

Таксономический состав и предсказанные метаболические функции в кишечных микробиоценозах у подростков с ожирением и нормальной массой тела

Клименко Елизавета Станиславовна

НЦ ПЗСРЧ; Иркутск, Россия

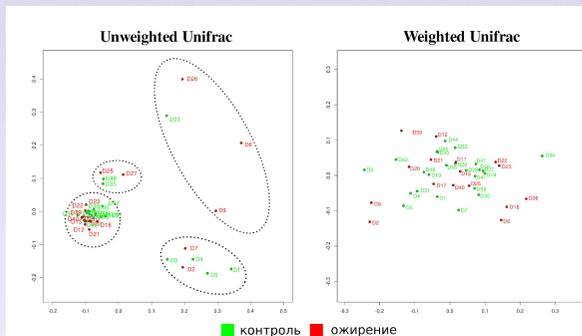


Актуальность: За формирование и развитие ожирения отвечает множество факторов, включая генетические, средовые, социально-экономические и поведенческие. Одним из таких факторов также может быть состояние микробиоценоза кишечника и его метаболический потенциал.

Цель исследования: описание таксономического состава кишечной микробиоты и ее потенциального метаболического профиля у подростков с ожирением и нормальной массой тела.

Материалы и методы

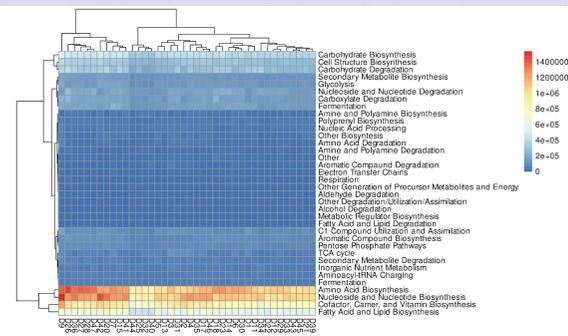
Исследуемую выборку составили 40 подростков в возрасте 11–17 лет с ожирением (n=18) и нормальной массой тела (n=22), направленные для обследования в Клинику ФГБНУ «НЦ ПЗСРЧ» (г. Иркутск). Образцы фекалий, полученные от пациентов, обрабатывали согласно стандартным операционным процедурам проекта «Международные стандарты микробиома человека» (International Human Microbiome Standards, IHMS), а затем секвенировали ампликоны V3–V4 варибельных районов гена 16S rPHK. Первые данные зарегистрированы в NCBI SRA как BioProject PRJNA604466.



Анализ основных координат (PcoA) на основании матрицы расстояний невзвешенного (а) и взвешенного (б) UniFrac: группирование образцов микробиома подростков в соответствии с кишечным статусом.

По результатам невзвешенного UniFrac все подростки сформировали четыре метаболические группы, независимо от веса тела. Первую группу составили 26 человек, минимально отличающиеся по составу минорных компонентов. Две другие группы включали кишечные микробиомы, имевшие небольшие отличия от первой группы. Четвертую группу сформировали подростки, чьи микробиомы показали отличия как от основной выборки, так и между собой.

В кишечной микробиоте доминировали представители филумов Bacteroidetes (46,35±1,88%), Firmicutes (43,17±2,14%), Proteobacteria (7,45±0,83%) и Actinobacteria (1,9±0,57%).



Тепловая карта обилия предсказанных метаболических путей кишечной микробиоты подростков.

В кишечных микробиомах пути биосинтеза преобладали над путями деструкции. Наибольшее количество генов предсказано для пентозофосфатного пути, биосинтеза гондоиновой кислоты, деградации крахмала и ферментации пирувата до изобутанола.

Заключение

На основании анализа минорных компонентов кишечного микробиома подростки с нормой веса преимущественно вошли в основную метаболическую группу. Для подростков с ожирением было характерно наличие филогенетически отличных таксонов, эти пациенты вошли единично во все четыре группы. Присутствие подростков с разной степенью метаболической активности в основной группе показало, что даже при различиях в таксономическом составе, кишечная микробиота компенсирует отсутствие тех или иных микробов, реализуя необходимые метаболические функции за счет других видов.