

Narastająca epidemia otyłości stanowi wyzwanie, tak z punktu widzenia zdrowia publicznego, jak i gospodarki współczesnego świata. Otyłość powoduje liczne zmiany metaboliczne, zwiększające ryzyko rozwoju wielu chorób, w tym chorób układu krążenia, zespołu metabolicznego z dominującym objawem, jakim jest niealkoholowa stłuszczeniowa choroba wątroby oraz chorób nowotworowych. Za główne przyczyny epidemii otyłości uznaje się siedzący tryb życia i nadmierne odżywianie, w powiązaniu z czynnikami środowiskowymi i genetycznymi, modulującymi skład mikroflory jelitowej. Bakterie jelitowe odgrywają istotną rolę w fizjologii procesów żywieniowych, takich jak trawienie, synteza witamin i produkcja metabolitów, a możliwość modulacji składu mikroflory jelitowej może mieć znaczący potencjał terapeutyczny w leczeniu otyłości. Operacje bariatryczne, restrykcyjne (zmniejszające pojemność żołądka) oraz restrykcyjno-wyłączające (omijające fragmenty układu pokarmowego), stanowią skuteczną metodę leczenia skrajnych postaci otyłości, zarówno w zakresie redukcji masy ciała, jak i ustępowania chorób współistniejących z otyłością. Choć każda interwencja odchudzająca może wpływać na skład mikroflory jelitowej, zmiany te nie zawsze korelują z utratą wagi.

Celem naszego projektu będzie ocena składu bakterii i metabolitów stolca w powiązaniu ze skutecznością operacji bariatrycznej w leczeniu skrajnej otyłości oraz badanie wpływu transplantacji stolca od otyłych chorych na rozwój zespołu metabolicznego w doświadczalnych modelach otyłości u myszy. Skład bakterii będzie analizowany poprzez porównanie sekwencji genu 16S rRNA, obecnego u wszystkich bakterii, a metabolity stolca będą badane z użyciem czułej techniki, zwanej spektrometrią masową.

Oczekujemy, że określenie składu bakteryjnego i metabolitów stolca, w powiązaniu z oceną skuteczności leczenia operacyjnego oraz wyników badań doświadczalnych na zwierzętach, potwierdzi modulującą rolę bakterii jelitowych w odpowiedzi na leczenie odchudzające (u ludzi) oraz w nasilaniu zespołu metabolicznego (u myszy). Chcemy także zidentyfikować nowe markery, bakterie i/lub metabolity, których obecność mogłaby przewidywać skuteczność operacji bariatrycznej. Wyniki naszych badań będą stanowić podstawę do dalszych prac nad terapeutycznymi modulacjami składu mikroflory jelitowej, których celem będzie poprawa skuteczności leczenia otyłości oraz chorób metabolicznych powiązanych z otyłością.