



# 转录组和微生物组联合分析揭示微生物对结直肠癌免疫调节及进展的影响

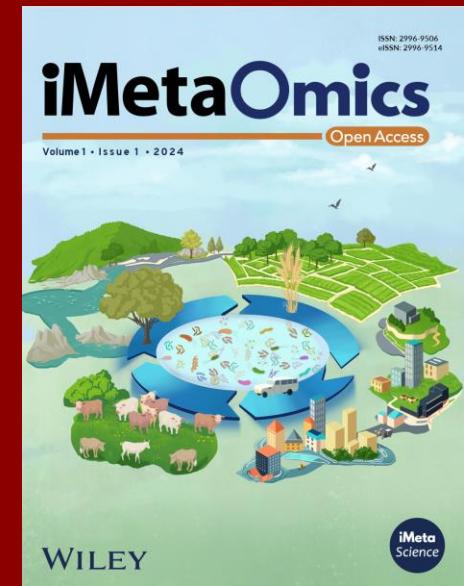
夏淑婷<sup>1,2#</sup>, 王立坤<sup>3#</sup>, 徐仰卓<sup>3#</sup>, 张佳祺<sup>1#</sup>, 周泽阳<sup>4#</sup>, 孙立兵<sup>5#</sup>,  
李恒<sup>1</sup>, 邢春根<sup>4</sup>, 毛佳璐<sup>4</sup>, 刘依娜<sup>1</sup>, 杨富林<sup>1</sup>, 钟岭<sup>1</sup>,  
徐鉴城<sup>1,2\*</sup>, 杨晓东<sup>1,2,4\*</sup>, 周哲敏<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>苏州大学附属第二医院, 苏州大学癌症研究院,

<sup>2</sup>国家生物药创新技术中心, 苏州生物医药产业创中心

<sup>3</sup>苏州大学公共卫生学院, <sup>4</sup>苏州大学附属第二医院普外科,

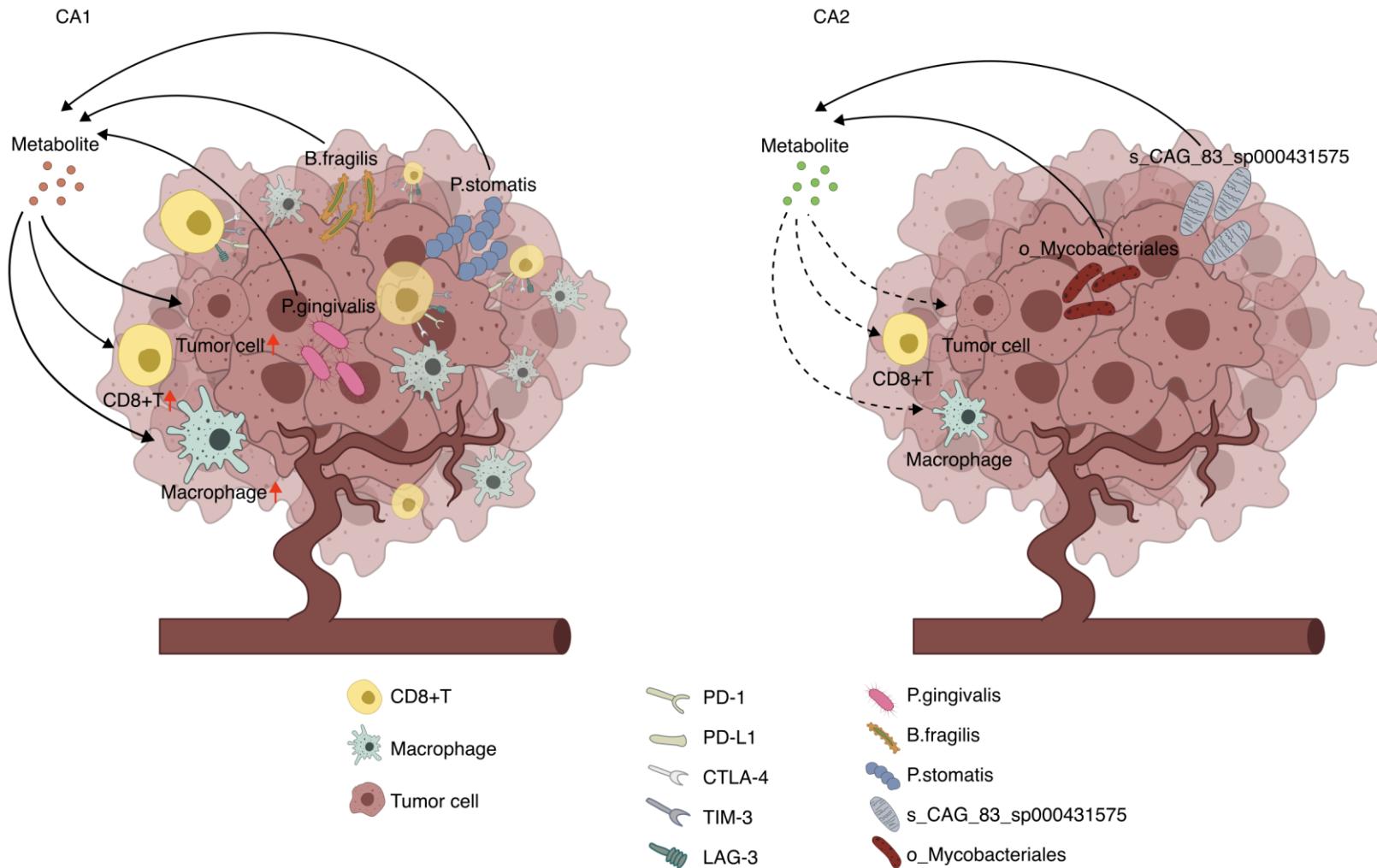
<sup>5</sup>南京医科大学附属苏州医院



Shuting Xia, Likun Wang, Yangzhuo Xu, Jiaqi Zhang, Zeyang Zhou, Libing Sun, Heng Li, et al. 2025.  
Microbial Influences on Immune Modulation and Colorectal Cancer Progression Through Combined Transcriptomic  
and Microbiomic Analysis. *iMetaOmics* 2: e70072. <https://doi.org/10.1002/imo2.70072>



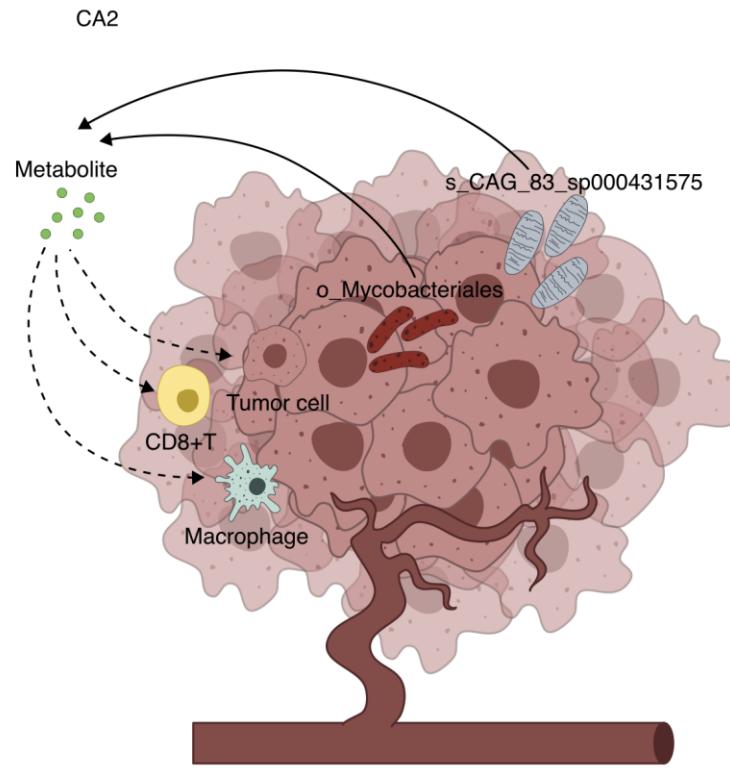
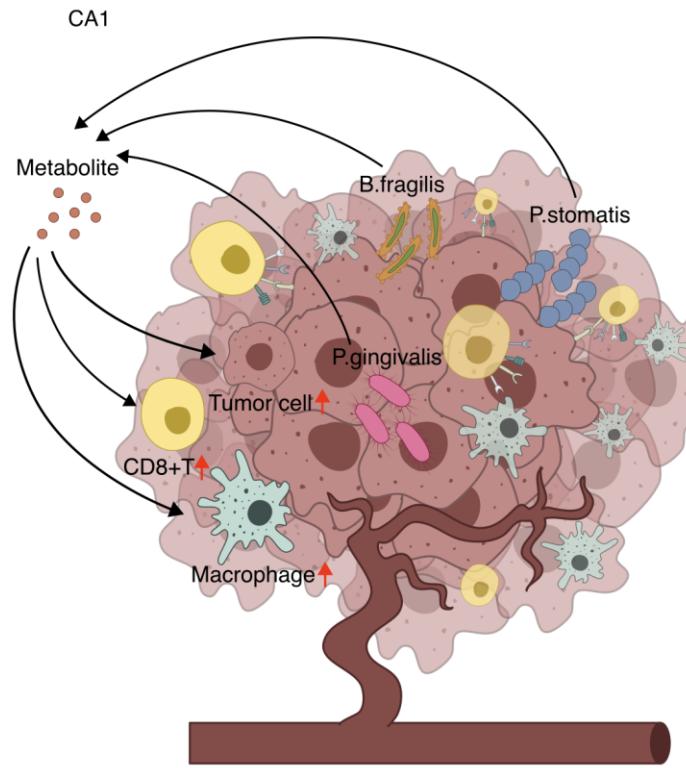
# 概要



- CA1亚型（左）：免疫耗竭、预后差、富集病原菌（牙龈卟啉单胞菌、脆弱拟杆菌）、代谢物GABA上调。
- CA2亚型（右）：免疫抑制、预后较好、富集健康相关菌群。



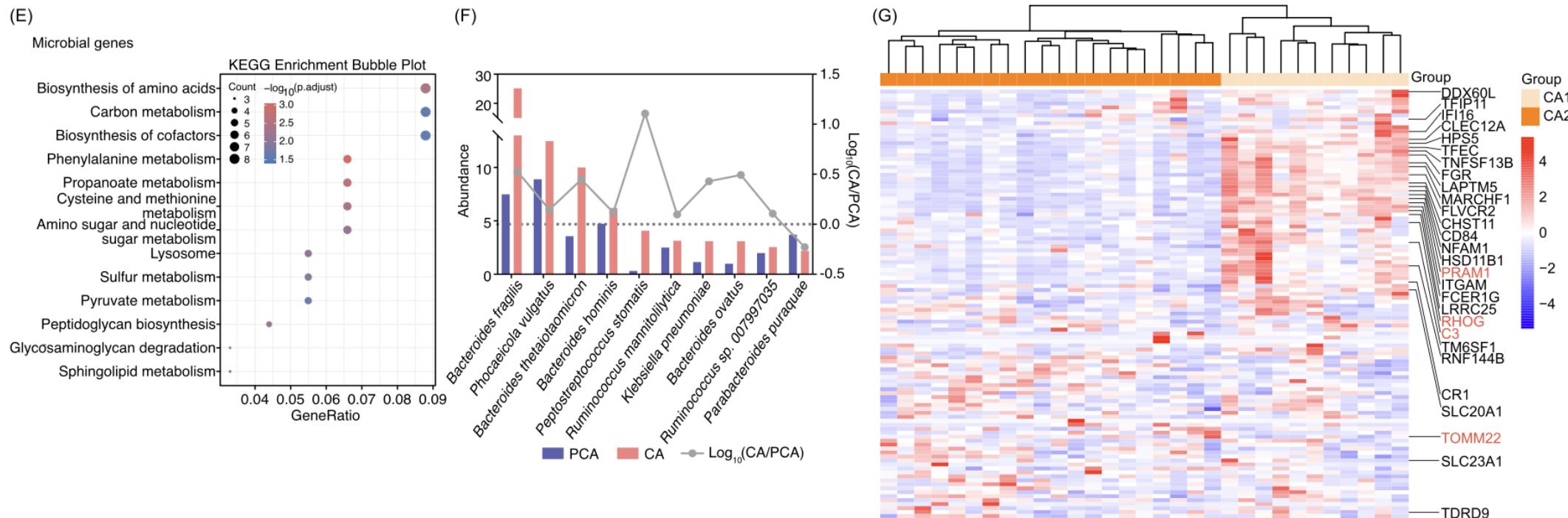
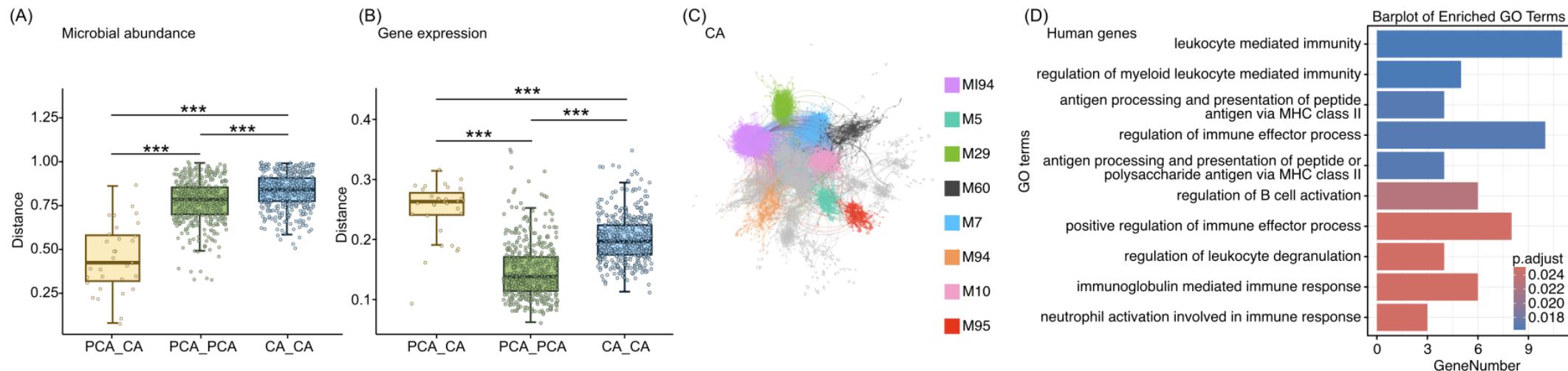
# 概要



- **样本:** 31对结直肠癌肿瘤组织 (CA) 及癌旁组织 (PCA)。
- **技术:** 转录组测序 (RNA-seq) + 原位微生物组测序 (2b-RAD-M)。
- **核心方法:** 构建宿主-微生物共表达网络, 识别核心免疫模块 (M95)。
- **分型:** 基于M95, 将肿瘤样本分为了 CA1 和 CA2 两类。

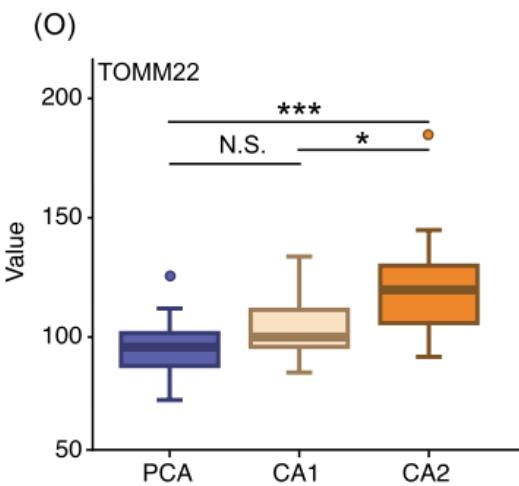
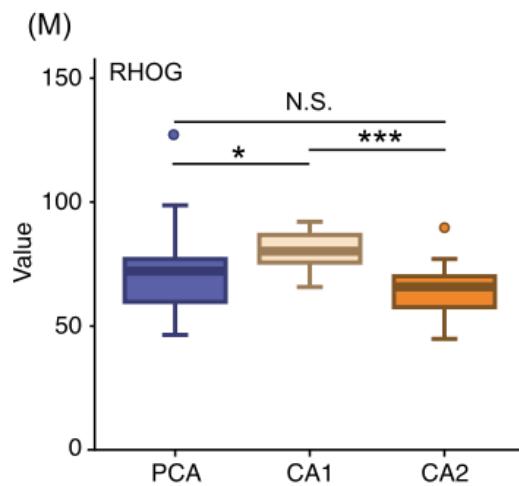
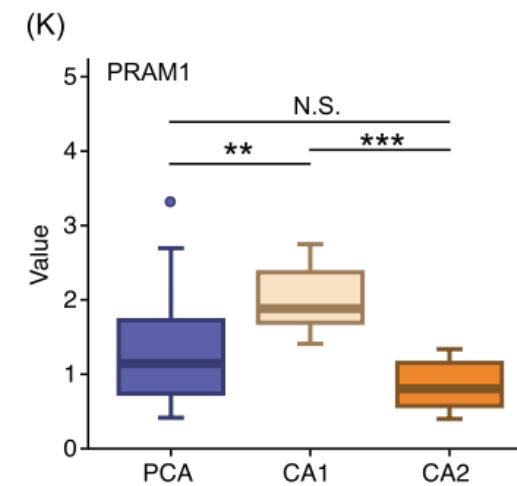
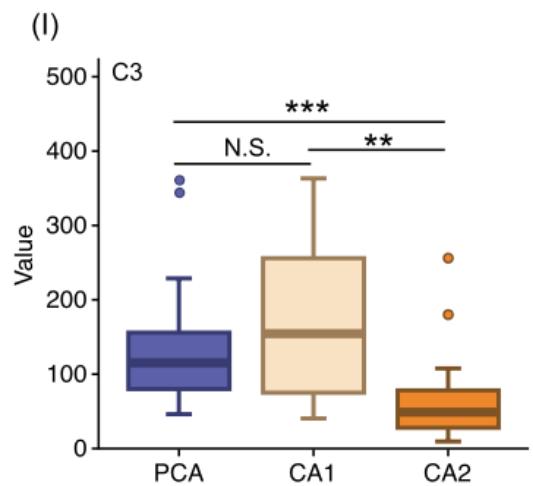
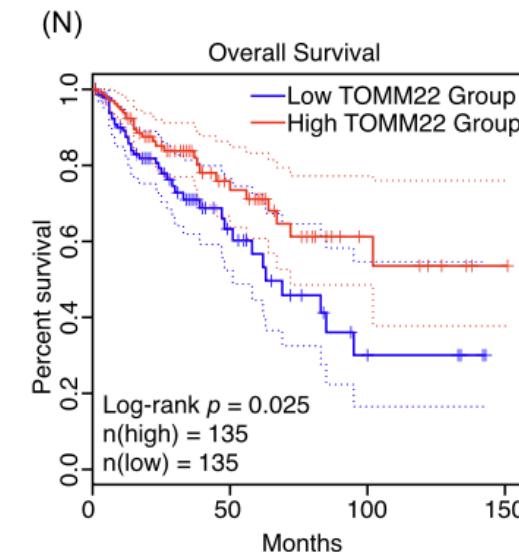
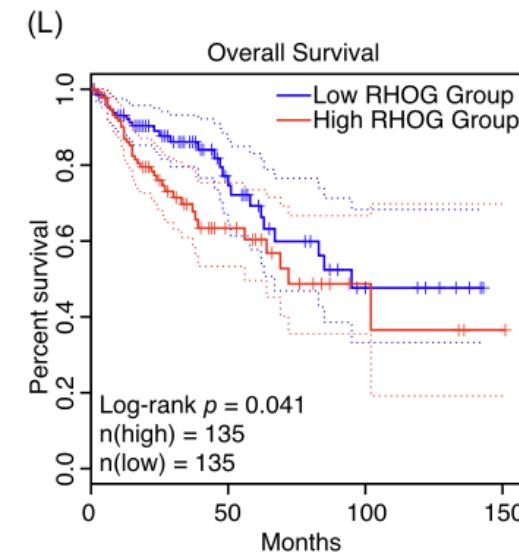
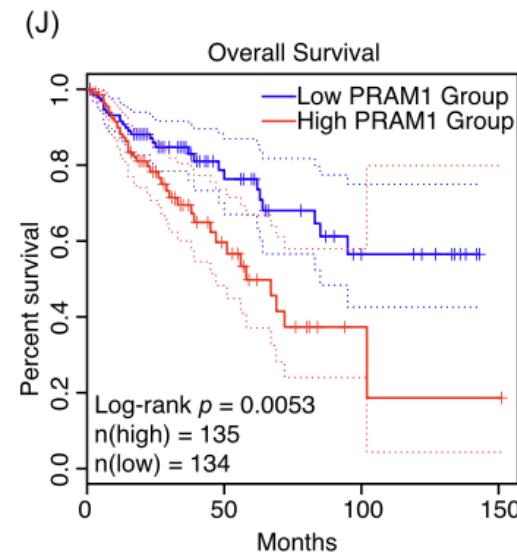
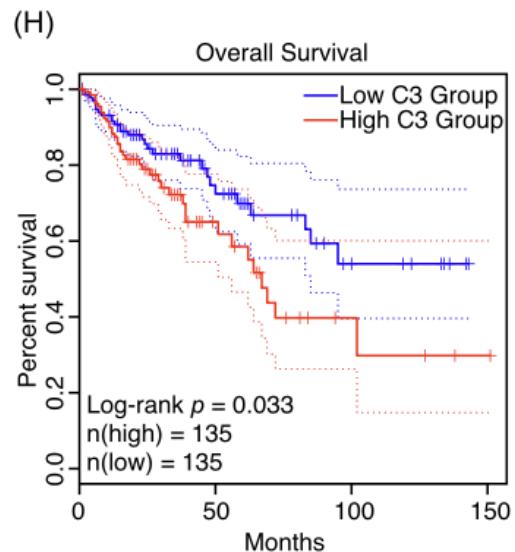


# 多组学分析策略





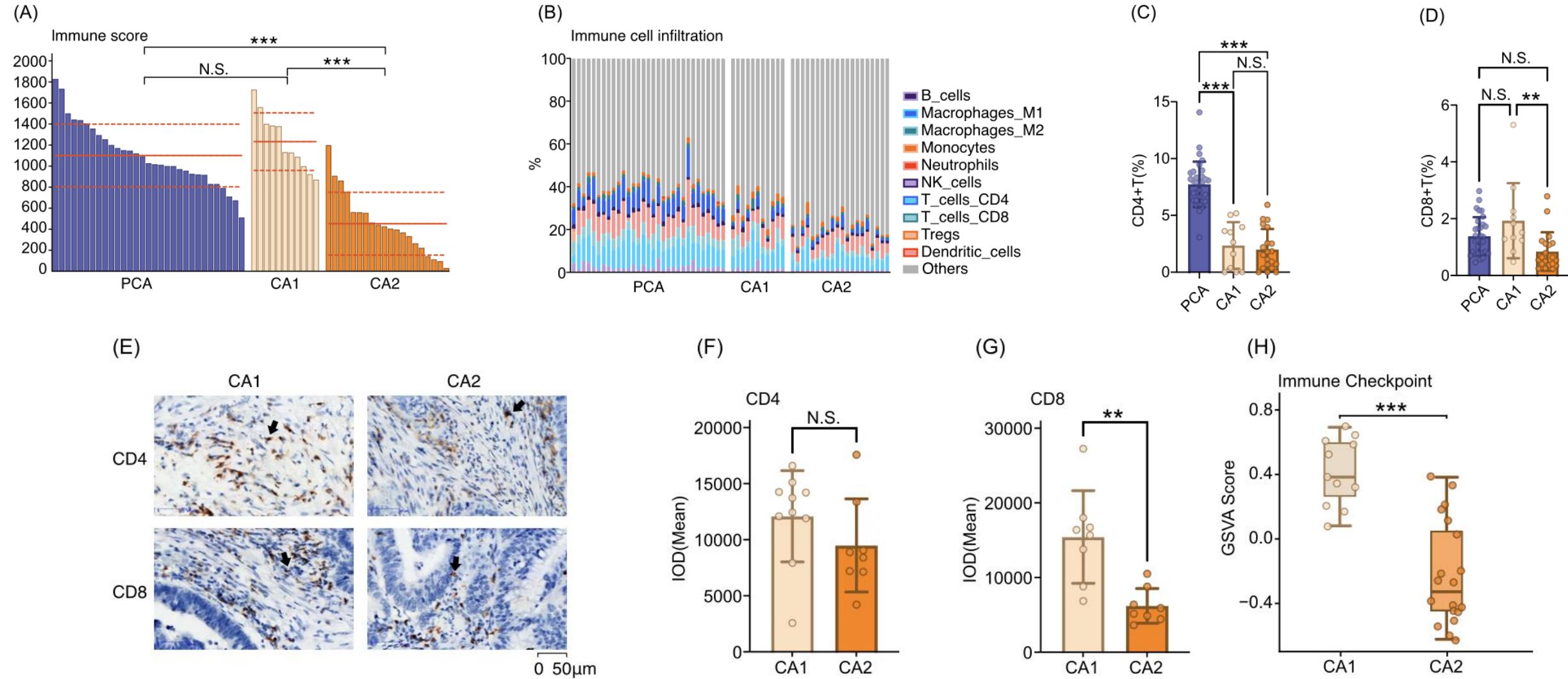
# 亚型特征：免疫耗竭与预后



● 预后：CA1 亚型生存率显著低于 CA2。

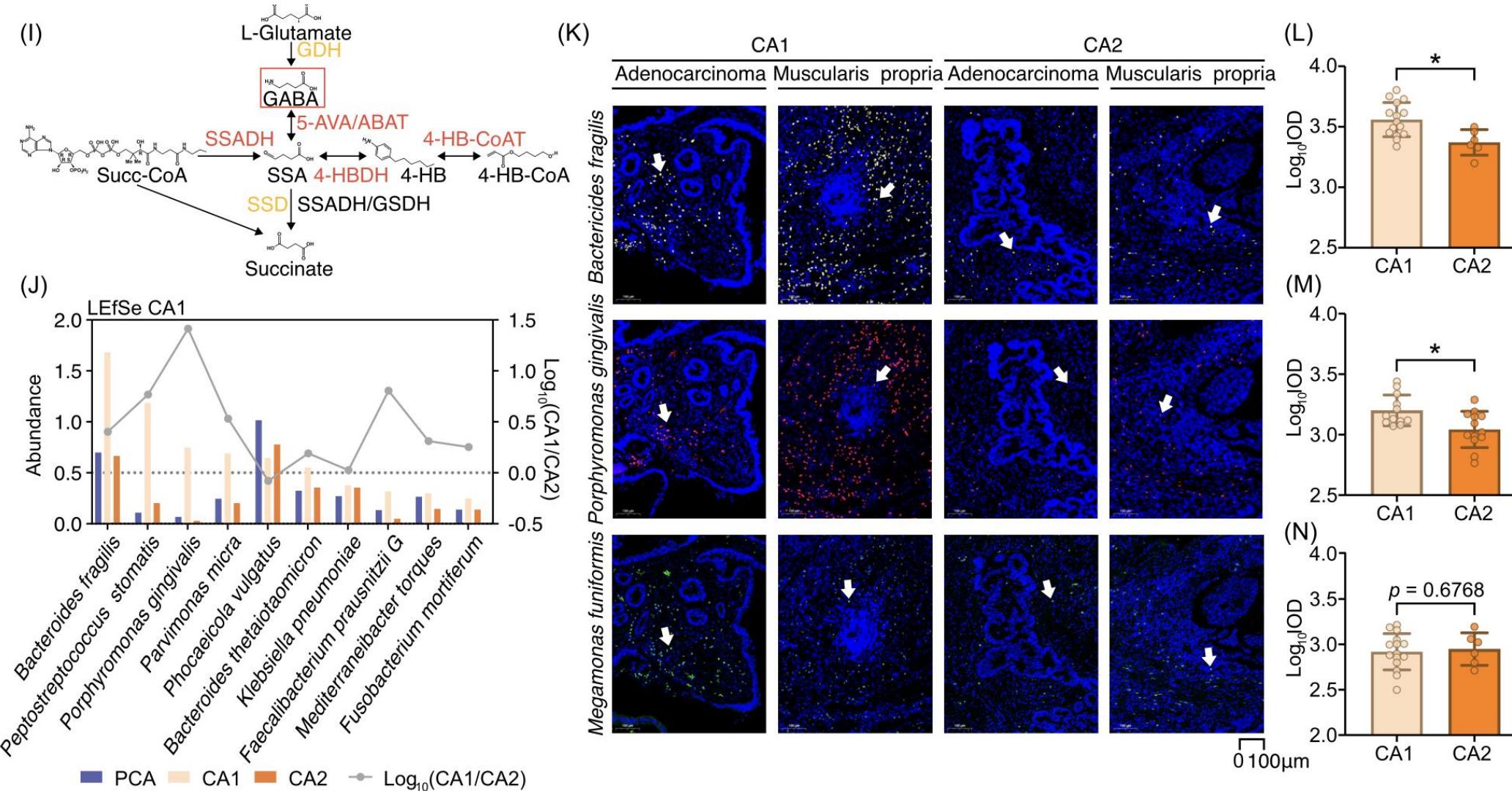


# 亚型特征：免疫耗竭与预后





# 亚型特征：特定微生物与基因富集

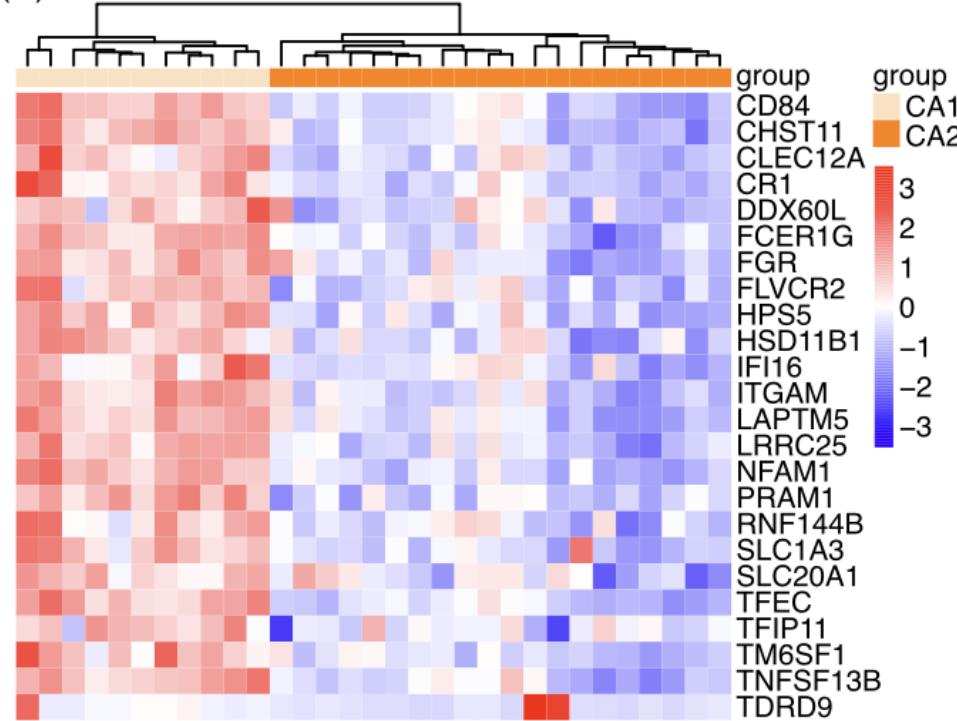


- **关键菌群:** 牙龈卟啉单胞菌 (*P. gingivalis*)、脆弱拟杆菌 (*B. fragilis*) 在 CA1 中显著富集。
- **机制:** 上调 GABA 代谢通路，促进免疫抑制。
- **验证:** FISH 实验证实了这些菌在肿瘤组织中的原位定植。

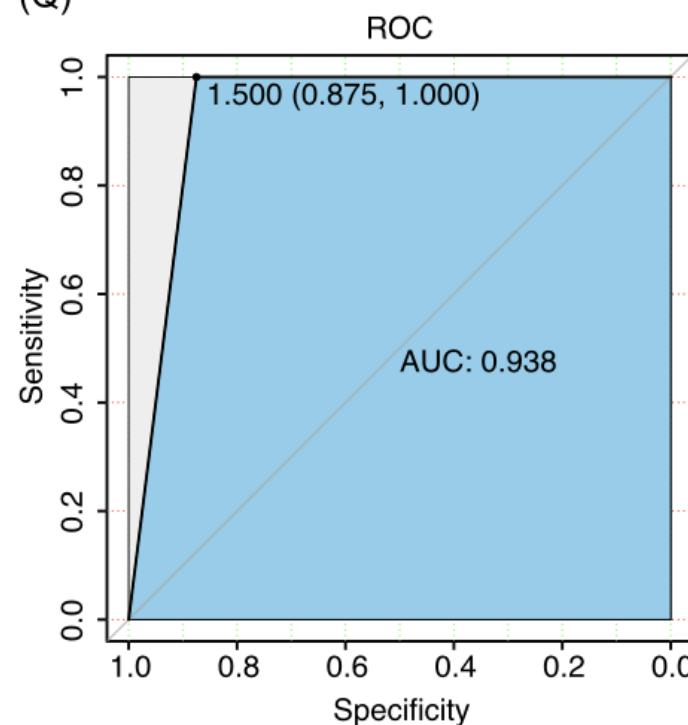


# 基于随机森林的临床预测模型及验证

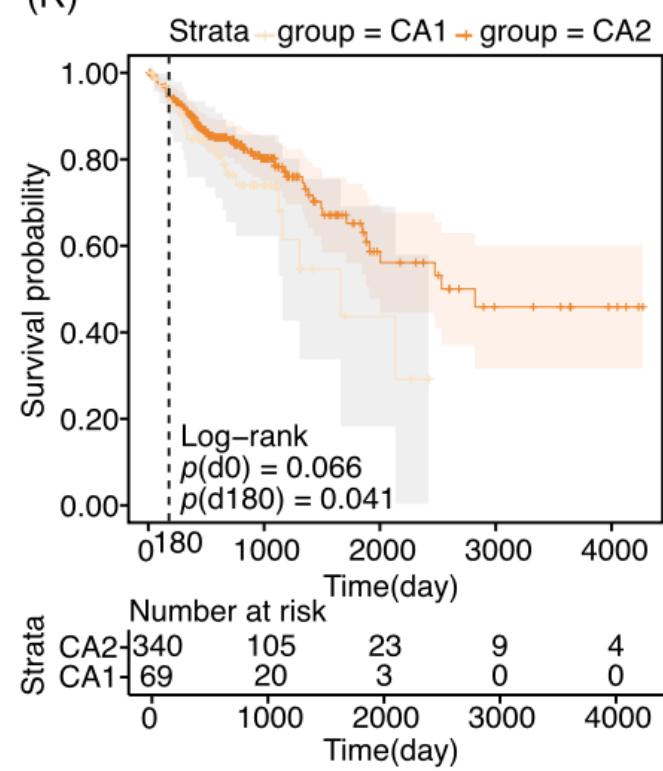
(P)



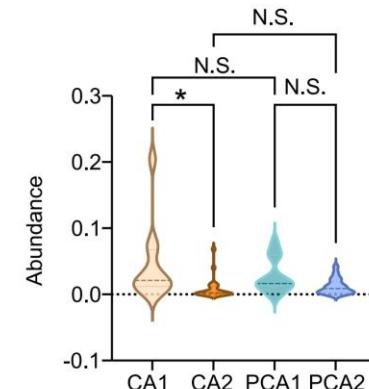
(Q)



(R)



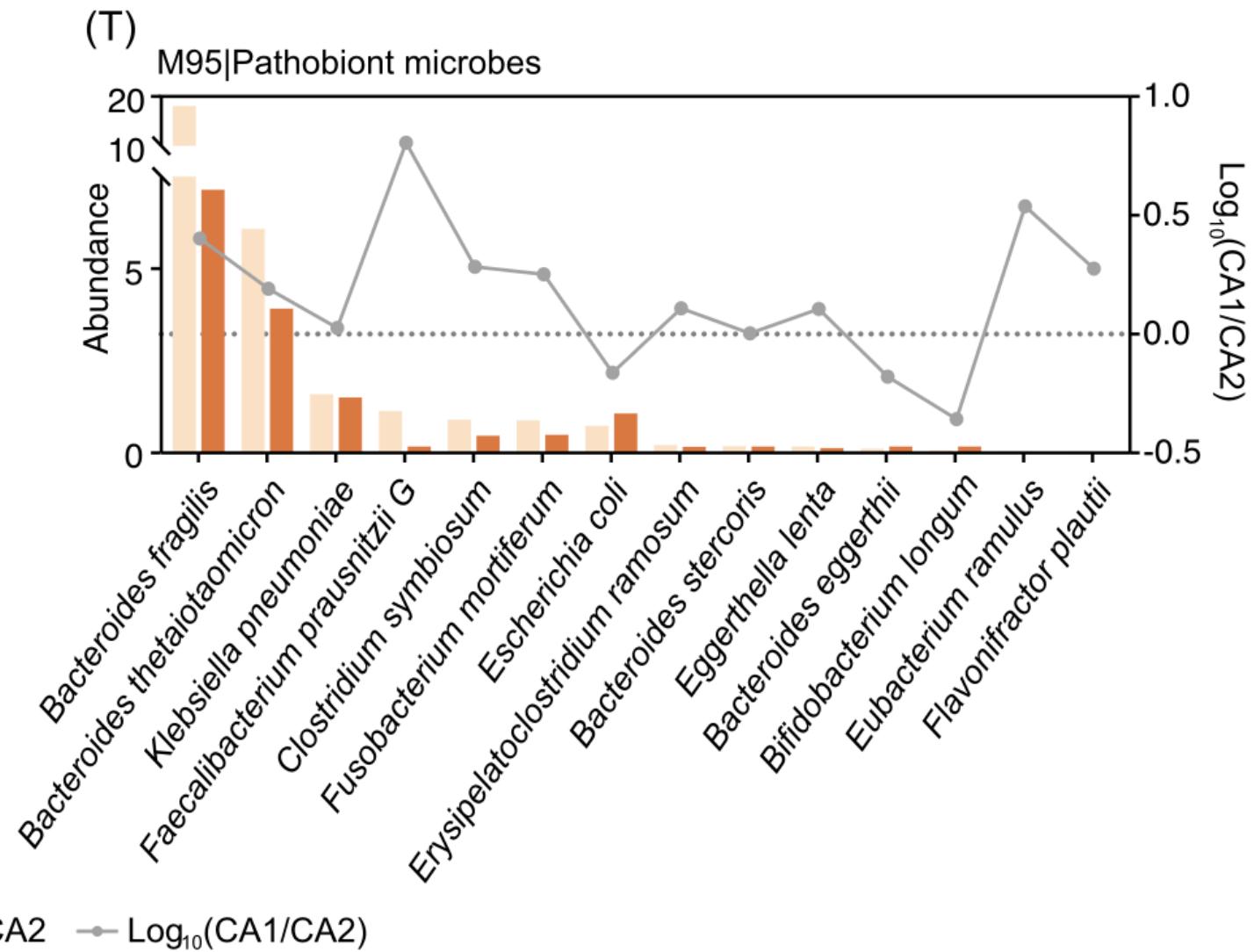
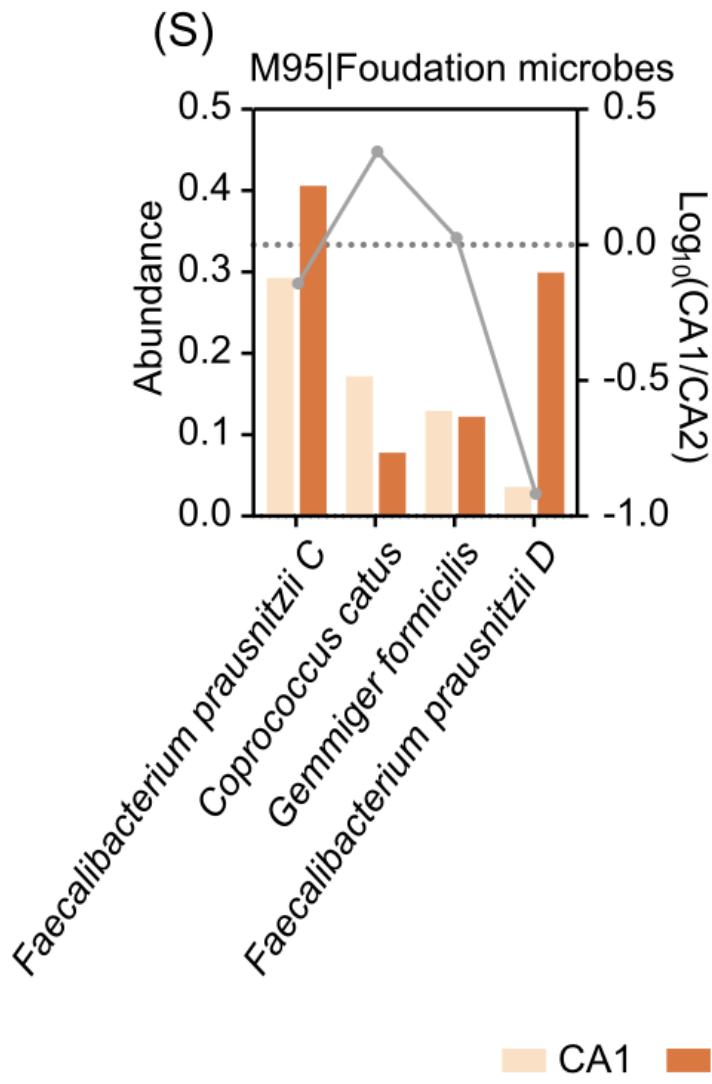
(O)



- **模型构建:** 筛选出 24 个特征基因，构建随机森林分类器。
- **准确性:** AUC 达到 0.938。



# 跨队列验证



CA2肿瘤富集“健康”基础微生物群，而CA1肿瘤则由致病共生菌主导。



# 总结

- **整合分型:** 结合转录组与原位微生物组, 识别出 CA1 和 CA2 两种 CRC 免疫亚型。
- **免疫特征:** CA1 亚型以高免疫浸润但伴随免疫耗竭（高检查点表达）为特征, 预后不良。
- **微生物驱动:** *P. gingivalis* 和 *B. fragilis* 等通过 GABA 代谢途径可能驱动了免疫抑制微环境的形成。
- **临床价值:** 构建的 24 基因分类模型可有效预测患者预后, 为靶向微生物辅助免疫治疗提供了新策略。

Shuting Xia, Likun Wang, Yangzhuo Xu, Jiaqi Zhang, Zeyang Zhou, Libing Sun, Heng Li, et al. 2025.  
Microbial Influences on Immune Modulation and Colorectal Cancer Progression Through Combined Transcriptomic  
and Microbiomic Analysis. *iMetaOmics* 2: e70072. <https://doi.org/10.1002/imo2.70072>



**iMeta(宏)**期刊是由宏科学、千名华人科学家和威立共同出版，对标**Cell**的生物/医学类综合期刊，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，重点关注生物技术、大数据和组学等前沿交叉学科。已被[SCIE](#)、[PubMed](#)等收录，最新IF 33.2，位列全球SCI期刊第65位(前千分之三)，中国第5位，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87天。

子刊*[iMetaOmics](#)* (宏组学)、*[iMetaMed](#)* (宏医学)定位IF>10和15的生物、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](mailto:office@imeta.science)  
[imetaomics@imeta.science](mailto:imetaomics@imeta.science)



[宣传片](#)



[iMeta](#)



更新日期  
2025/7/6