Гэдэсний микробиомын бүрэлдэхүүн болон хоол хүнсний хэрэглээг насанд хүрсэн Монгол хүнд харьцуулан судалсан дүн

Н.Туул[1], Л.Хулан[1], Х.Александер[2], Б.Сабри[3,4], С.Рафейла[2], Х.Сэр-Од[5], Д.Даваалхам[5], В.Кристина[2,6], Т.Хосбаяр[7], Ц.Сонинхишиг[8]

[1]АШУҮИС, Нийгмийн Эрүүл Мэндийн Сургууль, Шим тэжээл судлалын тэнхим
[2]ХБНГУ, Макс Планкийн Хувьслын Антропологийн Хүрээлэн
[3]Махидолын Их Сургууль, Шим Тэжээлийн Хүрээлэн
[4]Харвардын Их Сургууль, Нийгмийн Эрүүл Мэндийн сургууль
[5]АШУҮИС, Нийгмийн Эрүүл Мэндийн Сургууль
[6]Харвардын Их Сургуулийн Антропологийн Тэнхим
[7]АШУҮИС, Био-Анагаахын Сургууль, ЭМОТ
[8]ШУТИС, Бизнесийн Ахисан Түвшний Сургууль
Цахим шуудан: tuul.n@mnums.edu.mn; Утас: 99088193

Түлхүүр үг:

Бичил биетний бүрэлдэхүүн
Энтеротип
Хот
Хөдөө
Өтгөн

Товч утга:

Үндэслэл: Олон зуун жилийн туршид хүний хоол боловсруулах эрхтэн, шээс бэлгийн зам, нүд зэрэг салст бүрхэвч болон арьсанд хэвийн бичил биетнүүд байрлаж ээдрээтэй боловч харилцан ашигтай харилцааг бий болгох замаар нэгэн цогц бүхэл экосистем болж оршин буйг судалгаагаар нотолсоор байна. Гэдэсний бичил биетний зонхилох бүлэг нь *Firmicutes, Bacterioides, Actinobacteria, Proteobacteria, Fusobacteria, Verrucomicrobia* ба үүний 90%-ийг *Firmicutes, Bacterioides* гэсэн 2 бүлэг эзэлдэг. Хүний микробиом нь таргалалт, чихрийн шижин, харшил, астма, ходоод гэдэсний замын архаг өвчлөл болон вирусийн өвөрмөц өвчинд өртөмтгий байдалд нөлөөлж болно. Иймд амьдрах орчин нөхцөл, хооллолтын байдлаар ялгаатай хот болон хөдөө амьдардаг насанд хүрсэн Монгол хүмүүсийн гэдэсний микробиомын онцлогийг судлах шаардлагатай байгаа нь энэхүү судалгааг хийх үндэслэл боллоо. **Зорилго:** Гэдэсний микробиомын бүрэлдэхүүн болон насанд хүрсэн монгол хүний хоол хүнсний хэрэглээг харьцуулан судлах. **Арга, аргачлал:** Бид судалгаагаа 2020-2023 оны хооронд нүүдлийн болон цагаан идээний өвөрмөц соёлтой Хөвсгөл, Булган, Дундговь аймгийн малчдаас 50, Улаанбаатар хотод оршин суугчдаас 50 оролцогчийг хамруулсан. Өтгөний микробиомын генетикийн судалгааг Макс Планкийн Хүн Төрөлхтний Түүхийн Хүрээлэнгийн Археогенетикийн лабораторид Illumina NGS төхөөрөмжийн тусламжтайгаар бактерийн бүтэн геномын дарааллыг тогтоосон. Статистикийн R программ болон MetaPhlAn хэрэглүүрийг ашиглан өгөгдлийн шинжилгээг хийж, бичил биетнийг зүйлийн түвшинд харьцууллаа. Хот, хөдөөгийн хамрагдагсдын микробиомын ялгаа болон хооллолтын байдлын хамаарлыг SPSS-25 программаар боловсруулав. **Үр дүн:** Судалгаанд хамрагдагсдын 51%-ийг эрэгтэйчүүд, 49%-ийг эмэгтэйчүүд эзэлж, дундаж нас 42.4±14.3, БЖИ 26.6±4.9 кг/м^2 байна. Хүнсний бүлэг тус бүрээр хоногийн хэрэглээг харьцуулахад хотоос хамрагдсан хүмүүс хөдөөгөөс хүнсний ногоо, жимсний хэрэглээгээр 6 дахин, махны хэрэглээгээр 3 дахин их байна. Харин хөдөөгөөс хамрагдсан хүмүүс хотоос сүү цагаан идээний хэрэглээгээр 6.5 дахин их, өөх тосны хэрэглээгээр 2 дахин их байгааг тус тус тодорхойллоо. Махны хэрэглээ эрэгтэй болон эмэгтэйчүүдэд ойролцоо боловч хүнсний ногоо, жимсний хэрэглээ нь эмэгтэйчүүдэд илүү байгаа нь ажиглагдлаа. Нийт бичил биетний 95% нь *Firmicutes, Actinobacteria*-ийн хүрээний бактериуд байна. Үйлдвэрийн сүү, тараг, уламжлалт сүү таргийн хэрэглээ хот болон хөдөөгийн хүн амд ялгаатай байна. Ялангуяа айраг, хоормогийн хэрэглээ Булган аймгаас хамрагдсан хүмүүст өндөр байв. **Дүгнэлт:** Хот болон хөдөөгөөс хамрагдсан нийт хүнд 13 хүрээний, 217 төрөл, 627 зүйл бичил биетэн илэрсэн ба микробиомын төрлийн түвшинд энтеротип 2 дугаар хэв шинж буюу *Prevotella* давамгайлан тодорхойлогдлоо. Хөдөөгөөс хамрагдсан хүмүүсийн сүүн хүчлийн бактери болон бифидобактерийг хотоос хамрагдсан хүмүүстэй харьцуулахад ялгаа ажиглагдсан (p=0.0001) бөгөөд эдгээр бактериуд хөдөөд илүү байв. Бактерийн ялгаатай байдал нь бэлчээрийн малын гаралтай мах, махан бүтээгдэхүүн, сүү цагаан идээ хэрэглэж буйтай холбоотой гэж үзэж байна.

Үндэслэл: Олон зуун жилийн туршид хүний хоол боловсруулах эрхтэн, шээс бэлгийн зам, нүд зэрэг салст бүрхэвч болон арьсанд хэвийн бичил биетнүүд байрлаж ээдрээтэй боловч харилцан ашигтай харилцааг бий болгох замаар нэгэн цогц бүхэл экосистемболж оршин буйг судалгаагаар нотолсоор байна. Сүүлийн жилүүдэд хүний хэвийн бичил биетэн, ялангуяа гэдэсний бичил биетний судалгаа эрчимтэй хийгдэж "Хүний микробиом төсөл" хэрэгжиж байна. Хүний хоол боловсруулах зам бичил биетний тоогоор хамгийн баялаг ($>10^{14}$/мл) гэж тогтоосон бөгөөд энэ нь хүний эсүүд ба геномоос 10 дахин их хэмжээний геномын агууламжтай (микробиом) гэсэн үг юм.[1,2]

Гэдэсний бичил биетний зонхилох бүлэг нь *Firmicutes, Bacterioides, Actinobacteria, Proteobacteria, Fusobacteria, Verrucomicrobia* ба үүний 90%-ийг *Firmicutes, Bacterioides* гэсэн 2 бүлэг эзэлдэг ба гэдэсний бичил биетнүүд нь эзэн организмын бодисын солилцоонд чухал үүрэг гүйцэтгэдэг.[3] Тухайлбал: сүүн хүчлийн бактери нь В12 аминдэмийг нийлэгжүүлэх гол организм бөгөөд үүнийг амьтан, ургамал, мөөгөнцөр нийлэгжүүлдэггүй.[3,4] Мөн бифидобактери нь ДНХ-ийн нийлэгжилт, эд эсийн нөхөн төлжилт зэрэг амин чухал бодисын солилцооны үйл явцад оролцдог амин дэм болох фолийн хүчлийг нийлэгжүүлдэг. Гэдэсний бичил биетнүүдийн тусламжтай К амин дэм, рибофлавин, биотин, никотины хүчил, пантотений хүчил, пиридоксин, тиамин зэрэг олон тооны бодис нийлэгждэг байна.[5]

Хүний гэдэсний бичил биетний төрөл зүйлийн онцлогт үндэслэн гурван энтеротипэд хуваадаг бөгөөд нэгдүгээр төрөл (enterotype 1)-д *Bacteroides, хоёрдугаар* төрөл (enterotype 2)-д *Prevotella,* гуравдугаар төрөл (enterotype 3)-д *Ruminococcus* давамгай илэрдэг. Энтеротипийг нас, хүйс, биеийн жин, үндэсний ангиллаар тогтоодоггүй ба урт хугацааны хоолны дэглэм нь энтеротипэд нөлөөлдгийг тогтоосон байна.[6,7] Хүн амьдралдаа дунджаар 60 тонн хоол хүнсийг иддэг ба нэгэн хэвийн хооллолт, биологийн идэвхт бүтээгдэхүүн, хүнсний нэмэлт бүтээгдэхүүний зохисгүй хэрэглээ нь гэдэсний бичил биетний бүрэлдэхүүнд сөргөөр нөлөөлж байдгийг олон тооны судалгаанд дурдсан байна.[8]

Мөн антибиотикийн хэрэглээ нь хүний микробиомд шууд нөлөөлөх хүчин зүйл болдог бөгөөд нөхцөлт эмгэгтөрөгч, антибиотикт тэсвэртэй бактерийг нэмэгдүүлдэг. Хүний микробиом нь таргалалт, чихрийн шижин, харшил, астма, ходоод гэдэсний замын архаг өвчлөл болон вирусийн өвөрмөц өвчинд өртөмтгий байдалд нөлөөлж болно.[9,10] Иймд амьдрах орчин нөхцөл, хооллолтын байдлаар ялгаатай хот болон хөдөө амьдардаг насанд хүрсэн Монгол хүмүүсийн гэдэсний микробиомын онцлогийг судлах шаардлагатай байгаа нь энэхүү судалгааг хийх үндэслэл боллоо.

Зорилго: Гэдэсний микробиомын бүрэлдэхүүн болон насанд хүрсэн монгол хүний хоол хүнсний хэрэглээг харьцуулан судлах.

Арга, аргачлал: Бид судалгаагаа 2020-2023 оны хооронд нүүдлийн болон цагаан идээний өвөрмөц соёлтой Хөвсгөл, Булган, Дундговь аймгийн малчдаас 50, Улаанбаатар хотод оршин суугчдаас 50 оролцогчийг хамруулсан. Судалгаанд хамрагдсан хүмүүсээс өтгөний сорьц цуглуулж, хооллолтын асуумж авч, биеийн хэмжилтийг гүйцэттгэсэн. Хоол хүнс, нэмэлт бүтээгдэхүүний хэрэглээг судлах зорилгоор үр тариа, хүнсний ногоо, мах махан бүтээгдэхүүн, сүү цагаан идээ, жимс жимсгэнэ, тосны төрөл, хоол амтлагч, амттан, уух зүйл, согтууруулах ундаа, түргэн хоол, амин дэм, биологийн идэвхт бүтээгдэхүүн зэрэг 11 бүлэг бүхий асуумжаар судалгааг авсан. Хүнсийг 6 бүлэгт багцалж, хэрэглээний давтамжид үндэслэн нэг хоногт хэрэглэх хэмжээг тооцсон. Өтгөний микробиомын генетикийн судалгааг Макс Планкийн Хүн Төрөлхтний Түүхийн Хүрээлэнгийн Археогенетикийн лабораторид Illumina NGS төхөөрөмжийн тусламжтайгаар бактерийн бүтэн геномын дарааллыг тогтоосон.[11] Статистикийн R программ болон MetaPhlAn хэрэглүүрийг ашиглан өгөгдлийн шинжилгээг хийж, бичил биетнийг зүйлийн түвшинд харьцууллаа. Хот, хөдөөгийн хамрагдагсдын микробиомын ялгаа болон хооллолтын байдлын хамаарлыг SPSS-25 программаар боловсруулав. Судалгааны арга, аргачлалыг ЭМЯ-ны Анагаах ухааны ёс зүйн хяналтын хорооны хурлаар хэлэлцүүлж, судалгааг явуулах зөвшөөрлийг авсан (2020.05.01/155).

Үр дүн: Судалгаанд хамрагдагсдын 51%-ийг эрэгтэйчүүд, 49%-ийг эмэгтэйчүүд эзэлж, дундаж нас 42.4±14.3, БЖИ 26.6±4.9 кг/м^2 байна (Хүснэгт 1).

Хүснэгт 1. Судалгаанд хамрагдагсдын нас болон БЖИ-ийг харьцуулан судалсан дүн

Үзүүлэлт	Ангилал	Хот (n=50)	Хөдөө (n=50)	Бүгд (n=100)
Нас (n)	Дундаж (Mean±SD)	41.0±14.4	43.8±14.1	42.4±14.3
	Хамгийн бага	18.0	19.0	18.0
	Хамгийн их	73.0	84.0	84.0
БЖИ (кг/м^2)	Дундаж (Mean±SD)	26.3±4.8	26.9±4.9	26.6±4.9
	Хамгийн бага	17.0	18.8	17.0
	Хамгийн их	38.7	39.5	39.5

Тайлбар: *SD-Standard deviation*

Судалгаанд хамрагдагсдыг тус бүрээр ангилбал 10% нь 18-24 насны, 25% нь 25-34 насны, 24% нь 35-44 насны, 20% нь 45-54 насны, 21% нь 55-аас дээш насны оролцогчид тус тус эзэлж байв.

Хүнсний бүлэг тус бүрээр хоногийн хэрэглээг харьцуулахад хотоос хамрагдсан хүмүүс хөдөөгөөс

хүнсний ногоо, жимсний хэрэглээгээр 6 дахин, махны хэрэглээгээр 3 дахин их байна. Харин хөдөөгөөс хамрагдсан хүмүүс хотоос сүү цагаан идээний хэрэглээгээр 6.5 дахин их, өөх тосны хэрэглээгээр 2 дахин их байгааг тус тус тодорхойллоо (Хүснэгт 2).

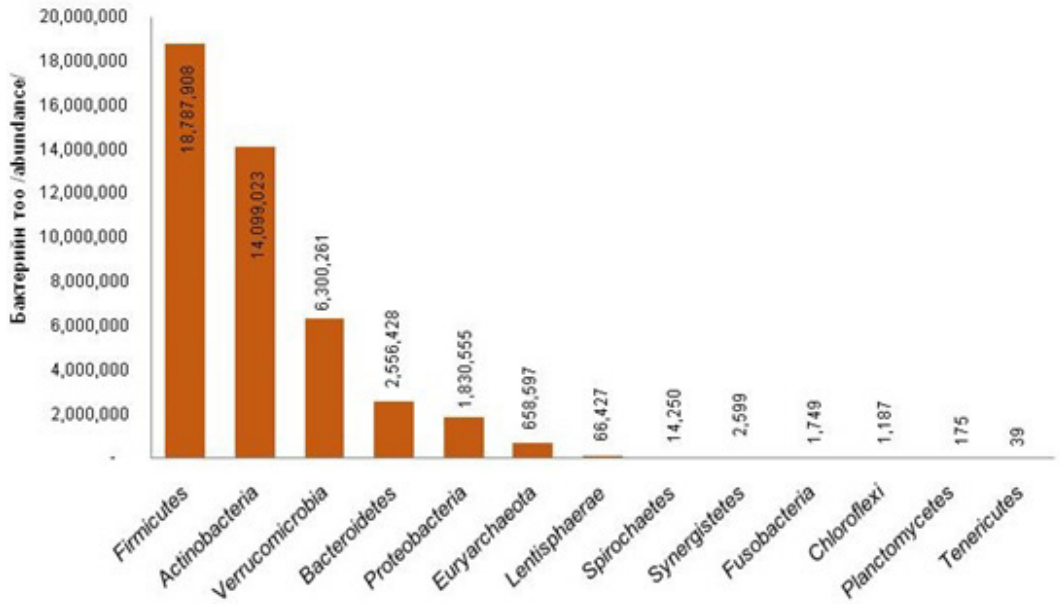
Хүснэгт 2. Судалгаанд хамрагдагсдын хоногийн хүнсний хэрэглээг тодорхойлсон дүн (гр/хоног)

Хүнсний бүлэг	Хот (n=50)	Хөдөө (n=50)	Нийт (n=100)	P утга
		Дундаж±SD		
Үр тариа, түүгээр хийсэн бүтээгдэхүүн	331.1±175.1	371.4±215.6	351.2±196.4	0.308
Мах, махан бүтээгдэхүүн	126.2±101.4	39.2±39.1	82.7±88.1	**0.0001**
Жимс, хүнсний ногоо	544.2±363.7	90.9±82.6	317.5±347.5	**0.0001**
Сүү, цагаан идээ	244.9±206.5	1585.7±2406.8	915.3±1828.2	**0.0001**
Өөх тос	32.9±28.9	63.4±56.4	48.2±47.2	**0.001**

Тайлбар: *SD-Standard deviation*

Махны хэрэглээ эрэгтэй болон эмэгтэйчүүдэд ойролцоо боловч хүнсний ногоо, жимсний хэрэглээ нь эмэгтэйчүүдэд илүү байгаа нь ажиглагдлаа (P<0.05).

Судалгаанд хамрагдагсдын микробиомын бүрэлдэхүүнд *Firmicutes, Actinobacteria, Verrucomicrobia, Bacterioides, Proteobacteria, Euryarchaeota* зэрэг 13 хүрээний, 217 төрлийн, 627 зүйл тодорхойлогдсон. Нийт бичил биетний 95% нь *Firmicutes, Actinobacteria*-ийн хүрээний бактериуд байна (Зураг 1).



Зураг 1. Судалгаанд хамрагдагсдын микробиомын бүрэлдэхүүн (бактерийн хүрээгээр/Phylum)

Actinobacteria-ийн хүрээнд нийт 35 төрөл илэрс**нээс** 99%-ийг *Bfidobacterium*-ийн төрөл**д** хамаарах бактериуд эзэлж байв. Энтеротипийн хэв шинжээр *Prevotella* хэв шинж (энтеротип 2) давамгайлан илэрсэн. Малчдыг хотын хүмүүстэй харьцуулахад сүүн хүчлийн бактерийн агууламжаар баялаг (60 дахин их), зүйлийн бүрэлдэхүүнээр олон янз (2.9 дахин их) байгаа нь тодорхойлогдлоо.

Мах болон жимс, хүнсний ногоо их хэрэглэдэг хүмүүст *Bacteroides* илүү илэрсэн (P<0.05). Харин *Bacteroides* болон *Prevotella*-ийн хэмжээ их байгаа үед бифидобактерийн эзлэх хувь бага байна (Хүснэгт 3).

Хүснэгт 3. *Bacteroides/Prevotella/Bifidobacterium*-ийн хэмжээг тодорхойлсон дүн (хүнсний бүлгээр)

Хувьсагчид	*Bacteroides*		*Prevotella*		*Bifidobacterium*		Үр тариа		Мах		Жимс ногоо		Өөх тос	
	ρ	Р утга	ρ	Р утга	ρ	Р утга	ρ	Р утга	ρ	Р утга	ρ	Р утга	ρ	Р утга
Bacteroides	1													
Prevotella	-0.178	0.076	1											
Bifidobacterium	-0.234	**0.019**	-0.212	**0.034**	1									
Үр тариа	-0.198	**0.049**	-0.009	0.932	0.13	0.197	1							
Мах	0.252	**0.012**	-0.062	0.54	-0.041	0.685	-0.115	0.255	1					
Жимс ногоо	0.264	**0.008**	0.006	0.952	-0.04	0.694	0.039	0.698	0.515	**0.0001**	1			
Өөх тос	-0.219	**0.028**	0.032	0.753	0.165	0.102	0.324	**0.001**	-0.16	0.111	-0.001	0.996	1	
Цагаан идээ	-0.124	0.22	0.066	0.515	-0.162	0.107	0.104	0.302	-0.302	**0.002**	-0.448	**0.0001**	0.317	**0.001**

Тайлбар: *ρ - Spearman›s rho*

Үйлдвэрийн сүү, тараг, уламжлалт сүү таргийн хэрэглээ хот болон хөдөөгийн хүн амд ялгаатай байна. Ялангуяа айраг, хоормогийн хэрэглээ Булган аймгаас хамрагдсан хүмүүст өндөр (дунджаар 1387–4418 мл/хон) байв (Хүснэгт 4).

Хүснэгт 4. Судалгаанд хамрагдагсдын сүү, сүүн бүтээгдэхүүний хэрэглээний үр дүн (мл/хоног)

	Байршил	Тоо	Дундаж±SD	95% ИИ	Р утга
Үйлдвэрийн сүү	Хөвсгөл	18	-	-	
	Булган	20	-	-	
	Дундговь	12	17±57	[19 - 53]	0.0001
	Улаанбаатар	50	69±88	[44 - 94]	
	Дүн	100	37±72	[22 - 51]	
Хөөрүүлсэн сүү	Хөвсгөл	18	124±108	[70 - 178]	
	Булган	20	51±90	[9 - 93]	
	Дундговь	12	91±125	[12 - 170]	0.001
	Улаанбаатар	50	15±29	[7 - 24]	
	Дүн	100	51±87	[34 - 68]	
Үйлдвэрийн тараг	Хөвсгөл	18	-	-	
	Булган	20	-	-	
	Дундговь	12	5±11	[2 - 12]	0.0001
	Улаанбаатар	50	50±63	[32 - 68]	
	Дүн	100	26±51	[16 - 36]	
Уламжлалт тараг	Хөвсгөл	18	339±214	[233 - 446]	
	Булган	20	175±225	[70 - 280]	
	Дундговь	12	123±145	[31 - 215]	0.0001
	Улаанбаатар	50	16±58	[0 - 33]	
	Дүн	100	119±191	[81 - 157]	
Айраг/ хоормог	Хөвсгөл	18	13±43	[9 - 35]	
	Булган	20	2903±3238	[1387 - 4418]	
	Дундговь	12	69±114	[4 - 141]	0.0001
	Улаанбаатар	50	15±24	[8 - 22]	
	Дүн	100	599±1832	[235 - 962]	

Хөвсгөл болон Дундговиос хамрагдсан хүмүүс хөөрүүлсэн сүү, уламжалт тарагны хэрэглээгээр өндөр, Булганаас хамрагдсан хүмүүс айрагны хэрэглээгээр илүү байгаа нь судалгаагаар тогтоогдсон. Хот болон хөдөөгийн хамрагдагсдын хооронд сүү, сүүн бүтээгдэхүүний хэрэглээний ялгаа ажиглагдсан ($p<0.05$) (Хүснэгт 4).

Булганаас хамрагдсан хүмүүсийн айрагны хэрэглээ өндөр байгаа нь тэдний гэдэсний микробиомын сүүн хүчлийн бактерийн агууламжтай хамааралтай байгааг үр дүнгээс ажигласан. Сүүн хүчлийн бактер Булганы хамрагдагсдад илүү, бифидобактер Хөвсгөл болон Дундговийн хамрагдагсдад илүү байгаа нь тодорхойлогдсон ($p<0.05$) (*Хүснэгт 5*).

Хүснэгт 5. Судалгаанд хамрагдагсдын бифидобактери, сүүн хүчлийн бактерийн илэрсэн дүн (байршил тус бүрээр)

Байршил	Тоо	Дундаж±SD	95% ИИ	P утга
		Bifidobacterium		
Хөвсгөл	18	2510216+1792852	[1618652 - 3401781]	
Булган	19	314227±351121	[144.992 - 483.462]	
Дундговь	12	2385795±2075694	[1.066.961 - 3.704.628]	0.0001
Улаанбаатар	48	1185047±1155292	[849585 - 1520508]	
Дүн	97	1408928±1532442	[1.100.072 - 1717783]	
		Lactobacillus		
Хөвсгөл	18	113424±143910	[41.859 - 184.988]	
Булган	20	821276±932580	[384.816 - 1.257.737]	
Дундговь	9	51479±78767	[9066 - 112025]	0.0001
Улаанбаатар	27	10687±38951	[4721 - 26096]	
Дүн	74	259717±593601	[122.190 - 397.243]	

Хэлцэмж: Дэлхийн хүн ам оршин байгаа газарзүйн байрлал, улс үндэстний онцлогоос хамааралд микробиомын бүрэлдэхүүн, энтеротипийн хэв шинжээр ялгаатай байдгийг тогтоосон байдаг.[12,13,14,15]

Donaldson G (2005) нарын судалгаагаар хүний гэдсэнд *Bacteriodes, Fermicutes, Actinobacteria* гэсэн 3 хүрээнд хамаарагдах бактериуд ихэнх хувийг эзэлдэг[16] гэж тодорхойлсон байдаг бөгөөд энэ нь бидний судалгаанд хамрагдсан хүмүүст давамгай илэрч байгаатай дүйж байна.

Actinobacteria хүрээнд хамаарах бифидобактерийн төрлийн бактериуд хүний гэдэсний хэвийн бичил биетэнд орохоос гадна пробиотик шинж чанартай бактери юм. Насанд хүрэгчдийн өтгөний нийт бичил биетний 3 хүртэлх хувийг бифидобактерийн зүйлүүд, 0.3%-ийг сүүн хүчлийн бактери эзэлдэг. Бифидобактери нь хөхүүл үед нийт бичил биетний 91% хүртэл, угжаар хооллодог нярайд 75% хүртэл, харин эдгээр үзүүлэлт хүүхдийн нас нэмэгдэх тусам буурдаг болохыг тогтоосон байдаг.[17,18] Харин бидний судалгаанд хамрагдсан насанд хүрсэн Монгол хүний өтгөний нийт бичил биетний 13 хүртэлх хувийг бифидобактерийн зүйлүүд, 3 хүртэлх хувийг сүүн хүчлийн бактери эзэлж байгаа нь харьцангуй өндөр үзүүлэлт юм. Ялангуяа уламжлалт аргаар боловсруулсан сүү, айраг, тараг, хоормог өргөнөөр хэрэглэдэг Хөвсгөл, Булган, Дундговийн хамрагдагсдад сүүн хүчлийн бактери болон бифидобактерийн зүйлийн бүрэлдэхүүн баялаг, тоо хэмжээ их байгаа нь ажиглагдлаа.

Үндэс угсаа, оршин суугаа газраас үл хамааран *Bacteroides, Prevotella, Ruminococcus* нь бүдүүн гэдсэнд голлон илэрдэг боловч *Prevotella/Bacteroides* хэв шинж дэлхийд хамгийн элбэг байдаг болохыг судлаачид тодорхойлсон байна.[12]

Donaldson G (2015) нар судалгаандаа хоолны дэглэм нь гэдэсний бичил биетэнд шууд нөлөөлдөг болохыг онцолжээ.[16] Нүүрс ус, цардуул, эслэгээр баялаг хоол хүнс тогтмол хэрэглэдэг хүмүүст *Prevotella* давамгайлдаг. Харин бидний судалгаанд хамрагдсан хүмүүст *Prevotella* давамгайлан илэрсэн бөгөөд энэ нь хооллолтын хэв маягаараа онцлог хэв шинжтэй болохыг харуулж байгаа юм. Мөн эдгээр бактериуд биеийн дархлаа хямрах, үрэвсэлт өвчний улмаас цөөрдөг байна.[19] *Spirochaetaceae, Prevotella, Desulfovibrio* зэрэг нь хөхтөн амьтдын хувьслын туршид оршин байсан бөгөөд эдгээр бактериуд барууны орны хүмүүст илрэх нь багасаж байна.[20]

Дүгнэлт: Хот болон хөдөөгөөс хамрагдсан нийт хүнд 13 хүрээний, 217 төрөл, 627 зүйл бичил биетэн илэрсэн ба микробиомын төрлийн түвшинд энтеротип 2 дугаар хэв шинж буюу *Prevotella* давамгайлан тодорхойлогдлоо. Хөдөөгөөс хамрагдсан хүмүүсийн сүүн хүчлийн бактери болон бифидобактерийг хотоос хамрагдсан хүмүүстэй харьцуулахад ялгаа ажиглагдсан (p=0.0001) бөгөөд эдгээр бактериуд хөдөөд илүү байв. Бактерийн ялгаатай байдал нь бэлчээрийн малын гаралтай мах, махан бүтээгдэхүүн, сүү цагаан идээ хэрэглэж буйтай холбоотой гэж үзэж байна.

Ном зүй:

1. *Elizabeth Thursby, Nathalie Juge. Introduction to the human gut microbiota. Biochemical Jurnal. 2017 Jun 1; 474(11): 1823–1836. doi: 10.1042/BCJ20160510*
2. *Ley R.E., Turnbaugh P.J., Klein S., Gordon J.I. Microbial ecology: Human gut microbes associated with obesity. Nature. 2006;444:1022–1023. doi: 10.1038/4441022a*
3. *LeBlanc, J.G., Milani, C., de Giori, G.S., Sesma, F., van Sinderen, D. and Ventura, M. Bacteria as vitamin suppliers to their host: a gutmicrobiota perspective. Current Opinion in Biotechnology. 2013; 24, 160–168 doi:10.1016/j.copbio.2012.08.005;*
4. *Martens, J.H., Barg, H., Warren, M. and Jahn, D. (2002) Microbial production of vitamin B-12. Applied Microbiology and Biotechnology. 58, 275–285 doi:10.1007/s00253-001-0902-7*
5. *Hill, M.J. Intestinal flora and endogenous vitamin synthesis. European Journal of Cancer Prevention. 6, 1997; S43–S45. doi:10.1097/00008469-199703001-00009*
6. *Arumugam M., Raes J., Pelletier E., Le Paslier D., Yamada T., Mende D.R., Fernandes G.R., Tap J., Bruls T., Batto J.M., et al. Enterotypes of the human gut microbiome. Nature. 2011;473:174–180. doi: 10.1038/nature09944*
7. *EmanueleRinninella, Pauline Raoul, Marco Cintoni, Francesco Franceschi, Giacinto Abele DonatoMiggiano, Antonio Gasbarrini and Maria Cristina Mele. What is the Healthy Gut Microbiota Composition? A Changing Ecosystem across Age, Environment, Diet, and Diseases. Microorganisms. 2019 Jan; 7(1): 14. doi: 10.3390/microorganisms7010014*
8. *Ferreyra, J.A., Wu, K.J., Hryckowian, A.J., Bouley, D.M., Weimer, B.C., Sonnenburg, J.L. et al. Gut microbiota-produced succinate*

promotes C. difficile infection after antibiotic treatment or motility disturbance. Cell Host Microbe 16, 2014; 770–777 doi:10.1016/j.chom.2014.11.003

9. *Clarke G, Stilling RM, Kennedy PJ, Stanton C, Cryan JF, Dinan TG. Minireview: Gut microbiota: The neglected endocrine organ. Mol Endocrinol 2014 Aug;28(8):1221−38*
10. *Milani C, Duranti S, Bottacini F, Casey E, Turroni F, Mahony J, Belzer C, Delgado Palacio S, Arboleya Montes S, Mancabelli L, Lugli GA, Rodriguez JM, Bode L, de Vos W, Gueimonde M, Margolles A, van Sinderen D, Ventura M. The first microbial colonizers of the human gut: composition, activities, and health implications of the infant gut microbiota. Microbiol Mol Biol 2017; doi.org/10.1128/MMBR.00036-17.*
11. *Nelson K.E., Weinstock G.M., Highlander S.K., Worley K.C., Creasy H.H., Wortman J.R., Rusch D.B., Mitreva M., Sodergren E., et al. Human Microbiome Jumpstart Reference Strains Consortium. A catalog of reference genomes from the human microbiome. Science. 2010;328:994–999. doi: 10.1126/science.1183605*
12. *Arumugam M, Raes J, Pelletier E, Le Paslier D, Yamada T, Mende DR, et al. Enterotypes of the human gut microbiome. Nature 2011; 473: 174-80. doi: 10.1038/nature09944.*
13. *Li J, Jia H, Cai X, et al. An integrated catalog of reference genes in the human gut microbiome. Nature biotechnology. 2014 Jul 6; PubMed PMID: 24997786.*
14. *Qin J, et al. A human gut microbial gene catalogue established by metagenomic sequencing. Nature. 2010;464:59–65*
15. *Hugon, P., Dufour, J.-C., Colson, P., Fournier, P.-E., Sallah, K., Raoult, D. A comprehensive repertoire of prokaryotic species identified in human beings. Lancet Infect. Dis. 2015. doi:10.1016/S1473-3099(15)00293-5*
16. *Donaldson, G.P., Lee, S.M. and Mazmanian, S.K. Gut biogeography of the bacterial microbiota. Nat. Rev. Microbiol. 14, 2015;20–32 doi:10.1038/ nrmicro3552*
17. *MiloudHadadji, RabhaBenama, NoureddineSaidi, DjamalEddine-Henni and MebroukKihal. Identification of cultivable Bifidobacterium species solated from breast-fed infants feces in West-Algeria. African Journal of Biotechnology Vol. 4 (5), pp. 422-430, May 2005 http://www.academicjournals.org/AJB ISSN 1684–5315*
18. *Heeney DD, Gareau MG, Marco ML. Intestinal Lactobacillus in health and disease, a driver or just along for the ride? CurrOpinBiotechnol. 2018 Feb;49:140-147. doi: 10.1016/j.copbio.2017.08.004; PMCID: PMC5808898.*
19. *Emanuele Rinninella, Pauline Raoul, Marco Cintoni, Francesco Franceschi, Giacinto Abele Donato Miggiano, Antonio Gasbarrini and Maria Cristina Mele. What is the Healthy Gut Microbiota Composition? A Changing Ecosystem across Age, Environment, Diet, and Diseases. Microorganisms. 2019 Jan; 7(1): 14. doi: 10.3390/microorganisms7010014*
20. *Moeller AH, Li Y, Mpoudi Ngole E, Ahuka-Mundeke S, Lonsdorf EV, Pusey AE, Peeters M, Hahn BH, Ochman H. Rapid changes in the gut microbiome during human evolution. Proc Natl Acad Sci USA. 2014 Nov 18;111(46):16431-5. doi: 10.1073/pnas.1419136111. PMC4246287.*

Comparative study of gut microbiome and daitery pattern in Mongolian adults

Tuul N[1], Khulan Lkh[1], Alexander H[2], Sabri B[3,4], Raphaela S[2], Ser-Od Kh[5], Davaalkham D[5], Christina W[2,6], Khosbayar T[7], Soninkhishig Ts[8]

[1]Department of Nutrition, School of Public Health, MNUMS
[2]Max Planck Institute for for Evolutionary Anthropology
[3]Institute of Nutrition, Mahidol University
[4]Harvard T. H. Chan School of Public Health, Harvard University
[5]School of Public Health, MNUMS
[6]Department of Anthropology, Harvard University
[7]School of Biomedicine, MNUMS
[8]Graduate School of Business, Mongolian University of Science and Technology
E-mail: tuul.n@mnums.edu.mn, Tel: +976-99088193

Background: Studies have shown that for centuries, normal microorganisms have formed complex but mutually beneficial relationships in the human digestive system, urinary tract, conjunctiva, and skin, forming a complex ecosystem. The predominant groups of intestinal microorganisms are *Firmicutes, Bacterioides, Actinobacteria, Proteobacteria, Fusobacteria,* and *Verrucomicrobia*, and 90% of them belong to 2 groups: *Firmicutes* and *Bacterioides*. The human microbiome may influence susceptibility to obesity, diabetes, allergies, asthma, chronic gastrointestinal disease, and specific viral diseases. Therefore, it is necessary to study the characteristics of the gut microbiome of Mongolian adults living in urban and rural areas with different living conditions and diet, which is the reason for conducting this study.
Aim: To comparative study of gut microbiome and daitery pattern in Mongolian adults.
Materials and Methods: We included 50 participants from herdsmen in Khuvsgul, Bulgan, and Dundgobi provinces and 50 participants from residents of Ulaanbaatar city between 2020 and 2023. Genetic studies of the faecal microbiome were carried out in the Archaeogenetics Laboratory of the Max Planck Institute for Human History by sequencing the entire bacterial genome using Illumina NGS equipment. Data analysis was performed using the R statistical program and the MetaPhlAn tool to compare the microbiota at the species level. The relationship between microbiome differences and nutritional status of urban and rural participants was analyzed using SPSS-25 software.
Results: 51% of the respondents were men and 49% were women, the average age was 42.4±14.3, and the BMI was 26.6±4.9 kg/m^2. Compared to the daily consumption of each food group, urban subjects have 6 times more vegetable and fruit consumption and 3 times more meat consumption than rural people. On the other hand, it was determined that the participants from rural areas had 6.5 times more milk consumption and 2 times more fat consumption than urban ones. It was observed that the consumption of meat is similar for men and women, but the consumption of vegetables and fruits is more for women. 95% of all microorganisms are *Firmicutes* and *Actinobacteria*. The consumption of industrial milk, yogurt, and traditional milk yogurt differs between urban and rural populations. In particular, the consumption of fermented milk and khorm was high among the participants from Bulgan province.
Conclusion: 13 groups, 217 species, and 627 species of microorganisms were found in all people from the city and the countryside, and enterotype 2 or *Prevotella* was dominant at the microbiome type level. Differences in lactic acid bacteria and bifidobacteria were observed in rural subjects compared to urban subjects (p=0.0001), and these bacteria were more prevalent in rural areas. Bacterial diversity is believed to be related to consumption of pasture-raised meat, meat products, and dairy products.

Keywords: Microbial abundance, Enterotype, Urban, Rural, Feces