

## ИЗУЧЕНИЕ ХАРАКТЕРА НАРУШЕНИЙ МИКРОБИОТЫ У ПАЦИЕНТОВ С АУТОИМУННЫМИ ЗАБОЛЕВАНИЯМИ

*У.Ф. Пайзуллаева –*

*ассистент кафедры организации фармацевтического дела СамГМУ,  
Самарканд, Узбекистан.*

*Научный руководитель: Ш.Х. Зиядуллаев – профессор Института  
иммунологии и геномики человека АН РУз, Ташкент, Узбекистан*

**Введение.** Кишечным микробиомом человека называется популяция микроорганизмов, которые воздействуют на множество ключевых аспектов жизненных процессов начиная от иммунных, обменных до когнитивных процессов. А в результате нарушения состава микробиома возникают медицинские отклонения и заболевания разного рода в организме человека. Подобные негативные изменения приводят к возникновению и развитию различных заболеваний, в частности, аутоиммунных заболеваний. Изменение состава микрофлоры непосредственно связано с воспалительными процессами самого кишечника и нарушением проницаемости кишечного барьера, в результате поднимается показатель микробных метаболитов, приводящих к возникновению АЗ.

**Цель.** Изучить состав микробиоты кишечника у пациентов с аутоиммунными заболеваниями.

**Материалы и методы.** Для изучения формирования иммунного ответа у больных с аутоиммунными заболеваниями использовались клинические, эпидемиологические, серологические, бактериологические, биохимические и ретроспективные методы исследования. Для изучения микробиома кишечника в контексте формирования иммунного ответа были проанализированы 520 штаммов бактерий, выделенных от 161 пациента, из

которых 410 штаммов — от пациентов с аутоиммунными заболеваниями (85 с РА и 76 с СКВ), а 110 штаммов — от 40 здоровых лиц контрольной группы.

### **Результаты исследования.**

Наибольшее число пациентов (82%) было в возрасте 18–59 лет, среди них 55 (42%) человек в возрасте 18–44 лет и 53 (40%) человека в возрасте 45–59 лет. Число пациентов в возрастной группе 60–74 лет составило 22 человека (16,8%), а старше 75 лет — 1 человек (1,2%). Это подтверждает меньшую частоту аутоиммунных заболеваний в старших возрастных группах. В таблице 1 представлены ключевые результаты бактериологического анализа у пациентов с РА. Было выявлено значительное увеличение некоторых потенциально патогенных бактерий и снижение полезной микрофлоры у пациентов с РА.

**Таблица 1**

**Сравнительные результаты бактериологического анализа у больных с РА**

Бактериальная инфекция	Пациенты с РА (n=85)	Контрольная группа (n=100)	P-value
Escherichia coli	30 (35.3%)	15 (15%)	0.002
Klebsiella pneumoniae	22 (25.9%)	9 (9%)	0.001
Staphylococcus aureus	20 (23.5%)	8 (8%)	0.01
Clostridium difficile	12 (14.1%)	5 (5%)	0.02
Bifidobacteria	20 (23.5%)	65 (65%)	0.001
Lactobacillus species	30 (35.3%)	65 (65%)	0.01
Haemophilus species	15 (17.6%)	50 (50%)	0.001

*Примечание. Во всех сравнениях использовался тест Фишера.*

Как видно из результатов, у пациентов с РА отмечается значительное

увеличение потенциально патогенных бактерий. *Escherichia coli* была выявлена у 35.3% больных с РА по сравнению с 15% в контрольной группе ( $p=0.002$ ), что может указывать на её роль в нарушении кишечной микробиоты. Также у пациентов с РА значительно чаще обнаруживалась *Klebsiella pneumoniae* (25.9% против 9%,  $p=0.001$ ) и *Staphylococcus aureus* (23.5% против 8%,  $p=0.01$ ), что свидетельствует о повышенной бактериальной нагрузке.

Одним из наиболее выраженных изменений было снижение полезной микрофлоры у пациентов с РА. Уровень *Bifidobacteria* был снижен до 23.5% по сравнению с 65% в контрольной группе ( $p=0.001$ ), а *Lactobacillus species* — до 35.3% против 65% ( $p=0.01$ ). Кроме того, *Haemophilus species* были значительно снижены у пациентов с РА (17.6% против 50%,  $p=0.001$ ), что может отражать нарушение баланса кишечной микрофлоры.

Таким образом, основные изменения в микробиоте у пациентов с РА включают увеличение потенциально патогенных бактерий (*Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Staphylococcus aureus*) и значительное снижение полезной микрофлоры (*Bifidobacteria*, *Lactobacillus species*, *Haemophilus species*). Эти изменения могут играть ключевую роль в развитии воспалительных процессов и патогенезе РА.

В таблице 2 представлены сравнительные результаты количественного бактериологического анализа у пациентов в исследуемых группах.

**Таблица 2**

**Сравнительные результаты количественного бактериологического анализа у больных с РА**

Бактериальная инфекция	Пациенты с РА (n=85) Log КОЕ	Контроль ная группа (n=100)	P-value
<i>Escherichia coli</i>	6.7±0.4	6.1±0.3	$p<0.01$
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	6.4±0.6	5.7±0.4	$p<0.01$

Staphylococcus aureus	6.2±0.4	5.7±0.3	p=0.06
Clostridium difficile	5.9±0.3	5.3±0.2	p=0.11
Bifidobacteria	5.9±0.3	7.7±0.5	p<0.001
Lactobacillus species	5.7±0.5	6.9±0.6	p<0.001
Haemophilus species	5.7±0.5	6.0±0.4	p=0.28
<b>Примечание.</b> Во всех сравнениях использовался тест Фишера.			

Основные различия в микробиоте у пациентов с РА выявлены при сравнительном анализе уровней бактерий между группами. Уровень *Escherichia coli* был значительно выше у пациентов с РА (6.7±0.4) по сравнению с контрольной группой (6.1±0.3, p<0.01), что подтверждает её возможную роль в нарушении кишечной микрофлоры. Схожие результаты получены для *Klebsiella pneumoniae*: уровень у пациентов с РА составил 6.4±0.6 против 5.7±0.4 в контрольной группе (p<0.01), что может указывать на повышенную бактериальную нагрузку.

При анализе полезной микрофлоры выявлено значительное снижение уровня *Bifidobacteria* у пациентов с РА (5.9±0.3) по сравнению с контрольной группой (7.7±0.5, p<0.001). Также отмечено уменьшение *Lactobacillus species* (5.7±0.5 против 6.9±0.6, p<0.001), что указывает на выраженный дисбаланс кишечной микробиоты и снижение её защитной функции. В отношении других бактерий, таких как *Clostridium difficile* (p=0.11) и *Haemophilus species* (p=0.28), значительных различий между группами не выявлено, что указывает на их менее выраженное влияние на микробиоту пациентов с РА.

#### **Выводы.**

Таким образом, наиболее значимые изменения в микробиоте пациентов с РА включают увеличение потенциально патогенных бактерий (*Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*) и снижение полезной микрофлоры (*Bifidobacteria*, *Lactobacillus species*), что подчёркивает роль дисбаланса кишечной микрофлоры в патогенезе РА. Результаты исследования выявили значительные изменения в составе кишечной микробиоты у пациентов с РА

по сравнению с контрольной группой. Было зафиксировано увеличение количества патогенных бактерий, таких как *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Staphylococcus aureus* и *Clostridium difficile*, что, вероятно, усугубляет системное воспаление и активирует иммунную систему у пациентов с РА. Одновременно отмечалось существенное снижение численности полезных комменсальных бактерий, включая *Bifidobacteria*, *Lactobacillus species* и *Haemophilus species*, которые играют ключевую роль в поддержании иммунного гомеостаза и целостности кишечного барьера. Нарушение барьерной функции кишечника способствует транслокации бактерий, что может усиливать воспалительные процессы и усугублять течение заболевания.

### **Список использованной литературы**

1. Айтбаев К. А., Муркамилов И. Т., Фомин В. В., Муркамилова Ж. А.// Влияние кишечной микробиоты на эпигенетику: механизмы, роль в развитии заболеваний, диагностический и терапевтический потенциал; Экспериментальная и клиническая гастроэнтерология | выпуск 154 | № 6 2018. – С.122-129
2. Акинъшина А.И., Смирнова Д.В., Загайнова А.В., Макаров В.В., Юдин С. М.// Перспективы использования методов коррекции микробиоты при терапии воспалительных заболеваний кишечника; Российский журнал гастроэнтерологии, гепатологии, колопроктологии 2019; 29(2). – С.12-22
3. Ахмедов В.А., Кашева К.А., Гаус О.В.// Микробиота кишечника и критические состояния; Медицинский алфавит № 37 / 2020. Практическая гастроэнтерология (4). – С.16-20
4. Закирова Б.И., Лим М.В., Шавазид Н.М., Рустамов М.Р., Атаева М.С., Алланазаров А.Б., Мамаризаев И.К.// Бронхообструктивный синдром: прогностическая значимость дисбиоза кишечника в его развитии; 2021 С. 83-85