

# 两种稳定的肠道微生物群体预测 肝肿瘤类别和治疗反应

刘洋<sup>1,2#</sup>, 张泽凡<sup>3#</sup>, 吴国军<sup>4,5#</sup>, 李博文<sup>1,2,3#</sup>, 王凌华<sup>6</sup>, 王金承<sup>6</sup>, 魏子贤<sup>3</sup>, 汪之越<sup>1,2</sup>, 杨谨华<sup>1,2</sup>,  
张堃彧<sup>1,2</sup>, 张天齐<sup>1,2</sup>, 陶鑫<sup>1,2</sup>, 陈韬<sup>1,2</sup>, 樊嘉<sup>3</sup>, 周俭<sup>3</sup>, 杨欣荣<sup>3\*</sup>, 赵立平<sup>4,5,6\*</sup>, 魏云巍<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>宁波市第二医院, 肝胆胰外科

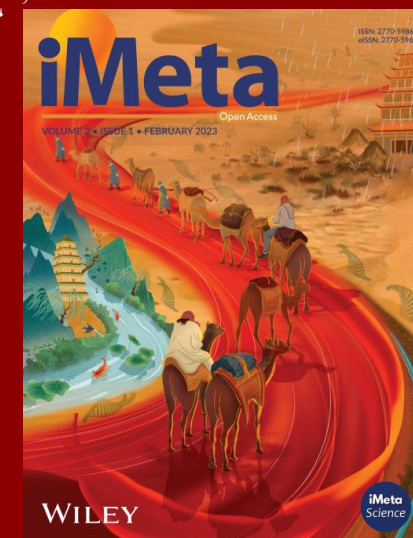
<sup>2</sup>宁波肠道微生态与重大疾病重点实验室

<sup>3</sup>复旦大学附属中山医院肝胆外科与移植中心

<sup>4</sup>新泽西州立大学, 生物化学与微生物学系

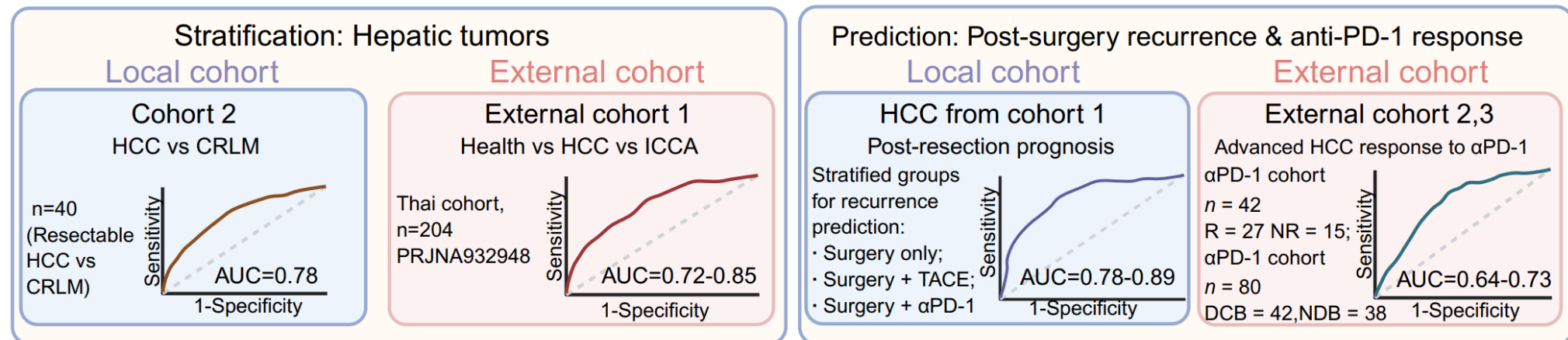
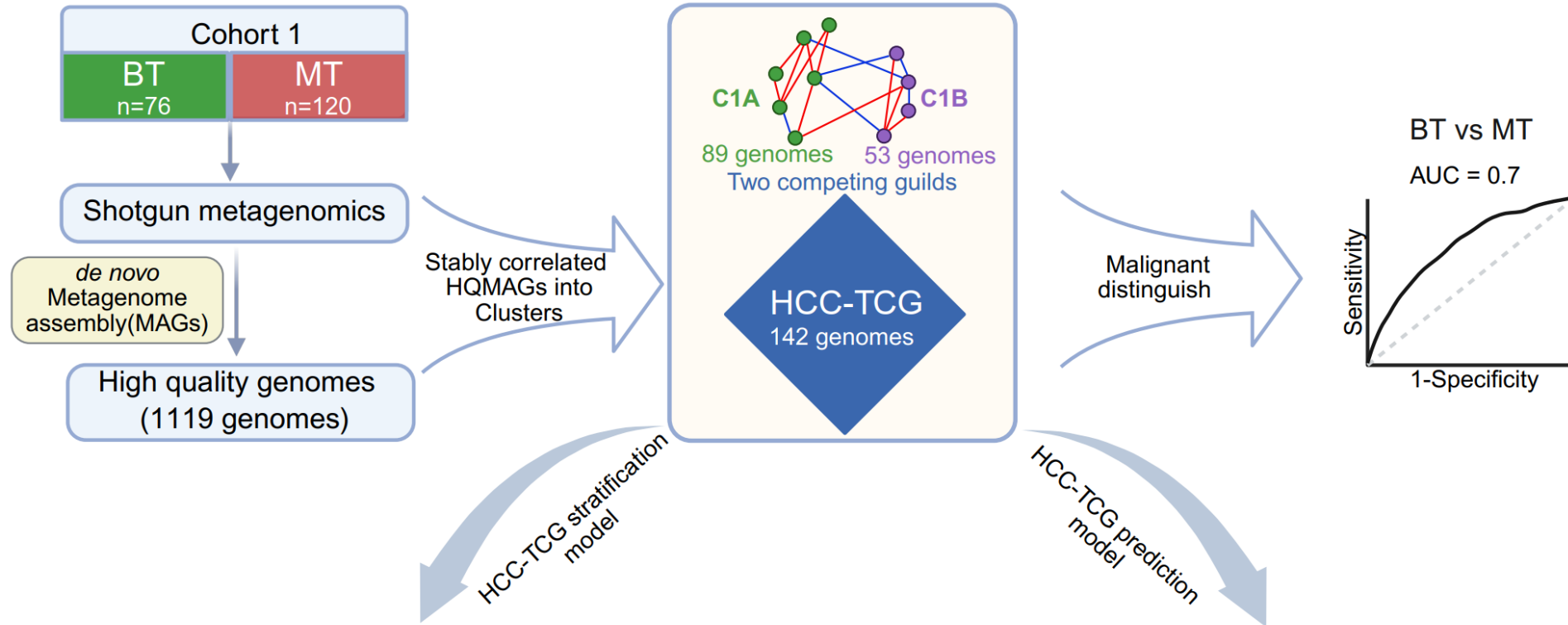
<sup>5</sup>新泽西州立大学与上海交通大学联合微生物组与人类健康实验室

<sup>6</sup>上海交通大学生命科学与生物技术学院



Yang Liu, Zefan Zhang, Guojun Wu, Bowen Li, Linghua Wang, Jingcheng Wang, et al. 2026. Two stable gut microbiome guilds predict liver tumor class and treatment responses. *iMeta* 5: e70123. <https://doi.org/10.1002/imt2.70123>

# 摘要



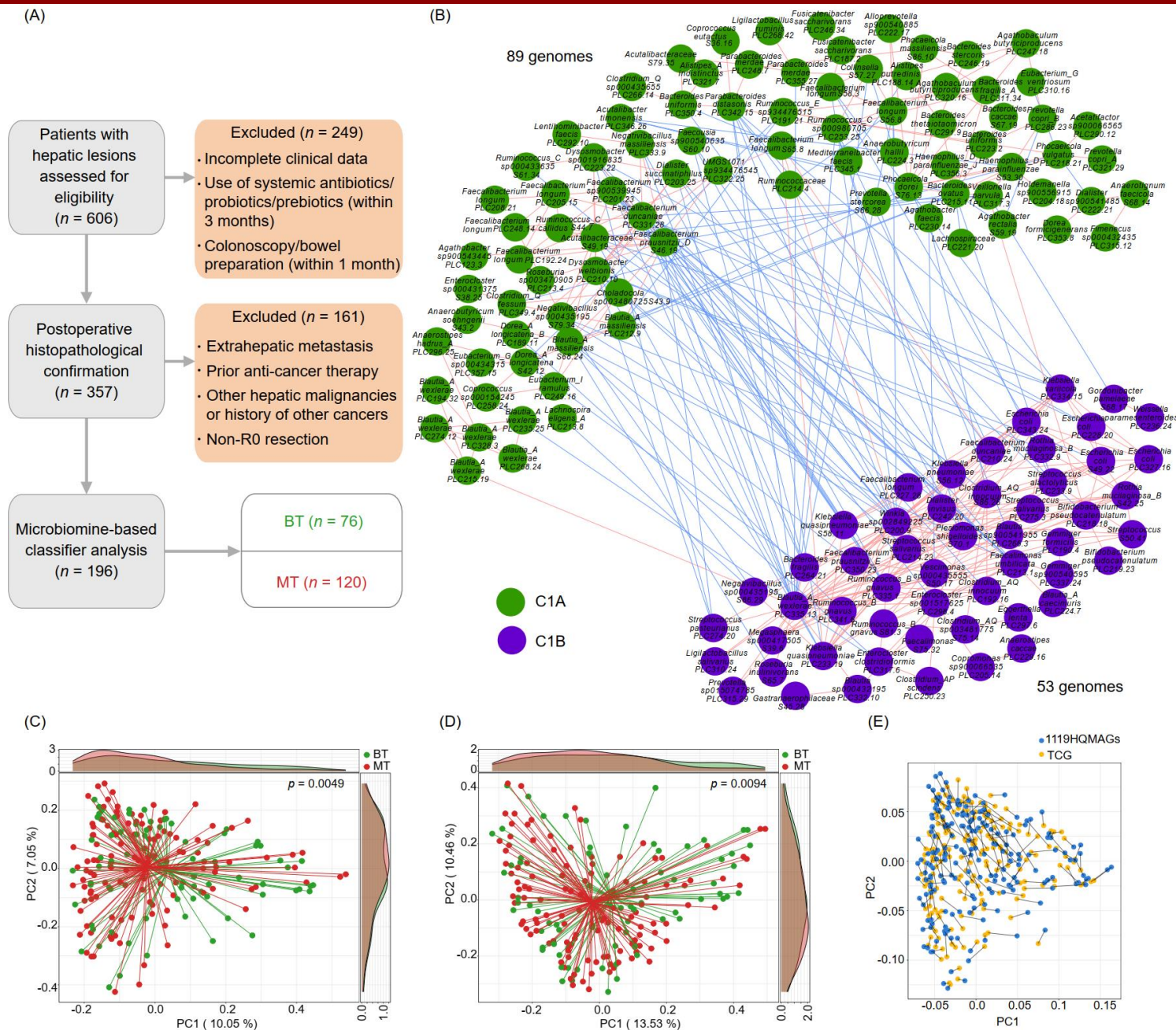


# 亮点

- 通过一种基因组解析且不依赖数据库 (Database-independent) 的分析框架, 本研究将肝癌 (HCC) 患者的核心肠道微生物群定义为两个具有稳定生态关联性的拮抗型功能群 (Competing Guilds)
- HCC-TCG 特征展现了强大的临床转化潜力, 在跨中心独立验证中证明其能够有效识别肝肿瘤亚型, 并预判患者的复发风险与免疫疗效。
- 这种基于功能群的建模策略打破了传统物种分类的局限性, 为肝癌精准医疗奠定了结构化、可复现的分子诊断基础。

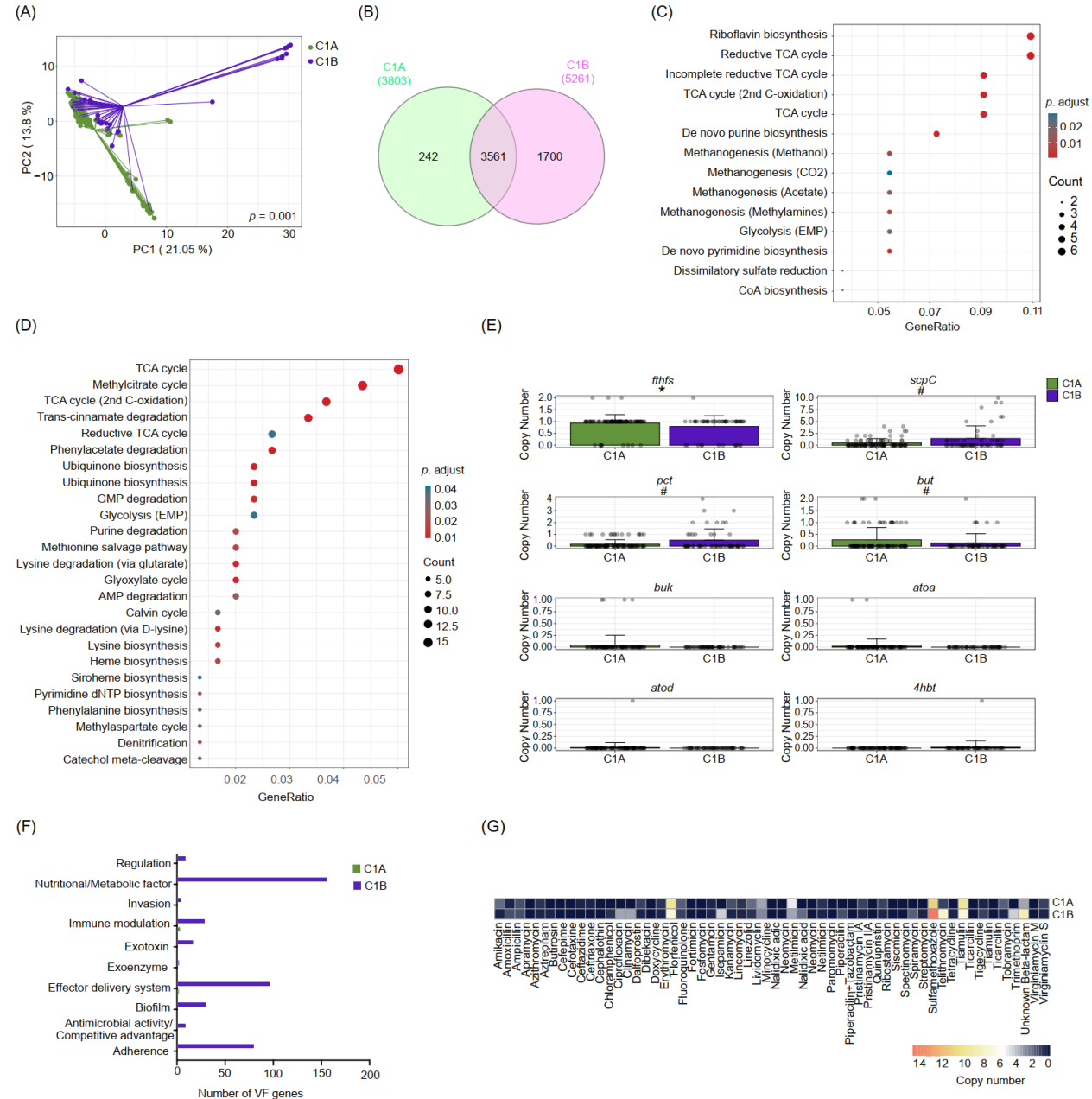
# 结果1：肠道微生物群中存在两个稳定竞争的群落

图 1. 肝癌发生过程中肠道微生物群组成的整体演变及两类拮抗功能群 (TCG) 的特征。



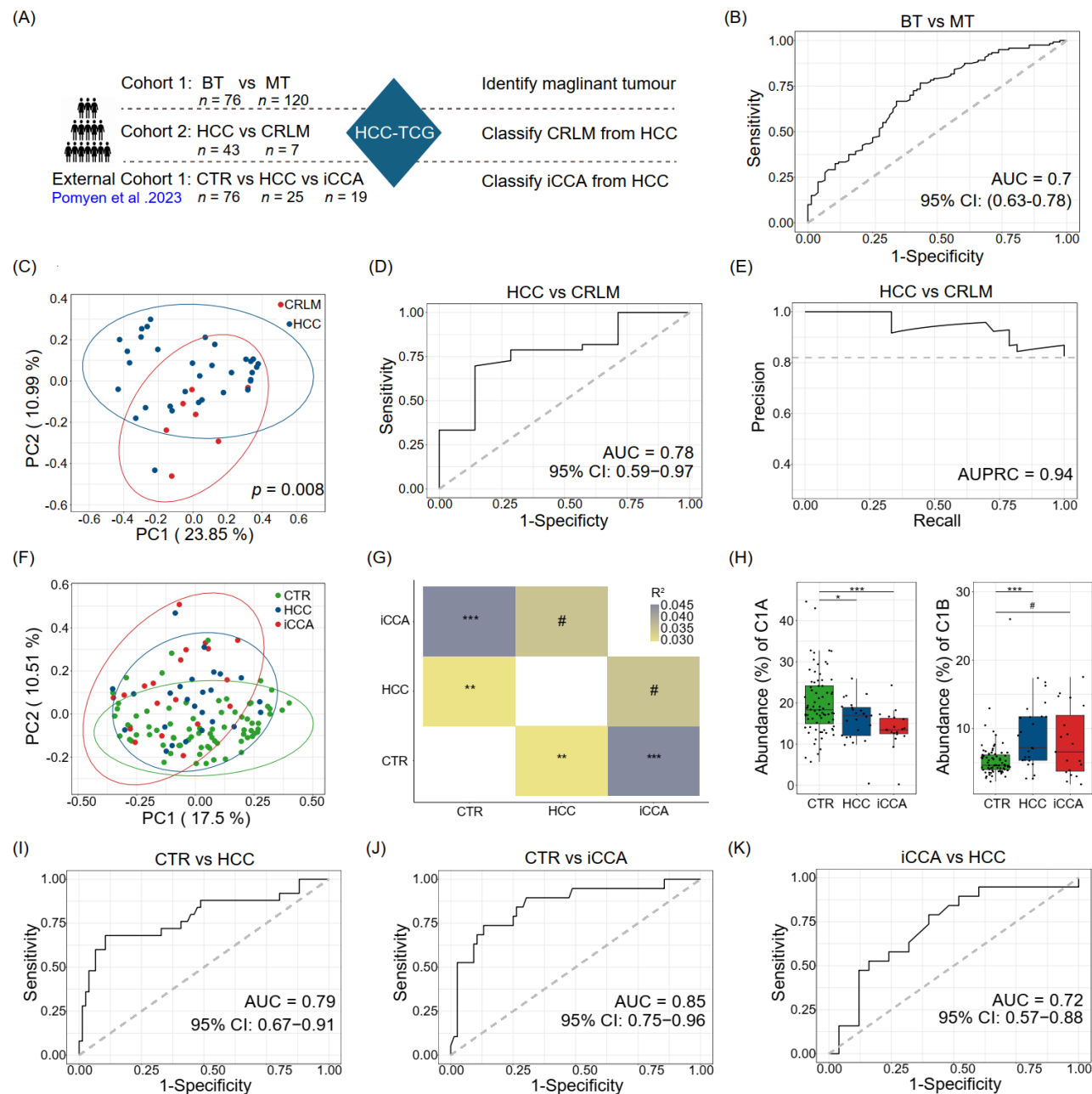
# 结果2：两个群落的功能遗传差异

图 2. C1A 与 C1B 功能群之间显著差异的基因功能谱。



# 结果3: HCC-TCG成功区分不同类型的肝脏肿瘤

图 3. HCC-TCG 作为分类标志物, 实现对不同肝肿瘤患者群体的区分。



# 结果4：预测术后复发和治疗反应

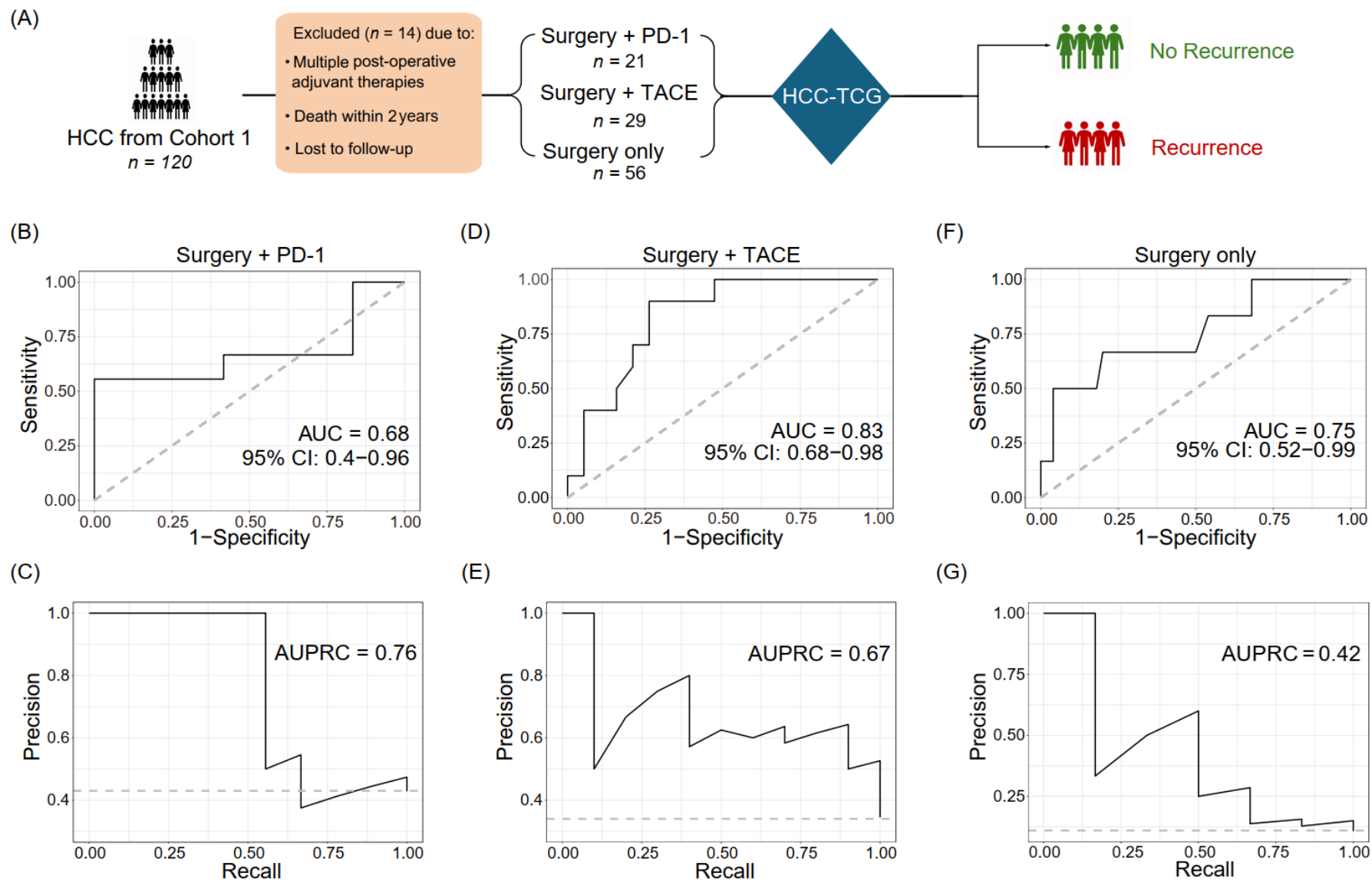


图 4. HCC-TCG 作为生物标志物预测可切除肝癌患者的术后复发风险。



# 结果5: HCC-TCG与临床参数的整合

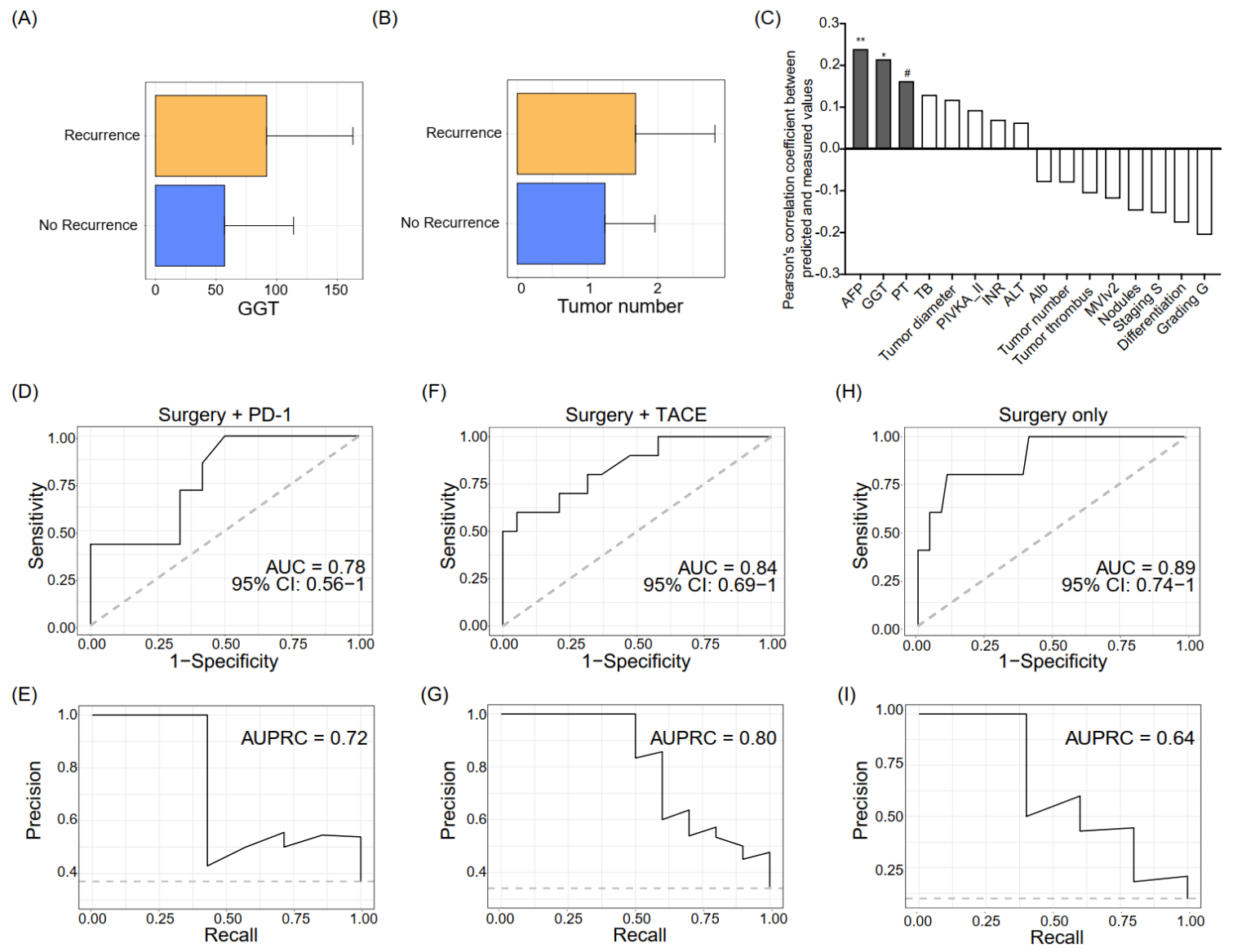


图 5. 肝癌相关临床指标与菌群特征的联合应用增强了疗效预测的准确度。

# 结果6：外部队列验证

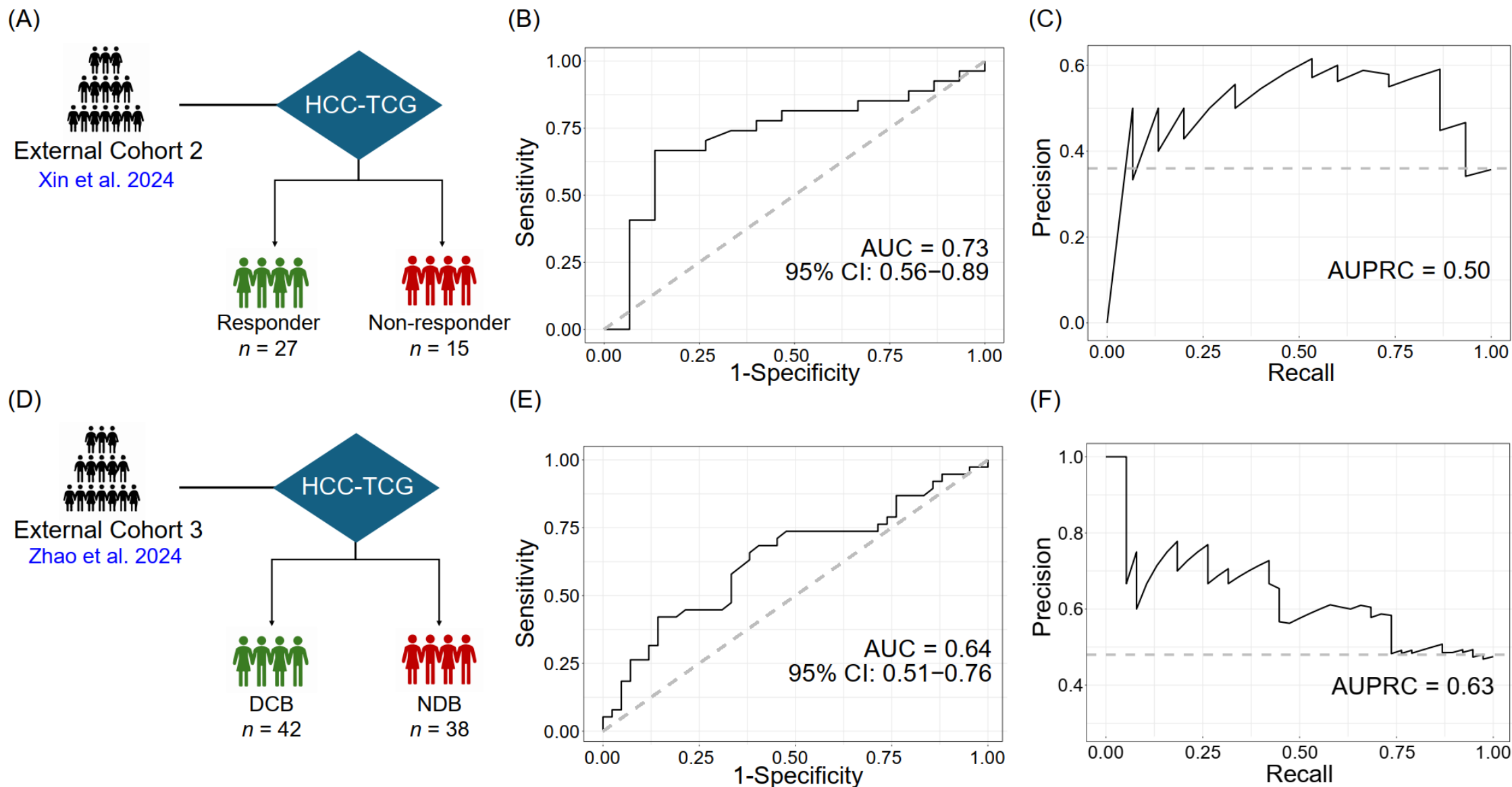


图 6. HCC-TCG 模型在两个独立晚期肝癌PD-1 治疗外部队列中对免疫治疗响应的预测验证。

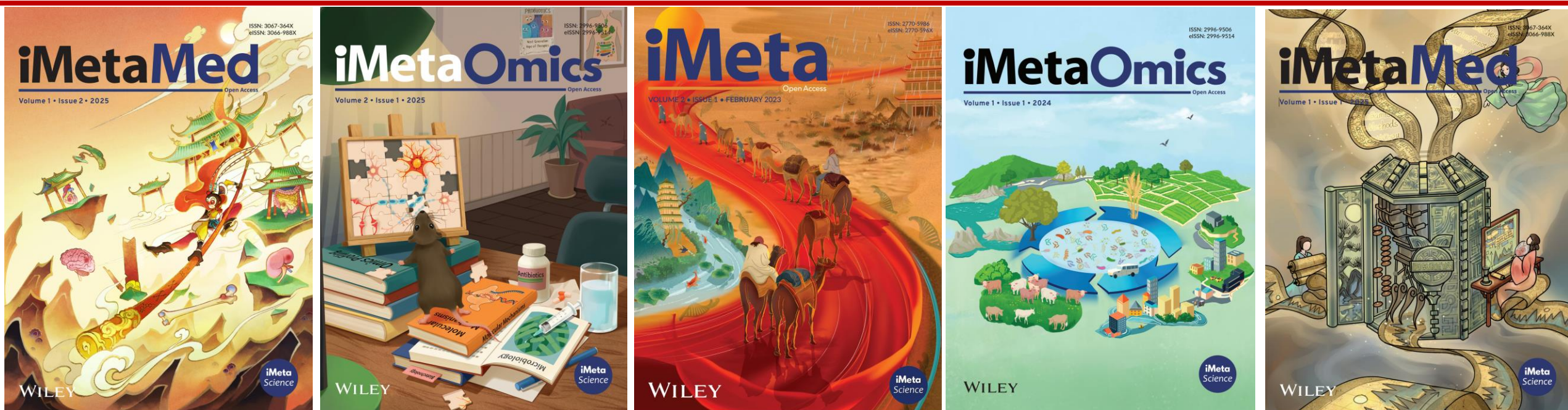


# 总结

- 在本研究中，HCC-TCG 框架揭示了肠道微生物群中存在一种稳定的、对抗的菌群大类（Guild）结构。这一结构构成了肠-肝轴上恶性转化、复发风险及免疫治疗反应的生态基础。
- 本研究将 TCG 范式拓展至肝脏肿瘤学领域，并为原发性肝癌（HCC）提供了一个基于结构、功能可解释且具有临床指导意义的生态特征标签。
- 通过揭示跨越良恶性状态、原发与转移病灶、以及手术与免疫治疗场景的稳定微生物架构，本研究为开发新一类基于 Guild 的肝癌诊断及干预手段奠定了基础。

# iMeta: To be top journals in biology and medicine


# WILEY



“**iMeta**” launched in 2022 by iMeta Science Society, **impact factor (IF) 33.2**, ranking **top 65/22249 in world and 2/161 in the microbiology**. It aims to publish innovative and high-quality papers with broad and diverse audiences. **Its scope is similar to Cell, Nature Biotechnology/Methods/Microbiology/Medicine/Food**. Its unique features include video abstract, bilingual publication, and social media with 600,000 followers. Indexed by **SCIE/ESI, PubMed, Google Scholar** etc.


“**iMetaOmics**” launched in 2024, with a **target IF>10**, and its scope is similar to **Nature Communications, Cell Reports, Microbiome, ISME J, Nucleic Acids Research, Briefings in Bioinformatics**, etc.

“**iMetaMed**” launched in 2025, with a **target IF>15**, similar to **Med, Cell Reports Medicine, eBioMedicine, eClinicalMedicine** etc.

 Society: <http://www.imeta.science>  
Publisher: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>  
iMeta: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>  
Submission: iMetaOmics: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>  
iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>

 [iMetaScience](#)

 [iMetaScience](#)

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

 [Promotion Video](#) Update 2025/7/6