

DOI: 10.3969/j.issn.1005-8982.2026.08.006
文章编号: 1005-8982 (2026) 08-0031-06

肠道疾病专题·论著

老年维持性血液透析患者营养状况与肠道菌群分布的关系研究*

辛棋, 黄玉斌, 祁欣, 盖腾飞

(北大荒集团建三江医院 检验科, 黑龙江 佳木斯 156300)

摘要: **目的** 探讨老年维持性血液透析(MHD)患者营养状况与肠道菌群分布的关系。**方法** 选取2022年1月—2025年1月在北大荒集团建三江医院进行MHD的121例老年患者作为研究对象,通过改良定量主观整体评估表(MQSGA)评价患者营养状况,根据结果将患者分为营养正常组(70例)和营养不良组(51例)。收集所有患者的粪便样本,利用16S rRNA测序技术和Qiime软件进行肠道菌群 α 多样性分析[Chao1指数、observed species (Sobs)指数、Shannon指数、Simpson指数],并检测两组营养相关生化指标[白蛋白(Alb)、前白蛋白(PA)、转铁蛋白(TRF)、血红蛋白(Hb)]。通过多因素一般Logistic回归模型分析肠道菌群 α 多样性对老年MHD患者营养不良的影响。采用Pearson相关性分析探讨肠道菌群与营养指标的关系。**结果** 营养正常组Chao1指数、Sobs指数、Shannon指数和Simpson指数均高于营养不良组($P<0.05$)。营养正常组Alb、PA、TRF、Hb均高于营养不良组($P<0.05$)。多因素一般Logistic回归分析结果显示,Chao1指数小[OR=0.098(95%CI: 0.029, 0.331)]、Sobs指数小[OR=0.118(95%CI: 0.033, 0.430)]、Shannon指数小[OR=0.330(95%CI: 0.146, 0.747)]和Simpson指数小[OR=0.135(95%CI: 0.040, 0.463)]均为患者发生营养不良的危险因素($P<0.05$)。Chao1指数与Alb、PA、TRF和Hb水平均呈正相关($r=0.405, 0.461, 0.230, 0.262$,均 $P<0.05$);Sobs指数与Alb水平、PA水平、TRF水平和Hb水平均呈正相关($r=0.393, 0.602, 0.394, 0.244$,均 $P<0.05$);Shannon指数与Alb水平、PA水平、TRF水平和Hb水平均呈正相关($r=0.181, 0.253, 0.280, 0.193$,均 $P<0.05$);Simpson指数与Alb水平、PA水平、TRF水平和Hb水平均呈正相关($r=0.364, 0.403, 0.373, 0.195$,均 $P<0.05$)。**结论** 肠道菌群多样性与营养状况密切相关,且肠道菌群 α 多样性降低是老年MHD患者发生营养不良的风险因素。

关键词: 维持性血液透析;肠道菌群;营养不良;16S rRNA测序;相关性分析

中图分类号: R692.5;R459.5

文献标识码: A

Relationship between nutritional status and intestinal flora distribution in elderly patients undergoing maintenance hemodialysis*

Xin Qi, Huang Yu-bi, Qi Xin, Gai Teng-fei

(Department of Clinical Laboratory, Beidahuang Group Jian Sanjiang Hospital, Jiamusi, Heilongjiang 156300, China)

Abstract: Objective To analyze the relationship between nutritional status and intestinal flora distribution in elderly patients undergoing maintenance hemodialysis (MHD). **Methods** A total of 121 elderly patients who received MHD in our hospital from January 2022 to January 2025 were selected as the research subjects. The

收稿日期: 2025-09-18

* 基金项目: 黑龙江省自然科学基金优秀青年项目(YQ2022H015)

[通信作者] 黄玉斌, E-mail: hyb21sj@163.com

Modified Quantitative Subjective Global Assessment (MQSGA) was used to evaluate the patients' nutritional status, and the patients were divided into the normal nutrition group ($n = 70$) and the malnutrition group ($n = 51$) according to the evaluation results. Fecal samples of all patients were collected, and 16S rRNA sequencing technology and the Qiime software were used to analyze the α -diversity of intestinal flora [including Chao1 index, observed species (Sobs) index, Shannon index, and Simpson index]. Meanwhile, nutrition-related biochemical indicators [albumin (ALB), prealbumin (PA), transferrin (TRF), and hemoglobin (Hb)] were detected in both groups. Logistic regression analysis was used to explore the effect of intestinal flora α -diversity on malnutrition in elderly MHD patients, and Pearson correlation analysis was performed to investigate the relationship between intestinal flora and nutritional indicators. **Results** The normal nutrition group had higher Chao1 index, Sobs index, Shannon index, and Simpson index than the malnutrition group ($P < 0.05$). The levels of ALB, PA, TRF, and Hb in the normal nutrition group were higher than those in the malnutrition group, with statistically significant differences (all $P < 0.05$). Multivariable general logistic regression analysis showed that lower Chao1 index [$\hat{OR} = 0.098$ (95% CI: 0.029, 0.331)], lower Sobs index [$\hat{OR} = 0.118$ (95% CI: 0.033, 0.430)], lower Shannon index [$\hat{OR} = 0.330$ (95% CI: 0.146, 0.747)] and lower Simpson index [$\hat{OR} = 0.135$ (95% CI: 0.040, 0.463)] were all risk factors for malnutrition in patients (all $P < 0.05$). The Chao1 index was positively correlated with ALB, PA, TRF, and Hb levels ($r = 0.405, 0.461, 0.230, \text{ and } 0.262$, respectively; all $P < 0.05$). The Sobs index was also positively correlated with ALB, PA, TRF, and Hb levels ($r = 0.393, 0.602, 0.394, \text{ and } 0.244$, respectively; all $P < 0.05$). Similarly, the Shannon index showed positive correlations with ALB, PA, TRF, and Hb levels ($r = 0.181, 0.253, 0.280, \text{ and } 0.193$, respectively; all $P < 0.05$), and the Simpson index was positively correlated with ALB, PA, TRF, and Hb levels ($r = 0.364, 0.403, 0.373, \text{ and } 0.195$, respectively; all $P < 0.05$). **Conclusion** Intestinal flora diversity is closely related to nutritional status, and the decrease in the α -diversity of intestinal flora is a risk factor for malnutrition in elderly patients undergoing MHD.

Keywords: maintenance hemodialysis; intestinal flora; malnutrition; 16S rRNA sequencing; correlation analysis

随着老年维持性血液透析 (maintenance hemodialysis, MHD) 患者的不断增加, 营养不良作为其常见并发症严重影响着患者预后^[1-2]。近年研究发现, 老年MHD患者普遍存在肠道菌群失调, 而菌群紊乱与营养不良之间可能存在密切的交互作用^[3-4]。MHD治疗过程中引起的营养素流失、微炎症状态及尿毒症毒素蓄积, 可导致肠道菌群多样性下降和机会致病菌增殖; 该菌群失调会进一步破坏肠黏膜屏障功能, 减少短链脂肪酸等有益代谢物生成, 加剧全身炎症反应及营养物质吸收障碍, 终导致营养不良的发生、发展^[5-6]。然而, 目前关于老年MHD患者肠道菌群多样性与营养状况的具体关联尚待深入探讨。本研究通过分析患者肠道菌群 α 多样性特征与营养指标的相关性, 揭示菌群失调对营养不良的影响, 为临床营养干预提供新思路。

1 资料与方法

1.1 一般资料

选取2022年1月—2025年1月在北大荒集团建

三江医院进行MHD的121例老年患者作为研究对象。通过改良定量主观整体评估表(modified quantitative subjective global assessment, MQSGA)评价患者的营养状况, 根据评估结果将患者分为营养正常组和营养不良组, 分别有70、51例。本研究经医院医学伦理委员会批准(2021093), 患者和家属均知情同意。

1.2 纳入与排除标准

1.2.1 纳入标准 ①符合《肾脏病学》第3版^[7]中终末期肾病(end stage renal disease, ESRD)诊断标准, 且接受规律MHD治疗; ②规律MHD治疗时长 ≥ 3 个月, 透析频次3次/周、4h/次; ③年龄 ≥ 60 岁; ④临床资料完整, 且依从性良好, 能配合完成粪便样本采集、营养评估等研究流程。

1.2.2 排除标准 ①受试前经评估存在严重营养不良倾向或既往有明确营养不良病史; ②伴有精神障碍; ③合并免疫系统疾病、血液系统疾病或严重感染性疾病; ④存在心力衰竭、心脏/肝脏等重要脏器器质性病变或严重继发性甲状旁腺功能亢进。

1.3 方法

1.3.1 营养状况评估方法 采用MQSGA^[8]评估纳入患者的营养状况,该量表包含7个评估项目,总分7~35分。根据评分结果进行分组:≤10分的患者判定为营养正常,纳入营养正常组;11~20分的患者判定为轻、中度营养不良;21~35分的患者判定为重度营养不良,两类营养不良患者统一纳入营养不良组。

1.3.2 肠道菌群检测方法 ①样本采集与保存:采集患者新鲜粪便样本约5 g,立即置于无菌干燥容器内,随后转入-80℃环境下冷冻保存,避免样本微生物群落结构改变;②DNA提取与处理:使用凯杰企业管理(上海)有限公司生产的QIAamp粪便DNA提取试剂盒,从冷冻保存的粪便样本中提取总DNA;提取完成后测定总DNA的浓度与纯度,将其稀释至10 ng/μL,作为后续PCR扩增的模板;③测序与α多样性分析:对纯化后的PCR产物进行处理,构建适配Miseq测序仪(上海伊华生物技术有限公司,PE250型)的测序文库;利用Qiime软件(版本1.8.0)对测序数据进行分析,计算Chao1指数、Observed Species(Sobs)指数、Shannon指数及Simpson指数,通过上述4项α多样性指标评估患者肠道微生物群落的丰度与多样性。

1.3.3 营养相关生化指标检测方法 采集所有研究对象清晨空腹外周静脉血5 mL,3 000 r/min离心10 min后分离血清液,置于-80℃冰箱保存待测。采用日本日立公司7600型全自动生化分析仪检测血清白蛋白(Albumin, Alb)和前白蛋白(Prealbumin, PA)水平;采用德国西门子股份公司蛋白分析仪及配套试剂盒,通过免疫比浊法检测转铁蛋白(Transferrin, TRF)水平;采用希森美康医用电子(上海)有限公司的XN-10型全自动血液分析仪检测血红蛋白(Hemoglobin, Hb)水平。所有操作严格按照试剂盒说明书及仪器标准操作规程进行。

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±标准差($\bar{x} \pm s$)表示,比较用 t 检验;计数资料以构成比表示,比较用 χ^2 检验;影响因素分析采用多因素一般Logistic回归模型,相关性分析采用Pearson法。 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 两组一般资料比较

营养正常组中男性38例,女性32例;平均年龄(70.63 ± 7.56)岁;平均透析时间(31.53 ± 4.58)个月;慢性肾小球肾炎33例、高血压肾病17例、糖尿病肾病20例。营养不良组中男性29例,女性22例;平均年龄(71.32 ± 7.81)岁;平均透析时间(32.72 ± 4.83)个月;慢性肾小球肾炎25例、高血压肾病11例、糖尿病肾病15例。两组性别构成、透析时间和疾病构成比较,经 χ^2/t 检验,差异均无统计学($P > 0.05$),具有可比性。

2.2 两组肠道菌群多样性比较

营养正常组与营养不良组Chao1指数、Sobs指数、Shannon指数和Simpson指数比较,经 t 检验,差异均有统计学意义($P < 0.05$);营养正常组Chao1指数、Sobs指数、Shannon指数和Simpson指数均高于营养不良组。见表1。

2.3 两组血清营养指标比较

营养正常组与营养不良组Alb、PA、TRF、Hb比较,经 t 检验,差异均有统计学意义($P < 0.05$);营养正常组Alb、PA、TRF、Hb均高于营养不良组。见表2。

2.4 肠道菌群α多样性对老年MHD患者营养不良的影响因素分析

以老年MHD患者是否发生营养不良为因变量(营养正常=0,营养不良=1),以Chao1指数、Sobs指数、Shannon指数、Simpson指数(均为实测值)

表1 两组肠道菌群α多样性比较 ($\bar{x} \pm s$)

组别	<i>n</i>	Chao1指数	Sobs指数	Shannon指数	Simpson指数
营养正常组	70	253.39 ± 35.11	231.59 ± 31.58	3.59 ± 0.83	0.15 ± 0.05
营养不良组	51	206.13 ± 30.69	183.56 ± 25.09	3.10 ± 0.62	0.10 ± 0.03
<i>t</i> 值		7.703	8.987	3.554	6.353
<i>P</i> 值		0.000	0.000	0.001	0.000

表 2 两组血清营养指标比较 ($\bar{x} \pm s$)

组别	n	Alb/(g/L)	PA/(mg/L)	TRF/(g/L)	Hb/(g/L)
营养正常组	70	35.96 ± 4.35	285.46 ± 30.43	2.69 ± 0.53	121.45 ± 16.58
营养不良组	51	28.12 ± 3.24	203.39 ± 24.42	1.95 ± 0.34	106.88 ± 11.24
t 值		10.858	15.884	8.741	5.429
P 值		0.000	0.000	0.001	0.000

为自变量, 进行多因素一般 Logistic 回归分析。结果显示: Chao1 指数小 [$\hat{OR}=0.098$ (95% CI: 0.029, 0.331)]、Sobs 指数小 [$\hat{OR}=0.118$ (95% CI: 0.033, 0.430)]、Shannon 指数小 [$\hat{OR}=0.330$ (95% CI: 0.146, 0.747)] 和 Simpson 指数小 [$\hat{OR}=0.135$ (95% CI: 0.040, 0.463)] 均为患者发生营养不良的危险因素 ($P < 0.05$)。见表 3。

表 3 肠道菌群 α 多样性对老年 MHD 患者营养不良影响的多因素一般 Logistic 回归分析参数

自变量	b	S_b	Wald χ^2 值	P 值	\hat{OR} 值	95% CI	
						下限	上限
Chao1 指数	-2.321	0.620	13.998	0.000	0.098	0.029	0.331
Sobs 指数	-2.133	0.657	10.533	0.001	0.118	0.033	0.430
Shannon 指数	-1.109	0.417	7.064	0.008	0.330	0.146	0.747
Simpson 指数	-2.000	0.628	10.149	0.001	0.135	0.040	0.463

2.5 肠道菌群 α 多样性与营养指标的相关性

Chao1 指数与 Alb、PA、TRF 和 Hb 水平均呈正相关 ($P < 0.05$); Sobs 指数与 Alb、PA、TRF 和 Hb

均呈正相关 ($P < 0.05$); Shannon 指数与 Alb、PA、TRF 和 Hb 均呈正相关 ($P < 0.05$); Simpson 指数与 Alb、PA、TRF 和 Hb 均呈正相关 ($P < 0.05$)。见表 4。

表 4 肠道菌群 α 多样性与营养指标的相关性分析

指标	Alb		PA		TRF		Hb	
	r 值	P 值	r 值	P 值	r 值	P 值	r 值	P 值
Chao1 指数	0.405	0.000	0.461	0.000	0.230	0.011	0.262	0.004
Sobs 指数	0.393	0.000	0.602	0.000	0.394	0.000	0.244	0.007
Shannon 指数	0.181	0.048	0.253	0.005	0.280	0.002	0.193	0.034
Simpson 指数	0.364	0.000	0.403	0.000	0.373	0.000	0.195	0.032

3 讨论

老年 ESRD 患者进行 MHD 治疗的并发症管理难度显著高于年轻患者, 此类患者不仅常合并心血管疾病、糖尿病等基础病症, 且因生理机能衰退可能伴随认知功能减退, 进一步增加了治疗依从性管控与病情监测的复杂性^[9-10]。尽管 MHD 能有效替代受损肾功能、清除体内代谢废物, 但治疗过程中蛋白质、氨基酸等关键营养素会随透析液被清除, 加之肾功能衰竭引发的代谢性酸中毒会加速蛋白质分解, 导致老年 MHD 患者成为营养不良的高发人群, 而营养不良也会加剧患者免疫功能下降、感染风险升高^[11-12]。与此同时, 近年来肠道

微生物生态领域的研究揭示, 老年 MHD 患者的肠道菌群结构与健康人群存在显著差异^[13]。健康人体肠道内拟杆菌门、厚壁菌门等优势菌群相互制衡, 通过参与营养吸收、免疫调节维持机体稳态^[14], 而老年 MHD 患者因血管通路建立、严格饮食限制等治疗相关因素, 以及体内毒素蓄积对肠黏膜屏障的破坏, 均会导致肠道菌群多样性降低、致病菌丰度升高, 这种菌群紊乱不仅可能通过影响营养素代谢加剧营养不良, 还可能通过产生毒性代谢产物加重肾脏负担、诱发微炎症状态, 进一步影响疾病预后^[15]。目前虽有研究证实慢性肾脏病患者存在肠道菌群紊乱与营养不良的关联^[16], 但针对老年

MHD患者这一特定群体,系统性地探讨多种肠道菌群 α 多样性指数与系列营养指标的量化关系,并运用多因素分析明确其因果关联的研究尚属少见。因此,深入探讨两者关联对优化老年MHD患者营养干预方案、改善临床预后具有重要的现实意义。

本研究中营养正常组肠道菌群 α 多样性指标及血清营养指标均高于营养不良组,这一差异源于肠道菌群与机体营养代谢的紧密病理关联。Chao1与Sobs指数反映菌群丰度,Shannon指数体现菌群物种均匀度,Simpson指数衡量菌群优势度,营养正常组该类指标更高,表明其肠道内有益菌丰度更充足、菌群结构更均衡^[17]。这类有益菌可通过分解膳食纤维产生短链脂肪酸,既能修复肠黏膜屏障、减少肠道毒素入血,避免毒素对肾脏的二次损伤及对肝细胞合成蛋白的抑制,又能促进肠道对氨基酸、维生素等营养素的吸收。而营养不良组肠道菌群多样性降低,意味着有益菌减少、致病菌占比升高,致病菌过度增殖会破坏肠黏膜完整性,导致营养素吸收障碍,同时其产生的毒性代谢产物会加剧机体微炎症状态,激活分解代谢通路,加速蛋白质分解^[18-19]。从营养指标来看,Alb是反映机体蛋白质储备的核心指标,PA为肝脏合成的短期营养监测指标,两者水平升高说明营养正常组肝脏合成蛋白质功能正常、蛋白质摄入与储备充足,这与肠道菌群促进氨基酸吸收、减少蛋白质分解密切相关^[20]。TRF作为铁转运蛋白,其水平升高提示肠道铁吸收良好,而Hb水平升高则直接反映机体造血原料充足、贫血情况改善。这均得益于营养正常组肠道菌群通过调节铁吸收相关基因表达,提升铁的生物利用率,避免因菌群紊乱导致的铁吸收障碍。而营养不良组患者因肠道菌群多样性降低引发营养素吸收受阻、蛋白质分解增加,最终导致Alb、PA、TRF、Hb水平均下降。向平等^[21]研究结果也显示,老年MHD患者普遍存在肠道菌群失衡,其中I度、II度和III度失衡分别占42.95%、19.87%和3.21%。通过16S rDNA实时荧光定量PCR对占肠道微生物总量98%的双歧杆菌、乳酸杆菌、大肠杆菌和肠球菌进行定量分析,发现失衡组中具有营养代谢调节及抑菌作用的双歧杆菌和乳酸杆菌数量显著降低,而大肠杆菌和肠球菌数量明显升高,可能与尿毒症环境

下代谢产物蓄积及血流动力学改变引起的细菌移位有关。此外,该研究显示,菌群失衡组体质量指数、Alb及MNA评分均显著降低,且这些营养指标与双歧杆菌、乳酸杆菌数量呈正相关,与大肠杆菌和肠球菌数量呈负相关,进一步从特定菌株层面证实肠道菌群失衡是老年MHD患者营养不良的重要影响因素。本研究通过多因素一般Logistic回归分析进一步发现,Chao1、Sobs、Shannon及Simpson指数降低均是老年MHD患者发生营养不良的危险因素。而Pearson相关性分析显示,肠道菌群多样性与Alb、PA、TRF、Hb水平均呈正相关,则进一步量化了两者关联方向与强度。MHD治疗本身可通过多种途径直接或间接导致肠道菌群多样性下降,促使有益菌减少而机会致病菌增多,即菌群失调。这种失调破坏了肠道屏障功能,影响短链脂肪酸等有益代谢物的产生,加剧全身炎症及蛋白质分解代谢,进而抑制营养物质的吸收与利用,最终导致营养不良^[22-23]。反之,营养不良状态又可进一步削弱免疫功能和肠道环境,加重菌群紊乱,由此形成恶性循环^[24-25]。本研究通过回归与相关性分析,不仅从种群多样性和特定菌株水平同时验证了菌群失衡是营养不良的独立危险因素,也为临床通过监测菌群指标早期预警和干预营养风险提供了量化依据。

本研究结论明确,老年MHD患者中,营养正常组的肠道菌群 α 多样性及血清营养指标均显著高于营养不良组,肠道菌群 α 多样性降低是患者发生营养不良的危险因素,且菌群多样性与上述营养指标呈正相关。临床应用中可通过监测肠道菌群 α 多样性指标辅助评估老年MHD患者营养风险,针对性地开展肠道菌群干预以改善其营养状态。但本研究未深入分析特定菌株与营养指标的关联,且未探讨肠道菌群干预对营养状况的改善效果。今后可扩大样本量,结合宏基因组测序等技术明确关键功能菌群,开展前瞻性干预研究,验证调节肠道菌群对提升老年MHD患者营养水平及预后的实际效果,同时需注意排除基础疾病、用药情况等混杂因素对研究结果的影响。

参 考 文 献 :

- [1] ZHANG M Q, NI H F, LIN Y M, et al. Renal aging and its

- consequences: navigating the challenges of an aging population[J]. *Front Pharmacol*, 2025, 16: 1615681.
- [2] 陈敏亚, 邓跃赢, 余军, 等. 终末期肾病维持性血液透析患者症状负担的影响因素分析[J]. *中国现代医学杂志*, 2024, 34(21): 92-98.
- [3] 史文丽, 郭梓菲, 王凡凡, 等. 老年维持性血液透析病人发生蛋白质能量消耗的影响因素[J]. *护理研究*, 2025, 39(10): 1699-1703.
- [4] IGWE E O, DING P, CHARLTON K E, et al. Association between malnutrition and delirium in older chronic kidney disease patients admitted to intensive care units: a data linkage study[J]. *J Nutr Health Aging*, 2023, 27(7): 571-577.
- [5] BHARGAVA S, MERCKELBACH E, NOELS H, et al. Homeostasis in the gut microbiota in chronic kidney disease[J]. *Toxins (Basel)*, 2022, 14(10): 648.
- [6] KIM J E, KIM H E, PARK J I, et al. The association between gut microbiota and uremia of chronic kidney disease[J]. *Microorganisms*, 2020, 8(6): 907.
- [7] 王海燕. 肾脏病学[M]. 第3版. 北京: 人民卫生出版社, 2008: 1815-1816.
- [8] SEDHAIN A, HADA R, AGRAWAL R K, et al. Assessment of nutritional status of Nepalese hemodialysis patients by anthropometric examinations and modified quantitative subjective global assessment[J]. *Nutr Metab Insights*, 2015, 8: 21-27.
- [9] KIM H W, JHEE J H, JOO Y S, et al. Dialysis adequacy and risk of dementia in elderly hemodialysis patients[J]. *Front Med (Lausanne)*, 2021, 8: 769490.
- [10] 欧洪菊, 刘春兰, 王军文, 等. 系统性免疫炎症指数对老年维持性血液透析患者肾性贫血的评估价值[J]. *分子诊断与治疗杂志*, 2025, 17(5): 894-897.
- [11] MOUILLOT T, FILANCIA A, BOIRIE Y, et al. Hemodialysis affects wanting and spontaneous intake of protein-rich foods in chronic kidney disease patients[J]. *J Ren Nutr*, 2021, 31(2): 164-176.
- [12] DENIZ GÜNEŞ B, KÖKSAL E. Screening for malnutrition with malnutrition inflammation score and geriatric nutritional risk index in hemodialysis patients[J]. *Hemodial Int*, 2022, 26(4): 562-568.
- [13] QIN X X, ZHENG C, JIANG M T. Clinical effect of intestinal microecological therapy on gastrointestinal symptoms in patients with maintenance hemodialysis[J]. *Asian J Surg*, 2023, 46(12): 5972-5973.
- [14] BAEK G H, YOO K M, KIM S Y, et al. Collagen peptide exerts an anti-obesity effect by influencing the *Firmicutes/Bacteroidetes* ratio in the gut[J]. *Nutrients*, 2023, 15(11): 2610.
- [15] AQUILANI R, BOLASCO P, MURTAS S, et al. Effects of a metabolic mixture on gut inflammation and permeability in elderly patients with chronic kidney disease: a proof-of-concept study[J]. *Metabolites*, 2022, 12(10): 987.
- [16] 孙钰, 刘锋, 李娜, 等. 慢性肾脏病患者营养不良与肠道菌群紊乱之间关系的研究[J]. *中国实验诊断学*, 2020, 24(2): 362-364.
- [17] SONG Y K, ZHENG L, LIU A X, et al. Internal transcribed spacer sequencing to explore the intrinsic composition of fungal communities in fungal esophagitis[J]. *World J Gastroenterol*, 2025, 31(7): 101104.
- [18] BAO M C, ZHANG P, GUO S L, et al. Altered gut microbiota and gut-derived p-cresyl sulfate serum levels in peritoneal dialysis patients[J]. *Front Cell Infect Microbiol*, 2022, 12: 639624.
- [19] 鲁敏, 俞小芳. 微生态制剂在慢性肾脏病患者中的应用[J]. *中华临床营养杂志*, 2025, 33(2): 153-160.
- [20] AL-DORZI H M, ARABI Y M. Early administration of high protein for critically ill patients with acute kidney injury?[J]. *Crit Care*, 2023, 27(1): 484.
- [21] 向平, 李云平, 胡小容, 等. 老年维持性血液透析患者肠道菌群分布与营养状态研究[J]. *中华老年多器官疾病杂志*, 2025, 24(1): 45-49.
- [22] HU J G, ZHONG X S, LIU Y, et al. Correlation between intestinal flora disruption and protein-energy wasting in patients with end-stage renal disease[J]. *BMC Nephrol*, 2022, 23(1): 130.
- [23] 吴燕升, 张先闻, 王琳. 慢性肾脏病患者肠道微生态与免疫的关系研究进展[J]. *中华肾病研究电子杂志*, 2024, 13(2): 101-105.
- [24] 于晓倩, 姜月华, 赵世腾, 等. 肠道菌群失调与血管内皮损伤的相关机制研究概况[J]. *中国现代医学杂志*, 2024, 34(5): 37-43.
- [25] KANDA E, LOPES M B, TSURUYA K, et al. The combination of malnutrition-inflammation and functional status limitations is associated with mortality in hemodialysis patients[J]. *Sci Rep*, 2021, 11(1): 1582.

(李科 编辑)

本文引用格式: 辛棋, 黄玉斌, 祁欣, 等. 老年维持性血液透析患者营养状况与肠道菌群分布的关系研究[J]. *中国现代医学杂志*, 2026, 36(8): 31-36.

Cite this article as: XIN Q, HUANG Y B, QI X, et al. Relationship between nutritional status and intestinal flora distribution in elderly patients undergoing maintenance hemodialysis[J]. *China Journal of Modern Medicine*, 2026, 36(8): 31-36.