

Довганюк І. Е., Гиренко К. В., Довганюк О. Я.

Вінницький національний медичний університет імені М. І. Пирогова, м. Вінниця, Україна

«ЕПОХА МІКРОБІОТИ» ДЛЯ ЗДОРОВ'Я СУСПІЛЬСТВА

Резюме. Актуальність. Прийдешні десятиліття визнані «епохою мікробіоти», періоду плідної роботи профільних наукових інститутів у всьому світі, зокрема в Європі, стрімкого росту відкриттів важливих аспектів різних видів мікробіоти, застосуванням нових некультуральних молекулярно-генетичних методів діагностики. Актуальність полягає у приверненні уваги медичної спільноти до науково-практичного потенціалу мікробіома людини. Застосування цілісної моделі для систематизації захворювань, на які впливає мікробіота, модуляції чинників, що забезпечать позитивний потенціал здоров'я людини, відповідно оптимізують якість популяційного здоров'я і рівня здоров'я суспільства. **Мета дослідження:** оцінити потенціал мікробіома людини, обґрунтувати пріоритетність холистичної моделі для вивчення впливу мікробіоти на організм людини і здоров'я суспільства в цілому. **Матеріали та методи.** Застосування методів комплексного підходу, системного аналізу і власних спостережень. **Результати.** На основі цілісного сприйняття мікробіома людини висвітлено колонізацію ним органів і систем з широким діапазоном їх взаємовпливу. Акцентовано на перспективності та особливостях діагностичних методів, системності захворювань, на які впливає мікробіота, враховуючи їх коморбідність. Більш деталізовано висвітлено потужний пласт мікробіоти шлунково-кишкового тракту, як частого предиктора захворювань деяких органів і систем. Опрацьовано шляхи оптимізації скринінгово-профілактичних заходів попередження порушення балансу біоценозу, що допоможе клініцистам сприяти збереженню здоров'я людей. **Висновки.** Концептуально запропонована модель холистичного підходу покращить розуміння глибини впливу мікробіоти на здоров'я, предикцію та захворювання людини. Плідна професійна співпраця науковців (доступність скринінгових методів) і клініцистів (широке застосування цілісної системи профілактичних заходів, модуляція мікробіоти) покращать потенціал здоров'я людини і відповідно, рівень здоров'я суспільства в цілому.

Ключові слова: мікробіота; холистична модель; шлунково-кишковий тракт; профілактика; здоров'я суспільства

Вступ

Мікробіом людини – складний, як всесвіт, і має значний і дивовижний вплив на наше життя. Мікробіом – це вдалий симбіоз, що розвивається протягом тисячоліть між організмом людини і мікробіотою (мікробним співтовариством бактерій, вірусів, грибів, найпростіших). Але у побудові складного і унікального мікробного органа бере участь також продукт симбіозу: приєпителіальна біоплівка, що вміщує в собі муцин, полісахариди, білки, імунні клітини, метаболіти макроорганізму і мікробіоти, ферменти та ін. Термін «мікробіом» вперше був використаний у 2001 р. американським генетиком Д. Ледербергом (J. Lederberg) для визначення колективних геномів мікробіоти, які заселяють різні біотопи [7].

Мікробіом займає надзвичайно велику площу в тілі людини і є мультифункціональним та характеризується

різноманітністю мікробних таксонів. Окремі дослідники складу мікробіому називають число видів мікробів, що трапляються в біотопах людини, в межах від 1 000 до 10 000. На кожну клітину людського тіла припадає 100-1000 мікробних клітин, а на кожен ген – не менше 100 генів мікробного походження. Цей унікальний орган, що перетворює людину в «суперорганізм», перебуває під постійним впливом різних факторів. Мікробіом динамічно реагує на різні зміни, що відбуваються в організмі людини в процесі розвитку і життя, а також зазнає певних модифікацій у відповідь на зміну географічних та екологічних чинників, раціону харчування, застосування медичних препаратів, санітарно-гігієнічних умов та ін. Незважаючи на те, що здорові біоценози людей характеризуються спектром певних загальних закономірностей, ідентичних мікробіомних систем не існує. До складу мікробіому певний внесок робить

© «Здоров'я суспільства» / «Здоровье общества» / «Health of Society» («Zdorov'a suspil'stva»), 2020

© Видавці Міжнародна громадська організація «Міжнародна асоціація «Здоров'я суспільства», Заславський О.Ю. / Издатели Международная общественная организация «Международная ассоциация «Здоровье общества», Заславский А.Ю. / Publishers International Public Organization "International Association "Health of Society", Zaslavsky O.Yu., 2020

Для кореспонденції: Довганюк Інна Едуардівна, Вінницький національний медичний університет імені М. І. Пирогова, вул. Пирогова, 56, м. Вінниця, 21018, Україна; e-mail: unidis23@gmail.com

For correspondence: Dovganiuk I. E., National Pirogov Memorial Medical University, Pirogova str., 56, Vinnytsya, 21018, Ukraine; e-mail: unidis23@gmail.com

спадковий фактор. Кожен індивідуум характеризується своїм мікробним фенотипом [6,11].

Мета: оцінити потенціал мікробіома людини, обґрунтувати пріоритетність холистичної моделі для вивчення впливу мікробіоти на організм людини і здоров'я суспільства в цілому.

Результати та обговорення

«За епохою *Helicobacter pylori*» прийшла «епоха мікробіоти». За 19 років після публікації першого геному людини дослідження мікробіому переросли від культурних обстежень ротової порожнини та кишечника до молекулярних профілів біохімії мікробів у всіх екологічних нішах людського тіла. Будь-яка поверхня людського тіла, що відкрита для зовнішнього середовища, заселена мікроорганізмами, які відіграють важливу роль у підтримці імунітету, обміну речовин, функціонуванні ендокринної та нервової систем і реалізації інших важливих функцій. Біотопи людини: ротова порожнина, очі, носові ходи, бронхо-легенева система, шлунково-кишковий тракт, сечостатеві шляхи, шкіра істотно відрізняються за локалізацією, спектром ферментів і імунних факторів, продуктів метаболізму та інших біологічно активних речовин. Необхідно також враховувати численність клітинного складу і функції цих поверхонь. Важливу роль має вивчення специфічної сукупності мікроорганізмів в зонах контакту з зовнішнім середовищем – різноманіття біотопів [17, 24].

Неподільність системи мікробіому людини, його цілісність спонукає застосування холистичної моделі, комплексного підходу до вивчення і використання в клінічній практиці надбання передових біологічних досліджень. Адже «холистичний підхід до здоров'я» це – сприйняття людини, як інтегрованої системи. Модельні системи використовуються для виявлення зв'язків між змінами мікробіому, визначення мікробних та імунітологічних механізмів, що мають вплив на перебіг різноманітних станів та захворювань людини: від аутизму до раку. «Холізм» (від грецького *ὅλος* – цілий, весь; англ. – «holism») стосується співвідношення частини і цілого. Кожна частина має значення лише відносно інших частин та, в кінцевому рахунку, відносно цілого. У цьому контексті варто зазначити: «Сучасний підхід до здоров'я є холистичною або цілісною концепцією, що розглядає людину, як «ціле» і «частину цілого». Відповідно актуальним є бачення «цілого» – здоров'я суспільства і складової «цілого» – здоров'я індивідуума. На цю цілісність накладаються ряд взаємопов'язаних систем мікробіоти. Це є відображенням системної будови в природі, що представляє ієрархічний континуум, в якому вищий рівень організації об'єднує і підпорядковує собі кілька нижчих рівнів. Тобто, відтворюються еволюційні шаблі розвитку: субклітинні структури – клітини – тканини – органи – системи органів – індивідуум – мікропопуляція – популяція (суспільство) [6].

Мікробіом взаємодіє з організмом людини не тільки на рівні органів і систем, а навіть на рівні міжклітинних

комунікацій. Враховуючи різність клітин процес комунікації людської і мікробної клітини є надзвичайно складним. «Революція» мікробіоти порушила медичні парадигми і внесла свої вагомі зміни в різні галузі медицини. Тому холистичний підхід (модель) є найбільш обґрунтованим і гармонічним для багатьох аспектів вивчення і розуміння мікробіоти різних відділів і систем організму людини [6].

Мікробіота змінила ряд поглядів царини медицини: на дебют і розвиток ряду захворювань із складною, нерідко спадковою детермінантою. Фундаментальна концепція визначає, що мікробіота є нестійкою складовою генома. Відповідно, актуальними є дослідження і можливий вплив на варіабельність генома. Адже мікробіота впливає на виникнення і розвиток ряду захворювань: ревматоїдного артриту, стеатогепатиту, неспецифічного виразкового коліту, хвороби Паркінсона, розсіяного склерозу, аутизму, хвороби Альцгеймера, та ін. [21, 22].

На сьогоднішній день широко вивчається онкобіота, психобіота, нейробіота, перспективні дослідження в області гастроентерології, акушерства та гінекології [5, 10, 14, 27].

Мікробні асоціації, виступаючи в ролі «невидимого» органу, беруть активну участь у важливих життєвабезпечувальних процесах. Існуючи у вигляді біоплівки, ланцюгів, мікроколоній, вони нерівномірно колонізують організм: у травному тракті їх 60 %, у верхніх дихальних шляхах – 15–16 %, на шкірних покривах – 15–20 %, у статевих органах жінки – 9–10 %.

Величезний за чисельністю та різноманітністю світ мікроорганізмів, який населяє кишечник. Найбільше досліджень присвячено вивченню мікробіому кишечника, як основного місця локалізації симбіотичної мікробіоти людини. Зокрема, мікробіом кишечника регулює проліферацію еритроцитів шляхом впливу на реплікацію ДНК; бере участь в експресії генів, що стосується реалізації метаболічних та імунних функцій. З огляду передових статей на високу відкритість травного каналу для впливів факторів зовнішнього середовища, постійне надходження в нього величезної кількості різноманітних сполук, закономірним є висока метаболічна та захисна активність кишкової мікробіоти, тому її можна розглядати, як окремий метаболічний «орган» [17, 18].

Мікробіота кишечника має свої особливості, порівняно з мікрофлорою інших органів і систем, що зумовлено умовами перебування в ньому мікроорганізмів, адже кишечник є органом екскреторним зі слабо розвиненою лімфоїдною тканиною, оптимальним рівнем рН та температури, наявністю значної кількості поживних речовин. Найбільше в кишечнику бактерій виду Firmicutes (60–80 %) та родини Bacteroides (20–40 %). Масова частка цих мікроорганізмів у товстому кишківнику становить 96–99 %. Серед них виділяють факультативні анаероби, особливе значення з яких має грамнегативна *Escherichia coli*, а також грампозитивні ентєрококи та молочнокислі бактерії роду *Lactobacillus*. У кишеч-

нику також можуть перебувати представники так званої залишкової мікрофлори (*Staphylococcus*, *Proteus*, *Candida*, *Clostridium*, *Pseudomonas*). Біомаса мікробів, які заселяють шлунково-кишковий тракт, становить 2,5–3 кг і представлена більше ніж 500 видами бактерій [1, 4].

Tun Bacteroides (грамнегативні анаероби) – превалюють у кишечнику при надмірному споживанні білків та жирів тваринного походження, беруть участь у великому спектрі процесів: деактивації токсинів у їжі, зброджуванні вуглеводів (продукція оцтової та янтарної кислот), біотрансформації жирних кислот, відновленні холестерину, гідролізі мукополісахаридів, ферментації 15 % калорійності їжі (рис.1).

Оцінка стану кишкової мікробіоти, вивчення бактеріальної біомаси в шарі слизу і в пристінковій зоні визначається сучасними методами:

- мікробіологічним,
- морфологічним,
- гістохімічним,
- молекулярно-генетичним,
- дихальними тестами та ін.

Пріоритетними є некультуральні молекулярно-генетичні методи, які дозволяють визначити різноманітні мікроорганізмів та оцінити їх біологічні задачі.

Розшифрований генний каталог кишкової мікробіоти – 3,3 млн. генів. Велика ймовірність, що *Helicobacter pylori* є представником кишкової мікробіоти. Велику дослідницьку роботу з питань мікробіоти, зокрема її модуляції проводить глобальна дослідницька організація CIFAR та інститут мікробіоти. Спікер Конгресу з питань вивчення мікробіоти (Болонія, 2018 р.) професор Антоніо Гаспаріні зазначив, що медицина працює і розподіляється на періоди премікробіоти і постмікробіотного часу, акцент на фундаментальну концепцію травної системи, яка полягає в констатації відмінності мікробіоти між відділами в шлунково-кишковому тракті, взаємоіснування біотопів інших органів і систем (печінки, підшлункової залози, вагінальної і уретральної мікробіот) і перспективу в напрямку вивчення запальної модуляції та адаптації мікробіоти. Розробка цих напрямків надасть можливість прогнозувати та профілакувати ряд складних, нерідко

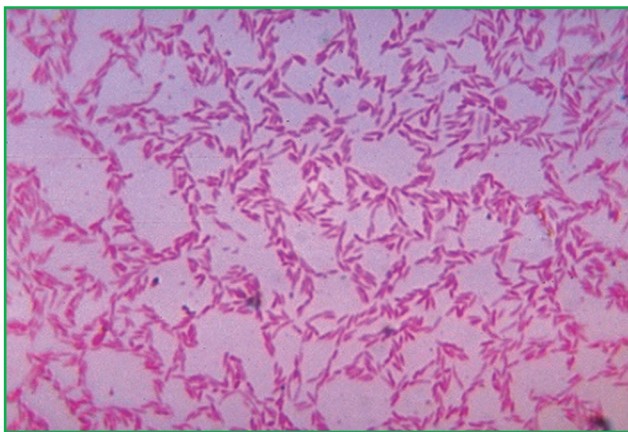


Рис. 1. Bacteroides (грамнегативні анаероби)

генетично обумовлених та часто коморбідних захворювань [8, 29].

Захворювання кишечника запального та функціонального характеру в певній мірі взаємопов'язані з модуляцією мікробіоти і синдромом надмірного бактеріального росту. Синдром надмірного бактеріального росту (СНБР) – стан, обумовлений порушенням якісного та кількісного складу мікробного біоценозу тонкої кишки метаболічними та імунологічними порушеннями (Рис. 2). Предиктор дисбіозу локусів організму [1, 9].

Синдроми запальних і функціональних захворювань кишечника – це взаємопов'язані ланцюги патогенезу захворювань травної системи (табл.1). Дисбіоз, обумовлений СНБР може мати місце при кожному з них.

Стратегія діагностики захворювань кишківника акцентує етіо-патогенетичні відмінності між синдромами [16, 25]. Враховуючи холістичний підхід, раціонально: погоджену терапію представлених синдромів, окрім специфічного лікування, одночасно здійснити корекцію мікробного пейзажу у всіх випадках синдромів захворювань [12, 13].

Перспективні напрямки:

Кишкова мікробіота – мозок. Прикладом є рецептори TLR2 у клітинах кишечника, які є не тільки датчиком присутності мікробів у нашому кишечнику, але і керують транспортуванням серотоніну. Це крок до розкриття зв'язку між кишечником і мозком. Серотонін є однією з найважливіших сигнальних молекул і гормонів у мозку людини. Він керує сном, емоціями, відповідає за реакцію на біль, координує роботу судин, багатьох систем, у тому числі і системою травлення [20].

Мікробіота печінки. Кишкова мікробіота відіграє значну роль у патогенезі та прогресуванні таких печінкових захворювань, як алкогольна хвороба печінки, неалкогольний стеатогепатит, первинний склерозуючий гепатит, виникненні портальної гіпертензії, бактеріального перитоніту при цирозі печінки. Причинна роль кишкової мікробіоти пов'язана з прямою дією бактерій і їх продуктів на утворення запальних медіаторів, а далі – у порушеннях печінкової функції і гомеостазу [23, 28].

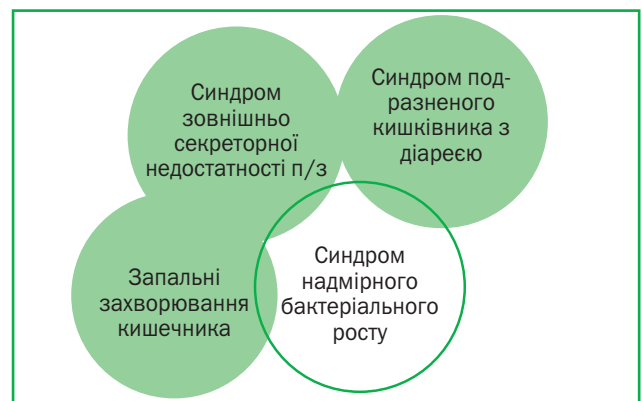


Рис. 2. Захворювання кишечника запального та функціонального характеру

Таблиця 1. Синдроми запальних і функціональних захворювань кишечника

СИНДРОМИ	С-м надмірного бактеріального росту	С-м подразненого кишківника	Запальні захворювання кишечника
Діарея	+	+	++
Диспепсія	+	+	+
Абдомінальний біль	+(епігастрій, оперізуючий)	+(інтермітуючий)	+(в проекції ділянки запалення)
Метеоризм	++	+	+
Дефіцит вітамінів	+(мальабсорбція)	- +	- +
Зниження маси тіла	+	- +	- +
Порушення мікробіоти	++	-/+	+ -

Зміна мікрофлори людини корелює зі станом її здоров'я. Баланс мікрофлори є індикатором здоров'я людини, чітко реагуючи на різноманітні патологічні процеси в організмі та на будь-які зміни в навколишньому середовищі, що негативно впливає на стан здоров'я індивідуума і суспільства. Порушення кишкової мікрофлори може знижувати ефективність медикamentозної терапії.

Відкрито багато нового, зокрема, те що переважна кількість пробіотичних штамів має секвенований геном, тобто власний ідентифікаційний код, за допомогою якого відбувається вплив на дебют і розвиток ряду захворювань [2].

Використання пробіотиків, пребіотиків і синбіотиків має певну доказову базу (лактімак-форте містить збалансовану комбінацію пробіотика і пребіотика, які сприяють відновленню нормальної мікрофлори кишечника і зміцненню імунітету). Протягом останніх 10 років зростає кількість якісних досліджень, що демонструють ефективність і безпечність використання мультиштамових пробіотиків [2].

Детермінанти:

Стиль життя, Рациональність і характер харчування людини значно впливає на склад мікробіоти.

Вік – до 10 років, а особливо перших 2 роки (формування мікробіоти) вимагає обмеження стресового впливу на організм дитини, який має пряму кореляцію з мікробіотою і дебютом ряду серйозних захворювань.

Результати досліджень демонструють: правильно сформований з народження мікробіоценоз, що підтримується людиною протягом життя, є одним з найважливіших факторів збереження здоров'я людини і відповідно здоров'я суспільства [3].

Висновки

Концептуально запропонована модель холістичного підходу покращить розуміння глибини впливу мікробіоти на здоров'я, предикцію та захворювання людини. Плідна професійна співпраця науковців (доступність скринінгових методів) і клініцистів (широке застосування цілісної системи профілактичних заходів, модуляція мікробіоти) покращать потенціал здоров'я

людини і відповідно, рівень здоров'я суспільства в цілому.

Конфлікт інтересів. Автори заявляють про відсутність конфлікту інтересів при підготовці даної статті.

Список літератури

1. Анохіна Г.А. Синдром підвищеної кишкової проникності: акцент на мікробіоту // Сучасна гастроентерологія. – 2018. – №4(102)
2. Рудіченко В. М., Тодорашко І.І., Черватюк В.В. Кишечна мікрофлора: вплив на неї пробіотиків та пребіотиків // «Ліки України». – 2014. – №9 (185).
3. Янковский Д.С. Микробная экология новорожденных: особенности формирования микробиома и профилактики его нарушения / Д.С. Янковский, Ю.Г. Антипкин, Г.С. Дымент, и соавт. // Неонатология, хирургия та перинатальна медицина. – 2015. – Т. 5. – № 2. – С. 93-105.
4. Колеснікова О.В., Запровальна О.Є., Лавренко Т.А. «Мікробіота – здоров'я» в літніх людей: чи існує взаємозв'язок // Раціональна фармакотерапія. – 2019. – 1-2 (50-51).
5. Ткач С.М., Тимошенко О.С., Дорофеева А.А. Роль кишкової мікробіоти у розвитку ожиріння та інсулінорезистентності Ж:Клінічна ендокринологія та ендокринна хірургія 1 (53) 2016
6. Янковский Д.С. Микробиом / Д.С. Янковский, В.П. Ширококов, Г.С. Дымент. – К.: ФЛП Верес О.И., 2018. – 640 с.
7. Barko, P.C., McMichael, M.A., Swanson, K.S., & Williams, D.A. The Gastrointestinal Microbiome: A Review. // J. Vet. Intern. Med. – 2018. – 32 (1), 9-25.
8. Franzosa, E. A. et al. Gut microbiome structure and metabolic activity in inflammatory bowel disease. // Nat. Microbiol. – 2019. – 4, 293–305.
9. Jefferson, K. K. et al. Relationship between vitamin D status and the vaginal microbiome during pregnancy. // J. Perinatol. – 2019. – <https://doi.org/10.1038/s41372-019-0343-8>.
10. Brown, R. G. et al. Vaginal dysbiosis increases risk of preterm fetal membrane rupture, neonatal sepsis and is exacerbated by erythromycin. // BMC Med. – 2018. – 16, 9.

11. Genetic determinants of the gut microbiome in UK twins / J. K. Goodrich, E. R. Davenport, M. Beaumont [et al.] // *Cell Host Microbe*. – 2016. – N 19. – P. 731–743.
12. Choi H. H. Fecal microbiota transplantation: Current applications, effectiveness, and future perspectives / H. H. Choi, Y. S. Cho // *Clin. Endosc.* – 2016. – N 49. – P. 257–265.
13. Vatanen, T. et al. The human gut microbiome in early-onset type 1 diabetes from the TEDDY study. // *Nature*. – 2018. – 562, 589–594.
14. Mor, G., Aldo, P. & Alvero, A. B. The unique immunological and microbial aspects of pregnancy. // *Nat. Rev. Immunol.* – 2018. – 17, 469–482.
15. Lloyd-Price J, Abu-Ali G, Huttenhower C. The healthy human microbiome. // *Genome Med.* 2016;8:51. doi: 10.1186/s13073-016-0307-y. - DOI - PMC - PubMed.
16. Gensollen T, Iyer SS, Kasper D L, Blumberg RS. How colonization by microbiota in early life shapes the immune system. // *Science*. – 2016;352:539–544. doi: 10.1126/science.aad9378. - DOI - PMC - PubMed
17. Honda K, Littman DR. The microbiota in adaptive immune homeostasis and disease. *Nature*. – 2016;535:75–84. doi: 10.1038/nature18848. - DOI - PubMed
18. Dickson, R. P. The microbiome and critical illness. // *Lancet Respir. Med.* – 2016. – 4 (1): 59–72. doi:10.1016/S2213-2600(15)00427-0
19. Vo Van. Microbiota and Their Neuroinflammatory Implications in Alzheimer's Disease / Vo Van, Giau, Si, Ying Wu, Angelo, Jamerlan, Seong, Soo A. An, Sang, Yun Kim, & John, Hulme Gut // *Nutrients*. – 2018. – 10(11). 1765. <https://doi.org/10.3390/nu10111765>
20. Wang, H.-X., Wang, Y.-P. (2016). Gut Microbiota-brain Axis. // *Chinese Medical Journal*, 129 (19), 2373–2380. <http://doi.org/10.4103/0366-6999.190667>
21. Spychala, M. S., Venna, V. R., Jandzinski, M., et al. Age-related changes in the gut microbiota influence systemic inflammation and stroke outcome. // *Annals of neurology*. – 2018. – 84(1), 23–36. <https://doi.org/10.1002/ana.25250>
22. Sochocka, M., Donskow-Lysoniewska, K., Diniz, et al. The gut microbiome alterations and inflammation-driven pathogenesis of Alzheimer's disease – a critical review. // *Molecular neurobiology*. – 2019. – 56(3), 1841–1851. <https://doi.org/10.1007/s12035-018-1188-4>
23. Martinez-Guryn K. Small intestine microbiota regulate host digestive and absorptive adaptive responses to dietary lipids / K. Martinez-Guryn, N. Hubert, K. Frazier [et al.] // *Cell Host & Microbe*. – 2018. – N 23(4). – P. 458. – DOI: 10.1016/j.chom.2018.03.011.
24. Turnbaugh PJ, Ley RE, Hamady M, et al. The human microbiome project. // *Nature*. – 2007; – 449(7164):804–810. – doi: 10.1038/nature06244
25. Clarke G, Stilling RM, Kennedy PJ, et al. Minireview: Gut microbiota: the neglected endocrine organ. // *Mol Endocrinol.* – 2014; – 28(8):1221–1238. – doi: 10.1210/me.2014-1108.
26. Lim MY, Rho M, Song YM, et al. Stability of gut enterotypes in Korean monozygotic twins and their association with biomarkers and diet. // *Sci Rep*. – 2014; – 4:7348. – doi: 10.1038/srep07348.
27. Kristensen K, Henriksen L. Cesarean section and disease associated with immune function. // *J Allergy Clin Immunol.* – 2016; – 137(2): 587–590. – doi: 10.1016/j.jaci.2015.07.040.
28. Romano-Keeler J, Weitkamp JH. Maternal influences on fetal microbial colonization and immune development. // *Pediatr Res*. – 2015; – 77(1–2):189–195. – doi: 10.1038/pr.2014.163.
29. Yang I. The infant microbiome: Implications for infant health and neurocognitive development / I. Yang, E. J. Corwin, P. A. Brennan [et al.] // *Nurs. Res.* – 2016. – N 65. – P. 76–88.

Отримано 22.08.2020 ■

Довганюк І. Э., Гырєнко Е. В., Довганюк О. Я.

Винницький національний медичний університет імені М. І. Пирогова, г. Вінниця, Україна

«ЭПОХА МИКРОБИОТЫ» ДЛЯ ЗДОРОВЬЯ ОБЩЕСТВА

Резюме. Актуальность. Грядущие десятилетия признаны «эпохой микробиоты», периода плодотворной работы профильных научных институтов во всем мире, в частности в Европе, стремительного роста открытий важных аспектов различных видов микробиоты, применением новых некультуральных молекулярно-генетических методов диагностики. Актуальность заключается в привлечении внимания медицинского сообщества на научно-практический потенциал микробиома человека. Применение целостной модели для систематизации заболеваний, на которые влияет микробиота, модуляции факторов обеспечивающих положительный потенциал здоровья человека, соответственно оптимизируют качество популяционного здоровья и уровня здоровья общества. **Цель исследования:** оценить потенциал микробиома человека и обосновать приоритетность холистической модели для изучения влияния микробиоты на организм человека и здоровье общества в целом. **Материалы и методы.** Применение методов комплексного подхода, системного анализа и собственных наблюдений. **Результаты.** На основе целостного восприятия микробиома человека показано колонизацию

им органов и систем с широким диапазоном их взаимовлияния. Акцентировано на перспективности и особенностях диагностических методов, системности заболеваний, на которые влияет микробиота, учитывая их коморбидность. Более детализировано мощный пласт микробиоты желудочно-кишечного тракта, как частого предиктора заболеваний ряда органов и систем. Отработано пути оптимизации скринингово-профилактических мероприятий предупреждения нарушения баланса биоценоза, что поможет клиницистам способствовать сохранению здоровья людей. **Выводы.** Концептуально предложена модель холистического подхода, что улучшит понимание глубины воздействия микробиоты на здоровье, предикцию и заболевания человека. Плодотворное профессиональное сотрудничество ученых (доступность скрининговых методов) и клиницистов (широкое применение целостной системы профилактических мероприятий, модуляция микробиоты) улучшат потенциал здоровья человека и, соответственно, уровень здоровья общества в целом.

Ключевые слова: микробиота; холистическая модель; желудочно-кишечный тракт; профилактика; здоровье общества

I. E. Dovganiuk, K. V. Hyrenko, O. J. Dovganjuk
National Pirogov Memorial Medical University, Vinnytsya, Ukraine

«MICROBIOTA ERA» FOR PUBLIC HEALTH

Abstract. Background. The coming decades are recognized to be the "microbiota era", a period of effective work of specialized scientific institutions around the world including Europe, with rapid growth of important aspects of various microbiota being discovered, using new non-cultural molecular genetic methods of diagnostics. The urgency of the research is to attract attention of medical community to scientific and practical potential of human microbiome. The application of integral model for systematization of diseases influenced by microbiota, as well as modulation of factors providing positive potential for human health, will optimize the quality of population health and the level of health of society. The purpose of the study was to assess the potential of human microbiome and substantiate the priority of integral model for studying the impact of microbiota on the human organism and the health of society as a whole. **Materials and methods.** Application of complex approach study methods, systemic analysis and own observations. **Results.** On the basis of integral perception of human microbiome, its colonization

of organs and systems with a wide range of their mutual influence is clarified. The article focuses on the prospects and features of diagnostic methods, systematization of diseases influenced by microbiota, taking into account their comorbidity. Gut microbiota is characterized in details, it being a frequent predictor of definite diseases of organs and systems. Ways of screening optimization measures to prevent imbalance in biocenosis have been worked out which are supposed to help clinicians in promoting human health preservation.

Conclusions. The suggested conceptual model of integral approach will extend understanding of microbiota impact degree on human health, prediction of disease and its course. Effective professional cooperation of scientists (availability of screening methods) and clinicians (wide use of integral system of preventive measures, modulation of microbiota) will improve the potential of human health and, accordingly, the level of public health as a whole.

Keywords: microbiota; integral model; gastrointestinal tract; prevention; public health