

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主要集中于分类学信息的分析，在样本积累和数据库支持方面更为丰富。

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

颜如玉

性别

男性

年龄

42岁

样本编号

686841025

报告日期

2025-03-05

健康总分



整体健康状况不佳有疾病高风险

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

42岁

实际年龄

47.42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

48 /100

三项分值的标准



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

47.42 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
蛋白发酵 Protein fermentation	0-70	24	正常
<p>● 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。</p>			
消化效率 Digestive Efficiency	25-100	99	正常
<p>● 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。</p>			
肠道产气 Intestinal Gas Production	0-70	66	正常
<p>● 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。</p>			
肠道屏障 Intestinal Barrier	25-100	39	正常
<p>● 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。</p>			
肠道炎症 Intestinal Inflammation	0-75	12	正常
<p>● 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。</p>			
代谢健康 Metabolic health	25-100	13 ↓	代谢异常
<p>● 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。</p>			
草酸盐代谢 Oxalate metabolism	25-100	16 ↓	草酸累积
<p>● 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。</p>			

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
菌种数量 Gut microbial count	200-2500	739	正常
<p>● 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。</p>			
菌群平衡 Gut microbiota balance	15-100	38	正常
<p>● 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。</p>			
菌群恢复力 Gut microbial resilience	25-100	10 ↓	菌群不稳定
<p>● 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。</p>			
生物膜形成 Biofilm Formation	0-0.5	0	正常
<p>● 高表示菌群具有较强的生物膜形成能力。</p>			
有益菌 Beneficial bacteria	16-100	23	正常
<p>● 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。</p>			
有害菌 Pathogenic bacteria	0-84	12	正常
<p>● 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。</p>			
革兰氏阴性菌 Gram-negative bacteria	0-0.4	0	正常
<p>● 肠道菌群主要以阳性菌为主，阴性菌一般是病原菌较多。</p>			
好氧菌 Aerobic bacteria	0-0.3	0	正常
<p>● 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。</p>			

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。

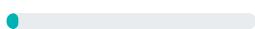
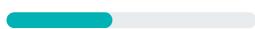
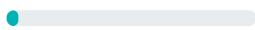
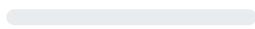
核心菌名称	检测丰度%	参考范围%	有%的正常人检出
梭菌属 Clostridium	0.23920	0-4.464	99.52%
 <p>多导致人体炎症、致病，导致菌群失衡，产丁酸，肥胖人群丰度较高，参与胆汁酸代谢，对抗艰难梭菌，参与纤维素、花青素以及蛋白质分解</p>			
普雷沃氏菌属 Prevotella	0.00171	0-67.8009	99.52%
 <p>核心菌，健康的植物性饮食相关菌，在自闭症、多发性硬化中减少；丰度高促炎，加剧过敏、刺激肠道敏感加剧IBS症状，基础丰度高更容易减脂</p>			
瘤胃球菌属 Ruminococcus	0.18609	0.0544-19.7985	99.52%
 <p>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 gnavus，水果蔬菜增加有益Ruminococcus bromii</p>			
拟杆菌属 Bacteroides	5.30149	1.0578-47.3225	99.04%
 <p>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	0.17647	0.1146-9.4883	98.56%
 <p>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>			

Lachnoclostridium Lachnoclostridium	0.07943	0-0.2086	98.56%
<p>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</p>			
粪杆菌属 Faecalibacterium	3.35887	1.9351-17.7942	98.08%
<p>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</p>			
经黏液真杆菌属 Blautia	14.85265 ↑	0.0846-6.9056	97.60%
<p>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 💡 改善建议：高胆汁酸，红酒、啤酒</p>			
戴阿利斯特杆菌属 Dialister	ND	0-3.7365	96.15%
<p>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，癌症患者样本中显着升高，丰度高难以减肥，油炸食品会增加其丰度</p>			
罗氏菌属 Roseburia	4.00605	0.583-16.3581	96.15%
<p>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，与含碳水化合物会促进其生长，例如蘑菇，燕麦，青香蕉等</p>			
直肠真杆菌属 Agathobacter	1.78528	0-8.6328	95.67%
<p>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</p>			
吉米菌属 Gemmiger	0.00028 ↓	0.0038-0.973	95.67%
<p>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 💡 改善建议：双歧杆菌补充、大麦、阿司匹林、大豆</p>			
副拟杆菌属 Parabacteroides	0.81628	0.1095-8.7303	95.19%
<p>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</p>			

另枝菌属 Alistipes	0.19699	0.0807-18.1199	91.83%
<p>● 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</p>			
毛螺菌属 Lachnospira	0.02809 ↓	0.0347-8.6596	88.94%
<p>● 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</p> <p>⚠ 改善建议：富含纤维的植物性饮食、全谷物、水果蔬菜中的果胶、β-胡萝卜素、维生素 E 和植物脂肪、洋车前子、茶多糖、减少吸烟</p>			
考拉杆菌属 Phascolarctobacterium	0.18683	0-3.7492	88.94%
<p>● 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</p>			
巨单胞菌属 Megamonas	ND	0-0.6916	87.50%
<p>● 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</p>			
粪球菌属 Coproccoccus	2.35600	0.0826-9.4195	86.06%
<p>● 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</p>			
双歧杆菌属 Bifidobacterium	8.84357	1.7546-35.5006	97.12%
<p>● 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</p>			
乳杆菌属 Lactobacillus	0.00955	0-0.4302	91.83%
<p>● 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</p>			
芽孢杆菌属 Bacillus	ND ↓	0.0001-0.5535	77.88%
<p>● 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</p> <p>⚠ 改善建议：母乳低聚糖</p>			

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
柯林斯氏菌属 Collinsella	10.95457 ↑	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 ⚠ 改善建议：槲皮素、白藜芦醇、豆甾醇、茶叶、蔓越莓</p>		
嗜胆菌属 Bilophila	ND	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>		
Flavonifractor Flavonifractor	0.10767	0-0.7285	91.83%
			
	<p>● 参与肠道儿茶素代谢，减轻免疫反应，产丁酸</p>		
Dorea菌属 Dorea	3.43109	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>		
Hungatella Hungatella	0.00466	0-0.027	89.42%
			
	<p>● 参与生成氧化三甲胺和牛磺酸</p>		
颤螺菌属 Oscillospira	ND ↓	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>		
枸橼酸杆菌属 Citrobacter	ND	0-0.05	78.37%
			
	<p>● 常见菌，免疫力下降可能引发感染</p>		
Akkermansia Akkermansia	0.00302	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。</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%
嗜粘蛋白-艾克曼菌 Akkermansia muciniphila	0.00296	0-6.6395
凝结芽孢杆菌 * Bacillus coagulans	ND	0-0.001
枯草芽孢杆菌 Bacillus subtilis	ND	0-0.001
多形拟杆菌 Bacteroides thetaiotaomicron	0.13705	0-2.7856
青春双歧杆菌 * Bifidobacterium adolescentis	0.01789	0-14.286
角双歧杆菌 Bifidobacterium angulatum	ND	0-0.15257
动物双歧杆菌 # Bifidobacterium animalis	ND	0-0.18833
两歧双歧杆菌 # Bifidobacterium bifidum	ND	0-2.1225
短双歧杆菌 # Bifidobacterium breve	0.01491 个	0-0.001
链状双歧杆菌 Bifidobacterium catenulatum	0.00112	0-0.50838
乳双歧杆菌 # Bifidobacterium crudilactis	ND	0-0.001
婴儿双歧杆菌 Bifidobacterium infantis	ND	0-0.001

长双歧杆菌 #	8.7997 ↑	0-6.854
Bifidobacterium longum	ND	0-0.001
胃瘤双歧杆菌	ND	0-0.001
Bifidobacterium merycicum	ND	0-0.001
穆卡拉巴双歧杆菌	ND	0-0.001
Bifidobacterium moukalabense	ND	0-0.001
假长双歧杆菌	ND	0-0.001
Bifidobacterium pseudolongum	ND	0-0.001
分支双歧杆菌	ND	0-0.001
Bifidobacterium ramosum	ND	0-0.001
罗伊氏双歧杆菌 *	ND	0-0.001
Bifidobacterium reuteri	ND	0-0.001
短柄双歧杆菌	ND	0-0.001
Bifidobacterium stellenboschense	ND	0-0.001
粪双歧杆菌	ND	0-0.001
Bifidobacterium stercoris	ND	0-0.001
布劳特氏菌属氢营养菌	0.02084	0-0.025629
Blautia hydrogenotrophica	0.00442	0-2.9334
穗状丁酸弧菌	0.00442	0-2.9334
Butyrivibrio crossotus	ND	0-0.001
丁酸梭菌	ND	0-0.001
Clostridium butyricum	1.49046	0-3.5506
霍氏真杆菌	1.49046	0-3.5506
Eubacterium hallii	1.16203	0-13.029
直肠真杆菌	1.16203	0-13.029
Eubacterium rectale	2.84418	0.18043-14.003
普拉梭菌	2.84418	0.18043-14.003
Faecalibacterium prausnitzii	ND	0-0.001
嗜酸乳杆菌 #	ND	0-0.001
Lactobacillus acidophilus	0.00552 ↑	0-0.001
短乳杆菌	0.00552 ↑	0-0.001
Lactobacillus brevis	ND	0-0.001
干酪乳杆菌 *	ND	0-0.001
Lactobacillus casei	0.00753 ↑	0-0.001
卷曲乳杆菌 *	0.00753 ↑	0-0.001
Lactobacillus crispatus	ND	0-0.001
弯曲乳杆菌	ND	0-0.001
Lactobacillus curvatus	ND	0-0.001
德氏乳杆菌 #	ND	0-0.010302
Lactobacillus delbrueckii	ND	0-0.010302

发酵乳杆菌 *	0.00092	0-0.001
Lactobacillus fermentum		
格氏乳杆菌 *	ND	0-0.001
Lactobacillus gasseri		
瑞士乳杆菌 #	ND	0-0.001
Lactobacillus helveticus		
约氏乳杆菌 *	ND	0-0.001
Lactobacillus johnsonii		
副干酪乳杆菌 #	ND	0-0.001
Lactobacillus paracasei		
植物乳杆菌 #	ND	0-0.001
Lactobacillus plantarum		
罗伊氏乳杆菌 #	ND	0-0.001
Lactobacillus reuteri		
鼠李糖乳杆菌 #	ND	0-0.001
Lactobacillus rhamnosus		
唾液乳杆菌 *	ND	0-0.001
Lactobacillus salivarius		
乳酸乳球菌 *	0.00217	0-0.041602
Lactococcus lactis		
棉子糖乳球菌	ND	0-0.001
Lactococcus raffinolactis		
台湾乳球菌	ND	0-0.001
Lactococcus taiwanensis		
草酸杆菌	ND	0-0.001
Oxalobacter formigenes		
乳酸片球菌 *	ND	0-0.001
Pediococcus acidilactici		
戊糖片球菌 *	ND	0-0.001
Pediococcus pentosaceus		
琥珀酸考拉杆菌	0.00053	0-2.4798
Phascolarctobacterium succinatutens		
肠道罗斯拜瑞氏菌	3.84558	0-4.8346
Roseburia intestinalis	●	
食葡萄糖罗斯拜瑞氏菌	0.00383	0-2.7653
Roseburia inulinivorans		
肉葡萄球菌 *	ND	0-0.001
Staphylococcus carnosus		
小牛葡萄球菌 *	ND	0-0.001
Staphylococcus vitulinus		

木糖葡萄球菌 *	ND	0-0.001
Staphylococcus xylosus		
嗜热链球菌 #	0.00495	0-1.0107
Streptococcus thermophilus		

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	3.51697	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</p>			
链球菌属 Streptococcus	0.62328 ↑	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 ⚠ 改善建议：蜂蜜、植物提取物、大蒜、大豆</p>			
韦荣菌属 Veillonella	0.03575 ↑	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 ⚠ 改善建议：咖啡、乳杆菌补充、阿司匹林、L-谷氨酰胺、减少吸烟</p>			
泛菌属 Pantoea	ND	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	0.00644	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	0.00263	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</p>			

弯曲杆菌属 Campylobacter	0.00236	0-0.05	55.29%
① 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			
克雷伯氏菌属 Klebsiella	0.01152	0-0.05	89.06%
① 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，肝病肾病，不卫生的环境和遗传易感性等			
脱硫弧菌属 Desulfovibrio	ND	0-0.05	33.65%
① 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，系统性硬化症患者患者富集，与普拉梭菌共存有利于丁酸生产			
螺杆菌属 Helicobacter	ND	0-0.05	22.12%
① 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			
弓形菌属 Arcobacter	ND	0-0.05	7.69%
① 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			
厌氧螺菌 Anaerobiospirillum	ND	0-0.05	0.00%
① 引起腹泻，感染，常见于猫狗体内，过多会导致菌群紊乱			
肠球菌属 Enterococcus	0.01537	0-0.05	81.25%
① 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			
奈瑟氏菌属 Neisseria	0.0032	0-0.05	46.15%
① 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			
不动杆菌属 Acinetobacter	ND	0-0.05	45.19%
① 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			

假单胞菌属	0.00151	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，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

霍尔德曼氏菌属	0.00105 ↑	0-0.0003	29.33%
Holdemania			

● 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%
鲍曼不动杆菌 <i>Acinetobacter baumannii</i>	ND	0-0.05
醋酸钙不动杆菌 <i>Acinetobacter calcoaceticus</i>	ND	0-0.05
约氏不动杆菌 <i>Acinetobacter johnsonii</i>	ND	0-0.05
琼氏不动杆菌 <i>Acinetobacter junii</i>	ND	0-0.05
鲁氏不动杆菌 <i>Acinetobacter lwoffii</i>	ND	0-0.05
蜡样芽孢杆菌 <i>Bacillus cereus</i>	ND	0-0.05
脆弱拟杆菌 <i>Bacteroides fragilis</i>	0.81580	0-1.8852
普通拟杆菌 <i>Bacteroides vulgatus</i>	10.85408	0-20.066
艰难梭菌 <i>Clostridioides difficile</i>	0.05162 ↑	0-0.05
阴沟肠杆菌 <i>Enterobacter cloacae</i>	ND	0-0.05
粪肠球菌 <i>Enterococcus faecalis</i>	0.00407	0-0.05
屎肠球菌 <i>Enterococcus faecium</i>	0.01121	0-0.05
大肠埃希氏菌 <i>Escherichia coli</i>	2.54344	0-3.8364
具核梭杆菌 <i>Fusobacterium nucleatum</i>	ND	0-0.05
肺炎克雷伯菌 <i>Klebsiella pneumoniae</i>	0.01182	0-0.24019
铜绿假单胞菌 <i>Pseudomonas aeruginosa</i>	0.00151	0-0.05



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%
豚鼠气单胞菌 <i>Aeromonas caviae</i>	ND	0-0.05
嗜水气单胞菌 <i>Aeromonas hydrophila</i>	ND	0-0.05
温和气单胞菌 <i>Aeromonas sobria</i>	ND	0-0.05
牛布鲁氏杆菌 <i>Brucella abortus</i>	ND	0-0.05
犬布鲁氏杆菌 <i>Brucella canis</i>	ND	0-0.05
羊布鲁氏杆菌 <i>Brucella melitensis</i>	ND	0-0.05
绵羊布鲁氏杆菌 <i>Brucella ovis</i>	ND	0-0.05
猪布鲁氏杆菌 <i>Brucella suis</i>	ND	0-0.05
唐菖蒲伯克霍尔德氏菌 <i>Burkholderia gladioli</i>	ND	0-0.05
大肠弯曲菌 <i>Campylobacter coli</i>	ND	0-0.05
胎儿弯曲菌 <i>Campylobacter fetus</i>	ND	0-0.05
空肠弯曲菌 <i>Campylobacter jejuni</i>	ND	0-0.05
肉毒梭菌 <i>Clostridium botulinum</i>	ND	0-0.05
产气荚膜梭菌 <i>Clostridium perfringens</i>	0.05867 ↑	0-0.05
阪崎肠杆菌 <i>Cronobacter sakazakii</i>	ND	0-0.05

猪红斑丹毒丝菌 <i>Erysipelothrix rhusiopathiae</i>	ND	0-0.05
大肠埃希菌 <i>Escherichia coli</i> O157:H7	ND	0-0.05
幽门螺杆菌 <i>Helicobacter pylori</i>	ND	0-0.05
博杰曼军团菌 <i>Legionella bozemanae</i>	ND	0-0.05
杜莫夫军团菌 <i>Legionella dumoffii</i>	ND	0-0.05
长滩军团菌 <i>Legionella longbeachae</i>	ND	0-0.05
嗜肺军团菌 <i>Legionella pneumophila</i>	ND	0-0.05
单核细胞增生李斯特菌 <i>Listeria monocytogenes</i>	ND	0-0.05
鸟胞内分枝杆菌 <i>Mycobacterium avium complex</i> sp.	ND	0-0.05
龟分枝杆菌 <i>Mycobacteroides chelonae</i>	ND	0-0.05
偶发分枝杆菌 <i>Mycobacterium fortuitum</i>	ND	0-0.05
堪萨斯分枝杆菌 <i>Mycobacterium kansasii</i>	ND	0-0.05
海分枝杆菌 <i>Mycobacterium marinum</i>	ND	0-0.05
瘰疬分枝杆菌 <i>Mycobacterium scrofulaceum</i>	ND	0-0.05
结核分枝杆菌 <i>Mycobacterium tuberculosis</i>	ND	0-0.05
溃疡分枝杆菌 <i>Mycobacterium ulcerans</i>	ND	0-0.05
类志贺邻单胞菌 <i>Plesiomonas shigelloides</i>	ND	0-0.05
猪霍乱沙氏菌 <i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar <i>Choleraesuis</i>	ND	0-0.05
肠炎沙门氏菌 <i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar <i>Enteritidis</i>	ND	0-0.05

副伤寒沙门氏菌-A <i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar Paratyphi A	ND	0-0.05
副伤寒沙门氏菌-B <i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar Paratyphi B	ND	0-0.05
副伤寒沙门氏菌-C <i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar Paratyphi C	ND	0-0.05
伤寒沙门氏菌 <i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar Typhi	ND	0-0.05
鼠伤寒沙门菌 <i>Salmonella enterica</i> subsp. <i>enterica</i> serovar Typhimurium	ND	0-0.05
鲍氏志贺氏菌 <i>Shigella boydii</i>	ND	0-0.05
痢疾志贺氏菌 <i>Shigella dysenteriae</i>	ND	0-0.05
福氏志贺氏菌 <i>Shigella flexneri</i>	ND	0-0.05
宋内志贺氏菌 <i>Shigella sonnei</i>	ND	0-0.05
金黄色葡萄球菌 <i>Staphylococcus aureus</i>	0.00228	0-0.05
猪链球菌 <i>Streptococcus suis</i>	0.00125	0-0.05
齿垢密螺旋体 <i>Treponema denticola</i>	0.00024	0-0.05
梅毒密螺旋体 <i>Treponema pallidum</i>	ND	0-0.05
文氏密螺旋体 <i>Treponema vincentii</i>	ND	0-0.05
霍乱弧菌 <i>Vibrio cholerae</i>	ND	0-0.05
拟态弧菌 <i>Vibrio mimicus</i>	ND	0-0.05
副溶血弧菌 <i>Vibrio parahaemolyticus</i>	ND	0-0.05
创伤弧菌 <i>Vibrio vulnificus</i>	ND	0-0.05
小肠结肠炎耶尔森氏菌 <i>Yersinia enterocolitica</i>	ND	0-0.05

鼠疫耶尔森菌

Yersinia pestis

ND

0-0.05

假结核耶尔森氏菌

Yersinia pseudotuberculosis

ND

0-0.05

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%
白色念珠菌 <i>Candida albicans</i>	ND	0-0.05
酿酒酵母 <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	0.00342	0-0.05
真贝酵母 <i>Saccharomyces eubayanus</i>	ND	0-0.05
奇异酵母 <i>Saccharomyces paradoxus</i>	ND	0-0.05
木糖发酵酵母 <i>Scheffersomyces stipitis</i>	ND	0-0.05
黄曲霉 <i>Aspergillus flavus</i>	ND	0-0.05
烟曲霉 <i>Aspergillus fumigatus</i>	ND	0-0.05
米曲霉 <i>Aspergillus oryzae</i>	ND	0-0.05
新型隐球菌 <i>Cryptococcus neoformans</i>	ND	0-0.05
汉氏德巴利氏酵母 <i>Debaryomyces hansenii</i>	ND	0-0.05
产甘油假丝酵母 <i>Eremothecium gossypii</i>	ND	0-0.05
轮枝镰刀菌 <i>Fusarium verticillioides</i>	ND	0-0.05
尖孢镰刀菌 <i>Fusarium oxysporum</i>	ND	0-0.05
禾谷镰刀菌 <i>Fusarium graminearum</i>	ND	0-0.05
乳酸克鲁维酵母 <i>Kluyveromyces lactis</i>	ND	0-0.05

稻瘟病菌
Pyricularia grisea

ND

0-0.05

玉米黑粉菌
Ustilago maydis

ND

0-0.05

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
布氏姜片吸虫 <i>Fasciolopsis buski</i>	ND	0-0.05
脑炎微孢子虫 <i>Encephalitozoon hellem</i>	ND	0-0.05
卫氏并殖吸虫 <i>Paragonimus westermani</i>	ND	0-0.05
毛首鞭形线虫 <i>Trichuris trichiura</i>	ND	0-0.05
疟原虫 <i>Plasmodium ovale</i>	ND	0-0.05
肉孢子虫 <i>Sarcocystis neurona</i>	ND	0-0.05
十二指肠钩口线虫 <i>Ancylostoma duodenale</i>	ND	0-0.05
蠕形住肠线虫 <i>Enterobius vermicularis</i>	ND	0-0.05
美洲板口线虫 <i>Necator americanus</i>	ND	0-0.05
巴西利士曼原虫 <i>Leishmania braziliensis</i>	ND	0-0.05
杜氏利什曼原虫 <i>Leishmania donovani</i>	ND	0-0.05
硕大利什曼虫 <i>Leishmania major</i>	ND	0-0.05
婴儿利什曼虫 <i>Leishmania infantum</i>	ND	0-0.05
布氏锥虫 <i>Trypanosoma brucei</i>	ND	0-0.05
枯氏锥虫 <i>Trypanosoma cruzi</i>	ND	0-0.05

阴道毛滴虫 <i>Trichomonas vaginalis</i>	ND	0-0.05
肠贾第虫 <i>Giardia intestinalis</i>	ND	0-0.05
蓝氏贾第鞭毛虫 <i>Giardia intestinalis</i>	ND	0-0.05
溶组织内阿米巴 <i>Entamoeba histolytica</i>	ND	0-0.05
小隐孢子虫 <i>Cryptosporidium parvum</i>	ND	0-0.05
鼠隐孢子虫 <i>Cryptosporidium muris</i>	ND	0-0.05
刚地弓形虫 <i>Toxoplasma gondii</i>	ND	0-0.05
恶性疟原虫 <i>Plasmodium falciparum</i>	ND	0-0.05
间日疟原虫 <i>Plasmodium vivax</i>	ND	0-0.05
牛环形泰勒虫 <i>Theileria annulata</i>	ND	0-0.05
小泰勒虫 <i>Theileria parva</i>	ND	0-0.05
肠脑炎微孢子虫 <i>Encephalitozoon intestinalis</i>	ND	0-0.05
兔脑炎微孢子虫 <i>Encephalitozoon cuniculi</i>	ND	0-0.05
日本血吸虫 <i>Schistosoma japonicum</i>	ND	0-0.05
曼氏血吸虫 <i>Schistosoma mansoni</i>	ND	0-0.05
埃及血吸虫 <i>Schistosoma haematotium</i>	ND	0-0.05
链状带绦虫 <i>Taenia solium</i>	ND	0-0.05
肥胖带绦虫 <i>Taenia saginata</i>	ND	0-0.05
似蛔虫线虫 <i>Ascaris lumbricoides</i>	ND	0-0.05
旋毛形线虫 <i>Trichinella spiralis</i>	ND	0-0.05

华支睾吸虫
Clonorchis sinensis

ND

0-0.05

环孢子虫
Cyclospora cayetanensis

ND

0-0.05

耐药基因分布

● 耐药基因是指能够使微生物对抗生素产生抵抗力的基因序列，这些基因可以通过编码特定蛋白质，使微生物具备各种耐药机制，如药物降解、药物外排、靶点改变等。耐药基因的存在使得抗生素治疗变得困难，增加了感染治疗的挑战。

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	reads数量	分类	药物分类	耐药药物
Enorma burkinafasonensis	tet(W)	11600	耐药	四环素	四环素
Klebsiella pneumoniae	tet(40)	11000	耐药	四环素	四环素
Phocaeicola vulgatus	mef(En2)	5800	耐药	大环内酯	大环内酯
Phocaeicola vulgatus	Inu(AN2)	5800	耐药	林可酰胺	林可酰胺
Limosilactobacillus reuteri	aadE	1000	耐药	氨基糖苷类	链霉素
埃希氏菌 Escherichia	cyaA	600	点突变	膦霉素	膦霉素
Bacteroides uniformis	erm(G)	600	耐药	林可酰胺 大环内酯 链菌素	红霉素 林可酰胺 链菌素 泰乐菌素
埃希氏菌 Escherichia	parE	400	点突变	喹诺酮类	喹诺酮类
埃希氏菌 Escherichia	glpT	400	点突变	磷霉素	磷霉素
Bacteroides xyloisolvans	bexA	400	耐药	外排	外排
Bacteroides	cblA	400	耐药	β-内酰胺	头孢菌素
Escherichia coli	espX1	200		毒力基因	
Clostridium perfringens	Inu(P)	200	耐药	林可酰胺	林可酰胺
Bacteroides fragilis	cepA	200	耐药	β-内酰胺	头孢菌素

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。

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	reads数量	检测结果
------	------	---------	------

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	25	正常
<p>① 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">超标的影响：肠溃疡、直肠炎偏低的影响：自闭症、焦虑症、IBD			
γ-氨基丁酸 GABA	15-95	8 ↓	偏低
<p>① 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">超标的影响：肌无力、焦虑症偏低的影响：焦虑、失眠、抑郁、自闭、多动症			
谷氨酸 Glutamate	15-95	1 ↓	偏低
<p>① 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">超标的影响：自闭、精神分裂、多动症、偏头痛、癫痫偏低的影响：神经衰弱			
丙酸盐 Propionate	15-98	40	正常
<p>① 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">超标的影响：癫痫、自闭症、糖尿病偏低的影响：暂无数据			
对甲酚 p-Cresol	0-85	84	正常
<p>① 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">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、慢性便秘偏低的影响：暂无数据			
血清素 5-HT	20-95	94	正常
<p>① 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">超标的影响：癫痫、心率不齐偏低的影响：焦虑、抑郁、失眠、社交恐惧、纤维肌痛			





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- α 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 β 、IL-6、TNF- α 等）和抗炎因子（IL-10、TGF- β 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 β 、IL-6、IL-10等）、肿瘤坏死因子（TNF- α ）和转化生长因子（TGF- β ）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

体液免疫指标	参考范围	评估数值	评估结果
免疫球蛋白A IgA	15-98	88	正常
免疫球蛋白D IgD	15-98	62	正常
免疫球蛋白M IgM	15-98	1 ↓	免疫球蛋白异常
白蛋白 Albumin	15-98	12 ↓	免疫球蛋白异常
嗜铬粒蛋白A Chromogranin A (CgA)	5-95	78	正常
白介素6 IL-6	1-85	75	正常
肿瘤坏死因子-α TNF-α	5-85	78	正常
IL-17a IL-17a	5-85	32	正常
IL-10 IL-10	15-95	89	正常
干扰素-γ IFN-γ	15-95	71	正常

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
白细胞总数及分类 IgA	15-98	88	正常
● 体液免疫			
降钙素原 PCT	0-0	0	阴性
● 感染指标			
高敏C反应蛋白 hsCRP	0.068-8.2	4.9	正常
● 心脑血管炎症指标			
粪便钙蛋白 FC	0-85	1	正常
● IBD等炎症指标			
粪便嗜酸性粒细胞蛋白X EPX	0-85	1	正常
● 肠炎标志物			

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	63	正常
致炎症代谢物			
胆汁酸 Bile acid	15-95	50	正常
抗炎代谢物			
氢气 H_2	15-95	6 ↓	异常
抗炎代谢物			
丁酸盐 Butyrate	15-98	25	正常
抗炎代谢物			
乙酸盐 Acetate	15-98	18	正常
抗炎代谢物			

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	56	正常
盐 Salt	0-0-75	92 ↑	过量
乳制品 Dairy Products	15-15-95	31	正常
● 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，高于15为偏少。			
铁 Iron	8-15-50	31.26	正常
● 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，高于15属于偏少。			
锌 Zinc	6-12-37	6.59 ↓	不足
● 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，高于12属于偏少。			

维生素评估

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	1861.74	正常
<p>① 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	0.76 ↓	不足
<p>① 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	0.86 ↓	不足
<p>① 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	1.43	正常
<p>① 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	0.83 ↓	缺乏
<p>① 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	383.96 ↓	不足
<p>① 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	213.34	正常
<p>① 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	47.24	正常
<p>① 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	20.10	正常
<p>① 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

54

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	7	正常
● 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。			
异亮氨酸 Isoleucine	6-6-98	6	正常
● 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。			
亮氨酸 Leucine	6-6-98	6	正常
● 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。			
赖氨酸 Lysine	6-6-98	1 ↓	缺乏
● 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。			
蛋氨酸 Methionine	6-6-98	27	正常
● 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。			
半胱氨酸 Cysteine	6-6-98	34	正常
● 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。			
苯丙氨酸 Phenylalanine	6-6-98	4 ↓	缺乏
● 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。			
酪氨酸 Tyrosine	6-6-98	39	正常
● 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。			
缬氨酸 Valine	6-6-98	51	正常
● 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。			

组氨酸 Histidine	6-6-98	31	正常
① 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。			
丙氨酸 Alanine	6-6-98	4 ↓	缺乏
① 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。			
谷氨酸 Glutamic Acid	6-6-98	1 ↓	缺乏
① 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。			
甘氨酸 Glycine	6-6-98	1 ↓	缺乏
① 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。			
脯氨酸 Proline	6-6-98	9	正常
① 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。			
丝氨酸 Serine	6-6-98	51	正常
① 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。			
色氨酸 Tryptophan	6-6-98	1 ↓	缺乏
① 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。			

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

9%

肠易激综合征

19%

感染型腹泻

31%

肠道病毒感染

0%

过敏性腹泻

2%

器官性疾病

肝病

31%

心脑血管疾病

24%

甲状腺疾病

10%

肺部疾病

13%

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关症状。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关症状。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。慢性疾病的产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
II型糖尿病 未知	0.63	中等风险
结直肠癌 未知	0.55	中等风险
感染型腹泻 未知	0.31	注意
肝病 未知	0.31	注意
胆病 未知	0.29	低风险
抑郁症 未知	0.26	低风险
胃病 未知	0.24	低风险
心脑血管疾病 未知	0.24	低风险



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

❶ 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。
- 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违反正常并不能完全排除疾病相关症状的出现。疾病的發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关症状。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，疾病的發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。

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
厚壁菌门 Firmicutes	28.594-83.961	51.002	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>				
阿德勒氏菌属 Adlercreutzia	0-0.75	ND	正相关	★★★
<p>● 能够代谢大豆异黄酮，促进女性肥胖。</p>				
双歧杆菌属 Bifidobacterium	1.755-35.501	8.844	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>				
嗜胆菌属 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>				
梭菌属 Clostridium	0-4.465	0.239	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>				
埃希氏菌属 Escherichia	0-3.83	3.517	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>				
霍尔德曼氏菌属 Holdemania	0-0.28	0.001	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>				
巨单胞菌属 Megamonas	0-0.692	ND	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>				

震颤杆菌属 Oscillibacter	0-3.196	0.015	正相关	★★★
● 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。				
丹毒丝菌科 Erysipelotrichaceae	0-1.716	0.906	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 Coriobacteriaceae	0-10.241	10.963 ↑	正相关	★★★
● 通过调节胆固醇吸收来影响能量代谢，与高脂饮食下的肝病和肥胖的抵抗力相关。 ⚠ 改善建议：水果、槲皮素、白藜芦醇				
脆弱拟杆菌 <i>Bacteroides fragilis</i>	0-0.05	0.816 ↑	正相关	★★★
● 与婴儿3周和26周时的BMI呈正相关。可能通过抑制乙酸水平来加速肥胖，与ALT呈负相关。 ⚠ 改善建议：乳杆菌补充、大麦、双歧杆菌补充、阿司匹林				
牙龈卟啉单胞菌 <i>Porphyromonas gingivalis</i>	0-0.05	ND	正相关	★★★
● <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。				
活泼瘤胃球菌 <i>Ruminococcus gnavus</i>	0-0.05	7.897 ↑	正相关	★★★
● 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。 ⚠ 改善建议：咖啡、乳杆菌补充、白藜芦醇、母乳低聚糖、羧甲基纤维素				
另枝菌属 Alistipes	0.081-18.12	0.197	正相关	★★★
厌氧棍状菌属 Anaerotruncus	0-0.137	0.005	正相关	★★★
● 在肠道菌群失调，饱和脂肪酸摄入量较高时丰度更高，与肥胖有关。				
柯林斯氏菌属 Collinsella	0-9.153	10.955 ↑	正相关	★★★
● 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。 ⚠ 改善建议：槲皮素、白藜芦醇、豆甾醇、茶叶、蔓越莓				

乳杆菌属 Lactobacillus	0-0.43	0.01	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>				
乳球菌属 Lactococcus	0-0.058	0.002	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>				
颤螺菌属 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>				
副萨特氏菌属 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>				
龙包茨氏菌属 Romboutsia	0-0.021	0.121 ↑	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。 ● 改善建议：胆汁（酸）、乳杆菌补充、芭蕉、茶叶</p>				
瘤胃梭菌属 Ruminiclostridium	0-0	ND	正相关	★★★
<p>● 丰度与肥胖表型呈正相关。</p>				
普雷沃氏菌科 Prevotellaceae	0-56.537	0.137	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>				
具核梭杆菌 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>				
扭链瘤胃球菌 Ruminococcus torques	0-3.836	0.094	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>				
棒杆菌属 Corynebacterium	0-0.05	0.001	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>				

戴阿利斯特杆菌属 Dialister	0-3.737	ND	正相关	★★★
● 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。				
粪杆菌属 Faecalibacterium	1.935-17.794	3.359	正相关	★★★
● 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。				
纤毛菌属 Leptotrichia	0-0	ND	正相关	★★★
● 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。				
巨球形菌属 Megasphaera	0-0.13	ND	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	0-67.801	0.002	正相关	★★★
● 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。				
瘤胃球菌属 Ruminococcus	0.054-19.799	0.186	正相关	★★★
● 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。				
产碱菌科 Alcaligenaceae	0-0	ND	正相关	★★★
● 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。				
猪色噬帽菌 Capnocytophaga ochracea	0-0	ND	正相关	★★★
● 肥胖女性的Streptococcus sanguinis、Streptococcus oralis和Capnocytophaga ochracea的水平显著高于非肥胖女性。				
柯氏杆菌 Collinsella aerofaciens	0-10.121	9.297	正相关	★★★
● 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。				
长链多尔氏菌 Dorea longicatena	0-4.289	2.776	正相关	★★★
● Dorea longicatena是肥胖的生物标志物之一。				

史氏甲烷短杆菌 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>				
血链球菌 Streptococcus sanguinis	0-0.05	0.008	正相关	★★★
<p>● 研究还发现，<i>Streptococcus sanguinis</i>、<i>Streptococcus oralis</i>和<i>Capnocytophaga ochracea</i>在肥胖女性中的水平显著高于非肥胖女性。</p>				
艾克曼菌 Akkermansia muciniphila	0-6.639	0.003	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</p>				
粪杆菌属 Faecalibacterium	1.935-17.794	3.359	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>				
拟杆菌门 Bacteroidetes	19.203-90.8	17.203 ↓	负相关	★★★
<p>● 丰度与肥胖呈负相关，越多肥胖的风险越低。</p>				
优杆菌属 Eubacterium	0.115-9.488	0.176	负相关	★★★
<p>● <i>Eubacterium</i>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>				
卵形拟杆菌 Bacteroides ovatus	0-3.062	0.281	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>				
颤螺菌属 Oscillospira	0.033-5.346	ND ↓	负相关	★★★
<p>● <i>Oscillospira</i>过多或过少都与肥胖相关，益生菌或益生元可以增加<i>Oscillospira</i>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
史氏甲烷短杆菌 Methanobrevibacter smithii	0-3.33	ND	正相关	★★★
<p>● 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>				
粪球菌属 Coproccoccus	0.083-9.42	2.356	正相关	★★★
<p>● Coprococcus的丰度过高或过低都可能与功能性便秘有关。</p>				
埃希氏菌属 Escherichia	0-3.83	3.517	正相关	★★★
<p>● 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。</p>				
毛螺菌属 Lachnospira	0.035-8.66	0.028 ↓	正相关	★★★
<p>● 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>				
厌氧棍状菌属 Anaerotruncus	0-0.137	0.005	正相关	★★★
<p>● 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。</p>				
葡萄球菌属 Staphylococcus	0-0.05	0.01	正相关	★★★
<p>● 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。</p>				
链球菌属 Streptococcus	0-0.35	0.623 ↑	正相关	★★★
<p>● 在IBS患者中富集，与便秘的发生和发展有关。 ● 改善建议：蜂蜜、植物提取物、大蒜、大豆</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
史氏甲烷短杆菌 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>				
拟杆菌属 Bacteroides	1.058-47.323	5.301	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>				
梭菌属 Clostridium	0-4.465	0.239	正相关	★★★
<p>● 部分菌株与腹胀有显著的正相关性。</p>				
瘤胃球菌属 Ruminococcus	0.054-19.799	0.186	正相关	★★★
<p>● Ruminococcus的相对丰度与腹胀的严重程度呈正相关。</p>				
变形菌门 Proteobacteria	0-1.742	4.387 ↑	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>				
艰难梭菌 Clostridium difficile	0-0.05	0.052 ↑	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。 ● 改善建议：乳杆菌补充、胆汁（酸）、芭蕉、茶叶</p>				
肠球菌属 Enterococcus	0-0.05	0.015	正相关	★★★
<p>● 过多可能与腹部肿块、腹痛等症状有关。</p>				

普雷沃氏菌属 Prevotella	0-67.801	0.002	正相关	★★★
Prevotella属菌可能与腹胀症状有关				
链球菌属 Streptococcus	0-0.35	0.623 ↑	正相关	★★★
Streptococcus感染可能与腹胀有关，导致肠道内气体产生增加，从而引起腹胀症状。 改善建议：蜂蜜、植物提取物、大蒜、大豆				
蓝藻门 Cyanobacteria	0-0	ND	正相关	★★★
丰度增加会导致腹胀、饱腹感或增加腹部不适的症状。				
产气荚膜梭菌 Clostridium perfringens	0-0.05	0.059 ↑	正相关	★★★
产生毒素，导致肠道上皮细胞坏死和溃烂，从而引起肠道内气体的积聚和膨胀，进而导致腹胀的发生。 改善建议：乳杆菌补充、双歧杆菌补充、可可、芽孢杆菌补充				
乳杆菌属 Lactobacillus	0-0.43	0.01	负相关	★★★
在儿童肠易激综合征患者中具有显著的减轻腹痛、打嗝、腹胀和便秘的作用。与高纤维饮食结合可有效减少结肠憩室病患者的腹胀和长期腹痛。				
毛螺旋菌科 Lachnospiraceae	1.825-46.849	41.139	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	1.755-35.501	8.844	负相关	★★★
与腹胀和腹痛等症状的减轻有关。口服VSL#3等益生菌可以增加有益菌的数量，从而改善便秘、腹泻等症状，并减轻腹胀的程度。				

过敏相关菌

● 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
脆弱拟杆菌 Bacteroides fragilis	0-0.05	0.816 ↑	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>				
枸橼酸杆菌属 Citrobacter	0-0.5	ND	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>				
克雷伯氏菌属 Klebsiella	0-0.05	0.012	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>				
莫拉氏菌属 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>				
变形菌门 Proteobacteria	0-1.742	4.387 ↑	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>				
肠杆菌科 Enterobacteriaceae	0-5.727	3.588	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>				
活泼瘤胃球菌 Ruminococcus gnavus	0-0.05	7.897 ↑	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> <p>● 改善建议：咖啡、乳杆菌补充、白藜芦醇、母乳低聚糖、羧甲基纤维素</p>				

气单胞菌属 0-0.05 ND 正相关 ★★★

Aeromonas

● 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

经黏液真杆菌属 0.085-6.906 14.853 ↑ 正相关 ★★★

Blautia

● 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。

● 改善建议：高胆汁酸，红酒、啤酒

肠球菌属 0-0.05 0.015 正相关 ★★★

Enterococcus

● 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。

粪杆菌属 1.935-17.794 3.359 正相关 ★★★

Faecalibacterium

● 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。

丙酸杆菌属 0-0 ND 正相关 ★★★

Propionibacterium

● 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。

罗氏菌属 0.583-16.358 4.006 正相关 ★★★

Roseburia

● 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。

链状双歧杆菌 0-0.508 0.001 正相关 ★★★

Bifidobacterium catenulatum

● 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。

铜绿假单胞菌 0-0.05 0.002 正相关 ★★★

Pseudomonas aeruginosa

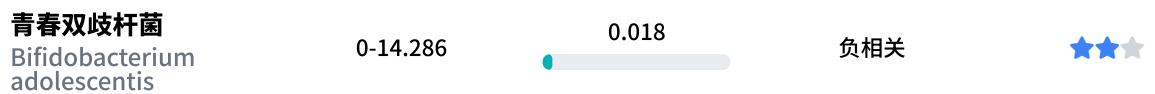
● 感染也可能会引起过敏反应，也可能会导致过敏性支气管肺曲霉病（ABPA）的发生。增加宿主患上过敏性疾病的風險。

双歧杆菌属 1.755-35.501 8.844 负相关 ★★★

Bifidobacterium

● 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。

乳杆菌属 Lactobacillus	0-0.43	0.01	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。				
粪杆菌属 Faecalibacterium	1.935-17.794	3.359	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。				
艾克曼菌 Akkermansia muciniphila	0-6.639	0.003	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				
阿克曼氏菌属 Akkermansia	0-5.798	0.003	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				
拟杆菌属 Bacteroides	1.058-47.323	5.301	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。				
经黏液真杆菌属 Blautia	0.085-6.906	14.853 ↑	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。 ⚠ 改善建议：高胆汁酸，红酒、啤酒				
未知 Dorea菌属 Dorea	0.058-5.212	3.431	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	0-67.801	0.002	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。				
罗氏菌属 Roseburia	0.583-16.358	4.006	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	ND	正相关	★★★
● 可以通过产生有毒代谢产物，如硫化氢和LPS，导致肠道黏膜屏障的破坏和炎症反应的增加，从而影响神经递质的合成和释放，最终导致抑郁症的发生。				
另枝菌属 Alistipes	0.081-18.12	0.197	正相关	★★★
● 高脂或动物性饮食中会富集，患有抑郁症的患者比例较高，与炎症有关，可以影响色氨酸的可用性，从而干扰肠道内的血清素系统。				
拟杆菌属 Bacteroides	1.058-47.323	5.301	正相关	★★★
● 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。				
埃希氏菌属 Escherichia	0-3.83	3.517	正相关	★★★
● 丰度与系统性炎症存在显著正相关，可能导致血脑屏障通透性增加和慢性神经炎症，最终导致抑郁症状。与焦虑和抑郁成正相关。				
解黄酮菌属 Flavonifractor	0-0.729	0.108	正相关	★★★
● 会代谢消耗γ-氨基丁酸（GABA），影响抑郁症的发生和发展。				
震颤杆菌属 Oscillibacter	0-3.196	0.015	正相关	★★★
● 可以产生氨基丁酸（GABA）的同源物，在抑郁症患者中更高，与肠道屏障的紧密连接蛋白表达和肠道上皮阻力呈负相关，对肠道屏障有害。				
副拟杆菌属 Parabacteroides	0.11-8.73	0.816	正相关	★★★
● 相对丰度与抑郁症状严重程度一致。				
放线菌属 Actinomycetes	0-0.054	0.017	正相关	★★★
● 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。				

厌氧棒状菌属 Anaerostipes	0.093-9.555	3.933	正相关	★★★
● 抑郁症患者中明显增加。还与情绪和行为异常有关。				
经黏液真杆菌属 Blautia	0.085-6.906	14.853 ↑	正相关	★★★
● 与肠道黏膜炎症有关，而肠道炎症与抑郁症和焦虑症有关。 ● 改善建议：高胆汁酸，红酒、啤酒				
梭菌属 Clostridium	0-4.465	0.239	正相关	★★★
● 在抑郁症患者中，Clostridium属的丰度显著增加。				
爱格士氏菌属 Eggerthella	0-0.043	0.094 ↑	正相关	★★★
● 抑郁症患者丰度较高。与短链脂肪酸（SCFAs）消耗有关。 ● 改善建议：地中海饮食、精氨酸				
嗜血杆菌属 Haemophilus	0-0.098	0.32 ↑	正相关	★★★
● 丰度与负面心理症状、认知、兴奋和抑郁等因素呈正相关。 ● 改善建议：咖啡、乳杆菌补充、乳香胶、低蛋白饮食、大蒜				
霍尔德曼氏菌属 Holdemania	0-0.28	0.001	正相关	★★★
● 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。				
克雷伯氏菌属 Klebsiella	0-0.05	0.012	正相关	★★★
● 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。				
副普雷沃氏菌属 Paraprevotella	0-0.761	0.133	正相关	★★★
● 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。				
副萨特氏菌属 Parasutterella	0-0.824	ND	正相关	★★★
普雷沃氏菌属 Prevotella	0-67.801	0.002	正相关	★★★
● 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
拟杆菌属 Bacteroides	1.058-47.323	5.301	正相关	★★★
<p>● 丰度与睡眠效率和炎症因子IL-6的浓度呈正相关。</p>				
梭菌目 Clostridiales	6.265-69.865	4.484 ↓	正相关	★★★
<p>● 丰度与睡眠效率和炎症因子IL-6的浓度呈正相关。</p>				
经黏液真杆菌属 Blautia	0.085-6.906	14.853 ↑	正相关	★★★
<p>● 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。 ● 改善建议：高胆汁酸，红酒、啤酒</p>				
梭菌属 Clostridium	0-4.465	0.239	正相关	★★★
<p>● 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>				
链球菌属 Streptococcus	0-0.35	0.623 ↑	正相关	★★★
<p>● 其丰度在失眠患者中显著高于对照。 ● 改善建议：蜂蜜、植物提取物、大蒜、大豆</p>				
普雷沃氏菌属 Prevotella	0-67.801	0.002	正相关	★★★
<p>● 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>				
龙包茨氏菌属 Romboutsia	0-0.021	0.121 ↑	正相关	★★★
<p>● 丰度在失眠患者中显著增加，而在治疗后有所降低。 ● 改善建议：胆汁（酸）、乳杆菌补充、芭蕉、茶叶</p>				
粪杆菌属 Faecalibacterium	1.935-17.794	3.359	负相关	★★★
<p>● 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	0.003	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。				
长双歧杆菌 <i>Bifidobacterium longum</i>	0-6.854	8.8 ↑	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。 ● 改善建议：巧克力、双歧杆菌补充、三氯蔗糖、低碳水化合物饮食、壳聚糖				
Lachnospiraceae	0-0.209	0.079	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

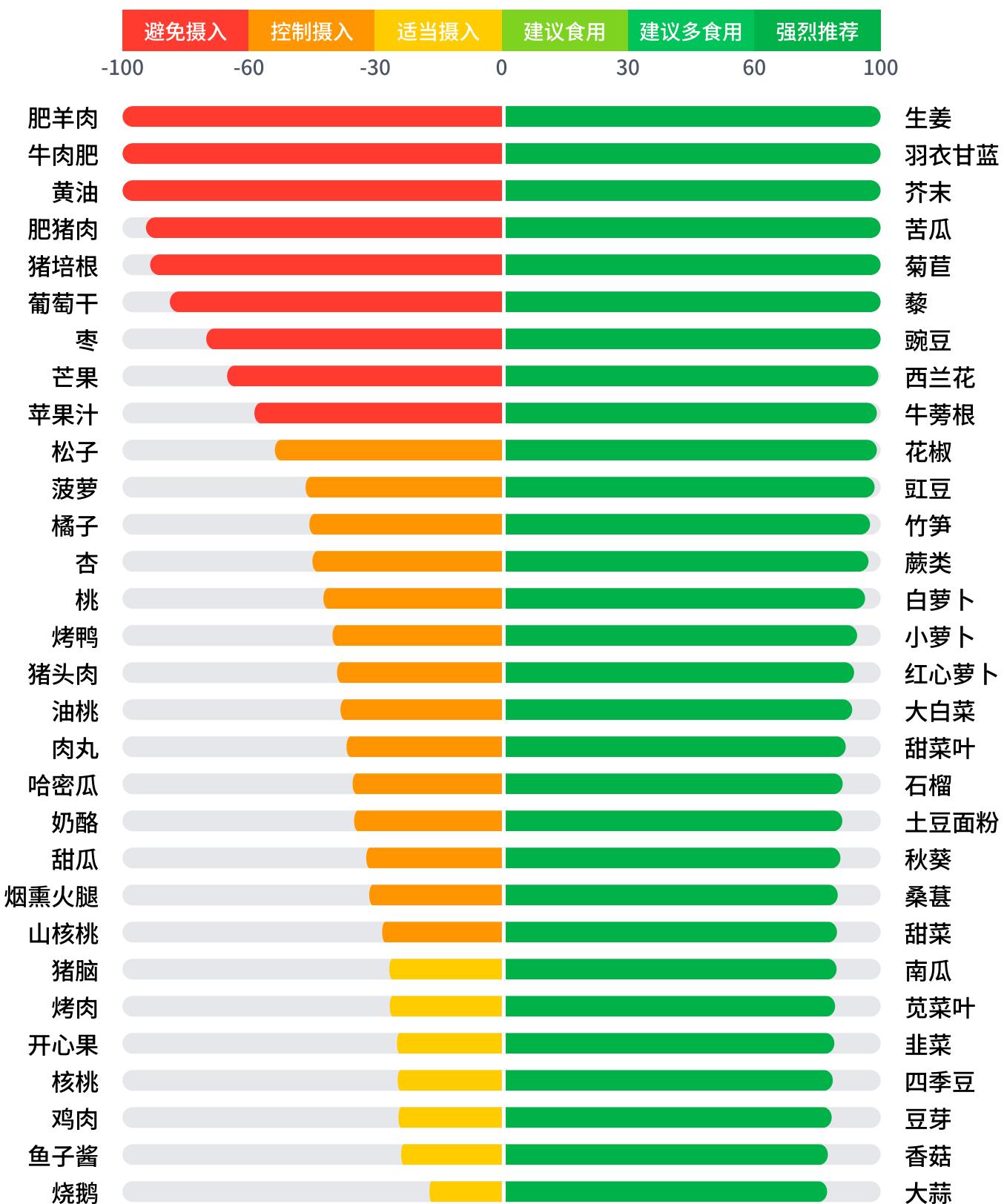
- **使用说明**

- 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

● 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	72.0	298	1	0	14	14	0	0
燕麦	71.3	297	17	6	66	0	1	0
大麦	68.4	1481	12	2	73	0	17	0
小麦	58.2	1423	10	1	75	0	12	0
玉米饼	44.1	912	5	2	44	0	6	0
小米	41.4	1582	11	4	72	0	8	0
意大利面	30.2	386	1	3	13	0	2	0
荞麦面粉	26.4	1402	12	3	70	0	10	0
黑麦面包	21.4	1188	9	3	53	0	6	0
鸡蛋面包	2.1	1201	9	6	47	0	2	51
葡萄干浆即食谷物	0	1354	7	1	78	0	13	0
米饭	-1.5	1527	7	0	79	0	1	0
面条	-7.6	1609	14	4	71	0	3	84
小麦面包	-12.6	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)
鹅肝	49.7	556	16	4	6	0	0	515
鸡肝	40.5	496	16	4	0	0	0	345
猪肝	36.7	690	26	4	3	0	0	355
牛蛙	33.9	305	16	0	0	0	0	50
牛肉瘦	32.6	488	23	2	0	0	0	55
猪瘦肉	24.9	562	21	4	0	0	0	64
鸡心	20.1	640	15	9	0	0	0	136
火鸡	10.7	790	28	7	0	0	0	109
瘦羊肉	10.5	862	28	9	0	0	0	92
牛肉汤	9.1	25	1	0	0	0	0	0
鹌鹑	6.9	803	19	12	0	0	0	76
鸡汤	1.5	26	0	0	0	0	0	2
火腿	-8.9	683	16	8	3	0	1	57
猪蹄	-13.3	889	23	12	0	0	0	88
猪耳朵	-13.5	695	15	10	0	0	0	90
烧鹅	-19.0	1276	25	21	0	0	0	91
鸡肉	-27.2	604	28	3	0	0	0	86
烤肉	-29.5	1512	20	30	0	0	0	105
猪脑	-29.6	577	12	9	0	0	0	2552
烟熏火腿	-34.9	591	18	2	10	0	0	50
肉丸	-40.9	1196	14	22	8	2	2	66
猪头肉	-43.4	658	13	10	0	0	0	69
烤鸭	-44.6	1410	18	28	0	0	0	84
猪培根	-92.7	1744	12	39	1	0	0	66
肥猪肉	-93.8	2449	10	60	0	0	0	81
牛肉肥	-100.0	2845	10	70	0	0	0	95



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	62.6	347	0	1	19	0	5	0
牡蛎	44.0	339	9	2	4	0	0	50
章鱼	41.5	343	14	1	2	0	0	48
鲷鱼	40.1	418	20	1	0	0	0	37
鳕鱼	38.3	364	18	0	0	0	0	41
石斑鱼	37.9	385	19	1	0	0	0	37
大比目鱼	36.5	382	18	1	0	0	0	49
鲈鱼	36.1	381	19	0	0	0	0	90
小龙虾	35.6	322	15	0	0	0	0	114
条纹鲈鱼	34.4	406	17	2	0	0	0	80
蟹	33.2	364	18	1	0	0	0	78
金枪鱼	32.9	602	23	4	0	0	0	38
鲤鱼	28.6	439	16	4	0	0	0	60
鲅鱼	28.1	519	20	4	0	0	0	59
鱿鱼	27.1	385	15	1	3	0	0	233
鲤鱼	26.6	531	17	5	0	0	0	66
贻贝	26.1	360	11	2	3	0	0	28
墨鱼	24.4	331	16	0	0	0	0	112
三文鱼	24.3	594	19	6	0	0	0	55

食物	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)
白鲑	21.2	611	17	8	0	0	0	65
鳟鱼	21.0	619	20	6	0	0	0	58
凤尾鱼	20.9	548	20	4	0	0	0	60
龙虾	20.1	324	16	0	0	0	0	127
鲍鱼	19.4	439	17	0	6	0	0	85
海鲈鱼	18.3	332	15	1	0	0	0	52
黄尾	18.0	611	23	5	0	0	0	55
扇贝	16.1	289	12	0	3	2	0	24
鲽鱼	16.1	294	12	1	0	0	0	45
蛤蜊	16.0	360	14	0	3	1	0	30
鲭鱼	13.9	858	18	13	0	0	0	70
虾	9.8	297	13	1	0	0	0	126
鳗鱼	9.3	770	18	11	0	0	0	126
鲱鱼	0.2	661	17	9	0	0	0	60
大西洋鳕鱼	0	343	17	0	0	0	0	43
鱼子酱	-26.5	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	42.5	142	3	0	4	0	0	2
牛奶	25.7	268	3	3	4	0	0	14
冰淇淋	1.0	690	1	3	32	0	0	8

奶油	-2.3	515	3	10	4	0	0	35
奶酪	-38.9	1552	23	29	2	0	0	94
黄油	-100.0	2999	0	81	0	0	0	215

蔬菜推荐

① 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
羽衣甘蓝	100.0	207	4	0	8	0	3	0
芥末	100.0	114	2	0	4	0	3	0
苦瓜	100.0	126	5	0	3	0	0	0
菊苣	100.0	71	0	0	4	0	3	0
藜	100.0	180	4	0	7	0	4	0
豌豆	100.0	176	2	0	7	0	2	0
西兰花	99.0	141	2	0	6	0	2	0
牛蒡根	98.6	302	1	0	17	0	3	0
花椒	98.6	80	0	0	4	0	1	0
豇豆	98.0	376	2	0	18	0	5	0
竹笋	96.8	115	2	0	5	0	2	0
蕨类	96.4	143	4	0	5	0	0	0
白萝卜	95.5	59	1	0	2	0	1	0
小萝卜	93.4	76	0	0	4	0	1	0
红心萝卜	92.6	132	1	0	7	0	3	0
大白菜	92.1	55	1	0	2	0	1	0

甜菜叶	90.4	92	2	0	4	0	3	0
土豆面粉	89.5	1493	6	0	83	0	5	0
秋葵	89.0	138	1	0	7	0	3	0
甜菜	88.1	180	1	0	9	0	2	0
南瓜	88.0	109	1	0	6	0	0	0
苋菜叶	87.6	97	2	0	4	0	0	0
韭菜	87.4	126	3	0	4	0	2	0
四季豆	87.0	131	1	0	6	0	2	0
豆芽	86.7	510	13	6	9	0	1	0
香菇	85.7	160	1	0	6	0	3	0
大蒜	85.5	623	6	0	33	0	2	0
芋头	85.5	469	1	0	26	0	4	0
菠菜	85.5	97	2	0	3	0	2	0
白蘑菇	85.2	93	3	0	3	0	1	0
甜椒	84.5	84	0	0	4	0	1	0
芹菜	83.3	67	0	0	2	0	1	0
菜豆	82.1	280	6	0	13	0	0	0
土豆	81.9	322	2	0	17	15	2	0
大豆	80.6	614	12	6	11	0	4	0
绿豆	79.5	126	3	0	5	0	1	0
生菜	78.4	62	1	0	2	0	1	0
扁豆	77.6	444	8	0	22	0	0	0
茄子	77.4	104	0	0	5	0	3	0
芦笋	76.0	85	2	0	3	0	2	0
山药	75.3	343	1	0	20	0	0	0
花椰菜	74.9	104	1	0	4	0	2	0

芝麻	74.4	2397	17	49	23	0	11	0
黄瓜	74.3	65	0	0	3	0	0	0
蘑菇	73.8	141	2	0	6	0	2	0
西红柿	73.5	74	0	0	3	0	1	0
白菜	72.3	48	1	0	1	0	1	0
卷心菜	70.7	103	1	0	5	0	2	0
炒蘑菇	69.9	110	3	0	4	0	1	0
木薯	67.2	667	1	0	38	0	1	0
红豆	65.9	121	4	0	4	0	0	0
炒香菇	64.6	162	3	0	7	0	3	0
辣椒	57.3	88	0	0	5	0	1	0
洋葱	49.1	166	1	0	9	0	1	0
甜玉米	45.5	360	3	1	18	5	2	0
甘薯	37.5	359	1	0	20	12	3	0
胡萝卜	21.8	173	0	0	9	1	2	0
番茄汁	10.2	72	0	0	3	0	0	0
小南瓜	0	69	1	0	3	0	1	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)
石榴	89.6	346	1	1	18	0	4	0
桑葚	88.3	180	1	0	9	0	1	0
黑莓	83.1	181	1	0	9	0	5	0

柠檬	82.5	121	1	0	9	0	2	0
杨桃	80.9	128	1	0	6	0	2	0
梨	80.1	239	0	0	15	0	3	0
龙眼	78.9	251	1	0	15	0	1	0
榴莲	78.8	615	1	5	27	0	3	0
橙汁	77.3	188	0	0	10	0	0	0
橙皮	76.4	405	1	0	25	0	10	0
葡萄柚	73.8	134	0	0	8	0	1	0
覆盆子	68.9	220	1	0	11	0	6	0
葡萄	68.6	280	0	0	17	0	0	0
鳄梨	61.3	670	2	14	8	0	6	0
面包果酱	61.2	431	1	0	27	0	4	0
荔枝	58.4	276	0	0	16	0	1	0
无花果	54.9	310	0	0	19	0	2	0
蔓越莓	48.8	191	0	0	11	0	3	0
草莓	47.1	136	0	0	7	0	2	0
橙菠萝汁	41.8	214	0	0	12	0	0	0
蓝莓	41.5	240	0	0	14	0	2	0
番木瓜	40.5	179	0	0	10	0	1	0
猕猴桃	37.3	255	1	0	14	0	3	0
樱桃	14.3	1395	1	0	80	0	2	0
柿子	10.4	293	0	0	18	0	3	0
西瓜	1.2	127	0	0	7	0	0	0
红苹果	-3.1	247	0	0	14	0	2	0
苹果	-3.4	218	0	0	13	0	2	0
香蕉	-5.2	371	1	0	22	5	2	0

菠萝蜜	-7.6	397	1	0	23	1	1	0
李子	-13.4	192	0	0	11	0	1	0
甜瓜	-35.7	150	0	0	9	0	0	0
哈密瓜	-39.3	141	0	0	8	0	0	0
油桃	-42.5	185	1	0	10	0	1	0
桃	-47.0	165	0	0	9	0	1	0
杏	-49.9	201	1	0	11	0	2	0
橘子	-50.7	197	0	0	11	0	2	0
菠萝	-51.7	209	0	0	13	0	1	0
苹果汁	-65.2	191	0	0	11	0	0	0
芒果	-72.4	250	0	0	14	0	1	0
枣	-77.9	1176	4	0	72	0	6	0
葡萄干	-87.5	264	1	0	15	0	0	0

干果推荐

i 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	77.5	372	4	0	17	0	0	0
栗子	53.2	1519	6	1	79	0	0	0
榛子	36.7	2629	14	60	16	0	9	0
橡子	9.1	1619	6	23	40	0	0	0
芝麻酱	8.4	2454	18	50	24	0	5	0
葵花子	2.9	2445	20	51	20	0	8	0
椰肉	0	1481	3	33	15	0	9	0

杏仁	-1.8	2423	21	49	21	0	12	0
银杏坚果	-2.9	1456	10	2	72	0	0	0
山核桃干	-9.3	2749	12	64	18	0	6	0
腰果	-12.5	2402	15	46	32	0	3	0
核桃	-27.4	2738	15	65	13	0	6	0
开心果	-27.6	2392	21	45	28	1	10	0
山核桃	-31.5	2889	9	71	13	0	9	0
松子	-59.8	2816	13	68	13	1	3	0

检出肠道细菌

下列表格展示了您肠道中实际检出的细菌。如果检测到的细菌超过35种，则仅列出丰度最高的前35种。

细菌拉丁名	细菌中文名	参考范围%	检出丰度%
<i>Blautia wexlerae</i>	韦氏布劳特氏菌	0-1.970	13.071
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	普通居海事城球杆菌	0-20.066	10.854
<i>Collinsella aerofaciens</i>	产气柯林斯氏菌	0-10.121	9.297
<i>Bifidobacterium longum</i>	长双歧杆菌	0-6.854	8.800
[<i>Ruminococcus</i>] <i>gnavus</i>	[<i>Ruminococcus</i>] <i>gnavus</i>	0-0.929	7.897
<i>Anaerostipes hadrus</i>	宠大厌氧棒状菌	0-5.593	3.952
<i>Roseburia intestinalis</i>	肠道罗斯拜瑞氏菌	0-4.835	3.846
<i>Faecalibacillus intestinalis</i>	肠道人粪杆菌	0-0.001	2.943
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	普氏栖粪杆菌	0.18-14.003	2.844
<i>Dorea longicatena</i>	长链多尔氏菌	0-4.289	2.776
<i>Escherichia coli</i>	大肠埃希氏菌	0-3.836	2.543
<i>Bacteroides xylophilus</i>	溶木聚糖拟杆菌	0-1.717	2.054
<i>Coprococcus phoceensis</i>	<i>Coprococcus phoceensis</i>	0-0.001	1.677
<i>Anaerobutyricum hallii</i>	霍尔氏厌氧丁酸杆菌	0-3.551	1.490
[<i>Eubacterium</i>] <i>rectale</i>	直肠真杆菌	0-13.029	1.162
<i>Bacteroides uniformis</i>	单形拟杆菌	0-17.741	0.884
<i>Faecalimonas umbilicata</i>	脐状粪样单胞菌	0-0.001	0.851
<i>Bacteroides fragilis</i>	脆弱拟杆菌	0-1.885	0.816
<i>Coriobacteriaceae bacterium</i>	<i>Coriobacteriaceae bacterium</i>	0-0.001	0.779
<i>Erysipelotrichaceae bacterium GAM147</i>	<i>Erysipelotrichaceae bacterium GAM147</i>	0-0.001	0.723
<i>Dorea formicigenerans</i>	产甲酸多尔氏菌	0-1.384	0.666
<i>Coprococcus comes</i>	伶俐粪球菌	0-2.799	0.653
<i>uncultured bacterium</i>	uncultured bacterium	0-0.001	0.621
<i>Blautia hansenii</i>	汉氏布劳特氏菌	0-0.001	0.607
<i>Lachnospiraceae bacterium</i>	<i>Lachnospiraceae bacterium</i>	0-0.001	0.545
<i>Parabacteroides distasonis</i>	迪氏副拟杆菌	0-3.894	0.511
<i>Bacteroides finegoldii</i>	芬氏拟杆菌	0-0.786	0.396
<i>Blautia obeum</i>	卵形布劳特氏菌	0-2.652	0.347
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	副流感嗜血杆菌	0-0.144	0.316
<i>Bacteroides caccae</i>	粪拟杆菌	0-3.559	0.29
<i>Bacteroides ovatus</i>	卵形拟杆菌	0-3.062	0.281
<i>Streptococcus salivarius</i>	唾液链球菌	0-1.039	0.275
<i>Parabacteroides johnsonii</i>	约氏副拟杆菌	0-0.248	0.27
<i>Blautia luti</i>	淤泥布劳特氏菌	0-0.001	0.255
<i>Oscillospiraceae bacterium</i>	<i>Oscillospiraceae bacterium</i>	0-0.001	0.229

检出肠道真菌

● 下列表格展示了您肠道中实际检出的真菌。如果检测到的真菌超过35种，则仅列出丰度最高的前35种。

真菌拉丁名	真菌中文名	参考范围%	检出丰度%
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	酿酒酵母	0-0.05	0.00342
<i>Zygosaccharomyces rouxii</i>	鲁氏结合酵母	0-0.05	0.00324

检出肠道真核生物

● 下列表格展示了您肠道中实际检出的真核生物。如果检测到的真核生物超过35种，则仅列出丰度最高的前35种。

真核生物拉丁名	真核生物中文名	参考范围%	检出丰度%
<i>Naegleria fowleri</i>	Naegleria fowleri	0-0.05	0.00057

检出肠道病毒

● 下列表格展示了您肠道中实际检出的病毒。如果检测到的病毒超过35种，则仅列出丰度最高的前35种。

病毒拉丁名	病毒中文名	参考范围%	检出丰度%
暂无检出病毒数据			

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