

基于肠道菌群特征的中国四省(自治区)成年人血脂异常发生 风险预测模型构建及评价

杜文雯¹ 周玮玮² 关方旭¹ 黄绯绯¹ 张晓帆¹ 张继国¹ 贾小芳¹
苏畅¹ 欧阳一非¹ 王惠君¹ 张兵¹

1 中国疾病预防控制中心营养与健康所,国家卫生健康委公共营养与健康重点实验室,北京 100050;
2 中国疾病预防控制中心营养与健康所,北京 100050

摘要:目的 基于肠道菌群数据建立成年人5年血脂异常发生风险预测模型,并进行评价。方法 数据源于2018—2023年“中国发展与营养健康影响队列调查”(原“中国健康与营养调查”),纳入650名≥18岁基线具有肠道菌群检测数据且无血脂异常的成年人,通过Lasso方法筛选血脂异常关键预测因素,利用Cox比例风险回归模型建立血脂异常发生风险预测模型,采用Bootstrap1000次重复抽样方法进行内部验证,使用受试者工作特征曲线下面积、一致性指数和校准曲线评价模型区分能力和校准能力。结果 研究对象年龄(四分位数)为55.2(46.5,65.9)岁。随访5年间,共138人(21.2%)发生了血脂异常。Lasso方法筛选出30个血脂异常关键预测因素,经Cox回归分析共23个变量纳入最终模型,包括体质指数、真杆菌嗜木聚糖菌群(*Eubacterium xylanophilum* group)、瘤胃球菌高夫氏菌群(*Ruminococcus gausvrauii* group)等。预测模型5年发病的受试者工作特征曲线下面积为0.7843,经Bootstrap校正后一致性指数为0.6944,校准曲线提示血脂异常的预测概率和实际观测概率一致性较高。结论 基于肠道菌群特征构建的成年人血脂异常发生风险预测模型效能较好,可为个性化精准干预提供参考依据。

关键词:血脂异常 肠道菌群 风险预测模型

中图分类号:R151 R372

文献标志码:A

DOI:10.19813/j.cnki.weishengyanjiu.2025.05.005

Development and validation of a prediction model for dyslipidemia in adults based on gut microbiota features of 4 provinces

Du Wenwen¹, Zhou Weiwei², Guan Fangxu¹, Huang Feifei¹, Zhang Xiaofan¹, Zhang Jiguo¹,
Jia Xiaofang¹, Su Chang¹, Ouyang Yifei¹, Wang Huijun¹, Zhang Bing¹

1 NHC Key Laboratory of Public Nutrition and Health, National Institute for Nutrition and Health, Chinese Center for Disease Control and Prevention, Beijing 100050, China; 2 National Institute for Nutrition and Health, Chinese Center for Disease Control and Prevention, Beijing 100050, China

ABSTRACT: OBJECTIVE To develop and validate a 5-year dyslipidemia prediction model for adults aged ≥18 years based on gut microbiota data. **METHODS** Data were derived from the China Development and Nutrition Health Impact Cohort Study (formerly the China Health and Nutrition Survey, 2018–2023). We included 650 adults aged ≥18 years with baseline gut microbiota data and non-dyslipidemia. Key predictors of

基金项目:国家重点研发计划(No. 2021YFE0114200);国家财政项目(No. 102393220020070000016)

作者简介:杜文雯,女,博士,研究员,研究方向:营养与健康,E-mail:duww@ninh.chinacdc.cn

通信作者:张兵,男,博士,教授,研究方向:公共营养,E-mail:zhangbing@chinacdc.cn

dyslipidemia were selected using LASSO regression, and a Cox proportional hazards regression model was constructed to assess dyslipidemia risk. Internal validation was performed using 1000 bootstrap resamples. Model performance was evaluated by the area under the receiver operating characteristic curve (AUC-ROC), Harrell's concordance index (C-index), and calibration curves. **RESULTS** The median (Q1, Q3) age of participants was 55.2 (46.5, 65.9) years old. Over the 5-year follow-up, 138 individuals (21.2%) developed dyslipidemia. LASSO regression identified 30 key predictors, with 23 variables (e.g., body mass index, *Eubacterium xylanophilum* group, and *Ruminococcus gauvreauii* group) retained in the final Cox model. The model demonstrated strong discriminative ability for 5-year dyslipidemia risk (AUC-ROC: 0.7843) and a bootstrap-corrected C-index of 0.6944. Calibration curves indicated high agreement between predicted and observed probabilities of dyslipidemia. **CONCLUSION**

This gut microbiota-based prediction model, developed from a nutrition-health cohort, exhibits robust performance and may provide basis for personalized and precise intervention.

KEY WORDS: dyslipidemia, gut microbiota, risk prediction model

血脂异常是包括总胆固醇(total cholesterol, TC)、甘油三酯(triglyceride, TG)、低密度脂蛋白胆固醇(low density lipoprotein cholesterol, LDL-C)升高及高密度脂蛋白胆固醇(high density lipoprotein cholesterol, HDL-C)降低在内的脂代谢异常,是动脉粥样硬化性心血管疾病的主要危险因素^[1]。研究显示,近年来我国成年人血脂异常患病率呈高位增长趋势,从2009年的34.96%上升到2023年39.02%^[2]。同时患血脂异常者合并高血压、糖尿病和高尿酸血症等其他代谢性疾病的风险增加,未来我国成年人血脂异常患病及其相关疾病负担将持续加重。然而,血脂异常的知晓率、治疗率和控制率水平较低^[3],为防控工作的开展带来了挑战。研究表明,肠道菌群可能通过多种机制影响机体代谢从而导致血脂异常的发生^[4-5],可能为人群血脂异常风险评估提供新的方向。目前血脂异常的风险因素筛查评估多聚焦在人体测量、生活方式、临床指标等^[6-8]。这些传统模型在宏观层面为识别高风险人群提供了一定的依据,但是它们大多集中于反映疾病发展到一定阶段后的生理或病理结果(如血脂升高),而对驱动这些结果的上游、多层次的生物学机制挖掘不足^[9]。这种局限性导致模型难以捕捉血脂代谢紊乱背后复杂的分子网络和个体化的病理生理学差异,从而限制了其预测的早期性和精准性。另一方面,传统模型普遍忽略肠道菌群等微生态因素,而大量研究已证实肠道菌群可通过影响胆汁酸代谢、短链脂肪酸(SCFAs)生成及炎症调节,深度参与脂质代谢过程。多个菌属(如

Ruminococcus, *Blautia*, *Roseburia*等)及代谢产物(如TMAO、次级胆汁酸)与血脂水平密切相关^[10-11]。已有研究表明,将宏基因组特征纳入可显著提升模型预测性能^[12]。因此,构建融合肠道菌群特征的新型预测模型,有望为血脂异常的风险评估以及对高风险人群的精准识别和个体化干预提供新的思路。本研究假设特定肠道菌群特征可独立于传统因素预测成年人血脂异常发生风险。基于2018—2023年“营养健康影响因素队列调查”(原“中国健康与营养调查”)数据进行分析,旨在识别影响成年人血脂异常发生风险的关键预测因素,为血脂异常的防控管理提供依据。

1 对象与方法

1.1 调查对象

本研究数据来源于2018年第11轮“中国健康与营养调查(China Health and Nutrition Survey, CHNS)”队列调查和2023年国家财政资助的“中国发展与营养健康影响队列调查”项目中河南、湖南、广西、贵州四省(自治区)数据^[13]。后者是基于CHNS项目开展的第12轮调查。肠道菌群数据来源于国家重点研发计划“肠道微生态影响炎症反应及血脂异常的机理研究”项目,该项目依托CHNS队列,对部分调查对象的粪便样本进行了肠道菌群检测,建立了肠道菌群数据库。

本研究纳入对象为2018年18岁及以上,无血脂异常、具有完整的肠道菌群检测和其他关键变量、短期(3个月内)未服用过抗生素、无腹泻及肠道疾病且完成2023年随访的650名成年人。

涉及项目均已通过中国疾病预防控制中心营养与健康所伦理委员会审查(No. 2018-004, 2022-024, 2020-001), 所有调查对象在正式调查前均书面签署了知情同意书。

1.2 生化检测指标

现场采集调查对象空腹血液, 并由经过认证的实验室进行统一检测, 通过免疫比浊法检验超敏 C 反应蛋白(hs-CRP), 采用氧化酶法 GOD-PAP(日本 Kyowa Medex 公司)测定总胆固醇、甘油三酯、低密度脂蛋白胆固醇和高密度脂蛋白胆固醇。

1.3 肠道菌群指标

采用 Novogen Illumina HiSeq PE-250 测序平台对粪便样本的 16S rRNA 基因 V3-V4 高变区进行扩增子测序。实验通过特异性引物扩增基因组 DNA 靶向区域, 测序数据经质控后导入 QIIME 2 分析平台进行微生物群落解析。基于贝叶斯分类算法进行注释, 实现物种组成解析及 α 多样性评估。经生物信息学筛选, 在 1439 个初始检测菌属中, 确定 165 个具有显著生物学意义的候选菌属(检出率 $\geq 10\%$, 平均相对丰度 $> 0.01\%$) 菌群数据经中心对数比(CLR)转化后纳入分析, 保留 165 个候选菌属数据完整的样本。

1.4 人口信息学指标

纳入年龄、性别等人口学指标; 使用现场测量的身高、体重计算体质指数(body mass index, BMI)。

1.5 结局定义

依据《中国血脂管理指南(基层版 2024 年)》^[14]: 总胆固醇 ≥ 6.2 mmol/L 或总甘油三酯 ≥ 2.3 mmol/L 或高密度脂蛋白胆固醇 < 1.0

mmol/L 或低密度脂蛋白胆固醇 ≥ 4.1 mmol/L 即判定为血脂异常。

1.6 统计学分析

预测因素均为基线指标, 其中年龄、BMI、超敏 C 反应蛋白为连续性变量, 性别为分类变量。使用 R 4.3.3 软件 vegan 包计算肠道菌群 α 多样性以及每个样本的 Bray-curtis 距离矩阵, 对菌属数据原始丰度进行中心对数比转化后纳入分析。

连续性变量使用 $M(P25, P75)$ 、分类变量以 $n(r\%)$ 描述, 组间差异使用 Kruska-Wallis 检验和卡方检验进行比较。基于 LASSO 方法[使用 10 折交叉验证, 选择最小均方误差(MSE)的一个标准差范围内最简约模型的 λ 值作为最优正则化参数, 即 1-SE 准则]进行关键预测因素筛选, 纳入最优 λ 时 β 不为 0 的前 30 个预测因素。考虑到膳食摄入与药物使用信息存在部分缺失, 为保证样本完整性, 未纳入模型。通过 Bootstrap 1000 次重抽样方法进行模型内部验证。采用一致性指数(C 指数)和受试者特征曲线下面积(AUC)来评价模型区分能力, 使用校准曲线评估模型校准能力。所有分析使用 R4.3.1 软件完成, 双侧检验, 检验水准 $\alpha = 0.05$ 。

2 结果

2.1 基本情况

共纳入 650 名研究对象, 年龄为 55.2(46.5, 65.9) 岁, 43.1% 为男性, 31.1% 为城市居民。随访时间为 5 年, 研究期间共 138 名(21.2%) 对象发生血脂异常。与随访期间血脂正常组相比, 血脂异常组基线 BMI 水平较高($P < 0.01$)。见表 1。

表 1 不同血脂异常结局成年人基线特征

基线特征	合计 (N=650)	发生血脂异常		P 值
		是(n=138)	否(n=512)	
性别				0.93
男	280(43.1)	59(42.8)	221(43.2)	
女	370(56.9)	79(57.3)	291(56.8)	
城乡				0.31
城市	202(31.1)	38(27.5)	164(32.0)	
农村	448(68.9)	100(72.5)	348(68.0)	
年龄/岁	55.2(46.5, 65.9)	54.6(48.6, 64.0)	55.2(46.0, 66.2)	0.05
体质指数	24.1(21.6, 26.4)	25.2(23.0, 27.5)	23.7(21.3, 26.1)	<0.01
超敏 C 反应蛋白/(mg/L)	0.8(0.4, 1.7)	0.9(0.4, 1.6)	0.7(0.4, 1.7)	0.53

注: 连续变量以 $M(P25, P75)$ 表示, 分类变量以 $n(r\%)$ 表示

2.2 预测因素筛选与建模

通过 Lasso 筛选纳入 30 个关键的血脂异常预测因素, 包括 BMI 及真杆菌嗜木聚糖菌群(*Eubacterium xylanophilum group*) 等 29 个肠道菌

群指标。Cox 比例风险回归模型进一步筛选出 23 个预测变量进入最终模型构建。结果表明, 血脂异常发生风险随 BMI 和真杆菌嗜木聚糖菌群(*Eubacterium xylanophilum group*) 等 12 个肠道菌

群丰度而升高,而瘤胃球菌高夫氏菌群 (*Ruminococcus gauvreauii* group) 等 10 个肠道菌群丰度能够降低血脂异常发生风险。见表 2。

表 2 血脂异常发病风险预测模型

预测变量	β 值	HR (95% CI)	P 值
体质指数	0.38	1.46 (1.23~1.74)	<0.01
<i>Eubacterium xylanophilum</i> group	0.35	1.42 (1.06~1.90)	0.02
<i>Limnochordaceae</i>	-0.23	0.79 (0.65~0.97)	0.02
<i>Ruminococcus gauvreauii</i> group	-0.29	0.75 (0.60~0.93)	<0.01
<i>Shimia</i>	0.24	1.27 (1.07~1.52)	<0.01
<i>Amphibacillus</i>	0.26	1.30 (1.05~1.61)	0.02
<i>Robinsoniella</i>	-0.26	0.77 (0.61~0.98)	0.03
<i>Alteribacillus</i>	0.20	1.22 (1.02~1.46)	0.03
<i>Floricoccus</i>	0.28	1.32 (1.09~1.61)	<0.01
<i>Mle1-7</i>	-0.25	0.78 (0.64~0.95)	0.01
<i>Butyricocccaceae</i> (uncl.)	0.23	1.26 (1.03~1.53)	0.02
<i>Thermoleophilia</i> (uncl.)	-0.24	0.79 (0.65~0.96)	0.02
<i>Cellulosilyticum</i>	-0.25	0.78 (0.62~0.99)	0.04
<i>Christensenellaceae</i> (uncl.)	0.25	1.28 (1.01~1.62)	0.04
<i>Eisenberiellea</i>	-0.22	0.80 (0.66~0.98)	0.03
<i>Castellaniella</i>	-0.25	0.78 (0.62~0.99)	0.04
<i>J30-KF-CM45</i>	0.28	1.32 (1.09~1.61)	<0.01
<i>Burkholderiales</i> (uncl.)	-0.24	0.79 (0.63~0.98)	0.03
<i>Actinophytocola</i>	0.22	1.25 (1.02~1.52)	0.03
<i>Eubacterium nodatum</i> group	0.22	1.25 (1.04~1.49)	0.02
<i>Anoxybacillus</i>	0.24	1.27 (1.00~1.61)	0.046
<i>Merdibacter</i>	0.18	1.20 (1.00~1.43)	0.046
<i>Planococcaceae</i> (uncl.)	-0.22	0.80 (0.65~1.00)	0.048

注: uncl. 表示 unclassified,代表该菌群在该分类水平上尚未明确分类,例如,“*Butyricocccaceae* (uncl.)”表示该菌群属于 *Butyricocccaceae* 科,但属水平未定

2.3 模型评价

使用 Bootstrap1000 次重复抽样进行内部验证,校正后的模型一致性指数为 0.6944,模型预测 5 年内发生血脂异常的 AUC 值为 0.7843,提示该模型具有较好的区分能力(图 1)。经校正后的校准曲线与理想曲线重合度角度,提示该模型的预测概率和观测概率具有较高的一致性(图 2)。

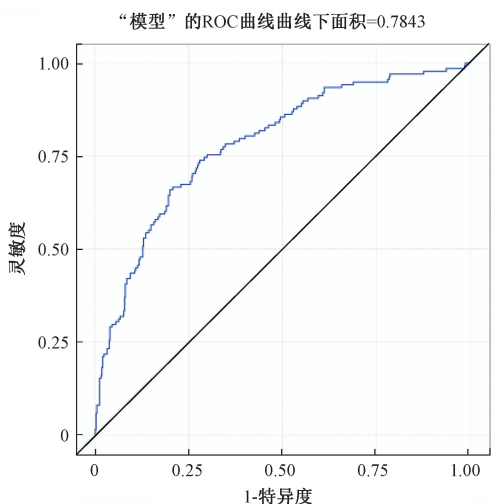


图 1 血脂异常发生风险预测模型受试者工作特征曲线 AUC=0.7843 (95%CI 0.7406~0.8281)

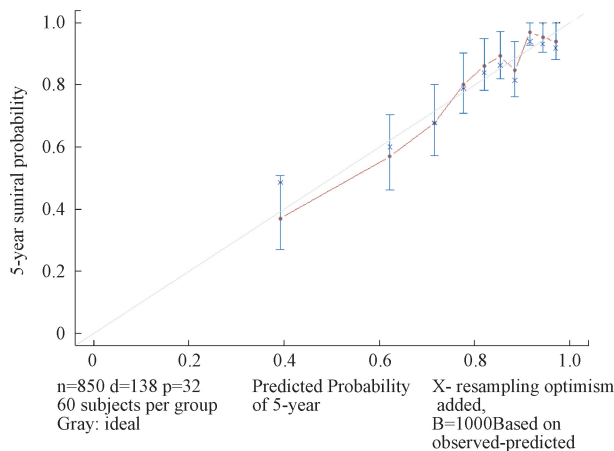


图 2 血脂异常发生风险预测模型的校准曲线

3 讨论

本研究主要基于中国发展与营养健康影响队列调查(原中国健康与营养调查)的肠道菌群数据开展 ≥ 18 岁成年人 5 年内血脂异常发生风险预测评估,通过 Lasso 筛选纳入 30 个关键预测因素进行模型构建,其中 23 个预测指标纳入最终模型。经验证,本研究基于肠道菌群特征建立的血脂异常发生风险预测模型性能较好,可为我国成年人血脂异常高危人群筛查和管理提供新的

思路。

肥胖是血脂代谢异常的重要危险因素,本研究建立的预测模型提示除肠道菌群外,BMI 对于血脂异常发生风险具有重要的预测作用,与其他研究结果一致^[15-16]。控制体重被多项指南、共识推荐为血脂异常防控的关键措施^[1,14]。

目前关于血脂异常发生风险预测的模型开发研究较少。日本职业健康流行病学合作研究对 31 452 名日本职业人群进行了血脂异常 7 年发生风险的预测研究,结果显示基于生存分析的深度神经网络模型 AUC 值为 0.826,筛选出的预测因素包括 LDL-C、TG、HDL-C、 γ -GTP 和吸烟^[8]。利用韩国健康与营养调查 (KNHANES) 2007—2018 年数据开展的一项研究,使用 DNN 深度神经网络模型评估了营养摄入对 40~69 岁成年人血脂异常的预测效能,预测准确度为 0.586 54,略高于逻辑回归和决策树模型,模型识别出能量、碳水化合物、蛋白质和钠摄入是血脂异常预测的关键因素^[17]。一项中国研究利用 2015 年 CHARLS 数据使用 Lasso 回归结合 Logsitic 回归方法对 45 岁及以上成年人血脂异常进行分类预测 (AUC>0.7),模型识别出合并高血压、合并糖尿病、腰围、合并消化道疾病、居住地和合并肝病是筛选中老年人血脂异常的关键预测因素^[6]。另一项中国研究使用 1015 名健康成年人的体检数据,采用 LASSO 回归筛选变量,结合多元逻辑回归构建血脂异常预测模型 (C-index 为 0.737),关键预测变量包括性别、年龄、婚姻状况、教育水平、运动频率、年收入、腰臀比 (WHR)、腰高比 (WHR)、BMI 和体脂率等^[7]。以上预测模型多基于横断面数据构建分类模型,聚焦于传统临床、人体测量及生活方式指标,对血脂异常发生风险的动态预测能力有限,对新兴生物学标志物 (如肠道菌群) 的整合不足。

近年来,研究表明肠道菌群通过调节胆汁酸代谢、短链脂肪酸生成、炎症反应等机制影响脂质代谢,在血脂异常发生发展中的作用逐渐得到证实^[5,18]。肠道菌群作为影响宿主代谢的重要调节因子,逐渐成为研究热点,识别代谢相关的指示菌将为个体精准营养干预提供新的方向^[19]。本研究基于中国发展与营养健康影响队列调查构建的血脂异常 5 年发生风险预测模型发现,血脂异常发生风险与基线肠道菌群特征存在关联。结果提示,在门水平上,厚壁菌门、变形菌门、放线菌门是最主要的 3 类预测因子,与相关研究结果相似^[20]。真杆菌嗜木聚糖菌群 (*Eubacterium xylanophilum* group)^[21]、*Floricoccus*、*JG30-KF-*

CM45、*Amphibacillus* 等菌群基线丰度增加血脂异常发生风险,而瘤胃球菌高夫氏菌群 (*Ruminococcus gauvreauii* group)、*Robinsoniella*、*Mle1-7*、*Cellulosilyticum* 等菌群基线丰度可以降低血脂异常发生风险。

结合肠道菌群的整合预测模型通常展现出优于传统模型的预测性能。一项针对妊娠期血脂异常的研究显示,结合了肠道菌群特征和生化标志物的模型 AUC 可达 0.824^[12]。另一项研究发现,单独使用临床变量预测代谢相关脂肪性肝病的 AUROC 为 0.58~0.60,而整合微生物特征后, AUROC 能提升至 0.80^[22]。本研究结合肠道菌群特征与传统风险因素 (如 BMI、年龄、性别) 构建的成年人血脂异常发生风险预测模型具有较好的效能。通过肠道菌群特征结合 BMI 等传统指标,可以更早地识别血脂异常高风险人群,为早期干预提供依据。同时,肠道菌群具有可调节性,通过饮食、益生菌/益生元等干预手段,可能实现对血脂异常的精准防控。

本研究的局限性:首先,研究仅纳入河南、湖南、广西、贵州的数据,可能无法完全代表全国人群的肠道菌群特征和血脂异常风险。其次,研究对象多为中老年人,存在多种慢性代谢性疾病共存的问题,本研究仅聚焦于血脂异常的发生风险,未考虑多病共患对肠道菌群构成及变化的复杂影响。再次,本研究未进行肠道菌群对不同亚型血脂异常的影响研究,且预测模型未纳入膳食、生活方式等因素,可能会造成解释效能降低。同时,本研究仅收集基线及 5 年结局数据,缺乏中间时间节点信息,暂无法评估时间依赖性 AUC,相关分析将在未来前瞻性研究中进一步开展。最后,研究主要基于菌群组成数据,未涉及菌群功能 (如代谢产物) 的分析。未来可结合宏基因组学、代谢组学等技术深入探讨肠道菌群在血脂异常发生发展中的作用机制和预测价值,开发基于肠道菌群的个性化干预策略,以降低血脂异常及其相关疾病的负担。

参考文献

- [1] 中国健康管理协会临床营养与健康分会,中国营养学会临床营养分会,《中华健康管理学杂志》编辑委员会. 血脂异常医学营养管理专家共识[J]. 中华健康管理学杂志,2023,17(8):561-573.
- [2] 吴晓宇,关方旭,苏畅,等. 2009—2023 年中国十省 (自治区) 成年居民主要慢性代谢性疾病现状及流行趋势[J]. 卫生研究,2024,53(6):880-886,913.
- [3] 谢瑾,董忠,李航,等. 北京市 18~65 岁居民血脂异

- 常的知晓率、治疗率和控制率及知晓率影响因素分析[J]. 中国慢性病预防与控制, 2017, 25(7): 489-493.
- [4] JIA X, XU W, ZHANG L, et al. Impact of gut microbiota and microbiota-related metabolites on hyperlipidemia [J]. *Front Cell Infect Microbiol*, 2021, 11:634780.
- [5] ZHOU X, LIAN P, LIU H, et al. Causal associations between gut microbiota and different types of dyslipidemia; a two-sample mendelian randomization study [J]. *Nutrients*, 2023, 15(20):4445.
- [6] JIANG H, GENG X, SHI J, et al. Development and validation of a risk prediction model for dyslipidemia in community-dwelling middle-aged and older adults in China: a nationwide survey [J]. *Front Public Health*, 2024, 12:1462483.
- [7] LAN J, ZHOU X, HUANG Q, et al. Development and validation of a simple-to-use nomogram for self-screening the risk of dyslipidemia [J]. *Sci Rep*, 2023, 13(1):9169.
- [8] SASAGAWA Y, INOUE Y, FUTAGAMI K, et al. Application of deep neural survival networks to the development of risk prediction models for diabetes mellitus, hypertension, and dyslipidemia [J]. *J Hypertens*, 2024, 42(3):506-514.
- [9] LIU J, DAN W, LIU X, et al. Development and validation of predictive model based on deep learning method for classification of dyslipidemia in Chinese medicine [J]. *Health Inf Sci Syst*, 2023, 11(1): 21.
- [10] ZENG L, YU B, ZENG P, et al. Mediation effect and metabolic pathways of gut microbiota in the associations between lifestyles and dyslipidemia [J]. *NPJ Biofilms Microbiomes*, 2025, 11(1): 90.
- [11] WEI W, JIANG W, TIAN Z, et al. Fecal *g. Streptococcus* and *g. Eubacterium_coprostanoligenes* group combined with sphingosine to modulate the serum dyslipidemia in high-fat diet mice [J]. *Clin Nutr*, 2021, 40(6): 4234-4245.
- [12] YANG X, ZHANG M, ZHANG Y, et al. Ecological change of the gut microbiota during pregnancy and progression to dyslipidemia [J]. *NPJ Biofilms Microbiomes*, 2023, 9(1): 14.
- [13] 王惠君,张兵,王志宏,等. 2022—2023年中国发展与营养健康影响队列调查[J]. 卫生研究, 2024, 53(6):861.
- [14] 中国血脂管理指南修订联合专家委员会. 中国血脂管理指南(基层版 2024年)[J]. 中华心血管病杂志, 2024, 52(4):330-337.
- [15] 张健,赵艾,谭圣杰,等. 不同身体测量指标预测中国城市成人血脂异常差异及截断值筛选[J]. 卫生研究, 2018, 47(2):212-217.
- [16] 牛苗苗. 基于机器学习技术的农村成人血脂异常发病风险预测模型的构建与评价[D]. 郑州:郑州大学, 2022.
- [17] KIM H, LIM DH, KIM Y. Classification and prediction on the effects of nutritional intake on overweight/obesity, dyslipidemia, hypertension and type 2 diabetes mellitus using deep learning model: 4-7th Korea National Health and Nutrition Examination Survey [J]. *Int J Environ Res Public Health*, 2021, 18(11):5597.
- [18] 崔佳,王柯,陆秋娟,等. 成都地区中老年人糖、脂代谢异常与肠道菌群结构关系探究[J]. 现代预防医学, 2023, 50(10):1777-1783, 1830.
- [19] 王丽媛,李岩,毛宏梅,等. 肠道微生物在肥胖干预中的作用[J]. 卫生研究, 2023, 52(4):666-672.
- [20] SANTOS J G, ALVES B C, HAMMES T O, et al. Dietary interventions, intestinal microenvironment, and obesity: a systematic review [J]. *Nutr Rev*, 2019, 77(9):601-613.
- [21] WANG M, HAN H, WAN F, et al. Dihydroquercetin supplementation improved hepatic lipid dysmetabolism mediated by gut microbiota in high-fat diet (HFD)-fed mice [J]. *Nutrients*, 2022, 14(24):5214.
- [22] GHOSH S, ZHAO X, ALIM M, et al. Artificial intelligence applied to omics data in liver disease: towards a personalised approach for diagnosis, prognosis and treatment [J]. *Gut*, 2025, 74(2): 295-311.

收稿日期:2025-03-26