

DOI: 10.3969/j.issn.1005-8982.2024.20.013

文章编号: 1005-8982 (2024) 20-0074-06

临床研究·论著

急性颅脑外伤患者肠道菌群多样性差异对继发性全身炎症反应综合征的临床预测价值*

董玉萍¹, 贺彬¹, 祁锁霞², 潘淑凤¹, 杨静³, 郭敬明¹, 倪万成¹, 张晓¹

(固原市人民医院 1. 神经外科, 2. 高压氧科, 宁夏 固原 756000;
3. 中卫市人民医院 老年科, 宁夏 中卫 755099)

摘要: **目的** 探讨急性颅脑外伤患者肠道菌群多样性差异对继发性全身炎症反应综合征(SIRS)的临床预测价值。**方法** 回顾性分析2022年1月—2023年12月固原市人民医院急诊重症监护病房和神经外科重症监护病房收治的急性颅脑外伤患者60例。按SIRS诊断标准分为单纯急性颅脑外伤组(非SIRS组)与急性颅脑外伤后继发性SIRS组(SIRS组);收集患者一般资料并进行临床指标检测,通过16S rRNA基因测序比较两组肠道菌群多样性与菌属相对丰度,采用Pearson相关性分析肠道菌群与临床指标的关系,采用受试者工作特征(ROC)曲线分析肠道菌群对SIRS的预测价值。**结果** 两组患者性别构成、年龄、红细胞计数、血小板计数比较,差异均无统计学意义($P>0.05$)。SIRS组体温较非SIRS组高、心率较非SIRS组快、白细胞计数较非SIRS组多、C反应蛋白水平较非SIRS组高($P<0.05$)。两组患者Chao1和Shannon指数比较,差异均无统计学意义($P>0.05$)。两组患者拟杆菌属、瘤胃球菌属、阿克曼菌属、粪肠球菌属相对丰度比较,差异均无统计学意义($P>0.05$)。SIRS组普雷沃菌属相对丰度低于非SIRS组($P<0.05$),埃希菌-志贺菌属、棒状杆菌属相对丰度均高于非SIRS组($P<0.05$)。Pearson相关性分析结果表明,体温、心率、白细胞计数及C反应蛋白与普雷沃菌属相对丰度均呈负相关($r=-0.574, -0.539, -0.554$ 和 -0.572 ,均 $P<0.05$);体温、心率、白细胞计数及C反应蛋白与埃希菌-志贺菌属相对丰度呈正相关($r=0.751, 0.743, 0.657$ 和 0.770 ,均 $P<0.05$),与棒状杆菌属相对丰度均呈正相关($r=0.782, 0.762, 0.707$ 和 0.799 ,均 $P<0.05$)。ROC曲线分析结果表明,联合诊断的预测效能最高,曲线下面积为0.946(95% CI: 0.871, 1.000),敏感性为96.7%(95% CI: 0.902, 0.100),特异性为93.3%(95% CI: 0.844, 0.100)。**结论** 肠道菌群组成的变化与颅脑损伤后SIRS的发展密切相关,特定菌属的丰度变化可作为SIRS发展的早期生物预警信号。

关键词: 急性颅脑外伤; 肠道菌群多样性; 全身炎症反应综合征; 16SrRNA基因测序; 预测价值

中图分类号: R651.15

文献标识码: A

The clinical predictive value of differences in gut microbiota diversity for secondary systemic inflammatory response syndrome in patients with acute traumatic brain injury*

Dong Yu-ping¹, He Bin¹, Qi Suo-xia², Pan Shu-feng¹, Yang Jing³,

Guo Jing-ming¹, Ni Wan-cheng¹, Zhang Xiao¹

(1. Department of Neurosurgery, 2. Department of Hyperbaric Oxygen, Guyuan People's Hospital, Guyuan, Ningxia 756000, China; 3. Department of Geriatrics, Zhongwei People's Hospital, Zhongwei, Ningxia 755099, China)

Abstract: Objective To explore the clinical predictive value of differences in gut microbiota diversity for

收稿日期: 2024-04-16

* 基金项目: 宁夏回族自治区卫生健康系统科研课题(No: 2022-NWKY-093)

secondary systemic inflammatory response syndrome (SIRS) in patients with acute traumatic brain injury. **Methods**

A retrospective analysis was conducted on 60 patients with acute traumatic brain injury treated in the Emergency Intensive Care Unit (ICU) and Neurosurgical ICU of Guyuan People's Hospital from January 2022 to December 2023. Patients were divided into the simple acute traumatic brain injury group (non-SIRS group) and the post-traumatic SIRS group (SIRS group) based on the diagnostic criteria of SIRS. The general data of patients were collected and clinical indicators were detected. The gut microbiota diversity and the genus-level relative abundance were compared between the two groups using 16S rRNA gene sequencing. Pearson correlation analysis was performed to assess the relationships between gut microbiota and clinical indicators, and the diagnostic value of the gut microbiota for SIRS was evaluated using the receiver operating characteristic (ROC) curve. **Results** There was no statistically significant difference between the two groups of patients in terms of sex composition, age, red blood cell count, and platelet count ($P > 0.05$). Compared to the non-SIRS group, the SIRS group had higher body temperature, faster heart rates, higher white blood cell count, and elevated C-reactive protein levels ($P < 0.05$). There was no statistically significant difference in Chao1 and Shannon indices between the two groups ($P > 0.05$). The comparison of the relative abundances of Bacteroides, Ruminococcus, Akkermansia, and Enterococcus between the two groups showed no statistically significant differences as determined by the t-test ($P > 0.05$). The relative abundance of Prevotella was lower in the SIRS group compared with that in the non-SIRS group ($P < 0.05$), and the relative abundances of Escherichia-Shigella and Corynebacterium were higher in the SIRS group than in the non-SIRS group ($P < 0.05$). Pearson correlation analysis indicated that body temperature, heart rate, white blood cell count, and C-reactive protein levels were negatively correlated with the relative abundance of Prevotella ($r = -0.574, -0.539, -0.554$ and -0.572 , all $P < 0.05$), and positively correlated with the relative abundances of Escherichia-Shigella ($r = 0.751, 0.743, 0.657$ and 0.770 , all $P < 0.05$) and Corynebacterium ($r = 0.782, 0.762, 0.707$ and 0.799 , all $P < 0.05$). The ROC curve analysis revealed that the combined detection yielded the highest predictive efficacy, with an AUC of 0.946 (95% CI: 0.871, 1.000), a sensitivity of 96.7% (95% CI: 0.902, 0.100), and a specificity of 93.3% (95% CI: 0.844, 0.100). **Conclusions** Changes in the composition of the gut microbiota are closely related to the development of SIRS following traumatic brain injury, and changes in the abundance of specific bacterial genera can serve as early biomarkers for the development of SIRS.

Keywords: acute traumatic brain injury; gut microbiota diversity; systemic inflammatory response syndrome; 16s rRNA gene sequencing; predictive value

急性颅脑损伤 (acute traumatic brain injury, TBI) 是全球范围内死亡和残疾的主要原因之一^[1]。TBI 不仅直接造成中枢神经系统的局部损伤,更常伴随一系列复杂的全身性病理生理反应。全身炎症反应综合征 (systemic inflammatory response syndrome, SIRS) 作为 TBI 后常见的并发症,对患者预后产生显著影响^[2]。肠道菌群作为“第二大脑”及全身免疫、代谢调控的关键枢纽,其多样性和稳定性在多种疾病的发生、发展中扮演着重要角色,尤其是在调控炎症反应方面的作用日益凸显^[3-5]。急性期 TBI 患者由于应激状态、手术干预、抗生素使用以及营养支持方式等因素,往往导致肠道菌群结构发生显著改变,表现为有益共生菌减少、条件致病菌增加^[6]。这种菌群失调状态可能通过多种途径诱发或加剧全身炎症反应,如病原体易位、内毒素释放、免疫调节失衡及代谢产物异常等^[7]。ZHU 等^[8]研究表明 TBI

后,脑-肠轴的完整性可能会受损,导致肠道菌群的正常功能和组成发生变化。这种紊乱可能会通过增强中枢神经系统和全身的炎症状态,加剧免疫反应,促进 SIRS 的发展。因此,探索 TBI 患者肠道菌群多样性的变化及其与 SIRS 发展的关联,不仅有助于理解 TBI 后 SIRS 的病理机制,也可能为临床提供新的预防和治疗策略。

1 资料与方法

1.1 一般资料

回顾性分析 2022 年 1 月—2023 年 12 月固原市人民医院急诊重症监护病房和神经外科重症监护病房收治的急性颅脑外伤患者 60 例。按《SIRS、sepsis、严重 sepsis 和 MODS 的诊断标准》^[9]中 SIRS 诊断标准分为单纯急性颅脑外伤组 (非 SIRS 组) 与急性颅脑外伤后继发性 SIRS 组 (SIRS 组), 每组 30 例。

纳入标准:①伤后 24 h 内入院;②年龄 18~70 岁;③经头颅 CT 或 MRI 证实为颅脑损伤,无其他系统严重的合并伤;④无肿瘤或其他神经系统疾病史。排除标准:①因晕厥后倒地受伤引起的自发性颅内出血;②由动脉瘤破裂引起;③住院未 7 d 即死亡或出院。SIRS 的诊断标准^[9]:①体温 $> 38\text{ }^{\circ}\text{C}$ 或 $< 36\text{ }^{\circ}\text{C}$;②心率 $> 90\text{ 次}/\text{min}$;③呼吸 $> 20\text{ 次}/\text{min}$ 或动脉血二氧化碳分压 $< 4.25\text{ kPa}$;④白细胞计数 $> 12 \times 10^9\text{ 个}/\text{L}$ 或 $< 4 \times 10^9\text{ 个}/\text{L}$ 或出现 $> 10\%$ 不成熟细胞。上述标准中至少有 2 项符合者即诊断为 SIRS。本研究经医院医学伦理委员会批准(No: 20220516),研究对象均签署知情同意书。

1.2 方法

收集患者性别、年龄、基本生命体征等临床资料。在 SIRS 发生前,采集患者入院后第 1 天早晨空腹后的外周静脉血 3 mL,离心后取上清液,采用酶联免疫吸附试验检测患者的 C 反应蛋白水平,采用全自动血细胞分析仪进行白细胞、红细胞及血小板计数。

1.3 肠道菌群分析

1.3.1 粪便标本采集 在 SIRS 发生前,采集患者入院后第 1 天早晨空腹后的粪便,放入无菌袋中,贴上便签后置于液氮罐中,随后置于 $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ 冰箱冷冻保存。将标本送至上海态昌基因检测公司进行测序。

1.3.2 16SrRNA 基因测序 提取肠道菌群 DNA,对 16SrRNA 基因进行聚合酶链反应扩增并添加 barcode 标签、构建测序文库,利用 IlluminaMiSeq 进行高通量测序,得到原始数据。

1.3.3 生物信息学分析 ①测序数据分析:运用 QIIME2 软件对高通量测序产生的原始数据进行质量筛查,识别并剔除问题样本,必要时进行重测或补测。通过 Index 和 Barcode 信息对通过质量初筛的原始序列进行文库和样本划分,去除 Barcode 序列,获得可用于后续分析的有效序列。这些有效序列

以 fastq 格式存储,为后续分析作准备。②聚类:采用 DADA2 算法对有效序列进行一系列预处理,包括去引物、质量过滤、去噪、序列拼接以及去嵌合体,以确保序列的完整性和可靠性。在此基础上,将相似度 $> 97\%$ 的序列聚集成操作分类单元(OTU),构建微生物群落的基本单元。③物种注释:利用 QIIME2 内置的 classify-sklearn 算法,结合 Silva 细菌基因数据库,对生成的 OTU 进行物种水平的命名与分类。④多样性分析:利用 QIIME2 软件计算相关的 Alpha 多样性指数,Chao1 指数的高低反映肠道菌群物种丰富度,数值越大意味着物种种类越多;而 Shannon 指数则衡量群落内物种分布的均匀程度,数值越大表示群落多样性增强。

1.4 统计学方法

数据分析采用 SPSS 26.0 统计软件。计量资料以均数 \pm 标准差($\bar{x} \pm s$)表示,比较用 t 检验;计数资料以构成比或率($\%$)表示,比较用 χ^2 检验;绘制受试者工作特征(receiver operating characteristic, ROC)曲线。 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 两组患者临床资料比较

两组患者性别构成、年龄、红细胞计数、血小板计数比较,经 χ^2/t 检验,差异均无统计学意义($P > 0.05$)。两组患者体温、心率、白细胞计数、C 反应蛋白比较,经 χ^2/t 检验,差异均有统计学意义($P < 0.05$),SIRS 组体温较非 SIRS 组高、心率较非 SIRS 组快、白细胞计数较非 SIRS 组多、C 反应蛋白水平较非 SIRS 组高。见表 1。

2.2 两组患者 Chao1 和 Shannon 指数比较

两组患者 Chao1 和 Shannon 指数比较,经 t 检验,差异均无统计学意义($P > 0.05$)。见表 2。

2.3 两组患者肠道菌属相对丰度比较

两组患者拟杆菌属、瘤胃球菌属、阿克曼菌属、

表 1 两组患者临床资料比较 ($n=30$)

组别	男/女/例	年龄/(岁, $\bar{x} \pm s$)	体温/($^{\circ}\text{C}$, $\bar{x} \pm s$)	心率/(次/min, $\bar{x} \pm s$)
SIRS 组	17/13	50.27 \pm 11.42	40.07 \pm 0.24	98.15 \pm 2.13
非 SIRS 组	16/14	50.63 \pm 10.78	37.52 \pm 0.33	83.16 \pm 2.07
χ^2/t 值	0.067	0.126	34.229	27.643
P 值	0.795	0.901	0.000	0.000

续表 1

组别	白细胞计数/($\times 10^9/L, \bar{x} \pm s$)	血小板计数/($\times 10^9/L, \bar{x} \pm s$)	红细胞计数/($\times 10^{12}/L, \bar{x} \pm s$)	C 反应蛋白/(mg/mL, $\bar{x} \pm s$)
SIRS 组	14.25 \pm 1.33	190.21 \pm 20.13	4.62 \pm 0.45	35.27 \pm 2.00
非 SIRS 组	7.67 \pm 2.31	182.16 \pm 18.83	4.73 \pm 0.51	11.37 \pm 3.28
χ^2/t 值	13.521	1.6	0.886	19.827
P 值	0.000	0.113	0.378	0.000

表 2 两组患者 Chao1 和 Shannon 指数比较
($n=30, \bar{x} \pm s$)

组别	Chao1 指数	Shannon 指数
SIRS 组	252.41 \pm 10.75	3.21 \pm 0.32
非 SIRS 组	250.52 \pm 10.26	3.09 \pm 0.41
t 值	0.687	1.264
P 值	0.489	0.211

粪肠球菌属相对丰度比较,经 t 检验,差异均无统计学意义($P>0.05$)。两组患者普雷沃菌属、埃希菌-志贺菌属、棒状杆菌属相对丰度比较,经 t 检验,差异均有统计学意义($P<0.05$),SIRS 组普雷沃菌属相对丰度低于非 SIRS 组,埃希菌-志贺菌属、棒状杆菌属相对丰度均高于非 SIRS 组。见表 3。

表 3 两组患者肠道菌属相对丰度比较 ($n=30, \%, \bar{x} \pm s$)

组别	拟杆菌属	普雷沃菌属	瘤胃球菌属	埃希菌-志贺菌属	阿克曼菌属	粪肠球菌属	棒状杆菌属
SIRS 组	19.68 \pm 1.35	1.92 \pm 0.43	7.03 \pm 0.62	8.19 \pm 1.94	5.87 \pm 0.74	4.72 \pm 0.23	10.55 \pm 3.39
非 SIRS 组	20.01 \pm 1.11	2.58 \pm 0.58	7.24 \pm 0.69	4.94 \pm 1.92	5.82 \pm 0.62	4.65 \pm 0.26	5.57 \pm 2.09
t 值	1.034	5.007	1.240	6.487	0.284	1.104	6.845
P 值	0.305	0.000	0.220	0.000	0.778	0.274	0.000

2.4 临床指标与肠道菌群的相关性分析

Pearson 相关性分析结果表明,体温、心率、白细胞计数及 C 反应蛋白与普雷沃菌属相对丰度均呈负相关($r = -0.574, -0.539, -0.554$ 和 -0.572 , 均 $P = 0.000$);体温、心率、白细胞计数及 C 反应蛋白与埃希菌-志贺菌属相对丰度呈正相关($r = 0.751, 0.743, 0.657$ 和 0.770 , 均 $P = 0.000$),及棒状杆菌属相对丰度均呈正相关($r = 0.782, 0.762, 0.707$ 和 0.799 , 均 $P = 0.000$)。

2.5 肠道菌属相对丰度预测并发感染的 ROC 曲线

ROC 曲线分析结果显示,联合诊断的预测效能最高,曲线下面积为 0.946(95% CI: 0.871, 1.000),敏

感性为 96.7% (95% CI: 0.902, 0.100), 特异性为 93.3%(95% CI: 0.844, 0.100)。见图 1 和表 4。

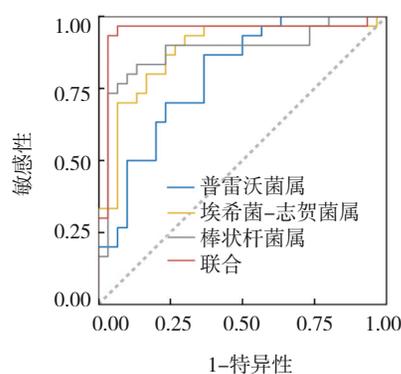


图 1 肠道菌群丰度预测并发感染的 ROC 曲线

表 4 肠道菌群丰度预测并发感染的效能分析

指标	截断值	约登指数	敏感性/ %	95% CI		特异性/ %	95% CI		曲线下面积	95% CI	
				下限	上限		下限	上限		下限	上限
普雷沃菌属	2.395	0.500	86.7	0.745	0.988	63.3	0.461	0.806	0.796	0.683	0.908
埃希菌-志贺菌属	5.690	0.633	93.3	0.844	0.100	70.0	0.536	0.864	0.881	0.790	0.972
棒状杆菌属	7.690	0.700	83.3	0.700	0.967	86.7	0.745	0.988	0.880	0.784	0.976
联合	0.467	0.900	96.7	0.902	0.100	93.3	0.844	0.100	0.946	0.871	1.000

3 讨论

TBI 是一种病因多样、病理生理过程复杂的急性疾病。其发病原因包括外力直接冲击、穿透性伤害以及非外伤性因素,如新生儿分娩并发症、爆炸性冲击波等^[10-11]。SIRS 作为常见且严重影响患者预后的并发症,其发生、发展与 TBI 的临床转归密切相关。肠道菌群作为人体内最大的微生物生态系统,其组成、多样性和功能状态与宿主健康息息相关。肠道菌群失衡不仅可能直接通过病原体易位、内毒素释放等途径诱发或加剧全身炎症反应,还可能通过影响免疫细胞功能、炎性介质生成及代谢产物变化等间接方式参与 SIRS 的发生、发展^[12-14]。MARTÍNEZ 等^[15]研究表明,肠道菌群的动态变化能够显著影响全身炎症反应的进程。TARASKINA 等^[16]研究表明 TBI 后的菌群失调已显示影响大脑功能,并有助于持续的神经炎症,这可能使个体易于发展 SIRS。CELORRIO 等^[17]研究表明,TBI 后肠道菌群的变化可能导致小胶质细胞持续激活,这种持续激活与二次脑损伤相关,并可能在 SIRS 的发展中发挥作用。鉴于肠道菌群在 TBI 后全身炎症反应中的潜在关键作用,探究其多样性变化对 SIRS 临床预测价值的研究具有重要的理论和实践意义。

本研究结果表明,SIRS 组体温更高、心率更快。体温升高是 SIRS 的核心表现之一,提示 SIRS 组患者存在更为严重的全身炎症反应。心率加快是机体对炎症刺激的应激反应,可能与交感神经系统激活、循环系统代偿,以及炎性介质对心脏直接作用等因素有关。白细胞计数和 C 反应蛋白水平的升高进一步提示 SIRS 组患者体内存在更强烈的免疫细胞动员和炎症反应^[18]。肠道菌群多样性分析结果显示,虽然两组患者 Shannon 指数和 Chao1 指数无差异,但在菌属相对丰度上却表现出差异。孙小鹏等^[19]研究表明,不同颅脑损伤患者部分肠道菌群间水平比较有差异。具体分析:肠道菌群的 Alpha 多样性稳定可能与人体内复杂的免疫调节机制有关。即使在炎症状态下,机体仍能通过多种途径维持肠道微生态的相对稳定,如免疫细胞的局部调控、黏膜屏障功能的维持、短链脂肪酸等代谢产物的抗炎作用等。这些因素可能共同作用,使 SIRS 患者肠道菌群的整体多样性得以保持。虽然 Chao1 指数和 Shannon 指数未见差异,但 SIRS 组与非 SIRS 组

在普雷沃菌属、埃希菌-志贺菌属和棒状杆菌属等特定菌属上存在差异。提示尽管 SIRS 患者的肠道菌群整体多样性未受影响,但其内部菌群结构已发生了显著改变。普雷沃菌属为有益菌,其代谢活动对维持机体抗炎能力至关重要,尤其是产生的短链脂肪酸(如乙酸、丙酸、丁酸等),不仅作为能量来源,还具有调节免疫细胞功能、抑制炎症基因表达、维护上皮细胞屏障等功能^[20]。菌群失调导致此类抗炎代谢产物生成减少,使抗炎防御机制削弱,有利于炎症状态的持续和恶化,从而与 SIRS 的发生、发展过程相关联。埃希菌-志贺菌属中包含一些条件致病菌,其增多可能意味着肠道内潜在病原菌负荷的增加,导致炎性介质的过度产生,加剧全身炎症反应^[21]。棒状杆菌属中部分菌种在一定条件下也可成为病原体,其增多可能与 SIRS 患者肠道环境改变、免疫功能紊乱有关,进一步推动炎症反应的升级。冯若扬^[22]研究表明,不同程度颅脑损伤患者中的菌群结构发生失衡,表现为中度颅脑损伤患者肠道有益菌减少、有害菌增多,与本研究结果一致。肠道菌群失衡状态下,肠黏膜屏障完整性受损,表现为紧密连接蛋白表达下调、上皮细胞间隙增大、黏液层变薄等改变,使得肠道内病原微生物、内毒素及其他炎症刺激物易于穿越黏膜屏障,进入门静脉系统,进而引发系统性炎症反应,即所谓的肠源性内毒素血症或肠漏现象,此乃 SIRS 发病的重要病理基础之一^[23]。这种菌群组成的特定变化可能是导致全身炎症反应加剧、SIRS 发生的关键因素。ROC 曲线结果表明,不同菌属在预测并发感染时可能侧重不同的病理机制或疾病阶段,联合诊断整合了这些互补信息,减少了单一指标预测时的局限性。将肠道菌群作为治疗目标的观点正在获得支持。肠道免疫营养干预可改善 TBI 患者的免疫功能,促进神经恢复^[24]。而益生菌或粪便菌群移植等措施,则可以调节肠道菌群并可能减轻 TBI 的影响,预防 SIRS^[25]。

综上所述,本研究揭示了 TBI 患者肠道菌群多样性差异与 SIRS 发生之间的密切关系,特别是普雷沃菌属、埃希菌-志贺菌属和棒状杆菌属的相对丰度变化对 SIRS 具有显著的预测价值。这些发现不仅加深了对颅脑损伤后 SIRS 发病机制的理解,也为临床实践中利用肠道菌群特征进行 SIRS 的早期预

测、风险分层及个体化治疗策略的制订提供了科学依据。未来的研究可进一步探索肠道菌群干预手段在预防和治疗颅脑损伤后 SIRS 中的潜在作用, 以期改善 TBI 患者预后。

参 考 文 献 :

- [1] ROGAN A, PATEL V, BIRDLING J, et al. Acute traumatic brain injury and the use of head computed tomography scans in the emergency department[J]. *Trauma*, 2022, 24(4): 327-336.
- [2] JACOME T, TATUM D. Systemic inflammatory response syndrome (SIRS) score independently predicts poor outcome in isolated traumatic brain injury[J]. *Neurocrit Care*, 2018, 28(1): 110-116.
- [3] 蔡泳昱, 吴泳锡, 李方形, 等. 肠道菌群及其代谢产物与神经退行性疾病关系研究进展[J]. *应用化学*, 2023, 40(3): 309-316.
- [4] 沈俊希, 朱星, 陈云志, 等. 肺部、肠道菌群及其相互作用与慢性阻塞性肺疾病发生发展的研究进展[J]. *中国全科医学*, 2023, 26(20): 2548-2554.
- [5] 刘盼茹, 郭玺, 唐乙朝, 等. 自身免疫性疾病与肠道菌群互作及中药干预研究进展[J]. *南京中医药大学学报*, 2023, 39(7): 693-700.
- [6] 贺育华, 杨婕, 李卡. 创伤性脑损伤与肠道菌群关系研究进展[J]. *微生物学杂志*, 2023, 43(3): 108-112.
- [7] 杨婷, 刘文卿, 刘金枝, 等. 功能性消化不良患者心理状态与肠道菌群失调、胃肠动力的相关性[J]. *医学临床研究*, 2023, 40(12): 1916-1918.
- [8] ZHU C S, GRANDHI R, PATTERSON T T, et al. A review of traumatic brain injury and the gut microbiome: insights into novel mechanisms of secondary brain injury and promising targets for neuroprotection[J]. *Brain Sci*, 2018, 8(6): 113.
- [9] 俞森洋. SIRS、sepsis、严重 sepsis 和 MODS 的诊断标准[J]. *临床肺科杂志*, 2009, 14(1): 1-2.
- [10] CLEMENTE J C, MANASSON J, SCHER J U. The role of the gut microbiome in systemic inflammatory disease[J]. *BMJ*, 2018, 360: j5145.
- [11] 张述升, 刘俊, 陈悦达, 等. 经鼻高流量氧疗与传统氧疗在急性中型颅脑损伤患者中的应用效果比较[J]. *中国中西医结合急救杂志*, 2023, 30(1): 42-45.
- [12] 周楠, 刘曼. IgA 肾病肠道黏膜免疫致病机制的再认识: 肠源性 IgA+浆细胞[J]. *中华实用儿科临床杂志*, 2024, 39(3): 232-235.
- [13] 刘静怡, 董万涛, 邱世明, 等. "肠-免疫"轴对骨稳态影响的研究进展[J]. *细胞与分子免疫学杂志*, 2023, 39(12): 1146-1150.

- [14] 唐璐, 王春爱. 肠道菌群及代谢物在神经认知恢复延迟中作用的研究进展[J]. *中国现代医学杂志*, 2024, 34(5): 44-50.
- [15] MARTÍNEZ J E, VARGAS A, PÉREZ-SÁNCHEZ T, et al. Human microbiota network: unveiling potential crosstalk between the different microbiota ecosystems and their role in health and disease[J]. *Nutrients*, 2021, 13(9): 2905.
- [16] TARASKINA A, IGNATYEVA O, LISOVAYA D, et al. Effects of traumatic brain injury on the gut microbiota composition and serum amino acid profile in rats[J]. *Cells*, 2022, 11(9): 1409.
- [17] CELORRIO M, ABELLANAS M A, RHODES J, et al. Gut microbial dysbiosis after traumatic brain injury modulates the immune response and impairs neurogenesis[J]. *Acta Neuropathol Commun*, 2021, 9(1): 40.
- [18] 张玮琳, 贺程程, 青青, 等. 选择性白细胞吸附在炎症性肠病中的临床应用[J]. *中华消化杂志*, 2024, 44(1): 62-64.
- [19] 孙小鹏, 何小花, 黄利红, 等. 不同程度颅脑疾病患者肠道菌群分析[J]. *中国微生态学杂志*, 2022, 34(4): 445-450.
- [20] PÉREZ C, RUIZ J. Role of *Prevotella* species in human health and diseases[J]. *Clin Microbiol Rev*, 2021, 34(3): e00158-20.
- [21] 李君秋, 戴彦成, 曹红燕, 等. 大承气汤能够通过调节肠道微生物群抑制轻症急性胰腺炎患者炎症反应并促进胃肠功能恢复[J]. *中华危重病急救医学*, 2023, 35(2): 170-176.
- [22] 冯若扬. 中重型颅脑损伤患者肠道菌群的研究分析[D]. 天津: 天津医科大学, 2019.
- [23] 李永强, 唐文娟, 周永健. 肠道菌群及其代谢产物在非酒精性脂肪性肝病发生发展及治疗中的作用[J]. *临床肝胆病杂志*, 2023, 39(8): 1805-1810.
- [24] 王白永, 林乐清, 唐文学. 肠内免疫营养对急性重型颅脑损伤患者免疫功能及预后的影响研究[J]. *中国全科医学*, 2018, 21(5): 531-534.
- [25] RICE M W, PANDYA J D, SHEAR D A. Gut microbiota as a therapeutic target to ameliorate the biochemical, neuroanatomical, and behavioral effects of traumatic brain injuries[J]. *Front Neurol*, 2019, 10: 875.

(李科 编辑)

本文引用格式: 董玉萍, 贺彬, 祁锁霞, 等. 急性颅脑外伤患者肠道菌群多样性差异对继发性全身炎症反应综合征的临床预测价值[J]. *中国现代医学杂志*, 2024, 34(20): 74-79.

Cite this article as: DONG Y P, HE B, QI S X, et al. The clinical predictive value of differences in gut microbiota diversity for secondary systemic inflammatory response syndrome in patients with acute traumatic brain injury[J]. *China Journal of Modern Medicine*, 2024, 34(20): 74-79.