



## Uzun Süreli Diyet Alışkanlıklarının Bağırsak Mikrobiyota Çeşitliliği Üzerine Etkisi

**Merve Çapaş<sup>1</sup>, Aycan Gündoğdu<sup>4</sup>, Ö. Ufuk Nalbantoğlu<sup>5</sup>, Mehmet Hora<sup>3</sup>, Zafer Yasir Yılmaz<sup>2</sup>,**

<sup>1</sup>*Sağlık Bilimleri Fakültesi, Erciyes Üniversitesi, Kayseri, Türkiye*

<sup>2</sup>*Enbiosis Biosciences, İstanbul, , Türkiye*

<sup>3</sup>*Genom Ve Kök Hücre Merkezi, Erciyes Üniversitesi, Kayseri, Türkiye*

<sup>4</sup>*Tıbbi Mikrobiyoloji Anabilim Dalı, Erciyes Üniversitesi, Kayseri, Türkiye*

<sup>5</sup>*Bilgisayar Mühendisliği Bölümü, Erciyes Üniversitesi, Kayseri, Türkiye*

**Amaç :** Diyet alışkanlıkları ve beslenme düzeni mikrobiyomu yönlendiren faktörlerin başında gelmektedir. Farklı beslenme şekillerinin mikrobiyomu ne şekilde modüle ettiğinin anlaşılması için büyük kohortlar üzerinde çalışmaların yürütülmesi ve kısa süreli intervasyonların ötesinde uzun dönemli beslenme müdahaleleri üzerinden değerlendirmenin yapılması gerekmektedir. Bu sebeple bu çalışmada mikrobiyota çeşitliliği verisine açık olarak ulaşılabilen en geniş veri setlerinden biri olan Amerikan Bağırsak Projesi ile Türkiye'den toplanan bir grup örneğe ait meta-veriler incelenmiş ve farklı beslenme biçimlerinin bağırsak mikrobiyotası çeşitliliği üzerindeki etkilerinin araştırılması amaçlanmıştır.

**Yöntem :** Çalışma kapsamında, beslenme alışkanlıkları meta-veri olarak toplanmış olan ve 16S rRNA bağırsak dizileri üretilmiş olan yaklaşık 16000 Türkiye dışı (Amerikan Bağırsak Projesi kapsamında) ve ekibimiz tarafından datası üretilmiş 500 Türkiye'de yaşayan kişiye ait veri elde edilmiştir. 16S rRNA analizleri için QIIME (Quantitative Insights Into Microbial Ecology) ile her bir örneğe ait cins seviyesinde bağırsak biyoçeşitlilikleri oluşturulmuş ve ilgili alt gruplara (örn. hepobur, vejeteryan, vegan, çığ besin diyeti, düşük FODMAP (Fermente Oligo-sakkarit, Disakkarit, Mono-sakkarit ve Polyoller) diyeti, paleo diyet, düşük tahıllı-işlenmemiş gıda diyeti izleyen bireylerden oluşan gruplar) eşlenmiştir. Gruplar arası Shannon çeşitliliği üzerinden hesaplanan alfa-biyoçeşitlilik ve taksonomik ünitelerin farklılıkları Mann-Whitney U-testi kullanılarak karşılaştırılmıştır.

**Bulgular :** Analiz sonucunda hepoburlar, rafine şeker tüketmeyenler, işlenmemiş gıda tüketenlerin istatistiki olarak anlamlı bir şekilde daha çeşitli bağırsak mikrobiyotasına sahip oldukları görülmüştür. Öte yandan bu gruplara kıyasla vejeteryan, vegan, çığ gıda tüketicileri, süt ürünleri tüketmeyenler ve tahıl tüketmeyen gruplarda bağırsak mikrobiyotası çeşitliliğinin daha düşük olduğu görülmüştür. Hepobur, vejeteryan, vegan, paleo diyet izleyen, rafine şeker tüketmeyen, süt ürünleri tüketmeyen, işlenmiş gıda tüketmeyen grupların her birinde spesifik bakteri gruplarının istatistiki olarak anlamlı bir şekilde farklı miktarlarda bulunduğu görülmüştür. Geri kalan spesifik diyet gruplarında ise ortalamaya göre önemli farklılıklar kaydedilmemiştir. Amerikan Bağırsak Projesi verisinde elde edilen sonuçların Türkiye'den elde edilen 500 kişilik bir grup içerisinde trend olarak tekrarlandığı gözlenmiştir.



# 4. ÇUKUROVA GASTRO - İNTESTİNAL CERRAHİ HASTALIKLARI

Mide Hastalıkları  
Kolon ve Rektum Hastalıkları  
Proktolojik Hastalıklar  
Gastro - İntestinal Cerrahide Klinik Nutrisyon

*Kongresi*

28 ŞUBAT - 1 MART 2020

HILTONSA OTEL - ADANA

**Sonuç :** Bu çalışmada elde edilen sonuçlar hayvansal ürün ve tahıllardan kaçınmanın bağırsak mikrobiyotası çeşitlilik spektrumunda darlaşmaya sebebiyet verebileceğini öne sürmektedir. Çeşitlilik artışı ve bilinen yararlı bakterilerin artışının ise düşük rafine şeker ve işlenmiş gıda tüketimiyle ilişkili olduğu görülürken hepobur beslenmenin bağırsak mikrobiyotasını çeşitliliğini destekler nitelikte olduğu gözlenmiştir.

**Anahtar Kelimeler:** diyetetik mikrobiyota modülasyonu, mikrobiyota çeşitliliği, diyet