

5. Царев В.Н., Дробышев А.Ю., Ипполитов Е.В., Лабазанов А.А., Подпорин М.С., Царева Т.В. Комбинированная антибактериальная химиотерапия одонтогенной инфекции – почему ципрофлоксацин с тинидазолом? // *Клиническая стоматология*. – 2020. Т. 1, № 93. С. 36–41.
 6. Ушаков Р.В., Нуруев Н.Н., Ушакова Т.В., Карпова В.М., Арутюнян А.А., Лабазанов А.А., Царев В.Н. Комбинированная антимикробная химиотерапия (фторхинолоны и имидазолы) в комплексном лечении воспалительных заболеваний пародонта // *Клиническая стоматология*. – 2021, № 1 (97). С. 60–65.
-

Цейко З.А., Стома И.О.

Гомельский государственный медицинский университет, Гомель, Беларусь

Профиль кишечной микробиоты у пациентов, инфицированных 1-м генотипом HCV

Ключевые слова: хронический гепатит С, кишечная микробиота, генотип HCV, микробиом, метагеномное секвенирование

Abstract

Purpose. To describe the composition of the intestinal microbiota in patients infected with HCV genotype 1.

Materials and methods. A single-center, cross-sectional clinical study was conducted, including 119 patients with chronic hepatitis C viral infection. The study determined the composition of gut microbial diversity using metagenomic sequencing of 16S rRNA. High-throughput sequencing was performed using the MiSeq genetic analyzer (Illumina, USA) using a protocol based on the analysis of variable regions of the 16S rRNA gene. Data were analyzed using Kraken2. The significance level was set at 0.05.

Results. In patients with HCV genotype 1, an increase in the number of *Helicobacter*, *Providencia* and *Paraclostridium*, as well as *Terribacillus* and *Aminomonas* was noted.

Conclusion. Patients infected with genotype 1 have been shown to develop a proinflammatory microbial profile with an increased abundance of pathogenic and opportunistic microorganisms, as well as signs of gut microbiota instability.

Keywords: chronic hepatitis C, gut microbiota, HCV genotype, microbiome, metagenomic sequencing

Введение. Хроническая гепатит С вирусная инфекция (ХГС) по-прежнему является одной из наиболее значимых проблем мирового здравоохранения [1]. Вирус гепатита С является высокоизменчивым и представлен множеством генотипов и подтипов, которые различаются по распространенности, патогенному эффекту на печень и ответу на противовирусную терапию [2]. В последние годы все большее внимание исследователей направлено на изучение кишечной микробиоты при различных поражениях печени. Данный факт объясняется наличием связи между печенью и кишечником и его микробиотой, известной как ось «кишечник – печень» [3]. Однако пациенты с ХГС остаются в тени интереса исследователей и чаще рассматриваются как единая группа без акцента на один из ключевых факторов – генотип вируса HCV. Учитывая, что разные генотипы вируса обуславливают вариабельность клинических исходов, можно предположить, что они способны влиять и на состав кишечной микробиоты, обуславливая формирование уникального микробного профиля.

Цель. Описать состав микробиоты кишечника у пациентов, инфицированных 1-м генотипом HCV.

Материалы и методы. Исследование проведено на базе центральной научно-исследовательской лаборатории учреждения образования «Гомельский государственный медицинский университет» и учреждения «Гомельская областная инфекционная клиническая больница». В исследование включено 119 пациентов с хронической гепатит С-вирусной инфекцией, из которых у 36 человек (30,3%) установлен диагноз цирроза печени HCV этиологии. Образцы кала собирали утром в стерильные контейнеры. Секвенирование проводили с помощью секвенатора MiSeq (Illumina, США) с использованием протокола, основанного на анализе вариабельных регионов гена 16s рРНК. Комплексный анализ различия таксономического состава между сравниваемыми группами осуществлялся с применением модели ANCOM-BC (Analysis of Compositions of Microbiomes with Bias Correction) композиционного анализа состава микробиома с коррекцией смещения.

Результаты. С целью выявления особенностей в составе кишечной микробиоты пациентов с ХГС в зависимости от генотипа HCV исследуемые пациенты были разделены на две группы сравнения. Группа А – пациенты с 1-м генотипом HCV – 56 человек (47,1%) и группа Б – пациенты, инфицированные 3-м генотипом HCV – 63 человека (52,9%).

На уровне типа представители таксонов Bacillota и Bacteroidota доминировали в обеих исследуемых группах, реже встречались представители Actinomycetota и Pseudomonadota.

На уровне рода в наибольшей представленности в группах отмечены Blautia, Faecalibacterium, Subdoligranulum, Vescimonas, Mediterraneibacter,

Ruminococcus, *Roseburia* и др. При проведении дифференциального анализа установлено, что у пациентов с 1-м генотипом отмечено преобладание таких таксонов, как *Terribacillus*, *Copro bacter*, *Helicobacter*, *Monoglobus*, *Candidatus Phytoplasma*, *Aminomonas*, *Oleidesulfovibrio*, *Amygdalobacter*, *Providencia*, *Paraclostridium* и *Nitratidesulfovibrio*. Такие изменения свидетельствуют о том, что у пациентов с 1-м генотипом HCV формируется провоспалительная среда с нарушениями баланса микробного состава кишечника и значительным увеличением численности классических и потенциальных патогенов.

Заключение. У пациентов, инфицированных HCV 1-го генотипа, формируется провоспалительный микробный профиль с увеличением численности патогенных и условно-патогенных микроорганизмов, таких как *Helicobacter*, *Providencia* и *Paraclostridium*, а также признаками нестабильности кишечной микробиоты, на что указывает увеличение *Terribacillus* и *Aminomonas*.

Литература

1. Liu Z, Shi O, Zhang T, et al. Disease burden of viral hepatitis A, B, C and E: A systematic analysis. *Journal of Viral Hepatitis*. 2020;27(12):1284–1296. DOI: <https://doi.org/10.1111/jvh.13371>
2. Morozov VA, Lagaye S. Hepatitis C virus: Morphogenesis, infection and therapy. *World J Hepatol*. 2018 Feb 27;10(2):186–212. doi: 10.4254/wjh.v10.i2.186. PMID: 29527256; PMCID: PMC5838439.
3. Стома И.О. Микробиом в медицине: руководство для врачей. Москва; 2024. 320 с.

Щербакова В.А.

Институт биохимии и физиологии микроорганизмов имени Г.К. Скрыбина,
Пушино, Россия

Метаногенные археи в желудочно-кишечном тракте человека: разнообразие и функции

Резюме

Метаногенные археи – это высокоспециализированная группа микроорганизмов, конечным продуктом метаболизма у которых является метан. До недавнего времени считалось, что метаногены в основном населяют экстремальные экосистемы. Однако в последние годы появились новые данные о функциональном разнообразии метаногенов в ЖКТ человека и их связи с некоторыми заболеваниями.