

Wpływ antybiotyków większy niż sędzono

13 lutego 2015

Antybiotyki mają o wiele szerszy i bardziej złożony wpływ na mikroflorę jelit niż dotąd sędzono.

Obecnie naukowcy podejrzewają, że zażywanie antybiotyków, a zwłaszcza ich nadużywanie, może mieć wpływ praktycznie na wszystko: od układu odpornościowego, przez wchłanianie substancji odżywczych, po otyłość, stres i zachowanie.

W ramach najnowszego studium zespół z Uniwersytetu Stanowego Oregonu wykorzystał koktajl 4 często podawanych zwierzętom laboratoryjnym antybiotyków.

„Wcześniej większość ludzi myślała, że antybiotyki przetrzebiamy mikroflorę jelit i pogarszają parę zachodzących tu ważnych funkcji immunologicznych. W rzeczywistości to jednak tylko ok. 1/3 całościowej sytuacji. Terapia zabija [bowiem] również nabłonek przewodu pokarmowego. To bardzo istotne, bo odpowiada on za wchłanianie składników odżywczych, stanowi część układu odpornościowego i pełni inne funkcje biologiczne [...]” – opowiada prof. Andrey Morgun.

Amerykanie zauważyli także, że antybiotyki i antybiotykooporne bakterie wywołują znaczące zmiany w działaniu mitochondriów. Co ważne, zmiany te mogą prowadzić do dalszego obumierania komórek nabłonka.

Autorzy publikacji z pisma Gut podkreślają, że związek antybiotyków i mitochondriów jest bardzo stary. Obecnie uznaje się, że mitochondria pochodzą od organizmów endosymbiotycznych podobnych do dzisiejszych bakterii. Z tego powodu antybiotyki mogą nadal wybiórczo atakować część komórki, która najbardziej przypomina bakterie (to nawiązanie do współzawodnictwa pierwszych form życia).

Morgun i dr Natalia Shulzhenko odkryli także, że antybiotykoterapia wpływa na gen krytyczny dla komunikacji między gospodarzem a bakteriami. „Kiedy system komunikacji zostanie wybity ze stanu równowagi, uruchamia się ciąg pozornie niezwiązanych ze sobą zdarzeń.” W pobliżu szczytu listy plasują się zaburzenia trawienne (z których warto przypomnieć m.in. biegunkę czy wrzodziejące zapalenie jelita grubego), najnowsze doniesienia wskazują jednak także na powiązania z otyłością, wchłanianiem pokarmu, depresją, działaniem układu odpornościowego, sepsą, alergią i astmą.

Zespół z Uniwersytetu Stanowego Oregonu stworzył nowe podejście bioinformatyczne do analizy mikrobiomu: badanie sieci między królestwami (ang. transkingdom network interrogation, TNI). W ten sposób można identyfikować konkretne bakterie i bakteryjne geny, które wpływają na fenotyp leczonego antybiotykami gospodarza. Naukowcy mają nadzieję, że TNI wspomogłoby poszukiwania probiotyków łagodzących stosowanie antybiotyków i ostatecznie doprowadzi do opracowania systemów diagnozujących indywidualny mikrobiom.

Generalnie większość wywołanych antybiotykami zmian w przewodzie pokarmowym można wyjaśnić 3 czynnikami: 1) przetrzebieniem mikroflory, 2) bezpośrednim wpływem antybiotyku na tkanki gospodarza i 3) działaniem utrzymujących się przy życiu lekoopornych bakterii. Spadek liczebności prawidłowej mikroflory prowadzi przede wszystkim do upośledzenia funkcji immunologicznych, zaś pozostałe dwa czynniki skutkują inhibicją ekspresji genów mitochondriów, a także spadkiem liczby aktywnych mitochondriów, przez co nasila się obumieranie komórek nabłonka jelit. TNI wykazała, że dla toksycznych skutków ważna jest rola pośrednicząca, odgrywana przez zjadliwość/quorum sensing antybiotykoopornych bakterii.

Autorstwo: Anna Błońska

Na podstawie: Science Daily

Źródło: [Kopalnia Wiedzy](#)