



基于不同鼻腔微生物群落的慢性鼻窦炎伴鼻息肉 分层及其临床病理学相关性

方必兴^{1,2,3#}, 刘艳敏^{4,5#}, 鲍庆¹, 孙琳¹, 陈合新¹, 孟庆祥⁶,
焦林义¹, 叶小燕¹, 李健^{1,2*}, 丁涛^{5,7*}, 李春炜^{1*}

¹ 中山大学附属第一医院耳鼻咽喉科-变态反应科

² 中山大学附属第一医院广西医院

³ 浙江大学医学院附属第二医院耳鼻咽喉科

⁴ 广州中医药大学第二附属医院中医湿证国家重点实验室

⁵ 中山大学中山医学院免疫与微生物学系

⁶ 广州市第一人民医院耳鼻咽喉科

⁷ 教育部热带病防治重点实验室 (中山大学)



Bixing Fang, Yanmin Liu, Qing Bao, Lin Sun, Hexin Chen, Qingxiang Meng, Linyi Jiao, et al. 2025.
Stratification of chronic rhinosinusitis with nasal polyps by distinct sinonasal microbial communities and their
clinical and pathological correlations. *iMetaOmics* 2: e70076. <https://doi.org/10.1002/imo2.70076>

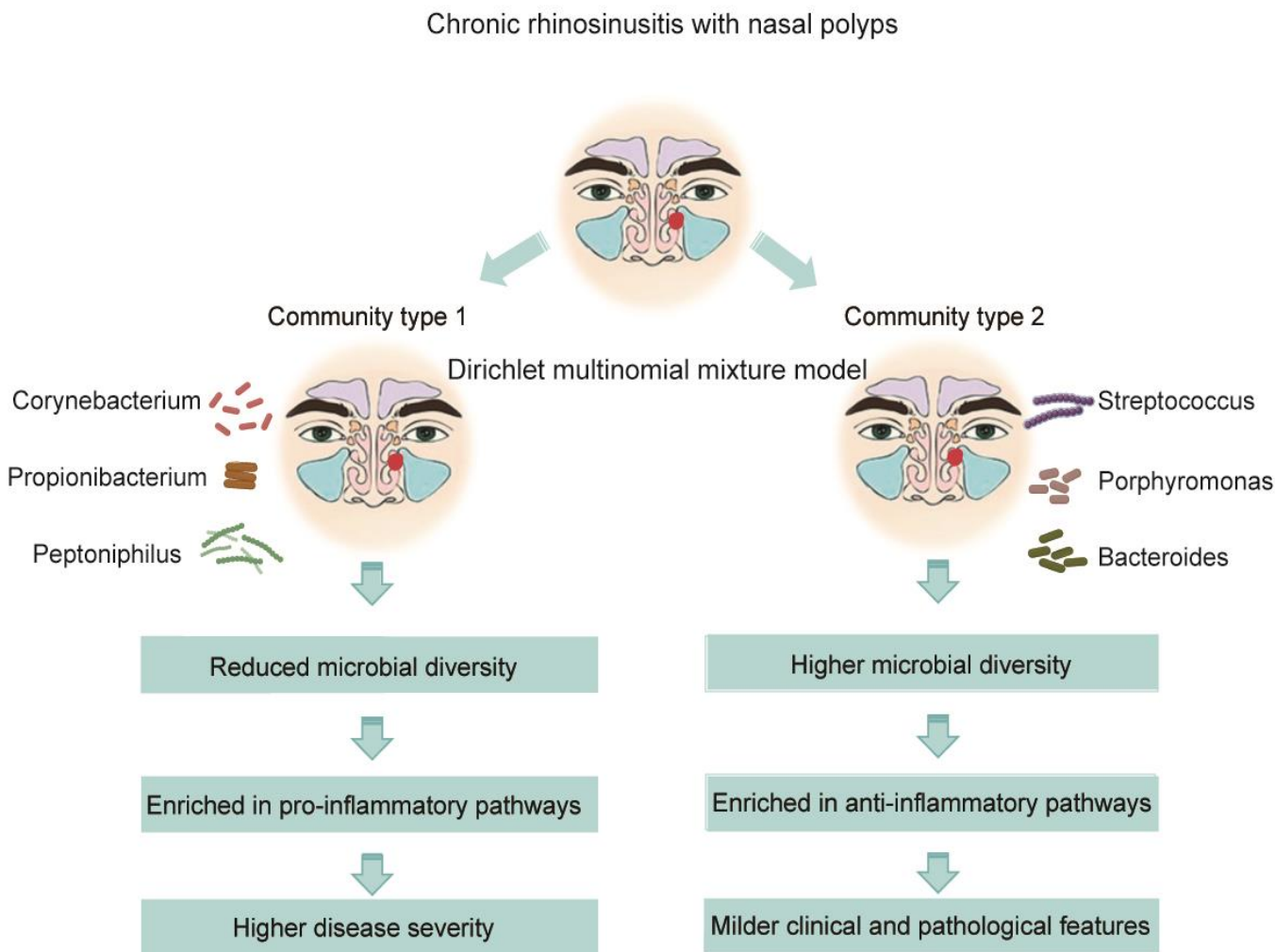


引言

1. 慢性鼻窦炎（CRS）是一种复杂的上呼吸道多因素炎症性疾病。研究表明，鼻腔鼻窦微生物组在CRS中发挥关键作用，其中微生物菌群多样性降低，即"微生物菌群失调"，是患者中常见的特征。
2. 可根据特定的鼻腔鼻窦微生物组成对CRS患者进行分层，以阐明其表型异质性。
3. 本研究旨在鉴定CRSwNP患者的鼻腔鼻窦微生物群落，基于微生物表型对其进行分类，并探索其与临床和病理特征的关联。



亮点



- 通过16S rRNA测序在CRSwNP患者中鉴定出两种截然不同的鼻腔鼻窦微生物群落亚型（CT1和CT2），分别由棒状杆菌相关菌属和链球菌相关菌属主导，两者在微生物多样性及炎症相关代谢通路方面存在显著差异;
- 微生物群落分层与CRSwNP临床病理特征密切相关：CT1与高疾病严重程度、嗜酸性粒细胞浸润增多相关，而CT2则对应轻度表型。该分层策略通过独立数据集得到验证，为个体化治疗提供了关键的微生物学基础。



CRSwNP患者中两种不同的鼻窦微生物群落类型

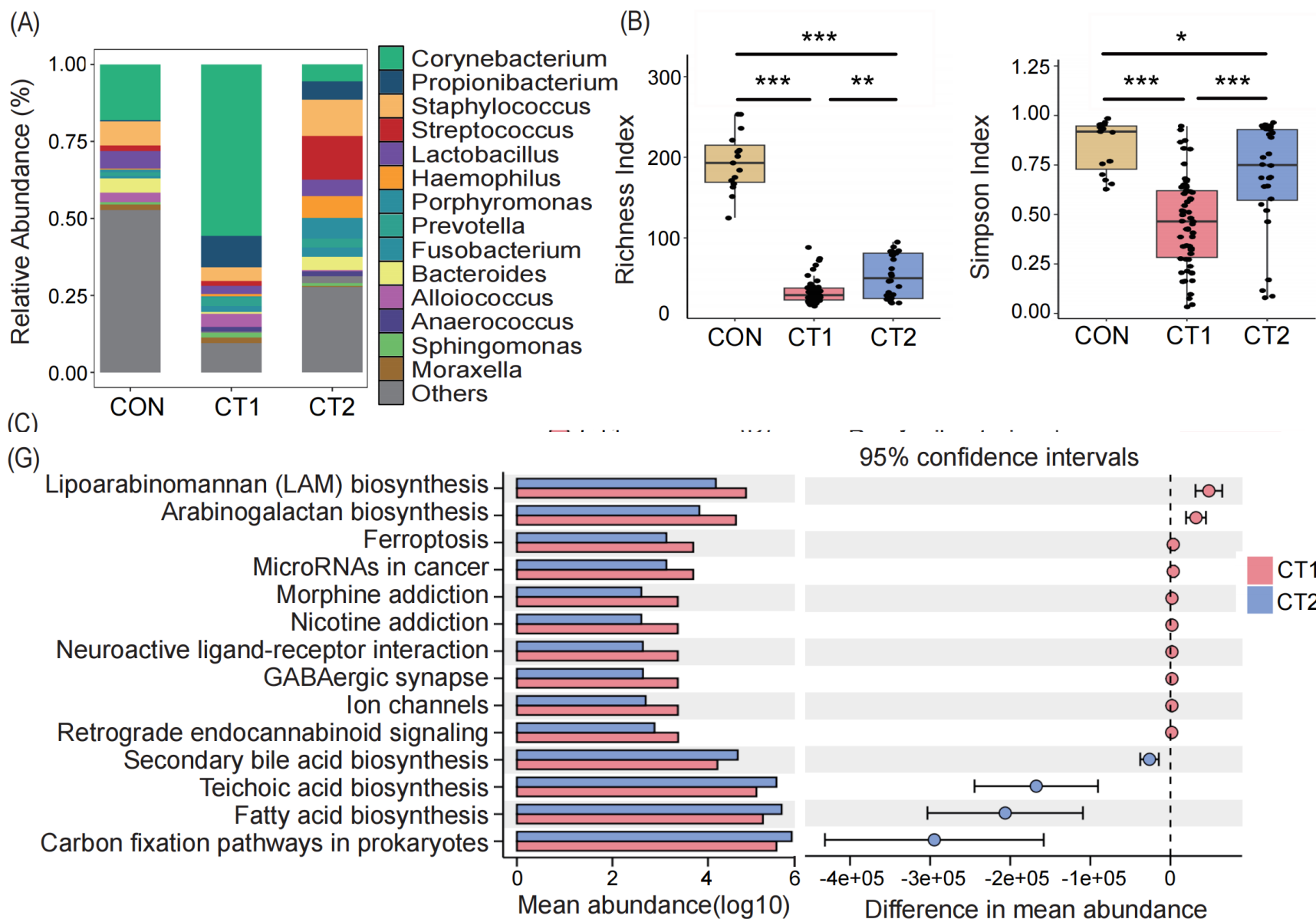


图1. 鼻腔样本中微生物群落类型的特征及功能预测

1. 采用Dirichlet多项式混合模型的无监督聚类方法揭示了两种不同的微生物群落类型 (CT1和CT2)。与CT2和对照组相比, CT1的微生物多样性 (Simpson指数) 和丰富度显著降低, 而对照组表现出最高的多样性和丰富度。这表明CT1患者的微生物环境可能更容易发生菌群失调。



CRSwNP患者中两种不同的鼻窦微生物群落类型

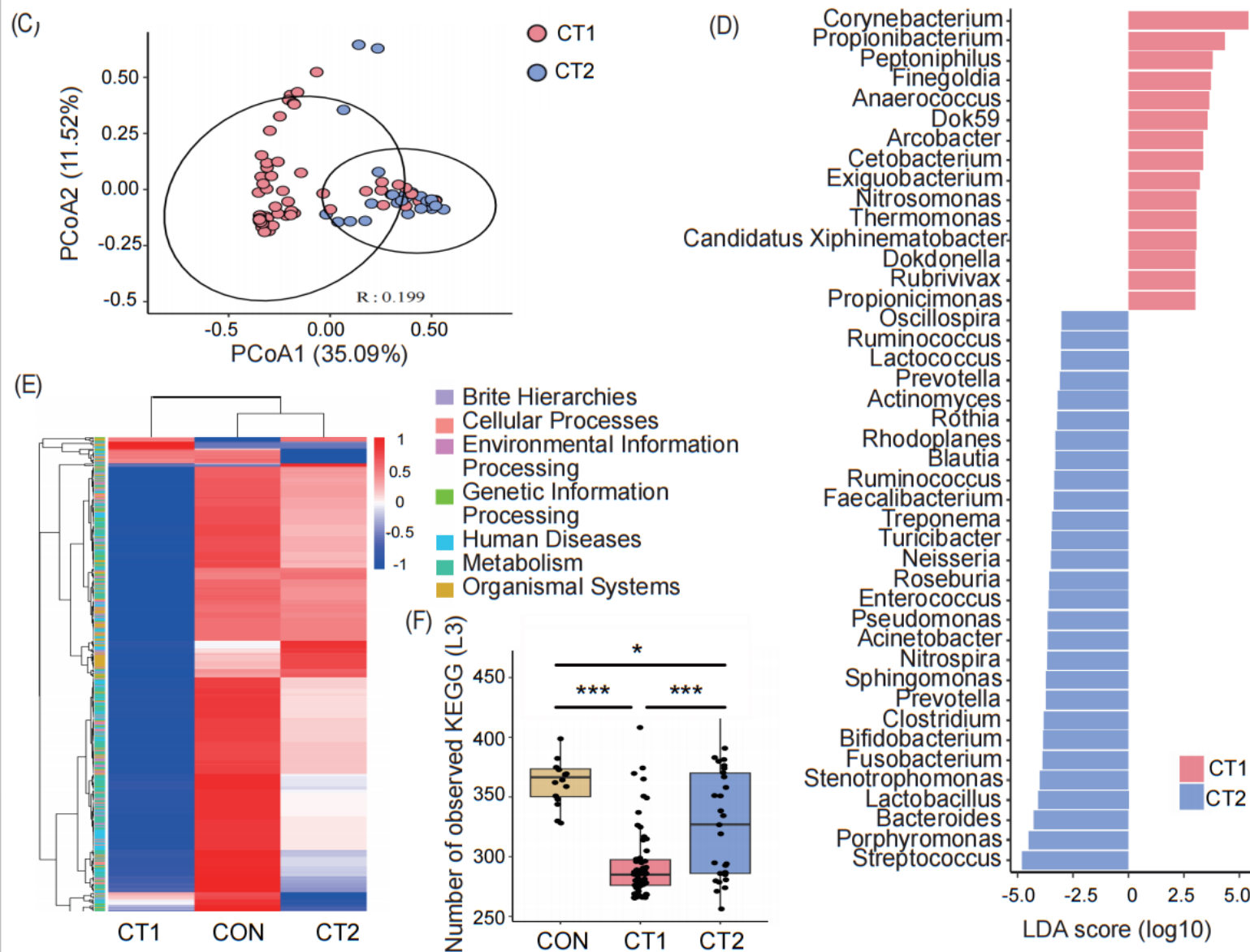


图1. 鼻腔样本中微生物群落类型

的特征及功能预测

2. 采用PICRUST算法预测微生物

群的功能潜能。这些发现表明

CT2具有增强的抗炎和抗菌功能,

而CT1微生物群可能促进更具致

病性的状态。



独立数据集中的微生物群落验证

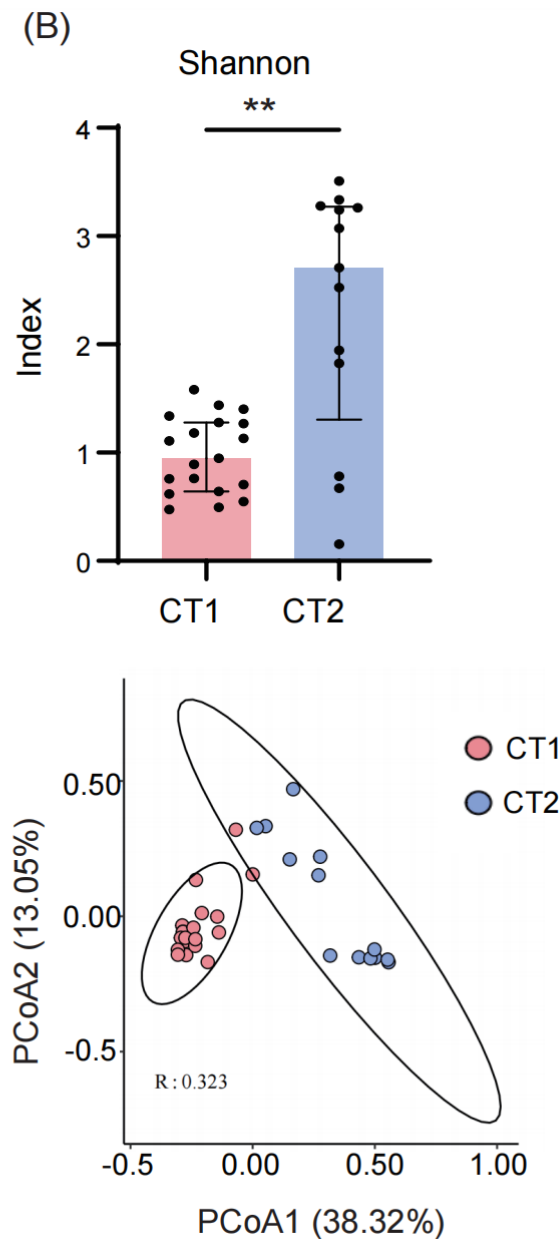
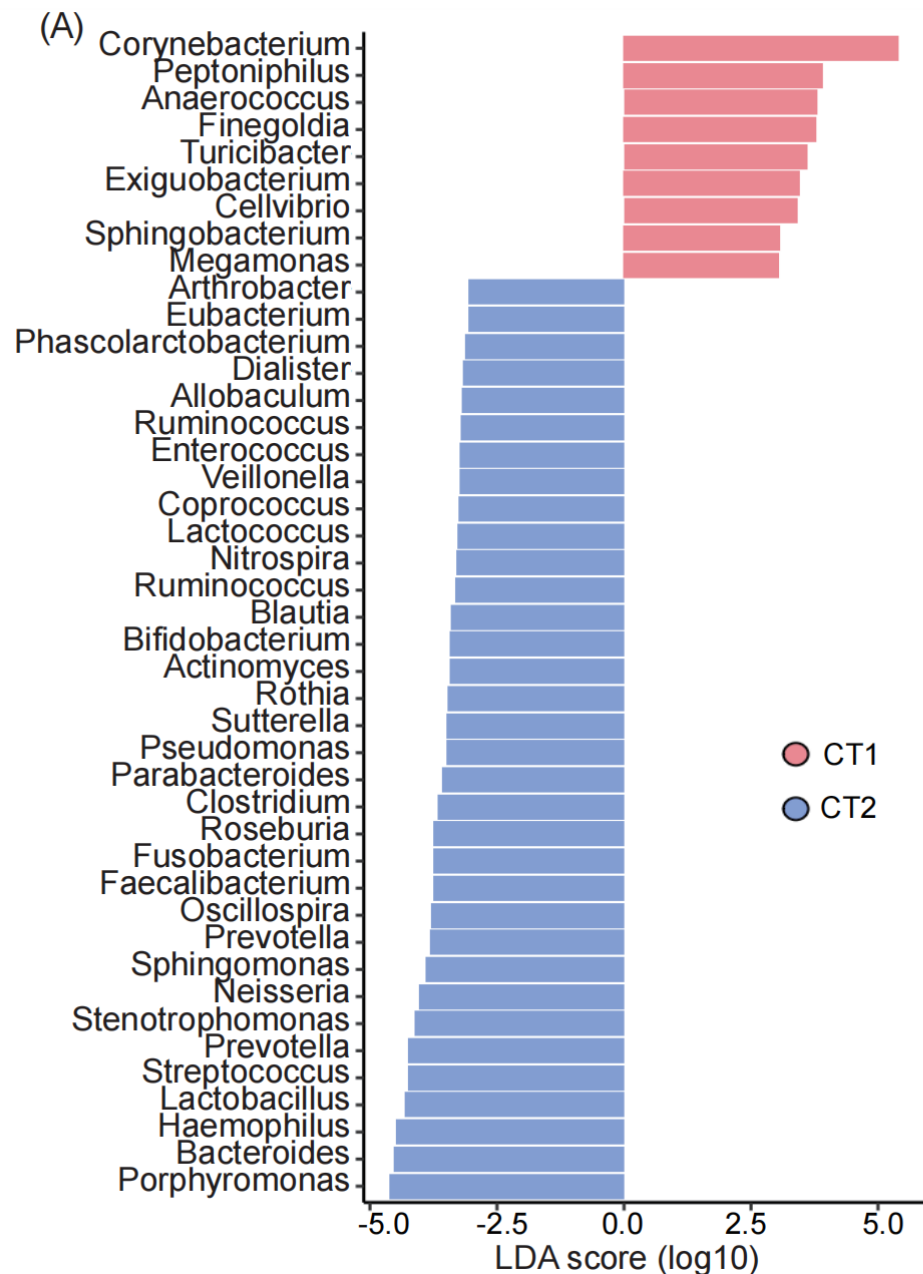


图2. 基于鼻腔微生物组分型及其相应临床病理特征的预测模型验证

1. 验证队列样本在未进行模型训练的情况下独立聚类，随后采用半监督聚类方法鉴定出两种亚型。Cluster 1以棒状杆菌为优势菌，与CT1相似；而Cluster 2富含卟啉单胞菌、拟杆菌和链球菌，与CT2相对应。



独立数据集中的微生物群落验证

(C)

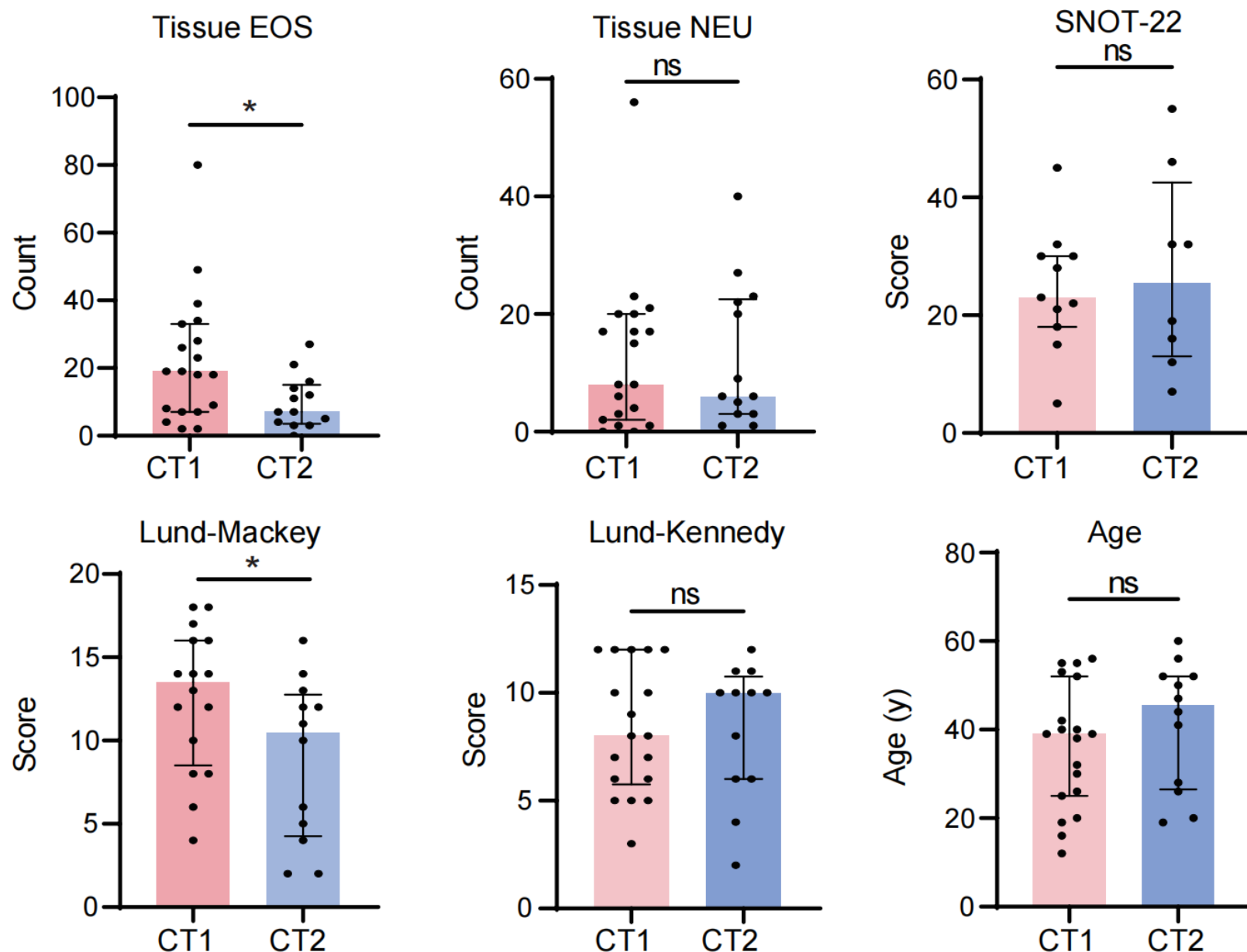


图2. 基于鼻腔微生物组分型
及其相应临床病理特征的预
测模型验证

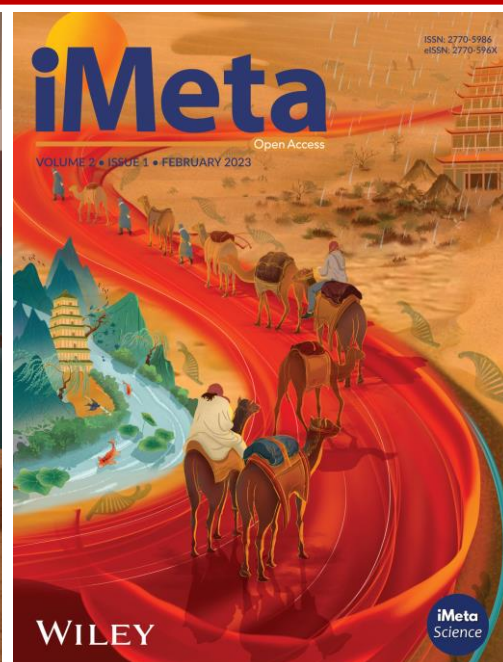
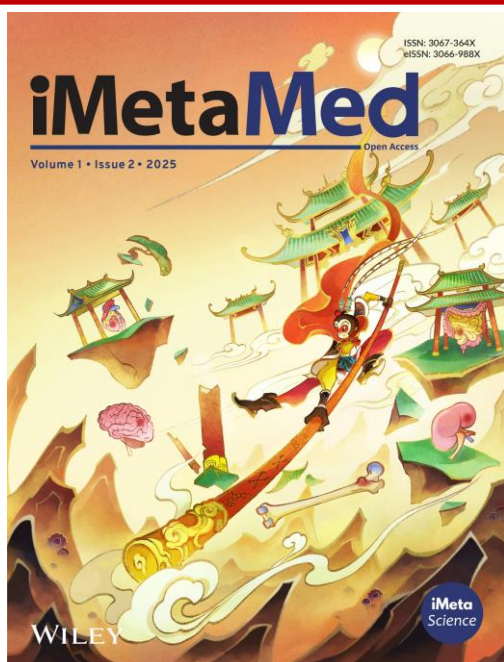
2. 较高的CT评分和嗜酸性粒细胞水平与Cluster 1相关，验证了CT1和CT2中观察到的临床和病理特征。这支持了微生物群落分类的稳健性及其与临床病理特征的相关性。



总结

- ❑ CRSwNP患者可被分层为两种不同的微生物群落，每种群落均具有特定的临床和病理特征。
- ❑ 基于微生物的分层策略可能为制定个体化治疗方案提供依据，以应对CRSwNP多样化的临床和病理表现。

Bixing Fang, Yanmin Liu, Qing Bao, Lin Sun, Hexin Chen, Qingxiang Meng, Linyi Jiao, et al. 2025.
Stratification of chronic rhinosinusitis with nasal polyps by distinct sinonasal microbial communities and their clinical and pathological correlations. *iMetaOmics* 2: e70076. <https://doi.org/10.1002/imo2.70076>



iMeta(宏)期刊是由宏科学、千名华人科学家和威立共同出版，对标**Cell**的生物/医学类综合期刊，主编刘双江和傅静远教授，欢迎高影响力的研究、方法和综述投稿，重点关注生物技术、大数据和组学等前沿交叉学科。已被**SCIE**、**PubMed**等收录，最新IF 33.2，位列全球SCI期刊第65位(前千分之三)，中国第5位，微生物学研究类全球第一，中科院生物学双1区Top。外审平均21天，投稿至发表中位数87天。

子刊**iMetaOmics** (宏组学)、**iMetaMed** (宏医学)定位IF>10和15的生物、医学综合期刊，欢迎投稿！



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>

iMeta: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

投稿: iMetaOmics: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>

iMetaMed: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMM3>



office@imeta.science

imetaomics@imeta.science



宣传片



iMeta



更新日期
2025/7/6