



ФОНД СОДЕЙСТВИЯ
ИННОВАЦИЯМ

ДИНАМИКА ТАКСОНОМИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ БАКТЕРИАЛЬНОГО СООБЩЕСТВА ТОЛСТОЙ КИШКИ У ПАЦИЕНТОВ С ЯЗВЕННЫМ КОЛИТОМ В РАЗЛИЧНЫЕ ФАЗЫ ТЕЧЕНИЯ ЗАБОЛЕВАНИЯ

Зубова Анна Дмитриевна

Научный руководитель: д.м.н., проф. Тарасова Г. Н.

**ФГБОУ ВО Ростовский государственный медицинский университет Минздрава
России, г. Ростов-на-Дону**

**VIII Всероссийский научно-практический конгресс с международным
участием**

«Мультидисциплинарный подход в гастроэнтерологии»

6-7 сентября 2024 г, г. Санкт-Петербург

ЦЕЛЬ ИССЛЕДОВАНИЯ. ПАЦИЕНТЫ, МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Цель исследования: определение и анализ таксономического состава микробиоты толстой кишки у больных с язвенным колитом (ЯК) в разные фазы течения заболевания.

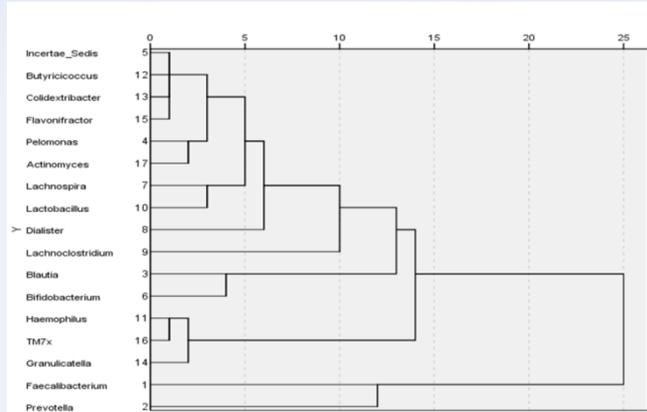
В исследование был включен **21 пациент** (13 мужчин и 8 женщин, средний возраст $33,6 \pm 6,1$ года) **в фазе рецидива ЯК** – левосторонний ЯК с легкой и умеренной степенью активности (шкала Truelov-Witts, индекс Mayo); и **20 пациентов** (10 мужчин и 10 женщин, средний возраст $40,4 \pm 9,4$ года) **в фазе клинико-эндоскопической ремиссии.**

Микробиота толстой кишки оценивалась NGS-секвенированием структуры бактериального гена 16S рибосомальной РНК с использованием платформы IlluminaMiSeq.

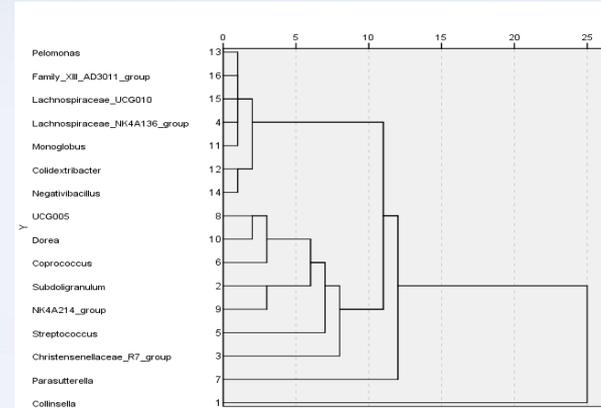
Статистический анализ, после проверки распределения на нормальность, проводился с помощью непараметрического критерия Манна-Уитни, представлен медианой и квартилями.

РЕЗУЛЬТАТЫ

Дендрограммы кластеризации наиболее часто встречающихся родов микроорганизмов



Группа рецидива ЯК

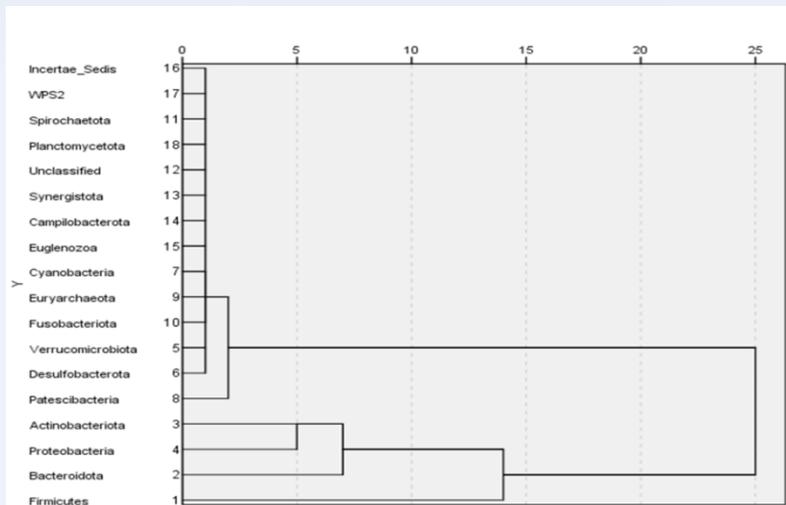


Группа ремиссии ЯК

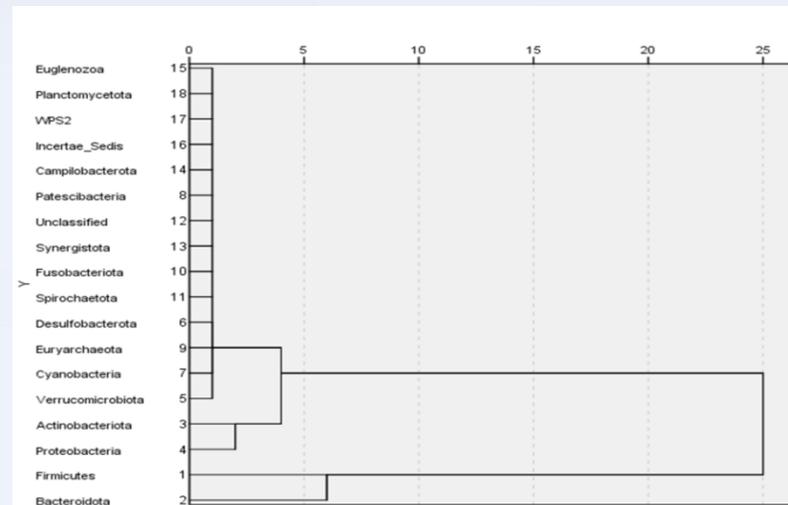
На уровне рода обнаружены отличия для 15 представителей: в группе рецидива был более высокий уровень *Enterococcus*, *Streptococcus*, *Granulicatella*, *Pelomonas*, *TM7x*, *Actinomyces*, *Gemella*, *Corynebacterium*, *Bradyrhizobium*, в группе ремиссии – *NK4A214_group*, *Pseudoscardovia*, *Family_XIII_UCG-001*, *Anaerofilum*, *Candidatus_Soleaferrea*, *DNF00809*.

РЕЗУЛЬТАТЫ

Дендрограммы кластеризации наиболее часто встречающихся типов микроорганизмов



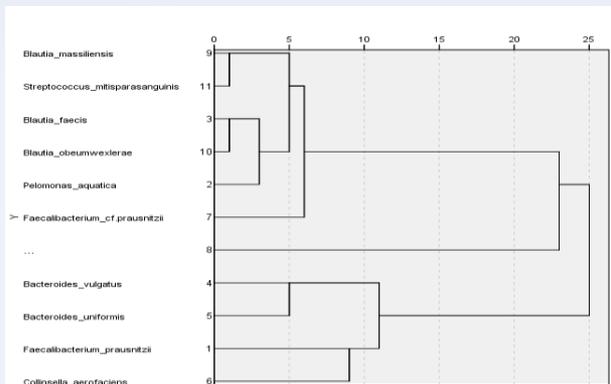
Группа рецидива ЯК



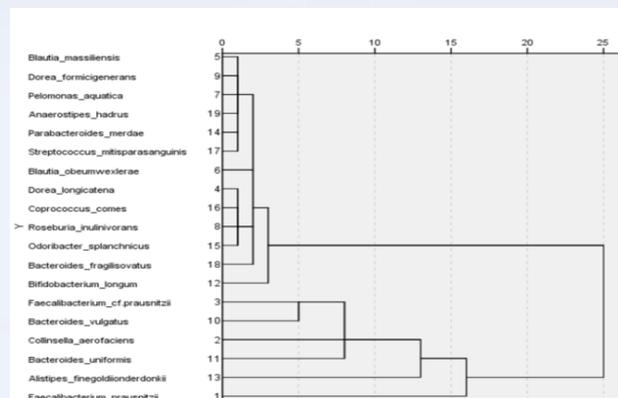
Группа ремиссии ЯК

Статистически значимые различия в группах выявлены по двум типам микроорганизмов: ***Patescibacteria*** (значимо выше в группе рецидива, $p=0,007$) и ***Bacteroidota*** (значимо выше в группе ремиссии, $p=0,017$).

Дендрограммы кластеризации наиболее часто встречающихся видов микроорганизмов:



Группа рецидива ЯК



Группа ремиссии ЯК

Различия исследуемых групп на видовом уровне статистически значимы для 10 видов микроорганизмов: в группе рецидива ЯК зарегистрированы более высокие уровни *Pelomonas aquatica*, *Granulicatella adiacens* / *para-adiacens*, *Gemella morbillorum*, *Escherichia* / *Shigella coli*, *Enterococcus azikeevi*, *Solobacterium moorei*, *Streptococcus australis*, в группе ремиссии – *Roseburia inulinivorans*, *Ruminococcus bicirculans*, *Ruminococcus callidus*.

ВЫВОДЫ

- Результаты исследования демонстрируют таксономические различия на уровне типа, рода и вида толстокишечной микробиоты у пациентов в разные фазы течения язвенного колита.
- Полученные данные свидетельствуют о потенциальной ценности использования NGS-секвенирования структуры бактериального гена 16S рибосомальной РНК микробиома кишечника у больных с язвенным колитом в качестве неинвазивного диагностического и прогностического инструмента, определяющего этап достижения ремиссии заболевания.