

多囊卵巢综合征患者肠道菌群分布特点及其与 IR、内分泌代谢失调的相关性研究

程丽琴, 吴巧珠, 谢海珊, 张慧芬

中山大学附属第八医院(深圳福田)妇科, 广东 深圳 518033

【摘要】 目的 探究多囊卵巢综合征(PCOS)患者肠道菌群分布特点,分析其与胰岛素抵抗(IR)、内分泌代谢失调的相关性。方法 选取2018年1月至2020年12月中山大学附属第八医院门诊收治的40例PCOS患者作为观察组,另选取同期月经规律的健康女性40例作为对照组,采用聚合酶链反应-变性梯度凝胶电泳法观察两组受检者肠道菌群的分布特征,采用Spearman法分析其与IR、内分泌代谢指标之间的相关性。结果 观察组患者的空腹胰岛素(FINS)、胰岛素抵抗指数(Homa-IR)、睾酮(T)、黄体生成素(LH)、甘油三酯(TG)和低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C)水平明显高于对照组,而雌激素(E2)、卵泡刺激素(FSH)、总胆固醇(TC)水平明显低于对照组,差异均具有统计学意义($P<0.05$);两组受检者的肠道菌群经聚类分析后共得到OTU代表序列298个;观察组特有OTU序列48个,对照组特有OTU序列72个,两组共有OTU序列89个;Alpha多样性分析结果显示,观察组患者OTU总数、Shannon指数明显低于对照组,差异均具有统计学意义($P<0.05$);观察组患者门水平上厚壁菌门的相对丰度高于对照组,拟杆菌门的相对丰度低于对照组,差异均具有统计学意义($P<0.05$);观察组患者属水平上布劳特菌属、拟杆菌属和粪便杆菌属的相对丰度低于对照组,霍氏真杆菌高于对照组,差异均具有统计学意义($P<0.05$);经Spearman相关性分析结果显示,拟杆菌属与HOMA-IR、T、LH、TG呈正相关($r=0.275、0.285、0.226、0.218, P<0.05$),与E2、TC呈负相关($r=-0.271、-0.263, P<0.05$);粪便杆菌属与E2、TC呈正相关($r=0.234、0.276, P<0.05$),与HOMA-IR、T、LH、TG呈负相关($r=-0.326、-0.179、-0.315、-0.229, P<0.05$)。结论 PCOS患者存在肠道菌失调情况,肠道菌群紊乱可能会加剧PCOS患者IR和内分泌代谢失调。

【关键词】 多囊卵巢综合征;肠道菌群;胰岛素抵抗;内分泌代谢失调;相关性

【中图分类号】 R711.75 **【文献标识码】** A **【文章编号】** 1003-6350(2022)16-2097-05

Distribution characteristics of intestinal flora in patients with polycystic ovary syndrome and the correlation with insulin resistance and endocrine and metabolic disorders. CHENG Li-qin, WU Qiao-zhu, XIE Hai-shan, ZHANG Hui-fen. Department of Gynecology, the Eighth Affiliated Hospital of Sun Yat-sen University, Shenzhen 518033, Guangdong, CHINA

【Abstract】 Objective To explore the distribution characteristics of intestinal flora in patients with polycystic ovary syndrome (PCOS), and analyze the correlation with insulin resistance (IR) and endocrine and metabolic disorders. **Methods** Forty patients with PCOS admitted to the Eighth Affiliated Hospital of Sun Yat-sen University between January 2018 and December 2020 were selected as the observation group. Meanwhile, 40 healthy women with regular menstruation were selected as the control group. The distribution characteristics of intestinal flora in the two groups were observed through polymerase chain reaction-denaturing gel gradient electrophoresis, and their correlation with IR and endocrine and metabolic indicators was analyzed by Spearman method. **Results** The levels of fast insulin (FINS), insulin resistance index (Homa-IR), testosterone (T), luteinizing hormone (LH), triglycerides (TG), and low-density lipoprotein cholesterol (LDL-C) in the observation group were significantly higher than those in the control group, and the levels of estrogen (E2), follicle stimulating hormone (FSH), and total cholesterol (TC) were significantly lower than those in the control group, with statistically significant differences ($P<0.05$). A total of 298 representative OTU sequences were obtained after cluster analysis of intestinal flora in the two groups of subjects. There were 48 and 72 unique OTU sequences in the observation group and the control group, respectively. A total of 89 OTU sequences were detected in the two groups. Alpha diversity analysis found that the total OTU count and Shannon index in the observation group were smaller/lower than those in the control group, with statistically significant differences ($P<0.05$). At the phylum level, the relative abundance of *Firmicutes* in the observation group was higher than that in the control group, and the relative abundance of *Bacteroides* was lower than that in the control group, with statistically significant differences ($P<0.05$). At the genus level, the relative abundance of *Blautia*, *Bacteroides*, and *Alcaligenes foecalis* in the observation group was lower than that in the control group, and the relative abundance of *Eubacterium hallii* was higher than that in the control group,

with statistically significant differences ($P < 0.05$). Spearman correlation analysis found that *Bacteroides* was positively correlated with HOMA-IR, T, LH, and TG ($r = 0.275, 0.285, 0.226, 0.218, P < 0.05$), and negatively correlated with E2 and TC ($r = -0.271, -0.263, P < 0.05$). *Alcaligenes foecalis* was positively correlated with E2 and TC ($r = 0.234, 0.276, P < 0.05$), and negatively correlated with HOMA-IR, T, LH, and TG ($r = -0.326, -0.179, -0.315, -0.229, P < 0.05$). **Conclusion** Patients with PCOS have intestinal flora disorders, which may aggravate IR and endocrine dyscrasia.

【Key words】 Polycystic ovary syndrome; Intestinal flora; Insulin resistance; Endocrine and metabolic disorders; Correlation

多囊卵巢综合征(polycystic ovary syndrome, PCOS)是一种因内分泌异常引起的妇科疾病,临床上以排卵功能紊乱和高雄激素血症为特征,多表现为闭经、不孕、痤疮和多毛等,是导致育龄女性不孕不育的主要原因之一^[1]。研究认为,PCOS是一种多基因遗传疾病,其发病机制可能与代谢紊乱、炎症和胰岛素抵抗(insulin resistance, IR)等有关,但具体发病机制仍有待进一步研究^[2]。肠道菌群是人体代谢系统的重要组成部分,有学者认为肠道菌群失调会破坏肠道上皮细胞间的连接,增加肠壁黏膜通透性,使脂多糖进入血液后,通过炎症反应诱发IR,影响卵泡发育,最终表现为PCOS^[3-4]。当前,国内有关PCOS患者肠道菌群分布的研究多集中在与临床症状的关系方面,陈方元等^[5]研究发现,PCOS患者 *Bacteroides*、*Prevotella* 和 *Faecalibacterium* 菌群相对丰度较健康人群显著变化,并与患者的痤疮皮损特征相关,有关其与患者内分泌代谢失调的关系有待进一步研究。本研究旨在分析PCOS患者的肠道菌群分布特点,探究其与IR、内分泌代谢失调的相关性,现报道如下:

1 资料与方法

1.1 一般资料 选取2018年1月至2020年12月中山大学附属第八医院门诊收治的PCOS患者40例纳入观察组。纳入标准:①临床检查符合PCOS的诊断标准:排卵稀发或无排卵;超声提示卵巢多囊改变(一侧或双侧卵巢直径为2~9 mm的卵泡数 ≥ 12 个,和/或卵巢体积 ≥ 10 mL);雄激素的临床表现和/或高雄激素血症;以上条件中符合2条,并排除其他疾病引起的排卵异常^[6]。②患者年龄25~35岁;③一般临床资料完整;④患者知情同意,均签署知情同意书。排除标准:①合并恶性肿瘤、重要脏器功能障碍患者;②合并慢性消耗性疾病、感染性疾病和自身免疫性疾病患者;③合并急性慢性胃肠炎、接受胃肠道手术患者;④近期存在类固醇激素、影响脂质代谢或肠道菌群等药物服用史患者;⑤处于哺乳期或妊娠期患者。另选取同期月经规律的健康女性40例作为对照组。两组受检者的年龄、体质指数(BMI)、腰臀比(WHR)、收缩压和舒张压等一般临床资料比较差异均无统计学意义($P > 0.05$),具有可比性,见表1。本研究经医院伦理委员会批准。

表1 两组受检者的一般临床资料比较($\bar{x} \pm s$)

组别	例数	年龄(岁)	BMI (kg/m ²)	WHR	收缩压(mmHg)	舒张压(mmHg)
观察组	40	26.78 \pm 2.81	24.43 \pm 2.76	0.72 \pm 0.20	112.63 \pm 10.26	76.48 \pm 9.24
对照组	40	25.84 \pm 3.02	24.21 \pm 3.15	0.74 \pm 0.23	109.25 \pm 8.67	75.61 \pm 6.37
<i>t</i> 值		1.441	0.332	0.415	1.591	0.490
<i>P</i> 值		0.154	0.741	0.679	0.116	0.625

注:1 mmHg=0.133 kPa。

1.2 研究方法

1.2.1 IR检测 取受试者空腹静脉血3 mL, 3 000 r/min离心10 min后分离血清。采用免疫分析系统(UniCel DxI 800,美国贝克曼库尔特有限公司)检测空腹胰岛素(fast insulin, FINS)水平,全自动生化分析仪(Modular P800,瑞士罗氏有限公司)检测空腹血糖(fasting plasma glucose, FPG)水平,据此计算胰岛素抵抗指数(Homa-Insulin resistance, Homa-IR)。HOMA-IR=FBG \times FINS/22.5,以HOMA-IR ≥ 2.5 为IR^[7]。

1.2.2 内分泌代谢指标检测 取受试者血液标本,采用全自动生化分析仪(Modular P800,瑞士罗氏有限公司)检测内分泌学和代谢指标。其中内分泌学指标包括:雌激素(estrogen, E2)、睾酮(testosterone, T)、卵泡刺激素(follicle stimulating hormone, FSH)和黄体

生成素(luteinizing hormone, LH);代谢指标包括:FPG、总胆固醇(total cholesterol, TC)、甘油三酯(triglycerides, TG)、高密度脂蛋白胆固醇(high-density lipoprotein cholesterol, HDL-C)和低密度脂蛋白胆固醇(low-density lipoprotein cholesterol, LDL-C)。

1.2.3 肠道菌群分布特点分析 ①样本DNA提取及PCR扩增:取受检者清晨自然排出的新鲜粪便(约300 mg)为研究标本,采用粪便DNA提取试剂盒(Qubit[®] dsDNA HS Assay Kit)提取粪便样本中的细菌基因组DNA,检测DNA浓度并调整至10 ng/ μ L。根据细菌的16S rDNA基因序列设计V3区通用引物,引物序列为上游引物:5'-CCTACGRRBGCASCAG-KVRVGAAT-3';下游引物:5'-GGACTACNVGGGT-WTCTAATCC-3'。采用聚合酶链反应-变性梯度凝胶

电泳法(PCR-DGGE)进行检测,反应参数为:94℃预变性 3 min,94℃变性 5 s,57℃退火 90 s,72℃延伸 10 s (24 cycles),产物以 2%琼脂糖凝胶电泳检测。②生物信息学分析:I-sanger 线上平台(www.i-sanger.com,上海美吉生物医药)完成生物信息学分析。上机对测序所得的序列进行筛选、拼接、嵌合体序列清除后,所得结果用于操作分类单元(operational taxonomic unit, OTU)的聚类分析。VSEARCH(1.9.6)软件行聚类分析,比对 Silva 32 数据库;检出 OTU 数和 Shannon 指数用以表示菌群的 Alpha 指数。

1.3 观察指标 ①比较两组受检者的肠道菌群分布特点;②比较两组受检者的胰岛素指标、内分泌代谢指标;③分析肠道菌群分布与 IR、内分泌代谢失调的相关性。

1.4 统计学方法 应用 SPSS20.0 统计软件对数据进行分析。计量资料以均数±标准差($\bar{x}\pm s$)表示,两组间比较行独立样本 *t* 检验;计数资料比较行 χ^2 检验;菌群丰度的组间比较采用非参数 Mann-Whitney *U* 检验;采用 Spearman 法分析 PCOS 患者肠道菌群和 IR、内分泌代谢指标的相关性。以 $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 两组受检者的胰岛素指标、内分泌代谢指标水平比较 观察组患者的 FINS、HOMA-IR、T、LH、TG 和 LDL-C 水平均高于对照组,E2、FSH、TC 水平均低于对照组,差异有统计学意义($P<0.05$);两组的 FPG、HDL-C 水平比较差异无统计学意义($P>0.05$),见表 2。

表 2 两组受检者的胰岛素指标、内分泌代谢指标水平比较($\bar{x}\pm s$)

指标	观察组(n=40)	对照组(n=40)	<i>t</i> 值	<i>P</i> 值
FINS (mIU/L)	9.64±2.03	6.67±1.89	6.772	0.001
HOMA-IR	2.10±0.61	1.54±0.39	4.892	0.001
E2 (pmol/mL)	178.63±43.29	243.46±35.58	7.317	0.001
T (nmol/L)	1.28±0.38	0.67±0.21	8.984	0.001
FSH(IU/L)	5.73±0.93	6.42±1.07	2.097	0.039
LH (IU/L)	7.21±2.14	3.26±0.43	11.445	0.001
FPG(mmol/L)	4.89±0.96	5.21±1.18	1.330	0.187
TC (mmol/L)	2.03±0.58	3.89±0.61	13.976	0.001
TG (mmol/L)	1.67±0.55	0.81±0.25	9.003	0.001
HDL-C (mmol/L)	2.06±0.41	2.18±0.37	1.374	0.173
LDL-C (mmol/L)	2.41±0.39	1.62±0.75	5.911	0.001

2.2 两组受检者肠道菌群 OTU 的 Venn 图分析 两组受检者肠道菌群经聚类分析后共得到 OTU 代表序列

298 个。其中,观察组特有 OTU 序列 48 个,对照组特有 OTU 序列 72 个,两组共有 OTU 序列 89 个,见图 1。

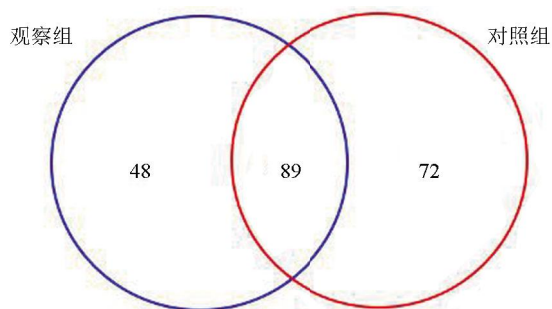


图 1 两组受检者肠道菌群 OTU 的 Venn 图

2.3 两组受检者的肠道菌群多样性 Alpha 多样性分析结果显示,观察组患者的 OTU 总数、Shannon 指数明显低于对照组,差异均有统计学意义($P<0.05$),见图 2。

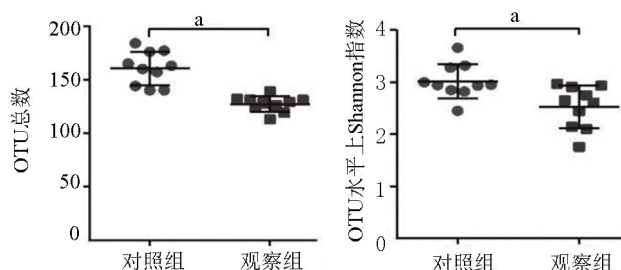


图 2 肠道菌群多样性分析

注:A,OTU 总数的组间比较,* $P<0.01$;B,OTU 水平上 Shannon 指数的组间比较,* $P<0.01$ 。

2.4 两组受检者的肠道菌群组成比较 观察组患者门水平上厚壁菌门的相对丰度高于对照组,拟杆菌门的相对丰度低于对照组,差异有统计学意义($P<0.05$);两组的变形菌门相对丰度比较差异无统计学意义($P>0.05$),见表 3。观察组属水平上布劳特菌属、拟杆菌属和粪便杆菌属的相对丰度低于对照组,霍氏真杆菌高于对照组,差异均有统计学意义($P<0.05$);两组的埃希菌-志贺菌属相对丰度比较差异无统计学意义($P>0.05$),见表 4。

表 3 两组受检者门水平上肠道菌群相对丰度比较($\bar{x}\pm s$)

组别	例数	厚壁菌门	拟杆菌门	变形菌门
观察组	40	0.41±0.12	0.52±0.11	0.08±0.03
对照组	40	0.37±0.08	0.78±0.13	0.07±0.02
Z 值		2.193	9.656	1.754
<i>P</i> 值		0.031	0.001	0.083

表 4 两组受检者属水平上肠道菌群相对丰度比较($\bar{x}\pm s$)

组别	例数	布劳特菌属	拟杆菌属	霍氏真杆菌	粪便杆菌属	埃希菌-志贺菌属
观察组	40	0.13±0.04	0.35±0.09	0.16±0.03	0.15±0.06	0.13±0.04
对照组	40	0.28±0.07	0.63±0.12	0.12±0.04	0.26±0.08	0.15±0.05
Z 值		11.769	11.806	5.060	6.957	1.975
<i>P</i> 值		0.001	0.001	0.001	0.001	0.052

2.5 PCOS 患者属水平肠道菌群与 IR、内分泌代谢指标的相关性 经 Spearman 相关性分析结果显示,拟杆菌属与 HOMA-IR、T、LH、TG 呈正相关,与 E2、TC 呈负相关($P < 0.05$);粪便杆菌属与 E2、TC 呈正相关,与 HOMA-IR、T、LH、TG 呈负相关($P < 0.05$),见表 5。

表 5 PCOS 患者属水平肠道菌群与 IR、内分泌代谢指标的相关性

参数	布劳特菌属		拟杆菌属		霍氏真杆菌		粪便杆菌属	
	r 值	P 值	r 值	P 值	r 值	P 值	r 值	P 值
HOMA-IR	0.127	0.217	0.275	0.009	0.129	0.215	-0.326	0.001
E2	0.113	0.318	-0.271	0.009	0.096	0.335	0.234	0.012
T	0.052	0.415	0.285	0.003	0.047	0.422	-0.179	0.034
FSH	0.076	0.365	0.143	0.134	0.135	0.198	0.115	0.276
LH	0.063	0.387	0.226	0.018	0.065	0.385	-0.315	0.008
TC	0.131	0.286	-0.263	0.010	0.054	0.412	0.276	0.009
TG	0.133	0.201	0.218	0.023	0.071	0.352	-0.229	0.017
LDL-C	0.046	0.423	0.126	0.214	0.078	0.362	0.148	0.135

3 讨论

PCOS 作为一种复杂的内分泌代谢紊乱性疾病,与慢性炎症反应、IR 等密切相关,而肠道菌群失调是导致炎症反应、IR 发生发展的重要因素之一^[8-9]。罗琼秀等^[10]分析了不同 BMI 的 PCOS 患者的肠道菌群分布特征,发现 PCOS 患者存在肠道菌群失调现象,且 BMI ≥ 25 kg/m² 的患者,其肠道菌群与炎症状态、IR 密切相关。但目前就 PCOS 患者肠道菌群分布特征与内分泌代谢失调的相关性临床分析仍较少。

本研究对比了 PCOS 患者与健康女性的肠道菌群分布特征、胰岛素指标和内分泌代谢指标的表达情况。研究结果显示,观察组的 FINS、HOMA-IR、T、LH、TG 和 LDL-C 水平高于对照组,E2、FSH、TC 水平低于对照组,与既往研究^[11]结果一致,提示 PCOS 患者存在 IR 和内分泌代谢失调的现象,内分泌代谢失调和 IR 可能影响 PCOS 发生发展过程。既往研究发现,PCOS 患者与健康人群之间的肠道菌群分布存在差异,肠道菌群的物种丰富度和系统发育多样性(α 多样性)与 PCOS 有关,特定菌群丰度的改变,会使机体处于慢性炎症反应状态,影响屏障完整性与免疫力,从而促进 PCOS 的发生发展^[12]。本研究发现,观察组患者的 OTU 总数、Shannon 指数明显低于对照组,且观察组患者厚壁菌门的相对丰度较对照组升高,拟杆菌门相对丰度较对照组下降。厚壁菌门和拟杆菌门是影响能量代谢平衡的主要菌群,两者占肠道菌群的 50%~75%。安洁等^[13]分析了 PCOS 患者与健康人群肠道菌群的差异性,也发现 PCOS 患者肠道菌群门水平上厚壁菌门的序列数更高,拟杆菌门序列数更低,认为厚壁菌门和拟杆菌门比例与机体糖脂代谢异常有关。PCOS 患者多合并肥胖、糖脂代谢紊乱等现象,雄激素水平偏高,而雄激素过多会导致患者肠道微生物种类发生改变,进而影响厚壁菌门、拟杆菌门相关细

菌的丰度^[14]。本研究还发现,观察组布劳特菌属、拟杆菌属和粪便杆菌属的相对丰度低于对照组,霍氏真杆菌高于对照组;相关性分析结果显示,拟杆菌属、粪便杆菌属与 HOMA-IR、T、LH、TG、E2、TC 等内分泌代谢指标呈正(负)相关,进一步表明 PCOS 患者存在肠道菌失调情况,并与 PCOS 患者的 IR、内分泌代谢失调存在密切相关性。ANNA 等^[15]研究了肠道微生物对心脏代谢紊乱的影响,发现主要以厚壁菌门(49.26%)和拟杆菌门(44.46%)为主,而总胆固醇升高者肠道拟杆菌属、粪杆菌属丰度明显降低,认为拟杆菌属主要通过其在脂质代谢中的作用影响心脏代谢紊乱。PCOS 患者的拟杆菌属相关细菌丰度升高、粪便杆菌属相关细菌丰度下降,可能影响短链脂肪酸水平,从而导致内分泌激素水平发生变化^[16]。此外,肠道菌群失调引发的炎症反应会导致机体对胰岛素敏感性降低,使血清胰岛素水平升高,从而导致 HOMA-IR 升高。因此,临床或可考虑将调节拟杆菌属、粪便杆菌属丰度作为治疗和缓解 PCOS 临床症状的潜在靶点。

综上所述,PCOS 患者存在肠道菌失调情况,肠道菌群紊乱可能会加剧 PCOS 患者 IR 和内分泌代谢失调。本研究纳入对象较少,未排除 PCOS 患者中肥胖个体,未进一步对不同 BMI 患者的肠道菌群分布特点进行分析,也未分析肠道菌群功能特征,后续研究将扩大样本量,探讨肠道菌群对 PCOS 患者肠道菌群相关信号通路及代谢途径的影响。

参考文献

- [1] WANG QQ, GUO XC, LI L, et al. Treatment with metformin and sorafenib alleviates endometrial hyperplasia in polycystic ovary syndrome by promoting apoptosis via synergically regulating autophagy [J]. *J Cell Physiol*, 2020, 235(2): 1339-1348.
- [2] SEYEDOSHADAEI F, TANGESTANI L, ZANDVAKILI F, et al. Comparison of the effect of clomiphene- estradiol valerate vs letrozole on endometrial thickness, abortion and pregnancy rate in infertile women with polycystic ovarian syndrome [J]. *J Clin Diagn Res*, 2016, 10(8): QC10- QC13.
- [3] INSENER M, MURRI M, DEL CAMPO R, et al. Gut microbiota and the polycystic ovary syndrome: Influence of sex, sex hormones, and obesity [J]. *J Clin Endocrinol Metab*, 2018, 103(7): 2552-2562.
- [4] LIU R, ZHANG C, SHI Y, et al. Dysbiosis of gut microbiota associated with clinical parameters in polycystic ovary syndrome [J]. *Front Microbiol*, 2017, 8(1): 324.
- [5] 陈方元, 赖志文, 徐祖森. 痤疮型多囊卵巢综合征患者肠道菌群分析[J]. *实用医学杂志*, 2019, 35(14): 2246-2251.
- [6] Rotterdam ESHRE/ASRM-Sponsored PCOS Consensus Workshop Group. Revised 2003 consensus on diagnostic criteria and long-term health risks related to polycystic ovary syndrome [J]. *Fertil Steril*, 2004, 81(1): 19-25.
- [7] CHOI H, KOH H, ZHOU L, et al. Plasma protein and MicroRNA biomarkers of insulin resistance: a network-based integrative-omics analysis [J]. *Front Physiol*, 2019, 10: 379.
- [8] ZHOU S, LU D, WEN S, et al. Elevated anti-Müllerian hormone levels in newborns of women with polycystic ovary syndrome: a system-

单侧卵巢子宫内膜异位囊肿剥除术后患者血清抗苗勒管激素、促卵泡生成激素、促黄体生成素及雌二醇水平的变化及临床意义

张洒¹, 何晨光², 夏润¹

1. 渭南市妇幼保健院检验科, 陕西 渭南 714000;

2. 大荔县妇幼保健院检验科, 陕西 渭南 715100

【摘要】 目的 探讨单侧卵巢子宫内膜异位囊肿剥除术后患者血清抗苗勒管激素(AMH)、促卵泡生成激素(FSH)、促黄体生成素(LH)及雌二醇(E2)水平的变化及临床意义。方法 回顾性分析2018年2月至2019年12月渭南市妇幼保健院收治且均行卵巢囊肿剥除术的106例子宫内膜异位囊肿患者作为研究对象。采用酶联免疫吸附法检测所有患者术前、术后第1个月、3个月、6个月的血清AMH、FSH、E2和LH水平。比较术前和术后6个月不同年龄、不同囊肿类型、不同囊肿大小和不同r-AFS分期患者的AMH、FSH、E2和LH水平。随访18个月,比较妊娠成功和妊娠失败患者的AMH、FSH、E2和LH水平。根据受试者工作特征曲线(ROC)判断卵巢标志物对患者妊娠成功的预测价值。结果 患者术后1个月、3个月、6个月AMH水平分别为(1.90±0.36) ng/mL、(2.39±0.44) ng/mL和(2.86±0.51) ng/mL,明显低于术前的(3.82±0.29) ng/mL,差异均有统计学意义($P<0.05$);术后第1个月,患者的FSH为(8.75±1.63) mIU/mL,明显高于术前的(6.50±1.02) mIU/mL, E2、LH水平分别为(59.21±6.14) pg/mL、(5.63±0.63) U/L,明显低于术前的(69.46±7.35) pg/mL、(6.13±1.08) U/L,差异均有统计学意义($P<0.05$);年龄>35岁患者术后AMH变化率为(39.23±4.22)%,明显高于年龄≤35岁患者的(26.07±3.48)%,差异具有统计学意义($P<0.05$);单发囊肿患者术后AMH变化率为(34.73±4.01)%,明显高于多发囊肿患者的(30.45±3.24)%,差异有统计学意义($P<0.05$);妊娠成功者的AMH水平为(4.11±1.02) ng/mL,明显高于妊娠失败者的(3.20±0.33) ng/mL,差异有统计学意义($P<0.05$);经ROC分析结果显示,血清AMH预测患者妊娠成功的曲线下面积(AUC)为0.731。结论 单侧卵巢子宫内膜异位囊肿剥除术后患者术后卵巢功能下降、年龄>35岁患者术后AMH水平下降最明显,AMH可作为早期评估卵巢功能的重要血清学指标。

【关键词】 单侧卵巢子宫内膜异位囊肿; 抗苗勒管激素; 促卵泡生成激素; 促黄体生成素; 雌二醇; 临床意义

【中图分类号】 R713.6 **【文献标识码】** A **【文章编号】** 1003-6350(2022)16-2101-05

Changes and clinical significance of serum anti-Müllerian hormone, follicle-stimulating hormone, luteinizing hormone, and estradiol levels in patients with unilateral endometriosis cysts after ovarian cystectomy. ZHANG Sa¹, HE Chen-guang², XIA Run¹. 1. Department of Laboratory Medicine, Weinan Maternal and Child Health Hospital, Weinan 714000, Shaanxi, CHINA; 2. Department of Laboratory Medicine, Dali County Maternal and Child Health Hospital, Weinan 715100, Shaanxi, CHINA

【Abstract】 Objective To analyze the changes and clinical significance of serum anti-Müllerian hormone (AMH), follicle stimulating hormone (FSH), luteinizing hormone (LH), and estradiol (E2) levels in patients with unilateral endometriosis cysts after ovarian cystectomy. **Methods** A retrospective analysis was performed on 106 patients with unilateral endometriosis cysts undergoing ovarian cystectomy in Weinan Maternal and Child Health Hospital between

基金项目:陕西省科技统筹创新工程计划项目(编号:2016KTZDGY04-06-02)

通讯作者:夏润, E-mail:296891968@qq.com

- atic review and meta-analysis based on observational studies [J]. Reprod Sci, 2022, 29(1): 301-311.
- [9] SHI S, HONG T, JIANG F, et al. Letrozole and human menopausal gonadotropin for ovulation induction in clomiphene resistance polycystic ovary syndrome patients: a randomized controlled study [J]. Medicine, 2020, 99(4): e18383.
- [10] 罗琼秀, 袁金兰, 杨岚, 等. PCOS患者肠道菌群失调与炎症状态、胰岛素抵抗的相关性分析[J]. 中国全科医学, 2021, 24(S1): 22-25.
- [11] 杨丹, 高琳, 张琳, 等. 多囊卵巢综合征患者胰岛素抵抗与糖脂代谢及性激素的研究[J]. 中华内分泌代谢杂志, 2020, 36(3): 213-219.
- [12] 舒新红, 范红莉, 冯晶, 等. 肥胖型多囊卵巢综合征患者肠道菌群失调与炎症状态、胰岛素抵抗的关系[J]. 中国临床医生杂志, 2019, 47(7): 820-823.
- [13] 安洁, 周琴, 曹珍珍, 等. 多囊卵巢综合征患者与健康人群肠道菌群差异性分析[J]. 中国微生态学杂志, 2021, 33(7): 825-831.
- [14] 韩启新, 徐洁颖, 储维薇, 等. 雄激素与肠道菌群在多囊卵巢综合征中作用机制的研究进展[J]. 生理科学进展, 2020, 51(1): 77-81.
- [15] ANNA GB, MARIA KM, PIOTR B, et al. Gut microbiome as a biomarker of cardiometabolic disorders [J]. Ann Agric Environ Med, 2017, 24(3): 416-422.
- [16] SERINO M, LUCHE E, GRES S, et al. Metabolic adaptation to a high-fat diet is associated with a change in the gut microbiota [J]. Gut, 2012, 61(4): 543-553.

(收稿日期:2021-12-20)