

## **Mikrobiom jelitowy a choroba niedokrwienna serca**

Choroba niedokrwienna serca (ChNS) jest jedną z częstszych przyczyn hospitalizacji, zgonów oraz inwalidztwa w Polsce i Europie. Jej niekorzystne następstwa wpływają zarówno na kondycję poszczególnych jednostek jak i całego społeczeństwa. Powszechnie wiadomo, iż najczęstszą przyczyną ChNS jest miażdżyca, do rozwoju której predysponuje szereg czynników niemodyfikowalnych tj. wiek, płeć męska, czynniki genetyczne, jak również modyfikowalnych, takich jak aktywność fizyczna, wartość ciśnienia tętniczego, palenie tytoniu, nieprawidłowy profil glikemii czy lipidów. Pomimo znajomości klasycznych czynników ryzyka ChNS, zachorowalność i umieralność z powodu tego schorzenia w dalszym ciągu pozostaje na wysokim poziomie. W związku z powyższym, nieustannie poszukuje się nowych czynników mogących odgrywać rolę w rozwoju miażdżycy, a co za tym idzie prowadzić do rozwoju ChNS oraz wpływać na rokowanie pacjentów z tą jednostką chorobową.

W ostatnim czasie szczególną uwagę zwrócono na mikroflorę przewodu pokarmowego, mogącą mieć wpływ na zarówno na procesy metaboliczne jak i immunologiczne gospodarza, stanowiąc zatem istotny element patogenetycznego procesu.

Zainteresowani tą tematyką postanowiliśmy zbadać rolę mikrobiomu jelitowego w ChNS. W projekcie skupiliśmy się na analizie jego związku z czynnikami ryzyka, rozwojem, a także częstością nawrotów incydentów sercowo-naczyniowych (zgon z przyczyn sercowo-naczyniowych, zawał serca, udar mózgu, nieplanowana przed wizytą włączająca potrzeba rewaskularyzacji wieńcowej) oraz rokowaniem w obserwacji 24-miesięcznej wśród pacjentów z ChNS.

Projekt jest kontynuacją badania w którym, uczestnicy zostali poddani szczegółowej ocenie stanu zdrowia (ze szczególnym uwzględnieniem układu sercowo-naczyniowego) łącznie z badaniami biochemicznymi i obrazowymi. W trakcie jego trwania od uczestników pozyskano również próbkę kału.

Jako kolejny etap zaplanowano analizę mikrobiomu jelitowego z próbki stolca. Ze względu na fakt, iż większości gatunków bakterii nie udaje się wyhodować w warunkach *in vitro* w projekcie zaplanowano wykorzystanie oceny bakteryjnego genu 16S rRNA oraz analizy bioinformatycznej.

Wykazanie w badaniu różnic w profilu mikrobiomu jelitowego pacjentów z ChNS w odniesieniu do grupy kontrolnej umożliwi identyfikację potencjalnie modyfikowalnego czynnika ryzyka. Zmiana jego jakościowego lub ilościowego składu w perspektywie długoterminowej być może pozwoli na zmniejszenie zachorowalności i umieralności z powodu ChNS.

Ponadto, projekt ma na celu zbadanie związku poszczególnych elementów stylu życia predysponujących do rozwoju ChNS ze składem mikrobiomu bakteryjnego. Użycie probiotyków, prebiotyków oraz modyfikacja diety, jako czynników potencjalnie modyfikujących profil bakterii jelitowych, być może pozwoli na rozwój łatwej, akceptowalnej metody terapii.

Po 2 latach pacjenci zostaną ponownie ocenieni pod kątem występowania incydentów sercowo-naczyniowych oraz progresji miażdżycy. Zbadany zostanie związek pomiędzy składem bakteryjnym a nawrotami incydentów sercowo-naczyniowych oraz śmiertelnością w obserwacji 24-miesięcznej. Porównanie grupy pacjentów z ChNS z nawrotami incydentów sercowo-naczyniowych w odniesieniu do chorych, u których one nie wystąpią przybliży nas do identyfikacji profilu mikrobiomu wiążącego się z wyższym ryzykiem sercowo-naczyniowym, co pozwoli na podjęcie konkretnych działań diagnostyczno-terapeutycznych.

Należy podkreślić, iż nawet niewielki spadek względnego ryzyka powikłań, tak częstej jednostki chorobowej, jak ChNS przekłada się na znaczne zyski zarówno ekonomiczne jak i społeczne w kontekście funkcjonowania całego społeczeństwa.