

© КОЛЛЕКТИВ АВТОРОВ, 2026

Хитарьян А.Г.¹, Оплимах К.С.¹, Алиева А.А.¹, Тюкавкина С.Ю.¹, Киселёва А.А.¹,
Головина А.А.², Евдокимов В.П.¹, Харсееva Г.Г.¹



<https://elibrary.ru/qpeyco>

ОСОБЕННОСТИ КИШЕЧНОЙ МИКРОБИОТЫ У БАРИАТРИЧЕСКИХ ПАЦИЕНТОВ СЕВЕРО-КАВКАЗСКОГО РЕГИОНА

¹ФГБОУ ВО «Ростовский государственный медицинский университет» Минздрава РФ, 344022, г. Ростов-на-Дону, Россия;

²ЧУЗ «КБ «РЖД-Медицина», 344011, Ростов-на-Дону, Россия

Введение. Метаболические нарушения, такие как ожирение и сахарный диабет 2 типа (СД2), тесно связаны с дисбиозом кишечника. Анализ состава микробиоты у пациентов с избыточной массой тела (ИМТ) открывает возможности для разработки новых стратегий в борьбе с ожирением и ассоциированными с ним заболеваниями.

Цель – оценить особенности кишечной микробиоты у бariatрических пациентов.

Материал и методы. Обследованы пациенты ($n = 43$) с ожирением при ИМТ более $35 \text{ кг}/\text{м}^2$, планирующие или перенесшие бariatрическое вмешательство. Методом ПЦР- РВ проведена идентификация и количественное определение штаммов микроорганизмов, присутствующих в толстом кишечнике (31 род/вид).

Результаты. Установлено снижение или полное отсутствие функционально важных представителей микробиоты - производителей метаболитов, участвующих в регуляции энергетического обмена, модуляции иммунных и эндокринных реакций (*Lactobacillus spp.*, *Bifidobacterium spp.*, *E. coli*, *Enterococcus spp.*, *Faecalibacterium prausnitzii*, *Bacteroides thetaiotaomicron*, *Roseburia spp.*, *Blautia spp.*, *Ruminococcus spp.*, *Akkermansia muciniphila*), у лиц с ожирением.

Заключение. Полученные результаты указывают на необходимость установления экологической конфигурации микробиома кишечника бariatрических пациентов для своевременного индивидуализированного назначения пробиотических и постбиотических препаратов с целью коррекции дисбиоза и достижения наилучшего эффекта в снижении массы тела.

Ключевые слова: кишечная микробиота; ожирение; бariatрические пациенты; пробиотики; постбиотики

Для цитирования: Хитарьян А.Г., Оплимах К.С., Алиева А.А., Тюкавкина С.Ю., Киселёва А.А., Головина А.А., Евдокимов В.П., Харсееva Г.Г. Особенности кишечной микробиоты у бariatрических пациентов Северо-Кавказского региона. Клиническая лабораторная диагностика. 2026; 71(2): 212-218

DOI: <https://doi.org/10.51620/0869-2084-2026-71-2-212-218>

EDN: QPEYCO

Для корреспонденции: Харсееva Галина Георгиевна, д-р мед. наук, проф., зав. кафедрой микробиологии и вирусологии № 2, начальник отдела микробиологии и вирусологии ФГБОУ ВО РостГМУ Минздрава РФ; e-mail: galinagh@bk.ru

Финансирование. Исследование не имело спонсорской поддержки

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Поступила 11.12.2025

Принята к печати 21.01.2026

Опубликовано 01.02.2026

Khitaryan A.G.¹, Oplimakh K.S.¹, Alieva A.A.¹, Tyukavkina S.Yu.¹, Kiseleva A.A.¹, Golovina A.A.², Evdokimov V.P.¹, Kharseeva G.G.¹

FEATURES OF INTESTINAL MICROBIOTA IN BARIATRIC PATIENTS OF THE NORTH CAUCASUS REGION

¹Federal State Educational Institution of Higher Education «Rostov State Medical University» 344022, Rostov-on-Don, Russia;

²Clinical Hospital «RZD Medicine», 344011, Rostov-on-Don, Russia

Introduction. Metabolic disorders such as obesity and type 2 diabetes mellitus (T2DM) are closely associated with intestinal dysbiosis. Analysis of the microbiota composition in overweight patients (BMI) opens up opportunities for developing new strategies to combat obesity and associated diseases.

Objective. To evaluate the intestinal microbiota characteristics in bariatric patients.

Material and methods. A total of 43 obese patients with a BMI greater than $35 \text{ kg}/\text{m}^2$, planning or undergoing bariatric surgery, were examined. Real-time PCR was used to identify and quantify microbial strains present in the colon (31 genera/species).

Results. A decrease or complete absence of functionally important microbiota representatives—producers of metabolites involved in the regulation of energy metabolism and modulation of immune and endocrine responses (*Lactobacillus spp.*, *Bifidobacterium spp.*, *E. coli*, *Enterococcus spp.*, *Faecalibacterium prausnitzii*, *Bacteroides thetaiotaomicron*, *Roseburia spp.*, *Blautia spp.*, *Ruminococcus spp.*, *Akkermansia muciniphila*)—was established in individuals with obesity.

Conclusion. These results indicate the need to establish the ecological configuration of the intestinal microbiome in bariatric patients for timely, individualized administration of probiotic and postbiotic drugs to correct dysbiosis and achieve optimal weight loss.

Key words: intestinal microbiota; obesity; bariatric patients; probiotics; postbiotics

For citation: Khitaryan A.G., Oplimakh K.S., Alieva A.A., Tyukavkina S.Yu., Kiseleva A.A., Golovina A.A., Evdokimov V.P., Kharseeva G.G. Features of intestinal microbiota in bariatric patients of the North Caucasus region. *Klinicheskaya Laboratoriynaya Diagnostika (Russian Clinical Laboratory Diagnostics)*. 2026; 71(2): 212-218 (in Russ.).

DOI: <https://doi.org/10.51620/0869-2084-2026-71-2-212-218>

EDN: QPEYCO

For correspondence: Kharseeva Galina Georgievna, MD, Professor, Head of the Department of Microbiology and Virology № 2; e-mail: galinagh@bk.ru

Information about authors:

Khitaryan A.G., <https://orcid.org/0000-0002-2108-2362>;
Oplimakh K.S., <https://orcid.org/0000-0001-5632-1469>;
Alieva A.A., <https://orcid.org/0000-0003-0795-5312>;
Tyukavkina S.Yu., <https://orcid.org/0000-0002-4490-7013>;
Kiseleva A.A., <https://orcid.org/0009-0009-1609-1190>;
Golovina A.A., <https://orcid.org/0000-0001-5647-1192>;
Evdokimov V.P., <https://orcid.org/0009-0003-2228-901X>;
Kharseeva G.G., <https://orcid.org/0000-0002-6226-2183>.

Funding. The study had no sponsor support.

Conflict of interest. The authors declare absence of conflict of interest.

Received 11.12.2025

Accepted 21.01.2026

Published 01.02.2026

ВВЕДЕНИЕ

Ожирение и сопутствующие ему заболевания представляют серьёзную глобальную проблему здравоохранения [1]. Согласно прогнозам «World Obesity Atlas 2025», при сохранении текущих тенденций к 2030 году избыточную массу тела будут иметь около 3 млрд. взрослых (около 50 % взрослого населения мира), а число взрослых с ожирением составит примерно 1,13 млрд. человек [2].

Ожирение является многофакторным заболеванием, основная опасность которого заключается в том, что оно ассоциировано с такими заболеваниями, как сахарный диабет 2 типа (СД2) и артериальная гипертензия, представляющих итог прогрессирования метаболических нарушений, в том числе инсулинерезистентности, неразрывно связанной с накоплением висцерального жира [3]. Данные исследований последнего десятилетия показывают, что метаболические нарушения, такие как ожирение и СД2, тесно связаны с дисбиозом кишечника [4].

В желудочно-кишечном тракте (ЖКТ) человека обитает множество видов микроорганизмов, среди которых выделяют 5 основных филотипов: *Bacillota*, *Bacteroidota*, *Actinomycetota*, *Pseudomonadota*, *Verrucomicrobiota* [5]. В норме *Bacillota* и *Bacteroidota* являются основными представителями микрофлоры кишечника. Имеются противоречивые данные о связи ожирения с изменением соотношения *Bacillota* и *Bacteroidota*. Некоторые авторы считают, что ожирение ассоциировано с увеличением *Bacillota* и снижением *Bacteroidota*, в то время как другие исследователи отмечают повышение *Bacteroidota* и сокращение *Bacillota* [6, 7]. Противоречивость данных подчёркивает сложность взаимосвязей между кишечной микробиотой и развитием ожирения.

Несмотря на значительный объём накопленных данных, не существует единой модели патогенеза, раскрывающей взаимосвязи между изменениями кишечной микробиоты и возникновением метаболических нарушений. За последние 10 лет исследования существенно углубили понимание роли кишечной микробиоты в процессах регуляции энергетического обмена, синтеза короткоцепочечных жирных кислот (КЦЖК), модуляции иммунных и эндокринных реакций [8].

Особенности микробиоты кишечника приобретают существенное значение в развитии персонализированной медицины. Анализ состава микробиоты у пациентов с избыточной массой тела и ожирением открывает возможности для разработки различных стратегий в

борьбе с ожирением и ассоциированными с ним заболеваниями.

ЦЕЛЬ ИССЛЕДОВАНИЯ - оценить особенности кишечной микробиоты у бariatрических пациентов.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Проведено проспективное когортное исследование пациентов ($n = 43$) с ожирением при индексе массы тела (ИМТ) более $35 \text{ кг}/\text{м}^2$, в которое включены 24 женщины и 19 мужчин, планирующих бariatрическую операцию. Средний возраст пациентов составил 41,6 года. Критерий включения: пациенты, страдающие ожирением 2–3 степени ($\text{ИМТ} \geq 40 \text{ кг}/\text{м}^2$ или $\text{ИМТ} \geq 35$ при наличии сопутствующих заболеваний $\text{кг}/\text{м}^2$), в возрасте от 18 лет, добровольное информированное согласие на участие в исследовании. Критерий невключения: больные с тяжелыми сопутствующими заболеваниями в стадии суб- и декомпенсации, онкологические заболевания, возраст пациентов младше 18 лет, отказ от участия в исследовании.

Методом ПЦР-РВ проведена идентификация и количественное определение ДНК микроорганизмов, присутствующих в толстом кишечнике (31 род/вид) с использованием тест-системы «Набор реагентов для исследования микробиоты толстого кишечника методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) с флуоресцентной детекцией в реальном времени «КОЛОНОФЛОР»» (Регистрационное удостоверение № РЗН 2019/9479). Выполнение исследования и интерпретацию полученных данных проводили согласно прилагаемой к тест-системе инструкции.

РЕЗУЛЬТАТЫ

Результаты идентификации и количественного определения бактерий 31 рода/вида, присутствующих в биоматериале (фекалиях) пациентов с ожирением, не получавших коррекцию про-, син- или постбиотиками, позволили определить виды микроорганизмов, составляющих индигенную микробиоту толстого кишечника, условно-патогенные микроорганизмы (УПМ) или патогенные представители, бактерии, являющиеся маркерами различных состояний и заболеваний.

Установлено, что представители индигенной кишечной микробиоты *Lactobacillus* spp., *Bifidobacterium* spp., *Escherichia coli*, *Enterococcus* spp. присутствовали в фекалиях у всех обследованных. Практически во всех образцах количественное содержание *Enterococcus* spp.

(95,4 %) соответствовало референс- значениям, при этом часто регистрировались недостаточные уровни других бактерий этой группы (табл. 1). Отмечено наиболее значимое снижение количества *Lactobacillus* spp., наблюдавшееся у большинства пациентов (88,4 %), недостаточное содержание в фекалиях *Bifidobacterium* spp. и *Escherichia coli* – у 41,8 % и 27,9 % пациентов соответственно. ДНК *Eubacterium rectale* удалось обнаружить только у 9,3 %, их количественное содержание в положительных образцах находилось в пределах нормы.

При исследовании частоты встречаемости различных представителей УМП из факультативной группы микробиоты в фекалиях всех пациентов с ожирением не обнаружена ДНК *Klebsiella oxytoca*, *Citrobacter* spp., *Fusobacterium nucleatum*, *Parvimonas micra*. Почти у всех обследованных (97,7 %) отсутствовали *Streptococcus* spp., *Escherichia coli enteropathogenic*, *Klebsiella pneumoniae*, *Proteus vulgaris/mirabilis*, *Candida* spp., *Staphylococcus aureus* (95,3 %), *Clostridium perfringens* (93,1 %), *Prevotella* spp. (90,7 %). В положительных образцах количественное содержание этих видов превышало нормативные значения. Содержание *Acinetobacter* spp. почти у всех пациентов находилось в пределах нормы, *Enterobacter* spp., напротив, у значительного количества обследованных (39,6 %) зарегистрировано в количествах, выше границы допустимых значений (табл. 2).

ДНК патогенных кишечных бактерий, таких как *Salmonella* spp., *Shigella* spp., *E. coli enteropathogenic*, *Clostridium difficile*, ни у кого не обнаружена (табл. 3).

Среди микроорганизмов-маркеров состояний человека, связанных с метаболическими нарушениями (в том числе ожирением), с относительно большей частотой в исследуемых образцах присутствовала ДНК *Faecalibacterium prausnitzii* (76,8 % случаев), несколько реже – *Bacteroides thetaiotaomicron*, *Methanobrevibacter smithii*, *Roseburia inulinivorans* (37,3 %, 30,2 %, 23,3 % соответственно), в то время как *Methanospaera stadtmanae* (2,3 %) и *Akkermansia muciniphila* (6,9%) выделялись крайне редко – всего у 1–3 пациентов. Содержание выявленных видов в положительных образцах находилось в нормативных пределах, кроме *F. prausnitzii*, для которой в 11,6% образцах зарегистрировано превышение рекомендуемой границы (табл. 4).

ОБСУЖДЕНИЕ

Достижения в области метагеномики, позволившие использовать высокопроизводительные методы исследования (флюоресцентная гибридизация *in situ*, секвенирования метагенома микробиоты), и используемую в рутинной практике ПЦР, значительно расширили наши представления о составе кишечной микрофлоры. Выявлен большой спектр бактерий, ранее не доступный для идентификации в «культуральную» эпоху (некультивируемые и трудно культивируемые представители, также виды, присутствующие в следовых количествах), установлена их роль в физиологии человека. Особенно важным аспектом является возможность дифференцировать штаммы УМП от патогенных в пределах вида, основанная на наличии генов патогенности.

Таблица 1
Содержание облигатных представителей микробиоты кишечника (абс./%)

Род/вид микроорганизма	Норма	Отклонение от нормального значения	
		Повышение	Снижение или отсутствие
<i>Eubacterium rectale</i>	4/9,3 %	-	39/90,7 %
<i>Lactobacillus</i> spp.	5/11,6 %	-	38/88,4 %
<i>Bifidobacterium</i> spp.	25/58,2 %	-	18/41,8 %
<i>Escherichia coli</i>	30/69,7 %	1/2,3 %	12/27,9 %
<i>Enterococcus</i> spp.	42/97,7	1/2,3 %	-

Таблица 2
УМП факультативной группы, наиболее часто колонизирующие толстый кишечник взрослого человека (абс./%)

Род/вид микроорганизма	Норма	Отсутствие	Превышение нормального значения
<i>Bacteroides</i> spp.	42/97,7 %	6/13,9 %	1/2,3 %
<i>Escherichia coli enteropathogenic</i>	43/100 %	42/97,7 %	-
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	42/97,7 %	42/97,7 %	1/2,3 %
<i>Klebsiella oxytoca</i>	43/100 %	43/100 %	-
<i>Candida</i> spp.	42/97,7 %	42/97,7 %	1/2,3 %
<i>Staphylococcus aureus</i>	41/95,3 %	41/95,3 %	2/4,7 %
<i>Clostridium perfringens</i>	40/93,1 %	40/93,1 %	3/6,9 %
<i>Proteus vulgaris/mirabilis</i>	42/97,7 %	42/97,7 %	1/2,3 %
<i>Enterobacter</i> spp.	26/60,4 %	26/60,4 %	17/39,6 %
<i>Citrobacter</i> spp.	43/100 %	43/100 %	-
<i>Acinetobacter</i> spp.	42/97,7 %	28/65,2 %	1/2,3 %
<i>Streptococcus</i> spp.	43/100 %	42/97,7 %	-
<i>Prevotella</i> spp.	42/97,7 %	39/90,6 %	1/2,3 %
<i>Ruminococcus</i> spp.	43/100 %	28/65,1 %	-
<i>Fusobacterium nucleatum</i>	43/100 %	43/100 %	-
<i>Parvimonas micra</i>	43/100 %	43/100 %	-

Таблица 3
Патогенные кишечные бактерии (абс./%)

Род/штамм микроорганизма	Норма (отсутствие)	Превышение нормального значения
<i>Salmonella</i> spp.	43/100 %	-
<i>Shigella</i> spp.	43/100 %	-
<i>Clostridium difficile</i>	43/100 %	-

Таблица 4
Микроорганизмы-маркеры состояний человека, связанных с метаболическими нарушениями (ожирение) (абс./%)

Род/вид микроорганизма	Норма	Отклонение от нормального значения		
		Повышение	Снижение	Отсутствие
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	33/76,8 %	-	5/11,6 %	5/11,6 %
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	16/37,3 %	-	-	27/62,7 %
<i>Akkermansia muciniphila</i>	3/6,9 %	-	-	40/93,1 %
<i>Roseburia inulinivorans</i>	8/18,6 %	-	2/4,7 %	33/76,7 %
<i>Blautia</i> spp.	7/16,2 %	-	-	36/83,7 %
<i>Methanobrevibacter smithii</i>	13/30,2 %	-	1/2,3 %	29/67,4 %
<i>Methanospaera stadtmanae</i>	1/2,3 %	-	-	42/97,7 %
Отношение <i>Bacteroides</i> spp. и <i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	28/65,1 %	12/27,8 %	3/7,1 %	

Микробиота толстой кишки является сложной бактериальной экосистемой, внутри которой существует иерархия доминантных анаэробных бактерий.

Известно, что наиболее часто встречающимися в толстом кишечнике здорового взрослого человека филумами (типами), на долю которых приходится более 90 % всей биомассы, являются *Bacillota* (60 %; основные – род *Faecalibacterium*, *Lactobacillus*, *Enterococcus*, редкие – *Ruminococcus*, *Roseburia*, *Eubacterium*, *Clostridium*, *Oscillibacter*, *Subdoligranulum*, *Dialister*), *Bacteroidota* (35 %; основные роды *Prevotella*, *Bacteroides*, редкие роды – *Alistipes*, *Phocaeicola*), *Actinomycetota* (род *Bifidobacterium*) и *Pseudomonadota* (преимущественно порядок *Enterobacterales*). Оставшаяся часть представлена филумами *Verrucomicrobiota* (важный представитель – *Akkermansia muciniphila*), *Fusobacteriota*, *Euryarchaeota* (*Methanobrevibacter smithii*) и др., уступающими по количеству четырем «большим кишечным» филумам [9].

При анализе содержания отдельных родов/видов микроорганизмов в фекалиях пациентов с ожирением во всех случаях обнаружена ДНК только четырех (из 31) групп микроорганизмов: *Lactobacillus* spp., *Bifidobacterium* spp., *Escherichia coli*, *Enterococcus* spp., однако их содержание, особенно лактобактерий, часто находилось ниже нормы. Недостаточные количества лакто- и бифидобактерий, *E. coli* у многих бариатрических пациентов, отсутствие у большинства из них таких физиологически важных представителей микробиоты, как *Eubacterium rectale*, *Roseburia inulinivorans*, *Akkermansia muciniphila*, *Methanospaera stadtmanae*, а у трети обследованных – *Bacteroides thetaiotaomicron* и *Methanobrevibacter smithii*, негативно влияют на состояние здоровья, в том числе метаболические процессы и ИМТ, что объясняется участием кишечных бактерий в жизненно важных для организма хозяина процессах.

Лакто-, бифидобактерии, непатогенные эшерихии, энтерококки выполняют множество функций: выраженное антагонистическое и антиколонизационное действие в отношении патогенных микроорганизмов и УПМ, иммуномодулирующая, противоаллергическая активность. В настоящее время особое внимание уделяется участию этих и других таксонов в метаболических процессах. Учитывая, что среди микроорганизмов, значительно влияющих на метаболические процессы, особенно глюконеоза, на видовом уровне крайне сложно выделить филогенетическое ядро микробиоты (доминирующие микроорганизмы, встречающиеся не менее чем у 50 % индивидуумов), целесообразным стало формировать «филометаболическое ядро», в котором бактерии объединяются по функциональному признаку и спектру выделяемых метаболитов. Производство биологически и фармакологически активных метаболитов происходит в результате утилизации бактериями пищевых питательных веществ и эндогенных субстратов (секретов, эпителиоцитов и др.), водорода, биосинтеза *de novo* витаминов, аминокислот и других соединений [10].

Наиболее обширна группа продуцентов ключевых КЦЖК, в которую включены роды/виды *Lactobacillus* spp., *Bifidobacterium* spp., *E. coli*, *Enterococcus* spp., *Faecalibacterium prausnitzii*, *Bacteroides thetaiotaomicron*, *Roseburia* spp., *Blautia*

spp., *Ruminococcus* spp., *Akkermansia muciniphila* и некоторые другие. Симбионтные бактерии метаболизируют пищевые волокна, поступающие в кишечник со сложными углеводами и фруктоолигосахаридами, за счет наличия ферментов, отсутствующих у человека, превращая их в КЦЖК (в основном уксусную, масляную, пропионовую), регулирующие многие метаболические и физиологические процессы в организме человека, в том числе липогенез, глюконеогенез, синтез холестерина. Воздействуя на синтез глюкагоноподобного пептида-1 (ГПП-1), КЦЖК способны стимулировать выработку инсулина, а за счет активации рецепторов GPR-41, GPR-43 L-клеток и адipoцитов кишечника повышают чувствительность тканей к инсулину, активирует симпатическую нервную систему, увеличивая расход энергии и предотвращая её избыточное отложение в жировой ткани. За счет стимуляции высвобождения лептина (гормона «голода», воздействующего непосредственно на рецепторы в головном мозге и свидетельствующего о наличии достаточного количества энергии в организме) жировыми клетками и прямого воздействия КЦЖК на центр насыщения в гипоталамусе (активация синтеза и высвобождения глутамата, гамма-аминомасляной кислоты, снижение выработки повышающих аппетит пептидов) достигается чувство сытости [11].

Недостаточная метаболическая активность «симбиотного пищеварения», связанная с отсутствием или сниженным количеством продуцентов КЦЖК у обследованных пациентов, по всей видимости, привела к обратным процессам и способствовала, наряду с другими факторами (генетические, особенности пищевого поведения, комплаентность), развитию ожирения. На фоне развивающегося у пациентов дисбионаза метаболические нарушения могут усугубляться за счет угнетения синтеза муцина, увеличения проницаемости стенки кишечника, что сопровождается поступлением в кровь эндотоксинов бактерий, запускающих провоспалительные каскады.

Особое внимание среди представителей этой группы заслуживает *Faecalibacterium prausnitzii* (филум *Bacillota*, порядок *Eubacterales*), который является наиболее стабильным видом, поддерживающим метаболический гомеостаз кишечной микробиоты. Наряду с *Eubacterium rectale*, он является основным продуцентом бутиратом и некоторого количества ацетата. За счет продукции бутиратом и подавления уровня провоспалительных цитокинов путем стимуляции секреции противовоспалительного цитокина ИЛ-10 *F. prausnitzii* оказывает противовоспалительное действие на ЖКТ, поэтому уменьшение количества данного вида бактерий в микробиоме кишечника может быть опосредовано связью с состоянием ожирения. Эта бактерия играет важную роль в противоопухолевой защите. Значительное снижение *F. prausnitzii* отмечается у пациентов с неспецифическим язвенным колитом и болезнью Крона, причём степень снижения коррелирует с тяжестью заболевания.

Род *Roseburia* spp. (филум *Bacillota*, порядок *Eubacterales*) включает пять хорошо охарактеризованных видов, наиболее важным из которых является *R. inulinivorans* – один из важнейших производителей бутиратом. Снижение численности *R. inulinivorans* свя-

зывают с развитием различных патологических состояний кишечника (в том числе болезнь Крона), антифосфолипидного синдрома и атеросклероза. Определение его количества может использоваться в качестве биомаркера патологии желчевыводящих путей (камнеобразование в желчном пузыре), прогноза заболевания при болезни Крона. Бактерии *Ruminococcus* spp. (филум *Bacillota*, порядок *Eubacteriales*) – резидентные представители кишечной микробиоты, являются продуцентами бутиратта, ацетата, пропионата. Снижение количества двух основных видов – *R. callidus* и *R. torques* наблюдается у пациентов с болезнью Крона; увеличение содержания *R. gnavus* регистрируется при дивертикулите, спондилоартрите, септическом артрите и аллергии. Взаимосвязь между количеством *Ruminococcus* spp. и заболеваниями не означает, что эти бактерии являются причиной патологий. Возможно, в этих случаях создаются благоприятные условия для роста *Ruminococcus* в кишечнике.

Blautia spp. (филум *Bacillota*, порядок *Eubacteriales*) – продуцент ацетата. Роль бактерий *Blautia* в развитии ожирения неоднозначна. Исследователи отмечают корреляцию их повышенного количества со снижением риска ожирения и СД2 у взрослых. Установлено, что *B. luti* и *B. wexlerae* помогают уменьшить воспаление, связанное с отложением избыточного жира. Другие авторы, наоборот, указывают на содержание бактерий *Blautia* ниже референсных значений у лиц с избыточным весом, и положительную корреляцию с уровнем гликированного гемоглобина у детей при СД2. Недостаточное количество *Blautia* в слепой кишке выявлено у пациентов с болезнью Крона.

Akkermansia muciniphila (филум *Verrucomicrobiota*) в толстом кишечнике здорового человека может находиться в значительном количестве и достигать 3 % от общего бактериального числа. Ее основные функции заключаются в разрушении слизи под действием синтезируемых муколитических ферментов, регуляции глюко- и липогенеза за счет продукции КЦЖК, способности снижать экспрессию белков, участвующих в дифференцировке адипоцитов, и генов, детерминирующих перенос глюкозы и фруктозы в кишечнике, что приводит к уменьшению всасывания углеводов. Является продуцентом ацетата и пропионата. Низкий уровень *A. muciniphila*, выходящий за пределы нормальных значений, закономерно связывается с развитием ожирения, метаболического синдрома, СД2 и используется как биомаркер метаболических нарушений. При ряде патологических состояний, например, при аутоиммунных заболеваниях, количество *A. muciniphila* значительно возрастает. Такое увеличение рассматривается как полезное, поскольку оно приводит к усилиению противовоспалительного эффекта за счет модуляции Т-лимфоцитозависимого иммунного ответа.

Бактерии вида *Bacteroides thetaiotaomicron*, преобладающие в филуме *Bacteroidota*, являются продуцентами бутиратта и пропионата, однако отличаются от других метаболически активных кишечных бактерий тем, что утилизируют рамнозу, а не типичные углеводы. Они способны стимулировать рост других компонентов кишечной микробиоты, например, бутират-продуцирующих бактерий *Eubacterium ramulus* и *Anaerostipes cacciae*, участвуют в регуляции иммун-

ной системы кишечника, подавляют экспрессию провоспалительных цитокинов. Следует иметь в виду, что *B. thetaiotaomicron* относится к УПМ, и при наличии определенных факторов риска, транслокации из кишечника в другие биотопы, может привести к развитию бактериемии/сепсиса, интраабдоминальных абсцессов, пневмоний и др. [12–15].

Примечательно, что лакто- и бифидобактерии, розебурии, фекалибактерии, аккермансию, эубактерии, раминококки не являются возбудителями инфекционных заболеваний, в отличие от других представителей кишечной микробиоты.

Следующей важной филометаболической группой являются метанообразующие бактерии (основной представитель *Methanobrevibacter smithii*, филум *Euryarchaeota*), утилизирующие водород и углекислый газ с образованием метана, что позволяет экономить энергию, поскольку на синтез метана ее затрачивается немного, и стимулирующие процесс ферментации пищи сахаролитическими бактериями. Повышение содержания в кишечнике *Methanobrevibacter smithii* наблюдается при избыточной массе тела и ожирении и связано риском развития инсулинорезистентности и сахарного диабета 2-го типа. Недостаточное содержание *M. smithii* может способствовать активации процессов брожения и гниения в кишечнике [16]. Поскольку ДНК *Methanospaera stadtmanae* отсутствовала практически у всех обследованных пациентов, а у более половины уровень бактерий находился в пределах нормы), влияние метанобактерий в данном исследовании на ИМТ сложно оценить.

Анализ полученных результатов сопоставим с результатами исследований многих авторов, установивших закономерности изменения состава и количества кишечной микробиоты при наличии избыточной массы тела и ожирения. Отрицательная корреляция между значениями ИМП и количеством определенных представителей микробиоты (увеличение ИМТ при снижении количества или отсутствии симбиотных бактерий и/или их компонентов) отмечается для *E. coli*, *Bacteroides fragilis group*, *B. faecichinchillae*, *Faecalibacterium prausnitzii*, *Bifidobacterium breve*, *B. adolescentis*, *Lactobacillus casei/paracasei*, *L. plantarum* и *L. gasseri*, *Akkermansia muciniphila*, КЦЖК, витамина В₁₂. При этом для *Bifidobacterium* и *Lactobacillus* в случаях метаболического недорожья выражена штаммозависимость эффекта влияния на ИМТ: положительная корреляция с ИМТ отмечена для *Bifidobacterium longum*, *Lactobacillus ingluviei*, *Lactobacillus acidophilus*, *L. reuteri*. Положительная корреляция описана и для *Methanobrevibacter smithii*, *Blautia* spp., *Eubacterium ventriosum*, *Fusobacterium nucleatum*, соотношения филотипов *Bacillota/Bacteroidota*, циркулирующего ЛПС [17–19].

Следует учесть, что на фоне сформировавшегося дисбиоза и метаболических нарушений, часто ведущих к снижению иммунологической резистентности, повышенный уровень *Enterobacter* spp. у ряда пациентов может неблагоприятно влиять на их здоровье. Токсигенные штаммы *Enterobacter* часто являются фактором для инициации и прогрессирования рака толстого кишечника, причиной острого гастроэнтерита, инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи (ИСМП)

(входят в группу *ESCAPE* по причине их частой мультирезистентности к АМП).

Поскольку в патогенезе ожирения существенную роль играет нарушение экологического равновесия микробиома кишечника, установление особенностей его состава у каждого пациента и при необходимости коррекция посредством индивидуального подбора пробиотических препаратов, позволит восстановить состояние гомеостаза за счет модуляции микробиоты, регенерации поврежденных эпителиальных клеток слизистой оболочки, системного благотворного воздействия на органы и ткани. Такой подход представляет собой перспективное направление терапии ожирения и метаболического синдрома и удержания нормальной массы тела. Другой возможностью, появившейся недавно, является использование постбиотиков – нового класса препаратов, содержащего неживые бактерии и их компоненты, обладающие биологическими эффектами, аналогичными живым микроорганизмам, но более широким профилем безопасности, быстродействием, высокой биодоступностью и стабильностью [20].

Учитывая, что данные о роли отдельных представителей микробиоты в патогенезе ожирения пока остаются неоднозначными, существует необходимость комплексного изучения изменений в составе и функциях микробиоты кишечника в аспекте их взаимосвязи со степенью снижения веса, стабильностью приобретенной массы тела и риском повторного набора веса.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В настоящее время наблюдается тревожный рост распространенности ожирения не только у взрослых, но и среди детей и молодежи, в связи с чем увеличивается риск развития ассоциированных с ним патологий – СД2, высокого артериального давления, поражений сердечно-сосудистой системы в более молодом возрасте. Эти заболевания являются итогом прогрессирования метаболических нарушений, в том числе инсулинерезистентности, неразрывно связанными с накоплением висцерального жира.

Важным фактором развития ожирения является нарушение экологической конфигурации кишечной микробиоты. Недостаточное количество или отсутствие физиологически важных бактерий, формирующих филометаболическое ядро, таких как *Faecalibacterium prausnitzii*, *Bacteroides thetaiotaomicron*, *Roseburia* spp., *Blautia* spp., *Ruminococcus* spp., *Akkermansia muciniphila* *Methanobrevibacter smithii*, *Methanospaera stadtmanae* и некоторых других, имеет решающее значение в появлении избыточного веса. Своевременное назначение персонализированной корректирующей терапии пробиотическими и постбиотическими препаратами открывает новые возможности в лечении ожирения и поддержании веса в комплексе мероприятий, направленных на максимальное снижение веса после бariatрических вмешательств, на ограничение повторного набора веса в отдаленном периоде после операции.

ЛИТЕРАТУРА (П. 1 - 8, 11 - 16, 20 СМ. REFERENCES)

9. Ворошилина Е.С., Москвина М.В., Кириллов М.Ю., Огнева Л.В., Донников А.Е., Итани Т.М. и др. Фундаментальные основы современных подходов к оценке микробиоты кишечника детей. *Не-*

онатология: новости, мнения, обучение. 2023;11 (3): 47-59. DOI: 10.33029/2308-2402-2023-11-3-47-59.

10. Гриневич В.Б., Радченко В.Г. Микробиота кишечника и метаболический синдром. *Экспериментальная и клиническая гастроэнтерология.* 2020;183(11): 11-9. DOI: 10.31146/1682-8658-ecg-183-11-11-19.
11. Душина Т.С., Суплотова Л.А., Кляшев С.М., Николенко М.В., Дороднева Е.Ф. Особенности взаимосвязи параметров микробиоты кишечника с клиническими и биохимическими показателями у лиц с ожирением молодого возраста. *Проблемы Эндокринологии.* 2024;70(4): 84-93. DOI: 10.14341/probl13454.
12. Покровская Е.В., Шамахалова М.Ш., Шестакова М.В. Новые взгляды на состояние кишечной микробиоты при ожирении и сахарном диабете 2 типа. *Сахарный диабет.* 2019; 22(3): 253-62. DOI: 10.14341/DM10194.
13. Егшатян Л.В., Кушханашхова Д.А., Ермилова Е.С., Аскерханов Р.Г. Микробиота кишечника у пациентов с ожирением и после бariatрических операций. *Эндокринная хирургия.* 2019;13(1): 5-16. DOI: 10.14341/serg10112.

REFERENCES

- 
1. Safaei M., Sundararajan E.A., Driss M., Boulila W., Shapi'i A. A systematic literature review on obesity: understanding the causes & consequences of obesity and reviewing various machine learning approaches used to predict obesity. *Comput. Biol. Med.* 2021; 136: 104754. DOI: 10.1016/j.combiomed.2021.104754.
 2. Bray G.A. Evaluation of obesity. Who are the obese? *Postgrad Med.* 2003; 114(6): 19-27, 38. DOI: 10.3810/pgm.2003.12.1544.
 3. Fan Y., Pedersen O. Gut microbiota in human metabolic health and disease. *Nat. Rev. Microbiol.* 2021; 19(1): 55-71. DOI: 10.1038/s41579-020-0433-9.
 4. Sender R., Fuchs S., Milo R. Revised estimates for the number of human and bacteria cells in the body. *PLoS Biol.* 2016; 14(8): e1002533. DOI: 10.1371/journal.pbio.1002533.
 5. Vázquez-Bolea N., Navas-Carretero S. & Cuervo M. Childhood obesity, dietary patterns and gut microbiota: a narrative review. *J. Physiol. Biochem.* 2026; 82(1). DOI: 10.1007/s13105-026-01142-w.
 6. Puca P., Petito V., Laterza L., Lopetuso L.R., Neri M., Del Chierico F., Boskoski I., Gasbarrini A., Scaldaferri F. Bariatric procedures and microbiota: patient selection and outcome prediction. *Ther. Adv. Gastrointest. Endosc.* 2021; 20(14): 26317745211014746. DOI: 10.1177/26317745211014746.
 7. Tilg H., Adolph T.E. Influence of the human intestinal microbiome on obesity and metabolic dysfunction. *Current Opinion in Pediatrics.* 2015; 27(4): 496-501. DOI: 10.1097/MOP.0000000000000234.
 8. Tokarek J., Gadzinowska J., Mlynarska E., Franczyk B., Rysz J. What is the role of gut microbiota in obesity prevalence? A Few words about gut microbiota and its association with obesity and related diseases. *Microorganisms.* 2021; 10(1): 52. DOI: 10.3390/microorganisms10010052.
 9. Voroshilina E.S., Moskvina M.V., Kirillov M.Yu., Ogneva L.V., Donnikov A.E., Itani T.M. et al. Fundamental principles of modern approaches to the assessment of the intestinal microbiota of children. *Neonatologiya: novosti, mneniya, obuchenie.* 2023; 11(3): 47-59. DOI: 10.33029/2308-2402-2023-11-3-47-59. (in Russian)
 10. Grinevich V.B., Radchenko V.G. Gut microbiota and metabolic syndrome. *Eksperimental'naya i klinicheskaya gastroenterologiya.* 2020; 183(11): 11-9. DOI: 10.31146/1682-8658-ecg-183-11-11-19. (in Russian)
 11. Asadi A., Shadab Mehr N., Mohamadi M.H., Shokri F., Heidary M., Sadeghfard N., Khoshnood S. Obesity and gut-microbiota-brain axis: A narrative review. *J. Clin. Lab. Anal.* 2022; 36(5): e24420. DOI: 10.1002/jcla.24420.
 12. Tanca A., Palomba A., Fiorito G., Abbondio M., Pagnozzi D., Uzzau S. Metaproteomic portrait of the healthy human gut microbiota. *NPJ Biofilms Microbiomes.* 2024; 10(1): 54. DOI: 10.1038/s41522-024-00526-4.
 13. Lee J.S., Song W.S., Lim J.W., Choi T.R., Jo S.H. et al. An integrative multiomics approach to characterize anti-adipogenic and anti-lipogenic effects of *Akkermansia muciniphila* in adipocytes. *Biotechnol. J.* 2022; 17(2): e2100397. DOI: 10.1002/biot.202100397.

14. Yuan X., Chen R., Zhang Y., Lin X., Yang X., McCormick K.L. Gut microbiota of chinese obese children and adolescents with and without insulin resistance. *Front. Endocrinol. (Lausanne)*. 2021; 12: 636272. DOI: 10.3389/fendo.2021.636272.
15. Nie K., Ma K., Luo W., Shen Z., Yang Z., Xiao M., Tong T., Yang Y., Wang X. Roseburia intestinalis: A beneficial gut organism from the discoveries in genus and species. *Front. Cell Infect. Microbiol.* 2021; 22(11): 757718. DOI: 10.3389/fcimb.2021.757718.
16. Kim J.Y., Whon T.W., Lim M.Y., Kim Y.B., Kim N., Kwon M.S. et al. The human gut archaeome: identification of diverse haloarchaea in Korean subjects. *Microbiome*. 2020; 8(1):114. DOI: 10.1186/s40168-020-00894-x.
17. Dushina T.S., Suplotova L.A., Klyashev S.M., Nikolenko M.V., Dorodneva E.F. Features of the relationship of intestinal microbiota indicators with clinical and biochemical parameters in obese young people. *Problemy endokrinologii*. 2024; 70(4): 84-93. DOI: 10.14341/probl13454. (in Russian)
18. Pokrovskaya E.V., Shamkhalova M.S., Shestakova M.V. The new views on the state of the gut microbiota in obesity and diabetes mellitus type 2. *Sakharnyi diabet*. 2019; 22(3): 253-62. DOI: 10.14341/DM10194. (in Russian)
19. Egshatyan L.V., Kushkhanashkhova D.A., Ermilova E.S., Askerhanov R.G. Gut microbiota in obese patients and after bariatric surgery. *Endokrinnaya khirurgiya*. 2019; 13(1): 5-16. DOI: 10.14341/serg10112. (in Russian)
20. Park M., Joung M., Park J.H., Ha S.K., Park H.Y. Role of postbiotics in diet-induced metabolic disorders. *Nutrients*. 2022; 14(18): 3701. DOI: 10.3390/nu14183701.

ЭКОЛАБ
красота и здоровье

реклама

Эпимед ЭКОлаб

Спрей для наружного
и местного применения

Интимное здоровье
ДО и ПОСЛЕ



ИИН 503025076 ОГРН 1055001706988
АО «ЭКОЛАБ»
142530, Московская обл., г. Домодедово, ул. Булатного, д. 1



Покупайте
на маркетплейсах

ИМЕЮТСЯ ПРОТИВОПОКАЗАНИЯ
ПРОКОНСУЛЬТИРУЙТЕСЬ СО СПЕЦИАЛИСТОМ