DOI: 10.16781/j.CN31-2187/R.20230752

·综　述·

肠道菌群与哮喘研究进展

徐子骞[1,2]，朱星星[3]，孟野松[2]，李　利[2]，商　艳[1,2,4*]
1. 上海大学附属四一一医院全科医学科，上海 200081
2. 海军军医大学（第二军医大学）第一附属医院呼吸与危重症医学科，上海 200433
3. 海宁市人民医院呼吸与危重症医学科，海宁 314400
4. 海军军医大学（第二军医大学）第一附属医院全科医学科，上海 200433

［**摘要**］ 哮喘的本质是慢性气道炎症，“肠-肺轴”概念的提出为探究哮喘新的发病机制和治疗靶点提供了思路。多项研究证实，肠道菌群失调可能通过代谢物影响机体免疫-炎症反应，参与哮喘疾病进程。粪菌移植是一种能够高效重构患者肠道微生物群落的方法，可用于治疗胃肠道疾病、中枢神经系统疾病和炎症性疾病等，已形成一套较为完善的操作流程。使用益生菌或益生元防治哮喘以及在哮喘模型小鼠上进行粪菌移植的研究为探索新的哮喘防治策略指明了方向。本文就肠道菌群与哮喘的关系、粪菌移植防治哮喘的可行性进行综述。

［**关键词**］ 肠道菌群；哮喘；粪菌移植；免疫反应；炎症反应
［**引用本文**］ 徐子骞，朱星星，孟野松，等. 肠道菌群与哮喘研究进展[J]. 海军军医大学学报，2025，46(11)：1467-1475. DOI: 10.16781/j.CN31-2187/R.20230752.

Advances in gut microbiota and asthma

XU Ziqian[1,2], ZHU Xingxing[3], MENG Yesong[2], LI Li[2], SHANG Yan[1,2,4*]
1. Department of General Practice, No. 411 Hospital of Shanghai University, Shanghai 200081, China
2. Department of Respiratory and Critical Care Medicine, The First Affiliated Hospital of Naval Medical University (Second Military Medical University), Shanghai 200433, China
3. Department of Respiratory and Critical Care Medicine, Haining People's Hospital, Haining 314400, Zhejiang, China
4. Department of General Practice, The First Affiliated Hospital of Naval Medical University (Second Military Medical University), Shanghai 200433, China

［**Abstract**］ Asthma is essentially a chronic inflammatory disease of the airways, and the proposed "gut-lung axis" provides a new idea for exploring its pathogenesis and therapeutic targets. A number of studies have confirmed that gut microbiota dysbiosis may affect the immune-inflammatory response through metabolites, which were involved in the disease process of asthma. Fecal microbiota transplantation (FMT) is a method that can efficiently reconstruct the gut microbiota of patients. It has been used to treat gastrointestinal diseases, central nervous system diseases, inflammatory diseases, and so on. Standardized operational protocols have been established. The use of probiotics or prebiotics in treating and preventing asthma and applying FMT in mice models of asthma have pointed the way for new prevention and treatment strategies. This article reviews the relationship between gut microbiota and asthma, and the feasibility of FMT in treating and preventing asthma.

［**Key words**］ gut microbiota; asthma; fecal microbiota transplantation; immunological reaction; inflammatory reaction
［**Citation**］ XU Z, ZHU X, MENG Y, et al. Advances in gut microbiota and asthma[J]. Acad J Naval Med Univ, 2025, 46(11): 1467-1475. DOI: 10.16781/j.CN31-2187/R.20230752.

［**收稿日期**］ 2023-12-20　［**接受日期**］ 2024-07-08
［**基金项目**］ 国家重点研发计划（2024YFC3607500），国家自然科学基金（82170033），上海市虹口区卫生健康委员会医学科研课题（虹卫2302-43），浙江省自然科学基金（LQ22H010001），海军军医大学第一附属医院破浪创新人才计划，上海市东方英才计划拔尖项目（BJWS202428）. Supported by National Key Research and Development Program of China (2024YFC3607500), National Natural Science Foundation of China (82170033), Medical Scientific Research Project of Health Commission of Shanghai Hongkou District (HW2302-43), Natural Science Foundation of Zhejiang Province (LQ22H010001), Chang-Feng Talent Fund of The First Affiliated Hospital of Naval Medical University, and Shanghai Oriental Talent Program Outstanding Project (BJWS202428).
［**作者简介**］ 徐子骞，硕士生. E-mail: dr_xuu@163.com
* 通信作者（Corresponding author）. E-mail: shang7512000@163.com

王辰院士团队开展的中国成人肺部健康研究显示，我国20岁及以上人群的哮喘患病率为4.2%，患者总数达4 570万[1]。然而，超过半数患者的病情未得到有效控制[2]，极易急性发作，甚至在数分钟内危及生命，需引起高度重视。气道免疫－炎症反应失衡是哮喘的重要发病机制，现有的防治策略以减轻气道炎症、缓解气道痉挛为主[3]，但部分哮喘患者控制不佳，尤其是难治性哮喘患者。因此，需要进一步探索相关机制，寻找新的治疗靶点。研究发现，肠道菌群失调和菌群相关免疫失衡参与了哮喘的疾病发展、临床表现及患者对治疗的反应[4]，提示肠道菌群失调是哮喘潜在的治疗靶点。粪菌移植是一种将健康供体肠道菌群移植给患者，重构其肠道微生物群落的方法，已用于多种肠内、肠外疾病的治疗[5]。本文围绕肠道菌群与哮喘关系的最新研究进展进行综述，并探讨粪菌移植防治哮喘的可行性。

1　肠道菌群与哮喘

1.1　*肠－肺轴*　近年来，研究人员发现尽管呼吸道和胃肠道在解剖位置和生理功能上各不相同，但因胚胎起源相同、黏膜结构相似，两者疾病常相伴发生。肠道菌群能够通过调节宿主的免疫－炎症反应影响肺部状态，由此产生了“肠－肺轴”这一概念[6]。在肠肺之间，细菌、真菌组成的重叠率较低，因此肠－肺轴可能主要通过微生物代谢产物（如短链脂肪酸）间接发挥作用[7]。事实上，早在《黄帝内经》中就记载有“肺合大肠”，并逐步形成“肺与大肠相表里”“肺肠相关”等理论，并衍生出“肺病肠治”“肺肠合治”等治疗方法[8]。

肠－肺轴在呼吸系统疾病的发生、发展和治疗中扮演重要角色，疾病的进展与肠道菌群失调相互影响，形成恶性循环。例如，慢性阻塞性肺疾病患者肺部产生的炎症介质可经由循环系统进入肠道，导致肠道菌群失调并激活肠道免疫反应，产生促炎因子；这些因子又通过肠－肺轴进一步加剧慢性阻塞性肺疾病的病情[9]；支气管扩张症患者预后不良也与肺部假单胞菌属和肠道拟杆菌属、酵母菌属之间相互作用引起的肠－肺轴失衡有关[7]。正因如此，调节紊乱的肠道菌群逐渐成为呼吸系统疾病的重要辅助治疗手段。例如，服用乳酸杆菌、双歧杆菌等益生菌可通过肠－肺轴调节免疫应答，促进甲型流感病毒的清除并减轻炎症反应[10]；补充抗菌肽溶菌酶可减少高氧诱导的肠道菌群改变，减轻肺损伤[11]；天然膳食中的部分物质可经肠道微生物代谢成为芳香烃受体配体，通过循环系统进入肺部，激活芳香烃受体信号通路，增强宿主对呼吸道病原体的防御能力[12]。

1.2　*肠道菌群失调参与哮喘疾病进程*　在哮喘的发生、发展中，肠－肺轴同样发挥了重要作用。对2011－2024年肠道菌群和哮喘的相关临床研究进行总结[13-46]（表1）发现，哮喘患者的肠道菌群多样性降低，菌群组成和体内代谢物水平发生变化，特别是某些菌属和代谢物水平的升高与哮喘症状严重程度具有相关性，为哮喘诊治提供了新的思路。这些研究较为一致的结论是肠道双歧杆菌属、韦荣氏球菌属及毛螺菌属丰度下降，梭菌属、红酵母属丰度升高，乙酸盐水平降低，与哮喘的发生有关。由于环境、种群及检测技术的差异，部分研究结论与之相反，肠道菌群及其代谢物在哮喘发生、发展中的具体作用有待进一步探索。

1.3　*肠道菌群失调导致哮喘的机制*　多项研究表明，膳食纤维经肠道菌群代谢后会产生短链脂肪酸，如乙酸盐、丙酸盐、丁酸盐等。这些短链脂肪酸可结合G蛋白偶联受体（G protein-coupled receptor，GPR）41、GPR43，进而发挥抗炎作用[47]；还能抑制组蛋白去乙酰化酶，调控基因转录[48]；同时可影响免疫细胞内的代谢途径[49]；在不同水平上调节黏膜稳态、调节性T细胞（regulatory T cell，Treg细胞）数量与功能以及炎症因子的产生[50]。哮喘高危人群常出现肠道菌群失调，导致体内短链脂肪酸水平下降，从而促进哮喘的发生。

多组学联合分析显示，肠道菌群失调与多个血浆代谢物改变及免疫失衡相关，提示肠道菌群通过释放代谢物，参与哮喘气道免疫－炎症反应。Zhou等[51]发现肠道瘤胃梭菌属6与苹果酸、L-二氢乳清酸水平相关，并影响Th1/Th2细胞和Treg/Th17细胞平衡。Wypych等[52]构建了B细胞抗原受体转基因小鼠哮喘模型，分析肠道菌群与代谢物变化的相关性，结果显示差异代谢物L-酪氨酸、硫酸对甲酚通过干扰Toll样受体4和表皮细胞生长因子信号转导，减少气道上皮细胞源性树突状细胞趋化因子配体20的产生，影响肺树突状细胞的活化与迁移；Levan等[53]发现肠道菌群代谢物12,13-二羟基-9Z-十八碳烯酸（12,13-diHOME）通过影响树突状细胞过氧化物酶体增殖物激活受体γ调控基因的表达，减少抗炎因子的分泌和Treg细胞数量，促进肺部炎症。

表1　2011－2024年肠道菌群和哮喘的相关临床研究

类型	研究对象	检测技术	研究结论
PCS[13]	比利时，110例婴儿，随访3年	16S rRNA＋变性梯度凝胶电泳	脆弱拟杆菌亚群、球形梭菌亚群ⅩⅣa种丰度升高与哮喘发生有关
PCS[14]	丹麦，411例高危儿童（母亲有哮喘病史），随访6年	16S rRNA＋变性梯度凝胶电泳	肠道菌群多样性降低与过敏性鼻炎和外周血嗜酸性粒细胞增多相关，但与哮喘发生无关
PCS[15]	瑞典，47例高危婴儿（过敏性疾病家族史），随访7年	16S rDNA	肠道菌群多样性降低与哮喘发生有关（文献[16-18]结论与之相似）
NCCS[19]	北欧，6 690例病例-对照组（儿童）		产前（孕妇）和子代产后使用抗生素与儿童哮喘发生有关（文献[20-23]结论与之相似）
PCS[24]	奥地利、芬兰、法国、德国和瑞士，758例婴儿，随访6年	ELISA＋16S rRNA	大肠埃希氏菌丰度降低，粪便钙卫蛋白升高与哮喘发生有关
NCCS[25]	加拿大，319例婴儿分为API阳性组和对照组	16S rDNA＋代谢组学	毛螺菌属、韦荣氏球菌属、粪杆菌属和罗斯氏菌属丰度降低，粪便乙酸盐水平降低与哮喘发生有关
RCS[26]	西班牙，21例成人哮喘患者和22例健康对照	16S rRNA	双歧杆菌属丰度降低与哮喘发生有关（文献[27-29]结论与之相似）
PCS[30]	美国，298例婴儿，随访4年	16S rRNA＋代谢组学	双歧杆菌属、阿克曼氏菌属、粪杆菌属丰度降低，念珠菌属、红酵母属丰度升高，促炎代谢物升高与哮喘发生有关
PCS[31]	中国台湾，44例婴儿，随访3年	16S rRNA＋梯度凝胶电泳	毛螺菌科、活泼瘤胃球菌丰度升高与哮喘发生有关
CSS[32]	埃及，80例成人哮喘患者和40例健康对照	半定量粪便培养	乳酸杆菌属、大肠埃希氏菌丰度升高与哮喘发生有关
PCS[33]	美国，24例成人哮喘患者和8例健康对照	16S rRNA	拟杆菌门/厚壁菌门丰度降低与哮喘发生有关
CCS[34]	厄瓜多尔，27例哮喘儿童和70例健康对照	16S rRNA＋18S rRNA＋气相色谱分析	韦荣氏球菌属、库德里阿兹威氏毕赤酵母、酵母目丰度降低，双歧杆菌属丰度升高，粪便乙酸盐水平降低、己酸盐水平升高与哮喘发生有关
CCS[17]	英国，36例成人哮喘患者和185例健康对照	宏基因组	普拉梭菌、华德萨特菌、粪便拟杆菌丰度降低，梭菌属、迟缓埃格特菌丰度升高，短链脂肪酸改变与哮喘发生有关
CSS[35]	中国台湾，35例哮喘、28例过敏性鼻炎儿童和26例健康对照	16S rRNA	厚壁菌门丰度降低，梭菌属丰度升高与哮喘发生有关
CSS[36]	土耳其，92例哮喘儿童和88例健康对照	DNA qPCR	嗜黏蛋白阿克曼氏菌、普拉梭菌丰度降低与哮喘发生有关
NCCS[37]	奥地利、芬兰、法国、德国和瑞士，930例婴儿，随访6年	16S rRNA＋液相色谱分析	罗氏菌属和粪球菌属丰度降低，粪便丁酸盐水平降低与哮喘发生有关
RCS[38]	荷兰，172例成人哮喘患者和1 460例健康对照	16S rRNA	在城市、大规模和种族多样性队列中，肠道菌群组成与哮喘发生无关
PCS[39]	加拿大，343例婴儿，随访5年	16S rRNA＋ITS-2 rRNA	马拉色菌属、德巴利酵母属、假丝酵母属丰度降低，红酵母属、非白念珠菌属、枝孢菌属、链格孢属丰度升高与哮喘发生有关
CCS[40]	中国广东，29例哮喘患者和15例健康对照	16S rRNA	氨基酸球菌科丰度降低，韦荣氏菌科、普雷沃氏菌科丰度升高与哮喘发生有关
CSS[41]	荷兰，1 440例儿童	16S rRNA	毛螺菌科、瘤胃球菌科、克里斯滕森菌科丰度降低，不动杆菌属丰度升高与哮喘发生有关
CCS[42]	中国北京，37例哮喘儿童和20例健康对照	16S rRNA＋非靶向代谢组学	梭菌纲丰度降低，变形菌门丰度升高，脂质、色氨酸代谢物水平降低与哮喘发生有关
RCT[43]	美国，138例婴儿（母亲孕期补充维生素D或安慰剂）	16S rRNA＋非靶向代谢组学	韦荣氏球菌属丰度升高，组氨酸途径代谢物水平升高与哮喘发生和喘息频率有关
CSS[44]	中国浙江，23例哮喘、18例过敏性鼻炎儿童和19例健康对照	宏基因组	肠道菌群多样性升高，拟杆菌门丰度降低，厚壁菌门丰度升高与哮喘发生有关
CSS[45]	韩国，28例嗜酸性粒细胞性哮喘患者和18例健康对照	16S rRNA	毛螺菌科、颤螺旋菌科丰度降低，拟杆菌门丰度升高与嗜酸性粒细胞性哮喘发生有关
PCS[46]	美国，152例食物过敏儿童，分为哮喘组和对照组	宏基因组	短双歧杆菌、链状双歧杆菌、普雷沃氏菌、Veilloella sp. CAG:933和普通拟杆菌丰度降低，3种拟杆菌丰度升高与哮喘发生有关

PCS：前瞻性队列研究；NCCS：巢式病例对照研究；RCS：回顾性队列研究；CSS：横断面研究；CCS：病例对照研究；RCT：随机对照试验；rRNA：核糖体RNA；ELISA：酶联免疫吸附试验；API：哮喘预测指数；qPCR：定量聚合酶链反应；ITS-2：内转录间隔区2.

2　靶向肠道菌群治疗与哮喘

2.1　*粪菌移植研究进展*　早在东汉年间，张仲景著《金匮要略》就提出“食诸菌中毒，闷乱欲死，治之方：人粪汁饮一升，土浆饮一二升，大豆浓煎汁饮之。服诸吐利药，并解。”即服用人粪汁混合泥浆水、大豆浓汁可以治疗食物中毒[54]。西医使用粪便治疗的记载最早出现于20世纪50年代末，Eiseman等[55]使用健康人的粪便灌肠成功治愈了4例伪膜性肠炎患者，其中3例为暴发性伪膜性肠炎（当时的病死率高达75%）。近年来，随着肠道菌群失调与各类疾病潜在联系的逐步揭示，粪菌移植还被应用于治疗其他胃肠道疾病（如炎症性肠病、肠易激综合征等）、中枢神经系统疾病（如多发性硬化症、帕金森病等）及其他炎症性疾病、代谢综合征等，并在动物模型上验证了粪菌移植治疗恶性肿瘤、移植物抗宿主病的有效性[56]。粪菌移植作为一种极具前景的治疗手段，成分移植（即移植某些特定的细菌或噬菌体）将是未来的发展趋势[57]。

粪菌移植主要通过取代原有的微生物群落恢复患者肠道菌群多样性和组成结构，促进形成新的微生态平衡，延缓疾病进程[58]。噬菌体是一个容易被忽视的群体，但却是粪便中最大的基因组物质来源，并在宿主细菌基因表达中发挥重要作用[59]，粪菌移植可能借助供体噬菌体重塑受体菌群，从而发挥疗效[58]。代谢物是肠道菌群与人体其他器官联系的“桥梁”，因此部分供体粪便中的代谢物、移植后新定植菌群产生的代谢物也是粪菌移植发挥治疗作用的重要方式。此外，粪菌移植还可通过改变免疫系统对自身抗原的免疫反应[58]，参与肿瘤免疫微环境重编程[60]，治疗自身免疫病和恶性肿瘤。

随着研究的深入和技术的进步，粪菌移植在治疗复发性艰难梭菌感染中逐步形成一套标准化操作流程，包括供体筛选、受试者筛选、供体样本处理、给药途径、疗效评价等[5]。2019年粪菌移植国际共识进一步规范了操作流程和监督管理机制[61]，对应用粪菌移植治疗其他疾病具有重要参考意义。尽管粪菌移植是一种较为安全的治疗手段，但也可能产生一些副作用，如全身感染、基因突变、代谢性疾病和过度免疫反应等[62]，在开展临床研究时应严格按照FDA标准进行，减少不良事件发生。大多数慢性非传染性疾病需要持续治疗才能维持缓解状态，一次或数次粪菌移植无法达到根治，因此粪菌移植可发展为持续性治疗手段，如制备成胶囊、口服液，并与传统治疗手段相结合[63]，从而提高患者依从性，提升临床应用价值。

2.2　*使用益生菌或益生元防治哮喘*　自2001年起，研究人员开始探索使用益生菌预防哮喘，并取得积极结果。总结2001－2024年使用益生菌或益生元预防或治疗哮喘的临床研究[64-85]（表2）发现，常用的益生菌或益生元如双歧杆菌、乳杆菌、低聚半乳糖等对哮喘有一定疗效。但也有文献报道，使用益生菌能够改善其他过敏性疾病，但对哮喘没有明显效果[72]。这可能因益生菌治疗的局限性和哮喘的异质性所致。但可预见的是，通过逆转患者紊乱的肠道微生物群落，调节血清代谢物水平和免疫反应，有望成为治疗哮喘的新方法。

2.3　*应用粪菌移植治疗哮喘的探索*　益生菌制剂与粪菌移植一样，通过纠正肠道菌群失调治疗疾病，但其应用存在以下问题。首先，人体肠道微生物的数量约为100万亿，而口服益生菌的数量要少3～4个数量级，且经过胃和小肠后会进一步减少；其次，源自肠道的益生菌经过体外培养，会丧失对体内环境的适应性。相比之下，粪菌移植通过灌肠、经鼻十二指肠管或结肠镜等途径直接导入稳定的微生物群落，修复或替代被破坏的原有微生物群落，从而在一定程度上弥补了益生菌治疗的缺陷[5]。

鉴于粪菌移植在多种炎症疾病中展现的出色疗效，以及肠道菌群失调在哮喘发生、发展中的重要作用，研究人员开始探索在动物模型上应用粪菌移植治疗哮喘，2021－2024年的相关研究见表3。粪菌供体目前主要有健康小鼠和经过药物治疗的小鼠，研究发现哮喘小鼠接受粪菌移植后气道炎症浸润减轻、症状得到缓解，疗效显著。

3　结　语

本文回顾了近年来有关肠道菌群与哮喘关系的临床试验及致病机制的基础研究，从宏观和微观层面证实肠道菌群失调在哮喘发生、发展中的重要作用。同时，综述了粪菌移植技术的起源与进展，以及现行技术规范和发展趋势，并重点关注了益生菌或益生元治疗哮喘的临床研究及粪菌移植治疗哮喘的实验探索。粪菌移植通过重构患者紊乱的肠道微生物群落，可减轻全身免疫－炎症反应，有望成

为预防哮喘急性发作加重及治疗哮喘的有效手段。尽管目前粪菌移植尚未应用于哮喘的临床治疗，但益生菌或益生元在哮喘的预防和治疗方面已取得令人满意的结果，动物实验也表明，将健康小鼠或经治疗的小鼠粪便移植给哮喘模型小鼠，能够减轻哮喘模型小鼠的气道炎症，展现出良好的治疗效果。

表2　2001－2024年使用益生菌或益生元防治哮喘的临床研究

类型	研究方案	研究结论
预防性研究		
RCT	孕妇随机接受安慰剂或鼠李糖乳杆菌2～4周，分娩后新生儿继续服用6个月，随访2年[64]	鼠李糖乳杆菌能够预防哮喘发生（文献[65]结论与之相似）
	过敏高危孕妇接受安慰剂或益生菌混合物（2种乳酸杆菌、双歧杆菌和丙酸杆菌）1个月，分娩后新生儿继续服用安慰剂或益生菌，并接受低聚半乳糖6个月，随访5年[66-67]	益生菌混合物能够预防剖宫产儿童哮喘发生，但无法预防儿童出现气道炎症
	过敏高危孕妇接受安慰剂或益生菌混合物（鼠李糖乳杆菌、短双歧杆菌、费氏丙酸杆菌）1个月，分娩后新生儿继续服用安慰剂或益生菌，并接受低聚半乳糖6个月，随访2年[68]	益生菌混合物能够预防哮喘发生（文献[69]结论与之相似）
	孕妇随机接受安慰剂或罗伊氏乳杆菌1个月，分娩后新生儿继续服用1年，随访7年[70]	长期来看，益生菌无法预防哮喘发生（文献[71-73]结论与之相似）
治疗性研究		
RCT	哮喘患者接受安慰剂或鼠李糖乳杆菌5.5个月[74]	鼠李糖乳杆菌无法减轻哮喘患者症状
	哮喘患者接受安慰剂或合生元（低聚半乳糖、低聚果糖、短双歧杆菌M-16V）1个月[75]	合生元能够减轻哮喘患者症状，但不会减轻气道炎症（文献[76]报道使用相同合生元能够预防哮喘发生）
	哮喘儿童接受安慰剂或益生菌（长双歧杆菌、婴儿双歧杆菌、短双歧杆菌）1个月[77]	益生菌能够减轻哮喘患儿症状（文献[78-80]结论与之相似）
	哮喘患者接受安慰剂或乳双歧杆菌3个月[81]	益生菌能够减轻哮喘患者症状（文献[82-83]结论与之相似）
	哮喘患儿接受安慰剂或益生菌混合物（唾液联合乳杆菌、短双歧杆菌）2个月[84]	唾液联合乳杆菌和短双歧杆菌能够减少哮喘急性发作频率
CCT	哮喘患者或健康对照接受安慰剂或低聚半乳糖3周，洗脱2周后，交叉接受安慰剂或益生元3周[85]	低聚半乳糖能够减轻气道高反应性和气道炎症

RCT：随机对照试验；CCT：交叉对照试验.

表3　2021－2024年应用粪菌移植治疗哮喘的基础研究

粪菌供体	动物模型	研究结论
健康新生BALB/c小鼠	使用卵清蛋白腹腔注射致敏、雾化吸入激发构建哮喘小鼠模型	哮喘小鼠气道高反应性降低，肺组织炎症细胞浸润减轻，支气管肺泡灌洗液中嗜酸性粒细胞和中性粒细胞减少，IL-4、IL-5和IL-13水平降低[86]
健康6周龄BALB/c小鼠		哮喘小鼠呼吸急促、抓挠面部等哮喘急性发作症状减少，肺组织嗜酸性粒细胞浸润减轻[87]
服用四氢姜黄素的4周龄BALB/c小鼠		哮喘小鼠气道黏液分泌减少，肺组织嗜酸性粒细胞浸润减轻，辅助性T细胞2细胞亚群及相关细胞因子水平下降[88]
服用六堡茶的3周龄BALB/c小鼠		哮喘小鼠气道高反应性降低，气道黏液分泌减少，肺组织炎症细胞浸润减轻，支气管肺泡灌洗液中炎症细胞减少，血清IgE、Eotaxin、IL-4和IL-5水平降低，IFN-γ水平升高[89]

IL：白细胞介素；IgE：免疫球蛋白E；IFN-γ：干扰素γ.

未来可在现行的粪菌移植技术规范基础上，结合哮喘慢性气道炎症的疾病特征，开展粪菌移植治疗哮喘的临床试验。同时，需持续优化粪菌移植的技术流程，包括改进菌液采集方法、包装形式及给药途径等，以提升其安全性、简便性和患者耐受性。在基础研究方面，应系统比较不同来源供体（如健康小鼠、哮喘模型小鼠、经不同药物治疗的小鼠等）的粪菌移植疗效，拓展供体筛选范围。深入探究粪菌移植发挥治疗作用的具体机制，利用多组学联合分析，深挖肠道菌群、血清代谢物和炎症因子之间的潜在联系，为粪菌移植应用于哮喘的防治提供重要的理论指导和技术支撑。

［参 考 文 献］

［1］ HUANG K, YANG T, XU J, et al. Prevalence, risk factors, and management of asthma in China: a national

cross-sectional study[J]. Lancet, 2019, 394(10196): 407-418. DOI: 10.1016/S0140-6736(19)31147-X.

[2] 林苏杰，王芳，郝月琴，等.《支气管哮喘防治指南（2020年版）》解读[J]. 中国临床医生杂志，2022，50(12)：1406-1408. DOI: 10.3969/j.issn.2095-8552.2022.12.006.

[3] PORSBJERG C, MELÉN E, LEHTIMÄKI L, et al. Asthma[J]. Lancet, 2023, 401(10379): 858-873. DOI: 10.1016/s0140-6736(22)02125-0.

[4] BARCIK W, BOUTIN R C T, SOKOLOWSKA M, et al. The role of lung and gut microbiota in the pathology of asthma[J]. Immunity, 2020, 52(2): 241-255. DOI: 10.1016/j.immuni.2020.01.007.

[5] BORODY T J, KHORUTS A. Fecal microbiota transplantation and emerging applications[J]. Nat Rev Gastroenterol Hepatol, 2011, 9(2): 88-96. DOI: 10.1038/nrgastro.2011.244.

[6] BUDDEN K F, GELLATLY S L, WOOD D L A, et al. Emerging pathogenic links between microbiota and the gut-lung axis[J]. Nat Rev Microbiol, 2017, 15(1): 55-63. DOI: 10.1038/nrmicro.2016.142.

[7] NARAYANA J K, ALIBERTI S, MAC AOGÁIN M, et al. Microbial dysregulation of the gut-lung axis in bronchiectasis[J]. Am J Respir Crit Care Med, 2023, 207(7): 908-920. DOI: 10.1164/rccm.202205-0893OC.

[8] 司秀影，李勇军，史梦迪，等. 基于“肺-肠”轴探讨肠道微生态与支气管哮喘的关系[J]. 中华中医药学刊，2022，40(9)：163-166. DOI: 10.13193/j.issn.1673-7717.2022.09.036.

[9] LI N, WANG N, RAN P. Gut microbiota dysbiosis and chronic obstructive pulmonary disease: a question of chicken and egg[J]. Am J Respir Crit Care Med, 2023, 208(11): 1238-1240. DOI: 10.1164/rccm.202307-1285LE.

[10] OU G, XU H, WU J, et al. The gut-lung axis in influenza A: the role of gut microbiota in immune balance[J]. Front Immunol, 2023, 14: 1147724. DOI: 10.3389/fimmu.2023.1147724.

[11] ABDELGAWAD A, NICOLA T, MARTIN I, et al. Antimicrobial peptides modulate lung injury by altering the intestinal microbiota[J]. Microbiome, 2023, 11(1): 226. DOI: 10.1186/s40168-023-01673-0.

[12] MAJOR J, CROTTA S, FINSTERBUSCH K, et al. Endothelial AHR activity prevents lung barrier disruption in viral infection[J]. Nature, 2023, 621(7980): 813-820. DOI: 10.1038/s41586-023-06287-y.

[13] VAEL C, VANHEIRSTRAETEN L, DESAGER K N, et al. Denaturing gradient gel electrophoresis of neonatal intestinal microbiota in relation to the development of asthma[J]. BMC Microbiol, 2011, 11: 68. DOI: 10.1186/1471-2180-11-68.

[14] BISGAARD H, LI N, BONNELYKKE K, et al. Reduced diversity of the intestinal microbiota during infancy is associated with increased risk of allergic disease at school age[J]. J Allergy Clin Immunol, 2011, 128(3): 646-652.e1-5. DOI: 10.1016/j.jaci.2011.04.060.

[15] ABRAHAMSSON T R, JAKOBSSON H E, ANDERSSON A F, et al. Low gut microbiota diversity in early infancy precedes asthma at school age[J]. Clin Exp Allergy, 2014, 44(6): 842-850. DOI: 10.1111/cea.12253.

[16] HUA X, GOEDERT J J, PU A, et al. Allergy associations with the adult fecal microbiota: analysis of the American Gut Project[J]. EBioMedicine, 2015, 3: 172-179. DOI: 10.1016/j.ebiom.2015.11.038.

[17] WANG Q, LI F, LIANG B, et al. A metagenome-wide association study of gut microbiota in asthma in UK adults[J]. BMC Microbiol, 2018, 18(1): 114. DOI: 10.1186/s12866-018-1257-x.

[18] 温亚锦，何雯，韩晓，等. 不同严重程度支气管哮喘儿童肠道菌群差异的探索性分析[J]. 上海交通大学学报（医学版），2023，43(6)：655-664. DOI: 10.3969/j.issn.1674-8115.2023.06.001.

[19] METSÄLÄ J, LUNDQVIST A, VIRTA L J, et al. Prenatal and post-natal exposure to antibiotics and risk of asthma in childhood[J]. Clin Exp Allergy, 2015, 45(1): 137-145. DOI: 10.1111/cea.12356.

[20] KORPELA K, SALONEN A, VIRTA L J, et al. Intestinal microbiome is related to lifetime antibiotic use in Finnish pre-school children[J]. Nat Commun, 2016, 7: 10410. DOI: 10.1038/ncomms10410.

[21] MULDER B, POUWELS K B, SCHUILING-VENINGA C M, et al. Antibiotic use during pregnancy and asthma in preschool children: the influence of confounding[J]. Clin Exp Allergy, 2016, 46(9): 1214-1226. DOI: 10.1111/cea.12756.

[22] LOEWEN K, MONCHKA B, MAHMUD S M, et al. Prenatal antibiotic exposure and childhood asthma: a population-based study[J]. Eur Respir J, 2018, 52(1): 1702070. DOI: 10.1183/13993003.02070-2017.

[23] PATRICK D M, SBIHI H, DAI D L Y, et al. Decreasing antibiotic use, the gut microbiota, and asthma incidence in children: evidence from population-based and prospective cohort studies[J]. Lancet Respir Med, 2020, 8(11): 1094-1105. DOI: 10.1016/S2213-2600(20)30052-7.

[24] ORIVUORI L, MUSTONEN K, DE GOFFAU M C, et al. High level of fecal calprotectin at age 2 months as a marker of intestinal inflammation predicts atopic dermatitis and asthma by age 6[J]. Clin Exp Allergy, 2015, 45(5): 928-939. DOI: 10.1111/cea.12522.

[25] ARRIETA M C, STIEMSMA L T, DIMITRIU P A, et al. Early infancy microbial and metabolic alterations affect risk of childhood asthma[J]. Sci Transl Med, 2015, 7(307): 307ra152. DOI: 10.1126/scitranslmed.aab2271.

[26] HEVIA A, MILANI C, LÓPEZ P, et al. Allergic patients with long-term asthma display low levels of *Bifidobacterium adolescentis*[J]. PLoS One, 2016, 11(2): e0147809. DOI: 10.1371/journal.pone.0147809.

[27] ZHANG L, WAN Y, MA L, et al. A low abundance of *Bifidobacterium* but not *Lactobacillius* in the feces of Chinese children with wheezing diseases[J]. Medicine, 2018, 97(40): e12745. DOI: 10.1097/MD.0000000000012745.

[28] DAI D L Y, PETERSEN C, HOSKINSON C, et al. Breastfeeding enrichment of *B. longum* subsp. *infantis* mitigates the effect of antibiotics on the microbiota and childhood asthma risk[J]. Med, 2023, 4(2): 92-112.e5. DOI: 10.1016/j.medj.2022.12.002.

[29] 吕剑平,张晓鸣,焦志军,等.哮喘婴幼儿肠道菌群构成与细胞免疫功能的相关性[J].江苏医药,2010,36(12):1461-1462. DOI: 10.19460/j.cnki.0253-3685.2010.12.037.

[30] FUJIMURA K E, SITARIK A R, HAVSTAD S, et al. Neonatal gut microbiota associates with childhood multisensitized atopy and T cell differentiation[J]. Nat Med, 2016, 22(10): 1187-1191. DOI: 10.1038/nm.4176.

[31] CHUA H H, CHOU H C, TUNG Y L, et al. Intestinal dysbiosis featuring abundance of *Ruminococcus gnavus* associates with allergic diseases in infants[J]. Gastroenterology, 2018, 154(1): 154-167. DOI: 10.1053/j.gastro.2017.09.006.

[32] OKBA A M, SABER S M, ABDEL-REHIM A S, et al. Fecal microbiota profile in atopic asthmatic adult patients[J]. Eur Ann Allergy Clin Immunol, 2018, 50(3): 117-124. DOI: 10.23822/EurAnnACI.1764-1489.48.

[33] BEGLEY L, MADAPOOSI S, OPRON K, et al. Gut microbiota relationships to lung function and adult asthma phenotype: a pilot study[J]. BMJ Open Respir Res, 2018, 5(1): e000324. DOI: 10.1136/bmjresp-2018-000324.

[34] ARRIETA M C, ARÉVALO A, STIEMSMA L, et al. Associations between infant fungal and bacterial dysbiosis and childhood atopic wheeze in a nonindustrialized setting[J]. J Allergy Clin Immunol, 2018, 142(2): 424-434.e10. DOI: 10.1016/j.jaci.2017.08.041.

[35] CHIU C Y, CHAN Y L, TSAI M H, et al. Gut microbial dysbiosis is associated with allergen-specific IgE responses in young children with airway allergies[J]. World Allergy Organ J, 2019, 12(3): 100021. DOI: 10.1016/j.waojou.2019.100021.

[36] DEMIRCI M, TOKMAN H B, UYSAL H K, et al. Reduced *Akkermansia muciniphila* and *Faecalibacterium prausnitzii* levels in the gut microbiota of children with allergic asthma[J]. Allergol Immunopathol, 2019, 47(4): 365-371. DOI: 10.1016/j.aller.2018.12.009.

[37] DEPNER M, TAFT D H, KIRJAVAINEN P V, et al. Maturation of the gut microbiome during the first year of life contributes to the protective farm effect on childhood asthma[J]. Nat Med, 2020, 26(11): 1766-1775. DOI: 10.1038/s41591-020-1095-x.

[38] KULLBERG R F J, HAAK B W, ABDEL-AZIZ M I, et al. Gut microbiota of adults with asthma is broadly similar to non-asthmatics in a large population with varied ethnic origins[J]. Gut Microbes, 2021, 13(1): 1995279. DOI: 10.1080/19490976.2021.1995279.

[39] BOUTIN R C T, SBIHI H, MCLAUGHLIN R J, et al. Composition and associations of the infant gut fungal microbiota with environmental factors and childhood allergic outcomes[J]. mBio, 2021, 12(3): e0339620. DOI: 10.1128/mBio.03396-20.

[40] WANG Z, LAI Z, ZHANG X, et al. Altered gut microbiome compositions are associated with the severity of asthma[J]. J Thorac Dis, 2021, 13(7): 4322-4338. DOI: 10.21037/jtd-20-2189.

[41] HU C, VAN MEEL E R, MEDINA-GOMEZ C, et al. A population-based study on associations of stool microbiota with atopic diseases in school-age children[J]. J Allergy Clin Immunol, 2021, 148(2): 612-620. DOI: 10.1016/j.jaci.2021.04.001.

[42] ZHENG P, ZHANG K, LV X, et al. Gut microbiome and metabolomics profiles of allergic and non-allergic childhood asthma[J]. J Asthma Allergy, 2022, 15: 419-435. DOI: 10.2147/JAA.S354870.

[43] LEE-SARWAR K, DEDRICK S, MOMENI B, et al. Association of the gut microbiome and metabolome with wheeze frequency in childhood asthma[J]. J Allergy Clin Immunol, 2022, 150(2): 325-336. DOI: 10.1016/j.jaci.2022.02.005.

[44] WAN J, SONG J, LV Q, et al. Alterations in the gut microbiome of young children with airway allergic disease revealed by next-generation sequencing[J]. J Asthma Allergy, 2023, 16: 961-972. DOI: 10.2147/JAA.S422537.

[45] GU B H, CHOI J P, PARK T, et al. Adult asthma with symptomatic eosinophilic inflammation is accompanied by alteration in gut microbiome[J]. Allergy, 2023, 78(7): 1909-1921. DOI: 10.1111/all.15691.

[46] MAHDAVINIA M, FYOLEK J P, JIANG J, et al. Gut microbiome is associated with asthma and race in children with food allergy[J]. J Allergy Clin Immunol, 2023, 152(6): 1541-1549.e1. DOI: 10.1016/j.jaci.2023.07.024.

[47] HALNES I, BAINES K J, BERTHON B S, et al. Soluble fibre meal challenge reduces airway inflammation and expression of GPR43 and GPR41 in asthma[J]. Nutrients, 2017, 9(1): 57. DOI: 10.3390/nu9010057.

[48] TAN J, MCKENZIE C, POTAMITIS M, et al. The role

of short-chain fatty acids in health and disease[M]// Advances in Immunology. Amsterdam: Elsevier, 2014: 91-119. DOI: 10.1016/b978-0-12-800100-4.00003-9.

[49] O'NEILL L A J, KISHTON R J, RATHMELL J. A guide to immunometabolism for immunologists[J]. Nat Rev Immunol, 2016, 16(9): 553-565. DOI: 10.1038/nri.2016.70.

[50] TAN J K, MACIA L, MACKAY C R. Dietary fiber and SCFAs in the regulation of mucosal immunity[J]. J Allergy Clin Immunol, 2023, 151(2): 361-370. DOI: 10.1016/j.jaci.2022.11.007.

[51] ZHOU Y, WANG T, ZHAO X, et al. Plasma metabolites and gut microbiota are associated with T cell imbalance in BALB/c model of eosinophilic asthma[J]. Front Pharmacol, 2022, 13: 819747. DOI: 10.3389/fphar.2022.819747.

[52] WYPYCH T P, PATTARONI C, PERDIJK O, et al. Microbial metabolism of L-tyrosine protects against allergic airway inflammation[J]. Nat Immunol, 2021, 22(3): 279-286. DOI: 10.1038/s41590-020-00856-3.

[53] LEVAN S R, STAMNES K A, LIN D L, et al. Elevated faecal 12, 13-diHOME concentration in neonates at high risk for asthma is produced by gut bacteria and impedes immune tolerance[J]. Nat Microbiol, 2019, 4(11): 1851-1861. DOI: 10.1038/s41564-019-0498-2.

[54] 徐浩杰,王璐,陈蓓迪,等.粪菌移植:中西医诊疗思维的碰撞[J].中国医学科学院学报,2022,44(3):472-477. DOI: 10.3881/j.issn.1000-503X.13774.

[55] EISEMAN B, SILEN W, BASCOM G S, et al. Fecal enema as an adjunct in the treatment of pseudomembranous enterocolitis[J]. Surgery, 1958, 44(5): 854-859.

[56] D'HAENS G R, JOBIN C. Fecal microbial transplantation for diseases beyond recurrent *Clostridium difficile* infection[J]. Gastroenterology, 2019, 157(3): 624-636. DOI: 10.1053/j.gastro.2019.04.053.

[57] YU Y, WANG W, ZHANG F. The next generation fecal microbiota transplantation: to transplant bacteria or virome[J]. Adv Sci, 2023, 10(35): e2301097. DOI: 10.1002/advs.202301097.

[58] HANSSEN N M J, DE VOS W M, NIEUWDORP M. Fecal microbiota transplantation in human metabolic diseases: from a murky past to a bright future?[J]. Cell Metab, 2021, 33(6): 1098-1110. DOI: 10.1016/j.cmet.2021.05.005.

[59] CAMARILLO-GUERRERO L F, ALMEIDA A, RANGEL-PINEROS G, et al. Massive expansion of human gut bacteriophage diversity[J]. Cell, 2021, 184(4): 1098-1109.e9. DOI: 10.1016/j.cell.2021.01.029.

[60] LU Y, YUAN X, WANG M, et al. Gut microbiota influence immunotherapy responses: mechanisms and therapeutic strategies[J]. J Hematol Oncol, 2022, 15(1): 47. DOI: 10.1186/s13045-022-01273-9.

[61] CAMMAROTA G, IANIRO G, KELLY C R, et al. International consensus conference on stool banking for faecal microbiota transplantation in clinical practice[J]. Gut, 2019, 68(12): 2111-2121. DOI: 10.1136/gutjnl-2019-319548.

[62] SORBONI S G, MOGHADDAM H S, JAFARZADEH-ESFEHANI R, et al. A comprehensive review on the role of the gut microbiome in human neurological disorders[J]. Clin Microbiol Rev, 2022, 35(1): e0033820. DOI: 10.1128/CMR.00338-20.

[63] PORCARI S, BENECH N, VALLES-COLOMER M, et al. Key determinants of success in fecal microbiota transplantation: from microbiome to clinic[J]. Cell Host Microbe, 2023, 31(5): 712-733. DOI: 10.1016/j.chom.2023.03.020.

[64] KALLIOMÄKI M, SALMINEN S, ARVILOMMI H, et al. Probiotics in primary prevention of atopic disease: a randomised placebo-controlled trial[J]. Lancet, 2001, 357(9262): 1076-1079. DOI: 10.1016/S0140-6736(00)04259-8.

[65] BERNI CANANI R, DI COSTANZO M, BEDOGNI G, et al. Extensively hydrolyzed casein formula containing *Lactobacillus rhamnosus* GG reduces the occurrence of other allergic manifestations in children with cow's milk allergy: 3-year randomized controlled trial[J]. J Allergy Clin Immunol, 2017, 139(6): 1906-1913.e4. DOI: 10.1016/j.jaci.2016.10.050.

[66] KUITUNEN M, KUKKONEN K, JUNTUNEN-BACKMAN K, et al. Probiotics prevent IgE-associated allergy until age 5 years in cesarean-delivered children but not in the total cohort[J]. J Allergy Clin Immunol, 2009, 123(2): 335-341. DOI: 10.1016/j.jaci.2008.11.019.

[67] KUKKONEN A K, KUITUNEN M, SAVILAHTI E, et al. Airway inflammation in probiotic-treated children at 5 years[J]. Pediatr Allergy Immunol, 2011, 22(2): 249-251. DOI: 10.1111/j.1399-3038.2010.01079.x.

[68] KUKKONEN K, KUITUNEN M, HAAHTELA T, et al. High intestinal IgA associates with reduced risk of IgE-associated allergic diseases[J]. Pediatr Allergy Immunol, 2010, 21(1 Pt 1): 67-73. DOI: 10.1111/j.1399-3038.2009.00907.x.

[69] 陈昂,王桂兰,刘翔腾,等.早期干预对食物过敏婴儿其他过敏性疾病发生的预防作用[J].吉林大学学报(医学版),2020,46(4):851-857. DOI: 10.13481/j.1671-587x.20200430.

[70] ABRAHAMSSON T R, JAKOBSSON T, BJÖRKSTÉN B, et al. No effect of probiotics on respiratory allergies: a seven-year follow-up of a randomized controlled trial in infancy[J]. Pediatr Allergy Immunol, 2013, 24(6): 556-561. DOI: 10.1111/pai.12104.

［71］ LOO E X L, LLANORA G V, LU Q, et al. Supplementation with probiotics in the first 6 months of life did not protect against eczema and allergy in at-risk Asian infants: a 5-year follow-up[J]. Int Arch Allergy Immunol, 2014, 163(1): 25-28. DOI: 10.1159/000356338.

［72］ SIMPSON M R, DOTTERUD C K, STORRØ O, et al. Perinatal probiotic supplementation in the prevention of allergy related disease: 6 year follow up of a randomised controlled trial[J]. BMC Dermatol, 2015, 15: 13. DOI: 10.1186/s12895-015-0030-1.

［73］ DAVIES G, JORDAN S, BROOKS C J, et al. Long term extension of a randomised controlled trial of probiotics using electronic health records[J]. Sci Rep, 2018, 8(1): 7668. DOI: 10.1038/s41598-018-25954-z.

［74］ HELIN T, HAAHTELA S, HAAHTELA T. No effect of oral treatment with an intestinal bacterial strain, *Lactobacillus rhamnosus* (ATCC 53103), on birch-pollen allergy: a placebo-controlled double-blind study[J]. Allergy, 2002, 57(3): 243-246. DOI: 10.1034/j.1398-9995.2002.1s3299.x.

［75］ VAN DE POL M A, LUTTER R, SMIDS B S, et al. Synbiotics reduce allergen-induced T-helper 2 response and improve peak expiratory flow in allergic asthmatics[J]. Allergy, 2011, 66(1): 39-47. DOI: 10.1111/j.1398-9995.2010.02454.x.

［76］ VAN DER AA L B, VAN AALDEREN W C, HEYMANS H A, et al. Synbiotics prevent asthma-like symptoms in infants with atopic dermatitis[J]. Allergy, 2011, 66(2): 170-177. DOI: 10.1111/j.1398-9995.2010.02416.x.

［77］ MIRAGLIA DEL GIUDICE M, INDOLFI C, CAPASSO M, et al. *Bifidobacterium* mixture (*B longum* BB536, *B infantis* M-63, *B breve* M-16V) treatment in children with seasonal allergic rhinitis and intermittent asthma[J]. Ital J Pediatr, 2017, 43(1): 25. DOI: 10.1186/s13052-017-0340-5.

［78］ HUANG C F, CHIE W C, WANG I J. Efficacy of *Lactobacillus* administration in school-age children with asthma: a randomized, placebo-controlled trial[J]. Nutrients, 2018, 10(11): 1678. DOI: 10.3390/nu10111678.

［79］ 甄兴刚，郭燕军，张迎辉，等. 益生菌对儿童支气管哮喘控制及免疫调节作用研究[J]. 中国实用儿科杂志，2018，33(10)：812-814. DOI: 10.19538/j.ek2018100617.

［80］ 任盛，夏梅梅，赵将，等. 肠道益生菌辅治对支气管哮喘患儿免疫功能、肠道菌群及复发率的影响[J]. 中国全科医学，2020，23(S1)：72-75.

［81］ LIU A, MA T, XU N, et al. Adjunctive probiotics alleviates asthmatic symptoms via modulating the gut microbiome and serum metabolome[J]. Microbiol Spectr, 2021, 9(2): e0085921. DOI: 10.1128/Spectrum.00859-21.

［82］ SADRIFAR S, ABBASI-DOKHT T, FOROUZANDEH S, et al. Immunomodulatory effects of probiotic supplementation in patients with asthma: a randomized, double-blind, placebo-controlled trial[J]. Allergy Asthma Clin Immunol, 2023, 19(1): 1. DOI: 10.1186/s13223-022-00753-4.

［83］ ABBASI-DOKHT T, SADRIFAR S, FOROUZANDEH S, et al. Multistrain probiotics supplement alleviates asthma symptoms via increasing Treg cells population: a randomized, double-blind, placebo-controlled trial[J]. Int Arch Allergy Immunol, 2023, 184(3): 291-301. DOI: 10.1159/000526739.

［84］ DRAGO L, CIOFFI L, GIULIANO M, et al. The probiotics in pediatric asthma management (PROPAM) study in the primary care setting: a randomized, controlled, double-blind trial with *Ligilactobacillus salivarius* LS01 (DSM 22775) and *Bifidobacterium breve* B632 (DSM 24706)[J]. J Immunol Res, 2022, 2022: 3837418. DOI: 10.1155/2022/3837418.

［85］ WILLIAMS N C, JOHNSON M A, SHAW D E, et al. A prebiotic galactooligosaccharide mixture reduces severity of hyperpnoea-induced bronchoconstriction and markers of airway inflammation[J]. Br J Nutr, 2016, 116(5): 798-804. DOI: 10.1017/S0007114516002762.

［86］ 吴诚，张娟，贾媛媛，等. 粪菌移植对哮喘幼鼠气道炎症的影响及其机制[J]. 山西医科大学学报，2021，52(2)：167-172. DOI: 10.13753/j.issn.1007-6611.2021.02.008.

［87］ 王梅芬，邹亚，郑君，等. 清肺口服液对哮喘小鼠气道炎症及肠道菌群的影响[J]. 上海中医药杂志，2022，56(3)：56-63. DOI: 10.16305/j.1007-1334.2021.2110100.

［88］ WU Y, CHEN Y, LI Q, et al. Tetrahydrocurcumin alleviates allergic airway inflammation in asthmatic mice by modulating the gut microbiota[J]. Food Funct, 2021, 12(15): 6830-6840. DOI: 10.1039/d1fo00194a.

［89］ GUO S, SHI Y, XU A, et al. *Liubao* tea extract ameliorates ovalbumin-induced allergic asthma by regulating gut microbiota in mice[J]. Food Funct, 2023, 14(23): 10605-10616. DOI: 10.1039/d3fo03470d.

［**本文编辑**］　商素芳