Inflammation Research (2025) 74:14
https://doi.org/10.1007/s00011-025-01995-9

Inflammation Research

RESEARCH

Rare constituents of the nasal microbiome contribute to the acute exacerbation of chronic rhinosinusitis

Yunfan Zhang[1,2] · Fan Yuan[3,4] · Zheng Liu[5] · Xiaoxi Huang[5] · Junsheng Hong[3] · Feifan Chang[6] · Dawei Wu[1]

Received: 5 August 2024 / Revised: 20 December 2024 / Accepted: 4 January 2025

Abstract

Background Dysbiosis of the nasal microbiome is considered to be related to the acute exacerbation of chronic rhinosinusitis (AECRS). The microbiota in the nasal cavity of AECRS patients and its association with disease severity has rarely been studied. This study aimed to characterize nasal dysbiosis in a prospective cohort of patients with AECRS.

Methods We performed a cross-sectional study of 28 patients with AECRS, 20 patients with chronic rhinosinusitis (CRS) without acute exacerbation (AE), and 29 healthy controls using 16S rRNA gene sequencing. Subjective and objective assessments of CRS disease severity during AE were also collected.

Results Compared to healthy controls and patients with CRS without AE, AECRS presented with a substantial decrease of the *Corynebacterium_1* and a significant increase of *Ralstonia* and *Acinetobacter* at the genus level (LDA score > 2.0 [$P < 0.05$]). Furthermore, genera with a mean relative abundance (MRA) of less than 1% were defined as rare components based on published studies, then 29 genera with a substantial alteration in AECRS were rare constituents of the microbiome, of which 18 rare genera were highly associated with subjective and objective disease severity. Moreover, a combination of 15 genera could differentiate patients with AECRS with an area under the curve of 0.870 (95% CI = 0.784–0.955). Prediction of microbial functional pathways involved significantly enhanced lipopolysaccharide biosynthesis pathways and significantly decreased folate biosynthesis, sulfur relay system, and cysteine and methionine metabolism pathways in patients with AECRS.

Conclusions The rare nasal microbiota (MRA < 1%) correlated with disease status and disease severity in patients with AECRS. The knowledge about the pattern of the nasal microbiome and its metabolomic pathway may contribute to the fundamental understanding of AECRS pathophysiology.

Keywords Chronic rhinosinusitis · Acute exacerbation · Nasal microbiome · Dysbiosis · Disease severity · Prediction

Responsible Editor: Bernhard Gibbs.

✉ Dawei Wu
davidwuorl@163.com

[1] Department of Otolaryngology, Peking University Third Hospital, Haidian District, No. 49 Huayuan North Road, Beijing 100191, People's Republic of China

[2] Department of Medicine, Peking University, Beijing, People's Republic of China

[3] Department of Otolaryngology, Head and Neck Surgery, Beijing Friendship Hospital, Capital Medical University, Beijing, People's Republic of China

[4] Department of Otolaryngology, Head and Neck Surgery, Beijing Anzhen Hospital, Capital Medical University, Beijing, People's Republic of China

[5] Medical Research Center, Beijing Institute of Respiratory Medicine and Beijing Chao-Yang Hospital, Capital Medical University, Beijing, People's Republic of China

[6] Beijing Institute of Heart Lung and Blood Vessel Diseases, Beijing, People's Republic of China

Published online: 11 January 2025

European Archives of Oto-Rhino-Laryngology
https://doi.org/10.1007/s00405-025-09376-y

RHINOLOGY

Distinct inflammatory patterns and nasal bacterial dysbiosis in uncontrolled chronic rhinosinusitis

Yunfan Zhang[1,2] · Zheng Liu[3] · Fan Yuan[4,5] · Xiaoxi Huang[3] · Dawei Wu[1]

Received: 27 November 2024 / Accepted: 25 March 2025

Abstract

Objective The concept of disease control is increasingly gaining importance in the long-term management of chronic rhinosinusitis (CRS). Eosinophilic inflammation has been identified as a high-risk factor for uncontrolled CRS. Although evidence suggests that dysbacteriosis is involved in the pathogenesis of eosinophilic CRS, its association with disease control has not been explored. We attempt to explore the inflammatory patterns and nasal bacterial dysbiosis among patients with uncontrolled CRS.

Methods We performed a cross-sectional study of 48 patients with uncontrolled CRS, 44 patients with controlled CRS, and 58 healthy controls. Uncontrolled CRS was defined according to European Position Paper on Rhinosinusitis and Nasal Polyps 2020. The nasal mucus and peripheral venous blood were collected for inflammatory endotype analysis. The bacterial microbiota of the swab from the middle meatus was profiled by sequencing the V3–V4 region of the 16S rRNA gene.

Results Uncontrolled CRS showed significantly higher levels of mucus eosinophil-derived neurotoxin (EDN) ($P < 0.001$), blood eosinophil counts ($P = 0.002$), blood basophil counts ($P = 0.020$), and blood lymphocyte counts ($P = 0.033$) than patients with controlled CRS. The nasal mucus EDN level was the best predictor of uncontrolled CRS, with the highest area under the receiver operating characteristic curve (AUC) of 0.798 (95% confidence interval [CI] = 0.692–0.904) compared to other inflammatory parameters. Patients with uncontrolled CRS exhibited a significant increase in the abundance of seven genera. Except for *Ralstonia* and *Acinetobacter*, the other five genera had a mean relative abundance < 1%, including *Klebsiella* and *Pseudomonas*. By random forest analysis, we established a model for the nasal microbiome with an AUC of 0.949 (95% CI = 0.903–0.996). Upon incorporating peripheral eosinophil and basophil counts into the model, we found an enhancement in diagnostic capability, with an AUC of 0.974 (95% CI = 0.944–1.000).

Conclusions Patients with uncontrolled CRS have distinct local and systematic inflammatory patterns and bacterial dysbiosis compared to both controlled CRS and healthy controls, which sheds light on the pathogenesis of uncontrolled status in CRS.

Keywords Chronic rhinosinusitis · Disease control · Uncontrolled status · Inflammation · Nasal microbiome

Yunfan Zhang and Zheng Liu contributed equally to this work.

✉ Dawei Wu
davidwuorl@163.com

[1] Department of Otolaryngology, Peking University Third Hospital, Haidian District, No. 49 Huayuan North Road, Beijing 100191, People's Republic of China

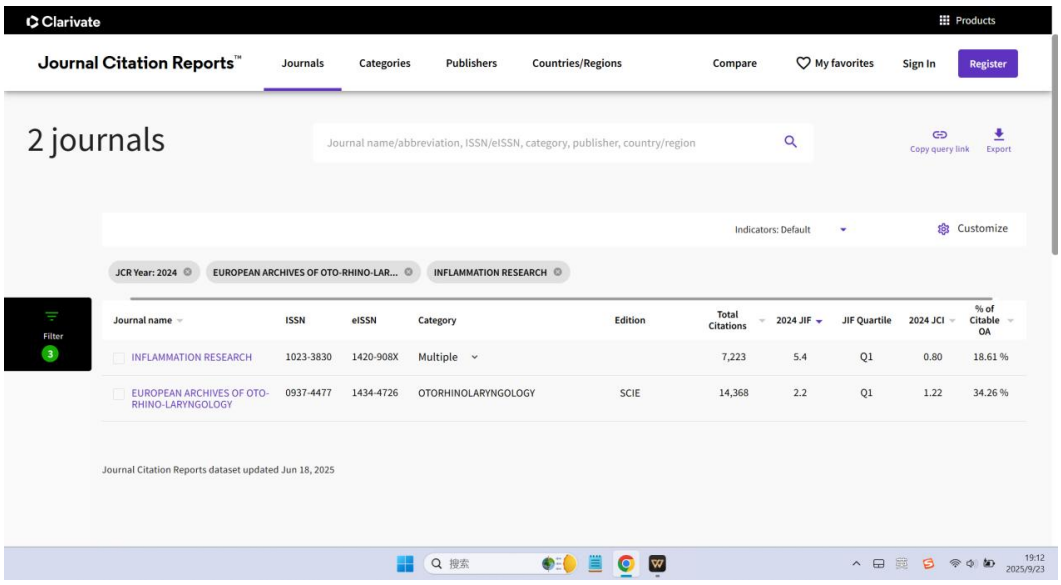
[2] Department of Medicine, Peking University, Beijing, People's Republic of China

[3] Medical Research Center, Beijing Institute of Respiratory Medicine and Beijing Chao-Yang Hospital, Capital Medical University, Beijing, People's Republic of China

[4] Department of Otolaryngology, Head and Neck Surgery, Beijing Friendship Hospital, Capital Medical University, Beijing, People's Republic of China

[5] Department of Otolaryngology, Head and Neck Surgery, Beijing Anzhen Hospital, Capital Medical University, Beijing, People's Republic of China

Published online: 16 April 2025


Clarivate
Products
Journal Citation Reports™
Journals
Categories
Publishers
Countries/Regions
Compare
My favorites
Sign In
Register
2 journals
Journal name/abbreviation, ISSN/eISSN, category, publisher, country/region
Copy query link
Export
Indicators: Default
Customize
JCR Year: 2024
EUROPEAN ARCHIVES OF OTO-RHINO-LAR...
INFLAMMATION RESEARCH
Filter
3
Journal name
ISSN
eISSN
Category
Edition
Total Citations
2024 JIF
JIF Quartile
2024 JCI
% of Citable OA
INFLAMMATION RESEARCH
1023-3830
1420-908X
Multiple
7,223
5.4
Q1
0.80
18.61 %
EUROPEAN ARCHIVES OF OTO-RHINO-LARYNGOLOGY
0937-4477
1434-4726
OTORHINOLARYNGOLOGY
SCIE
14,368
2.2
Q1
1.22
34.26 %
Journal Citation Reports dataset updated Jun 18, 2025


北京大学医学部 大学生创新实验项目管理
大学生创新实验项目管理
学生组
首页
结项申请
结项管理
关键字
学年
项目名称
项目编号
归属学院
项目负责人学号
项目负责人姓名
项目导师
团队成员学号
团队成员姓名
搜索
结项状态
提前终止状态
学年
项目名称
项目编号
归属学院
项目类型
项目等级
项目层级
学院评优等级
医学部评优...
已通过
未开始
2023-2024
TUFM乙酰化位点的研究
DC20230505
基础医学院
实验设计
省级
优秀奖
已通过
未开始
2023-2024
未控制慢性鼻窦炎患者...
DC20230347
第三临床医学...
实验设计
优秀奖
1-2 总记录数 2
每页显示 10


北京大学医学部 本科生短期科研项目管理
项目申报
项目结题
学生组
项目结题
2023年暑期科研项目
切换批次
研究方向
1. 慢性鼻窦炎免疫学机制研究；2. 嗅觉障碍诊断和治疗...
项目编号
DY2023020116
项目类型
线下项目
项目学院
第三临床医学院
项目导师
武大伟
开始时间
2023-7-10
结束时间
2023-9-03
是否面试
是
报名状态
已确认
结题状态
已通过
提前终止状态
是否强制终止
否
项目详情
提前终止
评优结果
学院推优等级
学院二等奖
医学部评审等级
取消
北京大学医学部

基础医学院 2021级“创新人才设计实验”结题评审会通知

时间：2024-12-13

基础医学院 2021 级“创新人才设计实验”结题评审会

暨北京大学医学部 “未来医学之星”奖评选会

会议通知

为了更好地对创新人才设计实验的实施情况进行总结、交流和展示学习成果，学院定于12月15日举行“基础医学院2021级创新人才设计实验结题评审 会”暨北京大学医学部“未来医学之星”奖评选会。现将具体安排及要求通知 如下：

一、时间： 2024年12月15日 9:00-16:00

二、地点： 逸夫楼209报告厅

三、答辩要求：

口头报告：

每位报告人不超过8分钟 PPT 汇报，4分钟评委提问；

展板展示：

请按照模板要求制作展板，项目组成员不超过5分钟介绍项目情况，与评委互动；

四、参加人员：

1. **要求参加项目结题的同学必须全程参加，包括口头报告和展板评审；其他各年级参加创新人才培养项目的同学根据交流活动的要求自主安排参加**；请同学们自主填写学习记录中“参加学术活动记录表”；

2. 欢迎其他年级、专业的本科生及研究生积极参加；

3. 欢迎指导教师到场指导。

五、会议安排：

09:00-11:40 口头报告评审

13:00-15:40 展板评审

15:40-16:00 颁奖及总结

口头报告：

序号	课题题目	负责人	组员	指导教师
1	孤独症早期诊断的风险基因筛查	隋斯羽	陈语思	王天云
2	GQ262抗心脏重构的作用和机制的研究	王昕	赖子睿	祁荣
3	宿主识别胞内志贺氏菌并组装septin cage的机制研究	詹乃正		刘小云
4	基于PPARγ新靶点的茴尼醇在治疗特应性皮炎中的抗炎作用及免疫机制研究	王怡亭	张辛磊	初明
5	戊型肝炎病毒感染男性生殖系统的靶细胞及病毒宿主互作机制	罗雨		王颜
6	通过高通量沉默子筛选及三维基因组结构分析探究XRCC5对沉默子相关染色质环的调控作用	饶烨娟		冯嘉汶
7	小鼠肝再生中功能性ervRNA的系统筛选与功能验证	侯松廷		杨原策
8	肿瘤转移相关沉默子的高通量筛选和功能验证	李沛源		李开龙
9	基于代谢组学及机器学习建立肺结节筛查模型	熊首航	肖炜	王光熙
10	氨基酸转运蛋白及其基因SLC6A18在维持血管平滑肌细胞收缩表型中的作用及其作用机制研究	杨丰		孔炜
11	靶向内皮-间充质转化小分子的筛选及机制探究	杨若垚		付毅
12	探究RIP3在血管平滑肌参与的动脉粥样硬化发展中的作用	李翠香	李佳怡	张岩

展板展示第1组：

序号	课题题目	负责人	组员	指导教师
13	利用仓鼠模型探究ApoA5在动脉粥样硬化中的作用	厉朝玲		洪励德
14	L1细胞粘附分子调控学习记忆和焦虑等负性情绪并介导术后谵妄发生的机制研究	徐瑶		岑程
15	可视化的血管类器官用于构建血管新生的新模型	刘嘉睿		王凯
16	FMRD5缺陷在雌性小鼠中的抗焦虑作用及其潜在机制研究	李之夏		王韵
17	IL-10 mRNA脂质体纳米颗粒抑制急性炎症反应以改善多能干细胞来源心肌细胞的定植和功能	洪毅	赵金洋	王凯
18	心肌细胞特异性的体内分泌组研究	罗靖之	张雨馨	郭宇轩
19	探究TMEM106B蛋白聚集物的性质与功能	陈凯玉		张培培
20	基底外侧杏仁核不同神经元群体调控慢性社交挫败应激模型诱导不同抑郁样行为的机制	劳嘉桦	张泽耀	张勇
21	熊老虎酸B抗心脏纤维化的作用及机制研究	王瑞		祁荣
22	嗜粘蛋白阿克曼菌种质资源的开发与菌株功能鉴定	陈美琪		姜长涛
23	探究人造抗原提呈细胞对T细胞的富集、增殖与表型的影响	董沛莹		白云
24	肠道变形菌门细菌的分离培养与功能研究	王一存		姜长涛
25	特应性皮炎通过Th2细胞加重炎症性肠病的免疫机制研究	苏子悦	崔鑫龙 汤冬萍	初明
26	RIG-I新亚型蛋白调控宿主天然免疫应答机制的研究	王伟轩		吕丹
27	靶向质膜质子ATP酶Pma1的抗真菌药物发现与机制研究	金木兰		柏林
28	探究特定病原体调控宿主固有免疫应答的机制	叶恺轩	肖俊良	夏丽廷

展板展示第2组：

序号	课题题目	负责人	组员	指导教师
29	构建治疗性TRIM56 mRNA系统用于治疗HBV感染	徐如晴	杨铭好	向贤辉
30	筛选病原微生物中的打孔蛋白并探究其调控固有免疫反应的机制	肖俊良	叶恺轩	夏丽廷
31	抗生素滥用引起的适应性免疫与肠道菌群间互作变化研究	林俊宇		钟韶
32	核小体定位信号强度与染色质开放程度的关联性研究	王春阳		赵东宇
33	TUFM乙酰化位点的研究	张芸凡	张益铭	吴丹
34	用于筛选新一代mRNA疫苗调控序列的算法设计	王思棋		赵东宇
35	基于转录组和单细胞测序构建糖尿病伤口治疗药物验证与筛选生物信息学模型	曾玉颖	韩雪虎 张同	饶璐
36	KIF5A基因突变导致肌萎缩侧索硬化症发病的机制	杜泽州		张培培
37	LAG-3与FGL1的结合机制研究	张简		梁令
38	内脏异位致病基因的筛查和致病机制研究	李响	王鲁豫	朱options辰
39	利用微细胞转移技术及染色体连接技术制备唐氏综合征新模型	罗嘉乐	杜雨檀	王立宾
40	Multi-PRS:一种提高多基因风险评分在人群间可转移性的新方法	沈嘉豪	梁贯涵	毕文健
41	白细胞协助细胞质脂滴代谢对高脂饮食胰腺癌细胞的作用及可能机制	李中天		赵颖
42	胰腺神经内分泌肿瘤病理形态及基因表达差异研究	李晨		裴斐
43	探究胰腺癌细胞中CDYL1通过组蛋白去巴豆酰化对DSB位点基因表达和癌症进展的影响	赖宇欣		梁静
44	基于实视显微镜系统和实时人工智能整合的胃粘膜活检病理AI辅诊系统的构建	毛开源	易小雨	裴斐

展板展示第3组：

序号	课题题目	负责人	组员	指导教师
45	单细胞分析揭示成纤维细胞亚型在多发性骨髓瘤伴髓外疾病的髓外播散中的作用	徐定杰	伍铭柯	葛青
46	YAP1基因的扩增和表达与黑色素瘤临床病理特征之间的关系	甄清扬		苏静
47	人工智能指导抗BTK C481S突变新药研发	易婧琳		云彩红
48	低PSA水平的前列腺癌的临床病理特征研究	刘思茹		贺慧颖
49	ALK融酶新发突变导致非小细胞肺癌对劳拉替尼耐药的分子机制研究	李明轩		云彩红
50	m6A甲基化修饰对hsa_circ_0001206表达水平的调控作用及机制研究	门明畅	李栩瑶	梁会
51	肿瘤内源STING蛋白质子通道闭合对抗肿瘤免疫应答	杨帆		韩传辉
52	单细胞水平探讨心脏成纤维细胞的转录组特征及其对三尖瓣反流的影响	伍铭柯	徐定杰	葛青
53	ANGPTL8基因缺陷对肺间质纤维化的保护作用及机制	胡芸心	林己熠	黄薇
54	SLC30A4基因在维持血管平滑肌细胞收缩表型中的作用及其机制研究	李佳霖		孔炜
55	共表达人抗原D和胰岛素mRNA的工程肝细胞治疗糖尿病的应用探索	杨紫钦	杨婧涵	汪丽恒
56	香紫苏醇治疗小鼠溃疡性结肠炎的作用及机制研究	鲍雨桐	张可心 史翔君	陈春花
57	Nogo-C在耐力运动中对骨骼肌的作用和机制研究	赵博康	杨瑞	贾石
58	AQP9在模拟高原低压低氧环境下对小鼠脂质代谢影响研究	董文阔		张卫光
59	麦角甾醇通过改善肝脏脂质代谢以改善NAFLD	龚则羽	牛越峰	尹悦
60	探究辣椒素通过肠道菌群对主动脉夹层的改善作用	王海斌	郭牧婷	郑乐民
61	平滑肌P2X4通过激活NLRP3炎症小体，引发VSMC表型转化，加重血管损伤后新生内膜的形成	范馨月	林森	贾一挺

基础医学院教学办公室

2024-12-11