PORÓWNANIE SKŁADU MIKROBIOMU JELITA GRUBEGO PACJENTÓW Z OTYŁOŚCIĄ OLBRZYMIĄ ORAZ OSÓB SZCZUPŁYCH STANOWIĄCYCH GRUPĘ KONTROLNĄ Z WYKORZYSTANIEM ANALIZY METAGENOMICZNEJ

Marta Potrykus[1a], Daria Burandt[2], Agata Janczy[3], Marta Stankiewicz[3], Michał Szymański[1b], Krzysztof Waleron[4], Małgorzata Waleron[5], Jan Gawor[6], Łukasz Kaska[1b], Tomasz Śledziński[2]

[1a] Klinika Chirurgii Ogólnej, Endokrynologicznej i Transplantacyjnej, Wydział Nauk o Zdrowiu, Gdański Uniwersytet Medyczny
[1b] Klinika Chirurgii Ogólnej, Endokrynologicznej i Transplantacyjnej, Wydział Lekarski, Gdański Uniwersytet Medyczny
[2] Katedra i Zakład Biochemii Farmaceutycznej, Wydział Farmaceutyczny, Gdański Uniwersytet Medyczny
[3] Katedra Żywienia Klinicznego, Wydział Nauk o Zdrowiu, Gdański Uniwersytet Medyczny
[4]Katedra i Zakład Mikrobiologii Farmaceutycznej, Wydział Farmaceutyczny, Gdański Uniwersytet Medyczny,
[5]Zakład Ochrony i Biotechnologii Roślin Instytut Biotechnologii Uniwersytetu Gdańskiego, Międzyuczelniany Wydział Biotechnologii UG i GUMed
[6]Instytut Biochemii i Biofizyki PAN

Próbki kału od pięciu otyłych pacjentów i jedną próbkę kontrolną składającą się z materiału zebranego od trzech zdrowych, nieotyłych osobników poddano wstępnej analizie matagenomicznej zmiennego regionu V3-V4 w obrębie genu 16SrDNA. U pacjentów otyłych zaobserwowano zmniejszoną liczbę operacyjnych jednostek taksonomicznych oraz niższą bioróżnorodność na wszystkich analizowanych poziomach taksonomicznych (gromada, rodzina, rodzaj). U otyłych pacjentów zaobserwowano zaburzone proporcje między dominującymi grupami bakterii *Firmicutes* i *Bacterioidetes* w stosunku do próby kontrolnej. Ponadto dominowały tlenowe, Gram(+) bakterie z grupy *Fimircutes*, które mogą zwiększać pobór kalorii z pożywienia dla gospodarza. Grupa beztlenowych bakterii Gram(-) była zredukowana w porównaniu z osobami nieotyłymi. Natomiast zmniejszony udział bakterii beztlenowych z grupy *Bacteriodetes*, które mogą fermentować różne składniki odżywcze, może skutkować kumulacją związków organicznych w jelicie, np. kwasów tłuszczowych, które w nadmiernym stężeniu często ograniczają rozwój innych grup bakterii jelitowych. Efektem zaburzeń poziomów metabolitów bakterii jelitowych może być eliminacja niektórych grup taksonomicznych i zmniejszenie liczby OTU. W grupie badanych nie stwierdzono obecności niezbędnej dla zdrowia rodziny bakterii *Akkermansiaceae*, która reguluje ilość mucyny, odpowiada za szczelność nabłonka jelita cienkiego i wpływa na układ odpornościowy[1]. Zwiększenie przepuszczalności jelitowej prowadzi do rozwoju odpowiedzi zapalnej. Jest to zgodne z obserwacją, że wszyscy otyli uczestnicy badania mieli podwyższony poziom białka C-reaktywnego w surowicy.

PIŚMIENNICTWO:

[1] Hand, T. W., Vujkovic-Cvijin, I., Ridaura, V. K., & Belkaid, Y. “Linking the Microbiota, Chronic Disease, and the Immune System” w: Trends in Endocrinology & Metabolism, 2016, 27(12), 831–843

kontakt: m.potrykus1@wp.pl