

## Микробиом кишечника «альпийского ледяного человека»

**Провели генетический анализ кишечной микрофлоры из мумии Этци в сравнении с микрофлорой современных популяций с традиционным и западным типом питания. Проследили, как разнообразие бактерии *Prevotella copri* зависит от типа питания и как эволюция бактерии была связана с миграциями человека и его образом жизни.**

Исследования мумии «альпийского ледяного человека» Этци возрастом 5300 лет добрались и до его микробиоты. В статье, [опубликованной в журнале Cell Host & Microbe](#), анализируется микробное разнообразие кишечника Этци (его метагеном) в сравнении с метагеномами почти 7 тысяч человек из современных популяций мира. Среди них были популяции с западным типом питания и с традиционным типом питания (например, Гана, Танзания, Мадагаскар). Наконец, авторы изучили и микробиом доколумбовых коренных жителей Америки, проанализировав их копролиты.

Основное внимание авторы работы изучили кишечной бактерии *Prevotella copri*, которая имеется в микробиоме 39% здоровых людей и демонстрирует связь с толерантностью к глюкозе, резистентностью к инсулину и воспалительными заболеваниями. Специалисты нашли, что этот вид включает в себя четыре клады, которые с разной частотой встречаются у людей с разным типом питания. В популяциях с традиционным типом питания имеются как минимум три клады из четырех, а в популяциях с западным рационом – чаще всего лишь одна клада.

В метагеноме Этци авторы обнаружили три клады *P. copri* из четырех. Что, в общем, и следовало ожидать, исходя из его типа питания. В копролитах доколумбовых индейцев оказались в наличии все четыре клады. Таким образом, ученые убедительно доказали связь разнообразия микробиоты с типом питания. Они считают, что бактерия *P. copri* колонизировала кишечник человека еще до его выхода из Африки, и потеря ее разнообразия стала следствием изменения образа жизни.

### Источник:

Tett, A., et al. // The *Prevotella copri* Complex Comprises Four Distinct Clades Underrepresented in Westernized Populations. // Cell Host & Microbe, 2019; DOI: [10.1016/j.chom.2019.08.018](https://doi.org/10.1016/j.chom.2019.08.018)