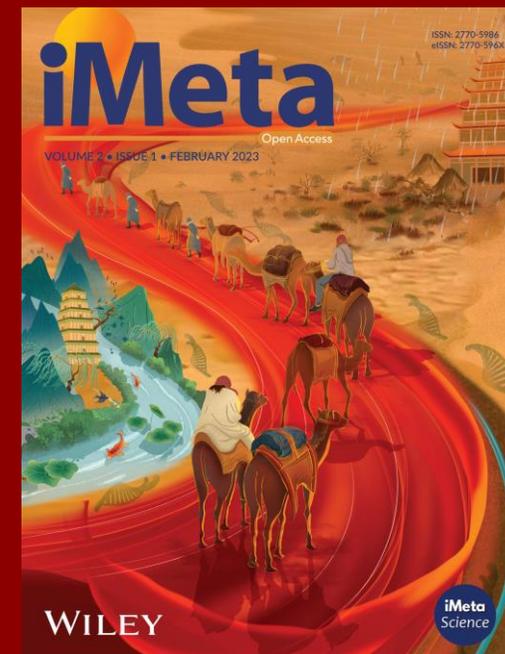


# 肠道微生物菌群 (GM) 与结核病 (TB)

刘艳华<sup>1</sup>, 杨玲<sup>1,2</sup>, Maryam Meskini<sup>3,4</sup>, Anjana Goel<sup>5</sup>, Monique Opperman<sup>6</sup>, Sagar Singh Shyamal<sup>7</sup>, Ajay Manaihiya<sup>8</sup>, 肖濛<sup>9</sup>, 倪瑞梓<sup>2</sup>, 安雅静<sup>2</sup>, 张明明<sup>2</sup>, 田源<sup>2</sup>, 周爽<sup>2</sup>, 叶韶阳<sup>2</sup>, 庄丽<sup>2</sup>, 李林生<sup>2</sup>, Istuti Saraswat<sup>5</sup>, Ankita Kar<sup>10</sup>, Syed Luqman Ali<sup>11</sup>, Shakir Ullah<sup>12</sup>, Syed Yasir Ali<sup>13</sup>, Shradha Kaushik<sup>14</sup>, 田天木<sup>15</sup>, 焦明阳<sup>16</sup>, 王淑君<sup>17</sup>, Giulia Ghisleni<sup>18</sup>, Alice Armanni<sup>18</sup>, Sara Fumagalli<sup>18</sup>, 王雯玉<sup>19</sup>, 曹超<sup>20</sup>, Miguel A. Prieto<sup>21</sup>, Maria Carpena<sup>21</sup>, Antonia Bruno<sup>18</sup>, 金婵媛<sup>22</sup>, 胡涵清<sup>15</sup>, 张宇航<sup>23</sup>, Ilse du Preez<sup>6</sup>, Ashok Aspatwar<sup>8</sup>, 张灵霞<sup>1</sup>, 龚文平<sup>1</sup>

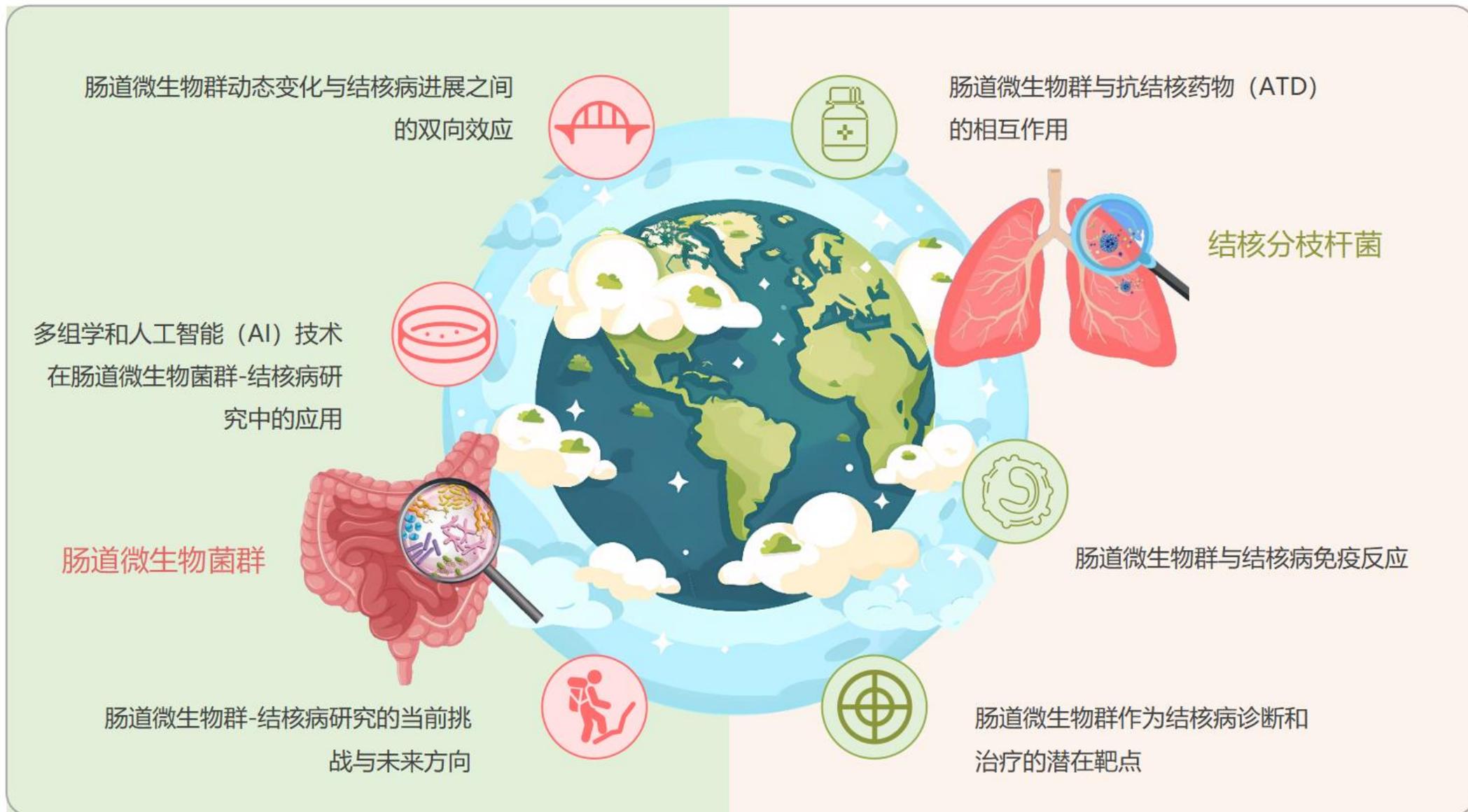
<sup>1</sup>中国人民解放军总医院第八医学中心, <sup>2</sup>河北北方学院, <sup>3</sup>伊朗巴斯德研究所, <sup>4</sup>伊朗巴斯德研究所微生物学研究中心 (MRC), <sup>5</sup>印度 GLA 大学, <sup>6</sup>南非西北大学, <sup>7</sup>印度理工学院 (贝拿勒斯印度教大学), <sup>8</sup>芬兰坦佩雷大学, <sup>9</sup>中国科学院计算机网络信息中心, <sup>10</sup>印度医学研究理事会国家健康研究项目-阿萨姆医学院, <sup>11</sup>巴基斯坦阿卜杜勒·瓦利·汗大学马尔丹分校生物化学系, <sup>12</sup>巴基斯坦阿卜杜勒·瓦利·汗大学马尔丹分校动物学系, <sup>13</sup>巴基斯坦阿卜杜勒·瓦利·汗大学马尔丹分校病理学系, <sup>14</sup>印度勒克瑙工程技术学院生物技术系, <sup>15</sup>北京信息科技大学, <sup>16</sup>北京大学口腔医学院, <sup>17</sup>中国医科大学口腔医学院, <sup>18</sup>意大利米兰比可卡大学, <sup>19</sup>首都医科大学附属北京安贞医院, <sup>20</sup>宁波大学附属第一医院, <sup>21</sup>西班牙维戈大学, <sup>22</sup>北京大学口腔医学院, <sup>23</sup>北京大学第一医院



Yanhua Liu, Ling Yang, Maryam Meskini, Anjana Goel, Monique Opperman, Sagar Singh Shyamal, et al. 2025. Gut microbiota and tuberculosis. *iMeta* 4: e70054. <https://doi.org/10.1002/imt2.70054>.



# 主要内容



# 亮点

## ◆ 肠道微生物群与结核病的双向动态互作

研究揭示了肠道微生物菌群（GM）与结核病（TB）的双向调控关系：结核分枝杆菌感染可破坏肠道菌群稳态，而菌群失调则通过干扰宿主免疫应答，进一步加剧结核病进展。

## ◆ 技术创新驱动 GM-TB 关联研究

整合下一代测序、宏基因组学及人工智能（AI）技术，系统解析 GM 与 TB 的复杂互作机制，为构建疾病预测模型及开发精准医学策略提供关键支撑。

## ◆ 肠道菌群作为诊疗新靶点的突破

研究提出以肠道菌群调节为核心的新型干预策略：通过优化菌群组成，可增强抗结核药物疗效、降低药物副作用，并基于微生物组特征建立结核病易感性及预后的诊断新方法。

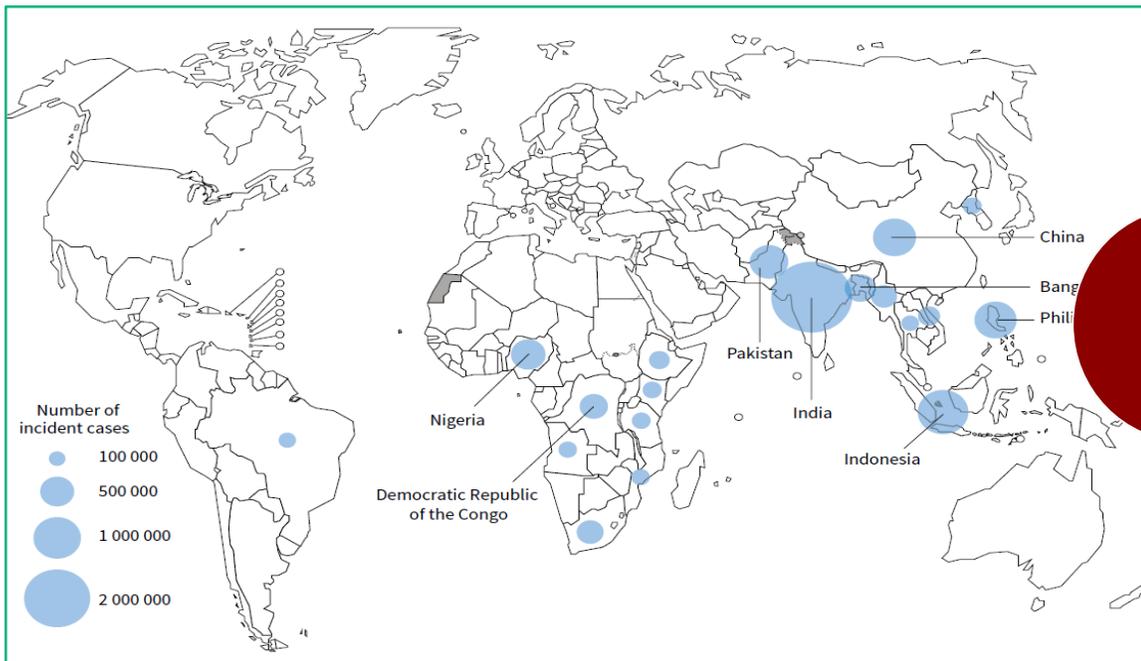
## ◆ 构建 GM-TB 研究的系统性框架

研究首次整合“GM - 免疫交互作用”“复发机制”等七大关键研究领域，形成综合性研究体系，为未来结核病管理策略优化及疫苗研发提供系统性指导路径。



# 背景

## TB：感染性疾病中的头号致死病因



新发结核病

1080万



结核导致死亡

125万

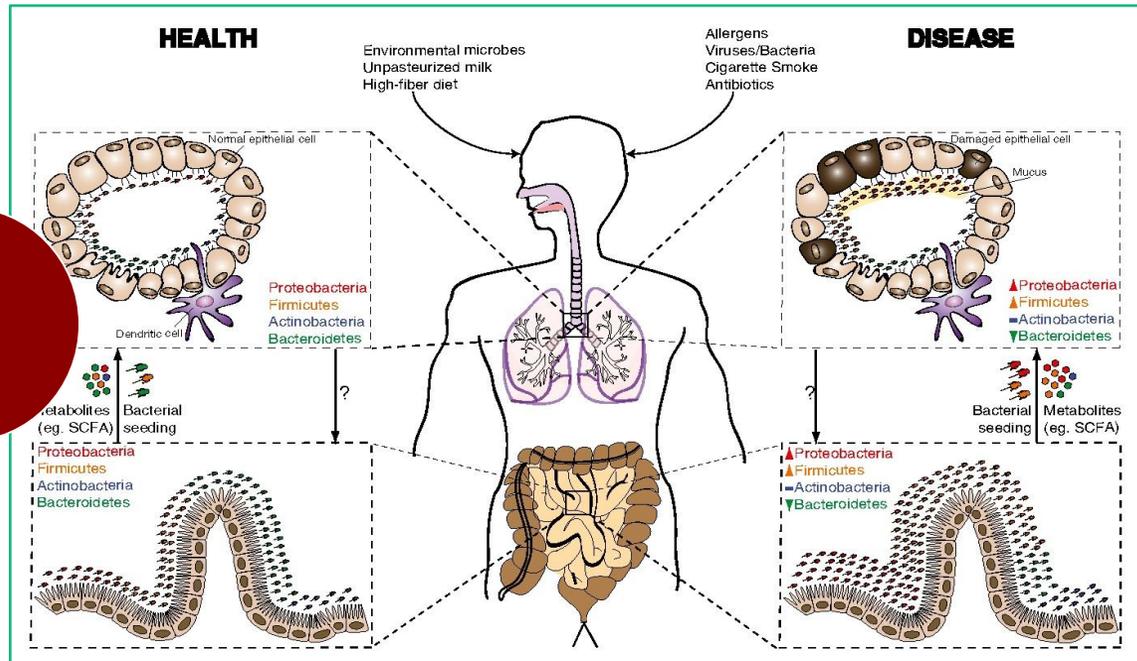


结核病与HIV共感染导致死亡

16.1万

♣ Global tuberculosis report 2024. Geneva: WHO; 2024.

## 肠-肺轴



呼吸系统健康与疾病中的肠 - 肺交互作用

♣ Marsland BJ. et al. Ann Am Thorac Soc. 2015.12, S150-156



# GM动态变化与TB进展之间的双向效应

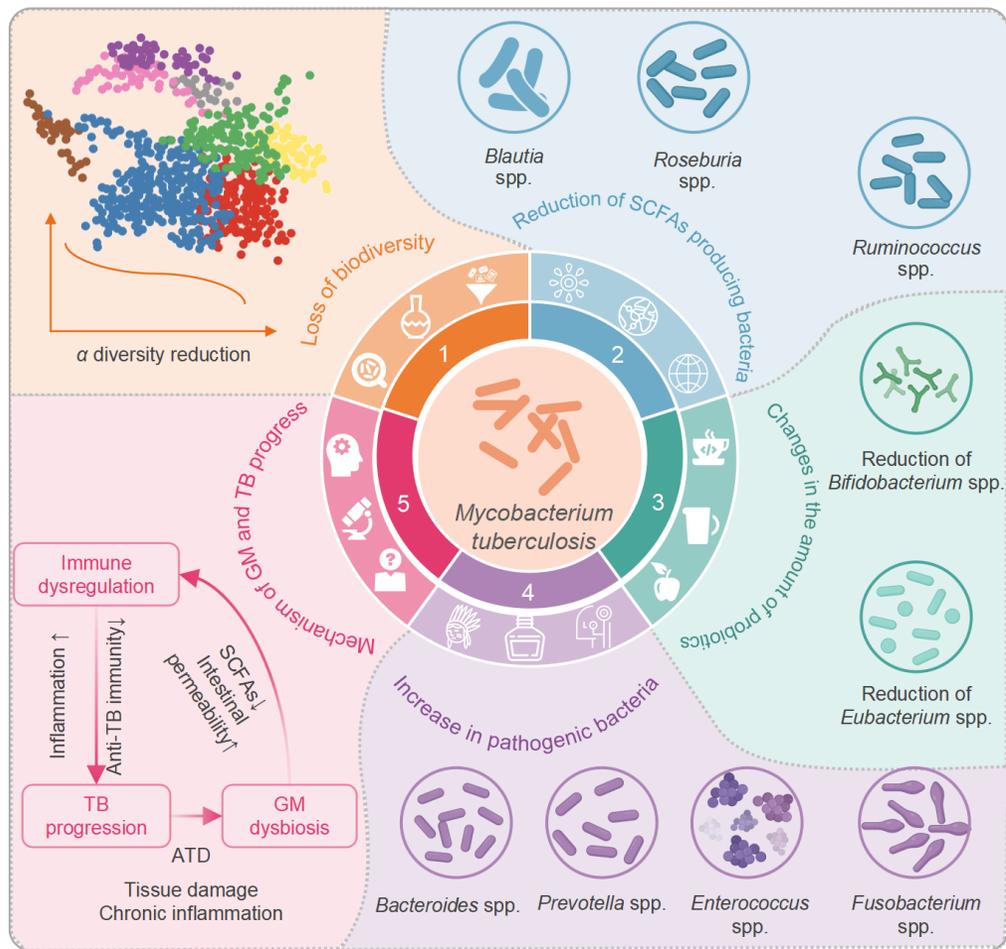


图 1. GM失调与TB进展的关联

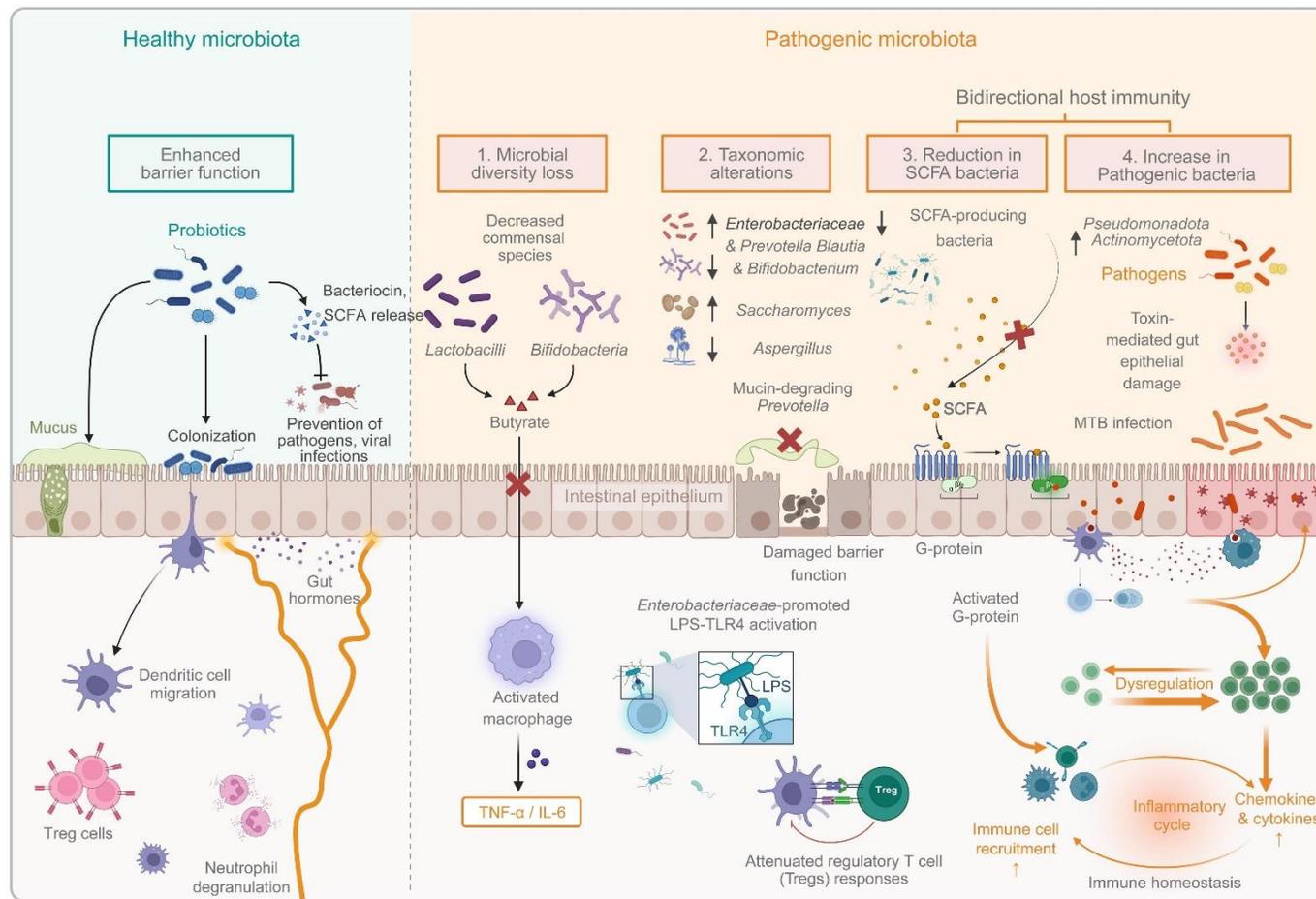


图 2. 健康与致病状态下GM的特征比较



# GM与抗结核药物(ATD)的相互作用

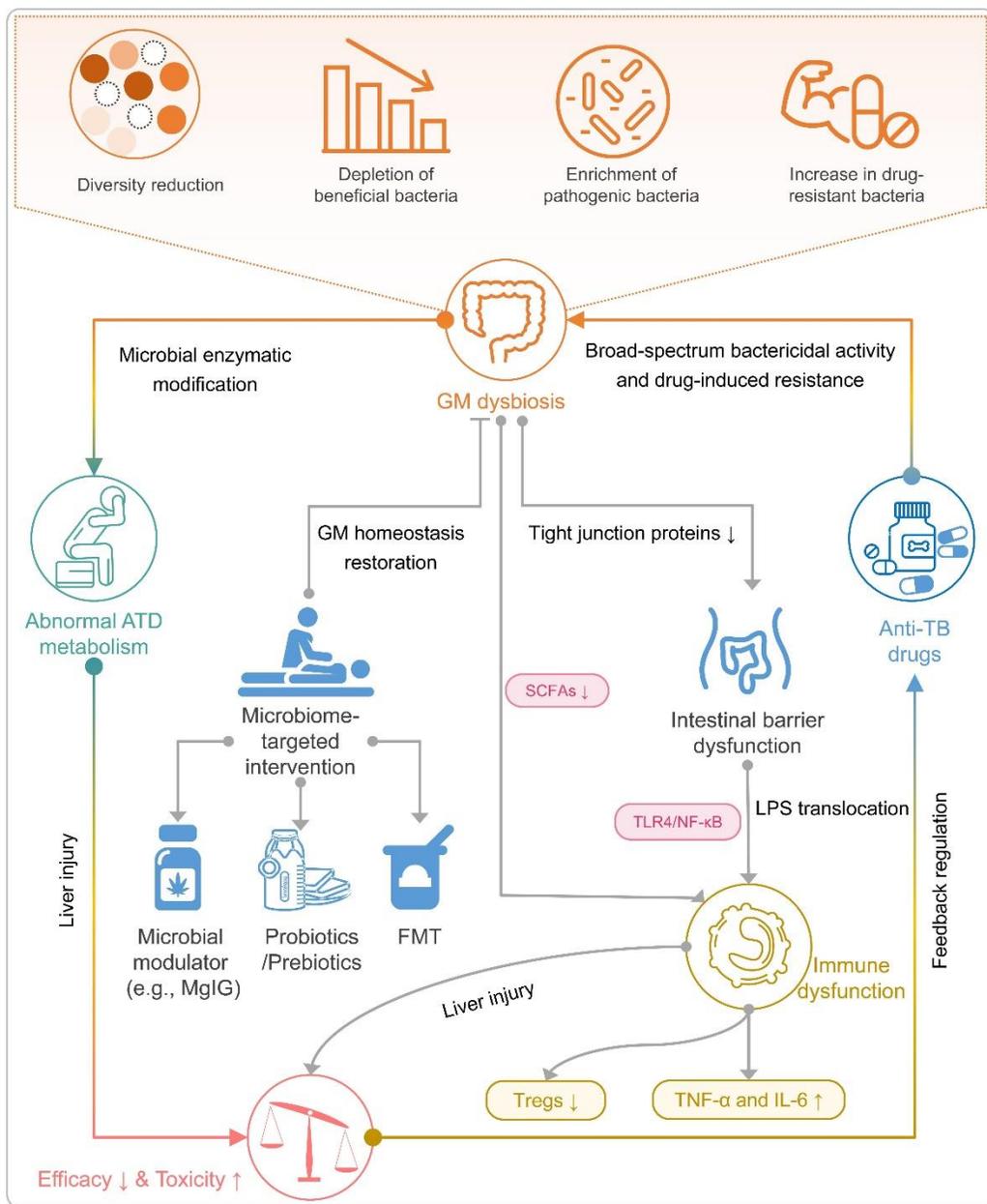


图 3. ATD与GM的双向互作及其对菌群稳态的影响

## ◆ ATD 对 GM 的影响

诱导肠道炎症、破坏屏障、干扰代谢、直接杀菌→GM 组成与功能受损

## ◆ GM 对 ATD 的反作用

药物代谢异常、生物利用度下降→疗效降低；  
免疫调节受损、肝毒性增加→毒性加剧

## ◆ 干预策略

益生菌/益生元、异甘草酸镁 (MgIG)、粪便微生物移植 (FMT) →抗炎、修复屏障、恢复菌群平衡



# GM与TB免疫反应

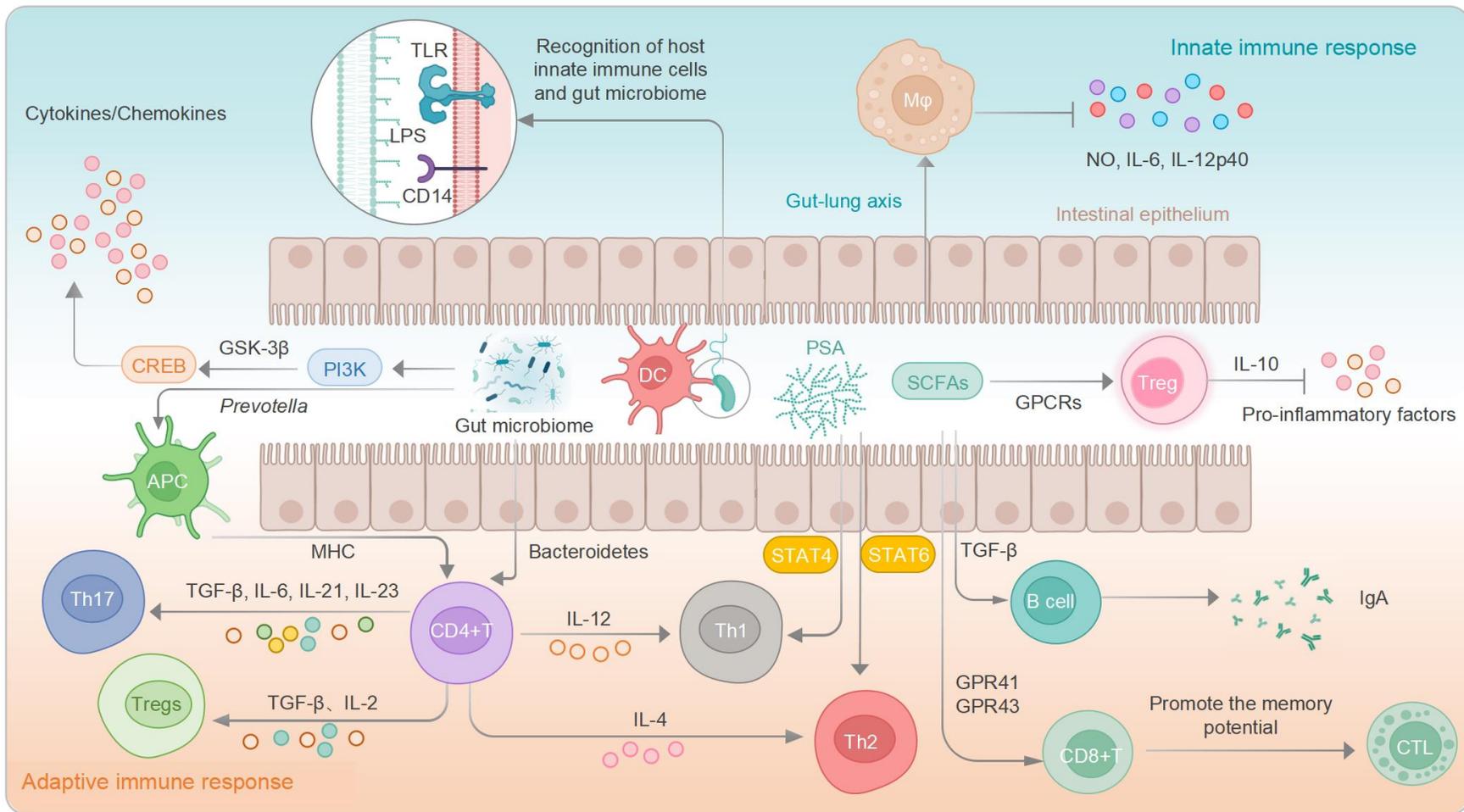


图 4. GM对宿主免疫的多维度调控

## ◆ 健康菌群的免疫调节功能

定植抗性等机制维持肠道黏膜屏障完整性，并调控全身免疫平衡。

## ◆ 代谢物的免疫调控作用

**短链脂肪酸 (SCFAs)**：调节巨噬细胞活性及调节性 T 细胞 (Treg) 分化，抑制过度炎症反应；

**多糖 A (Polysaccharide A)**：介导 B 细胞与 T 细胞免疫应答的协同调控。

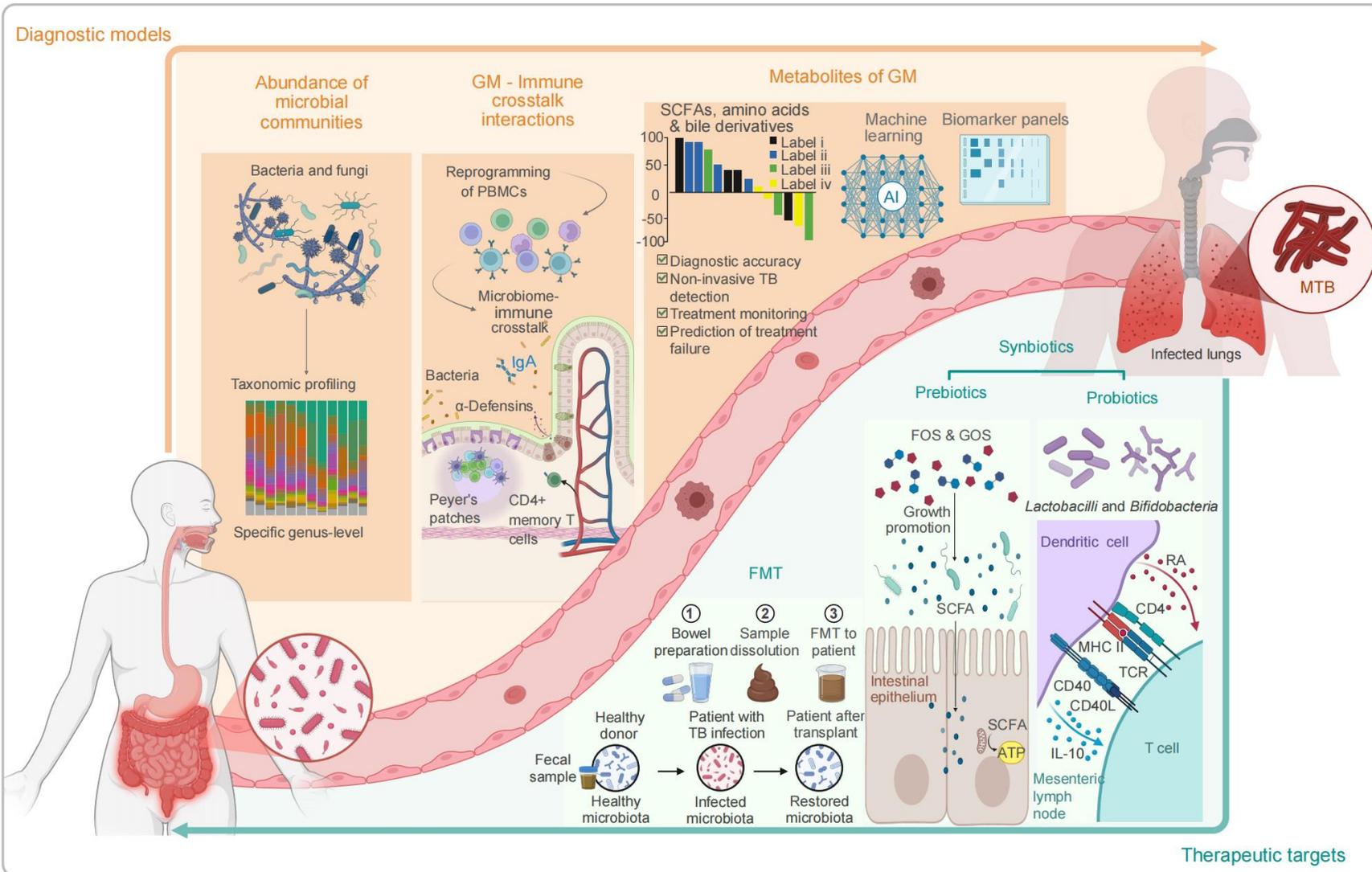
## ◆ 菌群失调加剧结核病病理进程

**免疫网络失衡**：Th1/Th2/Th17/Treg 细胞比例失调，削弱宿主抗结核分枝杆菌 (MTB) 免疫能力；

**肠 - 肺轴交互作用**：肠道菌群失调诱发系统性炎症，通过肠 - 肺轴通路增加 MTB 感染及复发风险。



# GM作为TB诊断和治疗的潜在靶点



## ◆ GM 的病理角色

GM 是 TB 发病的关键调控因子，其失衡与疾病进展密切相关，可作为诊疗新靶点

## ◆ 诊断潜力

菌群组成、真菌 - 细菌互作、代谢物谱等变化通过全身循环参与 TB 病理，具早期诊断价值

## ◆ 靶向治疗策略

益生菌 / 益生元 / 合生素 / FMT → 调节菌群稳态，降低治疗并发症  
机制：修复肠道屏障、改善免疫功能

## ◆ 核心价值

GM 为 TB 精准诊断与治疗提供双向干预思路，推动感染性疾病诊疗革新

图5. GM作为TB诊疗靶点的研究



# 多组学和人工智能技术在GM-TB研究中的应用

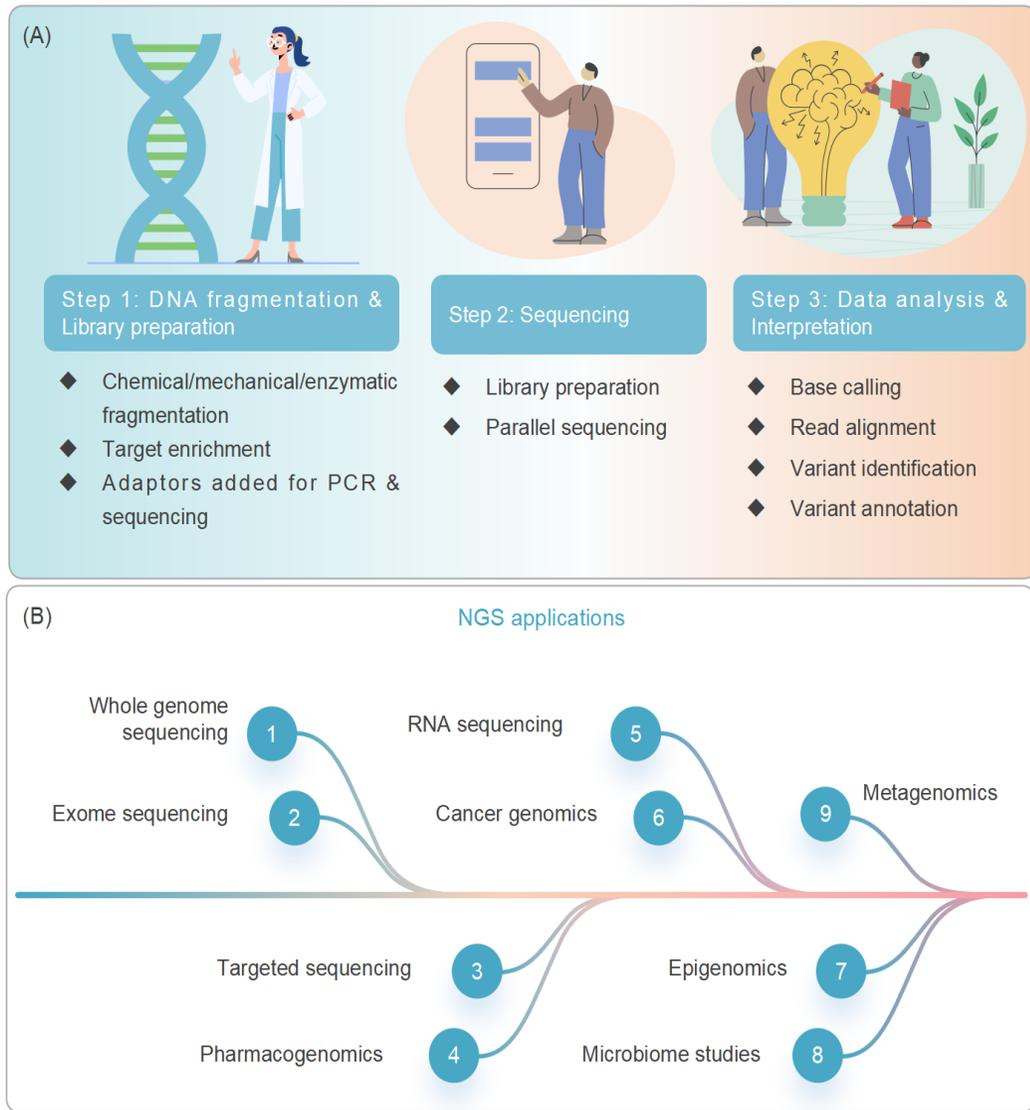


图 6. 下一代测序 (NGS) 技术流程及其应用概述



图 7. NGS 在GM-TB研究中的应用

# 多组学和人工智能技术在GM-TB研究中的应用

图 8. 结核病进展中宿主 - 微生物互作及蛋白质组学研究框架

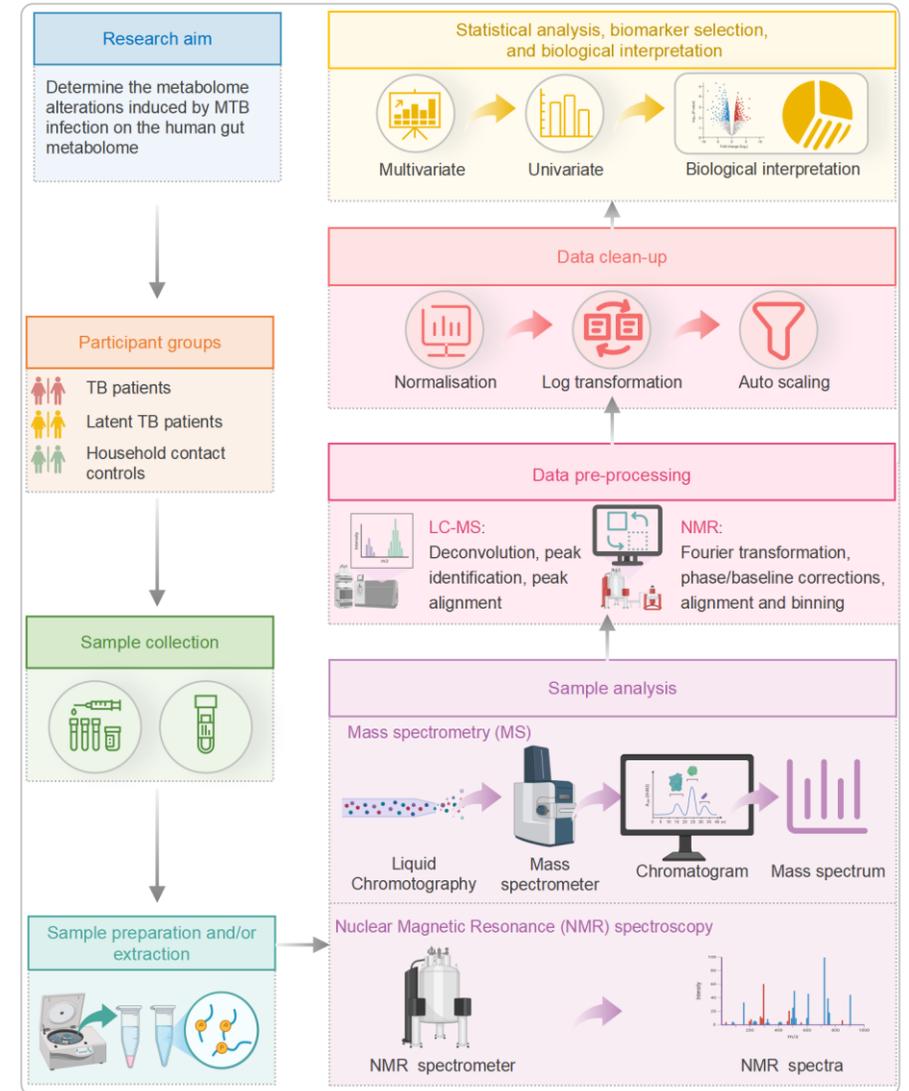
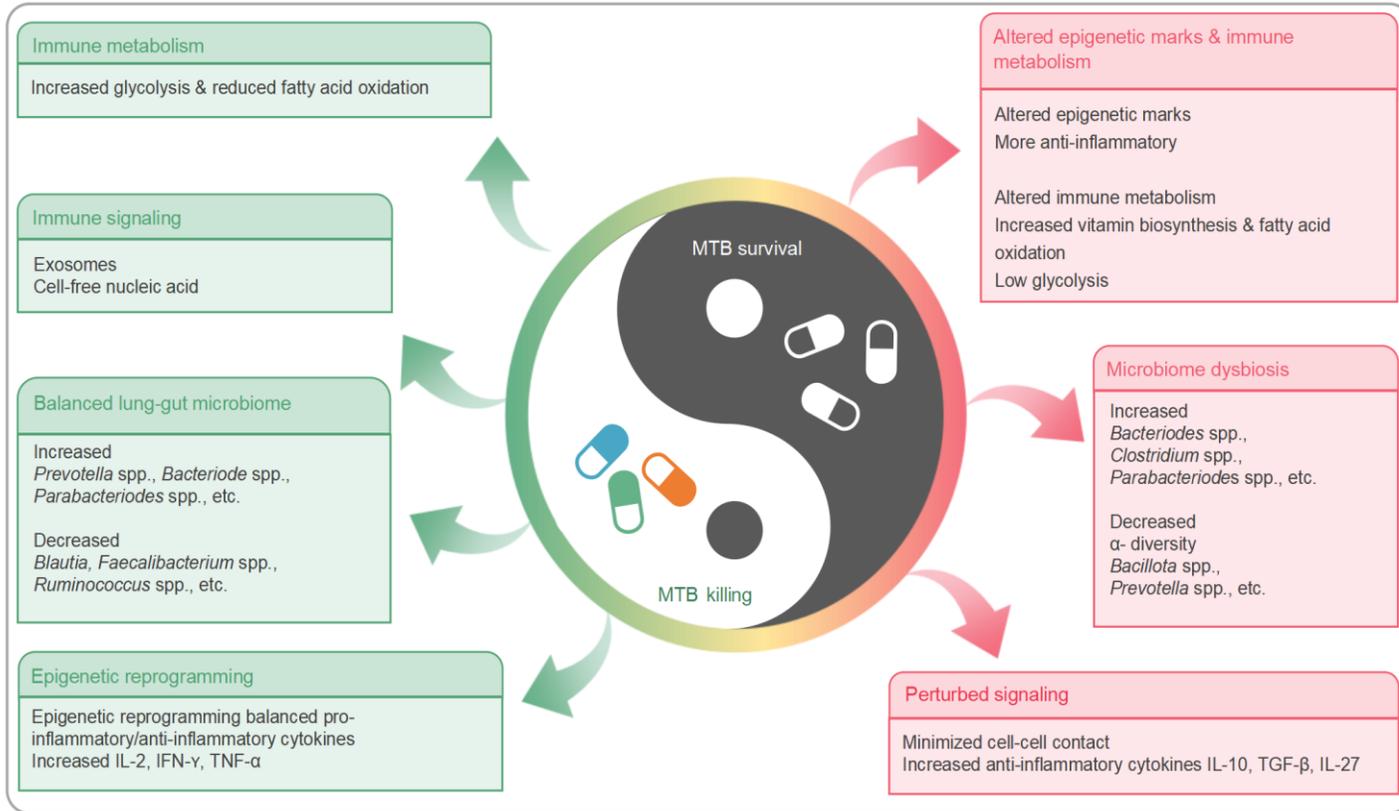


图 9. 代谢组学通用研究流程



# 多组学和人工智能技术在GM-TB研究中的应用

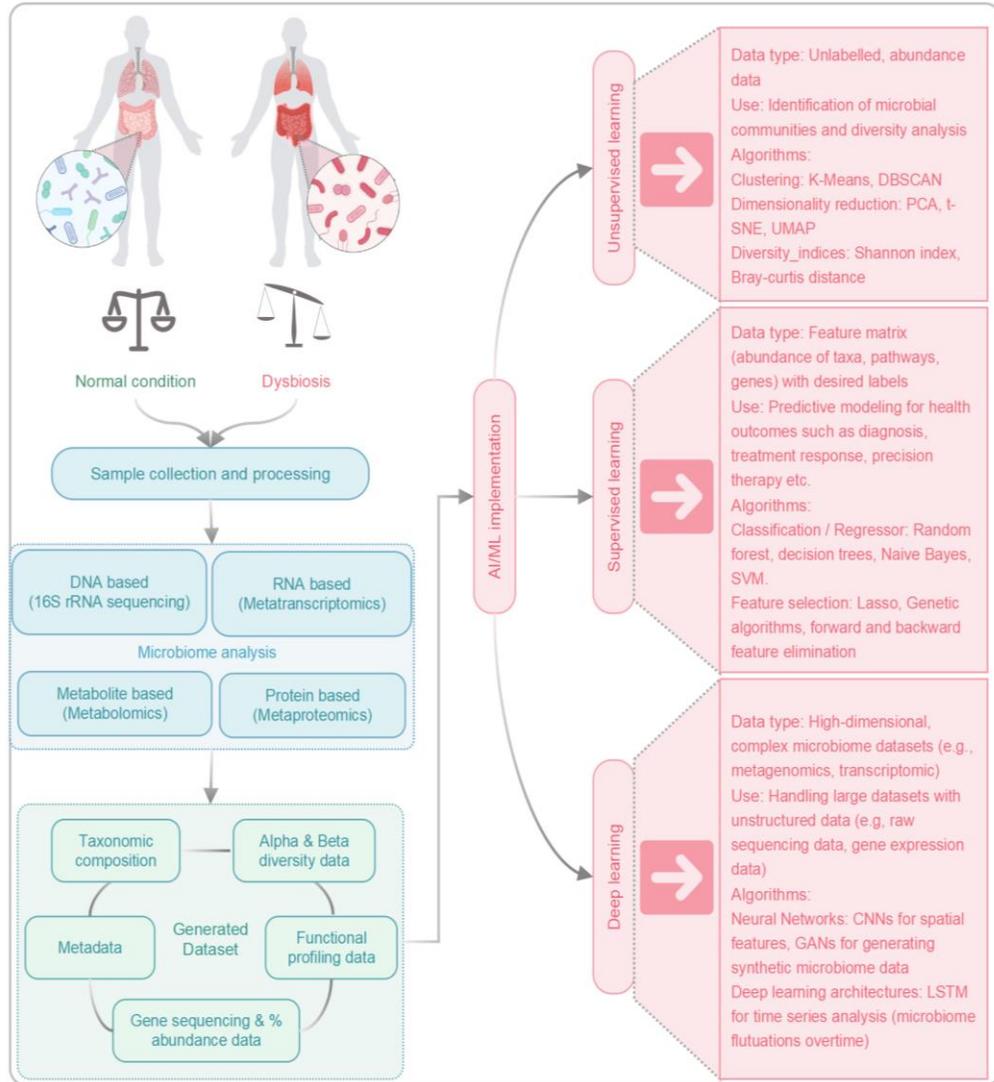
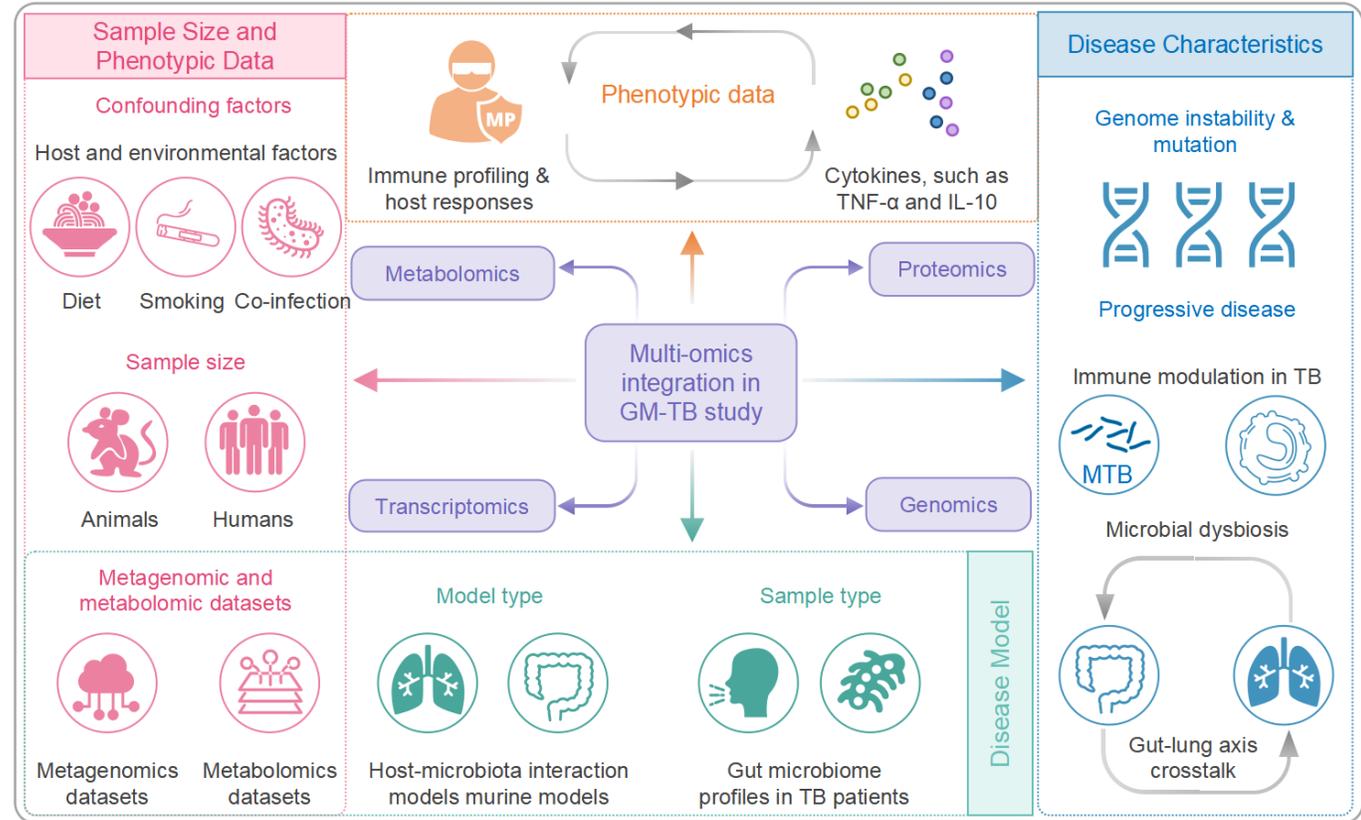


图10. 人工智能/ 机器学习在微生物组研究中的应用：从数据收集到实际应用

图 11. 探究 GM-TB 互作的多组学整合研究框架



# GM-TB研究的当前挑战与未来方向

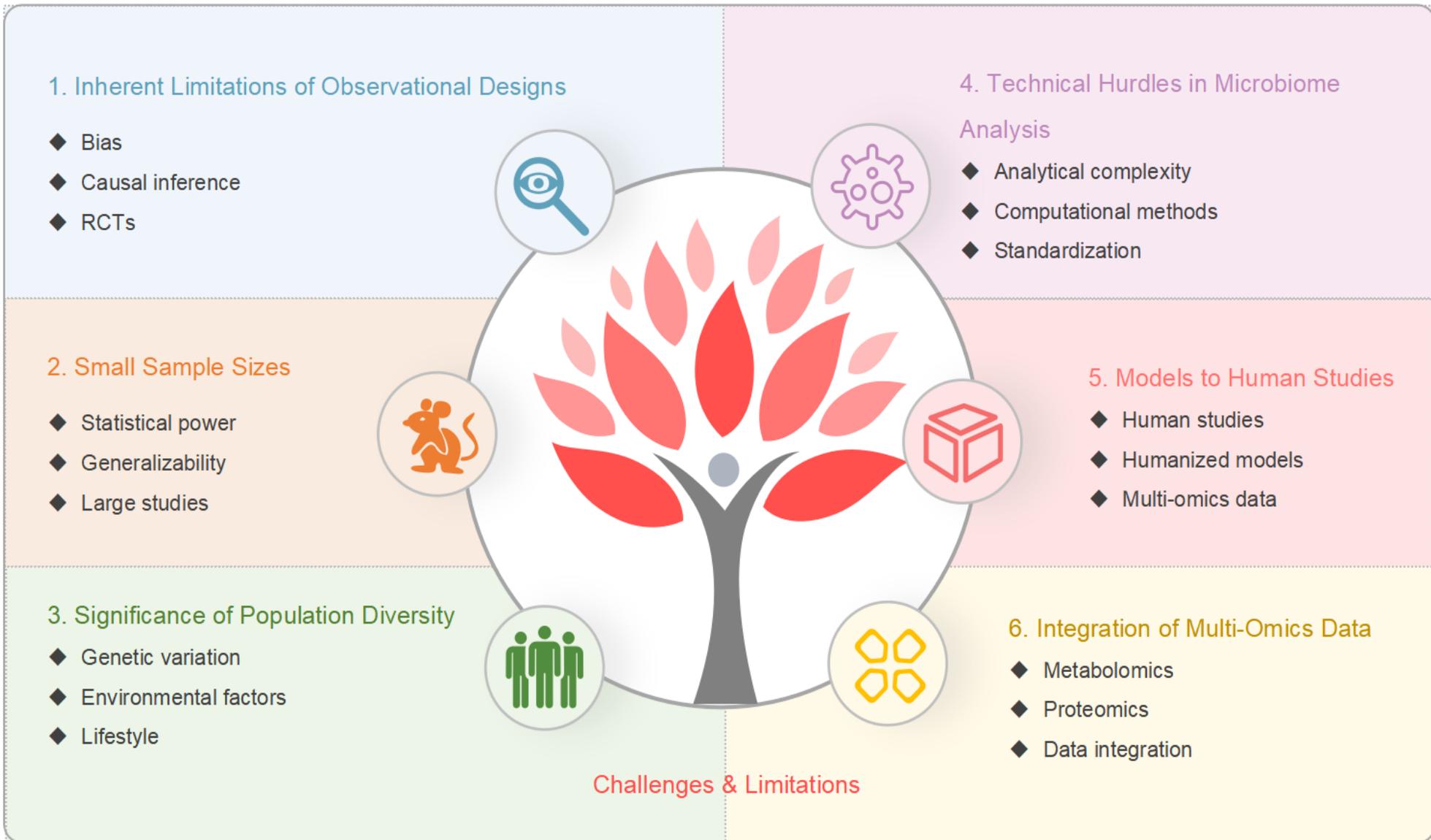


图12. GM-TB 研究的挑战与局限性



# GM-TB研究的当前挑战与未来方向

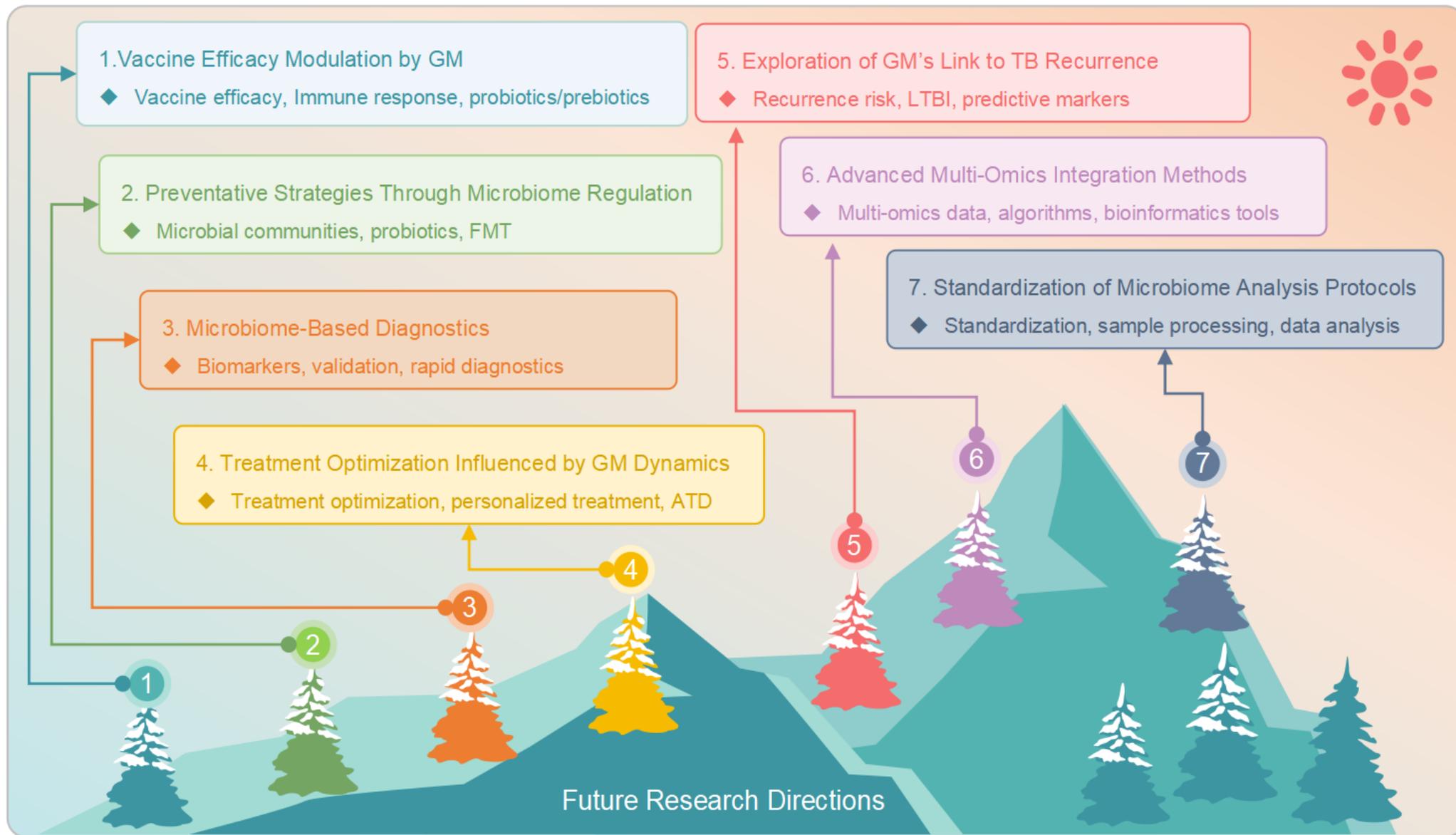


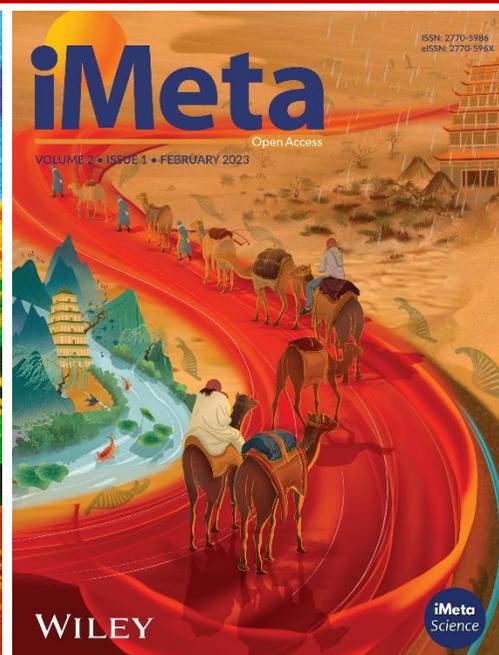
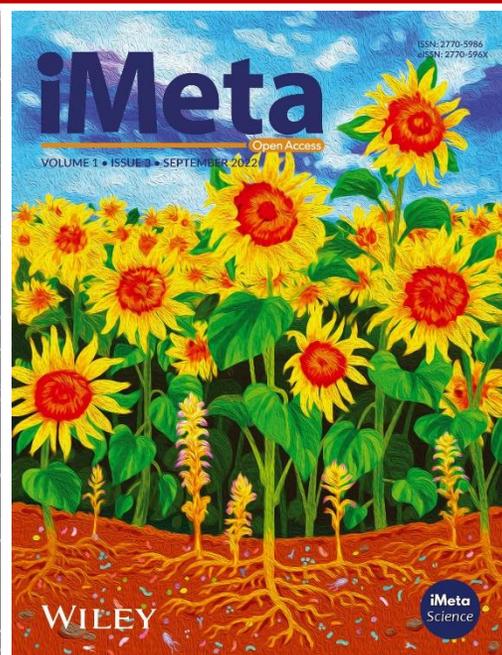
图 13. GM-TB 研究的未来方向与重点研究领域

# 总结

- ◆ **GM-TB 交互模式：** TB患者GM多样性显著降低，特定菌群丰度改变且功能网络失衡，与疾病进展及预后密切相关。
- ◆ **机制解析：** GM调控宿主免疫、影响 MTB 代谢、参与药物反应，免疫调节为核心环节。
- ◆ **转化应用前景：** 微生物组诊断提升准确性，菌群调节可增强疗效、降低副作用，益生菌干预具预防价值。
- ◆ **技术前沿与挑战：** NGS与AI/ML技术推动多组学整合及预测模型构建，但样本异质性、地域偏差及机制验证不足等问题，需通过大规模前瞻性研究加速临床转化。

Yanhua Liu, Ling Yang, Maryam Meskini, Anjana Goel, Monique Opperman, Sagar Singh Shyamal, et al. 2025. Gut microbiota and tuberculosis. *iMeta* 4: e70054. <https://doi.org/10.1002/imt2.70054>.





**iMeta**期刊(影响因子**23.8**)由宏科学、千名华人科学家和威立出版, 主编刘双江和傅静远教授。目标为生物/医学/环境综合期刊群(对标Cell/Nature/Science), 任何高影响力的研究、方法和综述均欢迎投稿, 重点关注技术、信息和组学等前沿交叉学科, 已被SCIE、PubMed等收录, IF 23.8位列全球SCI期刊前千分之五, 微生物学研究类全球第一, 中科院生物学双1区Top; 外审平均21天, 投稿至发表中位数57天。  
子刊***iMetaOmics***(主编赵方庆和于君教授)、***iMetaMed*** 定位IF>10和15的综合、医学期刊, 欢迎投稿!



主页: <http://www.imeta.science>

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



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

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

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>



[office@imeta.science](mailto:office@imeta.science)

[imetaomics@imeta.science](mailto:imetaomics@imeta.science)



宣传片



[iMeta](#)



更新日期  
2025/5/21