УДК 616-053.31:613.95:579.61+615.33
DOI: 10.24061/2413-4260. XIV.4.54.2024.26

ФУНКЦІЇ ТА ОКРЕМІ МЕХАНІЗМИ ВПЛИВУ BIFIDOBACTERIA НА СТАН ЗДОРОВ'Я НЕМОВЛЯТ (ЛІТЕРАТУРНИЙ ОГЛЯД)

Т. К. Знаменська, О. В. Воробйова

ДУ «Український центр материнства і дитинства НАМН України»
(м. Київ, Україна)

Резюме

Біфідобактерії є членами кишкової мікробіоти людини, а деякі штами здатні чинити оздоровчий вплив. Рід Bifidobacterium належить до актинобактерій (Actinobacteria phylum). Firmicutes, Bacteroidetes та Actinobacteria складають найчисленнішу філу в мікробіоті кишечника людини, причому Firmicutes та Bacteroidetes переважають у дорослих, а Actinobacteria – у немовлят на грудному вигодовуванні, де біфідобактерії можуть досягати рівня, що перевищує 90 % від загальної бактеріальної популяції. Вони є одними з перших мікробних колонізаторів кишечника новонароджених і відіграють ключову роль у розвитку їхньої фізіології, включаючи дозрівання імунної системи та використання харчових компонентів. Дійсно, деякі поживні речовини, такі як олігосахариди людського молока, є важливими факторами розвитку біфідобактерій. Наразі існують добре задокументовані наукові докази ефективності препаратів, що містять біфідобактерії, при деяких кишкових та позакишкових патологіях. У цьому огляді ми зосередимося на ролі біфідобактерій як членів кишкової мікробіоти людини та їх застосуванні як пробіотиків для профілактики та лікування захворювань.

Ключові слова: *мікробна колонізація; немовлята; bifidobacteria.*

Рід Bifidobacterium входить до складу типу Actinobacteria, класу Actinobacteria (грампозитивні бактерії з високим рівнем G+C), порядку Bifidobacteriales та родини Bifidobacteriaceae. У даний час цей рід налічує понад 50 видів, включаючи кілька підвидів; ця кількість зростає з кожним роком. З точки зору метаболізму, найбільш характерною рисою цього роду є катаболізм моносахаридів. Біфідобактерії використовують особливий шлях розщеплення моносахаридів, так званий фруктозо-6-фосфатний шлях, або біфідний шунт. Фруктозо-6-фосфатфосфокетолаза (Xfp) є основним ферментом цього шляху. Xfp має подвійну субстратну специфічність щодо фруктозо-6-фосфату або ксилулозо-5-фосфату. Кінцевими метаболітами цього шляху є ацетат, лактат і етанол [1]. Активність Xfp на фруктозо-6-фосфат є найпоширенішим фенотипічним тестом для біфідобактерій і протягом багатьох років він був основним таксономічним тестом для ідентифікації цього роду, оскільки ця активність присутня у представників родини Bifidobacteriaceae, але відсутня в інших грампозитивних кишкових бактерій. Однак на сьогоднішній день аналіз на основі ДНК-секвенування є стандартним методом ідентифікації та типізації біфідобактерій.

Види, що належать до роду Bifidobacterium, мають високу схожість послідовності рРНК 16S, утворюючи цілісну філогенетичну одиницю. За останні кілька років секвенування геному зробило значний внесок у з'ясування філогенетичних зв'язків між різними видами біфідобактерій. У 2002 році було опубліковано перший геном біфідобактерій, отриманий зі штаму Bifidobacterium longum [2]. З того часу кількість загальнодоступних геномів біфідобактерій неухильно зростала, і на сьогоднішній день доступно понад 50 повних послідовностей геному. У зв'язку з цим порівняльна геноміка різних видів пролила світло на філогенез та еволюційну адаптацію цього роду [3,4]. Нещодавній філогенетичний аналіз біфідобактерій, заснований на надійній реконструкції філогенезу представників цього роду на основі 48 послідовностей геному, показав, що в межах роду існує сім філогенетичних груп: група Bifidobacterium adolescentis, група Bifidobacterium asteroides, група Bifidobacterium boum, група Bifidobacterium longum, група Bifidobacterium bifidum, група Bifidobacterium pseudolongum та група Bifidobacterium pullorum [3].

Біфідобактерії є однією з домінуючих бактеріальних популяцій у шлунково-кишковому тракті (ШКТ) людини. Серед описаних на сьогоднішній день видів біфідобактерій B. catenulatum, B. pseudocatenulatum, B. adolescentis, B. longum, B. breve, B. bifidum, B. animalis та Bifidobacterium dentium найчастіше виявляються у фекаліях здорових людей [5]. Останні два види не вважаються автохтонними для кишечника людини, оскільки їх виявляють у зразках фекалій, але не в зразках, пов'язаних зі слизовою оболонкою. Насправді, B. animalis subsp. lactis часто використовується в пробіотичних молочних продуктах і харчових добавках, і його присутність у фекаліях, можливо, відображає дієтичне походження. Однак B. dentium, як описано, мешкає переважно в ротовій порожнині людини, і деякі дослідження пов'язують цей вид з розвитком карієсу [6].

Хоча міжсуб'єктна варіабельність біфідобактерій явно існує, здається, що існують відмінності між видами біфідобактерій, асоційованими з фекаліями та слизовими оболонками, причому B. longum і B. pseudocatenulatum зазвичай виділяються як зі зразків слизових оболонок, так і з фекалій, а B. bifidum більше пов'язана з фекаліями [5].

Дослідження біорізноманіття біфідобактерій, асоційованих зі слизовою оболонкою людини, за допомогою культурально-незалежних методів не виявили раніше ідентифікованих біфідобактеріальних послідовностей, які могли б представляти нові види біфідобактерій [7]. За допомогою різних підходів і методів було виявлено, що кількість і різноманітність біфідобактерій зменшується з віком, хоча той факт, що певні типи біфідобактерій більше пов'язані з літніми людьми, все ще залишається

незрозумілим [8]. Те, що біфідобактерії досягають великих концентрацій протягом перших кількох місяців після народження, є більш чітко встановленим, як детально пояснюється нижче. Після відлучення від грудей кількість біфідобактерій поступово зменшується, а інші представники кишкової мікробіоти, такі як Bacteroides та Eubacterium, стають переважаючими. Хоча було підраховано, що біфідобактеріальне навантаження у дорослих становить близько 4 % від загальної мікробіоти фекалій [9], експериментальні похибки в культурально-незалежних методах, заснованих на ПЛР, можуть пояснювати цей скромний внесок. Дослідження, проведене в Японії, повідомило про вищу чисельність біфідобактерій у японців [10].

Хоча біфідобактерії можна виявити у фекаліях дорослих, вони становлять відносно невелику частку загальної бактеріальної спільноти. Однак вони численні у фекаліях протягом першого року життя і є одними з піонерів бактеріальної сукцесії, яка відбувається у товстому кишечнику немовлят, коли починає формуватися кишкова мікробіота. Дійсно, біфідобактерії є чисельно домінуючими членами кишкових мікробних спільнот у віці від 3 до 4 місяців [11]. Біфідобактерії, ймовірно, збагачені в кишечнику немовлят, які знаходяться на грудному вигодовуванні, через різноманітність олігосахаридів, присутніх у людському молоці. Крім того, людське молоко є джерелом живих біфідобактерій для кишечника немовляти [12].

Повідомлялося, що немовлята на грудному вигодовуванні, як правило, мають більш складну і численну мікробіоту біфідобактерій, ніж немовлята на штучному вигодовуванні [13]. Людське молозиво і молоко містять високу концентрацію молочних олігосахаридів людини (МОЛ). Деякі з них не піддаються перетравленню в організмі немовляти і тому потрапляють у товстий кишечник, де їх можуть перетравлювати кишкові бактерії. МОЛ структурно різноманітні і складаються з декількох моносахаридів (глюкози, галактози, N-ацетилглюкозаміну, фукози або сіалової кислоти), і вони в основному складаються з лактозного ядра, пов'язаного з одиницями (n = 0-15) лакто-N-біози (тип I) або з N-ацетил-лактозаміном (тип II) [14]. Біфідобактерії є одними з найкраще описаних кишкових бактерій, здатних утилізувати МОЛ. Кілька видів мають глікозилгідролази, які розщеплюють специфічні зв'язки в молекулах МОЛ, найкраще описані ті, що синтезуються B. bifidum, які разом з B. longum subsp. infantis і B. breve є найбільш поширеними видами у новонароджених на грудному вигодовуванні [11]. Таким чином, здатність цих видів утилізувати ці неперетравлювані вуглеводи пояснює їх велику кількість у немовлят на грудному вигодовуванні.

Геномні дані свідчать про те, що біфідобактерії можуть мати певні адаптаційні особливості, які пояснюють таку екологічну спеціалізацію. Наприклад, аналіз геному B. longum subsp. infantis ATCC15697 показав, що це архетипова бактерія, яка утилізує молоко людини, оскільки в її геномі присутні гени, що кодують ферменти, які беруть участь у розщепленні МОЛ [15]). Передбачається, що B. bifidum має лакто-N-біосидазну активність, яка забезпечує ефективний катаболізм МОЛ [16]. Ці два види спеціалізуються на утилізації МОЛ, хоча вони конкурують за МОЛ, використовуючи різні стратегії; B. bifidum має набір з декількох мембранозв'язаних глікозилгідролаз, тоді як B. longum subsp. infantis є більш ефективним в імпорті та внутрішньоклітинному розщепленні МОЛ [17].

На противагу цьому, геноми кишкових біфідобактерій, що мешкають у кишечнику дорослих людей, таких як B. adolescentis, не містять генів, пов'язаних з утилізацією компонентів людського молока, і, натомість, містять великий арсенал генів, призначених для метаболізму складних вуглеводів, які часто зустрічаються в раціоні дорослих (наприклад, крохмалю та похідних крохмалю вуглеводів) [18]. До цього часу не було виявлено чіткого взаємозв'язку між типом харчування (західний, азіатський, середземноморський) і збагаченням кишечника певними видами біфідобактерій, але повідомлялося про відмінності між різними групами людей і країнами [10].

Дослідження біфідобактеріального різноманіття, засноване на аналізі послідовності ПЛР-ампліконів гена 16S рРНК з випорожнень немовлят різного географічного походження, зміцнило уявлення про біфідобактерії як про домінуючий компонент мікробіоти кишечника немовляти, що, безсумнівно, може впливати на розвиток імунної системи та фізіологію немовляти [19].

На сьогодні широко обговорюється гіпотеза про постачання пробіотиків у планктонному стані, тобто у вигляді одного штаму бактерій (біфідобактерій тощо) або у вигляді мультиштамових препаратів. Існує безліч РКД, що вивчають вплив планктонних пробіотиків з одним штамом на захворюваність, зокрема некротизуючим ентероколітом (НЕК) передчасно народжених дітей. Цікаво, що більшість цих досліджень не змогли виявити єдиний штам пробіотика, який сам по собі здатний чинити значний позитивний вплив на НЕК у недоношених новонароджених.

Опосередковані біфідобактеріями переваги для здоров'я є результатом складної динамічної взаємодії між біфідобактеріями, іншими представниками мікробіоти кишечника та організмом людини. Ці складні кореляційні зв'язки ще не повністю розшифровані на молекулярному рівні, тому наразі тривають зусилля, спрямовані на розуміння метаболічних потоків в екосистемі кишківника, щоб розпізнати взаємозв'язок між мікробіотою та хазяїном у сфері здоров'я та хвороби. Це створить основу для модуляції здоров'я хазяїна за допомогою мікробіом-орієнтованих підходів у більш точний, безпечний і контрольований спосіб [20].

Деякі з перших доказів здатності біфідобактерій взаємодіяти з іншими бактеріями кишечника з'явилися в роботах, що вказують на існування кореляції між зниженою присутністю біфідобактерій у шлунково-кишковому тракті та надмірним представництвом ентеропатогенів і ризиком захворювань [21]. Відповідно, серед запропонованих переваг біфідобактерій пригнічення ентеропатогенів та зниження рівня ротавірусної інфекції [22] є одними з найбільш доведених результатів їх застосування. Численні дослідження in vitro продемонстрували, що біфідобактерії можуть пригнічувати патогени шляхом виробництва органічних кислот [23], антибактеріальних

пептидів [24], інгібіторів кворуму [25] або імунної стимуляції [26], серед інших механізмів, надаючи молекулярні докази їх здатності запобігати певним інфекціям.

Ще одним фактом, що вказує на існування критично важливого перехресного зв'язку між біфідобактеріями, мікробіотою кишечника та хазяїном, є спостереження, що формування мікробіоти в ранньому дитячому віці, схоже, слідує за організованою схемою послідовності бактеріальних популяцій [27]. Перші колонізатори кишечника, серед яких біфідобактерії є домінуючою групою, сприяють відновленню середовища і виробляють метаболіти, які дозволяють іншим бактеріальним популяціям стабільно колонізувати кишечник пізніше [28]. Це підтверджує ідею про те, що сильні бактеріальні кореляції формують становлення, стабілізацію та еволюцію мікробіоти кишечника [27]. Дійсно, той факт, що МОЛ переважно метаболізуються видами B. longum і B. bifidum, які є найбільш поширеними в мікробіоті кишечника немовлят на грудному вигодовуванні, підтверджує існування критичної молекулярної взаємодії мікробіоти-хазяїна-компонентів дієти, що обумовлює присутність біфідобактерій в кишечнику [29].

Мікробні популяції в мікробіоті кишечника співіснують у делікатній рівновазі, на яку можуть впливати збурення, спричинені лікуванням антибіотиками, ентеропатогенами або харчовими сполуками, наприклад, неперетравлюваними вуглеводами [30]. Хоча ці збурення впливають на мікробіоту кишечника і можуть мати негативні наслідки для здоров'я хазяїна, їх залежність від факторів навколишнього середовища дає можливість модулювати склад мікробіоти кишечника за допомогою різних підходів. Дослідження in vitro та in vivo показали, що модуляція рівня біфідобактерій за допомогою пробіотичних або пребіотичних добавок може змінити загальний склад і метаболізм мікробіоти кишечника [31]. Наприклад, додавання штаму B. longum збільшило виробництво пімелату, бутирату та біотину в мишачій моделі мікробіоти кишечника людини [31]. Було висловлено припущення, що ці ефекти опосередковані ще не розшифрованими механізмами перехресної взаємодії з мікробіотою кишечника людини. Однак, ґрунтуючись на наданих доказах, автори цієї роботи висунули гіпотезу, що збільшення виробництва біотину було зумовлене співіснуванням B. longum та Bacteroides sassae. Більше того, прийом B. longum також корелював зі зменшенням присутності ентеробактерій та збільшенням представництва Eubacterium rectale, що підтверджує вплив біфідобактерій на кількість та функціональність інших членів мікробіоти кишечника [31].

Детальний аналіз можливостей утилізації глікозидів в межах роду Bifidobacterium показав, що окремі види спеціалізуються на утилізації певних вуглеводів, що дозволяє припустити, що біфідобактерії можуть кооперуватися для утилізації вуглеводів у кишечнику [32]. Ці факти підтримують використання сумішей пробіотичних штамів, які можуть забезпечити синергічний ефект, покращуючи їх здатність чинити бажаний вплив на мікробіоту кишечника і, одночасно, на здоров'я господаря [33].

Варто також підкреслити, що деякі ознаки колонізації біфідобактерій модулюються кишковими факторами, включаючи присутність інших мікроорганізмів. Наприклад, Yuan з колегами [34], використовуючи модель in vivo, виявили, що вплив кишкового середовища індукує вироблення низки білків, які не експресуються при рості in vitro у B. longum, таких як хологліцин гідролаза. Крім того, транскрипція кластерів генів біфідобактерій, необхідних для виробництва екзополісахаридів, молекул, важливих для їхньої здатності до кишкової колонізації [26], сильно регулюється кишковими факторами, як показано після росту на середовищах на основі фекалій [35].

Додатковим доказом існування перехресного зв'язку між біфідобактеріями та мікробіотою кишечника є той факт, що люди з різним складом мікробіоти кишечника по-різному реагують на додавання біфідобактерій [36]. Хоча молекулярні механізми перехресної взаємодії, що лежать в основі такої різної поведінки, ще далекі від розуміння, їх розуміння значно допоможе розробити терапію на основі пробіотиків, яка може бути функціональною навіть у тих субпопуляціях, які в даний час класифікуються як «нереспонденти» в клінічних випробуваннях [37].

Продовження у наступному номері.

Джерело фінансування. Стаття опублікована за фінансової підтримки ТОВ «Сандоз Україна». Наведене у статті клінічне дослідження проводилось незалежно від ТОВ «Сандоз Україна».

Конфлікт інтересів. Автори статті співпрацюють з ТОВ «Сандоз Україна».

ВВ-12® є зареєстрованою торговою маркою Chr. Hansen, Данія

Перед застосуванням дієтичної добавки необхідно проконсультуватись з лікарем та ознайомитися з листком-вкладишем. Ви можете повідомити ТОВ «Сандоз Україна», імпортера в Україні, що здійснює функції щодо прийняття претензій від споживача, про небажані явища та скарги на якість при застосуванні дієтичної добавки: +380 44 4952866 (вартість дзвінків згідно з тарифами Вашого оператора зв'язку), ua.qa@sandoz.com, patient.safety.ukraine@sandoz.com, www.sandoz.ua. ТОВ «Сандоз Україна» м. Київ, пр. С. Бандери, 28-А (літера Г). Інформація для спеціалістів сфери охорони здоров'я.

Література:

1. Ballard O, Morrow AL. Human milk composition: nutrients and bioactive factors. Pediatr Clin North Am. 2013;60(1):49-74. DOI: https://doi.org/10.1016/j.pcl.2012.10.002

2. Ford SL, Lohmann P, Preidis GA, Gordon PS, O'Donnell A, Hagan J, et al. Improved feeding tolerance and growth are linked to increased gut microbial community diversity in very-low-birth-weight infants fed mother's own milk compared with donor breast milk. Am J Clin Nutr. 2019;109(4):1088-97. DOI: https://doi.org/10.1093/ajcn/nqz006

3. Bhowmik A, Chunhavacharatorn P, Bhargav S, Malhotra A, Sendrayakannan A, Kharkar PS, et al. Human Milk Oligosaccharides as Potential Antibiofilm Agents: A Review. Nutrients. 2022;14(23):5112. DOI: https://doi.org/10.3390/nu14235112

4. Li Y, Nguyen DN, de Waard M, Christensen L, Zhou P, Jiang P, et al. Pasteurization procedures for Donor Human milk affect body growth, intestinal structure, and resistance against bacterial infections in Preterm Pigs. J Nutr. 2017;147(6):1121-30. DOI: https://doi.org/10.3945/jn.116.244822

5. Beghetti I, Barone M, De Fazio L, Laderchi E, Biagi E, Turroni S, et al. A Pilot Study on Donor Human Milk Microbiota: A Comparison with Preterm Human Milk Microbiota and the Effect of Pasteurization. Nutrients. 14(12):2483. DOI: https://doi.org/10.3390/nu14122483

6. Jost T, Lacroix C, Braegger CP, Rochat F, Chassard C. Vertical mother-neonate transfer of maternal gut bacteria via breastfeeding. Environ Microbiol. 2014;16(9):2891-904. DOI: https://doi.org/10.1111/1462-2920.12238

7. Chinnappan A, Sharma A, Agarwal R, Thukral A, Deorari A, Sankar MJ. Fortification of breast milk with Preterm Formula powder vs human milk fortifier in Preterm Neonates: a Randomized Noninferiority Trial. JAMA Pediatr. 2021;175(8):790-6. DOI: https://doi.org/10.1001/jamapediatrics.2021.0678

8. Chen X, Shi Y. Determinants of microbial colonization in the premature gut Molecular Medicine. 2023;29(1):90. DOI: https://doi.org/10.1186/s10020-023-00689-4

9. Yi DY, Kim SY. Human Breast Milk Composition and Function in Human Health: From Nutritional Components to Microbiome and MicroRNAs. Nutrients. 2021;13(9):3094. DOI: https://doi.org/10.3390/nu13093094

10. Fernández L, Pannaraj PS, Rautava S, Rodríguez JM. The microbiota of the human mammary ecosystem. Front Cell Infect Microbiol. 2020;10:586667. DOI: https://doi.org/10.3389/fcimb.2020.586667

11. Valles-Colomer M, Blanco-Míguez A, Manghi P, Asnicar F, Dubois L, Golzato D, et al. The person-to-person transmission landscape of the gut and oral microbiomes. Nature. 2023;614(7946):125-35. DOI: https://doi.org/10.1038/s41586-022-05620-1

12. Greiner LL, Humphrey DC, Holland SN, Anderson CJ, Schmitz-Esser S. The validation of the existence of the entero-mammary pathway and the assessment of the differences of the pathway between first and third parity sows. Transl Anim Sci. 2022;6(2): txac047. DOI: https://doi.org/10.1093/tas/txac047

13. Aakko J, Kumar H, Rautava S, Wise A, Autran C, Bode L, et al. Human milk oligosaccharide categories define the microbiota composition in human colostrum. Beneficial microbes. 2017;8(4):563-7. DOI: https://doi.org/10.3920/bm2016.0185

14. Marcobal A, Barboza M, Sonnenburg ED, Pudlo N, Martens EC, Desai P, et al. Bacteroides in the infant gut consume milk oligosaccharides via mucus-utilization pathways. Cell Host Microbe. 2011;10(5):507-14. DOI: https://doi.org/10.1016/j.chom.2011.10.007

15. Weichert S, Jennewein S, Hüfner E, Weiss C, Borkowski J, Putze J, et al. Bioengineered 2'-fucosyllactose and 3-fucosyllactose inhibit the adhesion of Pseudomonas aeruginosa and enteric pathogens to human intestinal and respiratory cell lines. Nutr Res. 2013;33(10):831-8. DOI: https://doi.org/10.1016/j.nutres.2013.07.009

16. Barnett DJM, Endika MF, Klostermann CE, Gu F, Thijs C, Nauta A, et al. Human milk oligosaccharides, antimicrobial drugs, and the gut microbiota of term neonates: observations from the KOALA birth cohort study. Gut Microbes. 2023;15(1):2164152. DOI: https://doi.org/10.1080/19490976.2022.2164152

17. Torres Roldan VD, Urtecho S M, Gupta J, Yonemitsu C, Cárcamo CP, Bode L, et al. Human milk oligosaccharides and their association with late-onset neonatal sepsis in peruvian very-low-birth-weight infants. Am J Clin Nutr. 2020;112(1):106-12. DOI: https://doi.org/10.1093/ajcn/nqaa102

18. Cilieborg MS, Sangild PT, Jensen ML, Ostergaard MV, Christensen L, Rasmussen SO, et al. α1,2-Fucosyllactose does not improve intestinal function or prevent Escherichia coli F18 Diarrhea in Newborn Pigs. J Pediatr Gastroenterol Nutr. 2017;64:310-8. DOI: https://doi.org/10.1097/mpg.0000000000001276

19. Bering SB. Human Milk Oligosaccharides to Prevent Gut Dysfunction and Necrotizing Enterocolitis in Preterm Neonates. Nutrients. 2018;10(10):1461. DOI: https://doi.org/10.3390/nu10101461

20. Parra-Llorca A, Gormaz M, Alcántara C, Cernada M, Nuñez-Ramiro A, Vento M, et al. Preterm Gut Microbiome depending on feeding type: significance of Donor Human milk. Front Microbiol. 2018;9:1376. DOI: https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01376

21. Gregory KE, Samuel BS, Houghteling P, Shan G, Ausubel FM, Sadreyev RI, et al. Influence of maternal breast milk ingestion on acquisition of the intestinal microbiome in preterm infants. Microbiome. 2016;4(1):68. DOI: https://doi.org/10.1186/s40168-016-0214-x

22. Wang C, Zhang M, Guo H, Yan J, Chen L, Teng W, et al. Human milk oligosaccharides activate epidermal growth factor receptor and protect against Hypoxia-Induced Injuries in the mouse intestinal epithelium and Caco2 cells. J Nutr. 2020;150(4):756-62. DOI: https://doi.org/10.1093/jn/nxz297

23. Cai C, Zhang Z, Morales M, Wang Y, Khafipour E, Friel J. Feeding practice influences gut microbiome composition in very low birth weight preterm infants and the association with oxidative stress: A prospective cohort study. Free Radic Biol Med. 2019;142:146-54. DOI: https://doi.org/10.1016/j.freeradbiomed.2019.02.032

FUNCTIONS AND INDIVIDUAL MECHANISMS OF INFLUENCE OF BIFIDOBACTERIA ON THE STATE OF HEALTH OF INFANTS (LITERARY REVIEW)

T. Znamenska, O. Vorobiova

SI «Ukrainian Center for Motherhood and Childhood of NAMS of Ukraine»
(Kyiv, Ukraine)

Summary.

Bifidobacteria are members of the human intestinal microbiota, and some strains may have health-promoting effects. The genus Bifidobacterium belongs to the phylum Actinobacteria. Firmicutes, Bacteroidetes, and Actinobacteria are the most abundant phyla in the human gut microbiota, with Firmicutes and Bacteroidetes predominating in adults and Actinobacteria in breast-fed infants, where Bifidobacteria can reach levels exceeding 90 % of the total bacterial population. They are among the first microbial colonizers of the newborn gut and play a key role in the development of its physiology, including the maturation of the immune system and the utilization of food components. In fact, some nutrients, such as human milk oligosaccharides, are important factors in the development of bifidobacteria. There is now well-documented scientific evidence of the efficacy of bifidobacteria-containing products in some intestinal and extraintestinal pathologies. In this review, we will focus on the role of bifidobacteria as members of the human intestinal microbiota and their use as probiotics for disease prevention and treatment.

Key words: Microbial Colonization; Infants; Bifidobacteria.

Контактна інформація:
Знаменська Тетяна Костянтинівна – член-кореспондент НАМН України, д.мед.н., професор, заступниця директора з перинатальної медицини ДУ «Всеукраїнський центр материнства та дитинства НАМН України», завідувачка відділу неонатології ДУ «Всеукраїнський центр материнства та дитинства НАМН України», Президент Всеукраїнської Громадської організації «Асоціація неонатологів України» (м. Київ, Україна)
e-mail: tkznamenska@gmail.com
ORCID ID: http://orcid.org/0000-0001-5402-1622
Scopus Author ID: https://www.scopus.com/authid/detail.uri?authorId=6507801010
Researcher ID: http://www.researcherid.com/rid/X-6588-2018

Воробйова Ольга Володимирівна – д.мед.н., професор, провідний науковий співробітник відділення неонатології ДУ «Всеукраїнський центр материнства та дитинства НАМН України» (м. Київ, Україна)
e-mail: dr.vorobiova@ukr.net
ORCID ID: http://orcid.org/0000-0001-5199-0217
Scopus Author ID: https://www.scopus.com/authid/detail.uri?authorId=57209369240
Researcher ID: http://www.researcherid.com/rid/V-1251-2017

Contact Information:
Tetiana Znamenska – Corresponding Member of the National Academy of Medical Sciences of Ukraine, DM, Professor, Deputy Director for Perinatal Medicine SI «Ukrainian Center for Motherhood and Childhood of NAMS of Ukraine», Head of the Department of Neonatology SI «Ukrainian Center for Motherhood and Childhood of NAMS of Ukraine», President of the Association of Neonatologists of Ukraine (Kyiv, Ukraine)
e-mail: tkznamenska@gmail.com
ORCID: http://orcid.org/0000-0001-5402-1622
Scopus Author ID: https://www.scopus.com/authid/detail.uri?authorId=6507801010
Researcher ID: http://www.researcherid.com/rid/X-6588-2018

Olga Vorobiova – DM, Professor, Leading Researcher of the Department of Neonatology SI «Ukrainian Center for Motherhood and Childhood of NAMS of Ukraine» (Kyiv, Ukraine)
e-mail: dr.vorobiova@ukr.net
ORCID ID: http://orcid.org/0000-0001-5199-0217
Scopus Author ID: https://www.scopus.com/authid/detail.uri?authorId=57209369240
Researcher ID: http://www.researcherid.com/rid/V-1251-2017

Надійшло до редакції 09.06.2024 р.
Підписано до друку 15.09.2024 р.