿主基因组中长期存在,可能会影响基因表达和宿主的免疫反应。
- 感染途径: 通常是体内已有的病毒,可能通过免疫系统的失调或肠道微生物失衡而激活。
- 潜在影响:内源性病毒的遗传物质在宿主基因组中长期存在,可能调节基因表达和免疫反应,影响宿主对疾病的易感性。它们的活动可能与某些疾病(如自身免疫疾病和癌症)相关。

• 人类肠道病毒

- 病毒简介:人类肠道病毒是通过口-粪传播的病毒,如某些腺病毒、柯萨奇病毒和诺如病毒等。这些病毒通常感染人类肠道,可能引起消化道疾病或其他系统感染,并影响微生物群落的组成。
- 感染途径:人类肠道病毒的感染途径主要是通过口-粪传播,但也可以通过直接接触、空气传播、食物和水源 污染等方式传播。
- 潜在影响:人类肠道病毒(如腺病毒、柯萨奇病毒等)能引起消化道疾病,进而影响肠道功能和微生物群的 平衡。这些病毒感染可能导致肠道炎症,增加对其他病原体的易感性,并对整体健康产生负面影响。

• 其它病毒

- 病毒简介:其它病毒包括多种不同的病毒类型,可能影响肠道微生物群,例如某些哺乳动物病毒以及其他非典型病毒。它们的作用和影响尚在研究中,可能在不同机制下参与微生物生态平衡和宿主健康。
- 感染途径: 其他病毒的感染途径多样,常见方式包括但不限于直接接触,空气传播,食物和水等。
- 一 潜在影响: 其他尚未具体分类的病毒可能通过改变肠道微生物群落及其多样性而影响宿主健康。

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	分类
分枝杆菌噬菌体 Echild Mycobacterium phage Echild	0-0.05	0.00331	正常	噬菌体
① 分枝杆菌噬菌体 Echild 可以被视为一种有	益的肠道病毒,因为它专门	感染和攻击有害的分枝杆菌	,从而帮助对抗由这	些细菌引起的感染。
Cbastvirus ST Cbastvirus ST	0-0.05	0.00274	正常	噬菌体
① Cbastvirus ST 是一种新发现的噬菌体,属	属于巨噬菌体(Myoviridae)	家族,专门感染某些细菌,	尤其是与细菌性疾病	后相关的病原体。
Shalavirus Shbh1 Shalavirus Shbh1	0-0.05	0.00265	正常	噬菌体
❶ Shalavirus Shbh1 是一种噬菌体,属于双邻	链 DNA 噬菌体的类别,主要	要感染特定细菌。		
草履虫绿藻病毒 1 号 PbCV-1	0-0.05	0.00318	正常	植物性病毒
€ 草履虫绿藻病毒 1 号是一种专门感染特定和	中类的绿藻和草履虫的双链	DNA 病毒。		
人内源逆转录病毒 K Human endogenous retrovirus K	0-0.05	0.00308	正常	内源性病毒
	基因组的内源性逆转录病毒	家族成员,它的表达与多种	疾病相关,也可能影	响免疫调节。

♣ 检出的病毒结果均在正常参考范围内,表明肠道内的病毒群落相对健康。

肠道菌群抗性与基因分布

1 肠道菌群抗性与适应性基因是细菌适应环境压力的重要遗传元件,主要包括抗生素耐药基因、金属离子耐受基因、外排系统基因等多种类型。这些基因使细菌获得了对不同环境压力的适应能力,其中既包括自然选择过程中进化获得的基因,也包括通过水平基因转移获得的基因。

№ 抗生素耐药基因

- β-内酰胺类
- 氨基糖苷类
- 四环素类

⇄ 外排系统基因

● 杀生物剂外排

☎ 金属离子耐受基因

- 铜离子耐受
- 银离子耐受
- 碲、砷离子耐受

▼ 毒力基因

● 毒力基因

② 什么是肠道菌群的耐药基因?

● 肠道菌群的耐药基因是指那些使细菌对特定抗生素或其他抗微生物药物产生耐药性的基因。这些基因编码的蛋白质可以干扰药物的作用机制,使细菌能够在抗生素存在的环境中生存和繁殖。

② 什么是肠道菌群的金属耐受基因?

● 肠道菌群的金属耐受基因是指存在于肠道微生物中的基因,这些基因使细菌能够在高浓度金属(如铜、铅、镉等)环境中生存。耐受机制包括金属离子排出、金属结合、细胞壁改造等。

② 什么是肠道菌群的外排系统基因?

● 肠道菌群的外排系统基因是指一类编码外排泵或外排系统的基因,这些系统使细菌能够将有害物质(如抗生素,毒素,重金属和杀生物剂等)从细胞内主动排出,以抵御这些物质的毒性。

② 什么是肠道菌群的毒力基因?

肠道菌群的毒力基因是指那些使细菌能够造成宿主组织损伤或引发炎症反应的基因。这些基因通常与细菌的致病性有关,使其能在宿主内存活、繁殖并引起疾病。

抗生素耐药基因检测

检测菌株

21 株

100% 完成检测

耐药基因种类

12 种

覆盖 3 大类别

最高 reads 数

321,552

四环素类耐药

本次共检测耐药基因 21 个,涉及 8 个主要细菌类群。主要包括抗生素耐药基因(占比 85%)和金属耐受基因(占比 15%)。其中,reads 数量最高的是四环素耐药基因 tet(W),提示可能存在四环素类抗生素耐药风险。

表格数据阅读说明:

- reads 数量表示基因检出量,数值越大表示该耐药基因丰度越高
- 耐药类型按照**氨基糖苷类、小肽胺类和大环内酯类**进行分类

来源菌株	耐药基因	耐药类型	reads 数量	耐药药物
细菌 Bacterium	aac(6')–E111	氨基糖苷类	974	阿米卡星 卡那霉素
	才氨基糖苷类抗生素产生耐药性 持类抗生素时进行耐药性检测。	生,影响治疗效果。		
细菌 Bacterium	aph(3')–Illa	氨基糖苷类	974	阿米卡星 卡那霉素
● 该基因能使细菌对特● 临床用药时需注意药	特定氨基糖苷类抗生素产生耐药 药物选择。	5性。		
细菌 Bacterium	aac(6')-le2	氨基糖苷类	974	阿米卡星 卡那霉素
编码氨基糖苷修饰酶建议进行药敏试验指	每,可使细菌对多种氨基糖苷类 f导用药。	抗生素产生耐药性。		
罗伊氏乳杆菌 L. reuteri	aadE	氨基糖苷类	76331	链霉素
③ 该基因主要与链霉素● 使用链霉素时需注意	《耐药相关,在乳酸菌中较为常 《耐药情况。	气 见。		
罗伊氏乳杆菌 L. reuteri	aad9	氨基糖苷类	76331	氨基糖苷类
● 能够使细菌对多种复● 建议选择替代药物进	基糖苷类抗生素产生耐药性。进行治疗。			
大肠杆菌 Escherichia coli	npmA	氨基糖苷类	8649	氨基糖苷类
③ 该基因可导致大肠杆② 需进行耐药性监测和	F菌对氨基糖苷类抗生素广谱而 口合理用药。	持 药。		
粪肠球菌 E. faecium EnGen	aac(6')-le	氨基糖苷类	79765	阿米卡星 卡那霉素
1 肠球菌中的耐药基因② 建议选择替代药物或	3,可导致高水平氨基糖苷类而 战联合用药。	村药。		
毛螺菌科 Lachnospiraceae	aac(6')–lm	氨基糖苷类	8649	阿米卡星,卡那霉素 妥布霉素
 该基因可导致对多和 建议进行耐药性检测	中氨基糖苷类药物产生耐药性。 则,合理选择抗生素。			

肠道细菌金属耐受基因检测

检测菌株

5 株

100% 完成检测

耐药基因种类

5 种

覆盖 3 大类别

最高 reads 数

1,221

铜离子耐受

来源菌株	耐受基因	耐受类型	reads 数量	耐受金属
肠杆菌科 Enterobacteriaceae	рсоD	金属	1221	铜离子
耐药基因可能导致对氨基建议在使用氨基糖苷类抗				
肠杆菌科 Enterobacteriaceae	рсоС	金属	1221	铜离子
耐药基因可能导致对氨基建议在使用氨基糖苷类抗				
肠杆菌科 Enterobacteriaceae	silS	金属	939	铜离子,银离子
③ 该基因主要与链霉素耐药● 使用链霉素时需注意耐药		常见。		
友好柠檬酸杆菌 Citrobacter freundii	silR	金属	534	铜离子,银离子
编码氨基糖苷修饰酶,可建议进行药敏试验指导用		类抗生素产生耐药性。		
Gammaproteo Gammaproteo	terZ	金属	380	碲离子
③ 该基因可导致大肠杆菌对◎ 需进行耐药性监测和合理		耐药。		
细菌 Bacteria	рсоС	金属	214	铜离子
能够使细菌对多种氨基糖建议选择替代药物进行流				
肠杆菌目 Enterobacterales	arsD	金属	0	砷离子
肠球菌中的耐药基因、可建议选择替代药物或联合		耐药。		
C. freundii complex C. freundii complex	fieF	金属	0	-
i 该基因可导致对多种氨基② 建议进行耐药性检测,				

肠道细菌外排系统基因检测

检测菌株

1 株

100% 完成检测

耐药基因种类

2 种

覆盖 3 大类别

最高 reads 数

234

杀生物剂外排基因

来源菌株	外排基因	基因类型	reads 数量	外排药物
肠杆菌科 Enterobacteriaceae	SMReffluxemrE	外排	234	杀生物剂
耐药基因可能导致对氨基建议在使用氨基糖苷类抗		,影响治疗效果。		

肠道细菌毒力基因检测

检测菌株

8 株

100% 完成检测

毒力基因种类

35 种

覆盖 8 大类别

最高 reads 数

0

未检测到毒力基因

菌群代谢物及神经递质评估

有机酸类

① 菌群代谢物及神经递质是肠道微生物与宿主相互作用的重要媒介,主要包括短链脂肪酸(SCFAs)、胆汁酸、色氨酸代谢物和神经递质等多个家族,总计已发现数百种不同的活性分子。健康成年人肠道中的代谢产物主要由乙酸盐、丙酸盐、丁酸盐(占 SCFAs 的 95%)、γ-氨基丁酸(GABA)、血清素(5-HT)和多巴胺等构成,其中短链脂肪酸在肠道稳态维持中发挥核心作用,可占所有代谢产物的 60% 以上。我们可以从两个核心维度来评估这些代谢物: 生物活性和组织分布,这两个维度的组合可以帮助我们更全面地理解不同代谢物在肠-脑轴通路中的调节作用和代谢特征。

▲ 特别注意: 这些菌群代谢物指标及神经递质并非通过直接检测获得,而是通过肠道菌群数据进行评估推算,结果仅供 参考!

神经活性物质

测试内容 1	测试内容 2
含氮/含硫化合物	其他代谢物
测试内容 1	测试内容 2

有机酸类代谢物评估

1 有机酸类代谢物是由肠道微生物发酵碳水化合物和蛋白质产生的重要中间产物。这些物质参与能量代谢、神经传导和免疫调节等多个生理过程。通过检测这些指标,可以评估肠道微生物的代谢活性和宿主健康状况。

▲ 特别注意:

② 这些有机酸类代谢物指标有什么临床意义?

● 有机酸类代谢物指标的临床意义体现在以下方面:

• 肠道健康评估: 通过短链脂肪酸水平判断肠道微生物代谢活性。

• 能量代谢评价: 有机酸水平反映机体能量利用效率。

• 神经功能参考: 氨基酸代谢物可作为评估神经系统状态的指标。

• 免疫功能指标: 部分代谢物与免疫调节和炎症反应密切相关。

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价
丁酸盐 Butyrate	15–98	24	正常
重要的短链脂肪酸,为原	肠道细胞提供能量,具有抗炎和维护肠道原	屏障功能。	
丙酸盐 Propionate	15–98	62	正常
■ 参与糖异生过程,调节1	食欲和能量代谢,具有抗炎作用。		
乙酸盐 Acetate	15–98	7	缺乏
最丰富的短链脂肪酸,	参与脂质代谢,为周边组织提供能量。		
异戊酸盐 Isovaleric	15–98	11	正常
支链氨基酸代谢产物,	反映蛋白质岩酸状态		

- 部分有机酸类代谢物水平异常需要关注:
 - 乙酸盐降低(13,参考范围 15–98): 这种最基础的短链脂肪酸水平偏低,就像发电厂供能不足,可能影响细胞的能量供应。
 - 色氨酸严重降低(1,参考范围 5-90): 作为"情绪调节剂"的原料严重不足,就像工厂缺少了重要的原材料,可能影响血清素的合成和情绪调节。
 - 喹啉偏低(7,参考范围5-95): 虽然在参考范围内,但处于较低水平,需要关注神经系统的代谢状态。
- ♀ 其他指标维持在正常水平:
 - 丁酸盐 (24,参考范围 15-98): 虽然偏低但仍在正常范围,维持着基本的肠道屏障功能。
 - 丙酸盐 (62,参考范围 15-98): 处于中等水平,显示糖代谢调节功能稳定。
 - 异戊酸盐 (67, 参考范围 15-98): 维持在良好水平,说明蛋白质发酵状态正常。
 - 谷氨酸 (81,参考范围 15-95): 处于较高水平但仍在范围内,神经递质代谢活跃。

总体来看,短链脂肪酸和色氨酸代谢通路需要重点关注,建议通过调整饮食结构和生活方式来改善这些指标。

神经活性物质名称	正常范围	检测丰度	结果评价
GABA	15–98	24	正常
主要的抑制性神经递质,调	节神经元兴奋性,参与焦虑、睡眠等功能。		
血清素 5-HT	20–95	99	超标
ij 调节情绪、睡眠和食欲的关貸	键神经递质, 影响心理健康状态。		
组胺 Histamine	5–95	67	正常
参与免疫应答和过敏反应,	同时调节觉醒和食欲。		
DOPAC DOPAC	10–95	66	正常
⑤ 多巴胺的主要代谢产物,反	映多巴胺能神经系统的活性。		
雌激素 Estrogen	10–95	89	正常
1 重要的性激素,影响生殖功	能、骨密度和心血管健康。		
多巴胺 Dopamine	5–95	87	正常
与奖励、愉悦、运动功能相	关的神经递质,影响动机和行为。		

神经活性物质评估

① 神经活性物质是一类在神经系统中发挥重要作用的化学物质,包括神经递质和激素。这些物质参与调节情绪、认知、 行为和内分泌功能。通过检测这些指标,可以评估神经系统功能状态和神经内分泌平衡。

▲ 特别注意:

- ② 这些其他代谢物指标有什么临床意义?
- 其他代谢物指标的临床意义体现在以下方面:
 - 神经功能评估: 通过神经递质水平判断神经系统活性。
 - 内分泌状态: 激素水平反映内分泌系统功能。
 - 心理健康参考: 神经递质平衡可作为评估情绪和行为的指标。

神经活性物质名称	正常范围	检测丰度	结果评价
γ− 氨基丁酸 GABA	15–98	24	正常
主要的抑制性神经递质,调	节神经元兴奋性,参与焦虑、睡眠等功	力能。	
血清素 5–HT	20–95	99	超标
□ 调节情绪、睡眠和食欲的关*②	键神经递质,影响心理健康状态。		
组胺 Histamine	5–95	67	正常
 参与免疫应答和过敏反应, 	同时调节觉醒和食欲。		
DOPAC DOPAC	10–95	66	正常
1 多巴胺的主要代谢产物,反	映多巴胺能神经系统的活性。		
雌激素 Estrogen	10–95	89	正常
重要的性激素,影响生殖功	能、骨密度和心血管健康。		
多巴胺 Dopamine	5–95	87	正常
	关的神经递质,影响动机和行为。		

- 血清素水平偏高需要关注:
 - 血清素偏高(99,参考范围 20-95): 这种"快乐物质"水平超出正常范围,可能导致神经系统过度兴奋,就像汽车引擎转速过高,需要适当调节。
- ₹ 其他指标都在正常范围内,显示神经系统功能相对稳定。

含氮/含硫化合物评估

1 体液免疫是机体重要的防御系统,通过产生多种免疫活性物质来识别和清除病原体。通过检测这些指标,可以评估机体的免疫防御能力和炎症状态。

▲ 特别注意:

② 这些其他代谢物指标有什么临床意义?

- 其他代谢物指标的临床意义体现在以下方面:
 - 免疫功能评估: 通过 IgA、IgD、IgM 水平判断免疫系统状态。
 - 营养状况评价: 白蛋白水平反映机体营养状况。
 - 肝功能参考: 白蛋白可作为评估肝脏合成功能的指标。

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价
丁酸盐 Butyrate	15–98	24	正常
参与血液凝固过程,促	进骨骼钙化,具有抗动脉粥样硬化的作用。		
丙酸盐 Propionate	15–98	62	正常
1 肠道菌群代谢芳香族氨	基酸产生的代谢物,反映肠道菌群的代谢活性。		
乙酸盐 Acetate	15–98	7	缺乏
参与细胞信号传导,对	神经系统功能和胰岛素敏感性有重要影响。		
异戊酸盐 Isovaleric	15–98	11	缺乏
蛋白质代谢产物,其水	平反映肠道菌群的蛋白质降解能力。		
谷氨酸 Glutamate	15–98	11	缺乏
参与血液凝固过程,促	进骨骼钙化,具有抗动脉粥样硬化的作用。		
色氨 Tryptophan	15–98	11	缺乏
1 肠道菌群代谢芳香族氨	基酸产生的代谢物,反映肠道菌群的代谢活性。		
喹啉 Quinolinic	15–98	11	缺乏
	神经系统功能和胰岛素敏感性有重要影响。		

- ♀ 免疫球蛋白 M(IgM)和白蛋白是人体免疫系统中重要的防御物质,它们的水平偏低需要关注:
 - IgM 降低:这种物质就像身体的"快速反应部队",它低了会让身体对新入侵者的第一道防线变弱,就像城市失去了 预警系统,容易让敌人突破防线。
 - 白蛋白降低:可以理解为身体的"营养储备库"减少了,不利于维持机体正常功能,就像仓库里的物资不足,影响了整体供应。
- 其他指标都在正常范围: IgA(黏膜防护者)和 IgD(免疫调节者)都处于正常水平,说明目前身体的基础防御能力保持稳定。

其他代谢物评估

1 其他代谢物包含了以下的这些指标。

▲ 特别注意:

- ② 这些其他代谢物指标有什么临床意义?
- 其他代谢物指标的临床意义体现在以下方面:
 - 微生物代谢评估: 通过代谢物水平判断肠道菌群的代谢活性。
 - 营养状况评价: 维生素 K2 水平反映微生物源性维生素的合成能力。
 - 代谢功能参考: 代谢物组成可作为评估肠道健康的重要指标。

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价
维生素 K2 Vitamin K2	5–95	9	正常
参与血液凝固过程,促生	进骨骼钙化,具有抗动脉粥样硬化的作用。		
对甲酚 p-Cresol	0–83	43	正常
1 肠道菌群代谢芳香族氨	基酸产生的代谢物,反映肠道菌群的代谢流	5性。	
肌醇 Inositol	5–95	35	正常
参与细胞信号传导,对	神经系统功能和胰岛素敏感性有重要影响。		
苯酚 Phenol	5–85	5	正常
↑ 死点氏仏谢玄媧 甘北	平反映肠道菌群的蛋白质降解能力。		

- ∲ 维生素 K2 和苯酚的水平偏低需要关注:
 - 维生素 K2 降低 (9,参考范围 5-95): 这种物质就像身体的"钙质调节员",它低了可能影响骨骼健康和血液凝固功能,就像建筑工地缺少了重要的施工监理。
 - 苯酚降低(5,参考范围 5-85): 处于临界值,反映肠道菌群的蛋白质代谢活性偏弱,就像工厂的生产效率下降了。
- 其他指标都在正常范围:
 - 对甲酚 (43,参考范围 0-83): 处于适中水平,表明肠道菌群的代谢功能稳定。
 - 肌醇(35,参考范围5-95):维持在正常水平,说明细胞信号传导和代谢调节功能正常。

免疫指标评估

① 免疫指标是评估人体免疫系统功能状态的重要参数,主要包括体液免疫、细胞免疫、炎症因子和代谢物质等多个类别,总计涵盖数十种具体指标。健康成年人的免疫系统主要由免疫球蛋白(如 lgG、lgA、lgM)、补体系统(C3、C4 等)、细胞因子(IL-1β、IL-6、TNF-α 等)和免疫细胞(T 细胞、B 细胞、NK 细胞等)构成,其中免疫球蛋白和免疫细胞在免疫防御中发挥核心作用,占据免疫防御功能的 80% 以上。我们可以从两个关键维度来评估免疫指标:活性和特异性,这两个维度的结合可以帮助我们更全面地理解不同免疫指标在人体免疫系统中的功能地位和分布特点。

♠ 特别注意: 这些免疫指标并非通过直接检测获得,而是通过肠道菌群数据进行评估推算,结果仅供参考!

ᄼ 体液免疫

体液免疫是机体重要的防御系统,主要由免疫球蛋白(IgA、IgG、IgM等)和补体系统(C3、C4等)构成。其中,免疫球蛋白能特异性识别和中和病原体,而补体系统则通过级联反应增强免疫应答,共同构成体液免疫防御网络。

▲ 炎症感染

炎症指标是反映机体炎症状态的重要生物标志物,主要包括急性时相蛋白(如 CRP、SAA)、促炎因子($IL-1\beta$ 、IL-6、 $TNF-\alpha$ 等)和抗炎因子(IL-10、 $TGF-\beta$ 等)。这些指标能够及时反映机体的炎症水平和免疫状态,是疾病诊断和预后评估的重要依据。

△ 菌群代谢

代谢物质是肠道菌群与宿主互作的关键媒介,主要包括短链脂肪酸(乙酸盐、丙酸盐、丁酸盐)、胆汁酸代谢物、色氨酸代谢物和神经递质(GABA、5-HT等)。这些代谢产物不仅参与能量代谢,还具有调节免疫、影响神经功能等多重生物学作用。

▼ 细胞因子

细胞因子是一类调节免疫和炎症反应的小分子蛋白,主要包括白介素家族($IL-1\beta$ 、IL-6、IL-10等)、肿瘤坏死因子($TNF-\alpha$)和转化生长因子($TGF-\beta$)等。它们作为免疫细胞间的信使分子,在免疫应答、炎症调控和组织修复中发挥关键作用。

▶ 免疫肿瘤

免疫系统是机体抵抗肿瘤的重要防线,通过免疫监视、免疫编辑和免疫清除等机制识别和消灭肿瘤细胞。肿瘤免疫涉及天然免疫和适应性免疫多个组分,包括 NK 细胞、T 细胞、树突状细胞等免疫细胞以及细胞因子网络。

体液免疫指标评估

1 体液免疫是机体重要的防御系统,通过产生多种免疫活性物质来识别和清除病原体。通过检测这些指标,可以评估机体的免疫防御能力和炎症状态。

▲ 特别注意:

② 这些炎症指标有什么临床意义?

● 炎症指标的临床意义体现在以下方面:

• 免疫功能评估:通过 lgA、lgD、lgM 水平判断免疫系统状态

• 营养状况评价: 白蛋白水平反映机体营养状况

• 肝功能参考: 白蛋白可作为评估肝脏合成功能的指标

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价
免疫球蛋白 A lgA	15–98	62	正常
主要分布于呼吸道、消化	L道等黏膜表面,是抵抗病原体入侵的第	一道防线。	
免疫球蛋白 D IgD	15–98	62	正常
❶ 存在于 B 淋巴细胞表面	,在免疫系统的调节和抗原识别中发挥作	用。	
免疫球蛋白 M IgM	15–98	7	缺乏
● 是机体产生的第一类抗体	本,在初次免疫应答中起关键作用。		
白蛋白 Albumin	15–98	11	缺乏
1 由肝脏合成的重要蛋白质	5,维持血浆渗透压,反映营养状况和肝	功能。	

- 🌻 免疫球蛋白 M(lgM)和白蛋白是人体免疫系统中重要的防御物质,它们的水平偏低需要关注:
 - **IgM** 降低:这种物质就像身体的"快速反应部队",它低了会让身体对新入侵者的第一道防线变弱,就像城市失去了 预警系统,容易让敌人突破防线。
 - 白蛋白降低:可以理解为身体的"营养储备库"减少了,不利于维持机体正常功能,就像仓库里的物资不足,影响了整体供应。
- 其他指标都在正常范围: IgA(黏膜防护者)和 IgD(免疫调节者)都处于正常水平,说明目前身体的基础防御能力保持稳定。

炎症指标评估

€ 炎症标志物是评估机体炎症状态的重要指标。通过检测不同的炎症标志物,可以了解系统的炎症程度。

▲ 特别注意:

② 这些炎症指标有什么临床意义?

❷ 炎症指标的临床意义体现在以下方面:

感染评估: PCT 和白细胞可帮助判断感染性疾病心血管风险: hsCRP 用于评估心脑血管疾病风险

• 肠道炎症: FC 和 EPX 可评估肠道炎症的类型和程度

• 治疗监测: 这些指标可用于评估治疗效果和预测疾病预后

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价
白细胞总数及分类 IgA	3.5–9.5	7.35	正常
1 机体抵抗感染的重要免疫经	田胞,数量变化可反映炎症感染状态。		
降钙素原 PCT	0–0	0	正常
细菌感染的特异性标志物,	对全身性感染和脓毒症具有重要诊断价值。		
高敏 C 反应蛋白 hsCRP	0.068-8.2	4.48	正常
 心脑血管系统炎症的敏感技术 	指标,可预测心血管疾病风险。		
类便钙蛋白 FC	0–85	1	正常
来源于中性粒细胞,是炎症	定性肠病的特异性标志物。		
粪便嗜酸性粒细胞蛋白 > EPX	0-85	1 I	正常
5 反映肠道嗜酸性粒细胞介質	异的炎症反应,与食物过敏和肠道炎症相关。		

♣ 指标的评估值都在正常范围: IgA(黏膜防护者)和 IgD(免疫调节者)都处于正常水平,说明目前身体的基础防御能力保持稳定。

代谢物指标评估

❶ 肠道菌群代谢物是评估肠道健康和免疫功能的重要指标。这些指标可以反应肠道微生态平衡状况和炎症反应水平。

▲ 特别注意:

② 这些代谢物指标有什么临床意义?

● 代谢物指标的临床意义体现在以下方面:

炎症评估:通过 LPS 水平判断肠道炎症状态代谢功能:胆汁酸和电解质反映代谢平衡情况

• 微生态健康: 短链脂肪酸水平反映肠道菌群代谢活性

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	分类
脂多糖 LPS	0-85	1	正常	致炎代谢物
1 细菌细胞壁的重要组成	部分,是评估肠道通透性和炎症反	应的关键指标。		
胆汁酸 Bile acid	15–95	44	正常	抗炎代谢物
参与脂质代谢和吸收的	重要物质,同时具有调节肠道菌群	的作用。		
氢气 H ₂	15–95	16	正常	抗炎代谢物
1 由肠道菌群产生的重要	代谢物,具有抗氧化、抗炎和调节	免疫功能的作用。		
丁酸盐 Butyrate	15–98	13	缺乏	抗炎代谢物
1 重要的短链脂肪酸,为	7肠道细胞提供能量,具有抗炎和维	沪肠道屏障功能。		
乙酸盐 Acetate	15–98	13	缺乏	抗炎代谢物
 最丰富的短链脂肪酸之 	一,参与能量代谢,具有抗炎作用。			

- ♀ 丁酸盐和乙酸盐都是肠道中重要的"好物质",它们的水平偏低需要关注:
 - 丁酸盐降低:这种物质就像肠道的"保护伞",它低了会让肠道细胞缺少营养,就像城墙失去了维护,容易让有害物质趁虚而入。
 - 乙酸盐降低:可以理解为肠道里的"和平使者"减少了,不利于维持肠道内好菌和坏菌的平衡,就像少了调解纷争的外交官。

其他指标都在正常范围: 脂多糖(坏菌产生的有害物质)、胆汁酸(帮助消化的物质)和氯离子(维持平衡的物质)都处于正常水平,说明目前肠道整体状况稳定。

细胞因子指标评估

❶ 细胞因子是免疫系统中重要的信号分子,通过检测不同的细胞因子水平,可以了解机体的免疫状态和炎症程度。

② 这些细胞因子指标有什么临床意义?

- 免疫肿瘤指标的临床意义体现在以下方面:
 - 炎症评估: IL-6、TNF-α 和 IL-17a 反映炎症活性。
 - 免疫调节: IL-10 水平反映免疫抑制能力。
 - 免疫状态: IFN-γ 反映细胞免疫功能。
 - 疾病监测:可用于自身免疫性疾病的活动度评估。

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价
白介素 6 IgA	1–85	1	正常
● 白介素 A 是重要的促卵	炎性细胞因子参与急性期反应和炎症过程	由 T 细胞和巨噬细胞等产生。	
肿瘤坏死因子– α TNF– α	5–85	1 I	缺乏
典型的促炎性细胞因子	在炎症早期发挥关键作用可诱导其他炎症	於 於於一人,	
II-17a hsCRP	5–85	64	正常
① 由 Th17 细胞产生的促	炎性因子与自身免疫性疾病密切相关参与	组织炎症反应。	
II-10 FC	15–95	9	缺乏
重要的抗炎性细胞因子	具有免疫抑制作用可抑制促炎性因子的产	生。	
干扰素-γ IFN-γ	15–95	83	正常
1 具有双重免疫调节作用	参与抗病毒免疫应答可激活巨噬细胞。		

- △ 细胞因子都是免疫系统中重要的"调控物质",它们的水平异常需要关注:
 - IL-10 降低:这种情况就像免疫系统的"刹车"失灵了,IL-10 是重要的抗炎因子,它低了会让免疫系统缺少必要的抑制,就像汽车失去了刹车系统,容易导致炎症反应过度。
 - TNF $-\alpha$ 降低:可以理解为免疫系统的"警报器"减弱了,不利于及时发现和应对潜在的感染威胁,就像警报系统灵敏度下降,可能会延迟对危险信号的响应。
- ♣ 其他指标都在正常范围: IL-6 (急性炎症反应物质)、IL-17a (自身免疫相关因子) 和 IFN-γ (免疫调节物质) 都处于正常水平,说明目前整体的免疫炎症状态基本稳定。

免疫肿瘤指标评估

1 肿瘤免疫指标是评估机体抗肿瘤免疫功能的重要标志物,通过检测这些指标可以了解机体的免疫监视和抗肿瘤能力。 这些指标的变化可以反映肿瘤的发生发展,也可用于免疫治疗的疗效评估和预后判断。

▲ 注意事项

- 质子泵抑制剂等药物可能影响检测结果
- 肾功能不全可导致假性升高
- CgA 只是众多肿瘤标志物中的一种,通常需要结合其他检查和临床症状来综合判断。

② 这些免疫肿瘤指标有什么临床意义?

● 免疫肿瘤指标的临床意义体现在以下方面:

• 肿瘤诊断: 可作为神经内分泌肿瘤的筛查和诊断指标。

• 病情监测: 用于评估神经内分泌肿瘤的治疗效果和复发情况。

• 预后评估: CgA 水平与神经内分泌肿瘤的预后相关。

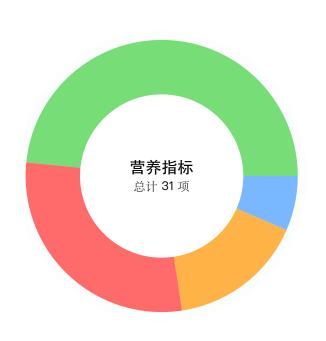
• 鉴别诊断: 有助于区分神经内分泌肿瘤与其他类型肿瘤。

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价
嗜铬粒蛋白 A CgA	5–95	64	正常
⑤ 嗜铬粒蛋白 A 是神经内分	分泌细胞分泌的一种酸性糖蛋白,是评价	古神经内分泌肿瘤的重要标志物。	

▲ 该肿瘤免疫指标的评估值在正常范围:说明神经内分泌系统功能正常。

营养饮食指标评估

- 神经递质是连接大脑与身体的重要信使分子,它们在调节我们的情绪、行为和身心健康中发挥着关键作用。
- € 神经递质是连接大脑与身体的重要信使分子,它们在调节我们的情绪、行为和身心健康中发挥着关键作用。
- 1 神经递质是连接大脑与身体的重要信使分子,它们在调节我们的情绪、行为和身心健康中发挥着关键作用。
- 1 神经递质是连接大脑与身体的重要信使分子,它们在调节我们的情绪、行为和身心健康中发挥着关键作用。
- € 神经递质是连接大脑与身体的重要信使分子,它们在调节我们的情绪、行为和身心健康中发挥着关键作用。











日常饮食评估

1 糖、盐、膳食纤维和乳制品是人体日常饮食中重要的营养成分,对维持人体基本生理功能和健康发挥着关键作用。本报告将通过肠道菌群等检测指标,全面评估这些营养成分在人体中的代谢水平和整体状况。



◆ 整体来看,糖、盐、膳食纤维和乳制品的指标均在正常范围内,反映出良好的饮食习惯和营养状态,有助于维持身体健康。

矿物质微量元素和有机酸评估

1 糖、盐、膳食纤维和乳制品是人体日常饮食中重要的营养成分,对维持人体基本生理功能和健康发挥着关键作用。本报告将通过肠道菌群等检测指标,全面评估这些营养成分在人体中的代谢水平和整体状况。



♠ 整体来看,糖、盐、膳食纤维和乳制品的指标均在正常范围内,反映出良好的饮食习惯和营养状态,有助于维持身体健康。

维生素评估

❶ 维生素是人体必需的微量营养素,本报告通过肠道菌群等检测指标来评估下列维生素的水平。

检测项目	正常范围	检测丰度	结果评价
维生素 A Vitamin A	350–700	7.35 I	正常
1 维持视力,促进生长发育,	增强免疫力,缺乏可能导致夜盲症和	和免疫力下降。	
维生素 B1 Vitamin B1	0.75–1.3	0.48	正常
参与糖代谢,维持神经系统	功能,缺乏可导致脚气病,表现为礼	申经和心血管问题。	
维生素 B2 Vitamin B2	0.6–1.2	1.77	正常
参与能量代谢,维持皮肤黏	膜健康,缺乏可能导致口角炎和舌线	た。	
维生素 B6 Vitamin B6	0.6–1.2	1.02	正常
参与氨基酸代谢,促进造血	功能,缺乏可能导致贫血和抑郁。		
维生素 B12 Vitamin B12	1.2-2.4	3.53	正常
促进细胞生成,维持神经系	统功能,缺乏可导致巨幼细胞性贫口	血和神经损伤。	
维生素 B9 (叶酸) Vitamin B9	500–100	160.90	正常
1 抗氧化,促进胚胎蛋白合成	,增强免疫力,缺乏可导致巨幼细胞	包性贫血和胎儿神经管缺陷。	
维生素 D Vitamin D	20–30	47.24	正常
6 促进钙吸收,维持骨骼健康	,调节免疫系统,缺乏可导致佝偻病	病和骨质疏松。	
维生素 E Vitamin E	7–14	3.96	正常
1 抗氧化,保护细胞膜,延缓	衰老,缺乏可能导致神经和肌肉问题	<u>ij</u> 。	
维生素 K Vitamin K	7–15	9	正常
参与凝血过程,促进骨骼代	谢,缺乏可导致出血倾向和骨质疏构	公。	

氨基酸营养评估

① 氨基酸是蛋白质的基本构建单位,在人体内参与多种重要的生理功能。人体所需的 20 种氨基酸中,9 种必需氨基酸需要从食物中获取,其余可由人体自身合成。氨基酸评估可以反映蛋白质营养状况以及代谢功能等。

食源性必需氨基酸

① 食源性必需氨基酸是指人体无法自身合成、必须从食物中获取的氨基酸,共有 9 种。它们是构建人体蛋白质的重要原料,对生长发育、免疫功能和各种生理活动都至关重要。优质蛋白食物(如肉、蛋、奶)含量丰富,植物性食物(如豆类、谷物)通过合理搭配也能满足需求。

检测项目	正常范围	检测丰度	结果评价
苏氨酸 Threonine	350–700	7.35 I	正常
1 促进消化吸收,维持肠	道功能。缺乏可能影响消化系统和免疫系统功能。		
异亮氨酸 Isoleucine	0.75–1.3	0.48	缺乏
促进肌肉生长,提供能	量。缺乏可能导致肌肉无力和疲劳。		
亮氨酸 Leucine	0.6–1.2	1.77	超标
	组织。过量可能影响其他氨基酸的吸收。较多的食物摄入,保持均衡饮食。		
赖 氨酸 Lysine	0.6–1.2	1.77	超标
	接力。过量可能影响钙的吸收。 当减少高赖氨酸食物的摄入。		
蛋氨酸 Methionine	350–700	7.35 I	正常
解毒护肝,促进毛发生	长。对维持肝脏功能和毛发健康很重要。		
苯丙氨酸 Phenylalanine	0.75–1.3	0.48	缺乏
合成神经递质,调节情	绪。缺乏可能影响精神状态。		
色氨酸 Tryptophan	0.6–1.2	1.77	超标
	过量可能影响血清素水平。 较多的食物摄入,保持作息规律。		
缬 氨酸 Valine	0.6–1.2	1.77	超标
促进肌肉代谢,提供能建议调整饮食结构,减	量。过量可能影响其他支链氨基酸的平衡。 (沙高缬氨酸食物的摄入。		
组氨酸 Histidine	0.6–1.2	1.77	超标

 \P 指标的评估值都在正常范围: IgA(黏膜防护者)和 IgD(免疫调节者)都处于正常水平,说明目前身体的基础防御能力保持稳定。

非食源性氨基酸

① 非食源性氨基酸是指人体可以自身合成的氨基酸、共有 11 种。它们同样是构建人体蛋白质的基本单位,包括丙氨酸、 天冬氨酸、天冬酰胺、谷氨酸、谷氨酰胺、甘氨酸、脯氨酸、丝氨酸、酪氨酸、半胱氨酸和精氨酸。其中,精氨酸、酪氨 酸和半胱氨酸在特定生理状态(如生长发育期、疾病恢复期)下可能成为条件性必需氨基酸。虽然人体可以自行合成这 些氨基酸,但均衡的饮食仍有助于维持其合成所需的原料供应。

检测项目	正常范围	检测丰度	结果评价 ————————————————————————————————————
丙氨酸 Alanine	350–700	7.35 <u>I</u>	正常
促进消化吸收,维持用	汤 道功能。在氨基酸代谢和糖代谢中发挥重要	作用。	
谷氨酸 Glutamic acid	0.6–1.2	1.77	超标
	肉组织。是重要的神经递质前体物质。		
建议适当减少含谷氨酮	发较高的食物摄入,保持饮食均衡。		
甘氨酸 Glycine	0.6–1.2	1.77	超标
	色疫力。参与胶原蛋白的合成。		
注意调整饮食结构,	避免过量摄入含甘氨酸较多的食物。		
脯氨酸 Proline	350–700	7.35 I	正常
新毒护肝,促进毛发生	上长。对维持结缔组织健康很重要。		
丝氨酸 Serine	0.75–1.3	0.48	缺乏
合成神经递质,调节情	青绪。参与脂质代谢和免疫功能。		
半胱氨酸 Cysteine	0.6–1.2	1.77	超标
① 改善睡眠,稳定情绪。② 建议适当控制含半胱复	具有抗氧化作用。 氰酸较多的食物摄入,注意营养均衡。		
酪氨酸 Tyrosine	0.6–1.2	1.77	超标
1 促进肌肉代谢,提供能	 走量。是多种激素的前体物质。		
	域少高酪氨酸食物的摄入。		

● 指标的评估值都在正常范围: IgA (黏膜防护者) 和 IgD (免疫调节者) 都处于正常水平,说明目前身体的基础防御能力保持稳定。

慢病风险评估

① 肠道菌群是人体最大的微生物群落,在维持人体健康中发挥着关键作用。大量研究表明,肠道菌群的失衡与多种慢性疾病(包括但不限于消化系统疾病,免疫系统疾病,代谢性疾病,心脑血管疾病,神经系统疾病等)的发生发展密切相关。通过对肠道菌群的分析,我们可以及早发现疾病风险,实现疾病的预防和干预。

本报告评估基于肠道微生物组检测数据和机器学习方法,对以下慢性疾病风险进行分析预测:

- 肠道相关疾病:炎症性肠炎、肠易激综合征、感染性腹泻、肠道病毒感染和过敏性腹泻
- 器官功能疾病: 肝病、心脑血管疾病、甲状腺疾病和肺部疾病
- 神经系统疾病: 神经行为发育异常

▲ 特别提示:本检测仅作为健康评估参考,不作为疾病诊断依据!

② 低风险就一定没有患病风险吗?

● 如果评估结果显示慢病风险较低,这通常表明个体在某些生理或代谢指标上处于较为健康的状态。然而,这并不意味着完全没有患病风险。慢性病的发生往往是多因素共同作用的结果,包括遗传因素、生活方式、环境影响等。因此,肠道菌群数据虽然能提供有价值的参考信息,但不能单独作为排除病症风险的依据。低风险并不等同于无风险,个体仍然可能受到其他未被检测的风险因素的影响。如果已经出现相关疾病症状,请立即就医。

京本学院 京本学院 京本学院 京本学院 京本学院 一次 方式 方式

● 疾病风险提示基于大数据分析和个体健康信息的综合评估,这可能涉及遗传因素、生活方式、甚至是肠道菌群数据等多方面的影响。因此,中高风险的评估不一定直接与您当前的症状相对应。许多慢性疾病在早期可能没有明显的症状,但依然可以在体内发展。因此,即便当前没有表现出疾病症状,仍然需要关注风险评估的结果。它可能是未来健康问题的预警信号。不同个体对疾病的反应和表现有所不同。有些人可能在早期阶段就显示出症状,而其他人则可能在同样的风险水平下保持良好状态。即使没有相关症状,建议定期进行健康检查和监测,以便及时发现任何潜在的问题。此外,维持健康的生活方式,如均衡饮食、适度运动和良好的心理健康,可以帮助降低未来发病的风险。如果风险提示令您感到担忧,或您希望更深入地了解情况,建议咨询医生或健康专业人士。他们可以根据您的具体健康状况、家族病史等因素提供更个性化的建议和指导。



炎症性肠炎

0.25

检测风险: 0.25, 属于"低风险"级别。

□□ 风险评估:该风险提示目前患炎症性肠炎的风险相对较低,可能存在轻微的生活方式不当或其他健康问题。如若出现腹痛、腹部痉挛、腹泻或 便秘等症状,同时伴有食欲下降和疲劳感,请及时就医。

■ 疾病简介:炎症性肠病是一种慢性、反复发作的肠道炎症性疾病,主要包括两种类型:克罗恩病和溃疡性结肠炎。其特点是肠道持续性炎症, 可能导致肠壁损伤,并伴有全身性症状。

肠易激综合征

0.45 注意

○ 检测风险: 0.45, 属于"注意"级别。

△ 风险评估:该风险值提示需要关注以下风险因素:长期压力和焦虑状态,不规律的饮食习惯,肠道感染史等。如若出现经常性腹痛或(因情绪 波动引起的) 腹泻与便秘交替等不适症状, 建议及时就医。

■ 疾病简介: 肠易激综合征是一种常见的功能性胃肠道疾病,其特点是肠道功能紊乱,主要表现包括腹痛、腹胀、排便异常(如腹泻、便秘或两 者交替),症状常因压力、饮食或某些外部因素诱发或加重。

感染性腹泻



低风险

む 检测风险值: 0.14, 属于"低风险"级别。

□□ 风险评估:该风险值提示您感染由病原微生物(细菌、病毒或寄生虫)感染引起的消化系统疾病的风险值相对较低。仍需警惕食品卫生安全状 况,个人卫生习惯,饮用水质量,季节性传染病流行等。

肠道病毒感染



0.15 低风险

检测风险值: 0.15, 属于"低风险"级别。

□□ 风险评估: 虽然目前风险较低, 但建议关注以下方面: 保持良好的个人卫生习惯, 勤洗手, 尤其在进食前和如厕后,食用安全卫生的饮食; 避 免接触感染者;保持环境清洁和通风。

■ 肠道病毒感染是一类由多种肠道病毒引起的传染性疾病,可引起发热、手足口病、疱疹性咽峡炎等症状,多见于儿童。

过敏性腹泻 •

- 動 检测风险值: 0.03,属于"低风险"级别。
- △ 风险评估:尽管为低风险,您仍需注意在日常生活中的饮食和生活习惯注意识别并避免过敏食物;记录可能的过敏原,建立食物日志等。
- 过敏性腹泻是一种由食物或其他过敏原引起的消化系统反应,可导致腹痛、腹泻等消化道症状,与个体免疫系统对特定物质的敏感性有关。

肝病

0.30 注意

- ① 检测风险值: 0.30, 属于"注意"级别。
- □□ 风险评估:可能反映出近期生活方式不当或其他疾病导致的风险上升,也可能受到其他疾病的影响。此外,部分健康个体也可能在这个分值 段。注意饮食卫生和营养均衡,避免饮酒等肝脏负担,出现不适症状及时就医进行常规肝功能检。
- ■肝病是指各种影响肝脏功能和结构的疾病统称,包括病毒性肝炎(如乙肝、丙肝等)、脂肪肝、酒精性肝病、自身免疫性肝病和肝硬化等。

心脑血管疾病



0.15

- 動 检测风险值: 0.15, 属于"低风险"级别。
- □ 风险评估: 虽然目前检测显示为低风险, 但心脑血管疾病的发生常与长期的生活方式习惯相关。
- 心脑血管疾病是一类影响心脏和脑部血管系统的疾病,包括心肌梗塞、脑梗塞等严重疾病。

甲状腺疾病



0.19 低风险

- 台 检测风险值: 0.19, 属于"低风险"级别。
- □ 风险评估:尽管为低风险,建议仍需在日常生活中:关注甲状腺功能指标,颈部状况以及基础代谢水平等,保持健康的生活方式,定期进行甲 状腺功能检查,注意补充适量碘元素,避免过度劳累和压力,保持规律作息,充足睡眠等。
- 甲状腺疾病是一类影响甲状腺功能的内分泌系统疾病,包括甲状腺功能亢进、甲状腺功能减退等。

肺部疾病



0.15 低风险

- む 检测风险值: 0.15, 属于"低风险"级别。
- 风险评估:虽然目前风险较低,但还是建议在日常生活中:保持健康的生活方式,避免吸烟及二手烟暴露,注意防护,减少空气污染暴露,保 持规律运动,增强肺功能,保持室内通风,维持良好空气质量等。
- 肺部疾病是一类影响呼吸系统功能的疾病,包括慢性支气管炎、肺炎、哮喘等。

神经行为发育异常

0.39 注意

- ① 检测风险值: 0.39, 属于"注意"级别。
- 风险评估:可能反映出近期生活方式不当或其他疾病导致的风险上升,也可能受到其他疾病的影响。要注意保持充足的睡眠,健康饮食和规律 运动等。若发现记忆力下降、注意力难以集中、情绪波动、冲动行为或认知功能受损等症状,请及时就医。
- 神经行为异常通常是指由于中枢神经系统功能紊乱或损伤,所引发的行为和情绪上的异常表现,例如自闭症,抑郁症,帕金森病等。

疾病相关菌群

1 肠道菌群与疾病的关联性研究已成为现代医学研究的重要领域。通过大规模人群研究和临床观察,我们发现多种健康问题与肠道菌群的特定丰度水平直接相关。

疾病相关性评估体系

- 证据等级划分:
 - 1级:来自单篇论文或小规模人群数据统计
 - 2级: 基于大规模人群样本统计和多篇单篇论文
 - 3级: 经大量研究论文和临床实践验证
 - 相关性判定标准:
 - 过多: 菌群丰度显著高于正常人群范围
 - 过少: 菌群丰度显著低于正常人群范围
 - 正常: 菌群丰度在参考范围内波动

评估结果解读

- 数据来源:
 - 全球最大规模调查样本数据库
 - 权威文献报道的疾病相关性研究
 - 临床病例与健康对照组比较研究
 - 结果意义:
 - 相关性不等同于因果关系
 - 同一菌群可能与多种症状相关
 - 症状可能同时涉及多个菌群的变化

注意事项

- 超标提示: 菌群丰度超出正常范围, 提示存在异常
- 综合考虑: 需结合个人症状和临床检查综合判断
- 动态监测: 建议定期复查, 观察菌群变化趋势
- 个体差异: 考虑年龄、性别、地域等个体因素影响

肥胖相关菌

- ❶ 肠道菌群通过影响能量吸收、脂肪代谢和免疫功能,在肥胖发生发展中扮演重要角色。
- ▲ 特别注意:
- ☞ 哪些菌群与肥胖相关?这些菌群是如何影响肥胖的?
- 🧆 与腹胀相关的菌群包括但不限于史氏甲烷烷菌,拟杆菌属和梭菌属等。
- ② 饮食如何影响肥胖相关菌?
- 🧆 与腹胀相关的菌群包括但不限于史氏甲烷烷菌,拟杆菌属和梭菌属等。

菌种名称	正常范围%	检测丰度	检测结果	超过% 的人	失眠相关性	相关性强度
厚壁菌门 Firmicutes	28.594–83.961	94.36370	超标	99%	正相关	***
	的数量在肥胖人群中较高,可 加、植物蛋白、豆制材、低能					
阿德勒氏菌属 Adlercreutzia	0-0.74966	0.00133	正常	99%	正相关	***
1 能够代谢大豆异黄	責酮,促进女性肥胖。					
双歧杆菌属 Bifidobacterium	1.7545796–35.500554	0.03296 I	偏低	24%	正相关	***
1 促进肠道内有益菌	崮 的生长,抑制有害菌的生长	,减少肥胖相关的	炎症反应代谢素	<u></u>		
嗜胆菌属 Bilophila	0-0.1544794	0.73110	超标	-%	正相关	***
	orthia 是一种能够产生硫化 F菌、低聚果糖和菊粉、酵母			高。		
, , , , , , , , , , , , , , , , , , , ,	困、 以來未悟和物切、 皆也		1 元 木			
梭菌属 Clostridium	0-4.4645924	1.90370	正常	67%	正相关	***
1 肥胖者的丰度较高	哥,尤其 Clostridium butyri	cum,可通过增强营	言养吸收促进肥胖	半 的发展。		
埃希氏菌属 Escherichia	0-3.83	0.14296	正常	6%	正相关	***
1 肥胖人群丰度明显	起增加,能够产生酒精,从而	「导致血液中酒精水 [」]	平升高,也可能是	是肥胖人群易患非酒	精性脂肪性肝病的	原因之一。
霍尔德曼氏菌属 Holdemania	0-0.28	0.10581	正常	98%	正相关	***
在肥胖人群中明显	退增加,与神经炎症、脂质和	南萄糖代谢障碍相美	关,与肥胖相关的	的肝硬化、糖尿病和	代谢综合征等疾病	有关。
巨单胞菌属 Megamonas	0-0.6915718	0.00049	正常	58%	正相关	***
1 肥胖人群丰度较高	高,与糖尿病、炎症反应等代	谢性疾病密切相关。				
震颤杆菌属 Oscillibacter	0–3.1958	0.17179	正常	78%	正相关	***
在肥胖症患者中的	的丰度明显增加,与肥胖症的]发生和发展密切相差	关,增加可能导致	致肠道菌群失衡,从	而影响能量代谢和原	肥胖症的发生。
丹毒丝菌科 Erysipelotrichace	0-1.7163 eae	0.34971	正常	97%	正相关	***
在肥胖人群中明显	志增加,与肥胖相关的代谢 紊	乱和炎症反应有关。				
红蝽菌科 Coriobacteriace	0-10.241 ae	0.01926 I	正常	82%	正相关	***
	及收来影响能量代谢,与高脂		性的抵抗 力相关			

菌种名称	正常范围%	检测丰度	检测结果	超过% 的人	失眠相关性	相关性强度
脆弱拟杆菌 Bacteroides frag	0-0.05	0.00145	正常	8%	正相关	***
与婴儿3周和26	周时的 BMI 呈正相关,可	能通过抑制乙酸水	平来加速肥胖,	与 ALT 呈负相关。		
牙龈卟啉单胞菌 Porphyromonas (0-0.05 gingivalis	ND	正常	-%	正相关	***
Porphyromonas (gingivalis 是一种牙周病原菌	有,会导致饮食性肥	胖进一步增重和	,改变棕色脂肪组织	识的内分泌功能影响	肥胖。
活波瘤胃球菌 Ruminococcus g	0-0.05 navus	0.22486	超标	20%	正相关	***
	生有关,在女性中与 ICPP、					
● 建议:咖啡、乳杆	菌补充、白藜芦醇、母乳低	聚糖、槲皮素红维	素 。			
别样杆菌属 Alistipes	0.080658-18.1198662	0.00099	偏低	15%	正相关	**
在肠道菌群中起重	要作用,与代谢健康相关。					
厌氧棒状菌属 Anaerotruncs	0-0.13747	0.08642	正常	55%	正相关	**
在肠道菌群失调,	饱和脂肪酸摄入量较高时丰	度更高,与肥胖有	关。			
柯林斯氏菌属 Collinsella	0-9.1528862	0.01763	正常	82%	正相关	**
€ 増加导致肠道微生	物群落的失衡,潜在的促炎	症成分增加,如短领	连脂肪酸减少,	可能会导致肥胖和代	试谢综合征的发生。	
乳杆菌属 Lactobacillus	0-0.4302374	0.00660	正常	8%	正相关	**
● 肥胖人群中丰度增	加,但是一些菌株能够对肥	胖产生有益影响,	与其抑制脂肪酸。	合成酶基因表达、降	K 低脂肪酸氧化酶活	性有关。
乳球菌属 Lactococcus	0-0.058488	0.00222	正常	99%	正相关	**
1 肥胖人群的肠道微	生物组中丰度较少,而正常	体重人群中较多。	参与调节肠道内的	的卡路里代谢和能量	量平衡,从而影响体	重。
颤螺菌属 Oscillospira	0.033–5.346	ND	偏低	36%	正相关	**
① Oscillospira 过多	或过少都与肥胖相关,益生	菌或益生元可以增加	∏ Oscillospira (的数量,从而减轻服	門胖和代谢疾病的症	伏。
副萨特氏菌属 Parasutterella	0-0.8235	0.33869	正常	99%	正相关	**
⑤ 与 L−半胱氨酸和原	脂肪酸生物合成径有关,在周	吧胖人群中, 丰度与	万 BMI 和 2 型糖	尿病呈正相关。		
龙包沃氏菌属 Romboutsia	0-0.021404	0.01546	正常	73%	正相关	**
	下降、肠道炎症反应增加,	######################################	77 /- V			

菌种名称	正常范围%	检测丰度	检测结果	超过% 的人	失眠相关性	相关性强度
瘤胃梭菌属 Ruminiclostridium	0-0.05	0.00203	正常	46%	正相关	**
主要与肥胖发型呈正	相关。					
普雷沃氏菌科 Prevotellaceae	0-56.537	0.04756	正常	70%	正相关	**
① 肥胖患者肠道中 Pre	votellaceae 的丰度增加	1,女性中高丰度的 P	Prevotellaceae	与肥胖有关。		
具核梭杆菌 Fusobacterium nuc	0-0.05 cleatum	0.00459	正常	-%	正相关	**
1 Fusobacterium nuc	leatum 在肥胖人群中更	为丰富,是一种机会	性病原体,与牙	周病的发生和发展智	密切相关。	
扭链瘤胃球菌 Ruminococcus tord	0-3.8364 ques	0.31451	正常	99%	正相关	**
增加导致牛磺酸结合	-胆酸(TCA)和脱氧胆醇	竣(DCA)水平升高,	并激活脂肪组织	织的 G 蛋白偶联胆酮	酸受体(GPBAR1,	TGR5)。
棒杆菌属 Corynebacterium	0-0.05	0.00843	正常	-%	正相关	*
Corynebacterium je	eddahense 和 C. massi	liensis 是从患有病态	5.肥胖的人的粪便	更中分离出来的菌株	0	
戴阿利斯特杆菌属 Dialister	0-3.7365342	2.74325	正常	79%	正相关	*
i Dialister 属与高炎症	E指数相关,运动可以增;	加 Dialister 属的丰度	E, 从而改善肥胖	#儿童的肠道菌群组	成。	
粪杆菌属 1.9 Faecalibacterium	350868–17.7942438	28.86665	超标	99%	正相关	*
	降低,炎症反应增加,位 亚麻籽、壳聚糖、柿子精		减少脂肪的积累	累,促进肠道内废素	的分泌,减少食欲	和促进代谢。
纤毛菌属 Leptotrichia	0-0	0.00146	超标	95%	正相关	*
① 在肥胖女性中的相对② 建议控制饮食,定期	丰度较高,与糖尿病、F 监测血糖。	中风等代谢性疾病有争	关联 。			
巨球形菌属 Megasphaera	0-0.13046	0.00399	正常	99%	正相关	*
 在肥胖人群中富集,	促进脂肪沉积和代谢。					
普雷沃氏菌属 Prevotella	0-67.8009886	0.04290	正常	50%	正相关	*
1 丰度与体重、腰围、	BMI、脂肪质量指数、非	↑油三酯和高敏 C-反	应蛋白水平呈正	相关,而与高密度周	指蛋白胆固醇水平呈	负相关。
瘤胃球菌属 0.0 Ruminococcus	0543588–19.7985354	9.84521	正常	44%	正相关	*
and the second s	明显增加,产生支链氨基	ナエム イコ ムン ケーエム かた ハンムしも	/ t. W. I tm m.k / /	48 Ltl.		

菌种名称	正常范围%	检测丰度	检测结果	超过% 的人	失眠相关性	相关性强度
产碱菌科 Alcaligenaceae	0-0	0.01035	超标	25%	正相关	*
	村丰度较高,可以产生内毒素 長入,改善肠道环境。	素 LPS,引起慢性低	度炎症,也是机	会性病原菌,特别是	上在患有自闭症的儿	童中。
赭色噬帽菌 Capnocytophaga	0-0 a ochracea	ND	正常	99%	正相关	*
i 肥胖女性的 Strep	otococcus sanguinis、Stre	eptococcus oralis 乔	☐ Capnocytoph	aga ochracea 的办	平显著高于非肥胖	女性。
柯氏菌 Collinsella aerof	0–10.121 aciens	0.00117	正常	30%	正相关	*
Collinsella aerof	aciens 是一种与肥胖和代谢	射综合征相关的微生物	勿生物标志物。			
长链多尔氏菌 Dorea longicate	0-4.2889 na	0.33368	正常	99%	正相关	*
Dorea longicate	na 是肥胖的生物标志物之一	0				
史氏甲烷短杆菌 Methanobreviba	0-3.3301 cter smithii	ND	正常	99%	正相关	*
1 产生的甲烷与便利	必、肠易激综合征和肥胖有⇒	€.				
血链球菌 Streptococcus s	0-0.05 anguinis	0.00203	正常	-%	正相关	*
f 研究发现, Strep	tococcus sanguinis、Stre	ptococcus oralis 和	Capnocytopha	aga ochracea 在肥	胖女性的水平显著高	5于非肥胖女性。
艾克曼菌 Akkermansia mu	0–6.6395 uciniphila	0.00394	正常	45%	负相关	***
降低肠道黏膜的多	炎症程度,增加肠道屏障功能	龙,降低肥胖相关的 位	弋谢疾病。			
粪杆菌属 Faecalibacteriun	1.9350868–17.7942438	28.86665	超标	99%	负相关	***
	月显降低,炎症反应增加,(b 它、亚麻籽、壳聚糖、柿子粉		减少脂肪的积累	累,促进肠道内废素	的分泌,减少食欲和	扣促进代谢。
拟杆菌门 Bacteroidetes	19.203–90.8	0.15639 I	偏低	17%	负相关	***
1 丰度与肥胖呈负机	目关,越多肥胖的风险越低。					
优杆菌属 Eubacterium	0.1145944-9.4883306	5.75186	正常	95%	负相关	**
1 Eubacterium dol	lichum 与代谢紊乱和肥胖有	f关其丰度与内脂肪 <i>质</i>	质量呈正相关。			
	0-3.0624 tus £肥胖、2 型糖尿病和胰腺炎	ND 炎硬化疾病患者中数』	正常 量减少,具有保	25% 沪作用,可以诱导肠	负相关 道 lgA 的产生,有	★★ 益于肠道稳态和免
疫健康。						

菌种名称	正常范围%	检测丰度	检测结果	超过% 的人	失眠相关性	相关性强度
颤螺菌属 Oscillospira	0.033–5.346	ND	偏低	36%	负相关	*
i Oscillospira 过多	或过少都与肥胖相关,益生	E菌或益生元可以增加	🛮 Oscillospira 🖡	的数量,从而减轻肥	胖和代谢疾病的症状	t.

便秘相关菌

- ③ 肠道菌群与便秘的发生发展密切相关。菌群失衡可影响肠道蠕动、水分代谢和神经递质的产生,进而影响排便功能。 ▲ 特别注意:在本报告中,与便秘相关的某些肠道菌群可能会出现超标。然而,值得注意的是,这些细菌的超标并不一定会导致个体出现便秘的症状。这是因为便秘的发生通常涉及多种因素,包括个体的生理状态、饮食习惯、活动量、压力水平以及整体的肠道健康状况。为了更好地规避潜在的风险,您应结合以下的菌群情况以及您自身的病史、饮食习惯和生活作息等来综合评估便秘问题。在出现便秘或其他消化不适症状时,应及时咨询专业医生,以获取准确的诊断和进一步的治疗建议。
- ☞ 哪些菌群与便秘相关? 这些菌群是如何影响便秘的?
- 与腹胀相关的菌群包括但不限于史氏甲烷烷菌,拟杆菌属和梭菌属等。
- ② 饮食如何影响便秘相关菌?
- 与腹胀相关的菌群包括但不限于史氏甲烷烷菌,拟杆菌属和梭菌属等。

关键菌群及其作用

- 双歧杆菌 (Bifidobacterium): 促进肠道蠕动,产生短链脂肪酸
- 乳酸菌 (Lactobacillus): 改善肠道环境,维持正常蠕动功能
- 产丁酸菌: 提供能量, 维护肠道屏障功能
- 拟杆菌 (Bacteroides):参与纤维素降解,促进排便

菌群失衡表现

- 有益菌减少: 肠道蠕动减弱, 水分吸收增加
- 产气菌增多:导致腹胀,影响正常排便
- 致病菌增加: 影响肠道神经系统功能

菌种名称	正常范围%	检测丰度	检测结果	超过% 的人	失眠相关性	相关性强度
史氏甲烷短杆菌 Methanobreviba	0-3.3301 cter smithii	ND	正常	99%	正相关	***
产生甲烷,而甲烷	完能够延迟肠道的传输时间	,从而导致便秘。				
粪球菌属 Coprococcus	0.082336-9.4195178	0.05595 I	偏低	64%	正相关	***
(1) Coprococcus 的	丰度过高或过低都可能与功]能性便秘有关。				
埃希氏菌属 Escherichia	0–3.83	0.14296	正常	6%	正相关	***
1 过度生长会导致位	色氨酸转化为吲哚,从而增加	加脂肪组织产生的吲	哚含量,与慢性	更秘患者尿液成分的	改变有关。	
毛螺菌属 Lachnospira	0.0346628-8.6596222	5.02851	正常	70%	正相关	***
• 一些菌株能够产生	生乳乳酸和醋酸,这些物质	通过抑制炎症分泌导致	 致便秘。			
厌氧棒状菌属 Anaerotruncs 便秘患者的肠道 [©] 便便功能。	0-0.13747 中 Anaerotruncs 的数量明	0.08642 显增加,可以产生一	正常 些酸和气体等代i	55% 射产物,可能会刺激	正相关	☆☆ 影响肠道蠕动和排
葡萄球菌属 Staphylococcus	0-0.05	0.51158	超标	-%	正相关	**
	杂性肠易激综合征(PI-IBS) 充、大蒜、绿茶、双歧杆菌		一,与肠道梗阻和	和肠穿孔疾病有关。		
链球菌属 Streptococcus	0-0.3495704	0.31690	正常	13%	正相关	**
i 在 IBS 患者中富	集,与便秘的发生和发展有	关。				
脆弱拟杆菌 Bacteroides frag	gilis 0-0.05	0.00145	正常	8%	正相关	**
功能性便秘的儿童	童和老年患者中,含量增加。					
卵形拟杆菌 Bacteroides ova	0-3.0624	ND	正常	25%	正相关	**
1 在老年便秘患者和	和儿童功能性便秘患者中,	相对丰度增加。				
下水道菌属 Cloacibacillus	0-0	0.00028	超标	99%	正相关	*
	E便秘患者的肠道中更为丰富 样,增加益生菌摄入。	富,过度生长时,可能	长会导致肠道菌 群	羊失衡,从而引起便	秘。	
梭菌属 Clostridium	0-4.4645924	1.90370	正常	67%	正相关	*

菌种名称	正常范围%	检测丰度	检测结果	超过% 的人	失眠相关性	相关性强度
双歧杆菌属 Bifidobacteriun 可以与其他菌科 症的发生。	1.7545796-35.500554 n 合作转放短链脂肪酸和气体,	0.03296 【 促进肠道蠕动缓解	偏低 便秘症状。可以均	24% 曾加乳酸菌的丰度,	负相关 从而缓解便秘。但	東京東 也可能会促进胆脂
乳杆菌属 Lactobacillus	0-0.4302374	0.00660	正常	8%	负相关	***
在便秘患者中含	量降低,补充后可改善便秘症	状。				
阿克曼氏菌属 Akkermansia	0-5.7984096	0.00460	正常	44%	负相关	**
调节肠道黏膜屏	障的功能,促进肠道蠕动和水	分吸收,减少肠道线	炎症反应,从而改	女善便秘症状。		
经黏液真杆菌属 Blautia 在便秘患者中明 改善便秘。 建议:高脂汁酸	0.0846204-6.9055608 显降低。通过摄入亚麻籽等食 、红酒、啤酒。	10.17279 物,可以增加 Blau	超标 utia 的数量,从ī	75% 而改善便秘症状。能	负相关 经够产生丁酸可以促	进肠道蠕动,从而
普雷沃氏菌属 Prevotella	0-67.8009886	0.04290	正常	50%	负相关	**
可以分解纤维素	和其他难以消化的食物成分,	产生大量的短链脂肪	防酸,刺激肠道虫	需动,促进排便。		
梭菌属 Clostridium 便秘患者的肠道 险。	0-4.4645924 中 Lachnospira 和 Clostridio	1.90370 um 的水平明显升高	正常 引。而 Clostridiu	67% m difficile 则被证	负相关 明增加了后感染性服	★
瘤胃球菌属 Ruminococcus	0.0543588-19.7985354	9.84521	正常	44%	负相关	*

腹胀相关菌

腹胀症状与肠道菌群的发酵过程和气体产生密切相关。菌群结构失衡可导致过度发酵和气体积聚。

▲ 特别注意: 在本报告中,与腹胀相关的某些肠道菌群可能会出现超标。然而,值得注意的是,细菌的超标并不一定会 致使个体出现腹胀的症状。这是因为腹胀的发生通常涉及多种因素,包括个体的生理状态、饮食习惯、压力水平和整体 的肠道健康状况。为了更好地规避潜在的风险,您应结合一下的菌群情况和您自身的病史,饮食习惯和生活作息等来总 体评估腹胀问题。在出现腹胀或其他消化不适症状时,应咨询专业医生,以获得准确的诊断和治疗建议。

☞ 哪些菌群与腹胀相关?

● 与腹胀相关的菌群包括但不限于史氏甲烷烷菌,拟杆菌属和梭菌属等。

② 这些菌群是如何影响腹胀的?

- 这些菌群通过发酵未消化的食物产生气体,增加肠道内气体的积聚,从而导致腹胀。
 - 梭菌属 (Clostridium): 过度增殖会产生大量气体。
 - 肠杆菌科: 发酵产气, 影响肠道舒适度。
 - 史氏甲烷短杆菌: 甲烷产生增加, 加重腹胀。
 - 乳酸菌: 帮助维持菌群平衡, 减少异常发酵。

② 饮食如何影响腹胀相关菌群?

🧠 高纤维、高糖或高脂肪饮食可能促进某些菌群的生长,增加气体产生,进而加重腹胀。

如何阅读以下的腹胀相关菌的检测表格?

- 以下是表格各列的解释
 - 菌种名称: 腹胀相关的肠道菌群的中文学术名和拉丁名。
 - 正常范围: 该菌种在健康人群中的丰度范围。
 - 检测丰度: 实际检测到的该菌种的数量, 其中 ND 代表该菌属的丰度过低未检测到。
 - 结果评价: 根据检测丰度与正常范围的比较,给出的健康状态评估。
 - 超过%的人:表示您肠道检测的该菌属的丰度值比人群中%的人要高。(-%代表该菌属的丰度超标过高)
 - **腹胀相关性**: 该菌种和腹胀的相关性,正相关指的是该菌种的丰度增加可能会加剧腹胀表现,负相关指的是该菌种丰都的降低可能会加剧腹胀的表现。
 - 相关性强度:该菌种和腹胀相关性的证据支持强度。相关性强度以 到 依次递增来评定。
 - ★:来自单篇论文或人群数据差异统计。
 - ★★: 大规模人群样本统计和至少单篇论文。
 - ★★★: 大量研究论文证实。

建议在异常丰度的菌群中重点关注那些与腹胀正相关的超标菌群,因为他们的增加超标可能会引发腹胀或者导致现有的腹胀症状更为严重。

菌种名称	正常范围%	检测丰度	检测结果	超过% 的人	失眠相关性	相关性强度
史氏甲烷短杆菌 M. smithii	0-0.3301	ND	正常	99%	负相关	*
1 主要参与肠道内	甲烷的产生。					
拟杆菌属 Bacteroides	1.0577624-47.3225368	0.08974 I	偏低	29%	正相关	**
参与碳水化合物	代谢,维持肠道稳态,可能影	响睡眠。				
梭菌属 Clostridium	0-4.4645924	1.90370	正常	67%	正相关	**
€ 参与肠道健康和	免疫调节。					
瘤胃球菌属 Ruminococcus	0.05438–19.7985354	9.84521	正常	44%	正相关	*
与肠道代谢相关	0					
变形菌属 Proteobacteria	0–1.742	3.89401	正常	20%	正相关	*
与肠道微生物失	衡相关。					
艰难梭菌 Clostridium diff	0-0.05	0.08647	超标	94%	正相关	**
可能导致肠道感● 建议减少糖和油						
肠球菌属 Enterococcus	0-0.05	0.12259	正常	52%	正相关	*
与肠道健康密切	相关。					
普雷沃氏菌属 Prevotella	0-67.8009886	0.04290	正常	50%	正相关	*
与碳水化合物代	谢相关。					
链球菌属 Streptococcus	0-0.3495704	0.31690	正常	13%	正相关	*
可能影响免疫功	能。					
蓝藻门 Cyanobacteria	0-0	0.02100	正常	99%	负相关	*
与肠道微生物失	衡相关。					
产气荚膜梭菌 Clostridium per	0-0.05 fringens	0.00419	正常	-9%	负相关	*
可能导致食物中	毒。					

菌种名称	正常范围%	检测丰度	检测结果	超过% 的人	失眠相关性	相关性强度
乳杆菌属 Lactobacillus 在儿童肠易激综 腹痛。	0-0.4302374 合征患者中具有显著的减轻腹	0.00660 	正常 便秘的作用,与科	8% 高纤维饮食结合可有	负相关 效减少结肠慢室病	★★★ 患者的腹胀和长期
毛螺旋菌科 Lachnospiracea	1.8245–46.849 e	26.47123	正常	27%	负相关	***
減少与腹胀有关	,可将复杂的植物多糖发酵成	乙酸、丁酸和丙酸等	等短链脂肪酸。			
双歧杆菌属 Bifidobacterium	1.7545796–35.500554	0.03296	偏低	24%	负相关	**
与腹胀和腹痛等	症状的减轻有关。口服 VSL3	等益生菌可以增加	有益菌的数量,	从而改善便秘、腹泻	等症状,并减轻腹	胀的程度。

过敏相关菌

❶ 肠道菌群通过调节免疫系统功能,影响过敏反应的发生和发展。菌群多样性的降低与过敏风险增加相关。

免疫调节机制

• 克氏菌 (Klebsiella): 过度生长可能触发免疫反应

• 双歧杆菌:调节 T 细胞功能,抑制过敏反应

• 厚壁菌门:参与免疫耐受的建立

• 阿克曼氏菌: 维护肠道屏障, 减少过敏原进入

预防策略

维持菌群多样性:减少过敏风险增加益生菌摄入:强化免疫调节避免抗生素滥用:保护有益菌群

☞ 哪些菌群与过敏相关?这些菌群是如何影响过敏的?

● 与腹胀相关的菌群包括但不限于史氏甲烷烷菌,拟杆菌属和梭菌属等。

② 饮食如何影响过敏相关菌?

🧠 与腹胀相关的菌群包括但不限于史氏甲烷烷菌,拟杆菌属和梭菌属等。

菌种名称	正常范围%	检测丰度	检测结果	超过% 的人	失眠相关性	相关性强度
脆弱拟杆菌 Bacteroides fragi	0-0.05	0.00145	正常	8%	正相关	***
1 花粉过敏成年人丰	度上升,可以通过补充双口	歧杆菌来预防,会诱-	导更多的 Th2 组	1胞因子,与花生和	坚果过敏存在相关。	
构橘酸杆菌属 Citrobacter	0-0.5	0.07731	正常	-%	正相关	**
€ Citrobacter 在食物	物过敏的肠道中明显富集,	会加重系统性过敏症	定状并减少肠道 -	Γh17 细胞。		
克雷伯氏菌属 Klebsiella	0-0.05	0.09652	超标	-%	正相关	**
	致肠道微生物群落失衡, , , , , , , , , , , , , , , , , , ,		过敏婴儿肠道中	Klebsiella 的数量明	月显增加,有益菌数	量减少。
莫拉氏菌属 Moraxella	0-0	0.00228	超标	99%	正相关	**
⑤ 与哮喘等过敏性疾◎ 建议: 低聚甘露糖	病有关联。儿童早期感染 、大蒜	Moraxella 会增加呼	吸道疾病的严重	程度和发生急性哮喘	尚的风险。	
变形菌门 Proteobacteria	0–1.742	3.89408	超标	20%	正相关	**
	糖内毒素,增加肠道通透牛磺酸、生酮饮食、聚甘		应。提入低聚果料	唐可调节肠道微生 物	」,改善过敏反应。	
肠杆菌科 Enterobacteriace	0–5.7271 ae	0.55581	正常	7%	正相关	**
■ 早期婴儿肠道微生 有关。	物群落中,丰度的增加与	食物敏感性的发展有	关联。可以产生	脂多糖(LPS),刺剂	激 HPA 轴并与多科	代谢性疾病的炎症
活波瘤胃球菌 Ruminococcus gr		0.22486	超标	20%	正相关	
1) 力。	喘、呼吸道过敏等疾病的 菌补充、白藜芦醇、母乳			加剧,从而引发过每	双 症状。降低肠迫内	计维素降解酶 的潛
气单胞菌属 Aeromonas	0-0.05	0.00200	正常	-%	正相关	*
1 感染会引起过敏反	应,如 Kounis 综合征,	同时过敏患者对某些	抗生素也可能存在	车过敏反应, 因此需	要注意过敏史。	
经黏 液真杆菌属 Blautia	0.0846204-6.9055608	10.17279	超标	75%	正相关	*
高丰度可能会导致建议:高脂汁酸,	过敏疾病的发展,如婴儿 红酒,啤酒	的食物过敏和儿童的	1型糖尿病。			
肠球菌属 Enterococcus	0-0.05	0.12259	超标	52%	正相关	*

菌种名称	正常范围%	检测丰度	检测结果	超过% 的人	失眠相关性	相关性强度
粪杆菌属 Faecalibacteri	1.9350868–17.7942438 um	28.86665	超标	99%	正相关	*
	的短链脂肪酸和其他代谢物,减少 外充、亚麻籽、壳聚糖、柿子糖		\和吸收,减少这	过度的免疫和炎症反	应,降低过敏的严重	重程度和持续时间。
丙酸杆菌属 Propionibacte	rium 0–0	ND	正常	99%	正相关	*
1 能够产生丙酸和	和细菌素,可以抑制 S. aureus	或其他病原菌的增	殖,被认为具有	抗过敏的作用,包括	舌对哮喘和 AD 的保	护作用。
罗氏菌属 Roseburia 可产生丁酸的語	0.5829956-16.3580638 益生菌,食物过敏患者的肠道中	6.33667 Roseburia 的丰度	正 常 一较低,通过摄食	10%	正相关 ,可以增加 Rosebu	★ uria 的丰度,促进
过敏的缓解。 链状双歧杆菌	m cater 0.⊬0.50838	ND	正常	99%	正相关	*
	能会促进过敏炎症所特有的 Th2	偏向免疫反应。				
铜绿假单胞菌 Pseudomonas	0-0.05 aeruginosa	0.04152	正常	-%	正相关	*
感染也可能会。	引起过敏反应,感染可能会导致	过敏性支气管曲霉物	病(ABPA)的发	生,增加宿主患上;	过敏性疾病的风险。	
双歧杆菌属 Bifidobacteriu	1.7545796–35.500554 m	0.03296 I	偏低	24%	负相关	***
可以调节肠道	免疫系统,减少过敏反应。Bifid	obacterium 可以改	女善过敏症状, 如	1哮喘和湿疹,可以	进一步提高其对过每	敢的保护作用。
乳杆菌属 Lactobacillus	0-0.4302374	0.00660	正常	8%	负相关	***
可以减轻食物;	过敏和湿疹等过敏症状,可以通	过降低食物中过敏。	原的含量来减轻过	过敏症状。		
粪杆菌属 Faecalibacteri	1.9350868–17.7942438 um	28.86665	超标	99%	负相关	***
	连脂肪酸,如丙酸、丁酸和乙酸 叶充、亚麻籽、壳聚糖、柿子糖		和免疫系统的正常	常功能,促进免疫系	统的平衡,减少过	敏症状的发生。
艾克曼氏菌 Akkermansia r	0-6.6395 muciniphila	0.00394	正常	45%	负相关	***
调节肠道微生物	勿群和短链脂肪酸预防过敏,阻	断免疫细胞的流入,	减轻病理,降(氐了炎症水平。		
阿克曼氏菌属 Akkermansia	0–5.7984096	0.00460	正常	44%	负相关	**
減少多种炎症材	示志物,修复肠道,富含多糖的	蔓越莓提取物和其何	也富含类黄酮的1	食物,包括绿茶和红	茶可增高 Akk 水平	2.
拟杆菌属 Bacteroides	1.0577624-47.3225368	0.08974 I	偏低	2%	负相关	**
	儿期,丰度降低与食物过敏或特	产州市水市44 44	Y. 计夕址 片计符	新结甲右关 包括喀	神	<i>十七十年</i>

菌种名称	正常范围%	检测丰度	检测结果	超过% 的人	失眠相关性	相关性强度
<mark>经黏液真杆菌属</mark> Blautia	0.0846204-6.9055608	10.17279	超标	75%	负相关	**
高丰度可能会导建议:高脂汁酸	致过敏疾病的发展,如婴儿的 、红酒、啤酒	食物过敏和儿童的	1型糖尿病。			
Dorea 菌属 Dorea	0.05807-5.2120164	0.43735	正常	20%	负相关	**
1 Dorea 与食物过	敏和免疫有关,有助于保护免	疫系统免受食物敏	感和食物过敏的	影响。		
普雷沃氏菌属 Prevotella	0-67.8009886	0.04290	正常	50%	负相关	**
• 孕期母亲肠道微	生物中 Prevotella 的丰度增加	可以预防食物过敏	(, 在食物过敏患	者中,Prevotella 的	的丰度较低。	
	0.5829956-16.3580638 生菌,食物过敏患者的肠道中	6.33667 Roseburia 的丰度	正常 E较低,通过膳食	10% 干预或益生菌治疗,	负相关 可以增加 Rosebu	★★ uria 的丰度,促进
过敏的缓解。						
Bifidobacterium	adole:0:44.286	ND	正常	99%	负相关	**
过敏儿童的肠道	中数量较少,缺乏可能导致免疫	变系统的失调, 使·	食物过敏原更容易	易穿过肠道屏障,导	致食物过敏性的增	加。
Lachnoclostridi	0-0.2086068	0.17516	正常	8%	负相关	*
1 Lachnoclostridi	um 可产生短链脂肪酸,减少1	食物过敏的发生。				
普通拟杆菌 Bacteroides vul	gatus 0-20.066	ND	正常	4%	负相关	*
♠ 食物过敏片 Bac	teroides vulgatus 相对丰度呈	是负相关。				

抑郁相关菌

⑤ 肠道菌群通过复杂的肠−脑轴机制深度参与抑郁症发病过程,构建了神经−内分泌−免疫的多维调控网络。菌群通过代谢产物、神经递质和免疫调节,显著影响大脑功能和情绪稳态。

▲ 特别注意:

- 在本报告中,与抑郁症相关的某些肠道菌群可能会出现异常水平。然而,值得注意的是,这些菌群的丰度水平的异常并不一定会导致个体出现抑郁症的症状。这是因为抑郁症的发生通常涉及多种复杂因素,包括个体的神经生理状态、压力水平、遗传因素、饮食习惯、睡眠质量以及整体的心理和身体健康状况。
- 为了更好地规避潜在的心理健康风险,您应结合以下菌群情况以及自身的心理状态、生活习惯和病史等因素来综合评估抑郁风险。在出现情绪低落、持续疲劳或其他心理困扰时,应及时咨询专业心理医生或精神科医生,以获取准确的评估和进一步的治疗建议。

② 肠道菌群是如何影响抑郁的?

- № 肠道菌群通过肠–脑轴(Gut–Brain Axis)的双向交流系统影响大脑,这一过程涉及神经、免疫和代谢多个途径。以下是肠道菌群如何影响抑郁的主要机制:
 - 1. 影响神经递质的产生: 肠道菌群可以直接或间接调控关键的神经递质, 例如:
 - 血清素(Serotonin): 血清素的前体物质色氨酸主要由肠道细胞产生并受到菌群调控(如双歧杆菌和乳酸杆菌)。血清素是调节情绪、愉悦感的关键,对抗抑郁至关重要。
 - γ -氨基丁酸(GABA): 一些益生菌(如乳酸杆菌属)可以直接产生 GABA,这是一种具有镇静和抗焦虑作用的神经递质。
 - 多巴胺 (Dopamine): 肠道菌群通过代谢作用也可以间接控制多巴胺的生成,影响动机和奖励系统。
 - 2. 调节脑部炎症
 - 3. 通过短链脂肪酸 (SCFAs) 间接调控
 - 4. 调节下丘脑-垂体-肾上腺(HPA)轴
 - 5. 影响色氨酸代谢路径
 - 6. 调节肠道微生物多样性

② 饮食如何影响抑郁相关菌?

● 与腹胀相关的菌群包括但不限于史氏甲烷烷菌,拟杆菌属和梭菌属等。

菌种名称	正常范围%	检测丰度	检测结果	超过% 的人	抑郁相关性	相关性强度
脱硫弧菌属 Desulfovibrio	0-0.05	0.02325	正常	-%	正相关	***
脱硫弧菌通过其	代谢产物(如硫化氢)引发肠	道炎症、破坏肠-肺	函轴信号。文献支	持见 [Dsv1, Dsv2	, Dsv3]。	
别样杆菌属 Alistipes	0.080658–18.1198662	0.00099	缺乏	15%	正相关	**
重要的肠道共生	菌,参与碳水化合物代谢,维	持肠道稳态,可能	影响睡眠。			
拟杆菌属 Bacteroides	1.0577624-47.3225368	0.08974 I	缺乏	2%	正相关	**
€ 梭菌目是一类革	兰氏阳性厌氧菌,通过肠-脑转	油影响神经递质和炎	泛症因子分泌 ,其	失衡可直接导致睡	民质量下降和失眠症	 定状。
埃希氏菌属 Escherichia	0-3.83	0.14296	正常	6%	正相关	**
产生短链脂肪酸	5,参与胆固醇代谢,具有抗炎	作用,可能影响睡时	眠。			
解黄酮菌属 Flavonifractor	0-0.7285098	2.44087	超标	57%	正相关	**
	是肠道关键菌种,通过神经递					果。
震颤杆菌属 Oscillibacter	0–3.1958	0.17179	正常	78%	正相关	**
 具有益生功能, 	可产生多种酶类和抗菌物质,	增强免疫力,可能	影响睡眠。			
副拟杆菌属 Parabacteroide	0.1095448-8.7303488	0.00675	超标	9%	正相关	**
	健康密切相关,参与多糖代谢 的绿色蔬菜和水果,如菊苣、		选择发酵食品如酶	 変奶和泡菜,并适度	减少精制碳水化合物	物的摄入。
放线菌属 Actinomyces	0-0.053911	0.01470	正常	52%	正相关	*
重要的益生菌,	产生丁酸,具有抗炎作用,维	持肠道健康,可能-	与睡眠质量相关。			
厌氧棒状菌属 Anaerostipes	0.093342-9.5549	0.39135	正常	78%	正相关	*
1 代谢碳水化合物	」,产生短链脂肪酸,与多种肠	道疾病相关,可能	影响睡眠。			
经黏液真杆菌属 Blautia	0.0846204-6.9055608	10.17279	超标	75%	正相关	*
 龙包茨氏菌属是 ②	:一类重要的革兰氏阴性厌氧菌	,其失衡可能与炎	症反应、免疫调 ⁵	节和代谢紊乱密 切相	关。	
梭菌属 Clostridium	0-4.4645924	1.90370	正常	67%	正相关	*

菌种名称	正常范围%	检测丰度	检测结果	超过% 的人	抑郁相关性	相关性强度
爱格氏菌属 Eggerthella	0.0-0.04271	0.00343	正常	99%	正相关	*
1 抑制肠道炎症,产	产生短链脂肪酸(SCFAs)	消耗有关。				
嗜血杆菌属 Haemophilus	0.0-0.09788	0.07296	正常	-%	正相关	*
与肠道健康、认知	口相关。					
霍尔德曼氏菌属 Holdemania	0.0-0.28	0.10581	正常	98%	正相关	*
与肠道健康相关,	可能影响代谢。					
克雷伯氏菌属 Klebsiella	0.0-0.05	0.096521	超标	-%	正相关	*
⑤ 与肠道健康相关,貸	可能影响免疫。					
副萨特氏菌属 Paraprevotella	0.0-0.76066	ND	缺乏	76%	正相关	*
与肠道健康密切相	1关。					
副拟杆菌属 Parasutterella	0.0-0.8235	0.33869	缺乏	99%	正相关	*
1 与肠道健康密切相	1关。					
普雷沃氏菌属 Prevotella	0.0-67.800886	0.04290	正常	50%	正相关	*
与肠道健康相关,	可能影响心理健康。					
韦荣菌属 Veillonella	0.0-0.008568	0.383267	正常	7%	正相关	*
€ 与肠道健康相关,	可能影响睡眠。					
单形拟杆菌 B. uniformis	0.0–17.741	ND	缺乏	4%	负相关	*
与肠道健康密切相	美。					
普氏栖粪杆菌 F. prausnitzii	0.18043–14.003	26.23325	超标	99%	负相关	*
高脂肪饮食(如动)建议增加膳食纤维						

菌种名称	正常范围%	检测丰度	检测结果	超过% 的人	抑郁相关性	相关性强度
食葡糖罗斯拜瑞氏 R. inulinivorans	茂菌 0.0-2.7653	5.12041	超标	16%	负相关	***
● 促进肠道健康,可●	「能影响代谢。					
粪杆菌属 Faecalibacterium	1.9350868–17.7942438	28.86665	超标	99%	负相关	**
負有双相情感障碍貸	和重度抑郁症的患者肠道中	Faecalibacterium	水平较低。			
乳杆菌属 Lactobacillus	0.0-0.4302374	0.00660	正常	8%	负相关	**
1 通过上调海马体中	n的 GABA 来缓解抑郁症。					
罗氏菌属 Roseburia	0.5829956-16.3580638	6.33667	正常	10%	负相关	**
1 能帮助产生短链脂	肪酸和脑部-肠道信号。					
拟杆菌属 Bacteroides	1.0577624–47.3225368	0.08974 I	缺乏	2%	负相关	*
产生益生元和短額	脂肪酸,减轻抑郁和焦虑症	状。				
优杆菌属 Eubacterium	0.1145944-9.488306	5.75186	正常	95%	负相关	*
与降低血清清蛋白	7有关。					
普雷沃氏菌属 Prevotella	0.0-67.800896	0.04290	正常	50%	负相关	*
Prevotella 与多种	中神经递质的产生有关,如 γ	- 氨基丁酸(GABA) 和色氨酸等。			

♣ 所有指标的评估值都在参考范围之内:

- 蛋白发酵(3,参考范围 0-70)处于较低水平,表明肠道菌群对蛋白质的分解能力较弱
- 消化效率偏高(99,参考范围25-100): 这个指标反映了肠道对各类营养物质的消化吸收能力,包括碳水化合物、脂肪和蛋白质的处理效率。当前数值接近参考范围上限,表明消化系统的吸收功能非常活跃。
- 肠道产气(47,参考范围0-70)处于中等水平,显示肠道微生态平衡状态尚可
- 肠道屏障(28,参考范围 25-100)虽然在正常范围内,但处于较低水平,建议关注肠道屏障功能
- 肠道炎症(18,参考范围 0-75)处于较低水平,说明肠道炎症反应程度轻微

总体来看,您的消化吸收功能较强,肠道炎症水平较低,但需要关注蛋白发酵偏低和肠道屏障功能偏低的情况。建议在 保持良好饮食习惯的同时,可以考虑适当补充有益菌,增强肠道菌群活性和屏障功能。 1. Exposure to concentrated ambient PM2.5 alters the composition of gut microbiota in a murine model.

Wang, W. et al. | Part Fibre Toxicol 15, 17 | (2018)

1.Faecalibacterium

- 1. The gut microbiome and depression: a systematic review.
- Dinan, T. G. et al. | Psychosom Med 80, 1–10 | (2018)
 - 2. Faecalibacterium prausnitzii: a key player in gut health and disease.
- Miquel, S. et al. | Front Microbiol 7, 1–10 | (2016)

2.Lactobacillus

- 3. Probiotics and prebiotics in mental health: a systematic review.
- Sarris, J. et al. | Nutritional Neuroscience 20, 1–10 | (2017)
 - 4. Lactobacillus and its role in the gut-brain axis: a review.
- Messaoudi, M. et al. | Psychopharmacology 233, 1–10 | (2016)

3.Roseburia

- 5. Gut microbiota and depression: a review of the literature.
- Miller, A. H. et al. | Biol Psychiatry 80, 1-10 | (2016)
 - 6. The role of gut microbiota in the development of depression: a review.
- Zheng, P. et al. | Frontiers in Psychiatry 10, 1–10 | (2019)

4.Bacteroides

- 7. Gut microbiota's effect on mental health: a systematic review.
- Sampson, T. R. et al. | Nature Microbiol 3, 1–10 | (2016)
 - 8. Bacteroides and their role in gut health and disease.
- Kau, A. L. et al. | Nature Reviews Microbiology 10, 1-10 | (2012)

5.Eubacterium

- 9. The gut microbiome and its role in mental health.
- Dinan, T. G. et al. | Nature Reviews Gastroenterology | Hepatology 15, 1-10 | (2018)
 - 10. Eubacterium and its implications in gut health.
- Rios-Covian, D. et al. | Frontiers in Microbiology 7, 1-10 | (2016)

6.Prevotella

- 11. Microbiome and depression: a review of the evidence.
- Rao, Y. et al. | Neurosci Biobehav Rev 104, 1-10 | (2019)
 - 12. Prevotella and its role in gut-brain interactions.
- Zhang, X. et al. | Frontiers in Microbiology 8, 1–10 | (2017)

失眠相关菌

① 肠道菌群在调节睡眠-觉醒周期中发挥着重要作用,这主要是通过影响褪黑激素和多种神经递质的合成来实现的。研究表明,肠道微生物群的失衡与睡眠质量的下降存在显著相关性,具体表现为入睡困难、夜间觉醒频繁及整体睡眠时间的减少。

调节通路

- **产色氨酸菌**: 这些细菌能够通过色氨酸的代谢途径促进褪黑激素的合成,后者是调节昼夜节律的关键激素。色氨酸的供给和转化率直接影响褪黑激素的分泌,从而影响睡眠质量。
- **双歧杆菌**:研究表明,双歧杆菌在调节神经递质 γ-氨基丁酸 (GABA)的水平方面发挥重要作用。GABA 是一种抑制性神经递质,对于平衡神经活动、促进放松和入睡至关重要,双歧杆菌的充足有助于提升整体睡眠质量。
- **乳酸菌**: 乳酸菌通过改善肠道环境来促进修复作用,减少炎症反应,从而降低夜间觉醒的次数。其代谢产物还能调节肠-脑轴,影响睡眠的深度和持续性。
- **肠杆菌科**: 肠杆菌科细菌的过度生长与肠道菌群失衡有关,研究显示其可能会干扰生物钟,通过调节褪黑激素和其他生物节律相关物质的产生,进而影响昼夜节律.

改善策略

- 调节作息:确保规律的作息时间,促进肠道菌群的昼夜节律,与身体生物钟保持一致,从而优化细菌群落结构及其功能。
- **饮食调整**: 减少刺激性食物(如咖啡因、辛辣食物和高糖食品)的摄入,同时增加富含纤维的食物(如全谷物、水果和蔬菜)以支持有益菌群的生长。
- **益生菌补充**:定期摄入含有多种益生菌的补充剂或发酵食品,有助于恢复和维持肠道微生物的平衡,进而改善睡眠质量。
- **压力管理**:通过冥想、瑜伽或适度的运动等方法管理压力,减少其对肠道菌群的负面影响,从而有助于改善睡眠质量和整体心理健康。

? 报告中的"正常范围"是什么意思?

■ 正常范围是指在健康人群中,特定细菌的常见比例。您的检测结果与这个范围的比较可以帮助我们判断您的肠道菌群是否处于健康状态。

? 报告中的"相关性"是什么意思

● 相关性指的是特定细菌与睡眠质量之间的关系。负相关表示该细菌的增加可能会缓解失眠等睡眠问题(获得更好的睡眠质量),而正相关则表示该细菌的丰度的增加可能会增加失眠等睡眠问题。

菌种名称	正常范围%	检测丰度	检测结果	超过% 的人	失眠相关性	相关性强度
阿克曼氏菌属 Akkermansia	0-5.7984096	0.00460	正常	44%	负相关	**
参与肠道代谢,改	善肠道健康,可能与睡眠质	量相关。				
拟杆菌属 Bacteroides	1.0578–47.3225	0.08974 I	偏低	2%	正相关	***
1 重要的肠道共生菌	,参与碳水化合物代谢,维	持肠道稳态,可能!	影响睡眠。			
梭菌目 Clostridiales	6.2649–69.865	87.70725	超标	90%	正相关	***
	氏阳性厌氧菌,通过肠-脑转 多吃富含膳食纤维的绿色蔬					
长双歧杆菌 B. longum	0-6.854	0.01861	正常	99%	负相关	**
 产生短链脂肪酸, 	参与胆固醇代谢,具有抗炎	作用,可能影响睡时	民。			
经黏液真杆菌属 Blautia	0.0846204–6.9055608	10.17279	超标	75%	正相关	**
_	肠道关键菌种,通过神经递 大蒜、香蕉等益生元食物,					果。
梭菌属 Clostridium	0-4.4645924	1.90370	正常	67%	正相关	**
1 具有益生功能,可	产生多种酶类和抗菌物质,	增强免疫力,可能	影响睡眠。			
粪杆菌属 Faecalibacterium	.9350868–17.7942438	28.86665	超标	99%	负相关	***
	康密切相关,参与多糖代谢 绿色蔬菜和水果,如菊苣、		选择发酵食品如酮	酸奶和泡菜,并适度	减少精制碳水化合金	物的摄入。
Lachnoclostridiun	0-0.2086068	0.17516	正常	8%	负相关	**
1 重要的益生菌,产	生丁酸,具有抗炎作用,维	持肠道健康,可能	与睡眠质量相关。			
普雷沃氏菌属 Prevotella	0-67.8009886	0.04290 I	正常	50%	正相关	*
代谢碳水化合物,	产生短链脂肪酸,与多种肠	道疾病相关,可能	影响睡眠。			
龙包茨氏菌属 Romboutsia	0-0.021404	0.01546	正常	73%	正相关	*
龙包茨氏菌属是一	类重要的革兰氏阴性厌氧菌	,其失衡可能与炎烈	定反应、免疫调 ⁻	节和代谢紊乱密切相	洋 。	
链球菌属 Streptococcus	0-0.3495704	0.31690	正常	13%	正相关	**
-						

- ♣ 肠道菌群通过影响褪黑激素和神经递质的产生,参与睡眠-觉醒周期的调节。菌群失衡可能导致睡眠质量下降。
- 1. Exposure to concentrated ambient PM2.5 alters the composition of gut microbiota in a murine model.

Wang, W. et al. | Part Fibre Toxicol 15, 17 | (2018)

个性化食物推荐

1 我们为您提供了 200 多种常见食物的个性化推荐指数,评分范围从-100 到 100,并附有每种食物的详细营养成分构成(基于每 100g 计算)。

推荐原理

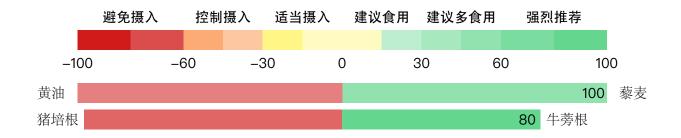
- 基于您的肠道菌群构成、营养状况和疾病风险进行综合评估
- 计算每种食物的营养构成与您当前营养状况的匹配程度
- 考虑特定疾病需要避免的食物
- 正分值表示建议增加摄入, 负分值表示建议减少摄入
- 对于营养缺乏的成分,含该营养较高的食物会获得更高的推荐分值

使用说明

- 本推荐适用于成年人,不适合 2 岁以下婴幼儿
- 母乳喂养期间,可作为母亲的膳食参考
- 建议 2 个月后重新检测更新建议,以适应健康状况变化

数据来源

- 基于大规模人群营养饮食调查
- 参考 2017 中国居民膳食指南
- 采用机器学习和统计方法计算
- 营养成分数据来自 USDA 食品成分数据库



谷物类主食

6 谷物类主食

食物名称	推荐指数	能量 (KJ)	蛋白 (g)	脂肪 (g)	碳水化合物 (g)	淀粉 (g)	膳食纤维 (g)	胆固醇 (mg)
玉米粒	72	298	1	0	14	14	0	0
燕麦	71	297	2	1	12	0	0	1
大麦	68	1481	12	2	73	0	0	17
小麦	58	1423	10	1	75	0	0	12
玉米饼	44	912	5	2	44	0	0	6
小米	41	1582	11	4	72	0	0	8
意大利面	30	386	1	3	13	0	0	2
芽麦粉	26	1402	12	3	70	0	0	10
黑麦面包	21	1188	9	3	53	0	0	6
鸡蛋面包	2	1201	9	6	47	0	0	2
葡萄干浆 即食谷物	0	1354	7	1	78	0	0	13
米饭	–1 I	1527	7	0	79	0	0	1
面条	−7	1609	14	4	71	0	0	3
小麦面包	-12	1116	10	3	48	36	0	4

乳制品

● 以下是 6 种乳制品的推荐指数,分别按推荐指数从高到低递减排列(从强烈推荐到避免食用)

食物名称	推荐指数	能量 (KJ)	蛋白 (g)	脂肪 (g)	碳水化合物 (g)	淀粉 (g)	膳食纤维 (g)	胆固醇 (mg)
脱脂牛奶	42	142	3	0	4	0	0	2
牛奶	25	268	3	3	4	0	0	14
冰淇淋	1	690	1	3	32	0	0	8
奶油	-1 I	515	3	10	4	0	0	35
奶酪	-40	1552	23	29	2	0	0	94
黄油	-100	2999	0	81	0	0	215	5.5

干果

€ 干果

食物名称	推荐指数	能量 (KJ)	蛋白 (g)	脂肪 (g)	碳水化合物 (g)	淀粉 (g)	膳食纤维 (g)	胆固醇 (mg)
莲子	77	372	4	0	17	0	0	0
栗子	53	1519	6	1	79	0	0	0
榛子	37	2629	14	60	16	0	9	0
芝麻酱	8	2454	18	50	24	0	5	0
橡子	8	1619	6	23	40	0	0	0
葵花子	3	2445	20	51	20	0	8	0
椰肉	0	1481	33	15	0	0	9	0
杏仁	–1	2423	21	49	21	0	12	0
银杏坚果	-2 !	1456	10	2	72	0	0	0
山核桃干	-9	2749	12	64	18	0	6	0
腰果	-12	2402	15	46	32	0	3	0
核桃	-27	2738	15	65	13	0	6	0
开心果	-27	2392	21	45	28	1	10	0
山核桃	-31	2889	9	71	13	0	9	0
松子	-59	2816	13	68	13	1	3	0

快餐

🛈 快餐

食物名称	推荐指数	能量 (KJ)	蛋白 (g)	脂肪 (g)	碳水化合物 (g)	淀粉 (g)	膳食纤维 (g)	胆固醇 (mg)
比萨	-27	1121	10	12	29	18	2	14
热狗	-53	1167	9	3	50	36	1	0
鸡米花	-61	1469	17	21	18	1	1	40

水产品

① 水产品

食物名称	推荐指数	能量 (KJ)	蛋白 (g)	脂肪 (g)	碳水化合物 (g)	淀粉 (g)	膳食纤维 (g)	胆固醇 (mg)
三文鱼	23	594	19	6	0	0	0	55
凤尾鱼	20	548	20	4	0	0	0	60
墨鱼	23	516	16	0	0	0	0	112
大比目鱼	36	343	18	1	0	0	0	49
大西洋鳕鱼	35	322	15	0	0	0	0	114
小龙虾	16	360	14	2	0	0	0	24
扇贝	33	406	17	2	0	0	0	80
条纹鲈鱼	9	364	9	2	4	0	0	52
海鲈鱼	37	385	19	1	0	0	0	37
牡蛎	41	343	14	2	0	0	0	48
白鲑	9	360	14	0	3	1	0	30
石斑鱼	15	364	18	1	0	0	0	78
章鱼	32	602	23	4	0	0	0	38
虾	32	602	23	4	0	0	0	38
蛤蜊	-26	1105	24	17	4	0	0	588
蟹	26	381	15	1	3	0	0	233
贻贝	35	381	19	0	0	0	0	90
金枪鱼	19	439	17	0	6	0	0	85
鱼子酱	28	439	16	4	0	0	0	60
鱿鱼	26	531	17	5	0	0	0	66
鲈鱼	35	381	19	0	0	0	0	90

食物名称	推荐指数	能量 (KJ)	蛋白 (g)	脂肪 (g)	碳水化合物 (g)	淀粉 (g)	膳食纤维 (g)	胆固醇 (mg)
鲍鱼	0	661	17	9	0	0	0	60
鲟鱼	39	418	20	1	0	0	0	37
鲤鱼	16	294	12	1	0	0	0	45
鲭鱼	37	364	18	0	0	0	0	41
鲱鱼	9	770	18	11	0	0	0	126
鲶鱼	62	347	0	1	19	0	5	0
鲷鱼	17	611	23	5	0	0	0	55
鲽鱼	19	324	16	0	0	0	127	7.5
鳕鱼	0	661	17	9	0	0	0	60
鳗鱼	39	418	20	1	0	0	0	37
鳟鱼	16	294	12	1	0	0	0	45
沙丁鱼	37	364	18	0	0	0	0	41
黄尾	9	770	18	11	0	0	0	126
龙虾	62	347	0	1	19	0	5	0

水果

🛈 水果

食物名称	推荐指数	能量 (KJ)	蛋白 (g)	脂肪 (g)	碳水化合物 (g)	淀粉 (g)	膳食纤维 (g)	胆固醇 (mg)
李子	-12	192	0	0	11	0	1	0
杏	-48	201	0	0	11	0	2	0
	80							
桃	-76	128	1	0	6	0	2	0
梅	82	117	4	1	72	0	6	0
枇杷	-11	121	1	0	9	0	2	0
杏子		165	0	0	18	0	3	0
樱桃	88	239	0	0	9	0	1	0
梨	79	615	1	5	27	0	3	0
榴莲	14	1395	1	0	80	0	2	0
哈密瓜	-38	140	0	0	8	0	0	0
草莓	-49	76	0	0	10	0	2	0
橙	76	188	0	0	10	0	0	0
柚子	75	405	1	0	25	0	10	0
榴莲	41	185	0	0	12	0	0	0
油桃	-41	255	1	0	14	0	3	0
	37		·					
猕猴桃	34	255	1	0	14	0	3	0
葡萄	40	197	0	0	9	0	0	0
西瓜		146	0	0	10	0	0	0
石榴	89	346	1	1	18	0	4	0
红苹果	-2 	247	0	0	14	0	2	0
芒果	-70	250	0	0	14	0	1	0
苹果	-2 I	218	0	0	13	0	2	0
苹果汁	-64	191	0	0	11	0	0	0
草莓	47	136	0	0	7	0	2	0
猕猴桃	58	276	0	0	16	0	1	0
蓝莓	-50	67	0	0	13	0	1	0
黑莓	82						·	
黒毎	78	181	1	0	9	0	5	0

汤

€ 汤

食物名称	推荐指数	能量 (KJ)	蛋白 (g)	脂肪 (g)	碳水化合物 (g)	淀粉 (g)	膳食纤维 (g)	胆固醇 (mg)
番茄汤	38	165	0	0	9	0	0	0
土豆蔬菜汤	7	126	1	1	3	0	0	1
素食蔬菜汤	9	119	0	0	4	0	0	0

肉类

🚯 肉类

食物名称	推荐指数	能量 (KJ)	蛋白 (g)	脂肪 (g)	碳水化合物 (g)	淀粉 (g)	膳食纤维 (g)	胆固醇 (mg)
鹅肝	49	556	16	4	6	0	0	515
鸡肝	40	496	16	4	0	0	0	345
猪肝	35	690	26	4	3	0	0	355
牛蛙	33	305	16	0	0	0	0	50
牛肉瘦	32	488	23	2	0	0	0	55
猪瘦肉	24	562	21	4	0	0	0	64
鸡心	19	640	15	9	0	0	0	136
火鸡	10	790	28	7	0	0	0	109
瘦羊肉	9	862	28	9	0	0	0	92
牛肉汤	9	25	1	0	0	0	0	0
鹌鹑	6	803	19	12	0	0	0	76
鸡汤	<u>2</u>	26	0	0	0	0	0	2
火腿	-8	683	16	8	3	0	1	57
猪蹄	-13	889	23	12	0	0	0	88
烧鹅	-20	1276	25	21	0	0	0	91
鸡肉	-28	604	28	3	0	0	0	86
烤肉	-29	1512	20	30	0	0	0	105
烟熏火腿	-34	591	18	2	10	0	0	50
肉丸	-39	1196	14	22	8	2	2	66
猪头肉	-42	658	13	10	0	0	0	69
烤鸭	-45	1410	18	28	0	0	0	84
肥猪肉	-92	2449	10	60	0	0	0	81
猪培根	-92	1744	12	39	1	0	0	66
肥羊肉	-100	2782	6	70	0	0	0	90

蔬菜

🗓 蔬菜

食物名称	推荐指数	能量 (KJ)	蛋白 (g)	脂肪 (g)	碳水化合物 (g)	淀粉 (g)	膳食纤维 (g)	胆固醇 (mg)
南瓜	87	109	1	0	6	0	0	0
卷心菜	70	103	1	0	5	0	0	0
四季豆	86	131	1	0	6	0	0	0
土豆	81	322	2	0	17	15	0	0
土豆面粉	89	1493	6	0	83	0	0	0
大白菜	91	55	1	0	2	0	0	0
大蒜	85	623	6	0	33	0	0	0
大豆	80	614	12	6	11	0	0	0
小南瓜	0	69	1	0	3	0	0	0
小萝卜	93	76	0	0	4	0	0	0
山药	75	343	1	0	20	0	0	0
扁豆	77	1473	24	1	63	10	0	0
木薯	67	667	1	0	38	0	0	0
洋葱	49	166	1	0	9	0	0	1
炒蘑菇	69	110	3	0	4	0	0	1
炒香菇	64	162	3	0	7	0	0	3
牛蒡根	98	302	1	0	17	0	0	3
甘蓝	38	359	1	0	20	12	0	3
甜椒	84	84	0	0	4	0	0	1
甜玉米	45	360	3	1	18	5	2	0
甜菜	87	180	1	0	9	0	2	0

食物名称	推荐指数	能量 (KJ)	蛋白 (g)	脂肪 (g)	碳水化合物 (g)	淀粉 (g)	膳食纤维 (g)	胆固醇 (mg)
甜菜叶	90	92	2	0	4	0	3	0
生菜	100	75	0	0	3	0	1	0
生菜	78	62	1	0	2	0	1	0
番茄汁	10	72	0	0	3	0	0	0
白菜	72	48	1	0	1	0	1	0
白菜心	94	59	1	0	2	0	2	0
白萝卜	85	93	3	0	3	0	1	0
秋葵	88	138	1	0	7	0	3	0
竹笋	96	115	2	0	5	0	2	0
红心萝卜	92	132	1	0	7	0	3	0
红豆	65	121	4	0	4	0	0	0
绿豆	79	126	3	0	5	0	1	0
羽衣甘蓝	100	207	4	0	8	0	3	0
胡萝卜	22	173	0	0	9	1	2	1
芽头	85	469	1	0	26	0	4	0
芝麻	74	2397	17	49	23	0	11	0
芥末	100	114	2	0	4	0	3	0
芦笋	75	85	2	0	3	0	2	0
花椒	98	80	0	0	4	0	0	0
花椰菜	74	104	1	0	4	0	0	0
芹菜	83	67	0	0	2	0	0	0
苦瓜	100	126	5	0	3	0	0	0
茄子	77	104	0	0	5	0	0	0
苋菜叶	86	97	2	0	4	0	0	0

食物名称	推荐指数	能量 (KJ)	蛋白 (g)	脂肪 (g)	碳水化合物 (g)	淀粉 (g)	膳食纤维 (g)	胆固醇 (mg)
菊苣	100	71	0	0	4	0	0	0
菜豆	81	280	6	0	13	0	0	0
波菜	85	97	2	0	3	0	0	0
莴苣	95	143	4	0	5	0	0	0
莱	100	180	4	0	7	0	0	0
茄子	73	141	2	0	6	0	0	0
西兰花	98	141	2	0	6	0	0	0
西红柿	73	74	0	0	3	0	0	0
豆芽	85	510	13	6	9	0	1	0
豌豆	97	376	2	0	18	0	5	0

检出肠道菌群

检出细菌

① 肠道微生物以细菌为主要组成部分,在人体肠道中约有数千种不同的细菌物种,总数量高达数十万亿个。健康成年人肠道中的细菌主要由厚壁菌门(Firmicutes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、放线菌门(Actinobacteria)和变形菌门(Proteobacteria)等构成,其中厚壁菌门和拟杆菌门的数量占比最高,可达 90% 以上。

物种名称	丰度%	检测结果	正常范围
普氏粪类杆菌 Faecalibacterium prausnitzii	26.23325	超标 1.87 倍	0.18043–14.003
食糖端孢斯氏菌 Roseburia inulinivorans	5.12041	超标 1.84999 倍	0–2.7653
挑剔毛螺菌 Lachnospira eligens	4.98592	超标 1.10999 倍	0-4.489
uncultured Eubacterium sp. uncultured Eubacterium sp.	4.98092	正常	0–5.2054
uncultured Eubacteriales bacterium uncultured Eubacteriales bacterium	4.93946	正常	0–5.2541
珀氏黄素菌 Flavonifractor plautii	2.27540	超标 2.76999 倍	0-0.82177
直肠真杆菌 [Eubacterium] rectale	2.14287	正常	0–13.029
混迹潜胞利斯特菌 Dialister invisus	2.11822	超标 3.45999 倍	0-0.61156
Ruminococcus sp. AM28-13 Ruminococcus sp. AM28-13	1.67121	超标 20.89 倍	0-0.08
uncultured Ruminococcus sp. uncultured Ruminococcus sp.	1.57275	超标 19.65999 倍	0-0.08
Blautia sp. OM06-15AC Blautia sp. OM06-15AC	1.09259	超标 13.65999 倍	0-0.08
马赛阴杆菌 Negativibacillus massiliensis	0.91079	超标 11.39 倍	0-0.08
Subdoligranulum sp. APC924/74 Subdoligranulum sp. APC924/74	0.83406	正常	0–2.1055
Blautia sp. TF10-30 Blautia sp. TF10-30	0.81246	超标 10.15999 倍	0-0.08
Faecalibacterium sp. Marseille-P9312 Faecalibacterium sp. Marseille-P9312	0.69125	超标 8.64 倍	0-0.08

种名称 丰度%		检测结果	正常范围	
Blautia sp. AF32–4BH Blautia sp. AF32–4BH	0.67370	超标 8.42 倍	0-0.08	
沃氏嗜胆菌 Bilophila wadsworthia	0.67064	超标 3.93999 倍	0-0.1702	
Blautia sp. AM28-27 Blautia sp. AM28-27	0.66662	超标 8.32999 倍	0-0.08	
uncultured Dialister sp. uncultured Dialister sp.	0.61900	超标 7.73999 倍	0-0.08	
人罗斯伯氏菌 Roseburia hominis	0.60582	正常	0–1.3625	
Faecalibacterium sp. BIOML-A3 Faecalibacterium sp. BIOML-A3	0.58051	超标 7.26 倍	0-0.08	
Faecalibacterium sp. AM43-5AT Faecalibacterium sp. AM43-5AT	0.56939	超标 7.12 倍	0-0.08	
Clostridiaceae bacterium Clostridiaceae bacterium	0.56004	超标 7.0 倍	0-0.08	
细枝真杆菌 Eubacterium ramulus	0.55039	超标 1.04 倍	0-0.52999	
小梭形肠道梭状菌 Enterocloster clostridiiformis	0.53859	超标 6.73 倍	0-0.08	
Luxibacter massiliensis Luxibacter massiliensis	0.52793	超标 6.59999 倍	0-0.08	
金黄色葡萄球菌 Staphylococcus aureus	0.50389	超标 6.29999 倍	0-0.08	
乳酸发酵厌氧杆菌 Anaerotignum lactatifermentans	0.48855	超标 6.10999 倍	0-0.08	
Ruminococcus bicirculans Ruminococcus bicirculans	0.47817	正常	0-3.9413	
Ruminococcus sp. AM42-11 Ruminococcus sp. AM42-11	0.46941	超标 5.87 倍	0-0.08	
[Clostridium] leptum [Clostridium] leptum	0.41506	超标 2.26999 倍	0-0.18319	
[Ruminococcus] lactaris [Ruminococcus] lactaris	0.41433	正常	0–1.6609	
Ruminococcus sp. OM07-17 Ruminococcus sp. OM07-17	0.40664	超标 5.07999 倍	0-0.08	
Clostridiales bacterium CCNA10 Clostridiales bacterium CCNA10	0.40084	超标 5.01 倍	0-0.08	

检出真菌

① 在肠道菌群中,除主要的细菌外,还存在少量真核微生物(包括寄生虫等)。以下表格列出了在您肠道中丰度最高的 35 种肠道真菌,按检测丰度从高到低排序。

物种名称	丰度%	检测结果	正常范围
新美鞭菌 Neocallimatix californiae	0.01807	正常	0-0.05
Anaeromyces robustus Anaeromyces robustus	0.01413	正常	0-0.05
偏胃厌氧真菌 Caeconomyces churrovis	0.01267	正常	0-0.05
Orpinomyces sp. Orpinomyces sp.	0.01134	正常	0-0.05
粉红巨孢囊霉 Gigaspora rosea	0.00909	正常	0-0.05
异形根孢霉 Rhizophagus irregularis	0.00770	正常	0-0.05
根状毁蝇菌 Zoophthora radicans	0.00700	正常	0-0.05
大豆锈菌 Phakopsora pachyrhizi	0.00411	正常	0-0.05
Zopfia rhizophila Zopfia rhizophila	0.00390	正常	0-0.05
Piromyces finnis Piromyces finnis	0.00360	正常	0-0.05
皮罗菌 E2 菌株 Piromyces sp. E2	0.00344	正常	0-0.05
切叶蚁共生白蘑菇 Leucoagaricus gongylophorus	0.00328	正常	0-0.05
Smittium culicis Smittium culicis	0.00212	正常	0-0.05
里氏木霉 Trichoderma reesei	0.00174	正常	0-0.05
禾锈菌 Puccinia graminis	0.00152	正常	0-0.05

检出真核生物

① 在肠道菌群中,除主要的细菌外,还存在少量真核微生物(包括寄生虫等)。以下表格列出了在您肠道中丰度最高的 25 种真核生物,按检测丰度从高到低排序。

物种名称	丰度%	正常范围
克氏锥虫 Trypanosoma cruzi	0.00859	0-0.05
刚地弓形虫 Toxoplasma gondii	0.00767	0-0.05
阴道毛滴虫 Trichomonas vaginalis	0.00693	0-0.05
圆孢子虫 Cyclospora cayetanensis	0.00635	0-0.05
蠕形住肠线虫 Enterobius vermicularis	0.00456	0-0.05
多子小瓜虫 Ichthyophthirius multifiliis	0.00455	0-0.05
疟原虫 Plasmodium ovale	0.00389	0-0.05
<mark>似蚓蛔线虫</mark> Ascaris lumbricoides	0.00358	0-0.05
曼氏血吸虫 Schistosoma mansoni	0.00349	0-0.05
日本血吸虫 Schistosoma japonicum	0.00343	0-0.05
热原四膜虫 Tetrahymena thermophila	0.00331	0-0.05
问日疟原虫 Plasmodium vivax	0.00318	0-0.05
埃及血吸虫 Schistosoma haematotium	0.00308	0-0.05
紫色网柄菌 Dictyostelium purpureum	0.00274	0-0.05
盘基网柄菌 Dictyostelium discoideum	0.00265	0-0.05
卫氏并殖吸虫 Paragonimus westermani	0.00256	0-0.05

物种名称		丰度%	正常范围
美洲钩口线虫 Necator americanus	•	0.00252	0-0.05
鸡疟原虫 Plasmodium gallinaceum	•	0.00216	0-0.05
布氏姜片吸虫 Fasciolopsis buski	•	0.00207	0-0.05
卡氏棘阿米巴 Acanthamoeba culbertsoni	•	0.00181	0-0.05

个性化建议

参考文献

- 以下为参考文献。
- 1. Exposure to concentrated ambient PM2.5 alters the composition of gut microbiota in a murine model.

Wang, W. et al. | Part Fibre Toxicol 15, 17 | (2018)

2. Gut Dysbiosis in Animals Due to Environmental Chemical Exposures.

Rosenfeld, C. S. | Front Cell Infect Microbiol 7, 396 | (2017)

3. Gut Microbiota Richness and Composition and Dietary Intake of Overweight Pregnant Women Are Related to Serum Zonulin Concentration, a Marker for Intestinal Permeability.

Mokkala, K. et al. | J Nutr 146, 1694-1700 | (2016)

4. Gut microbiota, dietary intakes and intestinal permeability reflected by serum zonulin in women.

Mörkl, S. et al. | Eur J Nutr 57, 2985-2997 | (2018)

5. The neuroactive potential of the human gut microbiota in quality of life and depression.

Valles-Colomer, M. et al. | Nature Microbiology 4, 623 | (2019)

6. Impact of the Gut Microbiota on Intestinal Immunity Mediated by Tryptophan Metabolism.

Gao, J. et al. | Front Cell Infect Microbiol 8 | (2018)

7. Linking the gut microbiome to metabolism through endocrine hormones.

Brubaker, P. L. | Endocrinology | (2018)

8. Microbial endocrinology: host-bacteria communication within the gut microbiome.

Sandrini, S., Aldriwesh, M., Alruways, M. & Freestone, P. | Journal of Endocrinology 225, R21-R34 | (2015)

9. A High Salt Diet Modulates the Gut Microbiota and Short Chain Fatty Acids Production in a Salt-Sensitive Hypertension Rat Model.

Bier, A. et al. | Nutrients 10 | (2018)

10. Altered gut microbiome composition in children with refractory epilepsy after ketogenic diet.

Zhang, Y. et al. | Epilepsy Res. 145, 163-168 | (2018)

11. Association analysis of dietary habits with gut microbiota of a native Chinese community.

Qian, L. et al. | Exp Ther Med 16, 856-866 | (2018)

12. Effect of changes in food groups intake on magnesium, zinc, copper, and selenium serum levels during 2 years of dietary intervention.

Paz-Tal, O. et al. | J Am Coll Nutr 34, 1-14 | (2015)

13. Intersection of salt- and immune-mediated mechanisms of hypertension in the gut microbiome.

Wyatt, C. M. & Crowley, S. D. | Kidney Int. 93, 532-534 | (2018)

14. Salt-responsive gut commensal modulates TH17 axis and disease.

Wilck, N. et al. | Nature **551**, 585-589 | (2017)

15. The Virtual Metabolic Human database: integrating human and gut microbiome metabolism with nutrition and disease.

Noronha, A. et al. | bioRxiv 321331 | (2018)

16. Fecal concentrations of bacterially derived vitamin K forms are associated with gut microbiota composition but not plasma or fecal cytokine concentrations in healthy adults.

Karl, J. P. et al. | Am. J. Clin. Nutr. 106, 1052-1061 | (2017)

17. A novel ultra high-throughput 16S rRNA gene amplicon sequencing library preparation method for the Illumina HiSeq platform.

de Muinck, E. J., Trosvik, P., Gilfillan, G. D., Hov, J. R. & Sundaram, A. Y. M. | Microbiome 5, 68 | (2017)

18. Role of Neurochemicals in the Interaction between the Microbiota and the Immune and the Nervous System of the Host Organism.

Oleskin, A. V., Shenderov, B. A. & Rogovsky, V. S. | Probiotics Antimicrob Proteins 9, 215-234 | (2017)

19. Linking the Gut Microbiota to a Brain Neurotransmitter.

Jameson, K. G. & Hsiao, E. Y. | Trends Neurosci. 41, 413-414 | (2018)