

ВЗАИМОСВЯЗИ МЕЖДУ КИШЕЧНОЙ МИКРОБИОТОЙ, РАЦИОНОМ ПИТАНИЯ И УГЛЕВОДНЫМ ОБМЕНОМ

Егшатын Л.В., Ткачева О.Н., Алексеев Д.Г., Тяхт А.В., Попенко А., Кострюкова Е.С.,
Карамнова Н.С., Бойцов С.А.

*ГБОУ ВПО Московский государственный медико-стоматологический университет им. А.И.
Евдокимова*

ФГБУ Эндокринологический научный центр Минздрава России

*ГБОУ ВПО Российский национальный исследовательский медицинский университет им.
Н.И. Пирогова Минздрава России*

Научно-клинический центр геронтологии

ФГБУН НИИ физико-химической медицины ФАНО

ФГБУ ГНИЦ Профилактической медицины Минздрава России

Цель: Изучить состав микробиоты кишечника у пациентов с различной толерантностью к глюкозе в зависимости от рациона питания.

Материалы и методы: В исследование включены 92 пациента (26 мужчин и 66 женщин) в возрасте 52,8 лет (25-75) с различной толерантностью к глюкозе: с нормальной (n=48), предиабетом (преСД, n=24) и впервые диагностированным сахарным диабетом 2 типа (СД2, n=20). Метагеномный анализ в формате оценки разнообразия последовательностей гена 16SpPНК в суммарном образце ДНК осуществляли согласно протоколу 16S Metagenomic Sequencing Library Preparation. Таксономический состав образцов оценивали путем классификации по базе данных 16SpPНК генов Greengenes v. 13,5 с помощью байесовского классификатора. Характер питания изучали методом количественной оценки потребленных продуктов при помощи стандартизованной компьютерной программы "анализ состояния питания человека" версия 1.2.4 ГУ НИИ питания, 2003-2006.

Результаты: Доминирующие бактерии всего состава образцов оказались представителями двух доминирующих отделов - Bacteroidetes (12,7+₋9,86%) и Firmicutes (57,09+₋13,6%). У пациентов с СД2 относительная представленность Firmicutes оказалось значительно больше (p=0,007), а Bacteroidetes - меньше (p=0,01), чем у здоровых и пациентов с преСД. Среди всех образцов доминировал род Blautia. Представленность родов Blautia (p=0,0006) и Serratia (p=0,002) возрастала в клиническом ряду: нормальная толерантность к глюкозе - преСД - СД2 (максимально у пациентов с СД2). Диетическая кластеризация по процентному составу белков, жиров и углеводов в рационе питания (метод k-медоид) выявила 2 кластера. Первый характеризовался большей долей углеводов (56,7+₋5,5% против 42+₋5,6%), а второй - жиров (33,5+₋3,7% против 24,5+₋4%) и белков (24,5+₋4,6% против 18,8+₋2,8%). В "белково-жировом" кластере оказалось больше пациентов с СД2 (p=0,002), а в образцах - больше представленности рода Bacteroides (p=0,0001) и меньше Prevotella (p=0,0004). Далее с помощью индекса Калнского_Гарабача был произведен поиск диетических кластеров для выявления образцов со схожим питанием. Выявлено, что половина пациентов, потребляющих много жиров (138+₋63 г/сут) имеет нормальную толерантность к глюкозе, а другая - СД2. Регрессионный анализ показал, что у пациентов с СД2 была выше представленность рода Blautia (p=0,0001).

Выводы: Наши результаты дают дополнительную информацию о взаимосвязях между питанием, микробиотой кишечника и состоянием углеводного обмена

Ключевые слова: сахарный диабет; метагеном; микробиота.

WEB: <http://rusendo.com/index.php/REC/VIIREC/paper/view/677>