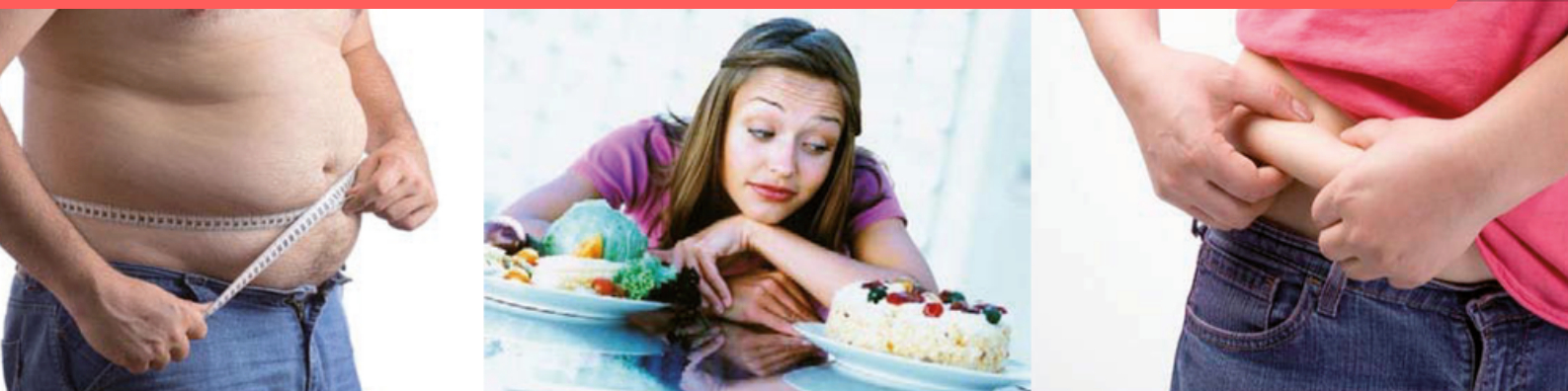


## NADWAGA? EFEKTYWNE WYKORZYSTANIE POŻYWIENIA?



### Wskazówki, które dostarcza analiza PCR flory jelitowej

- Identyfikacja indywidualnego profilu bakterii jelitowych z próbek kału (równowaga odpowiednich gatunków),
- Określenie stosunku „wyszczuplających” Bacteroides i „tuczących” Eubacteria,
- Do diagnostyki i odpowiedniego leczenia pacjentów z otyłością,
- Do monitorowania niskowęglowodanowych, kontrolujących symbiozę diet,
- Swoista analiza Real Time PCR, w czasie krótszym niż 2 godziny.

#### **MutaPLEX® AKM/FAEP (KG1911-96)**

(Akkermansia i Faecalibacterium)

#### **MutaPLEX® EU/BAC/BIF (KG1912-96)**

(Eubacterium, Bacteroides, Bifidobacterium)

#### **MutaPLEX® PRE/RUM/LA (KG1913-96)**

(Prevotella, Ruminococcus, Lachnospiraceae)

#### KONTAKT

# ANALIZA BAKTERII JELITOWYCH, REGULUJĄCYCH MASĘ CIAŁA

## PCR do oznaczania Bacterioides i Eubacteria w próbkach kału

### Skład flory jelitowej ma wpływ na efektywne wykorzystanie pożywienia

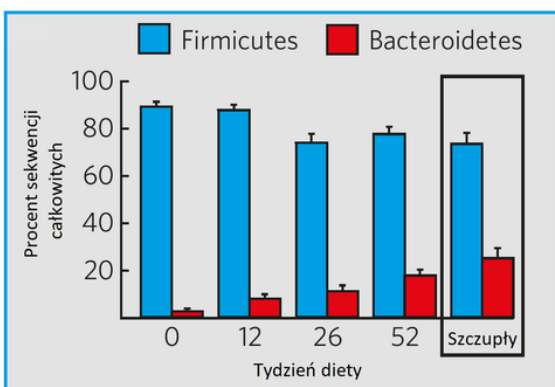
Jelito ludzkie zamieszkuje ponad 160 gatunków bakterii. Skład indywidualnej flory jest podobny u osób spokrewnionych i może być uzależniony od diety. Pozyskiwanie energii z trawionego pożywienia, w dużym stopniu zależy od liczby i gatunku poszczególnych bakterii jelitowych. W konsekwencji flora bakteryjna, odgrywa kluczową rolę w regulacji masy ciała.

**Eubacteria** (eubacteria rectale) są istotnymi członkami rodziny Firmicutes. Przetwarzają węglowodany złożone i posiadają wyjątkową zdolność do skutecznego przekształcania błonnika pokarmowego w cukry i kwasy tłuszczowe. Ta zdolność produkuje jednak dodatkową „niepotrzebną” energię, która jest następnie przechowywana w tkance tłuszczowej.

**Bacterioides** są obecne w liczbie drobnoustrojów większej niż  $10^{10}$  na gram kału i konkurują z Firmicutes o środowisko jelitowe. W porównaniu z Eubacteria, pozyskiwanie energii z pożywienia przez te bakterie nie jest tak wydajne, w szczególności trawienie węglowodanów złożonych.

### Różnice w mikrobiomie jelitowym u osób otyłych i szczupłych

Otyłość i prawidłowa waga są związane ze zwiększoną lub zmniejszoną liczbą bakterii, swoistych drobnoustrojów jelitowych w kale. Na przykład względna liczba Bacterioides jest niższa u osób otyłych, niż u szczupłych osobników, podczas gdy względna proporcja Eubacteria jest wyższa. Stosunek między „wyszczuplającymi” Bacterioides i „tuczającymi” Eubacteria (zazwyczaj pomiędzy 3-4, mniejszy u osób otyłych) wpływa znacząco na pozyskiwanie energii. Ten stosunek Bacterioides/Eubacteria, może być regulowany dietą o niskiej zawartości węglowodanów: liczba Bacterioides wzrasta, podczas gdy liczba Eubacteria rectale spada, co prowadzi do pożądanej utraty wagi u pacjentów z otyłością (patrz rysunek poniżej).



**Korelacja między utratą masy ciała, a liczbą Firmicutes i Bacterioides w próbkach kału**  
(oznaczanie rRNA, Rys. 1b z Ley i wsp., 2006)



### PCR umożliwia niezawodne oznaczanie Bacterioides i Eubacteria

Analiza indywidualnej liczby bakterii w hodowlach kału jest problematyczna, ze względu na trudności w hodowli ściśle beztlenowych bakterii. Analiza DNA za pomocą PCR nadaje się bardziej do oceny wpływu diety niskowęglowodanowej, poprzez ustalenie odpowiednich genomów bakterii jako równowartość/gram kału.

Firma Immundiagnostik oferuje dwa zestawy PCR oznaczone znakiem CE, **MutaPLATE® Bacterioides** i **MutaPLATE® Eubacteria**, do oznaczania liczby bakterii Bacterioides i Eubacteria rectale w próbkach kału.

### Uzupełnienie diagnozy dzięki analizie Bifidobacteria

Bifidobacteria współzawodniczą z wytwarzającymi toksynę bakteriami błony śluzowej jelita (np. Salmonella, Shigella, E. coli) i regulują pH kału. Oznaczanie Bifidobacteria w próbkach kału za pomocą zestawu **MutaPLATE® Bifidobacteria** PCR, jest przydatne do kompleksowej oceny mikrobiomu jelitowego oraz do leczniczego manipulowania kolonizacją błony śluzowej, np. u pacjentów z chorobą Crohn'a.

- **MutaPLEX® AKM/FAEP (KG1911-96)**
- **MutaPLEX® EU/BAC/BIF(KG1912-96)**
- **MutaPLEX® PRE/RUM/LA (KG1913-96)**
- **MutaPLATE® Akkermansia muciniphila (KE19007)**
- **MutaPLATE® Faecalibacterium prausnitzii (KE19011)**

### Diagnostyka i leczenie otyłości

### Monitorowanie diet kontrolujących symbiozę

### Oznaczanie mikrobiomu jelitowego, do celów badawczych

### LITERATURA:

- Ley RE et al, 2006: „Human gut microbes associated with obesity”, Nature 444: 1022-1023  
 Sandoval DA and Seeley RJ, 2010: „The microbes made me eat it”, Science 328: 179-180  
 Vijay-Kumar M et al., 2010: „Metabolic Syndrome and altered gut microbiota in mice lacking toll-like receptor5”, Science 328: 228-231  
 Qin J et al., 2010: „A human gut microbial gene catalogue established by metagenomic sequencing”, Nature 464: 59-65  
 Bäckhed F et al., 2005: „Host-bacterial mutualism in the human intestine”, Science 307(5717): 1915-1920  
 Badman MK and Flier JS, 2005: „The gut and energy balance: visceral allies in the obesity wars”, Science 307(5717): 1909-1914  
 Turnbaugh PJ et al, 2006: „An obesity-associated gut microbiome with increased capacity for energy harvest”, Nature 444: 1027-1031

### KONTAKT