



胎粪中的细菌载量

金文煜¹, 彭靖², 戴锦萍², 汤荣康¹, 郭佳欣¹, 赵环³,
王杰林⁴, 张树⁵, 高义舟¹

¹中国科学院上海免疫与感染研究所 微生物发育与健康实验室研究中心

²复旦大学附属妇产科医院 ³郑州大学第一附属医院

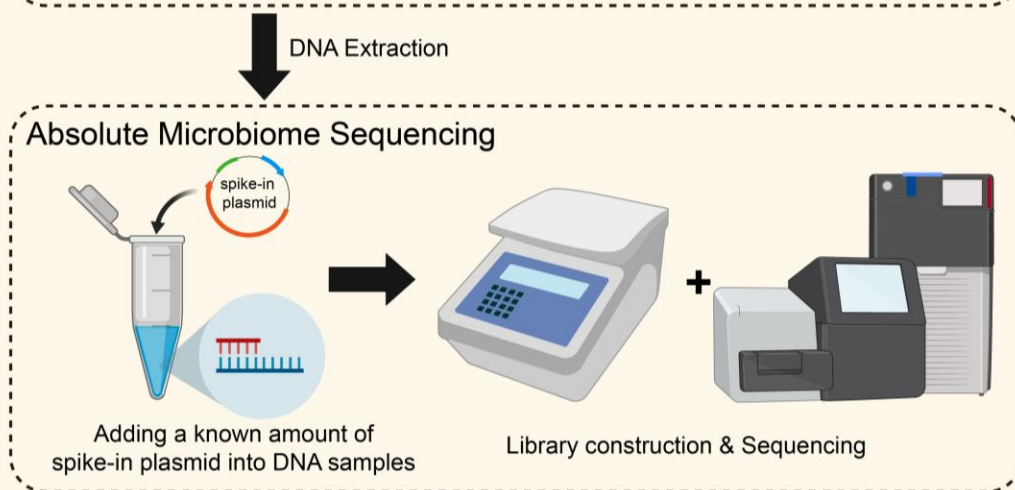
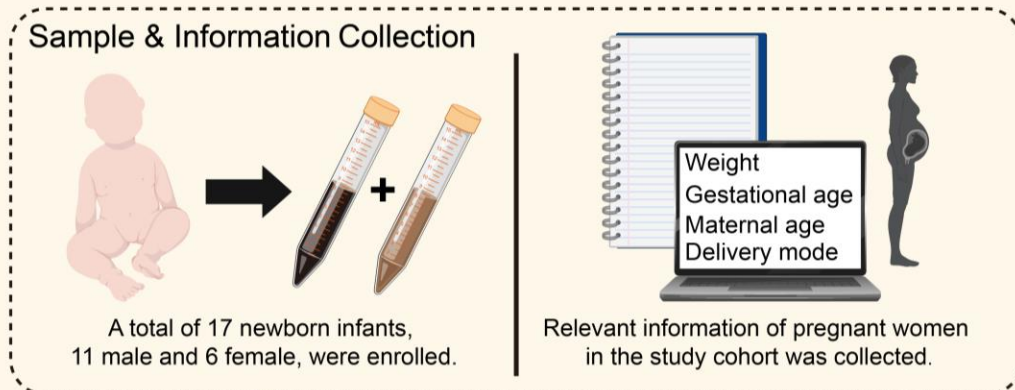
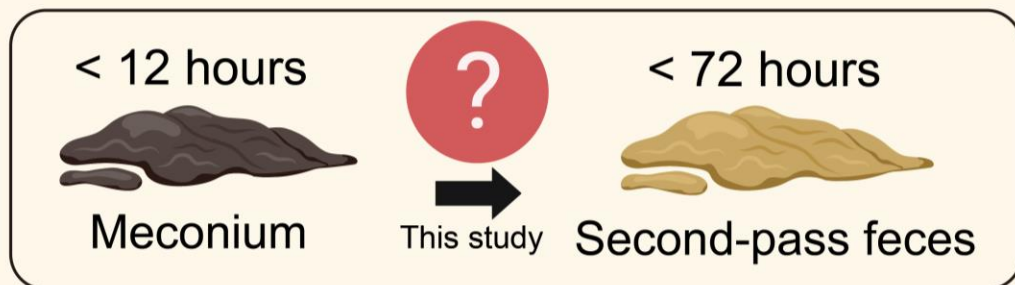
⁴上海交通大学医学院附属同仁医院虹桥国际医学研究院

⁵复旦大学医学院附属肿瘤医院

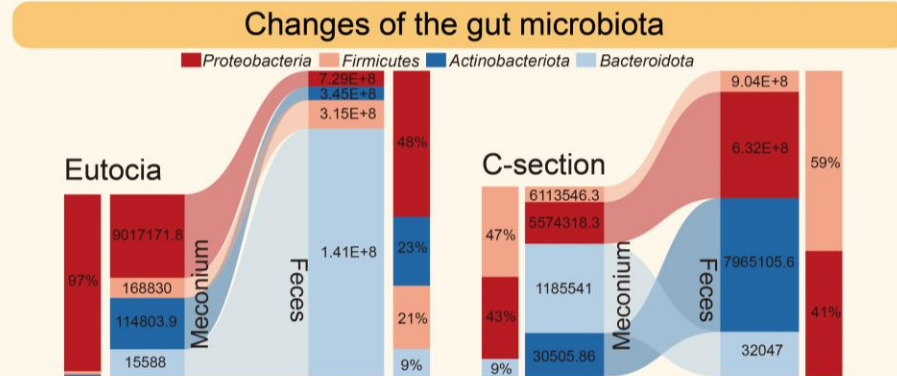
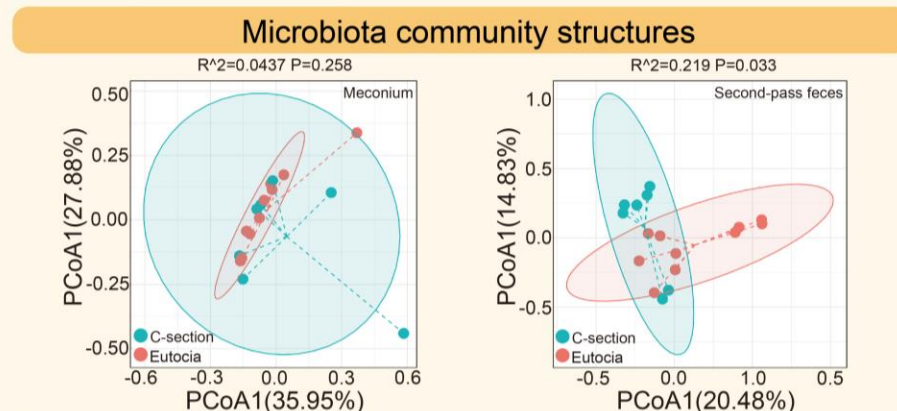
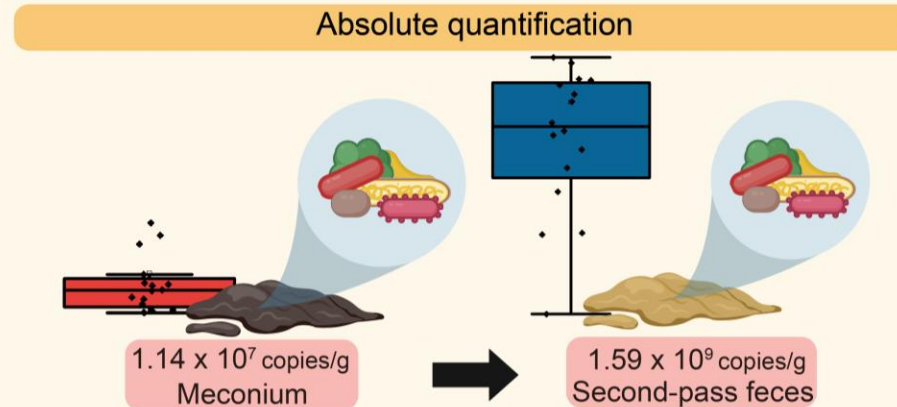


Wen-Yu Jin, Jing Peng, Jinping Dai, Rongkang Tang, Jia-Xin Guo, Huan Zhao, Jielin Wang, Shu Zhang, Yi-Zhou Gao. 2024. Bacterial load in meconium. *iMeta* e173. <https://doi.org/10.1002/imt2.173>

亮点



Bioinformatics Analysis





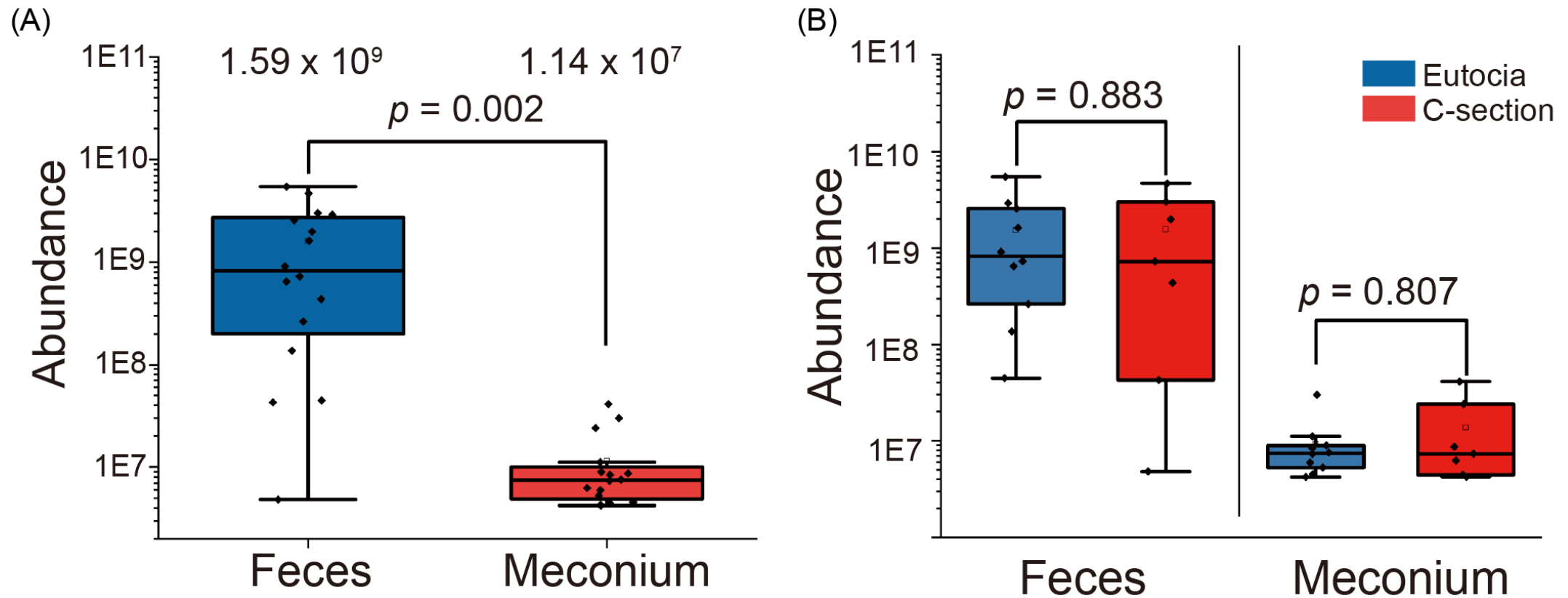
研究队列

Characteristics	N=17
Gender	
Male	11
Female	6
Birth Weight(g)	3300.5±476.2
Gestational age (weeks)	38.3±1.5
Age of the mothers (years)	32.2±3.5
Time of the first-pass meconium	<12h
Mode of delivery	
Eutocia	10(58.8%)
C-seaction	7(41.2%)



研究和结果

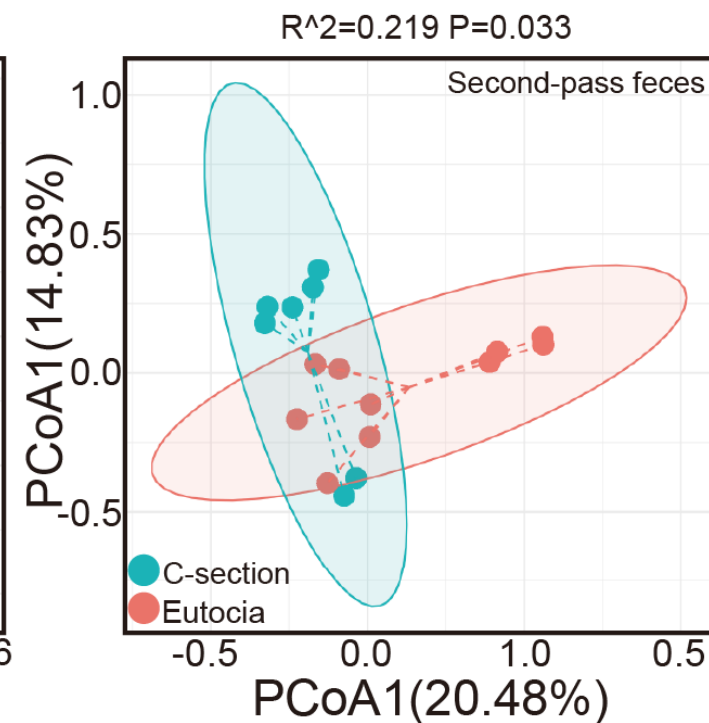
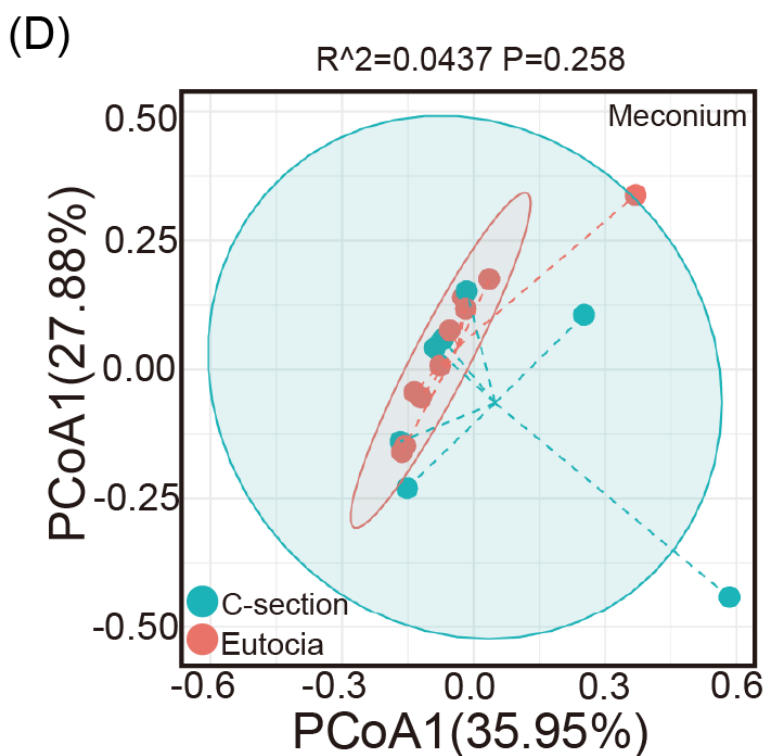
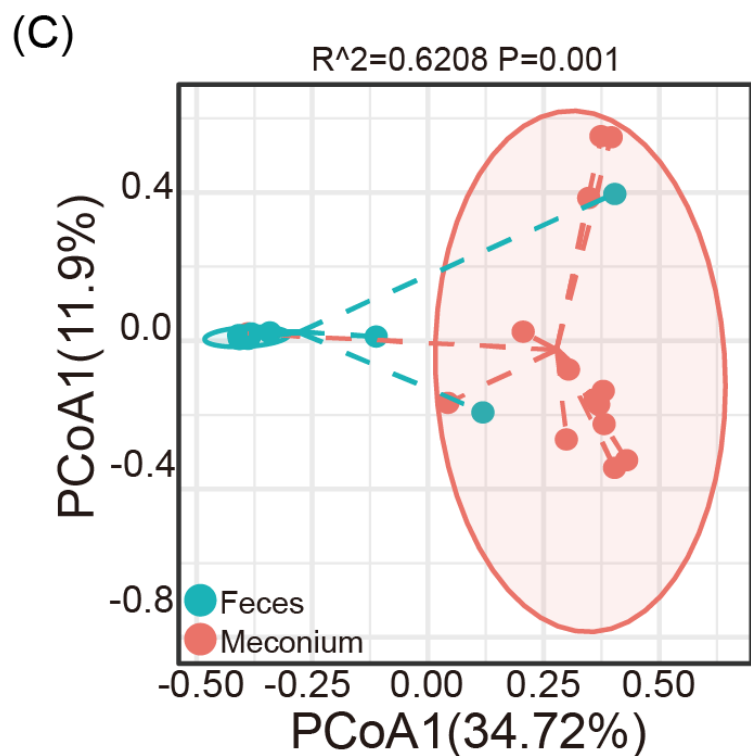
- (A) 胎粪和粪便的绝对丰度。 ($p = 0.002$)
- (B) 顺产组和剖腹产组中胎粪和粪便的绝对丰度。胎粪和粪便之间无显著差异。





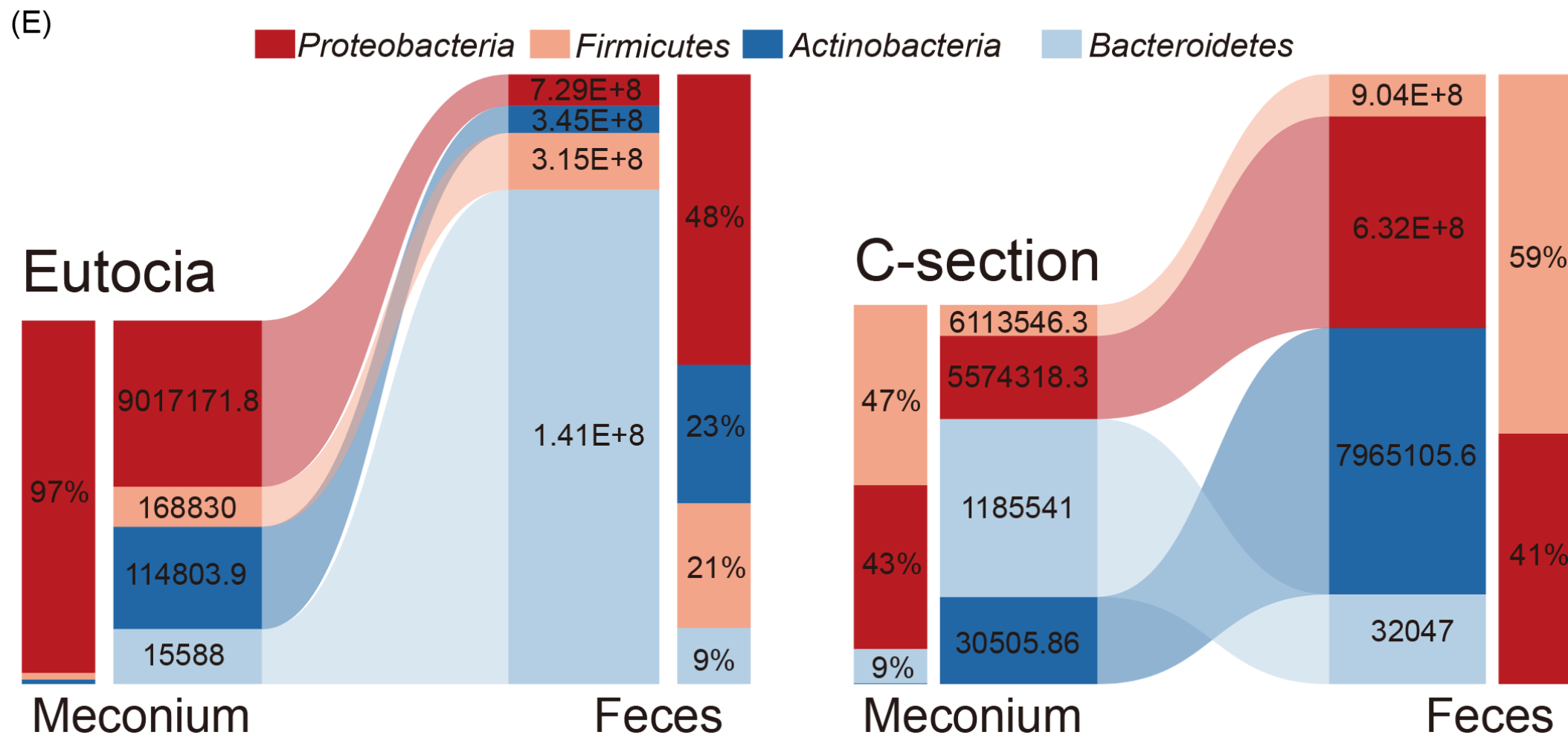
研究和结果

(C) 胎便和粪便的PCoA分析 ($p = 0.001$)。
(D) 顺产组和剖腹产组在胎便中的PCoA分析 (左) ($p = 0.258$)，顺产组和剖腹产组在粪便中的PCoA分析 (右) ($p = 0.033$)。



研究和结果

(E) 顺产组（左）和剖腹产组（右）中 *Bacteroidetes*, *Proteobacteria*, *Actinobacteria* 和 *Firmicutes* 的绝对丰度和相对丰度的变化。





总结

- 在本研究中，我们采用了内标质粒的方法对胎粪和粪便样本进行相对定量和绝对定量分析。胎粪和粪便样本中的细菌平均丰度分别为 1.14×10^7 CFU/g和 1.59×10^9 CFU/g
- 我们发现胎粪的相似性不受分娩方式的影响，而顺产和剖腹产婴儿的粪便样本之间存在明显差异
- 我们分析报道了胎儿粪便是一个无菌和成人（ $10^{10} - 10^{11}$ CFU/g）之间的中间状态。这一发现填补了对人类肠道微生物群建立过程的重要空白。



“iMeta”是由威立、肠菌分会和本领域数百位华人科学家合作出版的开放获取期刊，主编由中科院微生物所刘双江研究员和荷兰格罗宁根大学傅静远教授共同担任。目的是发表原创研究、方法和综述以促进宏基因组学、微生物组和生物信息学发展。目标是发表前10%(IF > 15)的高影响力论文。期刊特色包括视频投稿、可重复分析、图片打磨、青年编委、前3年免出版费、50万用户的社交媒体宣传等。2022年的三月、六月和九月期已正式在线出版发行!



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>



投稿: <https://mc.manuscriptcentral.com/imeta>



office@imeta.science



[iMeta](#)

[宣传片](#)

