

- WHO classification of tumours of the lung, pleura, thymus and heart[M]. 4th ed. Lyon: IARC Press, 2015.
- [7] MICHAEL R M. Tailored management of stage III a non-small-cell lung cancer in the era of the 8th edition of the TNM classification for lung cancer[J]. Future Oncol, 2018, 14(6 Suppl): S5-S11.
- [8] 周美玲, 贺兼斌, 向明钧, 等. DCLK1 和 A20 在非小细胞肺癌中的表达及意义[J]. 临床肺科杂志, 2018, 23(8): 1464-1467.
- [9] 李岚. 非小细胞肺癌患者化疗前后血清多种指标水平的变化及临床意义[J]. 临床肺科杂志, 2018, 23(1): 178-181.
- [10] WANG X H, CUI Y X, WANG Z M, et al. Down-regulation of FOXR2 inhibits non-small cell lung cancer cell proliferation and invasion through the Wnt/ β -catenin signaling pathway[J]. Biochem Biophys Res Commun, 2018, 500(2): 229-235.
- [11] BAO S M, HU Q I, YANG W T, et al. Targeting epidermal growth factor receptor in non-small-cell-lung cancer: current state and future perspective[J]. Anticancer Agents Med Chem, 2019, 19(8): 984-991.
- [12] 张颖, 董秀鹏, 杜静, 等. 肿瘤标志物 CYFRA21-1、SCC、CEA、NSE、CA125 检验在肺癌诊断中的价值[J]. 现代肿瘤医学, 2018, 26(11): 1701-1703.
- [13] 康乐. 早期肺癌新辅助化疗前后 ABCC10、CYFRA 21-1、CEA 和 NSE 的表达变化及其临床意义[J]. 标记免疫分
- 析与临床, 2018, 25(12): 1877-1880.
- [14] TIM A. Staging of non-small-cell lung cancer[J]. PET Clin, 2018, 13(1): 1-10.
- [15] 黄芳, 薛丽, 宋琳岚, 等. 胸水和血清 CEA、CA125、CYFRA21-1、NSE 和 Pro-GRP 联合检测对肺癌的诊断价值[J]. 现代肿瘤医学, 2018, 26(13): 2054-2058.
- [16] 龚红娟, 蔡锦洪, 龚菊兰. 血清 CYFRA21-1、CEA、NSE、CA199、CA125 联合检测在肺癌诊断中的价值[J]. 贵州医药, 2019, 7(3): 450-453.
- [17] NINOMIYA T, NOGAMI N, KOZUKI T, et al. A phase I trial of afatinib and bevacizumab in chemo-naïve patients with advanced non-small-cell lung cancer harboring EGFR mutations: Okayama Lung Cancer Study Group Trial 1404[J]. Lung Cancer, 2018, 115(7): 103-108.
- [18] 王永存, 胡文铎, 陈华林, 等. 3D-CRT 联合 PC 化疗治疗非小细胞肺癌患者的疗效及对血清 CA125、TIMP-1、SAA 水平及免疫功能的影响[J]. 国际肿瘤学杂志, 2019, 46(11): 662-667.
- [19] 杨浩, 许军生, 曾湖, 等. CEA、CYFRA21-1、NSE、SCC 联合检测对肺癌诊断及组织分型的应用研究[J]. 河北医药, 2018, 40(19): 2926-2929.
- [20] ZHAO L, XIN N, ZHAO L, et al. MiroRNA-188 Acts as tumor suppressor in non-small-cell lung cancer by targeting MAP3K3[J]. Mol Pharm, 2018, 15(4): 1682-1689.
- (收稿日期: 2021-01-11 修回日期: 2021-04-28)
- 短篇论著 •

外周血 miRNA-124 对前列腺癌患者临床和病理特征的影响及对预后判断的价值

李 炜, 罗 雄

四川省巴中市中心医院泌尿外科, 四川巴中 636001

摘要:目的 探讨外周血 miRNA-1246 对前列腺癌患者临床、病理特征的影响及对预后判断的价值。方法 选取 88 例行手术治疗的前列腺癌患者作为前列腺癌组, 同时选取 62 例单纯性前列腺增生患者及 60 例健康志愿者分别作为增生组和健康对照组, 采用反转录实时荧光定量 PCR 检测外周血 miR-1246 的表达水平, 并进行随访。统计分析 miR-1246 表达水平与患者临床、病理特征和生存期的影响。结果 与增生组、健康对照组比较, 前列腺癌组的外周血 miR-1246 表达水平较高, 差异有统计学意义($P < 0.05$)。miR-1246 表达水平对患者 Gleason 评分、T 分期、N 分期、M 分期、危险因素分级有明显的不良影响($P < 0.05$)。miR-1246 低表达水平与高表达水平患者的总体生存率比较, 差异无统计学意义($P = 0.232$), 但低表达组患者的无生化复发生存期显著高于高表达组($P < 0.05$)。Cox 多因素分析显示, miR-1246 表达水平也是影响患者无生化复发生存期的独立性危险因素($P < 0.05$)。结论 miR-1246 的高表达对前列腺癌患者的临床病例特征有一定的不良影响, 且与患者的生化复发密切相关。

关键词:前列腺癌; miRNA-1246; 受试者工作特征曲线; 预后

DOI:10.3969/j.issn.1673-4130.2021.17.025

中图法分类号:R446.11

文章编号:1673-4130(2021)17-2157-05

文献标志码:A

前列腺癌是男性泌尿生殖系统最常见的恶性肿瘤之一, 2012 年, 我国肿瘤登记地区报告, 前列腺癌发

病率为 9.92/10 万, 占男性恶性肿瘤发病率的第 6 位^[1]。目前, 临床普遍采用前列腺特异性抗原(PSA)

作为前列腺癌的筛查及预后判断指标。但早在 2014 年,加拿大预防医疗护理专责小组就发布报告称,PSA 用于筛查前列腺癌弊大于利,假阳性结果过多,应放弃使用^[2-3]。因此,临床中迫切需要寻找到更多新的高敏感性 & 特异性的标志物。微小 RNA(miRNA)是一类内源性非编码单链 RNA 分子,目前的研究表明,miRNA 几乎参与了所有的细胞生物活动^[4-5]。有研究表明,miR-1246 在某些肿瘤组织中表达水平明显升高^[6-7],但关于血清 miR-1246 水平对前列腺癌患者的研究报道较少。因此,本研究收集了 88 例行手术治疗的前列腺癌患者为研究对象,探讨外周血 miR-1246 表达对患者临床特征的影响及对患者预后判断的价值,以期对前列腺的早诊断、早干预提供更多依据。

1 资料与方法

1.1 一般资料 选取 2012 年 1 月至 2016 年 1 月巴中市中心医院收治的前列腺癌患者作为前列腺癌组。纳入标准:(1)均符合中华医学会泌尿外科学分会(CUA)编写的《中国前列腺癌诊断治疗指南》中有关前列腺癌的诊断标准;(2)均行根治性手术;(3)首次诊断并治疗;(4)术前未行放化疗、内分泌治疗等;(5)病历资料及随访资料完整。排除标准:(1)前列腺癌复发患者。(2)合并其他急慢性感染性疾病。(3)合并全身其他系统的恶性肿瘤。最终,88 例患者被纳入前列腺癌组。同时,选取同期行手术治疗的 62 例单纯性前列腺增生患者作为增生组,以及 60 例健康志愿者为健康对照组。向患者或志愿者详细说明本研究的目的,纳入研究者均对本研究知情同意并签署知情同意书。

1.2 试剂与仪器 总 RNA 快速抽提试剂盒购于杭州艾康生物技术有限公司,Trizol 总 RNA 抽提试剂购于美国智雅生物技术有限公司,RNA 逆转录试剂盒购于日本 Takara 公司,实时荧光定量 PCR 检测试剂盒购于美国 Abcam 公司,PCR 引物由武汉博士德生物科技公司合成。

1.3 方法

1.3.1 外周血 miR-1246 的检测 患者入院后,抽取肘正中静脉血 5 mL,3 000 r/min 条件下离心 5 min,分离血浆后低温冻存,健康志愿者血液标本采集方法及步骤相同。参照说明书提取总 RNA,检测 RNA 浓度与纯度。反转录合成 cDNA,实时荧光定量 PCR 检测 miR-1246 的相对表达水平。PCR 中 miR-1246 的上游引物为 5'-CCTACATCGCACCGGAGTCTG-3',下游引物为 5'-GCGAGCACAGAACATAAT-ACGAC-3';U6 的上游引物为 5'-CTCGCTACGCG-GCAGCACA-3',下游引物为 5'-ACGCTF-CACGAAT TTGCGAT-3'。反应体系为 20 μL,反应条件为 95 ℃ 3 min,95 ℃ 15 s,60 ℃ 15 s,总计 40 个循环,设置 3 个重复孔。以 U6 作为内参基因,得到

Ct 值,采用 $2^{-\Delta\Delta Ct}$ 法计算外周血 miR-1246 相对表达水平。

1.3.2 随访 采用门诊形式进行定期随访。术后第 6 周第一次门诊检测血清 PSA,此后每 3 个月门诊随访一次,之后每半年随访一次。直至随访终点或失访,随访截止时间为 2020 年 1 月 31 日。以术后生化复发为主要随访终点,术后无生化复发定义为根治性手术后 PSA 降至最低值后,连续两次 PSA 高于 0.2 ng/mL。

1.4 统计学处理 所有数据均采用 SPSS20.0 软件包进行。计量资料采用 $\bar{x} \pm s$ 表示,两组计量资料比较采用 *t* 检验,多组比较采用单因素方差分析,两两比较采用 SNK-*q* 检验。采用受试者工作特征(ROC)曲线评价 miR-1246 及 PSA 对前列腺癌的诊断效能。采用 Kaplan-Meier 法进行生存分析,采用 Cox 回归模型分析临床病理特征对总体生存率及无生化复发率的影响。*P* < 0.05 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 miR-1246 在 3 组人群中的表达水平比较 以 U6 为内参基因,miR-1246 在前列腺癌组、增生组、健康对照组人群中的相对表达水平分别为 2.62 ± 0.89 、 1.35 ± 0.51 、 1.25 ± 0.48 ,两两比较后发现,前列腺癌组的 miR-1246 表达水平显著高于增生及健康对照组(*P* < 0.05),但增生组与健康对照组比较差异无统计学意义(*P* > 0.05)。

2.2 miR-1246 表达水平对患者临床、病理特征的影响 miR-1246 表达水平对患者 Gleason 评分、T 分期、N 分期、M 分期、危险因素分级有明显不良影响(*P* < 0.05),但与年龄、PSA 水平无关(*P* > 0.05)。见表 1。

表 1 miR-1246 表达水平对患者临床病理参数的影响($\bar{x} \pm s$)

指标	<i>n</i>	miR-1246 相对表达水平	<i>t</i> / <i>F</i>	<i>P</i>
年龄			0.706	0.482
≤65 岁	31	2.71 ± 0.78		
>65 岁	57	2.57 ± 0.94		
Gleason 评分			-2.500	0.014
≤7 分	33	2.39 ± 0.84		
>7 分	55	2.87 ± 0.89		
PSA			-0.482	0.631
≤10 ng/mL	26	2.55 ± 0.83		
>10 ng/mL	62	2.65 ± 0.91		
T 分期			6.156	<0.001
T ₁	19	2.29 ± 0.84		
T ₂	36	2.45 ± 0.51		
T ₃	24	2.75 ± 1.13		

续表 1 miR-1246 表达水平对患者临床病理参数的影响($\bar{x}\pm s$)				
指标	<i>n</i>	miR-1246 相对表达水平	<i>t</i> / <i>F</i>	<i>P</i>
T ₄	9	3.63±0.65		
N 分期			-2.216	0.029
N ₀	75	2.42±0.76		
N ₁	13	2.95±0.99		
M 分期			-8.538	<0.001
M ₀	82	2.46±0.70		
M ₁	6	4.31±0.84		
危险因素分级			13.970	<0.001
低危	16	1.75±0.42		
中危	15	2.52±0.87		
高危	57	2.90±0.82		

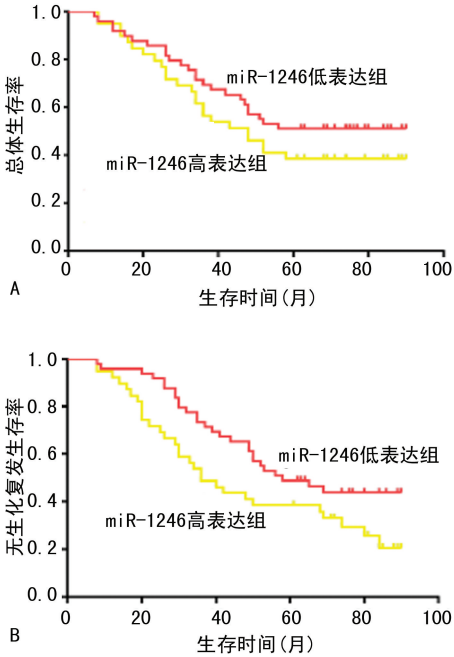
2.3 miR-1246 对前列腺癌的潜在诊断价值评估
ROC 曲线显示,miR-1246、PSA 对诊断前列腺癌的最佳截断值分别为 2.54、11.5 ng/mL。PSA 对诊断前列腺癌的特异度、灵敏度、准确率分别为 72.9%、62.1%、64.2%;miR-1246 为 47.9%、91.3%、82.7%,二者联合诊断时,特异度有所下降,但准确率明显上升。见表 2。

表 2 三种检测方式对肺癌的诊断效能					
检测指标	特异度 (%)	灵敏度 (%)	准确率 (%)	AUC	最佳截断值
PSA	72.9	62.1	64.2	0.633	11.5 ng/mL
miR-1246	47.9	91.3	82.7	0.647	2.54
联合组	45.8	97.4	87.3	0.798	—

注:—表示该项无数据。

2.4 miR-1246 对前列腺癌患者总体生存率及无生化复发生存率影响 miR-1246 相对表达水平的中位

值为 2.50,相对表达水平≤2.50 为低表达组,相对表达水平>2.50 为高表达组,Kaplan-Meier 生存分析显示,两组患者的总体生存率差异无统计学意义($\chi^2=1.429,P=0.232$),但低表达组患者的无生化复发生存率显著高于高表达组,差异有统计学意义($\chi^2=4.26,P=0.039$)。见图 1。



注:A 为总体生存率;B 为无生化复发生存率。

图 1 miR-1246 对前列腺癌患者总体生存率及无生化复发生存率影响

2.5 影响前列腺癌患者总体生存期及无生化复发期的危险因素分析 Cox 分析结果显示,miR-1246 表达水平、Gleason 评分、术前 PSA 水平、病理分期是影响患者无生化复发期的独立性危险因素($P<0.05$)。单因素分析显示,miR-1246 表达水平、术前 PSA 水平、年龄是影响患者总体生存期的危险因素,但仅有年龄是独立性危险因素($P<0.05$)。见表 3。

表 3 影响前列腺癌患者总体生存期及无生化复发期的危险因素分析						
指标	无生化复发生存期			总体生存期		
	OR	95%CI	<i>P</i>	OR	95%CI	<i>P</i>
单因素分析						
miR-1246 表达水平	5.09	2.52~10.27	<0.01	3.04	0.58~7.40	0.005
Gleason 评分	3.38	2.40~4.75	<0.01	1.21	0.55~2.69	0.658
术前 PSA	1.02	1.01~1.03	<0.01	1.02	1.01~1.05	0.015
病理分期	5.24	2.57~10.69	<0.01	0.63	0.16~2.53	0.508
年龄	1.03	0.98~1.08	0.435	1.16	1.05~2.53	0.008
临床分期	1.04	0.54~2.02	0.927	1.89	0.49~7.45	0.364
多因素分析						
miR-1246 表达水平	6.18	2.01~18.87	0.001	2.21	0.17~3.45	0.138
Gleason 评分	2.81	1.82~4.35	<0.01	2.24	0.77~6.56	0.144

续表 3 影响前列腺癌患者总体生存期及无生化复发期的危险因素分析

指标	无生化复发生存期			总体生存期		
	OR	95%CI	P	OR	95%CI	P
术前 PSA 水平	1.02	1.00~1.03	0.022	1.00	1.00~1.02	0.434
病理分期	2.83	1.18~6.82	0.022	0.32	0.06~2.14	0.235
年龄	0.98	0.95~1.06	0.779	1.09	0.95~1.28	0.004
临床分期	0.91	0.43~1.93	0.784	4.81	0.56~41.67	0.156

3 讨 论

前列腺癌的发病率在各个国家、各种族间有明显差异,同一民族居住不同地区发病率可相差几倍,由此认为环境、生活方式对前列腺癌的发病有重大影响^[8]。从形成肿瘤细胞发展到临床出现肿瘤症状往往要经过 10~20 年,如果能在早期识别前列腺癌的高危因素,普及特异性更高的筛查方式,则有可能降低前列腺癌的发病率或提高早期诊断率^[9]。

miRNA 广泛地参与了细胞的生物学活动。miR-1246 是一种较为特殊的 miRNA,可参与调控血管生成、肿瘤发生、血管壁纤维化等过程,更为特殊的是,在不同类型的肿瘤中可表现出抑瘤或促瘤的双向功能性,发挥类肿瘤基因或抑瘤因子作用^[7,10]。前列腺癌中差异表达的 miRNA 已经被确定,这些 miRNA 的表达与雄激素信号以及临床病理因素有关。鉴于 miRNA 具有致癌或肿瘤抑制功能,miRNA 可能成为癌症药物治疗的新竞争者。本研究中,miR-1246 在前列腺癌组、增生组、健康对照组中的相对表达水平分别为 2.62±0.89、1.35±0.51、1.25±0.48,两两比较后发现,前列腺癌患者的 miR-1246 相对表达水平显著高于前列腺增生组及健康对照组,但前列腺增生组与健康对照组的表达水平无明显差异。这表明,miR-1246 在前列腺癌组织中表达水平显著上升,这与多种癌症类型中过表达一致^[6,11]。进一步分析了 miR-1246 表达水平对患者临床、病理参数的影响,结果发现,miR-1246 表达水平对患者 Gleason 评分、T 分期、N 分期、M 分期、危险因素分级有明显影响。这表明 miR-1246 高表达可能参与了前列腺癌的发生、发展过程。

前列腺癌生化复发是指行根治性治疗后,患者血清 PSA 水平再次升高,目前通常将根治性手术后 PSA≥0.4 ng/mL,或根治性放疗后在 PAS 最低值基础上 PSA 水平上升超过 0.2 ng/mL 定义为前列腺癌复发^[12-13]。生化复发是前列腺癌进展为临床局部复发和远处转移的强烈信号,需要进一步行全面评估,以判断是否已发生临床复发^[14]。与单纯生存率相比,生化复发预警检测对疾病更具治疗意义。在本研究中,通过 Kaplan-Meier 生存分析发现,低 miR-1246 表达组患者的无生化复发生存期显著高于高表达组。同时,Cox 多因素分析也发现,miR-1246 表达水平是

影响患者无生化复发期的独立性危险因素。这表明,miR-1246 表达水平是影响前列腺癌患者生化复发的危险因素,可作为早期预测的指标。

综上所述,本研究发现,miR-1246 的高表达对前列腺癌患者的临床病例特征有一定的不良影响,且与患者的生化复发密切相关,有成为预测患者预后指标的可能。但本研究为单中心研究,样本量尚小,未来将在多中心研究的基础上实施更大样本量的研究,或能得出更具说服力的结论。

参考文献

[1] CHEN R, SJOBERG D D, HUANG Y, et al. Prostate-specific antigen and prostate cancer in Chinese men undergoing initial prostate biopsies in comparison with Western cohorts; data from the PBCG and CPCC[J]. J Urology, 2017, 197(1): 90-96.

[2] LLOP E, FERRERBATALLE M, BARRABES S, et al. Improvement of prostate cancer diagnosis by detecting PSA glycosylation-specific changes: erratum [J]. Theranostics, 2018, 8(3): 746-748.

[3] LIU Y, LIU Y, YUAN B, et al. FOXM1 promotes the progression of prostate cancer by regulating PSA gene transcription[J]. Oncotarget, 2017, 8(10): 17027-17037.

[4] LIU N, ZHANG L, WANG Z, et al. MicroRNA-101 inhibits proliferation, migration and invasion of human glioblastoma by targeting SOX9 [J]. Oncotarget, 2017, 8(12): 19244-19254.

[5] LI Y, CHEN Y, LI J, et al. Co-delivery of microRNA-21 antisense oligonucleotides and gemcitabine using nanomedicine for pancreatic cancer therapy [J]. Cancer Sci, 2017, 108(7): 1493-1503.

[6] LING D, LEI Q, YU W, et al. Downregulation of miR-1246-3p and upregulation of its target gene PARP1 are prognostic biomarkers for triple negative breast cancer patients and associated with poor prognosis[J]. Oncotarget, 2017, 8(65): 108712-108725.

[7] MA S, SUN J, GUO Y, et al. Combination of AAV-TRAIL with miR-1246-zip therapeutic strategy overcomes the resistance to TRAIL induced apoptosis in liver cancer[J]. Theranostics, 2017, 7(13): 3228-3242.

[8] HENDERSON R H, BRYANT C, HOPPE BS, et al. Five-year outcomes from a prospective trial of image-guided accelerated hypofractionated proton therapy for

prostate cancer[J]. Acta Oncol, 2017, 56(7): 1-8.

[9] MINCIACCHI V R, SPINELLI C, REISSOBREIRO M, et al. MYC mediates large oncosome-induced fibroblast reprogramming in prostate cancer[J]. Cancer Res, 2017, 77(9): 2306-2317.

[10] PRADHAN A K, TALUKDAR S, BHOOPATHI P, et al. mda-7/IL-24 mediates cancer cell-specific death via regulation of miR-1246 and the beclin-1 axis[J]. Cancer Res, 2017, 77(4): 949-959.

[11] WU F, CUI L. Resveratrol suppresses melanoma by inhibiting NF- κ B/miR-1246 and inducing TFG expression [J]. Arch Dermatol Res, 2017, 309(10): 1-9.

[12] DIETLEIN F, KOBE C, NEUBAUER S, et al. PSA-stratified performance of 18 F-and 68 Ga-PSMA PET in patients with biochemical recurrence of prostate cancer[J]. J Nucl Med, 2017, 58(6): 947-952.

[13] 许晖阳, 王道虎. 前列腺癌根治术后生化复发的危险因素研究进展[J]. 实用医学杂志, 2016, 32(16): 2767-2769.

[14] CHU J, LI N, GAI W. Identification of genes that predict the biochemical recurrence of prostate cancer[J]. Oncol Lett, 2018, 16(3): 3447-3452.

(收稿日期: 2020-12-30 修回日期: 2021-04-11)

• 短篇论著 •

腹泻型肠易激综合征外周血 Treg/Th17 细胞因子失衡与肠黏膜优势菌的相关性研究

张铭承¹, 林琳²

1. 东莞市妇幼保健院综合内科, 广东广州 523000; 2. 东莞东华医院/中山大学附属东华医院消化内科, 广东广州 523000

摘要:目的 探讨腹泻型肠易激综合征(D-IBS)外周血调节性 T 细胞(Treg)/辅助性 T 细胞 17(Th17)细胞因子失衡与肠黏膜优势菌的相关性。方法 选取 2016 年 1 月至 2020 年 2 月东莞市妇幼保健院收治的 90 例 D-IBS 患者作为 D-IBS 组; 选取健康志愿者 50 例作为对照组。抽取纳入研究者静脉血 2 mL, 采用酶联免疫吸附测定(ELISA)检测血浆中的白细胞介素(IL)-10、转化生长因子 β 1(TGF- β 1)、IL-17、IL-21; 通过实时荧光定量 PCR(qPCR)检测拟杆菌门、厚壁菌门、梭菌属、普氏杆菌等肠黏膜优势菌。比较两组间外周血 Treg/Th17 细胞因子及肠黏膜优势菌, 并进行 Spearman 相关性分析。结果 D-IBS 组外周血 IL-10、TGF- β 1 水平显著低于对照组($P < 0.05$), IL-17、IL-21 水平显著高于对照组($P < 0.05$)。D-IBS 组拟杆菌门、厚壁菌门、梭菌属、普氏杆菌水平均显著低于对照组($P < 0.05$)。经过 Spearman 相关性分析, IL-10、TGF- β 1 与 D-IBS 患者拟杆菌门、厚壁菌门、梭菌属、普氏杆菌水平均呈正相关($P < 0.05$), IL-17、IL-21 与 D-IBS 患者拟杆菌门、厚壁菌门、梭菌属、普氏杆菌水平均呈负相关($P < 0.05$)。结论 D-IBS 患者存在 Treg/Th17 细胞因子失衡, 且与肠黏膜优势菌水平的变化有关。

关键词: 肠易激综合征; Treg 细胞因子; Th17 细胞因子; 肠黏膜优势菌

DOI: 10.3969/j.issn.1673-4130.2021.17.026

中图法分类号: R446.5

文章编号: 1673-4130(2021)17-2161-03

文献标志码: A

腹泻型肠易激综合征(D-IBS)是一种常见的胃肠道疾病, 其病因和发病机制尚不明确。近年来研究表明, 肠道菌群失衡与 D-IBS 的发病关系十分密切, 肠道菌群能够一定程度地将肠道中的免疫系统激活, 引发 D-IBS, 另外, 肠道菌群可以利用自身结构的特殊性以及相应的代谢产物, 并通过调节脑-肠轴来引发肠道症状^[1]。多数 D-IBS 患者常常出现细菌移位。细菌、内毒素原存在于肠腔内, 经过某些方式穿过肠黏膜屏障, 侵入肠系膜淋巴结, 侵入体循环和肝、脏等远处脏器。在重症胰腺炎、重症监护患者等重症患者因自身损伤的肠屏障功能, 导致原来定植在肠腔中的各种细菌及其分泌的内毒素转移至门脉系统、肠淋巴和结外

周血, 进而激活黏膜下层免疫细胞, 释放大量的炎性介质, 引发炎症反应综合征^[2-3]。辅助性 T 细胞 17(Th17)及其细胞因子参与了调节慢性炎症及自身免疫性疾病, 而调节性 T 细胞(Treg)及其细胞因子可抑制炎症反应和维持免疫耐受^[4-5]。为了探讨 D-IBS 外周血 Treg/Th17 细胞因子失衡与肠黏膜优势菌的相关性, 本文选取东莞市妇幼保健院收治的 90 例 D-IBS 患者作为研究对象。现将其研究结果报道如下。

1 资料与方法

1.1 一般资料 选取 2016 年 1 月至 2020 年 2 月东莞市妇幼保健院收治的 90 例 D-IBS 患者作为 D-IBS 组, 所有患者均经过肠镜检查确诊, 男性 50 例、女性