

*Скворцов В.В.,
доктор медицинских наук,
профессор кафедры внутренних болезней
ФГБОУ ВО ВолгГМУ МЗ РФ
Россия, г. Волгоград*

*Скворцов Ю.В.,
Студент
1 курс, факультет биотехнологий
ФГАОУ ВО НИУ ИТМО
Россия, г. Санкт-Петербург*

СОВРЕМЕННЫЕ ПОНЯТИЯ О КИШЕЧНОМ МИКРОБИОМЕ

***Аннотация:** В последние десятилетия учёные всего мира обратили пристальное внимание на такую тему, как микробиом человека. Возникает всё больше вопросов касательно того, насколько сильное влияние на организм оказывают микроорганизмы, живущие в каждом из нас. Такой интерес к данной проблеме появился неспроста. В 2016 году группой исследователей было выяснено, что по предварительным подсчётам соотношение количества микроорганизмов к общему числу клеток человека составляет примерно 1: 1. Таким образом, микробы оказывают значительное влияние на физиологические процессы, и коррекция нормального состава микробиома является в ряде случаев жизненно-важным мероприятием.*

***Ключевые слова:** кишечный микробиом, дисбиоз кишечника, пробиотики, коррекция*

***Abstract:** In recent decades, scientists around the world have paid close attention to such a topic as the human microbiome. There are more and more questions about how much influence the microorganisms living in each of us have*

on the body. Such interest in this problem appeared for a reason. In 2016, a group of researchers found out that according to preliminary calculations, the ratio of the number of microorganisms to the total number of human cells is approximately 1:1. Thus, microbes have a significant impact on physiological processes, and correction of the normal composition of the microbiome is in some cases a vital event.

Keywords: *intestinal microbiome, intestinal dysbiosis, probiotics, correction*

Кишечник обладает наибольшим разнообразием микроорганизмов по сравнению с другими органами и зонами человека. Основными представителями микробиома можно выделить следующие: фирмикуты, бактероиды, актинобактерии и протеобактерии (более 95 % идентифицированных таксонов). [1].

Фирмикуты

В состав этого филума включены отдельные представители видов и родов, обладающие разным типом питания. Типичными представителями являются *Eubacteria, Lactobacillus, Clostridium, Lachnobacterium, Roseburia, Faecalibacteria, Blautia, Dorea, Bacillus, Mycoplasma, Streptococcus, Enterococcus, Leuconostoc, Staphylococcus spp.*

Они занимают ключевые позиции в метаболизме нерастворимых полисахаридов, других сложных углеводов и не утилизированного белка в верхних отделах ЖКТ [1-2].

Бактероиды

Идентифицированы четыре класса: *Bacteroidia (Bacteroides, Prevotella, Porphyromonas, Alistipes spp.)*, *Flavobacteriia (Flavobacterium sp.)*, *Cytophagia (Carnocytophaga, Odoribacter)*, *Sphingobacteriia (Sphingobacterium sp.)*, которые продуцируют медиаторы, метаболиты, принимают участие в обмене аминокислот, белков, холина и желчных кислот, а также дегградации полисахаридов [3].

Актинобактерии

Распространены следующие виды: *Bifidobacterium*, *Propionibacterium*, *Corynebacterium*, *Frankia*, *Arthrobacter*, *Micrococcus*, *Mycobacterium*.

Их значительную часть составляют сахаролитики, обеспечивающие гидролиз сложных углеводов, другие представители выполняют роль фактора колонизационной резистентности слизистой кишечника [4].

Протеобактерии

В составе типа, наряду с симбионтами, находятся патогенные и условно патогенные микроорганизмы с разными типами питания и морфоформами. Они используют белки и аминокислоты в качестве сложных веществ и простые вещества – моносахара, аммоний и цитраты.

При помощи анализа протеобактерии классифицируют на 6 классов: Alpha-, Beta-, Gamma-, Delta-, Epsilon- и Zeta.

Класс Alpha составляют виды, осуществляющие спиртовое брожение, в состав Beta входят нитрификаторы, Gamma метанотрофы.

Для микробиоты имеют также значение семейства Enterobacteriaceae, Vibrionaceae, Pseudomonadaceae. Delta класс составляют анаэробные железобактерии и сульфат-редукторы, Epsilon классу принадлежат возбудители инфекций *C. jejuni* и *H. pylori* и сульфаспириллы, потребляющие водород и серу в качестве источника энергии [5].

Дополнительные функции микробиома кишечника

Синтез и усваивание витаминов

Микробиота участвует в синтезе витаминов группы В (В1, В2, В6, В12), витамина К, фолиевой кислоты и др. Синтезирующие витамин В12 микроорганизмы кишечника находятся и в тонкой, и в толстой кишке.

Антибиотики, подавляющие микрофлору, снижают синтез витаминов, а создание благоприятных условий для микроорганизмов способствует активному синтезу витаминов.

Бифидо- и лактобактерии стимулируют всасывание кальция, витамина

D, железа. Кишечная палочка способствует синтезу и всасыванию витамина К, группы В, никотиновой и фолиевой кислот. [6].

Дополнительная эндокринная железа

В отличие от других эндокринных органов, которые выделяют один или, самое большее, одновременно два гормона, микробиота кишечника обладает потенциалом для производства сотен подобных веществ.

С морфологической и биохимической точки зрения она намного больше и более биохимически гетерогенна, чем любой другой эндокринный орган человека.

На самом деле, биохимическая сложность микробиоты кишечника даже превышает биохимическую сложность мозга, и многие гормоны, вырабатываемые микробиотой, также являются нейромедиаторами в центральной нервной системе.

Например, аминокислота (ГАМК) - наиболее важный ингибирующий передатчик в головном мозге, вырабатывается несколькими видами лактобацилл, а также и моноамины, такие как норадреналин, дофамин и серотонин, продуцируются определенными штаммами бактерий.

Можно сказать, что микробиота функционирует как дополнительная эндокринная железа в организме человека [7].

Стимуляция иммунной системы

Слизистая оболочка толстой кишки содержит макрофаги, лимфоциты, плазматические клетки. Такое состояние, напоминающее хроническое воспаление, формируют клеточные образования, препятствующие действию патогенной флоры.

При этом синтезируются секреторные антитела, активируются различные клоны лимфоцитов, в том числе регуляторные клетки. Нарушение этих взаимоотношений чревато развитием аутоиммунных, аллергических и воспалительных процессов в организме человека [8-9].

Создание непригодной среды

Бифидобактерии вырабатывают молочную кислоту и ацетат, создавая кислую среду до 5,3-5,6, защищая человека от экзогенных патогенных микроорганизмов.

Симбионтная микрофлора продуцирует ингибиторы роста патогенных бактерий (бактериоцины, лизоцимы, перекись водорода, антимикробные пептиды), обеспечивающие бактерицидный и бактериостатический эффект.

Ряд представителей микробиома в кишечнике являются мутуалистами. В процессе своей жизнедеятельности они помогают человеку переваривать множество веществ и продуцируют метаболиты, которые оказывают положительное воздействие на общее физиологическое состояние.

Все микроорганизмы в кишечнике находятся в состоянии равновесия. Его нарушение может привести к серьёзным негативным изменениям: развитию патогенных организмов или патологических состояний, в частности рака толстой кишки. Мы должны с большим вниманием относиться к вопросу микробиома, так как он играет важную роль в нашем здоровье, и корректировать его состояние по рекомендации врача приемом пробиотиков, таких как бифиформ, линекс, бион 3 и многие другие [10].

Использованные источники:

1. Nikolaev Yu.A., Plakunov V.K. Biofilm — “City of microbes” or an analogue of multicellular organisms?//Microbiology, 2007, Vol. 76, No. 2, P. 125-138.
2. Twigg H.L. Humoral Immune Defense (Antibodies): Recent Advances//Proceedings of the American Thoracic Society, 2005, Vol. 2, Humoral Immune Defense (Antibodies), No. 5, P. 417-421.
3. Marchesi J.R., Ravel J. The vocabulary of microbiome research: a proposal//Microbiome, 2015, Vol. 3, The vocabulary of microbiome research, No. 1, P. 31, s40168-015-0094-5.

4. Sender R., Fuchs S., Milo R. Are We Really Vastly Outnumbered? Revisiting the Ratio of Bacterial to Host Cells in Humans//Cell, 2016, Vol. 164, Are We Really Vastly Outnumbered? No. 3, P. 337-340.
5. Vestheim H., Jarman S.N. Blocking primers to enhance PCR amplification of rare sequences in mixed samples – a case study on prey DNA in Antarctic krill stomachs//Frontiers in Zoology, 2008, Vol. 5, No. 1, P. 12.
6. Quince C., Walker A.W., Simpson J.T., Loman N.J., Segata N. Shotgun metagenomics, from sampling to analysis//Nature Biotechnology, 2017, Vol. 35, No. 9, P. 833-844.
7. Knight R., Vrbanac A., Taylor B.C., Aksenov A., Callewaert C., Debelius J., Gonzalez A., Kosciolek T., McCall L.-I., McDonald D., Melnik A.V., Morton J.T., Navas J., Quinn R.A., Sanders J.G., Swafford A.D., Thompson L.R., Tripathi A., Xu Z.Z., Zaneveld J.R., Zhu Q., Caporaso J.G., Dorrestein P.C. Best practices for analysing microbiomes//Nature Reviews Microbiology, 2018, Vol. 16, No. 7, P. 410-422.
8. Van Amersfoort E.S., Van Berkel T.J.C., Kuiper J. Receptors, Mediators, and Mechanisms Involved in Bacterial Sepsis and Septic Shock//Clinical Microbiology Reviews, 2003, Vol. 16, No. 3, P. 379-414.
9. Florin T.H.J., Zhu G., Kirk K.M., Martin N.G. Shared and Unique Environmental Factors Determine The Ecology of Methanogens in Humans and Rats//American Journal of Gastroenterology, 2000, Vol. 95, No. 10, P. 2872-2879.
10. Cui L., Morris A., Ghedin E. The human mycobiome in health and disease//Genome Medicine, 2013, Vol. 5, No. 7, P. 63.