·流行病与统计方法·

上海市健康体检人群幽门螺杆菌感染与血脂异常关联研究

方勇[1],许智越[2]

1.上海市保健医疗中心检验科,江苏 无锡 214065;2.上海市保健医疗中心护理部,江苏 无锡 214065

摘要:目的　探讨上海市健康体检人群幽门螺杆菌(helicobacter pylori,Hp)感染与血脂异常的关联。**方法**　采用横断面研究设计,纳入 2024 年 10 月—2025 年 10 月在上海市保健医疗中心接受健康体检的成年人群。以空腹碳 13 尿素呼气试验(13C-UBT)结果判定 Hp 感染状态。依据本机构实验室参考范围界定血脂异常:甘油三酯>1.70 mmol/L、总胆固醇>5.17 mmol/L、低密度脂蛋白胆固醇(low-density lipoprotein cholesterol,LDL-C)>3.36 mmol/L 或高密度脂蛋白胆固醇(high-density lipoprotein cholesterol,HDL-C)<1.04 mmol/L,符合任一项者定义为总体血脂异常。采用多因素 logistic 回归模型分析 Hp 感染与血脂异常及其各亚型的关联,计算比值比及 95%置信区间。**结果**　最终纳入分析健康体检者 61 826 名,Hp 阳性者 8 786 名(14.21%)。Hp 阳性组血脂异常患病率高于 Hp 阴性组[65.8%(5 779/8 786) vs. 57.0%(30 224/53 040)]。多因素 logistic 回归分析显示,在调整年龄、性别、身体质量指数、收缩压、空腹血糖、促甲状腺激素、丙氨酸氨基转移酶、肌酐和尿酸后,Hp 感染与血脂异常仍呈正向关联(*OR*=1.235,95%*CI*:1.174~1.299);进一步纳入脂肪肝状态后结果未发生实质性改变(*OR*=1.244,95%*CI*:1.182~1.310)。亚型分析显示,Hp 感染与高甘油三酯、高总胆固醇、高 LDL-C 及低 HDL-C 均呈正向关联,模型 3 中的 *OR* 值(95%*CI*)分别为 1.122(1.060~1.187)、1.164(1.110~1.220)、1.171(1.118~1.228)、1.092(1.028~1.159)。进一步采用《中国血脂管理指南(2023 年)》参考标准重构血脂异常结局后,Hp 感染与血脂异常的正向关联仍然存在,模型 3 中 *OR* 值为 1.211(95%*CI*:1.150~1.275)。**结论**　在上海市健康体检人群中,Hp 感染与血脂异常及其各亚型均呈正向关联,提示健康体检和慢病风险评估中,可关注 Hp 感染状态与血脂异常的共存情况。

关键词:幽门螺杆菌;血脂异常;脂质代谢;健康体检;横断面研究

中图分类号:R573.1　　**文献标志码**:A　　**文章编号**:1003-8507(2026)17-3079-06

DOI:10.20043/j.cnki.MPM.202604226

Association between Helicobacter pylori infection and dyslipidemia in the health examination population in Shanghai

FANG Yong*, XU Zhi-yue

Department of Clinical Laboratory, Shanghai Health and Medical Center, Wuxi, Jiangsu 214065, China

Abstract: Objective To investigate the association between Helicobacter pylori (Hp) infection and dyslipidemia among individuals undergoing health examinations in Shanghai. **Methods** A cross-sectional study was conducted, including adults who received health examinations at Shanghai Health and Medical Center from October 2024 to October 2025. Hp infection status was determined by fasting carbon-13 urea breath test (13C-UBT). Dyslipidemia was defined according to the laboratory reference ranges of our institution: triglycerides (TG) >1.70 mmol/L, total cholesterol (TC) >5.17 mmol/L, low-density lipoprotein cholesterol (LDL-C) >3.36 mmol/L, or high-density lipoprotein cholesterol (HDL-C) <1.04 mmol/L. Presence of any one criterion was defined as overall dyslipidemia. Multivariable logistic regression models were used to analyze the association between Hp infection and dyslipidemia and its subtypes, calculating odds ratios (*ORs*) and 95% confidence intervals (95% *CIs*). **Results** A total of 61 826 individuals were included in the final analysis, among whom 8 786 were Hp-positive (14.21%). The prevalence of dyslipidemia was higher in the Hp-positive group than in the Hp-negative group [65.8% (5 779/8 786) vs. 57.0% (30 224/53 040)]. Multivariable logistic regression analysis showed that, after adjusting for age, sex, BMI, systolic blood pressure, fasting glucose, thyroid-stimulating hormone, alanine aminotransferase, creatinine, and uric acid, Hp infection remained positively associated with dyslipidemia (*OR* =1.235, 95% *CI*: 1.174-1.299). The association remained essentially unchanged after further adjustment for fatty liver status (*OR*=1.244, 95% *CI*: 1.182-1.310).

基金项目:2022 年度国家重点研发计划"主动健康和人口老龄化科技应对"重点专项(2022YFC3600903)

作者简介:方勇(1977—),男,本科,副主任技师,研究方向:临床检验与健康管理与促进

通信作者:许智越,E-mail: hepenxiaozi@163.com

Subtype analyses showed that Hp infection was positively associated with elevated TG, TC, LDL-C, and reduced HDL-C, with *ORs* (95% *CIs*) in model 3 of 1.122 (1.060-1.187), 1.164 (1.110-1.220), 1.171 (1.118-1.228), and 1.092 (1.028-1.159), respectively. After further reconstructing the dyslipidemia outcome according to the reference criteria of the Chinese Guidelines for Lipid Management (2023), the positive association between Hp infection and dyslipidemia persisted, with an *OR* value of 1.211 (95% *CI*: 1.150-1.275) in Model 3. **Conclusion** Among individuals undergoing health examinations in Shanghai, Hp infection was positively associated with dyslipidemia and all its subtypes, suggesting that the coexistence of Hp infection and dyslipidemia merits attention in health examination and chronic disease risk assessment.

Keywords: Helicobacter pylori; Dyslipidemia; Lipid metabolism; Health examination; Cross-sectional study

幽门螺杆菌(helicobacter pylori,Hp)感染是常见慢性感染,除与慢性胃炎、消化性溃疡及胃癌等消化系统疾病密切相关外,其胃外效应亦逐渐受到关注[1]。近年研究提示,Hp 感染可能与代谢综合征及其组分、胰岛素抵抗和慢性低度炎症等代谢异常相关[2-3]。血脂异常是动脉粥样硬化性心血管疾病的重要危险因素,其形成与炎症反应、胰岛素抵抗及脂质代谢紊乱密切相关[4]。近年来,关于 Hp 感染与血脂异常关系的研究不断增加,部分研究提示 Hp 感染与甘油三酯、总胆固醇和低密度脂蛋白胆固醇(low-density lipoprotein cholesterol,LDL-C)升高以及高密度脂蛋白胆固醇(high-density lipoprotein cholesterol,HDL-C)降低有关,但也有研究未观察到明确关联[3,5-6]。血脂异常并非单一表型,高甘油三酯、低 HDL-C 常与胰岛素抵抗、炎症状态及能量代谢异常相关,而高总胆固醇、高 LDL-C 更直接反映致动脉粥样硬化性胆固醇负荷[4]。若仅分析总体血脂异常,可能掩盖 Hp 感染与不同脂质代谢表型之间的差异性关联。在健康体检场景中,探明这种亚型差异具有一定公共卫生意义。若 Hp 现症感染更倾向于与高总胆固醇或高 LDL-C 等致动脉粥样硬化脂蛋白谱异常相关,则有助于在体检人群中更精细地识别其代谢风险特征,并为后续聚焦特定血脂表型的前瞻性研究及干预研究提供线索。基于此,本研究利用上海市保健医疗中心健康体检数据库,分析上海市健康体检人群中 Hp 感染与总体血脂异常及高甘油三酯、高总胆固醇、高 LDL-C、低 HDL-C 等亚型的关联,以期为健康体检人群中 Hp 相关代谢特征的识别提供流行病学依据,并为后续前瞻性研究及干预研究提供线索。

1　对象与方法

1.1　研究对象　研究对象来源于 2024 年 10 月—2025 年 10 月在上海市保健医疗中心接受常规健康体检的成年人。研究使用去标识化体检资料,包括人口学信息、体格测量指标、实验室检测结果及体检综合结论等,每名体检者仅保留一条记录。初始纳入 76 668 名成年人,排除核心协变量缺失者 14 842 名后,最终纳入 61 826 名资料完整者进行分析。研究对象纳入流程见图 1。研究方案在正式启动数据提取及统计分析程序前,已通过上海市保健医疗中心伦理委员会审批(编号:[2026]伦理批会第 5 号)。



注:TSH 为促甲状腺激素。

图 1　研究对象纳入流程图

Figure 1　Flowchart of participant inclusion

1.2　Hp 感染状态判定　本研究根据 13C 尿素呼气试验(13C-UBT)结果判定 Hp 感染状态。受试者晨起空腹 8 h 以上完成 0 min 和服用 13C 尿素颗粒 30 min 后的呼气样本采集,采用呼气分析仪(HY-IREXplus)及 13C-UBT 诊断试剂盒检测。依据厂家说明书,以超基准值(delta over baseline, DOB)表示检测结果;本研究统一以 DOB≥4.0 判定为 Hp 阳性,DOB<4.0 判定为 Hp 阴性[1]。

1.3　血脂异常定义　本研究主要分析血脂异常及其各亚型。血清总胆固醇、甘油三酯、LDL-C 和 HDL-C 均采用 Roche 生化免疫流水线 cobas 8000 配置的 c702 全自动生化分析仪及配套试剂检测。依据本机构实验室参考范围界定血脂异常:甘油三酯>1.70 mmol/L 定义为高甘油三酯,总胆固醇>5.17 mmol/L 定义为高总胆固醇,LDL-C>3.36 mmol/L 定义为高 LDL-C,HDL-C<1.04 mmol/L 定义为低 HDL-C;符合任一项者定义为血脂异常。上述判定以本机构实验室参考范围为基础,并结合国内血脂异常防治相关指

南进行结果解释[4]。同时，考虑到《中国血脂管理指南（2023 年）》强调基于动脉粥样硬化性心血管疾病（atherosclerotic cardiovascular disease,ASCVD）风险分层进行血脂管理，本研究进一步按照该指南中一级预防低危成人主要血脂指标参考标准重构血脂异常结局，并进行敏感性分析，以检验结果稳健性[4]。

1.4　协变量定义　纳入年龄、性别、身体质量指数（body mass index,BMI）、收缩压、空腹血糖、促甲状腺激素（thyroid-stimulating hormone,TSH）、丙氨酸氨基转移酶（alanine aminotransferase,ALT）、肌酐、尿酸及脂肪肝状态。性别构建为二分类变量（男 =1，女 =0）；TSH 作为连续变量纳入模型。脂肪肝状态根据体检综合结论文本提取，出现“脂肪肝”相关表述者定义为阳性。依据实验室参考范围，进一步构建 ALT、尿酸、肌酐及空腹血糖异常变量用于描述性分析及补充分析：ALT 异常定义为男性＞50 U/L 或女性＞40 U/L；尿酸异常定义为男性＞416.5 μmol/L 或女性＞339.2 μmol/L；肌酐异常定义为男性＞111 μmol/L 或女性＞81 μmol/L；空腹血糖异常定义为＞6.1 mmol/L。

1.5　统计学分析　按 Hp 感染状态比较基线特征。连续变量以［M（P_{25},P_{75}）］表示，组间比较采用 Wilcoxon 秩和检验，Z 为秩和检验统计量；分类变量以 n（%）表示，组间比较采用 χ^2 检验，χ^2 值为连续性校正 χ^2 检验统计量。采用多因素 logistic 回归模型分析 Hp 感染与血脂异常及各亚型的关联，计算 *OR* 及 95%*CI*。模型 1 调整年龄和性别；模型 2 进一步调整 BMI、收缩压和空腹血糖；模型 3 进一步调整 TSH、ALT、肌酐和尿酸；模型 4 在模型 3 基础上纳入脂肪肝状态。另按《中国血脂管理指南（2023 年）》一级预防低危成人参考标准重构血脂异常结局进行敏感性分析。双侧检验，检验水准 α=0.05。数据整理与统计分析采用 Python 3.9 完成。

2　结　果

2.1　不同 Hp 感染状态研究对象的基线特征比较　共纳入健康体检者 61 826 名，其中 Hp 阳性 8 786 名。Hp 阳性组年龄、体重指数、收缩压、空腹血糖、ALT、肌酐、尿酸、甘油三酯、总胆固醇、LDL-C 水平均较高，HDL-C 水平较低，差异见表 1。

表 1　不同 Hp 感染状态研究对象基线特征比较［M（P_{25},P_{75}）,n（%）］

Table 1　Baseline characteristics of participants by Hp infection status［M（P_{25}, P_{75}）,（%）］

变量	Hp 阴性组	Hp 阳性组	Z 值	χ^2 值	P 值
例数	53 040	8 786			
年龄（岁）	43.00（35.00,52.00）	45.00（37.00,53.00）	−8.08		＜0.001
BMI（kg/m^2）	24.21（22.02,26.55）	24.96（22.71,27.32）	−18.025		＜0.001
收缩压（mm Hg）	119.00（108.00,129.00）	121.00（111.00,132.00）	−14.211		＜0.001
空腹血糖（mmol/L）	5.15（4.88,5.49）	5.21（4.91,5.61）	−10.857		＜0.001
TSH（μIU/ml）	2.01（1.43,2.80）	2.01（1.44,2.83）	−0.876		0.381
ALT（U/L）	17.00（12.00,26.00）	19.00（13.00,29.00）	−10.828		＜0.001
肌酐（μmol/L）	75.30（63.00,86.60）	78.00（65.30,88.40）	−11.528		＜0.001
尿酸（μmol/L）	329.30（272.44,388.83）	345.70（288.13,403.97）	−15.861		＜0.001
甘油三酯（mmol/L）	1.14（0.80,1.70）	1.28（0.88,1.95）	−17.132		＜0.001
总胆固醇（mmol/L）	4.83（4.27,5.43）	4.93（4.33,5.56）	−9.098		＜0.001
LDL-C（mmol/L）	3.06（2.54,3.60）	3.16（2.60,3.71）	−9.623		＜0.001
HDL-C（mmol/L）	1.32（1.10,1.60）	1.24（1.05,1.51）	16.42		＜0.001
男性	31 204（58.8）	5 886（67.0）		208.859	＜0.001
血脂异常	30 224（57.0）	5 779（65.8）		239.171	＜0.001
高甘油三酯	13 126（24.7）	2 816（32.1）		209.725	＜0.001
高总胆固醇	18 268（34.4）	3 440（39.2）		73.225	＜0.001
高 LDL-C	18 516（34.9）	3 534（40.2）		92.518	＜0.001
低 HDL-C	9 740（18.4）	2 074（23.6）		133.668	＜0.001
脂肪肝	23 502（44.3）	4 527（51.5）		158.044	＜0.001
ALT 异常	3 391（6.4）	742（8.4）		50.548	＜0.001
肌酐异常	1 057（2.0）	217（2.5）		8.263	0.004
尿酸异常	10 901（20.6）	2 200（25.0）		90.619	＜0.001
空腹血糖异常	4 628（8.7）	1 178（13.4）		193.649	＜0.001

2.2　Hp 感染状态与血脂异常关联的多因素 logistic 回归分析　多因素 logistic 回归显示，Hp 阳性与血脂异常呈正向关联，各模型差异均有统计学意义，见表 2。

表 2　Hp 感染与血脂异常关联的多因素 logistic 回归分析

Table 2　Multivariable logistic regression analysis of the association between Hp infection and dyslipidemia

模型	样本量	*OR* 值(95%*CI*)	*P* 值
模型 1	61 826	1.347(1.283 ~ 1.415)	<0.001
模型 2	61 826	1.255(1.194 ~ 1.319)	<0.001
模型 3	61 814	1.235(1.174 ~ 1.299)	<0.001
模型 4	61 811	1.244(1.182 ~ 1.310)	<0.001

注：采用多因素 logistic 回归模型分析 Hp 感染状态与血脂异常之间的关联。模型 1 调整年龄和性别；模型 2 在模型 1 基础上进一步调整体重指数、收缩压和空腹血糖；模型 3 在模型 2 基础上进一步调整 TSH、ALT、肌酐和尿酸；模型 4 在模型 3 基础上进一步纳入脂肪肝状态，作为扩展模型。

2.3　血脂异常定义敏感性分析　按《中国血脂管理指南(2023 年)》一级预防低危成人参考标准重构血脂异常结局后，Hp 感染与血脂异常仍呈正向关联，各模型差异均有统计学意义。见表 3。

表 3　按《中国血脂管理指南(2023 年)》定义的血脂异常敏感性分析结果

Table 3　Sensitivity analysis of dyslipidemia defined according to the Chinese Guidelines for Lipid Management (2023)

模型	样本量	*OR* 值(95%*CI*)	*P* 值
模型 1	61 826	1.352(1.287 ~ 1.419)	<0.001
模型 2	61 826	1.229(1.168 ~ 1.293)	<0.001
模型 3	61 814	1.211(1.150 ~ 1.275)	<0.001
模型 4	61 811	1.222(1.160 ~ 1.288)	<0.001

注：按《中国血脂管理指南(2023 年)》中一级预防低危成人主要血脂指标参考标准重构血脂异常结局，以 Hp 感染状态为主要解释变量；模型调整变量同表 2。

2.4　Hp 感染与血脂异常各亚型关联的多因素 logistic 回归分析　控制混杂因素后，Hp 感染与高总胆固醇、高甘油三酯、高 LDL-C 及低 HDL-C 均呈正向关联，见表 4。

表 4　Hp 感染与血脂异常各亚型关联的多因素 logistic 回归分析

Table 4　Multivariable logistic regression analysis of the association between Hp infection and dyslipidemia subtypes

结局指标	模型	样本量	*OR* 值(95%*CI*)	*P* 值
高甘油三酯	模型 1	61 826	1.305(1.240 ~ 1.373)	<0.001
高甘油三酯	模型 2	61 826	1.145(1.084 ~ 1.210)	<0.001
高甘油三酯	模型 3	61 814	1.122(1.060 ~ 1.187)	<0.001
高甘油三酯	模型 4	61 811	1.140(1.076 ~ 1.208)	<0.001
高总胆固醇	模型 1	61 826	1.212(1.156 ~ 1.270)	<0.001
高总胆固醇	模型 2	61 826	1.181(1.126 ~ 1.237)	<0.001
高总胆固醇	模型 3	61 814	1.164(1.110 ~ 1.220)	<0.001
高总胆固醇	模型 4	61 811	1.165(1.111 ~ 1.221)	<0.001
高 LDL-C	模型 1	61 826	1.216(1.161 ~ 1.274)	<0.001
高 LDL-C	模型 2	61 826	1.185(1.131 ~ 1.242)	<0.001
高 LDL-C	模型 3	61 814	1.171(1.118 ~ 1.228)	<0.001
高 LDL-C	模型 4	61 811	1.173(1.120 ~ 1.230)	<0.001
低 HDL-C	模型 1	61 826	1.240(1.172 ~ 1.311)	<0.001
低 HDL-C	模型 2	61 826	1.109(1.045 ~ 1.176)	<0.001
低 HDL-C	模型 3	61 814	1.092(1.028 ~ 1.159)	0.004
低 HDL-C	模型 4	61 811	1.102(1.037 ~ 1.170)	0.002

注：分别分析 Hp 感染状态与高甘油三酯、高总胆固醇、高 LDL-C 和低 HDL-C 之间的关联；各模型调整变量同表 2。

3　讨　论

本研究基于上海市健康体检大样本人群数据库，分析了 Hp 感染与血脂异常及其不同亚型的关联。结果显示，Hp 感染与总体血脂异常以及高甘油三酯、高总胆固醇、高 LDL-C、低 HDL-C 均呈正向关联。该关联在逐步调整年龄、性别、BMI、血压、空腹血糖、TSH、ALT、肌酐和尿酸后仍然存在，进一步纳入脂肪肝状态后亦未发生实质性改变；采用《中国血脂管理指南(2023 年)》参考标准重构血脂异常结局后，结果仍保持稳定[4]。上述结果提示，在上海市健康体检人群中，Hp 感染与脂质代谢异常之间存在较为稳定的统计学关联，且不同血脂亚型关联强度存在差异，其中与高 TC 和高 LDL-C 的关联相对更强，提示 Hp 感染与不同血脂异常亚型之间的关联可能并不完全一致。

本研究人群 Hp 阳性率为 14.21%，低于我国一般人群及部分体检 / 职业人群报道水平[7-12]。其原因

可能是本研究对象主要来源于上海市企事业单位及政府部门健康体检人群。与一般社区人群相比，这类人群通常具有更强的健康意识、较高的社会经济水平及较好的卫生习惯，且既往接受 Hp 筛查与规范根除治疗的机会也可能更多，从而在样本中表现出一定程度的“健康体检者效应”，其本质接近于健康志愿者偏倚或筛查者偏倚[13]。此外，本研究未能获得既往 Hp 根除史及检测前相关用药信息，不能完全排除 Hp 阴性组中存在部分已根除者或假阴性个体。若存在非差异性错分，可能使本研究观察到的关联强度偏于保守。

本研究结果与近年系统综述及观察性研究总体一致。近期系统综述和 meta 分析提示，Hp 感染与血脂异常风险升高相关，并总体表现为总胆固醇、甘油三酯、LDL-C 升高及 HDL-C 降低[3,6]，而与部分其他心血管危险因素的关联并不明显；有关传统及非传统脂质指标、糖尿病人群和倾向评分匹配研究的结果也提示，Hp 感染可能与部分脂质代谢指标异常相关，但不同指标的关联方向和强度仍存在差异[14-16]。这种差异可能与研究对象来源、Hp 检测方法、血脂异常定义、是否调整肥胖及胰岛素抵抗相关因素、是否纳入用药和生活方式信息等有关。与采用血清抗体反映既往或累积感染状态的研究相比，本研究采用 13C-UBT 判定 Hp 感染状态，更接近受检时点的现症感染[1]；同时分别分析总体血脂异常及其各亚型，从而为健康体检人群中 Hp 现症感染与不同脂质代谢表型之间的关联提供了补充证据。

近年随访研究提示，Hp 根除后部分代谢指标可能改善，HDL-C 升高相对较为一致，但总胆固醇、LDL-C 等指标的改善幅度及稳定性仍存在差异[5]。这提示 Hp 感染与血脂异常之间的关系可能并非完全由短期可逆因素所决定，也可能受到宿主代谢背景、感染持续时间及人群特征等多重因素影响。因此，本研究的意义主要在于通过大样本健康体检基线资料，提示 Hp 感染与何种血脂异常表型关联更为突出，从而为后续聚焦特定血脂表型的前瞻性研究及干预研究提供流行病学线索。

Hp 感染与血脂异常之间的潜在作用机制可能较为复杂。首先，Hp 在胃黏膜的持续定植可能诱导全身性慢性低度炎症反应，促进肿瘤坏死因子 -α（TNF-α）、白介素 -6（IL-6）及 C 反应蛋白（CRP）等促炎因子的释放，从而干扰肝脏胆固醇合成、脂蛋白转运及脂质清除过程。除一般性炎症反应外，现有研究提示，这种炎症及氧化应激状态还可能进一步扰乱肝脏胆固醇合成与清除之间的平衡，例如促进致动脉粥样硬化脂蛋白谱形成，并削弱低密度脂蛋白胆固醇清除过程。其次，Hp 感染相关氧化应激和脂质过氧化可能促进脂蛋白氧化修饰及血管内皮功能损伤，从而进一步参与胆固醇相关异常及动脉粥样硬化相关代谢改变的形成[17-19]。此外，Hp 感染还可能通过影响胃肠道内分泌、肠道菌群 - 代谢轴、宿主免疫调节及胰岛素敏感性，间接参与甘油三酯代谢异常和 HDL-C 水平改变[2,18-19]。本研究亚型分析显示，Hp 感染与总胆固醇和 LDL-C 异常升高的关联相对更强，而与低 HDL-C 的关联效应量较小，提示 Hp 相关血脂异常可能更偏向胆固醇代谢异常及致动脉粥样硬化脂蛋白谱改变，而与 HDL-C 降低相关的关联强度相对较弱。上述解释与本研究观察到的亚型差异方向一致，但具体分子机制仍有待进一步研究验证。

本研究存在一定局限性。第一，横断面设计无法判断 Hp 感染与血脂异常的时间先后顺序，也不能推断因果关系。第二，体检数据库缺乏膳食、体力活动、吸烟、饮酒、降脂药物、质子泵抑制剂、抗生素及既往 Hp 根除史等信息，残余混杂和暴露错分仍可能存在；若 Hp 阴性组中混入既往已根除者或假阴性个体，关联强度可能偏于保守。第三，研究样本来自单中心健康体检人群，存在健康体检者效应和选择性偏倚，外推至一般社区人群时需谨慎。第四，脂肪肝状态来源于体检综合结论文本提取，仍可能存在信息偏倚。最后，本研究未能获得 Hp 菌株毒力因子、感染持续时间及炎症指标等信息，相关发现仍需前瞻性研究和机制研究进一步验证。

综上，在上海市健康体检人群中，Hp 感染与总体血脂异常及各亚型均呈正向关联，且在多变量调整、进一步控制脂肪肝状态及不同血脂异常定义下结果稳定。健康体检和慢病风险评估中可关注 Hp 感染状态与脂质代谢异常的共存情况。鉴于本研究为横断面设计，相关发现仍需前瞻性队列研究及干预研究进一步验证。

利益冲突声明　本研究不存在任何利益冲突

参考文献

[1] Malfertheiner P, Megraud F, O'Morain CA, et al. Management of helicobacter pylori infection--the Maastricht IV/ Florence consensus report[J]. Gut, 2012, 61(5): 646-664.

[2] Liu Y, Shuai P, Chen WJ, et al. Association between Helicobacter pylori infection and metabolic syndrome and its components [J]. Frontiers in Endocrinology, 2023, 14: 1188487.

[3] Quan KJ, Huang ZP, Nie S, et al. The effect of Hp infection on dyslipidemia in Asia and out of Asia: a systematic review and meta-analysis[J]. Front Med(Lausanne), 2025, 12: 1643218.

[4] 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(2023 年)[J]. 中国循环杂志，2023，38(3)：237-271.
Joint Committee on the Chinese Guidelines for Lipid Management Revision. Chinese guidelines for lipid management (2023) [J].

Chinese Circulation Journal, 2023, 38(3): 237–271.(In Chinese)

[5] Park J, Kim N, Kim WS, et al. Long–term Effects of the Eradication of Helicobacter pylori on Metabolic Parameters, Depending on Sex, in South Korea[J]. Gut and Liver, 2023, 17(1): 58–68.

[6] Gaonkar A, Zahiruddin QS, Shabil M, et al. Association of helicobacter pylori infection and risk of dyslipidemia: a systematic review and meta–analysis[J]. JGH Open, 2025, 9(3): e70128.

[7] 范可心,苏成铭,刘超,等. 北京地区不同职业人群幽门螺杆菌感染现状分析[J]. 中国医药,2022,17(8):1193–1196.
Fan KX, Su CM, Liu C, et al. Analysis of helicobacter pylori infection status among different occupations in Beijing [J]. China Medicine, 2022, 17(8): 1193–1196.(In Chinese)

[8] 胡蓉,李东,万霞,等. 成都市职业人群幽门螺杆菌感染状况及影响因素 logistic 回归分析 [J]. 中国卫生统计,2025,42(3):378–381.
Hu R, Li D, Wan X, et al. Logistic regression analysis of helicobacter pylori infection status and influencing factors among occupational population in Chengdu city [J]. Chinese Journal of Health Statistics, 2025, 42(3): 378–381.(In Chinese)

[9] Wang H, Wang Z, Yu J, et al. Social determinants of health and Helicobacter pylori infection prevalence:a systematic review and meta–analysis[J]. Front Public Health, 2025, 13: 1703158.

[10] 田宏扬,严华芳,乔春萍,等. 上海市浦东新区南部体检人群幽门螺杆菌感染情况及相关因素分析 [J]. 复旦学报: 医学版,2022,49(5):720–725, 732.
Tian HY, Yan HF, Qiao CP, et al. Status and associated factors of Helicobacter pylori infection in health examination population in southern Pudong New Area,Shanghai[J]. Fudan University Journal of Medical Sciences, 2022, 49(5): 720–725, 732.(In Chinese)

[11] 薛建华,尤爱军,许智越,等. 上海地区职业体检人群幽门螺杆菌感染与生活方式的关系及危险因素研究[J]. 现代预防医学,2022,49(3):404–410.
Xue JH, You AJ, Xu ZY, et al. Relationship between Helicobacter pylori infection and lifestyle and risk factors of occupational health screening population in Shanghai [J]. Modern Preventive Medicine, 2022, 49(3): 404–410.(In Chinese)

[12] 迟文静,丁立,刘宜昕,等. 上海地区体检人群幽门螺杆菌定植水平与代谢综合征相关性分析 [J]. 检验医学,2022,37(11):1034–1038.
Chi WJ, Ding L, Liu YX, et al. Correlation analysis of Helicobacter pylori colonization level and metabolic syndrome in physical examination population in Shanghai [J]. Laboratory Medicine, 2022, 37(11): 1034–1038.(In Chinese)

[13] Park EJ, Yuk K, Jeong J, et al. Confounding and the healthy worker survivor effect in studies of medical radiation workers: a systematic review of methodological approaches [J]. Epidemiology and Health, 2026, 48: e2026009.

[14] Selcuk O, Muhammed AD, Tekin Y, et al. Traditional and nontraditional lipid parameters in Helicobacter pylori infection [J]. Biomarkers in Medicine, 2024, 18 (7: Biomarkers in Medicine): 291–300.

[15] Yang CY, You NN, Chen Y, et al. Helicobacter pylori infection increases the risk of dyslipidemia in Chinese diabetic Population: a retrospective cross–sectional study [J]. BMC Infectious Diseases, 2024, 24(1): 730.

[16] Zhou Y, Xu J, Shi YT, et al. Helicobacter pylori infection is independently associated with triglyceride levels: a propensity score–matched cross–sectional study [J]. Frontiers in Endocrinology, 2026, 17: 1792530.

[17] Fang Y, Fan C, Li Y, et al. The influence of Helicobacter pylori infection on acute coronary syndrome and lipid metabolism in the Chinese ethnicity [J]. Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 2024, 14: 1437425.

[18] Tomaszewska A, Gonciarz W, Rechcinski T, et al.Helicobacter pylori components increase the severity of metabolic syndrome and its hepatic manifestations induced by a high fat diet [J]. Scientific Reports, 2024, 14(1): 5764.

[19] Martin–Nuñez GM, Cornejo–Pareja I, Clemente–Postigo M, et al. Gut microbiota:the missing Link between Helicobacter pylori infection and metabolic disorders? [J]. Frontiers in Endocrinology, 2021, 12: 639856.

收稿日期:2026–04–14

读者·作者·编者

作者撰写论文时使用参考文献的要求

参考文献不仅增加论文的学术性，而且表明论文的科学依据，也是对他人劳动成果的尊重。凡无参考文献的文章，国家进行论文统计时不予统计。因此，希望作者撰写论文时，凡在文中引用他人数据或观点时，应使用参考文献。并应按参考文献的书写要求书写完整，按论文中引用出现的先后进行参考文献排序和在论文中作相应标注。参考文献宜选用新近 1～5 年内的权威性学术期刊。欢迎引用本刊论文。未公开发表的文献不宜引用。