

МЕТАТАКСОНОМИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ МИКРОБИОТЫ ФАРИНГЕАЛЬНОГО СЕКРЕТА У ПАЦИЕНТОВ С МИКОЗАМИ ГЛОТКИ

Стома Е.А., Шляга И.Д., Межейникова М.О.

Гомельский государственный медицинский университет, Гомель, Республика Беларусь

METATAXONOMIC ANALYSIS OF PHARYNGEAL SECRETION MICROBIOTA IN PATIENTS WITH PHARYNGEAL MYCOSES

Stoma E.A., Shlyaga I.D., Miazheinikava M.O.

Gomel State Medical University, Gomel, The Republic of Belarus

Цель исследования: охарактеризовать состав микробиоты фарингеального секрета глотки у пациентов с микозом глотки, ассоциированным с болезнями органов дыхания.

Материалы и методы. В работе представлены результаты метатаксономического анализа фарингеального секрета у пациентов с микозом глотки, ассоциированным с болезнями органов дыхания на фоне патологии глотки. Секвенирование проводили на платформе высокопроизводительного секвенатора «MiSeq» («Illumina», США) с использованием протокола, основанного на анализе переменных регионов гена 16S рРНК прокариот.

Результаты и обсуждение.

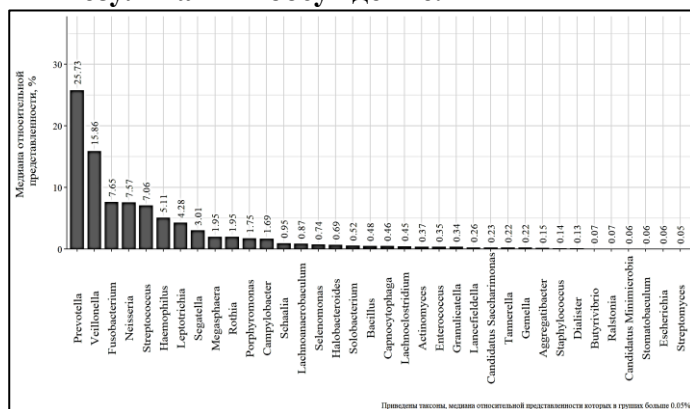


Рис. 1. Идентифицированные роды бактерий в составе микробиома глотки в группе исследования: серия клинических случаев из трёх пациентов.

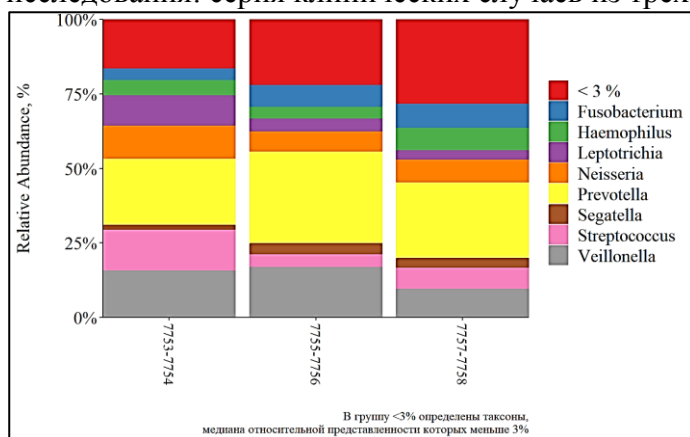


Рис. 2. Идентифицированные роды бактерий в составе микробиоты глотки у каждого пациента: серия клинических случаев из трёх пациентов.

Выводы. В ходе исследования с использованием метода высокопроизводительного 16S рРНК-секвенирования была отработана методология забора и подготовки материала к метатаксономическому анализу, а также установлены индивидуальные различия родового

состава микробиоты глотки у пациентов с микозом глотки, ассоциированным с болезнями дыхательных путей.