

# 报告阅读指南

本宏基因组报告旨在为您提供肠道微生物群落的全面分析与深入理解。以下内容涵盖了宏基因组的基本概念、技术解析和注意事项。

## 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（包括细菌、古菌、真菌和病毒等）的遗传物质（DNA）进行分析与研究的领域。宏基因组分析提供了更为详尽和全面的微生物谱系信息，能够揭示真菌和病毒的存在，并识别毒理和耐药基因。而16S rRNA则在样本积累和数据库支持方面更为丰富，主要集中于分类学信息的分析。

**特别注意：**本报告采用高通量测序技术对肠道菌群进行宏基因组检测，并利用大数据和人工智能技术对各项指标进行评估。以下是您阅读报告前需注意的事项：

- 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。

- 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。

- 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。

- 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。

# 宏基因组检测报告

姓名

张三

性别

女性

年龄

5岁5个月

样本编号

681364179

报告日期

2025-02-11

## 健康总分



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。

## 菌群健康

73/100

肠道菌群多样性良好

## 慢病控制

81/100

慢性疾病风险较低

## 营养均衡

80/100

营养摄入基本均衡

## 肠道年龄

5岁5个月

实际年龄

50岁

肠道年龄

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

类型 A (您的类型)



拟杆菌型

类型 B



普雷沃氏菌型

类型 C



厚壁菌型

# 健康总分解读

① 健康总分的满分为100分。在评估健康总分时，综合了三个部分：肠道菌群健康状况、疾病风险情况和营养均衡饮食情况综合评估计算，并采用扣分制，具体包括因疾病风险、营养不均衡和菌群失衡等因素而导致的相应减分。

- 常见的健康分数范围：20分-90分
- 人群平均健康得分：75分
- 数据库中最高健康得分：93分

## 您的健康总分

您的健康状况良好，仍有提升空间

78 /100 良好

## 三项分值的标准



90-95分	表明极好的健康状况，菌群和营养都非常均衡。
70~80分	属于健康状态，但是需要注意调整不良的生活方式和注意营养饮食均衡。
50~60分	表明存在个别疾病高风险或较多疾病提示注意，已有慢性疾病状态，需要针对性检查和治疗，此外生活方式也可能存在不良状态。
40~50分	表明至少有一项疾病处于高风险状况，整体健康状况不佳，请进行医疗检查并马上纠正生活方式。
低于40分	表明有多项疾病风险或某种疾病程度较为严重，强烈建议进行复查或进行治疗。

# 肠道年龄解读

● 肠道预测年龄是基于超过 6 万人群队列的深度学习模型构建的，通过识别每个年龄段的核心和标志性菌群特征进行分析预测。伴随年龄的变化肠道菌群也会相应的改变，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。例如，

- 肠道年龄远小于生理年龄：可能意味着菌群发育滞后。
- 肠道年龄远大于生理年龄：可能意味着菌群多样性下降或致病菌增多。

肠道年龄

4.9 岁

## 不同年龄段的正常偏差范围

### 0-2岁儿童

偏差小于3个月

这个阶段是肠道菌群发育的初始阶段，菌群组成随着婴儿的成长和饮食变化而迅速变化。

### 3-5岁儿童

偏差在6个月以内

幼儿期肠道菌群逐渐稳定，但仍然受饮食和环境因素影响较大，比婴儿期更稳定。

### 6-15岁儿童

偏差在1岁左右

学龄期和青春期前的儿童肠道菌群结构更加稳定，但仍在不断发育完善。

### 16-50岁人群

正常偏差在3岁以内

成年期肠道菌群相对稳定，但工作压力、生活方式和饮食习惯的变化仍会影响菌群结构。

### 50岁以上

正常偏差在5岁以内

在正常偏差内年轻差异可以理解为年轻或衰老，超出正常偏差的年龄无论超过或低于都可能是菌群异常或健康状况不佳。

### 80岁以上

特殊情况

高龄期肠道菌群特征独特，参考数据主要来自长寿人群的样本。肠道年龄通常不宜意味着衰老，因为高龄队列主要来自长寿老人的样本。

# 肠道整体评估

① 本部分总结了您本次肠道菌群检测的整体关键指标，主要涵盖以下两个核心维度：

• **肠道基础功能：**评估肠道的基本生理功能，包括：

- 蛋白质发酵能力：测定肠道中细菌对蛋白质的发酵和利用能力，反映肠道微生物的代谢功能。
- 消化吸收效率：评估肠道对营养物质的消化与吸收能力，影响整体营养状态。
- 肠道产气情况：监测肠道气体的生成量，过量气体可能提示消化不良或肠道菌群失衡。
- 肠道屏障完整性：评估肠道粘膜的健康状况，影响体内物质的吸收和免疫反应。
- 肠道炎症状态：评估肠道内的炎症反应，可能与各种消化系统疾病关联。

• **肠道菌群整体：**评估肠道菌群的整体功能状态，包括：

- 菌种数量：反映肠道中微生物菌种的多样性，多样性越高，通常代表健康的肠道环境。
- 菌群多样性：评估不同类型菌群的存在比例，有助于判断肠道生态平衡。
- 肠道菌群平衡：分析有益菌与有害菌的比例，维持平衡对健康至关重要。
- 菌群恢复力：衡量菌群在遭受外部干扰后恢复到正常状态的能力，表示肠道的抗压能力。
- 有益菌和有害菌的比例：评估有益菌（如乳酸菌）与有害菌（如病原菌）的相对数量，直接影响健康。
- 革兰氏阴性菌和好氧菌的分布：分析不同类别细菌的比例，帮助了解肠道生态及其对健康的影响。

② 理想且健康的肠道状态是怎样的？

👉 理想而健康的肠道不仅依赖于合理、丰富且平衡的菌群构成，还需要具备完善的基础功能。这些功能和菌群状态相辅相成，共同维系肠道的健康与稳定。

# 肠道基础功能评估

● 下列各项评估了您的肠道的基础生理功能。

肠道基础功能项目	参考范围	评估数值	结果评价
<b>蛋白发酵</b> Protein fermentation	0-70	35	正常
● 过高表示大量蛋白质未在小肠充分吸收进入结直肠，引发肠道菌群的蛋白质代谢，需要调整蛋白摄入方式。			
<b>消化效率</b> Digestive Efficiency	25-100	99	正常
● 综合评估菌群对多种营养物质的消化效率和利用率，过低通常存在消化不良。			
<b>肠道产气</b> Intestinal Gas Production	0-70	51	正常
● 过高表示菌群具有很高的产气水平，可能会引发消化道症状，异常需要适度控制高产气食物和调整菌群。			
<b>肠道屏障</b> Intestinal Barrier	25-100	21 ↓	屏障破坏
● 评估菌群参与的肠道屏障水平，肠道屏障帮助抵御病原感染和炎症或过敏。			
<b>肠道炎症</b> Intestinal Inflammation	0-75	17	正常
● 反映肠道内炎症水平，过高可能伴随感染或消化道症状，长期慢性炎症也会诱发代谢和其他疾病。			
<b>代谢健康</b> Metabolic health	25-100	49	正常
● 评估与代谢健康相关的水平，包括血糖和代谢综合征，一般肥胖、糖尿病或缺乏运动会偏低。			
<b>草酸盐代谢</b> Oxalate metabolism	25-100	9 ↓	草酸累积
● 过低表明菌群转化草酸盐的能力不足，可能会导致草酸钙积累引发肾结石，建议控制高草酸食物摄入或焯水后食用。			

# 肠道菌群整体评估

● 下列各项对您的肠道菌群进行了整体性评估。

肠道菌群整体项目	参考范围	评估数值	结果评价
<b>菌种数量</b> Gut microbial count	200-2500	4353 ↑	数量异常
		● 菌种数量，随发育增加，过低说明菌群多样性太低，过高表明存在较多非肠道常见菌，可能有感染。	
<b>菌群平衡</b> Gut microbiota balance	15-100	24	正常
		● 过低表明存在菌群失衡，正常肠道菌群占比过低，部分机会致病菌或病原菌过高，益生菌缺乏。	
<b>菌群恢复力</b> Gut microbial resilience	25-100	12 ↓	菌群不稳定
		● 高表示抗生素使用后整个菌群更易恢复回使用前的状态，低表示菌群构成很容易发生变化。	
<b>生物膜形成</b> Biofilm Formation	0-0.5	0	正常
		● 高表示菌群具有较强的生物膜形成能力。	
<b>有益菌</b> Beneficial bacteria	16-100	20	正常
		● 包括双歧杆菌、乳杆菌、粪栖杆菌、AKK菌等有助于肠道健康的菌，不仅仅是益生菌。	
<b>有害菌</b> Pathogenic bacteria	0-84	15	正常
		● 机会致病菌和病原菌，过高表示可能存在病原菌过多或消化道感染的风险。	
<b>革兰氏阴性菌</b> Gram-negative bacteria	0-0.4	0	正常
		● 肠道菌群主要以阳性菌为主，阴性菌一般是病原菌较多。	
<b>好氧菌</b> Aerobic bacteria	0-0.3	0	正常
		● 肠道菌群绝大部分厌氧，出现好氧菌过多一般也是病原菌入侵或肠道菌群紊乱的情况。	

# 肠道细菌

● 肠道微生物主要由肠道细菌组成，人体肠道中存在数千种细菌，总数量可达数十万亿个。健康成年人的肠道细菌主要分为厚壁菌门（Firmicutes）、拟杆菌门（Bacteroidetes）、放线菌门（Actinobacteria）和变形菌门（Proteobacteria），其中厚壁菌门和拟杆菌门占据了90%以上的比例。评估肠道菌群时，我们可以从丰度和菌群特性两个维度入手，这两者的结合有助于深入理解不同菌属在肠道微生态中的重要性和分布特征。

## 肠道菌群细菌分类体系

### 按菌群丰度

#### 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。

### 按菌群特性

#### 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。

#### 有害菌

有害菌通常是指那些在肠道中可能对宿主产生负面影响的细菌，这些细菌可能会干扰肠道平衡，导致消化问题，或促进肠道炎症。

#### 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。

#### 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

核心菌属是指在肠道菌群中相对丰度较高、对生理功能具有重要作用的优势菌群。它们在维持肠道健康、参与营养物质代谢和调节免疫系统等方面发挥着主导作用，构成了肠道微生态系统的基石。主要的核心菌属包括拟杆菌属（Bacteroides）、普雷沃氏菌属（Prevotella）和瘤胃球菌属（Ruminococcus）等。在正常情况下，这些菌群能帮助消化纤维、产生短链脂肪酸，维持肠道屏障功能。此外，核心肠道菌属还在合成维生素、促进矿物质吸收和抑制病原菌生长中发挥重要作用。它们通过与肠道内的免疫系统相互作用，增强机体的免疫反应，抵御外界的病原体侵袭。因此，保持核心菌属的平衡与多样性是维护肠道健康的关键。对于饮食和生活方式的调整，能够有效影响这些核心菌属的构成，从而促进整体健康。

- 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。
- 核心菌属及有益菌累加占总肠道菌群比例低于60%的可能出现肠道菌群紊乱。
- 在本报告中，菌群的检测为ND意味着该菌群未检出，或该菌群的丰度低于检测的最低限度。

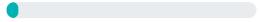
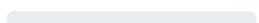
核心菌名称	检测丰度%	参考范围%	有%的正常人检出
梭菌属 Clostridium	3.42735	0-4.464	99.52%
 <p>① 多导致人体炎症、致病，导致菌群失衡，产丁酸，肥胖人群丰度较高，参与胆汁酸代谢，对抗艰难梭菌，参与纤维素、花青素以及蛋白质分解</p>			
普雷沃氏菌属 Prevotella	0.77514	0-67.8009	99.52%
 <p>① 核心菌，健康的植物性饮食相关菌，在自闭症、多发性硬化中减少；丰度高促炎，加剧过敏、刺激肠道敏感加剧IBS症状，基础丰度高更容易减脂</p>			
瘤胃球菌属 Ruminococcus	1.09747	0.0544-19.7985	99.52%
 <p>① 消化抗性淀粉、纤维素，丰度高促进肠炎和过敏相关疾病，高盐动物饮食增加有害Ruminococcus gnatus，水果蔬菜增加有益Ruminococcus bromii</p>			
拟杆菌属 Bacteroides	31.69567	1.0578-47.3225	99.04%
 <p>① 基石菌，消化蔬菜和谷食，蛋白，降解复杂多糖，交叉喂养关键菌，维持免疫和肠道稳态，维生素K的主要合成菌，预防骨质疏松症，过高过低都会诱发炎症</p>			
优杆菌属 Eubacterium	1.19242	0.1146-9.4883	98.56%
 <p>① 基石菌，产短链脂肪酸尤其丁酸，有助于肠道健康，降解胆固醇、调节餐后血糖、预防肠道炎症、改善自闭抑郁、缓解II型糖尿病、肥胖个体较高</p>			

<b>Lachnoclostridium</b>	0.15387	0-0.2086	98.56%
Lachnoclostridium  ① 丁酸，与内脏脂肪积累相关，与肥胖、高血压、糖尿病正相关，与肠道炎症、肠癌和阿尔茨海默病进展有关，调节免疫和抗氧化，与营养消化吸收有关，抗肿瘤与预后生存延长有关，桥本和肌肉减少症中偏少			
<b>粪杆菌属</b>	4.82055	1.9351-17.7942	98.08%
Faecalibacterium  ① 基石菌，丁酸生产菌，下一代益生菌，抗炎，慢性便秘、乳糜泻、肠易激综合征和炎症性肠病中减少，维持肠道稳定，抑制病原菌，与拟杆菌，青春双歧杆菌等交叉喂养，生产B12，缓解过敏，改善肝脏健康，蓝莓蔓越莓等可以增加其丰度，过多也会导致菌群紊乱			
<b>经黏液真杆菌属</b>	0.45735	0.0846-6.9056	97.60%
Blautia  ① 消化复合碳水化合物，健康菌，偏低与炎症肠病，营养不良相关，减肥有效菌，缓解炎症性疾病和代谢疾病，抑制病原菌，老年，氟喹诺酮和克林霉素饮酒会减少，参与类黄酮，姜黄素生物转化			
<b>戴阿利斯特杆菌属</b>	2.70041	0-3.7365	96.15%
Dialister  ① 代谢碳水化合物、产短链脂肪酸，许多种都可能导致感染，但是抑郁症患者缺乏，关节炎患者富集，与强直性脊柱炎正相关，癌症患者样本中显著升高，丰度高难以减肥，油炸食品会增加其丰度			
<b>罗氏菌属</b>	0.46025 ↓	0.583-16.3581	96.15%
Roseburia  ① 基石菌，产丁酸，丙酸，乙酸，影响结肠运动，具抗炎特性，分解不可消化的碳水化合物，百岁老人富集，抗炎，IBD和IBS，直肠癌，代谢类疾病患者减少，与神经，免疫，过敏相关，缺乏加剧疾病，过多也会导致菌群紊乱，与会碳水化合物会促进其生长，例如蘑菇，燕麦，青香蕉等  💡 改善建议：地中海饮食、植物性食物、全谷物、豆类和坚果、蘑菇、燕麦、几丁质、菊粉、膳食多酚			
<b>直肠真杆菌属</b>	0.00025	0-8.6328	95.67%
Agathobacter  ① 可利用抗性淀粉，个别研究报道与结直肠癌预后恢复，抑郁症康复有关			
<b>吉米菌属</b>	0.04132	0.0038-0.973	95.67%
Gemmiger  ① 健康饮食，高果蔬、谷物及豆类饮食含量高，与雄激素分泌相关，缓解便秘，与脂肪堆积分布负相关，双相情感障碍和抑郁，阿尔兹海默症患者丰度降低，早期肝癌丰度富集			
<b>副拟杆菌属</b>	0.43318	0.1095-8.7303	95.19%
Parabacteroides  ① 帮助糖脂代谢，改善高脂影响，产生强大的降解酶，参与胆碱代谢，顺产宝宝和长寿老人肠道丰富，过多会导致菌群紊乱，过敏性鼻炎患者增加，生酮饮食、铁皮石斛，玉米纤维可增加其丰度			
<b>另枝菌属</b>	0.03312 ↓	0.0807-18.1199	91.83%
Alistipes  ① 耐胆汁酸菌，丙酸，乙酸生产者，参与腐败途径产生氨、H2S、甲酚、吲哚和苯酚，诱发结直肠癌，肝纤维化，心房颤动，自闭症患者减少，抑郁，焦虑患者增加，丰度增加可能与 GABA 的增加相关  💡 改善建议：高脂饮食、动物性饮食、高糖饮食和肥胖、高蛋白饮食、咖啡酸和白藜芦醇			

<b>毛螺菌属</b> Lachnospira	3.14439	0.0347-8.6596	88.94%
<b>●</b> 基石菌，发酵代谢膳食纤维，利用果蔬果胶产生乙酸，丁酸，与睡眠质量呈负相关，过少与多种疾病相关，哮喘、过敏、认知障碍、系统性红斑狼疮、甲状腺功能亢进、II型糖尿病相关			
<b>考拉杆菌属</b> Phascolarctobacterium	0.00017	0-3.7492	88.94%
<b>●</b> 东方人肠道的核心菌属，高易减肥，与水果蔬菜摄入相关，随年龄增加，在重度抑郁、阿尔茨海默病(AD)、自闭症富集，利用琥珀酸的细菌缓解腹泻，阻止艰难梭菌定植，低聚果糖会降低其丰度，与拟杆菌，颤螺菌属共存有利于维生素B的生产，可能与免疫疗效相关			
<b>巨单胞菌属</b> Megamonas	0.00030	0-0.6916	87.50%
<b>●</b> 发酵各种碳水化合物、产乙酸、丙酸、乳酸，自闭症谱系障碍、注意缺陷、多动障碍（ADHD）急性脑卒中（AIS）较对照增高，减少与虚弱，炎症肠病，营养不良有关，饮食中豆类，玉米，马铃薯，鸡肉，牛肉会增加			
<b>粪球菌属</b> Coprococcus	0.13605	0.0826-9.4195	86.06%
<b>●</b> 可产丁酸，抑制免疫反应，降低过敏，抑郁、帕金森、认知障碍便秘，慢性肾病、虚弱者减少，过多导致菌群紊乱，与体重、总胆固醇和甘油三酯的变化呈正相关			
<b>双歧杆菌属</b> Bifidobacterium	0.03910 ↓	1.7546-35.5006	97.12%
<b>●</b> 最重要的益生菌属，基石菌，维持肠道菌群平衡，合成B族维生素，γ-氨基丁酸 (GABA)，产乙酸，有机酸、抗菌肽抑制病原菌，抗感染，提高免疫，抗肿瘤，多种疾病发生和进展期丰度减少，交叉喂养菌，丰度高体重较轻，过高会导致菌群紊乱 <b>◆ 改善建议：</b> 益生菌补充、发酵食品、低聚果糖，抗性淀粉，白藜芦醇、镁、绿茶、杏仁、岩藻多糖、大麦、菊芋、阿拉伯木聚糖、菊粉、减少饮酒			
<b>乳杆菌属</b> Lactobacillus	0.00222	0-0.4302	91.83%
<b>●</b> 婴幼儿较多，益生菌，消化和代谢蛋白质和碳水化合物，合成B族维生素和维生素K，分解代谢胆汁盐，改善消化缓解过敏，增强免疫，抑制炎症，降低胆固醇，抗菌，丰度过高体重增加，也有机会病原体，过高会导致菌群失调			
<b>芽孢杆菌属</b> Bacillus	ND ↓	0.0001-0.5535	77.88%
<b>●</b> 革兰氏阳性菌，自闭症儿童显著较高，可能与短链脂肪酸较高有关，部分菌种有益（例如，枯草芽孢杆菌，凝结芽孢杆菌，克劳氏芽孢杆菌），部分条件致病菌（蜡样芽孢杆菌，炭疽杆菌），过多致病，导致菌群失衡 <b>◆ 改善建议：</b> 母乳低聚糖			

# 其他非核心重要菌属

● 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。

其他非核心重要菌属名称	检测丰度%	参考范围%	%正常人有检出
<b>柯林斯氏菌属</b> Collinsella	<b>0.08444</b>	0-9.1529	90.38%
			
	<p>● 产气菌，与脂质代谢及心脑血管相关，过多可导致菌群紊乱，部分病原菌</p>		
<b>嗜胆菌属</b> Bilophila	<b>ND</b>	0-0.1545	66.83%
			
	<p>● 条件致病菌，与耐胆汁酸与脂肪摄入相关，便秘人群含量更高</p>		
<b>Flavonifractor</b> Flavonifractor	<b>1.20181 ↑</b>	0-0.7285	91.83%
			
	<p>● 参与肠道儿茶素代谢，减轻免疫反应，产丁酸 ⚠ 改善建议：乳杆菌补充、亚麻籽、小麦、胆汁（酸）</p>		
<b>Dorea菌属</b> Dorea	<b>0.19186</b>	0.0581-5.212	89.42%
			
	<p>● 消化碳水化合物产气，自闭症谱系障碍发病相关</p>		
<b>Hungatella</b> Hungatella	<b>0.1054 ↑</b>	0-0.027	89.42%
			
	<p>● 参与生成氧化三甲胺和牛磺酸 ⚠ 改善建议：乳杆菌补充、双歧杆菌补充、白藜芦醇、低聚果糖</p>		
<b>颤螺菌属</b> Oscillospira	<b>ND ↓</b>	0.0033-0.5346	87.50%
			
	<p>● 基石菌、核心菌群，帮助消化抗性淀粉，产丁酸，并在大肠中发酵。与儿童过敏和肥胖呈负相关。 ⚠ 改善建议：开菲尔奶、低聚果糖、褐藻糖胶和低聚半乳糖、豌豆、马铃薯、多酚、绿茶多酚、辣椒素、蔓越莓、地中海饮食、杏仁</p>		
<b>枸橼酸杆菌属</b> Citrobacter	<b>0.0593 ↑</b>	0-0.05	78.37%
			
	<p>● 常见菌，免疫力下降可能引发感染</p>		
<b>Akkermansia</b> Akkermansia	<b>8.31522 ↑</b>	0-5.7984	74.52%
			
	<p>● 基石菌，可降解淀粉，黏蛋白降解菌，可控制体重，改善代谢和炎症，过多导致肠粘膜屏障破坏。 ⚠ 改善建议：高蛋白饮食、低FODMAPs饮食、高脂饮食</p>		



# 常见有益菌

● 有益菌是指对宿主健康有积极影响的微生物，特别是在肠道内，有助于维持菌群平衡、促进消化和增强免疫力。下列是常见有益菌在您肠道中的检测情况。（中文名称后的符号表示：# 为益生菌； \* 为食品可添加菌；未标注特殊符号为对人体有益微生物；）

## ② 肠道有益菌是越多越好吗？

👉 肠道有益菌并不是越多越好，关键在于微生物的多样性与平衡：多样性：健康的肠道微生物群依赖于多样性，不同菌种间的相互作用有助于维持肠道功能和免疫系统。过度生长：虽然有益菌有助于消化和防病，但过多可能导致代谢问题或肠道不适。个体差异：每个人的肠道微生物群组成不同，适宜的有益菌数量因人而异。总之，保持有益菌的多样性和适宜数量是促进肠道健康的关键。

有益菌名称	检测丰度%	参考范围%
<b>嗜粘蛋白-艾克曼菌</b> Akkermansia muciniphila	89.09515 ↑	0-6.6395
<b>●</b> 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糖稳态，与宿主代谢健康密切相关。 <b>💡 改善建议：</b> 吃太好了		
<b>凝结芽孢杆菌 *</b> Bacillus coagulans	ND	0-0.001
<b>●</b> 革兰氏阳性芽孢杆菌，产生乳酸，耐高温和胃酸环境，具有益生特性，能促进消化健康，调节免疫功能，对肠易激综合征有改善作用。		
<b>枯草芽孢杆菌</b> Bacillus subtilis	0.00303 ↑	0-0.001
<b>●</b> 广泛分布于土壤的革兰氏阳性芽孢杆菌，能产生多种抗菌物质，促进消化酶分泌，增强免疫功能，维持肠道菌群平衡，常用作益生菌制剂。 <b>💡 改善建议：</b> 调整饮食结构，增加膳食纤维摄入。		
<b>多形拟杆菌</b> Bacteroides thetaiotaomicron	0.03866	0-2.7856
<b>●</b> 厌氧革兰氏阴性菌，在肠道微生物组中占主导地位，参与复杂多糖降解，产生短链脂肪酸，影响宿主免疫系统发育，维护肠道屏障功能。		
<b>青春双歧杆菌 *</b> Bifidobacterium adolescentis	0.01061	0-14.286
<b>●</b> 厌氧革兰氏阳性菌，是成人肠道中常见的双歧杆菌种类，能分解复杂碳水化合物，产生乳酸和乙酸，维持肠道pH值，抑制有害菌生长。		

<b>角双歧杆菌</b> <i>Bifidobacterium angulatum</i>	ND	0-0.15257
① 厌氧革兰氏阳性菌，能代谢多种碳源，产生短链脂肪酸，调节肠道免疫功能，降低肠道炎症反应，促进肠道健康。		
<b>动物双歧杆菌 #</b> <i>Bifidobacterium animalis</i>	ND	0-0.18833
① 耐氧厌氧革兰氏阳性菌，具有较强耐酸性，能代谢多种寡糖，缓解便秘症状，增强肠道屏障功能，降低肠道病原菌感染风险。		
<b>两歧双歧杆菌 #</b> <i>Bifidobacterium bifidum</i>	0.00547	0-2.1225
① 主要定植于人体肠道的革兰氏阳性菌，能降解黏蛋白，产生乳酸和乙酸，促进肠道屏障功能，增强免疫系统，降低过敏风险。		
<b>短双歧杆菌 #</b> <i>Bifidobacterium breve</i>	0.00084	0-0.001
① 厌氧革兰氏阳性菌，是婴幼儿肠道中优势菌种，能利用多种碳水化合物，产生乳酸和乙酸，维持肠道菌群平衡，促进肠道健康。		
<b>链状双歧杆菌</b> <i>Bifidobacterium catenulatum</i>	0.00029	0-0.50838
① 厌氧革兰氏阳性菌，能分解多种碳水化合物，产生抗氧化物质，维持肠道微生态平衡，减少肠道有害菌群，促进肠道健康。		
<b>乳双歧杆菌 #</b> <i>Bifidobacterium crudilactis</i>	ND	0-0.001
① 厌氧革兰氏阳性菌，主要存在于乳制品中，能降解乳糖和半乳糖，耐酸性强，调节肠道菌群，增强肠道屏障功能。		
<b>婴儿双歧杆菌</b> <i>Bifidobacterium infantis</i>	ND	0-0.001
① 厌氧革兰氏阳性菌，是婴儿肠道的优势菌种，能分解人乳寡糖，产生短链脂肪酸，维持肠道屏障完整性，预防婴儿肠道感染。		
<b>长双歧杆菌 #</b> <i>Bifidobacterium longum</i>	0.01169	0-6.854
① 厌氧革兰氏阳性菌，是人体肠道中最常见的双歧杆菌之一，能分解复杂碳水化合物，产生乳酸和乙酸，降低肠道pH值，抑制有害菌生长。		
<b>胃瘤双歧杆菌</b> <i>Bifidobacterium merycicum</i>	ND	0-0.001
① 厌氧革兰氏阳性菌，主要存在于反刍动物消化道，能分解植物纤维素，产生抗氧化物质，对消化系统健康有益。		
<b>穆卡拉巴双歧杆菌</b> <i>Bifidobacterium moukalabense</i>	ND	0-0.001
① 厌氧革兰氏阳性菌，与长双歧杆菌亲缘关系较近，能利用复杂碳水化合物，产生短链脂肪酸，维持肠道微生态平衡。		

**假长双歧杆菌** ND 0-0.001  
*Bifidobacterium pseudolongum*

① 厌氧革兰氏阳性菌，主要存在于动物消化道，能分解多种碳水化合物，产生抗菌物质，对宿主肠道健康有保护作用。

**分支双歧杆菌** ND 0-0.001  
*Bifidobacterium ramosum*

① 厌氧革兰氏阳性菌，形态特征为分枝状，能分解多种膳食纤维，产生有机酸，维持肠道酸碱平衡，抑制有害微生物生长。

**罗伊氏双歧杆菌 \*** ND 0-0.001  
*Bifidobacterium reuteri*

① 厌氧革兰氏阳性菌，能分解多种膳食纤维，产生抗菌物质，增强肠道免疫功能，改善肠道微生态环境。

**短柄双歧杆菌** ND 0-0.001  
*Bifidobacterium stellenboschense*

① 厌氧革兰氏阳性菌，来源于非洲野生动物肠道，能利用多种复杂碳水化合物，产生乳酸和乙酸，维持肠道健康。

**粪双歧杆菌** ND 0-0.001  
*Bifidobacterium stercoris*

① 厌氧革兰氏阳性菌，主要存在于人类粪便中，能降解多种碳水化合物，产生乳酸和乙酸，维持肠道菌群平衡，抑制病原菌生长。

**布劳特氏菌属氢营养菌** 0.00146 0-0.025629  
*Blautia hydrogenotrophica*

① 厌氧革兰氏阳性菌，能利用氢气和二氧化碳产生乙酸，参与肠道气体代谢，维持肠道微生态平衡，与宿主代谢健康密切相关。

**穗状丁酸弧菌** 0.00125 0-2.9334  
*Butyrivibrio crossotus*

① 厌氧革兰氏阴性菌，能发酵多种碳水化合物产生丁酸盐，为结肠细胞提供能量，维持肠道上皮完整性，减少肠道炎症反应。

**丁酸梭菌** 0.00025 0-0.001  
*Clostridium butyricum*

① 厌氧革兰氏阳性芽孢形成菌，产生丁酸，具有调节肠道菌群、抑制肠道病原菌、促进肠黏膜修复和增强肠道免疫功能的作用。

**霍氏真杆菌** 0.01015 0-3.5506  
*Eubacterium hallii*

① 厌氧革兰氏阳性菌，能将乳酸转化为丁酸，代谢胆汁酸，参与肠道微生物间交叉喂养，维持肠道菌群稳态，减少肠道炎症。

**直肠真杆菌** 0.04981 0-13.029  
*Eubacterium rectale*

① 厌氧革兰氏阳性菌，人体肠道中主要的丁酸盐产生菌之一，能降解多种碳水化合物，参与肠道微生物代谢网络，维持结肠健康。

<b>普拉梭菌</b> <i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	4.06378	0.18043-14.003
<b>●</b> 厌氧革兰氏阳性菌，人体肠道中主要的丁酸盐产生菌，具有抗炎、抗氧化特性，维持肠道屏障功能，被视为肠道健康的关键指标菌。		
<b>嗜酸乳杆菌 #</b> <i>Lactobacillus acidophilus</i>	ND	0-0.001
<b>●</b> 微需氧革兰氏阳性菌，能产生乳酸和抗菌物质，降低肠道pH值，抑制有害菌生长，增强肠道屏障功能，改善乳糖不耐症状。		
<b>短乳杆菌</b> <i>Lactobacillus brevis</i>	ND	0-0.001
<b>●</b> 异型发酵乳杆菌，耐酸耐胆盐，能产生抗菌肽和外多糖，具有抗氧化特性，促进肠道屏障功能，增强免疫系统。		
<b>干酪乳杆菌 *</b> <i>Lactobacillus casei</i>	ND	0-0.001
<b>●</b> 兼性厌氧革兰氏阳性菌，具有较高的胆盐和酸耐受性，能分解多种碳水化合物，产生乳酸，抑制肠道病原体，减轻过敏反应。		
<b>卷曲乳杆菌 *</b> <i>Lactobacillus crispatus</i>	ND	0-0.001
<b>●</b> 革兰氏阳性菌，主要定植于女性生殖道，能产生过氧化氢和乳酸，维持阴道酸性环境，抑制病原菌生长，预防泌尿生殖系统感染。		
<b>弯曲乳杆菌</b> <i>Lactobacillus curvatus</i>	ND	0-0.001
<b>●</b> 兼性厌氧革兰氏阳性菌，能在低温环境生长，产生乳酸和抗菌肽，广泛应用于发酵食品制备，具有延长食品保质期的作用。		
<b>德氏乳杆菌 #</b> <i>Lactobacillus delbrueckii</i>	ND	0-0.010302
<b>●</b> 革兰氏阳性菌，广泛应用于乳制品发酵，包括酸奶和奶酪制作，能产生乳酸，改善乳糖不耐受，增强肠道免疫功能，促进矿物质吸收。		
<b>发酵乳杆菌 *</b> <i>Lactobacillus fermentum</i>	ND	0-0.001
<b>●</b> 异型发酵乳杆菌，耐酸耐胆盐，能产生乳酸和抗氧化物质，具有抗菌特性，降低血清胆固醇，增强肠道屏障功能，促进免疫调节。		
<b>格氏乳杆菌 *</b> <i>Lactobacillus gasseri</i>	ND	0-0.001
<b>●</b> 革兰氏阳性菌，是人体肠道和生殖道的常驻菌，能产生乳酸和过氧化氢，抑制病原菌生长，减少肠道炎症，参与脂质代谢，促进体重管理。		
<b>瑞士乳杆菌 #</b> <i>Lactobacillus helveticus</i>	ND	0-0.001
<b>●</b> 革兰氏阳性菌，常用于奶酪发酵，具有较强的蛋白质水解活性，产生生物活性肽，具有降血压、抗氧化作用，改善睡眠，增强钙吸收。		

<b>约氏乳杆菌 *</b> <i>Lactobacillus johnsonii</i>	ND	0-0.001
① 革兰氏阳性菌，主要定植于小肠，能产生抗菌物质，增强肠道屏障功能，缓解过敏反应，抑制幽门螺杆菌，具有免疫调节作用。		
<b>副干酪乳杆菌 #</b> <i>Lactobacillus paracasei</i>	ND	0-0.001
① 兼性厌氧革兰氏阳性菌，耐酸耐胆盐，能产生多种抗菌物质，调节肠道菌群平衡，增强免疫功能，减轻肠道炎症，预防呼吸道感染。		
<b>植物乳杆菌 #</b> <i>Lactobacillus plantarum</i>	ND	0-0.001
① 兼性厌氧革兰氏阳性菌，耐酸耐胆盐，能产生多种抗菌物质，分解植物来源的多酚类化合物，增强肠道屏障功能，减少IBS症状，调节免疫功能。		
<b>罗伊氏乳杆菌 #</b> <i>Lactobacillus reuteri</i>	0.00276 个	0-0.001
① 兼性厌氧革兰氏阳性菌，能产生抗菌素(罗伊氏菌素)，抑制有害细菌，产生维生素B12，参与胆固醇代谢，维持口腔和肠道微生态平衡。		
<b>鼠李糖乳杆菌 #</b> <i>Lactobacillus rhamnosus</i>	ND	0-0.001
① 兼性厌氧革兰氏阳性菌，耐酸耐胆盐性强，能黏附于肠粘膜，产生抗菌物质，增强肠道屏障功能，减少湿疹和过敏，预防腹泻和呼吸道感染。		
<b>唾液乳杆菌 *</b> <i>Lactobacillus salivarius</i>	0.00048	0-0.001
① 革兰氏阳性菌，定植于口腔、肠道和阴道，能产生抗菌肽和有机酸，具有抗炎特性，抑制幽门螺杆菌生长，减轻结肠炎症状，改善口腔健康。		
<b>乳酸乳球菌 *</b> <i>Lactococcus lactis</i>	0.00025	0-0.041602
① 兼性厌氧革兰氏阳性菌，广泛用于乳制品发酵，产生乳酸和多种抗菌物质，如乳链菌素，抑制病原菌生长，增强肠道免疫功能，改善肠道菌群结构。		
<b>棉子糖乳球菌</b> <i>Lactococcus raffinolactis</i>	ND	0-0.001
① 兼性厌氧革兰氏阳性菌，能代谢多种碳水化合物，包括棉子糖，产生乳酸和芳香化合物，参与发酵食品制备，维持肠道微生态平衡。		
<b>台湾乳球菌</b> <i>Lactococcus taiwanensis</i>	ND	0-0.001
① 革兰氏阳性菌，首次从台湾地区分离，能产生乳酸和抗氧化物质，参与发酵过程，具有潜在益生功能，促进肠道微生态平衡。		
<b>草酸杆菌</b> <i>Oxalobacter formigenes</i>	ND	0-0.001
① 厌氧革兰氏阴性菌，专一性分解草酸盐，降低尿液中草酸浓度，减少肾结石形成风险，维持肠道微生态平衡，促进肾脏健康。		

<b>乳酸片球菌 *</b> <i>Pediococcus acidilactici</i>	ND	0-0.001
① 兼性厌氧革兰氏阳性菌，耐酸耐热，产生细菌素和乳酸，抑制多种病原菌和腐败菌，应用于食品保存和发酵，促进肠道健康，增强免疫功能。		
<b>戊糖片球菌 *</b> <i>Pediococcus pentosaceus</i>	ND	0-0.001
① 兼性厌氧革兰氏阳性菌，能发酵多种碳水化合物，包括戊糖，产生抗菌物质，应用于肉制品和蔬菜发酵，增强肠道屏障功能，调节免疫系统。		
<b>琥珀酸考拉杆菌</b> <i>Phascolarctobacterium succinatutens</i>	ND	0-2.4798
① 厌氧革兰氏阴性菌，利用肠道中的琥珀酸盐产生丙酸盐，参与肠道微生物代谢网络，维持肠道微生态平衡，与宿主代谢健康相关。		
<b>肠道罗斯拜瑞氏菌</b> <i>Roseburia intestinalis</i>	0.03853	0-4.8346
① 厌氧革兰氏阳性菌，主要产丁酸盐菌群之一，能降解复杂碳水化合物，产生丁酸，为结肠细胞提供能量，维持肠道健康，减少炎症反应。		
<b>食葡糖罗斯拜瑞氏菌</b> <i>Roseburia inulinivorans</i>	0.18695	0-2.7653
① 厌氧革兰氏阳性菌，能降解菊粉等膳食纤维，产生丁酸盐和丙酸盐，维持肠道屏障功能，调节胰岛素敏感性，减少代谢性疾病风险。		
<b>肉葡萄球菌 *</b> <i>Staphylococcus carnosus</i>	ND	0-0.001
① 兼性厌氧革兰氏阳性菌，不产生肠毒素，广泛应用于发酵肉制品生产，产生风味物质，抑制亚硝酸盐形成，具有食品安全促进作用。		
<b>小牛葡萄球菌 *</b> <i>Staphylococcus vitulinus</i>	ND	0-0.001
① 兼性厌氧革兰氏阳性菌，主要存在于动物皮肤和粘膜表面，能产生多种酶和抗氧化物质，参与皮肤微生态平衡维持，抑制病原菌定植。		
<b>木糖葡萄球菌 *</b> <i>Staphylococcus xylosus</i>	ND	0-0.001
① 兼性厌氧革兰氏阳性菌，能降解木糖等多种碳水化合物，应用于肉制品发酵，产生特殊风味物质，抑制脂质氧化，具有抗氧化作用。		
<b>嗜热链球菌 #</b> <i>Streptococcus thermophilus</i>	ND	0-1.0107
① 兼性厌氧革兰氏阳性菌，耐高温，广泛用于酸奶和奶酪制作，能产生乳酸和细菌素，改善乳糖不耐症状，增强肠道屏障功能，促进免疫调节。		

# 常见有害菌

肠道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。下列是17种常见肠道有害菌在您的肠道中的检测情况。（可以优先关注异常菌和其对应的改善方法）

## ② 肠道有害菌是越少越好吗？

肠道有害菌并不是越少越好。关键在于维持肠道微生物的平衡：适度存在：有害菌在一定数量下可以与有益菌竞争，并促进微生物生态的平衡。过度抑制风险：过度抑制有害菌可能会导致有益菌失衡，破坏微生物群落。健康维持：健康饮食和生活方式有助于控制有害菌的数量，保持整体肠道健康。总之，重要的是保持有益菌占主导，有害菌在可控范围内。

有害菌名称	检测丰度%	参考范围%	%正常人有检出
埃希氏菌属 Escherichia	5.94342 ↑	0-3.83	99.52%
<p>● 正常菌属，条件致病菌，过多致病，导致菌群失衡 ● 改善建议：乳杆菌补充、双歧杆菌补充、大麦、大蒜</p>			
链球菌属 Streptococcus	0.0483	0-0.3496	99.52%
<p>● 可引起化脓性炎症，个别菌为益生菌，常见皮肤，口腔，肠道，婴幼儿常见菌</p>			
韦荣菌属 Veillonella	0.00637	0-0.0086	98.56%
<p>● 过多导致菌群失衡，也见于口腔、咽部、呼吸道菌，健康口腔核心菌，幼儿常见影响早期免疫系统，代谢乳酸产生丙酸可以提供运动耐力，容易形成生物膜耐药，与过敏，哮喘负相关，可能影响几种癌症的发生，例如肝癌，肺癌</p>			
泛菌属 Pantoea	0.00498	0-0.05	0.02%
<p>● 属于变形菌门肠杆菌科，条件致病菌，环境土壤、水、植物常见菌，免疫力低下，幼儿和老年人常检出，过多导致菌群紊乱，炎症和感染</p>			
梭杆菌属 Fusobacterium	0.00087	0-0.05	80.29%
<p>● 聚合梭杆菌可诱发促进结直肠癌，产生脂多糖，代谢生成苯酚，引发感染和并发症，胃肠到肿瘤患者富集</p>			
志贺氏菌属 Shigella	0.43772 ↑	0-0.05	62.98%
<p>● 致病菌，引发腹泻等疾病，有不同的血清型，人类是该菌唯一宿主，粪口途径传播，通常与卫生条件差和食品安全有关 ● 改善建议：乳杆菌补充、双歧杆菌补充、大麦、乳清</p>			

<b>弯曲杆菌属</b> Campylobacter	0.00731	0-0.05	55.29%
<b>i</b> 人和动物条件致病菌，导致肠道疾病，常见肠胃炎和菌群紊乱，空肠弯曲杆菌会引起腹泻发烧，食物家养宠物都可能携带弯曲杆菌			
<b>克雷伯氏菌属</b> Klebsiella	0.19117 ↑	0-0.05	89.06%
<b>i</b> 条件致病菌，人群检出率较高，过高导致肠道菌群紊乱，在口腔和肠道均有分布，易引发感染炎症，耐药，易感因素包括营养不良，抗生素，开放性伤口，肠球菌属肝病肾病，不卫生的环境和遗传易感性等			
<b>⚠ 改善建议：乳杆菌补充、双歧杆菌补充、大麦、低聚果糖</b>			
<b>脱硫弧菌属</b> Desulfovibrio	0.03146	0-0.05	33.65%
<b>i</b> 属于变形菌门，产生硫化氢，导致炎症、腹泻，对肠道上皮具产生毒性，导致胃肠道疾病，约50%人的口腔和肠道携带，过多通常肥胖，便秘型肠易激综合征患者，帕金森，系统性硬化症患者富集，与普拉梭菌共存有利于丁酸生产			
<b>螺杆菌属</b> Helicobacter	0.00173	0-0.05	22.12%
<b>i</b> 革兰氏阴性菌，微需氧菌，该菌属一些菌种被发现在人类上消化道内壁，部分种为致病菌，与消化性溃疡、慢性胃炎、十二指肠炎、胃癌有关。包括幽门螺旋杆菌			
<b>弓形菌属</b> Arcobacter	0.00032	0-0.05	7.69%
<b>i</b> 好氧菌，腹泻致病菌，与河流海洋污染相关的潜在病原菌，人畜共患菌			
<b>厌氧螺菌</b> Anaerobiospirillum	ND	0-0.05	0.00%
<b>i</b> 引起腹泻，感染，常见于猫狗体内，过多会导致菌群紊乱			
<b>肠球菌属</b> Enterococcus	0.04472	0-0.05	81.25%
<b>i</b> 常见上呼吸道，口腔或肠道的常居菌，也分布在畜、禽养殖环境，饲料或肠道，抑菌调节肠道菌群，部分病原体引起菌血症，很多菌耐药，在肝癌，房颤患者中富集，锌缺会增加			
<b>奈瑟氏菌属</b> Neisseria	0.00733	0-0.05	46.15%
<b>i</b> 部分为人体病原菌，口腔，唾液，鼻腔，肺部正常菌，需氧，对干燥、热、消毒剂敏感，部分菌种产生内毒素LPS引起坏死、出血，微循环障碍，婴幼儿易检出			
<b>不动杆菌属</b> Acinetobacter	0.02147	0-0.05	45.19%
<b>i</b> 条件致病菌，医院感染病原体之一，尤其ICU，易引起呼吸道感染、泌尿道感染、创伤感染，累积不同耐药基因多种抗生素耐药，风险因素包括抗生素使用，人群接触，识别感染源，主动监测			

<b>假单胞菌属</b>	0.03203	0-0.05	45.19%
Pseudomonas			

● 属于变形菌们，环境广泛存在，代谢多变适应力强，好氧或微需，会导致感染和食物变质，医院获得性感染主要原因，免疫抑制个体和住院患者丰度增加，肠道定植会增加肺部感染风险，损伤肠道屏障，包括病原菌铜绿假单胞菌，消化道症状为腹痛、腹胀和腹泻，长时间住院、创伤ICU住院、消毒干预等与肠道假单胞菌过度生长有关

<b>霍尔德曼氏菌属</b>	0.23044 ↑	0-0.0003	29.33%
Holdemaniia			

● 肠道共生菌，降解黏蛋白，机会致病菌，少数研究表明与痛风正相关，帕金森，双向情感障碍患者富集

# 常见机会致病菌

常见的机会致病菌是那些通常不致病，但在特定条件下（例如宿主免疫力降低、伤口感染等）可以引起疾病的微生物。以下是一些常见的机会致病菌：

机会致病菌名称	检测丰度%	参考范围%
<b>鲍曼不动杆菌</b> Acinetobacter baumannii	0.01941	0-0.05
<b>醋酸钙不动杆菌</b> Acinetobacter calcoaceticus	ND	0-0.05
<b>约氏不动杆菌</b> Acinetobacter johnsonii	ND	0-0.05
<b>琼氏不动杆菌</b> Acinetobacter junii	ND	0-0.05
<b>鲁氏不动杆菌</b> Acinetobacter lwoffii	ND	0-0.05
<b>蜡样芽孢杆菌</b> Bacillus cereus	0.00133	0-0.05
<b>脆弱拟杆菌</b> Bacteroides fragilis	14.70456 个	0-1.8852
<b>普通拟杆菌</b> Bacteroides vulgatus	8.72459	0-20.066
<b>艰难梭菌</b> Clostridioides difficile	0.02834	0-0.05

<b>阴沟肠杆菌</b> Enterobacter cloacae	0.01254	0-0.05
人类肠道和污水中常见的革兰氏阴性菌，是住院患者泌尿系统感染和菌血症的机会致病菌		
<b>粪肠球菌</b> Enterococcus faecalis	0.00181	0-0.05
人类胃肠道共生菌，可引起心内膜炎、尿路感染和伤口感染，常表现抗生素耐药性		
<b>屎肠球菌</b> Enterococcus faecium	0.03882	0-0.05
肠道共生菌，可引起医疗相关感染，包括菌血症、心内膜炎和尿路感染，常具多重耐药性		
<b>大肠埃希氏菌</b> Escherichia coli	5.94677 ↑	0-3.8364
肠道常见菌，多数无害，特定菌株可引起尿路感染、腹泻等。高水平提示可能存在炎症或感染		
<b>具核梭杆菌</b> Fusobacterium nucleatum	ND	0-0.05
口腔厌氧菌，与牙周疾病相关，在肠道中发现时与结直肠癌和炎症性肠病有关联		
<b>肺炎克雷伯菌</b> Klebsiella pneumoniae	0.15029	0-0.24019
革兰氏阴性菌，可引起肺炎、尿路感染和血流感染，尤其在住院或免疫力低下个体中		
<b>铜绿假单胞菌</b> Pseudomonas aeruginosa	0.00452	0-0.05
多功能机会致病菌，以内在抗生素耐药性著称，可引起伤口、烧伤和呼吸道感染，尤其在囊性纤维化患者中		
<b>脱氮假单胞杆菌</b> Pseudomonas denitrificans	ND	0-0.05
参与氮循环的环境菌，很少与人类感染相关，但在免疫功能低下个体中可成为机会致病菌		
<b>荧光假单胞菌</b> Pseudomonas fluorescens	0.00100	0-0.05
产荧光色素的常见土壤和水生菌，很少致病，但可在免疫力低下宿主中引起机会性感染		
<b>黄褐假单胞菌</b> Pseudomonas fulva	ND	0-0.05
低毒力的环境菌种，偶尔与严重免疫功能低下患者的医院内感染相关		
<b>门多萨假单胞菌</b> Pseudomonas mendocina	ND	0-0.05
土壤细菌，极少与人类感染相关，偶见于心内膜炎或菌血症病例报道		

<b>恶臭假单胞菌</b> <i>Pseudomonas putida</i>	0.00127	0-0.05
具生物技术应用价值的环境菌，一般认为无致病性，但可引起罕见的机会性感染		
<b>斯氏假单胞菌</b> <i>Pseudomonas stutzeri</i>	0.00084	0-0.05
反硝化土壤细菌，很少致病，但可在免疫力低下个体中引起机会性感染，包括菌血症和肺炎		
<b>咽峡链球菌</b> <i>Streptococcus anginosus</i>	ND	0-0.05
口腔和胃肠道正常菌群的一部分，当进入通常无菌部位时与脓肿和化脓性感染相关		
<b>肺炎链球菌</b> <i>Streptococcus pneumoniae</i>	0.01863	0-0.05
主要人类病原体，引起肺炎、脑膜炎和中耳炎，尤其在儿童和老年人中		
<b>小韦荣球菌</b> <i>Veillonella parvula</i>	0.00211	0-0.13203
口腔和肠道中发现的厌氧共生菌，很少致病，但可引起罕见的机会性感染，包括心内膜炎		

# 常见致病菌

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。

致病菌名称	检测丰度%	参考范围%
<b>豚鼠气单胞菌</b> <i>Aeromonas caviae</i>	ND	0-0.05
<p>常见于水环境和水产品中，可引起胃肠道感染和伤口感染</p>		
<b>嗜水气单胞菌</b> <i>Aeromonas hydrophila</i>	ND	0-0.05
<p>广泛分布于淡水环境，可导致腹泻和软组织感染</p>		
<b>温和气单胞菌</b> <i>Aeromonas sobria</i>	0.00094	0-0.05
<p>水生环境常见菌种，可引起胃肠道感染和创伤感染</p>		
<b>牛布鲁氏杆菌</b> <i>Brucella abortus</i>	ND	0-0.05
<p>通过未经消毒的乳制品传播，可引起布鲁氏病</p>		
<b>犬布鲁氏杆菌</b> <i>Brucella canis</i>	ND	0-0.05
<p>主要感染犬类，人类通过接触感染犬感染</p>		
<b>羊布鲁氏杆菌</b> <i>Brucella melitensis</i>	ND	0-0.05
<p>感染绵羊和山羊，是人类布鲁氏病最常见病原</p>		
<b>绵羊布鲁氏杆菌</b> <i>Brucella ovis</i>	ND	0-0.05
<p>主要感染绵羊，引起公羊附睾炎</p>		
<b>猪布鲁氏杆菌</b> <i>Brucella suis</i>	ND	0-0.05
<p>主要感染猪，可通过接触感染猪或食用未熟肉类传播</p>		
<b>唐菖蒲伯克霍尔德氏菌</b> <i>Burkholderia gladioli</i>	ND	0-0.05
<p>植物病原菌，可引起免疫力低下者呼吸道感染</p>		

<b>大肠弯曲菌</b> Campylobacter coli	ND	0-0.05
<i>● 食源性致病菌，可引起急性肠胃炎</i>		
<b>胎儿弯曲菌</b> Campylobacter fetus	0.00027	0-0.05
<i>● 可引起孕妇流产和全身性感染</i>		
<b>空肠弯曲菌</b> Campylobacter jejuni	0.00124	0-0.05
<i>● 最常见的食源性腹泻致病菌之一</i>		
<b>肉毒梭菌</b> Clostridium botulinum	0.00055	0-0.05
<i>● 产生肉毒毒素，可引起致命性食物中毒</i>		
<b>产气荚膜梭菌</b> Clostridium perfringens	0.00059	0-0.05
<i>● 常见食物中毒病原，可引起气性坏疽</i>		
<b>阪崎肠杆菌</b> Cronobacter sakazakii	0.00614	0-0.05
<i>● 可污染婴儿配方奶粉，引起新生儿脑膜炎</i>		
<b>猪红斑丹毒丝菌</b> Erysipelothrix rhusiopathiae	ND	0-0.05
<i>● 主要感染猪，人类可因职业接触感染</i>		
<b>大肠埃希菌</b> Escherichia coli O157:H7	ND	0-0.05
<i>● 产生志贺毒素，可引起出血性腹泻</i>		
<b>幽门螺杆菌</b> Helicobacter pylori	0.00116	0-0.05
<i>● 定植于胃部，与胃炎和胃癌发生相关</i>		
<b>博杰曼军团菌</b> Legionella bozemanae	ND	0-0.05
<i>● 可通过吸入污染气溶胶引起肺炎</i>		
<b>杜莫夫军团菌</b> Legionella dumoffii	ND	0-0.05
<i>● 存在于水系统中，可引起军团菌病</i>		
<b>长滩军团菌</b> Legionella longbeachae	ND	0-0.05

常见于园艺土壤，可引起严重肺炎

### 嗜肺军团菌

*Legionella pneumophila*

ND

0-0.05

军团菌病最主要病原，可引起严重肺炎

### 单核细胞增生李斯特菌

*Listeria monocytogenes*

0.00542

0-0.05

可通过污染食品引起李斯特菌病

### 鸟胞内分枝杆菌

*Mycobacterium avium complex*  
sp.

ND

0-0.05

可引起免疫力低下者肺部感染

### 龟分枝杆菌

*Mycobacteroides chelonae*

ND

0-0.05

可引起皮肤、软组织和手术部位感染

### 偶发分枝杆菌

*Mycobacterium fortuitum*

ND

0-0.05

环境中常见，可引起皮肤和软组织感染

### 堪萨斯分枝杆菌

*Mycobacterium kansasii*

ND

0-0.05

可引起类似肺结核的慢性肺部感染

### 海分枝杆菌

*Mycobacterium marinum*

ND

0-0.05

水生环境常见，可引起皮肤肉芽肿

### 瘰疬分枝杆菌

*Mycobacterium scrofulaceum*

ND

0-0.05

可引起儿童颈部淋巴结炎

### 结核分枝杆菌

*Mycobacterium tuberculosis*

0.00411

0-0.05

肺结核主要病原菌，通过飞沫传播

### 溃疡分枝杆菌

*Mycobacterium ulcerans*

ND

0-0.05

可引起布鲁利溃疡，主要感染皮肤

### 类志贺邻单胞菌

*Plesiomonas shigelloides*

ND

0-0.05

水源性致病菌，可引起腹泻

<b>猪霍乱沙氏菌</b> Salmonella enterica subsp. enterica serovar Choleraesuis	ND	0-0.05
● 主要感染猪，可引起人类肠胃炎		
<b>肠炎沙门氏菌</b> Salmonella enterica subsp. enterica serovar Enteritidis	ND	0-0.05
● 常见食源性致病菌，可引起肠胃炎		
<b>副伤寒沙门氏菌-A</b> Salmonella enterica subsp. enterica serovar Paratyphi A	ND	0-0.05
● 可引起副伤寒，症状类似伤寒但较轻		
<b>副伤寒沙门氏菌-B</b> Salmonella enterica subsp. enterica serovar Paratyphi B	ND	0-0.05
● 引起B型副伤寒，通过污染食物传播		
<b>副伤寒沙门氏菌-C</b> Salmonella enterica subsp. enterica serovar Paratyphi C	ND	0-0.05
● 引起C型副伤寒，较少见		
<b>伤寒沙门氏菌</b> Salmonella enterica subsp. enterica serovar Typhi	ND	0-0.05
● 伤寒的病原体，可引起严重全身感染		
<b>鼠伤寒沙门菌</b> Salmonella enterica subsp. enterica serovar Typhimurium	ND	0-0.05
● 常见食源性感染病原，可引起胃肠炎		
<b>鲍氏志贺氏菌</b> Shigella boydii	0.04640	0-0.05
● 可引起细菌性痢疾，传播途径主要是粪-口途径		
<b>痢疾志贺氏菌</b> Shigella dysenteriae	0.02061	0-0.05
● 最严重的志贺氏菌，可产生志贺毒素		
<b>福氏志贺氏菌</b> Shigella flexneri	0.22959 ↑	0-0.05
● 发展中国家最常见的细菌性痢疾病原		
<b>宋内志贺氏菌</b> Shigella sonnei	0.13971 ↑	0-0.05

*ⓘ* 发达国家最常见的志贺氏菌，症状较轻

**金黄色葡萄球菌** **1.06720 ↑** 0-0.05  
Staphylococcus aureus

*ⓘ* 常见致病菌，可引起多种感染和食物中毒

**猪链球菌** **0.00162** 0-0.05  
Streptococcus suis

*ⓘ* 主要感染猪，人类可因职业接触感染

**齿垢密螺旋体** **0.00078** 0-0.05  
Treponema denticola

*ⓘ* 口腔常见菌，与牙周病发生相关

**梅毒密螺旋体** **ND** 0-0.05  
Treponema pallidum

*ⓘ* 梅毒病原体，主要通过性接触传播

**文氏密螺旋体** **ND** 0-0.05  
Treponema vincentii

*ⓘ* 口腔厌氧菌，与急性坏死性龈炎有关

**霍乱弧菌** **ND** 0-0.05  
Vibrio cholerae

*ⓘ* 霍乱病原体，可引起严重腹泻和脱水

**拟态弧菌** **ND** 0-0.05  
Vibrio mimicus

*ⓘ* 海产品常见，可引起胃肠道感染

**副溶血弧菌** **0.00116** 0-0.05  
Vibrio parahaemolyticus

*ⓘ* 海产品中常见，主要引起食物中毒

**创伤弧菌** **ND** 0-0.05  
Vibrio vulnificus

*ⓘ* 可通过海产品或伤口感染，病死率高

**小肠结肠炎耶尔森氏菌** **0.00117** 0-0.05  
Yersinia enterocolitica

*ⓘ* 可通过污染食物引起肠炎

**鼠疫耶尔森菌** **0.00377** 0-0.05  
Yersinia pestis

*ⓘ* 鼠疫病原体，通过跳蚤叮咬传播

**假结核耶尔森氏菌**

*Yersinia pseudotuberculosis*

ND

0-0.05

 可引起类似阑尾炎的肠道感染

# 常见真菌

● 真菌检测对于评估免疫状态和潜在感染风险非常重要。尽管一些真菌在正常情况下不会引起健康问题，但对于免疫系统较弱的人群来说，持续监测是预防真菌感染的关键。下列是一些常见肠道真菌在您肠道中的检测情况。

真菌名称	检测丰度%	参考范围%
<b>白色念珠菌</b> <i>Candida albicans</i>	ND	0-0.05
● 常见条件致病菌，过度生长可能导致口腔或生殖道感染		
<b>酿酒酵母</b> <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	ND	0-0.05
● 益生真菌，参与发酵过程，有助于维持肠道微生态平衡		
<b>真贝酵母</b> <i>Saccharomyces eubayanus</i>	ND	0-0.05
● 啤酒发酵菌种，低温发酵能力强，一般不影响人体健康		
<b>奇异酵母</b> <i>Saccharomyces paradoxus</i>	ND	0-0.05
● 野生酵母菌种，存在于自然环境中，对人体通常无害		
<b>木糖发酵酵母</b> <i>Scheffersomyces stipitis</i>	ND	0-0.05
● 能发酵木糖的特殊酵母，在肠道中参与碳水化合物代谢		
<b>黄曲霉</b> <i>Aspergillus flavus</i>	ND	0-0.05
● 可产生黄曲霉毒素，高水平检出需警惕肝肾功能损害		
<b>烟曲霉</b> <i>Aspergillus fumigatus</i>	ND	0-0.05
● 常见致病真菌，可引起肺部感染，免疫力低下者需警惕		
<b>米曲霉</b> <i>Aspergillus oryzae</i>	ND	0-0.05
● 食品发酵工业常用菌种，具有促进消化吸收的作用		
<b>新型隐球菌</b> <i>Cryptococcus neoformans</i>	ND	0-0.05
● 机会性致病菌，可引起隐球菌病，免疫缺陷者易感		

<b>汉氏德巴利氏酵母</b> <i>Debaryomyces hansenii</i>	ND	0-0.05
<p>● 耐盐酵母，常见于发酵食品中，对人体通常无害</p>		
<b>产甘油假丝酵母</b> <i>Eremothecium gossypii</i>	ND	0-0.05
<p>● 维生素B2产生菌，在工业发酵中应用广泛</p>		
<b>轮枝镰刀菌</b> <i>Fusarium verticillioides</i>	ND	0-0.05
<p>● 可产生伏马毒素，高水平检出需关注免疫功能</p>		
<b>尖孢镰刀菌</b> <i>Fusarium oxysporum</i>	0.00054	0-0.05
<p>● 常见土壤真菌，少量存在不影响健康，过量可致感染</p>		
<b>禾谷镰刀菌</b> <i>Fusarium graminearum</i>	ND	0-0.05
<p>● 可产生脱氧雪腐镰刀菌烯醇，需警惕其毒素效应</p>		
<b>乳酸克鲁维酵母</b> <i>Kluyveromyces lactis</i>	ND	0-0.05
<p>● 能发酵乳糖的益生真菌，有助于乳糖不耐受者消化</p>		
<b>稻瘟病菌</b> <i>Pyricularia grisea</i>	ND	0-0.05
<p>● 主要为植物病原菌，对人体健康影响较小</p>		
<b>玉米黑粉菌</b> <i>Ustilago maydis</i>	ND	0-0.05
<p>● 玉米常见真菌，低水平存在不影响健康</p>		

# 常见肠道寄生虫

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。

寄生虫名称	检测丰度%	参考范围%
人隐孢子虫 <i>Cryptosporidium hominis</i>	ND	0-0.05
人类特异性原虫，主要通过粪-口途径传播，可引起腹泻、腹痛等肠道症状，免疫力低下者症状更为严重。		
布氏姜片吸虫 <i>Fasciolopsis buski</i>	0.00208	0-0.05
主要通过食用受污染的水生植物感染，寄生于小肠，可引起腹痛、腹泻和消化不良等症状。		
脑炎微孢子虫 <i>Encephalitozoon hellem</i>	ND	0-0.05
机会性病原体，主要影响免疫功能低下患者，可引起角膜炎、结膜炎和全身性感染。		
卫氏并殖吸虫 <i>Paragonimus westermani</i>	0.00319	0-0.05
通过食用含有囊蚴的淡水蟹或虾感染，主要寄生于肺部，可引起慢性咳嗽、咯血和胸痛等肺吸虫病症状。		
毛首鞭形线虫 <i>Trichuris trichiura</i>	0.00055	0-0.05
通过摄入被污染的土壤或食物感染，寄生于大肠，轻度感染通常无症状，重度感染可引起腹痛、腹泻和贫血。		
疟原虫 <i>Plasmodium ovale</i>	0.00017	0-0.05
卵形疟原虫，通过带有原虫的雌性按蚊叮咬传播，可引起间歇性发热、寒战、出汗等症状，具有潜伏期长和复发特性。		
肉孢子虫 <i>Sarcocystis neurona</i>	ND	0-0.05
主要通过摄入含有孢子囊的食物感染，可寄生于中枢神经系统，在免疫缺陷者中可引起神经系统疾病。		
十二指肠钩口线虫 <i>Ancylostoma duodenale</i>	0.00157	0-0.05
钩虫幼虫可通过皮肤侵入，成虫寄生于小肠，可吸血引起缺铁性贫血、腹痛和消化不良等症状。		
蠕形住肠线虫 <i>Enterobius vermicularis</i>	0.00108	0-0.05
俗称蛲虫，主要通过粪-口途径传播，成虫寄生于盲肠和阑尾，可引起肛门瘙痒、睡眠障碍和易怒等症状。		

<b>美洲板口线虫</b> <i>Necator americanus</i>	0.00041	0-0.05
● 钩虫的一种，幼虫通过皮肤侵入体内，成虫附着于小肠壁吸血，可导致缺铁性贫血和营养不良。		
<b>巴西利土曼原虫</b> <i>Leishmania brasiliensis</i>	ND	0-0.05
● 通过白蛉叮咬传播，可引起美洲黏膜皮肤利什曼病，特征为皮肤和黏膜部位的损伤和溃疡。		
<b>杜氏利什曼原虫</b> <i>Leishmania donovani</i>	ND	0-0.05
● 通过白蛉叮咬传播，引起内脏利什曼病（黑热病），侵犯肝脾等器官，可导致肝脾肿大、发热和贫血。		
<b>硕大利什曼虫</b> <i>Leishmania major</i>	ND	0-0.05
● 通过白蛉叮咬传播，引起皮肤利什曼病，特征为皮肤出现自限性溃疡，通常数月后愈合但留有疤痕。		
<b>婴儿利什曼虫</b> <i>Leishmania infantum</i>	ND	0-0.05
● 通过白蛉叮咬传播，可引起地中海型内脏利什曼病，常见于儿童，症状包括发热、肝脾肿大和贫血。		
<b>布氏锥虫</b> <i>Trypanosoma brucei</i>	ND	0-0.05
● 通过采采蝇叮咬传播，引起非洲睡眠病，早期侵犯血液和淋巴系统，晚期侵犯中枢神经系统导致嗜睡等症状。		
<b>枯氏锥虫</b> <i>Trypanosoma cruzi</i>	0.00208	0-0.05
● 通过锥面臭虫叮咬传播，引起查加斯病，急性期可出现发热和局部水肿，慢性期可导致心脏和消化系统损害。		
<b>阴道毛滴虫</b> <i>Trichomonas vaginalis</i>	0.00217	0-0.05
● 常通过性接触传播，主要侵犯泌尿生殖系统，引起阴道炎症状，如分泌物增多、外阴瘙痒和尿道炎。		
<b>肠贾第虫</b> <i>Giardia intestinalis</i>	ND	0-0.05
● 通过摄入被污染的水或食物感染，寄生于小肠，可引起腹泻、腹痛、腹胀和营养不良等贾第虫病症状。		
<b>蓝氏贾第鞭毛虫</b> <i>Giardia intestinalis</i>	ND	0-0.05
● 与肠贾第虫同种不同名，通过摄入被囊包裹的寄生虫引起感染，可导致急性或慢性腹泻和吸收不良综合征。		
<b>溶组织内阿米巴</b> <i>Entamoeba histolytica</i>	ND	0-0.05
● 通过粪-口途径传播，可引起阿米巴痢疾，表现为腹痛、痢疾样腹泻，严重可侵入肠壁形成溃疡或扩散至肝脏。		
<b>小隐孢子虫</b> <i>Cryptosporidium parvum</i>	ND	0-0.05

**i** 通过摄入被污染的水或食物感染，寄生于肠上皮细胞，可引起水样腹泻，免疫力低下者症状更持久严重。

### 鼠隐孢子虫

*Cryptosporidium muris*

ND

0-0.05

**i** 主要感染啮齿类动物，偶尔可感染人类，在人体内主要寄生于胃部，可引起上腹疼痛和消化不良。

### 刚地弓形虫

*Toxoplasma gondii*

0.00017

0-0.05

**i** 通过食用含有囊包的肉类或接触猫粪便感染，大多数感染者无症状，但可对孕妇和免疫力低下者造成严重后果。

### 恶性疟原虫

*Plasmodium falciparum*

ND

0-0.05

**i** 通过带有原虫的雌性按蚊叮咬传播，引起恶性疟疾，特征为高热、寒战和出汗，可发展为重症疟疾危及生命。

### 间日疟原虫

*Plasmodium vivax*

ND

0-0.05

**i** 通过带有原虫的雌性按蚊叮咬传播，引起间日疟，特征为每48小时发作一次的高热、寒战和出汗，具有复发性。

### 牛环形泰勒虫

*Theileria annulata*

ND

0-0.05

**i** 主要感染牛，通过蜱虫叮咬传播，极少感染人类，一般通过接触受感染动物或其制品偶尔传播至人体。

### 小泰勒虫

*Theileria parva*

ND

0-0.05

**i** 主要感染牛，通过蜱虫叮咬传播，人感染极为罕见，主要在与受感染动物密切接触的人群中可能发现。

### 肠脑炎微孢子虫

*Encephalitozoon intestinalis*

ND

0-0.05

**i** 机会性病原体，主要影响免疫力低下患者，可引起持续性腹泻、腹痛和胆道疾病等症状。

### 兔脑炎微孢子虫

*Encephalitozoon cuniculi*

ND

0-0.05

**i** 主要通过接触受感染的兔子或其排泄物传播，在免疫功能低下者可引起脑炎、眼部感染和全身性微孢子虫病。

### 日本血吸虫

*Schistosoma japonicum*

0.00140

0-0.05

**i** 通过皮肤接触含有尾蚴的淡水感染，寄生于肠系膜静脉，可导致腹痛、腹泻和肝脾肿大等慢性血吸虫病症状。

### 曼氏血吸虫

*Schistosoma mansoni*

0.00070

0-0.05

**i** 通过皮肤接触含有尾蚴的淡水感染，主要寄生于肠系膜静脉，慢性感染可导致肠道和肝脏纤维化。

### 埃及血吸虫

*Schistosoma haematotium*

0.00040

0-0.05

**i** 通过皮肤接触含有尾蚴的淡水感染，主要寄生于膀胱静脉，可引起尿血、尿频和膀胱病变等泌尿系统症状。

<b>链状带绦虫</b> <i>Taenia solium</i>	0.00030	0-0.05
通过食用含有囊尾蚴的生猪肉或猪肉制品感染，成虫寄生于小肠，卵可发展为囊尾蚴在多器官引起囊虫病。		
<b>肥胖带绦虫</b> <i>Taenia saginata</i>	ND	0-0.05
通过摄入含有囊尾蚴的生牛肉或牛肉制品感染，成虫寄生于小肠，可引起腹痛、腹泻或食欲增加等症状。		
<b>似蚓蛔线虫</b> <i>Ascaris lumbricoides</i>	0.00078	0-0.05
通过摄入含有感染性卵的食物或水感染，成虫寄生于小肠，可引起腹痛、消化不良，严重时可阻塞肠道或胆道。		
<b>旋毛形线虫</b> <i>Trichinella spiralis</i>	0.00016	0-0.05
通过食用含有幼虫的生肉或肉制品感染，幼虫可侵入肌肉组织形成囊包，引起肌痛、发热和面部水肿等症状。		
<b>华支睾吸虫</b> <i>Clonorchis sinensis</i>	0.00070	0-0.05
通过食用含有囊蚴的生鱼或半生鱼感染，寄生于胆管，可引起胆道炎症、肝脏损害，长期感染增加胆管癌风险。		
<b>环孢子虫</b> <i>Cyclospora cayetanensis</i>	0.00138	0-0.05
通过摄入被污染的水或食物感染，寄生于小肠上皮细胞，可引起水样腹泻、腹痛、恶心和体重减轻等症状。		

# 肠道病毒

● 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，按病毒的检出丰度从高到低排列了前15位（如无检出将没有显示）。

病毒名称	参考范围%	检测丰度%
Human alphaherpesvirus 2	0.00227	0-0.03
Human alphaherpesvirus 2		

# 肠道菌群抗性与基因分布

① 肠道菌群抗性是指细菌在肠道环境中通过不同基因的协同作用，抵抗抗生素、重金属及其他有害物质的能力。肠道菌群中的耐药基因、金属耐受基因和外排基因共同构成了细菌应对环境压力的重要机制，保障其生存与繁殖。

- **耐药基因：**

- 作用机制：编码特定酶或改变靶点，减弱抗生素的效力。
- 常见耐药基因：`blaTEM` ( $\beta$ -lactamase)、`mecA` (青霉素结合蛋白改变)。

- **金属耐受基因：**

- 作用机制：帮助细菌在重金属环境中生存，通过排出或转化金属降低其毒性。
- 常见金属耐受基因：`czcC` (锌的外排相关)。

- **外排基因：**

- 作用机制：通过编码外排泵积极排除抗生素和毒素，提高耐药性。
- 常见外排基因：`AcrAB-TolC` (多种抗生素外排)、`MexAB-OprM` (对 $\beta$ -lactam抗生素的外排)。

# 耐药基因分布

● 耐药基因是指生物体内存在的一类基因，使得生物能够抵御或适应抗生素等药物的影响。这些基因广泛存在于细菌中，特别是在病原菌中，发挥着保护细胞、维持生存的重要作用。耐药基因使得肠道菌群能够在不利环境中生存，从而影响治疗效果和公共健康。

- **作用机制：**

- 药物排除：通过编码泵类蛋白，增强细菌细胞膜对抗生素的排出能力。
- 药物失活：产生酶来分解或改变药物的活性，从而降低其毒性。
- 靶点改变：通过基因突变或重组改变抗生素的靶标，从而使药物无法有效结合。

- **常见耐药基因：**

- blaTEM：编码β-lactam酶，能够分解青霉素类抗生素。
- mecA：与耐甲氧西林的金黄色葡萄球菌（MRSA）相关，改变青霉素结合蛋白，使其对青霉素耐受。
- tetM：赋予细菌对四环素的耐药能力，通过改变抗生素的靶点机制。
- aac(3)-IV：编码一种酰胺酶，能够失活氨基糖苷类抗生素。
- vanA：与万古霉素耐药相关，改变细菌对万古霉素的靶标。

下列是您肠道中检出的耐药基因，按照相关耐药基因片段reads数量递减排列。

来源菌株	耐药基因	耐药类型	reads数量	耐药药物
细菌 Bacteria	tet(W)	四环素	321552	四环素
细菌 Bacteria	tet(40)	四环素	201180	四环素
厚壁菌门 Firmicutes	cfr(C)	氯霉素 林可酰胺 恶唑烷酮 胸膜菌素 链球菌	149256	氯霉素 克林霉素 氟苯尼考 利奈唑胺 链脲菌素 硫木林
细菌 Bacteria	aac(6')-Ie2	氨基糖苷类	128573	阿米卡星 庆大霉素 卡那霉素 妥布霉素
真细菌目 Eubacteriales	cfr(E)	氯霉素 林可酰胺 恶唑烷酮 胸膜菌素 链球菌	95648	林可酰胺 利奈唑胺 甲砜霉素 硫霉素 维珍霉素

<b>粪肠球菌</b> Enterococcus faecium EnGen0025	aac(6')-Ie	氨基糖苷类	79765	阿米卡星 庆大霉素 卡那霉素 妥布霉素
<b>路德乳杆菌</b> Limosilactobacillus reuteri	aadE	氨基糖苷类	76331	链霉素
<b>路德乳杆菌</b> Limosilactobacillus reuteri	aad9	氨基糖苷类	76331	氨基糖苷类
<b>细菌</b> Bacteria	sat4	链菌素	43447	链菌素
<b>细菌</b> Bacteria	aph(3')-IIIa	氨基糖苷类	43447	阿米卡星 卡那霉素
<b>地球菌门</b> Terrabacteria group	dfrF	甲氧苄啶	28043	甲氧苄啶
<b>厚壁菌门</b> Firmicutes	lnu(C)	林可酰胺	26567	林可酰胺
<b>真细菌目</b> Eubacteriales	fosXCC	磷霉素	22920	磷霉素
<b>细菌</b> Bacteria	catP	氯霉素	8811	氯霉素
<b>大肠杆菌</b> Escherichia coli	npmA	氨基糖苷类	8649	氨基糖苷类
<b>厚壁菌门</b> Firmicutes	mef(A)	大环内酯	1476	阿奇霉素 红霉素
<b>瘤胃球菌</b> Ruminococcus sp. OM05-10BH	catA14	氯霉素	1446	氯霉素
<b>细菌</b> bacterium	aac(6')-E111	氨基糖苷类	974	阿米卡星 卡那霉素 妥布霉素
<b>肠道梭菌</b> Enterocloster clostridioformis	vanS-D	糖肽	746	万古霉素
<b>细菌</b> Bacteria	mef(A)	大环内酯	630	阿奇霉素 红霉素
<b>拉克诺螺旋菌科</b> Lachnospiraceae	aac(6')-Im	氨基糖苷类	364	阿米卡星 卡那霉素 妥布霉素

# 金属耐受基因分布

● 金属耐受基因是指生物体内存在的一类基因，使得生物能够抵御和适应环境中有毒金属离子的影响。这些基因广泛存在于微生物、植物和动物中，发挥着保护细胞、维持生存的重要作用。金属耐受基因使得肠道菌群能够在负有重金属污染的环境中生存，并帮助维持肠道生态系统的平衡。

- **作用机制：**

- 金属转运：通过转运蛋白将金属离子有效排出细胞或将其吸收。
- 金属螯合：合成小分子或蛋白质与金属离子结合，形成无毒的络合物，以降低金属的毒性。
- 去毒化反应：通过酶促反应改变金属离子的化学形态，从而减轻其对细胞的伤害。

- **常见金属耐受基因：**

- *cusC*：负责铜离子的耐受，促进细菌排除体内多余的铜离子。
- *copA*：参与铜离子的运输和排出，帮助细菌防止铜的毒性影响。
- *zntA*：与锌和镉的耐受相关，能够排出细胞内有害的锌和镉离子。
- *silE*：与硅化合物的耐受性相关，帮助细菌生存于含硅的环境。
- *merA*：编码汞还原酶，将有毒的二价汞还原为较不活泼的一价汞。
- *chrB*：负责铬的耐受，促进细菌在铬污染环境中的存活。

下列是您肠道中检出的肠道菌群的金属耐受基因，按照相关金属耐受基因片段reads数量递减排列。

来源菌株	相关基因	机制类型	reads数量	相关金属
肠杆菌科 Enterobacteriaceae	<i>pcoD</i>	金属耐受	1221	铜
肠杆菌科 Enterobacteriaceae	<i>pcoC</i>	金属耐受	1221	铜
肠杆菌科 Enterobacteriaceae	<i>silS</i>	金属耐受	939	铜 银
弗氏柠檬酸杆菌 <i>Citrobacter freundii</i>	<i>silR</i>	金属耐受	534	铜 银
伽马变形菌纲 Gammaproteobacteria	<i>terZ</i>	金属耐受	380	碲
细菌 Bacteria	<i>pcoC</i>	金属耐受	214	铜
肠杆菌目 Enterobacteriales	<i>arsD</i>	金属耐受	0	砷
弗氏柠檬酸杆菌复合体 <i>Citrobacter freundii complex</i>	<i>fieF</i>	金属代谢	0	铁

# 外排基因分布

● 外排基因是指一类生物体内的基因，通过编码特定的蛋白质，促进细菌将有害物质，如抗生素、毒素及重金属等，从细胞内泵出。外排基因广泛存在于多种细菌中，尤其是在病原菌中，能够增强其生存能力，增加对环境压力的抵抗力。

- **作用机制：**

- 主动外排：通过形成外排泵，增强细菌对外界有害物质的排除能力。
- 协同外排：与其他外排蛋白协同工作，提高细菌对多种抗生素或毒素的耐受性。
- 膜透过性调节：调节细菌膜的通透性，以减少有害物质的内流。

- **常见外排基因：**

- AcrAB-TolC：编码一套外排泵，能够排出多种抗生素和毒素。
- MexAB-OprM：存在于铜绿假单胞菌中，具有对多种 $\beta$ -lactam抗生素的外排能力。
- NorA：使某些细菌对氟喹诺酮类药物具有耐受性，增强细菌抵御药物的能力。
- CzrC：与锌和其他金属的外排相关，帮助细菌在重金属污染环境中生存。
- RND家族基因：包括多种外排蛋白家族，广泛存在于革兰氏阴性细菌中，负责多种化学物质的外排。

下列是您肠道中检出的外排基因，按照相关外排基因片段reads数量递减排列。

来源菌株	相关基因	机制类型	reads数量	外排物质
肠杆菌科 Enterobacteriaceae	emrE	外排	234	杀生物剂

# 毒力基因分布

● 毒力基因是指一类生物体内的基因，通过编码特定的蛋白质，使病原菌能够造成宿主细胞的伤害，从而引发感染和疾病。这些基因广泛存在于各种病原菌中，例如细菌、病毒和真菌，能够增强其致病能力和生存优势。

- **作用机制：**

- 细胞破坏：通过产生毒素或酶破坏宿主细胞结构，从而导致宿主细胞死亡。
- 免疫逃逸：通过抑制宿主免疫反应，帮助病原体在宿主体内存活和繁殖。
- 定殖能力：促进病原体在宿主组织中的定殖和生长，增强感染的能力。

- **常见毒力基因：**

- shiga toxin (stx)：由志贺氏菌产生，能够抑制宿主蛋白合成，引发严重的肠道疾病。
- enterotoxin (eae)：由某些大肠杆菌产生，能够引发腹泻和肠炎。
- cholera toxin (ctx)：由霍乱弧菌产生，导致宿主细胞大量排泄水分，造成失水和电解质紊乱。
- pore-forming toxins (PFTs)：能够在宿主细胞膜上形成孔洞，破坏细胞完整性。
- adhesin genes：促进细菌与宿主细胞结合，从而增强感染能力。

下列是您肠道中检出的毒力基因，按照相关毒力基因片段reads数量递减排列。

来源菌株	毒力基因	机制类型	reads数量	检测结果
肠杆菌科 Enterobacteriaceae	iss	免疫逃逸	0	阴性
产志贺毒素大肠杆菌 STEC	stx1A stx1B stx2A stx2B	细胞破坏	0 1 0 0	阴性 阳性 阴性 阴性
肠集聚性大肠埃希氏菌 EAggEC	aggR aggA aggB aggC aggD aafA aafB aafC aafD agg3A agg3B agg3C agg3D	定殖能力	0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	阴性 阴性 阴性 阴性 阴性 阴性 阴性 阴性 阴性 阴性 阴性 阴性 阴性 阴性

<b>肠致病性大肠杆菌</b>	eae	细胞破坏	0	阴性
EPEC	bfpA	定殖能力	0	阴性
<b>肠产毒性大肠埃希氏菌</b>	eltA	细胞破坏	0	阴性
ETEC	eltB	细胞破坏	0	阴性
<b>肠侵袭性大肠埃希氏菌</b>	ipaH	免疫逃逸	0	阴性
EIEC				
<b>艰难梭菌</b>	tcdA	细胞破坏	0	阴性
Clostridium difficile	tcdB	细胞破坏	0	阴性
	set1A	细胞破坏	0	阴性
	set1B	细胞破坏	0	阴性
	senB	免疫逃逸	0	阴性
	gtrA	免疫逃逸	0	阴性
<b>志贺肠毒素</b>	gtrB	免疫逃逸	0	阴性
Shiga toxin	ipaH7.8	免疫逃逸	0	阴性
	ipaH9.8	免疫逃逸	0	阴性
	ipaH1.4	免疫逃逸	0	阴性
	ipaH2.5	免疫逃逸	0	阴性
	ipaH4.5	免疫逃逸	0	阴性

# 菌群代谢物评估

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。

菌群代谢物名称	参考范围	评估数值	评估结果
丁酸盐 Butyrate	15-98	48.00	正常
<p>短链脂肪酸，由肠道菌群通过发酵膳食纤维产生，为结肠细胞提供主要能量来源，维持肠道屏障完整性，具有抗炎和抗肿瘤作用。</p> <ul style="list-style-type: none"><li>超标的影响：肠溃疡、直肠炎</li><li>偏低的影响：自闭症、焦虑症、IBD</li></ul>			
γ-氨基丁酸 GABA	15-95	13.00 ↓	偏低
<p>主要抑制性神经递质，由谷氨酸脱羧酶作用于谷氨酸形成，调节神经系统活动，促进放松，减轻焦虑，改善睡眠质量。</p> <ul style="list-style-type: none"><li>超标的影响：肌无力、焦虑症</li><li>偏低的影响：焦虑、失眠、抑郁、自闭、多动症</li></ul>			
谷氨酸 Glutamate	15-95	59.00	正常
<p>最丰富的兴奋性神经递质，参与神经突触传递，对学习、记忆和认知功能至关重要，同时也是多种神经递质的前体物质。</p> <ul style="list-style-type: none"><li>超标的影响：自闭、精神分裂、多动症、偏头痛、癫痫</li><li>偏低的影响：神经衰弱</li></ul>			
丙酸盐 Propionate	15-98	70.00	正常
<p>短链脂肪酸，肠道菌群代谢产物，调节食欲和能量代谢，降低血糖和胆固醇水平，具有抗炎作用，参与肠-脑轴通讯。</p> <ul style="list-style-type: none"><li>超标的影响：癫痫、自闭症、糖尿病</li><li>偏低的影响：暂无数据</li></ul>			
对甲酚 p-Cresol	0-85	48.00	正常
<p>由肠道菌群代谢酪氨酸产生的芳香族化合物，高浓度时可作为尿毒症毒素，影响肠道屏障和神经发育，与多种疾病相关。</p> <ul style="list-style-type: none"><li>超标的影响：尿毒症毒素、慢性肾病、神经行为疾病、结直肠癌、自闭症、慢性便秘</li><li>偏低的影响：暂无数据</li></ul>			
血清素 5-HT	20-95	99.00 ↑	超标
<p>重要的神经递质和激素，调节情绪、睡眠、食欲和疼痛感知，肠道中产生的5-HT占体内总量的90%，参与肠道蠕动和免疫调节。</p> <ul style="list-style-type: none"><li>超标的影响：癫痫、心率不齐</li><li>偏低的影响：焦虑、抑郁、失眠、社交恐惧、纤维肌痛</li></ul>			





# 免疫指标评估

免疫指标是评估免疫系统的核心参数，涵盖体液免疫（IgG/IgA/IgM、补体系统）、细胞免疫（T/B/NK细胞及IL-6/TNF- $\alpha$ 等因子）及免疫代谢网络，其中免疫球蛋白与免疫细胞承担80%以上的特异性防御功能。研究揭示肠道菌群通过短链脂肪酸等代谢产物，直接激活树突状细胞促进IgA分泌，并调控Th17/Treg平衡影响IL-10/IL-17表达，形成菌群-免疫互作网络。这种协同作用既维持免疫活性（吞噬指数、补体效价），又保障免疫特异性（抗体亲和力、TCR多样性），其代谢产物丁酸盐可同步提升NK细胞活性并抑制过度炎症反应，构成免疫稳态的双向调节枢纽。

## 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。

# 体液免疫评估

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。

体液免疫指标	参考范围	评估数值	评估结果
免疫球蛋白A IgA	15-98	99 ↑	免疫球蛋白异常
免疫球蛋白D IgD	15-98	62	正常
免疫球蛋白M IgM	15-98	22	正常
白蛋白 Albumin	15-98	9 ↓	免疫球蛋白异常

# 炎症感染指标评估

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

炎症感染指标	参考范围	评估数值	评估结果
<b>白细胞总数及分类</b> IgA	15-98	99 ↑	免疫球蛋白异常
<b>降钙素原</b> PCT	0-0	0	阴性
<b>高敏C反应蛋白</b> hsCRP	0.068-8.2	6.9	正常
<b>粪便钙蛋白</b> FC	0-85	1	正常
<b>粪便嗜酸性粒细胞蛋白X</b> EPX	0-85	1	正常

# 菌群代谢物指标评估

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。

菌群代谢物指标	参考范围	评估数值	评估结果
脂多糖 LPS	0-85	97 ↑	异常
胆汁酸 Bile acid	15-95	68	正常
氢气 H <sub>2</sub>	15-95	28	正常
丁酸盐 Butyrate	15-98	48	正常
丁酸盐 Acetate	15-98	48	正常

# 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。

细胞因子指标	参考范围	评估数值	评估结果
<b>白介素6</b> IL-6	1-85	88 ↑	异常
<i>促炎症细胞因子</i>			
<b>肿瘤坏死因子-α</b> TNF-α	5-85	27	正常
<i>促炎症细胞因子</i>			
<b>IL-17a</b> IL-17a	5-85	30	正常
<i>促炎症细胞因子</i>			
<b>IL-10</b> IL-10	15-95	84	正常
<i>抗炎症细胞因子</i>			
<b>干扰素-γ</b> IFN-γ	15-95	70	正常
<i>抗炎症细胞因子</i>			

# 免疫肿瘤指标评估

● 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。

免疫肿瘤指标	参考范围	评估数值	评估结果
嗜铬粒蛋白A Chromogranin A (CgA)	5-95	17	正常

● 免疫-肿瘤

# 日常饮食和微量元素评估

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。

饮食评估指标	参考范围（缺乏-不足-过量）	评估数值	评估结果
糖 Sugar	0-0-75	26	正常
<p>糖分摄入在正常范围内。建议维持当前的饮食习惯，继续控制添加糖的摄入。健康的糖分摄入有助于维持能量平衡并降低肥胖、2型糖尿病和心脏病的风险。建议优先选择天然含糖食物(如新鲜水果)，限制饮料、甜点和加工食品中的添加糖。世界卫生组织建议添加糖摄入量应少于每日总能量的5-10%。</p>			
盐 Salt	0-0-75	86	过量
<p>盐分摄入超出建议范围。过量的盐分摄入可能增加高血压、心血管疾病和肾脏负担的风险。建议减少加工食品、腌制食品的摄入，烹饪时少放盐，选择新鲜食材，并可使用香草和香料代替部分盐分调味。成人每日盐摄入量建议不超过5克。</p>			
乳制品 Dairy Products	15-15-95	2	缺乏
<p>乳制品的摄入水平建议保持在70~80之间最佳，低于5为过少，低于15为偏少。</p>			
铁 Iron	8-15-50	38.83	正常
<p>成年人摄入水平建议保持在15~50mg每天之间最佳，低于8属于缺乏，低于15属于偏少。</p>			
锌 Zinc	6-12-37	6.59	不足
<p>成年人建议摄入水平建议保持在12~37mg每天之间最佳，低于6属于缺乏，低于12属于偏少。</p>			

# 维生素评估

维生素是人体必需的微量营养素，参与多种生理功能调节和代谢过程。本报告通过肠道菌群等检测指标来评估各类维生素的水平，为健康管理提供科学依据。

维生素评估指标	参考范围（缺乏-不足-过量）	评估数值	评估结果
维生素A Vitamin A	350-700-2000	1373.48	正常
<p>成年人摄入水平建议在700-2000mcg，低于350mcg属于缺乏，低于700mcg属于偏少，高于2000mcg可适当减少摄入。</p>			
维生素B1 Vitamin B1	0.75-1.3-50	1.13	不足
<p>成年人摄入水平建议在1.3-50mg，低于0.75mg属于缺乏，低于1.3mg属于偏少。</p>			
维生素B2 Vitamin B2	0.6-1.2-100	1.38	正常
<p>成年人摄入水平建议在1.2-100mg每日，低于0.6mg属于缺乏，低于1.2mg属于偏少。</p>			
维生素B6 Vitamin B6	0.6-1.2-100	1.49	正常
<p>成年人摄入水平建议在1.2~100mg每日，低于350mcg属于缺乏，低于700mcg属于偏少，高于2000mcg可适当减少摄入。</p>			
维生素B12 Vitamin B12	1.2-2.4-50	3.24	正常
<p>摄入水平建议保持在2.4-50mg每日之间最佳，低于1.2mg属于缺乏，低于2.4mg属于偏少。</p>			
维生素B9 (叶酸) Folic Acid	200-400-1000	124.88	缺乏
<p>摄入水平建议保持在400~1000ug每日之间最佳，低于200ug属于缺乏，低于400ug属于偏少。</p>			
维生素C Vitamin C	50-100-1000	209.66	正常
<p>摄入水平建议保持在100~1000mg每日之间最佳，低于50mg属于缺乏，低于100mg属于偏少。</p>			
维生素D Vitamin D	20-30-150	50.94	正常
<p>维生素D水平建议保持在30~150之间最佳，低于20属于缺乏，低于30属于偏少。</p>			
维生素E Vitamin E	7-14-100	25.39	正常
<p>水平建议保持在14~100mg每日之间最佳，低于7mg属于缺乏，低于14mg属于偏少。</p>			

**维生素K**

Vitamin K

7-15-100

71

正常

● 水平建议保持在14~100mg每日之间最佳，低于7mg属于缺乏，低于14mg属于偏少。

# 氨基酸评估

● 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。

氨基酸评估指标	参考范围（缺乏-不足-过量）	评估数值	评估结果
苏氨酸 Threonine	6-6-98	51	正常
<p>● 摄入水平建议保持在70~80之间最佳，低于5属于缺乏，低于15属于偏少，高于95可适当减少摄入。</p>			
异亮氨酸 Isoleucine	6-6-98	32	正常
<p>● 摄入水平建议保持在70~80之间最佳，低于5属于缺乏，低于15属于偏少，高于95可适当减少摄入。</p>			
亮氨酸 Leucine	6-6-98	32	正常
<p>● 摄入水平建议保持在70~80之间最佳，低于5属于缺乏，低于15属于偏少，高于95可适当减少摄入。</p>			
赖氨酸 Lysine	6-6-98	2	缺乏↓
<p>● 摄入水平建议保持在70~80之间最佳，低于5属于缺乏，低于15属于偏少，高于95可适当减少摄入。</p>			
蛋氨酸 Methionine	6-6-98	30	正常
<p>● 摄入水平建议保持在70~80之间最佳，低于5属于缺乏，低于15属于偏少，高于95可适当减少摄入。</p>			
半胱氨酸 Cysteine	6-6-98	65	正常
<p>● 摄入水平建议保持在70~80之间最佳，低于5属于缺乏，低于15属于偏少，高于95可适当减少摄入。</p>			
苯丙氨酸 Phenylalanine	6-6-98	1	缺乏↓
<p>● 摄入水平建议保持在70~80之间最佳，低于5属于缺乏，低于15属于偏少，高于95可适当减少摄入。</p>			
酪氨酸 Tyrosine	6-6-98	5	缺乏↓
<p>● 摄入水平建议保持在70~80之间最佳，低于5属于缺乏，低于15属于偏少，高于95可适当减少摄入。</p>			
缬氨酸 Valine	6-6-98	46	正常
<p>● 摄入水平建议保持在70~80之间最佳，低于5属于缺乏，低于15属于偏少，高于95可适当减少摄入。</p>			



# 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。下列图式是您整体的慢病风险评估汇总与对比。

风险评估参考标准



肠道疾病

炎症性肠炎

10%

肠易激综合征

30%

感染型腹泻

50%

肠道病毒感染

20%

过敏性腹泻

23%

器官性疾病

肝病

35%

心脑血管疾病

27%

甲状腺疾病

20%

肺部疾病

20%

神经系统

神经行为发育异常

23%

# 阅读指南

## ② 如何阅读慢病风险评估的表格？

以下是对慢病风险评估的表格中的各部分信息进行的说明解释：

- **慢病名称：**这一列列出进行风险评估的慢病名称。
- **风险评估数值：**此列显示该慢病的具体风险评估数值，以0-1之间的小数和进度条显示（进度条中的刻度代表了四个风险等级所对应的区间）。
- **风险评估结果：**这一列显示该慢病的风险评估值经过预设的4个风险等级区间比较后所得到的对应的风险评估等级，4个预设的风险等级区间定义如下：

**0-0.3：低风险 | 0.3-0.5：注意 | 0.5-0.7：中高风险 | 0.7-1.0：高风险**

- **疾病分类：**这一列展示了该慢病属于的具体疾病大类，目前涉及到的有：
  - 肠道疾病：肠道疾病大类包含了一些常见的消化系统慢性疾病
    - 炎症性肠病 (IBD)：如克罗恩病、溃疡性结肠炎。
    - 肠易激综合征 (IBS)：由于肠道功能失调导致的腹痛、腹泻或便秘等症状。
    - 肠道病毒感染：属于由病毒引起的常见肠道感染性疾病，如轮状病毒、诺如病毒感染，可能引发腹泻等。
    - 感染型腹泻：常见于细菌、病毒、寄生虫等感染的情况下导致的腹泻，主要原因是肠道感染的病原体。
    - 过敏性腹泻：属于由食物过敏或免疫反应引起的腹泻类型，通常与特定食物或肠道敏感性有关。
  - 器官性疾病：器官性疾病大类主要涉及特定器官或器官系统的功能障碍或疾病。
    - 肝病：如脂肪肝、病毒性肝炎、肝硬化等，与肝脏代谢和解毒功能异常等。
    - 心脑血管疾病：如高血压、冠心病、心肌梗塞、脑梗等，与血管功能和心脑供血异常等。
    - 甲状腺疾病：如甲状腺功能亢进、甲状腺功能减退和甲状腺结节等，涉及甲状腺激素的分泌异常。
    - 肺部疾病：如慢性阻塞性肺疾病 (COPD)、哮喘、肺炎等。
  - 神经系统疾病：神经系统疾病大类主要影响中枢神经系统（如大脑和脊髓）以及外周神经系统的功能和结构。
    - 神经行为发育异常：如儿童发生的神经发育障碍，如自闭症谱系障碍 (ASD) 和注意缺陷多动障碍 (ADHD) 等。

# 常见问题及说明

## ② 慢病的风险是如何评估的？

利用数十万例的临床和人群样本数据，结合机器学习方法，我们针对数十种疾病使用肠道菌群数据进行疾病状态和风险的预测，并给出了精确的风险概率。

## ③ 评估结果易受到自身的一些疾病症状或者环境影响吗？

疾病症状相关菌的检测丰度异常（无论是较参考范围偏少还是偏多）只是提示该菌群可能与某种疾病的相关症状相关，但它并不能直接证明一定会出现该疾病的相应症状。人体微生物组是一个复杂的生态系统，菌群丰度的变化受到多种因素的影响，包括饮食、生活习惯、遗传、药物使用等。此外，疾病的产生往往是多因素共同作用的结果，即使某种菌群与疾病存在关联，也需结合其他生物标志物、临床症状和医学检查进行综合评估。菌群的丰度异常更倾向于提供风险提示，如果确实出现了相关疾病症状，请及时咨询医生，以便得到专业诊断和治疗。

## ④ 如果慢病的风险评估不是中高风险，是否不用关注？

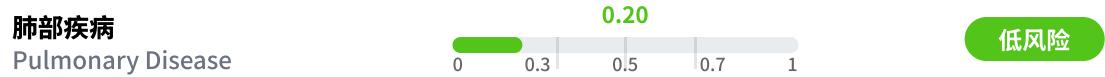
疾病症状相关菌的检测丰度异常（无论是较参考范围偏少还是偏多）只是提示该菌群可能与某种疾病的相关症状相关，但它并不能直接证明一定会出现该疾病的相应症状。人体微生物组是一个复杂的生态系统，菌群丰度的变化受到多种因素的影响，包括饮食、生活习惯、遗传、药物使用等。此外，疾病的产生往往是多因素共同作用的结果，即使某种菌群与疾病存在关联，也需结合其他生物标志物、临床症状和医学检查进行综合评估。菌群的丰度异常更倾向于提供风险提示，如果确实出现了相关疾病症状，请及时咨询医生，以便得到专业诊断和治疗。

**⚠ 特别注意：**慢病相关风险评估结果旨在提供参考信息，不能作为疾病诊断或治疗的唯一依据。慢性疾病的发生和发展通常受到多种因素（如生活方式、遗传因素、环境因素等）的综合影响，检测结果需结合个人的实际情况、其他医学检查和专业医生的建议进行综合评估。分析结果中提及的风险相关性仅为可能性参考，不能直接等同于因果关系或作为健康状况的绝对判断依据。如果出现与相关慢病风险相关的异常症状或健康问题，请务必及时咨询医生，以确保获得科学、准确的诊断和适当的治疗或干预方案。

# 慢病风险评估表格

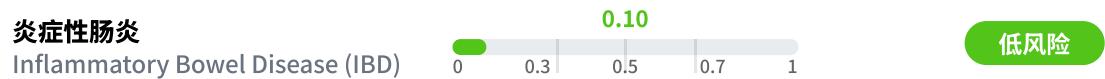
● 下列表格展示了您的慢病风险评估数据（以风险评估等级递减排序）。

评估慢病名称	风险评估数值	风险评估结果
感染型腹泻 Infectious Diarrhea	0.50	中等风险
肝病 Liver Disease	0.35	注意
肠易激综合征 Irritable Bowel Syndrome (IBS)	0.30	注意
心脑血管疾病 CVD	0.27	低风险
过敏性腹泻 Allergic Diarrhea	0.23	低风险
神经行为发育异常 NDD	0.23	低风险
肠道病毒感染 Intestinal Viral Infection	0.20	低风险
甲状腺疾病 Thyroid Disease	0.20	低风险



低风险

● 您的风险值在0.3以下，风险较低，如果分值接近0.3仍然需要注意生活方式以及避免肺部疾病风险因素。



低风险

● 您的风险值在0.3以下，风险较低，如果分值接近0.3仍然需要注意生活方式以及炎症性肠炎风险因素。

# 疾病症状相关菌

① 临床研究数据揭示，肠道菌群丰度特征与疾病发生呈现显著相关性。特定菌群失调（如拟杆菌/厚壁菌比值异常）与代谢性疾病（肥胖、糖尿病）、免疫性疾病（过敏、IBD）及神经精神类疾病（抑郁、自闭症）存在明确生物标志物关联。通过菌群检测可识别微生态失衡特征，为疾病早期预警和精准干预提供重要依据。



肥胖

肥胖与肠道菌群失调密切相关，研究表明肥胖人群的肠道菌群多样性显著降低，拟杆菌/厚壁菌比例失衡。这种失衡会影响能量代谢、脂肪存储和食欲调节，同时增加炎症因子水平，形成恶性循环。益生菌干预可通过调节GLP-1和PYY等饱腹激素，帮助改善代谢功能。



便秘

便秘往往反映肠道菌群功能紊乱，主要表现为产丁酸菌群减少、肠道蠕动功能受损。健康菌群通过产生短链脂肪酸促进肠道蠕动，调节水分代谢，维持正常排便功能。双歧杆菌和乳酸菌的补充可有效改善肠道微环境，促进肠道蠕动。



腹胀

腹胀常见于肠道菌群发酵异常，产气菌群过度生长。这种状况会导致肠道气体产生增多，肠壁张力改变，引起腹部不适。调节肠道菌群结构，特别是限制产气菌群过度生长，同时增加有益菌数量，可有效缓解腹胀症状。



过敏

过敏与免疫系统过度反应及肠道屏障功能受损有关。健康的肠道菌群可通过调节Th1/Th2平衡，促进调节性T细胞生成，抑制过度免疫反应。益生菌干预能够增强肠道屏障功能，降低过敏原穿透，减轻过敏症状。



抑郁

肠-脑轴研究表明，肠道菌群通过神经递质、内分泌和免疫调节影响情绪。菌群失调会降低血清素、GABA等神经递质水平，增加炎症因子表达，影响认知功能和情绪调节。补充特定益生菌可改善肠道微生态，帮助缓解抑郁症状。



失眠

失眠与昼夜节律紊乱和神经递质失衡相关。肠道菌群参与褪黑激素、血清素等睡眠相关物质的合成与代谢，影响睡眠-觉醒周期。改善肠道菌群结构可以优化褪黑激素分泌节律，帮助调节睡眠周期。

# 阅读指南

● 临床研究数据揭示，肠道菌群丰度特征与疾病症状的表现呈现显著相关性。通过菌群检测可识别微生态失衡特征，为疾病症状早期预警和精准干预提供重要依据。

## ② 如何阅读疾病症状相关菌的表格？

👉 以下是对疾病症状相关菌的表格中的各部分信息进行的说明解释：

- **疾病症状相关菌名称**：这一列列出特定的症状相关菌群名称。
- **参考范围%**：此列显示该菌群的参考范围，此范围为比较您的检测结果提供了参考标准。
- **检测丰度%**：这一列显示经过检测后您体内该菌群在肠道微生物中的相对丰度，以数字（包括未检出）和进度条展示。
  - **↑**：表示该菌群的检测丰度较参考范围的下限偏少。
  - **↓**：表示该菌群的检测丰度较参考范围的上限偏多。
  - **未检出**：表示该菌群的相对丰度低于检出下限。
- **相关性**：这一列标示该菌群丰度与特定疾病相关症状之间的关系。
  - 若标记为“正相关”，则表示菌群丰度的升高与症状的发生与进展呈正相关。
  - 若标记为“负相关”，则表示菌群丰度的降低与症状的发生与进展呈正相关。
- **相关性强度**：这一列表明该菌群和该疾病症状之间的相关性证据的强度，分为三个强度级别（正相关的相关性强度为★，负相关的相关性强度为★）
  - ★（★）：依据的是单一研究或人群数据统计。
  - ★★（★★）：基于大规模人群样本统计和至少一项研究的支持。
  - ★★★（★★★）：有大量研究论文对此结果的确认。

在阅读表格时应着重关注下列菌群：

- 检测丰度较参考范围相对超标+相关性为正相关的菌群，该菌群整行会被橙色的边框包围来提示您重点关注。
- 检测丰度较参考范围相对偏少+相关性为负相关的菌群，该菌群整行会被蓝色的边框包围来提示您重点关注。
- **i** 与 **💡** 分别是通过对全球最大规模的调查样本进行相关性分析和统计检验得出的菌群简介信息和丰度较参考范围异常时相对应的饮食改善。

# 常见问题与说明

## ② 为什么选取这些疾病症状相关菌？

💡 这些疾病症状相关菌的选取主要基于两方面的依据：

- **文献报告：**通过参考已有的科学文献和研究成果，筛选出不同疾病和健康状态中具有明确关联的菌群。
- **数据分析：**利用我们数据库中的疾病样本与健康对照样本进行统计分析，筛选出在两者之间存在显著差异的菌群。

## ③ 涉及到的疾病症状相关菌和相对应的疾病症状存在因果关系吗？

💡 涉及到的疾病症状相关菌与相对应的疾病症状之间仅表现为相关性，并不能直接说明存在因果关系。相关性仅说明两者在统计数据中具有一定关联，但并不意味着一种情况会直接导致另一种情况的发生。对于因果关系的判断，还需要通过更多的机制研究才能确定。

## ④ 疾病症状相关菌的检测丰度较参考范围正常代表着一定不会出现该疾病相关症状吗？

💡 菌群的检测丰度较参考范围正常并不能完全排除疾病相关症状的出现。疾病的发生通常是多种因素综合作用的结果，包括其他菌群的丰度变化、遗传因素、免疫状态、环境影响、生活习惯等。此外，有些疾病的表现在可能由其他病原体或非微生物因素引发，而不一定完全依赖特定菌群的丰度异常。因此，即使检测结果显示菌群丰度正常，如果仍出现相关疾病的症状，建议及时咨询医生进行更全面的检查和评估，以明确病因并采取适当的诊疗措施。

## ⑤ 疾病症状相关菌的检测丰度较参考范围异常代表着一定会出现该疾病相关症状吗？

💡 疾病症状相关菌的检测丰度异常（无论是较参考范围偏少还是偏多）只是提示该菌群可能与某种疾病的相关症状相关，但它并不能直接证明一定会出现该疾病的相应症状。人体微生物组是一个复杂的生态系统，菌群丰度的变化受到多种因素的影响，包括饮食、生活习惯、遗传、药物使用等。此外，疾病的产生往往是多因素共同作用的结果，即使某种菌群与疾病存在关联，也需结合其他生物标志物、临床症状和医学检查进行综合评估。菌群的丰度异常更倾向于提供风险提示，如果确实出现了相关疾病症状，请及时咨询医生，以便得到专业诊断和治疗。

**⚠ 特别注意：** 疾病症状相关群的分析结果旨在提供参考信息，不能作为疾病症状诊断或治疗的唯一依据。微生物组的变化具有复杂性，检测结果需结合个人的实际情况、其他医学检查和专业医生的建议进行综合评估。请勿将相关性结果直接等同于因果关系或作为健康状况的绝对判断依据。如果出现相关疾病的症状，务必及时咨询医生，以确保获得科学准确的诊断和适当的治疗方案。

# 肥胖相关菌

● 肠道菌群失衡会显著影响人体的代谢功能，研究表明，肥胖人群的肠道菌群结构与正常体重人群存在明显差异，这种失衡可能是导致肥胖的重要因素之一。

肥胖相关菌名称	参考范围%	检测丰度%	相关性	相关性强度
<b>厚壁菌门</b> Firmicutes	28.594-83.961	33.492	正相关	★★★
<p>● Firmicutes菌门的数量在肥胖人群中较高。可以从食物中提取更多的能量，并将其储存为脂肪。</p>				
<b>阿德勒氏菌属</b> Adlercreutzia	0-0.75	0	正相关	★★★
<p>● 能够代谢大豆异黄酮，促进女性肥胖。</p>				
<b>双歧杆菌属</b> Bifidobacterium	1.755-35.501	0.039 ↓	正相关	★★★
<p>● 促进肠道内有益菌的生长，抑制有害菌的生长，减少肥胖相关的炎症反应和代谢紊乱，影响食欲和能量摄入，进而影响体重。</p>				
<b>嗜胆菌属</b> Bilophila	0-0.154	ND	正相关	★★★
<p>● Bilophila wadsworthia是一种能够产生硫化物的细菌，其在肥胖人群中的丰度较高。与代谢标志物（如血糖、胰岛素抵抗等）呈正相关。</p>				
<b>梭菌属</b> Clostridium	0-4.465	3.427	正相关	★★★
<p>● 肥胖者的丰度较高，尤其Clostridium butyricum，可通过增强营养吸收促进肥胖的发展。Clostridium ornithine和citrulline降低肥胖。</p>				
<b>埃希氏菌属</b> Escherichia	0-3.83	5.943 ↑	正相关	★★★
<p>● 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，也可能是肥胖人群易患非酒精性脂肪性肝病的原因之一。</p>				
<p>● 改善建议：乳杆菌补充、双歧杆菌补充、大麦、大蒜</p>				
<b>霍尔德曼氏菌属</b> Holdemania	0-0.28	0.23	正相关	★★★
<p>● 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关。与肥胖相关的肝硬化、糖尿病和代谢综合征等疾病有关。</p>				

<b>巨单胞菌属</b> Megamonas	0-0.692	0	正相关	★★★
<p>● 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。</p>				
<b>震颤杆菌属</b> Oscillibacter	0-3.196	0.652	正相关	★★★
<p>● 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。增加可能导致肠道菌群失衡，从而影响能量代谢和肥胖症的发生。</p>				
<b>丹毒丝菌科</b> Erysipelotrichaceae	0-1.716	0.253	正相关	★★★
<p>● 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。</p>				
<b>红蝽菌科</b> Coriobacteriaceae	0-10.241	0.085	正相关	★★★
<p>● 通过调节胆固醇吸收来影响能量代谢，与高脂饮食下的肝病和肥胖的抵抗力相关。</p>				
<b>脆弱拟杆菌</b> <i>Bacteroides fragilis</i>	0-0.05	14.705 ↑	正相关	★★★
<p>● 与婴儿3周和26周时的BMI呈正相关。可能通过抑制乙酸水平来加速肥胖，与ALT呈负相关。 ● 改善建议：乳杆菌补充、大麦、双歧杆菌补充、阿司匹林</p>				
<b>牙龈卟啉单胞菌</b> <i>Porphyromonas gingivalis</i>	0-0.05	0.03	正相关	★★★
<p>● <i>Porphyromonas gingivalis</i>是一种牙周病原菌，会导致饮食性肥胖，进一步增重，改变棕色脂肪组织的内分泌功能，影响肥胖。</p>				
<b>活泼瘤胃球菌</b> <i>Ruminococcus gnavus</i>	0-0.05	0.037	正相关	★★★
<p>● 与短链脂肪酸的产生有关。在女性中与ICPP、NAFLD和肥胖等疾病有关。</p>				
<b>另枝菌属</b> Alistipes	0.081-18.12	0.033 ↓	正相关	★★★
<b>厌氧棍状菌属</b> Anaerotruncus	0-0.137	0.432 ↑	正相关	★★★
<p>● 在肠道菌群失调，饱和脂肪酸摄入量较高时丰度更高，与肥胖有关。 ● 改善建议：乳杆菌补充、亚麻籽、小麦、胆汁（酸）</p>				
<b>柯林斯氏菌属</b> Collinsella	0-9.153	0.084	正相关	★★★
<p>● 增加导致肠道微生物群落的失衡，潜在的促炎症成分增加，如短链脂肪酸减少，可能会导致肥胖和代谢综合征的发生。</p>				

<b>乳杆菌属</b> Lactobacillus	0-0.43	0.002	正相关	★★★
<p>● 肥胖人群中丰度增加，但是一些菌株能够对肥胖产生有益影响。与其抑制脂肪酸合成酶基因表达、降低脂肪酸氧化酶活性有关。</p>				
<b>乳球菌属</b> Lactococcus	0-0.058	0.001	正相关	★★★
<p>● 肥胖人群的肠道微生物组中丰度较少，而正常体重人群中较多。参与调节肠道内的卡路里代谢和能量平衡，从而影响体重。</p>				
<b>颤螺菌属</b> Oscillospira	0.033-5.346	ND ↓	正相关	★★★
<p>● 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状。</p>				
<b>副萨特氏菌属</b> Parasutterella	0-0.824	ND	正相关	★★★
<p>● 与L-半胱氨酸和脂肪酸生物合成途径有关。在肥胖人群中，丰度与BMI和2型糖尿病呈正相关。</p>				
<b>龙包茨氏菌属</b> Romboutsia	0-0.021	0	正相关	★★★
<p>● 肠道黏膜屏障功能下降、肠道炎症反应增强、葡萄糖代谢异常等现象有关。</p>				
<b>瘤胃梭菌属</b> Ruminiclostridium	0-0	0.001 ↑	正相关	★★★
<p>● 丰度与肥胖表型呈正相关。 ● 改善建议：乳杆菌补充、低聚果糖、没食子酸、芽孢杆菌补充</p>				
<b>普雷沃氏菌科</b> Prevotellaceae	0-56.537	0.963	正相关	★★★
<p>● 肥胖人群肠道中Prevotellaceae的丰度增加，女性中高丰度的Prevotellaceae与肥胖有关。</p>				
<b>具核梭杆菌</b> Fusobacterium nucleatum	0-0.05	ND	正相关	★★★
<p>● Fusobacterium nucleatum在肥胖人群中更为丰富，是一种机会性病原菌，与牙周病的发生和发展密切相关。</p>				
<b>扭链瘤胃球菌</b> Ruminococcus torques	0-3.836	0.884	正相关	★★★
<p>● 增加导致牛磺酸结合胆酸（TCA）和脱氧胆酸（DCA）水平升高，并激活脂肪组织的G蛋白偶联胆酸受体（GPBAR1, TGR5）。</p>				
<b>棒杆菌属</b> Corynebacterium	0-0.05	0.006	正相关	★★★
<p>● Corynebacterium jeddahense和K. massiliensis是从患有病态肥胖的人的粪便中分离出来的菌。</p>				

<b>戴阿利斯特杆菌属</b> Dialister	0-3.737	2.7	正相关	★★★
<b>● Dialister属与高炎症指数相关，运动可以增加Dialister属的丰度，从而改善肥胖儿童的肠道菌群组成。</b>				
<b>粪杆菌属</b> Faecalibacterium	1.935-17.794	4.821	正相关	★★★
<b>● 肥胖人群中丰度明显降低，炎症反应增加。促进脂肪分解和吸收，减少脂肪的累积。促进肠道内瘦素的分泌，减少食欲和促进代谢。</b>				
<b>纤毛菌属</b> Leptotrichia	0-0	0.001 ↑	正相关	★★★
<b>● 在肥胖女性中的相对丰度较高。与糖尿病、中风等代谢性疾病有关联。</b>				
<b>巨球形菌属</b> Megaspheara	0-0.13	0.006	正相关	★★★
<b>● 在肥胖人群中富集。促进脂肪沉积和代谢。</b>				
<b>普雷沃氏菌属</b> Prevotella	0-67.801	0.775	正相关	★★★
<b>● 丰度与体重、腰围、BMI、脂肪质量指数、甘油三酯和高敏C-反应蛋白水平呈正相关，而与高密度脂蛋白胆固醇水平呈负相关。</b>				
<b>瘤胃球菌属</b> Ruminococcus	0.054-19.799	1.097	正相关	★★★
<b>● 肥胖者的肠道菌群中明显增加。产生支链氨基酸和谷氨酸等代谢物可增加肥胖可能性。</b>				
<b>产碱菌科</b> Alcaligenaceae	0-0	0.007 ↑	正相关	★★★
<b>● 肥胖者肠道中相对丰度较高，可以产生内毒素LPS，引起慢性低度炎症，也是机会性病原菌，特别是在患有自闭症的儿童中。</b>				
<b>猪色噬帽菌</b> Capnocytophaga ochracea	0-0	ND	正相关	★★★
<b>● 肥胖女性的Streptococcus sanguinis、Streptococcus oralis和Capnocytophaga ochracea的水平显著高于非肥胖女性。</b>				
<b>柯氏杆菌</b> Collinsella aerofaciens	0-10.121	0.012	正相关	★★★
<b>● Collinsella aerofaciens是一种与肥胖和代谢综合征相关的微生物生物标志物。</b>				
<b>长链多尔氏菌</b> Dorea longicatena	0-4.289	0.026	正相关	★★★
<b>● Dorea longicatena是肥胖的生物标志物之一。</b>				

<b>史氏甲烷短杆菌</b> Methanobrevibacter smithii	0-3.33	ND	正相关	★★★
<p>● 产生的甲烷与便秘、肠易激综合征和肥胖有关。</p>				
<b>血链球菌</b> Streptococcus sanguinis	0-0.05	0	正相关	★★★
<p>● 研究还发现，Streptococcus sanguinis、Streptococcus oralis和Capnocytophaga ochracea在肥胖女性中的水平显著高于非肥胖女性。</p>				
<b>艾克曼菌</b> Akkermansia muciniphila	0-6.639	8.095 ↑	负相关	★★★
<p>● 降低肠道黏膜的炎症程度、增加肠道屏障功能，降低肥胖相关的代谢疾病发生的风险 ● 改善建议：脂肪、苹果、高脂饮食、地中海饮食</p>				
<b>粪杆菌属</b> Faecalibacterium	1.935-17.794	4.821	负相关	★★★
<p>● 肥胖人群中丰度明显降低，炎症反应增加。促进脂肪分解和吸收，减少脂肪的累积。促进肠道内瘦素的分泌，减少食欲和促进代谢。</p>				
<b>拟杆菌门</b> Bacteroidetes	19.203-90.8	42.84	负相关	★★★
<p>● 丰度与肥胖呈负相关，越多肥胖的风险越低。</p>				
<b>优杆菌属</b> Eubacterium	0.115-9.488	1.192	负相关	★★★
<p>● Eubacterium属的一些成员能够产生短链脂肪酸（SCFAs），通过影响宿主的能量平衡和代谢影响肥胖。</p>				
<b>卵形拟杆菌</b> Bacteroides ovatus	0-3.062	0.324	负相关	★★★
<p>● 具有抗炎作用。在肥胖、2型糖尿病和动脉粥样硬化疾病患者中数量减少，具有保护作用。可以诱导肠道IgA的产生，有益于肠道稳态和免疫健康。</p>				
<b>颤螺菌属</b> Oscillospira	0.033-5.346	ND ↓	负相关	★★★
<p>● 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状。</p>				

# 便秘相关菌

肠道菌群失衡与便秘密切相关。健康肠道需要微生物平衡，当有益菌减少时，肠道蠕动变慢，易导致便秘。便秘患者的菌群多样性降低，微生物组成异常，影响肠道正常功能。调节肠道菌群平衡，如补充益生菌和调整饮食，能有效改善便秘症状，促进肠道健康。

便秘相关菌种名称	参考范围%	检测丰度%	相关性	相关性强度
<b>史氏甲烷短杆菌</b> Methanobrevibacter smithii	0-3.33	ND	正相关	★★★
<p>① 产生甲烷，而甲烷能够延迟肠道的传输时间，从而导致便秘。</p>				
<b>粪球菌属</b> Coproccoccus	0.083-9.42	0.136	正相关	★★★
<p>① Coprococcus的丰度过高或过低都可能与功能性便秘有关。</p>				
<b>埃希氏菌属</b> Escherichia	0-3.83	5.943 ↑	正相关	★★★
<p>① 过度生长会导致色氨酸转化为吲哚，从而增加肠道细菌产生的吲哚含量，与慢性便秘患者尿液成分的改变有关。 ⚠ 改善建议：乳杆菌补充、双歧杆菌补充、大麦、大蒜</p>				
<b>毛螺菌属</b> Lachnospira	0.035-8.66	3.144	正相关	★★★
<p>① 一些菌株能够产生乳酸和醋酸，这些物质通过抑制粘液分泌导致便秘。</p>				
<b>厌氧棍状菌属</b> Anaerotruncus	0-0.137	0.432 ↑	正相关	★★★
<p>① 便秘患者的肠道中Anaerotruncus的数量明显增加。可以产生一些酸和气体等代谢产物，可能会刺激肠道神经，进一步影响肠道蠕动和排便功能。 ⚠ 改善建议：乳杆菌补充、亚麻籽、小麦、胆汁（酸）</p>				
<b>葡萄球菌属</b> Staphylococcus	0-0.05	1.058 ↑	正相关	★★★
<p>① 感染导致后感染性肠易激综合征（PI-IBS）的潜在病原因素之一。与肠道梗阻和肠穿孔等疾病有关。 ⚠ 改善建议：乳杆菌补充、大蒜、绿茶、双歧杆菌补充</p>				
<b>链球菌属</b> Streptococcus	0-0.35	0.048	正相关	★★★
<p>① 在IBS患者中富集，与便秘的发生和发展有关。</p>				







● 便秘患者的肠道中Lachnospira和Clostridium的水平明显升高。而Clostridium difficile则被证明增加了后感染性肠易激综合征的风险。



● 其丰度过高与便秘的加重有关。其代谢产物可以影响肠道的运动和水分吸收，从而促进排便，因此缺乏也可能导致便秘。

# 腹胀相关菌

肠道菌群失衡与腹胀症状关系密切。当肠道内产气菌群过度增殖时，肠道气体产生增多，容易导致腹部膨胀和不适感。腹胀患者常见双歧杆菌等有益菌减少，而产气细菌和产甲烷菌增多，导致肠道发酵异常。调节肠道菌群结构，减少高发酵食物摄入，补充特定益生菌，有助于缓解腹胀症状，恢复肠道健康。

腹胀相关菌名称	参考范围%	检测丰度%	相关性	相关性强度
<b>史氏甲烷短杆菌</b> Methanobrevibacter smithii	0-3.33	ND	正相关	★★★
<p>● 发酵碳水化合物产生甲烷气体导致腹胀。</p>				
<b>拟杆菌属</b> Bacteroides	1.058-47.323	31.696	正相关	★★★
<p>● 过多可能会导致腹胀和腹痛等症状的加重。产生气体和有机酸，其中包括甲烷和氢气等气体，导致肠道胀气的症状。</p>				
<b>梭菌属</b> Clostridium	0-4.465	3.427	正相关	★★★
<p>● 部分菌株与腹胀有显著的正相关性。</p>				
<b>瘤胃球菌属</b> Ruminococcus	0.054-19.799	1.097	正相关	★★★
<p>● Ruminococcus的相对丰度与腹胀的严重程度呈正相关。</p>				
<b>变形菌门</b> Proteobacteria	0-1.742	7.831 ↑	正相关	★★★
<p>● 小肠细菌过度生长（SIBO）患者，其相对丰度明显增加，其中甲酸代谢通路的富集与氢气产生相关，导致出现腹痛、不适、腹胀、胀气和腹泻等症状。 ● 改善建议：低脂饮食、牛磺酸、生酮饮食、聚甘露糖醛酸</p>				
<b>艰难梭菌</b> Clostridium difficile	0-0.05	0.028	正相关	★★★
<p>● 过度生长和毒素产生时会导致腹胀和腹泻，可能导致严重疾病。</p>				
<b>肠球菌属</b> Enterococcus	0-0.05	0.045	正相关	★★★
<p>● 过多可能与腹部肿块、腹痛等症状有关。</p>				



# 过敏相关菌

● 肠道菌群失衡与过敏症状密切相关。健康的肠道微生物群落对免疫系统发育和调控至关重要。

过敏相关菌名称	参考范围%	检测丰度%	相关性	相关性强度
<b>脆弱拟杆菌</b> Bacteroides fragilis	0-0.05	14.705 ↑	正相关	★★★
<p>● 花粉过敏成年人丰度上升，可以通过补充双歧杆菌来预防。会诱导更多的Th2细胞因子。与花生和坚果过敏存在相关。</p> <p>● 改善建议：乳杆菌补充、大麦、双歧杆菌补充、阿司匹林</p>				
<b>枸橼酸杆菌属</b> Citrobacter	0-0.5	0.059	正相关	★★★
<p>● Citrobacter在食物过敏的肠道中明显富集。会加重系统性过敏症状并减少肠道Th17细胞。</p>				
<b>克雷伯氏菌属</b> Klebsiella	0-0.05	0.191 ↑	正相关	★★★
<p>● 过度生长可能会导致肠道微生物群落失衡，从而引发过敏反应。过敏婴儿肠道中Klebsiella的数量明显增加，有益菌数量减少。</p> <p>● 改善建议：乳杆菌补充、双歧杆菌补充、大麦、低聚果糖</p>				
<b>莫拉氏菌属</b> Moraxella	0-0	ND	正相关	★★★
<p>● 与哮喘等过敏性疾病有关联。儿童早期感染Moraxella会增加呼吸道疾病的严重程度和发生急性哮喘的风险。</p>				
<b>变形菌门</b> Proteobacteria	0-1.742	7.831 ↑	正相关	★★★
<p>● 增加血液中的脂多糖内毒素，增加肠道通透性，导致慢性炎症反应。摄入低聚果糖可调节肠道微生物，改善过敏反应。</p> <p>● 改善建议：低脂饮食、牛磺酸、生酮饮食、聚甘露糖醛酸</p>				
<b>肠杆菌科</b> Enterobacteriaceae	0-5.727	6.821 ↑	正相关	★★★
<p>● 早期婴儿肠道微生物群落中，丰度的增加与食物敏感化的发展有关联。可以产生脂多糖（LPS），刺激HPA轴并与多种代谢性疾病的炎症有关。</p>				
<b>活泼瘤胃球菌</b> Ruminococcus gnavus	0-0.05	0.037	正相关	★★★
<p>● 与食物过敏、哮喘、呼吸道过敏等疾病的发生有关。会导致肠道内炎症反应的加剧，从而引发过敏症状。降低肠道内纤维素降解酶的潜力。</p>				



① 感染会引起过敏反应，如Kounis综合征，同时过敏患者对某些抗生素也可能存在过敏反应，因此需要注意过敏史。



① 高丰度可能会导致过敏疾病的发展，如婴儿的食物过敏和儿童的1型糖尿病。



① 通过激活巨噬细胞，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。



① 能够产生丰富的短链脂肪酸和其他代谢物。减少过敏原物质的进入和吸收。减少过度的免疫和炎症反应，降低过敏的严重程度和持续时间。



① 能够产生丙酸和细菌素，可以防止S. aureus或其他病原菌的增殖，被认为具有抗过敏的作用，包括对哮喘和AD的保护作用。

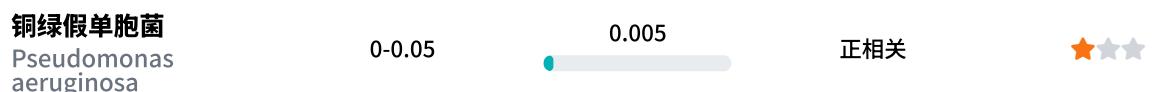
💡 改善建议：乳杆菌补充



① 可产生丁酸的益生菌，食物过敏患者的肠道中Roseburia的丰度较低。通过膳食干预或益生菌治疗，可以增加Roseburia的丰度，促进过敏的缓解。



① 成人型菌株可能会促进过敏炎症所特有的Th2偏向免疫反应。

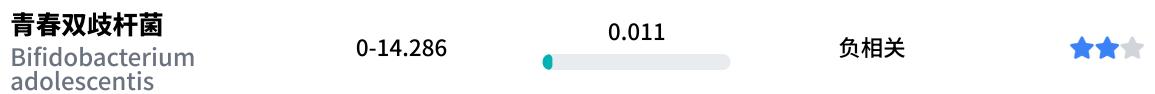


① 感染也可能会引起过敏反应，也可能会导致过敏性支气管肺曲霉病（ABPA）的发生。增加宿主患上过敏性疾病的風險。



① 可以调节肠道免疫系统，减少过敏反应。Bifidobacterium可以改善过敏症状，如哮喘和湿疹。可以进一步提高其对过敏的保护作用。

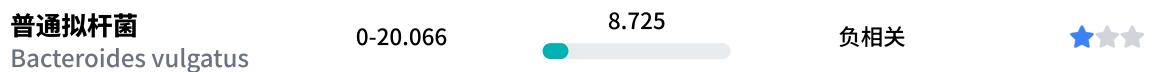
<b>乳杆菌属</b> Lactobacillus	0-0.43	0.002	负相关	★★★
① 可以减轻食物过敏和湿疹等过敏症状。可以通过降低食物中过敏原的含量来减轻过敏症状。				
<b>粪杆菌属</b> Faecalibacterium	1.935-17.794	4.821	负相关	★★★
① 产生丰富的短链脂肪酸，如丙酸、丁酸和乙酸等，维持肠道健康和免疫系统的正常功能，促进免疫系统的平衡，减少过敏症状的发生。				
<b>艾克曼菌</b> Akkermansia muciniphila	0-6.639	8.095 ↑	负相关	★★★
① 可以调节肠道微生物群和短链脂肪酸预防过敏，阻断免疫细胞的流入，减轻病理，降低了炎症水平 ⚠ 改善建议：脂肪、苹果、高脂饮食、地中海饮食				
<b>阿克曼氏菌属</b> Akkermansia	0-5.798	8.315 ↑	负相关	★★★
① 减少多种炎症标志物，修复肠道，富含多酚的蔓越莓提取物和其他富含类黄酮的食物，包括绿茶和红茶可提高Akk水平 ⚠ 改善建议：高蛋白饮食、低FODMAPs饮食、高脂饮食				
<b>拟杆菌属</b> Bacteroides	1.058-47.323	31.696	负相关	★★★
① 在婴儿期和幼儿期，丰度降低与食物过敏或特应性皮炎的发生有关。过多也与过敏结果有关，包括哮喘、花粉症和食物过敏等。				
<b>经黏液真杆菌属</b> Blautia	0.085-6.906	0.457	负相关	★★★
① 高丰度可能会导致过敏疾病的发展，如婴儿的食物过敏和儿童的1型糖尿病。				
<b>未知</b> Dorea菌属 Dorea	0.058-5.212	0.192	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。				
<b>普雷沃氏菌属</b> Prevotella	0-67.801	0.775	负相关	★★★
① 孕期母亲肠道微生物中Prevotella的丰度增加可以预防食物过敏。在食物过敏患者中，Prevotella的丰度较低。				
<b>罗氏菌属</b> Roseburia	0.583-16.358	0.46 ↓	负相关	★★★
① 可产生丁酸的益生菌，食物过敏患者的肠道中Roseburia的丰度较低。通过膳食干预或益生菌治疗，可以增加Roseburia的丰度，促进过敏的缓解。				



过敏儿童的肠道中数量较少。缺乏可能导致免疫系统的失调，使食物过敏原更容易穿过肠道屏障，导致食物敏感性的增加。



Lachnospiraceae可产生短链脂肪酸，减少食物过敏的发生。



食物过敏与*Bacteroides vulgatus*相对丰度呈负相关。

# 抑郁相关菌

肠道菌群失衡与过敏症状密切相关。健康的肠道微生物群落对免疫系统发育和调控至关重要，当有益菌减少时，肠道屏障功能受损，免疫耐受机制被破坏。

抑郁相关菌名称	参考范围%	检测丰度%	相关性	相关性强度
脱硫弧菌属 Desulfovibrio	0-0.05	0.031	正相关	★★★
另枝菌属 Alistipes	0.081-18.12	0.033 ↓	正相关	★★★
拟杆菌属 Bacteroides	1.058-47.323	31.696	正相关	★★★
埃希氏菌属 Escherichia	0-3.83	5.943 ↑	正相关	★★★
解黄酮菌属 Flavonifractor	0-0.729	1.202 ↑	正相关	★★★
震颤杆菌属 Oscillibacter	0-3.196	0.652	正相关	★★★
副拟杆菌属 Parabacteroides	0.11-8.73	0.433	正相关	★★★

<b>放线菌属</b> Actinomyces	0-0.054	0.006	正相关	★★★
<p>与抑郁症以及一些慢性炎症性疾病，如克罗恩病和抑郁症状的加重有关。</p>				
<b>厌氧棒状菌属</b> Anaerostipes	0.093-9.555	0.011 ↓	正相关	★★★
<p>抑郁症患者中明显增加。还与情绪和行为异常有关。</p>				
<b>经黏液真杆菌属</b> Blautia	0.085-6.906	0.457	正相关	★★★
<p>与肠道黏膜炎症有关，而肠道炎症与抑郁症和焦虑症有关。</p>				
<b>梭菌属</b> Clostridium	0-4.465	3.427	正相关	★★★
<p>在抑郁症患者中，Clostridium属的丰度显著增加。</p>				
<b>爱格士氏菌属</b> Eggerthella	0-0.043	0.036	正相关	★★★
<p>抑郁症患者丰度较高。与短链脂肪酸（SCFAs）消耗有关。</p>				
<b>嗜血杆菌属</b> Haemophilus	0-0.098	0.009	正相关	★★★
<p>丰度与负面心理症状、认知、兴奋和抑郁等因素呈正相关。</p>				
<b>霍尔德曼氏菌属</b> Holdemania	0-0.28	0.23	正相关	★★★
<p>磷酸戊糖和淀粉和蔗糖代谢过程是抑郁症的重要途径。霍尔德曼氏菌属在葡萄糖代谢和代谢综合征中发挥作用。</p>				
<b>克雷伯氏菌属</b> Klebsiella	0-0.05	0.191 ↑	正相关	★★★
<p>引起抑郁和结肠炎，且这种关联是剂量依赖性的。可能是由于肠道菌群失调引起的神经炎症反应所致。</p>				
<p>改善建议：乳杆菌补充、双歧杆菌补充、大麦、低聚果糖</p>				
<b>副普雷沃氏菌属</b> Paraprevotella	0-0.761	0.002	正相关	★★★
<p>抑郁症患者的肠道菌群中Paraprevotella的丰度与抑郁症严重程度呈正相关。通过LPS刺激免疫反应和促炎症细胞因子的释放。</p>				
<b>副萨特氏菌属</b> Parasutterella	0-0.824	ND	正相关	★★★
<p>一些研究发现抑郁症患者的肠道微生物组成与健康个体有显著差异。有研究指出副萨特氏菌属的丰度在某些抑郁症患者中可能降低，显示它与情绪状态之间可能存在关联。</p>				

<b>普雷沃氏菌属</b> Prevotella	0-67.801	0.775	正相关	★★★
<p>● Prevotella与多种神经递质的产生有关，如γ-氨基丁酸（GABA）和色氨酸途径。缺乏可能导致肠道菌群失衡，进而影响心理健康。</p>				
<b>韦荣菌属</b> Veillonella	0-0.009	0.006	正相关	★★★
<p>● 与抑郁症等精神疾病的发生有关。在患有抑郁症和认知障碍的人的微生物群中数量较高。能够产生多种毒素，如溶血素、链溶素等。</p>				
<b>单形拟杆菌</b> Bacteroides uniformis	0-17.741	9.235	负相关	★★★
<b>普氏栖粪杆菌</b> Faecalibacterium prausnitzii	0.18-14.003	4.064	负相关	★★★
<b>食葡萄糖罗斯拜瑞氏菌</b> Roseburia inulinivorans	0-2.765	0.187	负相关	★★★
<b>双歧杆菌属</b> Bifidobacterium	1.755-35.501	0.039 ↓	负相关	★★★
<p>● 调节肠道菌群平衡、减少炎症反应、增加血清色氨酸水平等，可通过多种途径实现减轻焦虑和抑郁症状。</p>				
<b>粪杆菌属</b> Faecalibacterium	1.935-17.794	4.821	负相关	★★★
<p>● 患有双相情感障碍和重度抑郁症的患者肠道中Faecalibacterium水平较低。丰度与生活质量得分呈正相关，与抑郁症状呈负相关。</p>				
<b>乳杆菌属</b> Lactobacillus	0-0.43	0.002	负相关	★★★
<p>● 通过上调海马体中的GABA来缓解抑郁症。Lactobacillus helveticus可以通过降低血清犬尿氨酸/色氨酸比值来预防抑郁症。</p>				
<b>罗氏菌属</b> Roseburia	0.583-16.358	0.46 ↓	负相关	★★★
<p>● 能够产生短链脂肪酸调节肠道-脑轴，从而影响情绪和行为。抑郁症患者丰度较低，提高Roseburia丰度可能有助于缓解抑郁症状。</p>				
<b>拟杆菌属</b> Bacteroides	1.058-47.323	31.696	负相关	★★★
<p>● 产生益生元和短链脂肪酸，影响神经递质的水平，减轻抑郁和焦虑症状。还可以产生γ-氨基丁酸（GABA）降低与抑郁和焦虑有关的神经递质水平。</p>				
<b>优杆菌属</b> Eubacterium	0.115-9.488	1.192	负相关	★★★
<p>● 与改善焦虑和抑郁症状有显著的正相关性。与降低血清炎症标志物、增加短链脂肪酸和支链脂肪酸的产生等有关。</p>				

**普雷沃氏菌属**

Prevotella

0-67.801

0.775

负相关



Prevotella与多种神经递质的产生有关，如γ-氨基丁酸（GABA）和色氨酸途径。缺乏可能导致肠道菌群失衡，进而影响心理健康。

# 失眠相关菌

肠道菌群失衡与失眠存在显著关联。通过肠-脑轴，肠道微生物可影响大脑功能和睡眠调节。失眠患者的肠道菌群多样性常见降低，某些有益菌群比例减少。

失眠相关菌名称	参考范围%	检测丰度%	相关性	相关性强度
<b>拟杆菌属</b> Bacteroides	1.058-47.323	31.696	正相关	★★★
<p>① 丰度与睡眠效率和炎症因子IL-6的浓度呈正相关。</p>				
<b>梭菌目</b> Clostridiales	6.265-69.865	28.126	正相关	★★★
<p>① 丰度与睡眠效率和炎症因子IL-6的浓度呈正相关。</p>				
<b>经黏液真杆菌属</b> Blautia	0.085-6.906	0.457	正相关	★★★
<p>① 慢性失眠患者的睡眠质量和白细胞介素-1 (IL-1) 水平显著相关。可能通过影响线粒体功能来影响睡眠。</p>				
<b>梭菌属</b> Clostridium	0-4.465	3.427	正相关	★★★
<p>① 失眠相关，与特定代谢物 (Amide c18、Benzoyl chloride、Cytosine和N, n-dimethylarginine) 的水平正相关。</p>				
<b>链球菌属</b> Streptococcus	0-0.35	0.048	正相关	★★★
<p>① 其丰度在失眠患者中显著高于对照。</p>				
<b>普雷沃氏菌属</b> Prevotella	0-67.801	0.775	正相关	★★★
<p>① 与失眠相关的氨基酸代谢和炎症因子IL-1之间存在关联。可能通过调节氨基酸代谢和促炎因子来影响睡眠。</p>				
<b>龙包茨氏菌属</b> Romboutsia	0-0.021	0	正相关	★★★
<p>① 丰度在失眠患者中显著增加，而在治疗后有所降低。</p>				
<b>粪杆菌属</b> Faecalibacterium	1.935-17.794	4.821	负相关	★★★
<p>① 与慢性失眠负相关，可能与宿主的葡萄糖稳态和脂质代谢有关。</p>				

阿克曼氏菌属 Akkermansia	0-5.798	8.315 ↑	负相关	★★★
● 增加丰度有助于预防肥胖、动脉粥样硬化和失眠等健康问题。 ⚠ 改善建议：高蛋白饮食、低FODMAPs饮食、高脂饮食				
长双歧杆菌 <i>Bifidobacterium longum</i>	0-6.854	0.012	负相关	★★★
● 通过改变肠道菌群和抑制肠道细菌LPS的产生，改善认知功能。				
Lachnospiraceae	0-0.209	0.154	负相关	★★★
● 与失眠患者的自我报告睡眠效率(SE)呈正相关。				

# 个性化饮食推荐

❶ 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

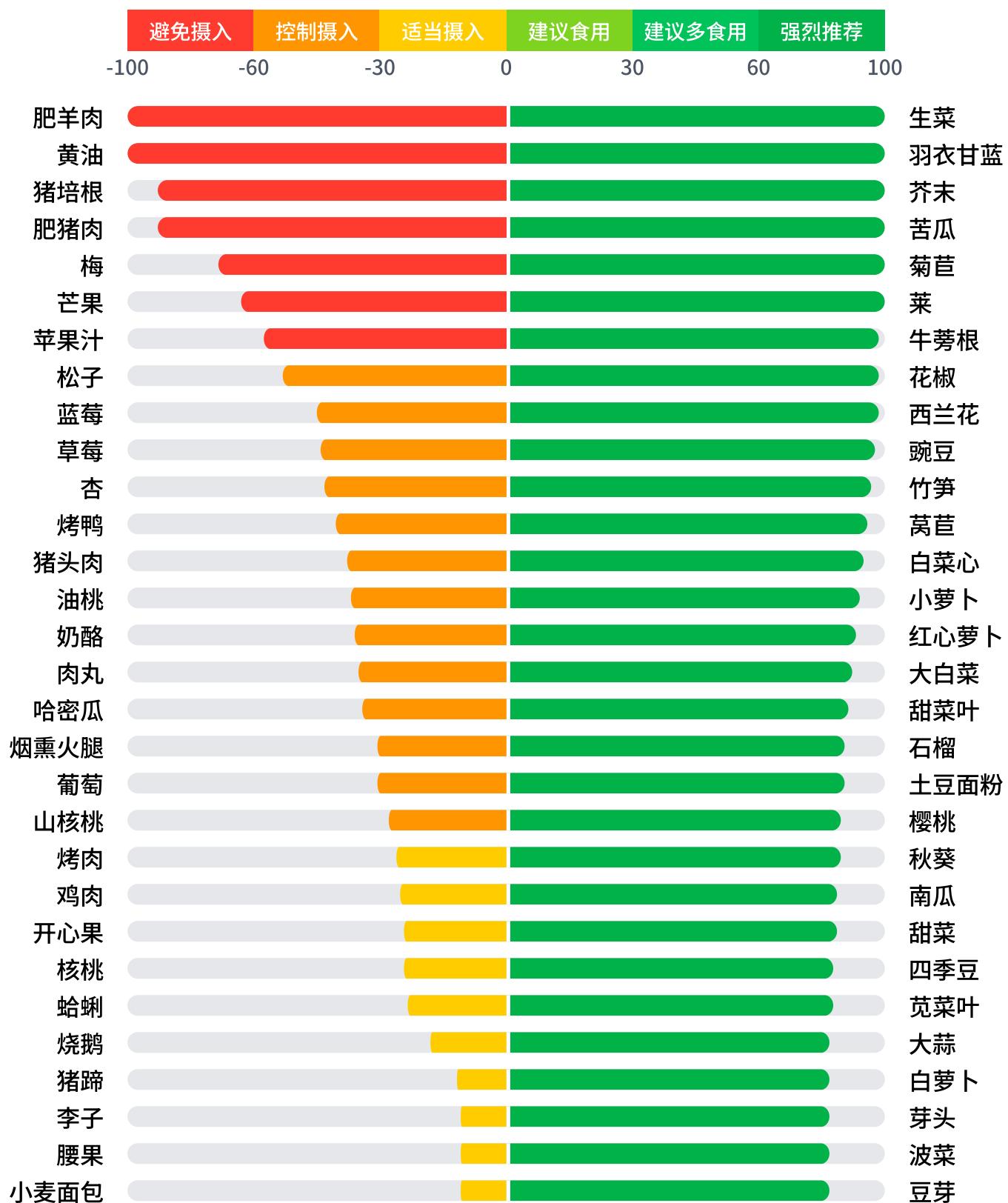
- **使用说明**

- 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
- 营养成分数据参考了来自 USDA 食品成分数据库

# 个性化饮食推荐TOP30



# 主食类饮食推荐

① 主食类饮食是指以谷物、淀粉类食物为主要组成部分的饮食习惯，通常包括米饭、面条、面包、土豆、玉米等。主食是人体获取能量的主要来源，富含碳水化合物，是维持日常活动和身体功能所需的重要营养成分。

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	60.8	298	1	0	14	14	0	0
燕麦	59.1	297	17	6	66	0	1	0
大麦	51.3	1481	12	2	73	0	17	0
小麦	41.0	1423	10	1	75	0	12	0
玉米饼	33.8	912	5	2	44	0	6	0
小米	29.0	1582	11	4	72	0	8	0
荞麦面粉	21.0	1402	12	3	70	0	10	0
意大利面	14.0	386	1	3	13	0	2	0
黑麦面包	8.5	1188	9	3	53	0	6	0
葡萄干浆即食谷物	0	1354	7	1	78	0	13	0
鸡蛋面包	-5.9	1201	9	6	47	0	2	51
米饭	-15.1	1527	7	0	79	0	1	0
面条	-24.4	1609	14	4	71	0	3	84
小麦面包	-31.9	1116	10	3	48	36	4	0

# 肉类推荐

肉类饮食是指以各种肉类为主要组成部分的饮食习惯，包括红肉（如牛肉、羊肉、猪肉）、禽肉（如鸡肉、鸭肉）和海鲜（如鱼、虾、贝类等）。

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)
牛蛙	28.6	305	16	0	0	0	0	50
牛肉瘦	26.3	488	23	2	0	0	0	55
鸡肝	25.3	496	16	4	0	0	0	345
鹅肝	24.8	556	16	4	6	0	0	515
猪瘦肉	24.2	562	21	4	0	0	0	64
猪肝	22.0	690	26	4	3	0	0	355
鸡心	15.0	640	15	9	0	0	0	136
牛肉汤	14.0	25	1	0	0	0	0	0
鹌鹑	11.2	803	19	12	0	0	0	76
火鸡	11.0	790	28	7	0	0	0	109
瘦羊肉	6.7	862	28	9	0	0	0	92
鸡汤	1.9	26	0	0	0	0	0	2
猪耳朵	-4.5	695	15	10	0	0	0	90
猪蹄	-8.7	889	23	12	0	0	0	88
烧鹅	-10.5	1276	25	21	0	0	0	91
火腿	-13.2	683	16	8	3	0	1	57
烤肉	-20.1	1512	20	30	0	0	0	105
鸡肉	-20.3	604	28	3	0	0	0	86
烤鸭	-30.5	1410	18	28	0	0	0	84
烟熏火腿	-36.6	591	18	2	10	0	0	50
猪脑	-38.6	577	12	9	0	0	0	2552

肉丸	-39.1	1196	14	22	8	2	2	66
猪头肉	-42.2	658	13	10	0	0	0	69
猪培根	-72.9	1744	12	39	1	0	0	66
肥猪肉	-77.5	2449	10	60	0	0	0	81
牛肉肥	-94.0	2845	10	70	0	0	0	95
肥羊肉	-100.0	2782	6	70	0	0	0	90

# 水产品推荐

● 水产品饮食是指以鱼类、贝类、甲壳类等水生动物为主要食材的饮食习惯。这类食品常见于地中海饮食和亚洲饮食中，因其营养丰富而备受推崇。

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)
沙丁鱼	54.3	347	0	1	19	0	5	0
鲷鱼	34.9	418	20	1	0	0	0	37
大比目鱼	34.0	382	18	1	0	0	0	49
石斑鱼	34.0	385	19	1	0	0	0	37
鳕鱼	33.5	364	18	0	0	0	0	41
鲈鱼	29.5	381	19	0	0	0	0	90
条纹鲈鱼	29.3	406	17	2	0	0	0	80
小龙虾	28.4	322	15	0	0	0	0	114
牡蛎	28.2	339	9	2	4	0	0	50
金枪鱼	27.0	602	23	4	0	0	0	38
鲤鱼	26.9	439	16	4	0	0	0	60
鲤鱼	26.8	531	17	5	0	0	0	66
三文鱼	25.6	594	19	6	0	0	0	55
章鱼	25.3	343	14	1	2	0	0	48
鲅鱼	24.9	519	20	4	0	0	0	59
白鲑	22.5	611	17	8	0	0	0	65
鱿鱼	20.4	385	15	1	3	0	0	233
蟹	19.4	364	18	1	0	0	0	78
鳟鱼	18.7	619	20	6	0	0	0	58
黄尾	18.7	611	23	5	0	0	0	55
凤尾鱼	17.3	548	20	4	0	0	0	60

墨鱼	13.3	331	16	0	0	0	0	112
海鲈鱼	13.2	332	15	1	0	0	0	52
贻贝	13.2	360	11	2	3	0	0	28
鲽鱼	12.7	294	12	1	0	0	0	45
鳗鱼	12.4	770	18	11	0	0	0	126
鲭鱼	12.0	858	18	13	0	0	0	70
鲍鱼	9.6	439	17	0	6	0	0	85
龙虾	9.1	324	16	0	0	0	0	127
扇贝	8.2	289	12	0	3	2	0	24
鲱鱼	6.3	661	17	9	0	0	0	60
虾	1.7	297	13	1	0	0	0	126
蛤蜊	1.7	360	14	0	3	1	0	30
大西洋鳕鱼	0	343	17	0	0	0	0	43
鱼子酱	-57.7	1105	24	17	4	0	0	588

# 乳制品推荐

① 乳制品饮食是指以牛奶及其衍生产品（如酸奶、奶酪、黄油等）为主要组成部分的饮食习惯。乳制品是重要的营养来源，富含蛋白质、钙、维生素D和多种微量元素。

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	38.2	142	3	0	4	0	0	2
牛奶	23.6	268	3	3	4	0	0	14
奶油	-0.8	515	3	10	4	0	0	35
冰淇淋	-3.8	690	1	3	32	0	0	8
奶酪	-55.3	1552	23	29	2	0	0	94
黄油	-100.0	2999	0	81	0	0	0	215

# 蔬菜推荐

● 蔬菜类饮食是指以各种蔬菜为主要组成部分的饮食习惯。蔬菜富含维生素、矿物质、纤维和抗氧化物质，对维护健康和预防疾病有重要作用。

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)
生姜	100.0	75	0	0	3	0	1	0
菊苣	99.6	71	0	0	4	0	3	0
芥末	99.3	114	2	0	4	0	3	0
藜	96.2	180	4	0	7	0	4	0
竹笋	94.3	115	2	0	5	0	2	0
羽衣甘蓝	94.0	207	4	0	8	0	3	0
白萝卜	93.9	59	1	0	2	0	1	0
花椒	93.8	80	0	0	4	0	1	0
西兰花	93.2	141	2	0	6	0	2	0
牛蒡根	90.8	302	1	0	17	0	3	0
苦瓜	90.8	126	5	0	3	0	0	0
四季豆	89.9	131	1	0	6	0	2	0
小萝卜	89.9	76	0	0	4	0	1	0
甜椒	89.9	84	0	0	4	0	1	0
秋葵	88.5	138	1	0	7	0	3	0
白蘑菇	88.3	93	3	0	3	0	1	0
大白菜	87.5	55	1	0	2	0	1	0
红心萝卜	86.9	132	1	0	7	0	3	0
豇豆	86.7	376	2	0	18	0	5	0
蕨类	86.3	143	4	0	5	0	0	0
芹菜	83.8	67	0	0	2	0	1	0

白菜	83.6	48	1	0	1	0	1	0
豆芽	83.4	510	13	6	9	0	1	0
豌豆	83.4	176	2	0	7	0	2	0
土豆	81.9	322	2	0	17	15	2	0
茄子	80.8	104	0	0	5	0	3	0
香菇	80.4	160	1	0	6	0	3	0
甜菜叶	80.3	92	2	0	4	0	3	0
甜菜	80.0	180	1	0	9	0	2	0
韭菜	79.3	126	3	0	4	0	2	0
菠菜	79.2	97	2	0	3	0	2	0
苋菜叶	79.1	97	2	0	4	0	0	0
黄瓜	78.6	65	0	0	3	0	0	0
生菜	77.8	62	1	0	2	0	1	0
芋头	76.7	469	1	0	26	0	4	0
芦笋	76.7	85	2	0	3	0	2	0
大蒜	76.6	623	6	0	33	0	2	0
西红柿	76.2	74	0	0	3	0	1	0
大豆	76.1	614	12	6	11	0	4	0
蘑菇	74.7	141	2	0	6	0	2	0
花椰菜	74.3	104	1	0	4	0	2	0
山药	73.8	343	1	0	20	0	0	0
绿豆	73.4	126	3	0	5	0	1	0
卷心菜	73.0	103	1	0	5	0	2	0
土豆面粉	73.0	1493	6	0	83	0	5	0
菜豆	72.9	280	6	0	13	0	0	0
南瓜	72.5	109	1	0	6	0	0	0

芝麻	72.5	2397	17	49	23	0	11	0
扁豆	71.8	444	8	0	22	0	0	0
红豆	63.9	121	4	0	4	0	0	0
炒蘑菇	63.1	110	3	0	4	0	1	0
炒香菇	59.0	162	3	0	7	0	3	0
木薯	58.2	667	1	0	38	0	1	0
洋葱	58.0	166	1	0	9	0	1	0
甜玉米	51.5	360	3	1	18	5	2	0
辣椒	48.5	88	0	0	5	0	1	0
甘薯	46.3	359	1	0	20	12	3	0
胡萝卜	41.1	173	0	0	9	1	2	0
番茄汁	13.4	72	0	0	3	0	0	0
小南瓜	0	69	1	0	3	0	1	0

# 干果推荐

干果类饮食是指以坚果和干果为主要组成部分的饮食习惯。干果包括核桃、杏仁、腰果、榛子、桂圆、葡萄干等，经常被视为健康零食，富含营养成分。

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	70.2	372	4	0	17	0	0	0
榛子	44.1	2629	14	60	16	0	9	0
栗子	34.1	1519	6	1	79	0	0	0
橡子	13.3	1619	6	23	40	0	0	0
芝麻酱	6.3	2454	18	50	24	0	5	0
葵花子	5.5	2445	20	51	20	0	8	0
杏仁	2.6	2423	21	49	21	0	12	0
椰肉	0	1481	3	33	15	0	9	0
山核桃干	-4.5	2749	12	64	18	0	6	0
开心果	-12.0	2392	21	45	28	1	10	0
核桃	-15.1	2738	15	65	13	0	6	0
银杏坚果	-16.7	1456	10	2	72	0	0	0
山核桃	-17.5	2889	9	71	13	0	9	0
腰果	-18.2	2402	15	46	32	0	3	0
松子	-52.8	2816	13	68	13	1	3	0

# 水果推荐

水果类饮食是指以新鲜水果为主要组成部分的饮食习惯。水果不仅美味可口，而且富含维生素、矿物质、抗氧化物和膳食纤维，对健康有诸多益处。

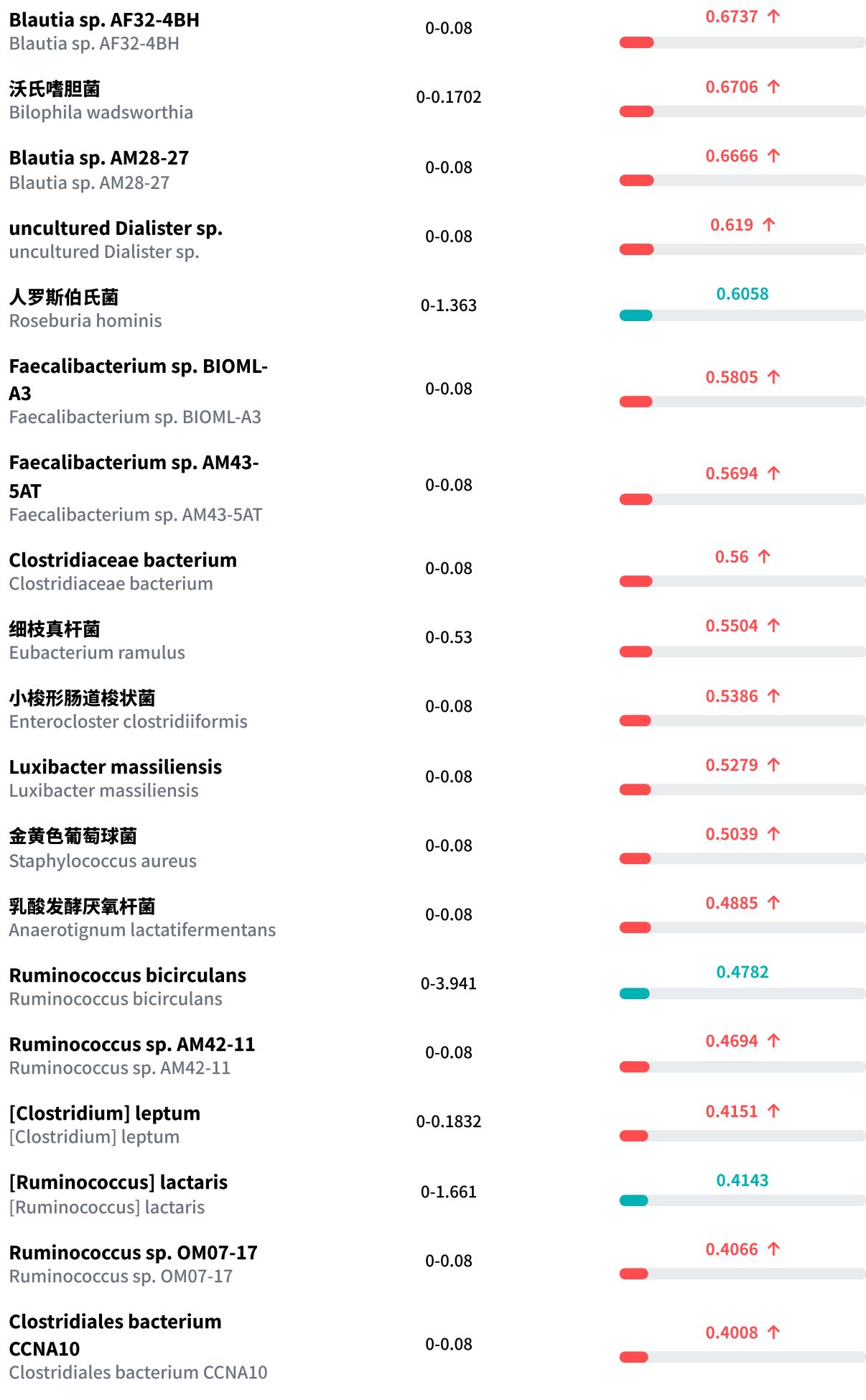
食物名称	推荐指数	能量(KJ)	蛋白(g)	脂肪(g)	碳水化合物(g)	淀粉(g)	膳食纤维(g)	胆固醇(mg)
龙眼	88.2	251	1	0	15	0	1	0
桑葚	84.1	180	1	0	9	0	1	0
黑莓	83.1	181	1	0	9	0	5	0
橙皮	82.4	405	1	0	25	0	10	0
石榴	80.8	346	1	1	18	0	4	0
柠檬	79.2	121	1	0	9	0	2	0
杨桃	78.0	128	1	0	6	0	2	0
榴莲	77.8	615	1	5	27	0	3	0
橙汁	75.7	188	0	0	10	0	0	0
梨	75.6	239	0	0	15	0	3	0
葡萄柚	72.8	134	0	0	8	0	1	0
覆盆子	68.6	220	1	0	11	0	6	0
葡萄	66.5	280	0	0	17	0	0	0
鳄梨	63.5	670	2	14	8	0	6	0
荔枝	55.6	276	0	0	16	0	1	0
蔓越莓	54.6	191	0	0	11	0	3	0
草莓	53.7	136	0	0	7	0	2	0
面包果酱	50.8	431	1	0	27	0	4	0
蓝莓	49.1	240	0	0	14	0	2	0
无花果	47.9	310	0	0	19	0	2	0
番木瓜	45.5	179	0	0	10	0	1	0

猕猴桃	42.1	255	1	0	14	0	3	0
橙菠萝汁	41.0	214	0	0	12	0	0	0
樱桃	24.0	1395	1	0	80	0	2	0
柿子	23.2	293	0	0	18	0	3	0
西瓜	21.4	127	0	0	7	0	0	0
苹果	16.0	218	0	0	13	0	2	0
红苹果	14.4	247	0	0	14	0	2	0
香蕉	12.2	371	1	0	22	5	2	0
李子	10.1	192	0	0	11	0	1	0
菠萝蜜	7.6	397	1	0	23	1	1	0
哈密瓜	-9.9	141	0	0	8	0	0	0
甜瓜	-10.0	150	0	0	9	0	0	0
油桃	-13.3	185	1	0	10	0	1	0
桃	-17.2	165	0	0	9	0	1	0
杏	-19.9	201	1	0	11	0	2	0
菠萝	-20.2	209	0	0	13	0	1	0
橘子	-21.1	197	0	0	11	0	2	0
苹果汁	-37.9	191	0	0	11	0	0	0
芒果	-41.6	250	0	0	14	0	1	0
枣	-48.4	1176	4	0	72	0	6	0
葡萄干	-73.4	264	1	0	15	0	0	0

# 检出肠道细菌

下列表格中展示了您肠道中实际检出的肠道细菌（仅展示丰度最高的前35个并且按照丰度递减排列）

细菌名称	参考范围%	检测丰度%
食糖端孢斯氏菌 <i>Roseburia inulinivorans</i>	0-2.765	5.120 ↑
挑剔毛螺菌 <i>Lachnospira eligens</i>	0-4.489	4.986 ↑
<b>uncultured Eubacterium sp.</b> uncultured <i>Eubacterium</i> sp.	0-5.205	4.981
<b>uncultured Eubacteriales bacterium</b> uncultured <i>Eubacteriales</i> <i>bacterium</i>	0-5.254	4.939
珀氏黄素菌 <i>Flavonifractor plautii</i>	0-0.8218	2.275 ↑
直肠真杆菌 [ <i>Eubacterium</i> ] <i>rectale</i>	0-13.03	2.143
混迹潜胞利斯特菌 <i>Dialister invisus</i>	0-0.6116	2.118 ↑
<b>Ruminococcus sp. AM28-13</b> <i>Ruminococcus</i> sp. AM28-13	0-0.08	1.671 ↑
<b>uncultured Ruminococcus sp.</b> uncultured <i>Ruminococcus</i> sp.	0-0.08	1.573 ↑
<b>Blautia sp. OM06-15AC</b> <i>Blautia</i> sp. OM06-15AC	0-0.08	1.093 ↑
马赛阴杆菌 <i>Negativibacillus massiliensis</i>	0-0.08	0.9108 ↑
<b>Subdoligranulum sp.</b> <b>APC924/74</b> <i>Subdoligranulum</i> sp. APC924/74	0-2.106	0.8341
<b>Blautia sp. TF10-30</b> <i>Blautia</i> sp. TF10-30	0-0.08	0.8125 ↑
<b>Faecalibacterium sp.</b> <b>Marseille-P9312</b> <i>Faecalibacterium</i> sp. Marseille-P9312	0-0.08	0.6913 ↑

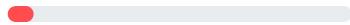


普氏粪类杆菌

*Faecalibacterium prausnitzii*

0.1804-14.00

0.1752 ↓



# 检出肠道真菌

下列表格中展示了您肠道中实际检出的肠道真菌（仅展示丰度最高的前35个并且按照丰度递减排列）

真菌名称	参考范围%	检测丰度%
尖孢镰刀菌 <i>Fusarium oxysporum</i>	0.00054	0-0.05
白色念珠菌 <i>Candida albicans</i>	未检出	0-0.05
酿酒酵母 <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	未检出	0-0.05
真贝酵母 <i>Saccharomyces eubayanus</i>	未检出	0-0.05
奇异酵母 <i>Saccharomyces paradoxus</i>	未检出	0-0.05
木糖发酵酵母 <i>Scheffersomyces stipitis</i>	未检出	0-0.05
黄曲霉 <i>Aspergillus flavus</i>	未检出	0-0.05
烟曲霉 <i>Aspergillus fumigatus</i>	未检出	0-0.05
米曲霉 <i>Aspergillus oryzae</i>	未检出	0-0.05
新型隐球菌 <i>Cryptococcus neoformans</i>	未检出	0-0.05
汉氏德巴利氏酵母 <i>Debaryomyces hansenii</i>	未检出	0-0.05
产甘油假丝酵母 <i>Eremothecium gossypii</i>	未检出	0-0.05
轮枝镰刀菌 <i>Fusarium verticillioides</i>	未检出	0-0.05
禾谷镰刀菌 <i>Fusarium graminearum</i>	未检出	0-0.05
乳酸克鲁维酵母 <i>Kluyveromyces lactis</i>	未检出	0-0.05
稻瘟病菌 <i>Pyricularia grisea</i>	未检出	0-0.05

**玉米黑粉菌**

*Ustilago maydis*

未检出

0-0.05

# 检出肠道真核生物

下列表格中展示了您肠道中实际检出的肠道真核生物（仅展示丰度最高的前35个并且按照丰度递减排列）

真核生物名称	参考范围%	检测丰度%
卫氏并殖吸虫 <i>Paragonimus westermani</i>	0.00319	0.05
阴道毛滴虫 <i>Trichomonas vaginalis</i>	0.00217	0.05
克氏锥虫 <i>Trypanosoma cruzi</i>	0.00208	0.05
布氏姜片吸虫 <i>Fasciolopsis buski</i>	0.00208	0.05
十二指肠钩口线虫 <i>Ancylostoma duodenale</i>	0.00157	0.05
日本血吸虫 <i>Schistosoma japonicum</i>	0.0014	0.05
圆孢子虫 <i>Cyclospora cayetanensis</i>	0.00138	0.05
<b>Phytophthora ramorum</b> <i>Phytophthora ramorum</i>	0.00132	0.05
蠕形住肠线虫 <i>Enterobius vermicularis</i>	0.00108	0.05
<b>Plasmodium sp. gorilla clade G2</b> <i>Plasmodium sp. gorilla clade G2</i>	0.0009	0.05
<b>Phytophthora parasitica</b> <i>Phytophthora parasitica</i>	0.00087	0.05
似蛔虫线虫 <i>Ascaris lumbricoides</i>	0.00078	0.05
<b>Acanthamoeba rhytidescens</b> <i>Acanthamoeba rhytidescens</i>	0.00075	0.05
华支睾吸虫 <i>Clonorchis sinensis</i>	0.0007	0.05
曼氏血吸虫 <i>Schistosoma mansoni</i>	0.0007	0.05



# 参考文献

● 下列是本宏基因组报告作参考的文献资料。

## 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

## Gut Dysbiosis in Animals Due to Environmental Chemical Exposures

👤 Rosenfeld, C. S. • 📖 Front Cell Infect Microbiol 7, 396 • 📅 2017

## 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

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

👤 Mörkil, S. et al. • 📖 Eur J Nutr 57, 2985-2997 • 📅 2018

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

👤 Valles-Colomer, M. et al. • 📖 Nature Microbiology 4, 623 • 📅 2019

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

👤 Gao, J. et al. • 📖 Front Cell Infect Microbiol 8 • 📅 2018

## Linking the gut microbiome to metabolism through endocrine hormones

👤 Brubaker, P. L. • 📖 Endocrinology • 📅 2018

## 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

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

👤 Zhang, Y. et al. • 📖 Epilepsy Res. 145, 163-168 • 📅 2018

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

👤 Qian, L. et al. • 📖 Exp Ther Med 16, 856-866 • 📅 2018

**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

**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

**Salt-responsive gut commensal modulates TH17 axis and disease**

👤 Wilck, N. et al. • 📖 Nature 551, 585-589 • 📅 2017

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

👤 Noronha, A. et al. • 📖 bioRxiv 321331 • 📅 2018

**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

**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

**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

**Linking the Gut Microbiota to a Brain Neurotransmitter**

👤 Jameson, K. G. & Hsiao, E. Y. • 📖 Trends Neurosci. 41, 413-414 • 📅 2018