

消化道微生物对宠物健康的影响研究进展

张赛赛

上海宠济生物科技有限公司，上海

收稿日期：2025年8月12日；录用日期：2025年9月16日；发布日期：2025年9月25日

摘要

由于生活方式的相似性和持续的密切社会互动，人类和动物会经历许多相同的、受肠道菌群影响的多因素疾病。与微生物代谢物的生理相互作用遍及全身，几乎影响动物健康的方方面面。微生物组和代谢物组可以作为疾病风险和进展的生物标志物，也可以作为预防和治疗这些疾病的治疗靶点。本文重点介绍了肠道微生物对以猫和狗为代表的宠物胃肠道、行为、心血管和免疫健康的影响，旨在为利用宠物微生物实现疾病预防和治疗提供新思路。

关键词

宠物，消化道微生物，健康，肠道，免疫

Research Progress on the Impact of Gut Microbiota on Pet Health

Saisai Zhang

Shanghai Chongji Biotechnology Co., Ltd., Shanghai

Received: Aug. 12th, 2025; accepted: Sep. 16th, 2025; published: Sep. 25th, 2025

Abstract

Due to behavioral similarities and ongoing close social interactions, humans and animals experience many shared multifactorial diseases influenced by gut microbiota. Physiological interactions with microbial metabolites extend throughout the body, affecting nearly every aspect of animal health. The microbiome and microbiota can serve as biomarkers of disease risk and progression, as well as therapeutic targets for the prevention and treatment of these diseases. This article focuses on the impact of gut microbiota on gastrointestinal, behavioral, cardiovascular, and immune health in companion animals, particularly cats and dogs, aiming to provide new insights into the use of pet microbiota for disease prevention and treatment.

Keywords

Pet, Gut Microbiota, Health, Gut, Immune

Copyright © 2025 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

随着社会的发展, 宠物健康成为日益受到关注的研究领域。宠物与其主人之间的疾病病因通常极为相似[1], 这意味着宠物疾病研究可以适用于人类, 反之亦然。无论是人类还是宠物, 部分疾病的风险、发展和严重程度都受到一个共同因素的影响——即肠道微生物[2]。肠道微生物是栖息于人或动物胃肠道的微生物群落。不同物种之间, 甚至同一物种的不同个体之间的微生物群落也存在很大差异[3]。这些差异可归因于年龄和环境暴露(尤其是饮食)等因素。一个常见的误解是, 微生物是唯一的致病因素, 但事实上大多数微生物在维持宿主健康方面发挥着重要作用[4]。本文重点介绍了肠道微生物对以猫和狗为代表的宠物胃肠道、行为、心血管和免疫健康的影响, 旨在为利用宠物微生物实现疾病预防和治疗提供新思路。

2. 微生物群对宠物健康的影响

2.1. 对胃肠道健康的影响

在众多胃肠道疾病当中, 腹泻是宠物就诊的主要原因。腹泻的潜在病因多种多样, 包括微生物代谢物失调、药物和既往病史。腹泻会显著改变犬类的肠道菌群和代谢物, 为此, 人们开发了一种针对犬类的菌群失调指数, 以量化其与健康菌群的偏差[5], 从而指示可能出现的腹泻。但菌群失调指数可能过度概括微生物的作用, 并在微生物与疾病之间可能纯粹是相关的关系时将其归因于因果关系。例如, 艰难梭菌丰度较高可能表明菌群失调, 因为感染会导致宠物和人类出现严重的胃肠道症状[5]。然而, 一些健康个体的肠道中存在低水平的艰难梭菌, 这表明它们可能在共生菌群中发挥着尚未阐明的作用[6]。次级胆汁酸(SBA)是微生物代谢初级胆汁酸(动物产生的胆汁酸)的产物。SBA可能减轻犬的慢性腹泻, 因为腹泻犬体内平氏梭菌(*C. hiranonis*)的丰度较低, 而 *C. hiranonis* 是 SBA 合成的主要微生物[7]。胆汁酸失调也发生在患有慢性肠病的犬上, 表现在肠道收缩更频繁、胆汁酸转运蛋白表达降低以及产 SBA 的微生物(例如平阳梭菌和平阳肠杆菌)数量减少[8]。此外, 患有慢性肠病的猫也会出现胆汁酸失调[9], 这表明调节产 SBA 的微生物可能是治疗跨物种多因性腹泻的有效靶点。然而最近研究表明, 抗生素不仅对治疗腹泻无效, 反而常常会加重病情[7] [10] [11], 且抗生素的副作用即使在停药后仍会持续存在, 包括抗生素相关胃肠道症状(AAGS), 例如腹泻、厌食和呕吐[10] [12]。最近一项针对健康犬的研究表明, 在接受 7 天泰乐菌素抗生素治疗后, 其粪便初级胆汁酸水平持续升高 2 个月[10]; 此外, 使用抗生素会降低猫和犬体内 *C. hiranonis* 的丰度[7] [11], 表明抗生素可能会加剧导致腹泻的潜在病理生理过程。因此, 应根据具体情况谨慎使用抗生素, 而非将其作为腹泻的默认治疗方法。最近的一项研究发现, 粪菌移植可改善胆汁酸代谢, 并在抗生素诱发腹泻后增加 *C. hiranonis* 的丰度[7], 该技术可用于治疗多种疾病, 包括人类的艰难梭菌感染、腹泻以及多种肠易激综合征(IRS)合并症如抑郁和焦虑[13]。调节肠道菌群的另一种更便捷的方法是施用多菌株益生菌和合生元。Stokes 等研究了服用抗生素后患上 AAGS 的猫。经过 3 周的抗生

素治疗后,口服多菌株合生元可改善采食量并减少呕吐频率,但对腹泻没有影响[12]。在一项针对狗的平行实验中,与安慰剂相比,抗生素联合口服合生元(Provable-DC 和 Mycequin)可减轻腹泻的严重程度[14]。综上,由于多种因素导致腹泻,因此确定有效的治疗方法可能较为复杂,通过调节微生物群以改善腹泻潜在病因的治疗方法代表着一种有希望的新策略,可以有效缓解胃肠道疾病,同时避免不必要的副作用。

2.2. 对行为健康的影响

行为问题是宠物被送往收容所的主要原因,需要通过训练对其行为进行有效矫正。但如果主人缺乏经验、过于忙碌,或者宠物容易出现焦虑或反应性等行为问题,有效的训练就会变得尤为困难。因此,有必要寻找其他易于实施的方法来改善宠物的行为。最近关于肠脑轴的研究表明,宠物的饮食可能通过调节肠道微生物群显著影响行为[15]。Mondo 等[16]通过分析微生物组发现,恐惧症的犬肠道的乳酸杆菌水平升高,这种微生物已知通过协助产生抑制性神经递质 γ -氨基丁酸和调节免疫功能来调节行为。相反, Kirchoff 等的一项平行研究表明,25 种不同的乳酸杆菌在攻击性犬中的含量高于恐惧症犬。对 *Turicibacter* (一种对神经递质血清素有反应的微生物)也发现了类似的相反结果。许多 *Turicibacter* 属细菌在攻击性犬只肠道中丰度较高,而其他 *Turicibacter* 属细菌在非攻击性犬只中含量较高[17]。这种差异凸显了单纯使用测序数据的局限性,以及考虑到即使在同一个属内,微生物功能也存在巨大差异,加入微生物代谢物可以提供更清晰的结论。记忆使动物能够通过回忆先前被定义为可接受、不可接受、有益或令人沮丧的行为来调节情绪和行为。在 Kubinyi 等[15]的一项研究中,记忆力测试成绩较差的犬只肠道放线菌的相对丰度较高。以人类为对象的研究也表明,放线菌的相对丰度与阿尔茨海默病呈正相关。然而,鉴于放线菌是一个庞大的菌门,很难推测哪些代谢过程会导致这些微生物与记忆之间的关联。抑郁、焦虑和攻击性等行为问题复杂且受多种因素影响。虽然训练仍然是改善动物行为的有效策略,但正在进行的研究表明,某些微生物类群可能具有更大的影响力。正在进行的研究表明,益生菌、益生元或其他影响微生物组的疗法可能是促进伴侣动物行为健康的有效方法。然而,仍需要更多数据来确定此类干预措施的有效性。

2.3. 对心血管健康的影响

心血管疾病,例如粘液瘤性二尖瓣疾病(MMVD)会影响人类和动物的寿命,尤其是在合并肥胖或年老的情况下。能量代谢改变,尤其是心肌能量缺乏,会导致心脏病的发展[18]。多种微生物代谢物,包括氧化三甲胺(TMAO)、SBA 和 SCFA,在调节心脏功能方面发挥作用。三甲胺(TMA)是一种微生物代谢物,由细菌代谢肉碱、磷脂酰胆碱、甜菜碱和左旋肉碱等含氮化合物而产生,这些化合物在肉类、奶制品、鱼类和蛋类中含量丰富[19]。TMA 被吸收后,代谢为毒性化合物 TMAO,而三甲胺氧化物与 MMVD 的严重程度相关。值得注意的是,在患有 MMVD 的人类和犬只中,TMAO 水平与血浆三甲胺氧化物前体和大肠杆菌丰度(能够产生 TMA 的微生物)呈正相关[18] [19]。这些关联表明,减少饮食中的含氮前体可能是 MMVD 治疗的一个有潜力的研究方向。SBA 调节全身能量代谢,包括心血管系统。与健康犬相比,患有严重 MMVD 的犬体内 *C. hiranonis* 浓度较低[20]。正如“胃肠道健康”部分所述,*C. hiranonis* 的消耗与 SBA 下降有关。除了支持能量代谢外,SBA 还能抑制大肠杆菌生长,而大肠杆菌与 MMVD 的关系已在上文讨论过[19] [20]。因此,提高 SBA 水平可能是减缓 MMVD 发展和进展的多功能靶点。短链脂肪酸(SCFA)是微生物纤维发酵的最终产物,可能在调节 MMVD 中发挥重要作用。与健康犬相比,患有 MMVD 的犬体内产 SCFA 的微生物数量较低。尽管这些微生物的数量较低,但两组之间的粪便总 SCFA 浓度并无差异[20]。相反,这些微生物含量低可能是心血管疾病的结果,而非其诱因,这意味着微生物组的转变发生在 MMVD 发病后。尽管如此,增加产 SCFA 的菌种可能是 MMVD 的治疗靶点。总体而言,多种微生物代谢物影响着 MMVD 的每个阶段,从无症状到充血性心力衰竭。虽然需要进一步研究来确定

微生物组活性与 MMVD 之间的因果关系, 但增加微生物 SBA 和 SCFA 含量, 同时限制 TMA 和 TMAO 含量的饮食策略可能有益。

2.4. 对免疫功能的研究

免疫系统与所有器官的健康密切相关, 包括肠道。炎症性肠病(IBD)是一种非传染性疾病, 它以越来越快的速度影响人类和宠物健康。患有 IBD 的人和犬的肠道菌群发生了显著改变, 从而反过来影响免疫反应[21]。健康犬和 IBD 犬的肠道菌群存在显著差异, 这表明有可能通过调节肠道菌群来治疗 IBD。患有 IBD 的犬只的免疫球蛋白反应过度活跃, 这种反应还会针对肠道中的共生菌和有益健康的细菌[21]。目前尚不清楚病原体引起的胃肠道炎症是先于 IBD 发生, 还是晚于 IBD 发生。尽管如此, 患有 IBD 的人类和犬只的肠道菌群发生了显著改变, 这表明恢复平衡的菌群可能具有治疗潜力。益生菌可以促进肠道菌群的多样性和健康, 同时增强免疫功能。多菌株 Slab51 益生菌对患有 IBD 的犬具有抗炎作用[22]。有趣的是, Pahumunto 等[23]证明, 益生菌(副干酪乳杆菌、鼠李糖乳杆菌、发酵乳杆菌、鼠李糖乳杆菌)无论是以活细胞(益生菌)还是细胞壁提取物(后生元)的形式给药, 都能降低炎症细胞因子。这表明微生物的物理存在, 而不仅仅是代谢活动, 都具有抗炎作用。运输应激是猫腹泻、免疫激活和肠道通透性等 IBD 样症状的常见原因。He 等人的一项研究发现, 施用抗菌肽(AMP, 可杀灭或中和微生物的药物)可减少与肠道炎症呈正相关的拟杆菌和变形菌。AMP 还能减轻腹泻, 并增加艾森伯格菌(SCFA 产生菌)和布劳特菌[24](与炎症降低相关)的丰度。尽管猫肠道炎症是伴侣动物健康领域研究不足的领域, 但 AMP 的抗炎特性值得进一步研究。

3. 小结

伴侣动物的健康在很大程度上受到其肠道微生物群和器官系统之间多向通讯的影响。本综述重点介绍了肠道微生物群如何调节肠道、行为、心脏和免疫健康的例子。虽然微生物群与其伴侣动物宿主之间复杂的相互作用对于调节全身健康至关重要, 但这些相互作用背后的机制需要进一步研究。此外, 同一物种个体之间肠道微生物群的复杂性值得未来的研究, 以解决对饮食和其他微生物群靶向治疗的个性化反应, 以确保其最大程度的成功。与狗相比, 猫的研究通常不足, 因此很难概括健康结果。尽管如此, 这些研究强调, 微生物群对伴侣动物健康的调节作用比以前理解的要大, 因此可以作为这些复杂疾病治疗方案的一部分, 成为一个有希望的治疗靶点。

参考文献

- [1] Fong, I.W. (2017) Animals and Mechanisms of Disease Transmission. In: *Emerging Zoonoses*, Springer, 15-38. https://doi.org/10.1007/978-3-319-50890-0_2
- [2] Rindels, J.E. and Loman, B.R. (2024) Gut Microbiome—The Key to Our Pets' Health and Happiness? *Animal Frontiers*, **14**, 46-53. <https://doi.org/10.1093/af/vfae015>
- [3] Kuthyar, S. and Reese, A.T. (2021) Variation in Microbial Exposure at the Human-Animal Interface and the Implications for Microbiome-Mediated Health Outcome. *mSystems*, **6**, e00567-21. <https://doi.org/10.1128/msystems.00567-21>
- [4] Hou, K., Wu, Z.X., Chen, X.Y., *et al.* (2022) Microbiota in Health and Diseases. *Signal Transduction and Targeted Therapy*, **7**, Article No. 135. <https://doi.org/10.1038/s41392-022-00974-4>
- [5] AlShawaqfeh, M., Wajid, B., Minamoto, Y., Markel, M., Lidbury, J., Steiner, J., *et al.* (2017) A Dysbiosis Index to Assess Microbial Changes in Fecal Samples of Dogs with Chronic Inflammatory Enteropathy. *FEMS Microbiology Ecology*, **93**, fix136. <https://doi.org/10.1093/femsec/fix136>
- [6] Tian, T.T., Zhao, J.H., Yang, J., *et al.* (2016) Molecular Characterization of Clostridium Difficile Isolates from Human Subjects and the Environment. *PLOS ONE*, **11**, e0151964. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0151964>
- [7] Chaitman, J., Ziese, A., Pilla, R., Minamoto, Y., Blake, A.B., Guard, B.C., *et al.* (2020) Fecal Microbial and Metabolic Profiles in Dogs with Acute Diarrhea Receiving Either Fecal Microbiota Transplantation or Oral Metronidazole. *Frontiers*

- in *Veterinary Science*, **7**, Article 192. <https://doi.org/10.3389/fvets.2020.00192>
- [8] Guard, B.C., Honneffer, J.B., Jergens, A.E., Jonika, M.M., Toresson, L., Lawrence, Y.A., *et al.* (2019) Longitudinal Assessment of Microbial Dysbiosis, Fecal Unconjugated Bile Acid Concentrations, and Disease Activity in Dogs with Steroid-Responsive Chronic Inflammatory Enteropathy. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, **33**, 1295-1305. <https://doi.org/10.1111/jvim.15493>
 - [9] Sung, C., Pilla, R., Marsilio, S., Chow, B., Zornow, K.A., Slovak, J.E., *et al.* (2023) Fecal Concentrations of Long-Chain Fatty Acids, Sterols, and Unconjugated Bile Acids in Cats with Chronic Enteropathy. *Animals*, **13**, Article 2753. <https://doi.org/10.3390/ani13172753>
 - [10] Manchester, A.C., Webb, C.B., Blake, A.B., Sarwar, F., Lidbury, J.A., Steiner, J.M., *et al.* (2019) Long-Term Impact of Tylosin on Fecal Microbiota and Fecal Bile Acids of Healthy Dogs. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, **33**, 2605-2617. <https://doi.org/10.1111/jvim.15635>
 - [11] Stavroulaki, E.M., Suchodolski, J.S., Pilla, R., Fosgate, G.T., Sung, C., Lidbury, J.A., *et al.* (2021) Short- and Long-Term Effects of Amoxicillin/Clavulanic Acid or Doxycycline on the Gastrointestinal Microbiome of Growing Cats. *PLOS ONE*, **16**, e0253031. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0253031>
 - [12] Stokes, J.E., Price, J.M. and Whittemore, J.C. (2017) Randomized, Controlled, Crossover Trial of Prevention of Clindamycin-Induced Gastrointestinal Signs Using a Synbiotic in Healthy Research Cats. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, **31**, 1406-1413. <https://doi.org/10.1111/jvim.14795>
 - [13] Lin, H., Guo, Q., Wen, Z., Tan, S., Chen, J., Lin, L., *et al.* (2021) The Multiple Effects of Fecal Microbiota Transplantation on Diarrhea-Predominant Irritable Bowel Syndrome (IBS-D) Patients with Anxiety and Depression Behaviors. *Microbial Cell Factories*, **20**, Article No. 233. <https://doi.org/10.1186/s12934-021-01720-1>
 - [14] Whittemore, J.C., Moyers, T.D. and Price, J.M. (2019) Randomized, Controlled, Crossover Trial of Prevention of Antibiotic-Induced Gastrointestinal Signs Using a Synbiotic Mixture in Healthy Research Dogs. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, **33**, 1619-1626. <https://doi.org/10.1111/jvim.15553>
 - [15] Kubinyi, E., Bel Rhali, S., Sándor, S., Szabó, A. and Felföldi, T. (2020) Gut Microbiome Composition Is Associated with Age and Memory Performance in Pet Dogs. *Animals*, **10**, Article 1488. <https://doi.org/10.3390/ani10091488>
 - [16] Mondo, E., Barone, M., Soverini, M., D'Amico, F., Cocchi, M., Petrulli, C., *et al.* (2020) Gut Microbiome Structure and Adrenocortical Activity in Dogs with Aggressive and Phobic Behavioral Disorders. *Heliyon*, **6**, e03311. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2020.e03311>
 - [17] Kirchoff, N.S., Udell, M.A.R. and Sharpton, T.J. (2019) The Gut Microbiome Correlates with Conspecific Aggression in a Small Population of Rescued Dogs (*Canis familiaris*). *Peer Journal*, **7**, e6103. <https://doi.org/10.7717/peerj.6103>
 - [18] Li, Q., Larouche-Lebel, É., Loughran, K.A., Huh, T.P., Suchodolski, J.S. and Oyama, M.A. (2021) Metabolomics Analysis Reveals Deranged Energy Metabolism and Amino Acid Metabolic Reprogramming in Dogs with Myxomatous Mitral Valve Disease. *Journal of the American Heart Association*, **10**, e018923. <https://doi.org/10.1161/jaha.120.018923>
 - [19] Karlin, E.T., Rush, J.E. and Freeman, L.M. (2019) A Pilot Study Investigating Circulating Trimethylamine-N-Oxide and Its Precursors in Dogs with Degenerative Mitral Valve Disease with or without Congestive Heart Failure. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, **33**, 46-53. <https://doi.org/10.1111/jvim.15347>
 - [20] Li, Q., Larouche-Lebel, É., Loughran, K.A., Huh, T.P., Suchodolski, J.S. and Oyama, M.A. (2021) Gut Dysbiosis and Its Associations with Gut Microbiota-Derived Metabolites in Dogs with Myxomatous Mitral Valve Disease. *mSystems*, **6**, e00111-e00121. <https://doi.org/10.1128/msystems.00111-21>
 - [21] Soontarak, S., Chow, L., Johnson, V., Coy, J., Webb, C., Wennogle, S., *et al.* (2019) Humoral Immune Responses against Gut Bacteria in Dogs with Inflammatory Bowel Disease. *PLOS ONE*, **14**, e0220522. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0220522>
 - [22] Rossi, G., Pengo, G., Galosi, L., *et al.* (2020) Effects of the Probiotic Mixture Slab51® (SivoMixx®) as Food Supplement in Healthy Dogs: Evaluation of Fecal Microbiota, Clinical Parameters and Immune Function. *Frontiers in Veterinary Science*, **7**, Article 613. <https://doi.org/10.3389/fvets.2020.00613>
 - [23] Pahumunto, N., Duangnumsaeng, Y. and Teanpaisan, R. (2022) Effects of Potential Probiotics on the Expression of Cytokines and Human β -Defensins in Human Gingival Epithelial Cells and *in Vivo* Efficacy in a Dog Model. *Archives of Oral Biology*, **142**, Article 105513. <https://doi.org/10.1016/j.archoralbio.2022.105513>
 - [24] He, S., Yang, K., Wen, J., Kuang, T., Cao, Z., Zhang, L., *et al.* (2023) Antimicrobial Peptides Relieve Transportation Stress in Ragdoll Cats by Regulating the Gut Microbiota. *Metabolites*, **13**, Article 326. <https://doi.org/10.3390/metabo13030326>