

ИЗУЧЕНИЕ КИШЕЧНОГО МИКРОБИОМА ДОЛГОЖИТЕЛЕЙ КАЗАХСТАНА: ПИЛОТНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

Кушугулова А.Р.¹, Уразова М.С.¹, Кожаметов С.С.¹, Садуахасова С.А.¹, Какимова А.Б.¹,
Хасенбекова Ж.Р.¹, Кажыбаев А.К.¹

¹*National Laboratory Astana, Nazarbayev University (Астана, Казахстан)*
akushugulova@nu.edu.kz

Введение: Микрофлора стареющего организма, обладающего меньшей сопротивляемостью и способностью к компенсаторным реакциям, может выступать и как фактор агрессии. Этот фактор играет решающую роль в развитии колоректального рака, который в Казахстане стоит на третьем месте по распространенности среди всех онкологических заболеваний.

Цель работы: Изучить возрастные изменения микрофлоры людей, проживающих на территории Казахстана в контексте предрасположенности к развитию колоректального рака.

Методы: Суммарная ДНК выделялась из образцов фекалий с помощью набора для выделения ДНК PowerSoil DNA isolation kit (MoBio Inc., USA). Фрагмент гена 16S рPHK, выделенного из суммарной ДНК, был амплифицирован с помощью 16S праймеров. После было проведено лигирование желаемого гена в высоко копиянные плазмидные векторы и затем трансформация данных плазмидных векторов в компетентные клетки *E.coli*. С помощью секвенирования было проанализировано около 200 клонов из каждого образца. Эти клоны являлись фрагментами гена 16S рPHK. Секвенирование полученных образцов проводили на 3730 XL DNA Analyzer (Applied Biosystems, США). Полученные данные были проанализированы с помощью программного обеспечения SequenceScanner v 1.0 и базы данных BLAST NCBI.

Результаты: Был изучен композиционный состав кишечного микробиома долгожителей – лиц старше 90 лет, в количестве 6 человек. Также для сравнения был изучен видовой состав кишечного микробиома в группе, которую составили люди в возрасте 50-60 лет. Изучение видоразнообразия кишечной микрофлоры позволило идентифицировать всего 212 видов. Основу кишечного микробиома подвергшихся исследованию казахстанцев составили *Bacteroides* sp., *Acetanaerobacterium* sp., *Acidovorax* sp., *Alloprevotella* sp., *Alistipes* sp., *Bacteroides* sp., *Clostridium* sp., *Eubacterium* sp., *Ruminococcus* sp., *Bifidobacterium* sp. Независимо от возраста были идентифицированы два основных бактериальных энтеротипа кишечного микробиома: *Bacteroidetes* и *Firmicutes*, с преобладанием *Firmicutes* в группе сравнения. В группе долгожителей был выявлен самый высокий процент бактерий семейства *Tenericutes*.

Выводы: Две группы данного исследования имели различия в структуре кишечного микробиома. Видовое разнообразие в группе 50 -60 лет было выше, чем в группе долгожителей. Были выявлены основные энтеротипы: *Bacteroidetes* и *Firmicutes*. Однозначно, развитие заболеваний желудочно-кишечного тракта (ЖКТ) у лиц пожилого и старческого возрастов происходит на фоне общего снижения видового разнообразия микрофлоры кишечника и возможно является следствием данного процесса. Поэтому в профилактических целях целесообразно включение в рацион пожилых людей пробиотиков и/или функциональных продуктов питания, способствующих нормализации и поддержанию нормальной микрофлоры ЖКТ с целью предотвращения развития колоректального рака.