

Влияние лактобактерий на состав микробиома кишечника мышей

Научный руководитель – Кокина Анастасия Васильевна

Зотова У.С.¹, Резникова К.А.²

1 - Воронежский государственный университет, Воронеж, Россия, E-mail: ulyusa000@gmail.com;

2 - Воронежский государственный университет, Воронеж, Россия, E-mail:
ms.reznikova1998@mail.ru

Желудочно-кишечный микробиом представляет собой разнообразный консорциум бактерий, архей, грибов, простейших и вирусов, которые обитают в кишечнике всех млекопитающих [1]. Изменения в желудочно-кишечном микробиоме связаны с заболеваниями у людей и животных, включая воспалительные заболевания кишечника, астму, ожирение, сердечно-сосудистые заболевания и т.д. Пробиотики и обогащенные ими продукты благотворно воздействуют на здоровье человека, восстанавливают баланс кишечной микрофлоры [2].

Нами был изучен микробиом кишечника самцов и самок мышей (*Mus musculus*) линии C57BL/6 при употреблении концентрата лактобактерий (*Str. thermophilus*, *L. acidophilus*, *L. plantarum*) в пищу в течение четырех недель. Преобладающие группы бактерий в кале мышей определяли методикой, описанной ранее [3], путем ПЦР-анализа в реальном времени с использованием 11 пар ген-специфичных праймеров к 16S рРНК.

В результате обработки и подсчета процентного содержания различных групп бактерий нам удалось установить различия в их количественном соотношении в микробиомах самцов и самок опытной и контрольной групп.

Спустя две недели приёма мышами лактобактерий в пищу были выявлены следующие различия между опытной и контрольной группами: уменьшилось на 0,35% количество бактерий типа *Candidatus Saccharibacteria*, на 1,37% бактерий типа *Verrucomicrobia*, на 0,11% бактерий класса *Betaproteobacteria* и на 12,15% бактерий рода *Bacteroidetes*, а также увеличилось на 14,73% число бактерий типа *Firmicutes*.

Спустя четыре недели мы наблюдали следующие изменения в микробиоме мышей: уменьшилось на 3,22% число бактерий рода *Verrucomicrobia* и на 11,8% бактерий рода *Bacteroidetes*, а также увеличилось на 0,08% количество бактерий рода *Deferribacteres*, на 0,47% у бактерий класса *Betaproteobacteria* и на 13,61% бактерий типа *Firmicutes*.

Таким образом, было показано, что при употреблении лактобактерий в микробиомах кишечника мышей значительно изменяется количество бактерий рода *Bacteroidetes* и типа *Firmicutes*, играющих важную роль в переваривании пищи, синтезе витаминов, обмене веществ, функционировании иммунной системы, воспалении и пролиферации клеток у человека и животных.

Источники и литература

- 1) Exercise and the Gut Microbiome: A Review of the Evidence, Potential Mechanisms, and Implications for Human Health / LJ Mailing [et al.] // Exerc Sport Sci Rev. – 2019. P. 75 – 85.
- 2) Prebiotics Reduce Body Fat and Alter Intestinal Microbiota in Children Who Are Overweight or With Obesity / AC Nicolucci [et al.] // Gastroenterology. – 2017. P. 711 – 722.

- 3) Use of 16S rRNA Gene-Targeted Group-Specific Primers for RealTime PCR Analysis of Predominant Bacteria in Mouse Feces / Yang Yun – Wen [et al.] // Appl Environ Microbiol. – 2004. P. 7220–7228.