

DOI: 10.13288/j.11-2166/r.2021.13.011

哺乳期急性乳腺炎黄腻苔患者舌苔特异性菌群特征研究

肖金禾¹, 金信妍¹, 樊英怡², 高超¹, 裴晓华³✉

1. 北京中医药大学, 北京市朝阳区北三环东路 11 号, 100029; 2. 北京中医药大学第三附属医院; 3. 北京中医药大学厦门医院

摘要 目的 探讨哺乳期急性乳腺炎黄腻苔患者和哺乳期健康薄白苔女性的舌苔菌群差异, 为预防和治疗急性乳腺炎提供思路。方法 纳入伴有发热、黄腻苔的急性乳腺炎患者组成黄腻苔组, 共 24 例。纳入健康哺乳期薄白苔女性组成薄白苔组, 共 17 例。采集两组受试者舌苔, 采用 MiSeq 高通量测序技术和贝叶斯算法分析两组舌苔样本的菌群组成; 采用 Student *t* 检验比较两组舌苔菌群 Alpha 多样性 (包括 Chao 指数、Shannoneven 指数及香农指数); 运用偏最小二乘法 (PLS-DA) 判别两组舌苔菌群结构的相似性; 分别采用 Wilcoxon 秩和检验和 LEfSe 多级物种差异判别分析法对两组差异物种进行分析。结果 黄腻苔组特有菌门 2 个, 为 Deinococcota 和 Acidobacteriota, 特有菌属 34 个, 薄白苔组特有菌属 16 个, 两组舌苔微生物群组成具有明显差异。黄腻苔组 Shannoneven 指数和香农指数显著高于薄白苔组 ($P < 0.05$)。黄腻苔组拟杆菌门含量为 29.68%, 高于薄白苔组的 21.6%, 而变形菌门含量为 9.43%, 低于薄白苔组的 29.93% ($P < 0.05$)。菌属方面, 黄腻苔组普雷沃氏菌属、韦荣球菌属和拟普雷沃氏菌属含量明显高于薄白苔组, 而薄白苔组奈瑟氏球菌属和嗜血杆菌属含量明显高于黄腻舌苔 ($P < 0.05$)。黄腻苔组主要优势菌属韦荣球菌属、巨球形菌属、棒状杆菌属、普雷沃氏菌属、奇异菌属、拟普雷沃氏菌属和 Solobacterium; 薄白苔组主要优势菌属是奈瑟氏菌属、嗜血杆菌属、小链菌属, 两组组间比较差异均具有统计学意义 ($P < 0.05$)。结论 哺乳期急性乳腺炎黄腻苔患者舌苔菌群均匀性和多样性高于哺乳期薄白苔健康女性, 且物种差异主要表现为普雷沃氏菌属、拟普雷沃氏菌属和韦荣球菌属丰富度较高。

关键词 急性乳腺炎; 哺乳期; 舌苔; 黄腻苔; 薄白苔; 菌群分布

急性乳腺炎是发生在乳腺组织的一种急性化脓性感染性疾病, 多发生在哺乳期女性。此疾病在初期主要临床表现为乳房局部肿胀、疼痛, 局部皮肤灼热、发红, 常伴有发热、头痛、身痛、头晕、乏力等。对 420 例产后女性进行的调查发现, 有 74 例 (18%) 女性在产后 26 周内至少发生一次乳腺炎, 其中 32% 的哺乳期女性会反复发作, 严重影响哺乳期女性的健康和生活质量^[1]。急性乳腺炎属于中医学“乳痈”范畴。中医理论认为, 女子乳头属肝, 乳房属胃。产后失于调养, 饮食不节, 妄用膏粱厚味, 可致脾胃运化失司, 阳明胃热壅滞, 可使乳络闭阻不畅乳汁淤积, 排泄障碍, 郁久化热, 形成乳痈。舌为脾之外候, 舌苔是由胃气蒸发谷气上承于舌面而成, 与脾胃运化功能相应。

急性乳腺炎患者多为脾胃郁热, 阻滞气机, 腑气不畅, 临床常见黄腻苔^[2-3]。另有研究发现, 多种疾病的舌苔菌群结构发生改变^[4-6], 且舌苔厚度与菌群多样性相关^[7]。本研究采用 16SrRNA 高通量测序技术, 初步探索哺乳期急性乳腺炎黄腻苔患者舌苔微生态特征, 并与健康薄白苔哺乳期女性进行对比, 旨在为预防和治疗急性乳腺炎提供新思路。本研究已通过北京中医药大学第三附属医院科研伦理委员会的审查 (批号: BZYSY-SFKTPJ-1)。

1 临床资料

1.1 诊断标准

参照《黄家驹外科学》^[8]、《克氏外科学》^[9]制定: 哺乳期女性乳房出现疼痛性肿块, 皮肤不红或微红, 乳汁分泌不畅, 可伴有恶寒发热等全身症状, 白细胞及中性粒细胞计数可增多。

基金项目: 首都卫生发展科研专项 (首发 2018-7032)

✉ 通讯作者: pxh_127@163.com

1.2 纳入标准

黄腻苔组纳入标准: 1) 满足上述诊断标准; 2) 体温 $37.2 \sim <40^{\circ}\text{C}$; 3) 病程 ≤ 3 天, B 超检查报告显示乳房未形成脓腔; 4) 黄腻苔, 舌苔评分 [面积评分 (未见黄苔计 0 分, 黄苔面积 $\leq 1/3$ 计 1 分, $1/3 < \text{黄苔面积} \leq 2/3$ 计 2 分, 黄苔面积 $> 2/3$ 计 3 分) $\times$ 厚度评分 (薄计 1 分, 厚计 2 分)] > 4 分^[10]; 5) 每日至少刷牙 2 次, 且未使用任何工具清洁舌背; 6) 自愿参加研究, 签署知情同意书。

薄白苔组纳入标准: 1) 哺乳期女性; 2) 乳房无疼痛、肿块等不适; 3) 体温 $< 37.2^{\circ}\text{C}$; 4) B 超检查乳房未形成脓腔; 5) 舌苔薄白, 参照《中医诊断学》^[11] 评定; 6) 每日至少刷牙 2 次, 且未使用任何工具清洁舌背; 7) 自愿参加研究, 签署知情同意书。

所有受试者的舌苔均由同一研究者在光线充足的自然环境中进行判定。

1.3 排除标准

1) 合并急性牙周疾病者; 2) 3 个月内使用过抗生素者; 3) 合并严重心、肝、肾损害者; 4) 合并严重精神障碍、营养不良者。

1.4 一般资料

黄腻苔组与薄白苔组均来源于 2019 年 8 月—12 月于北京中医药大学第三附属医院乳腺科门诊就诊的哺乳期女性。黄腻苔组 24 例, 为哺乳期急性乳腺炎患者, 平均年龄 (31.79 ± 2.41) 岁, 哺乳时长 (分娩至就诊) (162.21 ± 114.30) 天; 薄白苔组 17 例, 为进行母乳喂养咨询的哺乳期健康女性, 平均年龄 (30.82 ± 2.83) 岁, 哺乳时长 (219.94 ± 94.06) 天。两组受试者一般情况比较, 差异无统计学意义 ($P > 0.05$), 具有可比性。

2 方法

2.1 主要试剂与仪器

FastDNA[®] Spin Kit for Soil DNA 提取试剂盒 (批号: 149851), 美国 MP Biomedicals 公司; 琼脂糖 (批号: 1109K4012), 西班牙 Biowest 公司; FastPfu Polymerase (批号: AS221-02), 中国北京 TransGen 公司; AxyPrep DNA Gel Extraction Kit (批号: 20368815), 美国 Axygen 公司; NEXT-FLEX Rapid DNA-Seq Kit 试剂盒 (批号: 514408), 美国 Bioo Scientific 公司; MiSeq Reagent Kit v3 试剂盒 (批号: 201023003), 美国 Illumina 公司。

高速台式冷冻离心机 (型号: 5424R), 德国 Eppendorf 公司; 超微量分光光度计 (型号: Nano-Drop2000), 美国 Thermo Fisher Scientific 公司; 酶标仪 (型号: BioTek ELx800), 美国 Biote 公司; 旋涡混合器 (型号: QL-901), 中国海门其林贝尔仪器制造有限公司; MP 研磨仪 (型号: FastPrep-24 5G), 美国 MP 公司; 微型荧光计 (型号: Quantus Fluorometer), 美国 Promega 公司; 电泳仪 (型号: DYY-6C), 北京市六一仪器厂; PCR 仪 (型号: ABI GeneAmp 9700 型), 美国 ABI 公司; 测序仪 (型号: Illumina Miseq), 美国 Illumina 公司。

2.2 舌苔样本的菌群组成及分析

就诊时收集受试者舌苔, 以无菌拭子稍用力沿受试者舌根向前滚动刷取舌苔 30 次, 共 2 遍, 刷取后的无菌拭子浸入装有 1 ml 磷酸盐缓冲液的离心管中, 4°C 、14087 g、14000 r/min, 离心 10 min, 弃去上清液, 存于 -80°C 冰箱中备用。使用 FastDNA[®] Spin Kit for Soil DNA 提取试剂盒提取舌苔菌群总 DNA。完成基因组 DNA 的抽提后, 利用 1% 琼脂糖凝胶电泳对 DNA 完整性进行检测。

利用细菌 16S rDNA 基因可变区 V3-V4 通用引物 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') 进行 PCR 扩增, 理论插入片段长度为 468 bp。经 PCR 仪扩增后, PCR 产物混合后用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测, 使用 AxyPrepDNA 凝胶回收试剂盒切胶回收 PCR 产物, Tris-HCl 缓冲液洗脱; 2% 琼脂糖电泳检测。参照电泳初步定量结果, 将 PCR 产物用 QuantiFluorTM-ST 蓝色荧光定量系统 (Promega 公司) 进行检测定量, 再按照每个样本的测序量要求进行相应比例的混合。用 PCR 产物制备 MiSeq PE 文库进行 MiSeq 高通量测序技术测序, 得出 DNA 片段序列。

2.3 统计学方法

采用 SPSS 23.0 统计软件对研究数据进行分析。符合正态分布的计量资料, 用均数 $\pm$ 标准差 ($\bar{x} \pm s$) 表示, 采用 t 检验; 不符合正态分布的资料采用 Wilcoxon 秩和检验, $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。运用 RDP classifier 贝叶斯算法基于操作分类单元代表序列进行两组舌苔样本的菌群组成分析。采用 Student t 检验分析两组舌苔样本菌群的 Alpha 多样性 (包括 Chao 指数、Shannoneven 指数及香农指数); 运用偏最小二乘法 (PLS-DA) 判别分析两组舌苔菌群结构的相似性; 先采用 Wilcoxon 秩和

检验对两组差异物种进行初步分析,然后采用 LEfSe 多级物种差异判别法分析两组样本中最能解释组间差异特征的物种。LEfSe 分析主要有三个步骤:利用非参数 Kruskal-Wallis (KW) sum-rank test 检测不同组间的物种丰度差异,获得显著差异物种;再使用 Wilcoxon rank-sum test 检验上一步的差异物种在不同组间子分组中的差异一致性,最后运用 LDA 线性判别分析估计这些差异物种对组间区别的影响大小。

3 结果

3.1 两组受试者舌苔样本菌群组成

运用 RDP classifier 贝叶斯算法基于操作分类单元代表序列进行两组舌苔样本的菌群组成分析结果显示,舌苔上共有 16 个门 26 个纲 59 个目 105 个科 202 个属 364 种细菌。各组优势菌门和优势菌属分布详见表 1。

表 1 黄腻苔组急性乳腺炎患者和薄白苔组健康哺乳期女性舌苔优势菌群组成

项目	物种名称	黄腻苔组/%	薄白苔组/%
优势菌门	厚壁菌门	32.56	33.09
	拟杆菌门	30.33	21.39
	变形菌门	18.44	29.38
	放线菌门	10.31	9.34
	梭菌门	5.88	4.56
优势菌属	酸杆菌属	2.22	2.05
	普雷沃氏菌属	25.93	15.32
	链球菌属	17.24	19.15
	奈瑟氏球菌属	13.13	18.91
	嗜血杆菌属	5.06	10.11
	韦荣球菌属	7.74	5.40
	放线菌属	6.71	5.65
	卟啉单胞菌	2.47	5.20
	纤毛菌属	2.75	4.03
	毗邻贫养菌属	3.90	2.59
	罗斯氏菌属	2.65	3.20
	梭型杆菌属	1.98	1.96
	TM7x	1.58	1.38
	拟普雷沃氏菌属	1.40	0.41

薄白舌苔和黄腻舌苔在门、纲、目、科、属、种的组成上均有差异。两组舌苔样本共有菌门 14 个,黄腻苔组特有菌门 2 个,为 Deinococcota 和 Acidobacteriota。两组共有 155 个菌属,黄腻苔组特有菌属 34 个,为 Devosia、Plesiomonas、Eggerthia、Paracoccus、Cryptobacterium、Vibrio、Anaerostipes、Arthrobacter、Thermus 等;薄白苔组特有菌属 16 个,为 Romboutsia、Perluclidibaca、Sphingobacteriales、Rikenella、Elstera、Ruminococcaceae、Sacchari-

monadales、Ruminococcus 等。在菌种水平上差异更大,除了 290 种共有菌群外,薄白苔组有 26 种特有菌种,黄腻苔组有 58 种特有菌种。

3.2 两组受试者舌苔菌群 Alpha 多样性及相似性比较

采用 Student *t* 检验分析两组舌苔样本菌群的 Alpha 多样性指数组间差异,表 2 示,香农指数、Chao 指数和 Shannoneven 指数分别反映菌群的多样性、丰富度和均匀度。黄腻苔组和薄白苔组组间 Chao 指数差异无统计学意义 ($P > 0.05$),香农指数和 Shannoneven 指数差异具有统计学意义 ($P < 0.05$)。对所采集的舌苔样本进行组间相似性分析,通过 PLS-DA 分析判断所采集舌苔样品分类是否符合区分要求。图 1 示,在分类学水平上,黄腻苔组和薄白苔组完全区分于不同的区域范围,表明两组舌苔微生物菌群组成具有明显差异。

表 2 黄腻苔组急性乳腺炎患者和薄白苔组健康哺乳期女性舌苔菌群 Alpha 多样性比较 ($\bar{x} \pm s$)

组别	例数	Chao 指数	Shannoneven 指数	香农指数
黄腻苔组	24	301.22 ± 58.25	0.58 ± 0.04	3.13 ± 0.26
薄白苔组	17	277.44 ± 39.8	0.55 ± 0.04	2.93 ± 0.25
Q 值		0.10	0.03	0.02
P 值		0.10	0.03	0.02

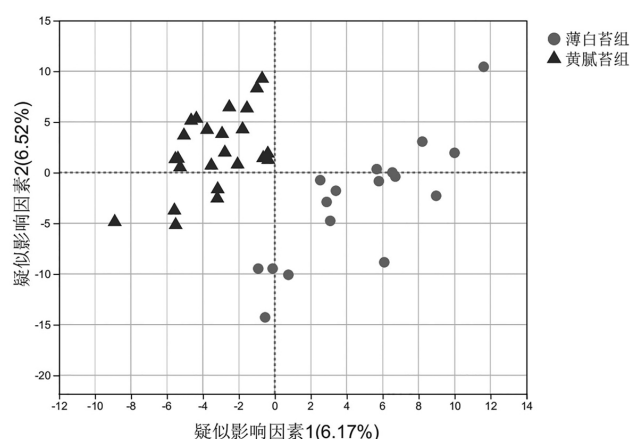
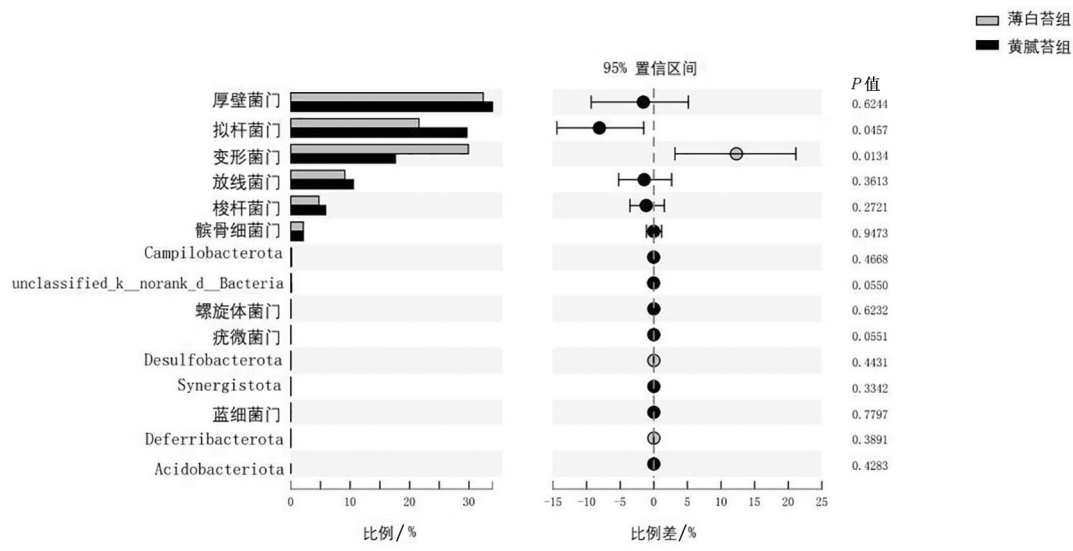


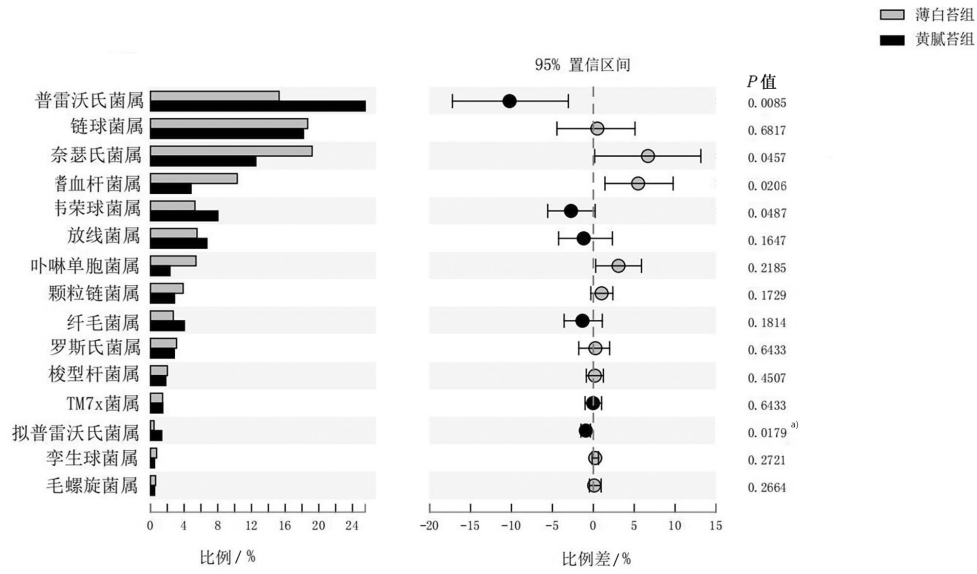
图 1 黄腻苔组急性乳腺炎患者和薄白苔组健康哺乳期女性舌苔菌群结构相似性分析

3.3 两组受试者舌苔菌群丰度比较

利用美吉生信云平台检测组间舌苔丰度差异。图 2A 示,拟杆菌门在黄腻苔组含量为 29.68%,薄白苔组含量为 21.6%;变形菌门在黄腻苔组含量为 9.43%,薄白苔组含量为 29.93%。两种菌门在两组样品中差异具有统计学意义 ($P < 0.05$)。图 2B 示,黄腻苔组普雷沃氏菌属、韦荣球菌属和拟普雷沃氏菌属含量明显高于薄白苔组,而薄白苔



A 菌门水平比较



B 菌属水平比较

图2 黄腻苔组急性乳腺炎患者和薄白苔组健康哺乳期女性舌苔菌群丰度比较

组奈瑟氏球菌属和嗜血杆菌属含量明显高于黄腻苔组 ($P < 0.05$)。

3.4 两组受试者舌苔样本菌属丰度差异

使用美吉生信云平台分析两组舌苔样本菌属差异, LDA 分值越高, 则此菌属在该组的丰度越高。表3 示, 黄腻苔组主要优势菌属韦荣球菌属、普雷沃氏菌属、拟普雷沃氏菌属、奇异菌属、巨球型菌属、Solobacterium 及棒状杆菌属; 薄白苔组主要优势菌属是嗜血杆菌属、奈瑟氏菌属、小链菌属, 两组组间比较差异均具有统计学意义 ($P < 0.05$)。

4 讨论

本研究采集急性乳腺炎黄腻苔患者和健康哺乳

表3 黄腻苔组急性乳腺炎患者和薄白苔组健康哺乳期女性舌苔样本菌属丰度差异比较

分组	物种名称	LDA 评分/log10	P 值
薄白苔组	嗜血杆菌属	4.42	0.020
	奈瑟氏菌属	4.53	0.040
	小链菌属	3.06	0.005
黄腻苔组	韦荣球菌属	4.13	0.047
	普雷沃氏菌属	4.72	0.008
	拟普雷沃氏菌属	3.67	0.017
	奇异菌属	3.21	0.009
	巨球型菌属	3.15	0.008
	Solobacterium	2.96	0.030
	棒状杆菌属	2.82	0.016

期薄白苔妇女的舌苔,经 MiSeq 测序技术进行菌群分析。结果发现,与其他舌苔微生物学研究^[12-13]相比,尽管 16S rRNA 库构建技术和数据分析方法不同,但是舌苔的主要优势菌群具有相似性,均为拟杆菌门、厚壁菌门、变形菌门、放线菌门。基于分类水平序列对 Alpha 多样性进行分析,结果显示,黄腻苔组的 shannoneven 指数和香农指数高于薄白苔组,说明黄腻苔菌群均匀度和多样性高于薄白苔组,提示黄腻苔的形成可能与舌苔微生物多样性增高有关。

进一步通过 PLS-DA 分析对组间舌苔菌群进行相似性分析,结果显示,黄腻舌苔样本和薄白舌苔样本明显区分为 2 个区域,表明两组舌苔微生物组成具有明显差异。拟杆菌是无芽孢的一类专性厌氧菌,作为肠道菌群的核心成员之一,在健康成年人肠道内可占肠道菌群总量的 20% ~ 80%,是人体肠道内丰度最高的一类革兰氏阴性菌^[14]。普雷沃氏菌常检出于口腔,是革兰阴性严格厌氧菌,可导致呼吸道厌氧菌感染和牙周疾病^[15-16]。Dillon 等^[17]报道 CD1c + 树突细胞上 CD40 的表达与普雷沃氏菌属的丰度呈正相关,且普雷沃氏菌属能诱导 CD1c + 树突状细胞增多,从而引发炎症反应。Jiang 等^[18]发现,热证(舌苔黄腻伴有口臭和尿黄)舌苔中存在大量拟普雷沃氏菌属,拟普雷沃氏菌属是引起扁桃体炎、牙周炎和口臭的主要病原微生物之一。本研究结果显示,两组样本菌群构成丰度具有显著差异,黄腻苔的拟杆菌门在舌苔微生物组成上比薄白舌苔多。黄腻苔组拟杆菌门中普雷沃氏菌属和拟普雷沃氏菌属丰度显著高于薄白苔组,提示舌苔菌群中普雷沃氏菌属和拟普雷沃氏菌可能为引起哺乳期女性机体发生炎症的机会致病菌属,并且其丰度增高可能会导致黄腻苔的形成。

本研究又采用 LDA 分析法来估算两组间差异显著的菌群,LDA 分值越高,则此菌属在该组的丰度越高。专性厌氧菌的富集提示舌苔微生物失调,菌群的失调可以导致机体内细菌定殖和增殖的代谢途径改变,细菌病原体利用细菌分泌系统和两组分系统来调节毒力及其致病性,通过它们攻击和感染宿主细胞,从而引起炎症反应^[17,19-20]。本研究结果显示,与薄白苔组相比,黄腻苔组专性厌氧菌富集度增高,即韦荣球菌属、巨球型菌属、Solobacterium、奇异菌属等丰度显著增高,提示专性厌氧菌增加为黄腻苔组的微生物特点。因此,基于微生物学层面的发现,当哺乳期妇女出现黄腻苔可能是机体出现潜在炎症病证的早期信号,这些可为急性乳腺炎的

预防和诊断提供参考。

综上所述,急性乳腺炎黄腻苔患者与健康薄白苔哺乳期妇女在舌苔微生物群落组成上具有明显差异,黄腻苔在菌群构成上发生显著变化,即拟杆菌门含量升高和变形菌门含量下降。另外,黄腻苔中厌氧菌的富集和需氧菌的消耗引起的微生物失调可能会导致机体的炎症反应,因此,当哺乳期妇女出现黄腻苔可能是机体发生乳腺炎的潜在预警,可密切观察哺乳情况,调整饮食结构,酌情给予干预和防治。本研究所纳入的临床样本量较少,可能会导致一定程度的偏倚,未来仍需要进一步探索舌苔菌群及其代谢产物改变与急性乳腺炎发病之间的关系。

参考文献

- [1] SCOTT JA, ROBERTSON M, FITZPATRICK J, et al. Occurrence of lactational mastitis and medical management: a prospective cohort study in Glasgow [J]. Int Breastfeed J, 2008, 3(21): doi: 10. 1186/1746-4358-3-21.
- [2] 彭文茜. 清血解毒剂治疗急性乳腺炎的临床观察研究 [J]. 内蒙古中医药, 2017, 36(14): 25-26.
- [3] 楚云杰, 安蕊, 孙绍骞, 等. 推拿治疗急性乳腺炎早期 60 例临床观察 [J]. 中国妇幼保健, 2013, 28(35): 5812-5813.
- [4] NISHIMURA F, IWAMOTO Y, MINESHIRA J, et al. Periodontal disease and diabetes mellitus: the role of tumor necrosis factor-alpha in a 2-way relationship [J]. J Periodontol, 2003, 74(1): 97-102.
- [5] 郭嘉璇, 肖颖, 王文举, 等. 慢性胃炎患者幽门螺杆菌感染与舌苔菌群的关系 [J]. 中医杂志, 2019, 60(7): 587-591.
- [6] 徐天成, 裴丽霞, 陈璐, 等. 中医舌苔的口腔菌群基础及其与肠道菌群的联系 [J]. 中医杂志, 2019, 60(3): 202-205.
- [7] 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 [J]. 广州: 广州中医药大学, 2016.
- [8] 吴孟超, 吴在德. 黄家驷外科学 [M]. 7 版. 北京: 人民卫生出版社, 2008: 257.
- [9] SABISTON DC JR. 克氏外科学 [M]. 王德炳, 译. 15 版. 北京: 人民卫生出版社, 2002: 346.
- [10] KAGEYAMA S, TAKESHITA T, FURUTA M, et al. Relationships of variations in the tongue microbiota and pneumonia mortality in nursing home residents [J]. J Gerontol A Biol Sci Med Sci, 2018, 73(8): 1097-1102.
- [11] 朱文锋. 中医诊断学 [M]. 2 版. 北京: 中国中医药出版社, 2007: 78.
- [12] 马广强, 李伟, 韩飞, 等. 黄腻舌苔和薄白舌苔微生物种群差异 [J]. 微生物学通报, 2020, 47(12): 4229-4239.
- [13] 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, 527-528.

- [[4] 孙凤婷. 中国人群肠道具有抑制炎症作用的脆弱拟杆菌的分离筛选和功能评价 [J]. 无锡: 江南大学, 2020.
- [[5] 余乃通, 罗志文, 龚殿, 等. 产黑普雷沃氏菌糖基转移酶基因的扩增和序列分析 [J]. 基因组学与应用生物学, 2016, 35(1): 107-112.
- [[6] 郭杨斌. 16S rRNA 序列截取程序的设计及 16S rRNA 技术用于老年腹泻病原菌的筛查 [J]. 衡阳: 南华大学, 2007.
- [[7] DILLON SM, LEE EJ, KOTTER CV, et al. Gut dendritic cell activation links an altered colonic microbiome to mucosal and systemic T-cell activation in untreated HIV-1 infection [J]. Mucosal Immunol, 2016, 9(1): 24-37.
- [[8] JIANG B, LIANG X, CHEN Y, et al. Integrating next-generation sequencing and traditional tongue diagnosis to determine tongue coating microbiome [J]. Sci Rep, 2012, 2: 936. doi: 10.1038/srep00936.
- [[9] LEE VT, SCHNEEWIND O. Protein secretion and the pathogenesis of bacterial infections [J]. Genes Dev, 2001, 15(14): 1725-1752.
- [[20] TOBE T. The roles of two-component systems in virulence of pathogenic Escherichia coli and Shigella spp [J]. Adv Exp Med Biol, 2008, 631: 189-199. doi: 10.1007/978-0-387-78885-2_13.

Characteristics of Specific Flora in the Yellow Greasy Tongue Coating of Breastfeeding Women with Acute Mastitis XIAO Jinhe^{1,2}, JIN Xinyan^{1,2}, FAN Yingyi², GAO Chao¹, PEI Xiaohua³

1. Beijing University of Chinese Medicine, Beijing, 100029; 2. Third Affiliated Hospital of Beijing University of Chinese Medicine; 3. Xiamen Hospital of Beijing University of Chinese Medicine

ABSTRACT Objective To analyze the differences of flora between the breastfeeding women with acute mastitis and yellow greasy tongue coating, and the healthy breastfeeding women with thin white coating, to provide idea for prevention and treatment of acute mastitis. **Methods** Twenty-four breastfeeding women with acute mastitis and having fever and yellow greasy tongue coating were included in the yellow-greasy group, while 17 healthy breastfeeding women who had thin white coating were set as control group (thin-white group). MiSeq high-throughput sequencing technology in combination with Bayesian algorithm were used to analyze the flora composition of the tongue coating; the Student's *t* test was used to compare the Alpha diversity of the tongue coating flora of the two groups including the Chao index, Shannoneven index and Shannon index; the partial least squares method (PLS-DA) was used to determine the similarity of the tongue coating flora structure between the two groups; Wilcoxon rank sum test and linear discriminant analysis effect size (LEfSe) on multi-level species were used to analyze the different species of the two groups. **Results** The yellow-greasy group had two unique bacteria phyla Deinococcota and Acidobacteriota and 34 unique bacteria genera, while the thin-white group had 16 unique bacterial genera, showing that the composition of microbiota in the tongue coating was significantly different between the two groups. The Shannoneven index and Shannon index of the yellow-greasy group were significantly higher than those of the thin-white group ($P < 0.05$). The content of Bacteroides in the yellow-greasy group was 29.68%, higher than 21.6% in the thin-white group; and the content of Proteobacteria was 9.43% in the yellow-greasy group, lower than 29.93% in the thin-white group ($P < 0.05$). In terms of bacterial genera, the content of Prevotella, Veronococcus and Prevotella in the yellow-greasy group was significantly higher than that in the thin-white group, while the content of Neisseria and Haemophilus in the thin-white fur group was significantly higher ($P < 0.05$). The main dominant bacteria in the yellow-greasy group were Veillonella, Macroccoccus, Corynebacterium, Prevotella, Desmodium, Prevotella, and Solobacterium, while that of the thin-white group were Neisseria, Haemophilus and Streptomyces, with statistically significant differences between groups ($P < 0.05$). **Conclusion** The uniformity and diversity of the tongue coating is better in breastfeeding women with acute mastitis and yellow greasy coating than healthy women with thin white coating, and the species differences are mainly manifested in the higher degree of the richness of Prevotella, Prevotella and Veronococcus. **Keywords** acute mastitis; lactation period; tongue coating; yellow greasy coating; thin white coating; flora distribution

(收稿日期: 2021-02-22; 修回日期: 2021-03-28)

编辑: 王利芬