

ИССЛЕДОВАНИЕ КИШЕЧНОГО МИКРОБИОМА У ЛЮДЕЙ С СИНДРОМОМ РАЗДРАЖЕННОГО КИШЕЧНИКА

М.В. Грязнова, И.Ю. Буракова, Ю.Д. Смирнова, М.Ю. Сыромятников, В.Н. Попов

ФГБОУ ВО «Воронежский государственный университет инженерных технологий», Воронеж, Россия

Синдром раздраженного кишечника (СРК) является распространенным функциональным расстройством желудочно-кишечного тракта ЖКТ, и в настоящее время ясно, что эта патология связана с активацией иммунитета и изменением состава и функций кишечной микробиоты и барьера слизистой оболочки кишечника [1]. Согласно исследованиям, количество населения во всем мире, страдающее СРК, колеблется от 9 % до 23 %, при этом патофизиология этого заболевания до конца не изучена [2]. Использование кишечных биомаркеров в клинической практике может иметь решающее значение для точной диагностики СРК [3].

Целью исследования является изучение микробиологического состава кишечника больных СРК с помощью секвенирования гена *16S rRNA* на платформе Ion Torrent Personal Genome Machine (PGM). Эта работа способствует лучшему пониманию клинических особенностей и функциональных микробиомных изменений при СРК.

Материалы и методы

Материалом для исследования служили образцы кала, полученные от пациентов с диагнозом СРК и здоровой группы. Для изучения микробиомного состава с помощью секвенирования на платформе Ion Torrent PGM был выбран гипервариабельный участок V3 гена *16S rRNA*.

Биоинформационную обработку и филогенетический анализ полученных данных проводили с помощью языка программирования R в среде R-studio. Таксономию определяли с помощью базы данных SILVA. Для выявления микробиомных отличий между экспериментальными группами мы использовали тест Вальда, Р-значения получены с помощью коррекции Бенджамини-Хохберга.

Результаты и их обсуждение

Были выявлены достоверные различия между группами здоровых и больных СРК в составе бактериального микробиома. В группе с СРК мы наблюдали увеличение таких родов, как *Streptococcus* и *Haemophilus*, которые в основном представлены условно-патогенными микроорганизмами. В то же время мы обнаружили снижение количества SCFA-продуцирующих бактерий, таких как группа *Ruminococcaceae NK4A214*, *Butyrivibrio* и *Coprobacter* в группе пациентов с СРК.

Наши результаты показывают, что состав микробиома кишечника значительно меняется у людей с СРК и способствуют пониманию развития СРК-Д с точки зрения этих изменений. Это может привести к разработке новых стратегий профилактической диагностики и лечения этого заболевания в будущем.

Литература

1. Raskov, H., Burchard, J., Pommergaard, H.C. & Rosenberg, J. Irritable bowel syndrome, the microbiota and the gut-brain axis. *Gut Microbes* 7, 365–383 (2016).
2. Saha, L. Irritable bowel syndrome: pathogenesis, diagnosis, treatment, and evidence-based medicine. *World J Gastroenterol* 20, 6759–6773 (2014).
3. Radovanovic-Dinic, B., Tesic-Rajkovic, S., Grgov, S., Petrovic, G. & Zivkovic, V. Irritable bowel syndrome – from etiopathogenesis to therapy. *Biomed Pap Med Fac Univ Palacky Olomouc Czech Repub* 162, 1–9 (2018).