

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ МИКРОБИОМА КИШЕЧНИКА У ДЕТЕЙ С ВОСПАЛИТЕЛЬНЫМИ ЗАБОЛЕВАНИЯМИ КИШЕЧНИКА: ОСОБЕННОСТИ ЗДОРОВОЙ И ПОВРЕЖДЕННОЙ СЛИЗИСТОЙ

¹ Государственное научное учреждение «Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси», г. Минск, Республика Беларусь

² Учреждение образования «Белорусский государственный медицинский университет», г. Минск, Республика Беларусь

Актуальность. Воспалительные заболевания кишечника (ВЗК) представляют серьезную проблему в педиатрической гастроэнтерологии. Особый интерес вызывает кишечный микробиом, характеризующийся значительной вариабельностью не только между пациентами с ВЗК и здоровыми индивидуумами, но и между различными топографическими зонами кишечника у одного и того же пациента. Изучение этих локальных различий может предоставить ценную информацию о факторах развития и прогрессирования ВЗК. Для педиатрических пациентов это особенно важно, так как понимание механизмов заболевания может способствовать более ранней диагностике, улучшению прогноза и повышению качества жизни детей с ВЗК.

Цель. Провести сравнительный метатаксономический анализ микробного состава в эндоскопически здоровых и поврежденных участках слизистой оболочки толстой кишки у детей с воспалительными заболеваниями кишечника с использованием секвенирования фрагментов генов 16S рРНК для выявления различий в альфа- и бета-разнообразии микробных сообществ, а также в относительной представленности доминирующих бактериальных семейств.

Материалы и методы исследования. В исследовании приняли участие 8 пациентов детского возраста с диагнозом ВЗК различных форм. У каждого пациента были получены парные образцы биоптатов толстой кишки: из эндоскопически неизмененного участка (группа Control) и из зоны видимого воспаления (группа Damaged). Для анализа микробного состава применялся метод секвенирования фрагментов гена 16S рРНК, охватывающих вариабельные участки V3-V4. Биоинформатическая обработка полученных данных осуществлялась с помощью пакета DADA2 в среде R, включая удаление праймеров и стандартные этапы анализа метагеномных данных. Контроль качества осуществлялся программой FastQC v.0.11.9 Для таксономической классификации микроорганизмов использовалась база данных SILVA версии 138.2. Оценка разнообразия включала расчет индексов альфа-разнообразия (Шеннона, Симпсона) и анализ бета-разнообразия (UniFrac, Bray-Curtis). Визуализация проводилась методом PCoA (пакет ggplot2). Статистический анализ включал парный критерий Уилкоксона и PERMANOVA.

Результаты. Анализ относительной численности 10 лидирующих семейств микроорганизмов выявил различия между исследуемыми группами. В группе Control доминировали семейства *Ruminococcaceae* (около 23 %) и *Bacteroidaceae* (около 15 %), тогда как в группе Damaged преобладали *Lachnospiraceae* (около 19%) и *Enterobacteriaceae* (около 17 %). Наблюдалось заметное снижение численности *Ruminococcaceae* (17 % против 23 %) и *Bacteroidaceae* в поврежденной ткани, в то время как *Lachnospiraceae*, *Enterobacteriaceae* и *Erysipelotrichaceae* (9 % против 4 %) показали увеличение представленности. Менее выраженные изменения отмечены для *Enterococcaceae* (повышение) и *Veillonellaceae* (снижение) в группе Damaged. Семейства *Prevotellaceae* и *Sutterellaceae* продемонстрировали незначительные различия между группами. Статистически значимых различий в

**ТРУДЫ МЕЖДУНАРОДНОЙ НАУЧНОЙ КОНФЕРЕНЦИИ
« ФУНДАМЕНТАЛЬНЫЕ И ПРИКЛАДНЫЕ НАУКИ – МЕДИЦИНЕ »**

альфа- и бета-разнообразии микробных сообществ между группами не выявлено ($p>0,05$). Анализ главных координат (РСоА) выявил, что сходство микробных сообществ в образцах, полученных от одного и того же пациента, было выше, чем сходство между образцами от разных пациентов.

Заключение. Исследование, проведенное на 8 пациентах детского возраста с ВЗК, выявило различия в составе микробиома между здоровыми и поврежденными участками слизистой толстой кишки. Наблюдались изменения в относительной численности доминирующих бактериальных семейств, включая увеличение *Lachnospiraceae* и *Enterobacteriaceae*, и снижение *Ruminococcaceae* в поврежденных участках. Анализ главных координат показал большую схожесть микробных профилей в образцах, полученных от одного пациента. Отсутствие статистически значимых различий в альфа- и бета-разнообразии может быть связано с ограниченным размером выборки. Выявленные изменения микробиома указывают на перспективность дальнейших исследований с большей выборкой для детального изучения его роли в патогенезе ВЗК у пациентов педиатрического возраста.