Problemy:

- wyjście w modelu adipocytów?

- elementy modelu adipocytów?

Podstawowy model:

<https://drive.google.com/file/d/1bB-U0mdxsFyBq5zUXae_m845GfBr7FDL/view?usp=sharing>

Uproszczony model:

<https://drive.google.com/file/d/1xF8Lvy5nE-ya1K05valZR-HL6DCzwx1i/view?usp=sharing>

**Opis uproszczonego grafu:**

1. Model mikrobiomu:

Wejście:

**parametr1:** proporcja składników odżywczych (tłuszcz, białko, węglowodany, błonnik, cukry) jako wektor wartości sumujący się do 1

**parametr2:** początkowy zestaw bakterii w mikrobiomie (np. zdrowy/zaburzony) jako wektor wartości sumujący się do 1

Elementy:

* Czynnik różnorodności gatunkowej mikrobiomu
* (food intake)

Wyjście:

**parametr1:** poziom krótkołańcuchowych kwasów tłuszczowych (SCFA’s)

**parametr2:** poziom lipopolisacharydów (LPS)

Lista interakcji:

* Dieta -> bakterie w mikrobiomie

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Substancja odżywcza | Zwiększa | Zmniejsza |
| Tłuszcz (głównie nasycone kwasy tłuszczowe) | Firmicutes (Clostridia),  Proteobacteria,  *[Firmicutes-to-Bacteriodetes ratio]* | Bacteroidetes, Actinobacteria (Bifidobacterium), Verrucomicrobia (Akk. spp.) |
| Białko | Firmicutes (Clostridia),  Bacteroidetes (Bacteroides, Prevotella),  Actinobacteria (Bifidobacterium, Propionobacterium),  Verrucomicrobia (Akk. spp.) |  |
| Węglowodany | Firmicutes (Roseburia,Clostridia),  Bacteroidetes (Prevotella),  Verrucomicrobia (Akk. spp.) | Bacteroidetes (Bacteroides),  Actinobacteria (Bifidobacterium),  Proteobacteria (Enterobacteraceae) |
| Cukier | Firmicutes (Clostridium),  [Firmicutes-to-Bacteriodetes ratio] | Bacteroidetes |
| Błonnik | Firmicutes (Lactobacillus, Roseburia),  Actinobacteria (Bifidobacterium) |  |

* Bakterie w mikrobiomie -> SCFA’s i LPS

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  | Zwiększa | Zmniejsza |
| SCFA | *Firmicutes (Clostridia, Lactobacillus),*  *Bacteroidetes (Bacteroides),*  *Actinobacteria (Bifidobacterium),*  *Proteobacteria (Eubacterium),*  *Verrucomicrobia (Akk. spp.)* |  |
| LPS | *Bacteroidetes (Bacteroides),*  *Proteobacteria* | Actinobacteria (Bifidobacterium),  Verrucomicrobia (Akk. spp.) |

* Wpływ na różnorodność gatunkową:
* Przewyższająca zawartość jednego ze składników zmniejsza różnorodność gatunkową w mikrobiomie
* Przewyższające spożycie kaloryczne zmniejsza różnorodność
* Mniejsza różnorodność indukuje większy poziom LPS’ów i większy stan zapalny

1. Model adipocytów

Wejście:

**parametr1:** poziom krótkołańcuchowych kwasów tłuszczowych (SCFA)

**parametr2:** poziom lipopolisacharydów (LPS)

Elementy:

* Stan zapalny
* Adiposity, akumulacja tłuszczu i wzrost wagi -> (Otyłóść)

Wyjście:

**parametr1:** poziom leptyny i adiponektyny

**(parametr2:** poziom homeostazy energetycznej)

Lista interakcji:

* Poziom leptyny zwiększa się proporcjonalnie do +adiposity
* Poziom adiponektyny zmniejsza się proporcjonalnie do + adiposity
* +Adiposity zwiększa stan zapalny
* +Stan zapalny osłabia wpływa negatywnie na homeostazę energetyczną
* +Stan zapalny wpływa negatywnie na leptynę (osłabia jej wrażliwość)
* +Stan zapalny oraz +adiposity prowadzą do otyłości
* +Adiponektyna zmniejsza stan zapalny

1. Interakcje pomiędzy modelem A oraz B:

* +SCFA poprawiają homeostazę energetyczną
* +SCFA indukują większy poziom leptyny
* +SCFA zmniejsza adiposity
* +SCFA zmniejsza stan zapalny
* +LPS zwiększa adiposity
* +LPS zwiększa stan zapalny
* +LPS wpływa negatywnie na sygnalizację leptynową