

妊娠期糖尿病孕妇糖脂代谢状态对新生儿免疫功能、胎便菌群、炎症因子的影响

宋艳宁,郑莉霞,孔玉玲,石国素,逯彩虹

(邢台市中心医院产科,河北 邢台 054000)

[摘要]目的 分析妊娠期糖尿病(GDM)孕妇糖脂代谢状态对新生儿免疫功能、肠道菌群、炎症因子的影响。**方法** 选取2021年3月至2023年3月于某院收治的GDM孕妇87例为GDM组,同期选取某院产检及分娩的健康孕妇87例为对照组。采用 t 检验比较两组孕妇的糖脂代谢水平以及两组新生儿(24h内)炎症因子、肠道菌群以及免疫功能的差异,并采用Pearson相关性分析GDM孕妇糖脂代谢水平与新生儿各项指标的相关性。**结果** GDM组餐后2h血糖(2hPBG)、空腹血糖(FBG)、三酰甘油(TG)、总胆固醇(TC)、低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C)指标均高于对照组(t 值范围为2.846~6.178,均 $P<0.05$),高密度脂蛋白胆固醇(HDL-C)低于对照组(t 值为3.788, $P<0.05$)。GDM组新生儿白细胞介素6(IL-6)、白细胞介素10(IL-10)均高于对照组(t 值分别为42.206、25.671,均 $P<0.05$)。GDM组新生儿变形菌门相对丰度高于对照组(χ^2 值为3.937, $P<0.05$);厚壁菌门相对丰度、Shannon指数、Simpson指数均低于对照组(χ^2/t 值分别为4.143、3.610、5.786,均 $P<0.05$)。GDM组新生儿CD8⁺T淋巴细胞高于对照组(t 值为6.678, $P<0.05$),CD4⁺T淋巴细胞、CD4⁺/CD8⁺、免疫球蛋白A(IgA)、免疫球蛋白G(IgG)、免疫球蛋白M(IgM)低于对照组(t 值范围为6.045~11.462,均 $P<0.05$)。Pearson相关性分析显示,GDM组孕妇HDL-C与新生儿IL-6、IL-10、CD4⁺、CD4⁺/CD8⁺、厚壁菌门相对丰度、Shannon指数、Simpson指数、IgA、IgG、IgM均呈正相关(r 值范围在0.327~0.713之间,均 $P<0.05$),与变形菌门相对丰度、CD8⁺均呈负相关(r 值分别为-0.412、-0.722,均 $P<0.05$);而GDM组孕妇2hPBG、FBG、TG、TC、LDL-C与新生儿IL-6、IL-10、厚壁菌门相对丰度、Shannon指数、Simpson指数以及CD4⁺、CD4⁺/CD8⁺、IgA、IgG、IgM均呈负相关(r 值范围分别在-0.552~-0.238、-0.664~-0.214、-0.727~-0.229、-0.649~-0.201、-0.724~-0.279之间,均 $P<0.05$),与变形菌门相对丰度、CD8⁺均呈正相关(r 值范围分别为0.596~0.658、0.423~0.424、0.587~0.641、0.419~0.442、0.428~0.574,均 $P<0.05$)。**结论** 妊娠期糖尿病孕妇糖脂代谢存在紊乱现象,可影响新生儿的肠道菌群、免疫功能,且新生儿易合并感染。

[关键词]妊娠期糖尿病;糖脂代谢;新生儿;炎症因子;肠道菌群;免疫功能

Doi:10.3969/j.issn.1673-5293.2025.11.009

[中图分类号]R173

[文献标识码]A

[文章编号]1673-5293(2025)11-0060-07

Effects of glucose and lipid metabolic status in pregnant women with gestational diabetes mellitus on neonatal immune function, meconium microbiota, and inflammatory factors

SONG Yanning, ZHENG Lixia, KONG Yuling, SHI Guotai, LU Caihong

(Department of Obstetrics, Xingtai Central Hospital, Hebei Xingtai 054000, China)

[Abstract] Objective To analyze the effects of glucose and lipid metabolism status in pregnant women with gestational diabetes mellitus (GDM) on neonatal immune function, intestinal flora, and inflammatory factors. **Methods** A total of 87 pregnant women with GDM admitted to Xingtai Central Hospital from March 2021 to March 2023 were selected as GDM group, and 87 healthy pregnant women with normal prenatal examination and delivery were selected as control group. The t -test was used to compare the differences in glucose and lipid metabolism levels between the two groups of pregnant women, as well as the differences in inflammatory factors, intestinal flora, and immune function of neonates (within 24 hours after birth) between the two groups. Pearson correlation analysis was used to analyze the correlation between glucose and lipid metabolism levels of GDM pregnant women and various neonatal indicators. **Results** The indexes of postprandial 2-hour blood glucose (2hPBG), fasting blood glucose (FBG), triglyceride (TG), total cholesterol (TC), and low-density lipoprotein cholesterol (LDL-C) in GDM group were higher than those in control group ($t = 2.846-6.178$, $P < 0.05$), while high-density lipoprotein cholesterol (HDL-C) was lower than that in control group ($t = 3.788$, $P < 0.05$). Neonates in the GDM group had significantly higher levels of interleukin-6 (IL-6) and

[收稿日期]2025-02-21

[基金项目]邢台市重点研发计划自筹项目(2022ZC175)

[作者简介]宋艳宁(1988—),硕士,主治医师,主要研究方向:产科。

[通讯作者]逯彩虹,副教授。

interleukin-10 (IL-10) compared with controls ($t = 42.206$ and 25.671 , respectively, $P < 0.05$). The relative abundance of Proteobacteria was higher in the GDM group ($\chi^2 = 3.937$, $P < 0.05$), whereas the relative abundance of Firmicutes, Shannon index, and Simpson index were lower ($\chi^2/t = 4.143, 3.610$ and 5.786 , respectively, $P < 0.05$). The proportion of CD8⁺ T lymphocytes in neonates was higher in the GDM group ($t = 6.678$, $P < 0.05$), while CD4⁺ T lymphocytes, CD4⁺/CD8⁺ ratio, and immunoglobulins A, G, and M (IgA, IgG, IgM) were all lower than in the control group ($t = 6.045-11.462$, $P < 0.05$). Pearson correlation analysis showed that maternal HDL-C in GDM group was positively correlated with neonatal IL-6, IL-10, relative abundance of Firmicutes, Shannon index, Simpson index, CD4⁺, CD4⁺/CD8⁺, IgA, IgG and IgM ($r = 0.327-0.713$, $P < 0.05$), but negatively correlated with relative abundance of Proteobacteria and CD8⁺ ($r = -0.412, -0.722$, respectively, $P < 0.05$). In GDM group, 2 h PBG, FBG, TG, TC and LDL-C were negatively correlated with neonatal IL-6, IL-10, relative abundance of Firmicutes, Shannon index, Simpson index, CD4⁺, CD4⁺/CD8⁺, IgA, IgG and IgM (the ranges of r were -0.552 to -0.238 , -0.664 to -0.214 , -0.727 to -0.229 , -0.649 to -0.201 , and -0.724 to -0.279 , respectively, $P < 0.05$), but positively correlated with relative abundance of Proteobacteria and CD8⁺ (the ranges of r were 0.596 to 0.658 , 0.423 to 0.424 , 0.587 to 0.641 , 0.419 to 0.442 , and 0.428 to 0.574 , respectively, $P < 0.05$). **Conclusion** Pregnant women with GDM exhibit disturbances in glucose and lipid metabolism, which can adversely affect neonatal intestinal microbiota composition and immune function, increasing susceptibility to infection in newborns.

[Key words] gestational diabetes mellitus; glucose and lipid metabolism; neonate; inflammatory factor; intestinal microbiota; immune function

在全球,妊娠期糖尿病(gestational diabetes mellitus, GDM)患病率有显著上升趋势,且其发病机制复杂,其中有 20%~30% 的孕妇出现妊娠期糖脂代谢紊乱,提示糖脂代谢紊乱在其发病中起重要作用^[1]。GDM 孕妇的血糖水平上升,可能会对肠道微生物的生态环境造成影响,进而改变肠道菌群的组成与生理功能^[2];高脂血症可通过肠道中微生物的种类和数量,间接影响肠道菌群的组成与生理功能^[3]。肠道菌群的变化可以调节宿主肠道的免疫状态,影响机体对有害物质的免疫反应^[4]。GDM 新生儿在出生 2~3 天内常伴有肺透明膜病、感染等,提示 GDM 孕妇分娩的新生儿抵抗力低下,易合并感染^[5]。目前,有关 GDM 对新生儿肠道菌群、免疫功能影响的研究较少,且研究对象多为早期新生儿,缺乏患 GDM 孕妇的糖脂代谢状态与新生儿肠道菌群、免疫功能的相关研究。因此,本研究旨在分析患 GDM 孕妇与健康孕妇的糖脂代谢水平差异,比较两组新生儿炎症因子、肠道菌群、免疫功能指标的差异,分析上述指标与 GDM 孕妇糖脂代谢水平之间的相关性,为 GDM 的预防和治疗提供临床参考价值。

1 资料与方法

1.1 研究对象

选取 2021 年 3 月至 2023 年 3 月于某院收治的患 GDM 孕妇 87 例为 GDM 组,同期选取于某院产检及分娩的健康孕妇 87 例为对照组。

1.2 纳排标准

GDM 孕妇的纳入标准:①符合《妊娠期高血糖诊治指南(2022)[第二部分]》^[6]中关于 GDM 的诊断标准;②单胎;③年龄 22~43 岁;④认知功能正常。排除标准:①合并其他代谢性疾病;②合并心肝肾、血流等系统疾病;③合并胎停育、流产、早产等妊娠并发症;④合并肿瘤、感染性疾病;⑤应用免疫抑制剂、抗生素等治疗;⑥新生儿出现窒息、先天性畸形等。其中, GDM 的具体诊断标准为:孕妇在妊娠 24~28 周进行 75g 口服葡萄糖耐量试验(oral glucose tolerance test, OGTT)。如果空腹、口服葡萄糖后 1h、2h 的血糖值分别达到或超过 5.1、10.0、8.5mmol/L,则可以诊断为 GDM。

新生儿的纳入标准:①足月分娩;②出生时健康状况良好;③均为人工喂养方式。排除标准:①出生时有严重疾病或并发症,如严重感染、新生儿窒息等;②低出生体重儿;③有遗传性疾病;④孕妇在产期期间使用抗生素。

本研究经医院医学伦理委员会审批,且研究对象均签署知情同意书。

1.3 方法

1.3.1 糖脂代谢检测

于两组孕妇分娩前 24h 内统一采集空腹静脉血 5mL,离心后经美国贝克曼公司的 AU5800 生化分析仪测定餐后 2h 血糖(two hours postprandial

blood glucose, 2hPBG)、空腹血糖(fasting blood glucose, FBG)、高密度脂蛋白胆固醇(high density lipoprotein-cholesterol, HDL-C)、低密度脂蛋白胆固醇(low density lipoprotein-cholesterol, LDL-C)、总胆固醇(total cholesterol, TC)、三酰甘油(triglyceride, TG)水平。所有血样采集均在孕 37~42 周完成,以避免孕周差异对代谢指标的干扰。

1.3.2 粪便采集与 16SrDNA 高通量测序

采集分娩后 24h 内新生儿粪便 200mg, 取样后置 -80℃ 冰箱备用。采用美国 Qiagen 公司生产的 DNA 提取试剂盒, 使用美国 Thermo Fisher Scientific 公司生产的 NanoDrop 2000 从粪便样本中提取 DNA, 进行其浓度检测。检测合格的 DNA 样本对 16SrDNA 基因的 V3~V4 区进行 PCR 扩增, 纯化 PCR 产物后, 测定 PCR 产物浓度。采用 Illumina Hiseq2500 高能量测序平台对合格的 PCT 产物进行文库测序。基于多样性分析、分类学信息对肠道菌群相对丰度、菌群 α -多样性的差异进行分析。肠道菌群相对丰度是指特定细菌种类或类群(如门、属)在所有检测到的细菌中所占的比例百分比, 用于描述样本中不同菌群的组成结构。菌群 α -多样性是指单个样本内部的微生物群落多样性, 常用指标如相对丰度、Shannon 指数、Simpson 指数等, 用于评估样

本内菌群的复杂性和稳定性。

1.3.3 炎症、免疫功能指标的检测

在分娩后 24h 内, 应用肝素钠抗凝负压真空采血管立即采集新生儿空腹静脉血 2mL, 4h 内进行处理, 采用安捷伦 D2060R 流式细胞仪检测 CD4⁺、CD8⁺T 淋巴细胞, 采用免疫扩散法测定免疫球蛋白 A(Immunoglobulin A, IgA)、免疫球蛋白 G(Immunoglobulin G, IgG)、免疫球蛋白 M(Immunoglobulin M, IgM), 采用酶联免疫吸附法检测白细胞介素-6(interleukin 6, IL-6)、白细胞介素-10(interleukin 10, IL-10)。

1.4 统计学方法

应用 SPSS 25.0 行数据分析。计数资料以 n(%) 表示, 行 χ^2 检验; 符合正态分布的计量资料以 ($\bar{x} \pm s$) 表示, 两组间 t 检验; 使用 Pearson 相关性分析法分析连续性变量间的关系。 $P < 0.05$ 提示差异有统计学意义。

2 结果

2.1 两组一般资料比较

两组孕妇、新生儿一般资料经比较发现, 差异均无统计学意义 ($P > 0.05$)。见表 1。

表 1 两组一般资料比较 [$\bar{x} \pm s, n(\%)$]

Table 1 Comparison of general data between the two groups [$\bar{x} \pm s, n(\%)$]

变量	GDM 组 (n=87)	对照组 (n=87)	χ^2/t	P
母亲年龄(岁)	32.68±4.83	32.72±4.91	0.054	0.957
新生儿性别			0.370	0.543
男	45(51.72)	49(56.32)		
女	42(48.28)	38(43.68)		
孕周(周)	39.39±1.15	39.30±1.12	0.523	0.602
体质指数(kg/m ²)	23.84±2.71	23.97±2.65	0.320	0.749
出生体重(kg)	3.73±0.55	3.69±0.58	0.467	0.641
分娩方式			0.710	0.399
阴道分娩	60(68.97)	65(74.71)		
剖宫产	27(31.03)	22(25.29)		
喂养方式			—	—
母乳喂养	0	0		
人工喂养	87(100.00)	87(100.00)		

注: —表示无数据。

2.2 GDM 组与对照组孕妇糖脂代谢比较
GDM 组孕妇的 2hPBG、FBG、TG、TC、LDL-C
指标较高于对照组(t 值分别为 5.496、6.178、5.769、

2.846、5.513,均 $P<0.05$),HDL-C 低于对照组(t 值为 3.788, $P<0.05$)。见表 2。

表 2 GDM 组与对照组孕妇糖脂代谢比较($\bar{x}\pm s$)
Table 2 Comparison of glucose and lipid metabolism between GDM group and control group ($\bar{x}\pm s$)

指标	GDM 组(n=87)	对照组(n=87)	t	P
2hPBG(mmol/L)	8.32±1.88	7.14±0.69	5.496	<0.001
FBG(mmol/L)	5.23±0.99	4.47±0.58	6.178	<0.001
HDL-C(mmol/L)	1.54±0.38	1.77±0.42	3.788	<0.001
LDL-C(mmol/L)	3.15±0.96	2.43±0.75	5.513	<0.001
TG(mmol/L)	2.68±0.64	2.17±0.52	5.769	<0.001
TC(mmol/L)	5.36±0.79	5.04±0.69	2.846	0.005

2.3 GDM 组与对照组新生儿炎症指标比较
GDM 组新生儿 IL-6、IL-10 均高于对照组(t 值

分别为 42.206、25.671,均 $P<0.05$)。见表 3。

表 3 GDM 组与对照组新生儿炎症指标比较($\bar{x}\pm s$)
Table 3 Comparison of neonatal inflammatory markers between GDM group and control group ($\bar{x}\pm s$)

项目	GDM 组(n=87)	对照组(n=87)	t	P
IL-6(pg/mL)	156.24±22.48	43.29±10.85	42.206	<0.001
IL-10(pg/mL)	24.18±5.03	9.78±1.44	25.671	<0.001

2.4 GDM 组与对照组新生儿肠道菌群比较
GDM 组新生儿变形菌门相对丰度高于对照组
(χ^2 值为 3.937, $P<0.05$),厚壁菌门相对丰度、Shan-

non 指数、Simpson 指数均低于对照组(χ^2/t 值分别为 4.143、3.610、5.786,均 $P<0.05$)。见表 4。

表 4 GDM 组与对照组新生儿肠道菌群比较[$\bar{x}\pm s,n(\%)$]
Table 4 Comparison of neonatal intestinal flora between GDM group and control group [$\bar{x}\pm s,n(\%)$]

指标	GDM 组(n=87)	对照组(n=87)	χ^2/t	P
菌群相对丰度				
变形菌门			3.937	0.047
是	55(63.22)	42(48.28)		
否	32(36.78)	45(51.72)		
厚壁菌门			4.143	0.042
是	18(20.69)	30(34.48)		
否	69(79.31)	57(65.52)		
菌群 α -多样性				
Shannon 指数	4.73±1.28	5.52±1.59	3.610	<0.001
Simpson 指数	0.76±0.23	0.98±0.27	5.786	<0.001

2.5 GDM 组与对照组新生儿免疫功能比较
GDM 组新生儿 CD8⁺ 高于对照组(t 值为 6.678,
 $P<0.05$),CD4⁺、CD4⁺/CD8⁺、IgA、IgG、IgM 低于

对照组(t 值分别为 8.887、6.433、6.045、11.240、11.462,均 $P<0.05$)。见表 5。

表 5 GDM 组与对照组新生儿免疫功能比较($\bar{x} \pm s$)Table 5 Comparison of neonatal immune function between GDM group and control group ($\bar{x} \pm s$)

项目	GDM 组(n=87)	对照组(n=87)	<i>t</i>	<i>P</i>
细胞免疫指标(%)				
CD4 ⁺	27.49±4.36	34.29±5.65	8.887	<0.001
CD8 ⁺	25.96±5.63	20.39±5.37	6.678	<0.001
CD4 ⁺ /CD8 ⁺	1.57±0.28	1.89±0.37	6.433	<0.001
体液免疫指标(g/L)				
IgA	2.77±0.63	3.39±0.72	6.045	<0.001
IgG	8.74±1.59	12.06±2.25	11.240	<0.001
IgM	0.78±0.28	1.37±0.39	11.462	<0.001

2.6 GDM 组孕妇糖脂代谢指标与新生儿炎症、肠道菌群、免疫功能指标的相关性

Pearson 相关性分析结果显示,GDM 组孕妇 HDL-C 与新生儿 IL-6、IL-10、厚壁菌门相对丰度、Shannon 指数、Simpson 指数以及 CD4⁺、CD4⁺/CD8⁺、IgA、IgG、IgM 呈正相关(r 值范围在 0.327~0.713 之间,均 $P<0.05$),与变形菌门相对丰度、CD8⁺ 呈负相关(r 值分别为 -0.412、-0.722,均 $P<0.05$);而 GDM 组孕妇 2hPBG、FBG、TG、TC、

LDL-C 与新生儿 IL-6、IL-10、厚壁菌门相对丰度、Shannon 指数、Simpson 指数以及 CD4⁺、CD4⁺/CD8⁺、IgA、IgG、IgM 呈负相关(r 值范围分别在 -0.552~-0.238、-0.664~-0.214、-0.727~-0.229、-0.649~-0.201、-0.724~-0.279 之间,均 $P<0.05$),与变形菌门相对丰度、CD8⁺ 呈正相关(r 值范围分别为 0.596~0.658、0.423~0.424、0.587~0.641、0.419~0.442、0.428~0.574,均 $P<0.05$)。见表 6。

表 6 GDM 组孕妇糖脂代谢指标与新生儿炎症因子、肠道菌群、免疫功能指标的相关性

Table 6 Correlation between glucose and lipid metabolism indexes of pregnant women in GDM group and neonatal inflammatory factors,intestinal flora and immune function indexes

指标		2hPBG	FBG	TG	TC	LDL-C	HDL-C
炎症因子							
IL-6	r/P	-0.394/<0.001	-0.596/<0.001	-0.527/<0.001	-0.426/<0.001	-0.339/<0.001	0.581/<0.001
IL-10	r/P	-0.486/<0.001	-0.523/<0.001	-0.469/<0.001	-0.338/<0.001	-0.339/<0.001	0.684/<0.001
肠道菌群指标							
厚壁菌门相对丰度	r/P	-0.552/<0.001	-0.427/<0.001	-0.538/<0.001	-0.649/<0.001	-0.724/<0.001	0.516/<0.001
变形菌门相对丰度	r/P	0.658/<0.001	0.424/<0.001	0.587/<0.001	0.419/<0.001	0.428/<0.001	-0.412/<0.001
Shannon 指数	r/P	-0.417/<0.001	-0.334/<0.001	-0.229/0.038	-0.208/0.045	-0.643/<0.001	0.589/<0.001
Simpson 指数	r/P	-0.427/<0.001	-0.573/<0.001	-0.482/<0.001	-0.441/<0.001	-0.362/<0.001	0.471/<0.001
免疫功能指标							
CD4 ⁺	r/P	-0.369/<0.001	-0.376/<0.001	-0.426/<0.001	-0.576/<0.001	-0.448/<0.001	0.713/<0.001
CD8 ⁺	r/P	0.596/<0.001	0.423/<0.001	0.641/<0.001	0.442/<0.001	0.574/<0.001	-0.722/<0.001
CD4 ⁺ /CD8 ⁺	r/P	-0.238/0.031	-0.546/<0.001	-0.422/<0.001	-0.579/<0.001	-0.435/<0.001	0.615/<0.001
IgA	r/P	-0.523/<0.001	-0.214/0.041	-0.419/<0.001	-0.201/0.047	-0.279/0.027	0.620/<0.001
IgG	r/P	-0.532/<0.001	-0.664/<0.001	-0.727/<0.001	-0.450/<0.001	-0.316/<0.001	0.327/<0.001
IgM	r/P	-0.426/<0.001	-0.374/<0.001	-0.532/<0.001	-0.386/<0.001	-0.338/<0.001	0.425/<0.001

3 讨论

3.1 GDM 孕妇显著糖脂代谢紊乱与新生儿炎症的关联

GDM 是由各种致病因子(免疫因素、肠道菌群失衡等)导致机体发生胰岛素抵抗等而引发糖脂、电解质等一系列代谢紊乱综合征^[7-8]。本研究通过对比 GDM 孕妇和正常孕妇的糖脂代谢指标发现, GDM 孕妇的糖脂代谢指标变化非常明显,提示 GDM 可导致糖脂代谢紊乱。有文献^[9-11]显示,炎症在 GDM 的糖脂代谢发生发展过程中起着重要作用。本研究 GDM 组新生儿 IL-6、IL-10 水平明显升高,提示炎症可通过胎盘物质转换作用,增加 GDM 孕妇分娩新生儿的感染风险^[12-13]。

3.2 GDM 通过多途径影响新生儿肠道菌群定植与多样性

GDM 除了是一种代谢性疾病外,还是一种低级的慢性炎症反应,这种炎症存在于胎盘、血清、脂肪组织中^[14-15]。本研究显示, GDM 组新生儿的菌群分布、菌群 α -多样性均有显著变化,且孕妇糖脂代谢指标与新生儿肠道菌群、免疫功能关系密切,机制是:①饮食结构: GDM 孕妇高糖高脂、低纤维素饮食可导致肠道菌群失衡,与母婴不良结局相关^[16];这种失衡状态可能通过垂直传播影响新生儿。②血液成分传递: GDM 孕妇的脂代谢指标通过胎盘血液传递给新生儿,直接或间接影响新生儿肠道菌群的代谢与生长^[17];③分泌物中微生物含量:在 GDM 孕妇中,由于糖脂代谢异常,使分泌物中的微生物(病毒、细菌等)含量往往高于正常孕妇,这些微生物通过母婴传递影响新生儿的肠道菌群定植^[18]。此外,肠道菌群通过肠-脑轴与宿主的免疫系统相互作用,对新生儿的免疫功能发育与调节可能产生潜在的影响^[19]。值得注意的是,本研究所有新生儿均采用配方奶喂养,而喂养方式(如母乳喂养与配方奶喂养)已被证实对新生儿肠道菌群的定植和多样性具有显著影响。例如,母乳中含有益生元和免疫活性成分,可能促进有益菌(如双歧杆菌)的生长并增强免疫功能;而配方奶喂养可能因成分差异导致菌群结构偏向变形菌门等潜在致病菌的增殖。本研究未纳入母乳喂养儿,可能限制了结果的普适性。未来研究需进一步探讨不同喂养方式下 GDM 孕妇糖脂代谢对

新生儿菌群及免疫功能的差异化影响。

3.3 GDM 代谢紊乱与新生儿免疫功能的潜在关系

GDM 孕妇的糖脂代谢变化可改变孕妇的肠道菌群分布,可能会进一步影响新生儿肠道菌群的建立与免疫功能^[20-21]。GDM 组孕妇糖脂代谢指标与新生儿炎症、免疫功能指标的相关性,提示 GDM 通过炎症反应可影响新生儿的免疫功能。原因可能是: GDM 导致的高血糖环境增强了氧化应激反应,可能干扰了胎儿免疫系统的正常发育^[22]; GDM 还可能激活新生儿体内的炎症反应,如果炎症反应过度,可能会导致组织损伤和免疫功能紊乱;此外,高血糖环境还可能改变 T 细胞功能而影响到新生儿的免疫反应^[23]。

3.4 小结

本研究探讨了 GDM 孕妇糖脂代谢异常与新生儿炎症、肠道菌群及免疫功能的关系,揭示了 GDM 对母婴健康的潜在影响及其可能机制,为保障临床 GDM 孕妇胎儿的健康生长发育具有重要意义。

GDM 孕妇表现出糖脂代谢的显著变化,不仅影响孕妇自身的健康,还可通过多种机制影响新生儿的健康状况。具体来说, GDM 孕妇的糖脂代谢变化与新生儿的炎症水平、肠道菌群分布以及免疫功能之间存在着关联。表明 GDM 孕妇的代谢状况可以通过新生儿的炎症反应、肠道菌群平衡与免疫反应,进而可能影响到新生儿的远期健康。但本研究也存在着样本量不足的缺陷,且影响 GDM 新生儿免疫因素也是多方面的,本研究指标有限,日后将行大样本、多中心的继续进行研究。

[参考文献]

- [1] Mu J, Guo X, Zhou Y, et al. The effects of probiotics/synbiotics on glucose and lipid metabolism in women with gestational diabetes mellitus: a meta-analysis of randomized controlled trials [J]. *Nutrients*, 2023, 15 (6): 1375.
- [2] Song Z, Li S, Li R. An investigation into the correlation of intestinal flora with obesity and gestational diabetes mellitus [J]. *Comput Math Methods Med*, 2022, 2022: 5677073.
- [3] 饶安阳, 杨晶艳, 刘辰昊, 等. 肠道菌群与妊娠期糖尿病

- (GDM)发生的关联性 Meta 分析[J].临床医学进展, 2020,10(11):2766-2778.
- [4]Shao T, Hsu R, Rafizadeh DL, et al. The gut ecosystem and immune tolerance[J]. *J Autoimmun*, 2023, 141(1): 103114.
- [5]杨洋, 华子瑜. 妊娠期糖尿病对新生儿不良临床结局影响的研究进展[J]. 临床医学进展, 2022, 12(4): 3168-3174.
- [6]中华医学会妇产科学分会产科学组, 中华医学会围产医学分会, 中国妇幼保健协会妊娠合并糖尿病专业委员会. 妊娠期高血糖诊治指南(2022)[第二部分][J]. 中华妇产科杂志, 2022, 57(2): 81-90.
- [7]Sweeting A, Wong J, Murphy H R, et al. A clinical update on gestational diabetes mellitus[J]. *Endocr Rev*, 2022, 43(5): 763-793.
- [8]Chatzakis C, Cavoretto P, Sotiriadis A. Gestational diabetes mellitus pharmacological prevention and treatment [J]. *Curr Pharm Des*, 2021, 27(36): 3833-3840.
- [9]罗艳, 李玉林, 尹恒. 熊果酸调控 TLR4/MyD88/NF- κ B 通路改善 GDM 大鼠糖脂代谢及炎症反应和氧化应激[J]. 中国妇幼健康研究, 2024, 35(1): 6-12.
- [10]陈霏, 张秋艺, 陈学婷. 妊娠糖尿病患者血清 LP-PLA2 及炎症因子水平变化与 HOMA-IR, 糖脂代谢指标的相关性[J]. 临床和实验医学杂志, 2021, 20(13): 1426-1429.
- [11]Khambule L, George J A. The role of in the development of GDM and the use of markers of inflammation in GDM screening[J]. *Adv Exp Med Biol*, 2019, 1134(1): 217-242.
- [12]杨婷, 游一平, 唐雅兵, 等. 炎症因素及肠道菌群调节对妊娠期糖尿病的影响[J]. 中国生育健康杂志, 2021, 32(4): 350-353.
- [13]赵亚玲, 武坤, 王凯, 等. 妊娠期糖尿病宫内高血糖环境对子代外周炎症反应的影响[J]. 昆明医科大学学报, 2023, 44(11): 70-75.
- [14]胡天晓, 王秀景, 阮芸, 等. 高糖通过激活 NLRP3 炎症小体促进胎盘滋养细胞 IL-1 β 、IL-18 的释放[J]. 中华内分泌代谢杂志, 2022, 38(1): 36-41.
- [15]杨蕊华, 袁仙仙, 李光辉. 炎症相关指标与妊娠期糖尿病关系的研究进展[J]. 中华围产医学杂志, 2023(4): 344-349.
- [16]Wastyk H C, Fragiadakis G K, Perelman D, et al. Gut-microbiota-targeted diets modulate human immune status[J]. *Cell*, 2021, 184(16): 4137-4153.
- [17]Ponzo V, Fedele D, Goitre I, et al. Diet-gut microbiota interactions and gestational diabetes mellitus (GDM) [J]. *Nutrients*, 2019, 11(2): 330.
- [18]Chen T, Qin Y, Chen M, et al. Gestational diabetes mellitus is associated with the neonatal gut microbiota and metabolome[J]. *BMC Med*, 2021, 19(1): 120.
- [19]Hasain Z, Mokhtar NM, Kamaruddin NA, et al. Gut microbiota and gestational diabetes mellitus: a review of host-gut microbiota interactions and their therapeutic potential[J]. *Front Cell Infect Microbiol*, 2020, 10(1): 188.
- [20]Ding Q, Hu Y, Fu Y, et al. Systematic review and meta-analysis of the correlation between intestinal flora and gestational diabetes mellitus[J]. *Ann Palliat Med*, 2021, 10(9): 9752-9764.
- [21]Su Y, Chen L, Zhang DY, et al. The characteristics of intestinal flora in overweight pregnant women and the correlation with gestational diabetes mellitus[J]. *Endocr Connect*, 2021, 10(11): 1366-1376.
- [22]Luc K, Schramm-Luc A, Guzik TJ, et al. Oxidative stress and inflammatory markers in prediabetes and diabetes [J]. *J Physiol Pharmacol*, 2019, 70(6): 809-824.
- [23]马倩, 魏君香, 葛文琦, 等. 胰岛素使用时机对高血糖孕妇妊娠结局的影响[J]. 中国妇幼健康研究, 2023, 34(6): 110-115.
- [专业责任编辑: 冯 玲]
[中文编辑: 冯佳圆; 英文编辑: 方 柳]