

DOI:10.13350/j.cjpb.251010

• 论著 •

血清 Foxo1 与 Th9 细胞对慢性难治性荨麻疹合并感染患者的评估价值及相关性研究

张佳¹, 张明海^{2*}, 陶飞雪³, 袁琳¹, 姚珍芳¹

(1. 安徽医科大学第四附属医院风湿免疫科, 皮肤性病科联合病区, 安徽巢湖 238000;

2. 安徽医科大学第四附属医院皮肤性病科; 3. 安徽医科大学第四附属医院护理部)

【摘要】 目的 探究血清 Foxo1 与 Th9 细胞对慢性难治性荨麻疹合并感染患者的评估价值及相关性。**方法** 选取 2022 年 2 月-2024 年 12 月在本院接诊的 120 例慢性难治性荨麻疹患者作为研究对象, 根据其是否发生感染分为感染组 ($n=30$) 和未感染组 ($n=60$)。ELISA 试剂盒检测血清 Foxo1 水平, 流式细胞术检测 Th9 细胞比例。对比感染组和未感染组血清 Foxo1 与 Th9 细胞水平; ROC 分析血清 Foxo1 与 Th9 细胞对慢性难治性荨麻疹合并感染患者的诊断价值; Logistic 回归分析慢性难治性荨麻疹合并感染发生的影响因素; 对比不同感染程度患者血清 Foxo1 与 Th9 细胞水平的差异。**结果** 30 例感染患者分离出 46 株病原菌, 以革兰阴性菌为主 (28 株, 占 60.87%), 包括肺炎克雷伯菌 (12 株)、铜绿假单胞菌 (8 株) 等; 革兰阳性菌 14 株 (占 30.43%), 以金黄色葡萄球菌 (8 株) 居多; 真菌 4 株 (占 8.70%)。肺炎克雷伯菌对头孢哌酮、头孢吡肟耐药率较高, 铜绿假单胞菌对美洛西林敏感, 鲍曼不动杆菌对 β -内酰胺类抗生素耐药性强, 金黄色葡萄球菌对青霉素类、头孢唑啉耐药, 但对万古霉素、利奈唑胺敏感。感染组血清 Foxo1 和 Th9 细胞比例水平均显著高于未感染组 (均 $P<0.05$); Foxo1 与 Th9 单独和联合检测诊断慢性难治性荨麻疹合并感染患者的 AUC 分别为 0.825、0.838 和 0.926, 联合检测诊断价值显著高于单独检测 (均 $P<0.05$); Logistic 回归模型分析结果显示 Foxo1 与 Th9 均是慢性难治性荨麻疹合并感染发生的危险因素 ($P<0.05$); 重度感染患者血清 Foxo1 与 Th9 细胞比例水平明显高于轻度组和中度组, 中度组血清 Foxo1 与 Th9 细胞比例水平明显高于轻度组 (均 $P<0.05$); Spearman 相关性结果显示血清 Foxo1 与 Th9 细胞与感染程度均存在显著正相关 ($r=0.771, 0.826$, 均 $P<0.05$)。**结论** 血清 Foxo1 与 Th9 细胞对慢性难治性荨麻疹合并感染患者具有重要评估价值, 二者在感染患者中水平更高且均为感染发生的危险因素, 与感染程度正相关。而病原菌以革兰阴性菌为主, 部分菌株耐药性较强, 需结合药敏精准治疗。

【关键词】 血清 Foxo1; Th9 细胞; 慢性难治性荨麻疹; 感染; 诊断价值; 相关性

【文献标识码】 A **【文章编号】** 1673-5234(2025)10-1297-05

[*Journal of Pathogen Biology*. 2025 Oct.; 20(10):1297-1301.]

Evaluation value and correlation of serum Foxo1 and Th9 cells in patients with chronic refractory urticaria co-infection

ZHANG Jia¹, ZHANG Minghai², TAO Feixue³, YUAN Lin¹, YAO Zhenfang¹ (1. Joint Ward of Rheumatology and Immunology Department, Dermatology and Venereology Department, the Fourth Affiliated Hospital of Anhui Medical University, Chaohu, Anhui 238000, China; 2. Department of Dermatology and Venereology, the Fourth Affiliated Hospital of Anhui Medical University; 3. Department of Nursing, the Fourth Affiliated Hospital of Anhui Medical University) *

【Abstract】 Objective To explore the evaluation value and correlation of serum Foxo1 and Th9 cells in patients with chronic refractory urticaria complicated with infection. **Methods** A total of 120 patients with chronic refractory urticaria who were admitted to our hospital from February 2022 to December 2024 were selected as the research subjects and were divided into the infection group ($n=30$) and the non-infection group ($n=60$) according to whether they had infection or not. The serum Foxo1 level was detected by ELISA kit, and the proportion of Th9 cells was detected by flow cytometry. The levels of serum Foxo1 and Th9 cells in the infected group and the uninfected group were compared. The diagnostic value of serum Foxo1 and Th9 cells for patients with chronic refractory urticaria complicated with infection was analyzed by ROC. The influencing factors of chronic refractory urticaria complicated with infection were analyzed by Logistic regression. The differences in serum Foxo1 and Th9 cell levels among patients with different degrees of infection were

* **【通信作者】** 张明海, E-mail: 10910326881qq.com

【作者简介】 张佳 (1988-), 女, 安徽巢湖人, 本科, 主管护师, 主要从事风湿免疫科、皮肤性病科联合病区工作。
E-mail: zj_chaohu@163.com

compared. **Results** A total of 46 pathogenic bacteria were isolated from 30 infected patients, mainly Gram-negative bacteria (28 strains, accounting for 60.87%), including *Klebsiella pneumoniae* (12 strains), *Pseudomonas aeruginosa* (8 strains), etc. There were 14 strains of Gram-positive bacteria (accounting for 30.43%), with *Staphylococcus aureus* (8 strains) being the majority. Four strains of fungi (accounting for 8.70%). *K. pneumoniae* has a relatively high resistance rate to cefoperazone and cefuroxime. *P. aeruginosa* is sensitive to meloxicillin. *Acinetobacter baumannii* has strong resistance to β -lactam antibiotics. *S. aureus* is resistant to penicillins and cefazolin, but sensitive to vancomycin and linezolid. The proportion levels of serum Foxo1 and Th9 cells in the infection group were significantly higher than those in the non-infection group (all $P < 0.05$). The AUCs of Foxo1 and Th9 alone and in combination for diagnosing patients with chronic refractory urticaria complicated with infection were 0.825, 0.838 and 0.926, respectively. The diagnostic value of the combined detection was significantly higher than that of the single detection (all $P < 0.05$). The analysis results of the Logistic regression model showed that both Foxo1 and Th9 were risk factors for the occurrence of chronic refractory urticaria complicated with infection ($P < 0.05$); The ratio level of serum Foxo1 to Th9 cells in patients with severe infection was significantly higher than that in the mild group and the moderate group, and the ratio level of serum Foxo1 to Th9 cells in the moderate group was significantly higher than that in the mild group (all $P < 0.05$). The Spearman correlation results showed that both serum Foxo1 and Th9 cells were significantly positively correlated with the degree of infection ($r = 0.771, 0.826$; both $P < 0.05$). **Conclusion** Serum Foxo1 and Th9 cells have significant evaluation value for patients with chronic refractory urticaria complicated with infection. Their levels are higher in infected patients and both are risk factors for infection, positively correlated with the degree of infection. The pathogenic bacteria are mainly Gram-negative bacteria, and some strains have strong drug resistance, which requires precise treatment in combination with drug sensitivity.

【Keywords】 Serum Foxo1; Th9 cells; chronic refractory urticaria; infection; diagnostic value; correlation

慢性难治性荨麻疹是皮肤科常见的慢性炎症性疾病,其特点为风团和(或)血管性水肿反复发作,病程超过6周,常规抗组胺治疗效果欠佳。近年来,随着生活环境变化、精神压力增加以及过敏原种类增多,慢性难治性荨麻疹的发病率呈上升趋势,严重影响患者的生活质量和身心健康^[1]。慢性难治性荨麻疹患者因长期的免疫功能紊乱,皮肤屏障受损,加之频繁使用免疫抑制剂和糖皮质激素等药物,使得机体抗感染能力显著下降,合并感染的风险明显增加^[2]。临床研究显示,慢性难治性荨麻疹患者在病程中会发生不同类型的感染,如细菌、病毒、真菌等,且感染往往导致荨麻疹病情加剧、治疗周期延长、复发率升高,形成恶性循环,不仅加重,患者的痛苦和经济负担,还对临床治疗提出严峻挑战^[3]。血清 Foxo1 作为一种关键的转录因子,广泛参与细胞增殖、分化、凋亡以及代谢等生物学过程,在免疫调节方面具有重要作用^[4]。Th9 细胞作为辅助性 T 细胞家族的新成员,主要分泌 IL-9,在抗寄生虫感染、过敏反应和自身免疫性疾病中发挥独特作用。已有研究表明, Th9 细胞及其相关细胞因子在多种皮肤疾病的发生发展中扮演重要角色,但在慢性难治性荨麻疹合并感染中的具体机制尚未完全明确^[5-6]。目前,对于慢性难治性荨麻疹合并感染的诊断主要依赖临床症状、实验室检查等传统方法,缺乏精准、有效的生物学指标用于早期诊断、病情评估及预后判断。本研究通过探索血清 Foxo1 与 Th9 细胞在慢性难治性荨麻疹合并感染患者中的变化规律及其相互关系,旨在为临

床提供新的评估指标和潜在治疗靶点,以改善患者预后、提高临床诊疗水平。

材料与方法

1 一般资料

选取 2022 年 2 月-2024 年 12 月在本院接诊的 120 例慢性难治性荨麻疹患者。其中感染组 30 例,男性 18 例、女性 12 例,年龄(45.63 ± 5.16)岁;未感染组 90 例,男性 54 例,女性 36 例,年龄(45.74 ± 5.25)岁。

纳入标准:(1)依据临床症状、病史及相关检查确诊为慢性难治性荨麻疹,且病程 ≥ 6 周;(2)可配合完成定期随访以及各项相关检查;(3)无严重心、肝、肾等重要脏器功能障碍,可耐受相关检测操作;(4)无精神类疾病,具备正常沟通交流能力,可准确反馈自身症状。排除标准:(1)合并其他严重皮肤疾病;(2)近3个月内使用过免疫抑制剂、生物制剂或进行过放化疗,影响机体免疫功能的患者;(3)存在严重全身性感染或其他部位严重感染;(4)对检测所涉及的试剂、试剂盒等存在过敏史;(5)妊娠期或哺乳期女性,考虑到生理状态特殊可能影响研究结果;(6)中途主动退出研究或因各种原因失访的患者。

2 方法

2.1 感染的检测方法 详细记录患者住院期间的症状、体征,如发热、局部红肿热痛等。对有感染可疑症状的患者,采集相应标本(如血液、分泌物等)进行细菌培养及药敏试验。血液标本在严格无菌操作下采集,

注入血培养瓶,采用全自动血培养仪(型号:Bact/Alert 3D 120,厂家:法国生物梅里埃公司)进行培养,依据培养结果判断是否感染及感染病原菌种类;分泌物标本则在无菌条件下接种到特定培养基上,置于35~37℃恒温培养箱(型号:LRH-250,厂家:上海一恒科学仪器有限公司)培养24~48 h,观察菌落形态、颜色等特征,结合革兰氏染色、生化反应等手段鉴定病原菌。

2.2 血清 Foxo1 与 Th9 细胞的检测过程 血清 Foxo1 检测:采集患者清晨空腹静脉血 5 mL,3 000 r/min 离心 10 min 分离血清。采用酶联免疫吸附试验(ELISA)试剂盒(型号:ab171579,厂家:Abcam 公司)检测血清 Foxo1 水平。严格按照试剂盒说明书操作,将标准品和待测血清加入酶标板孔中,37℃孵育 1~2 h,洗板后加入酶标试剂,再次孵育、洗板,最后加入显色剂,在酶标仪(型号:Epoch 2,厂家:BioTek 公司)上测定 450 nm 波长处的吸光度值,根据标准曲线计算血清 Foxo1 含量。

Th9 细胞检测:采集患者外周静脉血 2 mL,采用流式细胞术进行检测。使用淋巴细胞分离液(型号:LTS1077,厂家:天津市灏洋生物制品科技有限责任公司)分离外周血单个核细胞,用含 10% 胎牛血清的 RPMI1640 培养基(厂家:Gibco 公司)重悬细胞。加入荧光标记的抗人 CD4、IL-9 单克隆抗体(抗人 CD4 单克隆抗体型号:555347、抗人 IL-9 单克隆抗体型号:561797,厂家:BD Biosciences 公司),4℃避光孵育 30 min,用 PBS 洗涤后,采用流式细胞仪(型号:FACSCanto II,厂家:BD Biosciences 公司)检测 Th9 细胞比例。

2.3 病原菌相关指标 (1)病原菌分布:分离并鉴定感染患者的病原菌类型,包括革兰阴性菌(如肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌、鲍曼不动杆菌)、革兰阳性菌(如金黄色葡萄球菌、肺炎链球菌)和真菌(如白色念珠菌、曲霉菌),统计各类病原菌的构成比及混合感染情况。

(2)病原菌耐药性:对主要病原菌(如肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌、鲍曼不动杆菌、金黄色葡萄球菌)进行常用抗生素耐药性检测,记录耐药率(如头孢哌酮、青霉素、万古霉素等)。

3 统计分析

采用 SPSS26.0 处理数据,计量资料经方差齐性检验呈正态分布,以 $(\bar{x} \pm s)$ 表示,独立样本 t 检验;肺部感染的发生率、病原菌分布特征采用(%)表示, χ^2 检验;慢性难治性荨麻疹患者感染发生的影响因素采用 Logistic 回归分析;Spearman 分析感染程度与血清 Foxo1 与 Th9 细胞水平的相关性; $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

结 果

1 病原菌分布情况

感染组 30 例患者中共分离出病原菌 46 株,以革兰阴性菌为主(28 株,占 60.87%),其次为革兰阳性菌(14 株,占 30.43%)和真菌(4 株,占 8.70%)。革兰阴性菌中,肺炎克雷伯菌 12 株(42.86%)、铜绿假单胞菌 8 株(28.57%)、鲍曼不动杆菌 6 株(21.43%)、其他革兰阴性菌(如大肠埃希菌 2 株,7.14%)。革兰阳性菌中,金黄色葡萄球菌 8 株(57.14%)、肺炎链球菌 4 株(28.57%)、表皮葡萄球菌 2 株(14.29%)。真菌中,白色念珠菌和曲霉菌各 2 株。

2 常见病原菌耐药情况

对主要病原菌的耐药性检测显示,不同菌种对常用抗生素耐药率差异显著。肺炎克雷伯菌对头孢哌酮耐药率达 83.33%,对头孢呋辛耐药率为 50.00%。铜绿假单胞菌对头孢他啶耐药率为 25.00%,但对美洛西林完全敏感(耐药率 0.00%)。鲍曼不动杆菌对阿莫西林、氨苄西林耐药率均为 100.00%,对头孢他啶耐药率 33.33%。金黄色葡萄球菌对青霉素耐药率 75.00%、头孢唑啉 100.00%、红霉素 50.00%,但对万古霉素、利奈唑胺均无耐药(0.00%)。

3 感染组和未感染组血清 Foxo1 与 Th9 细胞水平的差异

感染组血清 Foxo1 和 Th9 细胞比例水平分别为 (35.62 ± 5.23) ng/mL、 $(8.56 \pm 2.15)\%$,未感染组水平分别为 (25.45 ± 4.18) ng/mL、 $(4.23 \pm 1.52)\%$;与未感染组相比,感染组血清 Foxo1 和 Th9 细胞比例水平均显著更高($t = 10.423, 11.654$,均 $P < 0.05$)。

4 血清 Foxo1 与 Th9 细胞对慢性难治性荨麻疹合并感染患者的诊断价值

Foxo1 与 Th9 单独和联合检测诊断慢性难治性荨麻疹合并感染患者的 AUC 分别为 0.825、0.838 和 0.926,联合检测诊断价值显著高于单独检测(均 $P < 0.05$),见表 1。

表 1 Foxo1 与 Th9 对慢性难治性荨麻疹合并感染患者诊断价值 Table 1 Diagnostic value of Foxo1 and Th9 for patients with chronic refractory urticaria complicated with infection					
指标	AUC	95%CI	敏感度 (%)	特异度 (%)	截断值
Foxo1	0.825	0.703~0.869	82.09	86.57	>30.15 ng/ml
Th9	0.838	0.733~0.895	73.13	82.09	>6.02%
联合检测	0.926	0.889~0.965	95.52	92.54	—

5 Logistic 回归分析慢性难治性荨麻疹合并感染发生的影响因素

将慢性难治性荨麻疹患者发生感染(发生=1;未发生=0)作为研究因变量,将 Foxo1 与 Th9 作为自变

量,赋值后进行多因素分析。结合临床实际情况对模型进行择优筛选,Logistic 回归模型分析结果显示 Foxo1($OR = 4.200, 95\%CI: 1.745 \sim 10.068, P < 0.01$)与 Th9($OR = 5.215, 95\%CI: 1.900 \sim 14.378, P < 0.01$)均是慢性难治性荨麻疹合并感染发生的危险因素(均 $P < 0.05$)。

6 不同感染程度患者血清 Foxo1 与 Th9 细胞水平的差异

重度感染患者血清 Foxo1 与 Th9 细胞比例水平明显高于轻度组和中度组,中度组血清 Foxo1 与 Th9 细胞比例水平明显高于轻度组(均 $P < 0.05$),见表 2。

表 2 不同感染程度患者血清 Foxo1 与 Th9 细胞水平的差异
Table 2 Differences in serum Foxo1 and Th9 cell levels among patients with different degrees of infection

感染程度	例数	血清 Foxo1(ng/ml)	Th9 细胞比例(%)
轻度	10	30.25±4.56 [*]	6.35±1.89 [*]
中度	12	36.87±5.02 [*]	8.78±2.05 [*]
重度	8	42.56±5.50 ^{*#}	11.23±2.50 ^{*#}
F		12.543	15.678
P		<0.01	<0.01

注: * 表示与轻度组相比, # 表示与中度组相比, $P < 0.05$ 。

7 Spearman 相关性分析血清 Foxo1 与 Th9 细胞与感染程度的关系

对血清 Foxo1 与 Th9 细胞与感染程度行 Spearman 相关性分析,结果显示血清 Foxo1 与 Th9 细胞与感染程度均存在显著正相关($r = 0.771, 0.826$, 均 $P < 0.05$)。

讨 论

首先本研究对感染患者的病原菌情况进行分析,发现慢性难治性荨麻疹合并感染患者病原菌以革兰阴性菌为主(占 60.87%),可能与患者免疫功能紊乱、皮肤屏障破坏及长期用药导致菌群失调有关,其中肺炎克雷伯菌、铜绿假单胞菌等条件致病菌因携带 β -内酰胺酶基因(如 ESBLs、KPC 酶)或外排泵系统而对头孢类抗生素耐药性较高;革兰阳性菌中金黄色葡萄球菌占比 57.14%,其对青霉素类、头孢唑啉耐药与 β -内酰胺酶产生及青霉素结合蛋白(PBP)变异相关,但对万古霉素等糖肽类药物敏感;真菌感染(占 8.70%)与免疫抑制剂使用导致 Th17 细胞功能抑制密切相关,整体耐药性特征提示需结合药敏结果选择抗菌药物,避免经验性使用 β -内酰胺类抗生素^[7]。

其次,本研究还发现感染组血清 Foxo1 和 Th9 细胞比例显著高于未感染组,其涉及一系列复杂的免疫反应机制。在慢性难治性荨麻疹合并感染的情况下,机体免疫系统遭遇病原体入侵,处于应激激活状态。Foxo1 作为一种关键的转录因子,在免疫细胞功能调

节中发挥着重要作用,当感染发生时,病原体相关分子模式(PAMPs)与免疫细胞表面的模式识别受体(PRRs)结合,激活下游信号通路,其中部分信号会传导至细胞核,影响 Foxo1 的活性。而被激活的 Foxo1 会调控多种基因的表达,促进免疫细胞的增殖、分化和活化^[8]。在 T 淋巴细胞中, Foxo1 可增强 Th9 细胞的分化,导致 Th9 细胞比例上升。同时, Foxo1 还能调节细胞因子的分泌,使免疫细胞产生更多的炎症介质,增强机体的免疫防御能力,进而导致血清中 Foxo1 水平升高^[9]。Th9 细胞比例的增加同样与感染引发的免疫反应密切相关,感染刺激树突状细胞等抗原呈递细胞摄取、加工和呈递病原体抗原,激活初始 T 细胞。在特定细胞因子微环境下,初始 T 细胞向 Th9 细胞分化^[10]。IL-4、TGF- β 等细胞因子在该过程中起到关键作用,其共同诱导相关转录因子的表达,促进 Th9 细胞的成熟,进而分泌 IL-9 等细胞因子,招募和激活其他免疫细胞,增强机体对病原体的清除能力,但同时也可能加剧慢性难治性荨麻疹的炎症反应,表现为感染组 Th9 细胞比例明显高于未感染组^[11]。

虽然研究发现 Foxo1 与 Th9 单独检测对慢性难治性荨麻疹合并感染患者有一定诊断价值,但联合检测的 AUC 更高,是因二者在免疫反应过程中发挥协同作用,从不同角度反映机体感染状态。从诊断价值来看, Foxo1 和 Th9 细胞分别参与免疫调节的不同环节,其中 Foxo1 通过调控免疫细胞的代谢、增殖和存活,影响整体免疫功能; Th9 细胞则以分泌特定细胞因子的方式直接参与免疫防御和炎症反应^[12]。联合检测时能够综合评估机体免疫反应的多个层面,更全面地捕捉感染相关的免疫变化信号,从而提高诊断的准确性。在 Logistic 回归模型中, Foxo1 与 Th9 均是感染发生的危险因素,这与其在免疫反应中的过度激活有关,过高水平的 Foxo1 持续促进免疫细胞的活化,可能打破免疫平衡,使机体处于过度免疫应激状态,增加感染风险^[13]。Th9 细胞分泌的 IL-9 虽然具有一定的抗感染作用,但过量的 IL-9 会招募过多的免疫细胞,引发炎症风暴,破坏组织屏障功能,使病原体更易侵袭机体,增加慢性难治性荨麻疹合并感染的发生几率^[14]。

此外,本研究还发现血清 Foxo1 与 Th9 细胞比例和感染程度呈显著正相关,该现象反映了机体免疫反应与感染严重程度之间的动态关系。随着感染程度的加重,病原体持续刺激免疫系统,引发更强烈的免疫应答^[15]。在感染初期,机体免疫系统启动免疫防御机制, Foxo1 和 Th9 细胞被适度激活,血清中二者的水平有所升高,以应对病原体入侵。当感染进一步发展,病原体数量增多、毒力增强,免疫系统为有效清除病原

体会进一步上调 Foxo1 的表达和 Th9 细胞的分化。同时, Foxo1 通过调节更多免疫相关基因的表达, 增强免疫细胞的活性和功能, 导致血清 Foxo1 水平持续上升^[16]。Th9 细胞在这种情况下也会大量增殖并分泌更多的 IL-9, 招募更多的免疫细胞到感染部位, 加重炎症反应, 从而使 Th9 细胞比例随着感染程度的加深而升高。此外, 感染导致的组织损伤和炎症微环境的改变也会影响 Foxo1 和 Th9 细胞的功能和数量。受损组织释放的细胞因子和趋化因子会进一步激活 Foxo1 信号通路, 促进 Th9 细胞的分化和募集, 形成一个正反馈调节环路^[17]。其二者之间的正相关关系使得血清 Foxo1 与 Th9 细胞比例成为评估感染程度的有效指标, 临床医生可以根据这两个指标的变化, 更准确地判断患者病情的严重程度, 制定更合理的治疗方案。

综上所述, 血清 Foxo1 和 Th9 细胞在慢性难治性荨麻疹合并感染患者的病情评估中意义重大, 不仅可以有效诊断感染, 还与感染严重程度密切相关, 可辅助临床精准诊疗。病原菌分布以革兰阴性菌为主, 肺炎克雷伯菌、鲍曼不动杆菌等对 β -内酰胺类抗生素耐药率较高, 金黄色葡萄球菌对万古霉素等敏感。提示临床可通过监测 Foxo1 和 Th9 细胞辅助感染诊断及病情评估, 并依据病原菌耐药特征优化抗菌方案, 以提高诊疗精准性。但本研究样本仅来自单一医院, 样本量有限, 可能导致结果存在偏差, 且未深入探究二者在疾病进程中的动态变化。未来应开展多中心、大样本研究, 进一步明确其评估价值。同时, 深入研究血清 Foxo1 与 Th9 细胞的调控机制, 探索二者作为潜在治疗靶点的可行性, 为慢性难治性荨麻疹合并感染的治疗开辟新途径。

【参考文献】

- [1] Konstantinou GN, Podder I, Karapiperis D. Omalizumab prevents respiratory illnesses in non-atopic chronic spontaneous urticaria patients: A prospective, parallel-group, pilot pragmatic trial[J]. Clin Transl Allergy, 2023, 13(7): e12279.
- [2] 谢苗苗, 朱小飞. 慢性自发性荨麻疹发病机制的研究进展[J]. 免疫学杂志, 2023, 39(4): 354-360.
- [3] 岳淑珍, 树叶, 罗鸯鸯, 等. 奥马珠单抗治疗儿童慢性荨麻疹的疗效和安全性回顾研究[J]. 中华皮肤科杂志, 2024, 57(4): 354-358.
- [4] Chen L, Huang Q, Luo Y, et al. MiR-184 targeting FOXO1

- regulates host-cell oxidative stress induced by *Chlamydia psittaci* via the Wnt/ β -catenin signaling pathway[J]. Infect Immun, 2023, 91(11): e0033723.
- [5] Chen XD, Xie J, Wei Y, et al. Immune modulation of Th1/Th2/Treg/Th17/Th9/Th21 cells in rabbits infected with *Eimeria stiedai*[J]. Front Cell Infect Microbiol, 2023, 13: 1230689.
- [6] 肖艳艳, 李媛媛. 穴位埋线辅以麻杏石甘汤对 HP 感染所致慢性荨麻疹患者机体免疫的影响[J]. 四川中医, 2024, 42(4): 193-197.
- [7] Goel C, Manjunath A, Kozel OA, et al. Pruritus and urticaria induced by neurostimulation: A case report and review of literature[J]. Surg Neurol Int, 2023, 14: 241.
- [8] Qi C, Liu L, Wang J, et al. Up-regulation of microRNA-183 reduces FOXO1 expression in gastric cancer patients with *Helicobacter pylori* infection[J]. Histol Histopathol, 2023, 38(11): 1349-1357.
- [9] 赵瑾, 于凤丽, 姜涛, 等. 血清 FOXO1, Beclin-1 水平与利妥昔单抗治疗初诊弥漫大 B 细胞淋巴瘤反应性关系及预测价值[J]. 中华转移性肿瘤杂志, 2024, 7(6): 580-587.
- [10] De Sena Rodrigues Junior R, Antonia Nunes Gomes J, Alberto da Silva Dias G, et al. T helper type 9 cell response and its role in the neurological clinic of patients with Human T-lymphotropic virus 1[J]. Immunobiology, 2023, 228(6): 152740.
- [11] 李志, 杨婷婷, 李文哲, 等. 外周血 Th9, Th22 和 Treg 细胞及细胞因子在过敏性鼻炎中的研究[J]. 中国实验诊断学, 2023, 27(6): 643-647.
- [12] Park ES, Jeon H, Lee N, et al. TDAG51 promotes transcription factor FoxO1 activity during LPS-induced inflammatory responses[J]. EMBO J, 2023, 42(13): e111867.
- [13] 叶继章, 罗经宏. 老年慢性心衰患者血清 FOXO1, IL-6, CRP, Hey 水平与抑郁程度的关系[J]. 国际精神病学杂志, 2023, 50(6): 1465-1468.
- [14] Kalim M, Jing R, Guo W, et al. Functional diversity and regulation of IL-9-producing T cells in cancer immunotherapy[J]. Cancer Lett, 2024, 606: 217306.
- [15] Jin Q, Liu C, Cao Y, et al. miR-486-5p predicted adverse outcomes of SCAP and regulated *K. pneumonia* infection via FOXO1[J]. BMC Immunol, 2024, 25(1): 33.
- [16] 任俊英, 吴龙飞, 韩丹萍. 术前血清 FOXO1, FABP4 水平与非肌层浸润性膀胱癌患者经尿道膀胱肿瘤切除术术后灌注治疗疗效的相关性分析[J]. 四川生理科学杂志, 2024, 46(6): 1309-1310.
- [17] Teixeira FFC, Cardoso FGR, Ferreira NS, et al. Effects of calcium hydroxide intracanal medications on T helper(Th1, Th2, Th9, Th17, and Tfh) and regulatory T(Treg) cell cytokines in apical periodontitis: A Consort RCT[J]. J Endod, 2022, 48(8): 975-984.

【收稿日期】 2025-05-22 【修回日期】 2025-08-02