

Formulation of Traditional Chinese Medicine and its Application on Intestinal Flora of Ischemic Stroke Mice

Xiang AO*, Danfeng JIN, Hui SU, & Chunjiu HOU

*Department of Pharmacy, Jiangxi College of Traditional Chinese Medicine,
China*

SUMMARY. In this study, the Dihuang Yinzi of traditional Chinese medicine was applied to ischemic stroke mice. To explore the mechanism and role of Chinese medicine for ischemic stroke mice, the 16S rRNA sequencing technology was used to analyze the intestinal flora. In this study, 12 phyla and 161 to 175 genera were found in ischemic stroke mice group (A), ischemic stroke mice with High dose Dihuang Yinzi-fed group (B) and Ischemic Stroke Mice with low dose Dihuang Yinzi-fed group(C). We observed that the microbiota diversity in B group was significantly increased compared to that of B and C groups in Simpson. Fusobacteria, Firmicutes, Elusimicrobia, Bacteroidetes, and Actinobacteria were the major phyla in fecal samples of three groups, accounting for more than 80% of all sequences. We also found that allobaculum, christensenellaceae_R_7, and Ruminococcaceae_NK4A214 were significantly increased in ischemic stroke mice with a high dose Dihuang Yinzi-fed group. Finally, this study's results provide a theoretical basis for treating and understanding traditional Chinese medicine's mechanism and effect on Ischemic Stroke.

RESUMEN. En este estudio, se aplicó el Dihuang Yinzi de la medicina tradicional china a ratones con accidente cerebrovascular isquémico. Para explorar el mecanismo y el papel de la medicina china en ratones con accidente cerebrovascular isquémico, se utilizó la tecnología de secuenciación del ARNr 16S para analizar los foros intestinales. En este estudio, se encontraron 12 filos y de 161 a 175 géneros en el grupo de ratones con accidente cerebrovascular isquémico (A), en ratones con accidente cerebrovascular isquémico alimentados con dosis altas de Dihuang Yinzi (B) y en ratones con accidente cerebrovascular isquémico alimentados con dosis bajas de Dihuang Yinzi (C). Observamos que la diversidad de microbiota en el grupo B aumentó significativamente en comparación con la de los grupos B y C en Simpson. Fusobacteria, Firmicutes, Elusimicrobia, Bacteroidetes y Actinobacteria fueron los principales filos en muestras fecales de tres grupos, representando más del 80% de todas las secuencias. También encontramos que allobaculum, christensenellaceae_R_7 y Ruminococcaceae_NK4A214 aumentaron significativamente en ratones con accidente cerebrovascular isquémico con un grupo alimentado con dosis altas de Dihuang Yinzi. Finalmente, los resultados de este estudio proporcionan una base teórica para tratar y comprender el mecanismo y el efecto de la medicina tradicional china sobre el accidente cerebrovascular isquémico.

KEY WORDS: allobaculum, christensenellaceae_R_7, gut microbiota, ischemic stroke, ruminococcaceae_NK4A214, traditional Chinese medicine.

* Authors to whom correspondence should be addressed. E-mail: Annaliu1906@outlook.com