

DOI:10.13288/j.11-2166/r.2023.19.002

基于肠道菌群特征认识中医健康状态

李晗婧^{1,2}, 李灿东^{1,2}✉

1. 福建中医药大学中医证研究基地, 福建省福州市闽侯上街镇邱阳路1号, 350122; 2. 福建省中医健康状态辨识重点实验室

[摘要] 从系统的角度认识人体健康, 认为中医健康状态是人这个巨系统与环境不断进行相互运动和物质能量交换所呈现出来的动态变化的表征集合, 对其进行准确的辨识有利于了解人体共性和发展演化规律。基于肠道菌群特征进行中医健康状态辨识, 应用系统科学的研究方法结合偏序结构理论将肠道菌群所携带信息进行量化并加以利用, 将其作为中医健康状态辨识微观参数的组成部分, 从而补充和完善中医健康状态辨识体系。将系统科学与中医相结合, 进一步对生命进行研究, 为从系统角度研究中医健康状态提供思路。

[关键词] 系统科学; 肠道菌群; 中医健康状态; 整体观

生命是具有能量代谢功能, 能回应刺激及进行繁殖的开放系统^[1]。人作为一种高级生命表现形式^[2], 在人与外界进行物质能量交换及回应刺激的过程中, 生命的状态在不断变化, 所表现出来的状态可分为疾病状态、健康状态、健康与疾病间的过渡状态, 三种状态不断交替出现, 中医状态学则将生命过程中的各种状态划分为未病状态、欲病状态、已病状态与病后状态^[3-4]。生命周期中的各种状态与中医状态学中划分的各种状态相对应: 狭义的健康状态对应未病状态; 健康与疾病间的过渡状态对应欲病状态和病后状态; 疾病状态对应已病状态。广义的健康状态是对生命所处某一阶段健康状况的具体描述, 包含了以上三种状态。随着疾病医学向健康医学的转变, 既往较少关注的健康状态以及健康与疾病间的过渡状态逐渐受到大众的关注和认识。但是, 不同于疾病状态, 研究健康状态和健康与疾病间的过渡状态仅应用还原分析的方法难以触及核心。究其原因, 疾病状态是在生命活动过程中出现极端的偏差时才得以显现, 即严重的偏离(太过与不及)打破了已有的平衡, 出现容易被人们发现的矛盾; 而健康状态则是生命仍处于正常物质能量交换的平衡状态, 健康与疾病间的过渡状态虽然有偏离的趋势, 但仍处于平衡之中, 未出现易于

发现的矛盾, 故而很难应用还原分析的方法研究。

钱学森先生提出, 在研究人体这个复杂巨系统时不可以简单化, 而应该用系统的观点看待^[4]。在研究人体时, 从系统的角度整体看待生命, 更有利于揭示人体的共性规律。肠道菌群是人体中复杂系统的重要组成部分, 蕴含了大量的信息^[5], 应用系统科学的方法研究肠道菌群特征, 能够揭示复杂肠道微生态系统的规律和特点。本文从系统科学角度出发, 基于肠道菌群特征探求广义健康状态下的中医健康状态的研究思路, 试论述如下。

1 中医健康状态的概念及内涵

状态, 多指状貌特征与动作情态; 在学术领域是指对象涉及的过程, 由一组物理量来表征。表征状态的物理量越全面、规范、准确, 就能越清楚地描述和定义该状态。中医健康状态是基于中医学健康认知理论提出的, 是对人体在某一阶段健康状况系统、具体的描述, 涵盖了人的各种体质、生理特点、病理特点、病、证等概念。早在《黄帝内经》时期, 中医学就对人体生命中生、长、壮、老、已的自然过程有一定的认识和了解。生命源自天地精气交感, 父母之精媾和, 而后形成五脏六腑、精、气、血、津液、筋、骨、脉、肉、皮肤, 并随之产生一系列思维意识活动。在生命的全过程中, 仅研究过程短暂的疾病阶段很难完整地把握生命的本质, 且中医学研究生命需要把个体放到天地之间,

基金项目: 国家自然科学基金联合基金(U22A20376)

✉ 通讯作者: fjzylcd@126.com

当人体处于不同的时空,其气血功能、脏腑盛衰状态不同,外在的表征特点也随之有别。因此,中医状态学提出状态是健康认知的逻辑起点^{[3]1,4-5}。生命活动的表现本身就是一种状态,通过状态可以认识和判断生命某一阶段的特点。中医状态学在证素辨证原理的基础上,将人体健康状态划分为未病状态、欲病状态、已病状态与病后状态^{[3]3-4}。通过对状态的表征参数进行收集、辨别和归类,中医健康状态可以得到描述,故在生命的动态变化过程中,构成状态的表征参数是进行中医健康状态辨识的关键,对于准确把握中医健康状态和及时发现状态的变化至关重要。

2 系统科学视域下对中医健康状态的认识

系统科学是研究系统的结构与功能关系、演化和调控规律的科学,其研究对象为不同领域的复杂系统,通过探讨复杂系统的性质和演化规律,从而揭示各种系统的共性以及演化过程中所遵循的共同规律,以达到发展优化和调控系统方法的目的^[6]。系统科学研究主要采用系统论的原理和方法,把研究对象当作一个系统,并紧密结合近现代数学物理方法与信息科学技术等现代研究工具,如科学计算、知识发现、机器学习等,站在宏观的角度分析系统的结构和功能,研究系统、要素、环境三者的相互关系和变动的规律性,并优化系统观点。

在系统科学视域下,世界上任何事物都可以看作一个系统,人是复杂的开放巨系统^[4]。首先,人体是复杂的,构成人体的各种物质的排列组合、发挥功能、各脏器有序配合等,均是在一种极其复杂的机制下进行的。宏观层面的血、肉、筋、脉、皮、骨、五脏六腑等,微观层面的细胞、线粒体、核酸等,虽然个体都是由这些相同物质构成,但完全相同的两种个体却不存在,由此可见人体是个性化的,而这也同时体现了其复杂性。其次,生命是开放的,生命存在的整个过程中在不断与环境进行物质和能量交换。也正因为生命开放的属性,表征状态的参数是在不断动态变化的。最后,人体是一个巨系统。现代医学虽然把人体分为若干个系统,但要实现相应的功能,各个系统却是不可分割的,需要用系统的研究方法阐释人体的规律,这与中医学的整体观念不谋而合。因此,从系统科学的角度研究,更有可能清晰探究到人体的共性及演化规律。

在系统科学视域下认识中医健康状态,宏观的

健康状态是人体这个巨系统与环境不断进行相互运动和物质能量交换所呈现出来的动态变化的表征集合。而在这个不断变化着的动态过程中,呈现的大量表征信息很难被收集、辨别并揭示其规律。特别是对于健康状态、欲病状态和病后状态而言,因其处于相对平衡的状态下,其表征信息难以呈现出易于被发现的特征,因而增加了解读和探究此种状态的难度。借助现代数学物理方法与信息科学技术等现代研究工具,可以将人体各个状态所呈现的大量信息按照一定规律分析、处理,得到从系统和整体角度的共同规律。

3 系统科学视域下基于肠道菌群特征认识中医健康状态的思路

肠道菌群作为人体巨系统中一个极其复杂的组成部分,其本身也是一个复杂系统,蕴含了大量的信息^[5]。近年来国内外开展了很多肠道菌群与人体健康的相关研究,对其认识也逐步深入^[7],但存在研究结果不一致的现象。研究发现对于某一特定菌属而言,其对健康和疾病的作用是存有争议的^[8],其对人体有益和有害的作用在不同疾病或同一疾病中得出的研究结论均显示出不同的效应和特征^[9-11]。因此,目前所采用研究方法得到的争议性结论在一定程度上限制了将肠道菌群所携带信息应用于临床以及对肠道菌群共性规律的进一步研究。

偏序结构理论由燕山大学洪文学及其团队首次提出,该理论可以解决运用形式概念分析理论进行大数据研究应用时,因形式背景中对象数量和属性数量过于庞大,而导致概念生成的计算复杂度增加、生成的概念格结构复杂、概念节点之间的关联关系不容易发现、概念层次关系不清楚等问题^[12-14]。将偏序结构理论应用于分析庞大且复杂无序的数据,可以更容易地发现其潜藏的深层次抽象性特征,从而从海量数据中提取出有意义、有价值的信息。

中医状态学中将状态表征参数按照采集范围的大小分为宏观、微观、中观参数,其中微观参数主要包括“理、化、病”三个部分,即现代医学的各种技术手段获得的信息,以及部分中医学可量化的信息^[15]。应用宏基因测序、16S rRNA 等基因测序技术对肠道菌群进行检测,能使肠道菌群特征信息得以量化,可以作为中医健康状态辨识微观参数的组成部分,补充和完善微观辨证体系。但是肠道菌群各菌种以及细菌与宿主、环境之间的相互作用所

4 小结

综上所述,在系统科学视域下基于肠道菌群特征研究中医健康状态,将肠道菌群看作一个系统而整体对待,并借助现代研究工具如偏序结构理论等,对肠道菌群所携带的庞大信息进一步处理、关联、提取,得到有意义、有价值的信息,从而得到可以应用于中医健康状态辨识的肠道菌群相关的微观参数。从系统的角度研究肠道菌群特征,一方面,可以丰富中医健康状态辨识微观参数的组成体系,为更准确地进行微观辨证提供更为全面的信息支撑;另一方面,整体、系统的研究有利于对肠道菌群的进一步认识,以及为肠道微生态系统发展演化规律的探索提供新的研究方法,有利于肠道菌群信息的有效应用。

系统科学将研究对象看作一个系统的研究方法与中医学整体观念十分契合,在系统科学视域下基于肠道菌群特征认识中医健康状态是从系统的角度对中医学整体观念进行更深层次的诠释与理解。系统论对人体复杂、开放、巨系统的定义与中医学研究人体健康整体、动态、个性化的要求相似,借助系统科学的研究方法结合中医学研究思路,以期推动系统-中医学研究模式,为从系统角度研究中医健康状态提供思路。

参考文献

- [1]任晓明.生命本质辨析[J].南开学报,2003(2):91-96.
- [2]张进峰.论人的存在的多层次性[J].太原师范学院学报(社会科学版),2014,13(4):4-15.
- [3]李灿东.中医状态学[M].2版.北京:中国中医药出版社,2021.
- [4]钱学森.论人体科学与现代科技[M].上海:上海交通大学出版社,1998:53.
- [5]王瑞君.人体的胃肠道微生态系统和微生态失衡[J].渝西学院学报(自然科学版),2005,4(4):39-41.
- [6]张祥生,肖厚智.系统科学[M].武汉:武汉理工大学出版社,2003:1-7.
- [7]CANI PD. Human gut microbiome: hopes, threats and promises[J]. Gut, 2018, 67(9):1716-1725.
- [8]VACCA M, CELANO G, CALABRESE FM, et al. The controversial role of human gut lachnospiraceae [J]. Microorganisms, 2020, 8(4):573.
- [9]ESQUIVEL-HERNÁNDEZ DA, MARTÍNEZ-LÓPEZ YE,

- SÁNCHEZ-CASTAÑEDA JP, et al. A network perspective on the ecology of gut microbiota and progression of type 2 diabetes: linkages to keystone taxa in a Mexican cohort [J]. Front Endocrinol (Lausanne), 2023, 14: 1128767. doi:10.3389/fendo.2023.1128767.
- [10]WANG P, LI D, KE W, et al. Resveratrol-induced gut microbiota reduces obesity in high-fat diet-fed mice [J]. Int J Obes (Lond), 2020, 44(1):213-225.
- [11]TETTAMANZI F, BAGNARDI V, LOUCA P, et al. A high protein diet is more effective in improving insulin resistance and glycemic variability compared to a mediterranean diet: a cross-over controlled inpatient dietary study [J]. Nutrients, 2021, 13(12):4380.
- [12]ZHANG T, LI H, HONG WX, et al. Deep first formal concept search [J]. Sci World J, 2014, 2014: 275679. doi:10.1155/2014/275679.
- [13]洪文学,李少雄,张涛,等.大数据偏序结构生成原理[J].燕山大学学报,2014,38(5):388-393,402.
- [14]洪文学,栾景民,张涛,等.基于偏序结构理论的知识发现方法[J].燕山大学学报,2014,38(5):394-402.
- [15]张媛媛,詹杰,李灿东,等.基于状态辨识的微观指标中医内涵研究[J].中华中医药杂志,2022,37(12):6992-6994.
- [16]PAREEK CS, SMOCZYNSKI R, TRETYN A. Sequencing technologies and genome sequencing [J]. J Appl Genet, 2011, 52(4):413-435.
- [17]LIU L, LI Y, LI S, et al. Comparison of next-generation sequencing systems [J]. J Biomed Biotechnol, 2012, 2012:251364. doi: 10.1155/2012/251364.
- [18]BECK TF, MULLIKIN JC, BIESECKER LG. Systematic evaluation of sanger validation of next-generation sequencing variants [J]. Clin Chem, 2016, 62(4):647-654.
- [19]VERMA M, KULSHRESTHA S, PURI A. Genome Sequencing [J]. Methods Mol Biol, 2017, 1525:3-33. doi:10.1007/978-1-4939-6622-6_1.
- [20]ADAK A, KHAN MR. An insight into gut microbiota and its functionalities [J]. Cell Mol Life Sci, 2019, 76(3):473-493.
- [21]刘驰,李家宝,芮俊鹏,等.16S rRNA 基因在微生物生态学中的应用 [J].生态学报,2015,35(9):2769-2788.
- [22]王景.16S rRNA 基因二代测序中的测序深度与测序错误对微生物群落多样性分析的影响 [D].上海:上海交通大学,2018.

(下转第1960页)