

消化系统疾病多学科研究专题

肠道微生物与炎症性肠病研究的可视化分析

黎隍敏¹, 胡昕月¹, 罗莲¹, 李爱玲^{2,3}, 钟晓琳¹(1. 西南医科大学附属医院 消化内科, 四川 泸州, 646000;
西南医科大学, 2. 公共卫生学院, 3. 循证医学中心, 四川 泸州, 646000)

摘要:目的 分析2013年1月—2022年10月肠道微生物与炎症性肠病(IBD)的研究热点和发展趋势。方法 通过Web of Science检索关于肠道微生物与IBD的文献,采用可视化软件CiteSpace、VOSviewer进行分析。结果 共检索到1 041篇文献,排除重复文献后,共纳入1 040篇。2021年发文数量达到最高峰。肠道微生物与IBD研究的主要研究者是XAVIER R J,共发表13篇文献。美国是发文量最多的国家,哈佛大学是发文最多的机构,PLoS One是该领域发表文献最多的期刊。“IBD”“克罗恩病”“肠道菌群”为该领域研究热点;“肠道屏障”“疗效”“稳态”为该领域研究前沿。结论 肠道微生物与IBD研究领域发展前景良好,该领域的研究可为IBD的治疗提供新思路。

关键词: 肠道微生物; 炎症性肠病; 文献计量学; 可视化分析; CiteSpace软件; VOSviewer软件

中图分类号: R 574; R 319 文献标志码: A 文章编号: 1672-2353(2023)09-076-06 DOI: 10.7619/jcmp.20223426

Visualization analysis in studies of gut microbes and inflammatory bowel disease

LI Limin¹, HU Xinyue¹, LUO Lian¹, LI Ailing^{2,3}, ZHONG Xiaolin¹

(1. Department of Gastroenterology, the Affiliated Hospital of Southwest Medical University, Luzhou, Sichuan, 646000; 2. School of Public Health, 3. Center for Evidence-based Medicine, Southwest Medical University, Luzhou, Sichuan, 646000)

Abstract: Objective To analyze the research hotspot and development trend of intestinal microbes and inflammatory bowel disease (IBD) from January 2013 to October 2022. **Methods** Literature on intestinal microbes and IBD was retrieved through Web of Science, and analyzed by visualization software CiteSpace and VOSviewer. **Results** A total of 1 041 literatures were retrieved and 1 040 were included after excluding duplicates. The number of publications reached its peak in 2021. XAVIER R J was the main researcher of the study on intestinal microbes and IBD, and a total of 13 papers had been published. The United States was the country with the most publications, Harvard University was the institution with the most publications, and PLoS One was the journal with the most publications in the field. The "IBD" "Crohn's disease" and "intestinal flora" were hot topics in this field, and "Intestinal barrier" "curative effect" as well as "homeostasis" were the research frontiers in this field. **Conclusion** The research on intestinal microbiome and IBD has a good prospect, and the research in this field can provide new ideas for the treatment of IBD.

Key words: gut microbes; inflammatory bowel disease; bibliometrics; visual analysis; CiteSpace software; VOSviewer software

炎症性肠病(IBD)是一种以肠道为代表的多系统受累的慢性非特异性炎症性疾病,包括克罗恩病和溃疡性结肠炎^[1]。IBD病因和发病机制尚不明确,多种因素参与其发病^[2-3],其中肠道微生物群在IBD的发生发展中起着重要作用。与健

康患者相比,多数IBD患者肠道微生物群的组成发生了变化,表现为具有抗炎能力的细菌减少和具有致炎能力的细菌增加^[4]。肠道微生物可以提高机体对肠道细菌的定植抵抗力。肠道微生态失调可能引起炎症因子异常表达,肠道微生物代

谢产物也可损害肠道黏膜使其屏障功能降低,从而诱发严重的炎症反应,导致 IBD 的发生。IBD 研究领域的文献来源、主题较丰富,但目前对于该研究领域文献的规律和趋势分析存在欠缺。因此,本研究采用文献计量分析软件 CiteSpace 和 VOSviewer 对 2013 年 1 月—2022 年 10 月的 IBD 相关文献进行回顾,以评估其发展背景、研究趋势和未来前沿。

1 资料与方法

1.1 数据来源

本文所有数据来源于 Web of Science 核心合集的 SCI-E 数据库。设置检索式: TS = [(microbiome * OR microbiota OR flora * OR microbe * OR mycobiome *) AND ("Crohn's disease" OR "Colitis, Ulcerative" OR "inflammatory bowel disease * " OR "Crohn's * " OR "ulcer * colitis")], 出版时间为 2013 年 1 月—2022 年 10 月,语言为英语,类型为论著,最终共获得 1 041 篇文献,文中所有数据均在 2022 年 10 月同一天提取,避免因数据库的每日更新导致误差发生。

1.2 方法

利用 Web of Science 数据库自带的分析功能对基金资助机构进行统计分析。在 WOS 核心数据库中将所有相关文献导出,并保存为纯文本格式,包括全记录与引用的参考文献。在 CiteSpace 软件中排除部分重复文献,利用 CiteSpace 软件及 VOSviewer 软件对国家、机构、期刊、作者合作关系及关键词进行可视化分析,以明确不同时期的研究热点及未来发展方向。

CiteSpace 创建的可视化图谱由节点和连线组成。图中的节点表示节点类型,如国家、机构、关键字。每个节点的大小代表频次,节点之间的连线代表合作、共引和共现关系。节点大小与其类型的频次呈正相关。连线代表节点之间的连接程度。中心度可用于表达节点的重要性。中心度越高,网络中通过该节点的连接数就越多,表示其地位越重要。一般中心度 > 0.1 的节点最外圈用紫色圆环标记^[5],表示该节点具有一定的影响力^[6-7]。

VOSviewer 可用于构建科学知识网络图谱,实现文献的聚类视图、叠加视图和密度视图,从而达到显示研究领域的结构、演变和合作的目的^[8]。

2 结果

本文共纳入了 1 040 篇来自 63 个国家 1 557

个机构的 6 773 位作者撰写的论文,发表在 408 种期刊杂志上,被 4 716 种期刊引用达 38 532 次。

2.1 发文量

本研究共纳入 1 040 篇文献,发文量可以反映特定时间段内相关领域的发展状况,体现出国家的科研水平能力和该领域被关注的程度^[9]。10 年间,IBD 与微生物研究的相关文献的年发文量呈现波动性,但均维持在 90 篇左右,2019—2020 年、2020—2021 年发文数量增长较快,2014 年发文量首次突破百篇,次年发文量下降至 91 篇,此后一直保持在 90 篇以上,2020 年发文量再次突破百篇,近 2 年发文量一直维持在百篇以上。见图 1。

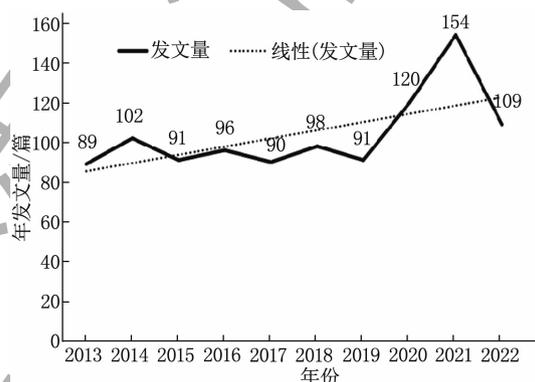


图 1 肠道微生物与 IBD 研究的发文量的变化趋势

2.2 国家及机构

近 10 年间,共有 63 个国家发表了肠道微生物与 IBD 相关研究的论文,其中发文量排名前 10 位的国家见表 1。美国和中国分别以 379 篇和 294 篇位居发文量的前 2 位,分别占总发文量的 36.44% 和 28.27%,远远高于位居第 3 位的加拿大(84 篇, 7.98%)。中国的总被引次数位于第 3 位,但篇均被引次数(21.56)位于发文量前 10 位国家的末位。

表 1 肠道微生物与 IBD 研究的发文量前 10 的国家

| 排名 | 国家 | 发文量 | 总被引频次 | 篇均被引次数 | 占比/% |
|----|------|-----|--------|--------|-------|
| 1 | 美国 | 379 | 27 138 | 71.60 | 36.44 |
| 2 | 中国 | 294 | 6 340 | 21.56 | 28.27 |
| 3 | 加拿大 | 83 | 4 024 | 48.48 | 7.98 |
| 4 | 德国 | 66 | 3 773 | 57.17 | 6.35 |
| 5 | 英国 | 53 | 2 990 | 56.42 | 5.10 |
| 6 | 日本 | 48 | 1 563 | 32.56 | 4.62 |
| 7 | 荷兰 | 47 | 2 870 | 61.06 | 4.52 |
| 8 | 澳大利亚 | 43 | 1 758 | 40.88 | 4.13 |
| 8 | 法国 | 43 | 2 360 | 54.88 | 4.13 |
| 10 | 意大利 | 42 | 1 285 | 30.60 | 4.04 |

运用 CiteSpace 软件对发文国家进行网络可视化分析,生成 N = 63, E = 296 的可视化图谱,见图 2。将图 2 的信息导出后得到国家发文中心度排名前 10 的国家,见表 2。

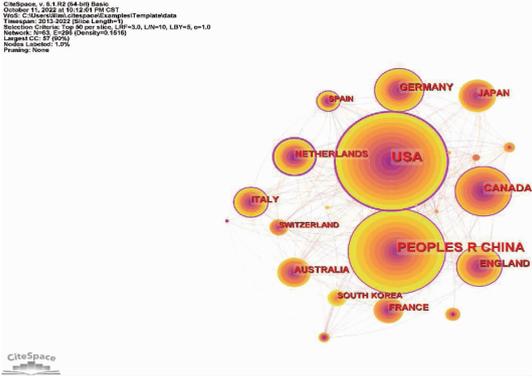


图 2 肠道微生物与 IBD 研究的国家可视化图谱

表 2 肠道微生物与 IBD 研究中心度前 10 的国家

| 排名 | 国家 | 年份 | 中心度 | 发文量/篇 |
|----|------|------|------|-------|
| 1 | 美国 | 2013 | 0.39 | 379 |
| 2 | 荷兰 | 2013 | 0.24 | 47 |
| 3 | 英国 | 2013 | 0.16 | 53 |
| 4 | 中国 | 2013 | 0.14 | 294 |
| 5 | 德国 | 2013 | 0.13 | 66 |
| 5 | 西班牙 | 2013 | 0.13 | 24 |
| 7 | 加拿大 | 2013 | 0.11 | 83 |
| 7 | 意大利 | 2013 | 0.11 | 42 |
| 9 | 日本 | 2013 | 0.10 | 48 |
| 10 | 澳大利亚 | 2013 | 0.07 | 43 |

利用 CiteSpace 生成 N = 331, E = 623 的机构可视化图谱,见图 3。发文量前 5 的机构分别是哈佛大学(21 篇)、哈佛医学院(19 篇)、芝加哥大学(17 篇)、贝勒医学院(16 篇)、麻省总医院(16 篇)。其中,中心度排名第 1 的是加州大学圣地亚哥分校,后面 4 位分别是中山大学、上海交通大学、天主教鲁汶大学、哈佛医学院,见表 3。

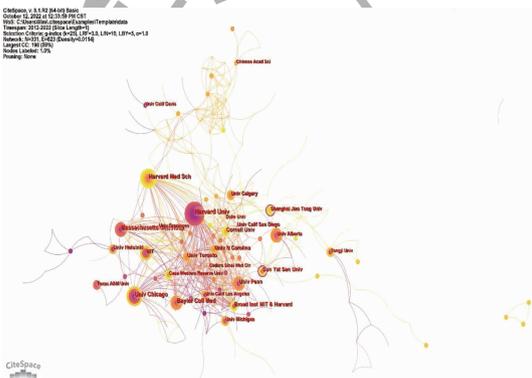


图 3 肠道微生物与 IBD 研究的发文机构的可视化图谱

表 3 肠道微生物与 IBD 研究中心度排名前 5 的机构

| 排名 | 机构 | 年份 | 中心度 | 发文量/篇 |
|----|-------------------------|------|------|-------|
| 1 | Univ Calif San Diego | 2018 | 0.13 | 10 |
| 2 | Sun Yat Sen Univ | 2016 | 0.10 | 14 |
| 2 | Shanghai Jiao Tong Univ | 2017 | 0.10 | 11 |
| 4 | Katholieke Univ Leuven | 2020 | 0.09 | 5 |
| 5 | Harvard Med Sch | 2016 | 0.08 | 19 |

2.3 作者

利用 VOSviewer 软件得到作者合作可视化图谱,见图 4,作者共被引排名前 5 的作者见表 4。SOKOL H 是共被引文量最高的作者,主要研究:① 阐明了肠道微生物群功能障碍机制以及微生物组学的最新进展^[10]。② 微生物代谢产物正丁酸盐可以抑制组蛋白脱乙酰酶的作用,如下调相关促炎介质(一氧化氮、白细胞介素-6 等)的表达水平,从而调节肠道中巨噬细胞的功能^[11]。③ 丁酸盐可影响上皮细胞的氧气消耗,且能够使缺氧诱导因子稳定,这表明丁酸盐的代谢与肠黏膜的屏障功能相关^[12]。影响力较高的作者是 XAVIER R J,主要研究内容为:① 总结 IBD 相关的微生物组学变化,阐明了微生物对 IBD 的保护或侵袭作用^[10, 13]。② 宿主的基因组学可以影响肠道微生物群,表明机体与微生物的相互作用对人体的健康更为有益^[14-15]。③ 通过基因组分析表明,微生物利用黏蛋白和代谢产物色氨酸的能力在 IBD 患者中降低,同时,色氨酸代谢产物吲哚丙烯酸的含量增多有利于抗炎作用^[16]。

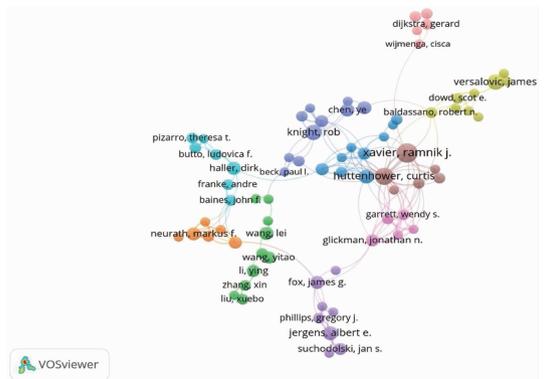


图 4 肠道微生物与 IBD 研究的作者合作可视化图谱

2.4 基金资助机构

该研究领域排名前 10 的基金资助机构中有 6 个位于美国,其中美国卫生及公众服务部以资助 259 篇位居第 1。第 2 名是美国国立卫生研究院,资助 257 篇。中国国家自然科学基金会资助 164 篇,位列第 3。这体现了美国和中国

在该领域的关注程度较高。

表 4 发文章和被引频次排名前 6 的作者

| 排名 | 作者 | 发文章/篇 | 排名 | 作者 | 共被引频次/次 |
|----|--------------------|-------|----|----------------------|---------|
| 1 | RAMNIK J XAVIER | 13 | 1 | HARRY SOKOL | 241 |
| 2 | EUGENE B CHANG | 10 | 2 | R BALFOUR SARTOR | 191 |
| 2 | HUTTENHOWER CURTIS | 10 | 3 | ALEXANDER SWIDSINSKI | 171 |
| 4 | WILLEM M DE VOS | 8 | 4 | J GREGORY CAPORASO | 159 |
| 4 | ROB KNIGHT | 8 | 4 | DANIEL N FRANK | 159 |
| 4 | JAMES VERSALOVIC | 8 | 6 | PETER J TURNBAUGH | 157 |

表 5 发文章排名前 10 位的基金资助机构

| 排名 | 基金资助机构 | 发文章/篇 | 构成比/% |
|----|--|-------|-------|
| 1 | United States Department Of Health Human Services | 259 | 24.90 |
| 2 | National Institutes Of Health Nih Usa | 257 | 24.71 |
| 3 | National Natural Science Foundation Of China Nsf | 164 | 15.77 |
| 4 | Nih National Institute Of Diabetes Digestive Kidney Diseases Niddk | 111 | 10.67 |
| 5 | Nih National Institute Of Allergy Infectious Diseases Niaid | 64 | 6.15 |
| 6 | European Commission | 57 | 5.48 |
| 7 | Nih National Cancer Institute Nci | 47 | 4.52 |
| 8 | Nih National Institute Of General Medical Sciences Nigms | 42 | 4.04 |
| 9 | German Research Foundation Dfg | 30 | 2.88 |
| 10 | Uk Research Innovation Ukri | 24 | 2.31 |

2.5 发文期刊

期刊是研究成果交流的媒介,在促进国际合作和科研能力进步的过程中起着重要作用^[17]。近 10 年,共有 408 种期刊发表了肠道微生物与 IBD 相关研究的论文,其中发文章量前 5 的期刊发表量均在 20 篇以上,占有发文章量的 16.15%,见表 6。*PLoS One* 是发文章量最多的期刊,共 47

篇。其次是 *Inflammatory Bowel Diseases* (36 篇)和 *Frontiers in Microbiology* (31 篇)。*Gastroenterology* 的篇均被引频次(146.76)最高。其中, Q1 区期刊是 4 种, Q2 区只有 1 种。影响因子介于 3.752 和 33.883 之间,其中又以 *Gastroenterology* 的影响因子为最高,通过分析可以得到这些期刊颇具影响力 and 权威性,受到学者们的广泛青睐。

表 6 微生物与 IBD 相关研究的发文章前 5 位期刊的各项指标

| 排名 | 期刊 | 发文章/篇 | 被引频次/次 | 篇均被引次数/次 | 2021 年影响因子 | JCR 分区 |
|----|-----------------------------------|-------|--------|----------|------------|--------|
| 1 | <i>PLoS One</i> | 47 | 1 669 | 35.51 | 3.752 | Q2 |
| 2 | <i>Inflammatory Bowel Disease</i> | 36 | 1 678 | 46.61 | 7.29 | Q1 |
| 3 | <i>Frontiers in Microbiology</i> | 31 | 774 | 24.97 | 6.064 | Q1 |
| 4 | <i>Gastroenterology</i> | 29 | 4 256 | 146.76 | 33.883 | Q1 |
| 5 | <i>Gut Microbes</i> | 25 | 941 | 37.64 | 9.434 | Q1 |

2.6 关键词分析

2.6.1 关键词共现图谱:运用 CiteSpace 软件绘制 N = 406, E = 3262 的关键词共现图谱,见图 5。频次前 10 的关键词是 inflammatory bowel disease (556)、Crohn's disease (286)、gut microbiota (263)、ulcerative colitis (259)、bacteria (103)、expression(97)、diversity (93)、fecal microbiota (86)、intestinal microbiota(86)、pathogenesis(78),见表 7。

October 13, 2022 at 12:28:47 PM CST
 URL: C:\Users\liu\Documents\CiteSpace\Temp\data
 Timespan: 200 (2000 Steps Lagged)
 Maximum Q: 0.95 (Q=0.95, L=0.1, M=0.1, N=10, LRF=5, U=1.6)
 Largest CC: 484 (94%)
 Modularity Q: 0.94
 Pruning: None

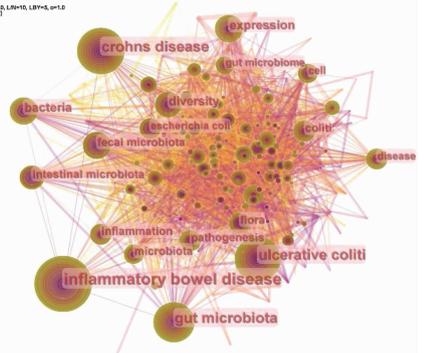


图 5 关键词共现可视化图谱

表 7 研究中排名前 10 位的关键词

| 排名 | 关键词 | 频次/次 | 中心度 |
|----|----------------------------|------|------|
| 1 | inflammatory bowel disease | 556 | 0.01 |
| 2 | Crohn's disease | 286 | 0.02 |
| 3 | gut microbiota | 263 | 0.02 |
| 4 | ulcerative colitis | 259 | 0.03 |
| 5 | bacteria | 103 | 0.02 |
| 6 | expression | 97 | 0.02 |
| 7 | diversity | 93 | 0.03 |
| 8 | fecal microbiota | 86 | 0.03 |
| 8 | intestinal microbiota | 86 | 0.03 |
| 10 | pathogenesis | 78 | 0.02 |

2.6.2 关键词实现: 通过 CiteSpace 关键词共检测到 35 个突现词, 见图 6。近 10 年间, 该领域最初的研究是黏膜相关微生物群和识别等, 维持了 1 年左右, 此后逐渐出现关于艰难梭菌感染、肠道通透性和基因层面的研究。几乎每年都会突现一些新的关键词, 均维持 1~2 年。近 2 年, 肠道屏障、疗效及内环境稳态成为了该领域的研究前沿。

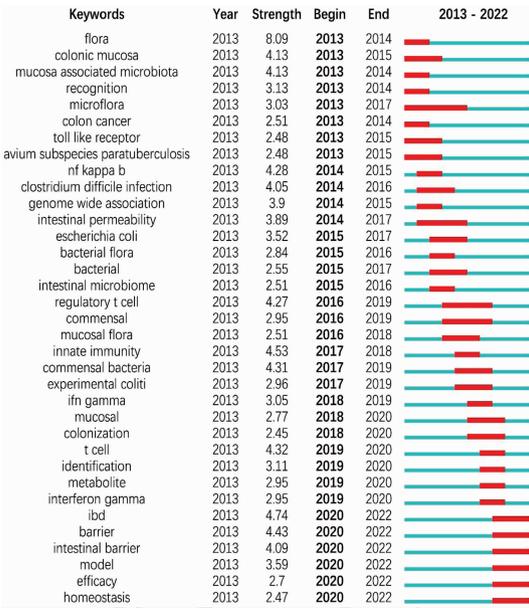


图 6 肠道微生物与 IBD 相关研究的 35 个突现关键词

3 讨论

通过分析可以得知, 荷兰、美国、英国等国家合作密切, 合作优势明显, 美国、中国、加拿大在肠道微生物与 IBD 的相关研究中担任着重要角色, 是该领域的中心力量。中国在该领域有较多的科研成果, 但成果的影响力和关注度相较于其他国家仍比较落后, 还有进一步提升空间。该领域的研究机构多是高校和医院, 发文量排名前 5 的都是国外研究机构, 与国内机构相比, 国外机构更具

影响力, 这可能与 IBD 在国外的发病率更高有关。加州大学圣地亚哥分校、中山大学、上海交通大学、天主教鲁汶大学、哈佛医学院的研究团队在该领域中合作性强, 在全球范围内存在普遍的合作联系。在肠道微生物与 IBD 的研究领域中, 中国的中山大学和上海交通大学的研究水平位于前列, 与其他机构合作紧密, 是国内该领域研究的“领军者”。

高频词能从某种意义上反映出—个研究领域的热点。本研究中排名前 10 的关键词分别是 IBD (inflammatory bowel disease)、克罗恩病 (Crohn's disease)、肠道菌群 (gut microbiota)、溃疡性结肠炎 (ulcerative colitis)、细菌 (bacteria)、表达 (expression)、多样性 (diversity)、粪便菌群 (fecal microbiota)、肠道菌群 (intestinal microbiota)、发病机制 (pathogenesis), 代表了近 10 年间的研究热点。肠道菌群是指机体内包含细菌、真菌等组成的微生物群落^[18], 肠道微生态失衡是指微生物的组成、丰度、多样性、代谢等发生改变^[19]。IBD 的发病机制尚不明确, 涉及到遗传、环境因素、肠道微生态及免疫失衡之间的复杂相互作用。细菌在 IBD 的进展中起着重要作用, 研究^[20]证明溃疡性结肠炎患者的粪便微生物群的组分与健康个体间存在差异。研究热点还包括关键词“表达”, 包含了各种实验中基因、蛋白、细菌代谢产物的表达情况, 如抗菌双氧化酶 (DUOX2) 表达的异常增加与溃疡性结肠炎和克罗恩病中蛋白细菌的扩张有关, 而脂蛋白 APOAI 基因的表达下调与克罗恩病特异性的厚壁菌属的改变有关^[21]。

突现词是在某一段时间内出现频率急剧上升的关键词, 其反映了某一领域的前沿动态。最早的突现词是结肠黏膜 (colonic mucosa)、黏膜相关微生物群 (mucosa associated microbiota)、识别 (recognition) 等, 后逐渐向艰难梭菌感染 (clostridium difficile infection)、肠道微生物组 (intestinal microbiome)、全基因组关联 (genome wide association) 等方面发展, IBD 患者的肠道菌群受多种因素影响, 包括遗传因素, 其中 16SrRNA 被应用于检测粪便微生物变化^[22-23]。近 2 年, 肠道屏障 (intestinal barrier)、疗效 (efficacy)、模型 (model) 及稳态 (homeostasis) 逐渐成为了研究前沿。肠道微生物与肠道黏膜之间维持着动态平衡, 肠道上皮屏障功能的损坏往往与微生态失衡, 尤其是产短链脂肪酸的微生物减少有关。研究^[24]表明, 微

生物代谢产物丁酸盐可以通过调节与肌动蛋白结合的突触蛋白的表达来实现维持肠道稳态的作用。研究^[25]证明,肠道微生物代谢产物能够增强内质网的稳态。“intestinal barrier”“efficacy”“homeostasis”是目前该领域的研究前沿。

本研究严格遵守了文献计量学的分析方法与策略,但仍存在一定局限性。本研究纳入的文献仅来源于 WOS 文献数据库中的英文论著,不包括综述、会议报告等,且并未检索其他相关的文献数据库,可能会导致数据不全面。其次,检索方式可能存在不完善情况,会造成文献遗漏,所以本研究的分析结果还需进一步完善。

参考文献

[1] SZIGETHY E, MCLAFFERTY L, GOYAL A. Inflammatory bowel disease [J]. *Child Adolesc Psychiatr Clin N Am*, 2010, 19(2): 301-318.

[2] MONTELEONE G, FINA D, CARUSO R, *et al.* New mediators of immunity and inflammation in inflammatory bowel disease [J]. *Curr Opin Gastroenterol*, 2006, 22(4): 361-364.

[3] KASER A, ZEISSIG S, BLUMBERG R S. Inflammatory bowel disease [J]. *Annu Rev Immunol*, 2010, 28: 573-621.

[4] FRANK D N, ST AMAND A L, FELDMAN R A, *et al.* Molecular-phylogenetic characterization of microbial community imbalances in human inflammatory bowel diseases [J]. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 2007, 104(34): 13780-13785.

[5] 杨坤, 甘丽华, 郭超峰. 基于 Citespace 软件的消化性溃疡研究的可视化分析 [J]. *实用临床医药杂志*, 2021, 25(5): 1-6.

[6] ZHENG K Y, WANG X Q. Publications on the association between cognitive function and pain from 2000 to 2018: a bibliometric analysis using CiteSpace [J]. *Med Sci Monit*, 2019, 25: 8940-8951.

[7] WAQAS A, TEOH S H, LAPÃO L V, *et al.* Harnessing telemedicine for the provision of health care: bibliometric and scientometric analysis [J]. *J Med Internet Res*, 2020, 22(10): e18835.

[8] VAN ECK N J, WALTMAN L. Software survey: VOSviewer, a computer program for bibliometric mapping [J]. *Scientometrics*, 2010, 84(2): 523-538.

[9] 张凯, 张晓勃, 施锦涛, 等. 间充质干细胞治疗椎间盘退行性疾病: 基于 Web of Science 数据库的文献计量及可视化分析 [J]. *中国组织工程研究*, 2021, 25(19): 3031-3038.

[10] ALEKSANDAR D, KOSTIC. The microbiome in inflammatory bowel disease: current status and the future ahead [J]. *Gastroenterology*, 2014, 146(6): 1489-1499.

[11] CHANG P V, HAO L M, OFFERMANN S, *et al.* The microbial metabolite butyrate regulates intestinal macrophage function via histone deacetylase inhibition [J]. *Proc Natl*

Acad Sci U S A, 2014, 111(6): 2247-2252.

[12] KELLY C J, ZHENG L, CAMPBELL E L, *et al.* Crosstalk between microbiota-derived short-chain fatty acids and intestinal epithelial HIF augments tissue barrier function [J]. *Cell Host Microbe*, 2015, 17(5): 662-671.

[13] HENKE M T, KENNY D J, CASSILLY C D, *et al.* *Ruminococcus gnavus*, a member of the human gut microbiome associated with Crohn's disease, produces an inflammatory polysaccharide [J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2019, 116(26): 12672-12677.

[14] BONDER M J, KURILSHIKOV A, TIGCHELAAR E F, *et al.* The effect of host genetics on the gut microbiome [J]. *Nat Genet*, 2016, 48(11): 1407-1412.

[15] CHU N D, CROTHERS J W, NGUYEN L T T, *et al.* Dynamic colonization of microbes and their functions after fecal microbiota transplantation for inflammatory bowel disease [J]. *mBio*, 2021, 12(4): e0097521.

[16] WŁODARSKA M, LUO C W, KOLDE R, *et al.* Indoleacrylic acid produced by commensal *Peptostreptococcus* species suppresses inflammation [J]. *Cell Host Microbe*, 2017, 22(1): 25-37. e6.

[17] 尹硕鑫, 张涛, 卢鑫, 等. 粪菌移植研究的文献计量学和可视化分析 [J]. *微生物学通报*, 2022, 49(7): 2875-2887.

[18] 陈琴, 娄龙, 杨文治, 等. 肠道菌群与溃疡性结肠炎相关性研究的文献计量及可视化分析 [J]. *微生物学通报*, 2022, 49(11): 4918-4933.

[19] WILSON B C, VATANEN T, CUTFIELD W S, *et al.* The super-donor phenomenon in fecal microbiota transplantation [J]. *Front Cell Infect Microbiol*, 2019, 9: 2.

[20] MACHIELS K, JOOSSENS M, SABINO J, *et al.* A decrease of the butyrate-producing species *Roseburia hominis* and *Faecalibacterium prausnitzii* defines dysbiosis in patients with ulcerative colitis [J]. *Gut*, 2014, 63(8): 1275-1283.

[21] HABERMAN Y, TICKLE T L, DEXHEIMER P J, *et al.* Pediatric Crohn disease patients exhibit specific ileal transcriptome and microbiome signature [J]. *J Clin Invest*, 2014, 124(8): 3617-3633.

[22] DI SEGNI A, BRAUN T, BENSOSHAN M, *et al.* Guided protocol for fecal microbial characterization by 16S rRNA-amplicon sequencing [J]. *J Vis Exp*, 2018(133): 56845.

[23] XIANG X W, ZHOU X L, WANG R, *et al.* Protective effect of tuna bioactive peptide on dextran sulfate sodium-induced colitis in mice [J]. *Mar Drugs*, 2021, 19(3): 127.

[24] WANG R X, LEE J S, CAMPBELL E L, *et al.* Microbiota-derived butyrate dynamically regulates intestinal homeostasis through regulation of actin-associated protein synaptopodin [J]. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 2020, 117(21): 11648-11657.

[25] KE X B, YOU K, PICHAUD M, *et al.* Gut bacterial metabolites modulate endoplasmic reticulum stress [J]. *Genome Biol*, 2021, 22(1): 292.