

Биохимический профиль и микробиота кишечника при метаболическом синдроме

Научный руководитель – Шишкин Александр Николаевич

Котрова Анна Дмитриевна

Аспирант

Санкт-Петербургский государственный университет, Медицинский факультет,
Санкт-Петербург, Россия
E-mail: anna_hoh@mail.ru

Цель исследования. Рассмотреть качественный и количественный состав кишечной микробиоты у пациентов с метаболическим синдромом и его связь с биохимическими показателями крови.

Материалы и методы. Были отобраны и проанализированы образцы фекалий от 38 пациентов (средний возраст - $58,29 \pm 1,53$ лет), удовлетворявших критериям метаболического синдрома, которые составили основную группу, и 18 здоровых лиц (средний возраст - $54,94 \pm 1,78$ лет) контрольной группы. Исследование фекалий проводилось методом полимеразной цепной реакции в режиме реального времени (ПЦР-РВ). Для проведения ПЦР-РВ использовался набор реагентов «Колонофлор-16» (Россия).

Результаты. У пациентов с метаболическим синдромом выявлено статистически значимо меньшее значение общей бактериальной массы, относительно меньшее количество *Bifidobacterium spp.*, *Bacteroides fragilis group* и *Faecalibacterium prausnitzii* и повышенное количество *Parvimonas micra* по сравнению с пациентами контрольной группы. Статистически значимые отрицательные корреляционные связи между количеством *Enterococcus spp* и уровнем триглицеридов (ТГ) и липопротеинов высокой плотности (ЛПВП), между значением *Enterobacter spp.* / *Citrobacter spp* и уровнем общего холестерина, а также положительные корреляционные связи между уровнями ТГ, ЛПВП, С-реактивного белка и значением *Enterobacter spp.* / *Citrobacter spp* указывают на вероятную роль данных бактерий в формировании метаболического профиля пациентов с метаболическим синдромом.

Заключение. Анализ качественного и количественного соотношения бактерий кишечника у пациентов с метаболическим синдромом позволяет иначе взглянуть на патогенетические факторы развития метаболического синдрома, что дает возможность разработать новые подходы к профилактике и лечению метаболических нарушений. Для уточнения выявленных корреляций требуется дальнейшее изучение с большим числом образцов и использованием метагеномного анализа.