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。

宏基因组报告阅读指南

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。

⚠ 特别注意: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

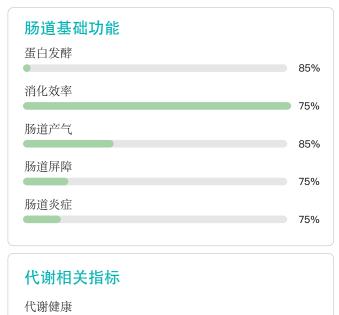
- む本部分总结了您本次肠道菌群检测的各项整体关键指标,主要包含三个核心维度:
 - **肠道基础功能**: 评估肠道的基础生理功能,包括蛋白质发酵能力、消化吸收效率、肠道产气情况、肠道屏障完整性以及肠道炎症状态。
 - 代谢相关指标: 反映肠道菌群的代谢活性,评估包括代谢健康水平和特定物质(如草酸盐)的代谢能力。
 - 菌群分析: 全面评估肠道菌群的整体状况和菌群微环境状况:
 - **一 菌群整体评估**:评估包括菌群数量、多样性、群落平衡性以及菌群的恢复能力等关键特征。
 - 菌群微环境评估:评估包含有益菌,有害菌,革兰氏阴性菌和好氧菌具有代表意义的菌群评估。

② 健康的肠道菌群整体是怎么样的?

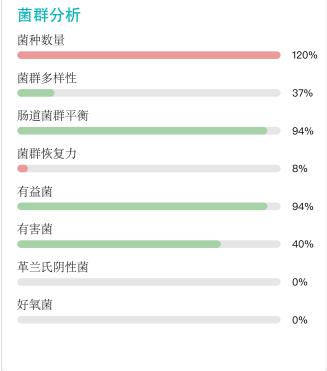
- ❷ 健康的肠道菌群应当具备以下特征:
 - **菌群构成合理**:健康的肠道菌群包含多种有益的细菌,它们能够在相互配合中发挥协同作用,促进消化与营养吸收。这种合理的构成确保了肠道功能的正常运作,并可以抵御外来病原体的侵袭。
 - 物种多样性丰富: 肠道菌群的多样性是健康的重要指标。一种多样化的菌群能有效增加代谢产物的种类,为宿主提供多种营养,增强免疫系统的功能。同时,物种多样性能够提高耐受性,使肠道更能适应不同的饮食和环境变化,从而减少疾病发生的风险。
 - 有益菌占优,有害菌较少:健康的肠道菌群中,有益菌的数量通常占主导,能够抑制病原菌的生长,并促进良好的 代谢活动。有害菌的数量相对较少,避免了对肠道和宿主健康的负面影响。这种平衡状态确保了肠道的健康和整 体营养的吸收。

1%

1%



草酸盐代谢



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
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	白质的处理效率。	
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	Ĺ	
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
1 评估肠道对草酸盐的处理能力,	与肾结石风险和钙吸收密切相关。		

♣ 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。

② 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,是评估肠	道微生态稳定性的基础指标。		
▲ 可通过增加膳食纤维、限制糖分和加工	食品、摄入发酵食品、保持规律	聿作息和锻炼、管理压力, 以及考虑益生	三菌补充剂来实现。
菌种多样性 Gut microbial diversity	15–95	36	正常
1 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很	微生态系统。	
菌群平衡 Gut microbiota balance	15–100	94	正常
1 评估有益菌与有害菌的比例关系,反映	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	白我修复能力。		

▲ 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

動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。

❸ 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	逐有利的菌群,能促进营养物质吸收	和免疫功能。	
有害菌 Pathogenic bacteria	0-84	34	正常
指可能导致肠道功能紊乱的菌群, 这	t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	经疾病风险相关。		
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	公还原环境状态。		

♠ 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** 肠道菌群可以大分类成细菌,病毒,真菌,原生生物和寄生虫 **5** 个类别,下列是对各项组成部分的介绍及他们在您肠道中的分布比例图。
 - 细菌: 占肠道菌群的 98% 以上。细菌是肠道微生物的主要组成部分,包含: 益生菌(如乳酸杆菌、双歧杆菌): 占肠道细菌的 20% 30%; 对消化、营养吸收和免疫功能具有正面影响。- 病原菌: 数量较少(通常不超过 1%), 如某些致病性大肠杆菌和沙门氏菌,但其存在可能导致肠道感染。- 中性菌: 占大约 70% 80%, 在肠道中有助于维持微生物平衡和生态稳定。
 - 病毒:大约占肠道微生物的 1% 5%。病毒,尤其是噬菌体,在调节细菌的种类和数量方面扮演重要角色。它们既可以抑制有害细菌的生长,也可以推动微生物群落的多样性。
 - **真菌**: 占肠道微生物的 0.1% 1%。主要包括酵母菌(如白色念珠菌),在数量较少时是正常的一部分,但当免疫系统受损时,可能会因其快速繁殖而导致感染或其它问题。
 - **原生生物**:通常占 0.1% 以下。虽然数量较少,但原生生物如变形虫和细胞虫有时会影响肠道环境,参与营养循环和分解。
 - **寄生虫**:在健康个体中,寄生虫的数量极少,通常小于 0.1%。常见的肠道寄生虫如蛔虫和鞭虫,虽然数量较少,但在某些情况下可能导致消化不良和腹痛等健康问题。

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%
氏氧菌,能产生丁醇	<u>竣盐,参与胆汁酸代谢和</u>	色氨酸代谢,对维持肠道	屏障功能和免疫系统调	节具有重要作用	
普雷沃氏菌属 Prevotella	0–67.8009	0.04290	正常	50%	99.52%
事兰氏阴性厌氧菌,	专门降解植物多糖和黏	蛋白的菌群,产生琥珀酸	和乙酸,与植物性饮食	密切相关	
瘤胃球菌属 Ruminococcus	0.0544–19.7985	9.84521	正常	44%	99.52%
专性厌氧菌,是肠流	道主要的纤维素降解菌,	能产生乙酸和丁酸,对维	持结肠上皮细胞健康至	关重要	
拟杆菌属 Bacteroides	1.0578–47.3225	0.08974 I	偏低	2%	99.04%
事兰氏阴性厌氧菌,	能降解复杂碳水化合物	,产生丙酸盐,参与胆固	醇代谢,调节宿主免疫	系统	
真杆菌属 Eubacterium	0.1146-9.4883	5.75186	正常	95%	98.56%
专性厌氧菌,主要	产生丁酸盐,具有抗炎作	用,参与胆固醇转化和胆	汁酸代谢,维持肠道屏	障完整性	
乳酸杆菌属 Lactobacillus	0-0.4302	0.00660 I	正常	8%	91.83%
事兰氏阳性兼性厌氧 	瓦菌,产生乳酸和抗菌物	质,增强肠道屏障功能,	调节免疫系统,抑制有	害菌生长	
芽孢杆菌属 Bacillus	0.0001-0.5535	ND	未检出	27%	77.88%
事兰氏阳性需氧菌,	能形成芽孢,产生多种	水解酶和抗菌肽,增强肠	道免疫功能,改善肠道	微生态平衡	
Lachnoclostridiur Lachnoclostridium	0-0 2086	0.17516	正常	8%	98.56%
	条解复杂碳水化合物,产				

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
粪杆菌属 Faecalibacterium	1.9351–17.7942	28.86665	超标	99%	98.08%
		产生菌之一,具有显著的打菌调节菌群平衡;避免过量		食纤维产生短链脂肪酸,	维持肠道屏障功能
经黏液真杆菌属 Blautia	0.0846-6.9056	10.17279	超标	75%	97.60%
		合物发酵和氢气代谢,与原 淀粉类食物;可适量补充。			
戴阿利斯特杆菌属 Dialister	0–3.7365	2.74325	正常	79%	96.15%
革兰氏阴性厌氧菌,	参与丙酸盐代谢,与宿	主免疫系统调节和炎症反应	应相关		
罗氏菌属 Roseburia	0.583–16.3581	6.33667	正常	10%	96.15%
专性厌氧产丁酸菌,	通过降解膳食纤维产生	丁酸盐,维持肠道屏障功能	能,具有显著抗炎作用		
直肠真杆菌属 Agathobacter	0-8.6328	0.00038	正常	27%	95.67%
专性厌氧菌,主要降	译解抗性淀粉,产生乙酸	盐和丙酸盐,参与碳水化和	合物代谢		
吉米菌属 Gemmiger	0.0038-0.973	0.18163	正常	9%	95.67%
氏氧菌,参与复杂碳	炭水化合物降解,与维生	素代谢和神经递质产生相差	关		
副拟杆菌属 Parabacteroides	0.1095-8.7303	0.00675	偏低	9%	95.19%
革兰氏阴性厌氧菌,	参与胆汁酸代谢和脂质	代谢,产生琥珀酸和丙酸盐	盐		
另枝菌属 Alistipes	0.0807–18.1199	0.00099 I	偏低	15%	91.83%
1 耐胆汁厌氧菌,参与	万氨基酸代谢,产生吲哚	类物质和短链脂肪酸			
毛螺菌属 Lachnospira	0.0347-8.6596	5.02851	正常	70%	88.94%
氏氧菌,专门降解果	早胶的重要菌群,产生乙	酸盐和丁酸盐,参与碳水化	化合物代谢		
考拉杆菌属 Phascolarctobacte	0–3.7492 erium	0.00081	正常	15%	88.94%
专性厌氧菌,利用弱	_克 珀酸产生丙酸盐,参与	肠道代谢物质转化,与肠淀	道稳态维持相关		

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	0-0.6916	0.00049	正常	58%	87.50%
(i) 厌氧菌,专门降角	解复杂碳水化合物,产生乙	酸盐、丙酸盐和乳酸盐,	参与肠道能量代谢,与	神经系统功能和免疫调	节相关
粪球菌属 Coprococcus	0.0826–9.4195	0.05595 I	偏低	64%	86.06%
专性厌氧产丁酸菌	菌,通过代谢膳食纤维产生	丁酸盐,具有免疫调节功	能,参与色氨酸代谢,	与神经递质合成相关	
双歧杆菌属 Bifidobacterium	1.7546–35.5006	0.03296	偏低	24%	97.12%
事兰氏阳性厌氧菌	菌,核心益生菌,产生乙酸	盐和乳酸盐, 合成 B 族约	推生素和 GABA,增强原	汤 道屏障功能,调节免疫	
乳杆菌属 Lactobacillus	0-0.4302	0.00660	正常	8%	91.83%
事兰氏阳性兼性质	天氧菌,产生乳酸和抗菌物	质,参与碳水化合物发酵	, 合成维生素 B 族和维	挂生素 K,增强肠道屏障	章功能
芽孢杆菌属 Bacillus	0.0001–0.5535	ND	未检出	27%	77.88%
事兰氏阳性需氧菌	菌,产生多种水解酶和抗菌	肽,增强肠道免疫功能,	参与碳水化合物和蛋白	质代谢	

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% 的正常人检出
柯林斯氏菌属 Collinsella	0-9.1529	0.01763	正常	82%	90.38%
何林斯氏菌是一类	♥革兰氏阳性细菌,其水≤	三与肥胖、糖尿病和心血管	疾病等代谢病风险相关	0	
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			
♣ 为改善嗜酸菌属起	^{迢标} ,建议增加膳食纤维 ^上	可发酵食品的摄入,减少糖 ^素	和精制碳水化合物,同	时限制红肉和加工肉制	品。
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	E 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	(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,主要通过发酵化	F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%
洪氏菌属是一种原	严 氧菌,主要通过发酵代谢	村有机物,尤其是耐消化的研	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,持	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%
前 前螺菌属是一种β	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	孝食物成分, 能够代谢一些 膳	善食纤维和其他复杂的研	碳水化合物,产生短链!	脂肪酸, 促进肠道健康。

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
图里希菌属 Turicibacter	0-0.1234	0.00252	正常	-%	49.52%
事 並 氏 阳 性 厌 氧 菌 、	主要产生乳酸盐,参与6	色氨酸代谢,与肌肉能量的	代谢和神经递质合成密制	切相关,在运动相关的	肠-肌轴中发挥重要作用
丁酸弧菌属 Butyrivibrio 专性厌氧菌,主要的 障功能维持	0-3.2594 丁酸盐产生菌之一,能	0.02421 	正常(纤维素、半纤维素、	98% 果胶),产生丁酸盐和	35.58% 共轭亚油酸,参与肠道屏
克里斯滕森菌属 Christensenella	0-0.0054	0.00192	正常	83%	5.77%
专性厌氧革兰氏阴性	菌,产生乙酸盐和丁酸:	盐,具有显著的遗传相关(性,参与脂质代谢和葡萄	萄糖稳态,与宿主代谢	健康密切相关

(常见) 有益菌

① 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。

② 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% 的正常人检验
嗜粘蛋白-艾克曼菌 A. muciniphila	0-6.6395	0.00394	丰度较低	27%	95.67%
€ 嗜粘蛋白-艾克曼菌是	是一种革兰氏阴性细菌	7,能够分解肠道黏液,有助	力于维持肠道屏障功能和	和调节代谢健康。	
凝结芽孢杆菌 B. coagulans	0-0.08	0.00027	丰度较低	15%	88.94%
€ 凝结芽孢杆菌是一种	耐热的革兰氏阳性芽科	包杆菌,常用于作为益生菌	,具有促进肠道健康和	改善消化的潜在益处。	
枯草芽孢杆菌 B. subtilis	0-0.08	0.00185	丰度较低	58%	87.50%
1 枯草芽孢杆菌是一种	广泛存在的革兰氏阳性	生芽孢杆菌,常用于发酵食,	品,有助于改善肠道微	生态和促进植物生长。	
多形拟杆菌 B. thetaiotaomicror	0–2.7856 n	0.00020	丰度较低	64%	86.06%
3 多形拟杆菌是一种革	兰氏阴性厌氧细菌, 能	能够有效分解复杂碳水化合物	物,并在维持肠道微生	态平衡和健康方面发挥	重要作用。
青春双歧杆菌 B. adolescentis	0–14.286	ND	未检出	24%	97.12%
青春双歧杆菌是一种	革兰氏阳性益生菌,	参与消化过程并有助于维持	肠道健康,常被作为益	生菌补充剂的一部分。	
角双歧杆菌 B. angulatum	0-0.15257	ND	未检出	8%	91.83%
角双歧杆菌是一种革	兰氏阳性益生菌,有耳	助于维持肠道微生物平衡,	并可能对宿主的免疫系	统发挥积极作用。	

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 B. animalis	0-0.18833	0.00113 I	丰度较低	27%	77.88%
动物双歧杆菌是一种	革兰氏阳性益生菌,具	具有促进消化健康、增强免疫	 支功能以及改善肠道微	生态的潜在益处。	
两歧双歧杆菌 B. bifidum	0-2.1225	ND	未检出	8%	98.56%
两歧双歧杆菌是一种	革兰氏阳性益生菌,怠	*	养吸收,有助于维护肠;	道健康和增强免疫系统	功能。
短双歧杆菌 B. breve	0-0.08	0.00158	丰度较低	67%	99.52%
1 短双歧杆菌是一种革	兰氏阳性益生菌,它?	 空消化过程中发挥重要作用,	能够帮助分解乳糖和	其他碳水化合物,促进	肠道健康。
链状双歧杆菌 B. catenulatum	0-0.50838	ND	未检出	50%	99.52%
链状双歧杆菌是一种	革兰氏阳性益生菌,1	它有助于改善肠道微生物群的	的平衡,促进消化健康	,可能在发酵过程中可	能产生有益的代谢物。
乳双歧杆菌 B. crudilactis	0-0.08	ND	未检出	44%	99.52%
乳双歧杆菌是一种革	兰氏阳性益生菌,它7	生乳糖代谢方面发挥作用 ,能	能够帮助消化乳制品,	维持肠道健康和增强免	疫系统。
婴儿双歧杆菌 B. infantis	0-0.08	ND	未检出	2%	99.04%
嬰儿双歧杆菌是一种	革兰氏阳性益生菌, ヨ	主要存在于新生儿和婴儿的朋	肠道中。这种细菌对婴	儿的消化系统发育至关	重要。
长双歧杆菌 B. longum	0-6.854	0.01861	丰度较低	95%	98.56%
1 长双歧杆菌是一种革	兰氏阳性益生菌,它可	可以促进消化、增强免疫系统	统、帮助维持肠道微生	物平衡、减少肠道炎症	等。
胃痛双歧杆菌 B. merycicum	0-0.08	ND	未检出	8%	91.83%
胃痛双歧杆菌是一种	相对较少研究的双歧林	千菌,它具有促进肠道健康、	改善消化和增强免疫	反应的潜力。	
穆卡拉巴双歧杆菌 B. moukalabense	0-0.08	0.00021	丰度较低	27%	77.88%
穆卡拉巴双歧杆菌是	一种相对较新的双歧村	开菌菌株, 对肠道健康有积极	及影响。		
假长双歧杆菌 B. pseudolongum	0-0.08	0.00142	丰度较低	83%	5.77%
1 假长双歧杆菌是一种	革兰氏阳性益生菌,具	具有促进肠道健康和改善消化	化的能力。		
分支双歧杆菌 B. ramosum	0-0.08	ND	未检出	98%	35.58%
分支双歧杆菌是一种	革兰氏阳性益生菌,包	它主要存在于人类的肠道中,	尤其是在婴儿期和幼	儿期。	

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
罗伊氏双歧杆菌 B. reuteri	0-0.08	ND	未检出	83%	5.77%
€ 罗伊氏双歧杆菌是一	一种特有的益生菌,以其	其能在肠道中产生抗菌物质是	并改善消化健康而著称	,有助于缓解腹泻和增	强免疫功能。
短柄双歧杆菌 B. stellenboschens	0-0.08	ND	未检出	27%	77.88%
1 短柄双歧杆菌是一种	中益生菌,能够促进肠道	i 健康并可能改善消化功能,	,常见于人类和动物的	肠道微生物群中。	
粪双歧杆菌 B. stercoris	0-0.08	ND	未检出	8%	91.83%
粪双歧杆菌是一种益	6. 全菌,主要存在于人类	é和动物的肠道中,以其助 ⁻	于维持肠道微生物平衡	和促进消化健康而受到	关注。
布劳特氏菌属氢营养B. hydrogenotropic	0_0.08	0.00262	丰度较低	27%	77.88%
布劳特氏菌属氢营养	ド菌是一种厌氧细菌 , じ	以其能够利用氢气作为电子的	供体并产生短链脂肪酸	而著称。	
穗状丁酸弧菌 B. crossotus	0-2.9334	0.00239	丰度较低	8%	91.83%
: 穗状丁酸弧菌是一种	中厌氧细菌,以其发酵红	F维素产生丁酸的能力而闻。	名,有助于促进肠道健	康和维持消化功能。	
丁酸梭菌 C. butyricum	0-0.08	0.01350	丰度较低	27%	77.88%
1 丁酸梭菌是一种厌氧	[性细菌,能够产生丁酸	後,对于肠道健康和食品发展。	酵具有重要作用。		
霍氏真杆菌 E. hallii	0-3.5506	0.02035 I	丰度较低	8%	91.83%
1 霍氏真杆菌是一种尿	· 三 三 二 三 三 三 三 三 三 三 三 三 三 三 三 三	序膳食纤维并产生丁酸而著 ^表	称,促进肠道健康。		
直肠真杆菌 E. rectale	0–13.029	2.14287	检出	75%	95.67%
直肠真杆菌是一种及	· (氧细菌,以其能发酵脂	善食纤维并产生短链脂肪酸 ,	,尤其是丁酸,促进肠	道健康。	
普拉梭菌 F. prausnitzii	0.18043-14.003	26.23325	超标	98%	99.52%
		立炎作用而著称,对维持肠炎 减少糖和加工食品的摄入。			
嗜酸乳杆菌 L. acidophilus	0-0.08	ND	未检出	15%	88.94%
嗜酸乳杆菌是一种常	常见的益生菌,以其能够	多发酵乳糖并生成乳酸而著精	称,具有助于消化、增	强免疫力以及维持肠道	微生物平衡的潜力。
短乳杆菌 L. brevis	0-0.08	0.00028	丰度较低	27%	77.88%
短乳杆菌是一种乳酸	梭菌,以其发酵能力和产	生乳酸而著称,具有促进液	消化、增强免疫力和抗	菌特性。	

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 L. casei	0-0.08	ND	未检出	8%	91.83%
干酪乳杆菌是一种	中乳酸菌,它以其良好的发	发酵特性和能够耐受酸性环.	境而著称,具有促进消	化、增强免疫力、改善	肠道菌群平衡等益处。
卷曲乳杆菌 L. crispatus	0-0.08	0.00489	丰度较低	67%	99.52%
6 卷曲乳杆菌是一种	中重要的乳酸菌,它以其对	付维持阴道健康和抑制病原	体生长的能力而闻名,	司时也能促进消化系统	的健康。
德氏乳杆菌 L. delbrueckii	0-0.08	ND	未检出	44%	99.52%
€ 徳氏乳杆菌是一種	中乳酸菌,它能够在酸性3	环境中生存,具有良好的发	酵能力,并能产生多种	代谢产物,能够促进消	化和增强免疫功能。
发酵乳杆菌 L. fermentum	0-0.08	0.00013	丰度较低	27%	77.88%
i 发酵乳杆菌是一种	中常见的乳酸菌,具有促进	进消化、增强免疫功能和抑制	制有害病原体生长的潜	力,对肠道健康有益。	
格氏乳杆菌 L. gasseri	0-0.08	ND	未检出	8%	91.83%
6 格氏乳杆菌是一种	中重要的乳酸菌,具有促进	进消化、增强免疫功能和维	持阴道健康的潜力,对	于肠道和生殖道的健康	有益。
瑞士乳杆菌 L. helveticus	0-0.08	ND	未检出	44%	99.52%
瑞士乳杆菌是一种	中重要的乳酸菌,有助于多	分解乳蛋白,释放出有益的	氨基酸和生物活性肽,	从而促进消化、增强免	疫功能等。

♣ 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

本报告列出了17种人体常见的肠道有害菌,有害菌能够破坏肠道内生态平衡,引起肠道功能紊乱等,损害人体健康。

② 什么是肠道有害菌?

№ 肠道有害菌是指那些对宿主健康产生负面影响的微生物,它们在肠道过度生长时可能导致各种健康问题。肠道有害菌通过产生毒素、引发炎症、破坏肠道屏障等方式,可能干扰正常的消化吸收过程,诱发肠道疾病和全身性疾病。典型的有害菌包括:沙门氏菌属(Salmonella)、大肠杆菌(Escherichia coli)和金黄色葡萄球菌(Staphylococcus aureus),它们可能导致食物中毒、肠炎及其他感染性疾病。因此,维护肠道微生物的平衡、抑制有害菌的生长是保护整体健康的重要环节。

❸ 肠道有害菌越少越好吗?

● 肠道有害菌的存在并不一定是完全不利的,适量的有害菌可以在特定条件下发挥作用。然而,当有害菌的数量过多时,可能会引发健康问题。维护肠道健康的关键在于保持微生物群的平衡与多样性,适当控制有害菌的生长,同时配合健康的饮食和生活方式,以促进整体健康。

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
埃希氏菌属 Escherichia	0-3.83	0.14296	丰度较低	6%	99.52%
1 正常菌属,条件致积	病菌。过多致病,导致 <u>l</u>	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	· 尼皮肤、口腔、咽喉、婴幼儿	.常见菌。		
韦荣菌属 Veillonella	0-0.0086	0.38326	超标	7%	98.56%
事荣菌属可能在特別建议调整饮食结构,		其过度生长可能导致肠道炎	症,加剧消化系统相:	关疾病的风险。	
泛菌属 Pantoea	0-0.05	0.00225	丰度较低	-%	0.02%
1 泛菌属可在特定条件	牛下引发感染,特别是在	主免疫系统较弱的个体中 ,干	扰正常的肠道功能,	导致肠道不适、炎症或	其他健康问题。
梭杆菌属 Fusobacterium	0-0.05	0.00976	丰度较低	38%	80.29%
♠ 聚合檢杆菌可诱发付	足进宣颈瘟 产生菌名類	唐, 代谢生成素酶, 引发炎症	E和旺炎症 胃癌到肺	原 串 之 宣隹	

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%
革兰氏阴性兼性厌氧	菌,正常菌群成员,参	診与维生素 K 和 B 族维生	素合成,但部分菌株可	致病。过度生长可导致	肠道屏障功能受损
链球菌属 Streptococcus	0-0.3496	0.31690	丰度较低	13%	99.52%
事兰氏阳性兼性厌氧	菌,产生乳酸和短链肌	后肪酸, 部分菌株具有益生·	作用,但也可能导致机	会性感染	
韦荣菌属 Veillonella	0-0.0086	0.38326	超标	7%	98.56%
		参与口腔和肠道微生态平 J补充益生菌调节菌群平衡			
泛菌属 Pantoea	0-0.05	0.00225	丰度较低	-%	0.02%
 革兰氏阴性兼性厌氧	菌,环境中常见,机会	、性致病菌,与免疫功能密·	切相关		
梭杆菌属 Fusobacterium	0-0.05	0.00976	丰度较低	38%	80.29%
 革兰氏阴性厌氧菌,	产生短链脂肪酸和致多	《因子,参与黏膜免疫调节	,过度生长可能导致炎	症反应	
志贺氏菌属 Shigella	0-0.05	0.04732	丰度较低	-%	62.98%
革兰氏阴性兼性厌氧	菌,侵袭性肠道病原菌	卣 ,与饮食卫生密切相关			
弯曲杆菌属 Campylobacter	0-0.05	0.04799	丰度较低	-%	55.29%
革兰氏阴性微需氧菌	,人畜共患病原菌,与	有食品安全密切相关			
克雷伯氏菌属 Klebsiella	0-0.05	0.09652	超标	-%	89.06%
		可碳水化合物代谢,过度生			
♣ 建议:调节肠道菌群	; 补充益生菌; 加强口]腔卫生;控制碳水化合物:	摄入		
脱硫弧菌属 Desulfovibrio	0-0.05	0.02325	丰度较低	-%	33.65%
革兰氏阴性厌氧菌,	硫酸盐还原菌,产生矿	流化氢,参与硫代谢,过度	生长可能影响肠道屏障		
螺杆菌属 Helicobacter	0-0.05	0.00373	丰度较低	-%	22.12%
革兰氏阴性微需氧菌	, 定植于胃肠道黏膜,	部分菌种可能影响胃肠道	健康		
弓形菌属 Arcobacter	0-0.05	0.00209	丰度较低	-%	7.69%
 革兰氏阴性微需氧菌	,环境中常见的潜在到	女病菌,与水源污染相关			

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
厌氧螺菌属 Anaerobiospirillum	0-0.05	0.00044 I	丰度较低	-%	0.00%
革兰氏阴性专性厌氧	(菌,主要分布在肠道,	具有极强的运动性,参与	碳水化合物代谢,过度	生长可能影响肠道稳态	
肠球菌属 Enterococcus	0-0.05	0.12259	超标	52%	81.25%
		方肠道微生态平衡,具有一; 長入;增加膳食纤维;注意		长可能影响菌群稳态	
奈瑟氏菌属 Neisseria	0-0.05	0.00957	丰度较低	-%	46.15%
革兰氏阴性需氧菌,	主要定植于黏膜表面,	参与口腔微生态平衡,产	生脂多糖,与局部免疫	功能相关	
不动杆菌属 Acinetobacter	0-0.05	0.11947	超标	83%	45.19%
_ ,		有机物降解,过度生长可能 高免疫力;可补充益生菌	影响免疫平衡		
假单胞菌属 Pseudomonas	0-0.05	0.07830	超标	69%	45.19%
		产生多种次级代谢产物,与 它有益菌群;增强免疫力	环境适应性相关,过度	生长可能影响微生态平	衡
霍尔德曼氏菌属	0-0.0003	0.10581	超标	98%	29.33%
在小徳安氏困腐 Holdemania			功能相关		
Holdemania i 革兰氏阳性厌氧菌,		上短链脂肪酸,与肠道代谢:			
Holdemania					
Holdemania 章 革兰氏阳性厌氧菌,					
Holdemania i 革兰氏阳性厌氧菌,					

(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。

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
鲍曼不动杆菌 Acinetobacter ba	0–0.05 umannii	0.11308	超标	83%	45.19%
● 医院感染常见病原◆ 建议加强消毒防护		免疫力低下时可致肺炎,	具有多重耐药性。		
醋酸钙不动杆菌 Acinetobacter cal	0-0.01 Icoaceticus	0.00023	正常	15%	88.94%
常见于人体皮肤和	黏膜。条件致病菌,可引	引起伤口感染。			
约氏不动杆菌 Acinetobacter joh	0-0.02 nnsonii	0.00145	正常	27%	77.88%
	。免疫力降低时可引起原	尿路感染。			
琼 氏不动杆菌 Acinetobacter jur	0-0.03	0.00567	正常	38%	80.29%
存在于人体皮肤表	面的常见菌。可能引起转	次组织感染。			
鲁氏不动杆菌 Acinetobacter lwo	0-0.01	0.02145	超标	52%	81.25%
 皮肤正常菌群成员 建议注意个人卫生	。医院感染的重要条件到 ,预防院内感染	攻病菌。			
蜡样芽孢杆菌 Bacillus cereus	0-0.02	0.00089	正常	13%	99.52%
土壤中常见细菌。:	过量可导致食物中毒。				
脆弱拟杆菌 Bacteroides fragi	0-1.8852	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 vulga	0-20.066 atus	ND	未检出	8%	91.83%
動 肠道重要益生菌。	维持肠道菌群平衡,促进				
难辨梭菌 Clostridioides diff	0-0.05 ficile	0.08647	超标	98%	99.52%
	用抗生素后易过度生长。 素,必要时进行菌群干剂				
阴沟肠杆菌 Enterobacter cloa	0-0.05 acae	0.00692	丰度较低	27%	77.88%
1 肠道常驻菌群。免	疫力低下时可致感染。				
		0.01415			

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 aecium	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。可导	月起牙周感染。				
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 ^四	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	月起局部感染。				
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%
★ 土壤常见菌。极少	 小引起感染。				
恶臭假单胞菌 Pseudomonas p	0-0.05 utida	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 angi	0-0.05 nosus	0.00280	丰度较低	52%	81.25%
■ 口咽部定植菌。可引起	起口腔感染。				
肺炎链球菌 Streptococcus pnet	0-0.05 umoniae	0.03111	丰度较低	69%	45.19%
₺ 上呼吸道定植菌。可見	导致肺部感染。				
小韦荣球菌 Veillonella parvula	0-0.13203	0.07774	检出	83%	45.19%

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 cavia	0-0.05	ND	未检出	15%	88.94%
	。可引起胃肠道感染,常	了见腹泻症状。			
嗜水气单胞菌 Aeromonas hydro	ophila 0-0.05	ND	未检出	8%	91.83%
1 广泛分布于水环境	中。可引起皮肤软组织愿	以 染和腹泻。			
温和气单胞菌 Aeromonas sobri	0-0.05 a	0.00037 I	丰度较低	27%	77.88%
 水生环境常见菌。 	可引起急性胃肠炎和腹泻	- E			
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。通过接触感染牛或食	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%
1 犬类布鲁氏菌病病	原体。可引起慢性感染和	7发热。			
羊布鲁氏杆菌 Brucella melitens	0-0.05	0.00142	丰度较低	38%	80.29%
最主要的人畜共患	布鲁氏菌。可引起多系统	泛感染。			
绵羊布鲁氏杆菌 Brucella ovis	0-0.05	ND	未检出	8%	91.83%
1 主要感染绵羊。人	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	ž 状。			
唐菖蒲伯克霍尔德 Burkholderia glac	0_0 05	0.00049	丰度较低	27%	77.88%
主要与植物相关的	环境菌。免疫力低下者易	7成。			
大肠弯曲菌 Campylobacter c	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瘤	- F			
胎儿弯曲菌 Campylobacter fe	0-0.05 etus	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	ξ.			
肉毒梭菌 Clostridium bot	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 per	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 sa	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 I	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 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胃	肾功能损害。			
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	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%
1 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% 的正常人检验
单核细胞增生李斯特菌 L. monocytogenes	0-0.05	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	需特别注意。			
<mark>鸟分枝杆菌复合群</mark> M. avium complex sp.	0-0.05	ND	未检出	8%	91.83%
 环境常见机会性致病菌。 	免疫力低下者易	武。			
龟分枝杆菌 M. chelonae	0-0.05	ND	未检出	15%	88.94%
 水环境常见菌。可引起原 	皮肤和软组织感染	5			
偶发分枝杆菌 M. fortuitum	0-0.05	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	感染。			
堪萨斯分枝杆菌 M. kansasii	0-0.05	0.00026	丰度较低	38%	80.29%
自来水系统常见。可引起	足类结核样肺部感	染。			
海洋分枝杆菌 M. marinum	0-0.05	0.00031	丰度较低	27%	77.88%
1 水生环境常见。可引起流	 				
瘰疬分枝杆菌 M. scrofulaceum	0-0.05	0.00020	丰度较低	15%	88.94%
环境中广泛分布。可引起	足颈部淋巴结炎。				
结核分枝杆菌 M. tuberculosis	0-0.05	0.13505	超标	95%	35.19%
重要呼吸道传染病病原体▲ 及时就医检查,进行规范		等。需高度重视。			
溃疡分枝杆菌 M. ulcerans	0-0.05	ND	未检出	8%	91.83%
1 热带地区特有菌种。可引	起伯鲁利溃疡。				
类志贺邻单胞菌 P. shigelloides	0-0.05	0.00020	丰度较低	27%	77.88%
€ 水生环境常见。可引起胃	胃肠道感染 。				
猪霍乱沙门氏菌 S. enterica Choleraes	0-0.05 uis	ND	未检出	15%	88.94%

 肠炎沙门氏菌 3. Enteritidis ① 重要食源性致病菌。是沙门氏菌感染 副伤寒沙门氏菌—A 3. 人类特异性致病菌。可引起副伤寒, 副伤寒沙门氏菌—B 3. 人类特异性病原体。引起 B 型副伤 副伤寒沙门氏菌—C 3. Paratyphi B ① 人类特异性病原体。引起 B 型副伤 副伤寒沙门氏菌—C 3. Paratyphi C ① 致病性相对较弱的副伤寒菌。可引起伤寒沙门氏菌 5. Typhi ① 一0.05 鼠伤寒沙门菌 3. Typhi ① 一0.05 鼠伤寒沙门菌 5. Typhimurium ① 一0.05 鼠伤寒沙门菌 5. Typhimurium ① 一0.05 鼠伤寒沙门菌 5. Typhimurium ① 一0.05 いきなみから いきないのよりにある。 のこのち のこのも のこのち のこのも のこのも	ND 症状类似伤寒但较轻。 ND 寒。发热和胃肠道症状显著。 ND CE C 型副伤寒。	未检出 注胃肠炎。 未检出 未检出	15% 8% 15% 27%	91.83% 91.83% 91.83%
副伤寒沙门氏菌—A S. Paratyphi A ① 人类特异性致病菌。可引起副伤寒, 副伤寒沙门氏菌—B S. Paratyphi B ① 人类特异性病原体。引起 B 型副伤 副伤寒沙门氏菌—C S. Paratyphi C ① 致病性相对较弱的副伤寒菌。可引起 伤寒沙门氏菌 S. Typhi ① 一0.05 鼠伤寒沙门菌 S. Typhi ① 一0.05 鼠伤寒沙门菌 S. Typhimurium ① 一0.05 和防寒沙门菌 S. Typhimurium ② 一0.05 和防寒沙门菌 S. Typhimurium ③ 广谱性致病菌。可感染多种宿主,可能	ND 症状类似伤寒但较轻。 ND 寒。发热和胃肠道症状显著。 ND CC型副伤寒。 ND	未检出未检出	15% 8%	88.94% 91.83%
S. Paratyphi A ① 人类特异性致病菌。可引起副伤寒, 副伤寒沙门氏菌—B S. Paratyphi B ① 人类特异性病原体。引起 B 型副伤 副伤寒沙门氏菌—C S. Paratyphi C ① 变病性相对较弱的副伤寒菌。可引起 伤寒沙门氏菌 S. Typhi ① 严重的人类特异性病原体。可引起 鼠伤寒沙门菌 S. Typhimurium ① 广谱性致病菌。可感染多种宿主,可能 ⑩氏志贺氏菌 Shigella boydii	症状类似伤寒但较轻。 ND 寒。发热和胃肠道症状显著。 ND 足 C 型副伤寒。 ND 伤寒,威胁生命。	未检出未检出	15% 8%	88.94% 91.83%
副伤寒沙门氏菌-B S. Paratyphi B ① -0.05 ① 人类特异性病原体。引起 B 型副伤 即伤寒沙门氏菌-C S. Paratyphi C ② 致病性相对较弱的副伤寒菌。可引起 伤寒沙门氏菌 S. Typhi ③ 严重的人类特异性病原体。可引起 鼠伤寒沙门菌 S. Typhimurium ④ 广谱性致病菌。可感染多种宿主,或	ND 寒。发热和胃肠道症状显著。 ND 足 C 型副伤寒。 ND	未检出	8%	91.83%
S. Paratyphi B ① 人类特异性病原体。引起 B 型副伤 副伤寒沙门氏菌—C S. Paratyphi C ① 致病性相对较弱的副伤寒菌。可引起 伤寒沙门氏菌 S. Typhi ① 严重的人类特异性病原体。可引起化 鼠伤寒沙门菌 S. Typhimurium ① 广谐性致病菌。可感染多种宿主, 鲍氏志贺氏菌 Shigella boydii ① 0-0.05	寒。发热和胃肠道症状显著。 ND ECC型副伤寒。 ND SR, 威胁生命。	未检出	8%	91.83%
副伤寒沙门氏菌-C 0-0.05 S. Paratyphi C 0-0.05 ① 致病性相对较弱的副伤寒菌。可引走伤寒沙门氏菌 0-0.05 S. Typhi 0-0.05 鼠伤寒沙门菌 0-0.05 S. Typhimurium 0-0.05 ① 广谱性致病菌。可感染多种宿主,引 0-0.05 鲍氏志贺氏菌 0-0.05 Shigella boydii 0-0.05	ND 足 C 型副伤寒。 ND 伤寒,威胁生命。	未检出		
S. Paratyphi C ① 致病性相对较弱的副伤寒菌。可引起伤寒沙门氏菌 S. Typhi ① 严重的人类特异性病原体。可引起伤	足 C 型副伤寒。 ND 伤寒,威胁生命。	未检出		
伤寒沙门氏菌 S. Typhi 0-0.05 ① 严重的人类特异性病原体。可引起的 鼠伤寒沙门菌 S. Typhimurium 0-0.05 ② 广谱性致病菌。可感染多种宿主,可 ⑩氏志贺氏菌 Shigella boydii 0-0.05	ND 伤寒,威胁生命。		27%	77.88%
S. Typhi 0-0.05 ③ 严重的人类特异性病原体。可引起位	5年,威胁生命。		27%	77.88%
鼠伤寒沙门菌 S. Typhimurium ① 广谐性致病菌。可感染多种宿主,到 鲍氏志贺氏菌 Shigella boydii		土松山		
S. Typhimurium ① 广谱性致病菌。可感染多种宿主,到 ⑩氏志贺氏菌 Shigella boydii ① -0.05	ND	土松山		
鲍氏志贺氏菌 Shigella boydii 0-0.05		木恒 山	15%	88.94%
Shigella boydii 0-0.05	川起急性胃肠炎。			
動道致病菌。可引起细菌性痢疾、	ND	未检出	8%	91.83%
	主要在发展中国家流行。			
痢疾志贺氏菌 Shigella dysenteriae	ND	未检出	15%	88.94%
3 最严重的志贺氏菌。可引起出血性病	前疾,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%
• 痢疾常见病原体。可引起急性细菌性	生痢疾。			
宋内志贺氏菌 Shigella sonnei 0-0.05	0.01473	丰度较低	38%	80.29%
1 相对温和的痢疾菌。常引起轻症腹沟	写和肠道感染。			
金黄色葡萄球菌 S. aureus 0-0.08	0.50389	超标	95%	35.19%
● 重要致病菌。可引起皮肤感染、食物▲ 及时就医诊治,注意个人卫生	=			

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 s	0-0.05	0.00938	丰度较低	27%	77.88%
重要人兽共患病原	原体。可引起脑膜炎等严重	重感染。			
齿垢密螺旋体 Treponema dent	0-0.05 ticola	0.00071	丰度较低	15%	88.94%
① 口腔常见菌。与另	于周疾病发生相关。				
梅毒密螺旋体 Treponema palli	0-0.05 dum	ND	未检出	8%	91.83%
1 性传播疾病病原体	本。可引起梅毒,需及时流	治疗 。			
文氏密螺旋体 Treponema vinc	entii 0-0.05	ND	未检出	15%	88.94%
 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,造成严重服	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 parahaem	0-0.05 nolyticus	0.00119	丰度较低	38%	80.29%
海产品相关致病菌	ā。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	重致病菌。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	更高。	
小肠结肠炎耶尔森 Yersinia enteroc	0-0.05	ND	未检出	15%	88.94%
重要食源性致病菌	菌。可引起急性肠炎,常适	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	 病原体。可引起鼠疫,主要	 夏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 pseudo	0-0.05 tuberculosis	ND	未检出	15%	88.94%
		代,通过污染的食物和水传:	播。		

(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 I	丰度较低	27%	77.88%
人体常见条件致病	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	0-0.05 cerevisiae	0.00022 I	丰度较低	15%	88.94%
	月于发酵工业。参与营养化	弋谢,促进肠道健康。			
真贝酵母 Saccharomyces	0-0.05 eubayanus	ND	未检出	8%	91.83%
1 低温发酵酵母。参	\$与啤酒发酵过程。对人(本无害。			
奇异酵母 Saccharomyces	0-0.05 paradoxus	ND	未检出	15%	88.94%
1 野生酵母菌种。与	可酿酒酵母亲缘关系密切。	一般不致病。			
木糖发酵酵母 Scheffersomyces	0-0.05 s stipitis	ND	未检出	8%	91.83%
1 特殊碳源利用菌。	可发酵木糖。工业应用的				
黄曲霉 Aspergillus flavu	0-0.05	ND	未检出	27%	77.88%
1 常见真菌。可产生	上黄曲霉毒素。注意储存1	食品防霉。			
烟曲霉 Aspergillus fumiç	0-0.05 gatus	ND	未检出	38%	80.29%
重要条件致病真菌	南。可引起肺部感染。免 <u>损</u>	变力低下者易感。			
米曲霉 Aspergillus oryza	0-0.05	ND	未检出	15%	88.94%
● 食品发酵工业常用	用菌种。参与酱油等发酵1	食品制作。益生菌。			
新型隐球菌 Cryptococcus ne	0-0.05 eoformans	ND	未检出	8%	91.83%
	丁引起中枢神经系统感染。	需警惕。			
汉氏德巴利氏酵母 Debaryomyces h	} 0−0.05 nansenii	0.00022 I	丰度较低	27%	77.88%
	文酵食品制作。对人体无疑	善			

产甘油假丝酵母 Eremothecium gossypii 0-0.05 ND 未检出 15% 88.94% ① 工业做生物。用于维生素 B2 生产。一般不致病。 ***********************************	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
・ 工业微生物。用于维生素 B2 生产。一般不致病。 ND 未检出 8% 91.83% ・ 植物病原真菌。可产生真菌毒素。注意食品储存。 失孢镰刀菌 Fusarium oxysporum 0-0.05 0.00073 丰度较低 27% 77.88% ・ 常见土壤真菌。部分株系可效病。注意筋护。 禾谷镰刀菌 Fusarium graminearum 0-0.05 ND 未检出 15% 88.94% ・ 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 lactis 0-0.05 ND 未检出 8% 91.83% ・ 工业发酵菌种。参与乳制品发酵。益生作用。 柘瘟病菌 Pyricularia grisea 0-0.05 ND 未检出 15% 88.94% ・ 水稻重要病原真菌。一般不感染人类。环境真菌。 玉米黑粉菌 Ustllago maydis 0-0.05 ND 未检出 8% 91.83%	产甘油假丝酵母 Eremothecium gos	0-0.05 ssypii	ND	未检出	15%	88.94%
Fusarium verticillioides 0-0.05			致病。			
失孢镰刀菌 Fusarium oxysporum 0-0.05 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。 未检出 15% 88.94% 无谷镰刀菌 Fusarium graminearum ① -0.05 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。 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。 ND 未检出 15% 88.94% ① 工业发酵菌种。参与乳制品发酵。益生作用。 ND 未检出 15% 88.94% ① 水稻重要病原真菌。一般不感染人类。环境真菌。 ND 未检出 8% 91.83% 玉米黑粉菌 Ustilago maydis 0-0.05 ND 未检出 8% 91.83%		0-0.05 pides	ND	未检出	8%	91.83%
Fusarium oxysporum 0-0.05	植物病原真菌。可产	产生真菌毒素。注意食品	始存。			
		0-0.05 um	0.00073	丰度较低	27%	77.88%
Fusarium graminearum 0-0.05	常见土壤真菌。部分	} 株系可致病。注意防护	j.			
乳酸克鲁维酵母 Kluyveromyces lactis O-0.05 ND 未检出 8% 91.83% 計工业发酵菌种。参与乳制品发酵。益生作用。 ND 未检出 15% 88.94% 腎瘟病菌 Pyricularia grisea O-0.05 ND 未检出 15% 88.94% 取工業別菌 Ustilago maydis O-0.05 ND 未检出 8% 91.83%		0-0.05 arum	ND	未检出	15%	88.94%
Kluyveromyces lactis 0-0.05 未检出 8% 91.83% ① 工业发酵菌种。参与乳制品发酵。益生作用。 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。一般不感染人类。环境真菌。 玉米黑粉菌 Ustilago maydis 0-0.05 ND 未检出 8% 91.83%	作物病原真菌。可产	产生真菌毒素。影响粮食	安全。			
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。一般不感染人类。环境真菌。 ND 未检出 8% 91.83% Ustilago maydis 0-0.05 ND 未检出 8% 91.83%		0-0.05	ND	未检出	8%	91.83%
Pyricularia grisea 0-0.05 未检出 15% 88.94% ① 水稻重要病原真菌。一般不感染人类。环境真菌。 E***********************************	1 工业发酵菌种。参与					
玉米黑粉菌 Ustilago maydis ND 未检出 8% 91.83%		0-0.05	ND	未检出	15%	88.94%
Ustilago maydis 7-0.05 未检出 8% 91.83%	1 水稻重要病原真菌。	一般不感染人类。环境	5.真菌。			
3 玉米特异性病原菌。食用菌品种。对人体无害。		0-0.05	ND	未检出	8%	91.83%
	玉米特异性病原菌。	食用菌品种。对人体无	害。			

(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 hominis	ND	未检出	8%	91.83%
	丁引起腹泻。主要通过被污	后染的水传播 。			
布氏麦片吸虫 Fasciolopsis bus	0-0.05 ki	0.00207	丰度极低	27%	77.88%
消化道寄生虫。通	通过食用受污染的水生植物	7. 感染。			
脑炎微孢子虫 Encephalitozoon	0-0.05 hellem	ND	未检出	15%	88.94%
 机会性病原体。可 	丁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%
前部寄生虫。通过	过食用未煮熟的淡水蟹类原	以 染。			
毛首鞭形线虫 Trichuris trichiur	0-0.05	0.00173	丰度极低	27%	77.88%
肠道蠕虫。通过污	 污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%
通过蚊虫叮咬传播	昏。可引起间日疟。				
肉胞子虫 Sarcocystis neur	ona 0–0.05	ND	未检出	15%	88.94%
寄生原虫。主要感	^其 染神经系统。				
十二指肠钩口线虫 Ancylostoma dud	0.005	0.00136	丰度极低	27%	77.88%
1 土源性线虫。可引	起贫血。				
蠕形住肠线虫 Enterobius vermi	0-0.05 icularis	0.00456	丰度极低	38%	80.29%
1 常见蠕虫。引起即	I门瘙痒。				

菌种名称	正常范围	检测丰度	结果评价	超过% 的人	有% 的正常人检出
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。	影响免疫系统。				
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	•			
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 I	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%
3 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%
1 肠道原虫。通过污染的力	水和食物传播。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。通过治	万染的水传播。 可	致腹泻。			

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%
主要感染啮齿类动	力物。偶见人类感染。可到	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%
(i) 人畜共患虫病。通	並生食传播。孕妇需特別	注意。			
恶性疟原虫 Plasmodium falc	0-0.05 iparum	0.00137	丰度极低	27%	77.88%
最严重的疟疾病原	頁体。通过按蚊传播。 可致	(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].			
牛环形泰勒虫 Theileria annulat	0-0.05 a	ND	未检出	8%	91.83%
主要感染牛。通过	上 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%
4 牛重要病原体。通	並蜱虫传播。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%
机会性病原体。可	「感染免疫力低下者。影响	消化道。			
兔脑炎微孢子虫 Encephalitozoon	0-0.05 cuniculi	ND	未检出	38%	80.29%
主要感染兔类。人	类偶见感染。可致神经系	泛 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	灯肝纤维化。			
曼 氏血吸虫 Schistosoma ma	0-0.05 nsoni	0.00349	丰度极低	27%	77.88%
1 人体寄生虫。通过	t淡水感染。影响肝脏和 肠	道。			
埃及血吸虫 Schistosoma hae	0-0.05 ematobium	0.00308	丰度极低	27%	77.88%
泌尿生殖系统寄生	E虫。通过接触被污染水体	区感染。可引起尿路系统损	害。		

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
猪带绦虫 Taenia solium	0-0.05	0.00044	丰度极低	15%	88.94%
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。			
牛带绦虫 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。主要智	寄生于小肠。			
蛔蚴蠕虫 Ascaris lumbricoid	0-0.05 des	0.00358	丰度极低	52%	81.25%
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。			
旋毛形线虫 Trichinella spiralis	0-0.05	0.00099	丰度极低	27%	77.88%
i 人兽共患寄生虫。	通过食用感染肉类传播。	可致肌肉疼痛。			
华支睾吸虫 Clonorchis sinens	0-0.05	0.00137	丰度极低	38%	80.29%
新用管寄生虫。通过	过食用生鱼传播。可引起	足肝胆疾病。			
环孢子虫 Cyclospora cayet	0-0.05 anensis	0.00635	丰度极低	27%	77.88%
	污染的水果蔬菜传播。可	可致腹泻。			

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)。

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。
- 感染途径: 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。
- 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	有益的肠道病毒,因为它 1	艺专门感染和攻击有害的分枝杆门	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,	属于巨噬菌体(Myoviri	dae)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	链 DNA 噬菌体的类别	,主要感染特定细菌。		
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	种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
⑤ 人类内源性逆转录病毒 K 是一个属于人类	(基因组的内源性逆转录	病毒家族成员,它的表达与多利	中疾病相关,也可能影响	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。

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

- 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

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
_	时氨基糖苷类抗生素产生耐药性 等类抗生素时进行耐药性检测。			
细菌 Bacterium	aph(3')–Illa	氨基糖苷类	974	阿米卡星 卡那霉素
③ 该基因能使细菌对物◎ 临床用药时需注意	寺定氨基糖苷类抗生素产生耐多 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
● 编码氨基糖苷修饰图● 建议进行药敏试验抗	海,可使细菌对多种氨基糖苷类 指导用药。	关抗生素产生耐药性。		
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	素耐药相关,在乳酸菌中较为常 意耐药情况。	写见 。		
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设	氨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 该基因可导致大肠材② 需进行耐药性监测和	开菌对氨基糖苷类抗生素广谱而 和合理用药。	衬药。		
粪肠球菌 E. faecium EnGen	0025 aac(6')-le	氨基糖苷类	79765	阿米卡星 卡那霉素
● B球菌中的耐药基因● 建议选择替代药物可	因,可导致高水平氨基糖苷类而 成联合用药。	対 药。		
毛螺菌科 Lachnospiraceae	aac(6')–Im	氨基糖苷类	8649	阿米卡星,卡那霉素 妥布霉素
③ 该基因可导致对多利② 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
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常				
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	-
⑤ 该基因可导致对多种氨基② 建议进行耐药性检测, 台				

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
	氨基糖苷类抗生素产生耐药性, 类抗生素时进行耐药性检测。	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

来源菌株	外排基因	基因类型	reads 数量	检测结果
产志贺毒素大肠杆菌 STEC	stx1A	毒力	-	阴性
動药基因可能导致对氨基♥	糖苷类抗生素产生耐药性	生,影响治疗效果。		
产志贺毒素大肠杆菌 STEC	stx1B	毒力	-	阴性
動 耐药基因可能导致对氨基●	糖苷类抗生素产生耐药性	生,影响治疗效果。		
产志贺毒素大肠杆菌 STEC	stx2A	毒力	-	阴性
動 耐药基因可能导致对氨基●	糖苷类抗生素产生耐药性	生,影响治疗效果。		
产志贺毒素大肠杆菌 STEC	stx2B	毒力	-	阴性
動 耐药基因可能导致对氨基●	糖苷类抗生素产生耐药性	生,影响治疗效果。		

菌群代谢物及神经递质评估

① 菌群代谢物和神经递质是肠道微生物与宿主相互作用的重要媒介,已发现数百种不同的活性分子。这些代谢物在维持肠道健康和影响宿主生理功能方面发挥着关键作用。健康成年人肠道中的主要代谢产物包括短链脂肪酸(SCFAs)、胆汁酸、色氨酸代谢物和神经递质等。以下是对这些代谢物的详细介绍:

• 有机酸类:

- 肠道微生物主要产生短链脂肪酸(如乙酸盐、丙酸盐和丁酸盐),这些有机酸在肠道稳态维持中发挥核心作用,通常占所有代谢产物的 60% 以上。

• 神经活性物质:

- 包括 γ-氨基丁酸 (GABA)、血清素 (5-HT) 和多巴胺等,这些神经递质在调节情绪、行为和睡眠等方面具有重要作用。

• 含氮/含硫化合物:

- 这些化合物在肠道内的代谢过程中产生,可能影响宿主的代谢和免疫反应。

• 其他代谢物:

- 包括胆汁酸和色氨酸代谢产物等,这些物质在肠道健康和全身代谢中也发挥着重要作用。

▲ 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!

有机酸类

本报告中评估的有机酸类菌群代谢物为下列 4 项

神经活性物质

测试内容 2

含氮/含硫化合物

测试内容 1

其他代谢物

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,为朋友	汤道细胞提供能量,具有抗炎和维护肠道	屏障功能。	
丙酸盐 Propionate	15–98	62	正常
参与糖异生过程,调节	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, 	 反映蛋白质发酵状态。		

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	功能。	
血清素 5–HT	20–95	99	超标
	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
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 恰悦 云动功能相	i关的神经递质,影响动机和行为。		

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
動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
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。		

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
↑ 死点氏小说文物 せん	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	· 道等黏膜表面,是抵抗病原体入侵的第一道	值防线。	
免疫球蛋白 D lgD	15–98	62	正常
① 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。	0	
免疫球蛋白 M IgM	15–98	7	缺乏
是机体产生的第一类抗体	x, 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	<u> </u>	

- 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。

炎症指标评估

❶ 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?

🍛 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
机体抵抗感染的重要免疫细	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	性肠病的特异性标志物。		
粪便嗜酸性粒细胞蛋白 X EPX	0–85	1 I	正常
1 反映肠道嗜酸性粒细胞介导	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
细菌细胞壁的重要组成	战部分,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	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	是代谢物,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
重要的短链脂肪酸,为	n肠道细胞提供能量,具有抗炎和维护	肠道屏障功能。		
乙酸盐 Acetate	15–98	13	缺乏	抗炎代谢物
1 最丰富的短链脂肪酸之	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

● 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: $IFN-\gamma$ 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	炎性细胞因子参与急性期反应和炎症过程的	由 T 细胞和巨噬细胞等产生。	
肿瘤坏死因子 $-\alpha$ TNF $-\alpha$	5–85	1 <u>I</u>	缺乏
典型的促炎性细胞因子	子在炎症早期发挥关键作用可诱导其他炎症	介质的产生。	
II-17a hsCRP	5–85	64	正常
❶ 由 Th17 细胞产生的促	星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	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
具有双重免疫调节作用	月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
● 嗜铬粒蛋白 A 是神经内	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。	

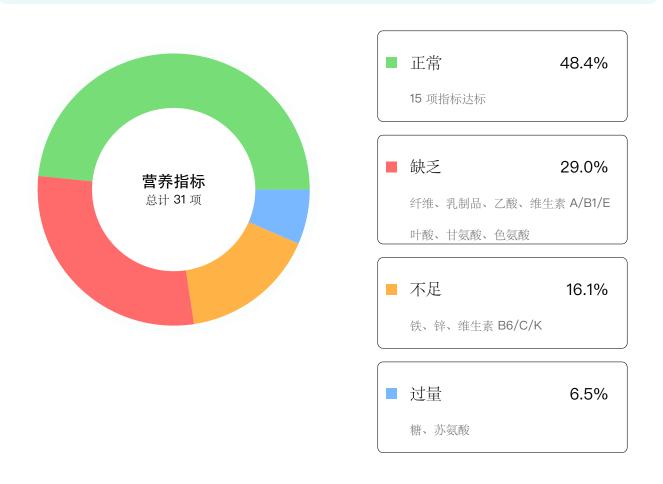
▲ 该肿瘤免疫指标的评估值在正常范围:说明神经内分泌系统功能正常。

营养饮食指标评估

① 营养饮食评估模块旨在分析个体的饮食习惯与营养摄入情况,以评估其对健康的影响。该模块主要涵盖宏观营养素(如碳水化合物、蛋白质、脂肪)和微观营养素(如维生素、矿物质)的摄入量,以及膳食纤维和水分的摄入。通过对饮食数据的综合分析,我们可以了解个体的营养状态和潜在的营养缺乏或过量问题,从而为制定个性化的饮食干预方案提供科学依据。

营养饮食评估不仅关注食物的种类和数量,还考虑饮食的多样性和均衡性,这些因素对维持身体健康和预防慢性疾病至关重要。通过对饮食模式的评估,我们能够识别出可能影响健康的饮食习惯,并提出相应的改善建议,以促进整体健康水平的提升。

▲ 特别注意: 营养饮食评估结果基于自我报告的饮食数据,可能受到个体记忆和报告偏差的影响,结果仅供参考!



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 矿物质微量元素和有机酸是人体代谢过程中的重要组成部分,它们通过不同的机制参与人体生理功能的调节。本报告将通过肠道菌群等检测指标,全面评估其在人体中的代谢水平和整体状况。

评估指标	正常范围	评估数值	评估结果
铁 Fe ³⁺	0–75	63	正常
1 作为微量元素的一种,	提供快速能量,参与代谢过程。		
锌 Zn ²⁺	0-0.01	0.00023	正常
	(本内维持水分平衡,调节血压,并参与神	经和肌肉的正常功能。	
乙酸 Dietary Fiber	0-0.02	0.00145	正常
1 植物性食物中的一种不	可消化的碳水化合物,有助于促进肠道健	康、改善消化、控制血糖水平,并降低胆固	醇。
丙酸 Dairy Products	0-0.03	0.00567	正常
由牛奶或其他动物的乳	汁制成的食品,是钙、蛋白质和维生素 D	的重要来源,有助于骨骼健康和肌肉生长。	
丁酸 Dairy Products	0-0.03	0.00567	正常
1 同样源自乳制品,是钙	、蛋白质和维生素 D 的重要来源,对骨骼	各健康和肌肉生长有重要作用。	

● 评估结果显示所有指标均在正常范围内,表明样本的微量元素和有机酸水平处于健康状态,这对维持人体正常生理功能具有重要意义。

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各项维生素的水平。

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	神经和心血管问题。	
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	炎。	
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
6 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血	血和神经损伤。	
维生素 B9 (叶酸) Vitamin B9	500–100	160.90	正常
抗氧化,促进胚胎蛋白合成	,增强免疫力,缺乏可导致巨幼细	抱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,缺乏可导致佝偻的	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	剪。	
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	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
	疫力。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
1 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
1 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
改善睡眠,稳定情绪。建议适当控制含色氨酸	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。 少高缬氨酸食物的摄入。		
组氨酸 Histidine	0.6–1.2	1.77	超标
参与血红蛋白合成,维			

 \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。



● 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!

⑥ 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 低风险

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

⑥ 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

仓制风险值: 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

- 台 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 •

0.03 低风险

- 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





- € 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 (





- 台 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

- 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



- € 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。

▲ 特别注意:

- 在本报告中,与疾病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该疾病症状。这是因为疾病的发生通常涉及多种复杂因素,包括个体的代谢状态、遗传因 素、饮食习惯、运动水平、睡眠质量以及整体的心理和身体健康状况。
- 为了更好地规避或降低该疾病的潜在风险,您应结合以下菌群检测情况以及自身的生活习惯、病史等因素来综合评估该疾病风险。在出现该疾病症状或其他相关健康问题时,应及时咨询专业医生或营养师获取治疗建议。

② 报告中会涉及到哪些疾病?

- 以下是本报告中会涉及到的疾病:
 - 肥胖: 指体内脂肪过多,通常由不良饮食习惯和缺乏运动引起。
 - 便秘: 指排便频率减少或排便困难,可能由饮食纤维摄入不足、缺乏运动或心理因素引起。
 - 腹胀: 指腹部感到胀满和不适,通常由进食过快、饮食不当或肠道微生物失衡引起。
 - 过敏: 指免疫系统对本无害物质(如花粉、食物)产生异常反应的情况。过敏反应可以是轻微的,也可能是严重的,
 - 抑郁: 指情绪低落、兴趣缺乏等状态,可能由多种因素引起,包括生活压力、人际关系等。
 - 失眠: 指难以入睡或维持睡眠的状态,常由压力、焦虑、生活方式影响产生。

如何阅读以下的疾病相关菌的检测表格?

- 以下是表格各列的解释
 - 菌种名称:与疾病相关的肠道菌群的中文学术名和拉丁名。
 - 正常范围: 该疾病相关菌种在健康人群中的丰度范围。
 - 检测丰度:实际检测到的该疾病相关菌种的数量,其中 ND 代表该菌种的数量过低未检测到。
 - 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数值。
 - 超过%的人:表示您肠道检测的该疾病相关菌属的丰度值比人群中%的人要高。(-%超标过高不予显示)
 - **疾病相关性**: 该疾病相关菌种和疾病的相关性,正相关指的是该菌种的丰度增加可能会加剧疾病症状表现,负相 关指的是该菌种丰都的降低可能会加剧疾病的症状表现。
 - 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疾病正相关的超标菌群和与疾病负相关的缺乏菌群,因为他们的增加超标和减少缺乏可能会增大疾病患病风险或者加剧现有疾病症状。

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:

- 在本报告中,与肥胖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肥胖症状。这是因为肥胖的发生通常涉及多种复杂因素,包括个体的代谢状态、遗传因 素、饮食习惯、运动水平、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肥胖风险,您应结合以下菌群情况以及自身的生活习惯、病史等因素来综合评估肥胖风险。在出现体重增加、能量低下或其他相关健康问题时,应及时咨询专业医生或营养师,以获取准确的评估和进一步的治疗建议。

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 勿、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 能够代谢大豆异草	責酮,促进女性肥胖。					
双歧杆菌属 Bifidobacterium	1.7545796-35.500554	0.03296	偏低	24%	正相关	***
1 促进肠道内有益菌	菌的生长,抑制有害菌的生长	,减少肥胖相关的	炎症反应代谢素剂	EL		
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物 开菌、低聚果糖和菊粉、酵母			高。		
梭菌属 Clostridium	0-4.4645924	1.90370	正常	67%	正相关	***
1 肥胖者的丰度较高	高,尤其 Clostridium butyrid	cum,可通过增强营	营养吸收促进肥胖	非的发展。		
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	显增加,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	原因之一。
霍尔德曼氏菌属 Holdemania	0-0.28	0.10581	正常	98%	正相关	***
♠ 在肥胖人群由朋見	显增加,与神经炎症、脂质和	葡萄糖代谢暗碍相	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。

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 物、植物蛋白、豆制材、低能					
	70、但初虽口、立即仍、1ktib.	0.00133	主义、小之肿丝	. PP		
阿德勒氏菌属 Adlercreutzia	0-0.74966	0.00133 I	正常	99%	正相关	***
1 能够代谢大豆异	黄酮,促进女性肥胖。					
双歧杆菌属 Bifidobacterium	1.7545796–35.500554	0.03296	偏低	24%	正相关	***
1 促进肠道内有益	菌的生长, 抑制有害菌的生长	,减少肥胖相关的多	炎症反应代谢素剂	ال ا		
嗜胆菌属 Bilophila	0-0.1544794	0.73110	超标	-%	正相关	***
_	vorthia 是一种能够产生硫化物 杆菌、低聚果糖和菊粉、酵母			高。		
梭菌属 Clostridium	0-4.4645924	1.90370	正常	67%	正相关	***
1 肥胖者的丰度较	高,尤其 Clostridium butyric	cum,可通过增强营	言养吸收促进肥胖	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	精性脂肪性肝病的质	原因之一。
霍尔德曼氏菌属 Holdemania	0-0.28	0.10581	正常	98%	正相关	***
1 在肥胖人群中明	显增加,与神经炎症、脂质和	葡萄糖代谢障碍相差	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,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	***
1 在肥胖症患者中	的丰度明显增加,与肥胖症的	发生和发展密切相	关,增加可能导致	致肠道菌群失衡,从	而影响能量代谢和原	吧胖症的发生。
丹毒丝菌科 Erysipelotrichad	0-1.7163 ceae	0.34971	正常	97%	正相关	***
● 在肥胖人群中明	显增加,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 eae	0.01926	正常	82%	正相关	***
通过调节胆固醇	吸收来影响能量代谢,与高脂	饮食下的肠病和肥胖	伴的抵抗力相关。			

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	ilis 0-0.05	0.00145	正常	8%	正相关	***
1 与婴儿 3 周和 26	周时的 BMI 呈正相关,可	T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,会导致饮食性肥	胖进一步增重和	,改变棕色脂肪组织	只的内分泌功能影响	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 菌补充、白藜芦醇、母乳低					
别 样杆菌属 Alistipes	0.080658-18.1198662	0.00099	偏低	15%	正相关	**
1 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	上度更高,与肥胖有	关。			
柯林斯氏菌属 Collinsella	0-9.1528862	0.01763	正常	82%	正相关	**
1 增加导致肠道微生	物群落的失衡,潜在的促发	泛症成分增加,如短 径	链脂肪酸减少, 同	可能会导致肥胖和代	谢综合征的发生。	
乳杆菌属 Lactobacillus	0-0.4302374	0.00660	正常	8%	正相关	**
1 肥胖人群中丰度增	加,但是一些菌株能够对服	巴胖产生有益影响,	与其抑制脂肪酸仓	合成酶基因表达、降	低脂肪酸氧化酶活物	生有关。
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	女生物组中丰度较少,而正常	曾体重人群中较多。	参与调节肠道内的	的卡路里代谢和能量	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,从而减轻肥	!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	**
1 与 L−半胱氨酸和	脂肪酸生物合成径有关,在	肥胖人群中,丰度与	F BMI 和 2 型糖	原病呈正相关。		
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,					

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〕	E相关。					
普雷沃氏菌科 Prevotellaceae	0–56.537	0.04756	正常	70%	正相关	**
● 肥胖患者肠道中 Property Proper	evotellaceae 的丰度增加	n,女性中高丰度的 F	Prevotellaceae	与肥胖有关。		
具核梭杆菌 Fusobacterium nu	0–0.05 cleatum	0.00459	正常	-%	正相关	**
1 Fusobacterium nuc	cleatum 在肥胖人群中更	更为丰富,是一种机会	性病原体,与牙	周病的发生和发展	密切相关。	
扭链瘤胃球菌 Ruminococcus tor	0-3.8364 ques	0.31451	正常	99%	正相关	**
增加导致牛磺酸结合	h胆酸(TCA)和脱氧胆	酸(DCA)水平升高	,并激活脂肪组织	织的 G 蛋白偶联胆	酸受体(GPBAR1,	TGR5)。
棒杆菌属 Corynebacterium	0-0.05	0.00843	正常	-%	正相关	*
Corynebacterium j	ieddahense 和 C. mass	siliensis 是从患有病态	忘肥胖的人的粪鱼	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	*
① Dialister 属与高炎组	 定指数相关,运动可以增	加 Dialister 属的丰原	度,从而改善肥朋	半儿童的肠道菌群组	成。	
粪杆菌属 Faecalibacterium	9350868–17.7942438	28.86665	超标	99%	正相关	*
	起降低,炎症反应增加, 亚麻籽、壳聚糖、柿子		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	*
 在肥胖女性中的相对 建议控制饮食,定其	村丰度较高,与糖尿病、 用监测血糖。	中风等代谢性疾病有	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、	甘油三酯和高敏 C-反	应蛋白水平呈正	E相关,而与高密度	脂蛋白胆固醇水平量	是负相关。
瘤胃球菌属 0.Ruminococcus	0543588–19.7985354	9.84521	正常	44%	正相关	*
	中明显增加,产生支链氨					

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	*
	3对丰度较高,可以产生内毒素 5摄入,改善肠道环境。	《LPS,引起慢性低	度炎症,也是机	会性病原菌,特别是	是在患有自闭症的儿	童中。
赭色噬帽菌 Capnocytopha	ga ochracea	ND	正常	99%	正相关	*
肥胖女性的 Str	reptococcus sanguinis. Stre	eptococcus oralis 和	∏ Capnocytoph	naga ochracea 的才	〈平显著高于非肥胖	女性。
柯氏菌 Collinsella aero	0-10.121 ofaciens	0.00117	正常	30%	正相关	*
1 Collinsella aero	ofaciens 是一种与肥胖和代谢	付综合征相关的微生物	物生物标志物。			
长链多尔氏菌 Dorea longicate	0-4.2889 ena	0.33368	正常	99%	正相关	*
 Dorea longicat 	tena 是肥胖的生物标志物之一	•				
史氏甲烷短杆菌 Methanobrevib	U=.3 .3.3UT	ND	正常	99%	正相关	*
产生的甲烷与便	. 秘、肠易激综合征和肥胖有身	<u>.</u>				
血链球菌 Streptococcus	0-0.05 sanguinis	0.00203	正常	-%	正相关	*
❶ 研究发现,Stre	eptococcus sanguinis、Stre	otococcus oralis 和	Capnocytopha	aga ochracea 在肥	胖女性的水平显著高	高于非肥胖女性。
艾克曼菌 Akkermansia m	0-6.6395 nuciniphila	0.00394	正常	45%	负相关	***
€ 降低肠道黏膜的]炎症程度,增加肠道屏障功能		弋谢疾病。			
粪杆菌属 Faecalibacteriu	1.9350868-17.7942438 Im	28.86665	超标	99%	负相关	***
	E明显降低,炎症反应增加,促 产充、亚麻籽、壳聚糖、柿子糖		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。
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	过相关,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	**
i Eubacterium d	lolichum 与代谢紊乱和肥胖有	万关其丰度与内脂肪 质	质量呈正相关。			
卵形拟杆菌 Bacteroides ov		ND	正常	25%	负相关	★★
具有机炎作用, 1	在肥胖、2型糖尿病和胰腺炎	《哽化疾病思有甲数》	_里 减少,具有保持	PTF用,可以诱导版	旭 IgA 的产生,有	血丁

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	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	伏 。

便秘相关菌

⑤ 肠道菌群与便秘的关系研究日益受到重视。研究表明,特定肠道菌群的丰度水平与便秘的发生和发展密切相关。通过分析个体的肠道菌群,我们能够更好地理解便秘的风险及病因,以及如何通过调节肠道微生态来预防和改善症状。

▲ 特别注意:

- 在本报告中,某些与便秘相关的肠道菌群可能会显示出异常水平。然而,需要指出的是,即使这些菌群的丰度不正常,也并不一定意味着个体会经历便秘症状。便秘的发生通常是多因素综合作用的结果,包括饮食结构、生活方式、情绪状态以及其他健康问题等。
- 为了有效预防和改善便秘,建议您综合考虑肠道菌群检测结果以及个人饮食习惯、运动情况、压力管理等因素。同时,若出现持续的便秘症状,应及时咨询专业医生或营养师以获取适当的干预和建议。

❸ 肠道菌群是如何影响便秘的?

- ❷ 肠道菌群与便秘之间的关系涉及多种机制和因素,以下是一些主要方面:
 - **菌群构成**:益生菌与有害菌:健康的肠道菌群中含有大量的益生菌(如双歧杆菌、乳酸菌),它们能促进肠道蠕动,帮助消化和排便。相反,有害菌(如某些致病菌)的过度繁殖可能抑制正常的肠道功能,导致便秘。
 - 代谢产物:短链脂肪酸 (SCFAs):肠道细菌通过发酵膳食纤维产生 SCFAs (如醋酸、丁酸和丙酸),这些物质不仅是肠道上皮细胞的重要能量来源,还能促进肠道运动,增加肠道的蠕动,从而改善便秘情况。
 - **腹腔神经和内分泌系统**:信号传递:肠道菌群的代谢物可以调节肠道神经系统和内分泌反应,影响肠道的运动模式。通过释放神经递质和激素(如肠促胰液素、胃动素等),这些信号可以增强肠道的蠕动。
 - **免疫系统**: 免疫调节: 肠道菌群能够影响局部和全身免疫反应。健康的菌群平衡有助于维持肠道的免疫稳定性,预防炎症。如果炎症发生,可能会影响肠道的正常功能,导致便秘。
 - **纤维素摄入与菌群交互**: 膳食纤维: 膳食纤维是维持肠道菌群平衡的重要因素。丰富的膳食纤维能促进有益菌的 生长,同时为其提供发酵的底物,增加粪便体积,促进排便。

肠道菌群通过影响肠道动力、代谢产物的产生、免疫反应及综合的生活方式因素,对便秘的发生有显著影响。但是需要注意的是,不同个体的肠道菌群组成可能因遗传、饮食、生活方式和环境等因素而异,导致便秘的易感性也不同。一些人可能对特定的饮食或菌群变化更敏感。

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 Methanobrevibad	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	***
过度生长会导致色	2.氨酸转化为吲哚,从而增加	加脂肪组织产生的吲	朵含量,与慢性化	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	E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 便秘患者的肠道中 便便功能。	0-0.13747 ¹ Anaerotruncs 的数量明	0.08642 显增加,可以产生一点	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	**
_	e性肠易激综合征(PI-IBS) E、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 患者中富绰	集,与便秘的发生和发展有	关。				
脆弱拟杆菌 Bacteroides frag	o-0.05	0.00145	正常	8%	正相关	**
功能性便秘的儿童	重和老年患者中,含量增加。					
卵形拟杆菌 Bacteroides ova	0-3.0624 tus	ND	正常	25%	正相关	**
在老年便秘患者和	口儿童功能性便秘患者中,村	相对丰度增加。				
下水道菌属 Cloacibacillus	0-0	0.00028	超标	99%	正相关	*
Cloacibacillus 在建议调节肠道菌群	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	¥失衡,从而引起便	秘。	
梭菌属 Clostridium	0-4.4645924	1.90370	正常	67%	正相关	*
	□ Lachnospira 和 Clostric	dium 的水平明显升高	f. 而 Clostridiu	ım difficile 则被证[明增加了后感染性肠	易激综合征的风

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 Bifidobacterium 可以与其他菌种 症的发生。	1.7545796-35.500554 合作转放短链脂肪酸和气体,	0.03296 【 促进肠道蠕动缓解化	偏低 更秘症状。可以均	24% 曾加乳酸菌的丰度,	负相关 从而缓解便秘。但	世可能会促进胆脂
乳杆菌属 Lactobacillus	0-0.4302374	0.00660	正常	8%	负相关	***
1 仕使秘忠有甲官	量降低,补充后可改善便秘症	仄。				
阿克曼氏菌属 Akkermansia	0-5.7984096	0.00460	正常	44%	负相关	**
ij 调节肠道黏膜屏障	章的功能,促进肠道蠕动和水	分吸收,减少肠道线	() () () () () () () () () ()	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 tia 的数量,从F	75% 而改善便秘症状。能	负相关 够产生丁酸可以促	★★
普雷沃氏菌属 Prevotella	0-67.8009886	0.04290	正常	50%	负相关	**
可以分解纤维素素	和其他难以消化的食物成分,	产生大量的短链脂肪	方酸,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 ‡ Lachnospira 和 Clostridiu	1.90370 im 的水平明显升高	正常 。而 Clostridiu	67% m difficile 则被证明	负相关 明增加了后感染性肠	★ あ易激综合征的风
瘤胃球菌属 Ruminococcus	0.0543588–19.7985354	9.84521	正常	44%	负相关	*
其丰度过高与便利	秘的加重有关。其代谢产物可	以影响肠道的运动和	口水分吸收,从下	万促进排便, 因此缺	乏也可能导致便秘。	

腹胀相关菌

1 肠道菌群与腹胀的关系已逐渐引起医学研究的关注。大量研究表明,特定的肠道菌群组成与个体的腹胀症状密切相关,肠道微生态的失衡可能导致气体生成增加,从而引发腹胀感。

▲ 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异常丰度。然而,需要强调的是,这些菌群的丰度变化并不一定会直接导致腹胀症状的出现。腹胀的表现通常与多种因素有关,包括个体的饮食选择、消化能力、生活方式、压力水平及其他健康状况等。
- 为了有效降低腹胀的发生风险,建议您综合考虑肠道菌群检测结果以及自身的饮食习惯、运动情况、心理状态等因素。在出现持续的腹胀症状时,应及时咨询专业医生或营养师,以获得合适的建议和对策。

❸ 肠道菌群是如何影响腹胀的?

- 肠道菌群与腹胀之间的关系涉及多个机制,以下是一些主要方面:
 - **菌群组成**:益生菌与有害菌:健康的肠道菌群中包含一些益生菌(如乳酸菌、双歧杆菌),这些细菌能有效分解食物并产生气体,适当的气体量是正常的消化过程。然而,过量的有害菌(如某些致病菌)的生长可能导致气体产生增加,从而引起腹胀。
 - **发酵过程**: 膳食纤维的发酵: 肠道细菌会发酵膳食纤维,产生气体和短链脂肪酸。虽然短链脂肪酸对肠道健康有益,但如果发酵产生的气体超出肠道的处理能力,就可能导致腹胀。
 - **肠道运动**: 肠道动力和神经调节: 肠道菌群的代谢产物可以影响肠道的运动状态, 促进或抑制蠕动。如果肠道运动减缓, 食物在肠道内停留时间过长, 可能会导致气体积聚和腹胀。
 - **免疫反应**: 炎症与肠道健康: 肠道微生物失调可能导致局部炎症反应。炎症可能影响肠道的消化能力和气体处理能力,进而引发腹胀。
 - **饮食习惯与菌群的相互作用**:特定食物对微生物群落的影响:摄入某些食物(如豆类、洋葱等)会促进特定细菌的繁殖,这些细菌在发酵过程中产生大量气体,可能加重腹胀的程度。

肠道菌群通过影响气体生成、肠道运动、免疫反应和饮食习惯等方面,对腹胀的产生有显著影响。然而,不同个体的肠 道菌群组成受遗传、饮食、生活方式和环境的影响,各人的腹胀敏感性也可能存在差异。

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	*
i 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	*
与肠道微生物失行	衡相关。					
艰难梭菌 Clostridium diffi	0-0.05	0.08647	超标	94%	正相关	**
可能导致肠道感● 建议减少糖和油品						
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	能。					
蓝藻门 Cyanobacteria	0-0	0.02100	正常	99%	负相关	*
与肠道微生物失行	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 」 痛、打嗝、腹胀和	正常 便秘的作用,与记	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	26.47123	正常	27%	负相关	***
€ 减少与腹胀有关	,可将复杂的植物多糖发酵成	乙酸、丁酸和丙酸	等短链脂肪酸。			
双歧杆菌属 Bifidobacterium	1.7545796–35.500554	0.03296 I	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、腹沟	5等症状,并减轻腹	胀的程度。

过敏相关菌

1 肠道菌群与过敏反应之间的关系已成为现代医学研究的热点。越来越多的证据表明,肠道菌群的组成和多样性与个体的免疫系统密切相关,某些肠道菌群的失调可能会促使过敏反应的发生。

▲ 特别注意:

- 在本报告中,与过敏相关的某些肠道菌群可能会显示出异常水平。然而,重要的是要注意,这些菌群的丰度异常并不一定会直接引发过敏症状。过敏的发生往往是由多种复杂因素共同作用的结果,包括遗传因素、环境影响、饮食习惯和个体特殊的免疫反应等。
- 为了有效降低过敏的发生风险,建议您结合肠道菌群检测结果以及自身的生活习惯、过敏史等因素进行综合评估。在出现过敏症状时,应及时咨询专业医生或过敏专家、以获取适当的诊断和治疗建议。

❸ 肠道菌群是如何影响过敏的?

- 肠道菌群与过敏之间的关系涉及多个机制,以下是一些主要方面:
 - **免疫调节**: 肠道菌群在调节免疫反应方面发挥重要作用。健康的肠道菌群能够增强免疫耐受,帮助机体适应普通过敏原,而失调的菌群则可能使机体对某些物质产生过度敏感,导致过敏反应的发生。
 - 细菌代谢产物:短链脂肪酸 (SCFAs):肠道细菌通过发酵纤维素产生的短链脂肪酸可以调节免疫细胞,促进免疫系统的平衡,降低过敏的发展风险。若 SCFAs 产量不足,可能会导致过敏症状的加重。
 - **肠道屏障功能**: 肠道菌群有助于维持肠道屏障的完整性,防止有害物质和过敏原进入血液循环。若肠道屏障受损,可能导致系统性炎症反应和过敏的发展。
 - **菌群多样性**: 多样性较高的肠道菌群通常与更好的免疫功能相关。而单一或减少的菌群多样性则可能与过敏反应的增加相关。
 - 饮食和生活方式: 饮食结构、抗生素使用、环境暴露等生活方式因素对肠道菌群的组成产生持续影响, 进而影响个体对过敏的易感性。

肠道菌群通过调节免疫系统、产生代谢产物、维护肠道屏障等方式对过敏的发生具有重要影响。然而,不同个体的肠道 菌群组成受多种因素影响,包括遗传、饮食和环境,导致过敏的易感性存在差异。

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 B. fragilis	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	歧杆菌来预防,会诱	异更多的 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	**
① Citrobacter 在食	物过敏的肠道中明显富集	,会加重系统性过敏症	E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, 云、双歧杆菌补充、大麦、		过敏婴儿肠道中	Klebsiella 的数量明	用显增加,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② 建议: 低聚甘露糖	病有关联。儿童早期感染 永大蒜	Moraxella 会增加呼	吸道疾病的严重	程度和发生急性哮喘	端的风险。	
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 eae	0.55581	正常	7%	正相关	**
早期婴儿肠道微生	物群落中,丰度的增加与	食物敏感性的发展有意	关联。可以产生原	脂多糖(LPS),与氮	多种代谢性疾病的炎	症有关。
活波瘤胃球菌 R. gnavus	0-0.05	0.22486	超标	20%	正相关	**
	端、呼吸道过敏等疾病的 一菌补充、白藜芦醇、母乳			n剧,引发过敏症 ^状	、降低肠道内纤维	素降解酶的潜力。
气单胞菌属 Aeromonas	0-0.05	0.00200	正常	-%	正相关	*
動感染会引起过敏反	应,如 Kounis 综合征,	同时过敏患者对某些抗		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	*
⑤ 高丰度可能会导致② 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	*
通过激活巨噬细胞	1,促进炎症过程,从而影	响过敏或变态反应的。	人类 IgE 抗体调	节。		

業杆菌属 1.9350868-17.79424 Faecalibacterium ① 能够产生丰富的短链脂肪酸和其他代谢 ② 建议:乳杆菌补充、亚麻籽、壳聚糖、 丙酸杆菌属 Propionibacterium ② 能够产生丙酸和细菌素,可以抑制 S. a 罗氏菌属 0.5829956-16.3580 Roseburia 可产生丁酸的益生菌,食物过敏患者的过敏的缓解。 链状双歧杆菌 Bifidobacterium cater 0.40.50838 *** ① 成人型哮喘可能会促进过敏炎症所特有 铜绿假单胞菌 0-0.05 Pseudomonas aeruginosa ② 感染也可能会引起过敏反应,感染可能 双歧杆菌属 1.7545796-35.5005 Bifidobacterium ③ 可以调节肠道免疫系统、减少过敏反应 乳杆菌属 0-0.4302374 Lactobacillus ③ 可以减轻食物过敏和湿疹等过敏症状、 粪杆菌属 1.9350868-17.79424 Faecalibacterium ③ 产生丰富的短链脂肪酸、如丙酸、丁酸 ② 建议:乳杆菌补充、亚麻籽、壳聚糖、 艾克曼氏菌 Akkermansia muciniphila ③ 调节肠道微生物群和短链脂肪酸预防过	物,减少过敏原物质的进 柿子糖(甜栗) ND aureus 或其他病原菌的增 6.33667 肠道中 Roseburia 的丰原 ND 的 Th2 偏向免疫反应。 0.04152	正常 曾殖,被认为具有 正常 實较低,通过摄食 正常	99% 抗过敏的作用,包括 10%	正相关 5对哮喘和 AD 的保 正相关	☆ 护作用。
 ● 建议:乳杆菌补充、亚麻籽、壳聚糖、 丙酸杆菌属 Propionibacterium ① 能够产生丙酸和细菌素,可以抑制 S. a 罗氏菌属 O.5829956-16.3580 ① 0.5829956-16.3580 ① 0.5829956-16.3580 ③ 应收益生菌,食物过敏患者的过敏的缓解。 链状双歧杆菌 Bifidobacterium cater 0.40.50838 **** *** *** *** *** *** *** *** *** *	MD Aureus 或其他病原菌的增 6.33667 Mi 中 Roseburia 的丰原 ND 的 Th2 偏向免疫反应。 0.04152	正常 曾殖,被认为具有 正常 實较低,通过摄食 正常	99% 抗过敏的作用,包括 10% 注干预或益生菌治疗 99%	正相关 舌对哮喘和 AD 的保 正相关 ,可以增加 Rosebu 正相关	★ 护作用。 ★ uria 的丰度,促进
Propionibacterium ① 能够产生丙酸和细菌素,可以抑制 S. a 罗氏菌属	aureus 或其他病原菌的增 6.33667 638 6.33667 肠道中 Roseburia 的丰原 ND 的 Th2 偏向免疫反应。 0.04152	遵殖,被认为具有有 正常 實较低,通过摄食 正常	抗过敏的作用,包括 10% 注干预或益生菌治疗 99%	活对哮喘和 AD 的保 正相关 ,可以增加 Rosebu 正相关	护作用。 ★ uria 的丰度,促进
 罗氏菌属 Roseburia 可产生丁酸的益生菌、食物过敏患者的	6.33667 肠道中 Roseburia 的丰原 ND 的 Th2 偏向免疫反应。 0.04152	正常 度较低,通过摄食 正常 正常	10% 计干预或益生菌治疗 99%	正相关 ,可以增加 Rosebu 正相关	★ uria 的丰度,促进
Roseburia 可产生丁酸的益生菌,食物过敏患者的过敏的缓解。 链状双歧杆菌 Bifidobacterium cater0+0.50838 *** ** ** ** ** ** ** ** **	MD ND	度较低,通过摄食 正常 正常	99%	,可以增加 Rosebu 正相关	uria 的丰度,促进
链状双歧杆菌 Bifidobacterium cater0+0.50838 *** 1 成人型哮喘可能会促进过敏炎症所特有 铜绿假单胞菌	的 Th2 偏向免疫反应。 0.04152	正常			*
铜绿假单胞菌	0.04152		-%	正相关	
Pseudomonas aeruginosa ③ 感染也可能会引起过敏反应,感染可能 双歧杆菌属			-%	正相关	
双歧杆菌属 Bifidobacterium 1.7545796-35.5005 Bifidobacterium 1 可以调节肠道免疫系统,减少过敏反应 乳杆菌属 Lactobacillus 1 可以减轻食物过敏和湿疹等过敏症状, 粪杆菌属 L9350868-17.79424 Faecalibacterium 2 产生丰富的短链脂肪酸,如丙酸、丁酸 建议:乳杆菌补充、亚麻籽、壳聚糖、 艾克曼氏菌 Akkermansia muciniphila	会导致过敏性支气管曲霉	病(ABPA)的发			*
1.7545/96-35.5005 Bifidobacterium 1 可以调节肠道免疫系统、减少过敏反应 乳杆菌属			过生,增加宿主患上;	过敏性疾病的风险。	
乳杆菌属 Lactobacillus ① 可以减轻食物过敏和湿疹等过敏症状、 娄杆菌属 1.9350868-17.79424 Faecalibacterium ① 产生丰富的短链脂肪酸,如丙酸、丁酸 ② 建议:乳杆菌补充、亚麻籽、壳聚糖、 艾克曼氏菌 Akkermansia muciniphila	0.03296 I	偏低	24%	负相关	***
D-0.4302374 Lactobacillus ③ 可以減轻食物过敏和湿疹等过敏症状、 粪杆菌属 1.9350868-17.79424 Faecalibacterium ③ 产生丰富的短链脂肪酸,如丙酸、丁酸 ④ 建议:乳杆菌补充、亚麻籽、壳聚糖、 艾克曼氏菌 Akkermansia muciniphila	。Bifidobacterium 可以	改善过敏症状,如	口哮喘和湿疹, 可以	进一步提高其对过每	数的保护作用。
粪杆菌属 1.9350868-17.79424 Faecalibacterium ① 产生丰富的短链脂肪酸,如丙酸、丁酸 ② 建议:乳杆菌补充、亚麻籽、壳聚糖、 艾克曼氏菌 0-6.6395 Akkermansia muciniphila	0.00660	正常	8%	负相关	***
1.9350868-17.79422 Faecalibacterium ① 产生丰富的短链脂肪酸,如丙酸、丁酸 ② 建议:乳杆菌补充、亚麻籽、壳聚糖、 艾克曼氏菌 Akkermansia muciniphila	可以通过降低食物中过敏	原的含量来减轻过	过敏症状。		
● 建议:乳杆菌补充、亚麻籽、壳聚糖、 艾克曼氏菌 Akkermansia muciniphila	28.86665	超标	99%	负相关	***
0-6.6395 Akkermansia muciniphila		我和免疫系统的正常	常功能,促进免疫系	· 统的平衡,减少过年	敢症状的发生。
调节肠道微生物群和短链脂肪酸预防过	0.00394	正常	45%	负相关	***
	敏,阻断免疫细胞的流入	、, 减轻病理, 降(低了炎症水平。		
阿克曼氏菌属 O-5.7984096 Akkermansia	0.00460	正常	44%	负相关	**
③ 减少多种炎症标志物,修复肠道,富含		其他富含类黄酮的食	食物,包括绿茶和红	茶可增高 Akk 水平	: ^o
拟杆菌属 1.0577624-47.32253 Bacteroides	多糖的蔓越莓提取物和其				**

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
经黏液真杆菌属 Blautia	0.0846204-6.9055608	10.17279	超标	75%	负相关	**
請 高丰度可能会导貸 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	**
争期母亲肠道微	生物中 Prevotella 的丰度增加	可以预防食物过敏	7,在食物过敏患	者中,Prevotella 的	的丰度较低。	
罗氏菌属 Roseburia	0.5829956-16.3580638	6.33667	正常	10%	负相关	**
6	生菌,食物过敏患者的肠道中	Roseburia 的丰度	度较低,通过膳食	干预或益生菌治疗	,可以增加 Rosebi	uria 的丰度,促进
		Roseburia 的丰度 ND	度较低,通过膳食 正常	于预或益生菌治疗。 99%	,可以增加 Rosebo 负相关	uria 的丰度,促进 ★★
i 过敏的缓解。 青春双歧杆菌 Bifidobacterium		ND	正常	99%	负相关	**
i 过敏的缓解。 青春双歧杆菌 Bifidobacterium	n adole: 0⇒14.286 中数量较少,缺乏可能导致免: ium 0–0.2086068	ND	正常	99%	负相关	**
i 过敏的缓解。 青春双歧杆菌 Bifidobacterium tic i 过敏儿童的肠道 Lachnoclostridi Lachnoclostridi	n adole: 0⇒14.286 中数量较少,缺乏可能导致免: ium 0–0.2086068	ND 疫系统的失调,使 0.17516	正常 食物过敏原更容	99% 易穿过肠道屏障,导	负相关 致食物过敏性的增	加。
i 过敏的缓解。 青春双歧杆菌 Bifidobacterium tic i 过敏儿童的肠道 Lachnoclostridi Lachnoclostridi	n adole:0::44.286 中数量较少,缺乏可能导致免; ium 0-0.2086068 um 可产生短链脂肪酸,减少	ND 疫系统的失调,使 0.17516	正常 食物过敏原更容	99% 易穿过肠道屏障,导	负相关 致食物过敏性的增	加。

抑郁相关菌

1 肠道菌群与抑郁症之间的关系正受到越来越多的关注。研究显示,肠道菌群的组成和多样性可能影响大脑功能和心理状态,某些肠道菌群失衡可能与抑郁症状的出现相关。通过调节肠道微生态,可能有助于改善抑郁症状。

▲ 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。但是,需要强调的是,这些菌群的丰度异常并不一定直接导致抑郁症状的发展。抑郁症的发生通常涉及遗传因素、环境压力、社会支持以及个体的生活方式等多重因素。
- 为了有效降低抑郁症的发生风险,建议您结合肠道菌群检测结果以及自身的心理状态、饮食习惯、锻炼情况等因素进行综合评估。如果出现持续的抑郁症状,应及时寻求专业心理医生或精神健康专家的建议和支持。

❸ 肠道菌群是如何影响抑郁的?

- 肠道菌群与抑郁之间的关系涉及多个机制,以下是一些主要方面:
 - 神经递质的合成: 肠道细菌能合成多种神经递质, 如血清素。这些神经递质在调节情绪和行为中扮演重要角色, 而 肠道菌群的失衡可能会导致这些物质的产生不足, 从而影响情绪。
 - **炎症反应**: 肠道菌群的失调可能导致局部和全身性炎症增加。炎症因子可以影响大脑功能,研究表明,慢性炎症与抑郁症的发生相关,肠道菌群的健康有助于维持低水平的炎症。
 - **肠-脑轴**: 肠道和大脑之间存在复杂的双向交流(肠-脑轴), 肠道菌群通过代谢产物和细菌信号影响脑功能。健康的菌群能够促进良好的心理健康, 而失调的菌群可能通过这一通路影响抑郁。
 - 微生物群多样性: 研究发现, 多样性较高的肠道菌群通常与较好的心理健康相关。相反, 低多样性的菌群与抑郁症 状存在关联, 表明肠道微生物的多样性可能是情绪健康的重要指标。
 - **生活方式因素**: 饮食、运动和压力管理对肠道菌群的组成具有显著影响,而这些因素也与抑郁症的风险密切相关。 健康的生活方式可以促进有益菌的增长,从而改善心理健康。

肠道菌群通过影响神经递质合成、炎症反应、肠-脑轴和生活方式等多个方面,对抑郁的发生具有重要影响。然而,个体差异(如遗传、生活习惯和环境)使得不同人群在抑郁症状出现时,肠道菌群的作用可能存在显著差异。

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	***
1 脱硫弧菌通过其	其代谢产物(如硫化氢)引发肠	道炎症、破坏肠-脑	新 轴信号。文献支	t持见 [Dsv1,Dsv2	, Dsv3].	
别样杆菌属 Alistipes	0.080658-18.1198662	0.00099 I	缺乏	15%	正相关	**
重要的肠道共生	E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	**
1 梭菌目是一类革	三兰氏阳性厌氧菌,通过肠-脑转	油影响神经递质和炎	症因子分泌, 其	(失衡可直接导致睡	眠质量下降和失眠症	E状 。
埃希氏菌属 Escherichia	0–3.83	0.14296	正常	6%	正相关	**
1 产生短链脂肪酸	2,参与胆固醇代谢,具有抗炎	作用,可能影响睡时	民。			
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 《、大蒜、香蕉等益生元食物,					果。
震颤杆菌属 Oscillibacter	0-3.1958	0.17179	正常	78%	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,可能是	影响睡眠。			
副拟杆菌属 Parabacteroide	0.1095448-8.7303488	0.00675	超标	9%	正相关	**
	自健康密切相关,参与多糖代谢 E的绿色蔬菜和水果,如菊苣、		选择发酵食品如酮	够奶和泡菜 ,并适度	减少精制碳水化合金	物的摄入。
放线菌属 Actinomyces	0-0.053911	0.01470	正常	52%	正相关	*
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	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	7,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 ●	是一类重要的革兰氏阴性厌氧菌	,其失衡可能与炎症	定反应、免疫调 ⁻	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	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	1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	关。					
副拟杆菌属 Parasutterella	0.0-0.8235	0.33869	缺乏	99%	正相关	*
与肠道健康密切相	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	注 。					
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	夭菌 0.0-2.7653	5.12041	超标	16%	负相关	***
促进肠道健康, ₹貸	可能影响代谢。					
粪杆菌属 Faecalibacteriur	1.9350868–17.7942438	28.86665	超标	99%	负相关	**
具有双相情感障碍●	得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	**
i 通过上调海马体中	中的 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 能帮助产生短链胎	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	*
1 产生益生元和短针	链脂肪酸,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	*
5 与降低血清清蛋白	白有关。					
普雷沃氏菌属 Prevotella	0.0-67.800896	0.04290	正常	50%	负相关	*
i Prevotella 与多科	钟神经递质的产生有关,如 γ	-氨基丁酸(GABA)和色氨酸等。			

▲ 解读:

文献支持

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. The gut microbiome and depression: a systematic review.

Dinan, T. G. et al. | Psychosom Med **80**, 1–10 | (2018)

3. Faecalibacterium prausnitzii: a key player in gut health and disease.

Miquel, S. et al. | Front Microbiol 7, 1–10 | (2016)

4. Probiotics and prebiotics in mental health: a systematic review.

Sarris, J. et al. \mid Nutritional Neuroscience 20, 1–10 \mid (2017)

失眠相关菌

1 肠道菌群与失眠之间的关系正在受到越来越多的关注。研究表明,肠道微生态的健康状况与睡眠质量密切相关,特定的肠道菌群失衡可能会导致睡眠问题,从而导致失眠的发生。调节肠道菌群可能为改善睡眠提供新的途径。

▲ 特别注意:

- 在本报告中,与失眠相关的某些肠道菌群可能会出现异常水平。然而,这些菌群的丰富度异常并不一定直接导致失眠的发生。失眠通常是由多重因素引起的,包括心理压力、生活方式、环境因素和生理健康等。
- 为了改善睡眠质量,建议您结合肠道菌群检测结果和自身的生活习惯、作息规律、压力水平等因素进行综合评估。如果出现持续的失眠问题,应及时咨询专业医生或睡眠专家以获取有效的支持和建议。

◎ 肠道菌群是如何影响失眠的?

- 肠道菌群与失眠之间的关系涉及多个机制,以下是一些主要方面:
 - 神经递质的合成: 肠道细菌能合成多种神经递质, 如血清素和 γ-氨基丁酸 (GABA), 这些物质在调节情绪与睡眠中起到重要作用。肠道菌群的失衡可能导致这些神经递质的合成不足, 进而影响睡眠质量。
 - **炎症反应**: 肠道菌群的失调可能导致局部和全身性炎症的增加,炎症因子能够影响中枢神经系统的功能,进而影响睡眠模式。慢性炎症与失眠密切相关。
 - 微生物群多样性: 多样性较高的肠道菌群通常与更好的心理与生理健康相关,低多样性的菌群则可能与失眠症状的发生有关,显示肠道微生物的多样性可能是睡眠健康的一个指标。
 - **肠-脑轴**: 肠道与大脑之间的双向联系(肠-脑轴)使得肠道菌群通过代谢产物和信号分子影响脑功能和情绪,改变睡眠模式。
 - 生活方式因素: 饮食、运动及压力管理等生活方式因素显著影响肠道菌群的组成, 从而间接影响睡眠质量。健康的生活方式有助于促进睡眠。

肠道菌群通过影响神经递质合成、炎症反应、肠-脑轴及生活方式等多个方面,对失眠的发生起到重要作用。然而,不同个体的肠道菌群组成受遗传、环境和生活习惯等多种因素影响,因而每个人在失眠问题上可能表现出不同的敏感性。

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
拟杆菌属 Bacteroides	1.0578–47.3225	0.08974 I	偏低	2%	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。			
梭菌目 Clostridiales	6.2649-69.865	87.70725	超标	90%	正相关	***
	兰氏阳性厌氧菌,通过肠 以多吃富含膳食纤维的绿色					
经黏液真杆菌属 Blautia	0.0846204-6.9055608	10.17279	超标	75%	正相关	**
 经黏液真杆菌属 	是肠道关键菌种,通过神经	递质和炎症调节,可	直接影响褪黑激	素分泌,导致失眠和	口睡眠质量下降。	
	. 大蒜、香蕉等益生元食物					

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
梭菌属 Clostridium	0-4.4645924	1.90370	正常	67%	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。			
链球菌属 Streptococcus	0-0.3495704	0.31690	正常	13%	正相关	**
产生丁酸,抗炎	,维持肠道健康,可能与睡眠	民质量相关。				
龙包茨氏菌属 Romboutsia	0-0.021404	0.01546	正常	73%	正相关	*
1 龙包茨氏菌属是	一类重要的革兰氏阴性厌氧菌	菌, 其失衡可能与炎	症反应、免疫调	节和代谢紊乱密切相	美。	
普雷沃氏菌属 Prevotella	0–67.8009886	0.04290	正常	50%	正相关	*
1 代谢碳水化合物	,产生短链脂肪酸,与多种肌	汤 道疾病相关,可能	影响睡眠。			
粪杆菌属 Faecalibacteriu	1.9350868–17.7942438 m	28.86665	超标	99%	负相关	***
	健康密切相关,参与多糖代证的绿色蔬菜和水果,如菊苣、		2.4.1.2.4.2.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.1.	酚加和海蒂 光迁属	F)法小特制型业化人	ŀ/m τι/1-₹ΕΙ. `\
➡ 級八畠召鈕土儿	的绿色疏来相小米,如紫色、	人称、	匹 拜及	致别和他来,开迫反	上侧少相 削	初的放入。
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	质量相关。				
长双歧杆菌 B. longum	0-6.854	0.01861	正常	99%	负相关	**
1 产生短链脂肪酸	,参与胆固醇代谢,具有抗药	於作用,可能影响睡	眠。			
Lachnoclostrid i	0 0 2086068	0.17516	正常	8%	负相关	**
			与睡眠质量相关			

解读:

文献支持

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

③ 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

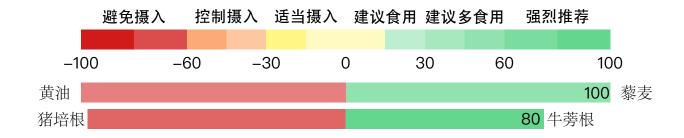
- 基于您的肠道菌群构成、营养状况和疾病风险进行综合评估
- 计算每种食物的营养构成与您当前营养状况的匹配程度
- 考虑特定疾病需要避免的食物
- 正分值表示建议增加摄入, 负分值表示建议减少摄入
- 对于营养缺乏的成分,含该营养较高的食物会获得更高的推荐分值

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

⑤ 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

1 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 I	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

1 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
桃	80	128	1	0	6	0	2	0
梅	-76	117	4	1	72	0	6	0
枇杷	82	121	1	0	9	0	2	0
杏子	-11	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	76	0	0	10	0	2	0
橙		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	37	255	1	0	14	0	3	0
猕猴桃	-34	255	1	0	14	0	3	0
葡萄	40	197	0	0	9	0	0	0
西瓜	89	146 3 46	0	0	10 18	0	0	0
石榴 红苹果	-2	247	0	0	18	0	2	0
芒果	<u>-70</u>	250	0	0	14	0	1	0
苹果	-2	218	0	0	13	0	2	0
苹果汁	<u>-64</u>	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	181	1	0	9	0	5	0
ᅶᇚ	78	<u> </u>			45			

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



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	2	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

本部分会列出在您肠道中实际检测出的肠道细菌,真菌和真核生物。

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

物种名称	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

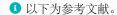
① 在肠道菌群中,除主要的细菌外,还存在少量真核微生物(包括寄生虫等)。以下表格列出了在您肠道中丰度最高的 25 种真核生物,按检测丰度从高到低排序。

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
间日疟原虫 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



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)

 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)
```