

УДК 640

БАКТЕРИАЛЬНЫЙ СОСТАВ КИШЕЧНИКА У ПАЦИЕНТОВ С ЯЗВЕННЫМ КОЛИТОМ**Ю.Д. Смирнова, И.Ю. Буракова, М.В. Грязнова, М.Ю. Сыромятников, В.Н. Попов***Воронежский государственный университет инженерных технологий, Воронеж, Россия*

Язвенный колит (ЯК) – воспалительное заболевание, которое поражает толстую и прямую кишку [1]. В последнее время появились данные о влиянии микробиома на развитие этого заболевания [2, 3]. Комплексных исследований причин язвенного колита в России нет, также, как и данных о микробиологическом составе кишечника больных.

Целью данной работы явилось изучение микробиологического состава кишечника больных язвенным колитом в центрально-европейской части России.

Материалы и методы

Образцы были собраны в клинике «Олимп здоровья» (Воронеж, Россия). ДНК выделяли из собранных образцов фекалий с помощью набора ZymoBIOMICS DNA Microprep Kit. Далее проводилось секвенирование фрагментов гена 16s рРНК на платформе Ion Torrent PGM. Результаты секвенирования анализировались с помощью языка программирования R. Для сравнения относительной численности между различными экспериментальными группами, использовался метод обобщенного линейного моделирования (GLM), реализованный в пакете DeSEQ2 R. Значения R для каждой OTU были получены с помощью теста Вальда.

Результаты и обсуждение

По результатам исследования были выявлены статистически значимые изменения родовых и видовых таксонов у больных ЯК по сравнению с контрольной группой. Наблюдалось значительное увеличение бактериальных родов: *Haemophilus*, *Olsenella*, *Prevotella*, *Cedecea*, *Peptostreptococcus*, *Faecalibacterium*, *Lachnospira*, *Negativibacillus*, *Butyrivibrio* и видов: *Bacteroides coprocola*, *Phascolarctobacterium succinatutens*, *Dialister succinatiphilus*, *Sutterella wadsworthensis*, *Faecalibacterium prausnitzii*. В то же время произошло значительное сокращение родов: *Fusicatenibacter*, *Butyricimonas*, *Lactococcus*, *Eisenbergiella*, *Coprobacter*, *Cutibacterium*, *Falsochrobactrum*, *Brevundimonas*, *Yersinia*, *Leuconostoc* и у видов *Fusicatenibacter saccharivorans*.

Эти результаты согласуются с имеющимися литературными данными. Кроме того, мы обнаружили несколько таксонов, таких как *Negativibacillus* и *Falsochrobactrum*, которые ранее не обнаруживались в образцах фекалий человека. Численность представителей родов *Faecalibacterium* и *Faecalibacterium prausnitzii* уменьшалась при ЯК по многим опубликованным данным, но мы получили противоположные результаты. Пока мы не до конца понимаем природу этих расхождений, возможно, это связано с популяционными особенностями изучаемой выборки. Для понимания роли изменений состава кишечного микробиома в развитии ЯК необходимы дополнительные исследования. Однако, в целом наши данные свидетельствуют о том, что следует уделять больше внимания изучению микробиоты кишечника. Необходимо также учитывать национальность больного, так как картина микробиома может отличаться у больных с ЯК по отношению к здоровым людям той же национальности. Кроме того, полученные данные показывают, какие таксономические группы бактерий могут быть ответственны за появление язвенного колита.

Литература

1. Silverberg M.S. et al. Toward an integrated clinical, molecular and serological classification of inflammatory bowel disease: report of a Working Party of the 2005 Montreal World Congress of Gastroenterology. *Can. J. Gastroenterol.* 2005; 19:5A-36A.
2. Bajer L., Kverka M., Kostovcik M., Macinga P., Dvorak J., Stehlikova Z., Brezina J., Wohl P., Spicak J., Drastich P. Distinct gut microbiota profiles in patients with primary sclerosing cholangitis and ulcerative colitis. *World J. Gastroenterol.* 2017
3. Manichanh C. et al. The gut microbiota in IBD. *Nat. Rev. Gastroenterol. Hepatol.* 2012; 9:599–608.