



黄腻苔与口腔菌群失调的关系研究

谭惠璇¹, 赵昌林^{2△}

1 广州中医药大学, 广东 广州 510080; 2 广东药科大学健康学院

[摘要] 从黄腻苔的形成原因入手, 阐述黄腻苔与口腔菌群失调的关系, 探讨黄腻苔在临床诊疗中的应用价值。认为黄腻苔的形成原因与口腔菌群失调存在很大关系, 其中形成的优势菌群可能为普雷沃氏菌属和韦荣球菌属。

[关键词] 黄腻苔; 菌群失调; 优势菌群

[中图分类号] R241 **[文献标识码]** A **[文章编号]** 2096-9600(2022)10-0151-04

Study on the Relationship between Yellow Greasy Moss and Oral Dysbacteriosis

TAN Huixuan¹, ZHAO Changlin^{2△}

1 Guangzhou University of Chinese Medicine, Guangzhou 510080, China;

2 School of Health, Guangdong Pharmaceutical University

Abstract Starting with the causes of yellow greasy moss, the application value of yellow greasy moss in clinical diagnosis and treatment is discussed by explaining its correlation with oral dysbacteriosis. It is believed that the cause of the moss has great relation to oral dysbacteriosis, and the dominant bacterial community might be bacteroides-prevotella and Veillonella.

Keywords yellow greasy mosses; dysbacteriosis; dominant bacterial community

黄腻苔是苔色黄而黏腻, 颗粒紧密胶黏, 如黄色粉末调涂舌面的舌象, 由邪热与痰涎湿浊交结而形成, 黄腻苔多主痰热、湿热、暑温、湿温、实热积滞、湿痰内结、腑气不利等。《敖氏伤寒金镜录》有记载:“舌见黄腻, 乃是湿热未净之候。”^[1]《伤寒指掌》曰:“湿热内著, 从饮食中得之嗜酒人多此, 苔必厚黄黏腻, 痞满不饥, 呕吐不纳, 惟泻心最效”“若黄薄而腻者, 则为湿热腻滞之候。”^[2]《望诊遵经》云:“苔如姜黄色, 及松花色, 津润而冷, 或腹痛吐利者, 阳衰土败也。”^[3]中医学认为中医临床辨证的重要客观指标之一是舌苔的变化。舌苔变化对辨别正气盛衰、病位深浅、病邪性质、病情进退有一定的直观性和客观性, 有助于判断疾病的转归和预后, 指导临床用药。中医学以黄为热象, 腻为湿象, 所以黄腻苔以湿热证为主。而人体微生物主要分布在口腔、肺部、肠道和阴道。其中口腔微生物种群种类繁多、成分复杂, 涵盖了细菌、真菌、古细菌和病毒等, 主要以细菌为主^[4]。舌苔的主要组成部分是属于复层鳞状上皮的舌黏膜上皮, 其表面粗糙, 有大量舌乳头状的小突起, 包含丝状乳头、叶状乳头、蕈状乳头、轮廓乳头等。舌背黏膜基底细胞不断分裂分化移行成舌最表层角化细胞, 与食物残渣、黏液、细菌等成分混合, 附着于黏

膜的表面, 形成舌苔。舌苔的厚薄按“见底”和“不见底”为标准进行划分, 薄苔为透过舌苔能隐隐见到舌体, 厚苔为舌苔厚重覆盖舌体致不能见到舌体。舌苔的厚薄往往预示着邪气的深浅, 正常薄白苔乃胃气所生, 如外邪侵袭, 邪气较轻, 正气未被耗伤, 机体这时表现为外感表证或内伤轻症, 舌苔为薄苔。邪气较盛, 深入里腑, 或痰、饮、湿、食积、所致胃气夹湿浊邪气熏蒸, 上升于舌, 舌苔则表现为厚苔。《形色外诊简摩》曰:“苔乃胃气之所蒸腾, 五脏皆禀气于胃, 故可借以诊五脏之寒热虚实也。”^[5]饮食不节, 导致湿浊、痰饮、食积、顽痰积聚于内, 遏制阳气上升, 脾胃湿浊难化, 胃气与湿热上升于舌, 则表现为舌苔黄厚腻。根据舌苔的厚度、颜色等苔质情况来鉴别患者的健康与疾病状况, 也是“望”诊的重要内容之一, 是中医临床辨证施治的主要依据之一。将舌苔作为诊断依据, 把治疗时点前移到疾病发生之前, 是舌苔特有的优势, 也是中医未病先防的优势体现。

1 黄腻苔与菌群失调

黄腻苔舌象为苔色黄而黏腻, 颗粒紧密胶黏, 如黄色粉末调涂舌面, 其舌苔上包含多种微生物, 而口腔微生物组由物种水平上 600 多种普遍的分类群组成, 不同的亚群在不同的栖息地占主导地

位。正常人一般情况下舌的自洁作用发挥正常,口腔内各种菌群平衡。不同疾病的舌苔厚薄、苔色、润燥、腐腻程度不同,其菌群的密度及数量也会存在差异性。舌苔微生物作为口腔微生态系统的重要组成部分,是中医学微生态研究的主要对象,舌苔上菌群的密度、多样性、变化与口腔内的温度、湿度、酸碱度、口腔黏膜的分布状况等关系密切。并且这些指标可用来反映一个菌群的整体特征或性质,以及相应微生态的特征。舌黏膜上皮更新速度很快,从基底层向角质层迁移分化的过程3~7天即可完成1次。黄腻苔患者的口腔菌群很可能因舌苔上皮细胞和菌群影响而存在失调情况。李新华等^[6]通过显微分光光度技术发现黄苔上的舌苔上皮细胞处于病理亢奋状态,舌苔上皮细胞脱落速度较快,表明黄苔舌苔上皮细胞更新速度更快。肖飞等^[7]采用变性梯度凝胶电泳技术进行分子生物学分析,发现相同舌苔类型的不同样本之间具有较高的相似性,提示舌苔类型与菌群结构相关。阙铁生等^[8]发现,脾胃湿热证黄腻苔同时存在着舌上皮细胞凋亡数的明显减少和细菌总数的增多。王长洪^[9]通过研究发现,黄苔的细菌数量较白苔增多,并且黄苔上的炎性细胞及上皮细胞比白苔多。张平等^[10]发现,黄腻苔脱落细胞的平均面积、周长、等效直径及最大直径均小于正常舌脱落细胞。刘玉静等^[11]采用刮舌法检测出晚期肺癌患者舌苔脱落细胞细菌总数远超健康人。吴凡等^[12]发现,黄腻苔的形成可能与舌苔上皮细胞减少和舌苔上细菌增生有关。当口腔微生态环境稳定时,正常人的舌苔呈现的是薄白苔,而当口腔内微生态失衡时,其菌群的密度及数量也会存在差异,这时呈现的舌苔也随之变化。上述文献表明,黄腻苔的形成多与舌上皮细胞脱落与舌苔上细菌增生有关,黄腻苔相比于薄白苔来说舌苔上的菌群更多,且结构更复杂。综上所述,黄腻苔与口腔菌群失调存在一定关系,可能与舌苔上皮细胞脱落和舌苔上的细菌增生相关。

2 黄腻苔与优势菌群

中医学认为舌乃脾之外候,舌苔由胃中生气所现,而胃与脾相表里,脾主运化水湿,胃蒸脾湿上潮就形成了舌苔。正常舌质淡红,舌体柔软、润泽,舌背表面覆盖薄白苔。当机体发生病变,特别是发生脾胃系病变时,舌象就会发生变化,这为我们提供了重要的临床参考价值。中医学认为,脾胃是仓廪之本,为水谷之海,主运化而为人出入升降之枢,水谷精微皆赖脾胃以敷布,若为饮食劳

倦所伤,脾胃之气受损,则运化失司,聚而为湿,蕴郁化热,上蒸于舌而现黄腻之苔。现代医学认为,黄腻苔的形成原因多为发热、感染致机体脱水,舌自洁能力减弱,丝状乳头延长,局部的炎症渗出及微生物的作用。关于黄腻苔的形成原理,现代研究已从舌苔的脱落细胞检测、舌荧光检查等深入到细胞、分子、基因水平。ZAURA等^[13]通过454焦磷酸测序来定义健康的口腔微生物组,发现在一个单独的口腔中,微生物组有超过3600种独特序列,超过500种不同的OTU。王冰等^[14]发现,食管癌黄厚腻苔组革兰阴性菌较健康对照组明显增多。孙育敏等^[15]对156例舌苔细菌培养定量分析结果显示,黄腻苔的优势菌群为咽球菌。齐城成等^[16]通过高通量测序发现病理黄腻苔组与健康薄白苔组主要在奈瑟氏菌、韦荣球菌、放线菌和嗜血杆菌上存在差异。而在当前研究的基因中,16sRNA基因是原核细胞生物所共有的核糖体序列,大小适中,既含保守序列又含可变序列,保守区能反应物种间的亲属关系,可变区可用于物种属及属以上分类单位的比较分析。所以16sRNA基因是微生物生态学研究中最常用的靶基因。马广强等^[17]通过16sRNA基因测序发现黄腻苔中含有过量放线菌。故黄腻苔在外表现为舌苔厚,色黄,有异味,而放线菌有一定的致病性,因此黄腻苔里的放线菌有可能成为健康人出现炎症疾病的预警标志物。肖金禾等^[18]通过研究哺乳期急性乳腺炎患者的黄腻苔,发现黄腻苔患者的舌苔菌群均匀性和多样性均高于正常薄白苔患者,其中黄腻苔含量较高的菌属为普雷沃氏菌属、韦荣球菌属和拟普雷沃氏菌属。大量实验证明,黄腻和薄白舌苔原核微生物群落组成存在明显差异。在现代各种实验中,从研究细胞分子到基因水平,目前比较可靠的实验手段为高通量基因测序。所以黄腻苔形成的优势菌群可能是普雷沃氏菌属、韦荣球菌属,但研究过少,仍需大量实验研究证明。

3 黄腻苔与临床疾病

口腔菌群主要以生物膜的形式存在,并与宿主保持生态平衡。然而,这种生态平衡的干扰不可避免地导致口腔传染病,例如龋齿、根尖周炎、牙周病、冠周炎和颌面骨髓炎。黄腻苔还与许多全身性疾病相关^[19]。卢林等^[20]研究发现,痰热壅肺型咳嗽患者舌苔厚薄与舌苔菌群间存在密切相关性,黄腻苔越厚舌苔菌群失调越严重。王菁^[21]通过16sRNA测试发现口臭患者的口腔菌群结构比对照组更多样更复杂。王琰等^[22]发现慢性

心力衰竭患者的舌苔可能与舌苔菌群中普氏菌属、韦荣球菌属含量减低,奈瑟氏菌属含量升高相关。廖生^[23]发现拟杆菌门、拟杆菌纲、拟杆菌目、帕拉普氏菌科、普雷沃氏菌科、普氏菌属在冠心病(痰浊证)患者舌苔中含量较高。HAN等^[24]发现,结直肠癌患者厚苔菌群丰富度和多样性均低于薄苔者。HU等^[25]发现,胃癌患者厚苔菌群丰富度低于薄苔者。肿瘤是细胞异常生长或分裂的组织,15%~20%人类肿瘤的发生与微生物引起的炎症反应有关。MIYABAYASHI等^[26]发现,幽门螺杆菌导致的感染性胃炎与口腔中幽门螺旋杆菌的定殖状况有关,提示口腔中的微生物状态与胃部的幽门螺杆菌感染有关系。李福凤等^[27]利用16SrRNA基因变性梯度凝胶电泳技术检测到慢性胃炎患者腻苔的形成可能与舌苔上皮细胞菌群失调有关。PUSHALKAR等^[28]研究发现,口腔炎症可能是由于微生物持续黏膜或上皮细胞繁殖而引起的。国外报道肝硬化患者肠道微生物组内含有口腔细菌的入侵,这些入侵的口腔微生物可能通过促进小肠内细菌的过度繁殖而参与肝硬化的发生^[29]。研究者通过对肝硬化患者及肝硬化并发肝性脑病患者粪便微生物群落16SrRNA序列进行分析,发现口腔中的唾液链球菌可以移位到肝硬化患者肠道并过度增殖,这种情况有可能会诱发肝硬化与肝性脑病。从各种现代研究可知黄腻苔与全身多种疾病相关^[30],包括糖尿病^[31]、类风湿性关节炎^[32]、胃肠道疾病、肝病和肿瘤等。其中口腔、食管、胃、关节等部位发生炎症时几乎均会出现程度不一的黄腻苔,因此黄腻苔可能与炎症细胞因子、机体免疫平衡、菌群失调具有相关性。

4 展望

口腔微生物菌群影响了口腔疾病和全身系统性疾病的发生和发展进程,但口腔与人体健康的关系仍需进一步研究。舌苔上的口腔微生物能反映疾病的进展。微生物结构简单,形体较小,肉眼观察不到,必须借助现代实验仪器进行观察,人体微生物形态学是一门新兴的生命学科分支,是研究正常菌群与人体宿主相互关系的学科。现代技术的发展对舌苔菌群与疾病之间的认识逐步客观化,也慢慢从数据上验证了中医舌诊的必要性。虽然对舌苔菌群的基因信息解释是一个庞大且长久的工程,但在舌苔菌群的基础上发展疾病的诊疗仍有巨大的潜力,对疾病的预防、新药的研发、个性化的诊疗技术有一定的促进作用。随着现代化技术对黄腻苔和口腔菌群的深入研究,我们给

各种疾病的治疗带来新的突破口。

今后,我们应在建立大数据库的基础上,借鉴现代科学的研究技术与手段,挖掘舌苔变化与口腔微生物的关系,从定量数据中找出其指标化的依据,提高中医舌诊在疾病诊断中的准确性与实用性,从而促进舌苔变化在临床诊断中的应用价值。近年来,对黄腻苔的研究已经深入到微观领域,黄腻苔与口腔菌群失调存在相关性,而形成黄腻苔的优势菌群已锁定在一定细菌范围内,随着基因测序技术的提高和测序成本的降低^[33],未来研究黄腻苔的优势菌群可以从细胞和亚细胞代谢水平向分子基因水平递进。现代研究发现,黄腻苔与全身多种疾病相关,找出黄腻苔的优势菌群可作为全身各种相关疾病预警作用的重要标记物。因此未来需要以黄腻苔的优势菌群为切入点进行客观化和微观化的研究。

参考文献

- [1] 程志源. 敖氏伤寒金镜录[M]. 北京:中国医药科技出版社,2018:51.
- [2] 吴贞. 伤寒指掌[M]. 北京:中国中医药出版社,2016:74.
- [3] 汪宏. 望诊遵经[M]. 北京:中国医药科技出版社,2018:15.
- [4] DEWHIRST, PASTER, LAKSHMANAN, et al. The human oral microbiome[J]. J bacteriology, 2010, 192(19): 5002-5017.
- [5] 周学海. 形色外诊简摩[M]. 北京:人民卫生出版社,1987:26.
- [6] 李新华,吴正治,周小青. 白苔和黄苔细胞化学指标的观测[J]. 中国中医基础医学杂志,2001,7(6):56-57.
- [7] 肖飞,周东蕊,徐征,等. 肺癌患者不同舌苔类型菌群结构分析[J]. 南京晓庄学院学报,2010,26(6):4-7.
- [8] 阙铁生,卓冬婷,吕军影,等. 脾胃湿热证黄腻苔与舌上皮细胞凋亡和细菌总数的关系探讨[J]. 时珍国医国药, 2011,22(3):692-693.
- [9] 王长洪. 胃病患者不同舌苔的细菌学及炎性细胞观察[J]. 中国中西医结合消化杂志,2004,12(3):2-4.
- [10] 张平,水文霞,杜月光. 黄腻苔舌脱落上皮细胞的形态计量分析[J]. 中国体视学与图像分析,2001,6(1):13-15.
- [11] 刘玉静,肖婷婷,周俊琴,等. 肺病患者厚腻苔与微生态的相关性研究[J]. 河北中医,2015,37(4):510-512.
- [12] 吴凡,董昌武,周雪梅. 呼吸及消化系统疾病黄腻苔微生态与舌苔脱落细胞凋亡指数的比较[J]. 长春中医药大学学报,2014,30(5):874-875.
- [13] ZAURA E, KEZJSER B J F, HUSE S M, et al. Defining the healthy "core microbiome" of oral microbial communities[J]. BMC Microbiol, 2009, 80(9):259.
- [14] 王冰,丁璐,关徐涛,等. 食管癌黄厚腻苔与舌苔微生态相关性研究[J]. 中医学报,2016,31(2):167-170.
- [15] 孙育敏. 常见舌苔中的苔面细菌分布情况[J]. 天津中医, 1995,11(3):28-29.
- [16] 齐城成,李伟,丁成华,等. 黄腻苔舌面菌群分析[J]. 中华中医药学刊,2019,37(2):305-307.
- [17] 马广强,李伟,韩飞,等. 黄腻舌苔和薄白舌苔微生物种群



围绝经期综合征中医治疗现状

姚力, 张雪莲

甘肃省第三人民医院, 甘肃 兰州 730020

[摘要] 回顾围绝经期综合征病因病机及中医治疗现状,探讨其发展特点及存在问题并提出个人思考,以期临床治疗该病提供参考。

[关键词] 围绝经期综合征;中医中药;治疗进展;文献综述

[中图分类号] R271.11+6 [文献标识码] A [文章编号] 2096-9600(2022)10-0154-04

Current Situation of TCM Therapies for Perimenopausal Syndrome

YAO Li, ZHANG Xuelian

Gansu Provincial Third People's Hospital, Lanzhou 730020, China

Abstract The author discusses the development of TCM therapies, the existing problems, and raise his personal suggestions by reviewing the cause, the pathogenesis of perimenopausal syndrome and the current situation of TCM therapies, so as to provide the reference for clinical therapy of the disease.

Keywords perimenopausal syndrome; TCM and Chinese medicine; therapeutic progress; literature review

围绝经期综合征是指妇女在绝经期前后由于激素分泌波动或逐渐下降导致的一系列躯体及精

神心理症状^[1-2]。主要表现为反复出现的短暂的面部、颈部及胸部皮肤发红,伴有烘热,继而出汗。

- 差异[J]. 微生物学通报, 2020, 47(12): 4229-4239.
- [18] 肖金禾, 金信妍, 樊英怡, 等. 哺乳期急性乳腺炎黄腻苔患者舌苔特异性菌群特征研究[J]. 中医杂志, 2021, 62(13): 1150-1155.
- [19] 徐欣, 何金枝, 周学东. 口腔微生物群落在口腔与全身疾病预警中的作用[J]. 华西口腔医学杂志, 2015, 33(6): 555-560.
- [20] 卢林, 刘伦翠, 牛莹莹, 等. 痰热壅肺型咳嗽患者舌象与微生态相关性初步研究[J]. 中国全科医学, 2008(16): 1506-1507.
- [21] 王菁, 王明荣, 王者玲. 口臭患者舌背菌群分析[J]. 北京口腔医学, 2010, 18(1): 25-29, 41.
- [22] 王琰. 慢性心力衰竭中医证型与舌苔菌群构成的相关性研究[D]. 广州: 广州中医药大学, 2015.
- [23] 廖生. 基于“心开窍于舌”探讨冠心病(痰浊证)与舌苔菌群的相关性[D]. 广州: 广州中医药大学, 2016.
- [24] HAN S, CHEN Y, HU J, et al. Tongue images and tongue coating microbiome in patients with colorectal cancer[J]. Microb Pathog, 2014(77): 1-6.
- [25] HU J, HAN S, CHEN Y, et al. Variations of tongue coating microbiota in patients with gastric cancer[J]. Bio med Res Int, 2015, 23(4): 173-729.
- [26] MIYABAYASHI H, FURIHATA K, SHIMIZU T, et al. Influence of oral Helicobacter pylori on the success of eradication therapy against gastric Helicobacter pylori[J]. Helicobacter, 2000, 5(1): 30-37.
- [27] 李福凤, 赵洁, 庞小燕, 等. 慢性胃炎患者腻苔的口腔微生物指纹图谱分析[J]. 中国中西医结合杂志, 2012, 32(10): 1331-1335.
- [28] PUSHALKAR S, MANE S P, JI X, et al. Microbial diversity in saliva of oral squamous cell carcinoma[J]. FEMS Immunol Med Microbiol, 2011, 61(3): 269-277.
- [29] DEMMER R T, JACOBS D J, SINGH R, et al. Periodontal bacteria and prediabetes prevalence in ORIGINS: the oral infections, glucose intolerance, and insulin resistance study[J]. J Dent Res, 2015, 94(9 suppl): 201S-211S.
- [30] 徐欣, 何金枝, 周学东. 口腔微生物群落在口腔与全身疾病预警中的作用[J]. 华西口腔医学杂志, 2015, 33(6): 555-560.
- [31] 陈晓, 李雪倩, 冯志海, 等. 湿热证黄腻苔与糖尿病相关性分析[J]. 天津中医药, 2019, 36(3): 250-252.
- [32] 崔家康, 陈晓, 姜泉, 等. 湿热证黄腻苔与类风湿关节炎的相关性探析[J]. 辽宁中医杂志, 2019, 49(7): 1419-1421.
- [33] 盛华芳, 周宏伟. 微生物组学大数据分析、挑战与机遇[J]. 南方医科大学学报, 2015, 35(7): 931-934.

收稿日期: 2021-11-28

作者简介: 谭惠璇(1994—), 女, 硕士学位, 医师。研究方向: 肿瘤的中医疗治。

△通讯作者: 赵昌林(1972—), 男, 博士学位, 主任医师。研究方向: 肿瘤的中医疗治。