· 论著 ·

基于可穿戴设备的老年人身体活动模式与肠道菌群的关联

高嘉琪[1,2],李文鹏[1],李晓怡[3],谭音希[1],李奕昕[1],段丽萍[2],吴 涛[3,4],陈大方[3,4],胡永华[3,4],王梦莹[1,3△]
(1. 北京大学公共卫生学院营养与食品卫生学系,北京 100191; 2. 北京大学第三医院消化科,北京 100191; 3. 北京大学公共卫生学院流行病与卫生统计学系,北京 100191; 4. 重大疾病流行病学教育部重点实验室,北京 100191)

[摘 要] **目的**:利用可穿戴设备的测量数据,识别老年人群的身体活动模式,并分析不同身体活动模式与肠道菌群的关联。**方法**:基于一项真实世界健康管理项目,于2018年1月至2025年6月在中国东部、中部、北部等地区共收集743名研究对象的数据进行分析。通过智能可穿戴设备收集粪便采样前180 d的身体活动数据,提取日均步数、步数变异系数及活跃天数比例等特征。采集粪便样本进行16S核糖体RNA(ribosomal RNA,rRNA)基因(V3~V4区)扩增子测序,获得属水平的相对丰度矩阵。协变量通过问卷与体格检查收集,包括人口学特征、生活习惯及慢性病史。采用判别降维树(discriminative dimensionality reduction via learning a tree, DDRTree)降维结合K均值聚类分析构建身体活动模式。采用Shannon指数衡量菌群α多样性,组间比较采用Kruskal-Wallis检验;采用基于Bray-Curtis距离的多因素置换多元方差分析检验β多样性;采用多元线性回归[结合错误发现率(false discover rate, FDR)校正]筛选差异菌属。基于原始$P<0.05$的差异菌属构建微生物风险评分(microbial risk score, MRS),定义为有益菌与有害菌标准化丰度之和的差值,构建菌群共现网络评估微生态拓扑结构。**结果**:743名研究对象中,60~74岁者381人(51.3%),≥75岁者362人(48.7%)。≥75岁组与60~74岁组相比,高血压患病率(45.9% *vs.* 36.7%,$P=0.045$)、心脏病患病率(34.0% *vs.* 25.2%,$P=0.032$)、收缩压水平(中位数130 mmHg *vs.* 120 mmHg,$P<0.001$)均较高,日均步数较少(中位数6 200步 *vs.* 7 000步,$P<0.001$)。基于身体活动特征聚类识别出三种身体活动模式:活跃型(143人,19.2%;特征为高步数、低变异、高依从性)、中等型(429人,57.7%)和不规律型(171人,23.0%;特征为低步数、高变异、低依从性)。活跃型模式组的高血压患病率(35.0%)、心脏病患病率(21.7%)和收缩压水平(平均值124.4 mmHg)均为三组中最低,不规律型模式组最高(分别为51.5%、40.4%和127.6 mmHg)。三组间菌群α多样性差异无统计学意义,调整协变量后,身体活动模式分组对β多样性的影响无统计学意义($R^2=0.003\ 7$,$P=0.115$)。活跃型模式组肠道内罗斯氏菌属(*Roseburia*)的相对丰度显著低于不规律型模式组($P<0.05$),丁酸单胞菌属(*Butyricimonas*)的相对丰度也显著低于中等型模式组($P<0.01$),但FDR校正后差异无统计学意义。MRS在三组间差异有统计学意义,活跃型模式组评分最高($P<0.001$)。菌群共现网络分析显示,活跃型模式组的网络密度及正相关边比例(84.5%)最高,不规律型模式组最低(60.3%)。**结论**:基于可穿戴数据识别的身体活动模式与老年人肠道菌群组成和生态网络特征存在关联,活跃且规律的身体活动模式显示较高的MRS和更稳定的菌群共现网络,提示身体活动规律性与肠道微生态特征存在关联,其因果方向需纵向研究以进一步验证。

[关键词] 老年人;可穿戴电子设备;身体活动模式;胃肠道微生物组;微生物风险评分
[中图分类号] R153.3 [文献标志码] A [文章编号] 1671-167X(2026)03-0551-09
doi:10.19723/j.issn.1671-167X.2026.03.015

Association between wearable-derived physical activity patterns and gut microbiota in older adults

GAO Jiaqi[1,2], LI Wenpeng[1], LI Xiaoyi[3], TAN Yinxi[1], LI Yixin[1], DUAN Liping[2], WU Tao[3,4], CHEN Dafang[3,4], HU Yonghua[3,4], WANG Mengying[1,3△]
(1. Department of Nutrition and Food Hygiene, Peking University School of Public Health, Beijing 100191, China; 2. Department of Gastroenterology, Peking University Third Hospital, Beijing 100191, China; 3. Department of Epidemiology and Biostatistics, Peking University School of Public Health, Beijing 100191, China; 4. Key Laboratory of Epidemiology of Major Diseases, Ministry of Education, Beijing 100191, China)

ABSTRACT **Objective**: To identify real-world physical activity patterns in older adults using objective

基金项目:国家重点研发计划(2024YFC3606700) Supported by the National Key Research and Development Program of China (2024YFC3606700)
△ Corresponding author's e-mail, mywang@bjmu.edu.cn
网络出版时间:2026-04-22 14:35:52 **网络出版地址**:http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4691.R.20260422.1339.002.html

measurements from wearable devices, and to analyze the associations between these patterns and gut microbiota composition. **Methods**: Based on data collected from a real-world health management project, a total of 743 participants from Eastern, Central, and Northern China were enrolled between January 2018 and June 2025. A 180-day objective physical activity dataset prior to fecal sampling was collected via smart wearable devices to extract features including mean daily steps, coefficient of variation of steps, and the proportion of active days. Fecal samples underwent 16S ribosomal RNA (rRNA) gene (V3 – V4 region) amplicon sequencing to obtain genus-level relative abundance matrices. Covariates, including demographics, lifestyle, and chronic disease history, were collected via questionnaires and physical examinations. The discriminative dimensionality reduction via learning a tree (DDRTree) algorithm combined with K-means clustering was applied to identify physical activity phenotypes. Alpha diversity was evaluated using the Shannon index (Kruskal-Wallis test), and beta diversity was assessed using covariate-adjusted permutational multivariate analysis of variance (PERMANOVA) based on Bray-Curtis distance. Multivariable linear regression with false discovery rate (FDR) correction was used to screen differential taxa. A microbial risk score (MRS) was constructed based on taxa with a raw $P<0.05$, defined as the difference between the standardized abundance of beneficial and harmful taxa. Co-occurrence networks were constructed to evaluate micro-ecological topological structures. **Results**: The cohort comprised 381 (51.3%) individuals aged 60 – 74 years and 362 (48.7%) aged ≥75 years. Compared with the 60 – 74 group, the ≥75 group had higher prevalences of hypertension (45.9% *vs.* 36.7%, $P=0.045$) and heart disease (34.0% *vs.* 25.2%, $P=0.032$), higher systolic blood pressure (median 130 mmHg *vs.* 120 mmHg, $P<0.001$), and fewer mean daily steps (median 6 200 steps *vs.* 7 000 steps, $P<0.001$). Clustering identified three activity patterns: active group ($n=143$, 19.2%; high steps, low variation, high adherence), moderate group ($n=429$, 57.7%), and irregular group ($n=171$, 23.0%; low steps, high variation, low adherence). The active group exhibited the lowest prevalences of hypertension (35.0%) and heart disease (21.7%), and the lowest systolic blood pressure (mean 124.4 mmHg), whereas the irregular group showed the highest values (51.5%, 40.4%, and 127.6 mmHg, respectively). Alpha diversity showed no significant differences among the groups. After adjusting for covariates, physical activity patterns showed no statistically significant effect on beta diversity ($R^2=0.003\,7$, $P=0.115$). Compared with the irregular group, two genera in the active group showed significant differences ($P<0.05$). Specifically, the relative abundance of *Roseburia* in the active group was significantly lower than that in the irregular group ($P<0.05$), and the relative abundance of *Butyricimonas* was also significantly lower than that in the moderate group ($P<0.01$). However, these differences did not remain statistically significant after FDR correction. The MRS exhibited a significant gradient distribution across the groups, with the active group scoring the highest ($P<0.001$). Co-occurrence network analysis revealed that the active group had the highest network density and proportion of positive correlations (84.5%), whereas the irregular group had the lowest (60.3%). **Conclusion**: Physical activity patterns identified from wearable device data are associated with gut microbiota composition and ecological network characteristics in older adults. Active and regular physical activity patterns indicate a higher MRS and more stable microbial co-occurrence networks, suggesting potential associations between activity regularity and gut microbial ecology, though causal inference requires longitudinal confirmation.

KEY WORDS Older adults; Wearable electronic devices; Physical activity patterns; Gastrointestinal microbiome; Microbial risk score

人口老龄化已成为全球及我国面临的重大公共卫生挑战。随着寿命延长,慢性非传染性疾病负担、功能衰退、跌倒及失能的风险显著增加[1-2],老年期的健康管理需要更可持续、更可量化的干预与评估手段[3]。身体活动作为可干预的生活方式因素,与心血管代谢健康、肌肉骨骼功能、心理健康以及全因死亡风险密切相关,已被多项医学指南推荐为老年健康管理的重要策略[3-4]。然而,传统问卷对身体活动的测量存在偏倚[5],且难以捕捉行为的长期规律性,限制了人群研究中真实身体活动特征的评估[6-7]。近年来,加速度计等可穿戴设备能够实现连续、客观的监测身体活动,具有更高的准确性[8-9],但目前大多数研究仍仅关注如总步数或中等强度及以上的身体活动时间等单一维度指标,而忽略了包括规律性、变异性和依从性在内的多维身体活动模式特征[10-11],这些模式特征可能对健康产生独立于总量的影响,如活动变异性与死亡率呈负相关,即长期运动比间歇高强度活动的死亡风险更低[12-13]。

此外,既往研究对不同身体活动模式如何影响宿主代谢健康的机制研究较为缺乏。肠道菌群是宿主与环境相互作用的重要组成,且老年人群的菌群组成受到身体活动水平的影响[14-15]。因此,在老年人群中解析身体活动与菌群结构的关系,对于理解衰老过程中的可干预通路、寻找生活方式干预靶点具有潜在意义[16]。现有关于身体活动和肠道菌群的关联研究多关注于运动员或年轻成年人,大多依赖自我报告或短期设备测量的活动数据[17-20]。本

研究拟进行基于可穿戴设备多维身体活动特征的聚类分析,识别不同身体活动模式,探索不同身体活动模式下人群肠道菌群特征的差异。

1　资料与方法

1.1　研究设计

本研究基于2018年1月至2025年6月一项真实世界健康管理项目在中国东部、中部、北部等地区持续收集的成年动态数据开展分析[21]。通过对老年人可穿戴设备记录的身体活动数据进行身体活动特征分析,进而比较不同身体活动特征人群之间的肠道菌群差异,探讨老年人身体活动模式与肠道菌群的关联。本研究遵循赫尔辛基宣言,并获得北京大学生物医学伦理委员会审查批准(IRB00001052-23179)。所有参与者均签署知情同意书。

1.2　研究对象

研究对象的纳入标准为:年龄60岁及以上,中文流利,拥有智能手机,拥有可用的疾病史信息,完成粪便样本采集及16S核糖体RNA(ribosomal RNA,rRNA)基因测序,在研究期间定期使用应用程序上传每日活动数据,且具有粪便采样前180 d内较完整的可穿戴设备数据。

排除标准:(1)严重认知障碍或精神疾病无法配合;(2)急性感染性疾病或近1个月内使用抗生素;(3)消化道手术史或炎症性肠病、肠易激综合征等严重胃肠疾病;(4)恶性肿瘤正在接受放化疗;(5)身体活动监测数据或菌群数据质量不合格。

1.3　数据收集与变量定义

参与者将可穿戴活动追踪器连接到智能手机,并将监测数据安全地上传到mHealth应用程序中,分析数据收集在一个匿名和聚合的数据集中,不包含姓名、电子邮件地址和手机号码等个人标识符,同时,患者在位于中国大陆南部和北部不同省份的医疗保健中心完成问卷随访、身体参数测量及粪便样本检测。

1.3.1　身体活动数据　受试者统一佩戴腕式可穿戴设备进行日常身体活动测量,所有参与者均被要求全天(24 h)尽可能多地佩戴。研究表明,10 h的佩戴时间足以估算清醒状态下的日常身体活动。为确保追踪的完整性,我们将佩戴至少16 h且报告至少250步的一天定义为有效日。采集指标包括:每日步数(连续变量,单位:步数)、跑步时长(连续变量,单位:min)、运动距离(连续变量,单位:m)、消耗热量(连续变量,单位:kcal,1 kcal = 4.186 8 kJ)。设备自动记录数据采集日期(年/月/日)。根据上述记录指标计算以下变量:(1)平均步数:所有有效日步数的算术均值;(2)平均跑步时长:所有有效日跑步分钟数的算术均值;(3)步数标准差:步数的日间变异程度;(4)步数变异系数:步数标准差与平均步数的比值,仅当平均步数>1时计算,否则赋值为0;(5)活跃天数比例:步数超过500步的天数占总记录天数的比例;(6)周末平均步数:周六和周日的步数均值;(7)工作日平均步数:周一至周五的步数均值;(8)周末/工作日步数比:周末平均步数与工作日平均步数的比值,若分母≤10则设为1。

1.3.2　肠道菌群数据　粪便样本采集后由冷链运输至检测中心,采用16S rRNA基因扩增子测序技术进行菌群检测。检测区域为16S rRNA基因V3~V4高变区,使用Illumina平台进行双端测序(2×250 bp)。原始测序数据以FASTQ格式存储,测序数据处理采用USEARCH v11软件完成,主要步骤包括:(1)数据准备:检查并修剪引物序列,与细菌序列注释数据库比对,保持序列方向一致;(2)质量控制:去除低质量、低丰度及嵌合体序列;(3)聚类与注释:采用UNOISE3算法以100%相似性阈值聚类生成零距离操作分类单元(zero-radius operational taxonomic unit, zOTU),每个zOTU选取代表性序列与核糖体数据库项目(Ribosomal Database Project, RDP)比对,获得分类学注释,注释层级包括界、门、纲、目、科、属。去除污染序列,后续分析保留同时具备身体活动分组信息和菌群数据的样本。

1.3.3　协变量　采用标准调查问卷收集以下协变量信息:(1)社会人口学特征:年龄(连续变量)、性别(男、女)、教育水平(小学及以下、初中、高中/中专/技校、大专及以上)、劳动强度(轻、中、重、极重、卧床休息);(2)生活习惯:每日吸烟数量(连续变量)、饮食习惯(肉类为主、蔬菜为主、均衡、其他)、饮茶习惯(是、否)、饮酒习惯(是、否);(3)慢性病情况:高血压病史(是、否)、糖尿病病史(是、否)、心脏病病史(是、否)、高脂血症病史(是、否)、空腹血糖(连续变量)。同时由标准培训人员现场测量体重指数(body mass index, BMI,连续变量)、收缩压(连续变量)和舒张压(连续变量)。

1.4　统计学分析

1.4.1　统计学描述　采用R 4.5.2统计软件,对研究对象的社会人口学特征、生活习惯、慢性病情况、身体测量数据进行描述性分析,连续性变量以均数±标准差和中位数(四分位数间距)表示,正态分布数据采用t检验进行组间差异比较,非正态分布数据采用秩和检验进行组间差异比较;分类变量以

频数(百分比)表示,采用卡方检验,若理论频数过小则使用 Fisher 确切概率法。对三组间基线特征进行两两比较,连续变量采用 Dunn 检验(Bonferroni 校正),分类变量采用 χ^2 事后成对比较(Bonferroni 校正)。

1.4.2 身体活动模式聚类 为识别不同的身体活动行为模式,对上述身体活动特征(平均步数、平均跑步时长、步数变异系数、活跃天数比例、周末/工作日步数比)进行无监督学习。首先剔除方差为零的特征,然后将数据标准化处理,采用判别降维树(discriminative dimensionality reduction via learning a tree, DDRTree)算法将数据降维至2维,得到每个样本的嵌入坐标,随后基于 K 均值聚类分析(K-means)对降维后的坐标进行聚类。

1.4.3 肠道菌群分析 (1)α 多样性:采用 Shannon 指数衡量菌群多样性,组间比较采用 Kruskal-Wallis 检验。(2)β 多样性:基于 Bray-Curtis 距离计算样本间菌群结构差异,通过主坐标分析进行可视化。在采用置换多元离散度分析(permutational analysis of multivariate dispersion, PERMDISP)检验各组内菌群离散度同质性的基础上,采用置换多元方差分析(permutational multivariate analysis of variance, PERMANOVA)检验身体活动模式分组对菌群结构的影响,并校正年龄、性别、受教育程度、民族、吸烟、饮食习惯、饮茶、益生菌使用、BMI、高血压及心脏病等混杂因素。(3)差异菌群分析:为保持与 β 多样性校正策略的一致性,对各菌属的相对丰度进行 $\ln(1+x)$ 转换后,构建多元线性回归模型以校正前述潜在混杂因素的干扰。提取原始 $P<0.05$ 的菌属作为特征差异菌,并使用 Benjamini-Hochberg 法进行多重检验校正[错误发现率(false discover rate, FDR) q 值]。(4)微生物风险评分(microbial risk score, MRS):基于有统计学意义(原始 $P<0.05$)的差异菌属,对每个菌属的相对丰度进行标准化,分别计算有益菌 Z-score 之和与有害菌 Z-score 之和,MRS 定义为有益菌总分减去有害菌总分。采用 Kruskal-Wallis 检验比较各组 MRS 的差异,并用 Wilcoxon 秩和检验进行两两比较。(5)菌群共现网络分析:分别对各组计算菌属间 Spearman 相关系数矩阵,并采用 FDR 校正多重检验。保留 $|r|>0.4$ 且校正后 $P<0.05$ 的强相关边,自相关设为0。构建无向加权网络,删除孤立节点后使用 Fruchterman-Reingold 布局进行可视化。

1.4.4 缺失值的处理 本研究对不同来源的数据采用了针对性的缺失值处理策略。对于可穿戴设备记录的身体活动数据,通过严格的质量控制标准(要求个体具有至少 180 d 有效佩戴记录,且每条记录数据之间的时间间隔不得小于 30 d),分析中使用的临床代表性身体活动特征(如平均步数等)均为基于有效佩戴日的聚合均值。对于纳入模型的基线协变量数据(如 BMI、收缩压、空腹血糖、教育程度等),整体缺失率均不足 10%。为最大化利用样本信息并避免直接剔除缺失样本可能引入的选择偏倚,本研究采用了单重插补法进行缺失值填补:对连续性变量(如年龄、BMI、收缩压、血糖、吸烟支数等)采用研究总人群的中位数进行插补;对分类变量(如教育水平、劳动强度、疾病史等)采用总人群的众数(最高频类别)进行插补,所有插补过程均在统计描述与多因素分析构建前独立完成。

2 结果

2.1 研究对象的一般特征

共纳入 743 名受试老年人,其中 60~74 岁低龄老人 381 人(51.3%),≥75 岁高龄老人 362 人(48.7%)。整体年龄中位数为 75 岁(范围 60~93 岁),女性占 68.4%。与低龄老人相比,高龄老人中的男性比例更高(38.1% *vs.* 25.5%,$P=0.001$),高血压(45.9% *vs.* 36.7%, $P=0.042$)、心脏病(34.0% *vs.* 25.2%,$P=0.036$)的患病率更高,收缩压更高(中位数 130 mmHg *vs.* 120 mmHg, $P<0.001$),日均步数更低(中位数 6 400 步 *vs.* 7 300 步,$P<0.001$)。两组在教育水平、劳动强度、吸烟、饮食习惯、茶/咖啡饮用、BMI、糖尿病及高脂血症患病率等方面差异均无统计学意义($P>0.05$),见表1。

对比一周内的身体活动规律,两个年龄组均表现出工作日步数略高于周末的活动模式。在季节更替方面,两组人群的身体活动量随季节呈现出高度一致的波动节律,即秋季是老年人群全年体力活动最为活跃的时期(日均步数达到峰值),而冬季两组人群的身体活动量均出现骤降。

2.2 身体活动模式聚类结果

基于 DDRTree 降维和 K-means 聚类,将 743 名老年人分为三种身体活动模式:活跃型(188 人,25.3%)、中等型(375 人,50.5%)、不规律型(180 人,24.2%)。三组在平均步数、步数变异系数(coefficient of variation, CV)和日均身体活动时间上的差异均有统计学意义(P 均 <0.001)。活跃型模式组的特征为高步数[(10 596.4±1 817.3)步/d]、低变异(0.36±0.07)、高日均身体活动时间[(24±25)

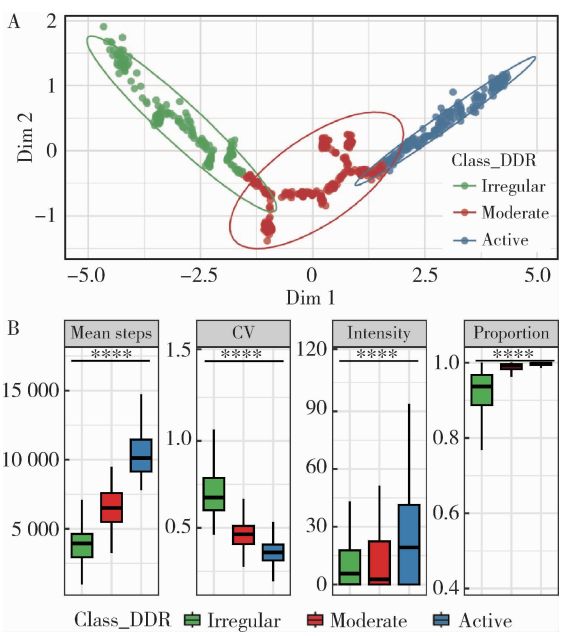
min];不规律型模式组的特征为低步数[(3 924.2 ± 1 317.6)步/d]、高变异(0.72 ± 0.17)、低日均身体活动时间[(10 ± 11) min];中等型模式组各项指标均居中(图1)。

表1　研究对象按年龄分组的基线特征

Table 1　Baseline characteristics of the study participants by age group

Characteristics	Age group		Total (n = 743)	P value
	60 – 74 years (n = 381)	≥75 years (n = 362)		
Age/years	69.7 ± 3.6	80.0 ± 3.5	74.7 ± 6.2	<0.001
Sex (female)	284 (74.5)	224 (61.9)	508 (68.4)	<0.001
Education level				0.201
Primary school or below	48 (12.6)	42 (11.6)	90 (12.1)	
Junior high school	116 (30.4)	79 (21.8)	195 (26.2)	
High school	207 (54.3)	231 (63.8)	438 (59.0)	
College or above	10 (2.6)	10 (2.8)	20 (2.7)	
Dietary habits				0.198
Meat-predominant	239 (62.7)	242 (66.9)	481 (64.7)	
Plant-predominant	74 (19.4)	82 (22.7)	156 (21.0)	
Balanced	66 (17.3)	37 (10.2)	103 (13.9)	
Others	2 (0.5)	1 (0.3)	3 (0.4)	
Smoking/(cigarettes/d)	0.5 ± 2.7	0.1 ± 0.9	0.3 ± 2.1	0.066
History of hypertension	140 (36.7)	166 (45.9)	306 (41.2)	0.042
History of diabetes	93 (24.4)	86 (23.8)	179 (24.1)	0.987
History of heart disease	96 (25.2)	123 (34.0)	219 (29.5)	0.032
History of hyperlipidemia	96 (25.2)	88 (24.3)	184 (24.8)	0.954
BMI/(kg/m^2)	23.9 ± 2.8	23.5 ± 2.7	23.7 ± 2.7	0.243
SBP/(mmHg)	124.5 ± 10.3	127.6 ± 9.5	126.0 ± 10.1	<0.001
DBP/(mmHg)	72.5 ± 6.9	70.4 ± 7.2	71.5 ± 7.1	<0.001
Fasting blood glucose/(mg/dL)	120 ± 14	120 ± 12	120 ± 13	0.101
Mean daily steps/(steps/d)	7 300 ± 2 900	6 400 ± 2 600	6 900 ± 2 800	<0.001
Coefficient of variation of steps	0.50 ± 0.17	0.50 ± 0.17	0.50 ± 0.17	0.998
Proportion of active days	0.97 ± 0.05	0.97 ± 0.06	0.97 ± 0.06	0.81

Continuous variables are presented as $\bar{x} \pm s$. Categorical variables are presented as n (%). P values were calculated using the Kruskal-Wallis test or Chi-square test. BMI, body mass index; SBP, systolic blood pressure; DBP, diastolic blood pressure.



A, DDRTree manifold projection; B, distribution of core objective features. ****P < 0.000 1. DDRTreed, discriminative dimensionality reduction via learning a tree; CV, coefficient of variation; Dim, dimension.

图1　DDRTree 身体活动模式分型和分型间身体活动特征比较

Figure 1　DDRTree classification of physical activity patterns and comparison of physical activity characteristics between patterns

活跃型模式组的平均年龄[(74.2 ± 5.9)岁]略低于不规律型模式组[(75.4 ± 6.6)岁,P = 0.041]。三组间性别分布差异有统计学意义(P = 0.04),活跃型模式组中,男性比例最高(40.0%);中等型模式组中,女性比例最高(72.3%)。高血压、心脏病患病率在三组间差异无统计学意义(P = 0.037、P < 0.001),活跃型模式组最低(32.8%、17.8%),不规律型模式组最高(47.3%、41.0%)。活跃型模式组的收缩压[(124.4 ± 10.6) mmHg]和舒张压[(70.9 ± 7.4) mmHg]均低于不规律型模式组[分别为(127.6 ± 10.1) mmHg 和(73.3 ± 6.2) mmHg,P 值分别为 0.045 和 0.002]。三组间在文化程度(P = 0.740)、饮食习惯(P = 0.200)、吸烟率(P = 0.265)和多种慢性病(糖尿病、慢性肾病、冠状动脉粥样硬化性心脏病、高脂血症)的患病率上差异均无统计学意义(表2)。

基于聚类结果,活跃型模式组的身体活动模式在本研究人群中可定义为:日均步数≥8 000 步、步数变异系数 <0.45、活跃天数比例≥0.98。该模式人群的高血压患病率(35.0%)和心脏病患病率(21.7%)均为三组中最低,提示在本研究人群中,

高步数、低变异、高依从性的身体活动模式与心血管　　代谢风险降低相关。

表 2 基于 DDRTree 身体活动分型的特征比较

Table 2 Comparison of baseline characteristics across physical activity patterns identified by DDRTree

Characteristics	Irregular (n = 188)	Moderate (n = 375)	Active (n = 180)	Total (n = 743)
Age/years	75.4 ± 6.6	74.7 ± 6.1	74.2 ± 5.9	74.7 ± 6.2
Sex (female)	129 (68.6)	271 (72.3)	108 (60.0)	508 (68.4)
Education level				
Primary school or below	20 (10.6)	48 (12.8)	22 (12.2)	90 (12.1)
Junior high school	40 (21.3)	108 (28.8)	47 (26.1)	195 (26.2)
High school	124 (66.0)	209 (55.7)	105 (58.3)	438 (59.0)
College or above	4 (2.1)	10 (2.7)	6 (3.3)	20 (2.7)
Dietary habits				
Meat-predominant	111 (59.0)	238 (63.5)	132 (73.3)	481 (64.7)
Plant-predominant	44 (23.4)	82 (21.9)	30 (16.7)	156 (21.0)
Balanced	33 (17.6)	52 (13.9)	18 (10.0)	103 (13.9)
Others	0 (0)	3 (0.8)	0 (0)	3 (0.4)
Smoking/(cigarettes/d)	0.6 ± 2.8	0.2 ± 1.4	0.3 ± 2.3	0.3 ± 2.1
History of hypertension	89 (47.3)	158 (42.1)	59 (32.8)	306 (41.2)
History of diabetes	49 (26.1)	80 (21.3)	50 (27.8)	179 (24.1)
History of heart disease	77 (41.0)	110 (29.3)	32 (17.8)	219 (29.5)
History of hyperlipidemia	138 (73.4)	273 (72.8)	148 (82.2)	559 (75.2)
BMI/(kg/m^2)	24.1 ± 3.0	23.5 ± 2.8	23.7 ± 2.3	23.7 ± 2.7
SBP/(mmHg)	127.6 ± 10.1	126.0 ± 9.7	124.4 ± 10.6	126.0 ± 10.1
DBP/(mmHg)	73.3 ± 6.2	70.9 ± 7.2	70.9 ± 7.4	71.5 ± 7.1
Fasting blood glucose/(mg/dL)	123.1 ± 22.3	118.6 ± 19.3	116.3 ± 18.4	118.9 ± 19.8
Mean daily steps/(steps/d)	3 924.2 ± 1 317.6	6 557.7 ± 1 300.3	10 569.4 ± 1 817.3	6 863.2 ± 2 766.6
Coefficient of variation of steps	0.72 ± 0.17	0.46 ± 0.08	0.36 ± 0.07	0.50 ± 0.17
Proportion of active days	0.91 ± 0.09	0.99 ± 0.02	0.99 ± 0.02	0.97 ± 0.06

Continuous variables are presented as $\bar{x} \pm s$. Categorical variables are presented as n (%). SBP, systolic blood pressure; DBP, diastolic blood pressure; BMI, body mass index; DDRTreed, discriminative dimensionality reduction via learning a tree.

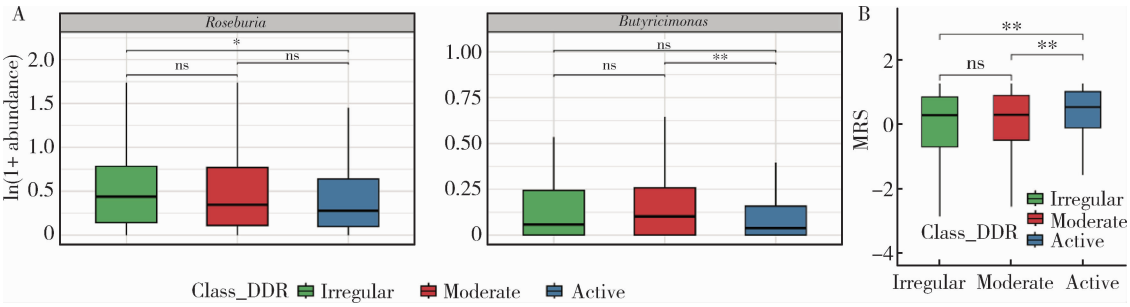
2.3 肠道菌群分析

2.3.1 α 多样性　三组间 Shannon 指数差异无统计学意义(Kruskal-Wallis 检验,P = 0.76)。

2.3.2 β 多样性　基于 Bray-Curtis 距离的主坐标分析显示,三种身体活动模式人群的肠道菌群样本在空间分布上存在较大重叠,群落中心未见明显分离(PERMDISP 检验 P = 0.115)。通过多因素 PERMANOVA 模型严格校正年龄、性别、BMI、饮食及基础疾病等 11 项协变量后,结果显示身体活动模式分组对 β 多样性的影响无统计学意义(R^2 = 0.003 7,P = 0.115)。

2.3.3 差异菌群分析　在多元线性回归模型中全面控制上述混杂因素后,挖掘出不同身体活动模式间的核心差异菌属,差异分析识别出在不同身体活动模式间存在显著差异的核心菌属。如图 2A 所示,活跃型模式组受试者肠道内罗斯氏菌属(*Roseburia*)的相对丰度显著低于不规律型模式组(P < 0.05),活跃型模式组肠道内丁酸单胞菌属(*Butyricimonas*)的相对丰度也显著低于中等型模式组(P < 0.01),但经 FDR 校正后,上述所有差异均无统计学意义(校正后 q > 0.05)。

2.3.4 MRS　DDRTree 分型结果显示,活跃型模式组的 MRS 与不规律型模式组(P < 0.05)和中等型模式组(P < 0.001)相比,差异均有统计学意义;中等型模式组与不规律型模式组之间的 MRS 评分差异无统计学意义(图 2B)。

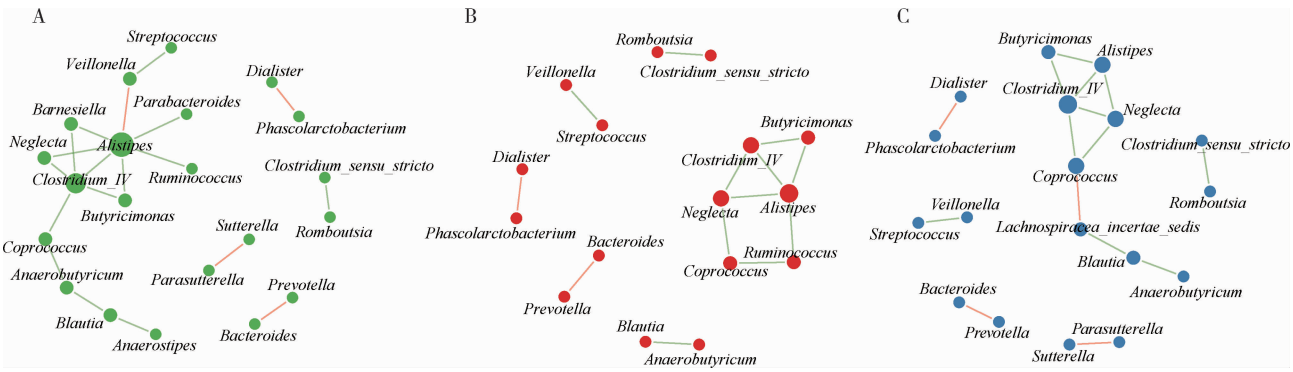


$*P<0.05$；$**P<0.01$. DDR, discriminative dimensionality reduction; MRS, microbial risk score; ns, no significance.

图 2　不同身体活动分型的关键差异菌属(A)及微生物风险评分(B)

Figure 2　Key differential bacterial genera (A) and microbial risk scores (B) across different physical activity patterns

2.3.5　菌群共现网络分析　三组的菌群网络拓扑结构存在差异(图 3),不规律型模式组的网络包含 36 个节点、58 条边,正相关边占 60.3%(35 条);中等型模式组包含 39 个节点、82 条边,正相关边占 78.0%(64 条);活跃型模式组包含 40 个节点、97 条边,正相关边占 84.5%(82 条)。网络密度和正相关比例呈现活跃型 > 中等型 > 不规律型的趋势,提示活跃型模式组的菌群间协同关系更强。



A, irregular group; B, moderate group; C, active group. DDRTreed, discriminative dimensionality reduction via learning a tree.

图 3　DDRTree 分型下的菌群共现网络

Figure 3　Microbial co-occurrence networks identified by DDRTree classification

3　讨论

本研究基于可穿戴设备的长期监测数据,采用 DDRTree 无监督学习方法识别出老年人中活跃型、中等型与不规律型三种身体活动模式,并发现不同模式人群与心血管代谢指标、肠道菌群 β 多样性、MRS 及菌群共现网络拓扑结构存在关联。

在身体活动模式的分型方面,传统流行病学研究对身体活动的评估多依赖问卷,其不仅存在回忆偏倚,且难以捕捉活动的长期动态变化[5,22]。近年来,可穿戴设备的普及使得连续、客观的行为监测成为可能,但多数仍沿用单一指标开展相关研究[23-24]。本研究纳入了步数总量、日间变异系数、活跃天数比例、周末效应等多个维度数据,利用 DDRTree 降维方法识别出解释性程度较高的三种模式,即活跃型(高步数、低变异、高依从)、中等型(中等步数、中等变异)、不规律型(低步数、高变异、低依从)[23,25]。

在身体活动与肠道菌群多样性的关联方面,本研究发现三组模式间 α 多样性的差异无统计学意义。一项在 33 名日本社区老年女性中开展的研究报道,未发现日常步数与 Shannon 指数存在显著相关[26]。2022 年发表的一项综述指出,运动对肠道菌群多样性的影响存在剂量-反应关系和阈值效应,仅当运动强度达到中高强度(>3 代谢当量)且持续时间较长时才能观察到显著变化[27]。本研究的老年人群以低强度步行为主,可能未达到影响菌群 α 多样性的身体活动强度阈值。此外,老年人肠道菌群具有较高的保守性,其对身体活动的可塑性可能低于年轻人群[28]。

在 β 多样性方面本研究观察到,身体活动模式对菌群的整体组成具有统计学意义但解释度较低的影响[29-30]。老年人群菌群的保守性特征可能削弱了身体活动对菌群组成的可检测效应,可能是效应

量偏小的主要原因之一。另外,饮食作为塑造肠道菌群的主要环境因素,其解释度通常高于身体活动[23,27],且本研究中不同身体活动模式组的饮食习惯差异无统计学意义,饮食的主导效应可能掩盖了身体活动的独立贡献。

差异菌属分析进一步揭示了身体活动模式与特定菌群的潜在关联。所有差异菌属经 FDR 多重检验校正后差异均无统计学意义,提示单一菌属层面的身体活动响应效应较弱。本研究结果显示,不规律型或中等型身体活动模式人群富集罗斯氏菌属和丁酸单胞菌属,二者均为产丁酸菌属,与既往研究报道的丁酸产生菌对宿主代谢具有有益影响的结果不符合,其原因可能是 16S rRNA 测序在属水平的分类可能掩盖了致病亚株的富集,或者部分产丁酸菌在高龄或特定慢性低度炎症状态的宿主体内,可能与不良健康表型的发生有关[31]。热图相关性分析显示,丁酸单胞菌属虽在活跃型模式组的丰度较低,但与总步数仍呈正相关,这反映了更复杂的行为节律对微生态的塑造作用。上述推断仍需结合宏基因组及代谢组学在未来的队列研究中加以验证。

正是由于单一稀有菌属的易变性与弱效应,本研究引入了 MRS 策略,结果显示,基于差异菌属构建的 MRS 在三组间的差异有统计学意义(活跃型 > 中等型 > 不规律型,P 均 <0.001)。MRS 可以有效克服单菌属分析中统计效能不足的短板,能更好地区分不同身体活动模式人群的微生态整体特征。然而需要指出的是,MRS 的构建基于未经 FDR 校正的差异菌属,存在一定的过拟合风险,其作为身体活动-菌群关联综合指标的稳健性需在独立人群中进行外部验证。

此外,结合菌群共现网络分析可知,活跃型模式组的网络密度和正相关边的比例最高,而不规律型模式组最低。高密度、高协作比例的网络结构通常被生态学认为代表着更强的群落抗逆性和代谢冗余度[32-33],因此,规律且活跃的身体活动模式对老年人肠道健康的保护机制,并非单纯依赖于某几种特定菌群的富集,而可能是通过优化微生态网络的拓扑结构,提升整体菌群的系统风险得分,从而为维持宿主代谢稳态提供更具韧性的内环境基础。

综上所述,本研究将可穿戴设备长周期数据与 DDRTree 无监督学习相结合,在老年人中识别出三种身体活动模式,并探讨了其与肠道菌群的关联。本研究结果提示,多维度身体活动模式分型可揭示传统单一指标难以捕捉的身体活动-菌群关联,活跃且规律的身体活动模式与更有利的肠道微生态特征相关。然而,身体活动模式是否通过调节肠道菌群进而影响代谢健康,尚需纵向队列或随机对照试验加以验证。此外,本研究未能完全控制的混杂因素(如膳食摄入、药物使用)可能影响结果,未来研究应纳入更完整的饮食、用药、睡眠等数据以更好地验证。

利益冲突 所有作者均声明不存在利益冲突。

作者贡献声明 王梦莹、高嘉琪、段丽萍、吴涛、陈大方、胡永华:提出研究思路;王梦莹、高嘉琪、谭音希、李奕昕:设计研究方案;高嘉琪、李文鹏、李晓怡:收集、分析、整理数据;高嘉琪:撰写论文;王梦莹、段丽萍、吴涛、陈大方、胡永华:总体把关和审定论文。所有作者均参与论文修改,并对最终文稿进行审读和确认。

参考文献

[1] GBD 2019 Stroke Collaborators. Global, regional, and national burden of diseases and injuries for adults 70 years and older: Systematic analysis for the Global Burden of Disease 2019 Study [J]. BMJ, 2022, 376: e068208.

[2] Chen H, Liu H, Long Y, et al. Global burden of falls 1990 - 2021: Aging effect, age-stratified risk factors, and projection to 2040 in older adults [J]. J Gerontol Ser A Biol Sci Med Sci, 2025, 80(12): glaf238.

[3] Izquierdo M, Duque G, Morley JE. Physical activity guidelines for older people: Knowledge gaps and future directions [J]. Lancet Healthy Longev, 2021, 2(6): e380 - e383.

[4] Izquierdo M, Merchant RA, Morley JE, et al. International exercise recommendations in older adults (ICFSR): Expert consensus guidelines [J]. J Nutr Health Aging, 2021, 25(7): 824 - 853.

[5] Prince SA, Adamo KB, Hamel M, et al. A comparison of direct versus self-report measures for assessing physical activity in adults: A systematic review [J]. Int J Behav Nutr Phys Act, 2008, 5(1): 56.

[6] Zhou W, Shang S, Cho Y. Associations of wearable activity tracker use with physical activity and health outcomes in patients with cancer: Findings from a population-based survey study [J]. J Med Internet Res, 2024, 26: e51291.

[7] Khurshid S, Weng LC, Nauffal V, et al. Wearable accelerometer-derived physical activity and incident disease [J]. NPJ Digit Med, 2022, 5(1): 131.

[8] Hay SI, Ong KL, Santomauro DF, et al. Burden of 375 diseases and injuries, risk-attributable burden of 88 risk factors, and healthy life expectancy in 204 countries and territories, including 660 subnational locations, 1990 - 2023: A systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2023 [J]. Lancet, 2025, 406(10513): 1873 - 1922.

[9] Jerome GJ, Boyer WR, Bustamante EE, et al. Increasing equity of physical activity promotion for optimal cardiovascular health in adults: A scientific statement from the American heart association [J]. Circulation, 2023, 147(25): 1951 - 1962.

[10] Al-Shaar L, Pernar CH, Chomistek AK, et al. Reproducibility, validity, and relative validity of self-report methods for assessing physical activity in epidemiologic studies: Findings from the women's lifestyle validation study [J]. Am J Epidemiol, 2022,

191(4): 696 – 710.
[11] Steene-Johannessen J, Anderssen SA, van der Ploeg HP, et al. Are self-report measures able to define individuals as physically active or inactive? [J]. Med Sci Phys Exerc, 2016, 48(2): 235 – 244.
[12] Ferrari P, Friedenreich C, Matthews CE. The role of measurement error in estimating levels of physical activity [J]. Am J Epidemiol, 2007, 166(7): 832 – 840.
[13] Vetter VM, Özince DD, Kiselev J, et al. Self-reported and accelerometer-based assessment of physical activity in older adults: Results from the Berlin Aging Study Ⅱ [J]. Sci Rep, 2023, 13(1): 10047.
[14] Si J, Vázquez-Castellanos JF, Gregory AC, et al. Long-term life history predicts current gut microbiome in a population-based cohort study [J]. Nat Aging, 2022, 2(10): 885 – 895.
[15] Walker RL, Vlamakis H, Lee JWJ, et al. Population study of the gut microbiome: Associations with diet, lifestyle, and cardiometabolic disease [J]. Genome Med, 2021, 13(1): 188.
[16] Ramos C, Gibson GR, Walton GE, et al. Systematic review of the effects of exercise and physical activity on the gut microbiome of older adults [J]. Nutrients, 2022, 14(3): 674.
[17] Matthews CE, Kozey Keadle S, Moore SC, et al. Measurement of active and sedentary behavior in context of large epidemiologic studies [J]. Med Sci Phys Exerc, 2018, 50(2): 266 – 276.
[18] Brady R, Brown WJ, Hillsdon M, et al. Patterns of accelerometer-measured physical activity and health outcomes in adults: A systematic review [J]. Med Sci Phys Exerc, 2022, 54(7): 1155 – 1166.
[19] Cai Y, Ma T, Sirard J, et al. Move more beneficially: Physical activity variability as a novel metric of physical activity pattern and an independent predictor of mortality and chronic disease incidence [J]. Scand J Med Sci Sports, 2025, 35(8): e70124.
[20] dos Santos M, Ferrari G, Lee DH, et al. Association of the "weekend warrior" and other leisure-time physical activity patterns with all-cause and cause-specific mortality: A nationwide cohort study [J]. JAMA Intern Med, 2022, 182(8): 840.
[21] Xiao H, Ding K, Li X, et al. A digital-health multidomain lifestyle management framework and its associations with cardiometabolic health: A real-world observational study [J]. BMC Med, 2026, 24(1): 285.
[22] Daniels K, Vonck S, Robijns J, et al. Characterising physical activity patterns in community-dwelling older adults using digital phenotyping: A 2-week observational study protocol [J]. BMJ Open, 2025, 15(5): e095769.
[23] Schrack JA, Cooper R, Koster A, et al. Assessing daily physical activity in older adults: Unraveling the complexity of monitors, measures, and methods [J]. J Gerontol Ser A Biol Sci Med Sci, 2016, 71(8): 1039 – 1048.
[24] Giurgiu M, Ketelhut S, Kubica C, et al. Assessment of 24-hour physical behaviour in adults via wearables: A systematic review of validation studies under laboratory conditions [J]. Int J Behav Nutr Phys Act, 2023, 20(1): 68.
[25] Strain T, Wijndaele K, Dempsey PC, et al. Wearable-device-measured physical activity and future health risk [J]. Nat Med, 2020, 26(9): 1385 – 1391.
[26] Morita E, Yokoyama H, Imai D, et al. Aerobic exercise training with brisk walking increases intestinal bacteroides in healthy elderly women [J]. Nutrients, 2019, 11(4): 868.
[27] Ding H, Ho K, Searls E, et al. Assessment of wearable device adherence for monitoring physical activity in older adults: Pilot cohort study [J]. JMIR Aging, 2024, 7: e60209.
[28] Claesson MJ, Jeffery IB, Conde S, et al. Gut microbiota composition correlates with diet and health in the elderly [J]. Nature, 2012, 488(7410): 178 – 184.
[29] Bressa C, Bailén-Andrino M, Pérez-Santiago J, et al. Differences in gut microbiota profile between women with active lifestyle and sedentary women [J]. PLoS One, 2017, 12(2): e0171352.
[30] Munukka E, Ahtiainen JP, Puigbó P, et al. Six-week endurance exercise alters gut metagenome that is not reflected in systemic metabolism in over-weight women [J]. Front Microbiol, 2018, 9: 2323.
[31] Palmnäs-Bédard MS, Costabile G, Vetrani C, et al. The human gut microbiota and glucose metabolism: A scoping review of key bacteria and the potential role of SCFAs [J]. Am J Clin Nutr, 2022, 116(4): 862 – 874.
[32] Nogal A, Valdes AM, Menni C. The role of short-chain fatty acids in the interplay between gut microbiota and diet in cardio-metabolic health [J]. Gut Microbes, 2021, 13(1): 1897212.
[33] Estaki M, Pither J, Baumeister P, et al. Cardiorespiratory fitness as a predictor of intestinal microbial diversity and distinct metagenomic functions [J]. Microbiome, 2016, 4(1): 42.

(2026-02-26 收稿)
(本文编辑:任英慧)