

Изучение изменений микробного сообщества кишечника при диабете 2 типа**Научный руководитель – Гудков Денис Андреевич***Молодцова П.А.¹, Епифанцев С.А.², Тюхтин Р.Г.³, Рейтер В.Д.⁴, Кумондорова А.⁵*1 - Московский физико-технический институт, Москва, Россия, *E-mail: apolenary20@gmail.com;*2 - Московский физико-технический институт, Москва, Россия, *E-mail: sa.epifancev@gmail.com;*3 - Первый Московский государственный медицинский университет имени И.М. Сеченова, Москва, Россия, *E-mail: rrrtyukhtin@yandex.ru;* 4 - Первый Московский государственный медицинский университет имени И.М. Сеченова, Москва, Россия, *E-mail: akivr20@gmail.com;* 5 - Московский физико-технический институт, Москва, Россия, *E-mail: akumondorova@gmail.com*

Введение: Распространенность сахарного диабета 2 типа (СД2), характеризуемого высокой смертностью в результате осложнений, постоянно увеличивается, что заставляет медицинское сообщество исследовать методы его ранней диагностики. Так, оценка микрофлоры кишечника в ходе развития СД2 может иметь большое значение и как дополнительный диагностический критерий, и как область фундаментальных исследований. Мы проанализировали 20 пациентов ФГАОУ ВО ПМГМУ им. И.М. Сеченова с диагнозом СД2 и собрали анамнез, в том числе данные о принимаемой терапии: «Форсига» и «Метформин».

Методы: Было проведено секвенирование гена 16S рРНК регионов v3-v4, так как они имеют достойную разрешающую способность для таксономической идентификации, на платформе MinION Oxford Nanopore. Для таксономической идентификации проводили тримминг последовательностей по phred-score (более 15) и длине (более 300 п.н. для v3-v4 локусов), идентификацию проводили с использованием программы kraken2, с использованием баз данных Silva и greengenes.

Результаты: В результате была установлена связь наличия заболевания с изменением состава микробиоты кишечника, в связи с наличием заболевания СД2. Сравнение проводилось с данными о составе микробиома пациентов, полученными из литературных источников. Было выявлено, что у 17 пациентов с СД2 отмечается значительное увеличение доли бактерий родов *Bacteroides* (61% ± 20%) и *Proteobacteria* (6,2% ± 7%), где сравнение было относительно контроля. Кроме того, было обнаружено у 18 пациентов наличие вида *F. prausnitzii* (5,2% ± 3,7%). Также была выявлена положительная корреляция между видом *B. fragilis* и длительность заболевания ($p_{\text{val}} < 0.05$).

Выводы: На основе собранных данных можно выдвинуть гипотезу, что количественные изменения в составе таксономических групп, увеличение в сторону *Bacteroides*, могут служить потенциальным биомаркером для диагностики. Также используя данные исследований по микробиоте кишечника относительно здоровых людей, было выявлено снижение количества *F. prausnitzii*, что так же может являться биомаркером, к тому же пациенты принимающие препарат Форсига имеют повышенное количество вида *F. prausnitzii* относительно пациентов на другой терапии. Однако для подтверждения гипотезы, что эти бактерии являются маркерами заболевания, необходимо провести дополнительные исследования на большей группе пациентов. В частности, предлагается провести анализ состава микробиоты у пациентов с преддиабетом, с целью выявления статистической значимости обнаруженных изменений в микробиоте и их важности в качестве диагностических показателей.