



Некрасова А.И., Калашникова И.Г., Макаров В.В., Жернов Ю.В.

Регион проживания как важнейший фактор, влияющий на формирование микробиома кишечника человека (обзор литературы)

ФГБУ «Центр стратегического планирования и управления медико-биологическими рисками здоровью»
Федерального медико-биологического агентства, 119121, Москва, Россия

РЕЗЮМЕ

Известно, что микробиом желудочно-кишечного тракта (ЖКТ) оказывает существенное влияние на здоровье человека и участвует во многих метаболических процессах организма. Состав кишечной микробиоты вариабелен и зависит как от эндогенных, так и от экзогенных факторов. Региональные климатогеографические факторы, влияющие на состав микробиоты кишечника, не охарактеризованы для населения Российской Федерации (РФ). Зоной тайги заняты 39% площади России (проживает $\approx 20\%$ населения), зонами арктической пустыни, тундры и лесотундры – 13% ($\approx 1\%$ населения), зоной смешанных лесов – 6% ($\approx 30\%$ населения), зонами лесостепей и листьевых лесов – 8% ($\approx 20\%$ населения), зоной степей – 5% ($\approx 20\%$ населения), зоной полупустынь – 1% ($\approx 3\%$ населения), зоной пустынь – 2% ($\approx 6\%$ населения). В каждой климатической зоне население испытывает влияние специфических климатических условий и имеет характерные особенности питания, поэтому при оценке состава кишечной микробиоты жителей РФ важно учитывать региональную составляющую как один из ключевых факторов, влияющих на микробиом человека. Наряду с климатогеографическими факторами на микробиом влияют культурные и социально-экономические особенности региона, что подтверждается результатами многих мировых популяционных исследований.

Цель исследования – систематизация ключевых экзогенных факторов, формирующих микробиом кишечника: географические особенности, уровень урбанизации, климатические условия, этнические особенности питания. Эти составляющие специалисты учитывают при определении условной нормы состава микробиоты кишечника человека, диагностируя дисбиозы и у коренных жителей, и у пришлого населения.

Материалы исследования. Обзор сделан на основе научных исследований, опубликованных за последние 10 лет и представленных в базах данных PubMed, Google Scholar, Scopus, Web of Science и eLIBRARY.RU.

Заключение. В обзоре раскрыто влияние региона проживания на показатели микробиоты кишечника условно здоровых людей, проживающих в различных климатических зонах и местах с разным уровнем урбанизации, что целесообразно использовать при определении нормофоры для жителей различных регионов Российской Федерации.

Ключевые слова: микробиота кишечника; регион проживания; климатогеографические факторы; уровень урбанизации

Для цитирования: Некрасова А.И., Калашникова И.Г., Макаров В.В., Жернов Ю.В. Регион проживания как важнейший фактор, влияющий на формирование микробиома кишечника человека (обзор литературы). *Гигиена и санитария*. 2025; 104(12): 1611–1617. <https://doi.org/10.47470/0016-9900-2025-104-12-1611-1617> <https://elibrary.ru/zrbtzv>

Для корреспонденций: Некрасова Александра Игоревна, e-mail: Akinshina@cspfmba.ru

Участие авторов: Некрасова А.И. – редактирование, сбор, анализ, обработка материалов, систематизация и обобщение данных литературы; Калашникова И.Г. – сбор материала и обработка данных литературы, редактирование; Макаров В.В. – редактирование, концепция и дизайн обзорно-аналитического исследования; Жернов Ю.В. – редактирование, концепция и дизайн обзорно-аналитического исследования. *Все соавторы* – утверждение окончательного варианта статьи, ответственность за целостность всех её частей.

Конфликт интересов. Авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов в связи с публикацией данной статьи.

Финансирование. Исследование проведено без спонсорской поддержки.

Поступила: 02.10.2025 / Поступила после доработки: 18.12.2025 / Принята к печати: 19.12.2025 / Опубликована: 15.01.2026

Alexandra I. Nekrasova, Irina G. Kalashnikova, Valentin V. Makarov, Yuri V. Zhernov

Region of residence as the most important factor influencing the formation of the human intestinal microbiome (literature review)

Centre for Strategic Planning of the Federal medical and biological agency, Moscow, 119121, Russian Federation

ABSTRACT

The gastrointestinal tract (GIT) microbiome is known to significantly impact on human health and be involved in many metabolic processes. The composition of the intestinal microbiota is variable and depends on both endogenous and exogenous factors. Regional climatic and geographical factors influencing the composition of the intestinal microbiota have not been characterized for the population of the Russian Federation (RF). 39% of Russia's area is in the taiga zone, 13% in the arctic desert, tundra, and forest-tundra zones, 6% in the mixed forest zone, 8% in the forest-steppe and deciduous forest zone, 5% in the steppe zone, 1% in the semi-desert zone, and 2% in the desert zone. Each climate zone is characterized by unique climatic conditions, so when assessing the composition of the intestinal microbiota of Russian residents, it is crucial to pay attention to the regional aspect as one of the key factors influencing on changes in the composition of the human microbiome. In addition to climatic and geographical factors, there are also cultural and socio-economic factors, which is confirmed by the results of many global population studies.

The aim of the study. Systematization of key exogenous factors shaping the gut microbiome: geographic features, urbanization level, climate conditions, and ethnic and national dietary patterns. Experts consider these factors when determining the relative norm for the composition of the human gut microbiota, diagnosing dysbiosis in both indigenous and non-native populations.

Material and Methods. This review is based on scientific studies published over the past ten years and presented in the PubMed, Google Scholar, Scopus, Web of Science, and eLIBRARY.RU databases.

Conclusion. The review reveals the influence of region of residence on the intestinal microbiota parameters of relatively healthy individuals living in various climatic zones and areas with different levels of urbanization, which can be used to determine the normal flora for residents.

Keywords: gut microbiota; region of residence; climatic factors; level of urbanization

For citation: Nekrasova A.I., Kalashnikova I.G., Makarov V.V., Zhernov Yu.V. Region of residence as the most important factor influencing the formation of the human intestinal microbiome (literature review). *Gigiena i Sanitariya / Hygiene and Sanitation, Russian journal*. 2025; 104(12): 1611–1617. <https://doi.org/10.47470/0016-9900-2025-104-12-1611-1617> <https://elibrary.ru/zrbtzv> (In Russ.)

For correspondence: Alexandra I. Nekrasova, Akinshina@cspfmba.ru

Contribution: Nekrasova A.I. – text editing, collection, analysis, processing of materials, systematization and generalization of literature data; Kalashnikova I.G. – collection of material and processing of literature data, text editing; Makarov V.V. – text editing, concept and design of the review and analytical research; Zhernov Yu.V. – text editing, concept and design of the review and analytical study. *All authors* are responsible for the integrity of all parts of the manuscript and approval of the manuscript final version.

Conflict of interest. The authors declare no conflict of interest.

Funding. The study had no sponsorship.

Received: October 2, 2025 / Revised: November 18, 2025 / Accepted: November 19, 2025 / Published: January 15, 2026

Введение

Кишечная микробиота оказывает существенное влияние на метаболизм и здоровье человека, поэтому важно понимание факторов, формирующих биоразнообразие микробиоты кишечника. Коэволюция человека и комменсальной кишечной микробиоты привела к формированию тесных симбиотических взаимоотношений между хозяином и микроорганизмами, которые способны влиять на физиологические аспекты и функционирование систем органов человека. Для каждого человека состав микробиоты уникален и начинает формироваться с момента рождения. На формирование микробиома влияют различные факторы: гестационный возраст, способ родоразрешения, способ вскармливания, характер питания, генетика организма-хозяина, окружающая среда и многие другие. В связи с этим бактериальный состав кишечника может меняться по мере взросления человека [1]. Ввиду широкого влияния изученных и неизвестных факторов на видовой состав и количественное представительство микроорганизмов понятие нормального бактериального состава ЖКТ весьма размыто. У жителей различных климатических зон микробиота кишечника различна, поэтому внимание исследователей сосредоточено на сравнении состава микробиоты кишечника людей, проживающих в разных климатических зонах как одной страны, так и разных стран и континентов [2–4].

Изучение вариабельности микробиоты кишечника человека в зависимости от климатогеографических факторов актуально для Российской Федерации, поскольку её территория расположена в четырёх климатических поясах (арктическом, субарктическом, умеренном, субтропическом), и значительная часть представлена регионами Арктики, Крайнего Севера или приравненными к регионам Крайнего Севера областями (более 60% общей территории) [5, 6]. Каждый климатический пояс характеризуется особыми погодными условиями (средняя температура в течение года, количество осадков, длина светового дня и др.), что влияет на жизнь человека через различные факторы: род занятий, здоровье, культура, уровень урбанизации и экология. В настоящее время масштабные исследования микробиоты кишечника условно здоровых жителей различных климатических зон и регионов Российской Федерации немногочисленны [7–9].

Особенности состава микробиоты кишечника жителей различных географических регионов

Известно, что микробиота кишечника у людей значительно различается, однако до конца не выяснено, чем обусловлены эти различия. Бактериальный состав кишечника связан с регионом проживания человека ввиду территориально-изоляционных, климатических, культурных особенностей и пищевых привычек. Так, например, установлено, что в кишечной микробиоте жителей Китая больше представителей рода *Bacteroides*, чем у жителей Европы, что может быть связано с различиями в образе жизни [10]. В исследовании 2012 г. сравнивали кишечную микробиоту людей, живущих в значительно отличающихся социально-экономических, географических и культурных условиях. Образцы фекалий были получены от индейцев гуахибо, проживающих в двух деревнях, расположенных в штате Амазонас в Венесуэле (Платаниллаль и Коромото, находятся на расстоянии 16 км друг от друга), а также от семей, проживающих в четырёх сельских общинах Малави (Чамба, Маквира, Маяка и Мбиза, которые находятся на расстоянии 16–120 км друг от друга). Образ жизни в этих деревнях очень похож, рацион относительно однообразный – преобладает кукуруза. В группу сравнения были включены семьи из крупных городов Сент-Луис, Филадельфия и Боулдер (США). Результаты исследования показали значительные различия в составе кишечной микробиоты людей, живущих в разных странах, причём особенно выраженное раз-

личие отмечалось внутри группы сравнения (среди людей, живущих в разных городах и штатах США) по сравнению с малавийцами и индейцами [2].

Хорошо изучено влияние географического фактора на микробиоту кишечника в европейской популяции. Так, например, анализ фекальной микробиоты младенцев в шести клинических центрах Европы (Финляндия, Швеция и Германия) и США (штаты Колорадо, Вашингтон и Джорджия) выявил значительную связь географического происхождения с обилием и разнообразием различных родов бактерий, в особенности *Bifidobacterium*, *Veillonella*, *Faecalibacterium*, *Streptococcus* и *Akkermansia* в кишечной микробиоте: относительно небольшое разнообразие фекальной микробиоты наблюдалось у младенцев из Финляндии и Колорадо [11]. Эти результаты схожи с более ранними данными о малом разнообразии микробиоты кишечника у младенцев из стран Северной Европы по сравнению с младенцами из Южной и Центральной Европы. Установлено, что на уровень бактериального разнообразия не влияют способ родоразрешения, продолжительность грудного вскармливания и приём антибиотических препаратов. У детей из стран Северной Европы была выявлена более высокая доля бифидобактерий в фекалиях, тогда как более разнообразная микробиота с большим количеством бактероидов была характерна для детей южных стран [12]. Однако стоит учитывать, что в грудном возрасте наблюдается физиологически низкое биоразнообразие (до 90% в микробиоте – филум актинобактерий), обусловленное специфическим характером вскармливания, тем не менее присутствуют и региональные отличия состава микробиоты.

В некоторых кросс-популяционных исследованиях показано влияние географических или этнических различий на состав микробиоты кишечника. Например, научная группа, исследовавшая микробиоту кишечника здоровых японцев, провела сравнительный анализ состава микробиоты кишечника добровольцев из Японии и жителей 11 стран (Дания, Испания, США, Китай, Швеция, Россия, Венесуэла, Малави, Австрия, Франция, Перу) и выявила, что в японской популяции количество представителей филумов *Bacteroidetes* и *Proteobacteria* значительно ниже, чем у жителей других стран. Состав микробиоты японцев характеризовался самой высокой численностью родов *Bifidobacterium*, *Blautia*, *Collinsella*, *Streptococcus* и самой низкой численностью родов *Clostridium* и *Alistipes* в сравнении с микробиотой жителей других стран [13]. В сравнительном анализе микробиоты корейской популяции [14] был охарактеризован микробиом жителей Кореи и участников из Японии, Китая и США. Отмечено, что кишечное микробное сообщество жителей каждой страны (Корея, Япония, Китай и США) состоит из трёх основных филумов бактерий, а именно *Firmicutes*, *Bacteroidetes* и *Actinobacteria*, но численность каждого типа различна для каждой из стран. Так, в составе микробиоты представителей американской популяции обнаружено большее содержание *Firmicutes* по сравнению с другими странами, микробиом японцев характеризовался большей представленностью *Actinobacteria*, а жителей Кореи и Китая – *Bacteroidetes*. Что касается разнообразия на уровне родов, то в микробиоме японцев отмечалась большая численность представителей *Bifidobacterium* и *Clostridium*. У китайской популяции преобладали микроорганизмы рода *Bacteroides*, а меньше всего было представителей рода *Clostridium*. При этом микробиота корейцев характеризовалась относительно более высокой численностью родов *Prevotella* и *Faecalibacterium* по сравнению с жителями других стран [14].

В другой работе [8] проведена оценка структуры микробиоты кишечника жителей России. В результате исследования выявлены различия между кишечными микробными сообществами россиян и жителей США, Дании и Китая. В микробиоте жителей России преобладали представители филумов *Firmicutes* и *Actinobacteria*, специализирующихся на ферментации сложных углеводов.

При исследовании микробиоты кишечника канадцев установлено, что состав варьируется в зависимости от этнического происхождения и образа жизни. Так, у инуитов Нунавика (провинция Канады), придерживающихся традиционной диеты северных народов (сниженное потребление продуктов растительного происхождения и повышенное потребление животного белка и жира), отмечается высокое бактериальное разнообразие микробиоты кишечника в сравнении с группой других национальностей (данные из базы MetagenomicData R), а также наличие уникальных бактериальных таксонов [15]. Отмечено, что микробиота кишечника инуитов Нунавика отличается от микробиоты кишечника других популяций, в том числе инуитов Нунавута [16]. Интересно, что у инуитов Нунавика доминировали бактерии, которые обладали сахаролитическими свойствами и участвовали в производстве КЦЖК, несмотря на приверженность этих людей традиционной диете народов Севера.

В другом исследовании оценивали бактериальное разнообразие кишечника у двух поколений мигрантов, прибывших на работу или учёбу в Канаду (первое поколение – родились в южноазиатских странах и переехали в Канаду, второе поколение – дети переехавших в Канаду граждан южноазиатских стран). Отмечено, что микробиом кишечника мигрантов быстро изменяется на типичный «западный» состав уже в первом поколении из-за смены диеты на высокожирную и обеднённую пищевыми волокнами, отмечены рост филума *Bacteroides* и снижение численности микроорганизмов рода *Prevotella* [17].

Исследование микробиома городских жителей Австралии также продемонстрировало типичный «западный» состав с доминированием филума *Firmicutes* [18], в то время как у младенцев коренных австралийцев из жителей отдалённых регионов страны (северо-восток Арнемленда) микробиом отличается повышенным β-разнообразием, наличием 114 уникальных видов и 38 родов бактерий по сравнению с населением городских районов Нового Южного Уэльса, Виктории, Южной Австралии, Западной Австралии и Квинсленда, несмотря на частичное влияние западных продуктов [19].

В сравнительном исследовании [20] авторы оценили отношение количества представителей филума *Firmicutes* к количеству представителей филума *Bacteroidetes* в зависимости от географической широты, используя данные 1020 здоровых людей – представителей 23 популяций, проживающих в различных странах и населённых пунктах (Малави – четыре населённых пункта, США – пять населённых пунктов, Нидерланды, Великобритания, Италия, Франция, Германия, Венесуэла – по два населённых пункта, Буркина-Фасо, Китай, Дания, Швеция – по одному населенному пункту). Идея данного исследования заключалась в проверке гипотезы о том, что адаптация к холодным климатическим условиям вновь прибывшего населения происходит в том числе за счёт прироста массы тела. Есть исследования, в которых показано, что с увеличением массы тела и ожирением связано изменение относительной численности двух доминирующих филумов бактерий: доля представителей филума *Firmicutes* увеличивается, а доля представителей филума *Bacteroidetes* уменьшается [21]. В данном исследовании установлена положительная корреляция с географической широтой и содержанием филума *Firmicutes*, то есть изменение относительной численности представителей филума *Firmicutes* связано с признаком географической широты, тогда как относительная численность представителей филума *Bacteroidetes* продемонстрировала отрицательную корреляцию с географической широтой. Авторы сообщают, что на обнаруженную закономерность не влияют такие факторы, как пол, возраст или генотип хозяина [20].

Географические и популяционные факторы также могут влиять на связанные с воспалениями кишечника изменениями в микробиоме, о чём свидетельствует более высокое содержание филума *Firmicutes* в фекалиях паци-

ентов с этими патологиями в популяции Европы (Германия и Литва), но не в популяции Южной Азии (Индии), что также демонстрирует связь географического происхождения пациента с изменением состава бактериального сообщества [22].

Резюмируя данные в описанных выше исследованиях, можно сделать вывод о том, что специфика географического региона и культурные особенности влияют на состав микробиоты кишечника людей.

Влияние уровня урбанизации на микробиоту кишечника

Немаловажной географической особенностью, влияющей на состав микробиоты кишечника, является проживание человека в городской или сельской местности, поскольку данное обстоятельство отражает образ жизни и тип питания человека. Переезд из сельской местности в город, изменение социально-бытовых условий часто обусловливают переход к «глобальному» западному типу питания. Результаты оценки состава микробиоты небольших групп африканских детей, проживающих в сельской и городской местности Буркина-Фасо, по сравнению с итальянскими детьми, проживающими в городских районах Флоренции [23], показали, что микробиота сельских детей сохраняет географически уникальный состав микроорганизмов (*Prevotella*, *Treponema* и *Succinivibrio*), участвующих в ферментации пищевых волокон. Независимо от географии и этнической принадлежности у детей, живущих в городских районах, эти роды бактерий оказывались вытеснены бактериями, более приспособленными к метаболизму животных белков, жиров и продуктов, богатых сахаром: наблюдалось прогрессивное снижение КЦЖК у городского населения, особенно у итальянских детей, по сравнению с сельским. Полученные результаты указывают на то, что изменения пищевых привычек в ходе урбанизации играют роль в формировании микробиоты кишечника [23].

В другом исследовании [24] учёные сравнили фекальную микробиоту взрослых из двух неиндустриальных регионов Папуа – Новой Гвинеи (одна из наименее урбанизированных стран в мире) с фекальной микробиотой жителей США. Обнаружено, что фекальная микробиота жителей Папуа – Новой Гвинеи имеет большее разнообразие по сравнению с жителями США, что также связано с пищевым поведением данных групп [24].

Ещё в одной работе [25] изучали различия в составе микробиоты кишечника канадских инуитов, проживающих в Арктической зоне, и микробиоты южных канадцев и других западных народов. Авторы отметили, что у инуитов есть множество кишечных микроорганизмов, которые отсутствуют в микробиоме переехавших в урбанизированные населённые пункты инуитов по причине изменившегося рациона питания последних (переход от традиционной диеты к западной). Также выявлены различия в составе кишечной микробиоты инуитов и европейских народов (например, разная численность и представленность рода *Prevotella*), что может быть обусловлено как генетическими, так и географическими факторами.

Резюмируя вышеизложенное, можно сделать вывод о том, что уровень урбанизации и главным образом особенности типа питания влияют на состав кишечной микробиоты жителей городских и сельских регионов, что говорит о необходимости учитывать данный фактор при оценке микробиома ЖКТ.

Уровень урбанизации влияет на состав и разнообразие микробиоты кишечника жителей региона. Как правило, у жителей городов и значительно урбанизированных регионов преобладают филумы *Firmicutes* и *Bacteroidetes*. Малочисленные коренные народы отличаются уникальным составом микробиома кишечника, что представляет большой научный интерес.

Влияние жаркого климата на кишечную микробиоту

В контексте изучения влияния географического фактора на состав кишечной микробиоты стоит уделить внимание воздействию климатических условий, а именно температуре окружающей среды. Климат России весьма разнообразен, что связано с большой протяжённостью территории. При этом южные регионы страны характеризуются субтропическим климатом, что также может оказаться на разнообразии кишечной микробиоты россиян. Температурный фактор в значительной степени влияет на здоровье человека, особенно это касается пришлого населения, которое до переезда в субтропический климат проживало в регионах с умеренным или арктическим климатом и не успело достаточно адаптироваться к высоким температурам и влажности. У всех живых существ, в том числе у человека, есть зона теплового комфорта, необходимая для поддержания физиологических функций. Однако в условиях, когда повышение температуры выходит за верхний критический температурный диапазон, живые организмы начинают испытывать тепловой стресс [26].

Известно, что колебания температуры оказывают модулирующее действие на различные физиологические показатели, в том числе эндокринные и нейрокринные пути, которые могут участвовать в передаче сигналов от микробиоты кишечника к мозгу человека. Кроме того, тепловой стресс способен активировать иммунный ответ и нарушать гомеостатические отношения между микробиотой и организмом человека, в результате чего кишечник может стать более восприимчивым к инвазивной патогенной инфекции. Исследователи отмечают, что тепловой стресс вызывает повреждение слизистой оболочки кишечника. Механизмы, лежащие в основе пагубного воздействия теплового стресса на барьерную функцию кишечника, детально изучены на разных моделях животных [27]. Воздействие высокой температуры в течение 4–6 ч может оказывать пагубное воздействие на эпителий кишечника. Повышенная проницаемость кишечника имеет неблагоприятные последствия для здоровья, изменения кишечную среду для стимуляции роста патогенных микробных таксонов и позволяя токсинам или патогенам проникать в кровоток [28].

Стоит отметить, что влияние жаркого климата на микробиоту кишечника человека изучено недостаточно. Одно из таких исследований направлено на выявление изменений микробиоты кишечника путешественников в тропических странах. Всего в исследование были включены 92 человека из Финляндии, проживавших в течение 12 дней в небольшой деревне Бенина (государство Западной Африке). Образцы фекалий у участников исследования собирали за 10 дней до поездки и через 3–7 дней после возвращения. Отмечено, что состав микробиоты кишечника путешественников значительно изменяется после пребывания в Бенине, наблюдалось снижение α -разнообразия и увеличение относительной численности *Escherichia/Shigella* (*Enterobacteriaceae*), родов *Haemophilus*, *Bilophila*, *Phascolarctobacterium*, *Bacteroides* и *Veillonella*, а также уменьшение количества представителей семейства *Ruminococcaceae* [30]. Исследователи пришли к выводу о том, что у путешественников из стран с высоким уровнем дохода и умеренным климатом, направляющихся в страну с жарким климатом и более низким доходом, наблюдаются значительные изменения в микробиоте кишечника, характеризующиеся снижением видового разнообразия после поездки.

С другой стороны, в последнее время появляется всё больше научных исследований, посвящённых связи тепловой акклиматизации с микробиотой кишечника. Тепловая акклиматизация приводит к физиологической адаптации, которая может улучшить переносимость жары и снизить физиологическое напряжение организма и риск развития болезней в условиях повышенной температуры окружающей среды. В Китае на 32 условно здоровых добровольцах

изучили влияние различных акклиматационных тренировок и пришли к выводу, что силовые тренировки при крайне высоких температурах (плюс 35 °C) и высокой влажности (75%) приводят к лучшей акклиматизации организма человека. Метагеномный анализ микробиоты кишечника показал, что бактериальный состав у добровольцев значительно изменился после акклиматационных тренировок: доля микроорганизмов родов *Escherichia*, *Shigella* и *Citrobacter* значительно снизилась, тогда как доля родов *Lactobacillus*, *Dorea*, *Blaauwia* и вида *Eubacterium hallii* увеличилась [31].

Полученные данные сходны с результатами другого исследования, проведённого на моделях (крысы). Микробиота кишечника крыс, подвергшихся тепловому воздействию в течение 28 дней, демонстрировала большее α -разнообразие, увеличение количества представителей родов *Lactobacillus* и *Oscillospira* наряду со значительным уменьшением количества представителей рода *Allobaculum* [29].

Обобщая всё вышеизложенное, можно сделать вывод о том, что влияние жаркого климата на микробиоту человека изучено недостаточно. Тепловая нагрузка способна оказывать пагубное влияние на микробиоту кишечника неадаптированного организма человека или животного. Даже непродолжительное пребывание в странах с жарким климатом потенциально оказывает пагубное влияние на состав микробиоты кишечника неадаптированного человека. Однако при правильно подобранной программе акклиматизации организма микробиота кишечника способна достаточно быстро изменяться, что обусловлено её пластичностью.

Влияние проживания в холодных климатических условиях на микробиом ЖКТ

Температурный стресс, вызванный колебаниями температуры окружающей среды, влияет на физиологическую, биохимическую и молекулярную регуляцию процессов в организме. Воздействие на млекопитающих температур ниже термонейтрального порога (плюс 30 °C для мышей и плюс 24 °C для людей) считается холодовым раздражителем [26]. Воздействие холода вызывает изменения в микробиоте кишечника, связанные с метаболическими процессами. Что же касается влияния холодных погодных условий на кишечную микробиоту человека, то, к сожалению, на сегодняшний момент существуют лишь ограниченные данные. Например, известно о выраженных изменениях в составе кишечной микробиоты и метаболитов кишечных бактерий, а также о повышении проницаемости и возникновении воспаления ЖКТ у военнослужащих во время четырёхдневных военных учений в период арктической зимы [31].

Также есть данные, подтверждающие влияние холодового стресса на микробиоту кишечника животных. В эксперименте [32] трансплантировали безмикробным мышам фекальную микробиоту холодаустойчивой породы свиней (Mashen) и холодочувствительной породы свиней (Duroc-Landrace-Yorkshire). После холодового воздействия (температура плюс 4 °C) в течение 21 дня авторы исследовали состояние кишечника мышей и оценили изменения в микробиоте. Результаты показали, что пересаженная микробиота свиней Mashen способствовала стабилизации температуры тела мышей, у которых вес жировой ткани и экспрессия белков термогенина (UCP1), карнитинпальмитоилтрансферазы (Cpt1b) и коактиватора гамма-рецептора, активируемого пролифератором пероксисом (PGC-1 α), были значительно выше ($P < 0,05$), чем в контрольной группе, что указывало на увеличение количества бурой жировой ткани. Изучение фекального микробиома мышей, охарактеризованного методом секвенирования гена 16S rRNA, показало, что трансплантация привела к резким изменениям состава микробиоты, а также к увеличению соотношения филумов *Firmicutes* к *Bacteroidetes*. Кроме того, выявлены отличительные особенности филума *Firmicutes* в микробиоте двух пород свиней. У мышей с подсаженной микробиотой свиней породы Mashen преобладали представители семейств

ства *Clostridiaceae*. У мышей, получивших микробиоту свиней породы Duroc-Landrace-Yorkshire, было значительно больше представителей *Coryobacteriales* ($P < 0,05$). Полученные результаты свидетельствуют о том, что трансплантация фекальной микробиоты свиней может смягчить изменения физиологических и биохимических показателей у мышей, вызванные воздействием холода, путём изменения состава кишечного микробиома и улучшения барьерной функции кишечника.

Недавние данные свидетельствуют о том, что воздействие холода вызывает изменения в микробиоте кишечника мышей, что может способствовать физиологической адаптации хозяина к холоду. У млекопитающих физиологическая адаптация после повторного или хронического воздействия холода выражается в притуплении физиологической реакции на холод, усиленном сохранении тепла и (или) более выраженной термогенной реакции [33]. Также известно об увеличении абсорбционной способности кишечника животных после воздействия холода [34]. Считается, что это способствует увеличению потребления энергии для сохранения повышенной скорости метаболизма, поддерживающего термогенез. Такие механизмы адаптации может частично обеспечивать микробиоту кишечника. В частности, сообщается [35], что микробиота кишечника мышей, подвергшихся воздействию холода в течение 11–31 дней, не демонстрировала изменений в разнообразии сообщества. Тем не менее у этих мышей были выражены изменения относительной численности нескольких таксонов, которые в более ранних научных исследованиях связывали с увеличением массы тела (например, изменение соотношения *Firmicutes/Bacteroidetes* и снижение численности *Akkermansia*). Трансплантация фекальной микробиоты безмикробным мышам от мышей, подвергшихся воздействию холода, увеличивала объём энергии, получаемой из рациона, за счёт увеличения как продукции КЦЖК, так и абсорбционной способности тонкого кишечника, а также способствовала потемнению жировой ткани для поддержания повышенного термогенеза. В другой работе [36] учёные сообщили, что микробиота кишечника мышей, подвергшихся воздействию холода в течение 1–6 дней, продемонстрировала уменьшение разнообразия сообщества, снижение отношения *Firmicutes* и *Bacteroidetes* и снижение относительной численности *Verrucomicrobia* в дополнение к изменению численности нескольких других таксонов. Перенос подвергшегося воздействию холода микробиома стерильным мышам вызвал изменение метаболизма желчных кислот, способствовал усилению термогенеза и защищал от ожирения, вызванного диетой. Несмотря на несоответствия в таксономических эффектах, которые могут быть связаны с различиями в рационе питания и (или) продолжительностью воздействия холода, оба исследования продемонстрировали, что микробиота кишечника способствует адаптации мышей к холоду.

Особенности влияния холодного климата на микробиоту жителей России

В России немаловажна адаптация пришлого населения к экстремальным условиям Арктики и Крайнего Севера. Известно, что в этой географической зоне организм людей, прибывших из более южных регионов, оказывается в среде, характеризующейся суровыми природно-климатическими условиями, что, несомненно, оказывает существенное влияние на функциональную активность организма [37]. Пребывание на Крайнем Севере вызывает у представителей пришлого населения напряжённость адаптивных процессов, повышение уровня заболеваемости и хронизацию болезней, психологическую и социальную неустойчивость, сокращение продолжительности жизни. Особенности адаптации к условиям Крайнего Севера определяются влиянием особых природных и экологических факторов. Суровый климат, особый режим освещённости, уровень загрязнения окружающей среды в местах добычи полезных ископаемых

играют важную роль в адаптационном процессе. Холод в сочетании с сильным ветром – один из главных экологических факторов, требующих адаптации всех систем организма. Основной удар приходится на кровеносную систему и механизм терморегуляции. Особенности кишечной микробиоты жителей Крайнего Севера выявлены в исследовании Ивановой Т.Н. Автор отмечает, что практически у всего населения Сургута есть количественные и качественные отклонения от условной нормы в составе микробиоты. Таких значительных отклонений не было у жителей Перми [38]. Дисбиоз в тяжёлой форме, характеризовавшийся многообразием типов дисбиоза и выделением большого количества атипичной и патогенной флоры, выявлен у 17,5% жителей Сургута, что в 1,5 раза выше аналогичного показателя в Перми, где у населения чаще выявлялись дисбиозы лёгкого течения. При этом типичным было уменьшение удельного веса лактобактерий и появление лактазонегативной кишечной палочки вместо полноценной в ферментативном отношении. Снижение концентрации энтерококков у жителей Сургута регистрировалось в 2,7 раза чаще, чем у жителей Перми. В ряде случаев выделялись гемолитические штаммы лактобактерий. Чаще, чем у жителей других регионов, у сургутян обнаруживались условно патогенные штаммы стафилококков: *S. epidermidis* был выявлен у половины населения, а *S. haemolyticus* – у 100%. В целом у жителей Сургута выделено в 3,2 раза больше возбудителей кишечных инфекций, главным образом за счёт кишечной палочки и нескольких видов сальмонелл.

В работах Я.А. Ахременко и соавт. представлены данные, демонстрирующие существенные изменения микробиоты в виде пониженного содержания бифидо- и лактобактерий на фоне активации роста условно патогенной и патогенной микрофлоры в толстом кишечнике у детей Якутска [39].

В микробиоме жителей Республики Саха отмечено увеличение доли *Methanobrevibacter* и *Christensenella*, которые, как показано ранее, связаны с индексом массы тела, что может говорить о потенциальной роли микробиома кишечника в энергетическом обмене и адаптации к условиям среды [40]. В другом исследовании того же научного коллектива [8] подтверждается отличие состава микробиоты кишечника жителей северных регионов (Якутия) от микробиома жителей центральных регионов России. Микробиота кишечника жителей Якутии отличается от микробиоты жителей канадской Арктики [25], что может быть обусловлено не только климатическими условиями проживания, но и региональными особенностями, а также пищевыми привычками.

Микробиота кишечника коренного населения Арктической зоны сформирована под воздействием традиционного типа питания, образа жизни и климатогеографических особенностей региона. Систематизация исследований кишечной микробиоты северных народов показала, что бактериальное разнообразие у коренных жителей Крайнего Севера отличается как от других групп населения, так и между собой [9, 16]. Следовательно, несмотря на близкие климатические условия, различия в образе жизни и пищевых предпочтениях значительным образом влияют на состав микробиоты кишечника северных народов. Даже короткое пребывание в Арктической зоне России может повлиять на здоровье пришлого населения. Такие изменения физиологического состояния человека связаны с неприспособленностью к суровому климату и рациону питания, что может приводить к дисбиозу кишечника.

Заключение

Микробиота кишечника вносит существенный вклад в полноценное функционирование человеческого организма, обеспечивая эффективное усвоение макро- и микронутриентов пищи, способствуя нормальной работе слизистой оболочки кишечника и участвуя в регуляции воспалительных процессов. На бактериальное разнообразие микробиоты кишечника в значительной мере влияют факторы среды обитания.

Полученные данные говорят о необходимости дальнейшего изучения изменчивости микробного состава кишечника жителей России в зависимости от региона проживания. Такие исследования способствуют поиску новых маркёров, разработке тест-систем и новых подходов к лечению различных болезней. Изучение микробиоты кишечника условно здоровых добровольцев, проживающих в различных климатических зонах и местах с разным уровнем урбанизации, поможет определить показатели нормофлоры и микробного профиля кишечника жителей разных регионов Российской Федерации.

В настоящем исследовании показано, что изучение влияния микробиоты ЖКТ на процессы адаптации человека к различным условиям проживания может стать основой модернизации существующих схем медико-профилактического обеспечения пришлого населения, выявления новых маркёров дезадаптации и благоприятных микробных паттернов для разработки критериев раннего выявления групп риска по дезадаптационным нарушениям среди пришлого населения. Все эти направления важны для профилактики болезней и сохранения здоровья населения, работающего как в регионах с суровым арктическим климатом, так и в условиях тёплого субтропического климата.

Литература

(п.п. 1–4, 7–36, 40 см. References)

5. Карышев М.Ю. Сравнительный социально-экономический анализ районов Крайнего Севера и приравненных к ним местностей и остальной территории Российской Федерации. Учет и статистика. 2025; 22(1): 20–8. https://doi.org/10.54220/1994-0874.2025.71.46.001
6. https://old.bigenc.ru/geography/text/3543266
37. Саликова С.П., Власов А.А., Гриневич В.Б. Адаптация человека к условиям Крайнего Севера: фокус на коррекцию микробно-тканевого комплекса желудочно-кишечного тракта. Экология человека. 2021; 28(2): 4–12. https://doi.org/10.33396/1728-0869-2021-2-4-12
38. Иванова Т.Н. Микробиологические особенности дисбиоза кишечника у жителей Крайнего Севера: Автореф. дисс. ... канд. мед. наук. СПб.; 2008. https://elibrary.ru/ncobmx
39. Ахременко Я.А. Механизмы нарушений колонизационной резистентности у детей в условиях Севера: Автореф. дисс. ... канд. мед. наук. Якутск; 2004. https://elibrary.ru/niczs

References

1. Sarkar A., Yoo J.Y., Valeria Ozorio Dutra S., Morgan K.H., Groer M. The Association between Early-Life Gut Microbiota and Long-Term Health and Diseases. *J. Clin. Med.* 2021; 10(3): 459. https://doi.org/10.3390/jcm10030459
2. Yatsunenko T., Rey F.E., Manary M.J., Trehan I., Dominguez-Bello M.G., Contreras M., et al. Human gut microbiome viewed across age and geography. *Nature*. 2012; 486(7402): 222–7. https://doi.org/10.1038/nature11053
3. Mobeen F., Sharma V., Tulika P. Enterotype variations of the healthy human gut microbiome in different geographical regions. *Bioinformation*. 2018; 14(9): 560–73. https://doi.org/10.6026/97320630014560
4. Lan D., Ji W., Lin B., Chen Y., Huang C., Xiong X., et al. Correlations between gut microbiota community structures of Tibetans and geography. *Sci. Rep.* 2017; 7(1): 16982. https://doi.org/10.1038/s41598-017-17194-4
5. Karyshev M.Yu. Comparative socio-economic analysis of the Far North and equated areas and the rest of the Russian Federation. *Uchet i statistika*. 2025; 22(1): 20–8. https://doi.org/10.54220/1994-0874.2025.71.46.001 (in Russian)
6. https://old.bigenc.ru/geography/text/3543266
7. Tyakht A.V., Alexeev D.G., Popenko A.S., Kostryukova E.S., Govorun V.M. Rural and urban microbiota: To be or not to be? *Gut Microbes*. 2014; 5(3): 351–6. https://doi.org/10.4161/gmic.28685
8. Tyakht A.V., Kostryukova E.S., Popenko A.S., Belenikin M.S., Pavlenko A.V., Larin A.K., et al. Human gut microbiota community structures in urban and rural populations in Russia. *Nat. Commun.* 2013; 4: 2469. https://doi.org/10.1038/ncomms3469
9. Nekrasova A.I., Kalashnikova I.G., Korobeynikova A.V., Ashniev G.A., Bobrova M.M., Bakoev S.Y., et al. Characteristics of the gut microbiota composition of the Arctic Zone residents in the Far Eastern region. *Biomedicines*. 2024; 12(11): 2472. https://doi.org/10.3390/biomedicines12112472
10. Karlsson F.H., Nookaew I., Nielsen J. Metagenomic data utilization and analysis (MEDUSA) and construction of a global gut microbial gene catalogue. *PLoS Comput. Biol.* 2014; 10(7): e1003706. https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1003706
11. Kempainen K.M., Ardissonne A.N., Davis-Richardson A.G., Fagen J.R., Gano K.A., León-Novelo L.G., et al. Early childhood gut microbiomes show strong geographic differences among subjects at high risk for type 1 diabetes. *Diabetes Care*. 2015; 38(2): 329–32. https://doi.org/10.2337/dc14-0850
12. Fallani M., Young D., Scott J., Norin E., Amarri S., Adam R., et al. Intestinal microbiota of 6-week-old infants across Europe: geographic influence beyond delivery mode, breast-feeding, and antibiotics. *J. Pediatr. Gastroenterol. Nutr.* 2010; 51(1): 77–84. https://doi.org/10.1097/MPG.0b013e3181d1b11e
13. Nishijima S., Suda W., Oshima K., Kim S.W., Hirose Y., Morita H., et al. The gut microbiome of healthy Japanese and its microbial and functional uniqueness. *DNA Res.* 2016; 23(2): 125–33. https://doi.org/10.1093/dnares/dsw002
14. Nam Y.D., Jung M.J., Roh S.W., Kim M.S., Bae J.W. Comparative analysis of Korean human gut microbiota by barcoded pyrosequencing. *PLoS One*. 2011; 6(7): e22109. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0022109
15. Abed J.Y., Godon T., Mehdaoui F., Plante P.L., Boissinot M., Bergeron M.G., et al. Gut metagenome profile of the Nunavik Inuit youth is distinct from industrial and non-industrial counterparts. *Commun. Biol.* 2022; 5(1): 1415. https://doi.org/10.1038/s42003-022-04372-y
16. Dubois G., Girard C., Lapointe F.J., Shapiro B.J. The Inuit gut microbiome is dynamic over time and shaped by traditional foods. *Microbiome*. 2017; 5(1): 151. https://doi.org/10.1186/s40168-017-0370-7
17. Copeland J.K., Chao G., Vanderhout S., Acton E., Wang P.W., Benchimol E.I., et al. The impact of migration on the gut metagenome of South Asian Canadians. *Gut Microbes*. 2021; 13(1): 1–29. https://doi.org/10.1080/19490976.2021.1902705
18. Mobegi F.M., Leong L.E., Thompson F., Taylor S.M., Harriss L.R., Choo J.M., et al. Intestinal microbiology shapes population health impacts of diet and lifestyle risk exposures in Torres Strait Islander communities. *Elife*. 2020; 9: e58407. https://doi.org/10.7554/elife.58407
19. Harrison L.C., Allnutt T.R., Hanieh S., Roth-Schulze A.J., Ngui K.M., Stone N.L., et al. Indigenous infants in remote Australia retain an ancestral gut microbiome despite encroaching Westernization. *Nat. Commun.* 2025; 16(1): 9904. https://doi.org/10.1038/s41467-025-65758-0
20. Suzuki T.A., Worobey M. Geographical variation of human gut microbial composition. *Biol. Lett.* 2014; 10(2): 20131037. https://doi.org/10.1098/rsbl.2013.1037
21. Ley R.E., Bäckhed F., Turnbaugh P., Lozupone C.A., Knight R.D., Gordon J.I. Obesity alters gut microbial ecology. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 2005; 102(31): 11070–5. https://doi.org/10.1073/pnas.0504978102
22. Rehman A., Rausch P., Wang J., Skieciwicene J., Kiudelis G., Bhagalia K., et al. Geographical patterns of the standing and active human gut microbiome in health and IBD. *Gut*. 2016; 65(2): 238–48. https://doi.org/10.1136/gutjnl-2014-308341
23. De Filippo C., Di Paola M., Ramazzotti M., Albanese D., Pieraccini G., Banci E., et al. Diet, environments, and gut microbiota. A preliminary investigation in children living in rural and urban Burkina Faso and Italy. *Front. Microbiol.* 2017; 8: 1979. https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01979
24. Martinez I., Stegen J.C., Maldonado-Gómez M.X., Eren A.M., Siba P.M., Greenhill A.R., et al. The gut microbiota of rural Papua New Guineans: composition, diversity patterns, and ecological processes. *Cell Rep.* 2015; 11(4): 527–38. https://doi.org/10.1016/j.celrep.2015.03.049
25. Girard C., Tomas N., Amyot M., Shapiro B.J. Gut microbiome of the Canadian Arctic inuit. *mSphere*. 2017; 2(1): e00297–16. https://doi.org/10.1128/mSphere.00297-16
26. Messmer M.N., Kokolus K.M., Eng J.W., Abrams S.I., Repasky E.A. Mild cold-stress depresses immune responses: Implications for cancer models involving laboratory mice. *Bioessays*. 2014; 36(9): 884–91. https://doi.org/10.1002/bies.201400066
27. Wen C., Wei S., Zong X., Wang Y., Jin M. Microbiota-gut-brain axis and nutritional strategy under heat stress. *Anim. Nutr.* 2021; 7(4): 1329–36. https://doi.org/10.1016/j.aninu.2021.09.008
28. Aleman R.S., Moncada M., Aryana K.J. Leaky gut and the ingredients that help treat it: a review. *Molecules*. 2023; 28(2): 619. https://doi.org/10.3390/molecules28020619
29. Cao Y., Liu Y., Dong Q., Wang T., Niu C. Alterations in the gut microbiome and metabolic profile in rats acclimated to high environmental temperature. *Microb. Biotechnol.* 2022; 15(1): 276–88. https://doi.org/10.1111/1751-7915.13772
30. Mlangeni T., Jian C., Häkkinen H.K., de Vos W.M., Salonen A., Kantele A. Travel to the tropics: Impact on gut microbiota. *Travel Med. Infect. Dis.* 2025; 66: 102869. https://doi.org/10.1016/j.tmaid.2025.102869
31. Karl J.P., Margolis L.M., Madslien E.H., Murphy N.E., Castellani J.W., Gundersen Y., et al. Changes in intestinal microbiota composition and metabolism coincide with increased intestinal permeability in young adults under prolonged physiological stress. *Am. J. Physiol. Gastrointest. Liver Physiol.* 2017; 312(6): G559–71. https://doi.org/10.1152/ajpgi.00066.2017
32. Liu T., Guo Y., Lu C., Cai C., Gao P., Cao G., et al. Effect of different pig fecal microbiota transplantation on mice intestinal function and microbiota changes during cold exposure. *Front. Vet. Sci.* 2022; 9: 805815. https://doi.org/10.3389/fvets.2022.805815
33. Castellani J.W., Young A.J. Human physiological responses to cold exposure: Acute responses and acclimatization to prolonged exposure. *Auton. Neurosci.* 2016; 196: 63–74. https://doi.org/10.1016/j.autneu.2016.02.009

34. Toloza E.M., Lam M., Diamond J. Nutrient extraction by cold-exposed mice: a test of digestive safety margins. *Am. J. Physiol.* 1991; 261(4 Pt. 1): G608–20. <https://doi.org/10.1152/ajpgi.1991.261.4.G608>
35. Chevalier C., Stojanović O., Colin D.J., Suarez-Zamorano N., Tarallo V., Veyrat-Durebex C., et al. Gut microbiota orchestrates energy homeostasis during cold. *Cell.* 2015; 163(6): 1360–74. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2015.11.004>
36. Ziętak M., Kovatcheva-Datchary P., Markiewicz L.H., Ståhlman M., Kozak L.P., Bäckhed F. Altered microbiota contributes to reduced diet-induced obesity upon cold exposure. *Cell Metab.* 2016; 23(6): 1216–23. <https://doi.org/10.1016/j.cmet.2016.05.001>
37. Salikova S.P., Vlasov A.A., Grinevich V.B. Human adaptation to the conditions of the far north: emphasis on the correction of the microbial-tissue complex of the gastrointestinal tract. *Ekologiya cheloveka.* 2021; 28(2): 4–12. <https://doi.org/10.33396/1728-0869-2021-2-4-12> (in Russian)
38. Ivanova T.N. *Microbiological features of intestinal dysbiosis in residents of the Far North:* Diss. St. Petersburg; 2008. <https://elibrary.ru/nqobmx> (in Russian)
39. Akhremenko Ya.A. *Mechanisms of Violations of colonization resistance in children in the conditions of the North:* Diss. Yakutsk; 2004. <https://elibrary.ru/nicczsn> (in Russian)
40. Kuznetsova V., Tyakht A., Akhmadishina L., Odintsova V., Klimenko N., Kostryukova E., et al. Gut microbiome signature of Viliuisk encephalomyelitis in Yakuts includes an increase in microbes linked to lean body mass and eating behaviour. *Orphanet J. Rare Dis.* 2020; 15(1): 327. <https://doi.org/10.1186/s13023-020-01612-4>

Сведения об авторах

Некрасова Александра Игоревна, вед. аналитик категории отд. медицинской геномики ФГБУ «ЦСП» ФМБА России, Москва, Россия. E-mail: Akinshina@cspfmba.ru
Калашникова Ирина Григорьевна, аналитик 2-й категории отд. медицинской геномики ФГБУ «ЦСП» ФМБА России, Москва, Россия. E-mail: IGKalashnikova@cspfmba.ru
Макаров Валентин Владимирович, канд. биол. наук, зам. директора по научно-экспериментальной работе ФГБУ ЦСП ФМБА России, Москва, Россия. E-mail: Makarov@cspfmba.ru

Жернов Юрий Владимирович, доктор мед. наук, доцент, директор НИИ экологии человека и гигиены окружающей среды им. А.Н. Сысина ФГБУ ЦСП ФМБА России, Москва, Россия. E-mail: YZhernov@cspfmba.ru

Information about the authors

Alexandra I. Nekrasova, a leading category analyst, Department of medical genomics of the Centre for Strategic Planning of the Federal medical and biological agency, Moscow, 119121, Russian Federation, <https://orcid.org/0000-0002-7951-2003> E-mail: Akinshina@cspfmba.ru

Irina G. Kalashnikova, a category 2 analyst, Department of medical genomics of the Centre for Strategic Planning of the Federal medical and biological agency, Moscow, 119121, Russian Federation, <https://orcid.org/0009-0003-8764-3286> E-mail: IGKalashnikova@cspfmba.ru

Valentin V. Makarov, PhD (Biology), deputy director for scientific and experimental work, Centre for Strategic Planning of the Federal medical and biological agency, Moscow, 119121, Russian Federation, <https://orcid.org/0000-0001-9495-0266> E-mail: Makarov@cspfmba.ru

Yuri V. Zhernov, DSc (Medicine), associate professor, director, Moscow, 119121, Russian Federation, <https://orcid.org/0000-0001-8734-5527> E-mail: YZhernov@cspfmba.ru