

◆经方古方◆

苍附导痰汤加减治疗多囊卵巢综合征合并胰岛素抵抗临床研究

侯燕铭¹, 翁晓吟¹, 袁烁², 毛云飞², 李莉²

1. 广州中医药大学第一临床医学院, 广东 广州 510405

2. 广州中医药大学第一附属医院, 广东 广州 510405

【摘要】目的：观察苍附导痰汤加减治疗痰瘀互结型多囊卵巢综合征（PCOS）合并胰岛素抵抗（IR）的临床疗效以及对患者肠道菌群丰度的影响。**方法：**回顾性分析2021年11月—2022年11月于广州中医药大学第一附属医院妇科门诊诊断为痰瘀互结型PCOS合并IR的30例患者的临床资料，设为PCOS-IR组，予苍附导痰汤加减治疗，以1个月经周期为1个治疗周期，治疗3个周期。治疗前后评估中医证候评分、月经周期评分，测量体质量、腰围、臀围，计算体质量指数与腰臀比，检测性激素指标〔睾酮（T）、促卵泡激素（FSH）、促黄体生成激素（LH）、LH/FSH比值〕与糖代谢指标〔空腹血糖（FBG）、空腹胰岛素（FINS）、IR指数（HOMA-IR）〕。并选取同期于广州中医药大学第一附属医院体检的30例健康女性设为健康对照组，采用16S rDNA测序技术分析PCOS-IR组治疗前、治疗3个月经周期后及健康对照组的肠道微生物组成，以及门、纲、目、科、属水平上各菌种的相对丰度。**结果：**PCOS-IR组经过治疗后，总有效率为93.33%（28/30）；中医证候积分、月经周期积分、LH、T、FBG、FINS、HOMA-IR值及LH/FSH比值均较治疗前下降，差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）；体质量指数、腰臀比及FSH水平治疗前后比较，差异均无统计学意义（ $P > 0.05$ ）。健康对照组、PCOS-IR组治疗前与PCOS-IR组治疗后共同拥有的核心肠道菌群数量为443个。在门水平上，PCOS-IR组治疗前的厚壁菌门、拟杆菌门、变形菌门及疣微菌门相对丰度均高于健康对照组，放线菌门的相对丰度低于健康对照组，差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。PCOS-IR组治疗后的放线菌门相对丰度较治疗前升高，厚壁菌门、拟杆菌门及变形菌门的相对丰度均较治疗前降低，差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。在纲水平上，PCOS-IR组治疗前的梭状芽孢杆菌纲、拟杆菌纲及厚壁菌纲相对丰度均高于健康对照组，放线菌纲的相对丰度低于健康对照组，差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。PCOS-IR组治疗后的拟杆菌纲、放线菌纲相对丰度均较治疗前升高，梭状芽孢杆菌纲、厚壁菌纲及变形菌纲的相对丰度均较治疗前降低，差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。在目水平上，PCOS-IR组治疗前的梭菌目、双歧杆菌目相对丰度均低于健康对照组，拟杆菌目、肠杆菌目及月形单孢菌目的相对丰度均高于健康对照组，差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。PCOS-IR组治疗后的梭菌目、双歧杆菌目相对丰度均较治疗前升高，拟杆菌目、月形单孢菌目的相对丰度均较治疗前降低，差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。在科水平上，PCOS-IR组治疗前的瘤胃球菌科、双歧杆菌科相对丰度均低于健康对照组，普雷沃氏菌科、拟杆菌科的相对丰度均高于健康对照组，差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。PCOS-IR组治疗后的瘤胃球菌科、双歧杆菌科相对丰度均较治疗前升高，普雷沃氏菌科、拟杆菌科的相对丰度均较治疗前降低，差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。在属水平上，PCOS-IR组治疗前的双歧杆菌属、粪杆菌属及瘤胃球菌属相对丰度均低于健康对照组，普雷沃氏菌属、埃希氏菌-志贺氏菌属的相对丰度均高于健康对照组，差异均有统计学意义（ $P < 0.05$ ）。PCOS-IR组治疗后的双歧杆菌属、瘤胃球菌属相对丰度均较治疗前升高，埃希氏菌-志贺氏菌

〔收稿日期〕 2025-06-24

〔修回日期〕 2026-03-11

〔基金项目〕 广东省中医药局科研项目（20212062）；广东省深圳市“医疗卫生三名工程”项目（SZZYSM202106003）

〔作者简介〕 侯燕铭（1999-），女，硕士研究生。

〔通信作者〕 毛云飞（1986-），男，主治医师；李莉（1972-），女，主任中医师，教授。

属、粪杆菌属的相对丰度均较治疗前降低,差异均有统计学意义($P<0.05$)。PCOS-IR组治疗前的shannon指数低于健康对照组($P<0.05$)。结论:采用苍附导痰汤加减治疗痰瘀互结型PCOS合并IR,可有效缓解痰瘀互结证相关中医证候,调节性激素水平,改善排卵和IR情况,进而调节月经节律,其可能通过正向调整肠道微生物群落结构,如增加双歧杆菌等有益菌的丰度,同时调节厚壁菌门、拟杆菌门和埃希氏菌-志贺氏菌属等与PCOS-IR相关的菌群组成,改善肠道微生态平衡而产生疗效。

[关键词] 多囊卵巢综合征;胰岛素抵抗;痰瘀互结证;苍附导痰汤;肠道菌群

[中图分类号] R259 [文献标志码] A [文章编号] 0256-7415 (2026) 11-0001-13

DOI: 10.13457/j.cnki.jncm.2026.11.001

Clinical Study on Modified Cangfu Daotan Decoction for Polycystic Ovary Syndrome Complicated by Insulin Resistance

HOU Yanming¹, WENG Xiaoyin¹, YUAN Shuo², MAO Yunfei², LI Li²

1. The First Clinical Medical School of Guangzhou University of Chinese Medicine, Guangzhou Guangdong 510405, China; 2. The First Affiliated Hospital of Guangzhou University of Chinese Medicine, Guangzhou Guangdong 510405, China

Abstract: **Objective:** To observe the clinical efficacy of modified Cangfu Daotan Decoction on patients with polycystic ovary syndrome (PCOS) of phlegm blended with blood stasis type complicated by insulin resistance (IR), and to explore its effect on intestinal flora abundance. **Methods:** Retrospective analysis was given to the clinical data of 30 patients diagnosed with PCOS of phlegm blended with blood stasis type complicated by IR in the gynecological clinic of the First Affiliated Hospital of Guangzhou University of Chinese Medicine from November 2021 to November 2022. They were assigned to the PCOS-IR group and treated with modified Cangfu Daotan Decoction for three courses of treatment, with one menstrual cycle as one course. Before and after treatment, the traditional Chinese medicine syndrome scores and menstrual cycle scores were evaluated, the body mass, waist circumference, and hip circumference were measured, the body mass index and waist-to-hip ratio were calculated, and the sex hormone indexes [testosterone (T), follicle stimulating hormone (FSH), luteinizing hormone (LH), LH/FSH ratio] and glucose metabolism indexes [fasting plasma glucose (FBG), fasting insulin (FINS), Homeostasis Model Assessment of Insulin Resistance (HOMA-IR)] were detected. A total of 30 healthy women who underwent physical examination in the First Affiliated Hospital of Guangzhou University of Chinese Medicine at the same period were selected as the healthy control group. The 16S rDNA sequencing technology was used to analyze the intestinal microbial composition of the PCOS-IR group before treatment, after three menstrual cycles of treatment and of the healthy control group, as well as the relative abundance of each strain at the level of phylum, class, order, family and genus. **Results:** After treatment, the total effective rate was 93.33% (28/30) in the PCOS-IR group; the traditional Chinese medicine syndrome scores, menstrual cycle scores, LH, T, FBG, FINS, HOMA-IR, and LH/FSH ratio decreased compared with those before treatment, differences being significant ($P<0.05$); there were no significant differences being found in the comparisons of body mass index, waist-to-hip ratio, and FSH level before and after treatment ($P>0.05$). A total of 443 core gut microbiota are shared among the healthy control group, the PCOS-IR group before treatment, and the PCOS-IR group after treatment. At the phylum level, the relative abundance of Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria, and Verrucomicrobia in the PCOS-IR group before treatment was higher than that in the healthy control group, and the relative abundance of Actinobacteria was lower than that in the healthy control group, differences being significant ($P<0.05$). The relative abundance of Actinobacteria in the PCOS-IR group after treatment was increased when compared with that before treatment, and the relative abundance of Firmicutes, Bacteroidetes, and Proteobacteria decreased compared with that before treatment, differences being significant ($P<0.05$). At the class

level, the relative abundance of Clostridia, Bacteroidia, and Negativicutes in the PCOS-IR group before treatment was higher than that in the healthy control group, and the relative abundance of Actinobacteria was lower than that in the healthy control group, differences being significant ($P < 0.05$). The relative abundance of Bacteroidia and Actinobacteria in the PCOS-IR group after treatment increased compared with that before treatment, and the relative abundance of Clostridia, Negativicutes, and Gammaproteobacteria decreased compared with that before treatment, differences being significant ($P < 0.05$). At the order level, the relative abundance of Clostridiales and Bifidobacteriales in the PCOS-IR group before treatment was lower than that in the healthy control group, and the relative abundance of Bacteroidales, Enterobacteriales, and Selenomonadales was higher than that in the healthy control group, differences being significant ($P < 0.05$). The relative abundance of Clostridiales and Bifidobacteriales in the PCOS-IR group after treatment elevated compared with that before treatment, and the relative abundance of Bacteroidales and Selenomonadales reduced compared with that before treatment, differences being significant ($P < 0.05$). At the family level, the relative abundance of Ruminococcaceae and Bifidobacteriaceae in the PCOS-IR group before treatment was lower than that in the healthy control group, and the relative abundance of Prevotellaceae and Bacteroidaceae was higher than that in the healthy control group, differences being significant ($P < 0.05$). The relative abundance of Ruminococcaceae and Bifidobacteriaceae in the PCOS-IR group after treatment was up-regulated compared with that before treatment, and the relative abundance of Prevotellaceae and Bacteroidaceae was down-regulated compared with that before treatment, differences being significant ($P < 0.05$). At the genus level, the relative abundance of *Bifidobacterium*, *Faecalibacterium*, and *Ruminococcus* in the PCOS-IR group before treatment was lower than that in the healthy control group, and the relative abundance of *Prevotella* and *Escherichia-Shigella* was higher than that in the healthy control group, differences being significant ($P < 0.05$). The relative abundance of *Bifidobacterium* and *Ruminococcus* in the PCOS-IR group after treatment elevated compared with that before treatment, and the relative abundance of *Escherichia-Shigella* and *Faecalibacterium* reduced compared with that before treatment, differences being significant ($P < 0.05$). The Shannon index in the PCOS-IR group before treatment was lower than that in the healthy control group ($P < 0.05$). **Conclusion:** The application of modified Cangfu Daotan Decoction in the treatment of PCOS of phlegm blended with blood stasis type complicated by IR can effectively alleviate the related syndromes, regulate the level of sex hormones, improve ovulation and IR, and then regulate the menstrual rhythm. It may positively regulate the intestinal microbial community structure, such as increasing the abundance of beneficial bacteria such as *Bifidobacterium*, and regulating the composition of flora related to PCOS-IR such as Firmicutes, Bacteroidetes, and *Escherichia-Shigella*, thereby improving the intestinal microecological balance.

Keywords: Polycystic ovary syndrome; Insulin resistance; Phlegm blended with blood stasis syndrome; Cangfu Daotan Decoction; Intestinal flora

多囊卵巢综合征(PCOS)是育龄期女性常见的内分泌代谢性疾病,胰岛素抵抗(IR)是PCOS的核心代谢紊乱,对其进行治疗是改善PCOS患者预后的关键^[1]。针对患者的不同临床诉求,西医治疗以短效避孕药和二甲双胍为主,但存在停药易复发、长期使用可能引发胃

肠道不适等不良反应。肠道菌群作为人体最大的微生物群,有研究显示其在PCOS的发生和进展中起重要作用^[2-3]。肠道菌群失调可能通过损害肠道屏障功能,进一步加剧IR与高雄激素血症,从而促进PCOS的发生发展^[4]。

PCOS归属于中医学月经后期、闭经、不

孕等疾病范畴, IR 归属于中医学消渴、脾瘅、脂浊等疾病范畴^[5]。痰瘀互结是 PCOS 合并 IR 的常见中医病机。笔者根据临床实践认为, 岭南地区气候湿热, 人群多因湿邪困脾、过食生冷而脾胃受损, 水湿不化则痰聚, 气滞血阻则生瘀, 久则形成痰瘀互结证, 以脾虚为本, 痰瘀互结为标^[6]。

针对岭南地区痰瘀互结型 PCOS 合并 IR 患者, 广州中医药大学第一附属医院李莉教授在经典名方苍附导痰汤的基础上进行加减化裁, 注重补气健脾、活血化痰, 在临床上取得良好疗效。本课题组的前期临床观察与实践已证实, 加味苍附导痰汤治疗 PCOS 痰瘀证可取得良好临床疗效^[7]。目前从肠道菌群角度探讨痰瘀互结型 PCOS 合并 IR 发病机制、治疗作用机制的相关研究尚少, 本研究观察苍附导痰汤加减治疗痰瘀互结型 PCOS 合并 IR 患者的临床疗效, 同时运用 16S rDNA 测序技术分析患者治疗前后肠道菌群相对丰度的变化, 与健康女性进行对比, 结果报道如下。

1 临床资料

1.1 诊断标准 ①PCOS 诊断标准: 采用《多囊卵巢综合征中国诊疗指南》^[8]中的诊断标准。②IR 诊断标准: IR 指数(HOMA-IR) ≥ 2.69 ^[9]。

1.2 辨证标准 参照《中医妇科学》^[5]及《中药新药临床研究指导原则(试行)》^[10]拟定痰瘀互结证辨证标准。主症: 月经稀发或稀少、月经后期甚至闭经, 形体肥胖, 多毛, 痤疮, 黑棘皮征。次症: 带下量多、质稀白, 头晕目眩, 或有胸胁刺痛, 或痰多欲呕, 或神疲嗜睡, 畏寒或腹冷, 伴经行小腹胀痛拒按, 血块下则痛减; 舌质暗红, 或边有齿印, 或有瘀点、瘀斑, 脉涩或脉弦滑。至少满足 2 项主症与 2 项次症, 且符合上述舌脉象表现者, 可辨为痰瘀互结证。

1.3 纳入标准 ①PCOS-IR 组纳入标准: 年

龄 18~40 岁; 同时符合 PCOS、IR 诊断标准; 符合痰瘀互结证辨证标准; 连续接受苍附导痰汤加减方规范治疗满 3 个月经周期; 入组前至少 3 个月内未使用过激素类药物、胰岛素增敏剂及其他影响糖脂代谢的药物; 病历资料详实、完整, 可支持诊断与研究; 自愿签署知情同意书; 可从本研究组自建粪便标本库中获取完整的肠道菌群检测数据。②健康对照组纳入标准: 年龄 18~40 岁; 女性; 体检结果健康; 在广州市连续居住时间 ≥ 6 个月; 可从本研究组自建粪便标本库中获取完整的肠道菌群检测数据。

1.4 排除标准 ①PCOS-IR 组排除标准: 合并严重心脑血管疾病、肝脏或肾脏功能不全、恶性肿瘤或其他重大系统性疾病; 存在精神障碍、认知功能障碍或任何可能影响知情同意及方案配合的情况; 治疗期间妊娠。②健康对照组排除标准: 月经周期或经期紊乱; 有内分泌代谢系统紊乱疾病史; 曾有意识不清、智力障碍等情况; 有心脑血管、恶性肿瘤等重大疾病史; 存在其他可能影响健康对照组代表性的异常情况。

1.5 一般资料 回顾性分析 2021 年 11 月—2022 年 11 月于广州中医药大学第一附属医院妇科门诊诊断为痰瘀互结型 PCOS 合并 IR 的 30 例患者的临床资料, 设为 PCOS-IR 组, 年龄 18~40 岁, 平均 (29.87 ± 4.87) 岁。并选取同期于广州中医药大学第一附属医院体检的 30 例健康女性设为健康对照组, 年龄 18~40 岁, 平均 (29.23 ± 4.78) 岁。2 组年龄比较, 差异无统计学意义($P>0.05$), 具有可比性。本研究已通过广州中医药大学第一附属医院医学伦理委员会审批(伦理号: K[2021]080)。

2 治疗方法

PCOS-IR 组患者接受苍附导痰汤加减方治疗。处方: 苍术 15 g, 香附 15 g, 法半夏 15 g,

土茯苓 30 g, 石菖蒲 15 g, 鸡内金 15 g, 鸡血藤 30 g, 丹参 20 g, 党参 20 g, 黄芪 30 g, 五指毛桃 30 g。2周复诊1次, 以调整处方用药。根据月经周期酌情加减: 经期, 加当归 10 g、川芎 10 g; 卵泡期, 加菟丝子 10 g、酒女贞子 10 g; 排卵期, 加皂角刺 10 g、浙贝母 10 g; 黄体期, 加覆盆子 15 g、金樱子肉 15 g。上述中药均由广州中医药大学第一附属医院中药房煎制, 每天1剂, 早晚温服。以1个月经周期为1个治疗周期, 治疗3个周期。嘱患者在治疗期间保持清淡、低碳水化合物饮食和低升糖指数饮食, 并适当结合有氧运动和抗阻运动, 保持良好的作息习惯。

3 观察指标与统计学方法

3.1 观察指标 (1)临床疗效。于治疗3个月经周期后评价。(2)中医证候评分。参照《中药新药临床研究指导原则(试行)》^[10]拟定评分标准, 见表1。包括主症、次症两大类, 主症: 有无月经错后、错后时间、行经天数、月经经血量、月经经血色质、经行血块、经行腹痛; 次症: 带下量多、质稀或痰多欲呕, 头昏目眩或神疲嗜睡, 经行腹痛, 血块下则痛减, 舌暗红, 有瘀点、瘀斑或边有齿印, 脉涩或弦滑。中医证候积分为各症状评分之和, 共计1~28分, 评分越低表示出现症状越少或症状程度越轻。于治疗前与治疗3个月经周期后评估。(3)月经周期评分。根据周期规律性、周期频率、经期出血量和经期天数4个项目进行评分, 评分标准见表2。总分0~4分, 0分表示月经均正常。于治疗前与治疗3个月经周期后评估。(4)体质量指数(BMI)和腰臀比(WHR)。患者于晨起空腹时用电子体质量秤测量体质量, 用软尺测量腰围及臀围, 计算BMI和WHR。于治疗前与治疗3个月经周期后测量。(5)性激素指标。采集患者晨起空腹静脉血5 mL, 血液样本离心(离心半径5 cm, 转速

3 000 r/min 离心 15 min)后取上层血清, 采用电化学发光法检测血清睾酮(T)、促卵泡激素(FSH)、促黄体生成激素(LH)水平, 并计算LH/FSH比值。于治疗前及治疗3个月经周期后检测。(6)糖代谢指标。采集患者晨起空腹静脉血5 mL, 血液样本离心(离心半径10 cm, 转速3 000 r/min, 离心时间10 min)分离血清后, 采用罗氏cobas 701/702全自动生化分析仪检测空腹血糖(FBG), 采用罗氏cobas E801全自动电化学发光免疫分析仪检测空腹胰岛素(FINS), 并计算HOMA-IR。于治疗前和治疗3个月经周期后检测。(7)肠道菌群指标。采用16S rDNA测序技术分析PCOS-IR组治疗前、治疗3个月经周期后的肠道微生物组成与健康对照组的肠道微生物组成, 以及门、纲、目、科、属水平上各菌种的相对丰度。16S rDNA基因测序步骤包括: ①使用MagPure Soil DNA LQ Kit试剂盒从粪便样本中提取基因组DNA。②利用16S rDNA基因V3-V4区特定引物进行PCR扩增。③通过琼脂糖凝胶电泳验证扩增产物, 采用AMPure XP beads对扩增产物进行纯化。④构建测序文库。⑤使用Illumina NovaSeq 6000平台进行高通量测序。⑥由上海欧易生物医学科技有限公司负责测序数据的分析及数据库的构建, 确保数据的科学性和完整性。

3.2 统计学方法 本研究所得数据均通过SPSS24.0软件完成统计学处理。符合正态分布的计量资料以均数±标准差($\bar{x} \pm s$)描述, 组间比较采用独立样本 t 检验, 组内治疗前后比较采用配对样本 t 检验。不符合正态分布的数据以中位数(四分位数)[$M(P_{25}, P_{75})$]表示, 组间比较采用Mann-Whitney U 检验, 组内比较采用Wilcoxon符号秩检验。多组间的比较, 若数据符合正态分布且方差齐, 采用单因素方差分析, 若差异有统计学意义, 进一步采用LSD法进行两两比较; 若数据不符合正态分布, 则

表1 中医证候评分标准

类别	症状	分值	评分标准	
主症	月经错后	5	有	
		0	无	
	错后时间	0	≤35 天	
		1	36 ~ 60 天	
		2	61 ~ 90 天	
		3	≥91 天	
		0	3 ~ 7 天	
	行经天数	1	不足 3 天	
		2	不足 2 天	
		3	不足 1 天	
0		30 ~ 80 mL		
月经经血量	1	20 ~ 29 mL		
	2	不足 20 mL		
	3	点滴即净		
	0	暗红色		
月经经血色质	1	色淡、质稀薄		
	2	色淡、质黏稠		
	3	色暗、质黏稠		
	1	无		
经行血块	2	偶有		
	3	常有		
	4	持续不断		
	0	无		
经行腹痛	1	偶有		
	2	常有		
	3	持续不断		
	0	无		
次症	带下量多、质稀或痰多欲呕	1	有	
		0	无	
	头昏目眩或神疲嗜睡	1	有	
		0	无	
	经行腹痛，血块下则痛减	1	有	
		0	无	
	舌暗红，有瘀点、瘀斑或边有齿印，脉涩或弦滑	1	有	
		0	无	
	总分		28	

采用 Kruskal-Wallis *H* 检验进行整体比较，若差异有统计学意义，进一步采用 Dunn-

表2 月经周期评分标准

观察指标	0分	1分
月经周期	21天≤月经周期≤35天	月经周期<21天 月经周期>35天
周期规律性	规律月经<7天	不规律月经≥7天 闭经≥6个月
经期天数	3天≤经期≤7天	经期<3天 经期>7天
月经量	5 mL≤月经量≤80 mL	月经量<5 mL 月经量>80 mL

Bonferroni 检验进行两两比较。计数资料以百分比(%)表示，采用 χ^2 检验。 $P<0.05$ 表示差异有统计学意义。

4 疗效标准与治疗结果

4.1 疗效标准 参照《胰岛素抵抗评估方法和应用的专家指导意见》^[9]和《中药新药临床研究指导原则(试行)》^[10]拟定疗效标准。治愈：中医证候积分较治疗前下降≥90%，或 HOMA-IR<2.69。显效：66.67%≤中医证候积分较治疗前下降<90%，或 HOMA-IR<2.69。有效：30%≤中医证候积分较治疗前下降<66.67%，或 HOMA-IR<2.69。无效：未达到有效标准。总有效率=(治愈例数+显效例数+有效例数)/总例数×100%。

4.2 PCOS-IR 组临床疗效 治疗后，PCOS-IR 组治愈2例(6.67%，2/30)，显效7例(23.33%，7/30)，有效19例(63.33%，19/30)，无效2例(6.67%，2/30)，总有效率93.33%(28/30)。

4.3 PCOS-IR 组治疗前后中医证候积分及月经周期积分比较 见表3。治疗后，中医证候积分与月经周期积分均较治疗前下降($P<0.05$)。

4.4 PCOS-IR 组治疗前后 BMI、WHR 值比较 见表4。治疗前后的 BMI、WHR 值分别比较，差异均无统计学意义($P>0.05$)。

表3 PCOS-IR 组治疗前后中医证候积分及月经周期积分比较[M(P₂₅, P₇₅)]

指 标	治疗前	治疗后	差值	Z 值	P 值
中医证候积分	15.00(13.00, 18.25)	6.00(4.00, 9.00)	-7.50(-11.00, -6.75)	-4.998	<0.001
月经周期积分	3.00(3.00, 3.00)	2.00(1.00, 2.00)	-1.00(-2.00, -1.00)	-4.798	<0.001

表4 PCOS-IR组治疗前后BMI、WHR值比较($\bar{x} \pm s$)

指 标	治疗前	治疗后	差值	t 值	P 值
BMI	25.78 ± 1.26	24.93 ± 4.48	-0.85 ± 3.71	-1.257	0.219
WHR	0.85 ± 0.09	0.84 ± 0.09	-0.01 ± 0.12	-0.526	0.603

4.5 PCOS-IR组治疗前后T、FSH、LH水平及LH/FSH比值比较 见表5。治疗后，LH、T水平及LH/FSH比值均较治疗前下降，差异均有统计学意义($P < 0.05$)。FSH水平治疗前后比较，差异无统计学意义($P > 0.05$)。

表5 PCOS-IR组治疗前后T、FSH、LH水平及LH/FSH比值比较($\bar{x} \pm s$)

指 标	治疗前	治疗后	差值	t 值	P 值
T(nmol/L)	2.30 ± 0.28	1.83 ± 0.23	-0.47 ± 0.34	-7.584	< 0.001
FSH(IU/L)	5.70 ± 1.01	6.09 ± 1.18	0.39 ± 1.38	1.567	0.128
LH(IU/L)	10.83 ± 3.23	6.78 ± 1.52	-4.05 ± 3.58	-6.194	< 0.001
LH/FSH	1.93 ± 0.59	1.17 ± 0.40	-0.76 ± 0.72	-5.820	< 0.001

4.6 PCOS-IR组治疗前后FBG、FINS及HOMA-IR比较 见表6。治疗后，FBG、FINS水平及HOMA-IR值均较治疗前下降，差异均有统计学意义($P < 0.05$)。

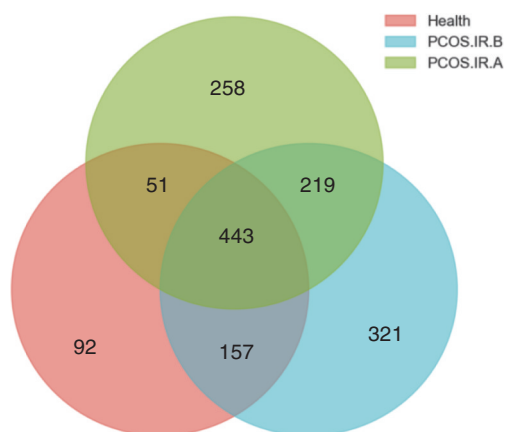
表6 PCOS-IR组治疗前后FBG、FINS及HOMA-IR比较($\bar{x} \pm s$)

指 标	治疗前	治疗后	差值	t 值	P 值
FBG(mmol/L)	6.28 ± 0.75	5.08 ± 1.19	-1.20 ± 1.51	-4.344	< 0.001
FINS(μIU/mL)	10.44 ± 1.36	8.98 ± 1.73	-1.46 ± 2.33	-3.420	0.002
HOMA-IR	2.91 ± 0.45	2.03 ± 0.61	-0.88 ± 0.79	-6.138	< 0.001

4.7 肠道菌群韦恩图 对健康对照组(Health)、PCOS-IR组治疗前(PCOS.IR.B)和PCOS-IR组治疗后(PCOS.IR.A)各30例样本进行聚类分析，共鉴别出1 423个操作分类单元(OTUs)，以此绘制韦恩图，见图1。由图1可知，3组共同拥有的OTUs数量为443个，提示3组中存在一定数量的核心肠道菌群。健康对照组与PCOS-IR组治疗前共有的OTUs数量为600个，其中仅2组共有的OTUs数量为157个；健康对照组与PCOS-IR组治疗后共有的OTUs数量为494个，其中仅2组共有的OTUs数量为51个；PCOS-IR组治疗前与PCOS-IR组治疗后共有

的OTUs数量为662个，其中仅2组共有的OTUs数量为219个。

此外，3组特有的OTUs数量(仅本组拥有，不含任何交集)分别为：健康对照组特有的OTUs数量为92个，PCOS-IR组治疗前特有的OTUs数量为321个，PCOS-IR组治疗后特有的OTUs数量为258个。以上结果表明，不同样本组的肠道菌群在丰富度(OTUs总数)上存在一定共性，同时也存在显著差异。



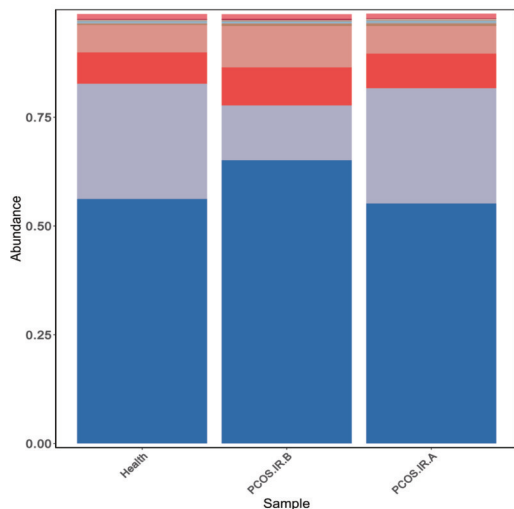
注：Health表示健康对照组，PCOS.IR.B表示PCOS-IR组治疗前，PCOS.IR.A表示PCOS-IR组治疗后。

图1 3组样本的肠道菌群韦恩图

4.8 不同分类水平组间肠道菌群差异分析 在不同分类学水平(门、纲、目、科、属)上，分别选取相对丰度 > 1% 且排名前11的物种，绘制相对丰度柱状图。柱状图的横坐标代表不同组别，纵坐标代表相对丰度，不同颜色表示不同物种，others表示其余相对丰度 ≤ 1% 或排名靠后的物种。

4.8.1 门水平肠道菌群分析 图2为门级分类水平上的相对丰度柱状图，表7为门水平上的物种相对丰度表，依据相对丰度从高到低排序，展示了相对丰度排名前5的门类菌群的具体丰度值。PCOS-IR组治疗前的厚壁菌门、拟杆菌门、变形菌门及疣微菌门相对丰度均高于健康对照组，放线菌门的相对丰度低于健康对

照组, 差异均有统计学意义($P < 0.05$)。PCOS-IR组治疗后的放线菌门相对丰度较治疗前升高, 厚壁菌门、拟杆菌门及变形菌门的相对丰度均较治疗前降低, 差异均有统计学意义($P < 0.05$)。疣微菌门的相对丰度治疗前后比较, 差异无统计学意义($P > 0.05$)。PCOS-IR组治疗后的各菌群相对丰度与健康对照组比较, 差异均无统计学意义($P > 0.05$)。



注: Health表示健康对照组, PCOS-IR.B表示PCOS-IR组治疗前, PCOS-IR.A表示PCOS-IR组治疗后。

图2 门水平肠道菌群相对丰度柱状图

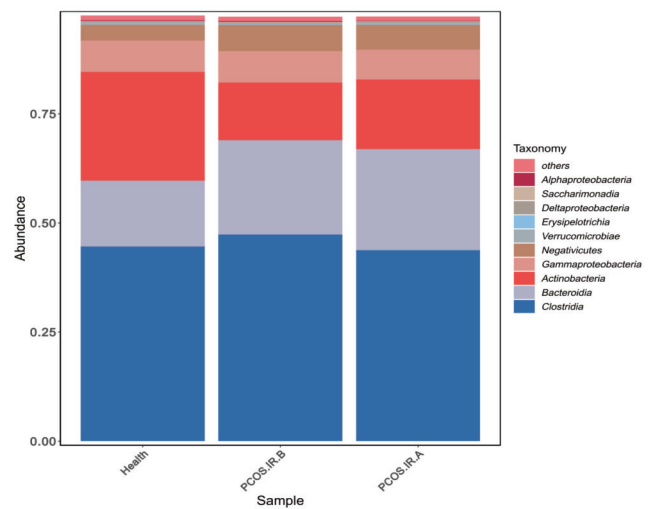
表7 门水平肠道菌群相对丰度表

分 类	健康 对照组	PCOS-IR 组 治疗前	PCOS-IR 组 治疗后
厚壁菌门(Firmicutes)	0.562	0.651 ^①	0.552 ^②
放线菌门(Actinobacteria)	0.265	0.126 ^①	0.265 ^②
拟杆菌门(Bacteroidetes)	0.063	0.095 ^①	0.063 ^②
变形菌门(Proteobacteria)	0.072	0.087 ^①	0.079 ^②
疣微菌门(Verrucomicrobia)	0.003	0.006 ^①	0.006

注: ①与健康对照组比较, $P < 0.05$; ②与PCOS-IR组治疗前比较, $P < 0.05$ 。

4.8.2 纲水平肠道菌群分析 见图3、表8。在纲水平上, PCOS-IR组治疗前的梭状芽孢杆菌纲、拟杆菌纲及厚壁菌纲相对丰度均高于健康对照组, 放线菌纲的相对丰度低于健康对照组, 差异均有统计学意义($P < 0.05$)。PCOS-

IR组治疗前后的变形菌纲相对丰度与健康对照组比较, 差异均无统计学意义($P > 0.05$)。PCOS-IR组治疗后的拟杆菌纲、放线菌纲相对丰度均较治疗前升高, 梭状芽孢杆菌纲、厚壁菌纲及变形菌纲的相对丰度均较治疗前降低, 差异均有统计学意义($P < 0.05$)。PCOS-IR组治疗后的各菌群相对丰度与健康对照组比较, 差异均无统计学意义($P > 0.05$)。



注: Health表示健康对照组, PCOS-IR.B表示PCOS-IR组治疗前, PCOS-IR.A表示PCOS-IR组治疗后。

图3 纲水平肠道菌群相对丰度柱状图

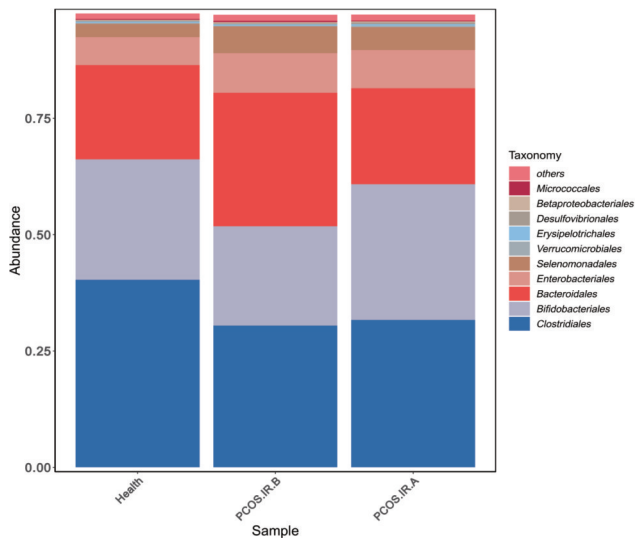
表8 纲水平肠道菌群相对丰度表

分 类	健康 对照组	PCOS-IR 组 治疗前	PCOS-IR 组 治疗后
梭状芽孢杆菌纲(Clostridia)	0.446	0.473 ^①	0.437 ^②
放线菌纲(Actinobacteria)	0.249	0.132 ^①	0.159 ^②
拟杆菌纲(Bacteroidia)	0.151	0.216 ^①	0.232 ^②
变形菌纲(Gammaproteobacteria)	0.072	0.072	0.068 ^②
厚壁菌纲(Negativicutes)	0.036	0.060 ^①	0.056 ^②

注: ①与健康对照组比较, $P < 0.05$; ②与PCOS-IR组治疗前比较, $P < 0.05$ 。

4.8.3 目水平肠道菌群分析 见图4、表9。在目水平上, PCOS-IR组治疗前的梭菌目、双歧杆菌目相对丰度均低于健康对照组, 拟杆菌目、肠杆菌目及月形单孢菌目的相对丰度均高于健康对照组, 差异均有统计学意义($P <$

0.05)。PCOS-IR 组治疗后的梭菌目、双歧杆菌目相对丰度均较治疗前升高,拟杆菌目、月形单孢菌目的相对丰度均较治疗前降低,差异均有统计学意义($P < 0.05$)。肠杆菌目的相对丰度治疗前后比较,差异无统计学意义($P > 0.05$)。



注: Health表示健康对照组, PCOS-IR.B表示PCOS-IR 组治疗前, PCOS-IR.A表示PCOS-IR 组治疗后。

图4 目水平肠道菌群相对丰度柱状图

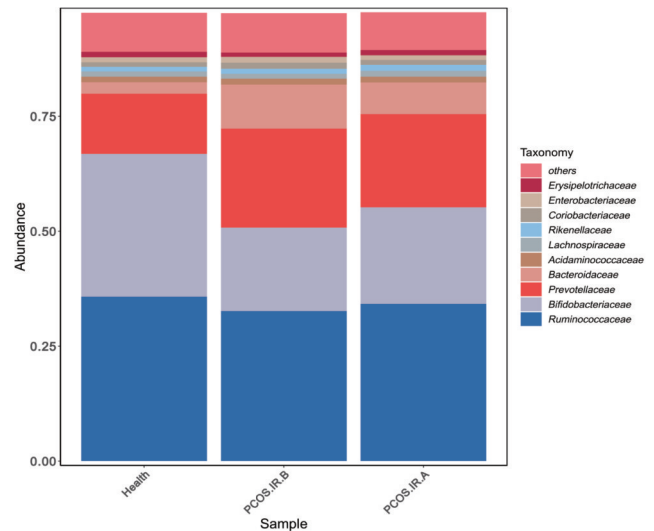
表9 目水平肠道菌群相对丰度表

分 类	健康 对照组	PCOS-IR 组 治疗前	PCOS-IR 组 治疗后
梭菌目(Clostridiales)	0.403	0.305 ^①	0.317 ^②
双歧杆菌目(Bifidobacteriales)	0.259	0.214 ^①	0.291 ^②
拟杆菌目(Bacteroidales)	0.203	0.287 ^①	0.206 ^②
肠杆菌目(Enterobacteriales)	0.060	0.085 ^①	0.082
月形单孢菌目(Selenomonadales)	0.028	0.057 ^①	0.049 ^②

注: ①与健康对照组比较, $P < 0.05$; ②与PCOS-IR 组治疗前比较, $P < 0.05$ 。

4.8.4 科水平肠道菌群分析 见图5、表10。在科水平上, PCOS-IR 组治疗前的瘤胃球菌科、双歧杆菌科相对丰度均低于健康对照组, 普雷沃氏菌科、拟杆菌科的相对丰度均高于健康对照组, 差异均有统计学意义($P < 0.05$)。PCOS-IR 组治疗后的瘤胃球菌科、双歧杆菌科相对丰度均较治疗前升高, 普雷沃氏菌科、拟

杆菌科的相对丰度均较治疗前降低, 差异均有统计学意义($P < 0.05$)。氨基酸球菌科、红螺杆菌科及理研菌科的相对丰度治疗前后比较, 差异均无统计学意义($P > 0.05$)。



注: Health表示健康对照组, PCOS-IR.B表示PCOS-IR 组治疗前, PCOS-IR.A表示PCOS-IR 组治疗后。

图5 科水平肠道菌群相对丰度柱状图

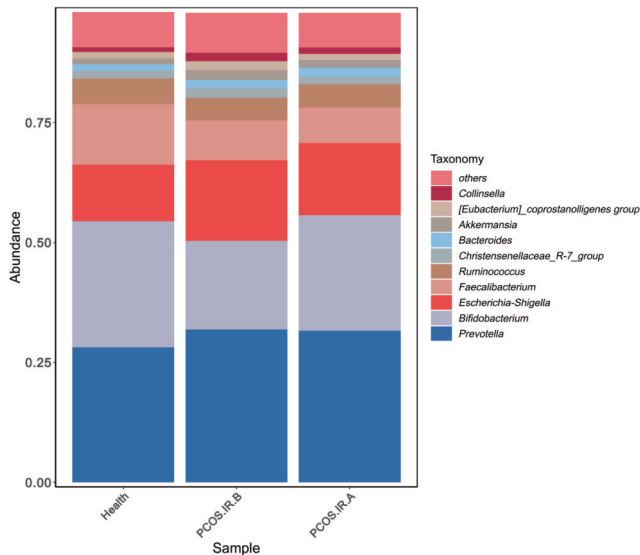
表10 科水平肠道菌群相对丰度表

分 类	健康 对照组	PCOS-IR 组 治疗前	PCOS-IR 组 治疗后
瘤胃球菌科(Ruminococcaceae)	0.358	0.327 ^①	0.342 ^②
双歧杆菌科(Bifidobacteriaceae)	0.311	0.181 ^①	0.210 ^②
普雷沃氏菌科(Prevotellaceae)	0.131	0.215 ^①	0.203 ^②
拟杆菌科(Bacteroidaceae)	0.025	0.096 ^①	0.069 ^②
氨基酸球菌科(Acidaminococcaceae)	0.012	0.013	0.012
红螺杆菌科(Coriobacteriaceae)	0.010	0.013	0.011
理研菌科(Rikenellaceae)	0.011	0.011	0.013

注: ①与健康对照组比较, $P < 0.05$; ②与PCOS-IR 组治疗前比较, $P < 0.05$ 。

4.8.5 属水平肠道菌群分析 见图6、表11。在属水平上, PCOS-IR 组治疗前的双歧杆菌属、粪杆菌属及瘤胃球菌属相对丰度均低于健康对照组, 普雷沃氏菌属、埃希氏菌-志贺氏菌属的相对丰度均高于健康对照组, 差异均有统计学意义($P < 0.05$)。PCOS-IR 组治疗后的双歧杆菌属、瘤胃球菌属相对丰度均较治疗前升高, 埃希氏菌-志贺氏菌属、粪杆菌属的相

对丰度均较治疗前下降, 差异均有统计学意义($P < 0.05$)。普雷沃氏菌属的相对丰度治疗前后比较, 差异无统计学意义($P > 0.05$)。



注: Health表示健康对照组, PCOS-IR.B表示PCOS-IR组治疗前, PCOS-IR.A表示PCOS-IR组治疗后。

图6 属水平肠道菌群相对丰度柱状图

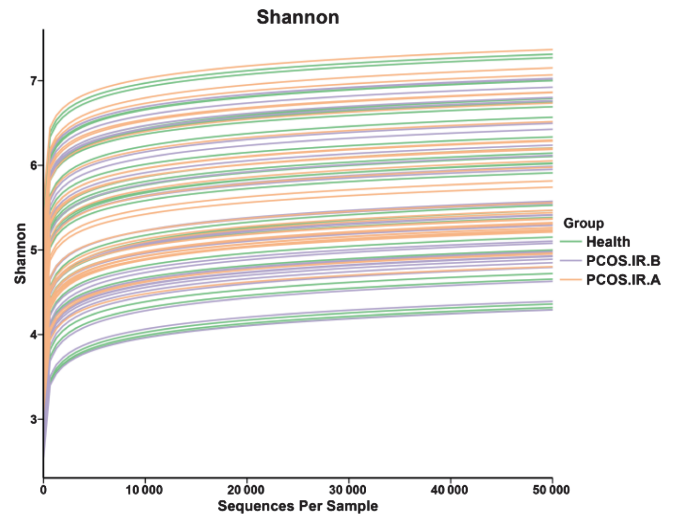
表11 属水平肠道菌群相对丰度表

分 类	健康 对照组	PCOS-IR 组 治疗前	PCOS-IR 组 治疗后
普雷沃氏菌属(Prevotella)	0.282	0.319 ^①	0.316
双歧杆菌属(Bifidobacterium)	0.263	0.185 ^①	0.241 ^②
粪杆菌属(Faecalibacterium)	0.127	0.083 ^①	0.074 ^②
埃希氏菌-志贺氏菌属 (Escherichia-Shigella)	0.118	0.168 ^①	0.151 ^②
瘤胃球菌属(Ruminococcus)	0.053	0.047 ^①	0.049 ^②

注: ①与健康对照组比较, $P < 0.05$; ②与PCOS-IR组治疗前比较, $P < 0.05$ 。

4.9 Alpha多样性分析

4.9.1 稀释曲线分析 稀释曲线(Rarefaction Curve)通过模拟不同测序深度下的物种累积情况, 评估样本的测序充分性。横坐标代表测序序列数, 纵坐标代表物种多样性指数(以Shannon指数为例)。当曲线趋于平缓时, 表明测序深度已足够, 继续增加数据量不会显著增加OTUs数量, 说明当前测序数据已合理覆盖样本中的微生物多样性, 见图7。



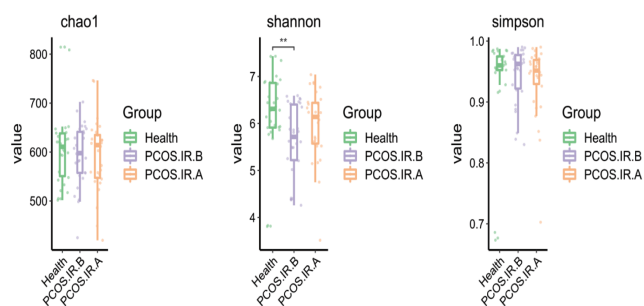
注: Health表示健康对照组, PCOS-IR.B表示PCOS-IR组治疗前, PCOS-IR.A表示PCOS-IR组治疗后。

图7 shannon指数稀释曲线图

4.9.2 Alpha多样性指数分析 Alpha多样性指数反映了单个样本的菌群多样性, Chao1指数反映物种丰富度(物种数量的多少); shannon指数、simpson指数反映物种多样性, 指数越高表示多样性越高。

从图8可见, 健康对照组、PCOS-IR组治疗前、PCOS-IR组治疗后的chao1指数、simpson指数比较, 差异均无统计学意义($P > 0.05$)。PCOS-IR组治疗前的chao1指数中位数低于健康对照组, 治疗后有所改善, 略高于健康对照组, 差异均无统计学意义($P > 0.05$), 提示治疗后PCOS-IR组肠道菌群的丰富度发生了一定变化, 可能存在某些菌群富集的情况。

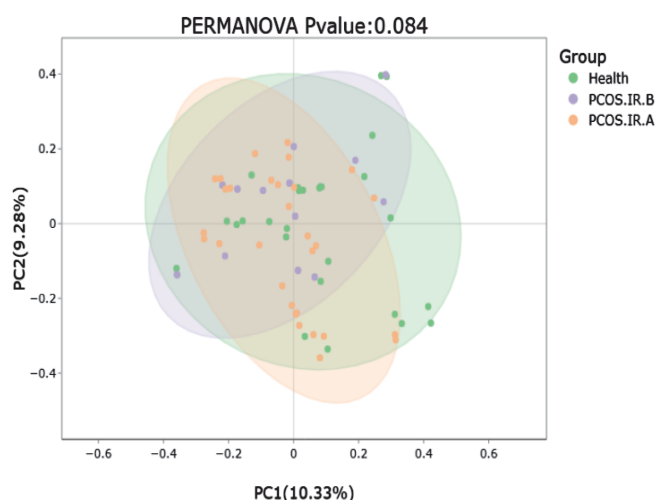
PCOS-IR组治疗前的shannon指数低于健康对照组($P < 0.05$), 提示PCOS-IR患者肠道菌群的多样性降低、菌群结构失衡。PCOS-IR组治疗后的shannon指数较PCOS-IR组治疗前有所上升, 略低于健康对照组, 差异均无统计学意义($P > 0.05$)。提示治疗后, 肠道菌群分布呈现出一定的恢复趋势, 但尚未恢复至健康水平。



注: Health表示健康对照组, PCOS.IR.B表示PCOS-IR组治疗前, PCOS.IR.A表示PCOS-IR组治疗后。**表示健康对照组与PCOS-IR组治疗前比较, $P < 0.05$ 。

图8 3组样本的Alpha多样性箱线图

4.10 Beta多样性分析 Beta多样性分析用于评估组间微生物群落结构的差异。本研究基于Bray-Curtis距离,对3组样本的肠道菌群结构进行可视化分析,见图9。结果显示,在物种丰度和组成方面,3组样本呈现出一定的聚类趋势,但3组整体群落结构比较,差异无统计学意义($P=0.084$)。PCOS-IR组治疗后的样本分布较治疗前更接近健康对照组,提示治疗可能使肠道菌群结构有向健康状态接近的趋势,但差异未达到有统计学意义水平,可能需要更大的样本量或更长的治疗周期才能观察到有显著改变。



注: Health表示健康对照组, PCOS.IR.B表示PCOS-IR组治疗前, PCOS.IR.A表示PCOS-IR组治疗后。

图9 PCoA分析图

5 讨论

岭南地区气候湿热,易致湿邪困脾。当地人喜食生冷,易伤脾胃阳气,导致水湿不化、痰湿内生,形成脾虚湿困之证。脾虚气弱,运血无力,血行不畅则瘀血内生。痰湿久滞,或下注胞宫致经隧闭塞,或结聚血海阻碍经行。痰瘀互结,互为因果,导致月经不调。其病机当责之于脾虚为本,痰瘀互结为标,阻滞胞宫为患。

苍附导痰汤主要用于痰湿阻滞、气机不畅引起的病症,本研究所用的苍附导痰汤加减方主要针对痰瘀互结的病机标本兼治,在健脾补气的同时活血化痰,使冲任通畅、精血得行,气血顺畅,则血块减、腹痛消、月经可顺利来潮^[1]。方中苍术-香附药对联合使用,可斡旋中焦,使气行痰消,血行瘀散。中焦气机调和,则清阳升发;气血生化有源,则血海充盈;浊阴下泄,则湿浊得祛;冲任通调,则经候如常。通调中焦既成,培元固本为继,方中采用五指毛桃、黄芪及党参健脾固本。五指毛桃功擅健脾补肺、行气利湿,颇具地方特色。其与黄芪相配,既可协同增强补脾益气之效,又能中和黄芪的温燥之性。三药配合使用,起到健脾与润养兼顾之效,使全方温补而不燥热,滋补而不壅滞。法半夏助苍术增强燥湿化痰之效,既振脾阳又防痰湿复生;岭南道地药材土茯苓祛湿护阴,清热不伤胃,尤擅化解岭南湿热胶着之邪;石菖蒲化湿醒脾,又具祛湿逐风,除痰消积之效。三药合用,使得湿浊下行而清阳得升,中焦枢机复常,则痰瘀自消,气血和畅,冲任调和。PCOS作为一种慢性内分泌疾患,病久必伤及血络,致使胞脉瘀滞不通。加之女性情志致病之速远甚于男性,情志不畅则肝失疏泄,气血运行受阻,气滞血瘀则胞脉闭塞;瘀久成癥,结于胞宫则经闭不行。故用鸡内金,一能消食化积,入中焦助脾运

化,促进水谷精微之输布;二能活血化瘀,入下焦消散癥积,通利经闭;三能健脾和胃,消中有补,破而不伤,既承张锡纯消散癥瘕之法,又合仲景攻补兼施之旨。丹参凉血活血,尤宜肝郁化火之证,调冲任经乱之疾。鸡血藤养血通络,既补阴血之亏,又通郁滞之经脉。三药配伍,共奏养血活血、调经消癥之效。

FSH和LH被用于间接评估卵巢的储备功能,LH/FSH比值可作为预测卵巢反应性的参考指标^[12]。RUDNICKA E等^[13]研究发现,高LH水平可刺激卵巢生成过量雄激素,从而干扰卵泡的正常发育。同时,雄激素水平升高可能加重IR,导致PCOS患者的高雄激素状态与IR之间形成相互促进的恶性循环^[14]。IR是PCOS发生发展的病理基础,主要表现为机体对葡萄糖的摄取与代谢能力减退。由于胰岛素无法有效促进葡萄糖进入细胞供能,血液中的葡萄糖无法被消耗,导致空腹血糖升高^[15],FBG、FINS及HOMA-IR可作为反映PCOS患者IR程度的血清学指标。本研究结果显示,经过苍附导痰汤加减方治疗后,PCOS-IR组的中医证候积分、月经周期积分、LH、T、FBG、FINS、HOMA-IR值及LH/FSH比值均较治疗前降低,提示苍附导痰汤加减方可有效缓解痰瘀互结证相关中医证候,改善IR,调节性激素水平,改善排卵,进而调节月经节律。FBG、FINS和HOMA-IR值的降低提示苍附导痰汤加减方可有效改善痰瘀互结型PCOS合并IR患者的IR情况。

肠道菌群是人体肠道内庞大而复杂的微生物群落,肠道微生物群落可通过调节肠道黏膜屏障功能、释放代谢性产物等途径影响女性的糖脂代谢、胰岛素敏感性、激素分泌的稳态以及卵泡的正常生长发育^[16-17]。肠道菌群失衡不仅影响体内激素水平和代谢功能,还会干扰营养摄取、糖脂代谢及生物屏障功能。厚壁菌门

丰度的升高与2型糖尿病、肥胖等代谢综合征的发展有密切关系^[18],而IR正是这些疾病发生的关键环节。

拟杆菌门细胞壁上含有脂多糖,脂多糖过量时,可通过增加肠道通透性进入循环系统,激活免疫细胞,导致炎症以及刺激胰岛素的大量释放,诱导IR发生^[19]。变形菌门产生的内毒素与胃肠道致病性相关,其大量增殖可导致肠道免疫功能减弱^[20]。而放线菌门可通过改善代谢和增强免疫,发挥对机体的保护和抗炎作用^[21]。双歧杆菌是肠道菌群中的关键有益菌种,可以通过帮助其他肠道微生物形成交叉网络,使其他的肠道微生物群成员受益^[22]。双歧杆菌属等有益菌可通过降解膳食纤维产生短链脂肪酸(SCFAs),调节血糖代谢和胰岛素分泌,若菌群失调,会减少SCFAs产生,加剧IR^[23]。本研究结果提示,苍附导痰汤加减方可有效调节肠道菌群,增加有益菌丰度,减少致病菌丰度。现代药理学研究发现,石菖蒲中的黄酮类化合物及挥发油具有抗炎、增强免疫功能的作用^[24]。宋克玉等^[25]发现党参对肠道菌群具有调节作用,可增加双歧杆菌等有益菌含量。一项动物实验发现,黄芪中的黄芪甲苷具有升高双歧杆菌等益生菌数量、修复肠黏膜以及抗炎的作用^[26]。丹参被认为可促进双歧杆菌的增殖,其所含的丹酚酸B可以起到调节糖脂代谢和改善IR的作用^[27-28]。由此可见,苍附导痰汤加减方中的诸多中药可起到调节肠道微生物生态平衡的作用。

综上所述,采用苍附导痰汤加减治疗痰瘀互结型PCOS合并IR可有效缓解患者的临床症状,调节性激素水平,改善排卵和IR情况,进而调节月经节律。其可能通过正向调整肠道微生物群落结构,如增加双歧杆菌等有益菌的丰度,同时调节厚壁菌门、拟杆菌门和埃希氏菌-志贺氏菌属等与PCOS-IR相关的菌群组

成,改善肠道微生态平衡而产生疗效。尽管测序深度已覆盖物种信息,但受限于样本量和单一中心研究设计,结果可能存在一定偏倚。未来可通过扩大样本量、开展多中心研究以及深入菌群-表型关联分析,进一步验证本研究发现,为PCOS的诊疗提供更可靠的循证依据。

[参考文献]

- [1] HARRIS H R, BABIC A, WEBB P M, et al. Polycystic Ovary Syndrome, Oligomenorrhea, and Risk of Ovarian Cancer Histotypes: Evidence from the Ovarian Cancer Association Consortium[J]. *Cancer Epidemiol Biomarkers Prev*, 2018, 27(2): 174-182.
- [2] 陈曦,刘爱霞. 肠道菌群与多囊卵巢综合征相关性的研究进展[J]. *中华妇产科杂志*, 2022, 57(3): 236-240.
- [3] SALEHI S, ALLAHVERDY J, POURJAFAR H, et al. Gut microbiota and polycystic ovary syndrome (PCOS): Understanding the pathogenesis and the role of probiotics as a therapeutic strategy[J]. *Probiotics Antimicrob Proteins*, 2024, 16(5): 1553-1565.
- [4] 杨妍,沈好婷,孙建华,等. 基于肠道菌群分析针灸治疗多囊卵巢综合征的作用机制[J]. *中医康复*, 2025, 2(12): 64-68.
- [5] 张玉珍. 中医妇科学[M]. 北京: 中国中医药出版社, 2007: 120-130.
- [6] 戴婷婷,匡洪影. 多囊卵巢综合征不孕的中医外治法研究进展[J]. *中医外治杂志*, 2025, 34(5): 389-393.
- [7] 万幸,江玲,杨雅琪,等. 加味苍附导痰汤联合耳穴治疗多囊卵巢综合征痰瘀证临床研究[J]. *陕西中医*, 2022, 43(12): 1797-1800.
- [8] 中华医学会妇产科学分会内分泌学组及指南专家组. 多囊卵巢综合征中国诊疗指南[J]. *中华妇产科杂志*, 2018, 53(1): 2-6.
- [9] 中华医学会糖尿病学分会胰岛素抵抗学组(筹). 胰岛素抵抗评估方法和应用的专家指导意见[J]. *中华糖尿病杂志*, 2018, 10(6): 377-385.
- [10] 郑筱萸. 中药新药临床研究指导原则(试行)[M]. 北京: 中国医药科技出版社, 2002: 239-241.
- [11] 陈淑琴. 苍附导痰丸加减治疗痰湿内阻型多囊卵巢综合征不孕症的临床观察[D]. 福州: 福建中医药大学, 2014.
- [12] WANG J, DING J L, QU B, et al. Does Serum LH Level Influence IVF Outcomes in Women with PCOS Undergoing GnRH-Antagonist Stimulation: A Novel Indicator[J]. *J Clin Med*, 2022, 11(16): 4670.
- [13] RUDNICKA E, KUNICKI M, CALIK-KSEPKA A, et al. Anti-Müllerian Hormone in Pathogenesis, Diagnostic and Treatment of PCOS[J]. *Int J Mol Sci*, 2021, 22(22): 12507.
- [14] ZHU J L, CHEN Z, FENG W J, et al. Sex hormone-binding globulin and polycystic ovary syndrome[J]. *Clin Chim Acta*, 2019, 499: 142-148.
- [15] 余玲玲,张娥. 针刺联合苍附导痰汤治疗痰湿型多囊卵巢综合征伴胰岛素抵抗临床研究[J]. *新中医*, 2026, 58(4): 57-63.
- [16] ZHANG M M, HU R N, HUANG Y J, et al. Present and future: crosstalks between polycystic ovary syndrome and gut metabolites relating to gut microbiota[J]. *Front Endocrinol (Lausanne)*, 2022, 13: 933110.
- [17] WANG L, ZHOU J, GOBER H J, et al. Alterations in the intestinal microbiome associated with PCOS affect the clinical phenotype[J]. *Biomed Pharmacother*, 2021, 133: 110958.
- [18] 王磊,张宁. 肠道微生物群失调对多囊卵巢综合征的影响[J]. *国际妇产科学杂志*, 2023, 50(3): 256-260.
- [19] CARICILLI A M, SAAD M J. The role of gut microbiota on insulin resistance[J]. *Nutrients*, 2013, 5(3): 829-851.
- [20] MIRPURI J, RAETZ M, STURGE C R, et al. Proteobacteria-specific IgA regulates maturation of the intestinal microbiota[J]. *Gut Microbes*, 2014, 5(1): 28-39.
- [21] ZENG J, HE Z, WANG G, et al. Interaction Between Microbiota and Immunity: Molecular Mechanisms, Biological Functions, Diseases, and New Therapeutic Opportunities[J]. *MedComm (2020)*, 2025, 6(7): e70265.
- [22] O'CALLAGHAN A, VAN SINDEREN D. Bifidobacteria and their role as members of the human gut microbiota[J]. *Front Microbiol*, 2016, 7: 925.
- [23] XIE C, QI C, ZHANG J W, et al. When short-chain fatty acids meet type 2 diabetes mellitus: revealing mechanisms, envisioning therapies[J]. *Biochem Pharmacol*, 2025, 233: 116791.
- [24] 韩乐平,王蕾. 石菖蒲-郁金药对改善血管性痴呆的中医研究进展[J]. *光明中医*, 2025, 40(21): 4849-4851.
- [25] 宋克玉,江振友,严群超,等. 党参及茯苓对小鼠肠道菌群调节作用的实验研究[J]. *中国临床药理学杂志*, 2011, 27(2): 142-145.
- [26] 钱爱,黄传兵,朱雅文,等. 基于“肾-脾-肠轴”探讨健脾滋肾法调节肠道菌群治疗系统性红斑狼疮的可行性[J]. *上海中医杂志*, 2024, 58(12): 52-55, 70.
- [27] 肖佳佳,周敏,曹正柳,等. 基于“肠-肾轴”理论探讨活血通络法治疗糖尿病肾病的科学内涵[J]. *中医临床研究*, 2025, 17(35): 141-145.
- [28] 陈家祈,李娜,肖青云,等. 加味小陷胸汤“异病同治”2型糖尿病和阻塞性睡眠呼吸暂停作用机制的网络药理学分析[J]. *广州中医药大学学报*, 2025, 42(8): 2006-2014.

[责任编辑: 吴凌, 蒋维超(英文)]