

ОСОБЕННОСТИ МИКРОБИОМА РЕБЕНКА ПЕРВОГО ГОДА ЖИЗНИ, ДЛИТЕЛЬНО НАХОДИВШЕГОСЯ В ОТДЕЛЕНИИ РЕАНИМАЦИИ И ИНТЕНСИВНОЙ ТЕРАПИИ ПО ДАННЫМ СЕКВЕНИРОВАНИЯ 16S rRNA

© Марковская Ирина Николаевна

Научный руководитель: к.м.н., доцент Завьялова А. Н., к.м.н., доцент Кузнецова Ю. В.
Кафедра пропедевтики детских болезней
Санкт-Петербургский государственный педиатрический университет

Контактная информация: Марковская Ирина Николаевна — студентка 3 курса, педиатрический факультет.
E-mail: inmar25@mail.ru

Ключевые слова: микробиота, 16S rRNA секвенирование.

Актуальность исследования: в настоящее время представляет большой научный интерес разнообразие микрофлоры человека. Микробиота у детей отличается от взрослых меньшим разнообразием и преобладанием других штаммов [1, 3]. Развитие микробиоты детей, особенно кишечной трубки, представляет собой динамичный процесс, который зависит от генетики, диеты матери и вида вскармливания ребенка, способа рождения и т. д. [2, 4].

Цель исследования: изучение микробиоты ребенка в возрасте 1 года, длительно находящегося на лечении в отделении реанимации и интенсивной терапии (ОРИТ).

Материалы и методы: мальчик 8 месяцев, с рождения находящийся в условиях ОРИТ. Культуральный метод — метод, основанный на выделении чистой культуры бактерий из биологических жидкостей организма и изучение их свойств; метод секвенирования 16S rRNA — современный метод в исследовании микробиома биологических жидкостей, выполняемый по протоколам Illumina; клиническое обследование (клинический анализ крови, биохимический анализ крови, определение кислотно-основного состояния) проводилось путем забора венозной крови с определением основных показателей на медицинском гематологическом анализаторе.

Результаты: секвенирование 16S rRNA проведено однократно, исследовали слюну, отделяемое гастростомы и кал. Суммарно благодаря методу секвенирования удалось получить 20 видов микроорганизмов, которых, согласно современной номенклатуре прокариот, можно разделить на 3 бактериальных фила, 2 класса, 4 отряда, 13 семейств и 15 родов.

Наиболее патогенными микроорганизмами выделенными при секвенировании из ротовой полости являются *Haemophilus influenzae*, что может способствовать развитию пневмонии при аспирации слюны

Видовой состав гастростомы представлен 38 родами (Genus) бактерий, преобладающими из которых являются бактерии рода *Acetobacter* и *Serratia*, что свидетельствует о развитии нозокомиальной инфекции. Также выявлены *Lactobacillus* в небольшом количестве. Они оказывают иммуномодулирующее и противовоспалительное действие, участвуют в метаболизме глюкозы.

По динамике нарастания количества СРБ и выявлению в посевах бактериальных культур была показана антибактериальная терапия. Ребенком были получены 10 антибактериальных средств, направленные на борьбу с определенными видами бактерий. антибиотики оказывают значительное действие на изменение микробиоты человека.

Выводы: состав микрофлоры, исследуемого ребенка, очень скудный и не соответствует нормам для его возраста. Короткая продолжительность грудного вскармливания, продолжительное время пребывания в ОРИТ, гастростомное питание привело к скудному микробиологическому разнообразию кишечной трубки. Массивная антибактериальная терапия привела к подавлению полезных микроорганизмов.

Литература

- Гончар Н. В., Бабаченко И. В., Гостев В. В., Ибрагимова О. М. Характеристика микробиоты кишечника детей первого года жизни по данным секвенирования 16S рибосомальной РНК. Журнал инфектологии. 2017; 9(2): 23–28. DOI: 10.22625/2072-6732-2017-9-2-23-28.

3. Карпеева Ю.С., Новикова В.П., Хавкин А.И., Ковтун Т.А., Макаркин Д.В., Федотова О.Б. Микробиота и болезни человека: возможности диетической коррекции. Российский вестник перинатологии и педиатрии. 2020; 65(5): 116–125. DOI: 10.21508/1027–4065–2020–65–5 — 116–125.
4. Жеребцова, С. В. Влияние микробиома кишечника на развитие вегетативно-опосредованного механизма депрессии / С. В. Жеребцова // Forcipe. — 2021. — Т. 4. — № S1. — С. 472–473. — EDN VRZOBK.
5. Hill Cian J., Lynch Denise B., Kiera Murphy, Marynka Ulaszewska, Jeffery Ian B., Carol Anne O’Shea, Claire Watkins, Eugene Dempsey, Fulvio Mattivi, Kieran Touhy, R. Paul Ross, C. Anthony Ryan, Paul W. O’ Toole and Catherine Stanton. Evolution of gut microbiota composition from birth to 24 weeks in the Infantment Cohort. Microbiome. 2017; 5(4). DOI: 10.1186/s40168-016-0213-y.