

*Воропаев Е.В.<sup>1</sup>, Зятыков А.А.<sup>1</sup>, Шафорост А.С.<sup>1</sup>,  
Осипкина О.В.<sup>1</sup>, Ковалев А.А.<sup>1</sup>, Воропаева А.В.<sup>2</sup>  
Кабкова А.Н.<sup>3</sup>*

### **ДИНАМИКА АЛЬФА-РАЗНООБРАЗИЯ МИКРОБИОМА ЖЕЛУДКА, У ПАЦИЕНТА С ХРОНИЧЕСКИМ ГАСТРИТОМ АНТРУМА И ТЕЛА ЖЕЛУДКА НА РАЗЛИЧНЫХ ЭТАПАХ ТЕРАПИИ**

<sup>1</sup>Гомельский государственный медицинский университет

<sup>2</sup>Республиканский научно-практический центр радиационной медицины и экологии человека

<sup>3</sup>Учреждение «Гомельская областная инфекционная клиническая больница» г. Гомель, Республика Беларусь

Актуальность: инфекция, вызванная *Helicobacter pylori* играет важную роль в развитии заболеваний верхних отделов желудочно-кишечного тракта. Достаточно часто специфическая терапия, данной инфекции основана на использовании комбинированного набора антибактериальных препаратов системного действия, таких как амоксициллин, кларитромицин, а также препарата, снижающего кислотность желудка – омепразола.

Цель: оценить динамику альфа-разнообразия микробиома желудка, у пациента с хроническим гастритом антрума и тела желудка, инфицированного *Helicobacter pylori* на различных этапах использованной терапии.

Материалы. Для оценки стабильности, динамического состава в микробиоте желудка у пациента инфицированного *Helicobacter pylori* с сочетанной патологией желудка и 12-перстной кишки на протяжении пяти временных отрезков были отобраны образцы биопсий желудка полученные из неизменной ткани (N) – 5 образцов биопсии и патологически измененной ткани (P) – 5 образцов биопсии, полученные на различных этапах лечения в течение 13 месяцев. Было использовано две схемы лечения в динамике. Лечение только ингибиторами протонной помпы: используемое лекарственное средство (Пантопрозол) и лечение комбинацией препаратов для лечения желудочной инфекции, вызванной *Helicobacter pylori*: используемое лекарственное средство (Пептипак).

Методы. Высокопроизводительное секвенирование выполнено на платформе Illumina MiSeq по протоколу 16s рРНК. Статистический анализ полученных результатов проведен с использованием среды для статистического анализа данных R.

Результаты. При проведении эрадикационной терапии отмечены увеличение альфа-разнообразия и смена состава микробиома на всех таксономических уровнях. Динамика альфа-разнообразия микробиома желудка связана с морфологическим состоянием ткани и без применения терапии имеет значительную и достаточно быструю тенденцию к существенному снижению (в 2 раза менее чем за два месяца). Наибольшая разница, в отрицательной динамике альфа-разнообразия (снижение в 5,8 раз) была отмечена у пациента без лечения и получена при оценке неизменной ткани желудка, в то время как при анализе патологически измененной ткани желудка при использовании аналогичного подхода отмечено сниже-

ние альфа-разнообразия в 2,89 раз. При использовании терапии основанной только на ингибиторах протонной помпы отмечается увеличение альфа-разнообразия микробиома в патологически измененной ткани желудка в 4,2 раза и в 4,7 раза в неизменной ткани желудка, а также незначительное снижение количества *Helicobacter pylori* и изменения таксономического состава слизистой оболочки желудка. При использовании полного курса стандартной эрадикационной терапии первой линии на основе кларитромицина и амоксициллина отмечено увеличение альфа-разнообразия микробиома в патологически измененной ткани желудка в 5,16 раза и в 8,84 раза в неизменной ткани желудка. Отмечено снижение содержания *Helicobacter pylori* в микробиоме желудка с 70 % до 3 %. Таким образом, при использовании стандартной эрадикационной терапии первой линии на основе кларитромицина и амоксициллина, даже с учетом отсутствия специфической антибиотикорезистентности и полного соблюдения пациентом протокола лечения не удалось достичь полной эрадикации *Helicobacter pylori*.

*Вязовая А.А.<sup>1</sup>, Попова Ю. А.<sup>2</sup>, Елисеев П.И.<sup>2</sup>, Митенева Е.С.<sup>2</sup>, Герасимова А.А.<sup>1</sup>, Марьяндышев А.О.<sup>2</sup>, Мокроусов И.В.<sup>1</sup>*

### **MIRU-VNTR КЛАСТЕРЫ ШТАММОВ MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS, АССОЦИИРОВАННЫЕ С МНОЖЕСТВЕННОЙ ЛЕКАРСТВЕННОЙ УСТОЙЧИВОСТЬЮ В АРХАНГЕЛЬСКОЙ ОБЛАСТИ**

<sup>1</sup>ФБУН НИИ эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, г. Санкт-Петербург, Россия

<sup>2</sup>ФГБОУ ВО Северный государственный медицинский университет, г. Архангельск, Россия

В настоящее время на территории России установлена лидирующая роль штаммов *M. tuberculosis* генотипа Beijing субтипа B0/W148, в частности канонического типа MtbC15-9 100-32, в распространении туберкулеза с множественной лекарственной устойчивостью возбудителя (МЛУ-ТБ). Штаммы данного субтипа, особенно имеющие компенсаторные мутации, характеризуются устойчивостью к широкому спектру противотуберкулезных препаратов и обладают высокими показателями трансмиссивности. В Архангельской области в 2018 году доля впервые выявленных больных МЛУ-ТБ превысила общероссийский показатель (31,9 %) составив 33,8%. Целью данного исследования было изучить кластеры МЛУ-штаммов *M. tuberculosis*.

Материалы и методы. Изучено 89 штаммов *M. tuberculosis*, выделенных в 2018 году от впервые выявленных больных туберкулезом в Архангельской области. Принадлежность к генотипу Beijing и его субтипам определяли по специфическим маркерам: dnaA-dna::IS6110, Rv2664-Rv2665::IS6110 и sigE98 SNP. Штаммы Beijing были MIRU-VNTR-типированы по 24 локусам, а для штаммов входящих в кластеры было проведено полногеномное секвенирование. Анализ данных секвенирования проведен с помощью онлайн-ресурса «SAM-TB» (<http://samtb.szmbzx.com>).