

中国中老年人群慢性病轨迹与代谢相关指标的关联研究

——基于CHARLS纵向研究

曾浩航, 曾庆*

重庆医科大学公共卫生学院, 重庆

收稿日期: 2025年11月18日; 录用日期: 2025年12月9日; 发布日期: 2025年12月22日

摘要

目的: 探究中老年人群共病核心慢病及其进展轨迹与代谢相关指标的关联。方法: 本研究基于中国健康与养老追踪调查(CHARLS) 2011年的基线数据及2013、2015、2018、2020年追踪调查数据, 共纳入8224名45岁及以上中老年人。采用Apriori算法筛选共病中的核心慢性慢病并挖掘共病关联规则, 并运用时间序列聚类分析识别共病核心慢病进展轨迹。最后, 通过多分类Logistic回归模型, 在调整年龄、性别、文化程度、婚姻状况、吸烟状况、饮酒频率、社交频率等因素后, 分析代谢相关指标与共病核心慢病及其进展轨迹的关联。结果: 通过Apriori算法筛选出6种共病核心慢病(包括关节炎或风湿病、高血压、消化系统疾病、血脂异常、心脏病、慢性肺部疾病), 并识别出以关节炎或风湿病和高血压为中心的两大共病集群。基于时间序列聚类分析, 将中老年人群中共病核心慢病进展轨迹划分为三类: “共病低负担组”(n = 3855, 基线核心慢病数: 0.59)、“共病中负担组”(n = 3046, 基线核心慢病数: 1.91)和“共病高负担组”(n = 1323, 基线核心慢病数: 3.48)。多分类Logistic回归结果显示, 与Q1组相比, TyG Q2组(OR = 1.212, 95% CI: 1.079~1.363)与BMI Q3组(OR = 1.136, 95% CI: 1.008~1.281)均与关节炎或风湿病风险升高存在相关。所有代谢指标的Q2、Q3分组均与高血压风险升高有关, 其中以BMI Q3组关联最强(OR = 5.210, 95% CI: 4.509~6.020)。以“共病低负担组”为对照, “共病中负担组”和“共病高负担组”的风险随代谢相关指标分位数上升而增加, 其中与BMI Q3 (共病中负担OR = 1.736, 95% CI: 1.530~1.969; 高负担OR = 4.251, 95% CI: 3.570~5.062)和cMetS Q3 (共病中负担OR = 1.892, 95% CI: 1.675~2.138; 高负担OR = 3.555, 95% CI: 3.005~4.207)的关联最为显著。结论: 中国中老年人慢性病共病以关节炎或风湿病和高血压为两大核心共病集群, 建议将体重管理作为中老年人慢病防控的核心策略。同时, 中老年人共病发展轨迹存在异质性, 应基于异质性的轨迹实施精准干预, 代谢相关指标可为精准化防控策略提供指标依据。

关键词

中老年人群, 共病轨迹, 代谢指标, CHARLS

*通讯作者。

Study on the Association between Chronic Disease Progression Trajectories and Metabolism-Related Indicators in Middle-Aged and Elderly Chinese Populations

—A Longitudinal Study Based on CHARLS

Haohang Zeng, Qing Zeng*

College of Public Health, Chongqing Medical University, Chongqing

Received: November 18, 2025; accepted: December 9, 2025; published: December 22, 2025

Abstract

Objective: To explore the association between core chronic comorbidities, their progression trajectories, and metabolism-related indicators in middle-aged and elderly populations. **Methods:** This study was based on the baseline data (2011) and follow-up survey data (2013, 2015, 2018, 2020) from the China Health and Retirement Longitudinal Study (CHARLS), with a total of 8224 middle-aged and elderly individuals aged 45 years and above enrolled. The Apriori algorithm was used to screen core chronic diseases among comorbidities and mine comorbidity association rules, while time series cluster analysis was applied to identify the progression trajectories of core chronic comorbidities. Finally, a multinomial Logistic regression model was used to analyze the association between metabolism-related indicators and core chronic comorbidities as well as their progression trajectories, after adjusting for factors such as age, gender, educational level, marital status, smoking status, drinking frequency, and social interaction frequency. **Results:** Six core chronic comorbidities were identified via the Apriori algorithm, including arthritis or rheumatism, hypertension, digestive system diseases, dyslipidemia, heart disease, and chronic lung disease. Two major comorbidity clusters centered on arthritis or rheumatism and hypertension were detected. Based on time series cluster analysis, the progression trajectories of core chronic comorbidities in middle-aged and elderly populations were classified into three categories: “low comorbidity burden group” ($n = 3855$; mean number of core chronic diseases at baseline: 0.59), “moderate comorbidity burden group” ($n = 3046$; mean number of core chronic diseases at baseline: 1.91), and “high comorbidity burden group” ($n = 1323$; mean number of core chronic diseases at baseline: 3.48). Multinomial Logistic regression results showed that compared with the Q1 group, the TyG Q2 group ($OR = 1.212$, 95% CI : 1.079~1.363) and BMI Q3 group ($OR = 1.136$, 95% CI : 1.008~1.281) were both associated with an increased risk of arthritis or rheumatism. The Q2 and Q3 groups of all metabolic indicators were related to an elevated risk of hypertension, among which the BMI Q3 group showed the strongest association ($OR = 5.210$, 95% CI : 4.509~6.020). Taking the “low comorbidity burden group” as the reference, the risks of the “moderate comorbidity burden group” and “high comorbidity burden group” increased with the elevation of percentiles of metabolism-related indicators. The most significant associations were observed with BMI Q3 (moderate burden: $OR = 1.736$, 95% CI : 1.530~1.969; high burden: $OR = 4.251$, 95% CI : 3.570~5.062) and cMetS Q3 (moderate burden: $OR = 1.892$, 95% CI : 1.675~2.138; high burden: $OR = 3.555$, 95% CI : 3.005~4.207). **Conclusion:** Obesity plays a central role in the occurrence and development of comorbidities, and weight management

is recommended as a core strategy for chronic disease prevention and control in middle-aged and elderly populations. Heterogeneity exists in the progression trajectories of comorbidities among middle-aged and elderly individuals, and precise interventions should be implemented based on these heterogeneous trajectories. Metabolism-related indicators can provide an index basis for re-fined prevention and control strategies.

Keywords

Middle-Aged and Elderly Populations, Comorbidity Trajectory, Metabolic Indicators, CHARLS

Copyright © 2025 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

随着中国人口老龄化程度不断加深,中老年人群慢性病共病(指同一个体同时患有两种及以上慢性病,简称“共病”)问题日益凸显。第七次全国人口普查数据显示,我国约 1.8 亿老年人患有至少一种慢性病[1][2],且共病现象愈发普遍[3]。不同慢病间相互影响,易形成复杂多元的共病组合[4]。与单一慢性病患者相比,中老年共病患者往往面临更高的残疾与死亡风险,也承受着更沉重的医疗与经济负担[5][6]。

机体的代谢紊乱是共病发生与发展的重要生理基础。多项研究表明,诸如空腹血糖、甘油三酯、血压和腰围等核心代谢指标异常,不仅是心血管疾病、糖尿病等单一慢性病的明确危险因素,还可通过胰岛素抵抗、促进机体炎症等机制,共同驱动多种慢性病的发生与发展,同时增加共病风险与严重程度[7]-[10]。而代谢相关指标,如身体质量指数(Body Mass Index, BMI)、腰围(Waist Circumference, WC)、连续代谢综合征评分(Continuous Metabolic Syndrome Score, cMetS) [11]和甘油三酯-葡萄糖指数(triglyceride-glucose index, TyG 指数)[12],能够单独或综合反应血糖、血脂、血压等代谢相关信息,进而反映机体代谢紊乱程度。

现有的中老年人共病研究多基于横断面数据,探讨中老年人静态的共病患病情况,针对共病动态变化轨迹的相关研究较少,尤其缺乏代谢相关指标(如 cMets、TyG 指数等)与共病轨迹的关联研究。因此,本研究旨在探究共病核心慢病及其进展轨迹与代谢相关指标的关联,为制定中老年人慢病精准预防与干预策略提供依据。

2. 方法

2.1. 数据来源与研究对象

本研究基于中国健康与养老追踪调查(China Health and Retirement Longitudinal Study, CHARLS) 2011 年基线调查及 2013、2015、2018、2020 年追踪调查数据。CHARLS 是由北京大学与武汉大学联合执行、国家自然科学基金委重大项目资助的大型跨学科纵向队列研究,旨在系统收集中国 45 岁及以上老年人的家庭与个人微观数据,为老龄化相关研究提供科学支撑。CHARLS 研究已获得北京大学医学伦理委员会的批准,参与者均签署了知情同意书。

纳入 2011 年 17,705 名基线调查参与者,在排除 2011 年基线调查时年龄小于 45 岁及关键变量缺失的参与者后,最终共纳入 8224 名研究参与者。其中关键变量缺失包括 2011 基线人口统计学信息缺失,以及 2013、2015、2018、2020 四个随访波次中慢病相关随访数据不足三次者。

2.2. 变量选取

以 CHARLS 数据库 2011 年数据作为基线数据, 纳入变量: 年龄、性别、文化程度、婚姻状况、吸烟状况、饮酒频率、社交频率。提取 2011 年基线问卷以及 2013、2015、2018、2020 年追踪问卷中研究对象自报的慢性病患者信息。主要包含 14 种慢性病患者信息: 高血压病、血脂异常、糖尿病或血糖升高、癌症等恶性肿瘤、慢性肺部疾患、肝脏疾病、心脏病、中风、肾脏疾病、胃部疾病或消化系统疾病、情感及精神方面问题、记忆相关疾病、关节炎或风湿病、哮喘。

2.3. 统计方法

基于 2011 年基线调查数据, 利用 Apriori 算法识别中老年人群共病中主要的核心慢病类型。Apriori 算法可通过对数据集的多次扫描, 计算项集的支持度, 挖掘出所有的频繁项集并生成关联规则, 从而量化疾病间的共存概率与关联强度, 可弥补传统流行病学研究无法捕捉慢病间关联的局限性。关联规则主要依据支持度、置信度与提升度三项指标进行评价[13]。支持度表示 A 与 B 在事务数据集中共同出现的概率; 置信度表示在包含 A 的情况下, 同时包含 B 的条件概率; 提升度可衡量 A 对 B 出现的影响程度, 即 A 出现的条件下 B 出现的概率与 B 出现的边缘概率之比。当提升度 = 1 时, A 与 B 相互独立; 提升度 > 1, 表示二者之间存在正向关联; 提升度 < 1, 二者存在负向关联。支持度和置信度反应规则发生的强度, 提升度反应在此规则下事件发生可能性提高的倍数[14] [15]。

基于 2011 年基线数据及 2013、2015、2018、2020 年随访数据, 利用时间序列聚类分析, 系统识别核心慢病发展轨迹。保留 2011 年基线数据完整且至少有 3 个数据点的参与者构成纵向队列。计算在各时点中 Apriori 算法筛选的核心慢病类型的数量, 采用前向填充结合后向填充的方法对缺失值进行处理, 以保障时序数据的连续性与趋势分析的可靠性。聚类分析采用分区聚类算法, 以欧式距离衡量轨迹间相似度, 以均值为聚类中心, 对不同聚类数($k=2\sim6$)进行遍历分析。并综合肘部法则与平均轮廓宽度两项指标以确定最优聚类数。

利用多分类 Logistic 回归分析, 探讨各代谢指标对共病核心慢病及其发展轨迹的影响。分别以共病核心慢病和轨迹分类为因变量, 以代谢相关指标为核心自变量, 并调整年龄、性别、文化程度、婚姻状况、吸烟状况、饮酒频率、社交频率等因素, 构建多分类 Logistic 回归模型。通过优势比(Odds Ratio, OR)及其 95%置信区间(Confidence Interval, CI)评估关联强度。

本研究使用 R 4.4.3 软件作为统计工具进行分析。研究中多数连续变量呈偏态分布, 连续变量以中位数(四分位数)描述, 分类变量以频数(百分比)表示。基于共病轨迹分组, 组间比较采用 Kruskal-Wallis H 检验(连续变量)和卡方检验(分类变量)分析各变量在不同轨迹组间的差异。

3. 结果

3.1. 慢病患者情况及核心慢病种类

本研究共纳入 8224 名研究参与者, 其中 5661 人在基线调查中至少患有一种慢病, 患病率为 68.84%, 共病患者为 3168 人, 共病率为 38.52%。见表 1, 图 1。

Table 1. Chronic disease prevalence and comorbidity
表 1. 慢性病患者及共病情况

疾病名称	总患病人数 n (%)	共病患者数 n (%)	共患病种数 n (%)		
			1 种	2 种	≥3 种
关节炎或风湿病	2927 (35.6)	2035 (24.7)	892 (10.8)	954 (11.6)	1081 (13.1)

续表

高血压病	2013 (24.5)	1513 (18.4)	500 (6.1)	602 (7.3)	911 (11.1)
消化系统疾病	1954 (23.8)	1449 (17.6)	505 (6.1)	634 (7.7)	815 (9.9)
慢性肺部疾患	808 (9.8)	670 (8.1)	138 (1.7)	207 (2.5)	463 (5.6)
心脏病	943 (11.5)	848 (10.3)	95 (1.2)	223 (2.7)	625 (7.6)
血脂异常	766 (9.3)	668 (8.1)	98 (1.2)	170 (2.1)	498 (6.1)
肾脏疾病	534 (6.5)	462 (5.6)	72 (0.9)	151 (1.8)	311 (3.8)
糖尿病或血糖升高	468 (5.7)	403 (4.9)	65 (0.8)	98 (1.2)	305 (3.7)
肝脏疾病	326 (4.0)	281 (3.4)	45 (0.5)	82 (1.0)	199 (2.4)
哮喘	287 (3.5)	261 (3.2)	26 (0.3)	67 (0.8)	194 (2.4)
中风	162 (2.0)	148 (1.8)	14 (0.2)	36 (0.4)	112 (1.4)
情感及精神疾病	106 (1.3)	85 (1.0)	21 (0.3)	22 (0.3)	63 (0.8)
记忆相关疾病	89 (1.1)	83 (1.0)	6 (0.1)	23 (0.3)	60 (0.7)
癌症等恶性肿瘤	75 (0.9)	59 (0.7)	16 (0.2)	17 (0.2)	42 (0.5)

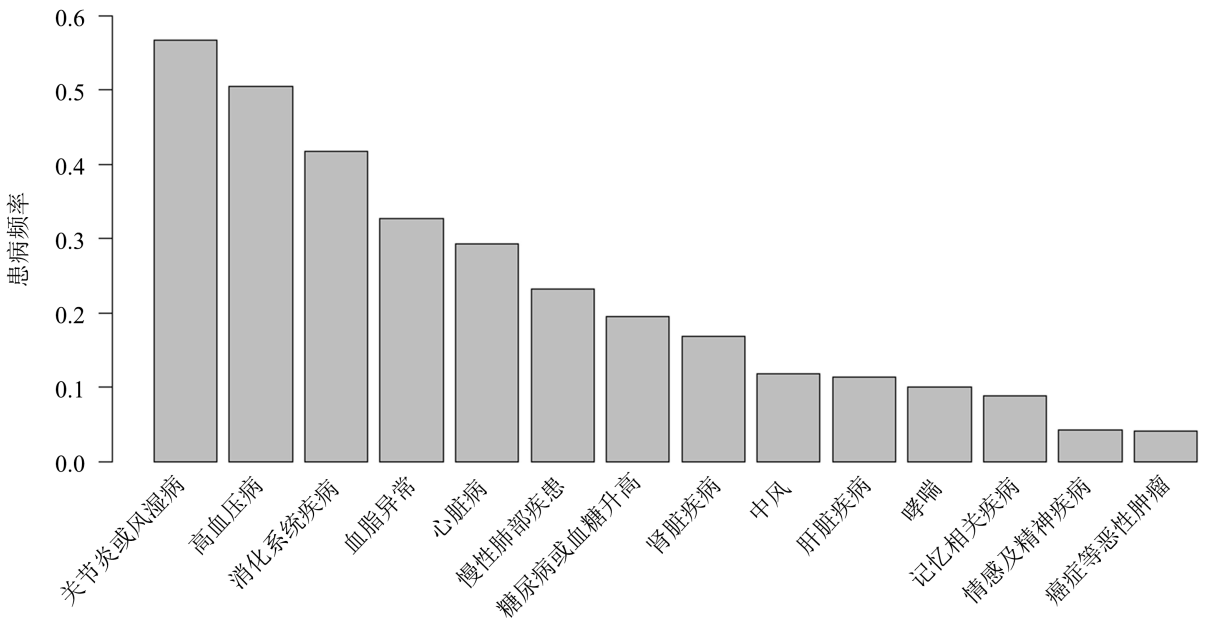


Figure 1. 2011 baseline prevalence of chronic diseases
图 1. 2011 年基线慢性病患者率

采用 Apriori 算法分阶段挖掘核心慢病：以最小支持度 0.2 识别高频单病种，再以最小支持度 0.01、最小置信度 0.5 挖掘 2~3 项强关联规则，通过设置最小提升度 1.2 确保关联的非随机性，最终筛选出既具有高患病率又在共病网络中发挥关键作用的疾病作为核心慢病，见表 1，表 2。共识别出 6 种核心慢病，分别为关节炎或风湿病、高血压、消化系统疾病、血脂异常、心脏病、慢性肺部疾病。在 2~3 项强关联规则分析中共识别出 295 条符合条件(支持度 ≥ 0.01 、置信度 ≥ 0.5 、提升度 > 1.2)的关联规则，见表 2。在前 15 的共病关联规则中，存在两个主要的共病集群，关节炎或风湿病集群和高血压病集群。其中，关

节炎或风湿病与消化系统疾病双向关联最强(支持度 0.2867)，消化系统疾病患者罹患关节炎或风湿病的概率为 68.63%，关节炎或风湿病患者并发消化系统疾病的概率为 50.60%，提示关节炎或风湿病与消化系统疾病共存是中老年人群中最为普遍的共病模式。此外，三元共病组合高血压和消化系统疾病患者合并关节炎或风湿病的概率为 72.37%，提升度为 1.28，提示关节炎或风湿病易与高血压和消化系统疾病等共存。

Table 2. Top 15 comorbidity association rules by support (including dyads and triads)
表 2. 支持度前 15 的共病关联规则(包括二元和三元共病组合)

前项	后项	支持度	置信度	覆盖率	提升度	计数
消化系统疾病	关节炎或风湿病	0.2867	0.6863	0.4178	1.2111	2358
关节炎或风湿病	消化系统疾病	0.2867	0.5060	0.5666	1.2111	2358
血脂异常	高血压病	0.2282	0.6983	0.3268	1.3848	1877
心脏病	高血压病	0.1981	0.6754	0.2933	1.3393	1629
慢性肺部疾患	关节炎或风湿病	0.1618	0.6987	0.2316	1.2330	1331
心脏病	消化系统疾病	0.1590	0.5423	0.2933	1.2980	1308
高血压病，消化系统疾病	关节炎或风湿病	0.1522	0.7237	0.2104	1.2772	1252
高血压病，关节炎或风湿病	消化系统疾病	0.1522	0.5055	0.3012	1.2098	1252
心脏病	血脂异常	0.1479	0.5041	0.2933	1.5424	1216
血脂异常，关节炎或风湿病	高血压病	0.1435	0.7139	0.2010	1.4157	1180
糖尿病或血糖升高	高血压病	0.1401	0.7178	0.1952	1.4234	1152
心脏病，关节炎或风湿病	高血压病	0.1280	0.6816	0.1879	1.3516	1053
慢性肺部疾患	消化系统疾病	0.1251	0.5402	0.2316	1.2929	1029
糖尿病或血糖升高	血脂异常	0.1212	0.6212	0.1952	1.9005	997
心脏病，消化系统疾病	关节炎或风湿病	0.1196	0.7523	0.1590	1.3277	984

注：覆盖率指人群中患有前项疾病组合的比例。

3.2. 核心慢病轨迹

利用时间序列聚类识别中老年人群共病核心慢病的动态轨迹。通过肘部法则和平均轮廓宽度判断最优聚类数，结果见图 2。轮廓系数在聚类数 $k=2$ 时最高(0.45)，但相比于简单的二分类，三分类可识别更多异质性轨迹，揭示更细致的共病发展类型，且 $k=3$ 时聚类质量仍可接受(0.37)。因此，本研究最终选择 $k=3$ 作为最优聚类数。

结果显示，中老年人群共病核心慢性病发展呈现出不同的异质性模式，见图 3。共识别出三条发展轨迹 class 1 ($n=3855$)、class 2 ($n=3046$)和 class 3 ($n=1323$)，代谢相关指标(BMI、WC、cMets、TyG 指数)、年龄、性别、饮酒频率、吸烟频率、有无疼痛、婚姻状况及教育程度在三组间的分布差异均有统计学意义($P<0.05$)，仅社交频率无显著差异($P=0.680$)，见图 3、表 3。其中，class 1 组平均核心慢性病数量在 2011 年基线调查时处于较低水平(0.46)，在整个随访期内始终维持在较低水平，呈现平稳趋势，命名为“共病低负担”组；class 2 组核心慢性病数量在 2011 年基线调查时处于中等水平(1.31)，在整个随访期内始终维持在 1~3 之间，呈现上升趋势，命名为“共病中负担”组；class 3 组核心慢性病数量在 2011 年基线调查时处于较高水平(2.75)，在整个随访期内核心慢性病数量始终 >2 种，且呈现上升趋势，命名为“共病高负担”组。

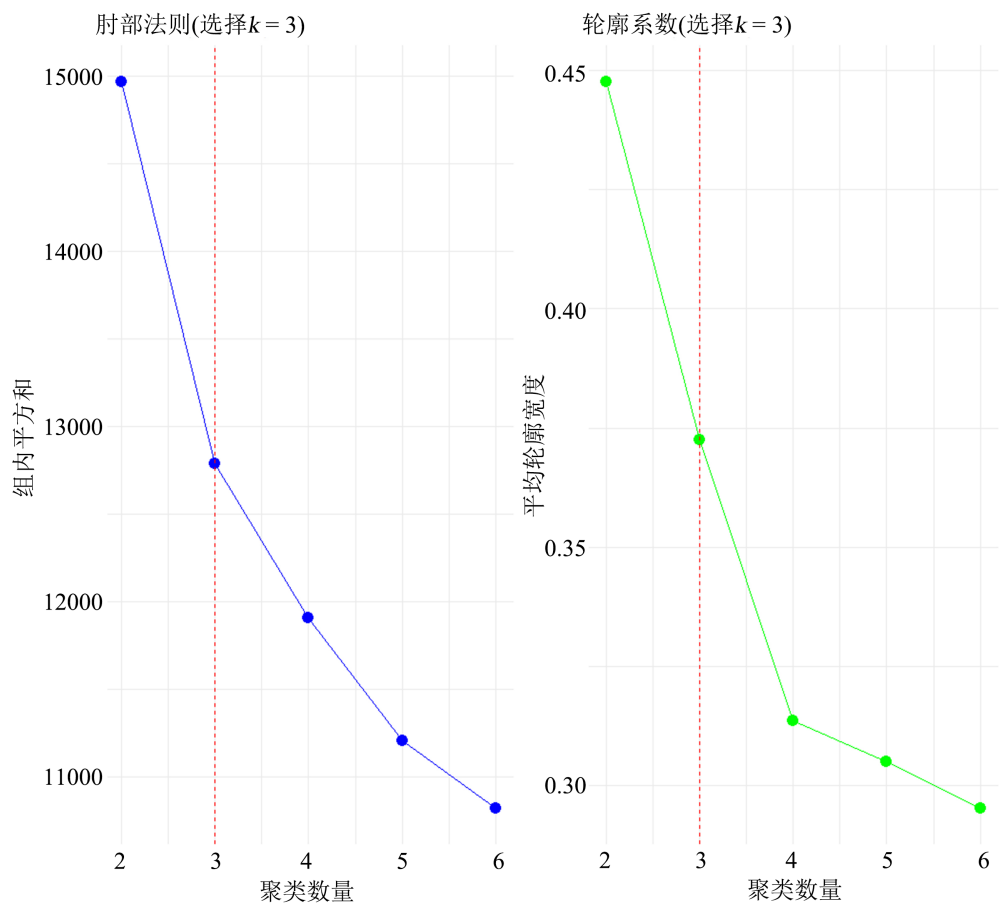


Figure 2. Elbow rule and contour coefficient method
图 2. 肘部法则与轮廓系数法

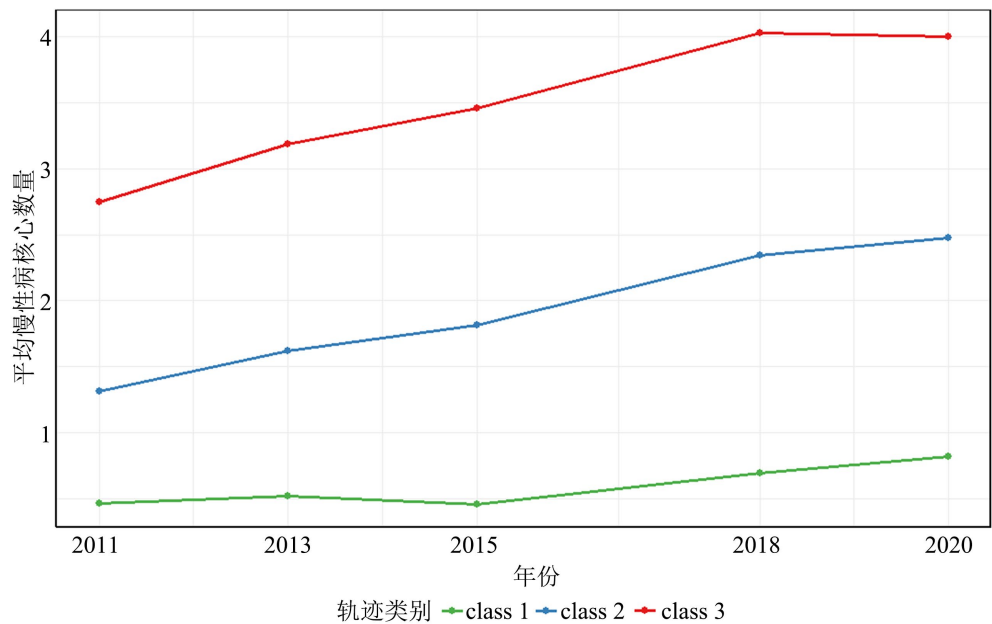


Figure 3. Core comorbidity development trajectory (2011~2020)
图 3. 核心共病发展轨迹(2011~2020 年)

Table 3. Basic characteristics of different trajectory groups
表 3. 不同轨迹组基本特征

变量	总数 (n = 8224)	Class n (%)			P
		Class 1 (n = 3855)	Class 2 (n = 3046)	Class 3 (n = 1323)	
代谢相关指标					
cMets	0.19 (−0.35, 0.79)	0.05 (−0.42, 0.60)	0.26 (−0.31, 0.84)	0.54 (−0.09, 1.16)	<0.001
BMI	23.20 (20.91, 25.88)	22.63 (20.63, 25.00)	23.41 (20.97, 26.00)	24.91 (22.05, 27.70)	<0.001
WC	84.60 (77.90, 92.00)	83.00 (77.00, 90.00)	85.40 (78.00, 92.20)	89.20 (81.25, 97.00)	<0.001
TyG	8.60 (8.23, 9.06)	8.52 (8.16, 8.95)	8.65 (8.27, 9.10)	8.78 (8.38, 9.25)	<0.001
年龄	58.0 (52.0, 65.0)	57.0 (50.0, 63.0)	59.0 (53.0, 66.0)	60.0 (55.0, 66.0)	<0.001
性别					
男	3794 (46.1)	1953 (50.7)	1330 (43.7)	511 (38.6)	<0.001
女	4430 (53.9)	1902 (49.3)	1716 (56.3)	812 (61.4)	
饮酒频率					
不饮酒	5527 (67.2)	2418 (62.7)	2118 (69.5)	991 (74.9)	<0.001
每月 < 1 次	640 (7.8)	337 (8.7)	214 (7.0)	89 (6.7)	
每月 > 1 次	2057 (25.0)	1100 (28.5)	714 (23.4)	243 (18.4)	
吸烟频率					
不吸烟	5043 (61.3)	2255 (58.5)	1932 (63.4)	856 (64.7)	<0.001
吸烟	3181 (38.7)	1600 (41.5)	1114 (36.6)	467 (35.3)	
有无疼痛					
无	5362 (65.2)	2994 (77.7)	1818 (59.7)	550 (41.6)	<0.001
有	2862 (34.8)	861 (22.3)	1228 (40.3)	773 (58.4)	
社交频率					
无	4136 (50.3)	1966 (51.0)	1523 (50.0)	647 (48.9)	0.680
每天	1800 (21.9)	818 (21.2)	677 (22.2)	305 (23.1)	
每周	942 (11.5)	439 (11.4)	341 (11.2)	162 (12.2)	
不经常	1346 (16.4)	632 (16.4)	505 (16.6)	209 (15.8)	
婚姻状况					
已婚同居	7306 (88.8)	3458 (89.7)	2702 (88.7)	1146 (86.6)	0.009
其他	918 (11.2)	397 (10.3)	344 (11.3)	177 (13.4)	
教育程度					
文盲	2296 (27.9)	1040 (27.0)	884 (29.0)	371 (28.1)	<0.001
小学及以下	3430 (41.7)	1532 (39.7)	1295 (42.5)	603 (45.6)	
初中及以上	2498 (30.4)	1283 (33.3)	867 (28.5)	348 (26.3)	

3.3. 代谢指标与共病轨迹相关性

采用多分类 Logistic 回归分析, 探讨各代谢指标对两大核心慢病(关节炎或风湿病、高血压)发病及共病发展轨迹的影响。代谢指标包括新型的代谢相关指标(cMets、TyG 指数)和常见的代谢相关指标(BMI 和 WC), 所有代谢指标均按三分位数划分为 Q1、Q2、Q3 组。所有模型均调整了年龄、性别、饮酒频率、吸烟频率、有无疼痛、婚姻状况及教育程度等混杂因素。

在关节炎或风湿病中, 仅发现 TyG 指数 Q2 组($OR = 1.212, 95\% CI: 1.079 \sim 1.363, P < 0.001$)与 BMI Q3 组($OR = 1.136, 95\% CI: 1.008 \sim 1.281, P < 0.001$)的发病风险显著高于参照组, 而 cMets 与 WC 各分组未观察到显著关联; 在高血压中, 各代谢指标 Q2 和 Q3 组发病风险相比于各自参考组均显著增加, 其中以 BMI Q3 组关联强度最高($OR = 5.210, 95\% CI: 4.509 \sim 6.020, P < 0.001$), 其次为 Mets Q3 组($OR = 4.710, 95\% CI: 4.096 \sim 5.417, P < 0.001$); 共病中负担和高负担中, 相较于参考组, 发生风险整体呈现随代谢指标水平升高而升高的趋势, 其中以 BMI Q3 组关联强度最高(共病中负担 $OR = 1.736, 95\% CI: 1.530 \sim 1.969$; 共病高负担 $OR = 4.251, 95\% CI: 3.570 \sim 5.062$), 其次为 Mets Q3 组(共病中负担 $OR = 1.892, 95\% CI: 1.675 \sim 2.138$; 共病高负担 $OR = 3.555, 95\% CI: 3.005 \sim 4.207$), 见表 4。

Table 4. Logistic analysis results of metabolic-related indicators and development trajectories of core chronic diseases and comorbidities

表 4. 代谢相关指标与核心慢病及共病发展轨迹 Logistic 分析结果

变量	关节炎或风湿病		高血压		以共病低负担组为对照			
					共病中负担		共病高负担	
	OR (95% CI)	P 值	OR (95% CI)	P 值	OR (95% CI)	P 值	OR (95% CI)	P 值
Mets								
Q1	Reference	-	Reference	-	Reference	-	Reference	-
Q2	0.935 (0.832~1.050)	>0.05	1.857 (1.602~2.153)	<0.001	1.190 (1.056~1.340)	<0.005	1.406 (1.179~1.676)	<0.001
Q3	0.959 (0.853~1.078)	>0.05	4.710 (4.096~5.417)	<0.001	1.892 (1.675~2.138)	<0.001	3.555 (3.005~4.207)	<0.001
TyG								
Q1	Reference	~	Reference	~	Reference	~	Reference	-
Q2	1.212 (1.079~1.363)	<0.001	1.457 (1.273~1.668)	<0.001	1.346 (1.195~1.510)	<0.001	1.610 (1.358~1.909)	<0.001
Q3	1.104 (0.981~1.243)	>0.05	2.374 (2.083~2.705)	<0.001	1.641 (1.454~1.853)	<0.001	2.562 (2.168~3.027)	<0.001
BMI								
Q1	Reference	~	Reference	~	Reference	~	Reference	-
Q2	1.002 (0.890~1.128)	>0.05	2.031 (1.751~2.355)	<0.001	1.228 (1.090~1.384)	<0.001	1.531 (1.277~1.835)	<0.001
Q3	1.136 (1.008~1.281)	<0.001	5.210 (4.509~6.020)	<0.001	1.736 (1.530~1.969)	<0.001	4.251 (3.570~5.062)	<0.001
WC								
Q1	Reference	~	Reference	~	Reference	~	Reference	-
Q2	0.955 (0.849~1.073)	>0.05	1.817 (1.572~2.101)	<0.001	1.219 (1.083~1.371)	<0.005	1.433 (1.200~1.712)	<0.001
Q3	1.028 (0.915~1.156)	>0.05	4.153 (3.620~4.764)	<0.001	1.684 (1.490~1.903)	<0.001	3.599 (3.043~4.258)	<0.001

4. 讨论

通过 Apriori 算法, 本研究共识别出六种核心慢病类型: 关节炎或风湿病、高血压、消化系统疾病、血脂异常、心脏病、慢性肺部疾病, 为中老年慢病防控明确了重点慢病类型。本研究发现, 中老年共病可分为两大集群, 关节炎或风湿病共病集群和高血压共病集群, 这与崔春子[15]、潘晔[16]等人的研究结论一致。关节炎或风湿病与消化系统疾病存在双向关联, 是中老年人群中最普遍的共病模式, 而高血压、血脂异常和心脏病三种疾病易同时存在, 与徐小兵[17], Yao [18]等人的研究一致, 提示慢病防控时应将三者联合防控, 即对患其中一种慢性疾病的个体, 应加强针对其余两种慢性疾病的筛查与风险管理。此外, 慢性病管理应从单一疾病防控转向基于共病模式的综合干预, 同时需重点关注关节炎相关共病和高血压共病两大重点共病集群。

本研究确定了三种不同的核心慢病进展轨迹, 根据其特点, 分别命名为“共病低负担”组、“共病中负担”组和“共病高负担”组。其中, “共病高负担”组核心慢性病数量在 2011 年基线调查时处于较高水平(2.75), 在整个随访期内核心慢性病数量始终 >2 种, 这代表该组人群长期处于多重共病状态。而这种多重共病状态往往伴随机体的多重健康损伤, 随着个体所患共病数量的上升, 会逐渐出现失能、残疾、精神压力等健康损伤[19], 死亡率升高 1.61~8.16 倍[20]。因此, 中老年人群中处于“共病高负担”的人群应作为共病管理的优先目标, 应尽早开展早期筛查和针对性干预, 以改善共病进展状态。本研究结果表明, 中国中老年人群的核心共病发展轨迹存在异质性, 基于异质性轨迹制定共病干预措施具有重要意义。

本研究还分析了代谢指标与两大核心慢病(关节炎或风湿病、高血压)及共病轨迹的关联。在关节炎或风湿病中, TyG 指数和 BMI 与关节炎或风湿病风险升高存在关联, 提示胰岛素抵抗和肥胖可能是其发生发展的影响因素之一。本研究纳入的代谢指标(cMets、TyG 指数、BMI 和 WC)均与高血压存在关联, 高血压发病风险随代谢指标四分位数分组的增加而上升, 可能提示高血压的发生与发展受到多种代谢组分影响。此外, 随着代谢指标分位数的升高, 转化为“共病中负担组”与“共病高负担”组的风险均显著增加, 呈现明显的梯度效应。此外, 在两种核心慢病及共病发展轨迹中, BMI 均表现出最强的关联强度与最显著的梯度变化。这提示肥胖可能在多重慢病发生发展中的中心地位, 为以体重管理为核心的慢病防控策略提供了依据。

代谢相关指标可为实现老年人慢病管理精准化需求提供指标依据。可将 Mets、TyG、BMI、WC 纳入老年人代谢监测核心指标, 针对指标高分组人群开展定期血压监测与共病筛查, 通过控制体重、改善腹型肥胖、调节血糖血脂等方式, 降低高血压及共病发生风险。而在关节炎或风湿病预防工作中, 应重点关注 TyG 中分组与 BMI 高分组老年人, 并通过控制体重、降低血脂等针对性措施降低关节炎症发病风险。对于共病中、高负担组, 应重点关注 BMI 与 cMets 高水平人群, 采取针对性干预措施, 控制代谢紊乱, 延缓共病进展, 且随着指标分位数升高, 干预强度也需相应增加。

本研究也存在不足之处。首先, 作为观察性研究, 反向因果的可能性无法完全排除。其次, 尽管已对多种已知混杂因素进行了校正, 但仍有一些关键变量(如饮食结构、长期体力活动水平等)未纳入模型, 这些未纳入的混杂因素可能对结果造成干扰。此外, 研究中所用到的慢病相关数据依赖患者自我报告, 可能存在测量偏倚。最后, 研究样本可能未能完全代表源人群中相对年轻和男性比例较高的群体(见附表 1), 存在的选择偏倚限制了研究结果在不同亚组中的适用性。未来需通过前瞻性的干预研究, 纳入更全面的混杂因素, 进一步验证代谢相关指标与共病发展的因果关联。

5. 结论

中国中老年人慢性病共病以关节炎或风湿病和高血压为两大核心共病集群, 建议将体重管理作为中老年人慢病防控的核心策略。同时, 中老年人共病发展轨迹存在异质性, 应基于异质性的轨迹实施精准

干预, 代谢相关指标可为精准化防控策略提供指标依据。

参考文献

- [1] 第七次全国人口普查公报(第五号) [EB/OL].
https://www.stats.gov.cn/sj/tjgb/rkpcgb/qgrkpcgb/202302/t20230206_1902005.html, 2025-10-20.
- [2] 王凯璐, 刘欢, 邵明, 等. 老年慢性病住院患者成功老龄化现状及其影响因素[J]. 济宁医学院学报, 2025, 48(1): 27-31.
- [3] 安畅, 窦祖林, 卫小梅, 等. 社区老年慢性病患者吞咽障碍的流行病学及相关性研究[J]. 中国康复医学杂志, 2025, 40(3): 416-422.
- [4] Zhao, Y., Atun, R., Oldenburg, B., McPake, B., Tang, S., Mercer, S.W., *et al.* (2020) Physical Multimorbidity, Health Service Use, and Catastrophic Health Expenditure by Socioeconomic Groups in China: An Analysis of Population-Based Panel Data. *The Lancet Global Health*, **8**, e840-e849. [https://doi.org/10.1016/s2214-109x\(20\)30127-3](https://doi.org/10.1016/s2214-109x(20)30127-3)
- [5] 李艳萍, 王媛, 纪之琳, 等. 中国≥45岁中老年人多重慢性病模式与日常和工具性日常生活活动能力残疾的关联性[J]. 中华疾病控制杂志, 2024, 28(1): 26-31.
- [6] 张浩, 赵歌, 刘安琪, 等. 我国中老年人慢性病共病模式及性别差异分析[J]. 郑州大学学报(医学版), 2025, 60(2): 186-189.
- [7] Li, W., Song, F., Wang, X., Wang, L., Wang, D., Yin, X., *et al.* (2018) Prevalence of Metabolic Syndrome among Middle-Aged and Elderly Adults in China: Current Status and Temporal Trends. *Annals of Medicine*, **50**, 345-353. <https://doi.org/10.1080/07853890.2018.1464202>
- [8] Lai, Y.J., Yen, Y.F., Chen, L.J., *et al.* (2023) Modification of the All-Cause and Cardiovascular Disease Related Mortality Risk with Changes in the Metabolic Syndrome Status: A Population-Based Prospective Cohort Study in Taiwan Region. *Diabetes & Metabolism*, **49**, 101415. <https://doi.org/10.1016/j.diabet.2022.101415>
- [9] Chuluun-Erdene, A., Sengeragchaa, O., Altangerel, T., Sanjmyatav, P., Dagdan, B., Battulga, S., *et al.* (2020) Association of Candidate Gene Polymorphism with Metabolic Syndrome among Mongolian Subjects: A Case-Control Study. *Medical Sciences*, **8**, Article 38. <https://doi.org/10.3390/medsci8030038>
- [10] Xia, B., He, Q., Pan, Y., Gao, F., Liu, A., Tang, Y., *et al.* (2020) Metabolic Syndrome and Risk of Pancreatic Cancer: A Population-Based Prospective Cohort Study. *International Journal of Cancer*, **147**, 3384-3393. <https://doi.org/10.1002/ijc.33172>
- [11] Yang, S., Yu, B., Yu, W., Dai, S., Feng, C., Shao, Y., *et al.* (2023) Development and Validation of an Age-Sex-Ethnicity-Specific Metabolic Syndrome Score in the Chinese Adults. *Nature Communications*, **14**, Article No. 6988. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-42423-y>
- [12] Simental-Mendía, L.E., Rodríguez-Morán, M. and Guerrero-Romero, F. (2008) The Product of Fasting Glucose and Triglycerides as Surrogate for Identifying Insulin Resistance in Apparently Healthy Subjects. *Metabolic Syndrome and Related Disorders*, **6**, 299-304. <https://doi.org/10.1089/met.2008.0034>
- [13] Guo, X., Zhao, B., Chen, T., Hao, B., Yang, T. and Xu, H. (2021) Multimorbidity in the Elderly in China Based on the China Health and Retirement Longitudinal Study. *PLOS ONE*, **16**, e0255908. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0255908>
- [14] 穆晓敏. 老年慢性病共病模式挖掘与防控策略研究[D]: [博士学位论文]. 长春: 吉林大学, 2021.
- [15] 崔春子, 杨士保. 我国中老年人群慢性病共病模式及影响因素探究——基于系统聚类 and Apriori 算法[J]. 中国卫生统计, 2023, 40(2): 172-177.
- [16] 潘晔, 刘志辉, 胡倩倩, 等. 中国老年人慢性病多病共存模式的研究[J]. 中国全科医学, 2023, 26(29): 3608-3615.
- [17] 徐小兵, 李迪, 孙扬, 等. 基于关联规则的中国老年人慢性病共病分析[J]. 中国慢性病预防与控制, 2021, 29(11): 808-812.
- [18] Yao, S.S., Cao, G.Y., Han, L., *et al.* (2020) Prevalence and Patterns of Multimorbidity in a Nationally Representative Sample of Older Chinese: Results from the China Health and Retirement Longitudinal Study. *The Journals of Gerontology: Series A*, **75**, 1974-1980. <https://doi.org/10.1093/gerona/glz185>
- [19] 原温佩, 薛雅卿, 蔡圆, 等. 老年人多重慢病患病现状及生活自理能力调查[J]. 现代预防医学, 2021, 48(14): 2590-2593.
- [20] Gu, J., Chao, J., Chen, W., Xu, H., Wu, Z., Chen, H., *et al.* (2017) Multimorbidity in the Community-Dwelling Elderly in Urban China. *Archives of Gerontology and Geriatrics*, **68**, 62-67. <https://doi.org/10.1016/j.archger.2016.09.001>

附 录

Table A1. Comparison of baseline characteristics between included and excluded study participants
附表 1. 纳入与排除研究对象基线特征比较

变量	用于比较的基线人群 (n = 15,272)	研究人群 (n = 8224)	未纳入研究人群 (n = 7048)	P 值
年龄(岁)	57.00 (51.00, 64.00)	58.00 (52.00, 65.00)	56.00 (49.00, 64.00)	<0.001
性别(%)				<0.005
男性	47.3	46.1	48.7	
女性	52.7	53.9	51.3	

注：“研究人群”指纳入最终分析模型的参与者；“未纳入研究人群”指因关键变量缺失而被排除的参与者；“用于比较的基线人群”指从 2011 年 17,705 名基线参与者中，排除年龄小于 45 岁者后，且自身年龄、性别数据完整的参与者，此人群用于本次偏倚评估的比较。