

Результаты. У детей основной группы по сравнению с сравнительной группой моноинфекция бактериальной диареи (БД) встречалась в 5,6 раза реже (14 и 75 случаев соответственно, $P < 0,001$), а моноинфекция вирусной диареи (ВД) — в 8,5 раза реже (12 и 98 случаев соответственно, $P < 0,001$). В то же время бактериально-бактериальная диарея (ББД) в виде микст-инфекции регистрировалась почти в 7 раз чаще (124 и 17 случаев соответственно, $P < 0,001$), а бактериально-вирусные (БВД) и вирусно-вирусные (ВВД) микст-инфекции — в 1,8 раза чаще (71; 40 и 38; 21 случаев соответственно, $P < 0,05$). В случаях моноинфекции БД статистически значимых различий между группами по распространённости *Salmonella spp.*, *Shigella spp.*, *Escherichia coli* и *Campylobacter spp.* выявлено не было ($P > 0,05$). При анализе ББД микст-инфекций комбинация *Salmonella spp.*+*Shigella spp.* у детей основной группы по сравнению с детьми сравнительной группы встречалась статистически значимо 2,7 раза (16 и 6 случаев соответственно, $P < 0,05$), а также *Shigella spp.*+*Escherichia coli* 3,2 раза реже (6 и 4 случаев соответственно, $P < 0,05$), тогда как сочетание *Salmonella spp.*+*Campylobacter spp.* напротив, регистрировалось достоверно 2,5 раза (36 и 2 случаев соответственно, $P > 0,05$), *Salmonella spp.*+*Escherichia coli* — 1,6 раза (35 и 3 случаев соответственно, $P > 0,05$) *Shigella spp.*+*Campylobacter spp.* — 1,9 раза чаще (28 и 2 случаев соответственно, $P > 0,05$).

При ВД моноинфекции частота выявления рота-, норо-, адено- и астровирусной инфекции между группами статистически значимо не различалась ($P > 0,05$). В структуре ВВД микст-инфекций у детей основной группы сочетание ротавируса и норовируса встречалось 3,7 раза чаще (14 и 2 случаев соответственно, $P < 0,05$), тогда как комбинация аденовируса и астровируса — 4,8 раза реже (2 и 5 случаев соответственно, $P < 0,05$). По другим вирусным сочетаниям статистически значимых различий между группами не установлено ($P > 0,05$). При БВД микст-инфекциях в основной группе сочетания *Salmonella spp.* с ротавирусом 4,2 раза (16 и 2 случаев соответственно, $P < 0,05$), а также *Shigella spp.* с норовирусом выявлялись 4,0 раза, чаще (23 и 3 случаев соответственно $P < 0,05$). В то же время комбинация *Salmonella spp.* и норовируса регистрировалась 3,1 раза (5 и 8 случаев соответственно $P < 0,05$), в том числе *Shigella spp.* с аденовирусом и *Escherichia coli* с норовирусом 4,7 раза реже соответственно (2 и 5 случаев, соответственно $P < 0,05$). По остальным вариантам бактериально-вирусных сочетаний статистически значимых различий между группами выявлено не было ($P > 0,05$).

Таким образом, полученные данные свидетельствуют, что у ВИЧ инфицированных детей преобладание микст-форм инфекционного процесса, в этиологической структуре острой диареи отмечается преобладание микст-инфекций, что указывает на значимую роль сочетанного воздействия бактериальных и вирусных патогенов в патогенезе инфекционного процесса.

Цейко З.А., Ковалев А.А., Шафорост А.С., Зяцьков А.А., Стома И.О.

ИЗМЕНЕНИЯ КИШЕЧНОЙ МИКРОБИОТЫ, АССОЦИИРОВАННЫЕ С ВИРУСНОЙ НАГРУЗКОЙ, ПРИ ХРОНИЧЕСКОЙ HCV-ИНФЕКЦИИ

Гомельский государственный медицинский университет

г. Гомель, Республика Беларусь

Введение. Хроническая HCV-инфекция, несмотря на революцию в лечении и появлению препаратов прямого противовирусного действия, остается мировой проблемой здравоохранения. Изменения в кишечной микробиоте, возникающие на фоне хронической HCV-инфекции, остаются малоизученными. Вопрос о том, как один из ключевых клинико-лабораторных маркеров активности инфекции — уровень вирусной нагрузки соотносится со специфическими изменениями кишечной микробиоты, остается открытым.

Цель. Описать изменения состава кишечной микробиоты, ассоциированные с высокой вирусной нагрузкой у пациентов с хронической HCV-инфекцией.

Материалы и методы. В исследование включено 124 пациента с хронической HCV-инфекцией, из которых у 36 человек (30,3%) установлен диагноз цирроза печени HCV этиологии. В рамках исследования определен состав микробного разнообразия кишечника методом секвенирования V3-V4 переменных участков гена 16S рРНК. Высокопроизводительное секвенирование проводилось с помощью генетического анализатора MiSeq (Illumina, США). Назначение таксономических уровней и количественная оценка состава микробиоты выполнялись с помощью программы Kraken2 (база 6/5/2024). Статистическая обработка данных секвенирования проводилась в среде программирования R. Комплексный анализ различия таксономического состава между сравниваемыми группами осуществлялся с применением моделей DESeq2, ZicoSeq, LinDA и ANCOM.

Результаты. Для выявления различий в профиле кишечной микробиоты у пациентов с высокой и низкой вирусной нагрузкой было сформировано две группы сравнения. В первую группу включены пациенты с вирусной нагрузкой менее 800000 МЕ/мл — 70 человек (56,45%), во вторую — с нагрузкой более 800000 МЕ/мл — 54 человека (43,55%). В группе пациентов с низкой вирусной нагрузкой наблюдалось увеличение разнообразия условно-патогенных бактерий, включая представителей оральной микробиоты *Prevotella* ($\text{padj} = 0,129$) и *Gemella* ($\text{padj} = 0,124$), маркеров воспаления *Burkholderia* ($\text{padj} = 0,035$), *Haemophilus* ($\text{padj} = 0,143$) и *Paraclostridium* ($\text{padj} = 0,035$) и замедленной моторики желудочно-кишечного тракта *Sarcina* ($\text{padj} = 0,035$). У пациентов с высокой вирусной нагрузкой отмечено относительное увеличение представленности провоспалительных и потенциально патогенных таксонов, таких как *Stenotrophomonas* ($\text{padj} = 0,106$) и *Nitratidesulfovibrio* ($\text{padj} = 0,121$).

Заключение. Полученные данные позволяют предположить, что при высокой вирусной нагрузке изменения кишечной микробиоты преимущественно опосредованы системным воспалением, в то время как при низкой вирусной нагрузке они в большей степени отражают структурные изменения в печени.