

DOI:10.13350/j.cjpb.250404

• 论著 •

# 益生菌辅助治疗对 H 型高血压患者临床指标改善及肠道微生态的影响分析\*

宋春颖<sup>1</sup>, 曹煜<sup>2\*\*</sup>

(1. 贵州医科大学公共卫生与健康学院环境污染与疾病监控教育部重点实验室, 贵州贵阳 561113;

2. 贵州医科大学大健康研究院大健康研究院)

**【摘要】** 目的 本研究旨在探讨益生菌辅助治疗对 H 型高血压患者临床指标改善及肠道微生态的影响。方法 通过对 H 型高血压患者进行益生菌辅助治疗与常规治疗的比较分析, 评估了治疗前后的血压变化、脂质代谢相关指标(包括同型半胱氨酸 Hcy、脂联素指数 LAP 和甘油三酯-葡萄糖指数 TyG)以及肠道菌群的变化。结果 治疗前, 对照组和益生菌治疗组的收缩压和舒张压均值分别为 139.89±3.11 mmHg/90.08±1.99 mmHg 和 140.13±3.25 mmHg/89.97±1.99 mmHg, 两组间差异无统计学意义( $P>0.05$ )。治疗后, 对照组的收缩压和舒张压分别降至 137.99±3.70 mmHg 和 88.18±2.52 mmHg, 而益生菌治疗组显著降至 131.94±2.61 mmHg 和 82.03±2.01 mmHg( $P<0.001$ )。益生菌治疗组在治疗后收缩压和舒张压的下降幅度均大于对照组( $P<0.001$ )。在脂质代谢指标方面, 益生菌治疗组的 Hcy 水平从 15.05±1.43  $\mu\text{mol/L}$  降至 11.99±0.83  $\mu\text{mol/L}$ , 对照组从 15.05±1.43  $\mu\text{mol/L}$  降至 13.93±0.82  $\mu\text{mol/L}$  ( $P<0.001$ )。LAP 指数和 TyG 指数在益生菌治疗组也有显著下降( $P<0.001$ )。肠道菌群分析显示, 益生菌治疗增加了有益菌如双歧杆菌科、乳杆菌科的相对丰度, 同时降低了潜在有害菌属如肠杆菌科、链球菌科的相对丰度。益生菌治疗还提高了肠道菌群的多样性和均匀度, 益生菌组的 Shannon 指数显著高于对照组, Simpson 指数显著低于对照组( $P<0.001$ )。结论 益生菌辅助治疗能够显著改善 H 型高血压患者的血压控制和脂质代谢指标, 并对肠道微生态产生积极影响。这些结果支持益生菌作为 H 型高血压患者辅助治疗手段的潜在价值。

**【关键词】** H 型高血压; 肠道微生态; 血压控制; 脂质代谢

**【文献标识码】** A

**【文章编号】** 1673-5234(2025)04-0428-06

[Journal of Pathogen Biology. 2025 Apr.; 20(04):428-433.]

## Analysis of the impact of probiotic adjunctive treatment on clinical indicators and gut microecology in patients with H-type hypertension

SONG Chunying<sup>1</sup>, CAO Yu<sup>2</sup> (1. Key Laboratory of Environmental Pollution and Disease Control, School of Public Health and Health, Guizhou Medical University, Ministry of Education, Guiyang 561113, China; 2. Big Health Research Institute of Guizhou Medical University)\*\*\*

**【Abstract】** **Objective** This study aims to investigate the effects of probiotics as an adjunct therapy on the improvement of clinical indicators and intestinal microbiota in patients with H-type hypertension. **Methods** By comparing probiotic adjunct therapy with conventional treatment in patients with H-type hypertension, changes in blood pressure, lipid metabolism-related indicators (including homocysteine Hcy, lipopolysaccharide index LAP, and triglyceride-glucose index TyG), and intestinal flora were assessed before and after treatment. **Results** Before treatment, the mean systolic and diastolic blood pressures in the control group and the probiotic treatment group were 139.89±3.11 mmHg/90.08±1.99 mmHg and 140.13±3.25 mmHg/89.97±1.99 mmHg, respectively, with no statistically significant difference between the two groups ( $P>0.05$ ). After treatment, the systolic and diastolic blood pressures in the control group decreased to 137.99±3.70 mmHg and 88.18±2.52 mmHg, while in the probiotic treatment group, they significantly decreased to 131.94±2.61 mmHg and 82.03±2.01 mmHg ( $P<0.001$ ). The reduction in systolic and diastolic blood pressures in the probiotic treatment group was greater than that in the control group ( $P<0.001$ ). In terms of lipid metabolism indicators, the Hcy level in the probiotic treatment group decreased from 15.05±1.43  $\mu\text{mol/L}$  to 11.99±0.83  $\mu\text{mol/L}$ , while in the control group, it decreased from 15.05±1.43  $\mu\text{mol/L}$  to 13.93±0.82  $\mu\text{mol/L}$  ( $P<0.001$ ). The LAP index and TyG index also significantly decreased in the probiotic treatment group ( $P<0.001$ ).

\* **【基金项目】** 贵阳市科协项目(No. SKX2023JCZX)。

\*\* **【通信作者】** 曹煜, E-mail: cy2692327139@163.com

**【作者简介】** 宋春颖(1989), 女, 四川南充人, 大学本科, 主治医师, 主要从事大数据与大健康研究工作。E-mail: scy165681336@163.com

Intestinal flora analysis showed that probiotic treatment increased the relative abundance of beneficial bacteria such as *Bifidobacteriaceae* and *Lactobacillaceae*, while reducing the relative abundance of potentially harmful bacterial families such as *Enterobacteriaceae* and *Streptococcaceae*. Probiotic treatment also improved the diversity and evenness of the intestinal flora, with the Shannon index in the probiotic group significantly higher than in the control group and the Simpson index significantly lower than in the control group ( $P < 0.001$ ). **Conclusion** Probiotic adjunct therapy can significantly improve blood pressure control and lipid metabolism indicators in patients with H-type hypertension and has a positive impact on intestinal microbiota. These results support the potential value of probiotics as an adjunct treatment for patients with H-type hypertension.

**【Keywords】** H-type hypertension; gut microbiome; blood pressure control; lipid metabolism

高血压是全球范围内最常见的慢性病之一<sup>[1]</sup>,已成为心血管疾病、脑卒中和肾脏疾病的重要危险因素<sup>[2]</sup>。根据世界卫生组织的统计<sup>[3]</sup>,约有11亿人受到高血压的影响,且这一数字仍在不断上升<sup>[4]</sup>。H型高血压是指伴有高同型半胱氨酸(Hcy)水平升高的高血压<sup>[5]</sup>,其特征为血压升高与Hcy浓度 $\geq 10 \mu\text{mol/L}$ 的结合。研究表明,H型高血压在人群中尤为普遍,约占高血压患者的75%以上,且与脑卒中和心血管事件的发生密切相关<sup>[6-7]</sup>。

近年来,越来越多的研究关注肠道微生物群在高血压及其相关疾病中的作用<sup>[8]</sup>。肠道微生物群不仅参与营养物质的代谢,还对宿主的免疫系统和代谢功能产生深远影响。肠道微生态失衡与多种代谢性疾病、心血管疾病及高血压的发生密切相关<sup>[9]</sup>。益生菌作为调节肠道微生态的重要手段,已被证实可以改善肠道健康、增强免疫功能和降低炎症反应方面具有积极作用。

已有研究显示,益生菌的补充可以改善高血压患者的临床指标,如降低血压、改善胰岛素抵抗和降低Hcy水平<sup>[10]</sup>。然而,关于益生菌对H型高血压患者的具体影响及其对肠道微生态的调节作用仍缺乏系统性的研究。因此,本研究旨在探讨益生菌辅助治疗对H型高血压患者临床指标的改善效果及其对肠道微生态的影响,以期对H型高血压的综合治疗提供新的思路和策略。

## 对象与方法

### 1 研究对象

本研究依托贵阳地区多家临床单位的协同研究,所有数据均通过标准化流程收集和审核,所有数据均来自符合伦理与质量控制标准的临床研究单位,纳入2023年6月至2024年6月H型高血压患者1370例,分为对照组(685例)和益生菌治疗组(685例)。两组年龄40~70岁,BMI 18.5~29.9。但确保样本中性别均衡。生活习惯:包括吸烟和饮酒状况。两组患者治疗方案如下:对照组给予马来酸依那普利叶酸片(深圳奥萨制药有限公司生产;国药准字H20103723;规格:马来酸依那普利5mg,叶酸0.4mg)2片口服,

每天1次。益生菌治疗组在对照组的基础上增加益生菌口服双歧杆菌三联活菌胶囊(厂商:丽珠集团丽珠制药厂;国药准字:S10960040)口服剂量420mg/次,2次/d辅助治疗,两组观察时间均为4周。

### 2 研究方法

**2.1 临床指标检测** 包括血压、Hcy、LAP、TyG指数等,分别在治疗前后进行检测。

**2.1.1 血压监测** 血压作为高血压患者的主要临床指标,采用自动化血压计在患者静息状态下测量,分别记录收缩压和舒张压。测量前需确保患者至少休息5min,避免咖啡因和烟草等刺激物的摄入。每次测量三次,取平均值作为最终结果。

**2.1.2 同型半胱氨酸(Hcy)水平** Hcy水平是评估H型高血压患者的重要生化指标。通过清晨空腹静脉血样本,采用高效液相色谱法(HPLC)或酶联免疫吸附测定(ELISA)方法测定血浆中Hcy的浓度。

**2.1.3 脂联素指数(LAP)** LAP是评估腹部肥胖和胰岛素抵抗的指标,计算公式为: $LAP = [\text{腰围}(\text{cm}) - 65(\text{男})/58(\text{女})] \times \text{空腹甘油三酯}(\text{mmol/L})$ 。腰围的测量在患者空腹状态下进行,以厘米为单位,测量值取腰围最大处。

**2.1.4 甘油三酯-葡萄糖(TyG)指数** TyG指数是评估胰岛素抵抗的简便指标,计算公式为: $TyG = \ln[\text{空腹甘油三酯}(\text{mg/dL}) \times \text{空腹血糖}(\text{mg/dL})/2]$ 。通过空腹静脉血样本测定空腹血糖和甘油三酯水平。

### 2.2 肠道微生态分析

**2.2.1 样本收集与处理** 收集患者在治疗前后的粪便样本,采用无菌容器收集,并在 $-80^\circ\text{C}$ 条件下保存。样本收集后24h内进行DNA提取和后续分析。

**2.2.2 16S rRNA基因测序** 利用粪便样本中的总DNA,通过PCR扩增细菌16S rRNA基因的V3-V4区域,进行测序分析。测序结果用于评估肠道微生物的多样性、丰富度和组成。

**2.2.3 微生物群落结构分析** 通过高通量测序数据,分析肠道微生物群落的结构变化,包括菌群的多样性指数(如Shannon和Simpson指数)、菌群组成(如门、属、种水平的相对丰度)以及与对照组的比较。

### 3 相关性分析

将肠道微生物群落的变化与临床指标进行相关性分析,探索特定菌群与血压、Hcy、LAP、TyG 指数之间的关联。采用 Spearman 或 Pearson 相关性分析,以及回归模型评估菌群与临床指标之间的关系。

### 4 统计学方法

采用 SPSS 25.0 软件进行数据分析,计量资料以均数±标准差( $\bar{x} \pm s$ )表示,组间比较采用 *t* 检验,计数

资料采用卡方检验,计数资料以百分率(%)表示,两组之间比较采用  $\chi^2$  检验。相关性分析采用 Pearson 相关性分析进行。 $P < 0.05$  为差异有统计学意义。

## 结果

### 1 两组患者一般情况比较

两组患者治疗前的一般临床资料无明显差异( $P > 0.05$ ),结果见表 1。

表 1 两组患者一般情况比较  
Table 1 Comparison of general conditions between two groups of patients

组别	例数	男性	女性	年龄	BMI	生活习惯	
						吸烟	喝酒
对照组	685	357(52.12%)	328(47.88%)	55.39±9.21	24.06±3.25	341	326
益生菌组	685	335(48.91%)	350(51.09%)	54.47±8.63	24.18±3.30	365	329
$\chi^2/P$			1.413/0.235			1.683/0.194	0.026/0.871
<i>t/P</i>				1.915/0.056	0.716/0.473		

### 2 两组患者血压变化情况比较

本研究对 H 型高血压患者在接受益生菌辅助治疗与常规治疗前后的血压变化进行了比较分析。在治疗前,对照组和益生菌治疗组的收缩压和舒张压均值分别为 139.89±3.11 mmHg/90.08±1.99 mmHg 和 140.13±3.25 mmHg/89.97±1.99 mmHg,两组间差异无统计学意义( $P > 0.05$ )。治疗后,对照组的收缩压和舒张压分别降至 137.99±3.70 mmHg 和 88.18±2.52 mmHg,而益生菌治疗组则显著降至 131.94±2.61 mmHg 和 82.03±2.01 mmHg。统计分析表明,对照组治疗前后收缩压和舒张压的比较均显示出显著性差异( $P < 0.001$ ),益生菌治疗组同样表现出治疗前后收缩压和舒张压的显著性差异( $P < 0.001$ )。此外,两组间的比较也显示出显著性差异,益生菌治疗组在治疗后收缩压和舒张压的下降幅度均大于对照组( $P < 0.001$ )。从治疗后情况来看,两组治疗后收缩压的下降幅度比较显示益生菌组的下降更为显著( $P < 0.001$ )。同样,对照组治疗后舒张压下降了 1.90 mmHg,益生菌组治疗后舒张压下降了 7.94 mmHg,益生菌组的下降幅度同样更为显著( $P < 0.001$ )。

### 3 两组患者脂质代谢相关指标变化情况比较

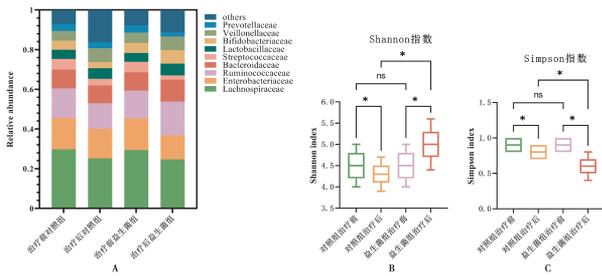
本研究对 H 型高血压患者在接受益生菌辅助治疗与常规治疗前后的脂质代谢指标进行了比较分析,包括同型半胱氨酸(Hcy)、脂联素指数(LAP)和甘油三酯-葡萄糖(TyG)指数。根据同型半胱氨酸(Hcy)水平可见,治疗前,对照组和益生菌治疗组的 Hcy 水平分别为 15.05±1.43  $\mu\text{mol/L}$  和 14.95±1.42  $\mu\text{mol/L}$ ,两组间差异无统计学意义( $P = 0.3176$ )。治疗后,对照组的 Hcy 水平降至 13.93±0.82  $\mu\text{mol/L}$ ,

而益生菌治疗组降至 11.99±0.83  $\mu\text{mol/L}$ ,两组治疗后 Hcy 水平比较显示益生菌组下降更为显著( $P < 0.001$ )。统计分析表明,对照组和益生菌组治疗前后 Hcy 水平的比较均显示出显著性差异( $P < 0.001$ ),其中益生菌治疗组的 Hcy 水平降低幅度更大( $P < 0.001$ )。根据脂联素指数(LAP)结果可见,治疗前,对照组和益生菌治疗组的 LAP 指数分别为 30.08±3.22 和 30.02±3.07,两组间差异无统计学意义( $P = 0.977$ )。治疗后,对照组的 LAP 指数降至 27.97±2.5,而益生菌治疗组降至 21.96±2.09,两组治疗后 LAP 指数比较显示益生菌组下降更为显著( $P < 0.001$ )。对照组和益生菌组治疗前后 LAP 指数的比较均显示出显著性差异( $P < 0.001$ ),益生菌治疗组的 LAP 指数降低幅度更大( $P < 0.001$ )。而由甘油三酯-葡萄糖(TyG)指数结果可见,治疗前,对照组和益生菌治疗组的 TyG 指数分别为 6.49±0.30 和 6.52±0.32,两组间差异无统计学意义( $P = 0.456$ )。治疗后,对照组的 TyG 指数降至 6.31±0.25,而益生菌治疗组降至 5.79±0.20,两组治疗后 TyG 指数比较显示益生菌组下降更为显著( $P < 0.001$ )。对照组和益生菌组治疗前后 TyG 指数的比较均显示出显著性差异( $P < 0.001$ ),而益生菌治疗组的 TyG 指数降低幅度更大( $P < 0.001$ )。

### 4 两组患者肠道菌群变化情况比较

本研究进一步对比益生菌组和对照组在治疗前后肠道菌群的变化进行了研究分析,以评估益生菌对肠道微生态的影响。研究结果见图 1。图 A 展示了治疗前后对照组和益生菌组患者肠道菌群相对丰度的变化。拉克诺斯氏菌科(*Lachnospiraceae*)在益生菌治疗后,益生菌组的丰度略有下降,而治疗后对照组该菌

属的相对丰度下降明显。有害菌种肠杆菌科 (*Enterobacteriaceae*)、链球菌科 (*Streptococcaceae*)、普氏菌科 (*Prevotellaceae*) 在治疗后等潜在有害菌属的相对丰度在两治疗组中均下降,而在益生菌组中降低更加明显。另外益生菌治疗增加了瘤胃菌科 (*Ruminococcaceae*)、双歧杆菌科 (*Bifidobacteriaceae*)、乳杆菌科 (*Lactobacillaceae*)、拟杆菌科 (*Bacteroidaceae*)、韦荣球菌科 (*Veillonellaceae*) 的相对丰度。图 B 显示了两组患者治疗前后 Shannon 多样性指数的变化。治疗前,对照组和益生菌组的 Shannon 指数无显著差异。治疗后,益生菌组的 Shannon 指数显著高于对照组,表明益生菌治疗增加了肠道菌群的多样性。图 C 展示了两组患者治疗前后 Simpson 均匀度指数的变化。治疗前,两组的 Simpson 指数无显著差异。治疗后,益生菌组的 Simpson 指数显著低于对照组,这表明益生菌治疗后肠道菌群的均匀度增加,即菌群分布更加均匀。



A 各组患者肠道微生物菌群分布情况 B 各组患者肠道微生物菌群的 Shannon 指数 C 各组患者肠道微生物菌群的 Simpson 指数。\*  $P < 0.001$

图 1 各组患者肠道微生物菌群特征

Fig. 1 Characteristics of the gut microbiome in each group of patients

## 5 肠道菌群与脂代谢相关指标的相关性分析

进一步探讨了 H 型高血压患者肠道菌群与脂代谢相关指标之间的相关性。通过统计分析,评估了不同肠道菌群与收缩压 (SBP)、舒张压 (DBP)、同型半胱氨酸 (Hcy) 水平、脂联素指数 (LAP)、甘油三酯-葡萄糖 (TyG) 指数之间的相关系数。结果见图 2。拉克诺斯氏菌科 (*Lachnospiraceae*) 与 SBP 和 DBP 呈正相关,相关系数分别为 0.257 445 和 0.317 185,而与 LAP 和 TyG 指数呈正相关,表明这一菌群可能与血压的升高和脂质代谢紊乱有关。肠杆菌科 (*Enterobacteriaceae*) 与 SBP 和 DBP 均呈显著正相关,相关系数分别为 0.364 724 和 0.519 589,提示这一菌群可能在血压调节中起积极作用。瘤胃菌科 (*Ruminococcaceae*) 与 SBP 呈负相关,相关系数为 -0.154 677,与 Hcy 水平也呈负相关,表明这一菌群可能与降低血压和 Hcy 水平有关。拟杆菌科 (*Bacteroidaceae*) 与 Hcy 水平呈显著负相关,相关系

数为 -0.631 817,这可能意味着拟杆菌科细菌的减少与 Hcy 水平的升高有关。链球菌科 (*Streptococcaceae*) 与 TyG 指数呈正相关,相关系数为 0.267 561,可能与脂质代谢紊乱有关。乳杆菌科 (*Lactobacillaceae*) 与 DBP 和 Hcy 水平呈负相关,提示乳杆菌科细菌可能有助于降低舒张压和 Hcy 水平。双歧杆菌科 (*Bifidobacteriaceae*) 与多个指标呈负相关,特别是与 TyG 指数的相关系数为 -0.720 801,这可能表明双歧杆菌科细菌的减少与代谢综合征的风险增加有关。韦荣球菌科 (*Veillonellaceae*) 和普氏菌科 (*Prevotellaceae*) 的相关性较弱,但仍显示出与 SBP 和 DBP 轻微的正相关性。

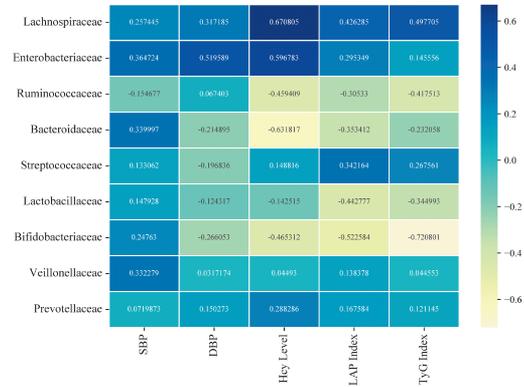


图 2 肠道菌群与脂代谢相关指标的相关性分析  
Fig. 2 Correlation Analysis between Gut Microbiome and Lipid Metabolic Indices

## 讨论

本研究结果显示,益生菌辅助治疗能够显著降低 H 型高血压患者的血压水平。治疗前,两组患者的血压水平相当,这表明两组在基线特征上具有可比性。治疗后,益生菌治疗组的收缩压和舒张压均显著低于对照组。这一发现与现有文献研究结果一致。研究表明,某些益生菌能够通过产生血管紧张素转换酶 (ACE) 抑制剂来降低血压<sup>[11]</sup>。此外,益生菌还可能通过改善内皮素功能和一氧化氮 (NO) 的产生来促进血管舒张<sup>[12]</sup>。另外也有研究表明,补充益生菌酸奶可以显著降低高血压大鼠的血压和心脏负荷,同时增加肠道微生物群的  $\alpha$  多样性<sup>[13]</sup>。此外,长期大量摄入益生菌制品可以降低老年人患高血压的风险<sup>[14]</sup>。这些研究提示益生菌可能通过改变肠道菌群组成来治疗高血压。另外,本研究发现益生菌辅助治疗显著降低了 H 型高血压患者的同型半胱氨酸 (Hcy)、脂联素指数 (LAP) 和甘油三酯-葡萄糖 (TyG) 指数。Hcy 异常是 H 型高血压患者的特点,通过多种机制 (如炎症、脂质过氧化、铁死亡和血小板活化) 在内皮功能障碍、动脉粥样硬化和血栓形成中发挥关键作用<sup>[15-16]</sup>,降低 Hcy 能够有效改善高血压患者的代谢综合征及心血管事

件<sup>[17]</sup>。LAP指数的降低可能与减少腹部肥胖和改善胰岛素敏感性有关<sup>[18]</sup>。益生菌能够通过刺激B细胞分泌sIgA,产生初级BAs和SCFAs等代谢物,有效逆转炎症反应<sup>[19]</sup>,同时提高紧密连接蛋白和粘蛋白的表达,改善受损的肠道屏障功能,降低循环LPS水平,抑制炎症反应<sup>[20]</sup>。甘油三酯-葡萄糖(TyG)指数是冠状动脉狭窄程度的独立危险因素,对于H型高血压而言,是针对这类患者预测的重要指标<sup>[21]</sup>。结合实验结果表明,口服益生菌可能通过改善脂质代谢和降低胰岛素抵抗来降低Hcy水平这些机制可能解释了益生菌辅助治疗在降低Hcy、LAP和TyG指数方面的效果。

进一步对肠道菌群进行分析并将其与H型高血压患者的临床指标进行相关性分析可见,益生菌治疗后,有益菌如双歧杆菌科、乳杆菌科的相对丰度增加,而潜在有害菌属如肠杆菌科、链球菌科的相对丰度降低。并且益生菌治疗显著增加了肠道菌群的多样性和均匀度,这可能有助于提高肠道健康和功能<sup>[22]</sup>。这些菌群与血压和脂质代谢指标呈显著相关。特别是,*Lachnospiraceae*和*Enterobacteriaceae*与血压呈正相关,而*Bacteroidaceae*与Hcy水平呈负相关。目前研究发现乳杆菌类(*Lactobacillus*)中的多种菌种,如*Lactobacillus plantarum*,*L. helveticus* H9均能够作为膳食补充缓解从多方面缓解高血压<sup>[23,24]</sup>。研究表明,*L. plantarum*能够通过改善脂质和糖代谢、抑制代谢性炎症、调节肠道菌群的稳态和代谢物来缓解饮食引起的脂质代谢紊乱<sup>[25]</sup>。此外,一项饮食干预的研究表明利用*Lactobacillus plantarum*发酵的奶酪与高血压患者清晨收缩压和舒张压的下降存在正相关的关系,能够显著降低代谢综合征的表征指标,包括动脉血压值和BMI<sup>[26]</sup>。在高血压大鼠模型中,*L. helveticus* H9<sup>[27]</sup>对大鼠心脏的基因表达产生了确切的影响,可能与降血压效应相关。目前研究发现双歧杆菌类(*Bifidobacterium*)数量在高脂血症大鼠中明显下降,表明高脂血症大鼠肠道菌群出现失衡<sup>[28]</sup>。而口服双歧杆菌制剂也能够明显降低DOCA诱导急性盐敏感性高血压大鼠模型<sup>[29]</sup>。针对其他菌的研究如*E. faecium*被发现与血压的升高和脂质代谢紊乱有关<sup>[30]</sup>。但是上述研究均未直接针对H型高血压患者人群进行研究,仅针对普通高血压人群或模式生物进行研究。

益生菌对肠道菌群的调节作用可能通过多种机制影响宿主的代谢健康,包括改善肠道屏障功能、调节免疫反应和产生有益的代谢产物。此外,益生菌可能通过影响肠道菌群的代谢途径,如短链脂肪酸的产生,进而影响宿主的代谢健康。未来的研究应该进一步探索

益生菌对特定肠道菌群的影响,以及这些变化如何具体影响血压和脂质代谢。此外,研究益生菌与现有降压药物的联合治疗效果,以及个体化益生菌治疗方案的开发,可能会为H型高血压患者提供更有效的治疗策略。

#### 【参考文献】

- [1] 吴赛,于广宇,胡心荷,等. 加味半夏白术天麻汤对代谢性高血压大鼠的有益作用及机制研究[J]. 中国病原生物学杂志, 2024, 19(2):149-156.
- [2] Chan RJ, Helmezi W, Hiremath SS. Revisiting resistant hypertension: a comprehensive review [J]. Intern Med J, 2023, 53(10):1739-1751.
- [3] Van Den Born BH, Lip GYH, Brguljan-Hitij J, et al. ESC Council on hypertension position document on the management of hypertensive emergencies [J]. Eur Heart J Cardiovasc Pharmacother, 2019, 5(1):37-46.
- [4] Wang MC, Lloyd-Jones DM. Cardiovascular risk assessment in hypertensive patients [J]. Am J Hypertens, 2021, 34(6):569-577.
- [5] Wu DF, Yin RX, Deng JL. Homocysteine, hyperhomocysteinemia, and H-type hypertension [J]. Eur J Prev Cardiol, 2024, 31(9):1092-1103.
- [6] 杨鹏. 肠道菌群对高同型半胱氨酸血症的影响及其机制研究[D]. 辽宁:大连医科大学, 2020.
- [7] Xiao K, Xv Z, Xv Y, et al. H-type hypertension is a risk factor for chronic total coronary artery occlusion: a cross-sectional study from southwest China [J]. BMC Cardiovasc Disord, 2023, 23(1):301.
- [8] O'donnell JA, Zheng T, Meric G, et al. The gut microbiome and hypertension [J]. Nat Rev Nephrol, 2023, 19(3):153-167.
- [9] Richards EM, Li J, Stevens BR, et al. Gut Microbiome and neuroinflammation in hypertension [J]. Circ Res, 2022, 130(3):401-417.
- [10] Moutsoglou DM, Tatak J, Prisco SZ, et al. Pulmonary arterial hypertension patients have a proinflammatory gut microbiome and altered circulating microbial metabolites [J]. Am J Respir Crit Care Med, 2023, 207(6):740-756.
- [11] Chittimalli K, Jahan J, Sakamuri A, et al. Restoration of the gut barrier integrity and restructuring of the gut microbiome in aging by angiotensin-(1-7) [J]. Clin Sci (Lond), 2023, 137(11):913-930.
- [12] Hsu CN, Yang HW, Hou CY, et al. Maternal adenine-induced chronic kidney disease programs hypertension in adult male rat offspring: implications of nitric oxide and gut microbiome derived metabolites [J]. Int J Mol Sci, 2020, 21(19):7237.
- [13] Kong CY, Li ZM, Mao YQ, et al. Probiotic yogurt blunts the increase of blood pressure in spontaneously hypertensive rats via remodeling of the gut microbiota [J]. Food Funct, 2021, 12(20):9773-9783.
- [14] Chen BY, Lin WZ, Li YL, et al. Roles of oral microbiota and oral-gut microbial transmission in hypertension [J]. J Adv Res, 2023, 43:147-161.
- [15] Liang Z, Li K, Chen H, et al. The association of plasma

