

ИЗМЕНЕНИЕ СОСТАВА КИШЕЧНОГО МИКРОБИОМА У ЛЮДЕЙ С ОЖИРЕНИЕМ ПОСЛЕ ПРИЁМА ПРОБИОТИКОВ

И.Ю. Буракова, Ю.Д. Смирнова, М.В. Грязнова, М.Ю. Сыромятников, В.Н. Попов

ФГБОУ ВО «Воронежский государственный университет инженерных технологий», Воронеж, Россия

Численность людей с диагностированным ожирением увеличивается по всему миру [1]. В свою очередь микробиом кишечника – это важная составляющая здоровья человека и может оказывать непосредственное влияние на состояние здоровья хозяина, включая риск развития ожирения [2]. Поскольку препараты для похудения часто имеют специфические токсические побочные эффекты, необходимо искать более умеренные и эффективные заменители. Некоторые исследования показывают, что микробиота кишечника напрямую связана с ожирением, и прием пробиотиков может оказать положительное влияние на потерю веса [3].

Целью исследования было изучение изменения кишечного микробиома у людей с ожирением после приема пробиотиков.

Материалы и методы

На первой стадии исследования у каждого из 8 пациентов был взят образец кала, затем каждый пациент употреблял с пищей добавки, состоящей из молочнокислых бактерий, в течение двух недель (*Lactobacillus delbrueckii subsp. bulgaricus*; *Lactiplantibacillus plantarum*; *Lactobacillus acidophilus*; and *Limosilactobacillus fermentum*). В конце 2-недельного приема у каждого пациента снова собирали образец кала для последующих молекулярно-генетических исследований. Из образцов была выделена ДНК и проведено секвенирование NGS гена 16S рРНК на платформе Ion Torrent PGM. Результаты секвенирования были проанализированы с помощью языка программирования R, статистический анализ проводился с помощью GraphPad Prism 9, используя критерий Манна-Уитни. Средняя численность таксонов представлена как среднее $\pm$ SEM.

Результаты и их обсуждение

По результатам исследования, на уровне филума было обнаружено снижение Bacteroidota и увеличение Actinobacteriota. Прием пробиотиков привёл к обогащению микробиома потенциально полезными родами бактерий: *Bifidobacterium*, *Blautia*, *E.halli. group*, *Anaerostipes*, *Lactococcus*, *Lachnospiraceae* ND3007, *Streptococcus*, *Escherichia-Shigella* и *Lachnoclostridium*. Мы также обнаружили снижение родов *Faecalibacterium*, *Pseudobutyrvibrio*, *Subdoligranulum*, *Faecalibacterium*, *Clostridium sensu stricto* 1 и 2, *Catenibacterium*, *Megasphaera*, *Phascolarctobacterium*, *Oscillospiraceae* группы NK4A214, что может быть связано с развитием различных метаболических нарушений, а также воспалительных заболеваний кишечника. В то же время уменьшилась численность и некоторых полезных родов, таких как *Subdoligranulum*, *Holdemanella*, *Alistipes*, *Parabacteroides*, *Christensenellaceae* R-7, *Monoglobus* и *Solobacterium*. Сокращение родов *Prevotella*, *Oscillospiraceae* UCG-002 и UCG-005, *Ruminococcaceae* CAG-352 нельзя интерпретировать однозначно.

Таким образом, на основании полученных данных нельзя однозначно сделать вывод о благотворном влиянии смеси изучаемых молочнокислых бактерий на кишечник людей с ожирением. На фоне приёма наблюдались положительные изменения микробиома, но наряду с этим происходили изменения микробиоты кишечника, которые нельзя было интерпретировать как положительные.

Литература

1. Blüher M. Obesity: Global Epidemiology and Pathogenesis. Nat. Rev. Endocrinol. 2019; 15:288–298. doi: 10.1038/s41574-019-0176-8.
2. Versalovic J. The Human Microbiome and Probiotics: Implications for Pediatrics. Ann. Nutr. Metab. 2013; 63((Suppl. 2)):42–52. doi: 10.1159/000354899.
3. Shen Y. – L., Zhang L. – Q., Yang Y., Yin B. – C., Ye B. – C., Zhou Y. Advances in the Role and Mechanism of Lactic Acid Bacteria in Treating Obesity. Food Bioeng. 2022; 1:101–115. doi: 10.1002/fbe2.12002.