

Сравнительный анализ культивируемых микроорганизмов из кишечника здоровых детей и детей с расстройством аутистического спектра (РАС)

Научный руководитель – Ефимов Борис Алексеевич

Соколова С.Р.¹, Чаплин А.В.²

1 - Российский национальный исследовательский медицинский университет имени Н.И. Пирогова, Москва, Россия, *E-mail: dima-usagychan@yandex.ru*; 2 - Российский национальный исследовательский медицинский университет имени Н.И. Пирогова, Москва, Россия, *E-mail: okolomedik@gmail.com*

Введение.

Расстройство аутистического спектра (РАС) представляет собой группу заболеваний с дебютом в раннем возрасте. Оно характеризуется стереотипным поведением, недостатком способности к коммуникации, наличием ограниченных интересов [1,2]. По данным Всемирной организации здравоохранения (ВОЗ) на 2017 год частота встречаемости данного диагноза среди детского возраста составляет 1:160 [4]. Ряд исследований показывает, что у больных РАС довольно часто выявляются функциональные расстройства желудочно-кишечного тракта (ЖКТ), что может говорить об его участии в развитии основного заболевания [1-3].

Цель исследования.

Выявление качественных и количественных особенностей кишечной микробиоты детей, страдающих РАС, в сравнении со здоровыми детьми.

Материалы и методы.

Под наблюдением находилось 56 детей обоего пола в возрасте от 1 г 5 мес до 12 лет (средний возраст составил 4 г 6 мес), среди них диагноз РАС имели 33 ребенка, а 23 составили группу сравнения.

Материалом для исследования служили фекалии обследуемых детей. Определение показателей микробной обсемененности проводили путем высева серийных разведений исследуемого материала на 11 селективных и неселективных питательных сред. Первичную идентификацию микроорганизмов проводили при помощи масс-спектрометрического метода MALDI-ToF MS на приборе Vitek MS Plus (bioMerieux), а также при помощи секвенирования фрагмента гена 16S рРНК. Статистический анализ проводили с помощью метода ANCOVA, используя группы и возраста обследуемых в качестве предикторов. Данные о наличии/отсутствии таксономических групп микроорганизмов в микробиоте пациента были проанализированы с использованием метода главных компонент.

Результаты.

Всего при исследовании фекальной микробиоты у 56 детей с РАС и детей контрольной группы было выделено 4280 штаммов микроорганизмов, из них таксономическая принадлежность 312 штаммов бактерий была установлена путем секвенирования гена 16S рРНК. Было установлено, что микробиота кишечника больных детей отличается сниженным разнообразием: в ходе исследования от них было выделено меньшее число видов ($p = 0,0013$) микроорганизмов. Также были выявлены статистически достоверные различия между группами детей с РАС и здоровых детей при анализе данных о таксономическом составе микрофлоры как на уровне видов ($p=0,0001$), так и на уровне семейств ($p=0,0002$).

Выводы.

Полученные данные показывают, что состав кишечной микробиоты детей с диагнозом РАС качественно и количественно отличается от такового у здоровых детей, что позволяет

предположить влияние на параметры кишечной микробиоты особенностей пищевого поведения больных, либо непосредственное участие микроорганизмов кишечной микробиоты в патогенезе заболевания.

Источники и литература

- 1) 1. Li Q., Han Y., Dy A.B.C., Hagerman R.J. // The gut microbiota and autism spectrum disorders. *Front Cell Neurosci.* 2017, №11, p. 120.
- 2) 2. McElhanon B.O., McCracken C., Karpen S., Sharp W.G. // Gastrointestinal symptoms in autism spectrum disorder: a meta-analysis. *Pediatrics.* 2014, №133. p. 872–883.
- 3) 3. <https://www.who.int/ru> - Всемирная организация здравоохранения (ВОЗ)