

# 应用real-time PCR测定幼兔肠道内双歧杆菌和乳杆菌的变化

陈津津, 蔡 威

**背景资料**  
双歧杆菌(*bifidobacteria*)和乳杆菌(*lactobacilli*)是恒温动物肠道内重要的原籍菌群, 而长期肠外营养(parenteral nutrition, PN)会导致肠道原籍菌群失调, 损害肠屏障。

陈津津, 上海交通大学医学院附属新华医院急救中心 上海市 200092  
蔡威, 上海交通大学医学院附属新华医院临床营养中心 上海市 200092  
陈津津, 2007年上海交通大学医学院博士生毕业, 副主任医师, 主要从事胃肠道微生态的研究。  
国家自然科学基金资助项目, No. 30271350  
通讯作者: 蔡威, 200092, 上海市控江路1665号, 上海交通大学医学院附属新华医院营养中心. caiw204@yahoo.com.cn  
电话: 021-65790000  
收稿日期: 2007-03-11 修回日期: 2007-10-09

## Quantification of bifidobacteria and lactobacilli in feces of PN rabbits by real-time PCR

Jin-Jin Chen, Wei Cai

Jin-Jin Chen, Emergency Center, Xinhua Hospital, Shanghai Jiaotong University School of Medicine, Shanghai 200092, China

Wei Cai, Clinical Nutrition Center, Xinhua Hospital, Shanghai Jiaotong University School of Medicine, Shanghai 200092, China

Supported by: National Natural Science Foundation of China, No. 30271350

Correspondence to: Dr. Wei Cai, Clinical Nutrition Center, Xinhua Hospital, Shanghai Jiaotong University School of Medicine, 1665 Kongjiang Road, Shanghai 200092, China. caiw204@yahoo.com.cn

Received: 2007-03-11 Revised: 2007-10-09

## Abstract

**AIM:** To quantitatively detect *bifidobacteria* and *lactobacilli* in feces of Parenteral nutrition (PN) rabbits by real-time quantitative PCR.

**METHODS:** Sixteen New Zealand white rabbits weighing 200-250 g were divided into two experimental groups: control group and PN group. On day 10, we obtained fresh feces from the rectum. Whole bacterial DNA was extracted from the feces, genus-specific primers of *bifidobacterium* and *lactobacillus* were synthesized, and the specificities of the primers were evaluated by conventional PCR.

**RESULTS:** The detection limit of the method used in this study was found to be 100 per PCR.

Standard curves obtained for the strains *bifidobacterium adolescentis* and *lactobacillus plant* were in good agreement. These two kinds of genus-specific primers were proved to be species-specific by agarose gel electrophoresis. The population of bifidobacteria and lactobacilli in the wet feces (0.05 g) of PN rabbits was significantly lower than that in the control group ( $4.62 \pm 0.24$  and  $4.29 \pm 0.49$  vs  $5.84 \pm 0.92$  and  $5.14 \pm 1.07$ ;  $P < 0.01$ ).

**CONCLUSION:** The real-time PCR procedure described here is a specific, accurate, rapid, and easy method for the quantification of bifidobacteria and lactobacilli in feces of infant rabbits. Dysfunction of the intestinal barrier induced by long-time PN-fed may be related to the decreasing number of bifidobacteria and lactobacilli in the intestine.

**Key Words:** Bifidobacteria; Lactobacilli; Real-time PCR; Parenteral nutrition

Chen JJ, Cai W. Quantification of bifidobacteria and lactobacilli in feces of PN rabbits by real-time PCR. *Shijie Huaren Xiaohua Zazhi* 2007; 15(31): 3278-3283

## 摘要

**目的:** 通过研究PN过程中肠道双歧杆菌和乳杆菌的变化, 探讨PN导致肠屏障功能障碍的机制。

**方法:** 将新西兰种白兔16只, 分成对照组(正常兔食饲养)和PN组(幼兔完全肠外营养)。10 d后自直肠取出新鲜粪便, 抽提所有细菌DNA, 常规PCR检测合成的双歧杆菌和乳杆菌属引物的特异性。应用青春双歧杆菌和植物乳杆菌作外标准品, 梯度稀释制作标准曲线, 作灵敏度测定。应用SYBR Green I Real-time PCR法, 定量检测粪便中双歧杆菌和乳杆菌含量。

**结果:** 琼脂糖凝胶电泳显示两种引物特异性良好, 灵敏度达到 $10^2$ 个菌。溶解曲线显示单一

峰形, 说明没有引物二聚体形成. 粪便细菌定量结果显示, PN组幼兔湿粪(0.05 g)中双歧杆菌和乳杆菌含量显著低于对照组( $4.62 \pm 0.24$ ,  $4.29 \pm 0.49$  vs  $5.84 \pm 0.92$ ,  $5.14 \pm 1.07$ ;  $P < 0.01$ ).

**结论:** Real-time PCR法能准确迅速地对幼兔粪便双歧杆菌和乳杆菌进行定量检测. 长期肠外营养导致的肠屏障障碍可能与肠内双歧杆菌和乳杆菌的数量减少有关.

**关键词:** 双歧杆菌; 乳杆菌; 实时荧光定量PCR技术; 肠外营养

陈津津, 蔡威. 应用real-time PCR测定幼兔肠道内双歧杆菌和乳杆菌的变化. 世界华人消化杂志 2007;15(31): 3278-3283  
<http://www.wjgnet.com/1009-3079/15/3278.asp>

## 0 引言

双歧杆菌(*bifidobacteria*)和乳杆菌(*lactobacilli*)作为恒温动物肠道内重要的原籍菌群, 发挥维持微生态平衡、生物拮抗、免疫调节、营养等多方面的生理作用. 而长期的肠外营养(parenteral nutrition, PN)会导致肠道菌群失调, 损害肠屏障, 进而导致肠菌移位和内毒素血症<sup>[1]</sup>. 因此我们, 通过研究PN过程中肠道双歧杆菌和乳杆菌的变化, 探讨PN导致肠屏障功能障碍的机制. 由于双歧杆菌和乳杆菌属厌氧菌, 其传统的培养计数法存在送检条件苛刻、培养难度大, 检测结果受细菌离体时间、外界环境因素和培养基性能的影响大等诸多缺点, 使精确定量分析难以进行. 实时荧光定量PCR技术(real-time PCR)利用细菌基因组的核酸序列为鉴别基础, 不受上述条件的限制, 为厌氧菌的定量检测提供了新的途径. 因此我们采用目前最新的real-time PCR方法对幼兔粪便标本进行双歧杆菌和乳杆菌计数.

## 1 材料和方法

**1.1 材料** 生后2 wk的新西兰种白兔16只, 雌雄不限, 体质量200-250 g, 分为2组, 对照组7只, PN组9只. 双歧杆菌冻干菌粉为青春双歧杆菌(*Bifidobacterium adolescentis*), 乳杆菌冻干菌粉为植物乳杆菌(*Lactobacillus plantarum*), 由上海交通大学生命科学技术学院杭晓敏博士惠赠. 大肠杆菌菌株来自本院细菌室.

### 1.2 方法

**1.2.1 分组:** PN组幼兔行颈静脉插管, 使用旋转输液装置, 微泵持续24 h输注营养液[240

mL/(kg·d)], 根据体质量增长情况调节输液量, 营养液配方见文献[2]. 对照组正常免食饲养. 幼兔单笼饲养, 设定室内环境12 h明暗交替, 室温20-24℃. PN组幼兔PN持续10 d后, 停用静脉营养液, 持续输注生理盐水2 h后称质量, 与对照组一起过量麻醉, 开腹取直肠内粪便.

**1.2.2 粪便标本收集和细菌DNA抽提:** 均取直肠内粪便, 立即置入无菌离心管, -20℃冻存, 24 h内抽提粪便内细菌基因组DNA. 用QIAamp DNA stool kit (Qiagen, Hilden, Germany)抽提粪便内细菌基因组DNA, 具体操作依照说明书进行. 由于双歧杆菌菌壁较厚, 故对部分步骤稍作改动.

**1.2.3 双歧杆菌和乳杆菌属特异性引物设计:** 双歧杆菌和乳杆菌属特异性引物(genium-specific primers)分别参照文献[3-4]. 上下游引物序列见表1, 引物对由中国科学院闪晶生物有限公司合成.

**1.2.4 实验用菌株及基因组DNA抽提:** 分别取青春双歧杆菌冻干菌粉0.05 g、植物乳杆菌冻干菌粉0.05 g、大肠杆菌菌株培养液1 mL, 细菌DNA抽提步骤同1.2.2, -20℃保存.

**1.2.5 引物对特异性检测:** 取菌株基因组DNA抽提液进行常规PCR反应: 50 μL标准PCR反应体系, 10×PCR Buffer 5 μL, 25 mmol/L  $Mg^{2+}$  3 μL, 10 mmol/L dNTPs 1 μL, 25 μmol/L上下游引物各1 μL, DNA模板1 μL,  $5 \times 10^6$  U/L Taq DNA polymerase (Promega) 0.5 μL, ddH<sub>2</sub>O 37.5 μL. 反应条件: 94℃变性3 min, 循环35次: 94℃变性40 s, 55℃退火20 s, 72℃延伸1 min 15 s, 72℃延伸5 min. 所有常规PCR反应于PTC-100TM programmable thermal controller(MJ Research INC.)上进行. 用11 g/L的琼脂糖凝胶电泳分析PCR扩增产物, 以DNA marker DL2000(TaKaRa)为分子量标准.

**1.2.6 外标准品制备和标准曲线制作:** 外标准品制备: 以青春双歧杆菌和植物乳杆菌的PCR产物经割胶回收后作为目的DNA片段, 连接至TaKaRa pMD18-T(大连宝生物)载体上, 重组质粒转化至DH-5α宿主细胞中, 克隆后分离质粒DNA. 经A值测定, 换算青春双歧杆菌和植物乳杆菌的拷贝数, 制作标准曲线. **标准曲线制作:** 将外标准品做10倍系列稀释, 使其形成 $10^7$ - $10^2$ 拷贝/L, 按下列条件进行real-time PCR反应, 反应体系20 μL: 10×PCR Buffer 2 μL, 25 mmol/L  $Mg^{2+}$  2 μL, 10 mmol/L dNTPs 0.5 μL, 25 μmol/L上下游引物各0.25 μL, DNA模板1 μL,  $5 \times 10^6$  U/L Taq酶(Promega) 0.25 μL,  $20 \times$

**研发前沿**  
本文通过研究PN过程中肠道双歧杆菌和乳杆菌的变化, 对PN导致肠屏障功能障碍的机制进行了初步的探索. 由于双歧杆菌和乳杆菌属厌氧菌, 传统培养计数法存在送检及培养条件苛刻, 培养存活率低, 计数不准确, 因此目前应用分子生物学技术对其进行定量分析成为该研究领域的热点.

## 应用要点

本文所采用的实时荧光定量PCR技术(real-time Q-PCR), 利用细菌基因组的核酸序列为鉴别基础, 不受上述条件的限制, 为双歧杆菌和乳杆菌的定量检测提供了新的途径, 为后续研究的开展和临床应用进行了有益地探索。

表 1 双歧杆菌和乳杆菌属特异性引物

Bacterium	Primer	Primer sequence (5'→3')	Amplicon size (bp)
<i>Bifidobacterium</i>	lm26-f	GAT TCT GGC TCA GGA TGA ACG	1428
	lm3-r	CGG GTG CTI CCC ACT TTC ATG	
<i>Lactobacillus</i>	L159-f	GGA AAC AG(A/G) TGC TAA TAC CG	600
	L677-r	CAC CGC TAC ACA TGG AG	

SYBR Green I 0.5  $\mu$ L, ddH<sub>2</sub>O 13.25  $\mu$ L. 双歧杆菌反应条件: 95℃变性3 min, 循环40次: 95℃变性40 s→61℃退火25 s→72℃延伸1 min 20 s, 融解95℃ 0 s(20℃/s)→71℃ 15 s(20℃/s→95℃ 0 s(0.1℃/s), 冷却40℃ 30 s(20℃/s); 乳杆菌反应条件: 95℃变性3 min; 循环40次: 95℃变性40 s→61℃退火25 s→72℃延伸1 min, 融解95℃ 0 s(20℃/s)→71℃ 15 s(20℃/s→95℃ 0 s(0.1℃/s), 冷却40℃ 30 s(20℃/s). 所有荧光定量PCR反应均在LightCycler (Roche)上进行。

1.2.7 Real-time PCR法检测幼兔粪便双歧杆菌和乳杆菌含量: 将待测样品DNA抽提液按与制备标准曲线相同的反应体系和反应条件进行real-time PCR反应, 每次实验都设阴性对照和标准品校正, 每个样品都做3个平行复孔, 以保证实验数据的有效性和可重复性. 扩增完毕后, 进行溶解曲线分析。

统计学处理 采用SPSS for Windows 10.0统计软件. 计量数据以mean±SD表示, 采用Student *t*检验比较组间差别,  $P<0.05$ 差别有统计学意义。

## 2 结果

2.1 PCR产物鉴定 用11 g/L的琼脂糖凝胶电泳分析菌株基因组DNA常规PCR扩增产物, 青春双歧杆菌和植物乳杆菌基因组DNA分别在1428 bp和600 bp处显示了单一扩增物区带(图1), 而大肠杆菌基因组DNA未见扩增物区带。

2.2 扩增曲线与灵敏度测定 不同拷贝数的模板随循环数的增加, 其荧光强度逐渐增强, 在经过一段指数扩增期后曲线趋于平行, 即出现“平台效应”, 指数扩增期模板拷贝数与荧光累积值的一一对应关系形成了双歧杆菌和乳杆菌定量的基础. 从扩增曲线图可见少至100个菌仍有特征性曲线生长, 说明该real-time PCR具有较好的灵敏度(图2)。

2.3 双歧杆菌和乳杆菌标准曲线 以不同拷贝数的阳性模板的对数为横坐标, 以PCR反应过程中

表 2 兔粪双歧杆菌和乳杆菌含量<sup>M</sup>

分组	<i>n</i>	双歧杆菌 <sup>N</sup> (SD)	乳杆菌 <sup>N</sup> (SD)
对照组	7	5.84(0.92)	5.14(1.07)
PN组	9	4.62(0.24) <sup>b</sup>	4.29(0.49) <sup>b</sup>
<i>P</i> 值		0.004	0.006

M: 0.05 g湿粪含量; N: 对数值(log<sub>10</sub>); <sup>b</sup> $P<0.01$  vs 对照组。

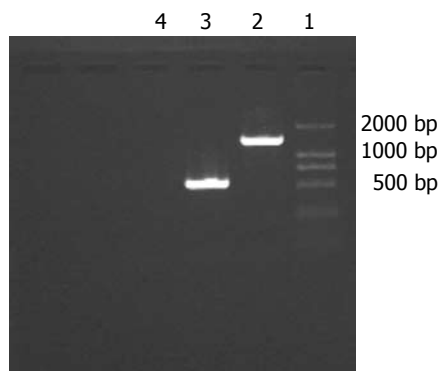


图 1 菌株基因组DNA常规PCR扩增产物. 1: Marker; 2: 植物乳杆菌; 3: 青春双歧杆菌; 4: 大肠杆菌。

到达荧光阈值的初始循环数(Ct)为纵坐标得到双歧杆菌和乳杆菌的标准曲线(图3), 为待测样品的双歧杆菌和乳杆菌定量提供了参照标准。

2.4 溶解曲线与假阳性 阳性模板在荧光定量PCR反应的后期, 产物经融解、冷却后得到溶解曲线(图4), 可见融解曲线成单峰, 说明扩增产物单一. 与SYBRGreen I荧光染料结合的片段为目标DNA片段, 基线附近的浅棕色曲线为阴性对照反应物的溶解曲线, 可见无产物单峰出现, 说明该反应条件较好地避免了定量检测过程中假阳性结果的出现。

2.5 样品双歧杆菌和乳杆菌定量 每份样品所含拷贝数都可通过Ct值与标准曲线比较得到, 荧光定量PCR仪可通过微机内的LightCyclerSoftware处理直接给出定量结果. 由于粪便内双歧杆菌和乳杆菌绝对值不呈正态分布, 故取其对数值(log<sub>10</sub>)进行Student *t*检验. 结果显示, PN组双歧杆菌和乳杆菌含量显著低于对照组( $P<0.01$ , 表2)。

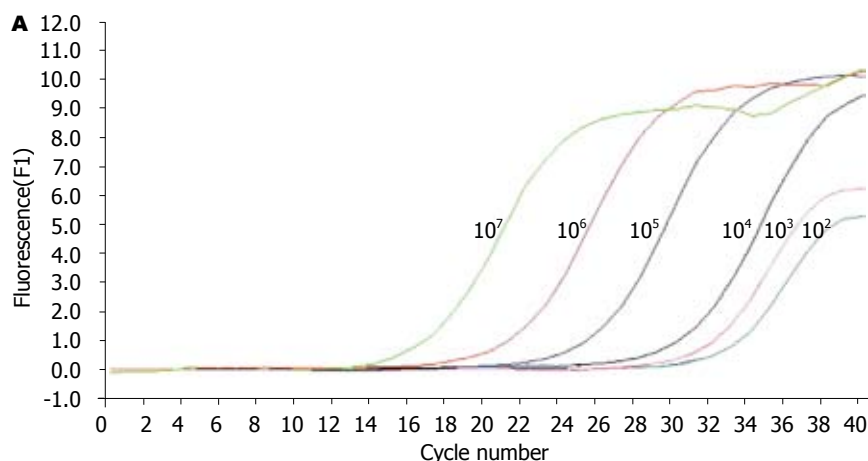


图 2 杆菌模板循环数与荧光强度关系图. A: 双歧杆菌; B: 乳酸菌.

同行评价  
本文设计合理, 结论中肯, 是一篇较好的基础研究论文.

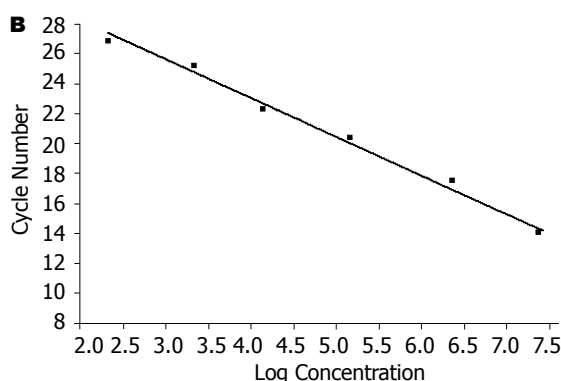
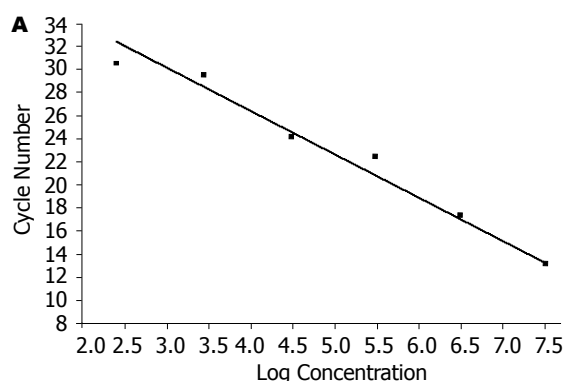
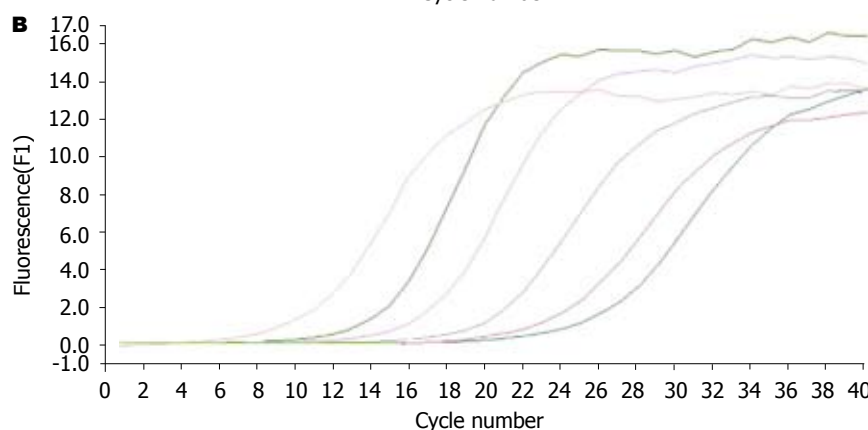


图 3 标准曲线. A: 双歧杆菌; B: 乳酸菌.

### 3 讨论

双歧杆菌和乳杆菌不仅是人类肠道内主要的共栖微生物, 在健康家兔中也是优势菌群. 国内牛钟相 *et al*<sup>[5-6]</sup> 曾对健康成年家兔消化道中双歧杆菌和乳杆菌进行研究, 发现二者均为优势菌群. 但采用传统培养方法作双歧杆菌和乳杆菌的定量分析费时费力, 其过程易受细菌离体时间、外界环境因素、培养基性能和非特异性菌落混杂等多种因素影响, 检测失败率高, 结果缺乏稳定性、可靠性, 计数不精确, 属半定量检测; 而且由于个别菌种难以培养, 故不能准确地反应消化道内的细菌含量<sup>[7]</sup>. 因此, 拥有一种能对双

歧杆菌、乳杆菌进行快速、准确定量的方法变得尤为必要.

近年来, 一种方便、快速、准确的非培养细菌定量方法逐渐受到青睐, 即real-time PCR法. Real-time PCR技术是以双歧杆菌16S rRNA编码基因特异区的核酸序列为鉴别基础, 设计引物, 经PCR扩增, 扩增产物与荧光染料结合, 再通过荧光信号的测定实现实时定量分析的. 其融会了PCR的灵敏性和光谱技术定量精确的优点, 使定量分析结果更精确、敏感、省时, 同时具有较好的重复性<sup>[8]</sup>. 不仅可以避免传统检测方法的缺陷, 而且由于PCR扩增和产物分析的全过程均



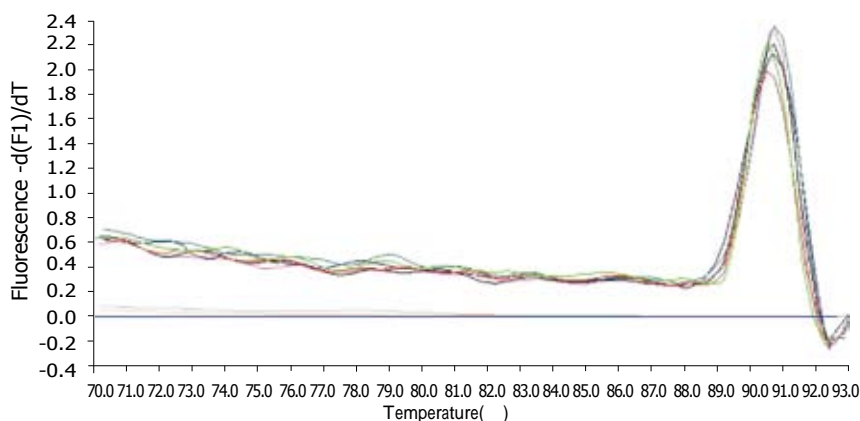


图4 扩增产物溶解曲线图.

在单管封闭条件下进行,并由微机控制,因此可消除产物污染,提高检测效率.该方法既有荧光原位杂交(FISH)的特异性,又有PCR的敏感性<sup>[9]</sup>. Martsuki *et al*研究发现应用PCR方法检测双歧杆菌,比传统培养法灵敏10-100倍<sup>[10]</sup>. Real-time PCR是基于对PCR过程中荧光变化的连续监测,和常规PCR的终点检测不同, real-time PCR定量发生于扩增的指数期,可以避免常见于PCR由于模板产物比率不同导致的偏倚<sup>[11]</sup>.

由于本研究目的是对幼兔直肠粪便内全部双歧杆菌和乳杆菌进行定量检测,故使用此两种细菌的属特异性引物.参照文献[3-4]合成的引物和从双歧杆菌、乳杆菌、大肠杆菌菌株中抽提的DNA作常规PCR,可见双歧杆菌扩增产物大小为1428 bp,乳杆菌扩增产物大小约为600 bp,阴性对照大肠杆菌未见电泳条带,说明此两种属特异性引物能准确地鉴别双歧杆菌和乳杆菌.

同时, real-time PCR反应条件的选择和优化对于反应成功与否非常关键.其中荧光染料SYBRGreen I的使用浓度是非常关键的因素,如果SYBRGreen I的浓度过低会使荧光信号的变化降低,这意味着低拷贝的样品可能无法检出;而SYBRGreen I的浓度过高时,又将抑制PCR反应,降低PCR反应效率.通过对浓度递减的方法确定SYBRGreen I在该体系中的最佳终浓度为0.5×,从以梯度稀释的外标准品为模板所做的扩增曲线可见少至100个菌仍有阳性曲线生长,即灵敏度可达10<sup>2</sup>个菌.同时,由于SYBRGreen I与DNA双链呈非特异性结合,为减少引物二聚体双链与SYBRGreen I结合而产生的假阳性结果,实验将退火温度通过递增的方式最终确定为61℃,并通过融解曲线分析验证了产物的单一性.

标准曲线是样品定量的参照标准,而外标准品浓度的精确测定是标准曲线制作的基础,也是精确定量的关键.既往采用常规PCR产物直接梯

度稀释的方法虽然简便但存在不准确、不稳定的缺点.本实验是将常规PCR产物克隆到载体上,然后抽提质粒,经嵌含目标片段质粒的浓度测量和拷贝数换算,实现了准确定量;且模板稳定性高,可较长时间保存.这对real-time PCR每次检测样品时均需有已知浓度模板做校正参考,显然是有利的,同时也利于标准曲线的重复性检验.

本研究结果显示,对照组幼兔湿粪(0.05 g)中双歧杆菌对数值为5.84±0.92,乳杆菌对数值为5.14±1.07. PN组幼兔粪便中双歧杆菌和乳杆菌含量分别为4.62±0.24和4.29±0.49,显著低于对照组.由于双歧杆菌和乳杆菌是菌膜屏障的主要成分,而菌膜屏障又是肠屏障的重要组成部分,因此我们推测,长期肠外营养导致的肠菌移位和内毒素血症等肠屏障障碍的表现和双歧杆菌和乳杆菌的数量减少有关,提示我们饲料外源性益生菌可能成为改善PN导致肠道菌群失调、维护肠屏障功能的新途径,但需要我们在今后的干预研究中进一步验证. Real-time PCR技术实现了对双歧杆菌、乳杆菌等难培养菌的实时定量分析,为进一步研究实验动物和人肠道菌群的组成及其动态变化<sup>[12-14]</sup>提供了有效的检测手段,具有较好的实验研究和临床应用前景.

#### 4 参考文献

- 1 Nakasaki H, Mitomi T, Tajima T, Ohnishi N, Fujii K. Gut bacterial translocation during total parenteral nutrition in experimental rats and its countermeasure. *Am J Surg* 1998; 175: 38-43
- 2 吴江, 徐远飞, 蔡威, 傅爱芬, 殷敏智, 张凤英. 全肠外营养相关胆汁淤积幼兔模型的建立. *临床儿科杂志* 2004; 22: 107-109
- 3 Satokari RM, Vaughan EE, Akkermans AD, Saarela M, de Vos WM. Bifidobacterial diversity in human feces detected by genus-specific PCR and denaturing gradient gel electrophoresis. *Appl Environ Microbiol* 2001; 67: 504-513
- 4 Heilig HG, Zoetendal EG, Vaughan EE, Marteau P, Akkermans AD, de Vos WM. Molecular diversity of *Lactobacillus* spp. and other lactic acid bacteria

- in the human intestine as determined by specific amplification of 16S ribosomal DNA. *Appl Environ Microbiol* 2002; 68: 114-123
- 5 牛钟相, 朱瑞良, 常维山, 唐珂心, 徐海花. 兔胃肠道中双歧杆菌的初步研究. *微生物学报* 1996, 36: 307-309
- 6 常维山, 牛钟相, 朱瑞良, 唐珂心, 张绍学, 徐海花, 柴家前. 兔肠道正常微生物群的研究. *中国微生物学杂志* 1996; 8: 14-16
- 7 Suau A, Bonnet R, Sutren M, Godon JJ, Gibson GR, Collins MD, Dore J. Direct analysis of genes encoding 16S rRNA from complex communities reveals many novel molecular species within the human gut. *Appl Environ Microbiol* 1999; 65: 4799-4807
- 8 Satokari RM, Vaughan EE, Akkermans AD, Saarela M, de Vos WM. Bifidobacterial diversity in human feces detected by genus-specific PCR and denaturing gradient gel electrophoresis. *Appl Environ Microbiol* 2001; 67: 504-513
- 9 Gueimonde M, Tolkkio S, Korpimäki T, Salminen S. New real-time quantitative PCR procedure for quantification of bifidobacteria in human fecal samples. *Appl Environ Microbiol* 2004; 70: 4165-4169
- 10 Matsuki T, Watanabe K, Tanaka R, Fukuda M, Oyaizu H. Distribution of bifidobacterial species in human intestinal microflora examined with 16S rRNA-gene-targeted species-specific primers. *Appl Environ Microbiol* 1999; 65: 4506-4512
- 11 Suzuki MT, Giovannoni SJ. Bias caused by template annealing in the amplification of mixtures of 16S rRNA genes by PCR. *Appl Environ Microbiol* 1996; 62: 625-630
- 12 Hopkins MJ, Sharp R, Macfarlane GT. Variation in human intestinal microbiota with age. *Dig Liver Dis* 2002; 34 Suppl 2: S12-18
- 13 McCracken VJ, Simpson JM, Mackie RI, Gaskins HR. Molecular ecological analysis of dietary and antibiotic-induced alterations of the mouse intestinal microbiota. *J Nutr* 2001; 131: 1862-1870
- 14 陈津津, 蔡威. 实时荧光定量PCR方法检测幼兔粪便双歧杆菌的实验研究. *世界华人消化杂志* 2006; 14: 1367-1371

编辑 何燕 电编 马文华

ISSN 1009-3079 CN 14-1260/R 2007年版权归世界华人消化杂志

## • 消息 •

# 关于2006年度山西省期刊质量评估结果的通报

**本刊讯** 为推动期刊出版事业的繁荣和发展,中共山西省委宣传部、山西省新闻出版局、山西省科学技术厅共同组织了2006年度期刊质量评估工作.此次参评的为2005年度山西省出版的196种期刊,其中,社科期刊110种、科技期刊86种.评估结果如下:一级(优秀)期刊共88种,其中社科期刊42种,科技期刊46种,包括世界胃肠病学杂志和世界华人消化杂志;二级期刊共103种,其中社科期刊64种,科技期刊39种;三级期刊共5种,其中社科期刊4种,科技期刊1种.(中共山西省委宣传部、山西省新闻出版局、山西省科学技术厅)