

研究报告



维吾尔族与汉族儿童肠道细菌群落分析

杨倬 孙静 高洁 卓勤 秦文 王丽媛 王晶波 霍军生*

中国疾病预防控制中心营养与健康所 国家卫生健康委员会微量元素与营养重点实验室 北京 100050

摘要:【背景】肠道菌群是人体的重要组成部分，在人体的多种生命活动中发挥着重要作用。【目的】探究维吾尔族和汉族儿童肠道细菌群落特征，为儿童营养健康状况监测和营养改善工作提供更为有效精准的营养干预策略。【方法】从新疆维吾尔自治区泽普县维吾尔族和河南省民权县汉族人群中分别随机选取 10–12 岁学龄期儿童各 20 名，同一时间段收集其新鲜粪便，提取细菌总 DNA，通过高通量测序和生物信息学分析，研究两地区健康维吾尔族儿童与汉族儿童肠道细菌群落的差异。【结果】获得测序序列 2 007 100 条，归类于 994 个 OTU；所有样本共含 15 个细菌门 139 属。 α 多样性和 β 多样性分析表明，调查地区的 2 个民族儿童肠道细菌的丰富度和多样性均有统计学意义上的差异，维吾尔族儿童肠道细菌群落丰富度高于汉族儿童，而物种多样性不如汉族儿童。其中，维吾尔族儿童肠道细菌丰度相对占优势的门和属及其丰度值为：拟杆菌门(*Bacteroidetes*, 63%)、厚壁菌门(*Firmicutes*, 22%)、普氏菌属(*Prevotella*, 61%)、琥珀酸弧菌属(*Succinivibrio*, 9%)和粪杆菌属(*Faecalibacterium*, 5%)；汉族儿童肠道细菌丰度占优势的门和属及其丰度值为：厚壁菌门(57%)、拟杆菌门(23%)、粪杆菌属(16%)、普氏菌属(11%)和拟杆菌属(*Bacteroides*, 11%)。【结论】调查地区维吾尔族与汉族儿童肠道细菌群落差异较大，这为进一步研究肠道菌群与膳食因素及人体营养健康状况之间的关系提供了依据。

关键词：肠道细菌，儿童，维吾尔族，汉族，营养

Gut bacteria community in Uyghur and Han children

YANG Zhuo SUN Jing GAO Jie ZHUO Qin QIN Wen WANG Li-Yuan

WANG Jing-Bo HUO Jun-Sheng*

National Institute for Nutrition and Health, Chinese Center for Disease Control and Prevention; Key Laboratory of Trace Element and Nutrition, National Health Commission of China, Beijing 100050, China

Abstract: 【Background】 Gut microbiota is an important part of human body and plays an important role in various life activities. 【Objective】 To explore the characteristics of gut bacteria community in Uyghur and Han children in order to provide more effective and accurate nutrition intervention strategies for children's nutritional health monitoring and nutrition improvement. 【Methods】 20 children of 10–12 years of school age Uyghur and Han nationality were selected from Zepu county and Minquan county,

Foundation item: “Rural Student Nutrition Improvement Program” Nutritional Health Assessment and Dietary Guidance Program (131031107000150004)

*Corresponding author: Tel: 86-10-66237255; E-mail: huojs@ninh.chinacdc.cn

Received: 06-07-2020; Accepted: 10-10-2020; Published online: 14-10-2020

基金项目：“农村学生营养改善计划”营养健康评估和膳食指导项目(131031107000150004)

*通信作者: Tel: 010-66237255; E-mail: huojs@ninh.chinacdc.cn

收稿日期: 2020-07-06; 接受日期: 2020-10-10; 网络首发日期: 2020-10-14

respectively. Collect their fresh feces at the same time period, extracted the total bacterial DNA, through high-throughput sequencing and bioinformatics analysis to study the gut bacteria community differences between healthy Uyghur children and Han children. [Results] 2 007 100 sequences were obtained and classified into 994 OTUs. All the samples contained a total of 15 phyla and 139 genera. Alpha and Beta analyses indicated that there were statistically significant differences in the richness and diversity of gut bacteria in children of the two ethnic groups in the surveyed regions. The richness of gut bacteria community in Uyghur children was higher than that in Han children, while the species diversity was lower than that in Han children. The dominant phyla and genera of Uyghur children's gut bacteria are *Bacteroidetes* (63%), *Firmicutes* (22%), *Prevotella* (61%), *Succinivibrio* (9%) and *Faecalibacterium* (5%). While in Han children, the dominant phyla and genera are *Firmicutes* (57%), *Bacteroidetes* (23%), *Faecalibacterium* (16%), *Prevotella* (11%) and *Bacteroides* (11%). [Conclusion] The significant differences of gut bacteria community between Uyghur and Han children in the surveyed regions provide a scientific basis for further research on the relationship between gut microbiota, dietary factors and human nutritional health.

Keywords: Gut bacteria, Children, Uyghur, Han, Nutrition

随着测序技术与组学的发展,人体内的肠道菌群越来越受到研究重视。肠道菌群在人体的生命活动中发挥重要作用,被认为是人体的另一“器官”。肠道菌群微生物的形成和多样性受到宿主基因、民族、年龄、性别、饮食结构、生活环境、疾病、药物等多种因素的影响,并与宿主共同存在和发展^[1-7]。肠道微生物对人体的营养健康状况和疾病的发生发展有重要作用。田韵仪等^[8]综述了肠道菌群、膳食与健康三者之间的相互关系,指出了肠道菌群在精准营养与健康研究中的重要作用和发展前景。刘怡萱等^[9]也综述了饮食调节对肠道菌群的影响及反馈作用的研究进展,提出通过饮食干预调节肠道菌群从而改善人体健康状况将是未来的研究热点之一。肠道微生态的紊乱与许多疾病相关,包括营养性疾病、炎症肠病、糖尿病、肥胖症、神经退行性疾病和肿瘤等^[10-12]。研究表明,特定碳水化合物饮食、低发酵低聚糖、双糖、单糖和多元醇饮食、无麸质饮食、抗炎饮食和地中海饮食对微生物群和疾病演变都产生影响,提示肠道菌群与营养性疾病和炎症性肠病等密切相关^[13]。

除了上述因素,不同地域和不同民族人群的肠道菌群也存在差异。王慧慧等^[14]研究了1 067例不同年龄及地域人群肠道菌群特征,结果显示3岁以

上健康人群的肠道菌群展示出了地域性特征:亚洲健康人群的肠道代表菌属为考拉杆菌属和巨单胞菌属,非洲和欧洲健康人群的肠道代表菌属为粪杆菌属,北美洲健康人群的肠道代表菌属为拟杆菌属,南美洲健康人群的肠道代表菌属为普氏菌属。肠道菌群与膳食及营养健康状况密切相关,研究它们之间的相互作用关系有助于进一步理解人体对营养物质的利用途径,对个体化精准营养干预、倡导健康的膳食习惯具有非常重要的意义^[15-16]。中国是一个多民族、饮食习惯多样的国家,由于不同民族生活方式、居住环境及饮食文化的不同,其肠道菌群也具有其独特性^[17-19]。因此,研究不同民族人群膳食特点、肠道微生态特征与其营养健康状况的相关性,可为进一步了解我国各民族人群的营养及健康状况的影响因素提供帮助,对通过膳食干预实现优化肠道微生态、改善宿主健康具有重要意义。

青少年儿童的营养与健康状况直接影响其体能和智力水平的发育,而营养与健康又与膳食密切相关。为改善我国贫困农村地区儿童营养健康状况,2011年11月国家启动“农村义务教育学生营养改善计划”^[20-21]。儿童时期是处于生长发育的快速时期及关键时期,也是人体肠道菌群建立的关键时期,菌群结构极易受饮食差异及机体营养状

况的影响^[22-23]。

鉴于目前缺乏中国不同地区不同民族少年儿童代表性人群的肠道微生态特征分析,本课题基于“农村义务教育学生营养改善计划”营养健康检测评估工作,选取我国维吾尔族和汉族学龄期儿童作为研究对象,对其肠道细菌群落特征等方面进行评价研究。本文从肠道细菌群落特征差异这一角度出发,探究不同民族儿童在其典型居住地生活对肠道细菌组成的影响,结合已有对膳食结构的研究,以期为进一步研究肠道菌群与膳食因素及人体营养健康状况之间的关系提供依据。

1 材料与方法

1.1 研究对象

选取“农村义务教育学生营养改善计划”项目覆盖地区,抽取新疆维吾尔自治区泽普县维吾尔族和河南省民权县汉族各 20 名 10-12 岁学龄期儿童作为研究对象。本项目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,儿童监护人知晓调查内容并签署了知情同意书。

1.2 主要试剂和仪器

粪便基因组 DNA 提取试剂盒 QIAamp FAST DNA Stool Mini Kit, Qiagen 公司; NanoDrop 紫外分光光度计, Thermo 公司; Illumina HiSeq2500 测序仪, Illumina 公司。

1.3 高通量测序技术

采样、DNA 提取及生物信息学分析方法参照文献^[24]。

1.3.1 采样方法

粪便样本于体检时集中采集。将采集的中段内部粪便存放到预装有能够抑制核酸酶活性的粪便保护剂的粪便采集管内, -20 °C 保存。

1.3.2 DNA 提取和测序

按照 QIAamp FAST DNA Stool Mini Kit 说明书提取粪便样本中 DNA, DNA 的纯度和浓度检测合格后,使用通用引物 515F (5'-GTGCCAGCMGC CGCGGTAA-3')和 806R (5'-GGACTACHVGGGT WTCTAAT-3')对 16S rRNA 基因的 V4 区进行 PCR 扩增。PCR 反应体系: 10×Buffer 5 μL, dNTP Mix (2.5 mmol/L) 5 μL, MgCl₂ (25 mmol/L) 3 μL, 上、下游引物(10 μmol/L)各 1.5 μL, DNA 模板(100 mg/L) 2 μL, Taq 酶(5 U/μL) 0.5 μL, ddH₂O 补足 50 μL。PCR 反应条件: 95 °C 5 min; 95 °C 1 min, 55 °C 45 s, 72 °C 1 min, 30 个循环; 72 °C 7 min。PCR 产物纯化后构建文库,应用 Illumina HiSeq2500 高通量测序平台进行双末端测序。

1.3.3 生物信息学分析

对测序原始数据进行质量控制。使用软件 FLASH (Fast Length Adjustment of Short Reads, V1.2.11)将双末端测序得到的序列进行拼接,利用软件 USEARCH (V7.0.1090)按照 97% 相似性对非重复序列进行可操作分类单元(OTU)聚类,用于物种注释、物种丰度分析以及组间物种多样性分析。

1.4 统计学方法

利用软件 SPSS 16.0 分析数据,使用 *t* 检验进行组间比较,数据用均数±标准方差(Mean±SD)表示,统计学差异表示为 *P*<0.05 (*), *P*<0.01 (**), *P*<0.001 (***)。

2 结果与分析

2.1 维吾尔族和汉族儿童身高体重情况

所选研究对象的身高和体重情况如表 1 所示,除两民族男生身高差异具有统计学意义外 (*P*<0.05),其他差异均无统计学意义。

表 1 汉族(民权县)和维吾尔族(泽普县)儿童身高与体重

Table 1 Statistical analysis of height and weight of Han (Minquan county) and Uyghur (Zepu county)

Group	Age (years old)		Height (cm)		Weight (kg)	
	Boy	Girl	Boy	Girl	Boy	Girl
Han	11.00±0.00	11.00±0.00	149.41±7.87	141.17±4.75	36.53±6.08	32.89±3.10
Uyghur	10.90±0.56	10.90±0.87	139.44±4.23*	137.25±6.83	34.55±4.65	32.45±4.19

Note: *: *P*<0.05.

2.2 两民族儿童肠道菌群样本序列 OTU 及 α 多样性分析

通过高通量测序和序列提取, 40 份样本共获得 2 007 100 条序列, 以 97% 的相似性共划分出 994 个 OTU (图 1)。维吾尔族和汉族两族儿童有 493 个共有 OTU。 α 多样性是对单个样品中物种多样性的分析, 包括 Observed-species 指数、Chao1 指数、Ace 指数、Shannon 指数、Simpson 指数以及 Coverage 指数等。前 4 个指数越大, 第 5 个指数越小, 说明样品中的物种越丰富^[25]。Coverage 指数越高, 样品中序列没有被测出来的概率越低, 即反映样本的覆盖率。两民族儿童肠道细菌的 α 多样性分析显示, 40 个样本的 Coverage 均在 99.9% 以上, 说明测序深度符合要求, 样本中的序列基本全部被覆盖。Observed-species 指数、Chao1 指数和 Simpson 指数在 2 个组别之间的差异具有统计学意义 ($P < 0.05$), 见表 2。这说明 2 个民族儿童肠道细菌的丰富度和多样性均有统计学意义上的差异, 维吾尔族儿童肠道菌群群落丰富度高于汉族儿童, 而物种多样性不如汉族儿童。另外, 两组样本的 α 多样性稀释曲线趋于平缓, 说明测序深度已经基本反映了样本中的菌群多样性(图 2)。

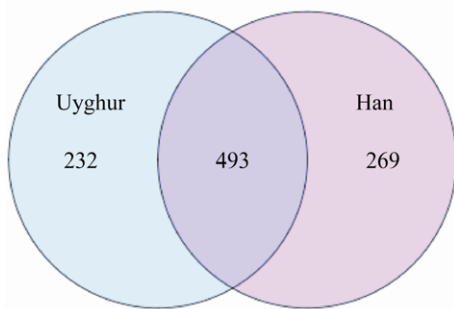


图 1 OTU Venn 图

Figure 1 Venn diagram of OTUs

表 2 汉族(民权县)和维吾尔族(泽普县)儿童肠道菌群 α 多样性分析

Table 2 Alpha diversity statistical analysis of gut microflora of Han (Minquan county) and Uyghur (Zepu county)

Group	Observed-species	Chao1	Ace	Shannon	Simpson	Coverage
Han	244.00±59.49	286.31±71.38	283.42±70.77	3.18±0.44	0.10±0.06	0.999±0.00
Uyghur	286.10±59.55*	333.40±69.61*	326.33±65.94	2.94±0.38	0.16±0.05*	0.999±0.00

Note: *: $P < 0.05$.

2.3 β 多样性分析

β 多样性分析采用的是 Weighted UniFrac 距离来衡量组间相异系数, 与维吾尔族儿童组相比, 汉族儿童组的 Weighted UniFrac 距离升高 ($P < 0.05$), 说明 2 个组别在物种多样性方面存在差异(图 3)。另外, 也可利用树枝结构描述和比较多个样品间的相似性和差异关系。运用 UniFrac 算法计算样品间的距离, 即根据 β 多样性距离矩阵进行层次聚类分析, 可以看出分支的远近。如图 4 所示, 两组样本在 OTU 水平的聚类树提示通过聚类可以将维吾尔族儿童组与汉族儿童组样本进行区分。

2.4 两民族儿童肠道菌群组成

两民族儿童肠道细菌在门水平物种的相对丰度如表 3 所示。其中维吾尔族儿童肠道细菌主要为拟杆菌门细菌 (62.71%, $P < 0.001$), 而汉族儿童则主要为厚壁菌门细菌 (56.92%, $P < 0.001$); 维吾尔族儿童肠道菌群内的厚壁菌门细菌 (22.04%, $P < 0.001$) 和汉族儿童肠道菌群内的拟杆菌门细菌 (23.41%, $P < 0.001$) 也占据了较大的比例。这 2 个门的细菌数量和 2 个民族儿童肠道菌群内均占据了各自细菌总数的 80% 以上, 说明这 2 个门的细菌是肠道菌群内的主要细菌。变形菌门 (*Proteobacteria*) 细菌在两民族儿童肠道细菌中所占的比例接近 ($P > 0.05$), 迷踪菌门 (*Elusimicrobia*) 细菌是维吾尔族儿童肠道特有的细菌门类 ($P < 0.05$), 而且蓝细菌门 (*Cyanobacteria*) 细菌的丰度远高于汉族儿童 ($P < 0.001$)。相较之下, 汉族儿童肠道内放线菌门 (*Actinobacteria*) 细菌的丰度高于维吾尔族儿童 ($P < 0.001$), 而且没有特有的细菌门类。

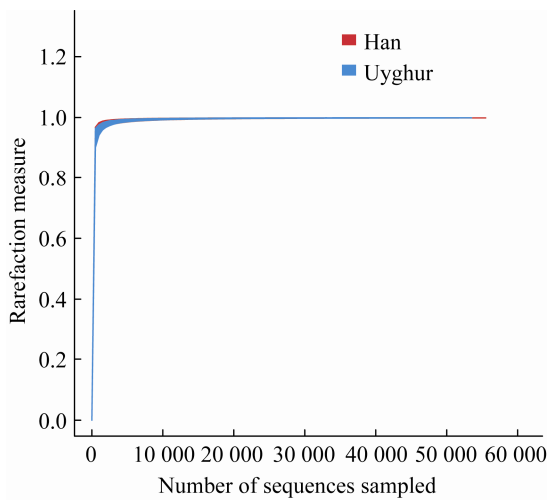


图 2 两民族儿童样本中细菌群落的 α 多样性稀释曲线
Figure 2 Rarefaction curve of alpha diversity of bacteria communities in samples

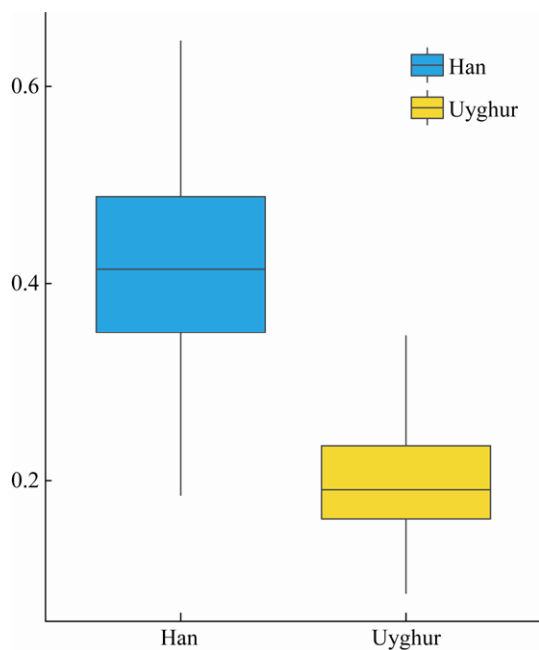


图 3 Weighted UniFrac 距离分析
Figure 3 Analysis of Weighted UniFrac distance

两民族儿童肠道细菌在属水平物种的相对丰度如表 4 所示。在维吾尔族儿童肠道内共鉴定出 86 个细菌属，其中普氏菌属是绝对的数量占优势属 (60.84%， $P<0.001$)，其次为琥珀酸弧菌属 (8.92%， $P<0.001$)和粪杆菌属 (4.95%， $P<0.05$)。汉

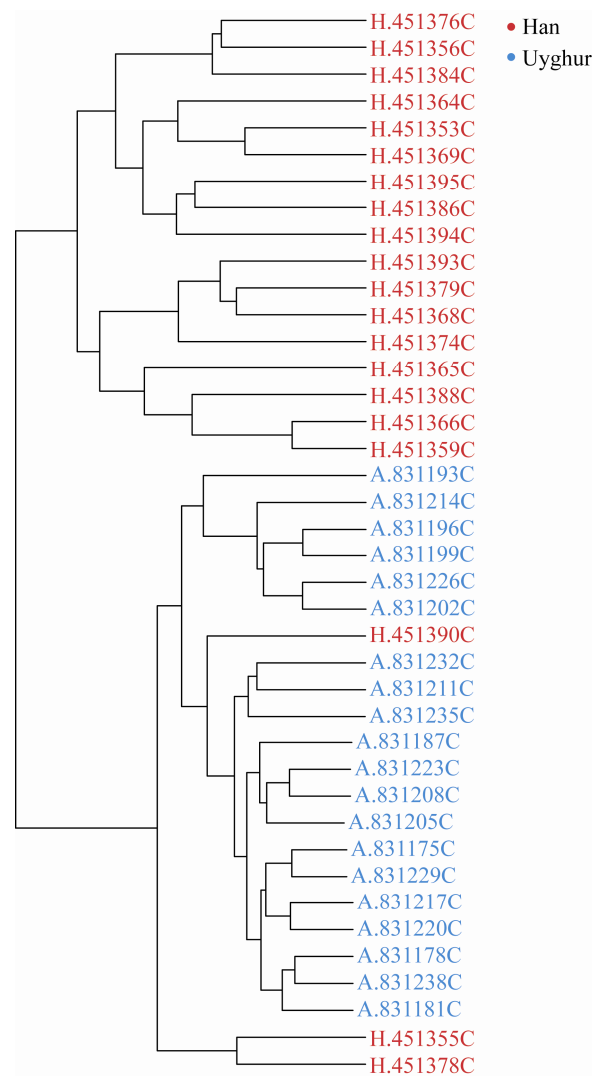


图 4 两民族儿童样本在 OTU 水平的层级聚类分析
Figure 4 Hierarchical clustering tree at OTUs level of the samples

表 3 汉族(民权县)和维吾尔族(泽普县)儿童肠道菌群在门水平的相对丰度

Table 3 Species abundance at phylum level of Han (Minquan county) and Uyghur (Zepu county)

Phylum	Han (%)	Uyghur (%)
<i>Actinobacteria</i>	8.41±6.43	0.88±1.05***
<i>Bacteroidetes</i>	23.41±14.09	62.71±7.88***
<i>Cyanobacteria</i>	0.00±0.01	2.21±2.78***
<i>Elusimicrobia</i>	0.00±0.00	0.19±0.57*
<i>Firmicutes</i>	56.92±14.82	22.04±5.19***
<i>Proteobacteria</i>	10.15±10.52	11.31±6.33
<i>Tenericutes</i>	0.07±0.24	0.31±0.47***
<i>Verrucomicrobia</i>	0.74±2.17	0.01±0.03

Note: *: $P<0.05$; ***: $P<0.001$.

表 4 汉族(民权县)和维吾尔族(泽普县)儿童肠道菌群在属水平的相对丰度

Table 4 Species abundance at genus level of Han (Minquan county) and Uyghur (Zepu county)

Genus	Han (%)	Uyghur (%)
<i>Megamonas</i>	5.87±12.92	0.11±0.42
<i>Faecalibacterium</i>	15.82±12.15	4.95±3.00*
<i>Clostridium</i>	1.15±0.98	0.39±0.32*
<i>Sutterella</i>	0.78±1.11	1.17±0.63*
<i>Parabacteroides</i>	1.04±1.29	0.08±0.10*
<i>Succinivibrio</i>	0.00±0.00	8.92±6.02***
<i>Bifidobacterium</i>	7.13±5.97	0.66±0.93***
<i>Bacteroides</i>	10.55±9.53	0.43±0.67***
<i>Megasphaera</i>	6.64±11.71	0.08±0.21
<i>Roseburia</i>	3.90±4.32	2.45±1.70
<i>Oscillospira</i>	1.41±2.86	0.85±0.85
<i>Coproccoccus</i>	0.78±0.84	0.85±0.70
<i>Ruminococcus</i>	3.18±2.11	1.22±0.90**
<i>Dialister</i>	0.69±0.89	1.24±2.13
<i>Prevotella</i>	10.76±14.52	60.84±8.60***
<i>Escherichia</i>	7.81±9.99	0.13±0.28***
<i>Catenibacterium</i>	0.48±0.96	0.92±0.96*
<i>Lachnospira</i>	0.36±0.54	1.04±1.05*
<i>Lactobacillus</i>	1.60±2.35	0.12±0.33*
<i>Blautia</i>	1.52±1.02	0.44±0.25***
<i>Phascolarctobacterium</i>	1.24±1.83	0.87±0.92

Note: *: $P < 0.05$; **: $P < 0.01$; ***: $P < 0.001$.

族儿童肠道内一共有 127 个细菌属,但没有特别明显的数量占优势的属,相对的数量占优势属有粪杆菌属(15.82%)、普氏菌属(10.76%)和拟杆菌属(10.55%, $P < 0.001$)。普氏菌属和粪杆菌属是两民族儿童共有的相对丰富的细菌属,但各自所占比例均具有差异。

2.5 两民族儿童肠道菌群差异分析

从上述门和属水平上的分析可以大致看出,两民族儿童在肠道菌群结构上存在较大差异。根据 Wilcoxon rank-sum test 和 LEfSe 分析(图 5),绿色节点代表在维吾尔族儿童肠道菌群中起重要作用的细菌类群,红色节点代表在汉族儿童肠道菌群中起重要作用的细菌类群。拟杆菌门中的普雷沃氏菌科(*Prevotellaceae*)、变形菌门中的产碱杆菌科

(*Alcaligenaceae*) 和琥珀酸弧菌科(*Succinivibrionaceae*)细菌对维吾尔族儿童肠道菌群结构组成起重要作用。厚壁菌门中的丹毒丝菌科(*Erysipelotrichaceae*)、消化球菌科(*Peptococcaeae*)、苏黎世杆菌科(*Turicibacteraceae*)、乳杆菌科(*Lactobacillaceae*)、拟杆菌门中的黄杆菌科(*Flavobacteriaceae*)、放线菌门中的红蝈菌科(*Coriobacteriaceae*)、双歧杆菌科(*Bifidobacteriaceae*)、疣微菌门(*Verrucomicrobia*)中的疣微菌科(*Verrucomicrobiaceae*)和变形菌门中的肠杆菌科(*Enterobacteriaceae*)是汉族儿童肠道菌群中起重要作用的组成结构菌群。从种类上可以看出,汉族儿童肠道菌群的结构更丰富,重要组成细菌更多。选取丰度为前 10 位的物种进行属水平上的关键物种差异比较分析,结果如图 6 所示,维吾尔族儿童肠道内的普氏菌属和琥珀酸弧菌属丰度远高于汉族儿童($P < 0.001$);拟杆菌属、埃希氏杆菌属(*Escherichia*)和双歧杆菌属的丰度均远低于汉族儿童($P < 0.001$)。同时,瘤胃球菌属(*Ruminococcus*, $P < 0.01$)、粪杆菌属($P < 0.05$)的丰度也低于汉族儿童,再次表明两民族儿童肠道菌群在结构上的差异性。

3 讨论与结论

人类肠道菌群的结构多样性与多种因素密切相关。随着年龄的增长,不同的膳食会进一步影响肠道菌群的结构。膳食中的油脂类、肉蛋奶类、果蔬类和谷物类均对肠道菌群有一定的调节作用。Flint 等^[7]认为两种主要机制可能导致肠道菌群物种组成的变化:(1)不同微生物物种在利用饮食基质和宿主来源方面的能力不同,这是由它们的基因组决定的。同时,这将决定大肠中可利用基质的竞争结果,当特定基质更丰富时,某些物种会优于其他物种,这也是使用益生元来调控微生物群落的原理。(2)不同物种对肠道环境中各种因素的耐受性可能不同,如高或低的 pH 值、高胆盐浓度或低的微量元素(如铁)浓度往往会限制微生物的生长。一些调查显示这两种机制可能在定义肠道菌群物种

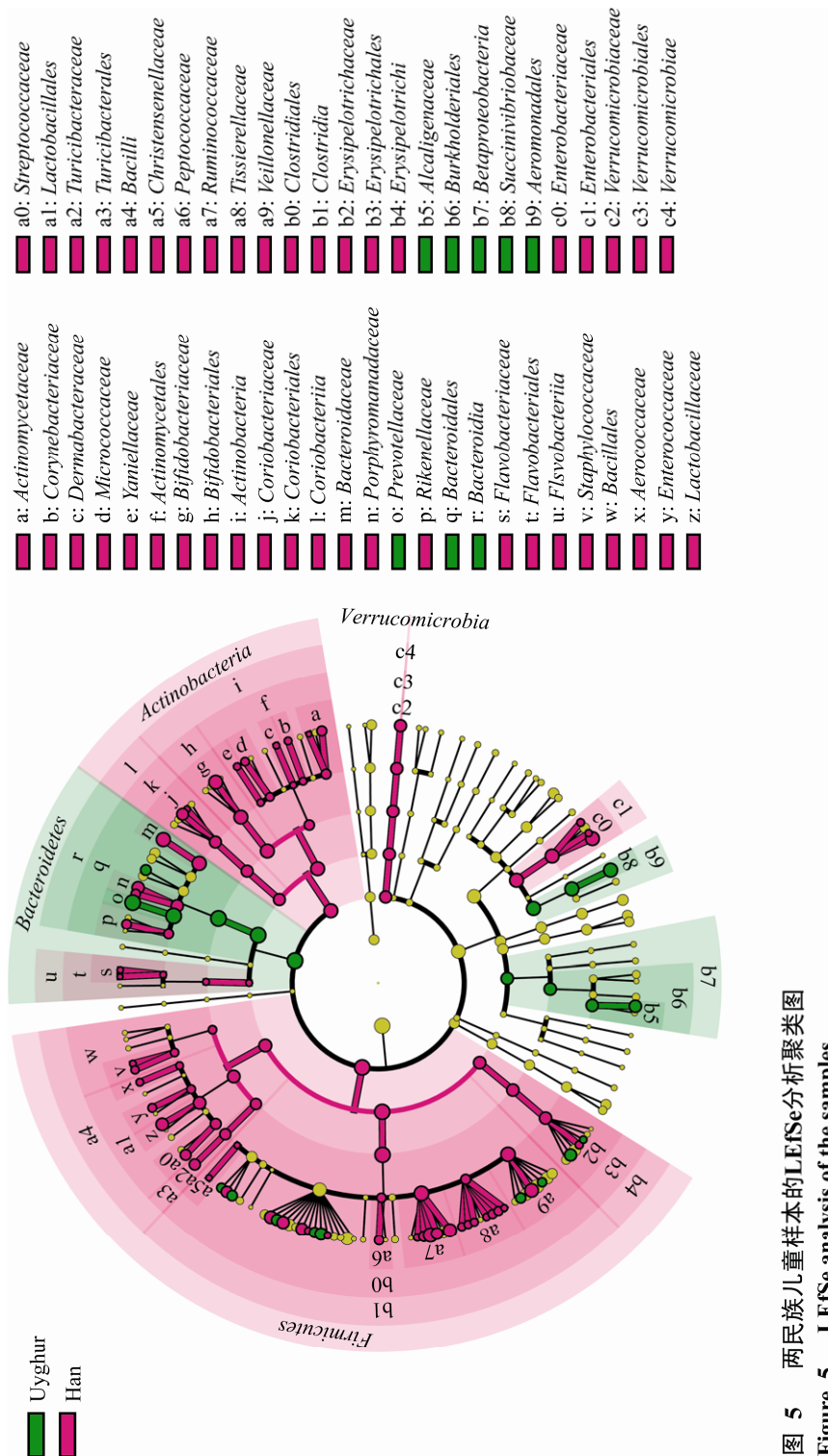


图 5 两民族儿童样本的LEfSe分析聚类图
 Figure 5 LEfSe analysis of the samples

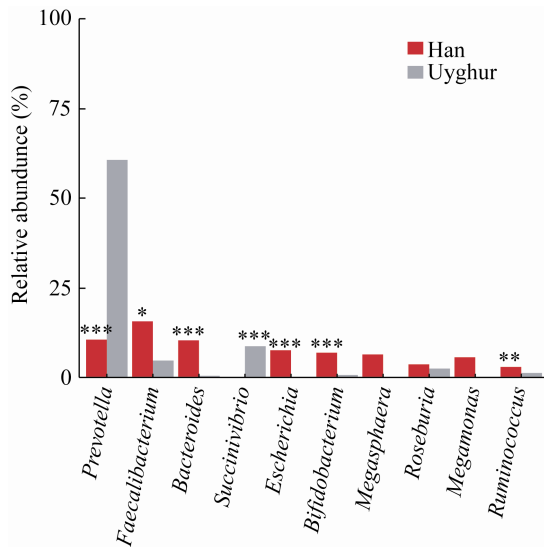


图6 两民族儿童样本的关键物种差异比较柱状图

Figure 6 Histogram of key species differences of the samples

Note: *: $P < 0.05$; **: $P < 0.01$; ***: $P < 0.001$.

组成方面发挥重要作用。在不同地域生活的人其肠道菌群存在很多差异,与之关系最大的是不同地域人的生活习惯尤其是饮食习惯。即使在相同的生活环境下,饮食不同也会带来肠道菌群的差异^[17]。研究表明,膳食纤维,包括阿拉伯木聚糖、低聚半乳糖、菊粉和低聚果糖可以促进多种有益细菌的生长并抑制潜在有害种类^[25];临床前证据表明,脂肪的数量和类型都可以调节有益微生物和潜在有害微生物,以及肠道中的厚壁菌门与拟杆菌门的比值(F/B)^[2];临床和临床前研究表明,饮食中蛋白质的类型和数量对肠道菌群具有实质性和差异性影响^[25]。鉴于肠道菌群在多种疾病的发生和发展过程中扮演着重要角色^[3,26],而膳食的调控又能改变肠道菌群的结构^[7,22],因此,首先了解不同人群的肠道菌群差异,再通过比较差异与饮食结构的对应关系,可为改善饮食结构从而改善肠道菌群结构提供依据。

本文利用高通量测序及生物信息分析技术研究了典型区域的维吾尔族和汉族儿童肠道细菌群落的差异。结果显示两民族儿童肠道细菌在门水平和属水平上均存在明显差异。这首先与民族差异有

关,有研究表明生活在相同生活环境下的不同民族成年人的肠道细菌具有明显的差异^[17],因此两民族儿童在先天条件下就已具备了肠道细菌组成的差异。其次,造成不同民族肠道菌群结构差异的根本因素与两民族的生活习惯尤其是饮食习惯相关。膳食是直接和肠道菌群接触并密切相关的因素,地域和民族带来的肠道菌群差异主要跟膳食相关^[22]。在本研究中,维吾尔族饮食中的蛋白质多来源于牛、羊肉,而汉族饮食中多来源于猪肉和蛋类;另外,两个民族学生对饮食的营养知识、饮食态度和饮食行为也存在差异,如对早餐的认知方面,汉族学生因睡太迟不能早起等原因来不及吃早餐占比较高,而维吾尔族具有早起的习惯,在不能按时吃早餐这方面占比较小^[19]。张晓帆等^[21]报道了学生早餐饮奶与营养状况的关系,早餐饮奶可改善营养状况,降低2型糖尿病和肥胖的患病风险,而这类疾病通常与肠道菌群有着密切的关系^[10,27]。颜超等^[20]调查了维吾尔族13-15岁学生的膳食状况,发现学生的营养不良状况十分普遍,这可能是导致肠道菌群结构差异大的原因。李朝霞等^[28]的研究则显示喀什地区维吾尔族人群膳食模式受经济情况及生活方式等多种因素影响,导致一些不合理的饮食结构和饮食方式,这也可能是导致肠道菌群结构差异大的原因。另外,一些遗传因素也会影响肠道菌群结构。

本研究后续可与两民族学生饮食情况调查结合起来,明确肠道细菌群落的差异与饮食差异的关系。同时可研究在同一地区生活的两民族学生的肠道菌群差异,排除一些干扰因素。在今后的研究中,将从膳食行为、生长发育、营养状况及肠道微生态特征等方面进行营养健康评价、不同检测指标间对比分析和关联性研究。期待逐步明确具体的肠道微生物特征与营养健康状况的关系,明确关键菌属,以通过检测肠道菌群的组成特征实现对人体的营养状态进行监控,为营养改善工作提供更有效精准的营养干预策略。

REFERENCES

- [1] Lu SL, Huang QM, Wei BM, et al. Impact of delivery mode on gut microbiota in late preterm infants[J]. *Chinese Journal of Microecology*, 2019, 31(6): 624-627 (in Chinese)
陆斯良, 黄清梅, 韦冰梅, 等. 不同分娩方式对晚期早产儿肠道菌群的影响[J]. *中国微生态学杂志*, 2019, 31(6): 624-627
- [2] Wang MH, Peng XG, Ma J, et al. The gut microflora structure of healthy adults in Taiyuan area by 16S rRNA sequencing[J]. *Chinese Journal of Microecology*, 2019, 31(7): 745-751 (in Chinese)
王慕华, 彭晓光, 麻杰, 等. 基于 16S rRNA 基因高通量测序的太原地区健康成年人肠道菌群结构分析[J]. *中国微生态学杂志*, 2019, 31(7): 745-751
- [3] Bajaj JS. Alcohol, liver disease and the gut microbiota[J]. *Nature Reviews Gastroenterology & Hepatology*, 2019, 16(4): 235-246
- [4] Dhar D, Mohanty A. Gut microbiota and Covid-19-possible link and implications[J]. *Virus Research*, 2020, 285: 198018
- [5] Vivarelli S, Salemi R, Candido S, et al. Gut microbiota and cancer: from pathogenesis to therapy[J]. *Cancers*, 2019, 11(1): 38
- [6] Attaye I, Pinto-Sietsma SJ, Herrema H, et al. A crucial role for diet in the relationship between gut microbiota and cardiometabolic disease[J]. *Annual Review of Medicine*, 2020, 71: 149-161
- [7] Flint HJ, Duncan SH, Scott KP, et al. Links between diet, gut microbiota composition and gut metabolism[J]. *Proceedings of the Nutrition Society*, 2015, 74(1): 13-22
- [8] Tian YY, Dong ZZ, Zheng JS. Gut microbiota, precision nutrition and health[J]. *Biotechnology & Business*, 2019(6): 13-25 (in Chinese)
田韵仪, 董志忠, 郑钜圣. 肠道微生物、精准营养与健康[J]. *生物产业技术*, 2019(6): 13-25
- [9] Liu YX, Ma HM. Progress and prospect of human gut microbiome research associated with diet regulation[J]. *Biotechnology*, 2019, 29(4): 404-410,360 (in Chinese)
刘怡萱, 马红梅. 饮食调节与肠道菌群研究的进展及展望[J]. *生物技术*, 2019, 29(4): 404-410,360
- [10] Zhao LP, Zhang F, Ding XY, et al. Gut bacteria selectively promoted by dietary fibers alleviate type 2 diabetes[J]. *Science*, 2018, 359(6380): 1151-1156
- [11] Louis P, Hold GL, Flint HJ. The gut microbiota, bacterial metabolites and colorectal cancer[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2014, 12(10): 661-672
- [12] Chen W, Tian PJ, Zhang CC, et al. New progress of research on gut microbiota and human health[J]. *Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology*, 2017, 17(2): 1-9 (in Chinese)
陈卫, 田培郡, 张程程, 等. 肠道菌群与人体健康的研究热点与进展[J]. *中国食品学报*, 2017, 17(2): 1-9
- [13] Mentella MC, Scaldaferrì F, Pizzoferrato M, et al. Nutrition, IBD and gut microbiota: a review[J]. *Nutrients*, 2020, 12(4): 944
- [14] Wang HH, Li YH, Qiu CZ, et al. The characterization of human gut microbiota across ages and continents based on 1 067 fecal samples[J]. *Chinese Journal of Microecology*, 2019, 31(9): 1000-1004 (in Chinese)
王慧慧, 李寅虎, 邱创钊, 等. 1 067 例不同年龄及地域人群肠道菌群特征[J]. *中国微生态学杂志*, 2019, 31(9): 1000-1004
- [15] Mayer EA, Tillisch K, Gupta A. Gut/brain axis and the microbiota[J]. *The Journal of Clinical Investigation*, 2015, 125(3): 926-938
- [16] Sommer F, Bäckhed F. The gut microbiota—masters of host development and physiology[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2013, 11(4): 227-238
- [17] Liu YX, Cao PX, Ma HM, et al. Gut bacterial community diversity in healthy Tibetan and Han college students[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2019, 59(9): 1674-1684 (in Chinese)
刘怡萱, 曹鹏熙, 马红梅, 等. 健康藏族与汉族大学生肠道细菌多样性研究[J]. *微生物学报*, 2019, 59(9): 1674-1684
- [18] Luo JZ. Nutritional status of ethnic minority students in Xinjiang[J]. *China Preventive Medicine*, 2003, 4(1): 36 (in Chinese)
罗建忠. 新疆少数民族学生营养状况[J]. *中国预防医学杂志*, 2003, 4(1): 36
- [19] Malhaba D, Yan L. Investigation and analysis on dietary knowledge, attitude and behavior of middle school students of Han and Uygur nationality[J]. *Strait Journal of Preventive Medicine*, 2014, 20(5): 24-25 (in Chinese)
麦尔哈巴·迪力木拉提, 颜玲. 汉族与维族中学生饮食知识信行调查分析[J]. *海峡预防医学杂志*, 2014, 20(5): 24-25
- [20] Yan C, Wu J, Wang MX, et al. Effect of nutritional propaganda and education on the dietary status of Uyghur students aged 13–15 years old in rural areas of Xinjiang[J]. *Maternal & Child Health Care of China*, 2011, 26(21): 3218-3221 (in Chinese)
颜超, 武杰, 王明霞, 等. 营养宣教对新疆农村维吾尔族 13–15 岁学生膳食状况的影响[J]. *中国妇幼保健*, 2011, 26(21): 3218-3221
- [21] Zhang XF, Li L, Xu J, et al. Associations between milk intake at breakfast and nutritional status of students

- attending the nutrition improvement program for rural compulsory education students in 2016[J]. *Chinese Journal of Epidemiology*, 2019, 40(2): 175-179 (in Chinese)
- 张晓帆, 李荔, 许娟, 等. 2016年“农村义务教育学生营养改善计划”学生早餐饮奶与营状况的关系[J]. *中华流行病学杂志*, 2019, 40(2): 175-179
- [22] Maslowski KM, Mackay CR. Diet, gut microbiota and immune responses[J]. *Nature Immunology*, 2011, 12(1): 5-9
- [23] Wang HH. Research advances in the relationship between childhood malnutrition and gut microbiota[J]. *Chinese Journal of Contemporary Pediatrics*, 2016, 18(11): 1188-1193 (in Chinese)
- 王慧慧. 营养不良儿童肠道菌群状况研究进展[J]. *中国当代儿科杂志*, 2016, 18(11): 1188-1193
- [24] Wang LY, Gong ZL, Huo JS, et al. Effects of nutrition package on intestinal flora of infants by high-throughput sequencing[J]. *Journal of Hygiene Research*, 2020, 49(2): 233-237 (in Chinese)
- 王丽媛, 官照龙, 霍军生, 等. 基于高通量测序技术分析营养包对婴幼儿肠道菌群的影响[J]. *卫生研究*, 2020, 49(2): 233-237
- [25] Yang Q, Liang Q, Balakrishnan B, et al. Role of dietary nutrients in the modulation of gut microbiota: a narrative review[J]. *Nutrients*, 2020, 12(2): 381
- [26] Belkaid Y, Hand TW. Role of the microbiota in immunity and inflammation[J]. *Cell*, 2014, 157(1): 121-141
- [27] Yu J, Xu JX. Influence factors of gut microbiota and its association with diabetes mellitus[J]. *Chinese Journal of Gerontology*, 2016, 36(24): 6282-6286 (in Chinese)
- 俞佼, 徐积兄. 肠道菌群的影响因素及其与糖尿病的关联[J]. *中国老年学杂志*, 2016, 36(24): 6282-6286
- [28] Li ZX, Zhu CZ, Yang YD, et al. Subject analysis on urban and rural Uighur's eating habits and its influencing factors in Kashi Prefecture[J]. *China Health Care & Nutrition*, 2012(4): 49-51 (in Chinese)
- 李朝霞, 朱常忠, 杨云栋, 等. 喀什地区维吾尔族城乡居民饮食习惯及其影响因素的分析[J]. *中国保健营养(中旬刊)*, 2012(4): 49-51