



脊髓损伤引发急性微生物组休克及多器官转录组重编程

张驰^{1#}, 杜雨霏^{1#}, 吴明鑫^{2#}, 李闯^{1#}, 姜睿智³, 齐恩林³, 李少龙³,
伊现富^{4*}, 初波^{5*}, 冯世庆^{1,3*}, 周恒星^{3*}

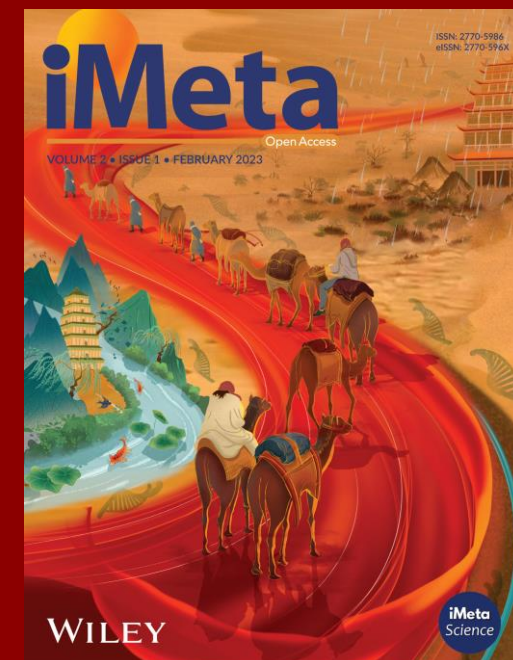
¹山东大学齐鲁第二医院

²广西医科大学附属第一医院

³山东大学齐鲁医院

⁴天津医科大学基础医学院

⁵山东大学基础医学院



Chi Zhang, Yufei Du, Mingxin Wu, Chuang Li, Ruizhi Jiang, Enlin Qi, Shaolong Li, et al. 2026. Spinal cord injury induces acute microbiome shock and system-wide transcriptomic reprogramming. *iMeta* 5: e70128.

<https://doi.org/10.1002/imt2.70128>

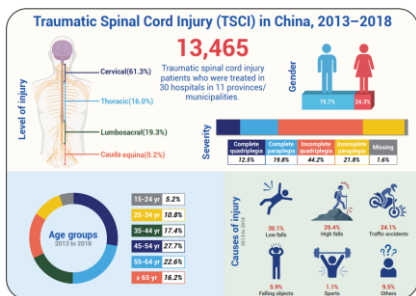


背景

脊髓损伤是患病率高、负担严重，亟需解决的世界难题

脊髓损伤导致大脑和脊髓之间的神经连接中断，导致感觉和运动障碍、反射异常和自主神经紊乱

脊髓损伤社会负担

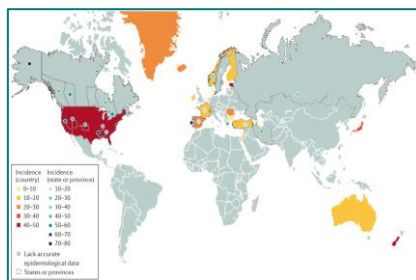


患者数量繁多

全球患病人数：1540万
新发病例：57余万

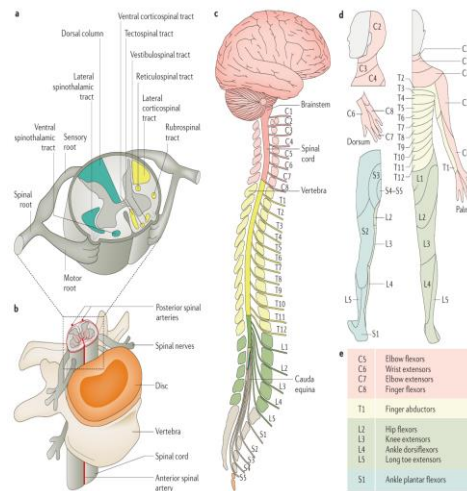
疾病负担加剧

美国年花费超70亿(\$)
英国年花费超14亿(£)



脊髓损伤节段与分期

脊髓支配节段



脊髓损伤分期

急性期 (<48h)

亚急性期 (48h-14d)

中期及慢性期 (> 14d)

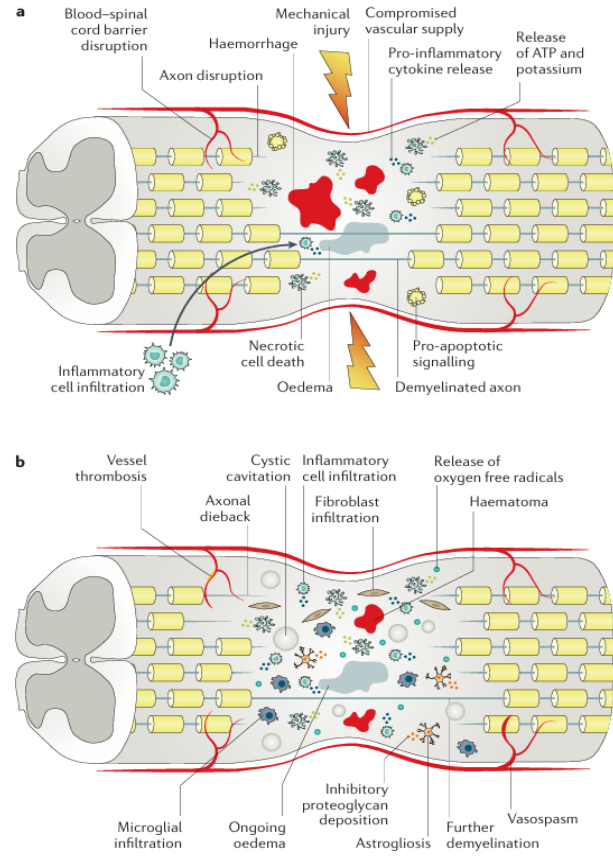
脊髓损伤



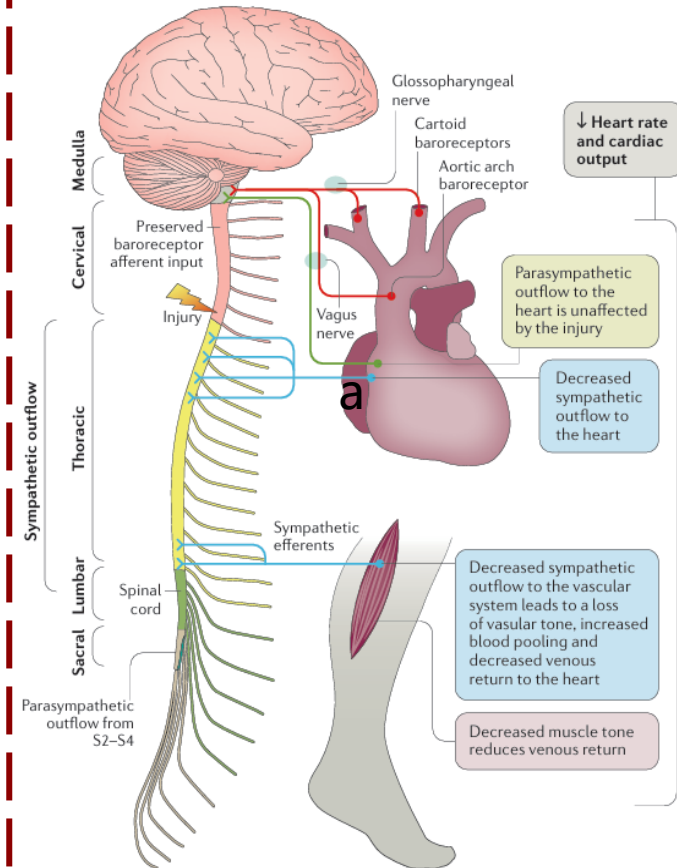
背景

脊髓损伤病理机制复杂，影响范围“超越损伤部位”

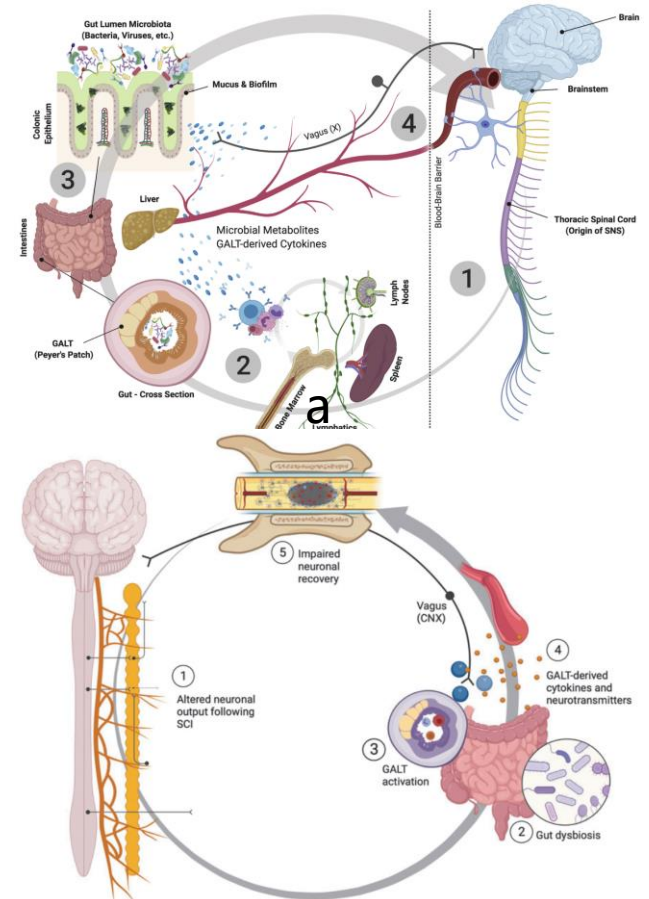
脊髓损伤不同时期的病理机制不同



脊髓损伤引起多器官功能紊乱



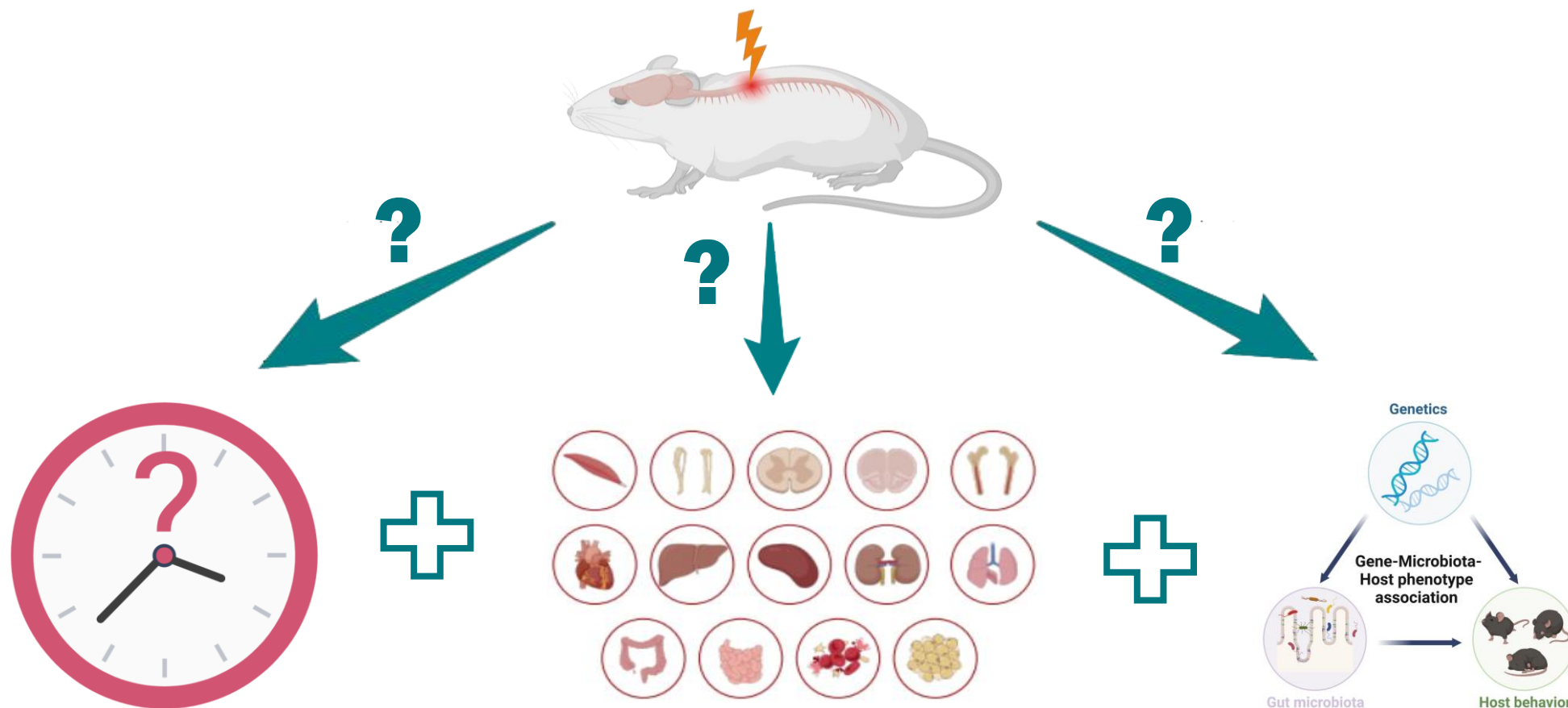
脊髓损伤导致肠道菌群失调



背景

目前脊髓损伤研究多采用单一或少数时间点

缺少从长时程观察脊髓损伤引发的肠道微生物紊乱及多器官转录重编程的视角

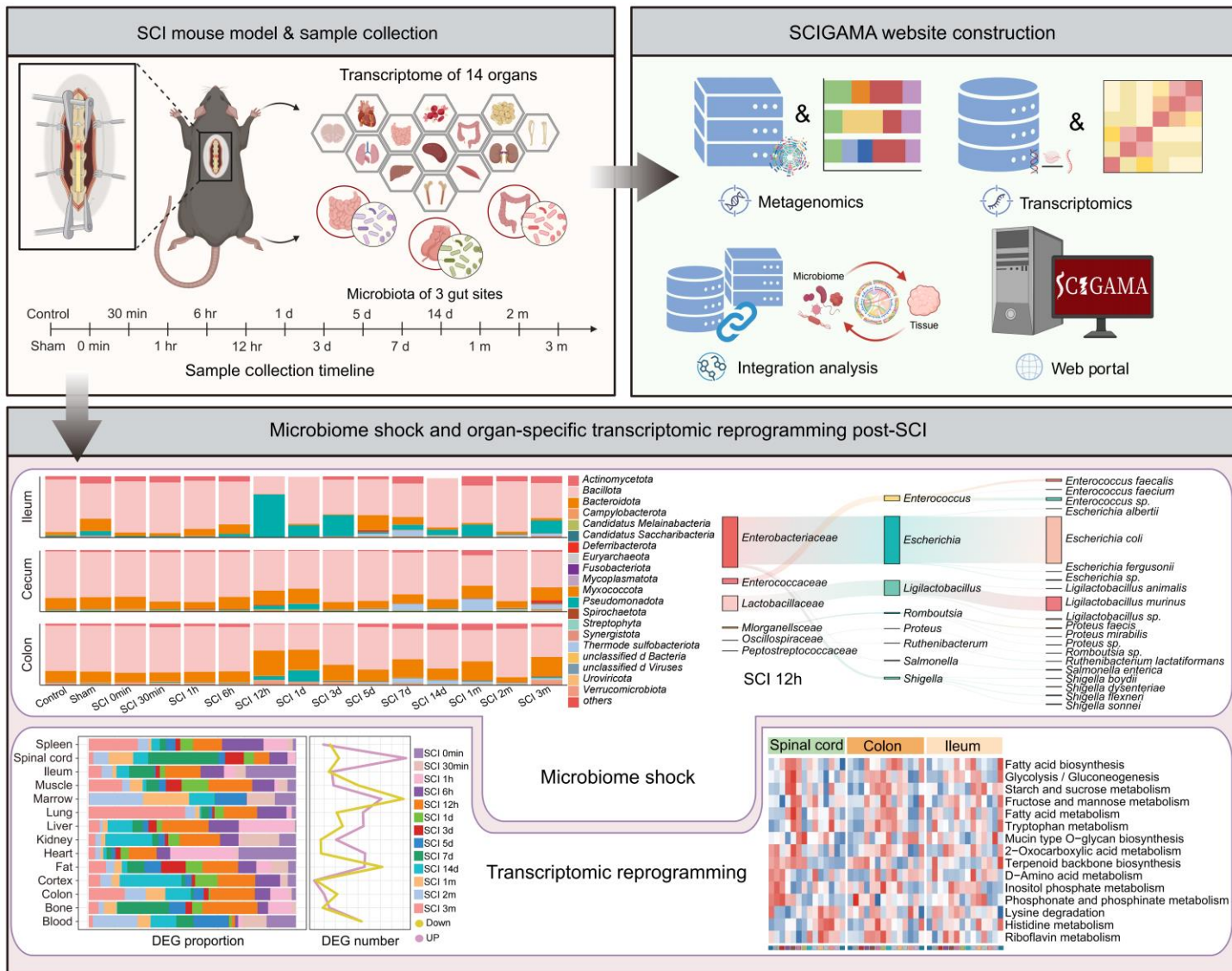


■ 损伤时间序列

■ 多器官转录组

■ 肠道宏基因组

亮点



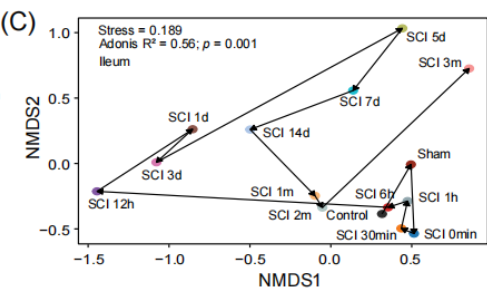
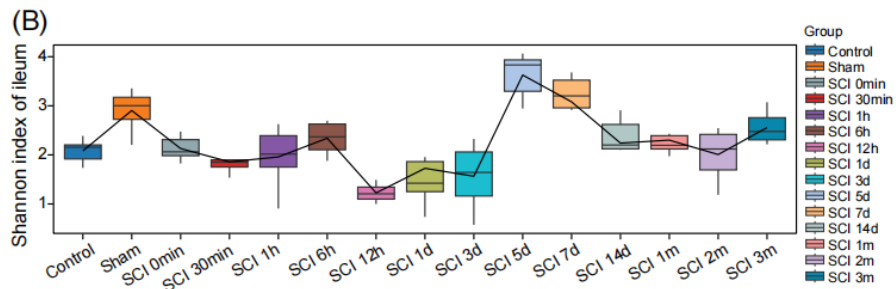
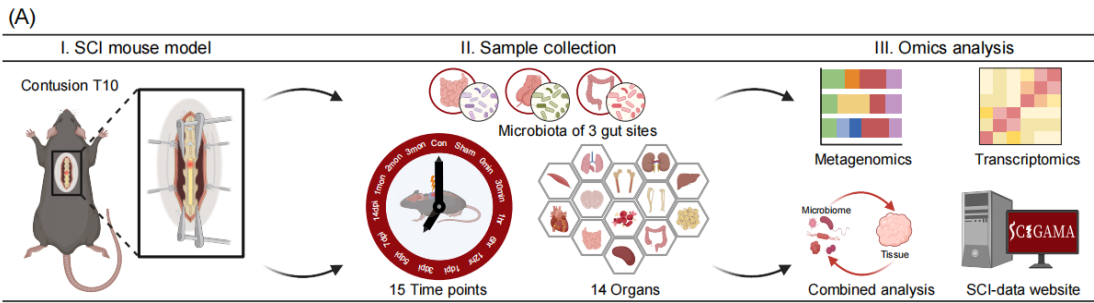
■ 脊髓损伤发生后12小时内即出现快速且严重的肠道菌群紊乱，并持续存在，至伤后5天逐渐恢复，我们将这一现象定义为脊髓损伤后的“**微生物组休克**”。

■ 脊髓损伤后多时间点的宏基因组与多器官转录组数据联合分析显示，肠道微生物与多器官的免疫、代谢功能动态相关。

■ 构建了脊髓损伤肠道微生物组与多器官基因表达图谱数据库（Spinal Cord Injury Gut Microbiome and Multi-Organ Gene Expression Atlas, **SCIGAMA**），为脊髓损伤领域研究提供高质量、高可信度的数据平台

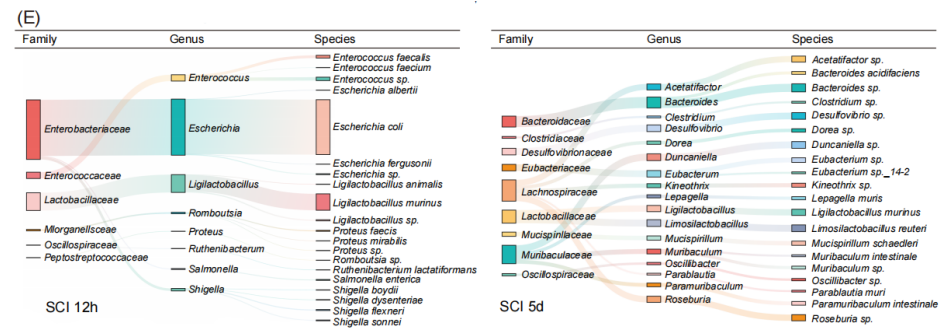
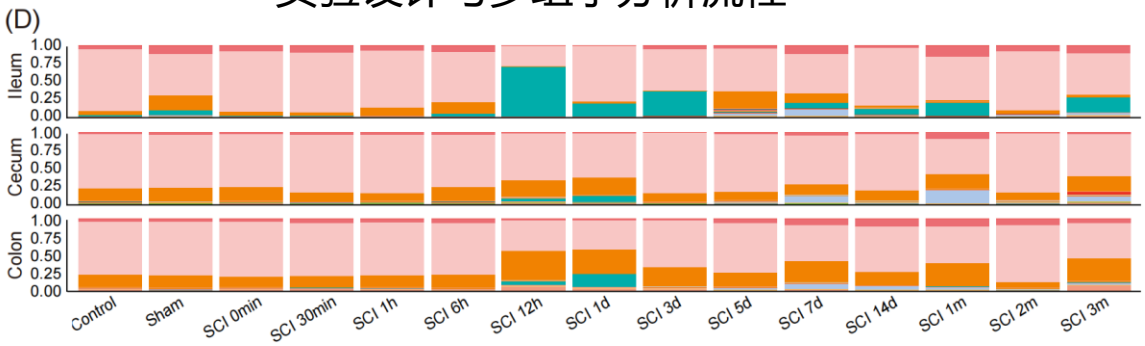


脊髓损伤可引发急性“微生物组休克”



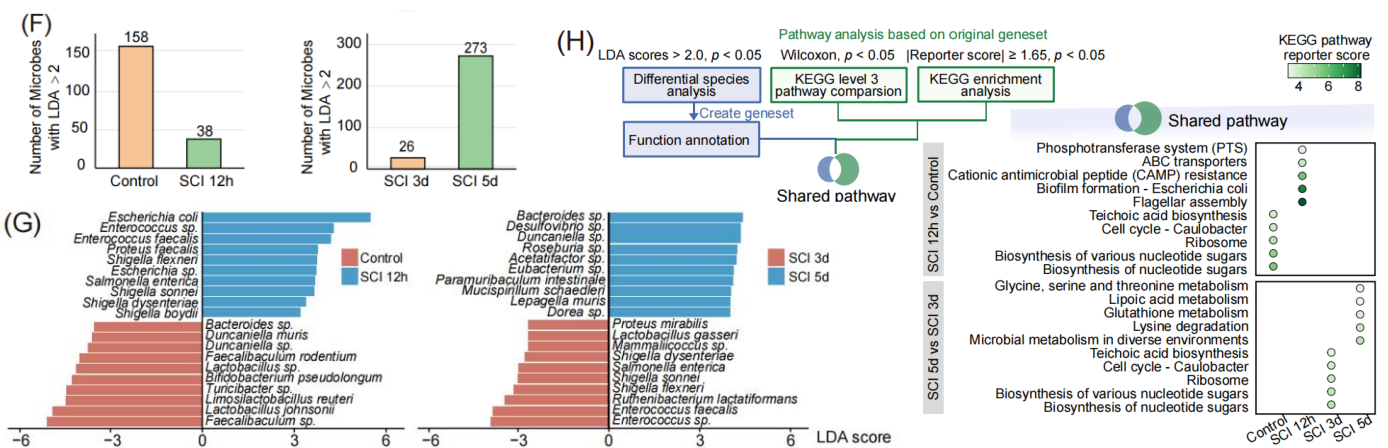
实验设计与多组学分析流程

脊髓损伤后不同时间点α与β多样性变化



不同肠道节段中的门水平微生物组成

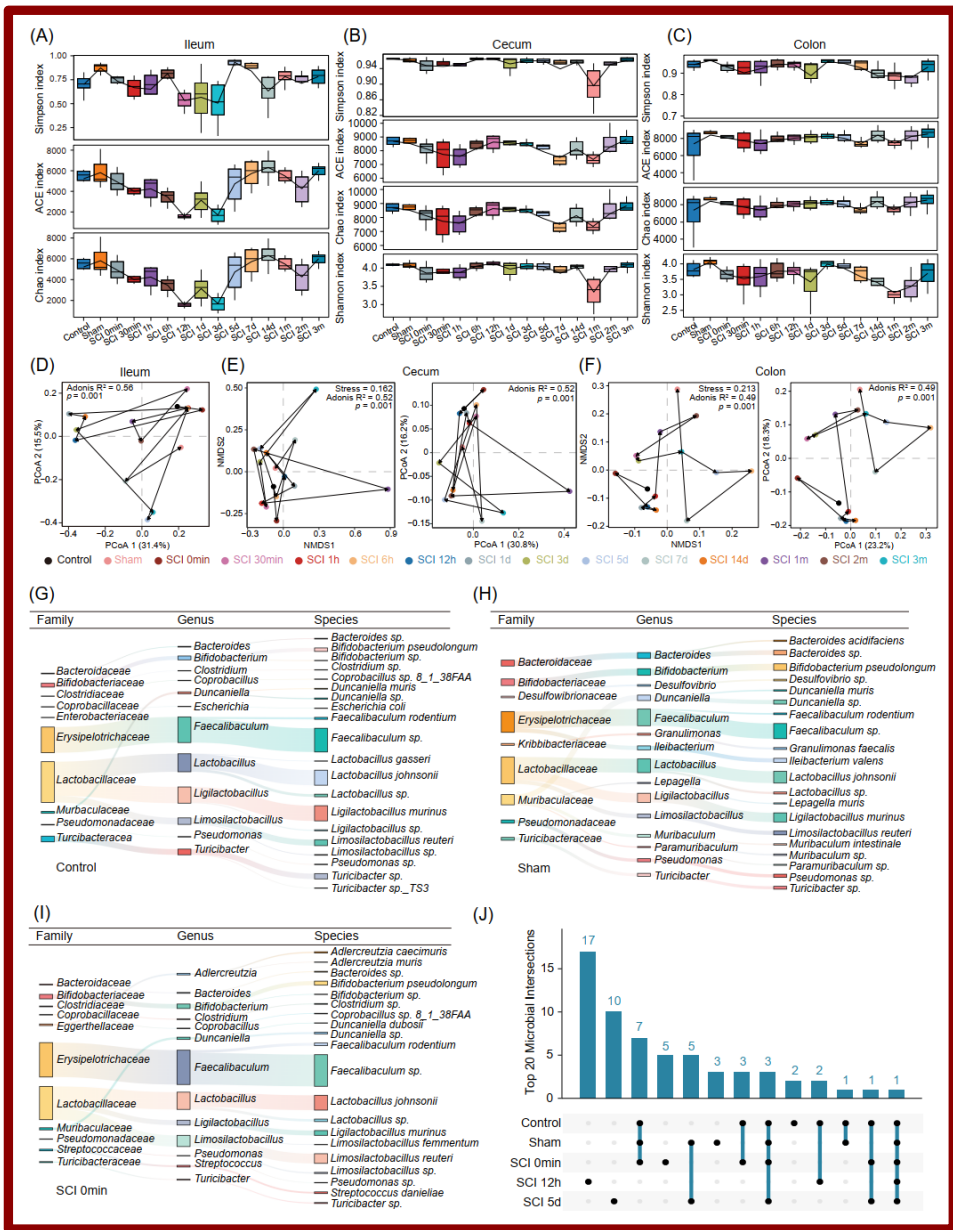
脊髓损伤后12小时及5天时微生物群落变化



■ 脊髓损伤发生后12小时内即出现快速且严重的肠道菌群紊乱，并持续存在，至伤后5天逐渐恢复，我们将这一现象定义为脊髓损伤后的“微生物组休克”。

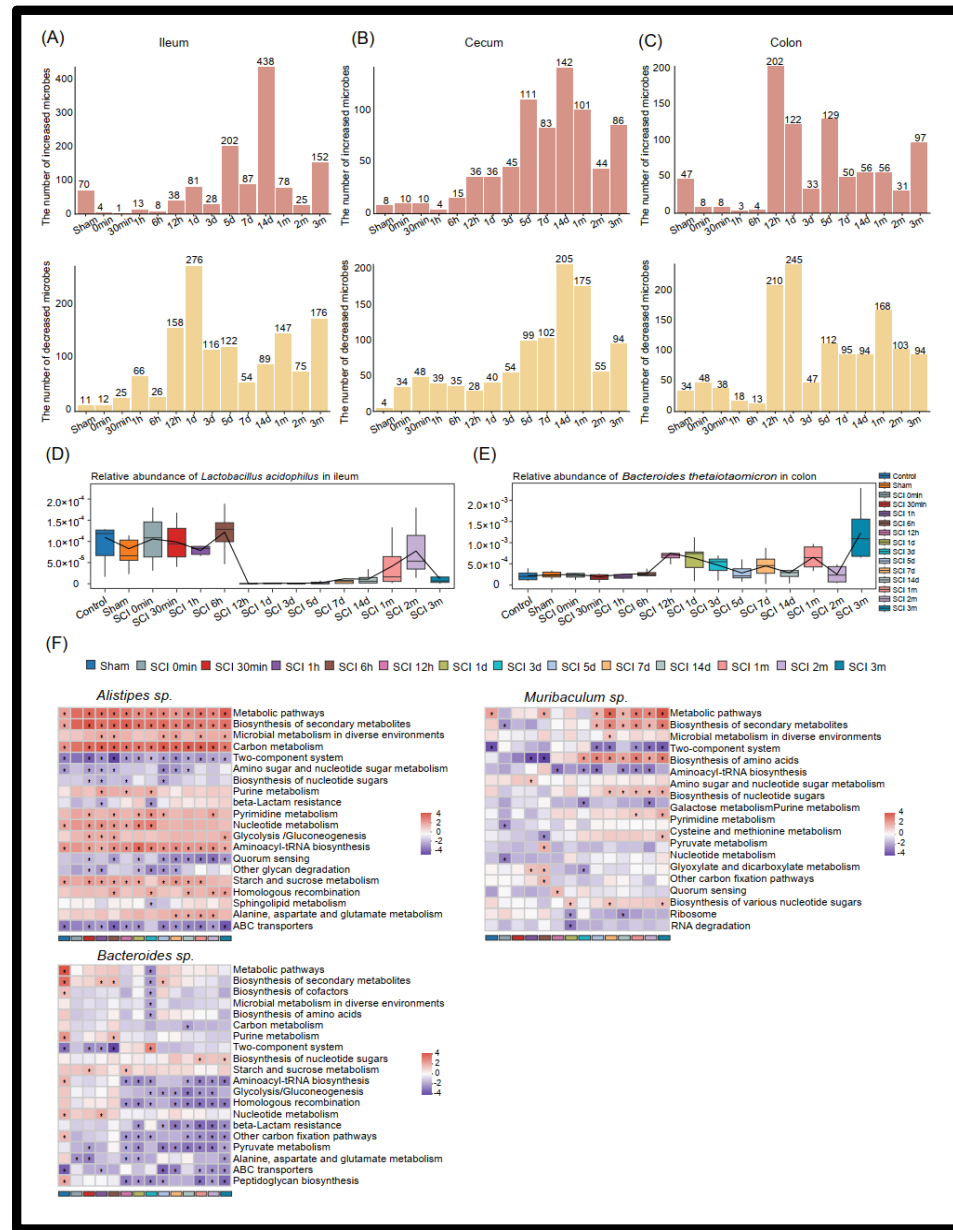
脊髓损伤后12小时及5天时高丰度微生物群落数量及功能对比

脊髓损伤可引发急性“微生物组休克”

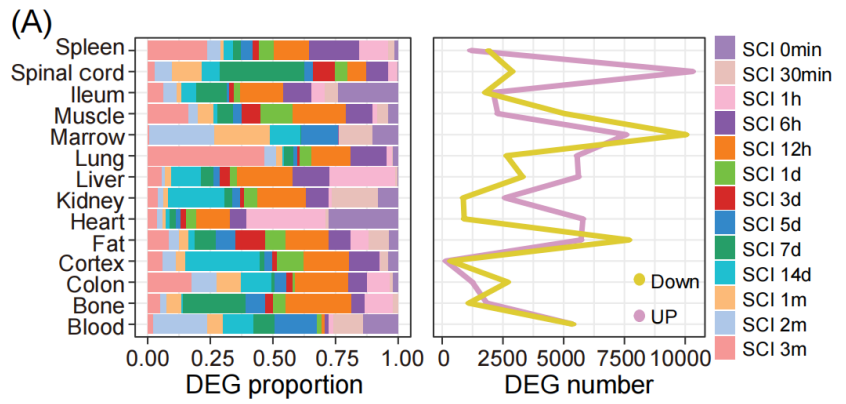


■ 脊髓损伤后肠道不同解剖部位来源微生物的α与β多样性和差异丰度的时间变化

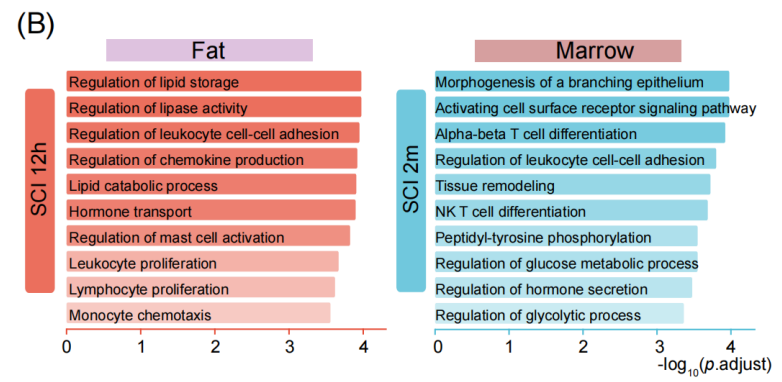
■ 不同微生物丰度及特定微生物功能在脊髓损伤后的时间变化趋势



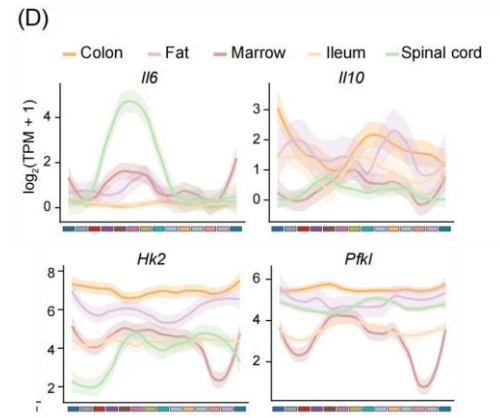
微生物组与转录组整合分析揭示损伤后阶段特异性干预的必要性



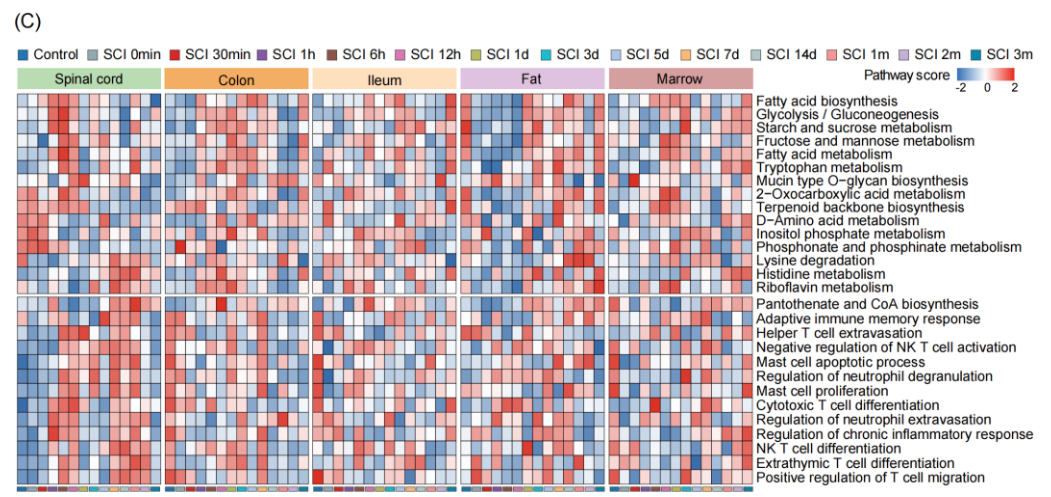
不同时间各器官中差异基因情况



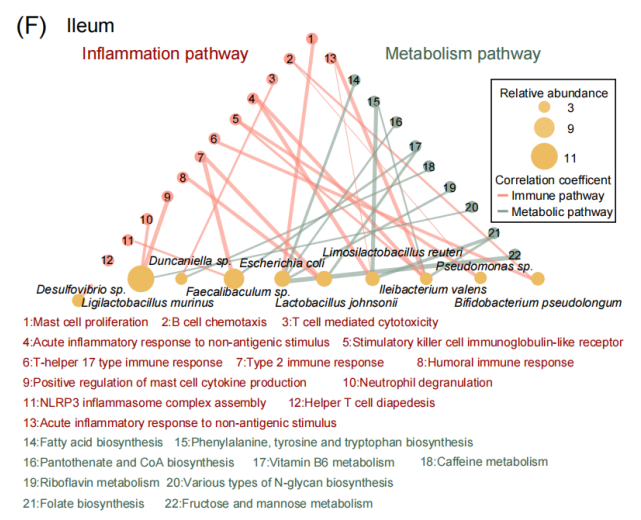
脂肪与骨髓中上调基因富集分析



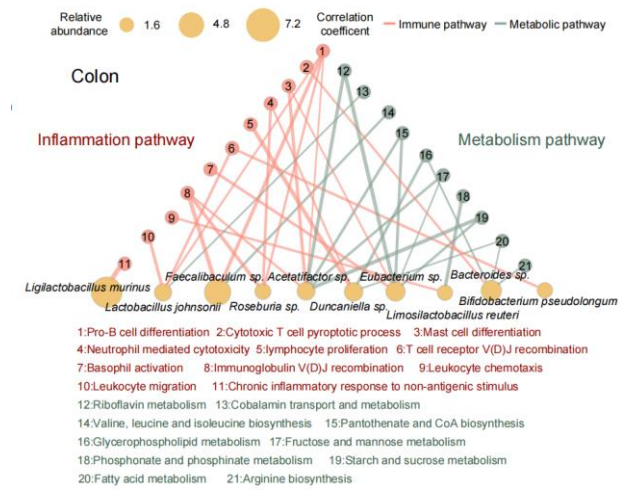
炎症相关因子表达水平



免疫与代谢通路时间及器官特异性改变情况

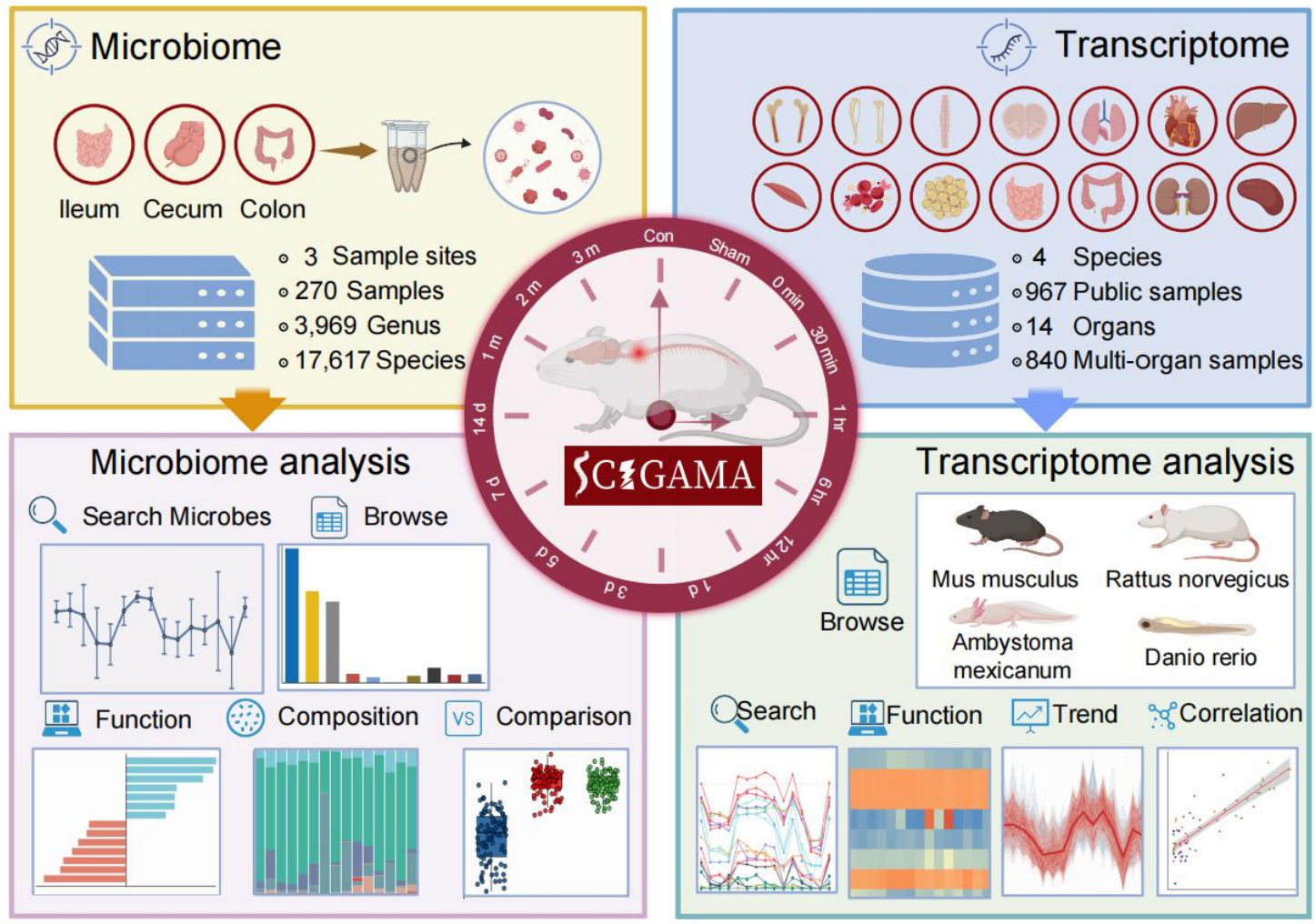


微生物与宿主炎症及代谢通路相关性分析



■ 脊髓损伤后微生物与多个器官存在广泛相关性，提示其具有超越肠道的全身性影响

微生物组与转录组整合分析揭示损伤后阶段特异性干预的必要性



开发首个聚焦于脊髓损伤多时程宏基因组+多器官转录组的研究平台——SCIGAMA

Spinal Cord Injury Gut Microbiome and Multi-Organ Gene Expression Atlas

数据存储

- 15组脊髓损伤时间分组
- 14种器官（组织）转录组学数据
- 3处肠段内容物的宏基因组学数据

组学分析

- 微生物时空动态分析
- 多器官转录组分析
- 综合相关性分析

总结

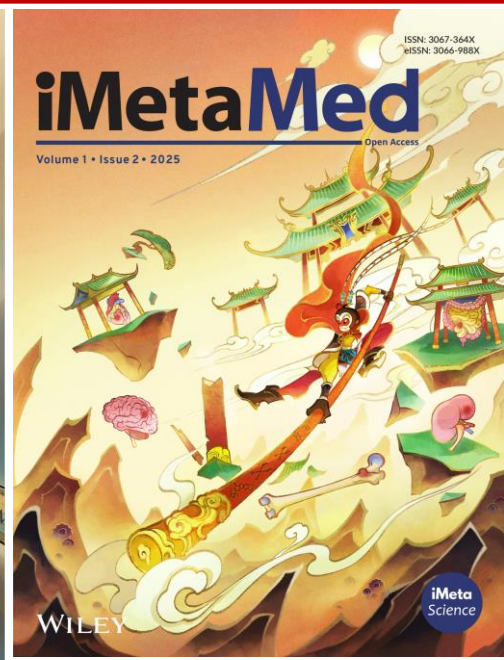
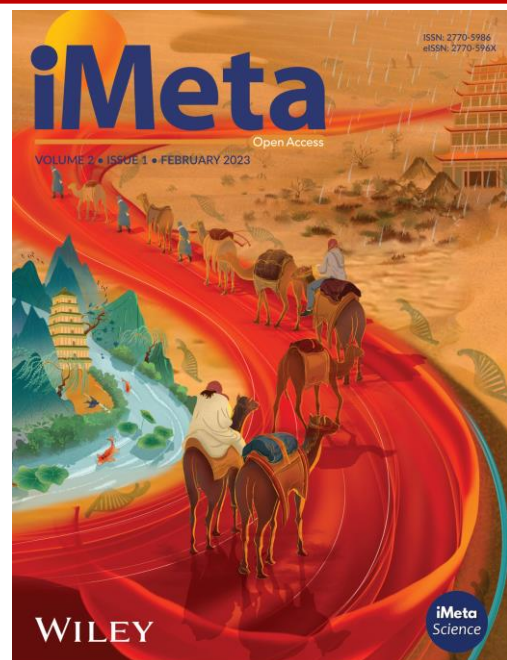
- 本研究发现了“脊髓损伤发生后12小时内即出现快速且严重的肠道菌群紊乱，并持续存在，至伤后5天逐渐恢复”现象，将其定义为“微生物组休克”
- 本研究揭示了脊髓损伤引发的多器官转录重编程现象，主要表现为全身性炎症反应与代谢重塑
- 本研究构建了SCIGAMA数据库并集成多模块分析功能，为脊髓损伤领域研究提供高质量、高可信度的数据平台

Chi Zhang, Yufei Du, Mingxin Wu, Chuang Li, Ruizhi Jiang, Enlin Qi, Shaolong Li, et al. 2026. Spinal cord injury induces acute microbiome shock and system-wide transcriptomic reprogramming. *iMeta* 5: e70128.

<https://doi.org/10.1002/imt2.70128>

iMeta(宏): 生物和医学顶级成果发表平台

iMeta WILEY



iMeta (宏)期刊是由宏科学和威立共同出版，对标**Cell**的生物/医学期刊，主编刘双江和傅静远教授，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿。已被**SCIE**、**PubMed**等收录，最新影响因子(IF)33.2，位列全球第65，中国第5，**分区表生物学1区Top**，CNS级成果发表平台，外审平均21天，投稿至发表中位数87天。

iMetaOmics (宏组学)，定位IF>15对标**NC/SA**的生物/医学综合期刊，已被**ESCI**、**PubMed**等收录。

iMetaMed (宏医学)定位IF>15的医学综合期刊，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

imetaomics@imeta.science



宣传片



[iMeta](#)



更新日期
2026/3/30