



Научная статья

## ОСОБЕННОСТИ МИКРОБИОМА КИШЕЧНИКА КАК ФАКТОР ВЛИЯНИЯ НА РИСК РАЗВИТИЯ ОЖИРЕНИЯ И ЕГО ОСЛОЖНЕНИЙ

О.О. Бредихина, И.В. Аверьянова

Научно-исследовательский центр «Арктика» Дальневосточного отделения Российской академии наук (НИЦ «Арктика» ДВО РАН), Российская Федерация, 685000, г. Магадан, пр. Карла Маркса, 24

*Избыточная масса тела и ожирение представляют собой глобальную медико-социальную проблему. Современные данные свидетельствуют о значимой роли микробиома кишечника в модуляции энергетического обмена и патогенезе ожирения, при этом региональные особенности функциональных характеристик здорового микробиома остаются малоизученными.*

*Изучены особенности микробиома толстого кишечника у мужчин среднего возраста с учетом вариабельности индекса массы тела (ИМТ). Методом ПЦР-анализа проведена оценка качественного и количественного состава микробиома толстого кишечника у мужчин, постоянно проживающих в Магаданской области. Участники были стратифицированы на две группы в соответствии с критериями ИМТ: с нормальной массой тела и избыточной массой тела / ожирением.*

*Анализ индекса встречаемости выявил значимые межгрупповые различия в составе микробиоты: у мужчин с избыточной МТ реже, чем в выборке с нормальной массой тела, фиксировались *Enterococcus* spp. (на 20 %), *Blautia* spp. (на 20 %), *Streptococcus* spp. (на 27 %), *Ruminococcus* spp. (на 23 %), и *Acinetobacter* spp. (на 10 %) и чаще – *Prevotella* spp. (на 20 %). Установлено, что у лиц с избыточной массой тела отмечается увеличение доли филума *Bacteroidetes* и снижение *Firmicutes*, несмотря на рост *Lactobacillus* spp., наблюдаемый на фоне несколько более низкого микробиологического разнообразия толстого кишечника, тогда как лица с нормальной МТ характеризуются преобладанием *Bifidobacterium* spp.*

*Проведенное исследование выявило четкую ассоциацию между изменениями микробиоты кишечника у обследуемых двух групп и особенностями питания, характерными для «западной диеты». Наиболее выраженные дисбиотические нарушения наблюдались в группе с избыточной массой тела, где отмечался значительный дисбаланс макронутриентов – дефицит белка и пищевых волокон на фоне избыточной доли потребления моно-, дисахаридов.*

*Выявленные различия в составе микробиоты между лицами с нормальной и избыточной массой тела позволяют предположить возможность использования микробиотического профиля в качестве дополнительного индикатора риска развития ожирения. Полученные данные согласуются с современными представлениями о влиянии рациона питания на микробиоценоз кишечника, а также подчеркивают необходимость дальнейшего изучения характеристик здорового микробиома для разработки персонализированных подходов для улучшения качества жизни.*

**Ключевые слова:** микриом, толстый кишечник, избыточная масса тела, ожирение, питание, ИМТ, мужчины, Магадан.

Современные эпидемиологические данные свидетельствуют о глобальном характере пандемии ожирения: с 1975 г. распространенность этой патологии возросла втрое, а к 2030 г. прогнозируется, что ожирением будут страдать 18 % взрослого населения планеты. Последствия ожирения имеют метаболический, анатомо-функциональный и психологический характер, значительно влияя на качество

жизни человека, при этом демонстрируя нелинейную связь со смертностью [1, 2]. Избыточная масса тела (предожирение) является начальной ступенью развития ожирения, которая, как правило, с увеличением возраста ведет к дальнейшему накоплению избыточной массы тела и риску развития ассоциированных заболеваний. Стоит отметить, что ожирение может являться «пусковым» патофизиологиче-

© Бредихина О.О., Аверьянова И.В., 2025

**Бредихина Ольга Олеговна** – младший научный сотрудник лаборатории физиологии экстремальных состояний (e-mail: oalesina597@gmail.com; тел.: 8 (964) 236-71-62; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5718-5398>).

**Аверьянова Инесса Владиславовна** – доктор биологических наук, профессор ДВО РАН, заведующий лабораторией, главный научный сотрудник лаборатории физиологии экстремальных состояний (e-mail: Inessa1382@mail.ru; тел.: 8 (924) 691-11-46; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4511-6782>).

ским механизмом развития таких хронических заболеваний, как сахарный диабет 2-го типа, гипертония и онкология [3].

Современные исследования все больше внимания уделяют роли микробиоты кишечника в развитии ожирения, несмотря на многофакторную природу данного нарушения. Установлено, что основные компоненты микробиологического сообщества, такие как состав, разнообразие, функциональные пути, могут являться предрасполагающими факторами для развития ожирения и связанных с ним заболеваний [4], а их метаболиты способны модулировать метаболические пути человека [5].

В результате длительной коэволюции между человеком и его микробиотой сформировались тесные симбиотические отношения, благодаря которым микробное сообщество кишечника приобрело способность существенно влиять на ключевые физиологические функции, включая энергетический и метаболический обмены, формирование иммунной системы, поддержание кишечного барьера и регуляцию перистальтики кишечника [6]. Многочисленные исследования демонстрируют, что снижение разнообразия микробиоты ассоциировано с повышенными значениями индекса массы тела (ИМТ) и жировой массы, а также с развитием инсулинорезистентности, дислипидемии и системного воспаления, что подтверждается повышенным уровнем провоспалительных маркеров [7].

Многочисленные исследования подтверждают, что как разнообразие и состав кишечного микробиома, так и обилие и присутствие отдельных видов бактерий могут способствовать развитию ожирения [8–10], что позволяет рассматривать дисбиотические изменения кишечной микробиоты как значимый фактор риска развития ожирения и связанных с ним осложнений [11].

**Цель исследования** – изучение микробиоты толстого кишечника в зависимости от категории ИМТ в группе мужчин Магаданской области для формирования представлений о роли микробиоты кишечника в патогенезе избыточной массы тела и ожирения.

**Материалы и методы.** В исследовании, проведенном на базе НИЦ «Арктика» ДВО РАН, приняли участие 24 мужчины – уроженцы Магаданской области из числа европеоидов, у которых оценивали состояния микробиома толстого кишечника. Средний возраст обследуемой группы составил  $39,1 \pm 1,0$  года, антропометрические характеристики были следующими: длина тела –  $178,9 \pm 1,4$  см, масса тела –  $82,6 \pm 2,3$  кг, ИМТ –  $25,8 \pm 0,7$  кг/м<sup>2</sup>.

Антропометрические измерения проводились с использованием стандартизированных методик. Длина тела (ДТ, см) измерялась настенным ростом с точностью  $\pm 0,5$  см в положении стоя. Масса тела (МТ, кг) определялась на сертифицированных медицинских весах BOSCH PPW 2360 (Китай) с точностью  $\pm 0,1$  кг утром натощак. Исходя из полу-

ченных данных, был рассчитан индекс массы тела (ИМТ, кг/м<sup>2</sup>), ранжирование результатов проводилось согласно рекомендациям Всемирной организации здравоохранения (ВОЗ), где ИМТ  $< 18,5$  кг/м<sup>2</sup> – дефицит массы тела,  $18,5$ – $24,9$  кг/м<sup>2</sup> – нормальная масса тела,  $25$ – $29,9$  кг/м<sup>2</sup> – избыточная масса тела и ИМТ  $> 30$  кг/м<sup>2</sup> – ожирение [12].

Анализ биоматериала (кал) для оценки состояния микробиоценоза толстого кишечника был выполнен на базе лаборатории ООО «Юнилаб-Хабаровск» методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) с флуоресцентной детекцией результатов амплификации в режиме реального времени («Колонифлор-16 (Метаболизм)») (ООО «Альфалаб», Россия). Оценка микробиома проведена по 9 представителям толстого кишечника: *Lactobacillus* spp., *Bifidobacterium* spp., *Bacteroides* spp., *Enterococcus* spp., *Blautia* spp., *Acinetobacter* spp., *Streptococcus* spp., *Prevotella* spp., *Ruminococcus* spp. Для идентификации ДНК использовались специфичные для каждой группы или вида бактерий смеси для амплификации, интерпретация результатов проведена при помощи программного обеспечения от производителя набора. Сбор биоматериала проводился обследуемыми самостоятельно, согласно общепринятым рекомендациям, в утренние часы.

Для оценки частоты встречаемости таксонов микроорганизмов в исследуемых выборках был рассчитан индекс постоянства ( $C$ , %) по формуле:  $C = (n_i / N) \cdot 100$  %, где  $n_i$  – количество обследуемых с выявленным  $i$ -м видом микроорганизма,  $N$  – общее число обследуемых. На основании полученных значений все микроорганизмы были классифицированы на три категории: доминирующие ( $C > 50$ ), добавочные ( $50 < C < 25$ ) и транзитные ( $C < 25$ ).

Для оценки нутритивного статуса и типа питания проводился анализ суточных рационов с использованием программы «АСПОН-питание» (г. Санкт-Петербург), который заключался в ведении суточного дневника питания в течение 3 дней (будни) с последующим вычислением среднего значения макронутриентного состава питания. С использованием данной программы были проанализированы следующие компоненты суточного рациона: белки (г), жиры (включая сумму жиров растительного и животного происхождения) (г), углеводы (г) с выделением моно-, дисахаридов и полисахаридов.

Критерии включения в исследование: мужской пол, соответствие возрастному критерию (2-й средний возраст), отсутствие жалоб на состояние здоровья и нарушения функций пищеварительного тракта на момент исследования. Критерии исключения: наличие хронических заболеваний желудочно-кишечного тракта, прием антибиотиков в течение последних 3 месяцев.

Протокол исследования был одобрен локальным этическим комитетом Федерального государственного бюджетного учреждения науки Научно-исследовательского центра «Арктика» Дальнево-

сточного отделения Российской академии наук (заключение № 002/021 от 26.11.2021). У всех обследуемых было получено письменное информированное согласие для включения в исследование.

Статистический анализ результатов исследования проводили стандартными методами математической статистики в программе Statistica 7.0. Проверку нормальности распределения количественных показателей осуществляли с помощью критерия Шапиро – Уилка. В зависимости от типа распределения данные представлены в следующем виде: для параметрических переменных – среднее арифметическое  $\pm$  стандартная ошибка среднего ( $M \pm m$ ); для непараметрических переменных – медиана с межквартильным размахом [ $Me$  ( $Q_1$ ;  $Q_3$ )]. Для сравнения независимых выборок применяли:  $t$ -критерий (для параметрических данных) и  $U$ -критерий Манна – Уитни (для непараметрических данных). Для установления силы взаимного влияния анализируемых показателей в выборке применяли метод корреляции Спирмена с учетом силы связи статистически значимых коэффициентов корреляции при  $p < 0,05$ . Интерпретация силы корреляционных связей проводилась на основании общепринятых критериев: при значении коэффициента корреляции  $0 < r < 0,25$  связь между признаками оценивалась как слабая; при  $0,25 < r < 0,50$  – средней степени; при  $0,50 < r < 0,75$  – сильная; при  $0,75 < r < 1$  – как очень сильная степень связи. Анализ различия частот ин-

декса встречаемости проводился с использованием критерия  $\chi^2$  с поправкой Йетса.

**Результаты и их обсуждение.** Для оценки микробиоценоза толстого кишечника людей в зависимости от ИМТ анализируемая выборка разделена на две группы: 1-я – нормальная масса тела (ИМТ – 18,5–24,9 кг/м<sup>2</sup>),  $n = 10$ ; 2-я – избыточная масса тела (ИМТ  $\geq 25$  кг/м<sup>2</sup>),  $n = 14$ . В табл. 1 представлены основные демографические и антропометрические характеристики анализируемых групп в зависимости от категории ИМТ. Группы не имели статистически значимых различий по возрасту, полу и длине тела, но значительно различались по массе тела и ИМТ, что в полной мере соответствовало критериям стратификации.

Количественные показатели исследуемых родов микроорганизмов в группах с нормальной и избыточной массой тела, а также значения индекса встречаемости представлены в табл. 2. Проведенный анализ выявил значимое снижение содержания представителей родов *Lactobacillus* spp., *Bifidobacterium* spp. и *Blautia* spp., по сравнению с референсными значениями в обеих исследуемых группах мужчин Магаданской области, что свидетельствует о наличии дисбиотических изменений. Количественные показатели остальных таксонов у представителей двух групп соответствовали нормативным диапазонам на фоне отсутствия избыточного роста условно-патогенных микроорганизмов.

Таблица 1

Основные демографические и антропометрические характеристики анализируемых групп

Показатель	ИМТ – 18,5–24,9 кг/м <sup>2</sup> ( $n = 10$ )	ИМТ $\geq 25,0$ кг/м <sup>2</sup> ( $n = 14$ )	Уровень значимости различий
Возраст, лет	38,0 $\pm$ 1,7	40,5 $\pm$ 1,2	$p = 0,257$
Длина тела, см	180,3 $\pm$ 2,5	178,4 $\pm$ 1,3	$p = 0,490$
Масса тела, кг	74,5 $\pm$ 2,7	91,0 $\pm$ 2,9	$p < 0,001$
ИМТ, кг/м <sup>2</sup>	22,9 $\pm$ 0,5	28,5 $\pm$ 0,8	$p < 0,001$

Таблица 2

Сравнительная характеристика микробиоты толстого кишечника у мужчин с различными значениями ИМТ

Микроорганизм	Референс	ИМТ – 18,5–24,9 кг/м <sup>2</sup>		ИМТ $\geq 25,0$ кг/м <sup>2</sup>		Уровень значимости различий
		Lg, КОЕ/г	C, %	Lg, КОЕ/г	C, %	
<i>Lactobacillus</i> spp.	7–8	4,7 $\pm$ 0,3	100	5,4 $\pm$ 0,2	100	$p = 0,046$
<i>Enterococcus</i> spp.	$\leq 8$	0,0 (0,0; 5,0)	40	0,0 (0,0; 0,0)	20	$p = 0,989$
<i>Blautia</i> spp.	8–10	0,0 (0,0; 7,0)	40	0,0 (0,0; 0,0)	20	$p = 0,147$
<i>Streptococcus</i> spp.	$\leq 8$	6,0 (4,5; 6,0)	80	5,0 (0,0; 5,8)	53	$p = 0,377$
<i>Ruminococcus</i> spp.	$\leq 11$	6,0 (0,0; 7,0)	70	4,5 (0,0; 5,8)	47	$p = 0,767$
<i>Bacteroides</i> spp.	9–12	10,5 $\pm$ 0,3	100	9,9 $\pm$ 0,3	100	$p = 0,171$
<i>Prevotella</i> spp.	$\leq 11$	8,0 (5,0; 9,0)	80	9,0 (8,0; 9,0)	100	$p = 0,048$
<i>Acinetobacter</i> spp.	$\leq 6$	6,0 (5,0; 6,0)	90	6,0 (6,0; 6,0)	80	$p = 0,693$
<i>Bifidobacterium</i> spp.	9–10	8,6 $\pm$ 0,3	100	7,8 $\pm$ 0,2	100	$p = 0,038$

Примечание: \* – указаны значимые отличия относительно референса; при нормальном распределении для описания показателей использованы среднее значение ( $M$ ) и его ошибка ( $m$ ), статистическая значимость различий определялась с помощью  $t$ -критерия Стьюдента для независимых выборок; при отсутствии нормального распределения данные представлены в виде медианы ( $Me$ ) и межквартильного размаха [ $Q_1$ ;  $Q_3$ ], статистическая значимость различий определялась с помощью  $U$ -критерия Манна – Уитни.

Сравнительный межгрупповой анализ выявил значимое преобладание *Lactobacillus* spp. и *Prevotella* spp., а также сниженное количество *Bifidobacterium* spp. в выборке мужчин с избыточной МТ, относительно мужчин с нормальной МТ.

Проведенный сравнительный анализ выявил существенные различия в индексе встречаемости представителей микробиоты между группами: в выборке обследуемых с избыточной МТ реже, чем в группе с ИМТ, соответствующим нормативным величинам, реже фиксируются *Enterococcus* spp. (на 20 %), *Blautia* spp. (на 20 %), *Streptococcus* spp. (на 27 %), *Ruminococcus* spp. (на 23 %), *Acinetobacter* spp. (на 10 %) и чаще – *Prevotella* spp. (на 20 %). Данные, полученные в результате исследования, свидетельствуют, что мужчины с ИМТ > 25,0 характеризуются меньшим микробиологическим разнообразием толстого кишечника, чем группа с нормальными значениями ИМТ. Корреляционный анализ между представленными родами микроорганизмов и ИМТ в общей группе позволил выявить наличие сильных ассоциаций ИМТ с родами *Streptococcus* spp. ( $r = -0,4$ ;  $p = 0,024$ ) и *Prevotella* spp. ( $r = 0,5$ ;  $p = 0,009$ ). Стоит отметить, что выявленные корреляционные взаимосвязи полностью согласуются с результатами межгруппового сравнения, представленными в табл. 2.

Дополнительно для двух анализируемых групп была рассчитана суммарная частота встречаемости родов в зависимости от филума (рисунок), что наглядно отражает изменения, происходящие в микробиологическом пейзаже толстого кишечника. В группе мужчин с избыточной массой тела состав филумов *Proteobacteria* (представитель: *Acinetobacter* spp.) практически не претерпевает изменений, тогда как *Bacteroidetes* (представители: *Bacteroides* spp. и *Prevotella* spp.) количественно увеличивается за счет значимого возрастания *Prevotella* spp. в группе лиц с избыточной МТ на фоне снижения филумов *Fir-*

*micutes* (представители: *Lactobacillus* spp., *Enterococcus* spp., *Blautia* spp., *Streptococcus* spp., *Ruminococcus* spp.) и *Actinobacteria* (представитель: *Bifidobacterium* spp.), несмотря на значимое возрастание в группе с ИМТ  $\geq 25,0$  бактерий рода *Lactobacillus* spp. Полученные данные отражают перестройку филумной структуры микробиоты, ассоциированную с ИМТ.

В табл. 3 представлены основные показатели макронутриентного состава рациона, а также доли вклада макронутриентов в суточный калораж в выборках мужчин с избыточной и нормальной массой тела. Полученные данные свидетельствуют, что рацион мужчин с избыточной массой тела характеризуется более низким потреблением белка (абсолютным и относительным), сниженным потреблением клетчатки, повышенной долей моно- и дисахаридов, наблюдаемыми на фоне тенденции к увеличению доли жиров и снижению потребления полисахаридов (крахмала).

Сравнительный межгрупповой анализ выявил значимое преобладание *Bifidobacterium* spp., а также сниженное количество *Lactobacillus* spp. и *Prevotella* spp., наблюдаемое при большем микробиологическом разнообразии толстого кишечника в выборке мужчин с нормальными значениями ИМТ (рисунок).

Анализ филумного состава микробиоты выявил значимые изменения в группе с избыточной массой тела: значимое возрастание доли *Bacteroidetes* за счет роста *Prevotella* spp. при одновременном снижении *Firmicutes* – несмотря на увеличение *Lactobacillus* spp. В группе с нормальным ИМТ сохранялось сбалансированное соотношение филумов с преобладанием *Firmicutes* и *Actinobacteria*. Полученные данные демонстрируют перестройку филумной структуры микробиоты, характеризующуюся: изменением соотношения *Bacteroidetes* / *Firmicutes*, дисбалансом между пробиотическими (*Bifidobacterium* spp.) и условно-

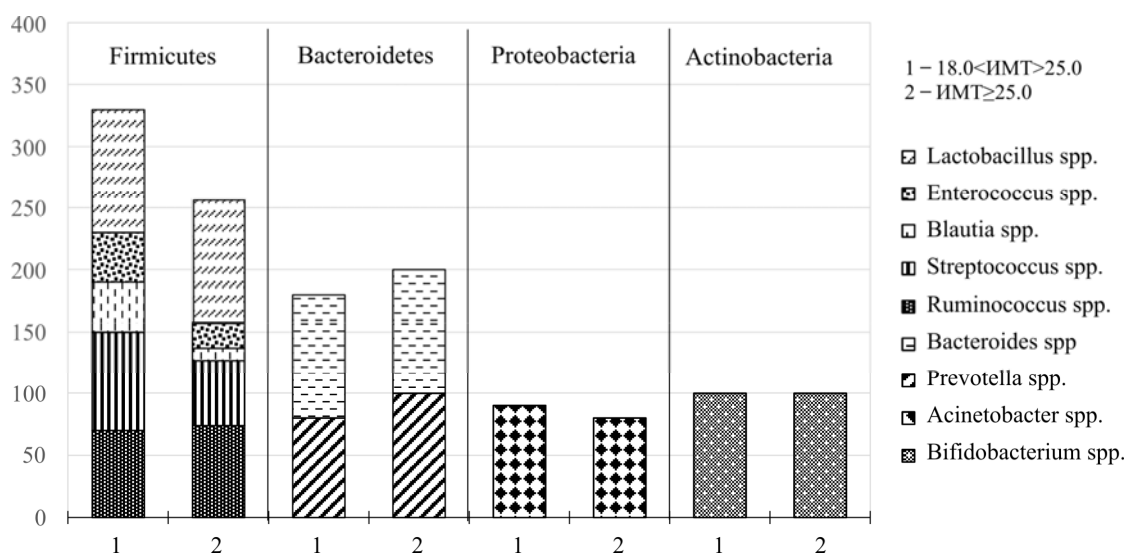


Рис. Изменение количественного состава различных филумов в зависимости от индекса массы тела

Таблица 3

Показатель макронутриентного состава рациона питания мужчин с избыточной и нормальной массой тела

Показатель	ИМТ 18,5–24,9 кг/м <sup>2</sup>	ИМТ ≥ 25,0 кг/м <sup>2</sup>	Уровень значимости различий
ИМТ, кг/м <sup>2</sup>	23,4 ± 0,3	29,0 ± 0,7	$p = 0,000$
Белки, г	106,4 ± 9,8	81,6 ± 7,1	$p = 0,048$
Белки, %	20,0 ± 1,2	16,1 ± 1,2	$p = 0,029$
Жиры, г	88,9 ± 6,9	97,2 ± 7,7	$p = 0,430$
Жиры, %	38,2 ± 1,5	43,0 ± 2,4	$p = 0,099$
Углеводы, г	224,9 ± 14,1	204,7 ± 14,6	$p = 0,240$
Углеводы, %	42,0 ± 2,42	41,2 ± 2,0	$p = 0,804$
Клетчатка, г	7,1 ± 0,5	4,8 ± 0,7	$p = 0,014$
Крахмал, г	152,9 ± 11,2	127,7 ± 9,9	$p = 0,099$
Крахмал, %	28,7 ± 1,2	25,1 ± 1,3	$p = 0,051$
Моно-, дисахариды, г	75,1 ± 9,2	82,7 ± 7,5	$p = 0,553$
Моно-, дисахариды, %	13,1 ± 0,5	16,0 ± 0,7	$p = 0,002$

патогенными (*Prevotella* spp.) таксонами и сохранением стабильности *Proteobacteria*. Анализ рациона мужчин выявил существенные различия между группами с нормальной и избыточной массой тела. Полученные результаты свидетельствуют, что рацион лиц с избыточной массой тела характеризуется нарушением баланса макронутриентов, дефицитом важных пищевых компонентов (белок, клетчатка) на фоне избыточного потребления моно-, дисахаридов. Современные исследования уделяют особое внимание влиянию доминирующих филумов кишечной микробиоты на развитие метаболических нарушений, включая ожирение. Известно, что основными колонизаторами кишечника являются бактерии типов *Firmicutes*, *Bacteroidetes* и в меньшей степени *Actinobacteria*, а ожирение и метаболические нарушения (как у животных, так и у людей) могут являться следствием их дисбаланса [13]. Многочисленные исследования свидетельствуют о возрастании соотношения *Firmicutes* / *Bacteroidetes* у лиц с ожирением [14–16], однако имеются противоречивые данные: некоторые исследования [17] отмечают обратную тенденцию, в то время как другие [18, 19] не выявляют значимых изменений этого соотношения в зависимости от величины ИМТ.

Актуальные исследования демонстрируют, что соотношение *Firmicutes* / *Bacteroidetes* служит динамичным и чувствительным индикатором пищевого режима, варьируясь в зависимости от соответствия калорийности рациона к индивидуальным энергопотребностям организма [20] ввиду того, что бактерии филума *Firmicutes* способны абсорбировать калории в толстом кишечнике, снижая их выведение с фекалиями, в связи с чем соотношение *Firmicutes* / *Bacteroidetes* отражает эффективность «захвата» калорий в кишечнике и усвоение пищевых калорий в целом [21].

Несмотря на отсутствие в нашем исследовании полной характеристики таксономического состава филумов, включенных в соотношение *Firmicutes* / *Bacteroidetes*, проведенный анализ позволяет выявить количественные изменения в представител-

стве отдельных родов кишечной микробиоты, ассоциированных с ИМТ. Филум *Bacteroides* в нашей работе представлен двумя родами, при этом его увеличение при росте ИМТ оказалось обусловлено исключительно значимым повышением численности *Prevotella* spp. К филуму *Firmicutes* относится 5 родов, из которых только *Lactobacillus* spp. возрастает по мере увеличения ИМТ, при этом выявленная тенденция к снижению численности остальных 4 родов данного филума привела к общему уменьшению представленности *Firmicutes* в группе с избыточной массой тела.

Известно, что микробиота кишечника может контролировать метаболические пути организма хозяина, а снижение ее разнообразия способствует нарушению метаболического гомеостаза. В ряде исследований на животных показано, что искусственное подселение нормальной флоры – *Lactobacillus* spp. и *Bifidobacterium* spp. – приводит к снижению уровня ожирения и уменьшает метаболические нарушения за счет оптимизации метаболизма хозяина [22–24]. Согласно исследованию корейских ученых, определенные штаммы *Bifidobacterium* были отрицательно ассоциированы с ожирением и метаболическим синдромом, где решающее значение принадлежит штамм-специфическим молекулярным механизмам, регулирующим метаболический гомеостаз [25]. В другой работе также отмечено, что повышение уровня *Bifidobacterium* spp. при использовании олигофруктозы способствует уменьшению массы тела, висцерального ожирения, а также провоспалительных цитокинов [26]. В систематическом обзоре [27] указано, что применение пребиотиков с *Bifidobacterium* приводило к снижению жировой массы, окружности талии и висцерального жира, но не ИМТ, при этом авторы предполагают, что применение пребиотиков с данным родом действительно может способствовать контролю над избыточной МТ и ожирением, но отмечают необходимость в проведении дальнейших исследований. Следует отметить, что наши результаты согласуются с вышеука-

занными выводами о дефиците бифидобактерий при метаболических нарушениях, так как указывают на значимое снижение содержания *Bifidobacterium* spp. у лиц с избыточной массой тела, по сравнению с группой нормального ИМТ. В группе с нормативными величинами ИМТ показатели численности *Bifidobacterium* spp. приближались к референсным значениям, тогда как у лиц с избыточной МТ наблюдалось выраженное уменьшение их содержания.

Помимо снижения *Bifidobacterium* spp., в нашем исследовании зафиксировано значимое увеличение содержания *Lactobacillus* spp. у мужчин с избыточной МТ по сравнению с группой с нормальным ИМТ. Данные изменения могут отражать адаптацию микробиоты к особенностям рациона, поскольку высокое потребление легкоусвояемых углеводов и жиров, выявленное в нашем исследовании у группы с ИМТ более 25 кг/м<sup>2</sup>, способствует росту представителей филума *Firmicutes*, к которому относится *Lactobacillus* [28]. Систематический обзор, включающий анализ 14 исследований, выявил противоречивое влияние представителей рода *Lactobacillus* на антропометрические показатели: в 9 из которых, напротив, выявлено снижение массы тела при увеличении представителей рода *Lactobacillus* spp., в двух отмечено увеличение данного антропометрического параметра, что соответствует нашим результатам, а в 3 исследованиях не выявлено значимых изменений [29]. Авторы связывают эти разнонаправленные результаты с штамм-зависимым действием *Lactobacillus*, что подтверждается исследованиями М. Million et al., в которых род *L. reuteri* был связан с профилем ожирения, а *L. gasseri* и *L. plantarum* – с профилем недостаточной массы тела [30]. Таким образом, влияние *Lactobacillus* на метаболизм определяется не только родовой принадлежностью, но и конкретными штаммовыми характеристиками, что требует уточнения в дальнейших исследованиях. Полученные данные позволяют предположить, что в двух анализируемых группах распространены различные виды рода *Lactobacillus* spp., а зафиксированные количественные значения могут быть обусловлены как индивидуальными особенностями каждого человека, типом питания, так и связаны с образом жизни и влиянием различных негативных внешних факторов. При этом выявленная в нашем исследовании тенденция к снижению численности остальных 4 родов данного филума *Firmicutes*, приводящая к общему уменьшению представленности *Firmicutes* в группе с избыточной массой тела, несомненно, требует дальнейшего изучения.

Дальнейший анализ роли филума *Firmicutes* в развитии ожирения выявил значимое снижение индекса встречаемости, а также тенденцию к снижению численности рода *Ruminococcus* spp. у лиц с избыточной массой тела по сравнению с группой с нормальным ИМТ. Следует подчеркнуть, что современные представления о влиянии *Ruminococcus* spp. на развитие ожирения остаются недостаточно изу-

ченными. Однако имеющиеся данные [31] свидетельствуют, что снижение численности данного рода отмечается при дисбиотических нарушениях и низком микробном разнообразии кишечника, что часто является характерным для людей с избыточной массой тела и ожирением и в полной мере соответствует результатам нашего исследования. Современные исследования демонстрируют в том числе и противоречивые данные о связи *Ruminococcaceae* с ожирением: так, ирландское исследование [32] выявило увеличение их представленности при высоком ИМТ, тогда как наши данные показывают обратную тенденцию. Однако, несмотря на противоречивые данные о взаимосвязи *Ruminococcaceae* с ИМТ, особое значение имеет установленный факт, что снижение относительной численности данного таксона ассоциировано с повышенным риском развития сердечно-сосудистой патологии у пациентов с ожирением, что, согласно результатам исследования, реализуется через усиленную активацию воспалительных путей и окислительного стресса [33].

Филум *Bacteroidetes* также представляет значительный научный интерес в контексте изучения механизмов развития ожирения. Проведенное исследование выявило следующие особенности таксономического состава *Bacteroidetes*: абсолютное количество представителей рода *Prevotella* spp. было значимо выше в группе мужчин с ИМТ > 25,0 кг/м<sup>2</sup> и встречалось в 100 % случаев против 80 % в выборке с нормальным ИМТ, при этом род *Bacteroides* spp. не имел статистически значимых межгрупповых различий в количественном содержании. Значимое возрастание рода *Prevotella* spp. у людей с избыточной массой тела находит подтверждение и в других исследованиях [34] и также подтверждается нашими результатами корреляционного анализа, в котором выявлена сильная положительная корреляционная связь *Prevotella* spp. с ИМТ. Также указывается, что питание с преобладанием углеводов и жиров может влиять на микробиоту кишечника, в результате чего отмечается недостаток *Bacteroides* spp., *Bifidobacterium*, *Lactobacillus* и *Akkermansia* и увеличение относительной численности *Prevotella* и *Methanobrevibacter*, что ведет к снижению экспрессии короткоцепочечных жирных кислот. Подобная тенденция является негативной, так как данные кислоты поддерживают целостность кишечного барьера, уменьшают экспрессию провоспалительных цитокинов и транслокацию бактерий, а также повышают производство гормонов, снижающих чувство голода [35].

В связи с тем что качественные и количественные изменения микробиоты кишечника часто связывают с типом питания и преобладанием различных нутриентов, была проведена оценка рациона питания мужчин среднего возраста Магаданской области в зависимости от значения ИМТ.

Проведенный анализ выявил, что питание обследованных мужчин в обеих группах характеризу-

ется отклонениями от рекомендуемых норм (МР 2.3.1.0253-21)<sup>1</sup> за счет повышенной доли потребления белков (16–20 % против нормы 10–12 %), жиров (> 30 %), а также сниженного содержания углеводов (< 56–58 %) на фоне достаточно высокой доли потребления моно-, дисахаридов (13–16 % против 10 %) и сниженного потребления клетчатки (4,8–7,1 против 20–25 г), что в полной мере соответствует критериям модели «западной диеты». Согласно данным, такой тип питания ассоциирован со специфическими изменениями микробиоты: с количественными снижениями родов *Lactobacillus* spp., *Bifidobacterium* spp., *Eubacterium* spp. и увеличением представителей *Bacteroidetes* spp.<sup>2</sup> [36], что полностью согласуется с результатами, полученными в нашем исследовании. Эти данные подчеркивают важность учета региональных особенностей рациона при интерпретации изменений микробиоты.

При этом проведенный межгрупповой анализ суточного рациона зрелых мужчин с различными значениями ИМТ выявил существенные различия: у лиц с избыточной массой тела зафиксирован дисбаланс макронутриентов, характеризующийся значимым снижением белка (абсолютным и относительным) и пищевых волокон при одновременном избытке моно-, дисахаридов. Эти данные сопоставимы с выявленными микробиотическими изменениями, в частности с преобладанием *Bifidobacterium* spp. в группе с нормальным ИМТ, что может объясняться более адекватным потреблением белка и клетчатки, однако механизмы других значимых различий требуют дальнейшего изучения с учетом региональных особенностей питания и образа жизни.

**Выводы.** Представлены результаты исследования особенностей микробиома кишечника у мужчин среднего возраста – уроженцев Магаданской области – с разными значениями индекса массы тела. Показано, что обследуемые с избыточной массой тела характеризуются значимо более низкими значениями рода *Bifidobacterium* spp. и более высокими *Lactobacillus* spp. и *Prevotella* spp. относительно мужчин с нормальной массой тела. Анализ филумного состава микробиоты позволил установить, что у мужчин при избыточной массе тела отмечается увеличение доли филума *Bacteroidetes* (за счет *Prevotella* spp.) и качественное снижение представителей *Firmicutes*, несмотря на рост *Lactobacillus* spp., наблюдаемые на фоне несколько более низкого микробиологического разнообразия толстого ки-

шечника. Проведенное исследование выявило статистически значимую сильную положительную ассоциацию *Prevotella* spp. с ИМТ, что отражает метаболическую активность указанного таксона и его потенциальную роль в развитии ожирения.

Анализ пищевого статуса позволил выявить характерные для «западной диеты» отклонения в обеих группах обследуемых мужчин (повышенное потребление животных жиров и белков при дефиците клетчатки и полисахаридов), причем наиболее выраженные дисбиотические нарушения наблюдались в группе с избыточной массой тела, где отмечался значительный дисбаланс макронутриентов – снижение белка (как в абсолютных значениях, так и в процентном соотношении) и пищевых волокон на фоне избыточной доли потребления моно-, дисахаридов, которые были значимо ассоциированы с качественными и количественными изменениями микробиоты толстого кишечника в зависимости от ИМТ.

Выявленные межгрупповые различия в составе микробиома кишечника у лиц с нормальной и избыточной массой тела позволяют предположить возможность использования микробиотного профиля в качестве прогностического маркера риска развития ожирения и его осложнений. Полученные результаты согласуются с современными научными данными о влиянии рациона в формировании микробиоценоза, где дисбаланс макронутриентов (особенно дефицит клетчатки и избыток моно- и дисахаридов) приводит к характерным изменениям в таксономической структуре. Особое значение имеет необходимость дальнейших исследований функциональных особенностей здорового микробиома, направленных на разработку регионально-адаптированных подходов к коррекции микробных нарушений с учетом специфики пищевого поведения и образа жизни.

**Финансирование.** Работа выполнена за счет бюджетного финансирования НИЦ «Арктика» ДВО РАН в рамках выполнения темы «Изучение межсистемных и внутрисистемных механизмов реакций в формировании функциональных адаптивных резервов организма человека «северного типа» на разных этапах онтогенеза лиц, проживающих в дискомфортных и экстремальных условиях, с определением интегральных информативных индексов здоровья» (рег. номер АААА-А21-121010690002-2) и при поддержке гранта губернатора Магаданской области.

**Конфликт интересов.** Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

<sup>1</sup> МР 2.3.1.0253-21. Нормы физиологических потребностей в энергии и пищевых веществах для различных групп населения Российской Федерации: Методические рекомендации / утв. Федеральной службой по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека 22 июля 2021 г. [Электронный ресурс] // ГАРАНТ.РУ: информационно-правовой портал. – URL: <https://www.garant.ru/products/ipo/prime/doc/402716140/> (дата обращения: 15.04.2025).

<sup>2</sup> The relation between diet and the gut microflora in man / B.S. Drasar, J.S. Crowther, P. Goddard, G. Hawksworth, M.J. Hill, S. Peach, R.E. Williams, A. Renwick // Proc. Nutr. Soc. – 1973. – Vol. 32, № 2. – P. 49–52. DOI: 10.1079/pns19730014

## Список литературы

1. Weight loss interventions on health-related quality of life in those with moderate to severe obesity: findings from an individual patient data meta-analysis of randomized trials / J. Buckell, X.W. Mei, P. Clarke, P. Aveyard, S.A. Jebb // *Obes. Rev.* – 2021. – Vol. 22, № 11. – P. e13317. DOI: 10.1111/obr.13317
2. Obesity in adults / I. Lingvay, R.V. Cohen, C.W. le Roux, P. Sumithran // *Lancet.* – 2024. – Vol. 404, № 10456. – P. 972–987. DOI: 10.1016/S0140-6736(24)01210-8
3. Apovian C.M. Obesity: definition, comorbidities, causes, and burden // *Am. J. Manag. Care.* – 2016. – Vol. 22, Suppl. 7. – P. s176–s185.
4. Gut microbiota and overweight in 3-year old children / A.M. Karvonen, J.E. Sordillo, D.R. Gold, L.B. Bacharier, G.T. O'Connor, R.S. Zeiger, A. Beigelman, S.T. Weiss, A.A. Litonjua // *Int. J. Obes. (Lond.).* – 2019. – Vol. 43, № 4. – P. 713–723. DOI: 10.1038/s41366-018-0290-z
5. Evaluating Causality of Gut Microbiota in Obesity and Diabetes in Humans / A.S. Meijnikman, V.E. Gerdes, M. Nieuwdorp, H. Herrema // *Endocr. Rev.* – 2018. – Vol. 39, № 2. – P. 133–153. DOI: 10.1210/er.2017-00192
6. Brunkwall L., Orho-Melander M. The gut microbiome as a target for prevention and treatment of hyperglycaemia in type 2 diabetes: from current human evidence to future possibilities // *Diabetologia.* – 2017. – Vol. 60, № 6. – P. 943–951. DOI: 10.1007/s00125-017-4278-3
7. Richness of human gut microbiome correlates with metabolic markers / E. Le Chatelier, T. Nielsen, J. Qin, E. Prifti, F. Hildebrand, G. Falony, M. Almeida, M. Arumugam [et al.] // *Nature.* – 2013. – Vol. 500, № 7464. – P. 541–546. DOI: 10.1038/nature12506
8. Crovesy L., Masterson D., Lopes Rosado E. Profile of the gut microbiota of adults with obesity: a systematic review // *Eur. J. Clin. Nutr.* – 2020. – Vol. 74, № 9. – P. 1251–1262. DOI: 10.1038/s41430-020-0607-6
9. Gut microbiome and serum metabolome alterations in obesity and after weight-loss intervention / R. Liu, J. Hong, X. Xu, Q. Feng, D. Zhang, Y. Gu, J. Shi, S. Zhao [et al.] // *Nat. Med.* – 2017. – Vol. 23, № 7. – P. 859–868. DOI: 10.1038/nm.4358
10. Gut microbiota and therapy for obesity and type 2 diabetes / L. Zhang, P. Wang, J. Huang, Y. Xing, F.S. Wong, J. Suo, L. Wen // *Front. Endocrinol. (Lausanne).* – 2024. – Vol. 15. – P. 1333778. DOI: 10.3389/fendo.2024.1333778
11. Cox A.J., West N.P., Cripps A.W. Obesity, inflammation, and the gut microbiota // *Lancet Diabetes Endocrinol.* – 2015. – Vol. 3, № 3. – P. 207–215. DOI: 10.1016/S2213-8587(14)70134-2
12. WHO European Regional Obesity Report 2022 [Электронный ресурс]. – Denmark, Copenhagen: WHO, 2022. – 220 p. – URL: <https://iris.who.int/server/api/core/bitstreams/e65ae612-3723-4df5-a0e3-639dcd9ef8/content> (дата обращения: 11.03.2025).
13. The Gut Microbiome Profile in Obesity: A Systematic Review / O. Castaner, A. Goday, Y.-M. Park, S.-H. Lee, F. Magkos, S.-A.T.E. Shiow, H. Schröder // *Int. J. Endocrinol.* – 2018. – Vol. 2018. – P. 4095789. DOI: 10.1155/2018/4095789
14. Абдулазизов Б.Д., Пешеходько Д.И., Некишева А.А. Особенности кишечного микробиома при ожирении: систематический обзор // *Медицина. Социология. Философия. Прикладные исследования.* – 2021. – № 2. – С. 3–7.
15. Beta-diversity metrics of the upper digestive tract microbiome are associated with body mass index / S.-W. Lin, N.D. Freedman, J. Shi, M.H. Gail, E. Vogtmann, G. Yu, V. Klepac-Ceraj, B.J. Paster [et al.] // *Obesity (Silver Spring).* – 2015. – Vol. 23, № 4. – P. 862–869. DOI: 10.1002/oby.21020
16. Association between body mass index and Firmicutes/Bacteroidetes ratio in an adult Ukrainian population / A. Koliada, G. Syzenko, V. Moseiko, L. Budovska, K. Puchkov, V. Pereideriy, Y. Gavalko, A. Dorofeyev [et al.] // *BMC Microbiol.* – 2017. – Vol. 17, № 1. – P. 120. DOI: 10.1186/s12866-017-1027-1
17. Microbiota and SCFA in lean and overweight healthy subjects / A. Schwartz, D. Taras, K. Schäfer, S. Beijer, N.A. Bos, C. Donus, P.D. Hardt // *Obesity (Silver Spring).* – 2010. – Vol. 18, № 1. – P. 190–195. DOI: 10.1038/oby.2009.167
18. Comparison of the gut microbial community between obese and lean peoples using 16s gene sequencing in a Japanese population / A. Andoh, A. Nishida, K. Takahashi, O. Inatomi, H. Imaeda, S. Bamba, K. Kito, M. Sugimoto, T. Kobayashi // *J. Clin. Biochem. Nutr.* – 2016. – Vol. 59, № 1. – P. 65–70. DOI: 10.3164/jcbn.15-152
19. Alterations of the gut microbiome associated to methane metabolism in Mexican children with obesity / S.M. Murga-Garrido, Y.C. Orbe-Orihuela, C.E. Díaz-Benítez, A.C. Castañeda-Márquez, F. Cornejo-Granados, A. Ochoa-Leyva, A. Sanchez-Flores, M. Cruz [et al.] // *Children (Basel).* – 2022. – Vol. 9, № 2. – P. 148. DOI: 10.3390/children9020148
20. Energy-balance studies reveal associations between gut microbes, caloric load, and nutrient absorption in humans / R. Jumpertz, D.S. Le, P.J. Turnbaugh, C. Trinidad, C. Bogardus, J.I. Gordon, J. Krakoff // *Am. J. Clin. Nutr.* – 2011. – Vol. 94, № 1. – P. 58–65. DOI: 10.3945/ajcn.110.010132
21. Di Pierro F. Gut Microbiota Parameters Potentially Useful in Clinical Perspective // *Microorganisms.* – 2021. – Vol. 9, № 11. – P. 2402. DOI: 10.3390/microorganisms9112402
22. Targeting gut microbiota in obesity: effects of prebiotics and probiotics / N.M. Delzenne, A.M. Neyrinck, F. Bäckhed, P.D. Cani // *Nat. Rev. Endocrinol.* – 2011. – Vol. 7, № 11. – P. 639–646. DOI: 10.1038/nrendo.2011.126
23. Effects of four *Bifidobacteria* on obesity in high-fat diet induced rats / Y.-N. Yin, Q.-F. Yu, N. Fu, X.-W. Liu, F.-G. Lu // *World J. Gastroenterol. WJG.* – 2010. – Vol. 16, № 27. – P. 3394–3401. DOI: 10.3748/wjg.v16.i27.3394
24. Anti-obesity effect of *Lactobacillus gasseri* BNR17 in high-sucrose diet-induced obese mice / J.-H. Kang, S.-I. Yun, M.-H. Park, J.-H. Park, S.-Y. Jeong, H.-O. Park // *PLoS One.* – 2013. – Vol. 8, № 1. – P. e54617. DOI: 10.1371/journal.pone.0054617
25. *Bifidobacterial* carbohydrate/nucleoside metabolism enhances oxidative phosphorylation in white adipose tissue to protect against diet-induced obesity / G. Kim, Y. Yoon, J.H. Park, J.W. Park, M.-G. Noh, H. Kim, C. Park, H. Kwon [et al.] // *Microbiome.* – 2022. – Vol. 10, № 1. – P. 188. DOI: 10.1186/s40168-022-01374-0
26. Ахмедов В.А., Голоктионова А.А., Исаева А.С. Ожирение и микробиота кишечника // *Лечащий врач.* – 2019. – № 7. – С. 68–71. DOI: 10.26295/OS.2019.95.67.014
27. Effect of *Bifidobacterium* Intake on Body Weight and Body Fat in Overweight and Obese Adult Subjects: A Systematic Review and Meta-Analysis / N.F. Hamed Riveros, L. García-Corredor, M.A. Martínez-Solarte, A. González-Clavijo // *J. Am. Nutr. Assoc.* – 2024. – Vol. 43, № 6. – P. 519–531. DOI: 10.1080/27697061.2024.2320192



28. Драпкина О.М., Корнеева О.Н. Кишечная микробиота и ожирение. Патогенетические взаимосвязи и пути нормализации кишечной микрофлоры // Терапевтический архив. – 2016. – Т. 88, № 9. – P. 135–142. DOI: 10.17116/terarkh2016889135-142
29. Effect of *Lactobacillus* on body weight and body fat in overweight subjects: a systematic review of randomized controlled clinical trials / L. Crovesy, M. Ostrowski, D.M.T.P. Ferreira, E.L. Rosado, M. Soares-Mota // Int. J. Obes. – 2017. – Vol. 41, № 11. – P. 1607–1614. DOI: 10.1038/ijo.2017.161
30. Million M., Raoult D. The Role of the Manipulation of the Gut Microbiota in Obesity // Curr. Infect. Dis. Rep. – 2013. – Vol. 15, № 1. – P. 25–30. DOI: 10.1007/s11908-012-0301-5
31. Low diversity gut microbiota dysbiosis: drivers, functional implications and recovery / M. Kriss, K.Z. Hazleton, N.M. Nusbacher, C.G. Martin, C.A. Lozupone // Curr. Opin. Microbiol. – 2018. – Vol. 44. – P. 34–40. DOI: 10.1016/j.mib.2018.07.003
32. Exercise and associated dietary extremes impact on gut microbial diversity / S.F. Clarke, E.F. Murphy, O. O'Sullivan, A.J. Lucey, M. Humphreys, A. Hogan, P. Hayes, M. O'Reilly [et al.] // Gut. – 2014. – Vol. 63, № 12. – P. 1913–1920. DOI: 10.1136/gutjnl-2013-306541
33. Increased Relative Abundance of *Ruminococcus* Is Associated With Reduced Cardiovascular Risk in an Obese Population / A.P. Lakshmanan, S. Al Zaidan, D.K. Bangarusamy, S. Al-Shamari, W. Elhag, A. Terranegra // Front. Nutr. – 2022. – Vol. 9. – P. 849005. DOI: 10.3389/fnut.2022.849005
34. Особенности взаимосвязи параметров микробиоты кишечника с клиническими и биохимическими показателями у лиц с ожирением молодого возраста / Т.С. Душина, Л.А. Суплотова, С.М. Кляшев, М.В. Николенко, Е.Ф. Дороднева // Проблемы эндокринологии. – 2024. – Т. 70, № 4. – С. 84–93. DOI: 10.14341/probl13454
35. Microbial dysbiosis-induced obesity: role of gut microbiota in homeostasis of energy metabolism / E. Amabebe, F.O. Robert, T. Agbalalah, E.S.F. Orubu // Br. J. Nutr. – 2020. – Vol. 123, № 10. – P. 1127–1137. DOI: 10.1017/S0007114520000380
36. Influence of diet on the gut microbiome and implications for human health / R.K. Singh, H.-W. Chang, D. Yan, K.M. Lee, D. Ucmak, K. Wong, M. Abrouk, B. Farahnik [et al.] // J. Transl. Med. – 2017. – Vol. 15, № 1. – P. 73. DOI: 10.1186/s12967-017-1175-y

Бредихина О.О., Аверьянова И.В. Особенности микробиома кишечника как фактор влияния на риск развития ожирения и его осложнений // Анализ риска здоровья. – 2025. – № 4. – С. 103–113. DOI: 10.21668/health.risk/2025.4.10

UDC 579,61; 616-056.5

DOI: 10.21668/health.risk/2025.4.10.eng



Research article

## GUT MICROBIOME AS A RISK FACTOR OF OVERWEIGHT AND OBESITY

**O.O. Bredikhina, I.V. Averyanova**

Scientific Research Center «Arktika» Far Eastern Branch of the Russian Academy of Sciences (SRC «Arktika» FEB RAS), 24 Karl Marks Str., Magadan, 685000, Russian Federation

*Overweight and obesity are a global medical and social problem. Current data indicate a significant role of the intestinal microbiome in the modulation of energy metabolism and the pathogenesis of obesity, while the regional features of the functional characteristics of a healthy microbiome remain poorly understood.*

*The aim is to study the features of the large intestine microbiome in middle-aged men living in the Magadan region, taking into account the variability of body mass index (BMI).*

*In the study, the qualitative and quantitative composition of the large intestine microbiome was assessed by PCR analysis in men permanently residing in the Magadan region. The participants were stratified into two groups according to the BMI value: those with normal body weight and those with overweight/obese.*

*The analysis of the occurrence index revealed significant intergroup differences in the composition of the microbiota: *Enterococcus* spp. was detected more often in men with a normal BMI than in the overweight sample (by 20 %) as well as *Blautia* spp. (by 20 %), *Streptococcus* spp. (by 27 %), *Ruminococcus* spp. (by 23 %), and *Acinetobacter* spp. (by 10%); on the contrary, *Prevotella* spp. was detected less frequently in this group (by 20 %). *Bifidobacterium* spp. was found to prevail in individuals with a normal BMI, whereas overweight individuals showed an increase in the proportion of the *Bacteroidetes* phylum and a decrease in the *Firmicutes* phylum, despite the growth of *Lactobacillus* spp., observed against the background of a slightly lower microbiological diversity of the large intestine.*

© Bredikhina O.O., Averyanova I.V., 2025

**Olga O. Bredikhina** – Junior Researcher at the Laboratory of Physiology of Extreme Conditions (e-mail: oalesina597@gmail.com; tel.: +7 (964) 236-71-62; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5718-5398>).

**Inessa V. Averyanova** – Doctor of Biological Sciences, Head of the Laboratory, Chief Researcher at the Laboratory of Physiology of Extreme Conditions (e-mail: Inessa1382@mail.ru; tel.: +7 (924) 691-11-46; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4511-6782>).

*The study revealed a clear association between changes in the intestinal microbiota in the two study groups and the nutritional characteristics typical for the "Western diet". The most pronounced dysbiotic disorders were observed in the overweight group, where a significant imbalance of macronutrients was detected involving deficiency of protein and dietary fiber against the excessive proportion of consumption of mono-disaccharides.*

*The revealed differences in the microbiota composition between people with normal weight and overweight confirm the possibility to use the microbiotic profile as an additional indicator of the obesity risk. The Study findings are consistent with current ideas about the impact exerted by a diet on intestinal microbiocenosis and also emphasize the need to further study the characteristics of a healthy microbiome in order to develop personalized approaches to improving the quality of life in northern populations.*

**Keywords:** microbiome, large intestine, overweight, obesity, diet, BMI, men, Magadan.

## References

1. Buckell J., Mei X.W., Clarke P., Aveyard P., Jebb S.A. Weight loss interventions on health-related quality of life in those with moderate to severe obesity: findings from an individual patient data meta-analysis of randomized trials. *Obes. Rev.*, 2021, vol. 22, no. 11, pp. e13317. DOI: 10.1111/obr.13317
2. Lingvay I., Cohen R.V., le Roux C.W., Sumithran P. Obesity in adults. *Lancet*, 2024, vol. 404, no. 10456, pp. 972–987. DOI: 10.1016/S0140-6736(24)01210-8
3. Apovian C.M. Obesity: definition, comorbidities, causes, and burden. *Am. J. Manag. Care*, 2016, vol. 22, suppl. 7, pp. s176–s185.
4. Karvonen A.M., Sordillo J.E., Gold D.R., Bacharier L.B., O'Connor G.T., Zeiger R.S., Beigelman A., Weiss S.T., Litonjua A.A. Gut microbiota and overweight in 3-year old children. *Int. J. Obes. (Lond.)*, 2019, vol. 43, no. 4, pp. 713–723. DOI: 10.1038/s41366-018-0290-z
5. Meijnikman A.S., Gerdes V.E., Nieuwdorp M., Herrema H. Evaluating Causality of Gut Microbiota in Obesity and Diabetes in Humans. *Endocr. Rev.*, 2018, vol. 39, no. 2, pp. 133–153. DOI: 10.1210/er.2017-00192
6. Brunkwall L., Orho-Melander M. The gut microbiome as a target for prevention and treatment of hyperglycaemia in type 2 diabetes: from current human evidence to future possibilities. *Diabetologia*, 2017, vol. 60, no. 6, pp. 943–951. DOI: 10.1007/s00125-017-4278-3
7. Le Chatelier E., Nielsen T., Qin J., Prifti E., Hildebrand F., Falony G., Almeida M., Arumugam M. [et al.]. Richness of human gut microbiome correlates with metabolic markers. *Nature*, 2013, vol. 500, no. 7464, pp. 541–546. DOI: 10.1038/nature12506
8. Crovesy L., Masterson D., Lopes Rosado E. Profile of the gut microbiota of adults with obesity: a systematic review. *Eur. J. Clin. Nutr.*, 2020, vol. 74, no. 9, pp. 1251–1262. DOI: 10.1038/s41430-020-0607-6
9. Liu R., Hong J., Xu X., Feng Q., Zhang D., Gu Y., Shi J., Zhao S. [et al.]. Gut microbiome and serum metabolome alterations in obesity and after weight-loss intervention. *Nat. Med.*, 2017, vol. 23, no. 7, pp. 859–868. DOI: 10.1038/nm.4358
10. Zhang L., Wang P., Huang J., Xing Y., Wong F.S., Suo J., Wen L. Gut microbiota and therapy for obesity and type 2 diabetes. *Front. Endocrinol. (Lausanne)*, 2024, vol. 15, pp. 1333778. DOI: 10.3389/fendo.2024.1333778
11. Cox A.J., West N.P., Cripps A.W. Obesity, inflammation, and the gut microbiota. *Lancet Diabetes Endocrinol.*, 2015, vol. 3, no. 3, pp. 207–215. DOI: 10.1016/S2213-8587(14)70134-2
12. WHO European Regional Obesity Report 2022. Copenhagen, Denmark, WHO, 2022, 220 p. Available at: <https://iris.who.int/server/api/core/bitstreams/e65ae612-3723-4df5-a0e3-639dcdad9ef8/content> (March 11, 2025).
13. Castaner O., Goday A., Park Y.-M., Lee S.-H., Magkos F., Shioh S.-A.T.E., Schröder H. The Gut Microbiome Profile in Obesity: A Systematic Review. *Int. J. Endocrinol.*, 2018, vol. 2018, pp. 4095789. DOI: 10.1155/2018/4095789
14. Abdulazizov B.D., Peshekhodko D.I., Nekisheva A.A. Features of the gut microbiome in obesity: a systematic review. *Meditisina. Sotsiologiya. Filosofiya. Prikladnye issledovaniya*, 2021, no. 2, pp. 3–7 (in Russian).
15. Lin S.-W., Freedman N.D., Shi J., Gail M.H., Vogtmann E., Yu G., Klepac-Ceraj V., Paster B.J. [et al.]. Beta-diversity metrics of the upper digestive tract microbiome are associated with body mass index. *Obesity (Silver Spring)*, 2015, vol. 23, no. 4, pp. 862–869. DOI: 10.1002/oby.21020
16. Koliada A., Syzenko G., Moseiko V., Budovska L., Puchkov K., Perederiy V., Gavalko Y., Dorofeyev A. [et al.]. Association between body mass index and Firmicutes/Bacteroidetes ratio in an adult Ukrainian population. *BMC Microbiol.*, 2017, vol. 17, no. 1, pp. 120. DOI: 10.1186/s12866-017-1027-1
17. Schwiertz A., Taras D., Schäfer K., Beijer S., Bos N.A., Donus C., Hardt P.D. Microbiota and SCFA in lean and overweight healthy subjects. *Obesity (Silver Spring)*, 2010, vol. 18, no. 1, pp. 190–195. DOI: 10.1038/oby.2009.167
18. Andoh A., Nishida A., Takahashi K., Inatomi O., Imaeda H., Bamba S., Kito K., Sugimoto M., Kobayashi T. Comparison of the gut microbial community between obese and lean peoples using 16s gene sequencing in a Japanese population. *J. Clin. Biochem. Nutr.*, 2016, vol. 59, no. 1, pp. 65–70. DOI: 10.3164/jcbs.15-152
19. Murga-Garrido S.M., Orbe-Orihuela Y.C., Díaz-Benítez C.E., Castañeda-Márquez A.C., Cornejo-Granados F., Ochoa-Leyva A., Sanchez-Flores A., Cruz M. [et al.]. Alterations of the gut microbiome associated to methane metabolism in Mexican children with obesity. *Children (Basel)*, 2022, vol. 9, no. 2, pp. 148. DOI: 10.3390/children9020148
20. Jumpertz R., Le D.S., Turnbaugh P.J., Trinidad C., Bogardus C., Gordon J.I., Krakoff J. Energy-balance studies reveal associations between gut microbes, caloric load, and nutrient absorption in humans. *Am. J. Clin. Nutr.*, 2011, vol. 94, no. 1, pp. 58–65. DOI: 10.3945/ajcn.110.010132

21. Di Pierro F. Gut Microbiota Parameters Potentially Useful in Clinical Perspective. *Microorganisms*, 2021, vol. 9, no. 11, pp. 2402. DOI: 10.3390/microorganisms9112402
22. Delzenne N.M., Neyrinck A.M., Bäckhed F., Cani P.D. Targeting gut microbiota in obesity: effects of prebiotics and probiotics. *Nat. Rev. Endocrinol.*, 2011, vol. 7, no. 11, pp. 639–646. DOI: 10.1038/nrendo.2011.126
23. Yin Y.-N., Yu Q.-F., Fu N., Liu X.-W., Lu F.-G. Effects of four *Bifidobacteria* on obesity in high-fat diet induced rats. *World J. Gastroenterol: WJG*, 2010, vol. 16, no. 27, pp. 3394–3401. DOI: 10.3748/wjg.v16.i27.3394
24. Kang J.-H., Yun S.-I., Park M.-H., Park J.-H., Jeong S.-Y., Park H.-O. Anti-obesity effect of *Lactobacillus gasseri* BNR17 in high-sucrose diet-induced obese mice. *PLoS One*, 2013, vol. 8, no. 1, pp. e54617. DOI: 10.1371/journal.pone.0054617
25. Kim G., Yoon Y., Park J.H., Park J.W., Noh M.-G., Kim H., Park C., Kwon H. [et al.]. Bifidobacterial carbohydrate/nucleoside metabolism enhances oxidative phosphorylation in white adipose tissue to protect against diet-induced obesity. *Microbiome*, 2022, vol. 10, no. 1, pp. 188. DOI: 10.1186/s40168-022-01374-0
26. Akhmedov V.A., Goloktionova A.A., Isaeva A.S. Obesity and intestinal microbiota. *Lechashchii vrach*, 2019, no. 7, pp. 68–71. DOI: 10.26295/OS.2019.95.67.014 (in Russian).
27. Hamed Riveros N.F., García-Corredor L., Martínez-Solarte M.A., González-Clavijo A. Effect of *Bifidobacterium* Intake on Body Weight and Body Fat in Overweight and Obese Adult Subjects: A Systematic Review and Meta-Analysis. *J. Am. Nutr. Assoc.*, 2024, vol. 43, no. 6, pp. 519–531. DOI: 10.1080/27697061.2024.2320192
28. Drapkina O.M., Korneeva O.N. Gut microbiota and obesity: Pathogenetic relationships and ways to normalize the intestinal microflora. *Terapevticheskii arkhiv*, 2016, vol. 88, no. 9, pp. 135–142. DOI: 10.17116/terarkh2016889135-142 (in Russian).
29. Crovesy L., Ostrowski M., Ferreira D.M.T.P., Rosado E.L., Soares-Mota M. Effect of *Lactobacillus* on body weight and body fat in overweight subjects: a systematic review of randomized controlled clinical trials. *Int. J. Obes.*, 2017, vol. 41, no. 11, pp. 1607–1614. DOI: 10.1038/ijo.2017.161
30. Million M., Raoult D. The Role of the Manipulation of the Gut Microbiota in Obesity. *Curr. Infect. Dis. Rep.*, 2012, vol. 15, no. 1, pp. 25–30. DOI: 10.1007/s11908-012-0301-5
31. Kriss M., Hazleton K.Z., Nusbacher N.M., Martin C.G., Lozupone C.A. Low diversity gut microbiota dysbiosis: drivers, functional implications and recovery. *Curr. Opin. Microbiol.*, 2018, vol. 44, pp. 34–40. DOI: 10.1016/j.mib.2018.07.003
32. Clarke S.F., Murphy E.F., O'Sullivan O., Lucey A.J., Humphreys M., Hogan A., Hayes P., O'Reilly M. [et al.]. Exercise and associated dietary extremes impact on gut microbial diversity. *Gut*, 2014, vol. 63, no. 12, pp. 1913–1920. DOI: 10.1136/gutjnl-2013-306541
33. Lakshmanan A.P., Al Zaidan S., Bangarusamy D.K., Al-Shamari S., Elhag W., Terranegra A. Increased Relative Abundance of *Ruminococcus* Is Associated With Reduced Cardiovascular Risk in an Obese Population. *Front. Nutr.*, 2022, vol. 9, pp. 849005. DOI: 10.3389/fnut.2022.849005
34. 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, vol. 70, no. 4, pp. 84–93. DOI: 10.14341/probl13454 (in Russian).
35. Amabebe E., Robert F.O., Agbalalah T., Orubu E.S.F. Microbial dysbiosis-induced obesity: role of gut microbiota in homeostasis of energy metabolism. *Br. J. Nutr.*, 2020, vol. 123, no. 10, pp. 1127–1137. DOI: 10.1017/S0007114520000380
36. Singh R.K., Chang H.-W., Yan D., Lee K.M., Ucmak D., Wong K., Abrouk M., Farahnik B. [et al.]. Influence of diet on the gut microbiome and implications for human health. *J. Transl. Med.*, 2017, vol. 15, no. 1, pp. 73. DOI: 10.1186/s12967-017-1175-y

Bredikhina O.O., Averyanova I.V. Gut microbiome as a risk factor of overweight and obesity. *Health Risk Analysis*, 2025, no. 4, pp. 103–113. DOI: 10.21668/health.risk/2025.4.10.eng

Получена: 01.09.2025

Одобрена: 13.10.2025

Принята к публикации: 26.12.2025