

МЕТАБОЛИЧЕСКАЯ АКТИВНОСТЬ МИКРОБИОТЫ КИШЕЧНИКА У БОЛЬНЫХ ИШЕМИЧЕСКОЙ БОЛЕЗНЬЮ СЕРДЦА

Очилдиев Жасурбек Захиджан угли
АГМИ, Мастер Терапии

Жураева М. А.
Т.ф.д Доцент

Аннотация:

В тезисе представлен обзор публикаций в отечественной и зарубежной литературе, посвященный современным взглядам на роль метаболитов микробов кишечника как факторов риска возникновения сердечно-сосудистых заболеваний. Технические возможности последнего десятилетия позволили достаточно точно охарактеризовать кишечную микробиоту, что способствовало более глубокому пониманию происходящих процессов при развитии ряда заболеваний и установить, что на исход их лечения влияют выраженные изменения в составе, разнообразии и метаболической активности микробиоты кишечника человека.

Ключевые слова: кишечная микробиота, биоразнообразие, микробные метаболиты, заболевания сердца, заболевания сосудов.

ВВЕДЕНИЕ

Современные молекулярно-генетические методы изучения микробиоты кишечника позволили установить тесную связь между качественным и количественным составом микроорганизмов, населяющих кишечник и возникновением различных заболеваний [1, 2, 3]. В то же время, сложные взаимодействия между макроорганизмом и микробными агентами полностью не изучены; установление только микробных генотипов не может прояснить фенотипическую экспрессию, поэтому для изучения этой связи необходимо использование новых методик (метатранскриптомики, метапротеиномики, метаболомики) [4].

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Жизненный цикл человека предполагает наличие ряда динамичных равновесных состояний, каждое из которых в определенной степени ограничивает другие. Это возможно благодаря фрактальной природе биологических сообществ, в структуре которых экосистемы встроены одна в другую, что обеспечивает стабильность и жизнеспособность биологического организма в целом. Подобная структура создает условия для коэволюции конкурирующих организмов (например, хозяина и микроорганизма), которые в определенной ситуации могут привести к уничтожению одного из них. Но эволюционно стабильная система не является абсолютно фиксированной.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Человеческий организм является обладателем громадного количества микроорганизмов, число которых в десятки раз превышает количество человеческих клеток. Бактериальная микробиота человека характеризуется разнообразием видов и штаммов, отражая биологическую неоднородность его организма. Биологическое разнообразие – это термин, который описывает разнообразие живых организмов на Земле, степень изменения жизни, включая микроорганизмы, растения, животных, экосистемы и представляет собой богатство доступных для нас биологических ресурсов. В биоразнообразии каждый вид играет важную роль. При уменьшении биологического разнообразия многочисленные взаимосвязи ослабевают, а иногда разрушаются, что наносит вред всем видам в экосистеме, изменяя ее баланс (загрязнение окружающей среды, изменение климата), влияя на биологические ресурсы (многообразие видов, экосистем, генов), снижая социальную пользу (уровень образования, научных исследований, культурных ценностей). За последние сто лет биоразнообразие во всем мире резко сократилось, что связывают с антропогенным влиянием. Исчезновение определенных микроорганизмов из микробиоты человека может иметь нежелательные последствия и способствовать распространению целого ряда заболеваний [18].

Уже в начале 21 века было установлено, что различия в составе кишечной микробиоты в неонатальном периоде могут предшествовать развитию атопии:



дети с аллергическим дерматитом имели больше клостридий и меньше бифидобактерий в кишечной микробиоте, чем здоровые младенцы [19, 20, 21], а микробо-ассоциированные метаболиты неонатальной кишечной микробиоты могут представлять собой важный доступ к расшифровке фенотипа иммунных клеток в раннем возрасте, связанного с отсроченным развитием болезни [22]. Нарушения состава микробиома кишечника могут вызывать изменения функции различных органов; но, в свою очередь, острые или хронические заболевания органов и систем могут влиять на состав и физиологию микробиома кишечника. Так сформировалось понятие двунаправленной оси

«микробиом кишечника – орган макроорганизма» (оси кишечник – легкое, кишечник-мозг, кишечник-почки и др.) [5, 6, 23, 24, 25].

Исследования микробиоты человека, особенно кишечника, стали одним из самых инновационных направлений в изучении механизма развития различных заболеваний [26, 27]. Эквilibrium (стабильность и разнообразие) микробиоты в нормальных физиологических условиях поддерживается симбиотическими взаимоотношениями сотен видов бактерий с клетками макроорганизма, что играет ключевую роль в обеспечении активной функции экосистемы человека. Комменсальные микроорганизмы (живущие в тесной взаимосвязи с макроорганизмом без причинения вреда), как правило, приносят пользу хозяину. Они регулируют врожденные и адаптивные иммунные ответы, влияют на порог активации патогенных стимулов в большей степени за счет малых молекул, которые опосредуют взаимодействие хозяин-микроорганизм. Тем самым они предотвращают колонизацию патогенными видами [1, 18, 28].

Отмечено, что уменьшение видового разнообразия микробиома представляет риск для здоровья, и в ряде работ показано, что сокращение видового разнообразия нередко связано с сердечнососудистой патологией (ССП) [29, 30, 31].

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Исследования последних лет показали влияние патологически изменённого состава кишечной микробиоты на состояние здоровья. Метаболиты микробов



кишечника считаются новыми факторами риска возникновения сердечно-сосудистых заболеваний и преждевременной смерти. Доказана связь между концентрациями кишечных микробных метаболитов в крови, триметиламин-N-оксида и его предшественников с возникновением нарушений со стороны сердечно-сосудистой системы. Большое значение имеет более глубокое понимание роли микробиома кишечника, продуктов его метаболизма как факторов риска возникновения ССП, что открывает новые возможности в лечении заболеваний сердечно-сосудистой системы с использованием манипуляции составом микробиоты и ее функцией.

ЛИТЕРАТУРЫ

1. Ellis CL, Bokulich NA, Kalanetra KM, Mirmiran M, Elumalai J, Haapanen L, et al. Probiotic administration in congenital heart disease: a pilot study. J Perinatol: Off J Calif Perinat Assoc. 2013; 33(9): 691–7.
2. Белоусова Е.А. Возможности лактозулы в коррекции нарушений кишечной микрофлоры / Е.А. Белоусова, Н.А. Морозова // Фарматека. – 2018. – № 1.
3. Щербова З.Р. Немедикаментозные методы коррекции дисбиоза кишечника в компенсации нарушения липидного обмена: Дис. канд. мед. наук З.Р. Щербова – М., 2014.
4. Бондаренко В.М. Стабилизирующее действие метаболитного пробиотика хилак форте на нормальную микрофлору кишечника / В.М. Бондаренко // Фарматека. – 2015. – № 1. – С. 36–43.