



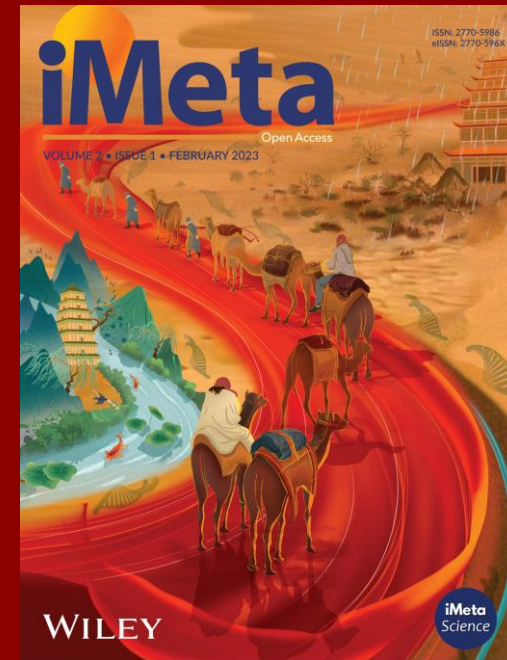
肠道微生物组器官

从分类学关联迈向功能、因果推断与精准微生物组医学

毕杨, 宋维彬, Maria Glymenaki, 胡杰, 李茜茹, 黄衡, 彭友松, 倪帅帅, Ornuma Haonon, 刘珠, Krai Daowtak, 申小涛, 彭华栋, Jutarop Phetcharaburanin, 唐惠儒, 王玉兰, 李佳, 江米足, Nick Powell, 钟文泽, Elaine Holmes, 鲜于运雷, 柳志刚

海外科研单位: 帝国理工学院、欧洲食品安全局、南洋理工大学、昆士兰大学、默多克大学、孔敬大学、那黎宣大学

国内科研单位: 浙江大学, 上海交通大学、复旦大学、湖南大学、上海中医药大学、郑州大学



Bi Yang, Weibin Song, Maria Glymenaki, Jie Hu, Xiru Li, Heng Huang, Yousong Peng, et al. 2026.

The gut microbiome organ. *iMeta* 5: e70144. <https://doi.org/10.1002/imt2.70144>



研究背景 | 从分类学描述到功能性“器官”视角

- 肠道微生物组研究正从以分类学为中心的群落描述，转向对其功能整合与系统调控作用的理解。
- “肠道微生物组器官”可作为一个整合性概念框架，用于阐释其分布式、类器官化的功能特征。
- 这一系统具有空间结构化组织、广泛代谢能力，并与宿主维持持续的双向通讯。
- 微生物来源的生物活性代谢物具有类内分泌、免疫调节和神经调节作用，参与塑造全身稳态与疾病易感性。

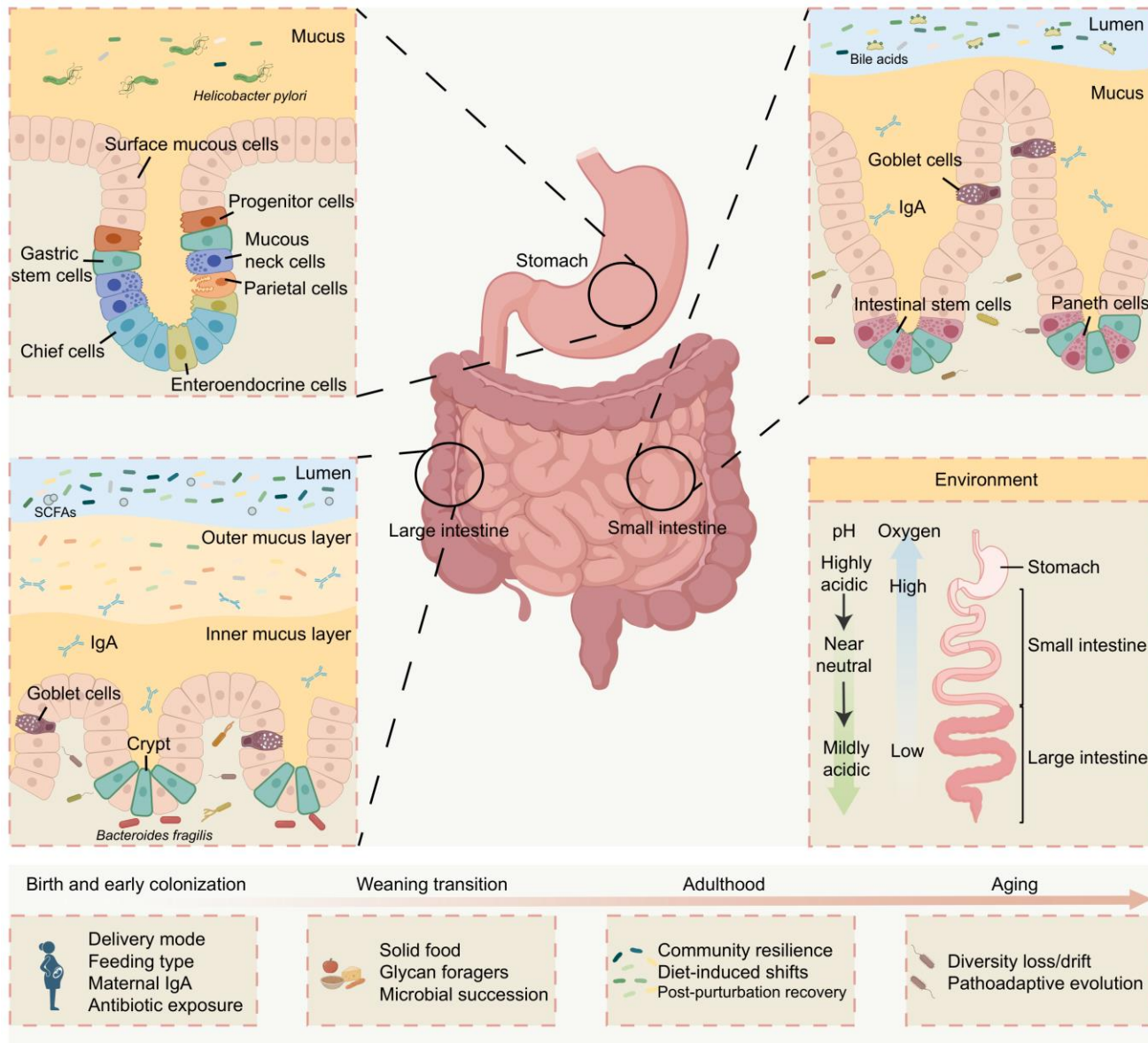


研究亮点

- 将肠道微生物组理解为类器官功能系统，有助于整合其空间组织、代谢能力和全身调控潜力。
- 微生物代谢物可作为“类内分泌”信号介质，连接代谢、免疫和神经内分泌通路。
- 多组学与空间技术正在解析功能性微生物组模块及其相关的宿主-微生物信号网络。
- 从“靶向单一菌种”转向“调控微生物组功能”，可为机制研究、因果推断和精准干预提供更合理的框架。



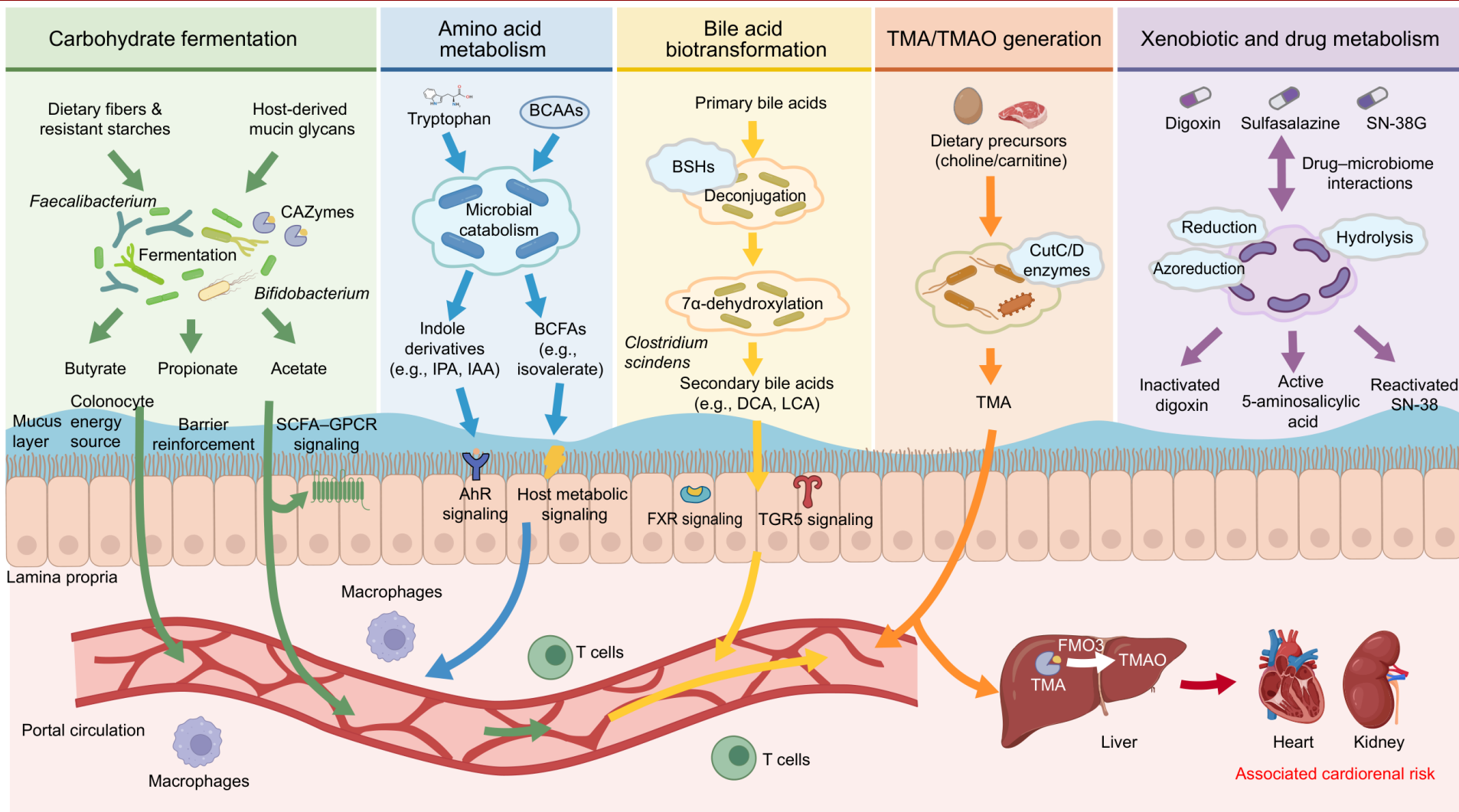
图1 | 结构化的动态“器官”



- 肠道微生物组沿纵轴及腔内-黏膜横轴呈空间分区。
- 黏液层、上皮微环境、抗菌肽和分泌型IgA共同塑造微生物定植与宿主-微生物互作。
- 微生物群落在生命早期完成初始组装，并在整个生命过程中持续重塑。

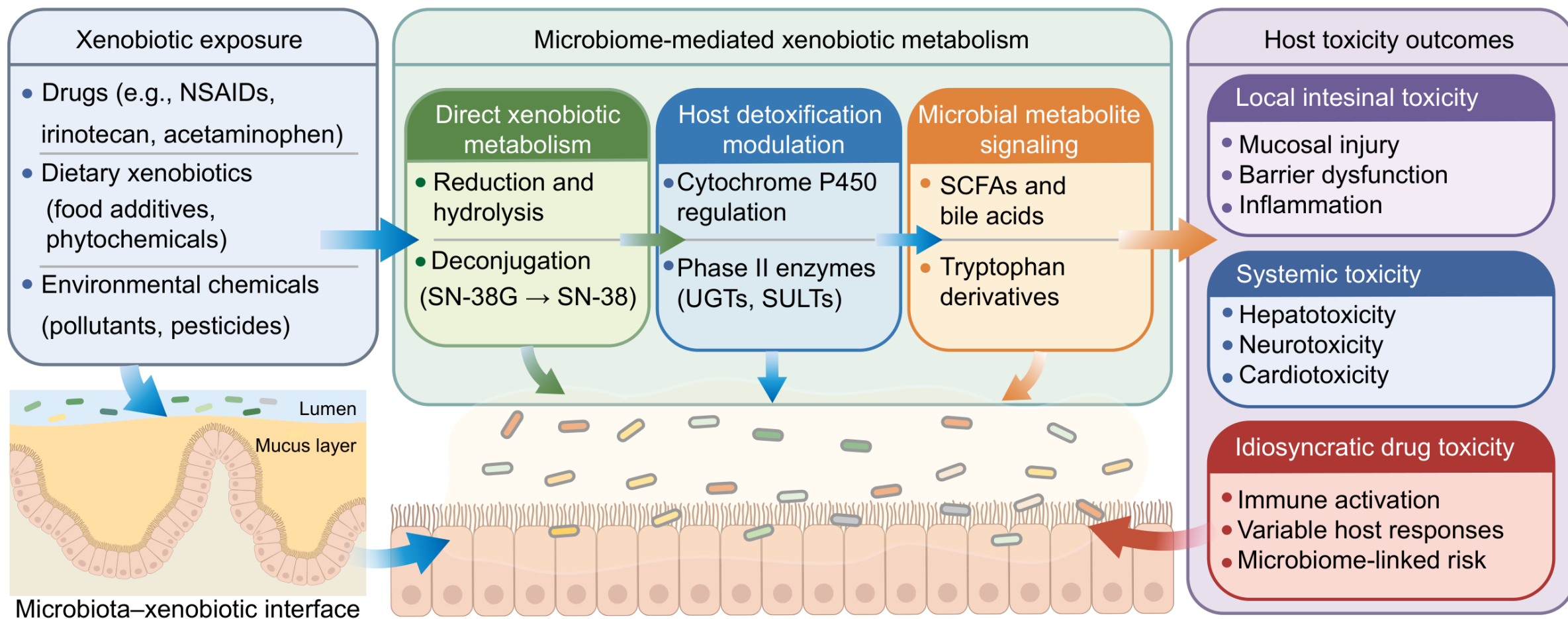


图2 | 功能代谢模块



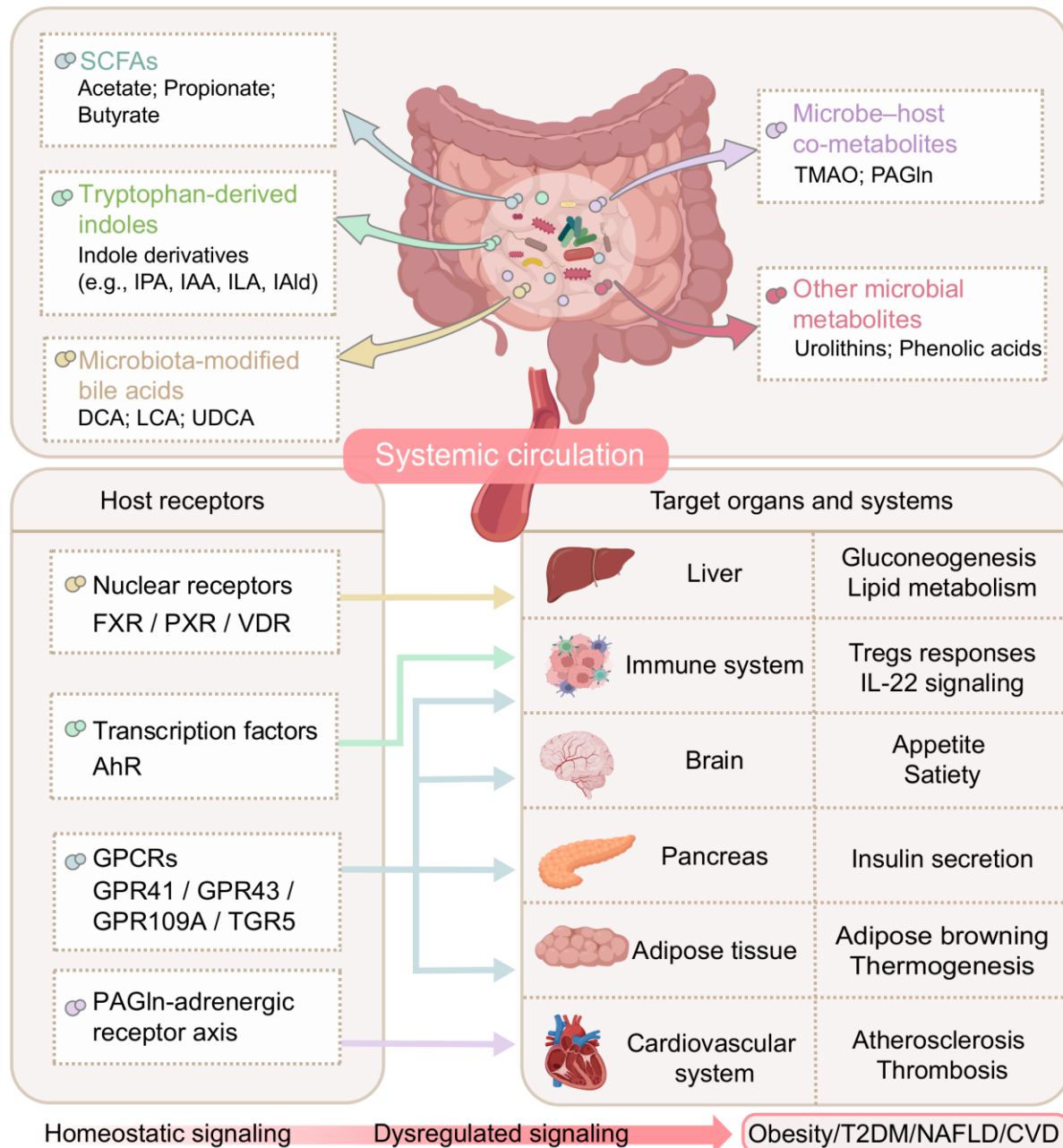
- 代表性互联模块：碳水化合物发酵、氨基酸代谢、胆汁酸转化、胆碱/肉碱-TMA-TMAO轴和异生物质代谢。
- 将膳食和宿主来源底物转化为短链脂肪酸、吲哚衍生物、次级胆汁酸、TMA等生物活性代谢物。
- 通过作用于屏障、免疫细胞、神经内分泌通路和宿主受体，连接肠道生态与全身调控。

图3 | 异生物质与药物代谢



微生物酶介导药物和异生物质的活化、失活或毒性转化，并调节宿主代谢酶、转运体与免疫应答，从而造成药物疗效、毒性和不良反应的个体差异。

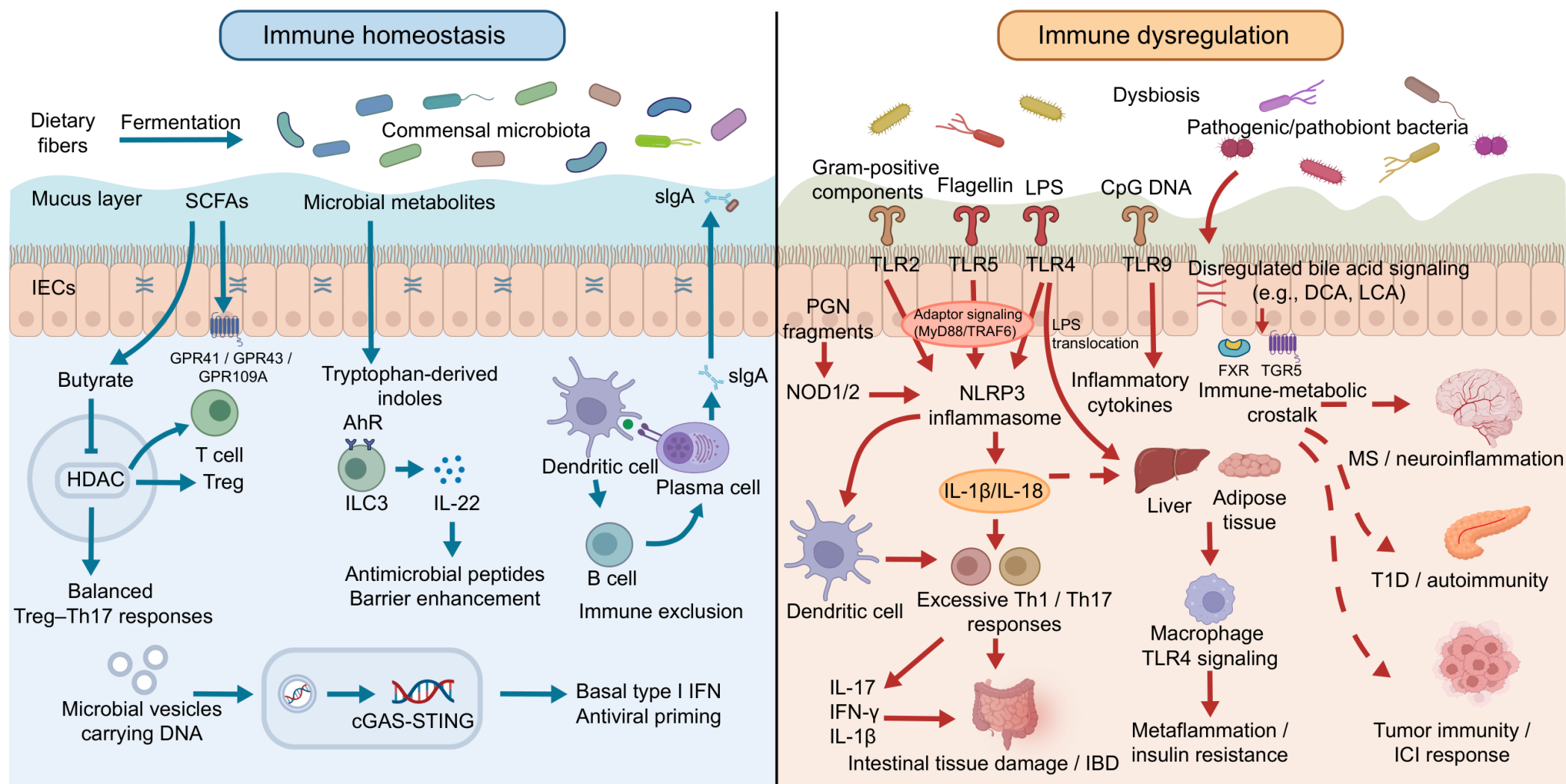
图4 | 代谢-内分泌样器官



微生物代谢物作为“类内分泌”信号，通过**GPCR**、核受体和**AhR**作用于远端器官，调控能量平衡、糖脂代谢、食欲和心血管功能；其失衡与肥胖、2型糖尿病、脂肪肝和心血管疾病相关。

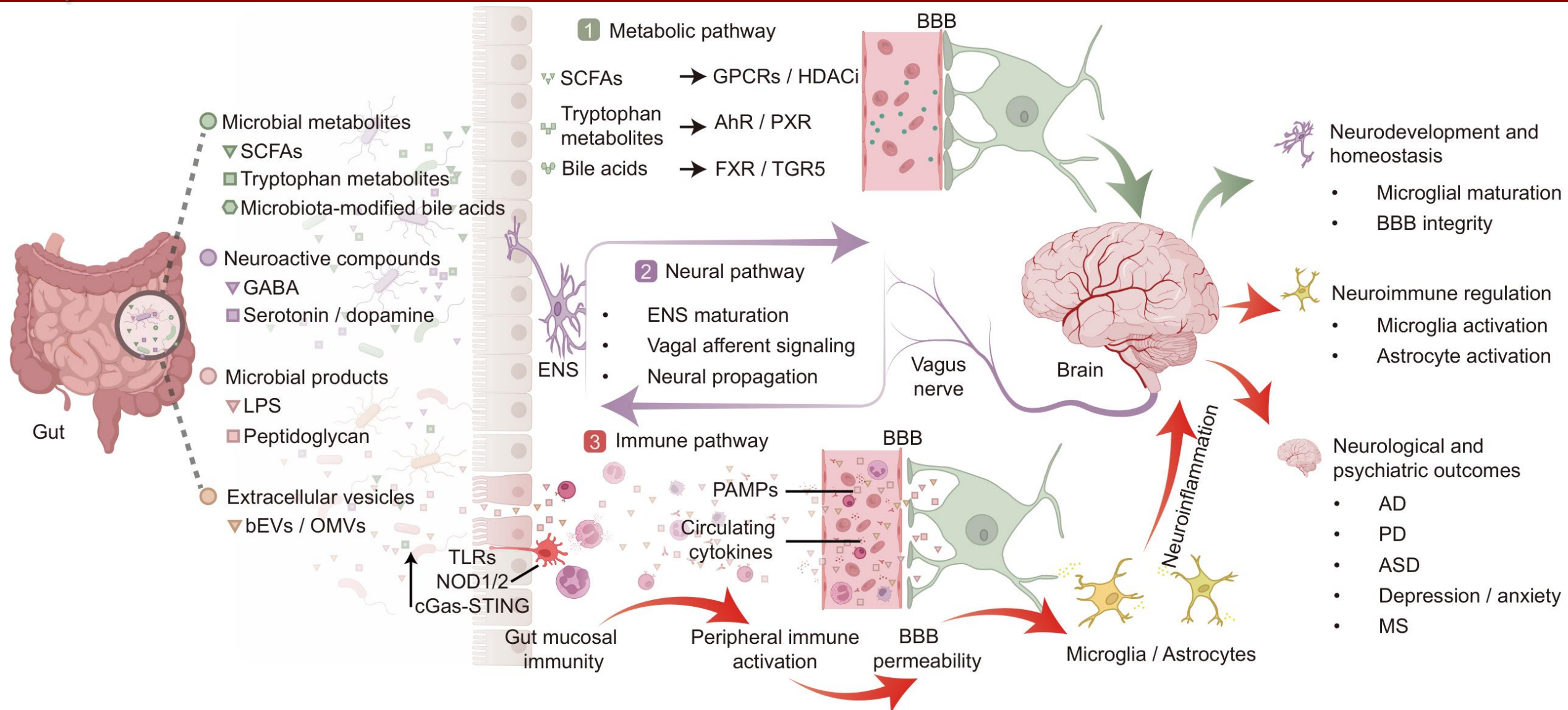


图5 | 免疫稳态的多层调控者



微生物代谢物、细胞外囊泡和MAMPs/PAMPs通过TLR、NLR及胞内感受器调控免疫细胞分化、细胞因子产生和屏障完整性；菌群失调可促进炎症、自身免疫、代谢紊乱及肿瘤相关免疫异常。

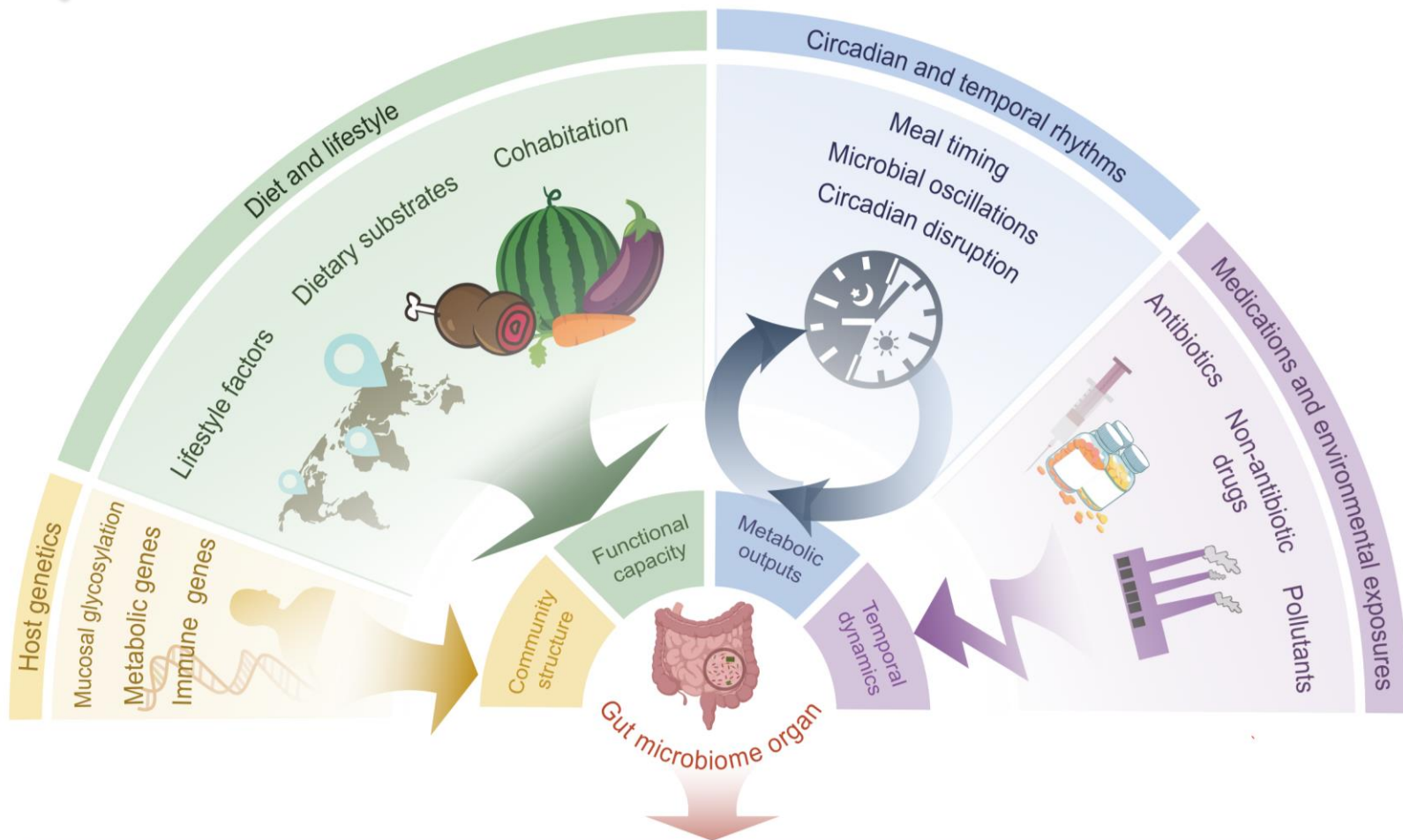
图6 | 肠道微生物组-脑轴



肠道微生物组通过神经、免疫和代谢途径介导肠-脑双向通讯，调节血脑屏障完整性、神经炎症和神经免疫功能；其功能失衡与神经发育障碍、精神疾病和神经退行性疾病相关。



图7 | 宿主与环境因素塑造微生物组器官



宿主遗传、膳食与生活方式、昼夜节律和环境暴露共同塑造微生物组的生态状态与功能输出，进而影响宿主生理、代谢稳态和疾病风险。

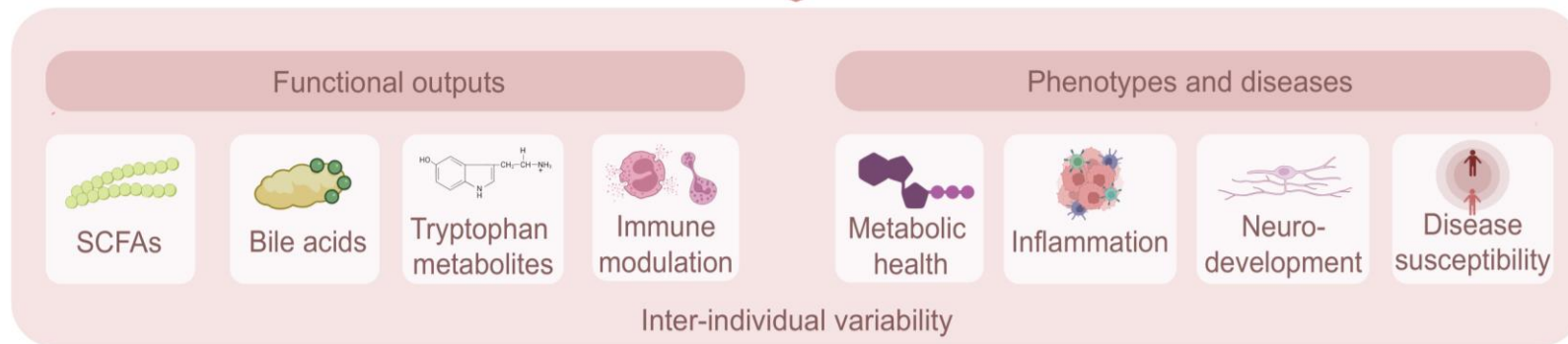
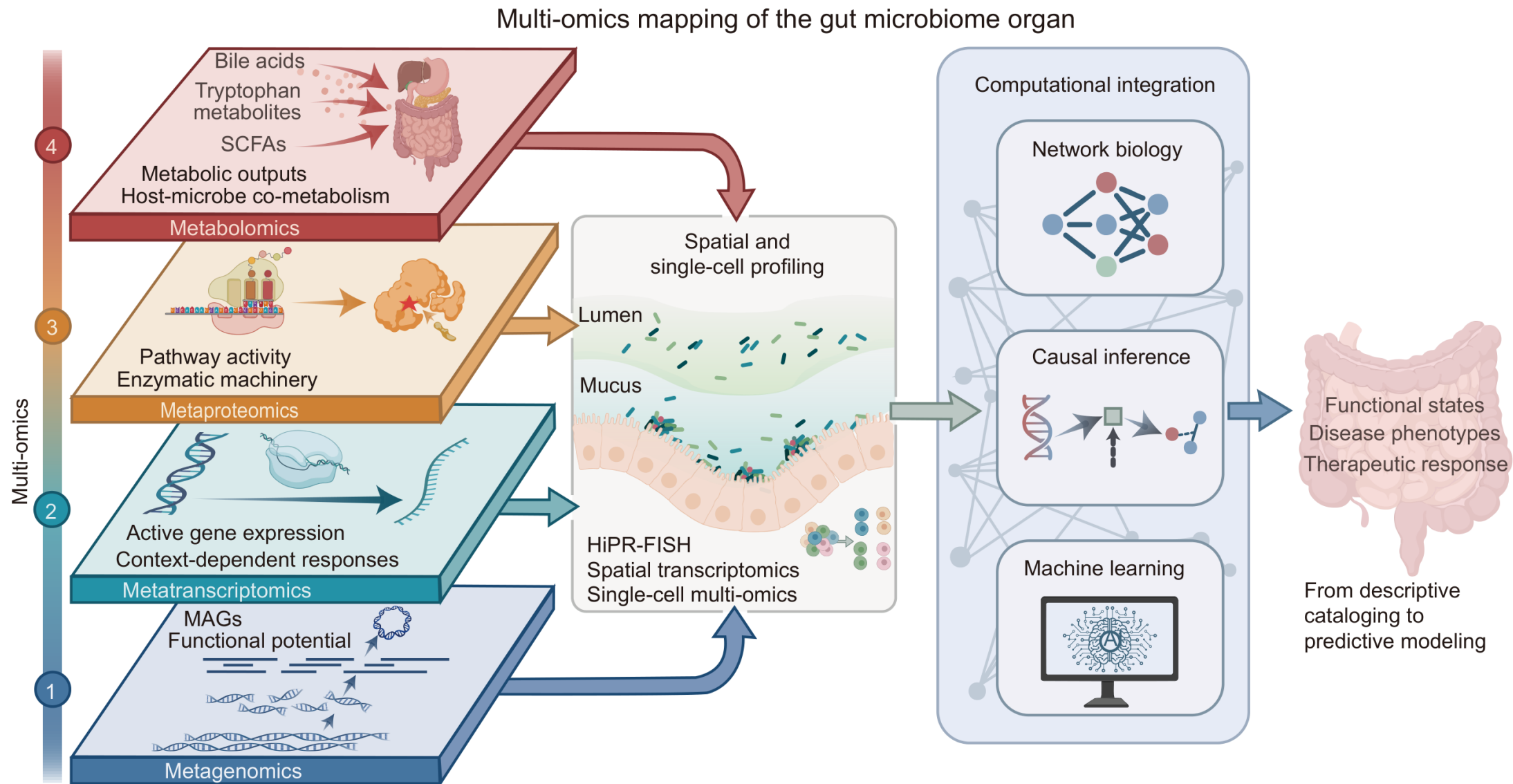


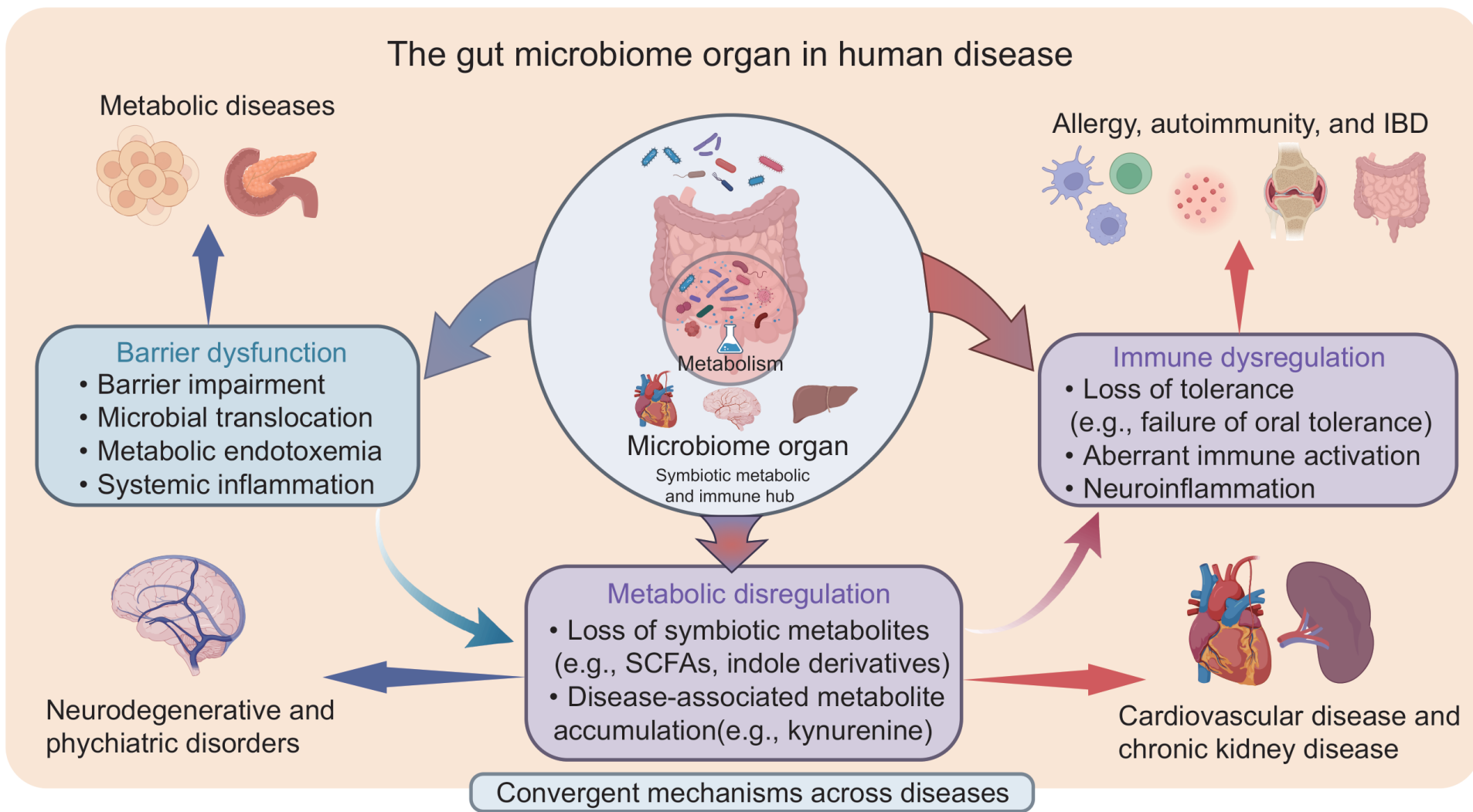
图8 | 多组学图谱



宏基因组、宏转录组、宏蛋白组和代谢组结合空间与单细胞技术，并经计算模型整合，可用于解析微生物组功能状态，并预测疾病表型、进展风险和治疗应答。



图9 | 疾病中的微生物组器官

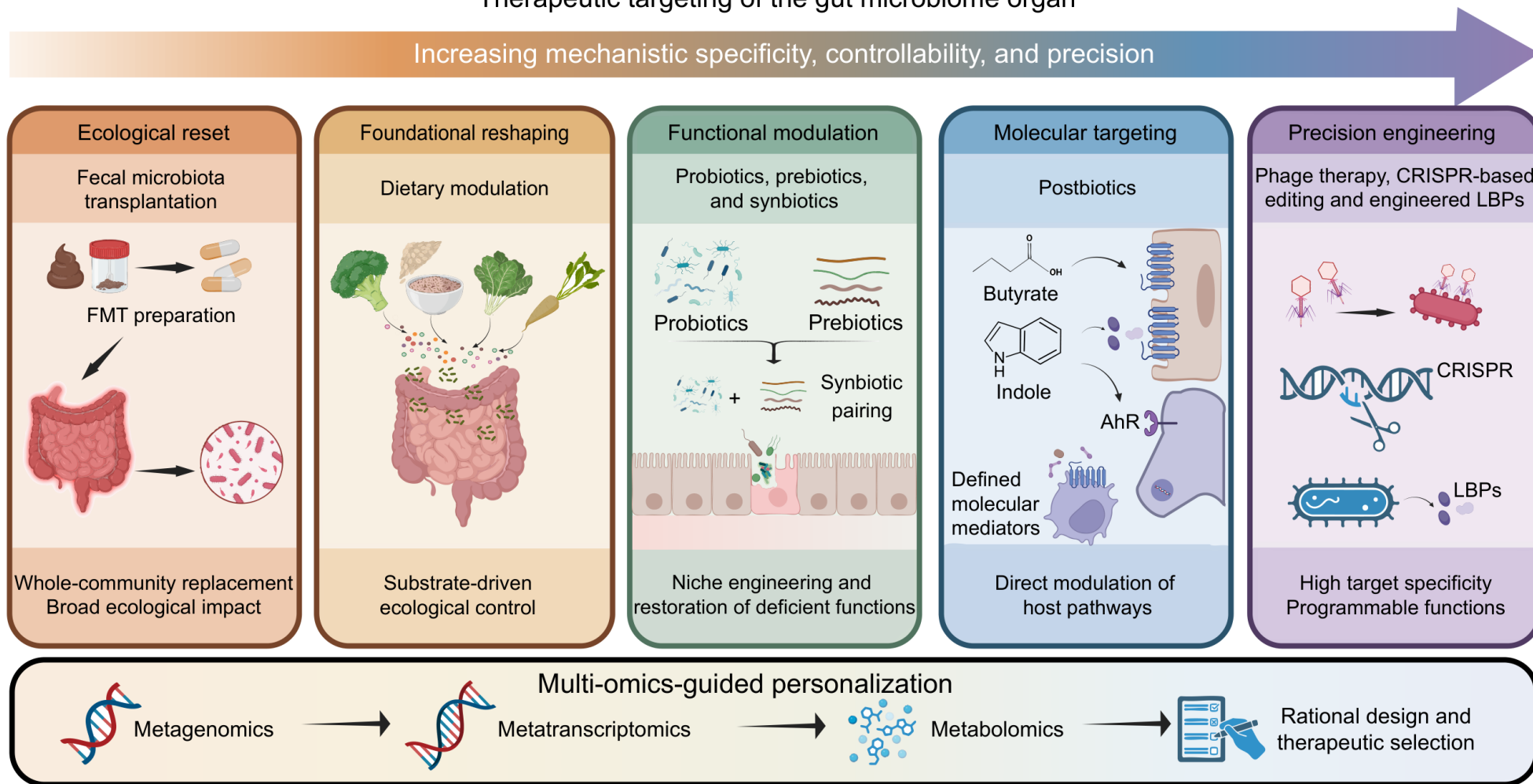


屏障破坏、代谢失衡和免疫失调相互强化，形成正反馈环路，将微生物组功能障碍与代谢、心血管、肾脏、神经、过敏、自身免疫及炎症性肠病等多系统疾病相连接。



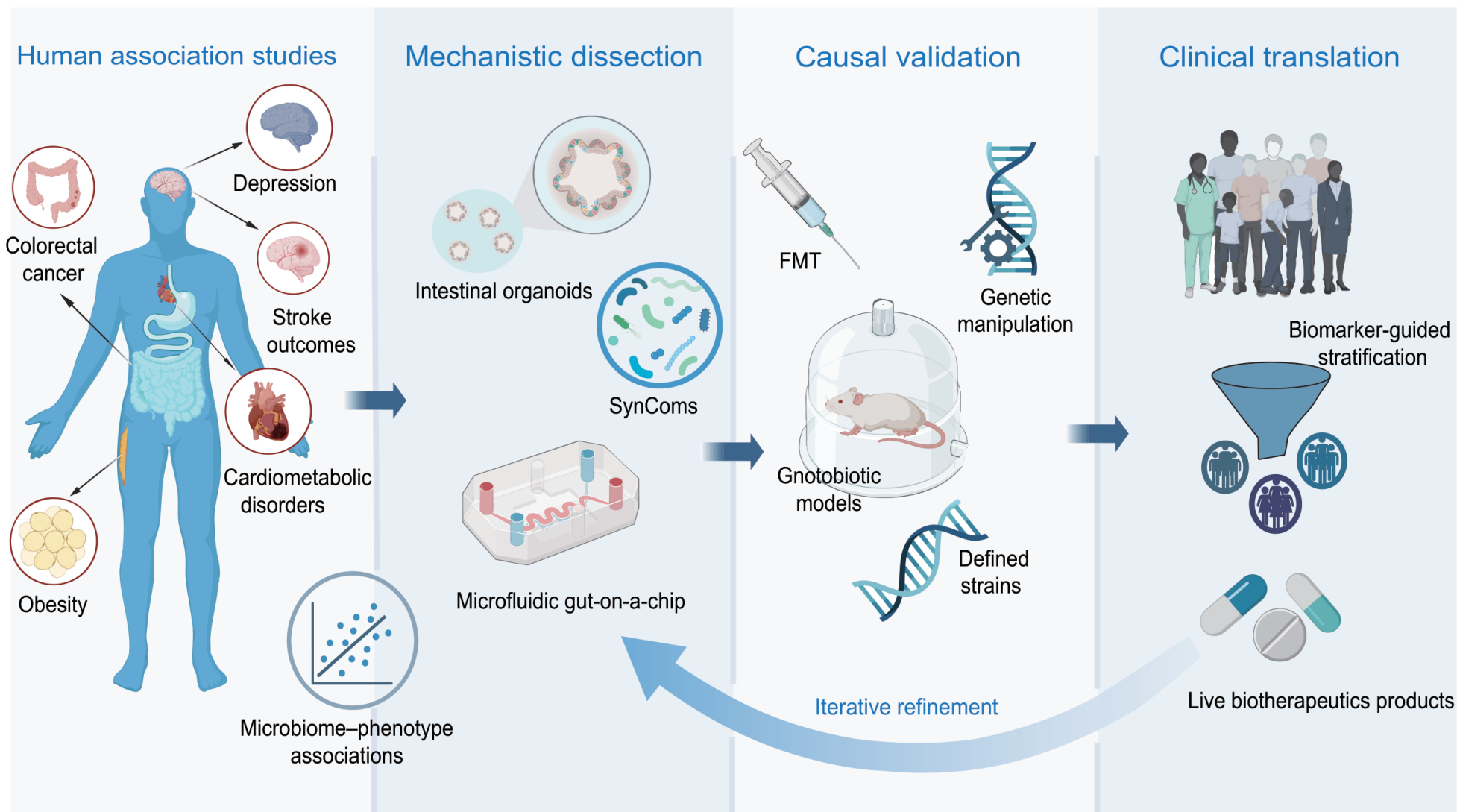
图10 | 治疗靶向

Therapeutic targeting of the gut microbiome organ



微生物组治疗涵盖从生态重塑到精准工程化干预的连续谱，包括粪菌移植、膳食调节、益生菌/益生元/合生制剂、后生元、噬菌体、**CRISPR**编辑和工程化活体生物药；多组学分型与功能监测可指导个体化治疗。

图11 | 转化研究框架



微生物组转化研究可从人群关联出发，经多组学整合、机制解析和动物/定植模型因果验证，进一步发展为生物标志物指导的临床分型与精准干预，形成“临床-实验室-临床”的迭代闭环。



总结 | 肠道微生物组作为功能性“器官”

- “器官”框架整合了肠道微生物组的空间组织、代谢能力与全身信号功能。
- 该系统通过代谢、免疫和神经内分泌环路，将饮食、药物和环境暴露转化为局部及全身宿主效应。
- 多组学、空间/单细胞技术与因果建模正在解析其功能模块、细胞互作和调控逻辑。
- 靶向微生物组来源的功能环路，而非仅针对单一菌种，有望推动代谢性、炎症性及肠-脑相关疾病的精准干预。

Bi Yang, Weibin Song, Maria Glymenaki, Jie Hu, Xiru Li, Heng Huang, Yousong Peng, et al. 2026.

The gut microbiome organ. *iMeta* 5: e70144. <https://doi.org/10.1002/imt2.70144>

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