



О. К. Коляда¹, Г. К. Сизенко², В. В. Мосейко¹,
Л. О. Будовська², К. С. Пучков², Ю. В. Гавалко¹,
О. М. Вайсерман¹, М. С. Романенко^{1,3}

¹ ДУ «Інститут геронтології імені Д. Ф. Чеботарьова НАМН України», Київ

² Національний медичний університет імені О. О. Богомольця, Київ

³ Національна медична академія післядипломної освіти імені П. Л. Шупика, Київ

Зв'язок між індексом маси тіла та співвідношенням Firmicutes і Bacteroidetes у мікробіомі кишечника дорослого населення України

Мета — вивчити відмінності у складі основних типів мікробіоти кишечника у дорослого населення України та їх зв'язок з індексом маси тіла (ІМТ).

Матеріали та методи. Обстежено 61 дорослу особу (15 чоловіків та 46 жінок) віком від 19 до 76 років (середній вік — $44,3 \pm 1,6$ року). Пацієнтів розподілили на чотири групи за величиною ІМТ: I — ІМТ $< 18,5$ кг/м² (знижена маса тіла), II — ІМТ від 18,5 до 24,9 кг/м² (норма), III — ІМТ від 25,0 до 29,9 кг/м² (надмірна маса тіла), IV — ІМТ $\geq 30,0$ кг/м² (ожиріння). Проаналізовано концентрацію *Actinobacteria*, *Firmicutes*, *Bacteroidetes* та відношення *Firmicutes/Bacteroidetes* (F/V) у фекаліях.

Результати. Кількість *Firmicutes* поступово підвищувалася, а *Bacteroidetes* — зменшувалася зі збільшенням величини ІМТ та, відповідно, зростало відношення F/V. У некоригованій моделі логістичної регресії встановлено кореляцію величини відношення F/V з ІМТ (відношення шансів — 1,23, 95 % довірчий інтервал — 1,09—1,38), яка залишалась значущою при коригуванні таких чинників як вік, стать, фізична активність і тютюнокуріння (відношення шансів — 1,33, 95 % довірчий інтервал — 1,11—1,60).

Висновки. Склад мікробіому кишечника у дорослих осіб з надмірною масою тіла або ожирінням в Україні характеризується значно більшим вмістом *Firmicutes* та меншим — *Bacteroidetes* порівняно із дорослими особами з нормальною та зниженою масою тіла.

Ключові слова: надмірна маса тіла, ожиріння, мікробіота кишечника, *Actinobacteria*, *Firmicutes*, *Bacteroidetes*.

Ожиріння — мультифакторна проблема взаємодії організму людини та чинників довкілля, яка виникає, коли кількість засвоєної енергії переважає її витрати [8]. Нині в світі спостерігається епідемія ожиріння, яка має важливі психологічні та соціальні наслідки для суспільства [1, 8].

Відомо, що кишкова мікробіота відіграє важливу роль в енергетичному гомеостазі людини [2, 3, 15]. Дослідження метагеному підтверджують, що мікробіота кишечника в осіб з ожирінням допомагає організму ефективніше порівняно із худими особами, утилізувати енергію із харчових субстратів, резистентних до дії травних

ферментів [2, 3]. Попередні дослідження на тваринах установили основні механізми цього явища: збільшення доступності калорій з неперетравлених полісахаридів, вплив на ліпогенез у печінці *de novo*, поліпшення засвоєння жирних кислот клітинами та депонування в адипоцитах у вигляді тригліцеридів; пригнічення окиснення жирних кислот скелетною мускулатурою. Показано, що коротколанцюгові жирні кислоти (продукти мікробної ферментації харчових полісахаридів) спричиняють збільшення рівня гормона РУУ, що подовжує час кишечного транзиту і таким чином підвищує рівень абсорбції зазначених кислот [2, 3, 13]. Окрім того, мікробіота може стимулювати розвиток ожиріння та метаболічного синдрому шляхом індукування субклінічного запалення [3, 4, 15].

Мікробіоту кишечника часто розглядають як «метаболічний орган» [4]. Згідно з гіпотезою, відмінності в мікробіомі кишечника можуть бути пов'язані з енергетичним гомеостазом, тобто особи з ожирінням та худі особи мають значні відмінності у складі мікробіому і, відповідно, різну здатність отримувати енергію з їжі та депонувати її в організмі у вигляді жиру [3, 13].

Найпоширеніші представники мікробіоти кишечника людини — представники грамполозитивних *Firmicutes* та грамнегативних *Bacteroidetes*, а також кілька інших типів (*Actinobacteria*, *Fusobacteria* та *Verrucomicrobia*), які є субдомінантами [7]. Дані, отримані на моделях тварин, свідчать про значні відмінності у вмісті двох основних бактеріальних типів з переважанням кількості *Firmicutes* та зниженням рівня *Bacteroidetes* у мишей з генетичною моделлю ожиріння порівняно з мишами дикого типу, незважаючи на однакове харчування та рівень фізичної активності [13]. Дослідження на людях продемонстрували, що відношення *Firmicutes/Bacteroidetes* (F/V) в осіб з ожирінням переважає таку у худих осіб і зазвичай зменшується при зменшенні маси тіла [17]. Однак, в деяких дослідженнях отримано суперечливі дані щодо зв'язку зазначених таксономічних типів з енергетичним гомеостазом. Так, у низці досліджень не виявлено суттєвих відмінностей у відношенні F/V між худими особами та людьми з надмірною масою тіла та між показниками F/V до та після схуднення [9–11, 14, 20]. В іншому дослідженні співвідношення F/V у зразках калу змінювалось на користь *Bacteroidetes* в осіб з надмірною масою тіла або ожирінням [16]. Ці відмінності можуть бути пов'язані із впливом зовнішніх чинників, зокрема характером харчування, рівнем фізичної активності, соціально-економічним статусом [6]. Є дані, що тип *Actinobacteria*, до якого належить *Bifidobacterium*, а також інші роди, також може відігравати роль у збільшенні маси тіла. При дослідженні мікробіому кишечника у близнюків з ожирінням виявлено більшу кількість *Actinobacteria* [18]. Питання щодо зв'язку між масою тіла та змінами основних бактеріальних груп у популяціях багатьох країн, зокрема України, не досліджено.

Мета дослідження — вивчити відмінності у складі основних типів мікробіоти кишечника у дорослого населення України та їх зв'язок з індексом маси тіла.

Матеріали та методи

Дослідження проведено згідно з принципами Гельсінської декларації. Протокол дослідження та форму інформованої згоди схвалено на засі-

данні комітету з медичної етики ДУ «Інститут геронтології імені Д.Ф. Чеботарьова НАМН України» (протокол № 33 від 11.06.2015 р.).

Обстежено 61 дорослу особу (15 чоловіків та 46 жінок) віком від 19 до 76 років (середній вік — $44,3 \pm 1,6$) року (медіана — 39 років). Пацієнтів розподілили на чотири групи за величиною індексу маси тіла (ІМТ): I — ІМТ < 18,5 кг/м² (знижена маса тіла), II — ІМТ від 18,5 до 24,9 кг/м² (норма), III — ІМТ від 25,0 до 29,9 кг/м² (надмірна маса тіла), IV — ІМТ $\geq 30,0$ кг/м² (ожиріння).

Зразки калу отримували у період з березня до травня 2016 р.

Критерії вилучення з дослідження: гострі інфекційні та хірургічні захворювання, злоякісні новоутворення, серцева недостатність III–IV функціонального класу за NYHA, ниркова та/або печінкова недостатність, тяжкі нервові та психічні захворювання, ендокринна патологія, за винятком субкомпенсованого перебігу цукрового діабету 2 типу.

Тривалість тютюнокуріння менше ніж 30 років встановлено у 30 (49,1) осіб, 30 років та більше — у 8 (13,1), решта не палила. Сидячий спосіб життя (коефіцієнт фізичної активності (КФА, відношення загальних енерговитрат до рівня основного обміну) — 1,00–1,39) зафіксовано у 7 (11,5) осіб, низький рівень фізичної активності (КФА — 1,40–1,59) — в 11 (18,0), середній (КФА — 1,60–1,89) — у 32 (52,5), високий (КФА — 1,9–2,5) — в 11 (18,0).

Збір зразків та виділення ДНК. Зразки свіжих фекалій кожний пацієнт поміщав у спеціальний контейнер. Протягом 10 хв після дефекації відбирали аліквоту фекалій, яку негайно заморожували і зберігали за температури -20°C протягом 1 тиж до виділення ДНК за допомогою методу з фенол-хлороформом за протоколом [19]. ДНК елюювали в 200 мкл елююючого буфера. Кількість і якість ДНК вимірювали NanoDrop ND-8000 (Thermo Scientific, США). Зразки з концентрацією ДНК менше ніж 20 нг або співвідношенням флуоресценції на довжинах хвиль А 260/280 менше ніж 1,8 піддавали осадженню етанолом, щоб концентрувати, або додатково очищували відповідно до стандартів якості.

Олігонуклеотидні праймери. Проведено кількісне визначення різних таксонів методом qPCR з використанням праймерів, орієнтованих на ген 16S рРНК, специфічний для *Firmicutes*, *Actinobacteria* та *Bacteroidetes*, а також універсальних праймерів. Послідовності праймерів були такими:

• *Bacteroidetes*: 798c**fb**F АААСТСАААКГАА-ТТ**GACGG** (прямий)

Таблиця. Вміст мікроорганізмів, %

Тип мікроорганізмів	ІМТ, кг/м ²				P
	< 18,5	18,5–24,9	25,0–29,9	≥ 30,0	
<i>Actinobacteria</i>	5 (3–6)	6 (4–9)	6 (3,5–8)	6 (4–11)	0,707
<i>Firmicutes</i>	35 (22–37)	32 (29–43)	48 (33–56)	52 (36–56)	0,010
<i>Bacteroidetes</i>	47 (35–54)	42 (34–46)	38 (29–47)	33 (25–38)	0,016
F/V	0,7 (0,6–0,7)	0,8 (0,7–1,0)	1,3 (0,7–2,0)	1,6 (1,1–2,2)	0,005

Примітка. Наведено медіани та міжквартильні інтервали.

та cfb967R GGTAAGGTTCCCTCGCGCTAT (зворотний),

- *Firmicutes*: 928F-firm TGAAACTYAAGGAA-TTGACG (прямий)

та 1040FirmR ACCATGCACCACCTGTGTC (зворотний),

- *Actinobacteria*: Act920F3 TACGGCCG-SAAGGCTA (прямий)

та Act1200R TCRTCCCCACSTTCCCTCCG (зворотний),

та універсальні бактеріальні 16S рРНК послідовності:

926F AAACSTCAAAGAATTGACGG (прямий)

та 1062R CTCACRRACAGAGCTGAC (зворотний).

Проведення полімеразно-ланцюгової реакції (ПЛР). Реакцію ПЛР проводили в режимі реального часу термічного циклера Rotor-Gene 6000 (QIAGEN, Німеччина). Умови реакції ПЛР: початкова стадія денатурації тривалістю 5 хв за температури 95 °С, далі 30 циклів: за температури 95 °С протягом 15 с, відпал протягом 15 с та за температури 72 °С протягом 30 с, остаточна стадія за температури 72 °С протягом 5 хв. Кожна реакція ПЛР містила 0,05 одиниць/мкл Таq полімерази (Sigma Aldrich), 0,2 ммоль кожного dNTP, 0,4 мкмоль кожного праймера, 1х буфер, близько 10 нг ДНК та до 25 мкл води [5]. Зразки ампліфікували з усіма праймерами в трьох повторностях. Cts (універсальні та специфічні) були пороговими циклами, зареєстрованими термоциклером. Середнє значення Ct (цикл, на якому крива ампліфікації перетинає поріг флуоресцентної значущості), отримане від кожної пари, переводили у відсоток за формулою [18].

Визначення мікробного складу. Визначення мікробного складу на рівні основного мікробного типу проводили шляхом ідентифікації загальної кількості бактеріальної ДНК, а ДНК *Firmicutes*, *Bacteroidetes* та *Actinobacteria* — за допомогою кількісної ПЛР у режимі реального часу (qRT-PCR), використовуючи ген-націлені праймери.

Статистичний аналіз. Статистичний аналіз проводили за допомогою програмного забезпечення Statistica 11.0. Тест Шапіро — Уїлка застосовували для перевірки нормальності розподілу кількісних змінних. Оскільки змінні не відповідали нормальному розподілу, для подальшого аналізу використовували непараметричні методи, такі як кореляція Спірмена та багатоваріантна логістична регресія. Щоб визначити значущість статистичних відмінностей між різними категоріями ІМТ застосовували тест Краскела — Уолліса.

Результати та обговорення

Установлено, що відносний вміст основних мікробних типів істотно відрізнявся в осіб з різним ІМТ. Так, вміст *Firmicutes* поступово підвищувався, а *Bacteroidetes* — зменшувався зі збільшенням величини ІМТ. Відношення F/V також зростало зі збільшенням ІМТ (таблиця, рис. 1, 2). Відносна кількість *Actinobacteria* була невеликою (5–6%) і порівнянною в групах пацієнтів.

З огляду на те, що вік та стать можуть бути чинниками, які впливають на зв'язок між величиною відношення F/V та ІМТ, проведено коригування цих чинників, а також рівня куріння та фізичної активності за допомогою багатовимірної моделі логістичної регресії. У некоригованій моделі логістичної регресії величина відношення F/V тісно корелювала зі значенням ІМТ. Особи, в яких F/V ≥ 1, були на 23% більше схильні до надмірної маси, ніж ті, у кого F/V < 1 (відношення шансів (ВШ) — 1,23; 95% довірчий інтервал (ДІ) — 1,09–1,38; p < 0,0001). Цей зв'язок залишився значущим після коригування по всіх досліджуваних чинниках (ВШ — 1,33, 95% ДІ — 1,11–1,60, p < 0,0001).

Отримані дані щодо збільшення відносної кількості фірмікутів та великого відношення F/V в осіб з надмірною масою та ожирінням, які мешкають в Україні, узгоджуються з дослідженнями, проведеними в інших популяціях [12, 17]. Доведено, що ожиріння пов'язане зі скла-

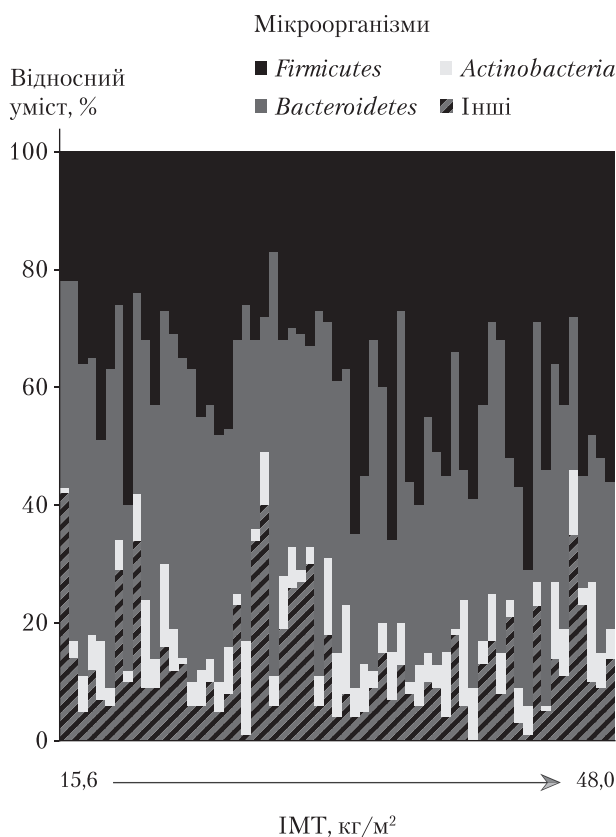


Рис. 1. Індивідуальні значення індексу маси тіла пацієнтів у порядку збільшення

дом кишкової мікробіоти, однак існують певні суперечності щодо значущості відношення F/V, а також щодо впливу рівня *Actinobacteria* на розвиток ожиріння. Можливим поясненням наших результатів є те, що *Firmicutes* збільшують доступність енергетичних субстратів порівняно з *Bacteroidetes*, що сприяє їх кращому засвоєнню та, відповідно, подальшому збільшенню маси [2, 3]. До дослідження P.J. Turnbaugh та співавт. було залучено близнюків з різною масою тіла. Встановлено, що *Firmicutes* домінують у мікробіомі у близнюків з надмірною масою, тоді як у худих близнюків був вищим відносний вміст *Bacteroidetes*. Мікробіом близнюків з надмірною масою тіла був багатий на ферментні системи, пов'язані з засвоєнням вуглеводів [18]. Результати кількох досліджень не узгоджуються з цими висновками. Так, у дослідженні A. Schwirtz зі співавт. в осіб з надлишковою масою тіла або ожирінням домінували *Bacteroidetes*, а не *Firmicutes* [16].

Конфлікту інтересів немає.

Участь авторів: концепція і дизайн дослідження – О. К., Г. С.;

збір матеріалу – О. К., Г. С., В. М., Л. Б., К. П., Ю. Г., М. Р.;

обробка матеріалу – О. К., Г. С., В. М., К. П., Ю. Г., О. В.;

написання тексту – О. К., Г. С., Л. Б., К. П., О. В., М. Р.; редагування – О. В.

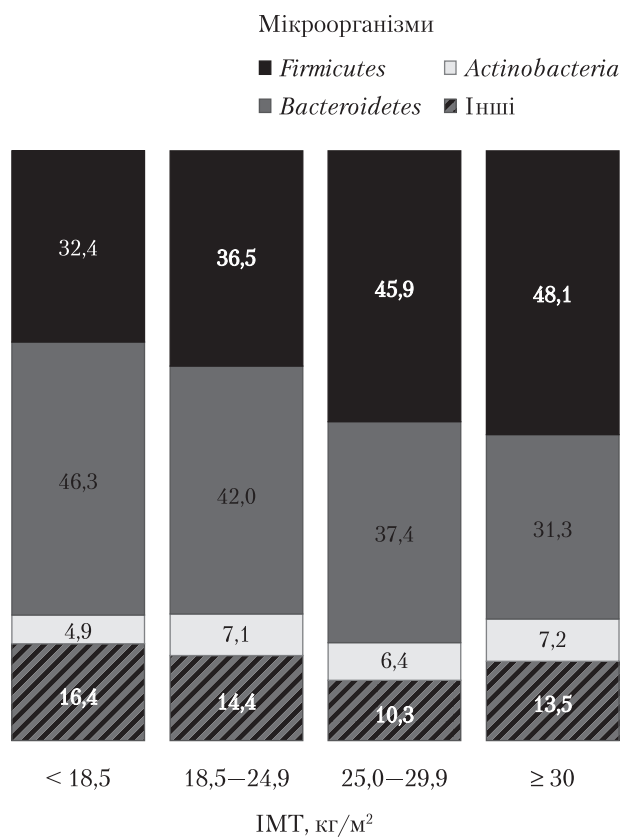


Рис. 2. Структура основних типів кишкової мікробіоти залежно від індексу маси тіла

Особливості складу мікробіому, виявлені в дослідженні, можуть бути частково пояснені особливостями харчування населення України, що є предметом майбутніх наших досліджень. Одним з обмежень нашого дослідження є те, що аналізи проводили зі зразками калу, тоді як більшість поживних речовин, як відомо, всмоктується у тонкому кишечнику. Аналіз мікробіоти верхніх відділів кишечника може бути доцільним для дослідження впливу мікрофлори кишечника на масу тіла та метаболічні зміни. Ці питання потребують вивчення.

Висновки

Отримані дані свідчать про те, що в українській популяції в осіб з надмірною масою тіла або ожирінням значно більший вміст *Firmicutes* та менша кількість *Bacteroidetes* у складі кишкової мікробіоти порівняно з особами з нормальною та зниженою масою тіла. Ці дані відповідають результатам, отриманим в інших популяціях.

Список літератури

1. Apovian C.M. The obesity epidemic — understanding the disease and the treatment // *N. Engl. J. Med.* — 2016. — Vol. 374. — P. 177—179.
2. Bakker G.J., Zhao J., Herrema H., Nieuwdorp M. Gut microbiota and energy expenditure in health and obesity. // *J. Clin. Gastroenterol.* — 2015. — Vol. 49 (Suppl. 1). — P. S13—19.
3. Baothman O.A., Zamzami M.A., Taher I. et al. The role of gut microbiota in the development of obesity and diabetes // *Lipids Health Dis.* — 2016. — Vol. 15. — P. 108. doi: 10.1186/s12944-016-0278-4.
4. Caitriona M., Guinane C.M., Cotter P.D. Role of the gut microbiota in health and chronic gastrointestinal disease: understanding a hidden metabolic organ // *Ther. Adv. Gastroenterol.* — 2013. — Vol. 6. — P. 295—308.
5. De Gregoris T.B., Aldred N., Clare A.S., Burgess J.G. Improvement of phylum- and class-specific primers for real-time PCR quantification of bacterial taxa // *J. Microbiol. Meth.* — 2011. — Vol. 86. — P. 351—356.
6. Dugas L.R., Fuller M., Gilbert J., Layden B.T. The obese gut microbiome across the epidemiologic transition. // *Emerg. Themes Epidemiol.* — 2016. — Vol. 13. — P. 2.
7. Eckburg P.B., Bik E.M., Bernstein C.N. et al. Diversity of the human intestinal microbial flora // *Science.* — 2005. — Vol. 308. — P. 1635—1638.
8. Hill J.O., Wyatt H.R., Peters J.C. Energy balance and obesity // *Circulation.* — 2012. — Vol. 126. — P. 126—132.
9. Hu H.J., Park S.G., Jang H.B. et al. Obesity alters the microbial community profile in Korean adolescents // *PLoS One.* — 2015. — Vol. 10. — P. e0134333.
10. Ismail N.A., Ragab S.H., ElBaky A.A. et al. Frequency of Firmicutes and Bacteroidetes in gut microbiota in obese and normal weight Egyptian children and adults // *Arch. Med. Sci.* — 2011. — Vol. 7. — P. 501—507.
11. Karlsson C.L., Onnerfalt J., Xu J. et al. The microbiota of the gut in preschool children with normal and excessive body weight // *Obesity (Silver Spring).* — 2012. — Vol. 20. — P. 257—261.
12. Kasai C., Sugimoto K., Moritani I. et al. Comparison of the gut microbiota composition between obese and non-obese individuals in a Japanese population, as analyzed by terminal restriction fragment length polymorphism and next-generation sequencing // *BMC Gastroenterol.* — 2015. — Vol. 11. — P. 100.
13. Ley R.E., Backhed F., Turnbaugh P. et al. Obesity alters gut microbial ecology. // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* — 2005. — Vol. 102. — P. 11070—11075.
14. Million M., Angelakis E., Maraninchi M. et al. Correlation between body mass index and gut concentrations of *Lactobacillus reuteri*, *Bifidobacterium animalis*, *Methanobrevibacter smithii* and *Escherichia coli* // *Int. J. Obes.* — 2013. — Vol. 37. — P. 1460—1466.
15. Rial S.A., Karelis A.D., Bergeron K.F., Mounier C. Gut microbiota and metabolic health: the potential beneficial effects of a medium chain triglyceride diet in obese individuals // *Nutrients.* — 2016. — Vol. 8. — P. 281.
16. Schwiertz A., Taras D., Schafer K. et al. Microbiota and SCFA in lean and overweight healthy subjects // *Obesity (Silver Spring).* — 2010. — Vol. 18. — P. 190—195.
17. Sweeney T.E., Morton J.M. The human gut microbiome: a review of the effect of obesity and surgically induced weight loss // *JAMA Surg.* — 2013. — Vol. 148. — P. 563—569.
18. Turnbaugh P.J., Hamady M., Yatsunenko T. et al. A core gut microbiome in obese and lean twins // *Nature.* — 2009. — Vol. 457. — P. 480—484.
19. Zhang B.W., Li M., Ma L.C., Wei F.W. A widely applicable protocol for DNA isolation from fecal samples // *Biochem. Genet.* — 2006. — Vol. 44. — P. 503—512.
20. Zhang H., DiBaise J.K., Zuccolo A. et al. Human gut microbiota in obesity and after gastric bypass // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* — 2009. — Vol. 106. — P. 2365—2370.

А. К. Коляда¹, А. К. Сизенко², В. В. Мосейко¹, Л. А. Будовская²,
К. С. Пучков², Ю. В. Гавалко¹, А. М. Вайсерман¹, М. С. Романенко^{1,3}

¹ГУ «Институт геронтологии имени Д. Ф. Чеботарёва НАМН Украины», Киев

²Национальный медицинский университет имени А. А. Богомольца, Киев

³Национальная медицинская академия последиplomного образования имени П. Л. Шупика, Киев

Связь между индексом массы тела и соотношением Firmicutes и Bacteroidetes в микробиоме кишечника взрослого населения Украины

Цель — изучить отличия в составе основных типов микробиоты кишечника у взрослого населения Украины и их связь с индексом массы тела (ИМТ).

Материалы и методы. Обследован 61 взрослый (15 мужчин и 46 женщин) в возрасте от 19 до 76 лет (средний возраст — $44,3 \pm 1,6$ года). Пациентов распределили на четыре группы по величине ИМТ: I — ИМТ < 18,5 кг/м² (сниженная масса тела), II — ИМТ от 18,5 до 24,9 кг/м² (норма), III — ИМТ от 25,0 до 29,9 кг/м² (избыточная масса тела), IV — ИМТ $\geq 30,0$ кг/м² (ожирение). Проанализированы концентрации *Actinobacteria*, *Firmicutes*, *Bacteroidetes* и отношение *Firmicutes/Bacteroidetes* (F/B) в фекалиях.

Результаты. Количество *Firmicutes* постепенно повышалось, а *Bacteroidetes* уменьшалось с увеличением ИМТ и, соответственно, возрастало отношение F/B. В некорректированной модели логистической регрессии установлена корреляция величины отношения F/B с ИМТ (отношение шансов — 1,23, 95 % доверительный интервал — 1,09—1,38), которая оставалась значимой при корректировке таких факторов, как возраст, пол, физическая активность и курение (отношение шансов — 1,33, 95 % доверительный интервал — 1,11—1,60).

Выводы. Состав микроорганизмов кишечника у взрослых лиц с избыточной массой тела или ожирением в Украине характеризуется значительно большим содержанием *Firmicutes* и меньшим — *Bacteroidetes* по сравнению со взрослыми лицами с нормальной и сниженной массой тела.

Ключевые слова: избыточная масса тела, ожирение, микробиота кишечника, *Actinobacteria*, *Firmicutes*, *Bacteroidetes*.

O. K. Kolyada ¹, G. K. Syzenko ², V. V. Moseiko ¹, L. O. Budovska ²,
K. S. Puchkov ², Yu. V. Havalko ¹, O. M. Vaiserman ¹, M. S. Romanenko ^{1, 3}

¹ D. F. Chebotarev State Institute of Gerontology, Kyiv

² O. O. Bogomolets National Medical University, Kyiv

³ P. L. Shupyk National Medical Academy of Postgraduate Education, Kyiv

The relationship between the body mass index and the Firmicutes/Bacteroidetes ratio in the intestinal microbiome of the adult population of Ukraine

Objective — to investigate the difference in the composition of the main intestinal microbiota types in the adult population of Ukraine and their relationship with the body mass index (BMI).

Materials and methods. Investigation involved 61 adult people (15 men and 46 women) aged 19 to 76 years (the mean age 44.3 ± 1.6 years). Patients were allocated into four groups depending on the BMI value: I group with BMI < 18.5 kg/m² (underweight), II group with BMI 18.5 to 24.9 kg/m² (normal weight), III with BMI 25.0 to 29.9 kg/m² (overweight), IV with BMI ≥ 30.0 kg/m² (obese). Levels of *Actinobacteria*, *Firmicutes*, *Bacteroidetes* and *Firmicutes/Bacteroidetes* (F/B) ratio in faeces were analyzed.

Results. It has been established that with BMI increase, the *Firmicutes* count gradually increased, and *Bacteroidetes* decreased, respectively, the F/B ratio raised. In the unadjusted logistic regression model, F/B ratio was associated with BMI (OR = 1.23, 95 % CI 1.09–1.38), which remained significant after adjusting such factors as age, gender, physical activity and smoking (OR = 1.33, 95 % CI 1.11–1.60).

Conclusions. Composition of intestinal microorganisms in adults with overweight and obesity in Ukraine is characterized with a significantly higher *Firmicutes* levels and lower *Bacteroidetes* levels when compared to normal-weight and underweight adults.

Key words: overweight, obesity, intestinal microbiota, *Actinobacteria*, *Firmicutes*, *Bacteroidetes*.

Контактна інформація

Романенко Мар'яна Станіславівна, к. мед. н., ст. наук. співр., зав. лабораторії геродієтики
04114, м. Київ, вул. Вишгородська, 67. Тел. (44) 254-15-27
E-mail: maryanar@ukr.net

Стаття надійшла до редакції 22 січня 2018 р.