

不同 BMI 人群肠道菌群结构及其与能量代谢的相关性分析

张倩薇¹, 卜凡², 陆秋娴³, 庞童¹, 姜欣¹, 和智坚¹, 李鸣¹

1. 四川大学华西公共卫生学院/四川大学华西第四医院, 四川 成都 610041;

2. 四川省医学科学院, 四川省人民医院(电子科技大学附属医院);

3. 四川省宜宾市第二人民医院, 四川大学华西医院宜宾医院

摘要:目的 探索不同 BMI 人群肠道菌群和能量代谢的差异, 为防治超重和肥胖提供参考。方法 在成都市招募 98 名健康成人, 根据体质量指数(BMI)分为超重组($n=16$)、肥胖组($n=15$)、消瘦组($n=16$)和正常体重组($n=51$)。完成问卷调查、体格测量、体成分分析、生化检测和能量消耗测量, 采集粪便样本, 进行 16S rDNA 测序和气相色谱质谱法(Gas chromatography-mass spectrometry, GC-MS)代谢组学分析, 通过单因素方差分析及卡方检验进行分析, 比较四组在肠道菌群结构和能量代谢的差异。**结果** 肠道菌群结构分析: 四组肠道菌群结构存在差异; 四组间在 ACE 指数和 Chao1 指数上差异有统计学意义($P=0.003$, $P=0.003$)。正常体重组的 ACE 指数和 Chao1 指数均高于其他组, 四组之间在不同水平上的相对丰度有不同差异。与正常组相比, 超重组、肥胖组和消瘦组菌群物种丰富度降低, *Bifidobacterium* 等有益菌相对丰度下降。与正常组相比, 超重组、肥胖组和消瘦组菌群功能代谢通路发生改变, 超重、肥胖组在甘氨酸等多种氨基酸的生物合成与代谢等方面的功能有显著差异($P=0.009$, $P=0.032$)。与 BMI 及能量消耗指标相关关系: 肠道菌群结构在不同水平上与能量代谢相关指标有不同的关联, 其中 *Bifidobacterium* 与冷诱导产热(Cold-induced thermogenesis, CIT)呈正相关($P=0.011$), *Bifidobacterium animalis* 与 BMI、基础能量消耗(Basal energy expenditure, BEE)呈负相关($P<0.001$), 与 CIT 呈正相关($P=0.029$)。**结论** 不同 BMI 人群肠道菌群结构与菌群功能代谢通路存在差异, 肠道菌群结构在不同水平上与能量代谢相关指标有不同的关联。

关键词: 超重肥胖; 基础代谢; 肠道菌群; 棕色脂肪组织

中图分类号: R151.41 文献标志码: A 文章编号: 1003-8507(2025)08-1398-07

DOI: 10.20043/j.cnki.MPM.202412536

Analysis of gut microbiome structure in different BMI groups and its correlation with energy metabolism

ZHANG Qian-wei*, BU Fan, LU Qiu-xian, PANG Tong, JIANG Xin, HE Zhi-jian, LI Ming

* West China School of Public Health, Sichuan University/West China Fourth Hospital, Chengdu, Sichuan 610041, China

Abstract: Objective To investigate the differences in gut microbiota and energy metabolism among individuals with varying body mass index (BMI) levels, and to provide insights for the prevention and treatment of overweight and obesity. **Methods** A total of 98 healthy adults were recruited from Chengdu, categorized into four groups based on BMI: overweight ($n=16$), obesity ($n=15$), underweight ($n=16$), and normal weight ($n=51$). Participants underwent questionnaire surveys, physical examinations, body composition analysis, biochemical tests, and energy expenditure measurements. Fecal samples were collected for 16S rDNA sequencing and gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS) metabolomics analysis. Univariate analysis of variance and chi-square tests were performed to compare differences in gut microbiota structure and energy metabolism among the four groups. **Results** Gut microbiota structure analysis: Significant differences were observed in the gut microbiota structure among the four groups, with statistical significance in ACE and Chao1 indices ($P=0.003$, $P=0.003$). The normal weight group exhibited higher ACE and Chao1 indices compared to other groups, indicating a higher species richness. The relative abundance of different bacteria varied across groups. Compared to the normal weight group, the overweight, obese, and underweight groups showed reduced species richness and lower relative abundance of beneficial bacteria such as *Bifidobacterium*. Functional metabolic pathways of the gut microbiota were altered in these groups, with significant

基金项目: 国家自然科学基金(82073550)

作者简介: 张倩薇(1999—), 女, 硕士在读, 研究方向: 公共卫生

通信作者: 李鸣, E-mail: ldmancheng@163.com

differences in the synthesis and metabolism of various amino acids, including glycine, in the overweight and obese groups ($P = 0.009$, $P = 0.032$). Correlation with BMI and energy expenditure indicators: The gut microbiota structure was associated with different levels of energy metabolism indicators. *Bifidobacterium* was positively correlated with cold-induced thermogenesis (CIT) ($P = 0.011$), while *Bifidobacterium animalis* was negatively correlated with BMI and basal energy expenditure (BEE) ($P < 0.001$), and positively correlated with CIT ($P = 0.029$). **Conclusion** There are differences in gut microbiota structure and functional metabolic pathways among individuals with different BMI levels. The gut microbiota structure is associated with various energy metabolism indicators at different levels. These findings suggest that gut microbiota may play a role in energy metabolism and could be a potential target for interventions aimed at preventing and treating overweight and obesity.

Keywords: Overweight and obesity; Basal metabolism; Intestinal flora; Brown adipose tissue

世界肥胖联盟 (World Obesity Federation, WOF) 在 2024 年《世界肥胖报告》中指出:全球受到超重/肥胖影响成年人数将从 2020 年的 22 亿增加到 2035 年的 33 亿,全球占比将从 42% 上升到 54%^[1]。超重和肥胖是罹患心脏病、糖尿病等慢性非传染性疾病的重要危险因素,给个人、社会和医疗带来沉重的经济负担^[2]。BMI 作为评估营养状况及健康风险的重要指标,与肠道菌群以及能量代谢密切相关。肠道菌群在能量代谢、营养吸收等方面扮演着重要角色,并和宿主肠道免疫器官、免疫功能的发育和调节紧密相关,是导致肥胖相关疾病的新关键因素。超重肥胖人群与正常体重人群肠道菌群的组成和多样性存在巨大差异,在代谢功能方面也发生了改变^[3-4]。超重肥胖人群在肠道菌群多样性和基因丰富度方面比正常体重人群低^[5],门水平和属水平上也有差异^[6-7]。为了解不同 BMI 人群肠道菌群结构及能量代谢的差异,本研究使用肠道菌群测序分析技术分析不同 BMI 人群肠道菌群结构差异,探索肠道菌群在不同 BMI 人群能量代谢中的特征及相关关系,为肥胖的综合防治提供新的理论依据。

1 研究对象与方法

1.1 研究对象与样本收集 本研究共招募居住在成都市区且符合纳入排除标准的 120 名健康成人作为研究对象。根据受试者基本身体信息、血液及生化检查结果、纳入及排除标准,最终纳入研究对象共 98 人。按体质量指数 (BMI) 分为消瘦组 ($< 18.5 \text{ kg/m}^2$)、正常体重组 ($18.5 \sim 23.9 \text{ kg/m}^2$)、超重组 ($24.0 \sim 27.9 \text{ kg/m}^2$)、肥胖组 ($\geq 28.0 \text{ kg/m}^2$)^[8]。本研究方案通过四川大学华西公共卫生学院伦理审查委员会审查 (编号:GW112021046),所有研究对象均已签署知情同意书。纳排标准如下:

纳入标准 (符合以下全部标准即可纳入) ①年龄在 18~45 岁之间;②无急慢性疾病、无贫血;③甲状腺素水平正常;④女性月经周期规律。

排除标准 (符合以下标准之一即可排除):①最近 6 个月常出现失眠、易紧张等应激情况;②生化指标

出现有临床意义的异常 (血常规、肝肾常规、空腹血糖、甲状腺功能);③最近 6 个月内体重变化超过 5%;④现患消化系统疾病 (如便秘) 和影响能量代谢的疾病,如甲亢、甲减、肾上腺皮质增生症;⑤睡眠打鼾者近期 (3 月内) 服用过抗生素或益生菌制品等;⑦运动员、健身爱好者、从事重体力劳动等肌肉发达者;不能遵循研究要求或未签订知情同意书。

通过问卷调查、体格测量、体成分测量、能量消耗测量、实验室生化检测等研究方法收集研究对象的相关资料和指标。采用四电极生物电阻抗仪 (InBodyDial H20) 测量研究对象的体重 (WT)、体脂率和 BMI 等数据。使用无线遥测运动心肺功能测试系统 (COSMED-K5, Italy) 测量获得研究对象基础能量消耗 (Basal energy expenditure, BEE) 和寒冷刺激后的静息能量消耗 (Resting energy expenditure, REE),二者之间的差值获得冷诱导产热 (Cold-induced thermogenesis, CIT) 以反映棕色脂肪活性^[9]。根据 Weir 提出的公式 $\text{BMR} [\text{kcal}/(\text{kg} \cdot \text{d})] = \text{BEE} (\text{kcal}/\text{d}) / \text{W} (\text{kg})$ 公式^[10] 计算基础代谢率 (Basal Metabolic Rate, BMR)。要求研究对象清晨前往指定医院,由专业医护人员进行空腹无菌采血 5 ml,离心后采用全自动生化分析仪测定糖脂代谢水平相关指标,采用化学发光分析仪测定甲状腺激素水平相关指标。采用无菌粪便采集管,取自然排出的 5 g 新鲜粪便中段的均匀部分,粪便采集后 2 h 内置于 $-20 \text{ }^\circ\text{C}$ 冰箱内保存,2 h 内低温保温箱转移至 $-80 \text{ }^\circ\text{C}$ 超低温冰箱冻存。

1.2 肠道菌群测序分析 采用 16SrRNA 方法测定肠道菌群。使用 CTAB/SDS 法提取总基因组 DNA,使用带有 barcode 的特异性引物分别扩增 16SrRNA/18SrRNA/ITS 基因的不同区段,PCR 产物纯化后构建测序文库。使用 Qubit@ 2.0 荧光计 (Thermo Scientific) 和 Agilent Bioanalyzer 2100 系统评估文库质量。最后将文库在 Illumina NovaSeq 平台上测序,并产生双端配对序列。

1.3 数据统计及分析 采用 SPSS 26.0 软件进行数据处理。计量资料用 $\bar{x} \pm s$ 表示,采用单因素方差分析进行分析;计数资料用率 (%) 表示,采用卡方检验

进行分析,检验水准 $\alpha = 0.05$ 。采用 QIIME 软件对测序数据进行 OTUs 聚类、物种注释、alpha 多样性和 beta 多样性分析。使用 LEfSe 软件进行组间差异显著性分析,找出差异具有统计学意义的特征菌群。用 Phyloseq 包(v1.38.0)计算 alpha 多样性(*Ace*、*Chao1*、*Shannon*、*Simpson*),Beta 多样性(*UniFrac*)。用 LDA 算法来鉴定不同处理条件下的差异标志性物种。

2 结果

在试验结束时共采集粪便样品 95 份,有 2 人未采集到的足量的粪便样品,1 份样品因多次扩增实验

失败未参与建库分析,因此最终共有 92 份样品进行测序分析,其中正常体重(G1)组 45 份,超重(G2)组 16 份,肥胖(G3)组 15 份,消瘦组(G4)16 份。

2.1 不同 BMI 人群的能量消耗测量 本研究对研究对象进行了能量消耗测量,具体情况见表 1。结果显示四组在 BEE、CIT 和 BMR 的差异有统计学意义($P < 0.05$),在冷刺激 1.5h 后第二次测量的 REE 上的差异没有统计学意义($P > 0.05$)。消瘦组的 CIT 和 BMR 高于正常体重组高于超重组高于肥胖组,超重组和肥胖组的 BEE 高于正常组而消瘦组的 BEE 低于正常组,差异均有统计学意义($P < 0.05$)。

表 1 各组能量消耗测量的结果($\bar{x} \pm s$)

Table 1 Results of energy consumption measurement in each group

能量消耗指标	正常体重组	超重组	肥胖组	消瘦组	F	P 值
BEE(kcal/d)	1 433.79 ± 275.48	1 660.31 ± 245.17 ^a	1 896.00 ± 464.59 ^b	1 289.73 ± 198.51 ^c	7.895	<0.001
REE(kcal/d)	1 676.74 ± 311.28	1 863.54 ± 342.40	1 973.40 ± 484.89	1 699.82 ± 222.04	2.270	0.087
CIT(kcal/d)	242.94 ± 193.28	203.23 ± 135.95 ^a	77.40 ± 39.08 ^{bd}	410.09 ± 224.08 ^{ceef}	4.493	0.006
BMR[kcal/(kg·d)]	26.05 ± 4.37	23.57 ± 3.10 ^a	22.98 ± 2.37 ^{bd}	27.80 ± 3.99 ^{cef}	3.057	0.033

注:a:超重组与正常体重组相比, $P < 0.05$;b:肥胖组与正常体重组相比, $P < 0.05$;c:消瘦组与正常体重组相比, $P < 0.05$;d:肥胖组与超重组相比, $P < 0.05$;e:超重组与消瘦组相比, $P < 0.05$;f:肥胖组与消瘦组相比, $P < 0.05$,下同。

2.2 肠道菌群检测

2.2.1 Alpha 多样性分析 经过测序分析后共得到有效序列 6 898 247 条,四组间在 ACE 指数和 Chao1 指数上差异有统计学意义($P < 0.05$),正常体重组的 ACE 指数和 Chao1 指数均高于其他组,差异均有统计

学意义($P < 0.05$),正常体重组物种丰富度高于超重、肥胖和消瘦组。而四组的 Shannon 指数和 Simpson 指数组间差异无统计学意义($P > 0.05$),说明四组在物种多样性、均匀度无显著差异,具体情况见表 2。

表 2 各组肠道菌群 alpha 多样性分析结果($\bar{x} \pm s$)

Table 2 Results of alpha diversity analysis of intestinal flora in each group

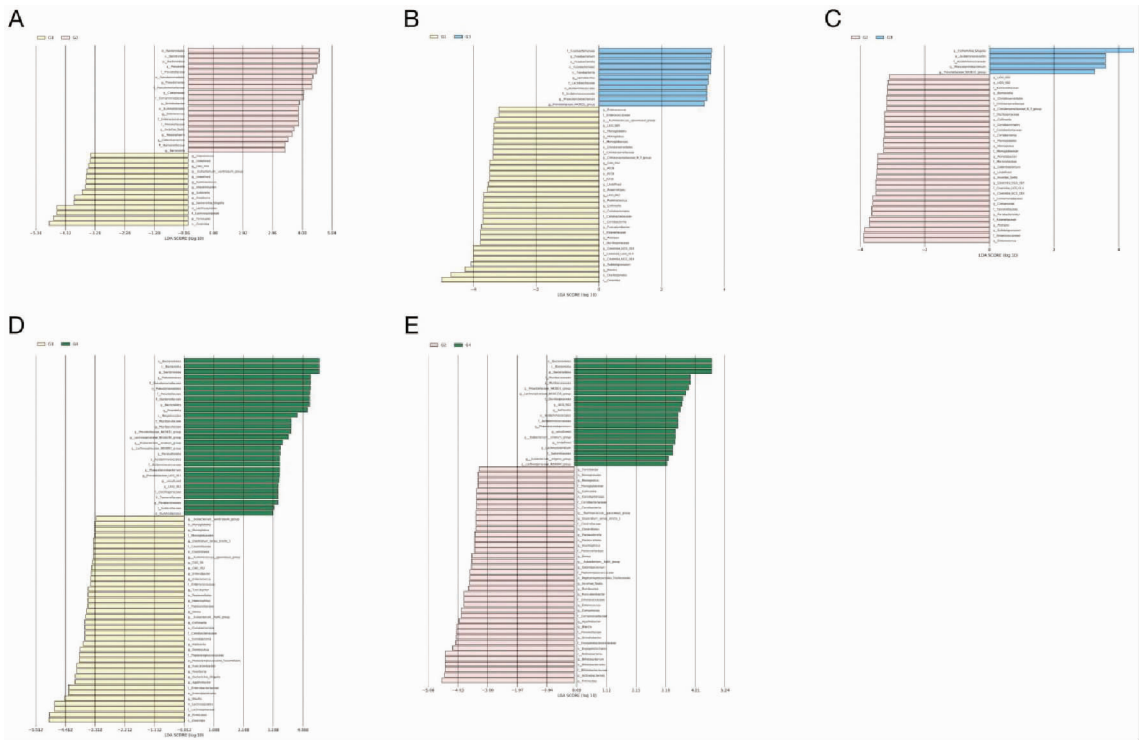
指标	正常体重组	超重组	肥胖组	消瘦组	P 值
ACE	538.80 ± 234.46	419.48 ± 147.77 ^a	314.20 ± 139.40 ^b	392.41 ± 119.89 ^c	0.003
Chao1	582.24 ± 233.94	418.24 ± 147.34 ^a	313.46 ± 138.98 ^b	391.49 ± 210.10 ^c	0.003
Shannon	6.22 ± 0.71	6.00 ± 0.42	5.25 ± 1.10	6.00 ± 0.67	0.150
Simpson	0.95 ± 0.03	0.95 ± 0.02	0.90 ± 0.10	0.94 ± 0.04	0.710

2.2.2 LEf Se 多级物种相对丰度差异分析 本研究进一步进行多级物种差异的 LEfSe 分析,评估不同组肠道菌群特点,并对相对丰度排在前 5 位的菌门、前 10 位的菌纲、菌目、菌科和菌属进行具体分析。当 LDA 界取 3 时,与正常体重组相比,超重组肥胖组均在 *Pseudomonadales* 和 *Pseudomonas* 上富集($P < 0.05$);超重组还在 *Bacteroidota*、*Bacteroidia*、*Enterobacteriaceae*、*Prevotellaceae*、*Prevotella* 水平富集($P < 0.05$);肥胖组还在 *Fusobacteria*、*Fusobacteriia* 上富集($P < 0.05$)。与超重组相比,肥胖组在 *Escherichia - Shigella* 富集($P < 0.05$),而超重组在 *Coriobacteriia*、*Clostridia* _ UCG - 014、*Oscillospiraceae*、*Clostridia* _ UCG.014、*Tannerellaceae*、*Rikenellaceae*、

Parabacteroides 和 *Subdoligranulum* 水平上丰度较高($P < 0.05$)。超重组消瘦组均在 *Bacteroidota*、*Bacteroidia*、*Bacteroidales*、*Prevotellaceae*、*Pseudomonas*、*Prevotella* 水平富集($P < 0.05$),具体情况见图 1、图 2。

2.3 肠道菌群结构与 BMI 及能量代谢相关指标相关性分析 分别对四组中排名前 5 的菌门、排名前 10 的菌纲、菌目、菌科、菌属和菌种与 BMI 及能量代谢相关指标(包括 BEE、CIT 和 BMR)进行 Spearman 相关性分析,具体结果见图 3:

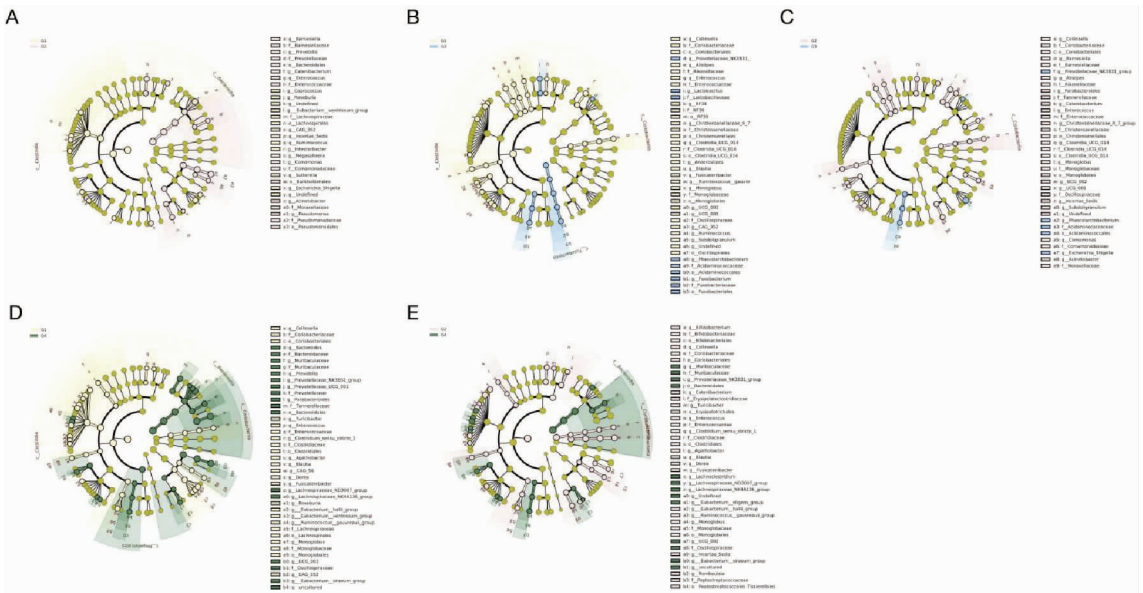
在门水平上,*Bacteroidota* 与 BMI 呈正相关,而与 CIT 呈负相关($P = 0.013$);*Desulfobacterota* 与 BEE 呈负相关($P = 0.025$)。



注:(A)G1vsG2 差异 LEfSe 分析柱状图;(B)G1vsG3 差异 LEfSe 分析柱状图;(C)G2vsG3 差异 LEfSe 分析柱状图;(D)G1vsG4 差异 LEfSe 分析柱状图;(E)G2vsG4 差异 LEfSe 分析柱状图。G1:正常体重组;G2 超重组;G3 肥胖组;G4 消瘦组,下同。

图 1 不同 BMI 人群差异 LEfSe 分析柱状图

Fig. 1 Histogram of LEfSe analysis among different BMI groups



注:(A)G1vsG2 差异物种聚类树图;(B)G1vsG3 差异物种聚类树图;(C)G2vsG3 差异物种聚类树图;(D)G1vsG4 差异物种聚类树图;(E)G2vsG4 差异物种聚类树图。

图 2 不同 BMI 人群差异物种聚类树图

Fig. 2 Clustering tree of different species in population with different BMI

在纲水平上, *Alphaproteobacteria* 和 *Thermoleophila* 与 CIT 呈负相关($P=0.022, P=0.040$)。在目水平上, *Clostridia_UCG - 014* 与 BEE 呈负

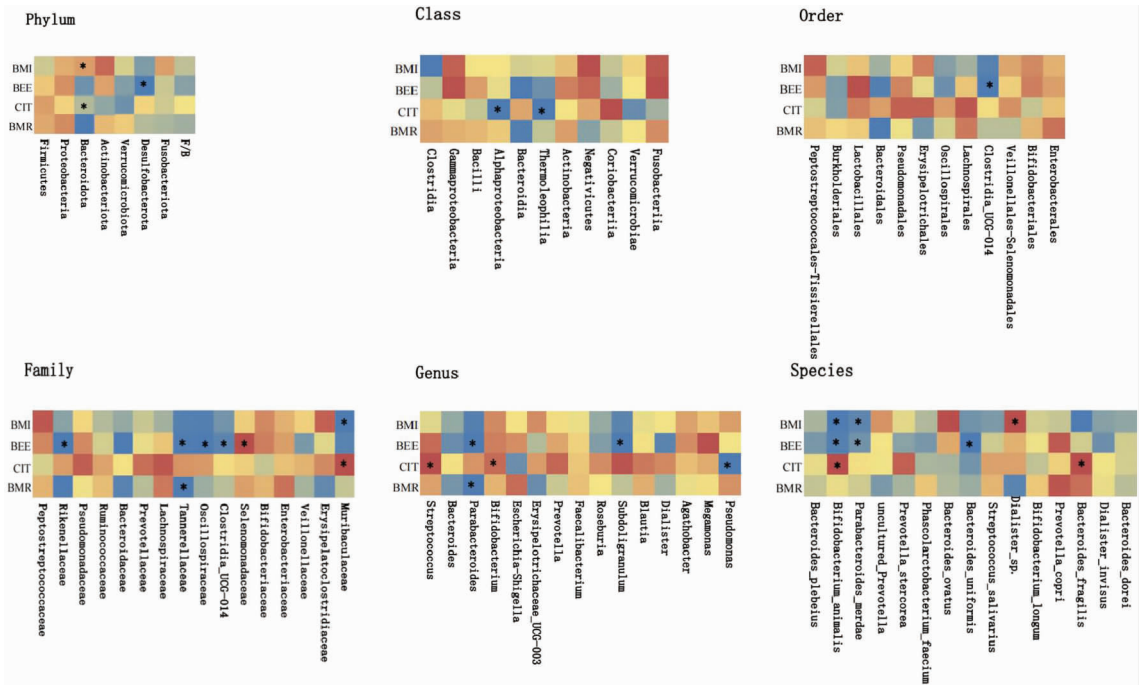
相关($P=0.037$)。

在科水平上, *Rikenellaceae*、*Oscillospiraceae*、*Clostridia_UCG.014* 和 *Selenomonadaceae* 与 BEE 呈负

相关($P = 0.001, P = 0.021, P = 0.038, P = 0.039$)。

在属水平上, *Streptococcus* 和 *Bifidobacterium* 与 CIT 呈正相关($P = 0.009, P = 0.011$); *Parabacteroides* 与 BEE、BMR 均呈负相关($P = 0.020, P = 0.041$); *Subdoligranulum* 与 BEE 呈负相关($P = 0.042$); *Pseudomonas* 与 CIT 呈负相关($P = 0.047$)。

在种水平上, *Bifidobacterium animalis* 和 *Parabacteroides merdae* 与 BMI、BEE 都呈负相关($P < 0.001$); *Bifidobacterium animalis* 和 *Bacteroides fragilis* 与 CIT 呈正相关($P = 0.029, P = 0.036$); *Bacteroides uniformis* 与 BEE 呈负相关($P = 0.044$)。



注: * : $P < 0.05$; Phylum: 门; Class: 纲; Order: 目; Family 科; Genus: 属; Species 种。

图3 肠道菌群在不同水平的相对丰度与 BMI 及能量代谢指标的相关性热图

Fig. 3 Heat map of correlation between the relative abundance of intestinal flora at different levels and BMI and energy metabolism indexes

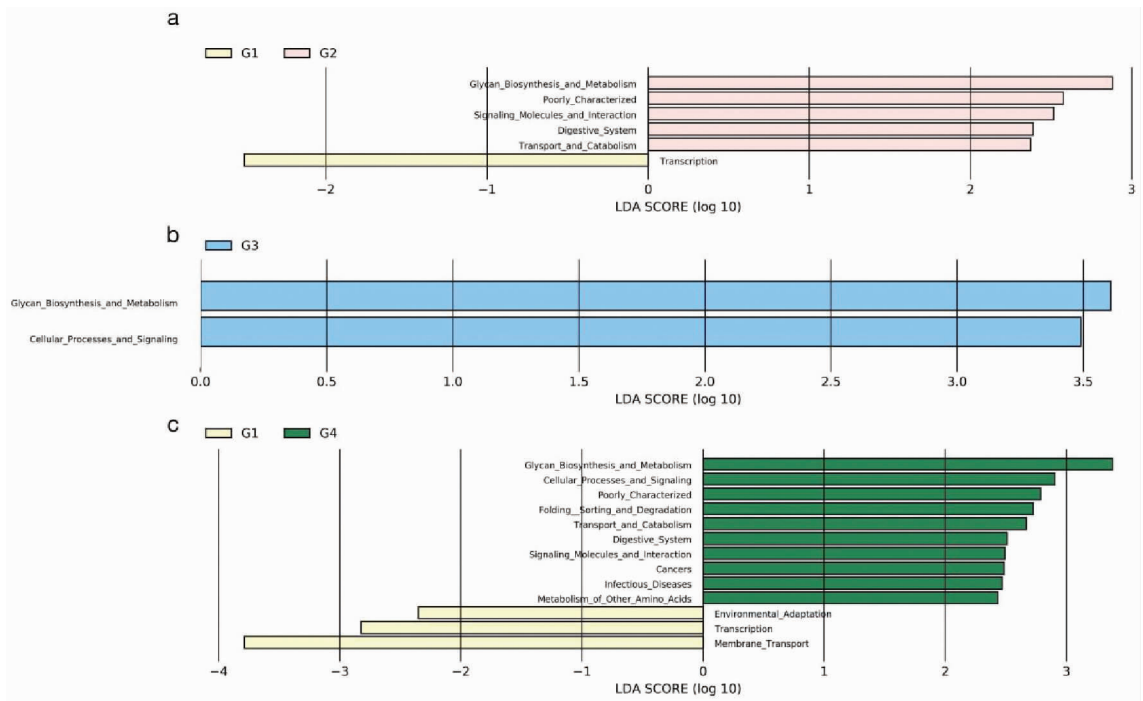
2.4 PICRUS2 肠道菌群功能预测 利用 PICRUS2 软件,经过两两对比分析,发现正常体重组与超重组、肥胖组、消瘦组,超重组与消瘦组在多条代谢通路水平上功能的差异有统计学意义($P < 0.05$)具体情况见图 4。超重组在甘氨酸生物合成和代谢 (Glycan Biosynthesis and Metabolism)、信号分子及相互作用 (Signaling Molecules and Interaction)、消化系统 (Digestive System)、运输及代谢 (Transport and Catabolism) 通路显著高于正常体重组 ($P = 0.009, P = 0.023, P = 0.040, P = 0.047, P = 0.036$)。肥胖组在甘氨酸生物合成和代谢、细胞过程和信号 (Cellular Processes and Signaling) 通路显著高于正常体重组 ($P = 0.032, P = 0.037$)。消瘦组在甘氨酸生物合成和代谢、运输及代谢、消化系统通路显著高于超重组与正常组 ($P < 0.05$)。

3 讨论

BMI 不仅是评估个体营养状况及面临的健康风

险的一个重要指标,也与肠道菌群以及能量代谢的密切相关。肠道菌群的组成和多样性在消瘦、超重、肥胖人群与正常体重人群之间存在巨大差异。

本研究发现,不同 BMI 人群肠道菌群结构存在差异,与正常组相比,超重组、肥胖组和消瘦组菌群物种丰富度降低。本研究发现正常体重组的 ACE 指数和 Chao1 指数均高于其他组,表明其物种丰富度高于超重、肥胖和消瘦组,而在 Shannon 指数和 Simpson 指数方面,四组间在物种多样性、均匀度无显著差异,这与袁维维等人研究发现与正常体重人群相比,体重过轻、超重、肥胖人群中的肠道微生物丰富度和均匀度都显著降低的结果略微不同^[7]。有益菌(主要为 *Bifidobacterium*) 相对丰度下降;与正常组相比,超重组、肥胖组和消瘦组菌群功能代谢通路发生改变。在门水平上,不同 BMI 人群排名前 4 位的均为 *Firmicutes*、*Bacteroidetes*、*Proteobacteria* 和 *Actinobacteria*。对不同组之间的菌门进行统计检验,超重组 *Firmicutes* 含量低于正常组,但 *Bacteroidota* 含



注: (a) G1vsG2 差异性代谢通路; (b) G1vsG3 差异性代谢通路; (c) G1vsG4 差异性代谢通路。

图 4 四组差异性代谢通路

Fig. 4 Four Group Differential Metabolic Pathways

量相反,与刘莹等人的研究结果类似^[6];肥胖组 *Fusobacteria* 的含量高于正常组,消瘦组的 *Bacteroidota* 含量高于正常体重组而 *Firmicutes* 含量低于正常体重组;超重组 *Actinobacteria* 的含量高于消瘦组。在属水平群落组成分析显示,四组优势菌属组成类似,*Bacteroides* 为占比第一的菌属。与正常体重组相比,超重组、肥胖组和消瘦组 *Escherichia - Shigella* 等有害菌,*Pseudomonas*、*Prevotella* 等条件致病菌丰度相对较高,而 *Bifidobacterium*、*Lactobacillus*、*Blautia* 等益生菌在正常体重组的相对丰度较高。*Escherichia - Shigella* 的相对丰度增加是肠道菌群失调的标志^[11],在肥胖人群中的相对丰度明显高于非肥胖人群^[12-14],而 *Pseudomonas* 与多个部位的感染密切相关^[15-16],*Prevotella* 也与慢性炎症和肥胖密切相关^[17-18]。*Bifidobacterium* 是肠道重要益生菌,帮助消化酶分泌、增强食物消化吸收、预防腹泻发生^[19],*Blautia* 与各种炎症性疾病等密切相关^[20]。本研究中,*Bifidobacterium* 在正常体重组的含量大于超重和肥胖组,*Lactobacillus* 在正常体重组含量高于肥胖组,与目前的研究结论类似^[6],进一步印证了两种有益菌在不同 BMI 人群的分布特征。

本研究发现不同 BMI 人群主要在甘氨酸及其他氨基酸生物合成代谢、消化系统、运输及代谢、癌症、感染性疾病、环境适应、转录、跨膜运输等与人体正常的生理功能息息相关等通路有所差异。血浆甘氨酸的浓度与肥胖、非酒精性脂肪性肝病 (Nonalcoholic

fatty liver disease, NAFLD)、2 型糖尿病等疾病密切相关^[21],肥胖者甘氨酸水平与正常组相比显著降低^[22]。这与本研究中超重、肥胖组甘氨酸生物合成和代谢通路显著富集相印证。

本研究经过进一步分析肠道菌群与能量代谢相关指标,发现肠道菌群结构在不同水平上与能量代谢相关指标有不同的关联,目前的研究对门水平和属水平的探讨更为深入。本研究显示,在门水平上,*Bacteroidota* 与 BMI 呈正相关,而与 CIT 呈负相关;*Desulfobacterota* 与 BEE 呈负相关。目前的研究仍未得出统一的结论,刘莹等人的研究结果显示,*Bacteroidota* 与 BMI 呈正相关,与本文结论一致,与刘莹等人的研究结果结论一致^[6],此外,本研究发现 *Bacteroidota* 与 CIT 呈负相关;*Desulfobacterota* 与 BEE 呈负相关。在属水平上,与 CIT 呈正相关的有 *Bifidobacterium*、*Streptococcus*,而 *Pseudomonas* 与 CIT 呈负相关;*Parabacteroides* 与 BEE、BMR 均呈负相关;*Subdoligranulum* 与 BEE 呈负相关。目前的研究主要关于菌属和 BMI 的关系,有研究发现,*Bifidobacterium* 与 BMI 呈负相关,*Prevotella* 与 BMI 呈正相关^[7],本研究也得出类似结论,但统计结果未达显著差异水平。此外,Ottosson 等人的研究表明 *Blautia* 与 BMI 呈正相关^[23]。但在本研究中,消瘦组和肥胖组的 *Blautia* 相对丰度低于正常体重组,未得出与 BMI 有相关关系的结果。

本研究也存在一定的局限性,由于疫情影响以及

能量消耗测试过程对环境温度的要求,难以在招募时间内纳入足够多的超重、肥胖、消瘦研究对象;且部分研究对象因对能量消耗测试的冷刺激不耐受,选择不参与或中途退出研究,进一步减少了总样本量,后期可通过扩大招募范围、延长招募时间、扩大样本量等方式继续进行更深入、全面的探索。此外,本研究采用的 16S rDNA 测序虽然能够提供丰富的菌群信息,但可能无法全面揭示肠道菌群与宿主之间的复杂相互作用,未来的研究可以考虑应用代谢组学、宏基因组学等多组学技术,以更全面地解析不同 BMI 人群肠道菌群的功能和机制。

综上所述,本研究对不同 BMI 人群肠道菌群结构进行分析,能够较好描绘出不同 BMI 人群肠道菌群和能量代谢的差异,肠道菌群的多样性和特定菌群的丰度可能在维持正常体重和能量代谢中发挥重要作用,为代谢性疾病的预防和治疗提供新的视角和潜在的干预靶点。

利益冲突声明 本研究不存在任何利益冲突

参考文献

- [1] 彭雯,刘时雨,李铁梅,等.《2024 世界肥胖报告》解读及对中国相关工作的启示[J]. 中国预防医学杂志,2024,25(4):388-394.
Peng W, Liu SY, Li TM, et al. Interpretation of the “world obesity Atlas 2024” and insights for relevant initiatives in China [J]. China Preventive Medicine, 2024, 25(4): 388-394. (In Chinese)
- [2] Barandouzi ZA, Starkweather AR, Henderson WA, et al. Altered composition of gut microbiota in depression: a systematic review [J]. Frontiers in Psychiatry, 2020, 11: 541.
- [3] Pasquali R, Casanueva F, Haluzik M, et al. European society of endocrinology clinical practice guideline: endocrine work-up in obesity [J]. European Journal of Endocrinology, 2020, 182(1): G1-G32.
- [4] Aron-Wisniewsky J, Warmbrunn MV, Nieuwdorp M, et al. Metabolism and metabolic disorders and the microbiome: the intestinal microbiota associated with obesity, lipid metabolism, and metabolic health - Pathophysiology and therapeutic strategies [J]. Gastroenterology, 2021, 160(2): 573-599.
- [5] Liu BN, Liu XT, Liang ZH, et al. Gut microbiota in obesity [J]. World Journal of Gastroenterology, 2021, 27(25): 3837-3850.
- [6] 刘莹,谭寅凤,张金月,等. 超重肥胖和正常体重人群肠道菌群的差异分析 [J]. 中国临床研究,2022,35(1):21-24.
Liu Y, Tan YF, Zhang JY, et al. Difference of gut microbiota in people with overweight/obese and normal weight [J]. Chinese Journal of Clinical Research, 2022, 35(1): 21-24. (In Chinese)
- [7] 袁维维,王鸿超,陈宇涛,等. 不同身体质量指数人群肠道菌群结构及共存网络解析 [J]. 微生物学通报,2021,48(10):3776-3790.
Yuan WW, Wang HC, Chen YT, et al. Feature and co-occurrence network of gut microbiota in different body mass index (BMI) populations [J]. Microbiology, 2021, 48(10): 3776-3790. (In Chinese)
- [8] 中国肥胖问题工作组. 中国成人超重和肥胖症预防与控制指南(节录) [J]. 营养学报,2004,(1):1-4.
The China Working Group on Obesity. Guidelines for prevention and control of overweight and obesity in China (excerpts) [J]. Acta Nutrimenta Sinica, 2004, (1): 1-4. (In Chinese)
- [9] Yoneshiro T, Aita S, Matsushita M, et al. Recruited brown adipose tissue as an antiobesity agent in humans [J]. The Journal of Clinical Investigation, 2013, 123(8): 3404-3408.
- [10] Weir JBDB. New methods for calculating metabolic rate with special reference to protein metabolism [J]. The Journal of Physiology, 1949, 109(1/2): 1-9.
- [11] Zhang ZX, Taylor L, Shommu N, et al. A diversified dietary pattern is associated with a balanced gut microbial composition of faecalibacterium and escherichia/shigella in patients with crohn's disease in remission [J]. Journal of Crohn's & Colitis, 2020, 14(11): 1547-1557.
- [12] Oduaran OH, Tamburini FB, Sahibdeen V, et al. Gut microbiome profiling of a rural and urban South African cohort reveals biomarkers of a population in lifestyle transition [J]. BMC Microbiology, 2020, 20(1): 330.
- [13] Pinart M, Dötsch A, Schlicht K, et al. Gut microbiome composition in obese and Non-Obese persons: a systematic review and Meta-Analysis [J]. Nutrients, 2021, 14(1): 12.
- [14] 胡付品,郭燕,朱德妹,等. 2021 年 CHINET 中国细菌耐药监测 [J]. 中国感染与化疗杂志,2022,22(5):521-530.
Hu FP, Guo Y, Zhu DM, et al. 2021 CHINET bacterial drug resistance monitoring in China [J]. Chinese Journal of Infection and Chemotherapy, 2022, 22(5): 521-530. (In Chinese)
- [15] Entrup GP, Unadkat A, Warheit-Niemi HI, et al. Obesity inhibits alveolar macrophage responses to pseudomonas aeruginosa pneumonia via upregulation of prostaglandin E2 in male, but not female, mice [J]. Journal of Immunology, 2024, 213(3): 317-327.
- [16] Liaqat I, Naseem S, Ejaz S, et al. Impact of interplay between obese gut microbiota and Diet in developing obesity in synthetic community mice [J]. Journal of Oleo Science, 2021, 70(9): 1285-1293.
- [17] Gong JT, Zhang QJ, Hu RZ, et al. Effects of prevotella copri on insulin, gut microbiota and bile acids [J]. Gut Microbes, 2024, 16(1): 2340487.
- [18] Dong TS, Guan M, Mayer EA, et al. Obesity is associated with a distinct brain-gut microbiome signature that connects Prevotella and Bacteroides to the brain's reward center [J]. Gut Microbes, 2022, 14(1): 2051999.
- [19] Liu XM, Mao BY, Gu JY, et al. Blautia - a new functional genus with potential probiotic properties? [J]. Gut Microbes, 2021, 13(1): 1-21.
- [20] Chanda W, Jiang H, Liu SJ. The ambiguous correlation of blautia with obesity: a systematic review [J]. Microorganisms, 2024, 12(9): 1768.
- [21] 贺肖洁,纪娜,黄晓旭,等. 2020 年杭州市 1859 名体检人群的血浆氨基酸水平 [J]. 卫生研究,2022,51(6):996-1001.
He XJ, Ji N, Huang XX, et al. Plasma amino acid levels of 1859 people in Hangzhou in 2020 [J]. Journal of Health Research, 2022, 51(6): 996-1001. (In Chinese)
- [22] Alves A, Morio B. Alterations in glycine metabolism in obesity and chronic metabolic diseases - an update on new advances [J]. Current Opinion in Clinical Nutrition and Metabolic Care, 2023, 26(1): 50-54.
- [23] Ottosson F, Brunkwall L, Ericson U, et al. Connection between BMI-related plasma metabolite profile and gut microbiota [J]. The Journal of Clinical Endocrinology and Metabolism, 2018, 103(4): 1491-1501.