Профилактическая медицина
2026, т. 29, №1, с. 74–80
https://doi.org/10.17116/profmed20262901174

Russian Journal of Preventive Medicine
2026, vol. 29, no. 1, pp. 74–80
https://doi.org/10.17116/profmed20262901174

Роль кишечной микробиоты человека в формировании фенотипического возраста

© А.К. РАТНИКОВА[1, 2], А.В. ТИШКОВ[3], А.С. ПАРЦЕРНЯК[4], О.Н. ДИКУР[5], К.Д. ЕРМОЛЕНКО[6], Я.И. АШИХМИН[2, 7]

[1]ФГБУ «Северо-Западный окружной научно-клинический центр им. Л.Г. Соколова Федерального медико-биологического агентства», Санкт-Петербург, Россия;
[2]Health Care Resort «Первая Линия», Санкт-Петербург, Россия;
[3]ФГБОУ ВО «Первый Санкт-Петербургский государственный медицинский университет им. акад. И.П. Павлова» Минздрава России, Санкт-Петербург, Россия;
[4]ФГБВОУ ВО «Военно-медицинская академия им. С.М. Кирова» Министерства обороны Российской Федерации, Санкт-Петербург, Россия;
[5]ФГАОУ ВО «Первый Московский государственный медицинский университет им. И.М. Сеченова» Минздрава России (Сеченовский Университет), Москва, Россия;
[6]ФГБУ «Федеральный научно-клинический центр инфекционных болезней Федерального медико-биологического агентства», Санкт-Петербург, Россия;
[7]ФГБУ «Центр экспертизы и контроля качества медицинской помощи» Минздрава России, Москва, Россия

РЕЗЮМЕ

Цель исследования. Изучить взаимосвязь состава кишечной микробиоты с фенотипическим возрастом (PhenoAge) и кардиометаболическим здоровьем.

Материалы и методы. Проведен анализ данных обследования 29 пациентов мужского и женского пола в возрасте от 27 до 68 лет без признаков обострения хронических неинфекционных заболеваний. Изучены клинико-лабораторные и инструментальные показатели: фенотипический возраст (PhenoAge), биохимические маркеры. Проведена интегративная оценка микробно-тканевого комплекса кишечника, в том числе изучены профили микробиоты с использованием анализа последовательности гена рибосомальной РНК 16S.

Результаты. Установлено, что фенотипический возраст изучаемой популяции в среднем на 8,5 года ниже паспортного, что коррелировало с определенными микробными паттернами. Обнаружено, что ключевыми бактериями, связанными с геропротективным эффектом, являются *Barnesiella* spp. и *Bacteroides eggerthii*, тогда как *Vampirivibrionia* и *Dorea formicigenerans* ассоциировались с высоким уровнем инсулинорезистентности, воспаления и утолщением комплекса интима-медиа. Впервые продемонстрирована связь бактерий *Vampirivibrionia* с высоким уровнем триметиламин-N-оксида — метаболита, ассоциированного со старением, воспалением и риском развития сердечно-сосудистых заболеваний. Кроме того, изучены бактерии, отрицательно ассоциирующиеся с фенотипическим возрастом: *Erysipelatoclostridium*, *Lachnospiraceae ND3007* и *Blautia faecis*. В то же время положительная корреляция фенотипического возраста отмечалась с бактериями *Ruminococcaceae NK4A214* и *Family XIII AD3011*, что указывает на их патогенный потенциал. Отмечена ключевая роль зонулина как маркера проницаемости кишечного барьера, с которым статистически значимо коррелировали условно-патогенные бактерии.

Заключение. При проведении ретроспектиного исследования выявлена важная роль кишечного микробиома в регуляции фенотипического возраста и кардиометаболического здоровья. Определены микробные профили, связанные с геропротекцией и риском развития возраст-ассоциированных заболеваний. Результаты подчеркивают необходимость микробиомного профилирования и детальных исследований для разработки персонализированных подходов к терапии и профилактике.

Ключевые слова: *микробиота, кишечный микробиом, фенотипический возраст, кардиометаболическое здоровье, дисбиоз, геропротекция, преждевременное старение, инсулинорезистентность, воспаление, толщина комплекса интима-медиа (ТКИМ), микробиомное профилирование, триметиламин-N-оксид (ТМАО)*

ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ:
Ратникова А.К. — https://orcid.org/0000-0003-3279-6448
Тишков А.В. — https://orcid.org/0000-0002-4282-8717
Парцерняк А.С. — https://orcid.org/0000-0002-9721-1319
Дикур О.Н. — https://orcid.org/0000-0002-4442-6447
Ермоленко К.Д. — https://orcid.org/0000-0002-1730-8576
Ашихмин Я.И. — https://orcid.org/0000-0002-1243-5701
Автор, ответственный за переписку: Ратникова А.К. — e-mail: a.k.ratnikova@mail.ru

КАК ЦИТИРОВАТЬ:
Ратникова А.К., Тишков А.В., Парцерняк А.С., Дикур О.Н., Ермоленко К.Д., Ашихмин Я.И. Роль кишечной микробиоты человека в формировании фенотипического возраста. *Профилактическая медицина*. 2026;29(1):74–80.
https://doi.org/10.17116/profmed20262901174

The role of the human gut microbiota in the phenotypic age determination

© A.K. RATNIKOVA[1,2], A.V. TISHKOV[3], A.S. PARCERNYAK[4], O.N. DIKUR[5], K.D. ERMOLENKO[6], YA.I. ASHIKHMIN[2,7]

[1]North-Western District Scientific and Clinical Center named after L.G. Sokolov of the Federal Medical and Biological Agency, St. Petersburg, Russia;
[2]Health Care Resort «First Line», St. Petersburg, Russia;
[3]Academian I.P. Pavlov First Saint Petersburg State Medical University, St. Petersburg, Russia;
[4]S.M. Kirov Military Medical Academy, St. Petersburg, Russia;
[5]I.M. Sechenov First Moscow State Medical University (Sechenov University), Moscow, Russia;
[6]Federal Scientific and Clinical Center for Infectious Diseases, St. Petersburg, Russia;
[7]Centre for Expertise and Quality Control of Medical Care, Moscow, Russia

ABSTRACT

Objective. To study the relationship of the composition of the intestinal microbiota with phenotypic age (PhenoAge) and cardiometabolic health.

Materials and methods. The examination data of 29 male and female patients, aged 27 to 68 years, with no signs of exacerbation of chronic non-communicable diseases, were analyzed. Clinical, laboratory, and instrumental parameters were assessed: phenotypic age (PhenoAge) and biochemical markers. An integrative assessment of the intestinal microbial-tissue complex was conducted, including the study of microbiota profiles using the *16S* ribosomal RNA gene sequence analysis.

Results. It was found that the phenotypic age of the studied population was, on average, 8.5 years lower than the passport age, which correlated with specific microbial patterns. Key bacteria associated with the geroprotective effect were identified as *Barnesiella* spp. and *Bacteroides eggerthii*. In contrast, *Vampirivibrionia* and *Dorea formicigenerans* were linked to high levels of insulin resistance, inflammation, and thickening of the intima-media complex. The association of *Vampirivibrionia* with high levels of trimethylamine-N-oxide, a metabolite linked to aging, inflammation, and an increased risk of cardiovascular disease, has been demonstrated for the first time. In addition, the following bacteria, which are negatively associated with phenotypic age, were studied: *Erysipelatoclostridium*, *Lachnospiraceae ND3007*, and *Blautia faecis*. Additionally, a positive correlation was observed between phenotypic age and the *Ruminococcaceae NK4A214* and *Family XIII AD3011*, suggesting their potential pathogenicity. The key role of zonulin as a marker of the intestinal barrier permeability was highlighted, and its correlation with opportunistic bacteria was demonstrated.

Conclusion. A retrospective study revealed the significant role of the intestinal microbiome in regulating phenotypic age and cardiometabolic health. Microbial profiles associated with geroprotection and the risk of age-associated diseases were determined. The results emphasize the need for microbiome profiling and detailed research to develop personalized approaches to therapy and prophylaxis.

Keywords: *microbiota, intestinal microbiome, phenotypic age, cardiometabolic health, dysbiosis, geroprotection, premature aging, insulin resistance, inflammation, thickness of the intima-media complex (TIMC), microbiome profiling, trimethylamine-N-oxide (TMAO)*

INFORMATION ABOUT THE AUTHORS:
Ratnikova A.K. — https://orcid.org/0000-0003-3279-6448
Tishkov A.V. — https://orcid.org/0000-0002-4282-8717
Parcernyak A.S. — https://orcid.org/0000-0002-9721-1319
Dikur O.N. — https://orcid.org/0000-0002-4442-6447
Ermolenko K.D. — https://orcid.org/0000-0002-1730-8576
Ashikhmin Ya.I. — https://orcid.org/0000-0002-1243-5701
Corresponding author: Ratnikova A.K. — e-mail: a.k.ratnikova@mail.ru

TO CITE THIS ARTICLE:
Ratnikova AK, Tishkov AV, Parcernyak AS, Dikur ON, Ermolenko KD, Ashikhmin YaI. The role of the human gut microbiota in the phenotypic age determination. *The Russian Journal of Preventive Medicine.* 2026;29(1):74–80. (In Russ.).
https://doi.org/10.17116/profmed20262901174

Введение

Одним из приоритетов современной медицины является снижение биологического возраста и продление периода здоровой жизни [1]. Исследования когорт долгожителей способствовали фокусировке на биологическом и фенотипическом возрасте как интегративных показателях состояния здоровья и скорости старения. Эти параметры отражают совокупное влияние генетических, метаболических и экологических факторов, а их расчет доступен клиницистам с использованием стандартизированных моделей [2].

Микробиота играет ключевую роль в поддержании клеточного гомеостаза и молодости. Ее дисбаланс включен в число 12 фундаментальных механизмов старения наряду с геномной нестабильностью, укорочением теломер, эпигенетическими сдвигами, митохондриальной дисфункцией и воспалением [3]. Экспериментальные и клинические данные показывают, что коррекция дисбиоза замедляет прогрессирование данных процессов; это указывает на причинно-следственную связь между «старением» микробиоты и ускорением возраст-ассоциированной патологии [4].

Таким образом, стратегии, направленные на поддержание здорового состава микробиоты, характеризуются значительным потенциалом для продления активного долголетия и профилактики хронических заболеваний [5]. В связи с этим представляется актуальным изучение взаимосвязи представителей кишечного микробиома и фенотипического возраста у пациентов среднего и пожилого возраста.

Цель исследования — изучить взаимосвязь состава кишечной микробиоты с фенотипическим возрастом (PhenoAge) и кардиометаболическим здоровьем.

Материалы и методы

Проведен ретроспективный анализ данных 29 участников (15 женщин, 14 мужчин) в возрасте 27—68 лет (медиана возраста 50,5 [42,0—53,2] года), прошедших комплексное обследование в курорте превентивной медицины «Первая Линия» (Санкт-Петербург).

Критерии включения: удовлетворительное состояние, отсутствие острых заболеваний и обострений хронической патологии, соблюдение средиземноморской диеты, наличие информированного добровольного согласия на участие в исследовании.

Обследование включало:

— клинический осмотр с расчетом индекса массы тела (ИМТ), измерением уровня артериального давления (АД), оценкой вредных привычек и семейного анамнеза;
— лабораторные анализы: глюкоза, инсулин, гликированный гемоглобин, липидограмма, витамины (D, B9, B12, B6), гомоцистеин, С-реактивный белок, печеночные пробы, электролиты, гормоны (тиреотропный гормон, кортизол, адренокортикотропный гормон, тестостерон, пролактин), фибриноген, липаза, клинические анализы крови и мочи;
— расчет индекса инсулинорезистентности (HOMA-IR) и скорости клубочковой фильтрации по формуле CKD-EPI;
— ультразвуковое исследование органов брюшной полости, почек, щитовидной железы, брахиоцефальных артерий с оценкой толщины интима-медиа, а также проведение эхокардиографии.

На основании данных клинического и биохимического анализов крови с помощью системы PhenoAge [2] по стандартной методике рассчитывали фенотипический возраст.

Исследование микробиома проведено с использованием интегративной оценки микробно-тканевого комплекса кишечника, которая включала:

— триметиламин (ТМА), триметиламин-N-оксид (ТМАО), соотношение ТМА/ТМАО в моче;
— исследование зонулина в кале;
— определение содержания кальпротектина в кале;
— профилирование микробного сообщества в кале на уровне родов оценивали с использованием метода анализа 16S рРНК.

Статистическая обработка полученных данных проведена с применением пакета программ R 4.4.0. При описании исходных данных количественные показатели представляли в виде медианы и интерквартильного размаха, Me (Q_1; Q_3). В случае качественных данных указывали количество пациентов для данного значения и процент данного значения от общего количества пациентов в виде *n* (*m*%).

Различия между двумя выборками с количественными значениями определяли с помощью критерия Манна—Уитни. Для поиска различий в выборках по качественным переменным применяли точный критерий Фишера. Критический уровень значимости при проверке гипотез принимали равным 0,05. При множественных сравнениях значимость определяли методом Холма—Бонферрони.

Для выявления взаимосвязи профилей микробиоты и фенотипического возраста использовали корреляционный анализ с оценкой коэффициента корреляции Спирмена. Классическое равновесие Харди—Вайнберга неприменимо для оценки состава микробиоты по данным 16S-секвенирования.

Результаты

Средний показатель фенотипического возраста включенных пациентов (оцененный по системе PhenoAge) составил 43,1 (38,7—47,2) года. В среднем пациенты были моложе своего паспортного возраста по показателю фенотипического возраста (PhenoAge) возраста на 8,50 (4,70—12,00) года, и разница в возрасте была статистически значимой (p<0,001). Вредные привычки (курение сигарет) имели 6 (20,7%) участников исследования.

Клинико-лабораторные параметры вошедших в исследование пациентов представлены в **таблице**.

При проведении анализа выявлены следующие ассоциации.

Фенотипический возраст отрицательно коррелировал с распространенностью:

Клинико-лабораторные параметры у пациентов исследуемой группы

Clinical and laboratory parameters in patients of the study group

Показатель	Пациенты, *n*=29, среднее значение
ИМТ, кг/м^2	25,9 (23,4—28,3)
Систолическое АД, мм рт.ст.	115 (110—120)
Диастолическое АД, мм рт.ст.	70,0 (70,0—80,0)
Общий холестерин, ммоль/л	5,45 (4,70—6,14)
ЛПНП, ммоль/л	3,37 (3,05—4,13)
ЛПВП, ммоль/л	1,39 (1,12—1,65)
Триглицериды, ммоль/л	1,10 (0,81—1,60)
Уровень глюкозы крови, ммоль/л	4,91 (4,64—5,71)
Уровень инсулина крови, мкЕд/мл	9,71 (5,85—15,81)
Индекс инсулинорезистентности HOMA-IR	2,02 (1,27—4,07)
Гомоцистеин, мкмоль	9,25 (7,46—10,99)
С-реактивный белок, мг/л	1,11 (0,67—1,60)
Средняя толщина комплекса интима-медиа, мм	0,700 (0,700—0,825)

Примечание. ИМТ — индекс массы тела; АД — артериальное давление; ЛПНП — холестерин липопротеинов низкой плотности; ЛПВП — холестерин липопротеинов высокой плотности.
Note. BMI — body mass index; BP, blood pressure; LDL — low-density lipoprotein cholesterol; HDL — high-density lipoprotein cholesterol.

— *Erysipelatoclostridium genus* (r=–0,64, p<0,01, **рис. 1)**;
— *Lachnospiraceae ND3007* (r=–0,67, p<0,01);
— *Actinobacteria class* (r=–0,55, p<0,01);
— *Blautia faecis* spp. (r=–0,68, p<0,01).

При этом распространенность *Erysipelatoclostridium* положительно коррелировала с уровнем зонулина в кале (r=0,86, p<0,01). Обнаружено, что фенотипический возраст положительно коррелировал с распространенностью бактерий рода *Ruminococcaceae NK4A214* (r=0,69, p<0,01) и *Family XIII AD3011* (r=0,7, p<0,05).

Далее выявлены значимые отрицательные корреляционные связи распространенности бактерий рода *Granulicatella adiacens* (r=–0, 93, p<0,01), *Bacteroides massiliensis* (r= –0,80, p=0,02) и *Rothia mucilaginosa spp.* (r= –0,64, p<0,01) с паспортным возрастом.

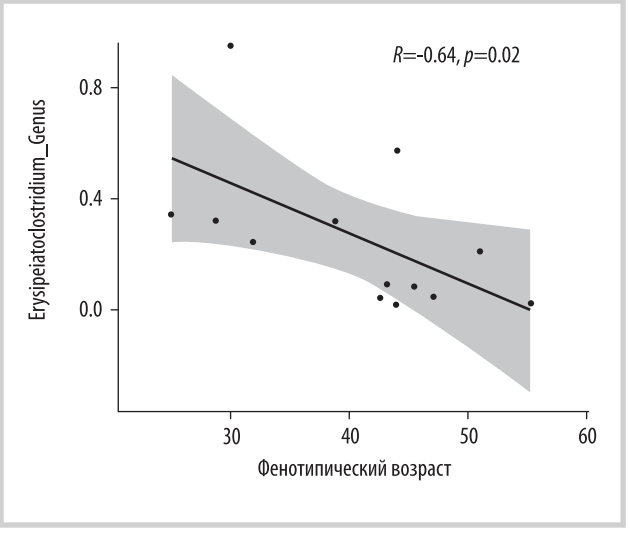


Рис. 1. **Взаимосвязь распространенности *Erysipelatoclostridium* с фенотипическим возрастом.**

Fig. 1. **Correlation of Erysipelatoclostridium prevalence with phenotypic age.**

Уровень липазы сыворотки крови отрицательно коррелировал с распространенностью бактерий рода *Rothia mucilaginosa spp.* (r= –0,78, p<0,01) и положительно — с уровнем лейкоцитов (r=0,78, p=0,02) и нейтрофилов (r=0,73, p<0,01) соответственно.

Наибольший интерес представляли «бактерии-геропротекторы», ассоциированные с потенциальной возможностью предотвращать акселерацию фенотипического возраста. Наибольшей разницей между фенотипическим и паспортным возрастом обладали *Barnesiella (Genus)* (r=0,83, p=0,05) и *Bacteroides eggerthii sp* (r=0,94, p=0,01, **рис. 2)**.

В нашем исследовании показатель ТМАО имел прямые корреляционные взаимосвязи исключительно с уровнем распространенности бактерий класса *Vampirivibrionia* (r=0,95, p<0,01).

Уровень кишечного зонулина положительно коррелировал с распространенностью:
— *Erysipelatoclostridium genus* (r=0,85, p<0,01);
— *Colidextribacter genus* (r=0,6, p<0,01);
— *Fusicatenibacter genus* (r=0,62, p<0,01);
— *Senegalimassilia genus* (r=0,85, p<0,01)
и отрицательно с:
— *Alistipes putredinis* spp. (r=–0,85, p<0,01);
— *Odoribacter splanchnicus* spp. *(*r=–0,79, p<0,01).

Уровень систолического АД положительно коррелировал с распространенностью следующих бактерий:
— *Roseburia hominis* spp. (r=0,76, p<0,05);
— *Lachnospiraceae NK4A136* (r=0,6, p<0,05);
— *Slackia isoflavoniconvertens* spp. (r=0,73, p<0,05)
и отрицательно с:
— *Negativibacillus genus* (r= –0,7, p<0,05).

Уровень диастолического АД положительно коррелировал с распространенностью следующих микробов:

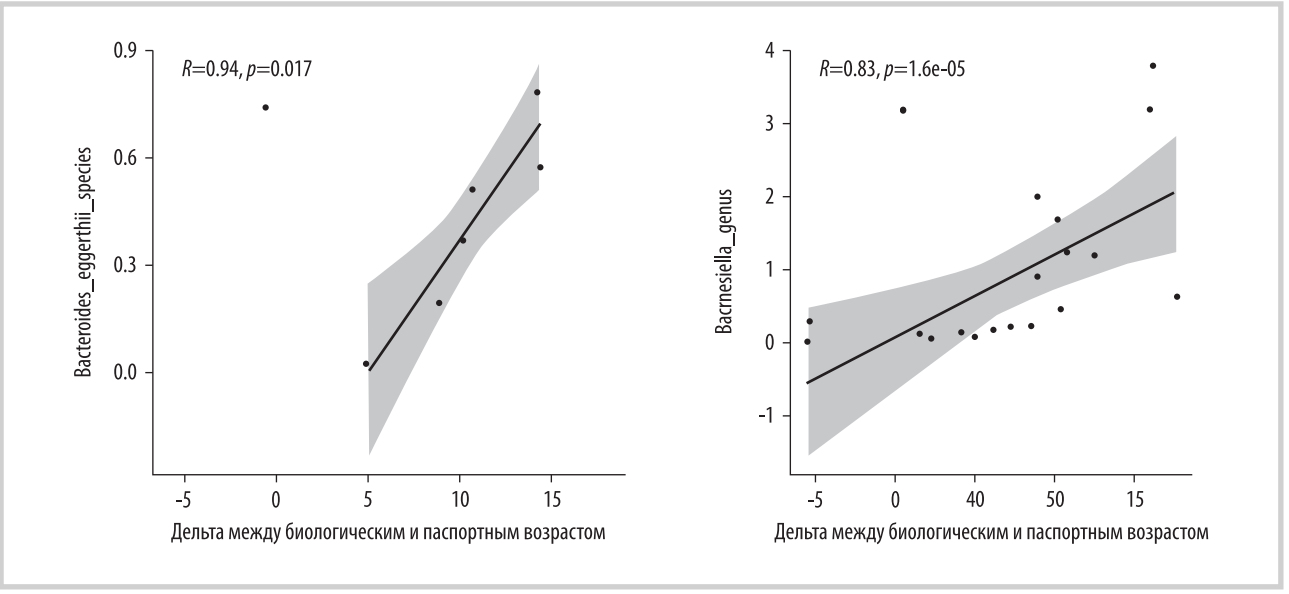


Рис. 2. **Взаимосвязь распространенности *Barnesiella* spp. и *Bacteroides eggerthii* с максимальной разницей между фенотипическим и паспортным возрастом.**

Fig. 2. **Correlation between the prevalence of *Barnesiella* spp. and *Bacteroides eggerthii* with the maximum difference between the phenotypic and chronologic age.**

— *Streptococcus lutetiensis, salivarius, thermophilus* (r=0,66, p<0,05);
— *Vampirivibrionia class* (r=0,79, p<0,01);
отрицательно с:
— *Hungatella genus* (r= –0,92, p<0,01).

Величина ИМТ положительно коррелировала с распространенностью следующих бактерий:
— *Lachnospiraceae UCG 001* (r=0,78, p<0,05);
— *Negativibacillus genus (r*=0,9, p<0,01).

Обсуждение

В исследовании выявлен широкий спектр бактерий, коррелирующих с фенотипическим возрастом. Средний фенотипический возраст был на 8,50 (4,70—12,00) года моложе паспортного (p<0,001), что может отражать благоприятный образ жизни участников. Снижение содержания *Erysipelatoclostridium* ассоциировано с молодостью, что противоречит данным о его возраст-зависимом росте и связи с проницаемостью кишечника и воспалением [6]. Продуценты бутирата *Lachnospiraceae ND3007* и *Blautia faecis* поддерживают барьерную функцию кишечника, их содержание снижается с возрастом [7, 8]. Их низкая распространенность связана с ожирением, диабетом и метавоспалением [9, 10]. Отмечено, что *Actinobacteria*, участвующие в метаболизме сложных углеводов и синтезе антимикробных веществ, также ассоциированы с молодостью и представляют интерес для разработки терапевтических средств [11].

Данные о положительной корреляции фенотипического возраста с *Ruminococcaceae NK4A214* и *Family XIII AD3011* необходимо уточнять: первый ассоциирован с благоприятным прогнозом при инсульте [12], но его уровень снижается при диарее, обусловленной синдромом раздраженного кишечника [13], второй — с колоректальным раком и воспалением [6]. В нашем исследовании уровень *Family XIII AD3011* положительно коррелировал с триглицеридами, что указывает на возможную роль в метаболических нарушениях.

Наибольшую разницу между связью с возрастом показали *Barnesiella* и *Bacteroides eggerthii* (r=0,83 и 0,94, p< 0,05). Показано, что *Barnesiella* укрепляет кишечный барьер, снижая риск хронического вялотекущего воспаления (inflammaging) и ассоциированных с ним заболеваний [14], поддерживая популяции продуцентов короткоцепочечных жирных кислот (КЦЖК) [15]. *Bacteroides eggerthii*, продуцирующие КЦЖК, могут замедлять иммунное старение [8], но их роль в долголетии ранее не изучалась.

Повышенный зонулин, маркер проницаемости кишечника, положительно коррелировал с содержанием *Erysipelatoclostridium* [6] и *Senegalimassilia* — малоизученным родом, потенциально связанным с нарушением эректильной функции [16]. Отрицательная корреляция с содержанием *Alistipes putredinis* и *Odoribacter splanchnicus* (r=–0,85 и –0,79, p<0,01) указывает на их защитную роль. Показано, что *Odoribacter splanchnicus* чувствителен к хроническому стрессу [17], что подчеркивает его значение в оси «кишечник — мозг — микробиом».

Уровень систолического АД положительно коррелировал с *Roseburia hominis*, что противоречит раннему сообщению об отрицательной связи (ρ=–0,15, p<0,001) [18]. Положительные связи выявлены с *Lachnospiraceae NK4A136*, *Slackia isoflavoniconvertens* и *Streptococcus* spp. — последний ассоциирован с повышением уровня глюкозы и HOMA-IR [19], что указывает на неблагоприятные кардиометаболические эффекты. Уровень диастолического АД положительно коррелировал с *Vampirivibrionia* и *Streptococcus*, отрицательно — с *Hungatella* (r= –0,92, p<0,01). Кроме того, содержание *Hungatella* также отрицательно коррелировало с ТКИМ (r= –0,97, p<0,05), что согласуется с предполагаемым ангиопротективным эффектом, который реализуется посредством метаболизма таурина [20].

Величина ИМТ положительно коррелировала с содержанием *Lachnospiraceae UCG 001* и *Negativibacillus* (r=0,78 и 0,90, p<0,05), ассоциированными с сердечно-сосудистым риском [21]. Рост содержания *Negativibacillus* наблюдался у мышей, получавших диету с переработанным мясом [22]. Содержание *Dorea formicigenerans* положительно коррелировало с ТКИМ и величиной HOMA-IR [20], а также с провоспалительной активностью и фибрилляцией предсердий [23].

Сообщается, что содержание *Collinsella aerofaciens* и *Dielma* ассоциировано с нарушением углеводного обмена и уровнем триглицеридов [24, 25], а *Bacteroides thetaiotaomicron* — с метаболическим здоровьем посредством ферментации, продукции КЦЖК и иммуномодуляции [26]. Рост содержания *Prevotella* при потреблении фолиевой кислоты [27] подтверждает влияние питания на микробиоту. Распространенность бифидобактерий и лактобактерий не коррелировала с показателями здоровья, возможно, из-за однородности диеты участников.

Ограничения исследования

К ограничениям исследования относятся небольшая выборка (n=29), ретроспективный дизайн, отсутствие данных о физической активности, стрессе и медикаментозной терапии. Метод анализа 16S рРНК не позволяет оценить функциональную активность микробиома. Модель PhenoAge основана на ограниченном наборе биомаркеров, а анализом охвачена только часть микробных метаболитов (триметиламин-N-оксид, зонулин), что ограничивает интерпретацию.

Несмотря на ограничения, результаты подтверждают ключевую роль микробиоты в регуляции старения и создают основу для дальнейших исследований в области персонализированной геропротекции.

Заключение

Состав кишечной микробиоты играет важную роль в регуляции фенотипического старения. Показано, что представители *Bacteroidetes* (*Barnesiella* spp. и *Bacteroides eggerthii*) ассоциированы с наиболее существенной разницей между биологическим и фенотипическим возрастом в сторону снижения последнего. Необходимо проведение дальнейших трансляционных микробиомных исследований на стыке клинической медицины, микробиологии и иммунологии, детально и комплексно изучающих вклад отдельных представителей микробиоты в развитие возраст-ассоциированных болезней и поддержание активного долголетия. Данный подход позволит в будущем

разработать не только новые инструменты скрининга фенотипического возраста с использованием профилей микробиоты, но и персонализированные концепции модификации микробиоты с помощью диетотерапии, пробиотической терапии и, вероятно, трансплантации фекальной микробиоты, без которых не может быть реализована задача кардинального повышения продолжительности жизни человека.

Благодарности: коллектив авторов выражает благодарность идеологу курорта превентивной медицины «Первая Линия» Марии Олеговне Грудиной за создание благоприятной исследовательской атмосферы, сочетающей комфорт и профессиональный подход к поддержке научной деятельности.

Вклад авторов: концепция и дизайн исследования — Ратникова А.К.; сбор и обработка материала — Ратникова А.К., Ашихмин Я.И.; статистический анализ данных — Тишков А.В., Дикур О.Н..; написание текста — Ашихмин Я.И., Ратникова А.К.; научное редактирование — Ермоленко К.Д., Парцерняк А.С.

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Acknowledgements: the authors express their gratitude to Maria Olegovna Grudina, the ideologist of the Health Care Resort "First Line," for creating a friendly research environment that combines comfort with a professional approach to supporting scientific activities.

Authors contribution: study design and concept — Ratnikova A.K.; data collection and processing — Ratnikova A.K., Ashikhmin Ya.I.; statistical analysis —Tishkov A.V., Dikur O.N.; text writing —Ashikhmin Ya.I., Ratnikova A.K.; scientific editing —Ermolenko K.D., Parcernyak A.S.

The authors declare no conflicts of interest.

ЛИТЕРАТУРА/REFERENCES

1. Бернс С.А., Савичева А.А., Исайкина О.Ю. и др. Биологический возраст: проблемы и перспективы. Обзор литературы. *Кардиоваскулярная терапия и профилактика*. 2024;23(12):4254.
Burns SA, Savicheva AA, Drapkina OM, et al. Biological age: problems and prospects. *Kardiovaskuljarnaja terapija i profilaktika*. 2024;23(12):4284. (In Russ.).
https://doi.org/10.15829/1728-8800-2024-4254
2. Shen X, Wang C, Zhou X, et al. Nonlinear dynamics of multi-omics profiles during human aging. *Nature Aging*. 2024;4(11):1619-1634.
https://doi.org/10.1038/s43587-024-00692-2
3. López-Otín C, Blasco MA, Partridge L, et al. Hallmarks of aging: An expanding universe. *Cell*. 2023;186(2):243-278.
https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.11.001
4. Shi P, Xu S, Yang Z, et al. Harnessing gut microbiota for longevity: Insights into mechanisms and genetic manipulation. *iMetaOmics*. 2024;1:e36.
https://doi.org/10.1002/imo2.36
5. Ратникова А.К., Грудина М.О., Ратников В.А. и др. Роль кишечной микробиоты в старении и поддержании активного долголетия. Часть 1. *Врач*. 2024;35(1):10-15.
Ratnikova AK, Grudina MO, Ratnikov VA, et al. Role of the gut microbiota in aging and maintenance of active longevity. Part 1. *Vrach*. 2024; 35(1):10-15. (In Russ.).
https://doi.org/10.29296/25877305-2024-01-02
6. Caetano-Silva ME, Shrestha A, Duff AF, et al. Aging amplifies a gut microbiota immunogenic signature linked to heightened inflammation. *Aging Cell*. 2024;23(8):e14190.
https://doi.org/10.1111/acel.14190
7. Luo D, Chen K, Li J, et al. Gut microbiota combined with metabolomics reveals the metabolic profile of the normal aging process and the anti-aging effect of FuFang Zhenshu TiaoZhi (FTZ) in mice. *Biomedicine and Pharmacotherapy*. 2020;121:109550.
https://doi.org/10.1016/j.biopha.2019.109550
8. Liu X, Mao B, Gu J, et al. Blautia — a new functional genus with potential probiotic properties? *Gut Microbes*. 2021;13(1):1-21.
https://doi.org/10.1080/19490976.2021.1875796
9. Ozato N, Saito S, Yamaguchi T, et al. Blautia genus associated with visceral fat accumulation in adults 20-76 years of age. *NPJ Biofilms and Microbiomes*. 2019;5(1):28.
https://doi.org/10.1038/s41522-019-0101-x
10. Chen S, Chen W, Wang X, et al. Mendelian randomization analyses support causal relationships between gut microbiome and longevity. *Journal of Translational Medicine*. 2024;22(1):1032.
https://doi.org/10.1186/s12967-024-05823-2
11. Law JW-F, Letchumanan V, Tan LT-H, et al. The Rising of "Modern Actinobacteria" Era. *Progress in Microbes and Molecular Biology*. 2020; 3(1): 0000064.
https://doi.org/10.36877/pmmb.a0000064
12. Li H, Zhang H, Hua W, et al. Causal relationship between gut microbiota and functional outcomes after ischemic stroke: A comprehensive Mendelian randomization study. *Journal of Stroke and Cerebrovascular Diseases*. 2024; 33(8):107814.
https://doi.org/10.1016/j.jstrokecerebrovasdis.2024.107814
13. Smirnova YuD, Gryaznova MV, Burakova IYu, et al. Study of microbiome aberrations in patients with irritable bowel syndrome with diarrhea by next-generation sequencing. *Nauchny'e rezul'taty` biomedicinskix issledovanij=Research Results in Biomedicine*. 2023;9(4):446-460.
https://doi.org/10.18413/2658-6533-2023-9-4-0-2
14. Fongang B, Satizabal C, Kautz TF, et al. Cerebral small vessel disease burden is associated with decreased abundance of gut Barnesiella intestinihominis bacterium in the Framingham Heart Study. *Scientific Reports*. 2023; 13(1):13622.
https://doi.org/10.1038/s41598-023-40872-5
15. Borrego-Ruiz A, Borrego JJ. Influence of human gut microbiome on the healthy and the neurodegenerative aging. *Experimental Gerontology*. 2024; 194:112497.
https://doi.org/10.1016/j.exger.2024.112497
16. Zhang F, Xiong Y, Zhang Y, et al. Genetically proxied intestinal microbiota and risk of erectile dysfunction. *Andrology*. 2024;12(4):793-800.
https://doi.org/10.1111/andr.13534
17. Geng S, Yang L, Cheng F, et al. Gut microbiota are associated with psychological stress-induced defections in intestinal and blood-brain barriers. *Frontiers in Microbiology*. 2020;10:3067.
https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.03067
18. Verhaar BJH, Collard D, Prodan A, et al. Associations between gut microbiota, faecal short-chain fatty acids, and blood pressure across ethnic groups: the HELIUS study. *European Heart Journal*. 2020;41(44):4259-4267.
https://doi.org/10.1093/eurheartj/ehaa704
19. Yan D, Sun Y, Zhou X, et al. Regulatory effect of gut microbes on blood pressure. *Animal Models and Experimental Medicine*. 2022;5(6):513-531.
https://doi.org/10.1002/ame2.12233
20. Qian B, Zhang K, Li Y, et al. Update on gut microbiota in cardiovascular diseases. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. 2022;12:1059349.
https://doi.org/10.3389/fcimb.2022.1059349
21. Companys J, Gosalbes MJ, Pla-Pagà L, et al. Gut microbiota profile and its association with clinical variables and dietary intake in overweight/obese and lean subjects: A cross-sectional study. *Nutrients*. 2021;13(6):2032.
https://doi.org/10.3390/nu13062032

22. Atzeni A, Martínez MÁ, Babio N, et al. Association between ultra-processed food consumption and gut microbiota in senior subjects with overweight/obesity and metabolic syndrome. *Frontiers in Nutrition*. 2022;9:976547. https://doi.org/10.3389/fnut.2022.976547

23. Fang C, Zuo K, Fu Y, et al. Aggravated gut microbiota and metabolomic imbalances are associated with hypertension patients comorbid with atrial fibrillation. *Biomolecules*. 2022;12(10):1445. https://doi.org/10.3390/biom12101445

24. Purohit A, Kandiyal B, Kumar S, et al. Collinsella aerofaciens linked with increased ethanol production and liver inflammation contribute to the pathophysiology of NAFLD. *iScience*. 2023;27(2):108764. https://doi.org/10.1016/j.isci.2023.108764

25. Sun Y, Nie Q, Zhang S, et al. Parabacteroides distasonis ameliorates insulin resistance via activation of intestinal GPR109a. *Nature Communications*. 2023;14(1):7740. https://doi.org/10.1038/s41467-023-43622-3

26. Zocco MA, Ainora ME, Gasbarrini G, et al. Bacteroides thetaiotaomicron in the gut: molecular aspects of their interaction. *Digestive and Liver Disease*. 2007;39(8):707-712. https://doi.org/10.1016/j.dld.2007.04.003

27. Zheng X, Xia C, Liu M, et al. Role of folic acid in regulating gut microbiota and short-chain fatty acids based on an in vitro fermentation model. *Applied Microbiology and Biotechnology*. 2024;108(1):40. https://doi.org/10.1007/s00253-023-12825-5

Поступила 12.05.2025
Received 12.05.2025
Принята к печати 19.08.2025
Accepted 19.08.2025