



miR-595、miR-1246在溃疡性结肠炎血清中的表达及其与肠道菌群相关性研究

孟娟娟, 胡海波, 闫彩文

引用本文:

孟娟娟,胡海波,闫彩文. miR-595、miR-1246在溃疡性结肠炎血清中的表达及其与肠道菌群相关性研究[J]. 蚌埠医学院学报, 2024, 49(2): 204-207.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.13898/j.cnki.issn.1000-2200.2024.02.014>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

早期超声引导腹腔穿刺引流对重症急性胰腺炎病人肠道细菌移位及细胞因子的影响

Effect of early ultrasound-guided abdominal puncture and drainage on intestinal bacterial translocation and cytokines in patients with severe acute pancreatitis

蚌埠医学院学报. 2021, 46(7): 893-896 <https://doi.org/10.13898/j.cnki.issn.1000-2200.2021.07.013>

带状疱疹病人血清NSE、T细胞亚群、炎性细胞因子变化与疼痛的相关性研究

Correlation between changes of serum NSE, T cell subsets, inflammatory cytokines and pain in patients with herpes zoster

蚌埠医学院学报. 2021, 46(9): 1161-1164 <https://doi.org/10.13898/j.cnki.issn.1000-2200.2021.09.003>

lncRNA EGOT靶向miR-320a对LPS诱导肺泡上皮细胞炎症反应和细胞凋亡的影响

Effect of lncRNA EGOT on LPS-induced inflammation and apoptosis of alveolar epithelial cells by targeting miR-320a

蚌埠医学院学报. 2021, 46(10): 1325-1330 <https://doi.org/10.13898/j.cnki.issn.1000-2200.2021.10.001>

miR-432、miR-646和miR-100在骨肉瘤细胞中的表达

Expression and clinical significance of miR-432, miR-646 and miR-100 in osteosarcoma cells

蚌埠医学院学报. 2020, 45(12): 1646-1650, 1654 <https://doi.org/10.13898/j.cnki.issn.1000-2200.2020.12.014>

IL-6、TNF- $\alpha$ 与APACHE II评分判断ICU老年重症感染病人预后的价值

Prognostic value of the levels of IL-6 and TNF- $\alpha$ , and APACHE II score in elderly patients with severe infection in ICU

蚌埠医学院学报. 2020, 45(8): 1048-1050 <https://doi.org/10.13898/j.cnki.issn.1000-2200.2020.08.015>

# miR-595、miR-1246 在溃疡性结肠炎血清中的表达及其与肠道菌群相关性研究

孟娟娟, 胡海波, 闫彩文

(山西省长治市人民医院 消化内科, 046000)

**[摘要]** **目的:** 探讨 miR-595、miR-1246 在溃疡性结肠炎血清中的表达及其与肠道菌群相关性。**方法:** 选取溃疡性结肠炎病人 160 例作为观察组, 并根据疾病活动性分为活动期 (aUC 组) 和缓解期 (rUC 组), 各 80 例。同期选取健康体检者 158 名作为对照组。采用实时荧光定量 PCR 法检测各组血清中 miR-595、miR-1246 表达水平; 采用 ELISA 法检测各组血清肿瘤坏死因子- $\alpha$  (TNF- $\alpha$ )、白细胞介素 (IL)-6、IL-22 水平; 采集各组新鲜粪便, 使用梯度稀释法对菌群进行培养。**结果:** aUC 组和 rUC 组病人 miR-595、miR-1246 表达和 TNF- $\alpha$ 、IL-6、IL-22 水平均高于对照组 ( $P < 0.05$ ), aUC 组亦均高于 rUC 组 ( $P < 0.05$ )。aUC 组和 rUC 组乳酸杆菌、双歧杆菌数量均低于对照组 ( $P < 0.05$ ), aUC 组亦均低于 rUC 组 ( $P < 0.05$ ); aUC 组肠球菌、大肠埃希菌数量均明显高于对照组和 rUC 组 ( $P < 0.05$ )。Pearson 相关分析显示, miR-595、miR-1246 表达水平和 TNF- $\alpha$ 、IL-6、IL-22 水平与乳酸杆菌、双歧杆菌数目均呈负相关关系 ( $P < 0.05$ ), 而以上指标与肠球菌、大肠埃希菌数目均呈正相关关系 ( $P < 0.05$ )。**结论:** 溃疡性结肠炎病人血清中 miR-595、miR-1246 表达上调, 且与肠道菌群数量存在相关关系。

**[关键词]** 溃疡性结肠炎; miR-595; miR-1246; 肠道菌群

[中图分类号] R 574.62

[文献标志码] A

DOI: 10.13898/j.cnki.issn.1000-2200.2024.02.014

## Expression of miR-595 and miR-1246 in serum of ulcerative colitis and its correlation with intestinal flora

MENG Juanjuan, HU Haibo, YAN Caiwen

(Department of Gastroenterology, Changzhi People's Hospital, Changzhi Shanxi 046000, China)

**[Abstract]** **Objective:** To explore the expression of miR-595 and miR-1246 in serum of ulcerative colitis and its correlation with intestinal flora. **Methods:** A total of 160 patients with ulcerative colitis were selected as the observation group. According to the disease activity, the patients were divided into active phase (aUC group) and remission phase (rUC group), with 80 cases in each group. During the same period, 158 healthy people for physical examination were selected as the control group. Real-time fluorescent quantitative PCR (RT-qPCR) was used to detect the expression levels of serum miR-595 and miR-1246. Enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) was used to detect serum tumor necrosis factor- $\alpha$  (TNF- $\alpha$ ), interleukin-6 (IL-6), and interleukin-22 (IL-22) levels. Fresh feces of patients and healthy people were collected, and gradient dilution method was used to culture and analyze the flora. **Results:** The expression levels of miR-595, miR-1246, TNF- $\alpha$ , IL-6 and IL-22 in the aUC and rUC group were significantly higher than those in the control group ( $P < 0.05$ ), and which in the aUC group were higher than those in the rUC group ( $P < 0.05$ ). The number of lactobacillus and bifidobacteria in the aUC group and rUC group were lower than those in the control group ( $P < 0.05$ ), and which in the aUC group were lower than those in the rUC group ( $P < 0.05$ ). The number of enterococcus and *Escherichia coli* in aUC group was significantly higher than that in control group and rUC group ( $P < 0.05$ ). Pearson correlation analysis showed that the expression levels of miR-595, miR-1246, TNF- $\alpha$ , IL-6 and IL-22 were negatively correlated with the number of lactobacilli and bifidobacteria ( $P < 0.05$ ), and positively correlated with the number of enterococci and *Escherichia coli* ( $P < 0.05$ ). **Conclusions:** The expression of miR-595 and miR-1246 in the serum of ulcerative colitis is significantly up-regulated, and closely related to the number intestinal flora.

**[Key words]** ulcerative colitis; miR-595; miR-1246; intestinal flora

溃疡性结肠炎是一种病因尚不十分明确的结肠和直肠慢性非特异性炎症性疾病, 病变局限于大肠黏膜及黏膜下层<sup>[1]</sup>。病变多位于乙状结肠和直肠,

也可延伸至降结肠, 甚至整个结肠。其病程漫长, 常反复发作, 可见于任何年龄, 以 20 ~ 30 岁最为多见<sup>[2-3]</sup>。miRNA 是一类长约 22 个核苷酸、高度保

守的内源性非编码小分子 RNA。研究<sup>[4-5]</sup>表明, miRNA 表达与人类溃疡性结肠炎密切相关, 其异常表达影响溃疡性结肠炎的发生和发展。本研究旨在探讨 miR-595、miR-1246 在溃疡性结肠炎病人血清中的表达及其与肠道菌群的相关性。现作报道。

## 1 资料与方法

### 1.1 一般资料

选取 2019 年 1 月至 2020 年 1 月我院收治的溃疡性结肠炎病人 160 例作为观察组, 均符合中华医学会消化病学分会溃疡性结肠炎协作组制定的诊断标准<sup>[6]</sup>, 并根据疾病活动性将病人分为活动期(aUC 组)和缓解期(rUC 组), 各 80 例。其中 aUC 组男 42 例, 女 38 例, 年龄(43.62 ± 5.21)岁; rUC 组男 40 例, 女 40 例, 年龄(44.65 ± 2.34)岁。排除标准: (1) 纳入研究前 4 周内服用抗生素、益生菌等药物者; (2) 严重心脑血管疾病者; (3) 自身免疫性疾病者。同期选取我院健康体检者 158 名作为对照组。各组性别、年龄均具有可比性。

### 1.2 方法

抽取各组静脉血 5 mL, 4 °C、3 000 r/min 离心 10 min, 吸取上清, -80 °C 保存备用。采用实时荧光定量 PCR(RT-qPCR)检测 miR-595、miR-1246 表达水平, Trizol 提取血清中总 RNA, 采用反转录试剂盒将总 RNA 合成 cDNA。RT-qPCR 试剂盒实时荧光定量。反应条件: 95 °C 预变性 5 min, 95 °C 变性 30 s, 60 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 30 s, 共 40 个循环。miR-595 上游引物: 5'-GXG AAG TGT GCC GTG GT-3', 下游引物: 5'-CAG TGC GTG TCG TGG AGT-3'; miR-1246 上游引物: 5'-ACA CTC CAG CTG GGA ATG GAT TTT TGG-3', 下游引物: 5'-ACT GAC TGA TGC AAT CTC AAC TGG TGT CGT GGA-3'; U6 上游引物: 5'-ATT GGA ACG ATA CAG AGA AGA TT-3', 下游引物: 5'-GGA ACG CTT CAC GAA TTT G-3'。相对表达量采用 2<sup>-ΔΔCt</sup>法计算。采用 ELISA 法检测肿瘤坏死因子-α(TNF-α)、白细胞介素(IL)-6、IL-22 水平, 试剂盒购自上海酶联生物科技有限公司, 严格按照说明书进行操作。

取各组受试者自然排出新鲜粪便约 10 g, 置于厌氧罐中, 立即送往实验室检测。取新鲜粪便 0.5 g, 按 10 倍系列稀释法稀释粪便, 分别用 MRS 琼脂培养基培养乳酸杆菌, 双歧杆菌 BS 培养基培养双歧杆菌, 肠球菌培养基培养粪肠球菌, 麦康凯琼脂板培养大肠埃希菌。乳酸杆菌和双歧杆菌厌氧培

养 72 h, 大肠埃希菌和粪肠球菌需氧培养 48 h。结果以每克粪便湿质量中菌落形成单位的对数值 logCFU(g) 表示。

### 1.3 统计学方法

采用方差分析、*q* 检验和 Pearson 相关分析。

## 2 结果

### 2.1 3 组受试者 miR-595、miR-1246 表达水平比较

aUC 组和 rUC 组病人血清 miR-595、miR-1246 表达水平均高于对照组( $P < 0.05$ ), aUC 组亦均高于 rUC 组( $P < 0.05$ ) (见表 1)。

表 1 3 组血清 miR-595、miR-1246 表达水平比较( $\bar{x} \pm s$ )

分组	<i>n</i>	miR-595	miR-1246
对照组	158	1.00 ± 0.09	1.02 ± 0.11
rUC 组	80	1.12 ± 0.10 *	1.20 ± 0.12 *
aUC 组	80	2.09 ± 0.25 **	2.56 ± 0.46 **
<i>F</i>	—	1501.68	1058.68
<i>P</i>	—	<0.01	<0.01
<i>MS</i> <sub>组内</sub>	—	0.022	0.063

*q* 检验: 与对照组比较 \*  $P < 0.05$ ; 与 rUC 组比较 #  $P < 0.05$

### 2.2 3 组受试者血清炎症因子水平比较

aUC 组和 rUC 组病人血清 TNF-α、IL-6、IL-22 水平均高于对照组( $P < 0.05$ ), aUC 组亦均高于 rUC 组( $P < 0.05$ ) (见表 2)。

表 2 3 组血清 TNF-α、IL-6、IL-22 水平比较( $\bar{x} \pm s$ )

分组	<i>n</i>	TNF-α/(ng/L)	IL-6/(ng/L)	IL-22/(ng/L)
对照组	158	135.68 ± 16.38	125.64 ± 8.61	324.61 ± 58.30
rUC 组	80	148.30 ± 14.01 *	131.05 ± 12.11 *	368.01 ± 69.90 *
aUC 组	80	255.68 ± 29.09 **	234.80 ± 20.35 **	824.62 ± 88.66 **
<i>F</i>	—	1 025.82	1 946.75	1 452.56
<i>P</i>	—	<0.01	<0.01	<0.01
<i>MS</i> <sub>组内</sub>	—	395.181	177.587	4 890.818

*q* 检验: 与对照组比较 \*  $P < 0.05$ ; 与 rUC 组比较 #  $P < 0.05$

### 2.3 3 组受试者肠道菌群数量比较

aUC 组和 rUC 组乳酸杆菌、双歧杆菌数量均低于对照组( $P < 0.05$ ), aUC 组亦均低于 rUC 组( $P < 0.05$ ); aUC 组肠球菌、大肠埃希菌数量均明显高于对照组和 rUC 组( $P < 0.05$ ) (见表 3)。

### 2.4 miR-595、miR-1246 表达和血清炎症因子与肠道菌群的相关性

Pearson 相关分析显示, miR-595、miR-1246 表达和 TNF-α、IL-6、IL-22 水平与乳酸杆菌、双歧杆菌数目均呈负相关关系( $P < 0.05$ ), 而以上指标与肠球

菌、大肠埃希菌数目均呈正相关关系( $P < 0.05$ ) (见表4)。

表3 3组肠道菌群数量比较( $\bar{x} \pm s$ ; CFU/g)

分组	n	乳酸杆菌	双歧杆菌	肠球菌	大肠埃希菌
对照组	158	8.33 ± 1.10	8.62 ± 0.82	6.38 ± 1.20	7.23 ± 1.35
rUC组	80	8.01 ± 0.99*	7.28 ± 0.85*	6.51 ± 1.31	7.36 ± 1.48
aUC组	80	6.32 ± 0.82**	5.30 ± 0.67**	8.68 ± 1.56**	9.62 ± 1.82**
F	—	109.16	467.79	86.93	72.21
P	—	<0.01	<0.01	<0.01	<0.01
MS <sub>组内</sub>	—	1.018	0.629	1.758	2.288

q 检验:与对照组比较 \*  $P < 0.05$ ; 与 rUC 组比较 #  $P < 0.05$

表4 血清指标与肠道菌群的相关性(r)

项目	miR-595	miR-1246	TNF- $\alpha$	IL-6	IL-22
乳酸杆菌	-0.421*	-0.328*	-0.351*	-0.384*	-0.386*
双歧杆菌	-0.385*	-0.359*	-0.310*	-0.362*	-0.401*
肠球菌	0.362*	0.382*	0.286*	0.379*	0.396*
大肠埃希菌	0.297*	0.364*	0.358*	0.326*	0.418*

\*  $P < 0.05$

### 3 讨论

溃疡性结肠炎是一组慢性非特异性肠道炎症性疾病,易反复发作,严重影响病人的生活质量。有研究<sup>[7-8]</sup>表明,溃疡性结肠炎在我国发病率呈每年上升趋势。miRNA 是一类非蛋白编码单链小分子 RNA,可以影响溃疡性结肠炎的发生发展,主要发挥了调节免疫炎症反应,影响肠屏障的功能<sup>[9]</sup>。已经有研究<sup>[10]</sup>发现,miR-595 在溃疡性结肠炎病人中的表达水平明显高于健康对照组。且吴智娇<sup>[11]</sup>研究发现,miR-1246 在溃疡性结肠炎中的表达水平明显提高。本研究结果显示,与对照组和 rUC 组比较,aUC 组病人血清 miR-595、miR-1246 表达水平升高;与对照组比较,rUC 组病人血清 miR-595、miR-1246 表达水平亦升高。

肠道菌群紊乱会刺激肠道发生炎症,提高炎症因子水平。研究<sup>[12]</sup>表明,TNF- $\alpha$  和 IL-6 在溃疡性结肠炎中的水平明显上调。另有研究<sup>[13]</sup>显示,溃疡性结肠炎病人血清 TNF- $\alpha$  和 IL-35 水平明显增加,具有重要临床意义。李息友等<sup>[14-15]</sup>研究表明,溃疡性结肠炎病人 IL-22 水平高于健康者。本研究结果显示,与对照组和 rUC 组比较,aUC 组 TNF- $\alpha$ 、IL-6、IL-22 水平均升高;与对照组比较,rUC 组 TNF- $\alpha$ 、IL-6、IL-22 水平亦均升高。

杨文宏等<sup>[16]</sup>研究表明,溃疡性结肠炎病人肠道菌群失衡,其发病与菌群数量的减少和增加有关。

叶雅丽等<sup>[17]</sup>研究表明,活动期溃疡性结肠炎病人大肠埃希菌、肠球菌数量明显升高,但双歧杆菌和乳酸杆菌数量明显降低,呈失衡状态。田丽等<sup>[18]</sup>研究表明,溃疡性结肠炎病人有害菌含量增加,有益菌含量减少。本研究发现,与对照组比较,aUC 组乳酸杆菌、双歧杆菌数量降低,肠球菌、大肠埃希菌数量升高;与 rUC 组比较,aUC 组乳酸杆菌、双歧杆菌数量降低,肠球菌、大肠埃希菌数量升高。研究<sup>[19]</sup>表明,溃疡性结肠炎病人的肠道菌群分布与血清 TNF- $\alpha$ 、IL-6 水平密切相关。亦有研究<sup>[20]</sup>显示,溃疡性结肠炎病人肠道菌群变化与炎症因子具有相关性。本研究结果显示,miR-595、miR-1246 表达水平和血清 TNF- $\alpha$ 、IL-6、IL-22 水平与乳酸杆菌、双歧杆菌数量均呈负相关关系,与肠球菌、大肠埃希菌数量均呈正相关关系。

综上所述,溃疡性结肠炎病人血清 miR-595、miR-1246 表达上调,且与肠道菌群数量呈相关关系。

### [ 参 考 文 献 ]

- [1] LI X, WU D, NIU J, et al. Intestinal flora: a pivotal role in investigation of traditional Chinese medicine [J]. Am J Chin Med, 2021;49(2):237.
- [2] WEN JW, ZHOU YL, HE J, et al. Characterizing the composition of intestinal microflora by 16S rRNA gene sequencing [J]. World J Gastroenterol, 2020, 26(6):614.
- [3] YU ZW, XIE Y, HUANG ZC, et al. Study of the therapeutic effect of raw and processed *Vladimiria Radix* on ulcerative colitis based on intestinal flora, metabolomics and tissue distribution analysis [J]. Phytomedicine, 2021, 85(1):153538.
- [4] YAN H, ZHANG X, XU Y. Aberrant expression of miR-21 in patients with inflammatory bowel disease: a protocol for systematic review and meta analysis [J]. Medicine, 2020, 99(17):e19693.
- [5] CHEN YL, LIU XL, LI L. Prognostic value of low microRNA-34a expression in human gastrointestinal cancer: a systematic review and meta-analysis [J]. BMC Cancer, 2021, 21(1):1.
- [6] 中华医学会消化病学分会炎症性肠病协作组. 对我国炎症性肠病诊断治疗规范的共识意见 [J]. 现代消化及介入诊疗, 2008, 13(2):139.
- [7] 周林妍, 李岩. 炎症性肠病与肠道微生态的研究进展 [J]. 微生物学通报, 2020, 47(5):1600.
- [8] 吴泽宇, 桑力轩, 姜敏, 等. 炎症性肠病肠道微生物紊乱研究进展 [J]. 中国实用内科杂志, 2020, 40(1):75.
- [9] 王力田, 杨立胜, 刘刚. miRNA 在炎症性肠病中的研究进展 [J]. 中华结直肠疾病电子杂志, 2017, 63(3):223.
- [10] 康颖, 路又可, 王震凯, 等. MicroRNA-595 在炎症性肠病中的表达及其意义 [J]. 胃肠病学, 2016, 21(8):465.
- [11] 吴智娇. 粪便 miR-148a-3p 和 miR-1246 在炎症性肠病中的诊断价值 [D]. 南京: 南京大学, 2017.
- [12] 唐齐林, 周国华, 王为. TNF- $\alpha$ 、IL-6 在炎症性肠病发病机制中的研究进展 [J]. 医学综述, 2014, 20(7):1174.

# 产前血清学四联筛查后联合 NIPT 产筛模式在胎儿染色体筛查中的应用

李 扬<sup>1</sup>, 吴晓茜<sup>2</sup>, 文晓燕<sup>1</sup>, 焦红燕<sup>1</sup>, 崔照领<sup>3</sup>

(河北省石家庄市妇幼保健院 1. 产前诊断科, 2. 生殖医学中心, 3. 妇产科, 050000)

**[摘要]** **目的:** 探讨产前血清学四联筛查后联合无创产前检测(NIPT)产筛模式在胎儿染色体筛查中的应用价值。 **方法:** 选择进行产检的孕妇 11 796 例为观察对象, 按照产前血清学四联筛查将孕妇分为高风险组和临界风险组, 对高风险组和临界风险组孕妇进行 NIPT 检测, 同时对 NIPT 结果为高危的孕妇, 行常规染色体核型分析和/或高通量测序检测, 对所有孕妇进行随访。 **结果:** 唐氏筛查筛选出高风险孕妇 721 例, 临界风险孕妇 1 455 例。 高风险的 721 例孕妇中, NIPT 检测高风险 19 例, 即需要进行侵入性产前诊断者为 2.64%; 显示临界风险的 1 455 例孕妇中, NIPT 检测高风险 5 例, 即需要进行侵入性产前诊断者为 0.34%; NIPT 显示高风险的 24 例孕妇全部进行染色体核型分析, 结果显示共有 20 例孕妇显示染色体异常。 唐氏筛查高风险孕妇确诊 19 例, 其中包括 21-三体综合征 13 例, 18-三体综合征 4 例, 13-三综合 1 例, 其他染色体异常 1 例; 临界风险孕妇确诊 1 例, 为 21-三体综合征; 24 例孕妇中 20 例与核型分析结果一致经产前诊断中心核实, 结合妊娠结局, 唐氏筛查高风险率为 6.11%, 联合 NIPT 筛查后染色体假阳性率 3.29%, 检出率为 83.33%。 **结论:** 产前血清学四联筛查后联合 NIPT 产筛模式可减少高风险孕妇有创检查的比例, 对 21-三体综合征、18-三体综合征的筛查具有一定临床意义。

**[关键词]** 胎儿染色体筛查; 血清学四联筛查; 无创产前检测

[中图分类号] R 714.5

[文献标志码] A

DOI:10.13898/j.cnki.issn.1000-2200.2024.02.015

## Application of combination of prenatal serological quadruple screening and NIPT birth screening mode in fetal chromosome screening

LI Yang<sup>1</sup>, WU Xiaoxi<sup>2</sup>, WEN Xiaoyan<sup>1</sup>, JIAO Hongyan<sup>1</sup>, CUI Zhaoling<sup>3</sup>

(1. Department of Prenatal Diagnosis, 2. Reproductive Medicine Center, 3. Department of Obstetrics and Gynecology, Shijiazhuang Maternal and Child Health Hospital, Shijiazhuang Hebei 050000, China)

**[Abstract]** **Objective:** To explore the application value of combination of prenatal serological quadruple screening and non-invasive prenatal testing (NIPT) birth screening mode in fetal chromosome screening. **Methods:** A total of 11 796 pregnant women undergoing maternity check-ups were selected as the observation subjects. According to the prenatal serological quadruple screening, the pregnant women were divided into high-risk group and borderline-risk group. The pregnant women in the high-risk group and borderline-risk group were tested for NIPT, meanwhile the pregnant women with a high-risk NIPT result were subjected to routine karyotyping and/or

[收稿日期] 2021-08-19 [修回日期] 2021-11-30

[基金项目] 河北省医学科学研究课题计划(20210275)

[作者简介] 李 扬(1980-), 女, 副主任医师。

[通信作者] 崔照领, 硕士, 主任医师。 E-mail: uiiueh@163.com

[13] 张欣, 李洺, 杨嫣华, 等. 炎症性肠病患者血清 TNF- $\alpha$ 、IL-35 水平变化及其临床意义[J]. 内科急危重症杂志, 2017, 23(5): 400.

[14] 李息友, 邱晓敏, 曹杰. 炎症性肠病活动期患者肠黏膜白细胞介素-22 结合蛋白及细胞因子表达研究[J]. 右江医学, 2019, 47(2): 98.

[15] 鲁霞, 罗黎. 炎症性肠病患者 Th22 细胞亚群和 IL-22 水平变化及其临床意义[J]. 中国微生态学杂志, 2019, 31(10): 1203.

[16] 杨文宏, 王维维. 肠道菌群及炎症因子联合检测在炎症性肠病患者中的诊断价值研究[J]. 中国实验诊断学, 2020, 24(1): 31.

[17] 叶雅丽, 闫李侠. 肠道菌群分析及粪便炎性标志物检测在炎症

性肠病活动度评估中的作用[J]. 中国微生态学杂志, 2018, 30(3): 312.

[18] 田丽, 黄颀刚, 梁浩, 等. 炎症性肠病患者肠道菌群的临床研究[J]. 中华实验和临床病毒学杂志, 2020, 34(2): 180.

[19] 蔚晓霞, 刘占举, 胡艺, 等. 炎症性肠病患者的肠道菌群分布与血清 TNF- $\alpha$  与 IL-6 水平的相关性[J]. 现代生物医学进展, 2017, 17(16): 3076.

[20] 张艳丽, 刘新风, 于秀娟, 等. 炎症性肠病患者肠道菌群变化及其与炎症因子的相关性[J]. 山东医药, 2015, 55(10): 79.

(本文编辑 卢玉清)