

ОСОБЕННОСТИ МИКРОБИОМА КИШЕЧНИКА ЛЮДЕЙ СТАРШЕ 60 ЛЕТ В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ИНДЕКСА МАССЫ ТЕЛА

¹ Государственное научное учреждение «Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси», г. Минск, Республика Беларусь

² Институт повышения квалификации и переподготовки кадров здравоохранения учреждения образования «Белорусский государственный медицинский университет»,
г. Минск, Республика Беларусь

Актуальность. В поддержании нормального состояния регуляции жирового обмена важное значение имеет состав микрофлоры кишечника человека. Измененная микрофлора кишечника нарушает обменные процессы в организме, что приводит к увеличению массы тела и развитию ожирения. Люди с избыточным весом и ожирением имеют более высокий риск развития мультифакторных заболеваний (сахарный диабет 2 типа, дислипидемия, неалкогольная жировая болезнь печени, злокачественные новообразования), которые ассоциированы с развитием дисбаланса в составе микробиоты желудочно-кишечного тракта, что в свою очередь, влияет на снижение качества и продолжительность жизни.

Цель. Изучить метатаксономический состав микробиома желудочно-кишечного тракта у людей старше 60 лет с избыточной и нормальной массой тела.

Материалы и методы исследования. В обследование включено 86 человек в возрасте 60 лет и старше. В зависимости от индекса массы тела сформированы две группы исследования: основная группа (n=69) – люди пожилого возраста с избыточной массой тела (ИМТ $\geq$ 25); группа сравнения (n=17) – люди пожилого возраста с нормальной массой тела (ИМТ<25).

Выделение микробной ДНК из образцов стула выполняли с использованием комплекта реагентов для очистки РНК/ДНК «АртРНК экстракт» согласно протоколу производителя. Секвенирование V3-V4 регионов бактериального 16S-рибосомального гена проводили на приборе MiSeq Illumina (США) с помощью набора MiSeq Reagent Kit v3 (600 циклов) согласно рекомендациям производителя. Статистический анализ выполнен с использованием языка программирования R. Значимыми считались результаты при $p < 0,05$.

Результаты. Обнаружены достоверные значимые различия в альфа- и бета-разнообразии микробных сообществ в образцах исследуемых групп ($p=0,017$ и $p=0,01$ соответственно). Выделены пять основных доминирующих семейств бактерий в образцах основной группы и группы сравнения: *Lachnospiraceae*, *Oscillospiraceae*, *Ruminococcaceae*, *Bacteroidaceae* и *Prevotellaceae*. При сравнении микробиоты кишечника людей с избыточной и нормальной массой тела было выявлено, что уровень содержания бактерий семейств *Tannerellaceae* и *Rikenellaceae* достоверно ниже в группе людей, имеющих избыточный вес ($p=0,04$ и $p=0,02$ соответственно). Однако стоит отметить, что в группе людей с избыточной массой тела наблюдается повышенное содержание бактерий семейства *Akkermansiaceae*, а также наблюдается тенденция к уменьшению количества бактерий семейства *Enterobacteriaceae*.

НОВОСТИ МЕДИКО-БИОЛОГИЧЕСКИХ НАУК. NEWS OF BIOMEDICAL SCIENCES
2024. Т. 24, № 3.

ТРУДЫ МЕЖДУНАРОДНОЙ НАУЧНОЙ КОНФЕРЕНЦИИ
« ФУНДАМЕНТАЛЬНЫЕ И ПРИКЛАДНЫЕ НАУКИ – МЕДИЦИНЕ »

Выявлена обратная корреляционная зависимость между ИМТ и содержанием бактерий семейства *Lactobacillaceae* в кишечнике людей пожилого возраста, коэффициент корреляции $r=-0,74$ ($p<0,001$).

Заключение. Таким образом, в нашем исследовании установлена обратная корреляционная связь между ИМТ и содержанием микроорганизмов семейства *Lactobacillaceae* в кишечнике лиц пожилого возраста ($r=-0,74$, $p<0,001$), что указывает на то, что увеличение веса вплоть до ожирения оказывает негативное влияние на уровень содержания нормальной молочнокислой микрофлоры кишечника.