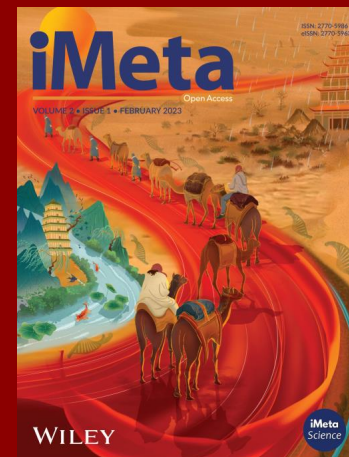


炎症性消化系统疾病中的肠道微生物组： 当前的挑战与治疗机遇

石永鹏^{1,2,3#}, 陈泽冉^{4#}, 方庭昱^{2,3#}, 陈星耀^{2,3}, 邓友鹏^{2,3}, 覃好⁵, 连敏⁶, 沈俊涛⁷, 宗芋茹⁴, 楚慧款⁸,
Constanze Hoebinger⁹, 郭浩¹⁰, 袁中尚¹¹, 郑捷^{12,13,14}, 周永健¹⁵, 潘越^{16,17}, Beatriz G Mendes¹⁸,
Sonja Lang¹⁹, Tim Hendriks⁹, 曾素玲²⁰, 曹海龙²¹, 杨玲⁸, 陈连民²², 陈鹏^{23,24}, 戴磊⁷, 王华^{25,26},
殷实^{27,28}, 朱书^{2,3}, 马雄⁶, Bernd Schnabl²⁹, 陈汉清^{4*}, 段屹^{1,2,3*}



¹中国科学技术大学附属第一医院感染科

²中国科学技术大学生命科学与医学学部前沿交叉科学与生物医学研究所

³中国科学技术大学生命科学与医学部免疫应答与免疫治疗重点实验室

⁴首都医科大学公共卫生学院

⁵中国科学院国家纳米科学中心

⁶上海交通大学医学院附属仁济医院消化与肝病科

⁷中国科学院深圳先进技术研究院

⁸华中科技大学同济医学院附属协和医院消化内科

⁹维也纳医科大学检验医学系

¹⁰厦门大学生命科学学院

¹¹山东大学公共卫生学院

¹²上海交通大学医学院附属瑞金医院

¹³上海市内分泌代谢病临床医学中心

¹⁴布里斯托尔大学医学院

¹⁵华南理工大学附属第二医院消化和肝病科

¹⁶广东省恶性肿瘤表观遗传与基因调控重点实验室

¹⁷中山大学南昌研究院

¹⁸巴西联邦圣卡塔琳娜大学

¹⁹德国科隆大学医学院和科隆大学医院消化内科和肝病科

²⁰合肥综合性国家科学中心大健康研究院

²¹天津医科大学总医院消化内科

²²南京医科大学第一附属医院心内科

²³南方医科大学基础医学院

²⁴南方医科大学珠江医院微生态医学中心

²⁵安徽医科大学第一附属医院肿瘤科

²⁶安徽医科大学炎症免疫性疾病安徽省实验室

²⁷中国科学技术大学附属第一医院老年医学科

²⁸老年免疫与营养治疗安徽省重点实验室

²⁹加州大学圣地亚哥分校医学系

Yongpeng Shi, Zeran Chen, Tingyu Fang, Xingyao Chen, Youpeng Deng, Hao Qin, Min Lian, Juntao Shen, Yuru Zong, Huikuan Chu, Constanze Hoebinger, Hao Guo, Zhongshang Yuan, Jie Zheng, Yongjian Zhou, Yue Pan, Beatriz G Mendes, Sonja Lang, Tim Hendriks, Suling Zeng, Hailong Cao, Ling Yang, Lianmin Chen, Peng Chen, Lei Dai, Hua Wang, Shi Yin, Shu Zhu, Xiong Ma, Bernd Schnabl, Hanqing Chen, Yi Duan. 2024. Gut Microbiota in Treating Inflammatory Digestive Diseases: Current Challenges and Therapeutic Opportunities. *iMeta* e265. <http://doi.org/10.1002/imt2.265>



肠道菌群在炎症性消化疾病中的作用及所面临的挑战

- 患者的肠道微生物组在不同的研究中呈现出相当大的**异质性**，甚至相互矛盾的结果，这是目前肠道菌群和炎症性消化系统疾病研究领域面临的重大挑战。
- 炎症性消化系统疾病的代谢组学**数据匮乏**，并且肠道菌群产生的代谢物在肠道的功能具有不确定性。
- 大多数研究集中在炎症性消化系统疾病中肠道细菌群落的变化及其对疾病进展的影响，而在很大程度上忽视了**肠道真菌组**和**病毒组**在疾病中的作用。
- 细菌与真菌、病毒之间会产生不同的生态**相互作用**，但这些相互作用如何影响炎症性消化系统疾病的发展仍知之甚少。
- 基于微生物的生物标志物的诊断和预测**准确性有限**。

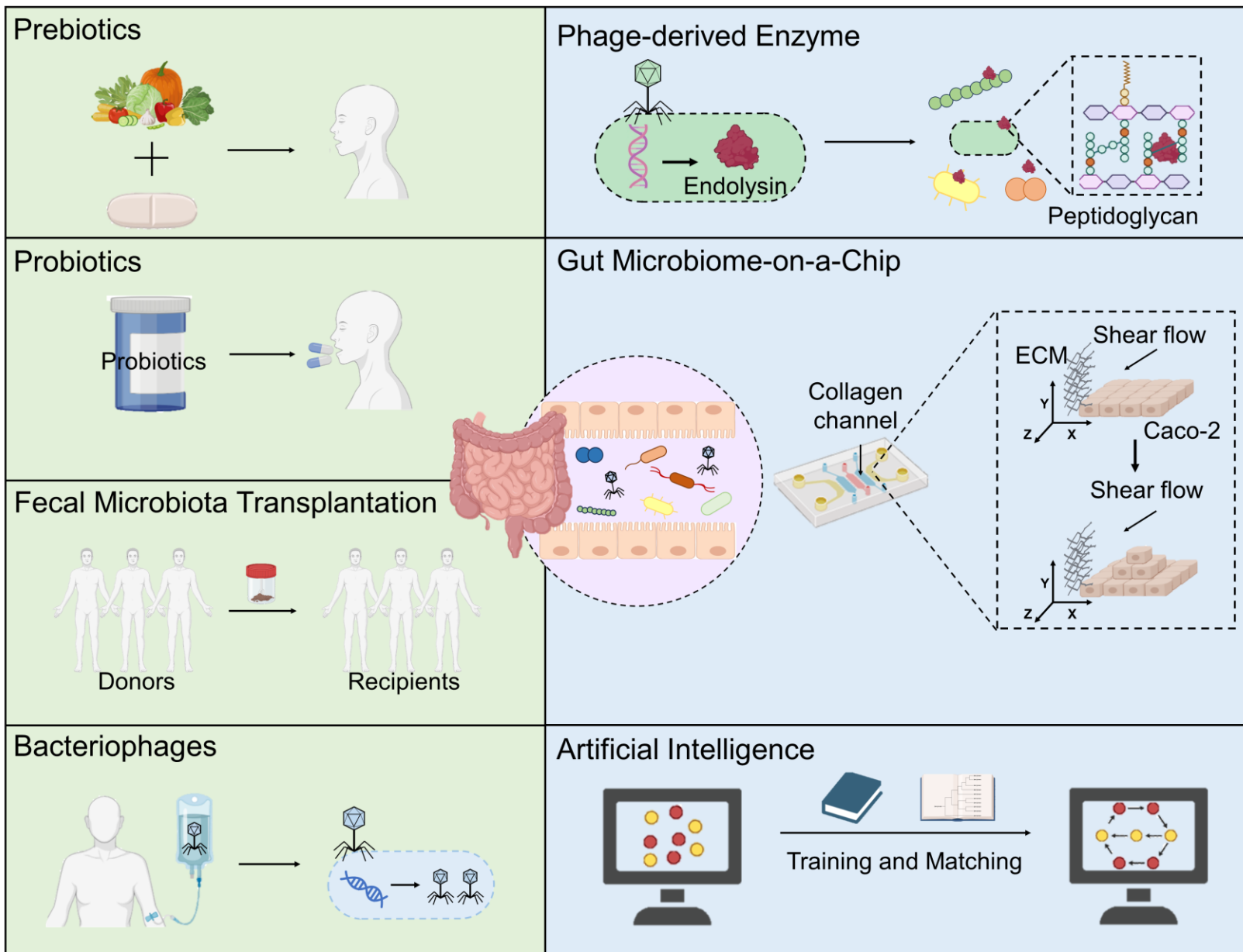


不同研究中同一疾病的微生物组成存在异质性的潜在原因

Classification of causes	Interpretation
Sample bias	<ul style="list-style-type: none">※The timing of sample collection can affect the reproducibility of microbiome analyses even more than experimental interventions or dietary changes, and researchers should consider host circadian dynamics in experimental design.※The population exhibits considerable individual variability, and the sample size plays a crucial role in influencing the accuracy of the analysis and the reliability of the statistical results.※Fecal microbial load is a key factor driving gut microbiome variation and serves as a significant confounder in disease association studies.
Disease stage or subtype identification error	※Disease stage and subtype classification affect the results of microbiological analysis in a population cohort. For example, obese and lean MASLD patients may have significantly different gut microbiota, and mixed analyses may produce misleading results.
Individual factors	※Host genetic background, race, diet, drugs, and other variables can also cause differences in gut microbiota.
Sequencing techniques	<ul style="list-style-type: none">※16S rRNA gene sequencing is still the dominant method in current research, but the results are far less detailed and accurate than metagenomic sequencing, which can sequence the entire genome and produce more species information.※Primer's choice, reference databases, clustering methods, threshold setting, and specific processes can all cause taxonomic biases.
Sequencing regions	※The 16S rRNA gene sequence contains 10 conserved regions and 9 highly variable regions (V1-V9), but not every variable region has the same sensitivity. The selection of variable regions has a significant impact on the sequencing results of prokaryotic microbial community structure, with most studies ranging from a single variable region, such as V3 or V4, to two variable regions, such as V3-V4 or V4-V5, and some have three variable regions, such as V1-V3 or V4-V6.
Sequencing platforms	※The Illumina sequencing platform is widely used in microbiome studies with its lower cost advantages and higher throughput advantages, but the sequences produced by it are short (≤ 300 bases) and the resolution is limited.
Statistical bias	※P-values are often used to explain whether microbial abundance is statistically significant or not, however, P-values alone do not provide reliable results and require a false discovery rate (FDR) correction, which some studies do not.



基于微生物群的治疗策略和新兴技术



Existing Treatment Strategies

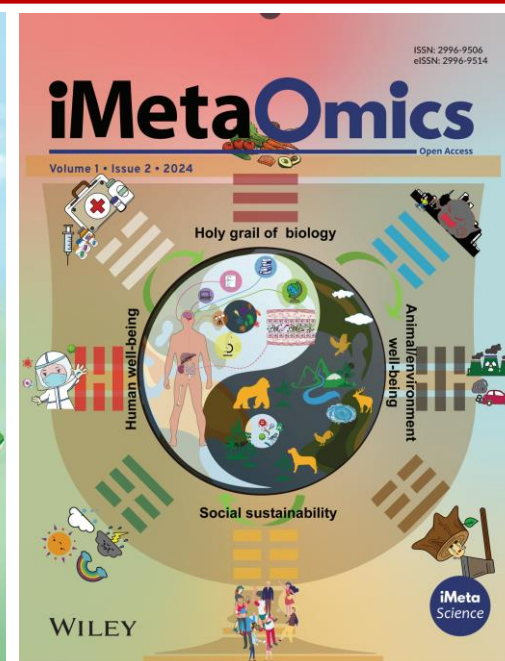
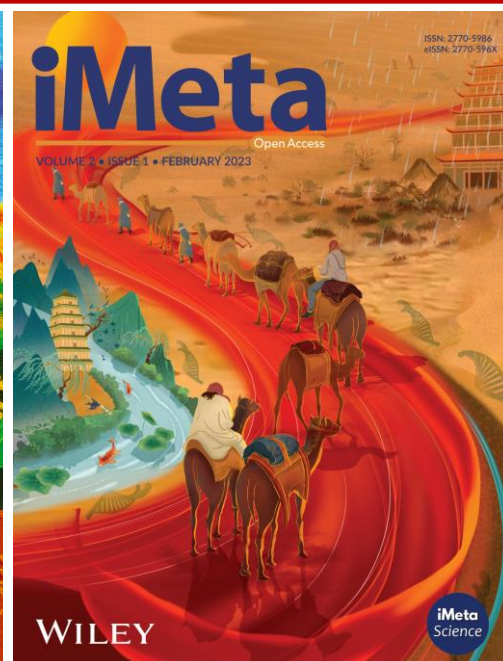
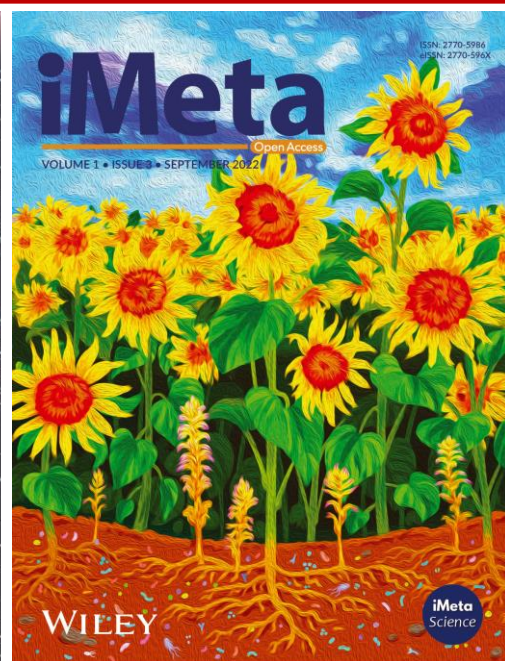
Emerging Strategies and Technologies



总结

- ❑ 肠道菌群在炎症性消化系统疾病的发生发展中起着至关重要的作用，探索肠道菌群的生态位变化为其发病机制提供了新的见解。
- ❑ 受多种混杂变量的影响，微生物数据的异质性仍然是炎症性消化系统疾病人群队列研究中普遍存在的挑战。
- ❑ 基于肠道菌群的干预策略促进了炎症性消化系统疾病的临床治疗，新兴技术和人工智能正在为微生物相关治疗注入新活力。

Yongpeng Shi, Zeran Chen, Tingyu Fang, Xingyao Chen, Youpeng Deng, Hao Qin, Min Lian, Juntao Shen, Yuru Zong, Huikuan Chu, Constanze Hoebinger, Hao Guo, Zhongshang Yuan, Jie Zheng, Yongjian Zhou, Yue Pan, Beatriz G Mendes, Sonja Lang, Tim Hendriks, Suling Zeng, Hailong Cao, Ling Yang, Lianmin Chen, Peng Chen, Lei Dai, Hua Wang, Shi Yin, Shu Zhu, Xiong Ma, Bernd Schnabl, Hanqing Chen, Yi Duan. 2024. Gut Microbiota in Treating Inflammatory Digestive Diseases: Current Challenges and Therapeutic Opportunities. *iMeta* e265. <http://doi.org/10.1002/imt2.265>



“**iMeta**” (影响因子**23.8**) 由威立、宏科学和千名华人科学家出版的期刊，主编刘双江和傅静远教授。
收稿范围：任何领域高影响力的研究、方法和综述，重点关注生物技术、生物信息和微生物组等；
影响力：[SCIE/WOS](#)、[PubMed](#)、[Google](#)、[Scopus](#)收录，**IF 23.8**位列[JCR](#)微生物学研究期刊全球第一；
时效性：外审平均21天；投稿至发表中位数57天；
“**iMetaOmics**” 主编赵方庆和于君教授，定位**IF>10**的高水平交叉学科综合期刊，欢迎投稿！



主页: <http://www.imeta.science>

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



office@imeta.science

imetaomics@imeta.science



投稿: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

<https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>



宣传片



[iMeta](#)

