

· 论 著 ·

飞行人员高脂血症与肠道菌群分布研究

王冬¹, 陈基快², 蔡文杰¹, 陈岳涛¹, 蒋春燕³, 郁小红¹1. 空军杭州特勤疗养中心疗养三区康复理疗科, 浙江 杭州 310004; 2. 海军军医大学, 上海 200433;
3. 中国人民解放军第903医院, 浙江 杭州 310013

摘要: **目的** 探讨患高脂血症飞行人员的肠道菌群特征, 为预防飞行人员高脂血症提供依据。**方法** 选择2020年10月—2021年2月在某疗养中心健康体检诊断为高脂血症的飞行人员纳入高脂血症组, 同期健康体检血脂正常的飞行人员纳入对照组; 收集两组研究对象的年龄、家族史、体格检查和临床生化检测资料。采集粪便标本, 对肠道菌群进行测序和生物学信息分析, 比较肠道菌群多样性和菌属丰度差异, 采用LEfSe分析法筛选关键微生物。**结果** 纳入高脂血症组29例, 对照组25人, 均为男性, 年龄 $M(Q_R)$ 分别为34(12)岁和30(12)岁。两组研究对象年龄、飞行时间、吸烟、代谢性疾病家族史和腰围等比较, 差异均无统计学意义($P>0.05$)。高脂血症组肠道菌群 α 多样性指数Shannon低于对照组($Z=4.370$, $P=0.026$)。 β 多样性分析显示, 两组肠道菌群的总体结构存在差异, 分别聚集为2个类群。LEfSe分析显示, 高脂血症组的关键菌属为草螺菌属、奇异菌属和埃格特菌属; 对照组的关键菌属为直肠真杆菌属、戴阿利斯特杆菌属、真杆菌属组、拟普雷沃菌属和未分类拟杆菌目。**结论** 患高脂血症飞行人员肠道菌群物种多样性、菌属相对丰度较血脂正常飞行人员降低; 草螺菌属、奇异菌属和埃格特菌属可能是患高脂血症飞行人员的关键菌属。

关键词: 飞行人员; 肠道菌群; 高脂血症**中图分类号:** R58 **文献标识码:** A **文章编号:** 2096-5087(2022)07-0665-07

Hyperlipidemia and intestinal microflora distributions among flying personnel

WANG Dong¹, CHEN Jikuai², CAI Wenjie¹, CHEN Yuetao¹, JIANG Chunyan³, YU Xiaohong¹

1. Department of Rehabilitative Physiotherapy of the Third Sanitarium Area, Air Force Health Care Center Special Services, Hangzhou, Zhejiang 310004, China; 2. Naval Medical University, Shanghai 200433, China; 3. No.903 Hospital of the PLA, Hangzhou, Zhejiang 310013, China

Abstract: Objective To investigate the characteristics of intestinal microflora among flying personnel with hyperlipidemia, so as to provide insights into prevention of hyperlipidemia among flying personnel. **Methods** Flying personnel diagnosed with hyperlipidemia in a sanatorium from October 2020 to February 2021 were included in the hyperlipidemia group, while flying personnel with normal blood lipids during the same period served as controls. Subjects' age, family history, physical examinations and blood testing results were collected from both groups. Fecal samples were collected, and intestinal microflora was sequenced followed by bioinformatics analysis. The diversity and abundance of intestinal microflora were compared, and the key bacteria were screened using LEfSe analysis. **Results** There were 29 subjects in the hyperlipidemia group with a median age (interquartile range) of 34 (12) years and 25 subjects in the control group with a median age (interquartile range) of 30 (12) years, and all subjects were men. There were no significant differences between the two groups in terms of age, flight duration, smoking, family history of metabolic diseases and waist circumference ($P>0.05$). The Shannon diversity index of intestinal microflora was lower in the hyperlipidemia group than in the control group ($Z=4.370$, $P=0.026$), and there was a significant difference in the overall structure of intestinal flora between the two groups, which were clustered into two groups. LEfSe analysis identified *Herbaspirillum*,

DOI: 10.19485/j.cnki.issn2096-5087.2022.07.004**基金项目:** 杭州市科技攻关项目课题(20200133X04)**作者简介:** 王冬, 硕士, 副主任医师, 主要从事特勤人员常见疾病诊疗工作**通信作者:** 郁小红, E-mail: 13858031195@163.com

Atopobium and *Eggerthella* as key microorganisms in the hyperlipidemia group, and *Agathobacter*, *Dialister*, norank_Eubacterium_coprostanoligenes_group, *Alloprevotella* and unclassified Bacteroidales as key microorganisms in the control group. **Conclusions** The species diversity and relative abundance of intestinal microflora are lower in flying personnel with hyperlipidemia than in those with normal blood lipids. *Herbaspirillum*, *Atopobium* and *Eggerthella* may be the key bacteria contributing to hyperlipidemia among flying personnel.

Keywords: flying personnel; intestinal microflora; hyperlipidemia

高脂血症是动脉粥样硬化性心血管病主要危险因素,我国人群血脂异常发生率为18.6%^[1]。高脂血症也是飞行人员的常见病、高发病,可能与飞行人员长期高蛋白、高热量饮食有关,也可能与飞行职业活动中的氧化应激损伤、心理应激和睡眠生物节律紊乱^[2-3]等因素有关。王星等^[4]研究发现,脂代谢紊乱是飞行人员冠状动脉硬化医学停飞的特点之一。因此,有效控制血脂对保障飞行人员健康、飞行安全具有重要意义。

近年来,通过调节肠道菌群组成成分,预防和治疗由高脂血症引起的心血管疾病受到研究人员的广泛关注。虽然不同地域、年龄和饮食结构人群肠道菌群丰度存在差异,但总体来说,正常人群的肠道菌群具有高分类群多样性、高微生物基因丰富度和稳定的微生物组功能核心^[5]。肠道菌群的丰度和多样性变化与肥胖、胰岛素抵抗、炎症和血脂异常等多种疾病的发生发展有关^[6-7]。本研究通过比较高脂血症和血脂正常飞行人员的肠道菌群丰度和多样性差异,分析患高脂血症飞行人员的关键菌属,为核心菌群防治飞行人员高脂血症提供依据。

1 对象与方法

1.1 对象 选择2020年10月—2021年2月在某疗养中心健康体检诊断为高脂血症的飞行人员为高脂血症组,选择同期健康体检血脂正常,年龄、腰围与高脂血症组匹配的飞行人员为对照组。高脂血症诊断参照《中国成人血脂异常防治指南(2016年修订版)》^[8]。排除标准:(1)高血压、糖尿病、甲状腺或甲状旁腺疾病、肾上腺皮质功能亢进、慢性肝肾功能不全等疾病患者,或长期服用类固醇激素者;(2)非酒精性脂肪肝、急慢性肠道疾病等消化系统疾病患者^[9];(3)长期服用抗生素或正在使用抗生素的患者;(4)有特殊饮食习惯或近3个月体重变化明显者;(5)有精神病史或心理健康症状自评量表(Symptom Checklist 90, SCL-90)总分>160分者。本研究通过联勤保障部队第903医院医学伦理委员会审查,审批号:20220516/06/01/001。研究对象均签署知情同意书。

1.2 基本信息和体检资料收集 基本信息包括年龄、飞行时间、吸烟、饮酒和代谢性疾病家族史。按世界卫生组织(WHO)建议,吸烟1年以上、平均每日>1支为吸烟^[10];有饮酒史或每周乙醇摄入量>100 g者为饮酒^[11]。体检资料包括腰围(WC)、白细胞计数(WBC)、红细胞计数(RBC)、中性粒细胞百分比(NEU%)、三酰甘油(TG)、总胆固醇(TC)、低密度脂蛋白胆固醇(LDL-C)、高密度脂蛋白胆固醇(HDL-C)、空腹血糖(FPG)、尿酸(UA)、总胆红素(TBIL)、直接胆红素(DBIL)、间接胆红素(IBIL)、高敏C反应蛋白(hs-CRP)、天冬氨酸氨基转移酶(AST)和丙氨酸氨基转移酶(ALT)等。比较高脂血症组和对照组飞行人员的基本情况和主要临床生化检测结果。

1.3 肠道菌群检测与分析

1.3.1 粪便标本采集 研究对象晨起自然排便后采集粪便5 g置于50 mL无菌采样杯(配有无菌采样棒),-80℃保存。

1.3.2 PCR扩增和测序文库构建 16S rDNA测序由上海美吉生物医药科技有限公司完成。根据E.Z.N.A.® Soil DNA Kit(美国Omega公司)说明书提取粪便微生物群落总基因组DNA。以提取的DNA为模板,采用PCR扩增16S rRNA基因V3~V4可变区^[12]。纯化后的PCR产物采用NEXTFLEX®Rapid DNA-Seq Kit(美国Bioo Scientific公司)建库,使用Miseq PE300平台(Illumina公司)测序,对比数据库为Silva(Release 128, <http://www.arb-silva.de>)。

1.3.3 生物学信息分析 使用Fastp 0.19.6软件对双端原始测序序列进行质控,使用FLASH 1.2.11软件进行拼接。使用UPARSE 7.1软件,根据97%的相似度对质控拼接后的序列进行操作分类单元(operational taxonomic unit, OTU)聚类并剔除嵌合体。使用QIIME 1.9.1软件进行α多样性和β多样性分析。α多样性反映微生物群落的丰度和多样性,其中Ace、Sobs、Chao和Coverage指数反映菌群中物种的丰富度,数值越大表示物种丰富度越高;Shannon和Simpson指数反映物种多样性,Shannon指数越大、Simpson指数越小,表示物种多样性越高。β多样性

用于比较 2 组微生物群落的差异,采用主坐标分析 (principal component analysis, PCoA) 使微生物群落结构差异性可视化,样本距离越近表示物种组成结构越相似;采用偏最小二乘判别分析 (partial least squares discriminant analysis, PLS-DA) 区分样本观察值。采用 LEfSe 分析法^[13] 确定导致组间差异的关键菌属,线性判别分析 (linear discriminant analysis, LDA) 得分>3.0 且统计检验 $P<0.05$ 的菌属为关键菌属。比较高脂血症组和对照组飞行人员的肠道菌群多样性、丰度,分析两组的关键菌属。

1.4 统计分析 采用 SPSS 26.0 软件统计分析。定量资料服从正态分布的采用均数±标准差 ($\bar{x} \pm s$) 描述,组间比较采用 t 检验;不服从正态分布的采用中位数和四分位数间距 [$M(Q_R)$] 描述,组间比较采用 Wilcoxon 秩和检验。定性资料采用相对数描述,组间比较采用 χ^2 检验。LEfSe 分析采用 Kruskal-Wallis H 检验。以 $P<0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 基本情况 高脂血症组 29 例,对照组 25 人,均为男性,年龄 $M(Q_R)$ 分别为 34 (12) 岁和 30 (12) 岁。两组飞行人员年龄、飞行时间、吸烟、代谢性疾病家族史和 WC 比较,差异均无统计学意义 ($P>0.05$);高脂血症组飞行人员饮酒比例高于对照组 ($P<0.05$)。高脂血症组飞行人员 TC、LDL-C、TG、UA、AST 和 ALT 水平均高于对照组,DBIL 水平低于对照组 ($P<0.05$);两组飞行人员其他临床生化指标比较,差异均无统计学意义 ($P>0.05$)。见表 1。

2.2 两组飞行人员肠道菌群比较分析

2.2.1 多样性 54 份样本经测序、质控后,共回收 2 871 238 个平均序列长度 408 bp 的高质量序列用于下游分析。划分为 844 个 OTU,高脂血症组飞行人员独有 57 个 OTU,对照组独有 130 个 OTU。 α 多样性分析结果显示,高脂血症组飞行人员 Shannon 指数低于对照组 ($P<0.05$);Ace、Chao、Coverage 和 Sobs 指数与对照组比较,差异均无统计学意义 ($P>0.05$)。见表 2。 β 多样性分析结果显示,PCoA 分析并没有明显区分高脂血症组与对照组菌群 ($R=0.001$, $P=0.622$);但 PLS-DA 分析发现,两组肠道菌群可明显区分并聚成 2 个类群,即两组飞行人员的肠道菌群总体结构存在差异。见图 1。

2.2.2 种群 在门水平上,两组飞行人员均以厚壁菌门、放线菌门、变形菌门和拟杆菌门为优势菌门,高脂血症组飞行人员 4 类菌门分别占所有序列的

表 1 两组飞行人员一般资料和生化指标比较

Table 1 Comparison of demographic and clinical characteristics between the two groups

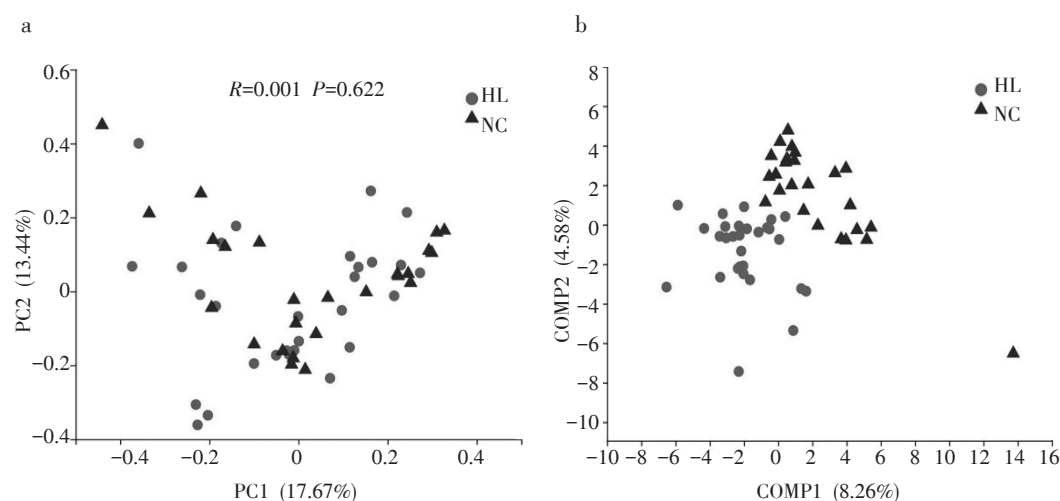
项目 Item	高脂血症组 Hyperlipidaemia (n=29)	对照组 Control (n=25)	Z/t/ χ^2 值	P 值
年龄/岁 Age/Year ^a	34 (12)	30 (12)	-1.382	0.167
飞行时间/Flight duration/h ^a	1 999 (1 660)	1 000 (1 692)	-1.752	0.080
饮酒 Drinking ^b	18 (62.07)	8 (32.00)	4.862	0.027
吸烟 Smoking ^b	22 (75.86)	20 (80.00)	0.133	0.715
代谢性疾病家族史 Family history of metabolic diseases ^b	9 (31.03)	6 (24.00)	0.331	0.565
WC/cm ^a	85 (9)	83 (6)	-1.366	0.172
TC/ (mmol/L) ^a	6.03 (0.72)	4.82 (0.78)	-5.630	<0.001
TG/ (mmol/L) ^a	1.98 (1.26)	1.10 (0.36)	-5.205	<0.001
LDL-C/ (mmol/L) ^c	3.68±0.61	2.27±0.44	-6.619	<0.001
HDL-C/ (mmol/L) ^c	1.40±0.21	1.49±0.29	-1.294	0.201
TBIL/ (μmol/L) ^c	18.34±6.10	18.51±6.42	0.101	0.920
DBIL/ (μmol/L) ^c	4.65±1.30	5.74±1.76	2.619	0.012
IBIL/ (μmol/L) ^b	13.30 (5.95)	11.30 (5.50)	-0.764	0.445
UA/ (μmol/L) ^c	385.72±69.70	350.12±53.32	-2.082	0.042
FPG/ (mmol/L) ^c	4.94±0.73	4.58±0.62	-1.913	0.061
WBC/ (×10 ⁹ /L) ^c	6.84±1.01	6.71±1.45	-0.319	0.697
RBC/ (×10 ¹² /L) ^c	5.25±0.31	5.16±0.27	-1.222	0.227
NEU% /% ^c	51.56±5.39	52.27±6.61	0.437	0.664
AST/ (U/L) ^b	21.00 (7.50)	19.00 (5.00)	-2.465	0.014
ALT/ (U/L) ^b	26.00 (29.50)	16.00 (10.50)	-3.226	0.001
hs-CRP/ (mg/L) ^b	0.41 (0.51)	0.31 (0.92)	-0.607	0.544

注: a 表示采用 $M(Q_R)$ 描述,组间比较采用 Wilcoxon 秩和检验; b 表示采用 n (%) 描述,组间比较采用 χ^2 检验; c 表示采用 $\bar{x} \pm s$ 描述,组间比较采用 t 检验。Note: a, described with $M(Q_R)$, and compared by Wilcoxon rank sum test; b, described with n (%), and compared by χ^2 test; c, described with ($\bar{x} \pm s$), and compared by t test.

表 2 两组飞行人员肠道菌群 α 多样性指数比较

Table 2 Comparison of α diversity index between the two groups

α 多样性指数 α diversity index	高脂血症组 Hyperlipidaemia [$M(Q_R)$]	对照组 Control [$M(Q_R)$]	Z 值	P 值
Ace	252.000 (52.000)	277.000 (150.400)	4.112	0.089
Chao	250.400 (76.500)	277.300 (149.900)	3.991	0.145
Coverage	0.998 (0.001)	0.998 (0.001)	2.618	0.196
Shannon	3.199 (0.573)	3.403 (0.610)	4.370	0.026
Simpson	0.016 (0.008)	0.075 (0.050)	2.450	0.103
Sobs	215.000 (60.000)	232.000 (117.000)	4.176	0.067



注: a, 属水平的PCoA分析; b, 属水平的PLS-DA分析; HL, 高脂血症组; NC, 对照组。Note: a, PCoA at the Genus level; b, PLA-DA at the Genus level; HL, hyperlipidemia group; NC, control group.

图1 两组飞行人员肠道菌群结构比较

Figure 1 Comparison of gut microbiota structures between the two groups

80.40%、12.46%、3.71%和3.43%;对照组飞行人员4类菌门分别占所有序列的76.22%、14.22%、4.17%和5.21%。在属水平上,有246个属的丰度不同。两组飞行人员共有的优势属有17个($\geq$ 平均丰度1%),分别为布劳特菌属(*Blautia*)、粪杆菌属(*Faecalibacterium*)、双歧杆菌属(*Bifidobacterium*)、罕见小球菌属(*Subdoligranulum*)、霍氏真杆菌属(*Eubacterium_hallii_group*)、直肠真杆菌属(*Agathobacter*)、变形链球菌属(*Streptococcus*)、纺锤链杆菌属(*Fusicatenibacter*)、瘤胃球菌属(*Ruminococcus*)、罗姆布茨菌属(*Romboutsia*)、多尔菌属(*Dorea*)、柯林斯菌属(*Collinsella*)、埃希-志贺菌属(*Escherichia-Shigella*)、拟

杆菌属(*Bacteroides*)、扭链瘤胃球菌属群(*Ruminococcus_torques_group*)、厌氧棒状菌属(*Anaerostipes*)和丹毒丝菌属(*Erysipelotrichaceae_UCG-003*);除此以外,高脂血症组飞行人员优势属还有狭义梭菌属(*Clostridium_sensu_stricto_1*)、克雷伯菌属(*Klebsiella*)、巨单胞菌属(*Megamonas*),对照组优势属还有普雷沃菌属(*Prevotella*)、粪球菌属(*Coprococcus*)和戴阿利斯特杆菌属(*Dialister*)。两组飞行人员有17个菌属丰度差异有统计学意义($P<0.05$),其中高脂血症组飞行人员的直肠真杆菌属、戴阿利斯特杆菌属、真杆菌属组丰度低于对照组,而埃格特菌属、奇异菌属和草螺菌属丰度高于对照组。见表3。

表3 两组飞行人员丰度差异显著的肠道菌属比较

Table 3 Comparison of genus with significant difference in abundance between the two groups

属 Genus	高脂血症组 Hyperlipidaemia [$M(Q_R)$]	对照组 Control [$M(Q_R)$]	Z值	P值
直肠真杆菌属 <i>Agathobacter</i>	1.251×10^{-2} (3.195×10^{-2})	4.000×10^{-2} (4.493×10^{-2})	4.189	0.031
戴阿利斯特杆菌属 <i>Dialister</i>	4.199×10^{-5} (2.393×10^{-3})	2.000×10^{-3} (1.360×10^{-2})	4.159	0.030
真杆菌属组 <i>Norank_Eubacterium_coprostanoligenes_group</i>	5.038×10^{-4} (2.561×10^{-3})	4.000×10^{-3} (8.269×10^{-3})	4.488	0.005
埃格特菌属 <i>Eggerthella</i>	5.878×10^{-4} (1.428×10^{-3})	0 (1.679×10^{-4})	1.668	0.003
未分类鼠杆菌科 <i>Norank_Muribaculaceae</i>	0 (2.099×10^{-4})	1.000×10^{-3} (1.973×10^{-3})	4.198	0.023
放线菌属 <i>Actinomyces</i>	5.038×10^{-4} (7.981×10^{-4})	2.939×10^{-4} (2.940×10^{-4})	2.120	0.042
骸骨细菌门 TM7x	2.099×10^{-4} (6.298×10^{-4})	8.397×10^{-5} (2.519×10^{-4})	1.988	0.021
未定义颤螺菌目 <i>Unclassified_Oscillospirales</i>	0 (4.199×10^{-5})	0 (2.519×10^{-4})	4.189	0.019
阴性杆菌属 <i>Negativibacillus</i>	0 (0)	4.199×10^{-5} (6.298×10^{-4})	4.147	0.017
拟普雷沃菌属 <i>Alloprevotella</i>	0 (0)	0 (4.199×10^{-5})	3.763	0.046

表 3 (续) Table 3 (continued)

属 Genus	高脂血症组 Hyperlipidaemia [$M(Q_R)$]	对照组 Control [$M(Q_R)$]	Z 值	P 值
福涅拉菌属 <i>Fournierella</i>	0 (0)	0 (4.199×10^{-5})	3.857	0.035
未定义瘤胃菌科 <i>Unclassified_Ruminococcaceae</i>	0 (4.199×10^{-5})	8.397×10^{-5} (1.679×10^{-4})	4.066	0.039
消化链球菌属 <i>Peptostreptococcus</i>	4.199×10^{-5} (1.260×10^{-4})	0 (4.199×10^{-5})	1.945	0.012
缠结优杆菌属 <i>Eubacterium_nodatum_group</i>	8.397×10^{-5} (1.260×10^{-4})	4.199×10^{-5} (4.199×10^{-5})	2.103	0.031
奇异菌属 <i>Atopobium</i>	4.199×10^{-5} (8.397×10^{-5})	0 (4.199×10^{-5})	1.937	0.010
草螺菌属 <i>Herbaspirillum</i>	0 (4.199×10^{-5})	0 (0)	2.389	0.047
未分类拟杆菌目 <i>Unclassified_Bacteroidales</i>	0 (0)	0 (0)	3.618	0.028

2.2.3 关键菌属分析 LEfSe 分析显示, 草螺菌属 (LDA=3.15, $P=0.047$)、奇异菌属 (LDA=3.05, $P=0.010$) 和埃格特菌属 (LDA=3.04, $P=0.003$) 是高脂血症组的关键菌属; 直肠真杆菌属 (LDA=3.95, $P=0.031$)、戴阿利斯特杆菌属 (LDA=3.90, $P=0.030$)、

未分类拟杆菌目 (LDA=3.49, $P=0.026$)、真杆菌属组 (LDA=3.39, $P=0.005$) 和拟普雷沃菌属 (LDA=3.20, $P=0.046$) 是对照组的关键菌属, 其中, 直肠真杆菌属、戴阿利斯特杆菌属、真杆菌属组是对照组的优势菌属。见图 2。

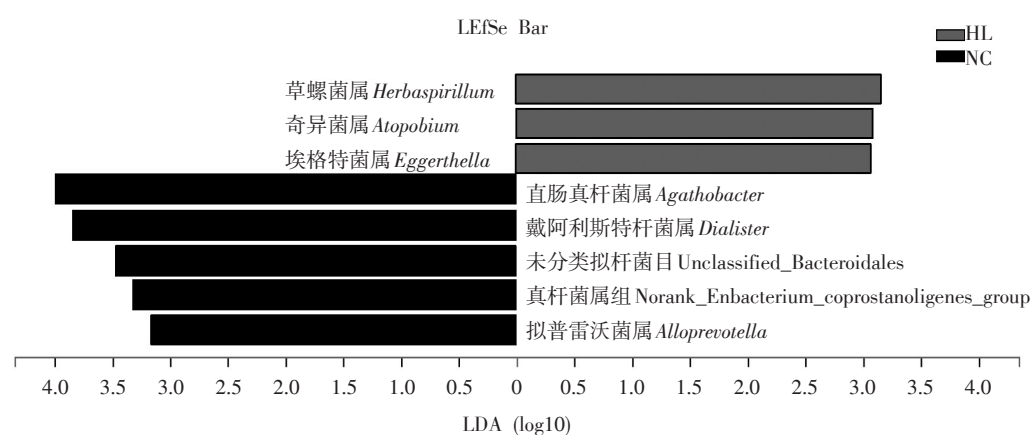


图 2 两组飞行人员肠道微生物 LEfSe 分析

Figure 2 LEfSe analysis of intestinal microbiota of two groups of flying personnel

3 讨论

肠道菌群能产生多种营养物质, 包括短链脂肪酸、B 族维生素和维生素 K, 还能与肠上皮细胞受体相互作用, 释放多种影响新陈代谢的细胞因子, 以提供底物、酶和能量的方式直接或间接影响脂代谢。正常情况下, 肠道菌群通过产生胆固醇氧化酶参与胆固醇降解, 还可以通过产生胆汁酸水解酶, 促使肝脏利用胆固醇合成胆汁酸, 降低血液胆固醇, 肠道菌群代谢产物短链脂肪酸通过抑制肝脏脂肪合成酶活性发挥调脂作用。机体发生脂代谢紊乱时往往会导致肠道菌群数量及分布异常, 菌群结构的改变会破坏屏障, 增加肠壁通透性, 进而引发代谢性疾病^[14]。研究表明, 肠道菌群多样性缺乏与血脂异常、糖尿病、动脉硬化

和肥胖等多种疾病的发生有关^[15-17]。本研究结果显示, 高脂血症组飞行人员肠道菌群多样性低于对照组, 提示高脂血症组飞行人员存在肠道菌群失衡。飞行人员高脂、高蛋白、高能量的饮食结构, 以及氧化应激损伤, 如高空低压缺氧与吸氧、自然辐射、心理应激和飞行疲劳等, 可进一步对肠道环境产生影响。

两组飞行人员有 17 种菌属丰度存在明显差异。其中, 草螺菌属、奇异菌属和埃格特菌属是高脂血症组的关键微生物; 直肠真杆菌属、戴阿利斯特杆菌属和真杆菌属组是对照组的关键菌属, 也是优势菌属。直肠真杆菌属是两组飞行人员共有的优势菌属之一, 也是对照组飞行人员的关键菌属。直肠真杆菌属为厚壁菌门梭菌纲毛螺菌科, 是肠道有益菌, 可通过消化膳食纤维、增加丁酸盐含量, 起到调节肠道健康、抑

制炎症和肿瘤的作用。戴阿利斯特杆菌属可增加碳水化合物化合物的代谢能力,与体重相关;通过促进肠道蠕动和抑制硫化氢、氨类等神经毒气产生,提高机体免疫力,维持肠道微生态平衡^[18]。真杆菌属组是一类产粪甾醇真细菌,能将胆固醇分解为不能被吸收的粪甾醇,随粪便排出体外。WEI等^[19]研究发现高脂饮食可降低真杆菌属组丰度和粪便鞘氨醇水平,引起血清鞘氨醇和血浆高密度脂蛋白相关1磷酸鞘氨醇(high-density lipoprotein sphingosine-1-phosphate, HDL-S1P)水平降低,诱发血脂异常。埃格特菌属曾被称为真细菌,为放线菌门,是一种厌氧、非多孔、非运动的革兰阳性杆菌,通常与胃肠道和生殖道的感染或其他炎症状态相关^[20],而肠源性内毒素血症诱导的炎症反应与肠道菌群结构紊乱有密切关系^[21],是高脂血症的危险因素之一。

研究结果提示,飞行人员中高脂血症患者肠道优势菌群与血脂正常者存在差异,肠道菌群物种多样性、菌属相对丰度较血脂正常者降低,其中丰度显著下降的菌属多为维持肠道内环境稳态或增加肠道抗炎功能的有益菌,当有益菌数量减少,有害菌的数量增加,进一步破坏稳定的肠道内环境,引起新陈代谢和营养吸收的不平衡,导致血脂代谢紊乱。尝试进行以肠道微生态菌群结构重建为基础的高脂血症微生态治疗,是高脂血症及其并发症治疗的潜在发展方向。

本研究的局限性在于样本量较小,代表性欠佳,横断面研究也无法解释高脂血症与肠道微生物多样性以及心理、环境因素之间的因果关系。此外,肠道关键菌属的具体作用机制还需在今后的研究中进一步明确。

参考文献

- [1] 中国心血管健康与疾病报告 2019 [J]. 心肺血管病杂志, 2020, 39 (9): 1145-1156.
Annual report on cardiovascular health and diseases in China 2019 [J]. J Cardiovasc Pulm Dis, 2020, 39 (9): 1145-1156.
- [2] 詹皓. 飞行人员的氧化应激损伤与防护措施研究进展 [J]. 中华航空航天医学杂志, 2015, 26 (2): 148-154.
ZHAN H. Advances on oxidative stress injury of aircrew and protective measures [J]. Chin J Aerospace Med, 2015, 26 (2): 148-154.
- [3] CORRALES P, VIDAL-PUIG A, MEDINA-GÓMEZ G. PPARs and metabolic disorders associated with challenged adipose tissue plasticity [J/OL]. Int J Mol Sci, 2018, 19 (7) [2022-05-23]. <https://doi.org/10.3390/ijms19072124>.
- [4] 王星, 王军, 郑军, 等. 2015—2020 年飞行人员医学停飞疾病谱分析 [J]. 空军医学杂志, 2021, 37 (5): 397-417.
WANG X, WANG J, ZHENG J, et al. Disease spectrum of military aircrews from 2015 to 2020 [J]. Med J Air Force, 2021, 37 (5): 397-417.
- [5] FAN Y, PEDERSEN O. Gut microbiota in human metabolic health and disease [J]. Nat Rev Microbiol, 2021, 19 (1): 55-71.
- [6] LE CHATELIER E, NIELSEN T, QIN J, et al. Richness of human gut microbiome correlates with metabolic markers [J]. Nature, 2013, 500 (7464): 541-546.
- [7] 张泽鹏, 郭展鹏, 倪钰玥, 等. 植物乳杆菌 JX025073.1 对小鼠血脂和肠道菌群的调节作用 [J]. 预防医学, 2021, 33 (9): 893-896.
ZHANG Z P, GUO Z P, NI Y Y, et al. Effect of *Lactobacillus plantarum* JX025073.1 on intestinal flora and blood lipid in mice [J]. Prev Med, 2021, 33 (9): 893-896.
- [8] 中国成人血脂异常防治指南修订联合委员会. 中国成人血脂异常防治指南 (2016 年修订版) [J]. 中华健康管理学杂志, 2017, 11 (1): 7-28.
Joint Committee Issued Chinese Guideline for the Management of Dyslipidemia in Adults. 2016 Chinese guideline for the management of dyslipidemia in adults [J]. Chin J Health Manag, 2017, 11 (1): 7-28.
- [9] KULECKA M, FRACZEK B, MIKULA T, et al. The composition and richness of the gut microbiota differentiate the top Polish endurance athletes from sedentary controls [J]. Gut Microbes, 2020, 11 (5): 1374-1384.
- [10] 周春蕾, 杨翔, 谢志辉, 等. 飞行人员冠状动脉狭窄危险因素调查 [J]. 中华航空航天医学杂志, 2018, 2 (增刊 1): 200-204.
ZHOU C L, YANG X, XIE Z H, et al. Investigation of risk factors of coronary artery stenosis in flying personnel [J]. Chin J Aerospace Med, 2018, 2 (Suppl.1): 200-204.
- [11] 顾东风, 翁建平, 鲁向锋. 中国健康生活方式预防心血管代谢疾病指南 [J]. 中国循环杂志, 2020, 35 (3): 209-230.
GU D F, WENG J P, LU X F. Chinese guideline on healthy lifestyle to prevent cardiometabolic diseases [J]. Chin Circ J, 2020, 35 (3): 209-230.
- [12] LIU C, ZHAO D, MA W, et al. Denitrifying sulfide removal process on high-salinity wastewaters in the presence of *Halomonas* sp [J]. Appl Microbiol Biotechnol, 2016, 100 (3): 1421-1426.
- [13] SEGATA N, IZARD J, WALDRON L, et al. Metagenomic biomarker discovery and explanation [J/OL]. Genome Biol, 2011, 12 [2022-05-23]. <http://genomebiology.com/2011/11/6/R60>.
- [14] 臧凯丽. 微生态制剂调控与脂代谢相关肠道菌群多样性的相关信息分析 [D]. 天津: 天津商业大学, 2019.
ZANG K L. Analysis of information related to the regulation of microecological preparations on the diversity of lipid metabolism-related flora [D]. Tianjin: Tianjin University of Commerce, 2019.
- [15] DE GOFFAU M C, LUOPAJÄRVI K, KNIP M, et al. Fecal microbiota composition differs between children with β -cell autoimmunity and those without [J]. Diabetes, 2013, 62 (4): 1238-1244.
- [16] LAMBETH S M, CARSON T, LOWE J, et al. Composition, diversity and abundance of gut microbiome in prediabetes and type 2 diabetes [J/OL]. J Diabetes Obes, 2015, 2 (3) [2022-05-23]. <https://doi.org/10.15436/2376-0949.15.031>.
- [17] MENNI C, LIN C, CECILJA M, et al. Gut microbial diversity is associated with lower arterial stiffness in women [J]. Eur Heart J,

- 2018, 39 (25): 2390-2397.
- [18] TREMAROLI V, BÄCKHED F. Functional interactions between the gut microbiota and host metabolism [J]. *Nature*, 2012, 489 (7415): 242-249.
- [19] 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: 4234-4245.
- [20] FORBES J D, CHEN C Y, KNOX N C et al. A comparative study of the gut microbiota in immune-mediated inflammatory diseases—does a common dysbiosis exist? [J/OL]. *Microbiome*, 2018, 6 (1) [2022-05-23]. <https://doi.org/10.1186/s40168-018-0603-4>.
- [21] 熊静芳, 傅国胜. 高脂血症患者肠道优势菌群与血清脂质水平相关性研究 [J]. *中国微生态学杂志*, 2013, 25 (11): 1282-1285, 1289.
- XIONG J F, FU G S. Correlations between gut predominant bacteria and serum lipids in patients with hyperlipidemia [J]. *Chin J Microecol*, 2013, 25 (11): 1282-1285, 1289.
- 收稿日期: 2022-03-21 修回日期: 2022-05-23 本文编辑: 徐文璐

• 读者 • 作者 • 编者 •

《预防医学》杂志开展优秀论文评选活动

《预防医学》杂志于 1989 年 9 月创刊, 是中华预防医学会系列期刊、中国科技核心期刊、《中国学术期刊影响因子年报》统计源期刊、世界卫生组织西太平洋地区医学索引 (WPRIM)、中国期刊全文数据库、中国学术期刊综合评价数据库、中文生物医学期刊文献数据库收录期刊。主要栏目有述评、论著、综述、疾病控制、疾病监测、妇幼保健、健康教育、卫生管理和实验技术等。获得“浙江省科技期刊编辑学会优秀期刊特色奖”“中华预防医学会系列杂志编辑质量奖”“中华预防医学会期刊质量进步奖”等荣誉, 2020 年入选第二十七届北京国际图书博览会 (BIBF) “2020 中国精品期刊展”, 2021 年荣获“第七届华东地区优秀期刊奖”。

自我刊开展优秀论文评选活动以来, 受到大家的欢迎, 广大作者踊跃参与, 精品力作不断涌现。2022 年, 我刊继续开展优秀论文评选活动, 邀请编委会专家每期评选月度优秀论文, 在《预防医学》杂志及官网公布获奖名单, 给第一作者颁发获奖证书; 并从月度优秀论文中评选出年度一等奖 1 篇, 奖励 3000 元; 二等奖 2 篇, 奖励 1500 元; 三等奖 3 篇, 奖励 1000 元。

2022 年第 6 期优秀论文评审结果

《预防医学》2022 年第 6 期刊出论文经编辑部推荐, 专家审议, 评选出优秀论文 4 篇, 编辑部将向优秀论文作者颁发荣誉证书。

1. 刘佳琪, 冯玲芳, 陈俊斐等作者《温石棉暴露诱发核糖体 DNA 拷贝数变异及 DNA 损伤反应研究》
2. 杨丹丹, 姚学成, 张昕涵等作者《中国人群胃癌发病影响因素的 Meta 分析》
3. 石晶, 赵春艳, 张国峰作者《通州区男大学生 HPV 疫苗认知及接种意愿调查》
4. 周洋, 卢肇骏, 严睿等作者《应用德尔非法构建乙型肝炎病毒感染孕产妇健康管理优化路径》

《预防医学》编辑部