




## Оценка влияния пробиотической бактерии *Streptococcus salivarius* на микробиом кишечника людей с ожирением






Инна Ю. Буракова	1	<a href="mailto:vitkalovai@inbox.ru">vitkalovai@inbox.ru</a>	 0000-0002-5881-0845
Полина Д. Морозова	1	<a href="mailto:ms.cloud00.00@mail.ru">ms.cloud00.00@mail.ru</a>	 0009-0000-0075-9170
Светлана В. Погорелова	1	<a href="mailto:zubkova.sweta@gmail.com">zubkova.sweta@gmail.com</a>	 0009-0002-7924-8027
Юлия Д. Смирнова	1	<a href="mailto:dyd16@mail.ru">dyd16@mail.ru</a>	 0000-0002-5820-1804
Татьяна А. Кислова	1	<a href="mailto:kislanya@yandex.ru">kislanya@yandex.ru</a>	 0009-0008-9706-3054
Михаил Ю. Сыромятников	1	<a href="mailto:syromyatnikov@bio.vsu.ru">syromyatnikov@bio.vsu.ru</a>	 0000-0001-9028-0613

1 Воронежский государственный университет инженерных технологий, пр-т Революции, 19, г. Воронеж, 394036, Россия

**Аннотация.** Нарушения в составе кишечной микробиоты (дисбиоз) могут способствовать развитию ожирения, поскольку они негативно влияют на эффективность усвоения энергии и метаболические процессы в организме. Одним из перспективных терапевтических направлений в контексте улучшения кишечного гомеостаза является применение пробиотических добавок. Настоящее исследование было направлено на комплексную оценку влияния пробиотического штамма *Streptococcus salivarius* на кишечник добровольцев с ожирением. С помощью высокопроизводительного секвенирования на базе платформы DNBSEQ-G50 были получены микробиомные профили добровольцев до и после приема пробиотической добавки, содержащей бактериальный вид *S. salivarius*. Был проведен анализ альфа-разнообразия, используя меры разнообразия наблюдаемых видов и индекс Шеннона. Статистически значимых различий не выявлено. Анализ бета-разнообразия показал наличие кластеризации между исследуемыми группами, однако, статистически достоверных различий не обнаружено. Дифференциальный анализ численности выявил статистически значимые различия на видовом уровне между микробиомом добровольцев до и после приема пищевой добавки. У добровольцев после приема добавки наблюдалось снижение содержания видов: *Phocaeicola vulgatus* ( $8,469\% \pm 2,884$  против  $3,460\% \pm 0,864$ ,  $p=0,013$ ), *Yeguiia hominis* ( $0,017\% \pm 0,005$  против  $0,007\% \pm 0,004$ ,  $p=0,017$ ). Напротив, относительная обильность таксона GGB2970 SGB3952 (Firmicutes) увеличивалась на фоне приема пробиотической добавки относительно данных полученных изначально до добавки ( $0,043\% \pm 0,012$  против  $0,087\% \pm 0,009$ ,  $p=0,001$ ). Снижение относительной представленности *Phocaeicola vulgatus* и *Yeguiia hominis* при увеличении GGB2970 SGB3952 указывает на направленное изменение таксономического профиля микробиоты. Направление сдвигов можно охарактеризовать как потенциально благоприятное. Однако физиологическая значимость этих изменений требует дальнейшего изучения, включая анализ функционального потенциала микробиоты и ассоциаций с клиническими параметрами.

**Ключевые слова:** кишечник, микробиом, ожирение, пробиотические добавки, *Streptococcus salivarius*, высокопроизводительное секвенирование.

## Evaluation of the effect of the probiotic bacterium *Streptococcus salivarius* on the human intestine

Inna Yu. Burakova	1	<a href="mailto:vitkalovai@inbox.ru">vitkalovai@inbox.ru</a>	 0000-0002-5881-0845
Polina D. Morozova	1	<a href="mailto:ms.cloud00.00@mail.ru">ms.cloud00.00@mail.ru</a>	 0009-0000-0075-9170
Svetlana V. Pogorelova	1	<a href="mailto:zubkova.sweta@gmail.com">zubkova.sweta@gmail.com</a>	 0009-0002-7924-8027
Yulia D. Smirnova	1	<a href="mailto:dyd16@mail.ru">dyd16@mail.ru</a>	 0000-0002-5820-1804
Tatiana A. Kislova	1	<a href="mailto:kislanya@yandex.ru">kislanya@yandex.ru</a>	 0009-0008-9706-3054
Mikhail Yu. Syromyatnikov	1	<a href="mailto:syromyatnikov@bio.vsu.ru">syromyatnikov@bio.vsu.ru</a>	 0000-0001-9028-0613

1 Voronezh State University of Engineering Technologies, Revolution Av., 19 Voronezh, 394036, Russia

**Abstract.** Disturbances in the composition of the gut microbiota, known as dysbiosis, may contribute to the development of obesity, as they negatively affect the efficiency of energy harvest and metabolic processes in the body. One promising therapeutic approach to improving intestinal homeostasis is the use of probiotic supplements. The present study aimed to comprehensively evaluate the effect of the probiotic strain *Streptococcus salivarius* on the gut microbiota of volunteers with obesity. Microbiome profiles of volunteers before and after administration of a probiotic supplement containing the bacterial species *S. salivarius* were obtained using high-throughput sequencing on the DNBSEQ-G50 platform. Alpha diversity analysis was performed using observed species richness and the Shannon diversity index. No statistically significant differences were detected. Beta diversity analysis showed clustering between the study groups; however, no statistically significant differences were found. Differential abundance analysis revealed statistically significant species-level differences between the microbiomes of participants before and after intake of the dietary supplement. After supplementation, volunteers showed a decrease in the abundance of the following species: *Phocaeicola vulgatus* ( $8.469\% \pm 2.884$  vs.  $3.460\% \pm 0.864$ ,  $p = 0.013$ ) and *Yeguiia hominis* ( $0.017\% \pm 0.005$  vs.  $0.007\% \pm 0.004$ ,  $p = 0.017$ ). In contrast, the relative abundance of the taxon GGB2970 SGB3952 (Firmicutes) increased during probiotic supplementation compared with baseline values obtained before supplementation ( $0.043\% \pm 0.012$  vs.  $0.087\% \pm 0.009$ ,  $p = 0.001$ ). The decrease in the relative abundance of *Phocaeicola vulgatus* and *Yeguiia hominis*, together with the increase in GGB2970 SGB3952, indicates a directed shift in the taxonomic profile of the gut microbiota. The direction of these changes may be characterized as potentially beneficial. However, the physiological significance of these shifts requires further investigation, including analysis of the functional potential of the microbiota and associations with clinical parameters.

**Keywords:** : gut, microbiome, obesity, probiotic supplements, *Streptococcus salivarius*, high-throughput sequencing.

Для цитирования

Буракова И.Ю., Морозова П.Д., Погорелова С.В., Смирнова Ю.Д., Кислова Т.А., Сыромятников М.Ю. Оценка влияния пробиотической бактерии *Streptococcus salivarius* на микробиом кишечника людей с ожирением // Вестник ВГУИТ. 2026. Т. 88. № 2. С. 238–244. doi:10.20914/2310-1202-2026-2-238-244

For citation

Burakova I.Y., Morozova P.D., Pogorelova S.V., Smirnova Y.D., Kislova T.A., Syromyatnikov M.Y. Evaluation of the effect of the probiotic bacterium *Streptococcus salivarius* on the human intestine. Vestnik VGUIT [Proceedings of VSUET]. 2026. vol. 88. no. 2. pp. 238–244. (in Russian). doi:10.20914/2310-1202-2026-2-238-244

This is an open access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution 4.0 International License

## Введение

Ключевую роль в поддержании здорового функционирования кишечного микробиома отводят видовому разнообразию микроорганизмов внутри кишечной популяции [1]. Микробный баланс приводит к формированию, так называемого, кишечного барьера, защищающего организм от внешних и внутренних воздействий. Снижение разнообразия микроорганизмов и доминирование патогенной микрофлоры над полезной становится причиной кишечного дисбактериоза [2,3].

Ранее была проведена работа по поиску корреляции между микробным составом кишечника тракта и развитием различных метаболических нарушений. Так, при секвенировании гена 16S рРНК было установлено, что в исследуемых группах с ожирением и сахарным диабетом 2 типа по сравнению с контрольной здоровой группой зарегистрировано снижение численности представителей рода *Streptococcus* [4]. Помимо этого, выявлена прямая связь между долей *Streptococcus* и показателем индекса массы тела. Было установлено, что штамм *Streptococcus salivarius subsp. thermophiles* вносит значительный вклад в поддержание массы тела пациентов с различными метаболическими нарушениями, что способствует его к рассмотрению в качестве пробиотика [4]. При этом в обзоре, посвященном изучению актуальной научно-исследовательской литературы в области изучения состава кишечного микробиома при диагностированном сахарном диабете 2 типа и преддиабетических состояниях было установлено, напротив, увеличение филума Firmicutes в том числе и представителей рода *Streptococcus* [5].

В работе, посвященной изучению взаимосвязи между пародонтитом и сахарным диабетом 2 типа, было установлено, что у пациентов с сахарным диабетом и прогрессирующим пародонтозом наблюдается снижение *Streptococcus*, что приводит к снижению синтеза бутирата, а это в свою очередь приводит к усугублению тяжести проявления сахарного диабета 2 типа [6]. Результаты исследований микробного состава кишечного микробиома у беременных женщин с сахарным диабетом 2 типа продемонстрировали значительное снижение количества представителей рода *Streptococcus* по сравнению со здоровой контрольной группой [7].

## Материалы и методы

В исследовании приняли участие добровольцы с ожирением и диабетом 2 типа (n = 6). Перед началом эксперимента добровольцы проходили анкетирование, содержащие перечень вопросов: возраст, рацион питания, физическая активность, анамнез как инфекционных, так и неинфекционных заболеваний, терапия

лекарственными препаратами, в том числе гормональных и антибактериальных (за последние 6 месяцев). Средний возраст группы составил 40 лет, а средний индекс массы тела 35,7.

На первом этапе исследования у добровольцев, вошедших в исследуемую группу, был собран кал (не менее 1 грамма). Затем без изменений привычного рациона питания, в течение двух недель один раз в день после еды они принимали пробиотическую добавку, в основе которой был *Streptococcus salivarius*  $1,0 \cdot 10^9$  КОЕ. После окончания двухнедельного приема добавки, у добровольцев также был собран кал для дальнейших молекулярно-генетических исследований.

Экстракцию тотальной ДНК из кала производили с использованием набора Мета-Ген/ MetaGen (Синтол, Россия).

Оценку количество полученной ДНК, проводили с использованием флуориметра Qubit 2.0 (Thermo Fisher, США) и набора Equalbit 1x dsDNA HS Assay Kit (Vazyme, Китай). Также была определена чистота и наличие примесей в образцах с помощью спектрофотометра Nano-500 (Allsheng, Китай) согласно инструкции производителя).

Подготовка библиотек для секвенирования проводилась с использованием коммерческих наборов реагентов MGI (MGI, Китай) согласно протоколам производителя. На первом этапе полученная тотальная ДНК подвергалась фрагментации, а затем к полученным фрагментам были прикреплены специальные адаптеры, содержащих уникальные штрихкоды.

Для оценки качества и концентрации продуктов на каждом этапе применялись электрофорез в 2 % агарозном геле и флуориметрия. Для этого использовались приборы Qubit 2.0 (Thermo Fisher, США) и Nano-500 (Hangzhou Allsheng Instruments Co., Ltd. Китай) в сочетании со специализированными наборами Equalbit 1x dsDNA HS Assay Kit (Vazyme, Китай) и QuDye ssDNA Assay Kit (Lumiprobe, Россия) для количественного определения дву- и одноцепочечной ДНК.

После количественной оценки, амплифицированные продукты были сгруппированы в пулы. Затем, для создания одноцепочечных ДНК-библиотек, эти пулы прошли процесс циркуляризации. После финального контроля качества, рассчитанные объемы отдельных пулов были смешаны в единый супер-пул с конечной концентрацией, соответствующей 60 фмоль.

Для секвенирования на приборе DNBSEQ-G50 (MGI, Китай) были подготовлены ДНК-наноболы (ДНБ) с помощью рекомендованного производителем набора. Их концентрация была определена флуориметрически. Затем ДНБ были загружены в проточную ячейку секвенатора вместе с реагентами

из картриджа, согласно инструкции производителя, для проведения высокопроизводительного секвенирования. Для контроля качества исходных метагеномных данных применялся FastQC. Далее, технические последовательности были очищены с помощью flexbar. Таксономический состав каждого образца определялся с использованием MetaPhlan 4 (версия 4.2.2) и стандартных баз данных для бактерий, вирусов и эукариот.

Статистический анализ проводился в среде R (версия 4.5.1). Альфа-разнообразие оценивалось по индексу Шеннона, а бета-разнообразие – по метрике Брея-Кертиса. Для сравнения альфа-разнообразия между группами использовался непараметрический критерий Манна-Уитни. Различия в разнообразии между группами оценивались с помощью функции ADONIS. Относительная численность бактериальных видов сравнивалась между группами с помощью метода ANCOMBC (версия 2.11.1) с коррекцией Холма.

Статистически значимыми считались результаты с  $p$ -значением  $\leq 0,05$  после коррекции. Данные представлены в виде средних значений с указанием стандартного отклонения (SD).

### Результаты

Анализ фекального микробиома добровольцев до и после приема пробиотической добавки, позволил идентифицировать 10 типов, 102 класса, 108 порядков, 129 семейств, 300 родов и 448 видов бактерий. Также был выявлен один тип из царства Археи Methanobacteriota с видовым представителем *Methanobrevibacter smithii*. Типы, численность которых была меньше 1 %, были объединены в «Другие» (рисунок 1).

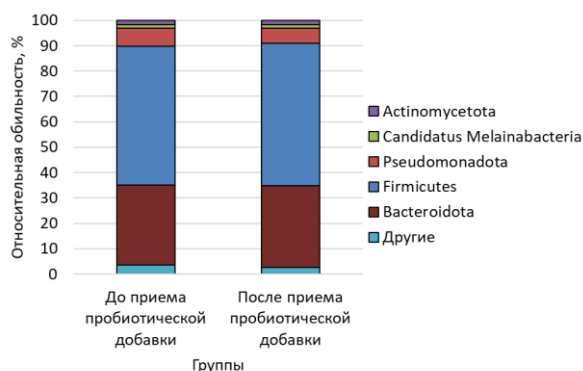


Рисунок 1. Типы бактерий, обнаруженные в фекальном микробиоме исследуемых групп

Figure 1. Bacterial types found in the fecal microbiome of the study groups

Также был проведен анализ альфа-разнообразия, используя меры разнообразия наблюдаемых видов и индекс Шеннона (рисунок 2). Статистически значимых различий не выявлено.

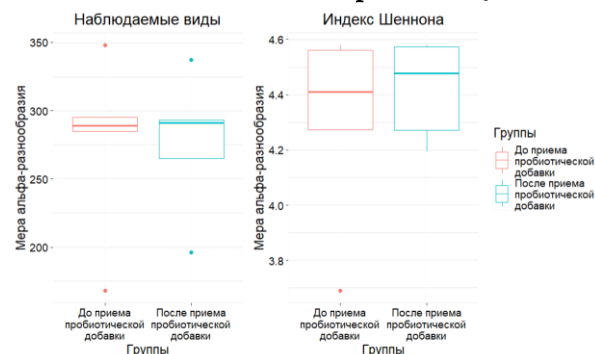


Рисунок 2. Альфа-разнообразие кишечного микробиома пациентов до и после приема пищевой добавки

Figure 2. Alpha diversity of the gut microbiome of patients before and after taking a dietary supplement

Анализ бета-разнообразия показал наличие кластеризации между исследуемыми группами, однако, статистически достоверных различий не обнаружено (рисунок 3).

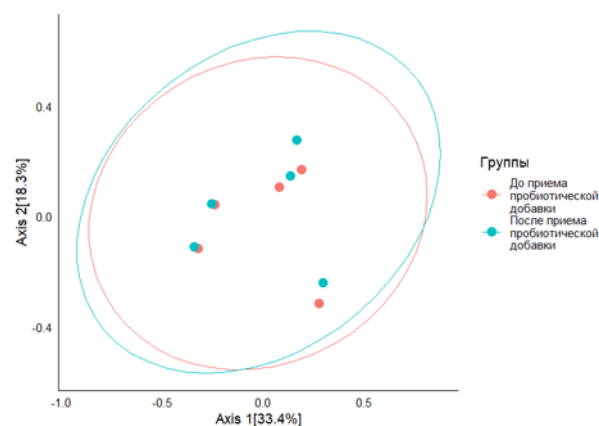


Рисунок 3. График анализа основных координат (PCoA) бета-разнообразия на основе шкалы Брея – Кертиса между исследуемыми группами

Figure 3. Principal coordinates analysis (PCoA) plot of beta diversity based on the Bray-Curtis scale between study groups

Дифференциальный анализ численности выявил статистически значимые различия на видовом уровне между микробиомом добровольцев до и после приема пищевой добавки. Таким образом, у пациентов после приема добавки мы наблюдали снижение содержания видов: *Phocaicola vulgatus* (8,469 %  $\pm$  2,884 против 3,460 %  $\pm$  0,864,  $p = 0,013$ ), *Yeguiia hominis* (0,017 %  $\pm$  0,005 против 0,007 %  $\pm$  0,004,  $p = 0,017$ ). Напротив, относительная обильность вида *GGB2970 SGB3952* (Firmicutes) увеличивалась на фоне приема пробиотической добавки относительно данных полученных изначально до добавки (0,043 %  $\pm$  0,012 против 0,087 %  $\pm$  0,009,  $p = 0,001$ ) (рисунок 5).

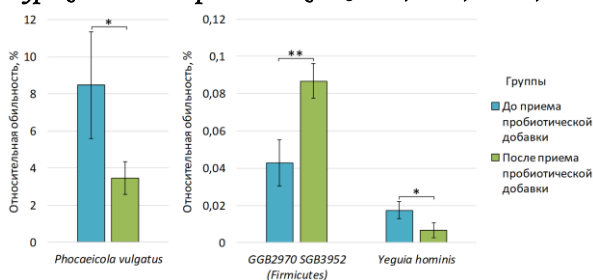


Рисунок 4. Различия в составе кишечного микробиома пациентов до и после приема пищевой добавки. •  $p \leq 0,05$ , \*\*  $p \leq 0,01$

Figure 4. Differences in the composition of the intestinal microbiome of patients before and after taking the dietary supplement. •  $p \leq 0.05$ , \*\*  $p \leq 0.01$

### Обсуждение

После приема пробиотической добавки, содержащей бактериальную культуру *S. salivarius*, наблюдалось снижение численности автохтонного представителя кишечного тракта человека *Phocaeicola vulgatus*. Известны результаты исследований, в которых данный вид демонстрирует высокий пробиотический потенциал [8]. Было установлено, что включение в диету пробиотика *P. vulgatus* смягчает симптомы развития метаболической дисфункции, ассоциированной со стеатозом печени [9]. Данный позитивный эффект объясняется способностью *P. vulgatus* синтезировать 3-гидроксифенилацетиловую кислоту, которая снижает уровень ацетилирования H3K27 и подавляет транскрипцию скваленэпоксидазы, что приводит к накоплению липидов в печени [10]. Однако, у пациентов с диагностированным язвенным колитом выявлена, напротив, прямая связь между количеством *P. vulgatus* и тяжестью течения заболевания. Данный тератогенный эффект объясняется способностью *P. vulgatus* принимать участие в избыточной секреции протеаз, которые индуцируют патогенез язвенного колита [11,12]. В связи с этим, можно говорить о том, что прием пробиотика, содержащего *S. salivarius*, возможно использовать в профилактических целях развития язвенного колита за счет подавления избыточного роста *P. vulgatus* в кишечнике. Однако, для валидации такой работы необходимы дальнейшие исследования.

Аналогичные результаты были получены и для бактерии *Yeguiia hominis*. После приема пробиотика наблюдалось снижение численности *Y. hominis* в кишечном тракте. Идентифицированный вид является новым и был описан недавно, он принадлежит к семейству *Acutalibacteraceae* и является компонентом нормофлоры кишечника человека [13].

Прием пробиотического препарата, содержащего *S. salivarius*, привел к значительному росту

представителей Firmicutes GGB2970 SGB3952 в кишечном микробиоме человека [14]. Известно, что филум Firmicutes включает в свой состав большое разнообразие бактерий, которые являются яркими представителями кишечной микрофлоры человека. Используемый в исследовании полезный пробиотический штамм *S. salivarius* относится к типу Firmicutes [15]. Вероятно, рост численности представителей Firmicutes относительно контрольной группы связан с приемом пробиотической культуры *S. salivarius*. Однако необходимо учитывать соотношение таксонов Firmicutes/Bacteroidetes в кишечном микробиоме, так как их дисбаланс может приводить к развитию различных патологий [16, 17]. Известны исследования, в которых рост численности представителей Firmicutes относительно типа Bacteroidetes в кишечном микробиоме коррелировал с развитием ожирения [18-20].

Снижение относительной представленности *Phocaeicola vulgatus* и *Yeguiia hominis* при увеличении GGB2970 SGB3952 указывает на направленное изменение таксономического профиля микробиоты. Направление сдвигов можно охарактеризовать как потенциально благоприятное. Однако физиологическая значимость этих сдвигов требует дальнейшего изучения, включая анализ функционального потенциала микробиоты и ассоциаций с клиническими параметрами.

### Заключение

Сравнительный анализ микробиомов до и после приема *S. salivarius* добровольцами продемонстрировал, что общие показатели структуры микробного профиля масштабных изменений не претерпели: статистически значимых различий по альфа-разнообразию и бета-разнообразию не установлено. После приема *S. salivarius* отмечалось статистически значимое снижение относительной обильности *Phocaeicola vulgatus* и *Yeguiia hominis*. Напротив, наблюдалось увеличение относительной обильности вида GGB2970 SGB3952 типа Firmicutes. Направление сдвигов можно охарактеризовать как потенциально благоприятное. Однако физиологическая значимость изменений в составе кишечного микробиома требует дальнейшего изучения.

### Благодарности

Исследование выполнено в рамках государственного задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (проект FZGW-2024-0003).

## Литература

- 1 Luqman A., Hassan A., Ullah M., Naseem S. et al. Role of the intestinal microbiome and its therapeutic intervention in cardiovascular disorder // *Frontiers in immunology*. 2024. V. 15. P. 1321395. doi: 10.3389/fimmu.2024.1321395.
- 2 Petersen C., Round J. L. Defining dysbiosis and its influence on host immunity and disease // *Cellular microbiology*. 2014. V. 16. № 7. P. 1024–1033. doi: 10.1111/cmi.12308.
- 3 Parkin K., Christophersen C.T., Verhasselt V., Cooper M.N. et al. Risk factors for gut dysbiosis in early life // *Microorganisms*. 2021. V. 9. № 10. P. 2066. Doi: 10.3390/microorganisms9102066.
- 4 Ma M., Su J., Wang Y., Wang L., et al. Association of body mass index and intestinal (faecal) *Streptococcus* in adults in Xining city, China P.R // *Beneficial microbes*. 2022. V. 13. № 6. P. 465–471. doi: 10.3920/BM2021.0046.
- 5 Gu M., Ge J., Pan Q., Hu N., Hua F. Salivary microbiome variations in type 2 diabetes mellitus patients with different stages of periodontitis // *BMC oral health*. 2024.V. 24. № 1.P. 1424. doi: 10.1186/s12903-024-05135-3.
- 6 Letchumanan G., Abdullah N., Marlini M., Baharom N. et al. Gut Microbiota Composition in Prediabetes and Newly Diagnosed Type 2 Diabetes: A Systematic Review of Observational Studies // *Frontiers in cellular and infection microbiology*. 2022.V. 12. P. 943427. doi: 10.3389/fcimb.2022.943427.
- 7 Ren Y., Hao L., Liu J., Wang P. et al. Alterations in the Gut Microbiota in Pregnant Women with Pregestational Type 2 Diabetes Mellitus // *mSystems*. 2023.V. 8. № 2. P. e0114622. doi: 10.1128/msystems.01146-22.
- 8 Yang Z., Zhang F., Li H., Liu B. et al. Gut commensal *Phocaeicola vulgatus AF107-22* alleviates obesity-induced metabolic syndrome via promoting gut microbiota-derived spermidine synthesis // *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 2026. V. 74. № 7. P. 6218–6229. doi: 10.1021/acs.jafc.5c14443.
- 9 Zhao Y, Li Z and Yu G. Impact of probiotics and prebiotics on glucose/lipid metabolism in metabolic dysfunction-associated steatotic liver disease: mechanisms and implications // *Front. Nutr.* 2026. V. 13. P. 1779954. doi: 10.3389/fnut.2026.1779954.
- 10 Jin S., Chen P., Yang J., Li D. et al. *Phocaeicola vulgatus* alleviates diet-induced metabolic dysfunction-associated steatotic liver disease progression by downregulating histone acetylation level via 3-HPAA // *Gut microbes*. 2024.V. 16. № 1. P. 2309683. doi: 10.1080/19490976.2024.2309683.
- 11 Mills R.H., Dulai P.S., Vázquez-Baeza Y., Saucedo C. et al. Multi-omics analyses of the ulcerative colitis gut microbiome link *Bacteroides vulgatus* proteases with disease severity // *Nature Microbiology*. 2022. V. 7. № 2. P. 262–276. doi: 10.1038/s41564-021-01050-3.
- 12 Caminero A., Guzman M., Libertucci J., Lomax A.E. The emerging roles of bacterial proteases in intestinal diseases // *Gut Microbes*. 2023. V. 15. № 1. P. 2181922. doi: 10.1080/19490976.2023.2181922.
- 13 Liu C., Du M.X., Abuduaini R., Yu H.Y. et al. Enlightening the taxonomy darkness of human gut microbiomes with a cultured biobank // *Microbiome*. 2021.V. 9. № 1. P. 119. doi: 10.1186/s40168-021-01064-3.
- 14 Riva A., Borgo F., Lassandro C., Verduci E. et al. Pediatric obesity is associated with an altered gut microbiota and discordant shifts in Firmicutes populations // *Environmental Microbiology*. 2017. V. 19. № 1. P. 95–105. doi: 10.1111/1462-2920.13463.
- 15 Cui Y., Jia Q., Yan H., Hua X. et al. Novel *Enterococcus faecium* P2 as a probiotic for mitigating *Clostridioides difficile* infection // *Microbial Pathogenesis*. 2025. V. 208. P. 108028. doi: 10.1016/j.micpath.2025.108028.
- 16 De Bandt J.P., Waligora-Dupriet A.J., Butel M.J. Intestinal microbiota in inflammation and insulin resistance: relevance to humans // *Current Opinion in Clinical Nutrition and Metabolic Care*. 2011. V. 14. № 4. P. 334–40. doi: 10.1097/MCO.0b013e328347924a.
- 17 Stojanov S., Berlec A., Štrukelj B. The influence of probiotics on the Firmicutes/Bacteroidetes ratio in the treatment of obesity and inflammatory bowel disease // *Microorganisms*. 2020. V. 8. № 11. P. 1715. doi: 10.3390/microorganisms8111715.
- 18 Liang Y., Liu D., Zhan J., Luo M. et al. New insight into the mechanism of POP-induced obesity: Evidence from DDE-altered microbiota // *Chemosphere*. 2020. V. 244. P. 125123. doi: 10.1016/j.chemosphere.2019.125123.
- 19 Magne F., Gotteland M., Gauthier L., Zazueta A. et al. The Firmicutes/Bacteroidetes Ratio: A Relevant Marker of Gut Dysbiosis in Obese Patients? // *Nutrients*. 2020.V. 12. № 5. P. 1474. doi: 10.3390/nu12051474.
- 20 de Wit N., Derrien M., Bosch-Vermeulen H., Oosterink E. et al. Saturated fat stimulates obesity and hepatic steatosis and affects gut microbiota composition by an enhanced overflow of dietary fat to the distal intestine // *American journal of physiology. Gastrointestinal and liver physiology*. 2012. V. 303. № 5. P. G589-99. doi: 10.1152/ajpgi.00488.2011.


## References

- 1 Luqman A., Hassan A., Ullah M., Naseem S. et al. Role of the intestinal microbiome and its therapeutic intervention in cardiovascular disorder // *Frontiers in immunology*. 2024. V. 15. P. 1321395. doi: 10.3389/fimmu.2024.1321395.
- 2 Petersen C., Round J. L. Defining dysbiosis and its influence on host immunity and disease // *Cellular microbiology*. 2014. V. 16. № 7. P. 1024–1033. doi: 10.1111/cmi.12308.
- 3 Parkin K., Christophersen C.T., Verhasselt V., Cooper M.N. et al. Risk factors for gut dysbiosis in early life // *Microorganisms*. 2021. V. 9. № 10. P. 2066. Doi: 10.3390/microorganisms9102066.
- 4 Ma M., Su J., Wang Y., Wang L., et al. Association of body mass index and intestinal (faecal) *Streptococcus* in adults in Xining city, China P.R // *Beneficial microbes*. 2022. V. 13. № 6. P. 465–471. doi: 10.3920/BM2021.0046.
- 5 Gu M., Ge J., Pan Q., Hu N., Hua F. Salivary microbiome variations in type 2 diabetes mellitus patients with different stages of periodontitis // *BMC oral health*. 2024.V. 24. № 1.P. 1424. doi: 10.1186/s12903-024-05135-3.


- 6 Letchumanan G., Abdullah N., Marlini M., Baharom N. et al. Gut Microbiota Composition in Prediabetes and Newly Diagnosed Type 2 Diabetes: A Systematic Review of Observational Studies // *Frontiers in cellular and infection microbiology*. 2022. V. 12. P. 943427. doi: 10.3389/fcimb.2022.943427.
- 7 Ren Y., Hao L., Liu J., Wang P. et al. Alterations in the Gut Microbiota in Pregnant Women with Pregestational Type 2 Diabetes Mellitus // *mSystems*. 2023. V. 8. № 2. P. e0114622. doi: 10.1128/msystems.01146-22.
- 8 Yang Z., Zhang F., Li H., Liu B. et al. Gut commensal *Phocaeicola vulgatus* AF107-22 alleviates obesity-induced metabolic syndrome via promoting gut microbiota-derived spermidine synthesis // *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 2026. V. 74. № 7. P. 6218–6229. doi: 10.1021/acs.jafc.5c14443.
- 9 Zhao Y., Li Z and Yu G. Impact of probiotics and prebiotics on glucose/lipid metabolism in metabolic dysfunction-associated steatotic liver disease: mechanisms and implications // *Front. Nutr.* 2026. V. 13. P. 1779954. doi: 10.3389/fnut.2026.1779954.
- 10 Jin S., Chen P., Yang J., Li D. et al. *Phocaeicola vulgatus* alleviates diet-induced metabolic dysfunction-associated steatotic liver disease progression by downregulating histone acetylation level via 3-HPAA // *Gut microbes*. 2024. V. 16. № 1. P. 2309683. doi: 10.1080/19490976.2024.2309683.
- 11 Mills R.H., Dulai P.S., Vázquez-Baeza Y., Saucedo C. et al. Multi-omics analyses of the ulcerative colitis gut microbiome link *Bacteroides vulgatus* proteases with disease severity // *Nature Microbiology*. 2022. V. 7. № 2. P. 262–276. doi: 10.1038/s41564-021-01050-3.
- 12 Caminero A., Guzman M., Libertucci J., Lomax A.E. The emerging roles of bacterial proteases in intestinal diseases // *Gut Microbes*. 2023. V. 15. № 1. P. 2181922. doi: 10.1080/19490976.2023.2181922.
- 13 Liu C., Du M.X., Abuduaini R., Yu H.Y. et al. Enlightening the taxonomy darkness of human gut microbiomes with a cultured biobank // *Microbiome*. 2021. V. 9. № 1. P. 119. doi: 10.1186/s40168-021-01064-3.
- 14 Riva A., Borgo F., Lassandro C., Verduci E. et al. Pediatric obesity is associated with an altered gut microbiota and discordant shifts in Firmicutes populations // *Environmental Microbiology*. 2017. V. 19. № 1. P. 95–105. doi: 10.1111/1462-2920.13463.
- 15 Cui Y., Jia Q., Yan H., Hua X. et al. Novel *Enterococcus faecium* P2 as a probiotic for mitigating *Clostridioides difficile* infection // *Microbial Pathogenesis*. 2025. V. 208. P. 108028. doi: 10.1016/j.micpath.2025.108028.
- 16 De Bandt J.P., Waligora-Dupriet A.J., Butel M.J. Intestinal microbiota in inflammation and insulin resistance: relevance to humans // *Current Opinion in Clinical Nutrition and Metabolic Care*. 2011. V. 14. № 4. P. 334–40. doi: 10.1097/MCO.0b013e328347924a.
- 17 Stojanov S., Berlec A., Štrukelj B. The influence of probiotics on the Firmicutes/Bacteroidetes ratio in the treatment of obesity and inflammatory bowel disease // *Microorganisms*. 2020. V. 8. № 11. P. 1715. doi: 10.3390/microorganisms8111715.
- 18 Liang Y., Liu D., Zhan J., Luo M. et al. New insight into the mechanism of POP-induced obesity: Evidence from DDE-altered microbiota // *Chemosphere*. 2020. V. 244. P. 125123. doi: 10.1016/j.chemosphere.2019.125123.
- 19 Magne F., Gotteland M., Gauthier L., Zazueta A. et al. The Firmicutes/Bacteroidetes Ratio: A Relevant Marker of Gut Dysbiosis in Obese Patients? // *Nutrients*. 2020. V. 12. № 5. P. 1474. doi: 10.3390/nu12051474.
- 20 de Wit N., Derrien M., Bosch-Vermeulen H., Oosterink E. et al. Saturated fat stimulates obesity and hepatic steatosis and affects gut microbiota composition by an enhanced overflow of dietary fat to the distal intestine // *American journal of physiology. Gastrointestinal and liver physiology*. 2012. V. 303. № 5. P. G589-99. doi: 10.1152/ajpgi.00488.2011.

#### Сведения об авторах


**Инна Ю. Буракова** м.н.с., лаборатория метагеномики и пищевых биотехнологий, Воронежский государственный университет инженерных технологий, пр-т Революции, 19, г. Воронеж, 394036, Россия, vitkalovai@inbox.ru

 <https://orcid.org/0000-0002-5881-0845>


**Полина Д. Морозова** м.н.с., лаборатория метагеномики и пищевых биотехнологий, Воронежский государственный университет инженерных технологий, пр-т Революции, 19, г. Воронеж, 394036, Россия, ms.cloud00.00@mail.ru

 <https://orcid.org/0009-0000-0075-9170>

**Светлана В. Погорелова** м.н.с., лаборатория метагеномики и пищевых биотехнологий, Воронежский государственный университет инженерных технологий, пр-т Революции, 19, г. Воронеж, 394036, Россия, zubkova.sweta@gmail.com


 <https://orcid.org/0009-0002-7924-8027>

**Юлия Д. Смирнова** м.н.с., лаборатория метагеномики и пищевых биотехнологий, Воронежский государственный университет инженерных технологий, пр-т Революции, 19, г. Воронеж, 394036, Россия, dyd16@mail.ru


 <https://orcid.org/0000-0002-5820-1804>

#### Information about authors


**Inna Yu. Burakova** Junior researcher, metagenomics and food biotechnology laboratories, Voronezh State University of Engineering Technologies, Revolution Av., 19 Voronezh, 394036, Russia, vitkalovai@inbox.ru

 <https://orcid.org/0000-0002-5881-0845>


**Polina D. Morozova** Junior researcher, metagenomics and food biotechnology laboratories, Voronezh State University of Engineering Technologies, Revolution Av., 19 Voronezh, 394036, Russia, ms.cloud00.00@mail.ru

 <https://orcid.org/0009-0000-0075-9170>


**Svetlana V. Pogorelova** Junior researcher, metagenomics and food biotechnology laboratories, Voronezh State University of Engineering Technologies, Revolution Av., 19 Voronezh, 394036, Russia, zubkova.sweta@gmail.com

 <https://orcid.org/0009-0002-7924-8027>


**Yulia D. Smirnova** Junior researcher, metagenomics and food biotechnology laboratories, Voronezh State University of Engineering Technologies, Revolution Av., 19 Voronezh, 394036, Russia, dyd16@mail.ru

 <https://orcid.org/0000-0002-5820-1804>


**Татьяна А. Кислова** специалист по питанию, научно-исследовательская лаборатория здоровья, Воронежский государственный университет инженерных технологий, пр-т Революции, 19, г. Воронеж, 394036, Россия, kislanya@yandex.ru

 <https://orcid.org/0009-0008-9706-3054>


**Михаил Ю. Сыромятников** к.б.н., в.н.с., лаборатория метабеномики и пищевых биотехнологий, Воронежский государственный университет инженерных технологий, пр-т Революции, 19, г. Воронеж, 394036, Россия, syromyatnikov@bio.vsu.ru

 <https://orcid.org/0000-0001-9028-0613>

**Tatiana A. Kislova** nutrition specialist, health research laboratory, Voronezh State University of Engineering Technologies, Revolution Av., 19 Voronezh, 394036, Russia, kislanya@yandex.ru

 <https://orcid.org/0009-0008-9706-3054>

**Mikhail Yu. Syromyatnikov** Cand. Sci. (Biol.), leading researcher, metagenomics and food biotechnology laboratories, Voronezh State University of Engineering Technologies, Revolution Av., 19 Voronezh, 394036, Russia, syromyatnikov@bio.vsu.ru

 <https://orcid.org/0000-0001-9028-0613>

#### **Вклад авторов**

Все авторы в равной степени принимали участие в написании рукописи и несут ответственность за плагиат

#### **Конфликт интересов**

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

#### **Contribution**

All authors are equally involved in the writing of the manuscript and are responsible for plagiarism

#### **Conflict of interest**

The authors declare no conflict of interest.

<b>Поступила</b> 01/04/2026	<b>После редакции</b> 18/04/2026	<b>Принята в печать</b> 05/05/2026
<b>Received</b> 01/04/2026	<b>Accepted in revised</b> 18/04/2026	<b>Accepted</b> 05/05/2026