

Типология доминант микробиоты кишечника при коронавирусной инфекции

Назарова Марина Вячеславовна

Аспирант

Ульяновский государственный университет, Институт медицины, экологии и физической культуры, Ульяновск, Россия

E-mail: manazarova104@gmail.com

Микробиота кишечника человека является самой многочисленной и отличается видовым разнообразием. Они находятся в тесном симбиозе с организмом своего хозяина и выполняют ряд жизненно важных функций. Известно, что заболевания человека часто сопровождаются дисбиозом - снижением численности полезных бактерий на фоне увеличения патогенных представителей [2, 3, 4]. Однако, видовая структура микробиоты кишечника при коронавирусной инфекции остается не изученной.

Цель: определить долю участия различных видов в структуре микробиоты кишечника при коронавирусной инфекции.

Для установления типологии доминант использован показатель постоянства, основанный на частоте встречаемости видов. Все виды разделены на следующие группы: постоянные - более 50 %, добавочные - от 25 % и случайные - менее 25 % образцов [1].

Доля участия видов в структуре микробиоты кишечника составила: постоянные виды - *Bifidobacterium spp.*, *Lactobacillus spp.* (встречаемость каждого составила 100%), *Escherichia coli* (95%), *Enterococcus spp.* (52%), добавочные виды - *Eubacterium spp.* (40%), *S. aureus* (37%), *E. coli* гемолитические (26%), *K.pneumoniae* (25%). Случайную биоту представляли: *E. coli* лактозонегативные (21%), *C.albicans* (10%), *S.epidermidis* (8%), *Clostridium spp.* (5%), *Enterobacter gergoviae*, *Klebsiella oxytoca*, *Proteus vulgaris* и *Candida glabrata* (по 4% соответственно), *Staphylococcus capitis* (3%), *Klebsiella mobilis*, *Klebsiella terrigena* и *Candida tropicalis* (по 2% соответственно), *Enterobacter agglomerans*, *Citrobacter freundii* и *Enterobacter amnigenus* (по 1% соответственно).

Таким образом, в микробиоте кишечника при коронавирусной инфекции зафиксировано 4 постоянных, 4 добавочных и 15 случайных видов. Наиболее встречаемыми являются *Bifidobacterium spp.*, *Lactobacillus spp.*, *Escherichia coli*. В единичных случаях отмечено увеличение численности *Enterobacter agglomerans*, *Citrobacter freundii* и *Enterobacter amnigenus*.

Источники и литература

- 1) 1. Даньшина А.В., Потатуркина-Нестерова Н.И., Немова И.С. Экологическая характеристика микробиоценоза репродуктивного тракта женщин // Современные проблемы науки и образования. – 2012. – № 2.
- 2) 2. Осадчук А. М. и др. Роль микробиоты желудочно-кишечного тракта в развитии заболеваний внутренних органов // Экспериментальная и клиническая гастроэнтерология. – 2018. – №. 5 (153). – С. 133-139.
- 3) 3. Qin, J.; Li, R.; Raes, J.; Arumugam, M.; Burgdorf, K.S.; Manichanh, C.; Nielsen, T.; Pons, N.; Levenez, F.; Yamada, T.; et al. A human gut microbial gene catalogue established by metagenomic sequencing. Nature. -2010. -№ 464. – P. 59–65.
- 4) 4. Yang X, Zhao J, Yan Q, Zhang Sh, Wang Y, Li Y. A case of COVID-19 patient with the diarrhea as initial symptom and literature review. Clin Res Hepatol Gastroenterol. 2020;S2210-7401(20)30085-1.