

Динамика микробиоты респираторного тракта пациента с диагнозом муковисцидоз, инфицированного нетуберкулезными микобактериями.

Научный руководитель – Воронина Ольга Львовна

Сайдакова Станислава Андреевна

Выпускник (магистр)

Московский технологический университет, Институт тонких химических технологий,
Кафедра химии и технологии биологически активных соединений имени Н.А.

Преображенского, Москва, Россия

E-mail: 19ctasy94@mail.ru

Нетуберкулезные микобактерии (НТМ) являются оппортунистической инфекцией трудно поддающейся эрадикации для пациентов, больных муковисцидозом (МВ). Инфицирование НТМ может произойти в раннем возрасте, а также после трансплантации легких. Точная идентификация НТМ является ключевым моментом успешного лечения и профилактики тяжелых осложнений. Целью работы стал анализ динамики микробного сообщества респираторного тракта пациента с МВ, инфицированного НТМ, в ответ на антимикробную терапию.

В работе использовали пробы мокроты, мазков из зева и носа пациента, взятые на различных этапах лечения. ДНК из проб была проанализирована молекулярно-генетическими методами. Для идентификации НТМ применяли метод локус специфичного генотипирования гена *hsp65*, кодирующего белок теплового шока. Общее микробное разнообразие проб определяли с помощью массового параллельного секвенирования фрагментов гена *16S rDNA* на платформе MiSeq Illumina с анализом в программе CLC Genomic Workbench v.9.0.1

Согласно полученным данным NGS, до инфицирования НТМ в пробах из легких у пациента преобладали «здоровые» таксоны: представители Firmicutes (69%) (Streptococcaceae - 39%) и Bacteroidetes (Prevotellaceae - 22%). В пробе после инфицирования НТМ с помощью мишени *hsp65* было подтверждено наличие *Mycobacterium abscessus* - одного из наиболее опасных видов НТМ. Согласно данным NGS в этой пробе доля Firmicutes снизилась более чем в два раза, и наблюдался рост Proteobacteria (Sphingomonadaceae - 20%, Pseudomonadaceae - 11%, Alcaligenaceae - 4%). В пробе из легких, взятой после курсов антимикобактериальной терапии наблюдалось существенное снижение таксономического разнообразия. Представители Mycobacteriaceae отсутствовали. Преобладающим микроорганизмом стал представитель класса гаммапротеобактерий - *Pseudomonas aeruginosa* - 93%. Два мазка из носа, взятые в этот период, не отражали состояния легких пациента: в мазке из носа №1 преобладали Actinobacteria (Corynebacteriaceae - 68%), в мазке из носа №2, взятом через 7 месяцев, преобладали 78% Staphylococcaceae, что соответствовало состоянию ринофарингита. Проба из зева, взятая в этот период, характеризовалась высоким содержанием Pseudomonadaceae - 61% и Streptococcaceae - 17%.

Таким образом, в ходе работы было показано, что применение метода массового параллельного секвенирования ампликонов 16S rDNA позволяет осуществлять мониторинг микробиоты респираторного тракта и результатов терапии.