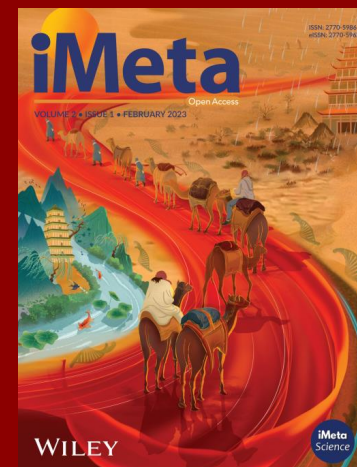


微生物群与衰老：人类生态系统中 微生物群年龄的轨迹及其系统性影响

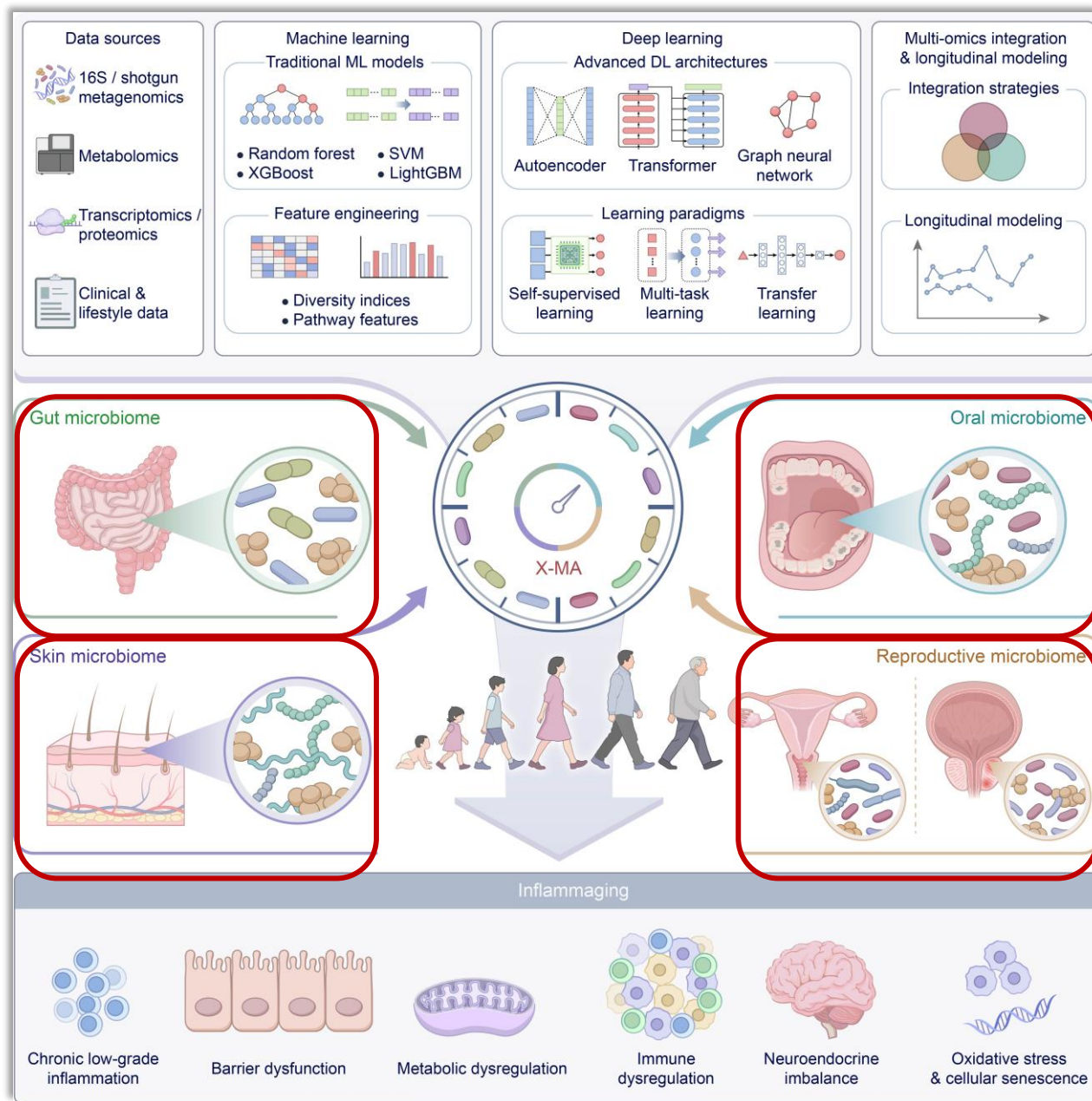
倪喆鑫^{1#}, 谢娇娇^{2#}, 张志春^{3#}, 张克明^{4#}, 丁杰^{5#}, 常铭洋^{6#}, 苏莹^{7#}, 张宇男^{8#}, 姚铭飞², 王程远⁹,
闫燕⁹, 方文捷⁴, 高海女¹⁰, 田学聪¹¹, 李杨硕⁵, 朱信霖⁴, Wen Zhang¹², 廖万清⁴, 徐高原¹³,
陈国静¹, 吕小毅^{7*}, 俞超芹^{5*}, 潘炜华^{4*}, Vadim Molodtsov^{14*}, 李兰娟^{2,15*}, 高月^{1*}, 周维^{1,16*}

¹军事医学研究院, ²浙江大学医学院附属第一医院, ³北京大学口腔医院, ⁴海军军医大学第二附属医院,
⁵海军军医大学第一附属医院, ⁶天津中医药大学研究生院, ⁷新疆大学, ⁸北京中医药大学,
⁹中国科学院上海药物研究所, ¹⁰树兰(杭州)医院, ¹¹根特大学, ¹²佛罗里达大西洋大学,
¹³中国医科大学, ¹⁴俄罗斯人民友谊大学, ¹⁵余杭生命科技协同创新与转化研究院,
¹⁶新疆高原疾病及特色制剂重点实验室



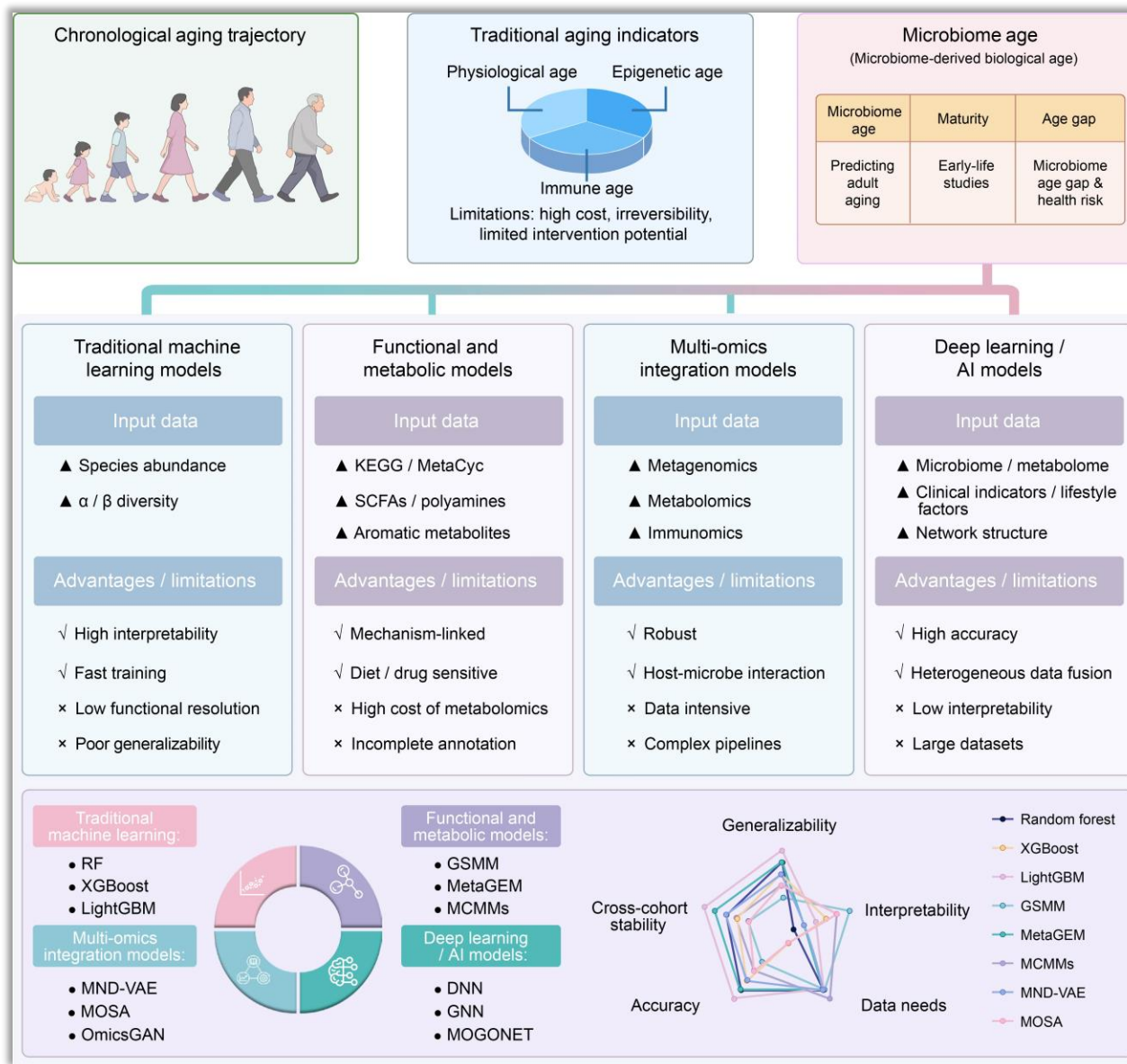
Zhexin Ni, Jiaojiao Xie, Zhichun Zhang, Keming Zhang, Jie Ding, Mingyang Chang, Ying Su, et al. 2026. Microbiome and aging: Trajectories of microbiome age across human ecosystems and their systemic effects. *iMeta* 5: e70148.
<https://doi.org/10.1002/imt2.70148>

亮点



- “微生物组年龄”可解读宿主衰老轨迹与多器官健康状况的关键框架；
- 衰老相关菌群重塑既呈现位点特异性，又表现出趋同的系统演变规律；
- 微生物组衰老通过慢性低度炎症、上皮屏障功能障碍、代谢失调、免疫失衡、神经内分泌紊乱、氧化应激及细胞衰老等途径，与炎症衰老及系统性生理功能衰退紧密相连。

微生物组年龄的概念框架与计算方法



➤ 传统衰老生物标志物常受限于可及性低、成本高、动态响应性弱或与干预措施的关联性不足；

➤ MA作为一种基于微生物组成与功能特征构建的生物学衰老指标；

➤ MA的计算策略主要可分为四大类：

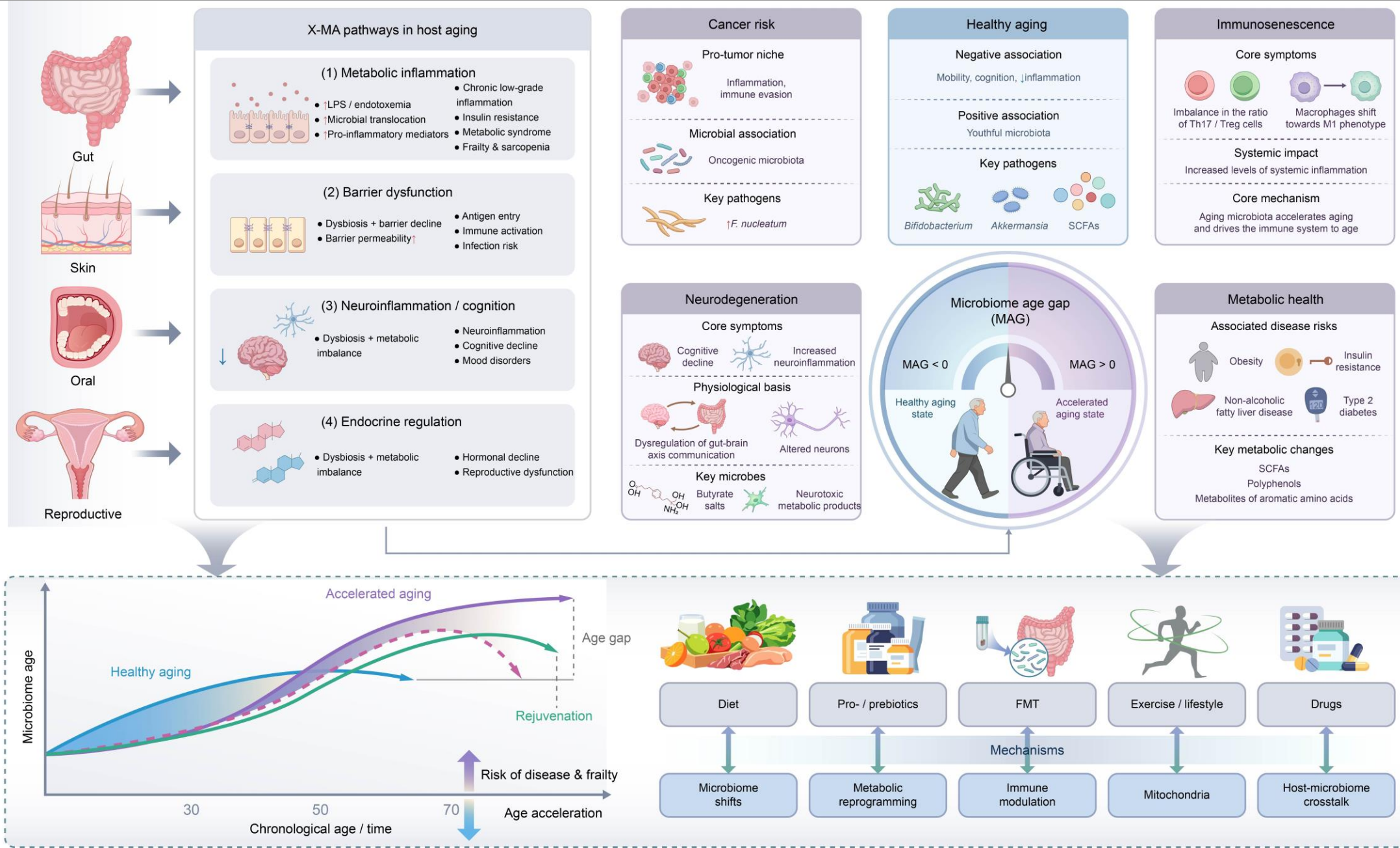
(1) 传统机器学习模型；

(2) 功能与代谢模型；

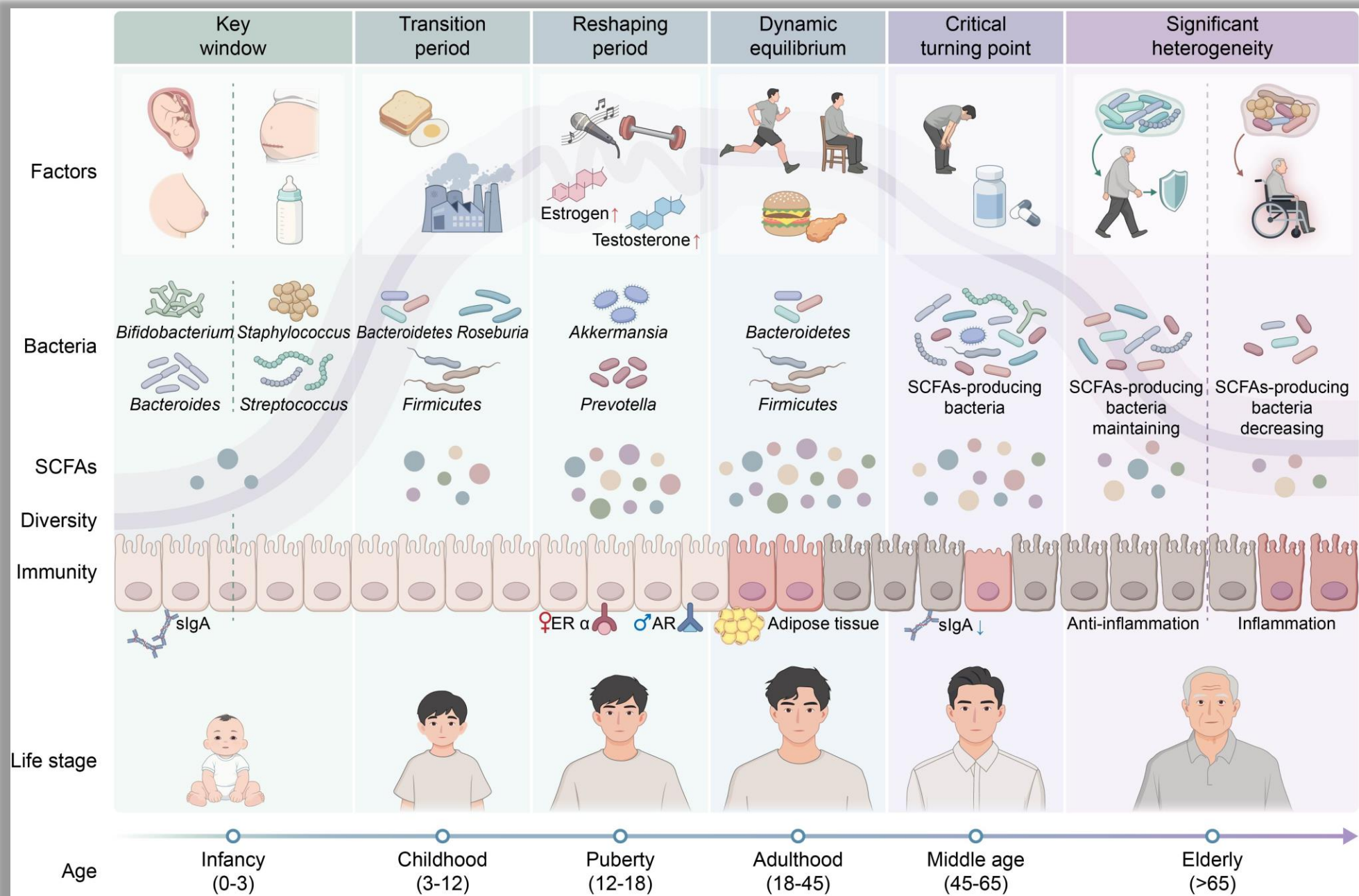
(3) 多组学整合模型；

(4) 深度学习与人工智能模型。

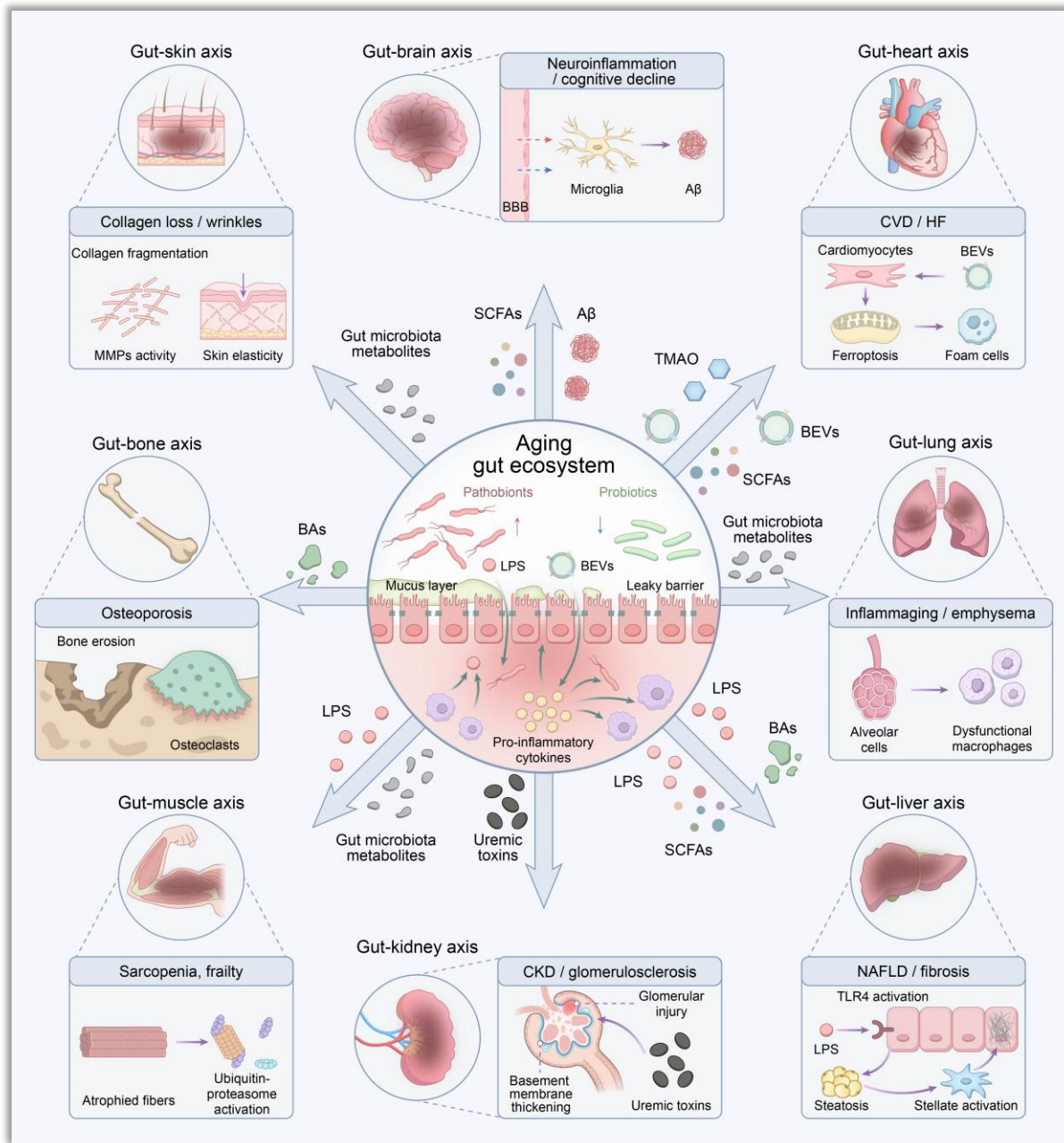
微生物群年龄差距的动态轨迹及其对全身健康的深远影响



人类生命周期中肠道微生物组组成与功能的动态演变

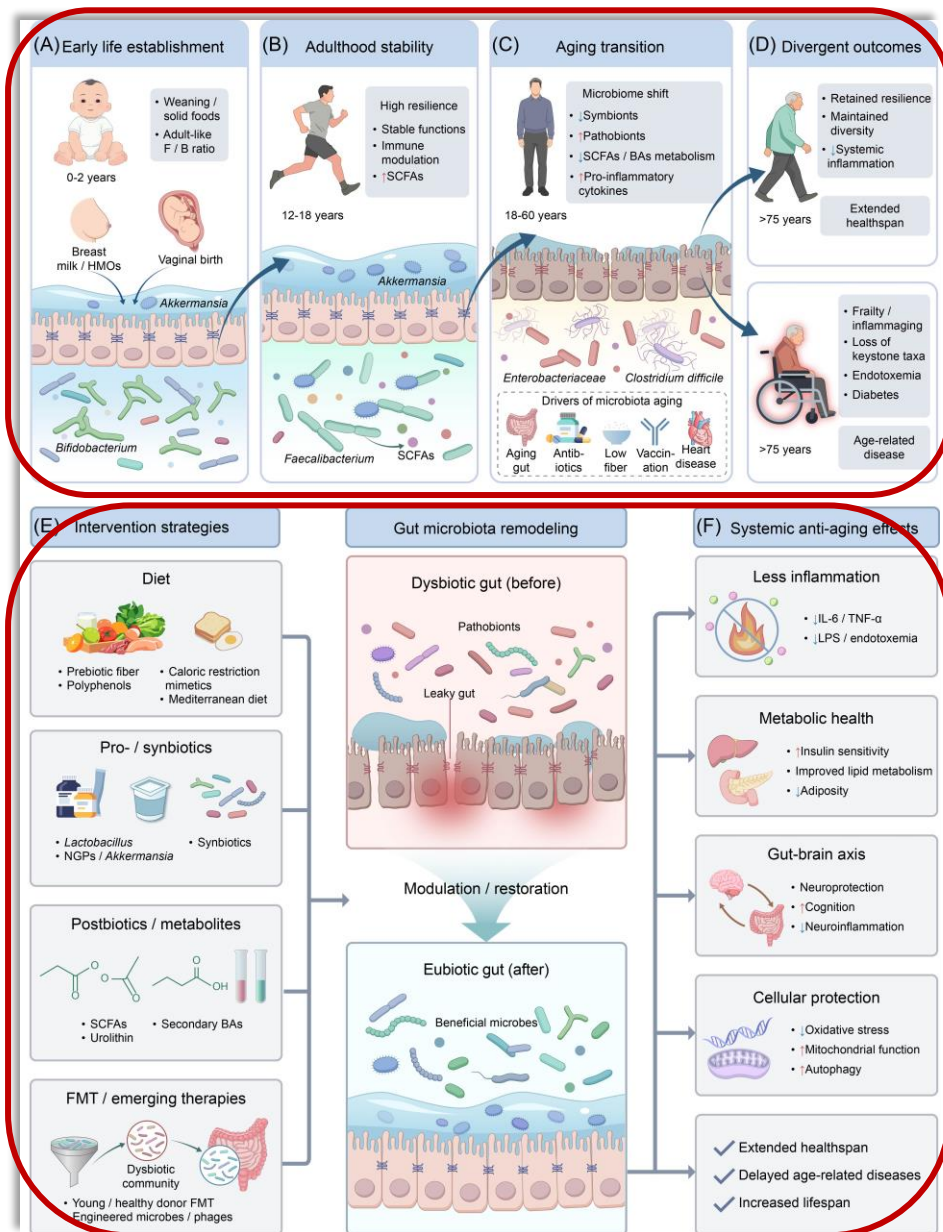


衰老肠道通过“肠-X”轴与多器官互作



- 菌群失调伴机会性致病菌相对富集、肠道屏障完整性受损、紧密连接破坏及黏液层降解；
- 肠道通透性增加，致使腔内容物—包括脂多糖、微生物代谢产物、细菌胞外囊泡、氧化三甲胺、胆汁酸、尿毒症毒素、β-淀粉样蛋白、短链脂肪酸水平改变及促炎细胞因子—进入体循环，驱动特定的年龄相关病变。

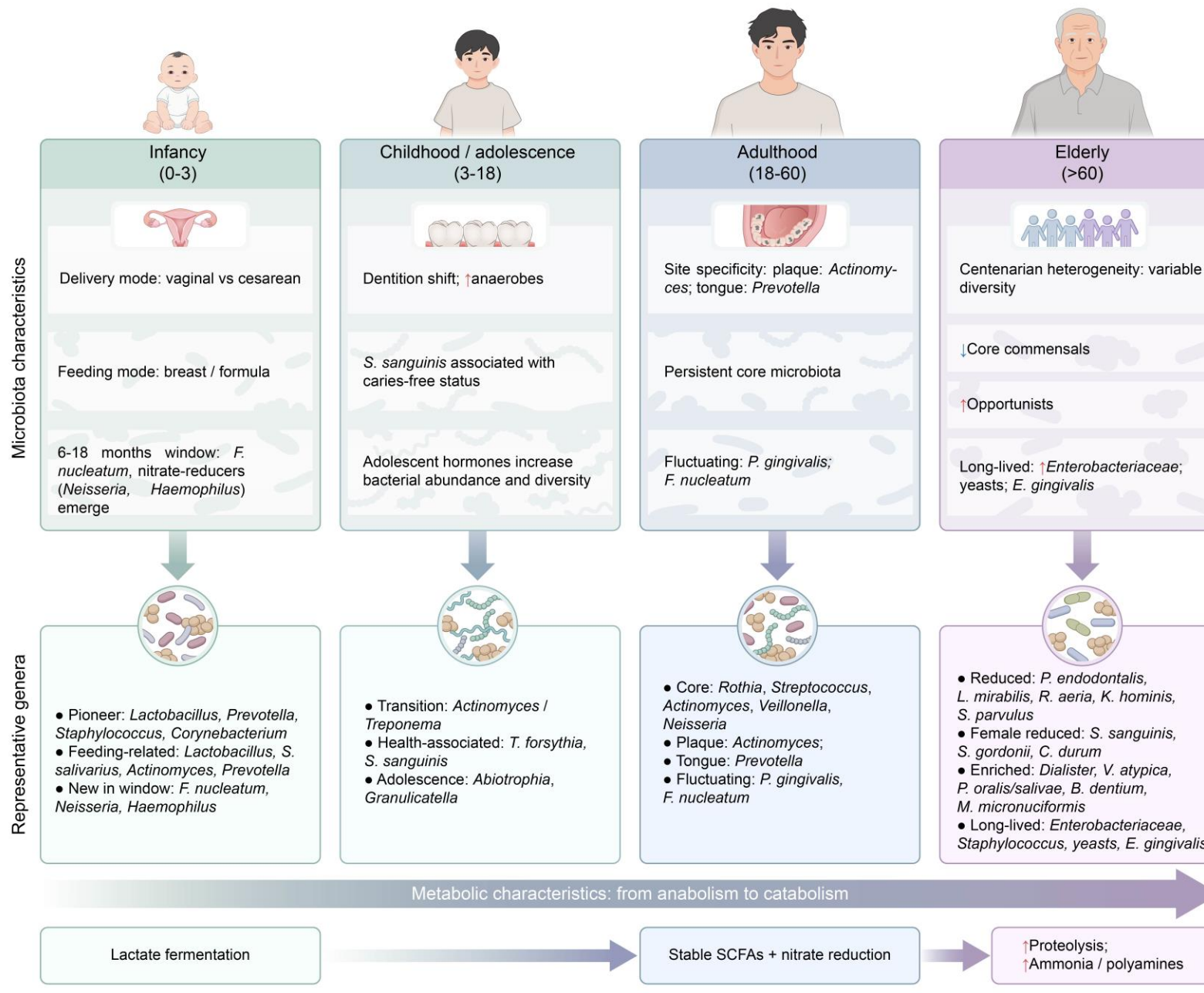
微生物群年龄差距的动态轨迹及其对全身健康的深远影响



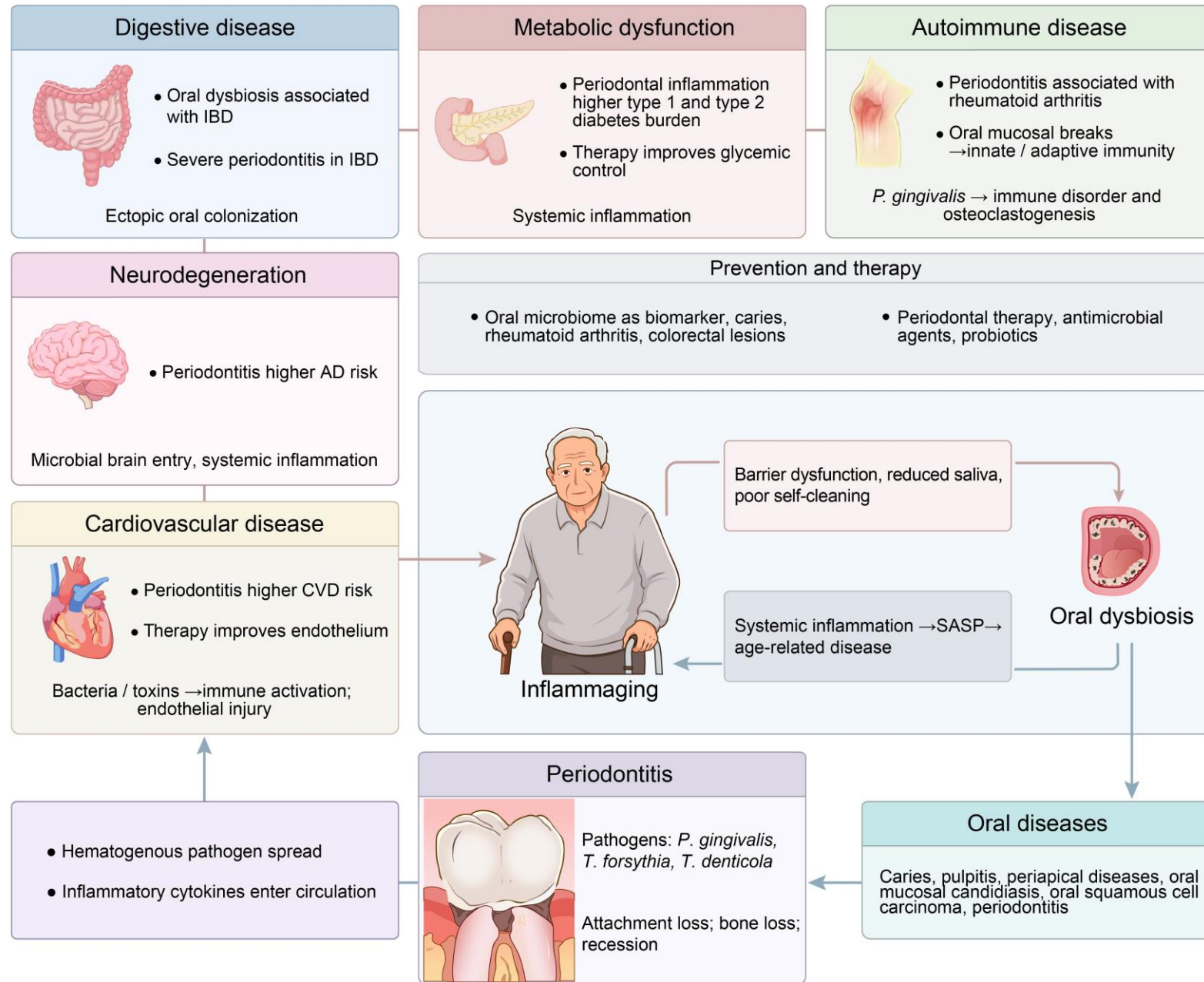
人类肠道微生物组从出生到衰老的完整轨迹。

靶向肠道微生物组的抗衰老干预策略，包括饮食调整（益生元、膳食纤维）、益生菌/合生元、后生元及年轻供体粪菌移植。

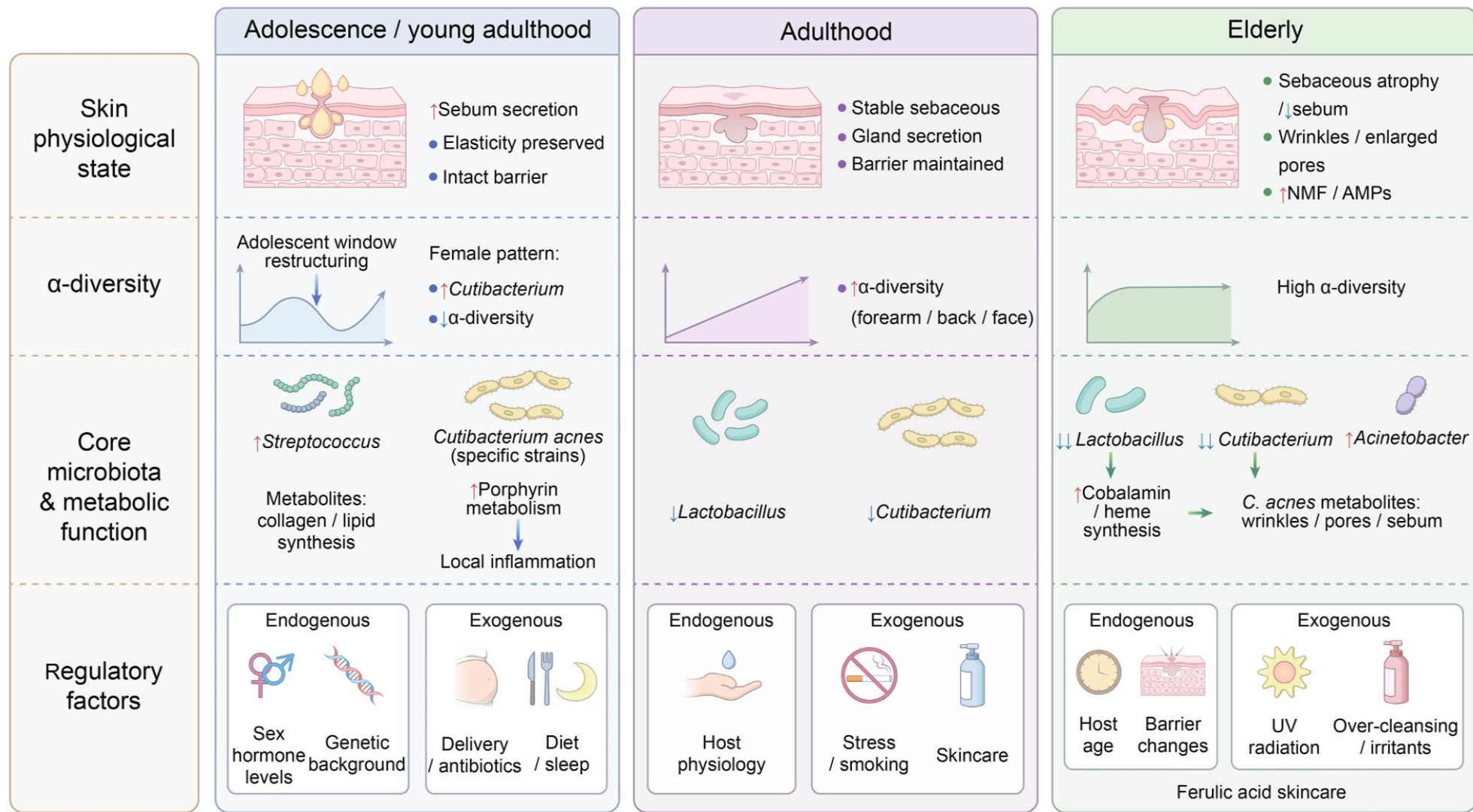
人类口腔微生物组的全生命周期演替



口腔微生物组衰老连接局部颌面稳态与全身健康

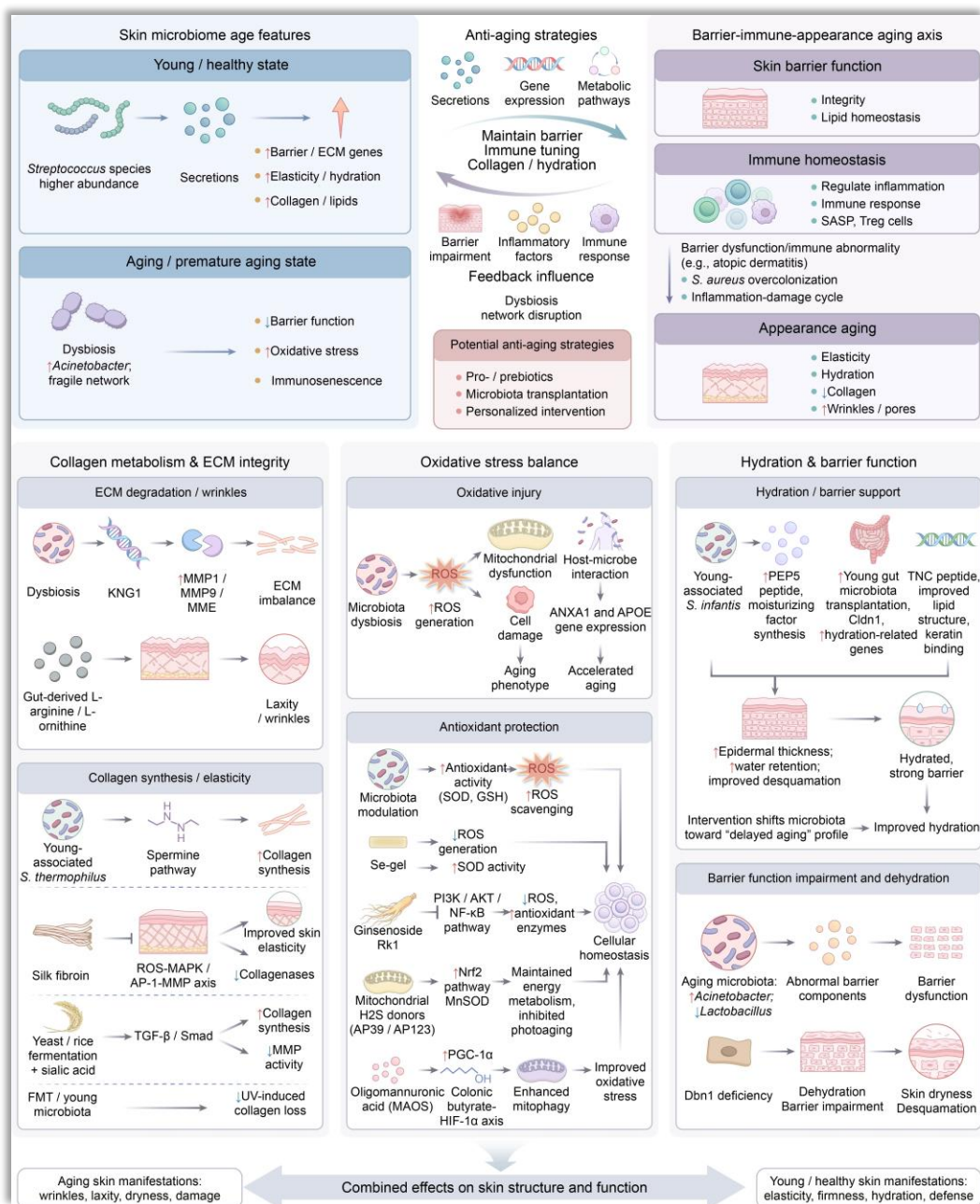


人类生命周期中皮肤微生物组年龄动态的机制全景



Host age progression

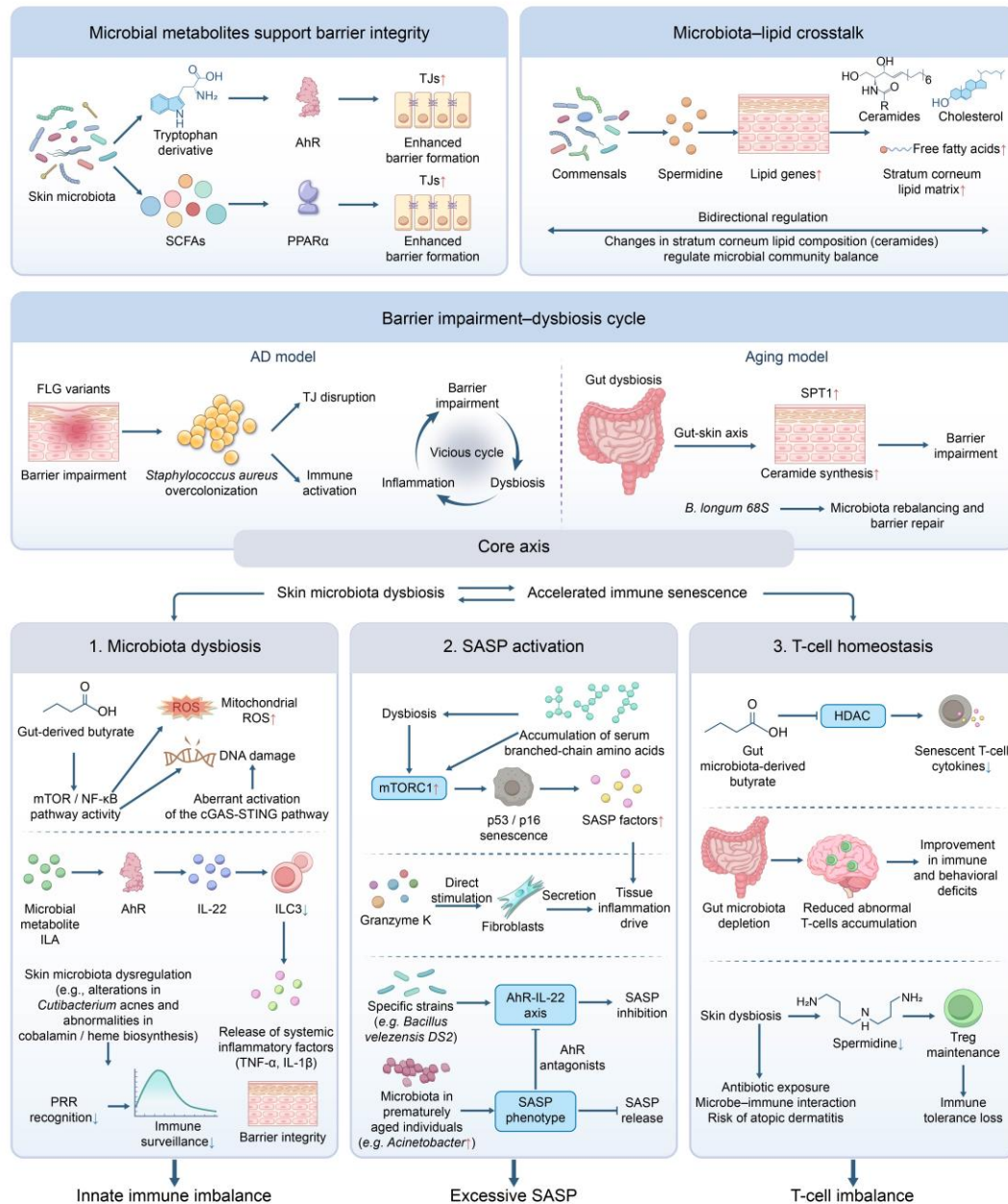
皮肤微生物组年龄与皮肤屏障-免疫-衰老轴的双向调控



➤ 在年轻健康皮肤中，特定链球菌（如婴儿链球菌、嗜热链球菌）丰度较高，其代谢产物通过调控皮肤结构与屏障功能相关基因的表达，促进胶原蛋白和脂质合成，从而维持皮肤屏障完整性、免疫稳态及年轻外观。

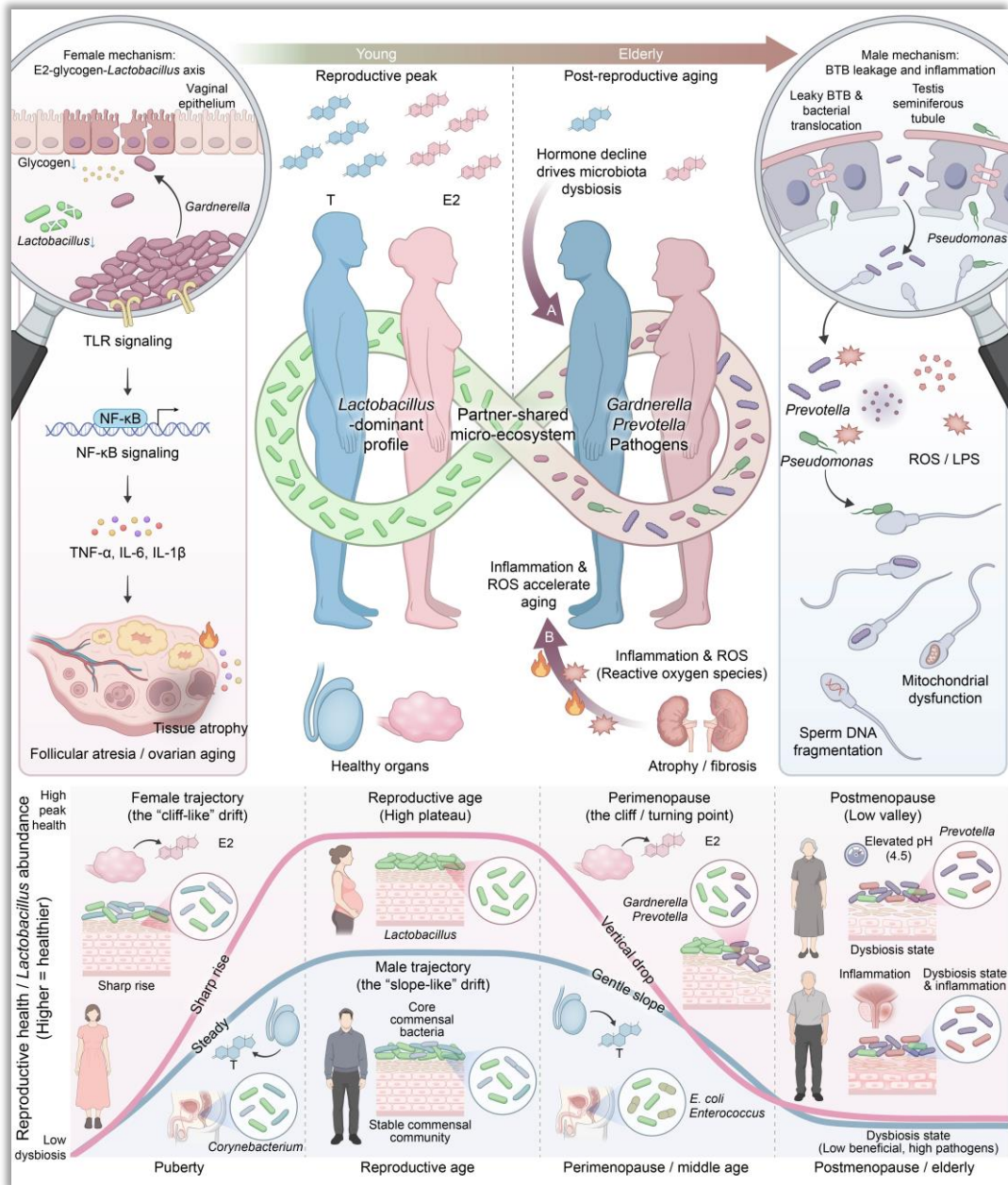
➤ 在衰老或早衰皮肤中，屏障功能受损、氧化应激及免疫衰老驱动皮肤微生物组年龄失调，进而加剧屏障损伤与炎症反应，形成致病性恶性循环。

皮肤微生物组代谢物调控表皮屏障稳态并促进免疫衰老



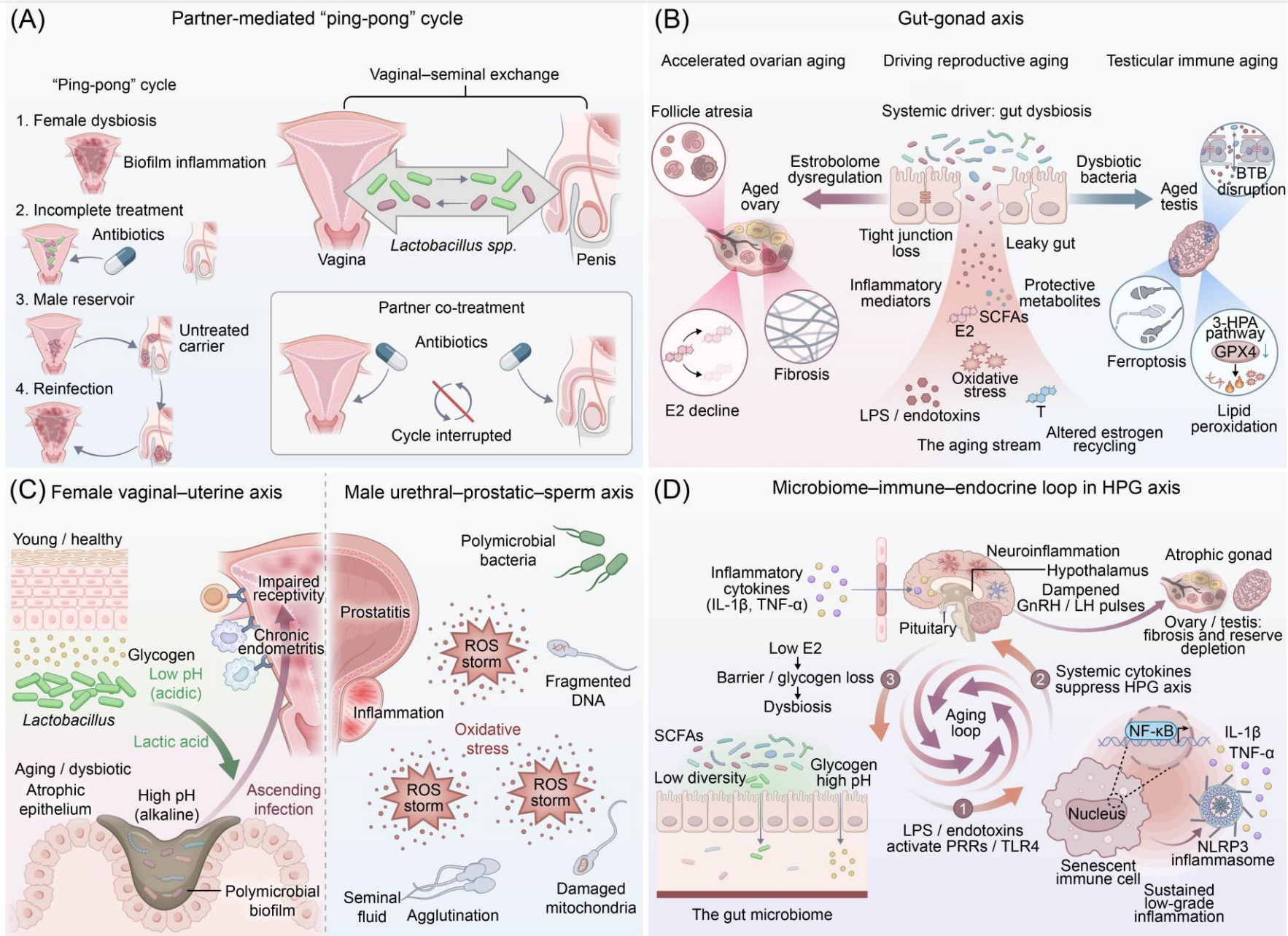
- 微生物代谢物激活芳香烃受体与过氧化物酶体增殖物激活受体 α ，上调紧密连接蛋白表达。
- 衰老过程中，肠道菌群失调及丝氨酸棕榈酰转移酶1减少导致神经酰胺缺乏。
- 机制网络通过三条通路联结皮肤菌群失调与免疫衰老：
 - (1) 代谢重编程；
 - (2) 衰老相关分泌表型诱导；
 - (3) T细胞调节。

两性生殖道微生物年龄依赖性演化及伴侣共享微生态系统衰老机制

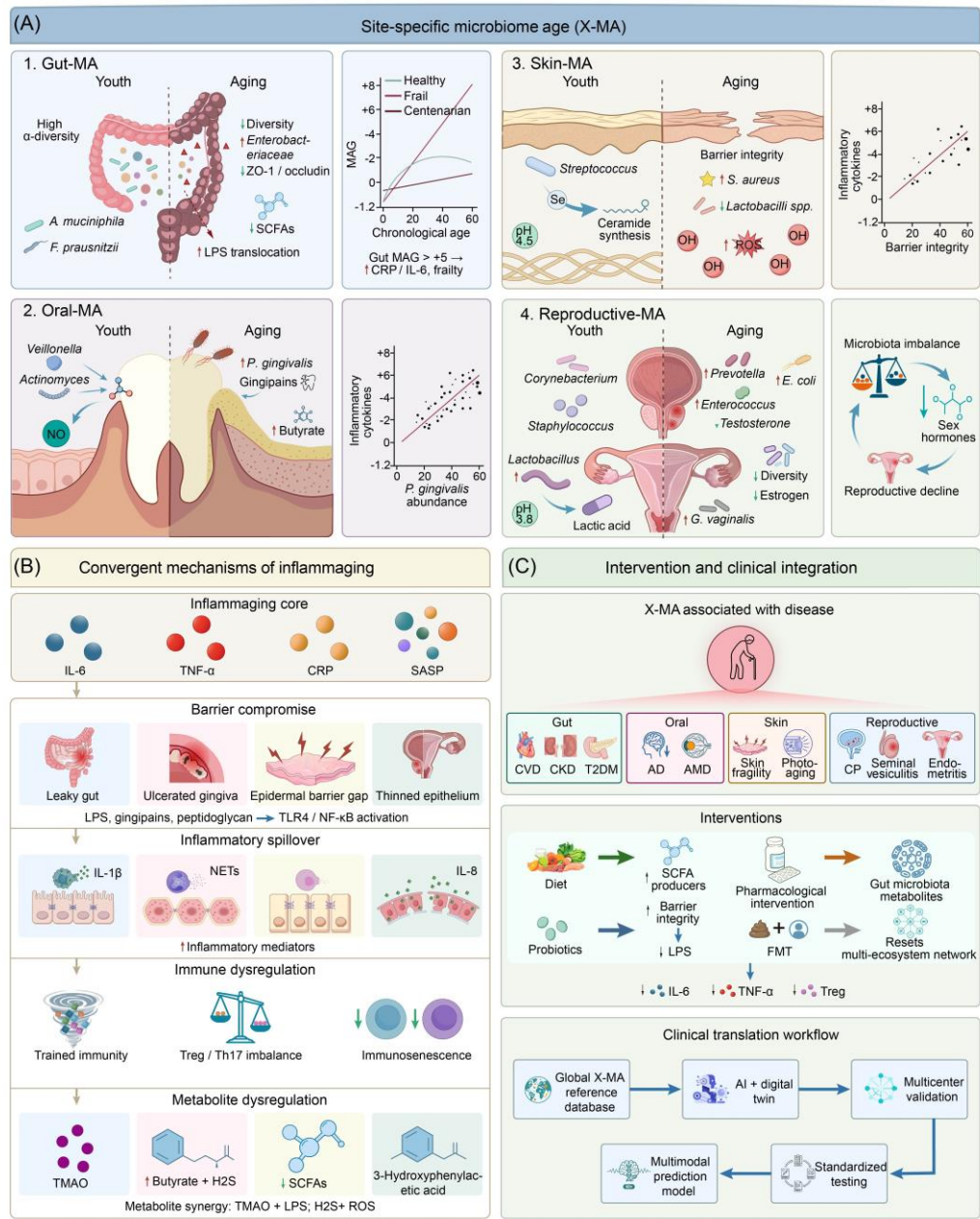


- 女性中，雌激素耗竭触发“雌激素-糖原-炎症”循环，激活TLR / NF-κB信号通路以加速卵巢衰老。
- 男性中，睾酮破坏血睾屏障，脂多糖诱导ROS生成从而损害精子发生。
- 女性菌群表现为在青春期急剧上升、育龄期以乳杆菌属为主导的平台期，以及围绝经期悬崖式下降并进入绝经后持续性菌群失调。
- 男性菌群表现为青春期逐渐上升、育龄期稳定，以及中年期缓慢向以大肠杆菌和肠球菌富集为特征的促炎性菌群失调漂移。

生殖衰老的宿主-微生物组整合机制



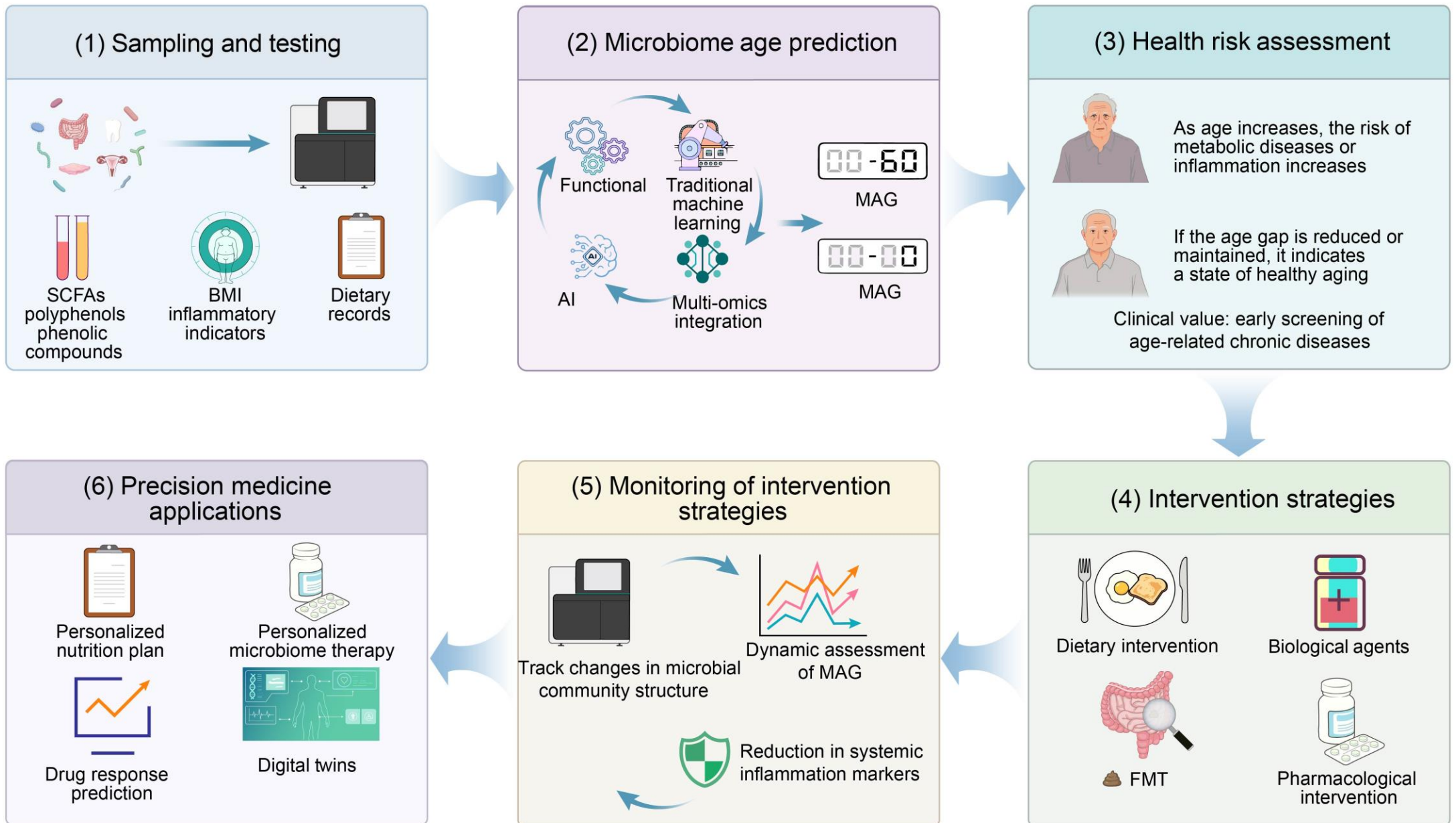
X-MA作为炎性衰老的多维表征



➤ 负向MAG (MAG < 0) 表征生物年龄更年轻, 而正向MAG (MAG > 0) 则提示衰老加速及健康风险升高。

➤ 驱动炎性衰老的四条趋同通路—屏障破坏、局部炎症溢出、免疫失调及代谢物紊乱—共同导致IL-6、TNF- α 、CRP及衰老相关分泌表型的升高

微生物组年龄的临床转化应用与未来展望

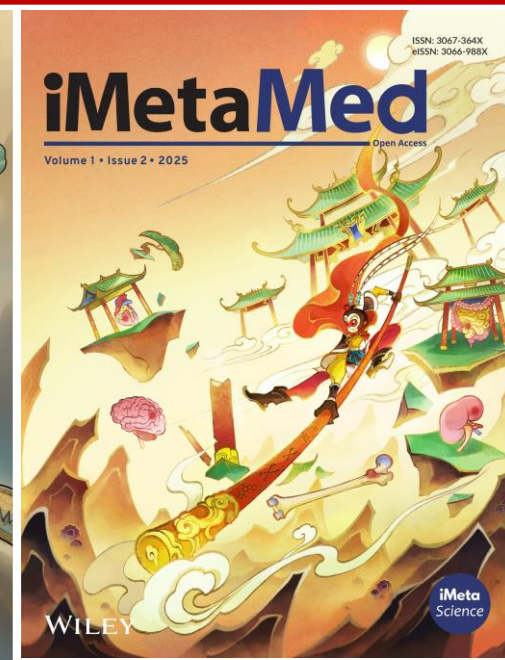
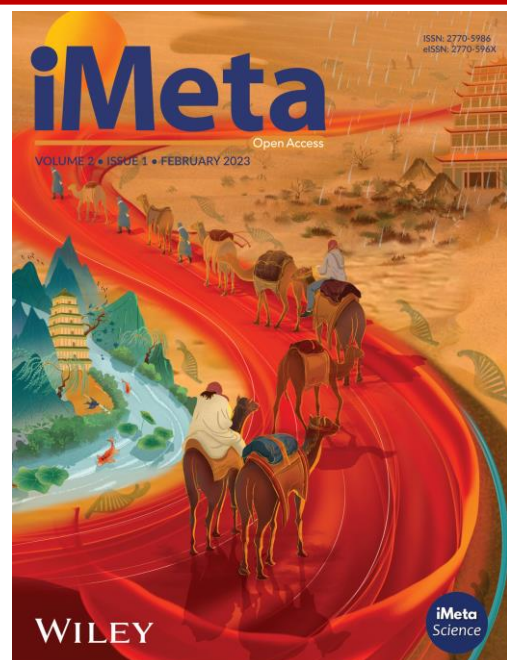




总结

- ☑️微生物组年龄已被确立为一种计算性生物标志物，能够统一多器官衰老轨迹；
- ☑️在肠道、口腔、皮肤和生殖微生物群中均识别出趋同的衰老轨迹；
- ☑️微生物群的定向变化反映了免疫、代谢和屏障功能的整体下降；
- ☑️微生物组年龄可作为预测系统风险和局部脆弱性的双重生物标志物，实现精确的健康评估。

Zhexin Ni, Jiaojiao Xie, Zhichun Zhang, Keming Zhang, Jie Ding, Mingyang Chang, Ying Su, et al. 2026. Microbiome and aging: Trajectories of microbiome age across human ecosystems and their systemic effects. *iMeta* 5: e70148.
<https://doi.org/10.1002/imt2.70148>



iMeta(宏)期刊由宏科学创办，对标**Cell**的生物/医学综合期刊，**SCIE**、**PubMed**收录，影响因子(IF)44.4，位列全球第47，中国第4，**分区表生物学1区Top**，外审平均21天，投稿至发表中位数87天(比同水平期刊快3倍)，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，CNS外审稿件可带意见和回复转投。

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](https://www.imeta.science)



更新日期
2026/6/17