

**Биомаркеры состояния детей с муковисцидозом в микробиоме
респираторного тракта**

Научный руководитель – Воронина Ольга Львовна

Лосева Эвелина Викторовна

Студент (магистр)

Московский педагогический государственный университет, Москва, Россия

E-mail: loseva.ewelina@yandex.ru

Введение. Состав микробиоты легких во многом определяет сохранность дыхательной функции и продолжительность жизни пациентов с муковисцидозом (МВ) и может служить биомаркером для оценки клинического состояния [1]. У детей в отсутствие мокроты возникает необходимость использования для анализа других валидированных образцов.

Цель. Целью работы стал анализ микробного разнообразия отделов респираторного тракта у детей разного возраста в зависимости от клинического состояния (стабильное, обострение, антибиотикотерапия) методом массового параллельного секвенирования ампликонов гена 16S rDNA.

Материалы и методы. Секвенирование и анализ данных проводили, как описано ранее [2]. Для оценки альфа-разнообразия использовали коэффициент филогенетического разнообразия, для бета-разнообразия - индекс D_{0.5} UniFrac и визуализацию методом Principal Coordinate Analysis (PCoA). Статистическая значимость различий между образцами определена методом PERMANOVA. Достоверными признаны результаты с $P < 0.05$.

Результаты и обсуждения. Микробные сообщества из легких, зева и носа в целом существенно различались. В разных клинических состояниях достоверные отличия обнаружены для проб из зева. В стабильном состоянии преобладали Firmicutes, а Proteobacteria были малочисленны. При обострении доминировали Proteobacteria, а содержание Firmicutes снижалось. Под действием антибиотикотерапии при обострении существенно снижалась доля Proteobacteria, возрастало содержание Firmicutes; в то же время в стабильном состоянии увеличивалось количество Proteobacteria, но уменьшалась доля Firmicutes. Анализ дифференциального изобилия микроорганизмов выявил характерные для разных состояний таксоны: при обострении преобладал Pseudomonas. Микробиом зева пациентов в стабильном состоянии отличали минорные таксоны Atopobium (Actinobacteria), Gemella (Firmicutes), TM7. В образцах мокроты при обострении присутствовали Cyanobacteria.

Выводы. Таким образом, данный подход позволяет не только оценить известные крупные таксоны, но и выявить дополнительные, неопределяемые классическими культуральными методами, биомаркеры для оценки клинических состояний.

Источники и литература

- 1) Acosta N. et al. Sputum microbiota is predictive of long-term clinical outcomes in young adults with cystic fibrosis // Thorax. 2018, 73(11). P. 1016-1025.
- 2) Voronina O. L. et al. On Burkholderiales Order Microorganisms and Cystic Fibrosis in Russia // BMC Genomics. 2018, 19(Suppl 3). P. 74.