

• 论 著 •

72 例腹泻型肠易激综合症患者肠道菌群的 16S rDNA 高通量测序结果分析

李凤鸣

福建医科大学附属龙岩市第一医院内窥镜室 福建龙岩 364000

【摘要】目的 研究腹泻型肠易激综合症 (IBS) 患者肠道菌群的 16S rDNA 高通量测序结果。**方法** 整理本院 72 例腹泻型肠易激综合症患者的资料 (2023.10~2025.3), 进行研究。另纳入同期 50 例健康体检者加入研究。所有研究对象均进行 16S rDNA 高通量测序。**结果** 肠易激组有效序列为 (55751±9768) 条, 正常组有效序列为 (64586±16754) 条。两组覆盖率无显著差异 ($P > 0.05$)。肠易激组中产碱菌科相对丰度为 0.02 ± 0.01 , 毛螺菌科为 0.01 ± 0.01 , 理研菌科为 0.02 ± 0.01 , 瘤胃菌科为 0.01 ± 0.01 。正常组中各菌科的相对丰度均显著高于肠易激组, 其中产碱菌科为 0.07 ± 0.02 , 毛螺菌科为 0.06 ± 0.01 , 理研菌科为 0.06 ± 0.02 , 瘤胃菌科为 0.07 ± 0.02 。两组间在各菌科丰度上均存在显著差异。**结论** 腹泻型 IBS 患者, 存在明显的肠道菌群失调, 可能与腹泻型 IBS 发生发展密切相关。

【关键词】 腹泻型肠易激综合症; 肠道菌群; 16S rDNA 高通量测序; 菌群失调; 多样性

【中图分类号】 R574

【文献标识码】 A

【文章编号】 1009-4393 (2025) 28-014-02

【基金项目】 龙岩市科技计划项目 (项目编号: 2022LYF17022); 龙岩市科技计划项目 (项目编号: 2022LYF17114)

肠易激综合症 (IBS) 是临床常见的功能性胃肠病, 以腹痛、腹部不适伴排便习惯改变为主要特征, 且缺乏可解释这些症状的形态学和生化异常, 腹泻型是其中较为常见的亚型, 患者常出现反复发作的腹泻、急迫感, 严重影响生活质量^[1]。IBS 的病因和发病机制至今尚未完全阐明, 普遍认为是遗传、环境、心理、感染、免疫和肠道微生态等多因素共同作用的结果。近年来, 随着微生物组学技术的飞速发展, 肠道菌群在 IBS 发病中的作用日益受到重视。肠道菌群作为复杂的微生态系统, 参与宿主的营养代谢、免疫调节、肠道屏障维护以及神经信号传导等多种生理过程。任何导致肠道菌群稳态破坏的因素, 都可能引发或加剧肠道动力异常、内脏高敏感、免疫激活和肠粘膜屏障功能障碍^[2-3]。16S rDNA 高通量测序技术通过对细菌 16S 核糖体 RNA 基因的特定保守区域进行测序, 能够无需培养、快速、精准地对复杂环境中的微生物群落进行鉴定和定量分析, 已成为研究肠道菌群结构最有力的工具之一。基于此, 本文围绕腹泻型 IBS 患者肠道菌群的 16S rDNA 高通量测序结果展开探讨, 报告如下。

1 资料与方法

1.1 临床资料

选取时间区间 2022.9~2024.9。纳入 IBS 患者 72 例。诊断标准: 符合腹泻型 IBS 诊断标准; 排除近 4 周内使用过抗生素、益生元、益生菌、微生态制剂者; 排除伴有器质性胃肠道疾病者; 排除伴有严重心、肝、肾、内分泌及免疫系统疾病者; 排除胃肠道手术史者。同期招募 50 例于本院进行健康体检的志愿者。检查排除胃肠道疾病及其他严重系统性疾病, 且无 IBS 相关症状。组间临床资料对比结果 $P > 0.05$, 可比较。本研究经单位伦理委员会批准同意。

1.2 方法

所有研究对象均进行 16S rDNA 高通量测序检查。使用无菌粪便采集管收集晨起新鲜粪便样本, 并于 2 小时内置于 -80°C 超低温冰箱中冷冻保存至 DNA 提取。采用粪便基因组 DNA 提取试剂盒, 提取样本总 DNA, 确保 DNA 质量符合建库要求。以提取的基因组 DNA 为模板, 使用带 Barcode 的特异性引物对细菌 16S rDNA 基因的 V3-V4 高变区进行 PCR 扩增。PCR 产

物经纯化回收后, 使用 Illumina NovaSeq 6000 测序平台进行双端测序。对下机的原始测序数据进行质控过滤, 去除低质量序列、嵌合体, 得到有效序列。

1.3 观察指标

(1) 基因测序: 对比组间测得的有效序列及覆盖率。(2) 肠道菌科水平: 对比组间肠道菌科水平丰度。

1.4 统计学方法

以 SPSS27.0 软件完成数据统计分析, 计量资料比较采用 t 检验, 计数资料比较采用 χ^2 检验, $P < 0.05$ 表示差异显著。

2 结果

2.1 基因测序结果

肠易激组有效序列为 (55751±9768) 条, 正常组有效序列为 (64586±16754) 条。两组覆盖率无显著差异 ($P > 0.05$)。

表 1: 基因测序结果

组别	例数	有效序列	覆盖率
肠易激组	72	55751±9768	0.95±0.01
正常组	50	64586±16754	0.97±0.02

2.2 肠道菌科水平

肠易激组 ($n=72$) 中产碱菌科相对丰度为 0.02 ± 0.01 , 毛螺菌科为 0.01 ± 0.01 , 理研菌科为 0.02 ± 0.01 , 瘤胃菌科为 0.01 ± 0.01 。正常组 ($n=50$) 中各菌科的相对丰度均显著高于肠易激组, 其中产碱菌科为 0.07 ± 0.02 , 毛螺菌科为 0.06 ± 0.01 , 理研菌科为 0.06 ± 0.02 , 瘤胃菌科为 0.07 ± 0.02 。两组间在各菌科丰度上均存在显著差异。

表 2: 肠道菌科水平 ($\bar{x} \pm s$)

组别	例数	产碱菌科	毛螺菌科	理研菌科	瘤胃菌科
肠易激组	72	0.02 ± 0.01	0.01 ± 0.01	0.02 ± 0.01	0.01 ± 0.01
正常组	50	0.07 ± 0.02	0.06 ± 0.01	0.06 ± 0.02	0.07 ± 0.02
t		18.209	27.161	14.567	21.850
p		0.000	0.000	0.000	0.000

3 讨论

腹泻型 IBS 核心症状包括反复发作的腹痛、腹部不适与排便习惯改变, 并以腹泻为主要临床表现。传统微生物学研

究方法因受限于培养条件,难以全面评估肠道微生态的真实状况^[4-5]。16S rDNA 高通量测序,能够系统、全面地分析复杂微生物群落的组成与结构。应用该技术对腹泻型 IBS 患者肠道菌群进行解析,其重要性在于能够从微生物群落整体层面揭示其与疾病状态的相关性,将疾病表征与微观生态联系起来。这有助于明确腹泻型 IBS 相关的特异性菌群结构改变,为探索其发病机制、发现潜在的微生物诊断标志物以及开发针对性的微生态调节疗法提供关键的科学依据。

本研究通过对两组样本进行基因测序,获得了用于后续分析的有效序列数据。结果显示,正常组的有效序列数量为 64586 ± 16754 条,而肠易激组的有效序列数量为 55751 ± 9768 条,正常组的序列数量高于肠易激组。这一差异可能源于样本本身 DNA 提取效率或起始样本中微生物生物量的不同。两组数据的覆盖率无显著差异 ($P > 0.05$),肠易激组覆盖率为 0.95 ± 0.01 ,正常组为 0.97 ± 0.02 ,均达到了极高的水平。这表明尽管有效序列数量存在差异,但本次测序的深度和广度已足以覆盖样本中绝大多数微生物物种,保证了后续菌群结构分析结果的可靠性和可比性,排除了因测序深度不足导致结论偏差的可能性。

在科水平上,研究发现正常组中产碱菌科、毛螺菌科、理研菌科和瘤胃菌科的相对丰度均显著高于肠易激组。差异可能与肠易激综合征的病理生理机制密切相关。毛螺菌科和瘤胃菌科是肠道中重要的共生菌,主要负责膳食纤维的发酵,产生短链脂肪酸等有益代谢产物,这对于维持肠黏膜屏障完整性、抑制炎症和调节肠道运动至关重要^[6]。以上菌群的显

著减少,可能导致肠道内有益代谢物水平下降,肠道屏障功能受损,并与内脏高敏感性和胃肠动力异常相关联,从而共同参与了肠易激综合征的症状产生。

综上,本研究结果表明腹泻型 IBS 与肠道菌群失调存在关联,特定功能菌群的缺失可能是推动 IBS 发生发展的关键环节,为未来开发针对性的微生态调节疗法提供了理论依据。

参考文献:

[1] 傅伟强,黄才斌.粪菌移植治疗腹泻型肠易激综合征研究进展[J].实用临床医学,2022,23(3):122-127.

[2] 孙聪颖,钟鑫勤,赵玉翠,等.天然法尼醇 X 受体激动剂对腹泻型肠易激综合征的治疗潜力[J].中南药学,2024,22(12):3295-3303.

[3] 曾馨苑,吴严玮.益生菌联合复方谷氨酰胺和马来酸曲美布汀治疗腹泻型肠易激综合征的疗效观察[J].中国处方药,2024,22(11):105-107.

[4] 张佳河,祝旺,杨希玲,等.基于 UHPLC-QE-MS、网络药理学及实验验证探讨肠安菌泰治疗肝郁脾虚型腹泻型肠易激综合征的作用机制[J].中药新药与临床药理,2025,36(4):564-575.

[5] 李佳灿,彭卓翥,李桂贤,等.基于孟德尔随机化和 GWAS 数据的肠道菌群与肠易激综合征的因果关系探讨[J].中国医药导刊,2025,27(6):606-614.

[6] 惠馨,白欣,郑亚,等.肠易激综合征患者血清 NQO1、AOPP 水平与肠道菌群、肠道症状严重性的关系[J].转化医学杂志,2025,14(1):21-25,41.

(上接第 12 页)

清热利湿之法治疗肛周湿疹。考虑风、湿、热三气为湿疹病机的特点进行治疗,体现了中医治病求本、辨证论治这一基本治疗原则。治疗组与对照组总有效率比较有统计学差异 ($P < 0.05$),说明在湿疹治疗方面,中医根据辨证组方外洗加枸地氯雷他定治疗疗效优于单纯西药对照组。

参考文献:

[1] 赵辨,张振楷,倪容之,等.临床皮肤病学(第 3 版)[M].

南京:江苏科学技术出版社,2001:604-607.

[2] 李曰庆.中医外科学[M].北京:中国中医药出版社,2002:195.

[3] 郑筱萸.中药新药临床研究指导原则(试行)[S].北京:中国医药科技出版社,2002:295-298.

[4] 邓韵珊.自拟湿疹止痒汤治疗湿热型湿疹临床观察[D].广州:广州中医药大学,2017.

(上接第 13 页)

管生成因子)可以有效地抑制血管的内皮细胞的增殖^[5],进而抑制癌细胞的增生^[6]。本次研究主要探讨探讨恩度联合化疗在晚期胃癌治疗中的临床疗效及毒副反应发生率影响观察。选取本院 2018.2-2019.4 年段中的 100 例晚期胃癌的患者进行随机分组,分为对照组和观察组。结果得知:观察组的临床疗效较对照组有优势, $P < 0.05$;化疗后观察组的毒副反应、VEGF 水平明显低于对照组, $P < 0.05$ 。因此可以知道恩度联合化疗在晚期胃癌患者应用疗效十分明显,可以明显的提高治疗的临床疗效,同时可以有效地降低毒副反应的发生率。

总之,运用恩度联合化疗在晚期胃癌患者应用疗效的效果显著,可以改善患者的病情情况和提高患者的生活质量,降低副作用的发生。

参考文献:

[1] 肖芳芳,郭茜,齐秀恒.恩度联合紫杉醇、卡培他滨治疗晚期胃癌合并腹膜转移的疗效分析[J].癌症进展,2025,23(4):69-72.

[2] 帖晓静,屈福莲,申风乾,etal.恩度联合化疗的胃癌患

者外周血中 CD105、CD4+CD25+Foxp3+Treg 的表达及意义[J].医学理论与实践,2024,37(13):1886-1888.

[3] 庞凌坤,蒋志庆,田小林.恩度联合奥沙利铂对裸鼠胃癌种植瘤的抑制作用研究[J].川北医学院学报,2025,40(5):666-669.

[4] 宋博,张恩勇,周志华,etal.恩度联合 5-氟尿嘧啶、顺铂腹腔灌注对胃癌恶性腹水患者腹腔灌洗液中恶性分子含量的影响[J].海南医学院学报,2022,28(12):1676-1679.

[5] Wenping Fan,Hui Zhang. The inverse problem and the second order θ scheme with finite element method used for 2D nonlinear space fractional Schrödinger equation[J]. Applied Mathematics Letters,2022,98.

[6] Xiangnan Wu,Yuanyuan Ma,Helin Chen,Zhichao Hao,Naichuan Su,Xiaoyu Li,Jiefei Shen,Hang Wang. Lysophosphatidic acid induces interleukin-6 and CXCL15 secretion from MLO-Y4 cells through activation of the LPA 1 receptor and PKC θ signaling pathway[J]. International Immunopharmacology,2024,74.