

МИКРОБИОМ ПРИ УРОЛОГИЧЕСКИХ ЗАБОЛЕВАНИЯХ

Саттаров А. Т.

студент 610 группы лечебного факультета-1

Жураев И. И.

студент 606 группы лечебного факультета-1

Давронов О. О.

Научный руководитель: Ассистент кафедры Урологии

Кафедра: Урология Самаркандский государственный медицинский
университет, г. Самарканд, Узбекистан

Аннотация:

Благодаря быстрому развитию секвенирования нового поколения стало возможным получать информацию о последовательностях всех генов в определенном микробиоме. Обнаружение бактерий у пациентов без инфекций мочевыводящих путей показало, что догма о том, что «моча стерильна», была ложной, что привело к активным исследованиям относительно роли микробиома мочи в мочевыводящих путях человека. Здесь представляется обзор современной литературы относительно роли микробиома в урологии.

Ключевые слова: Микробиота, моча, урологические заболевания

Материалы и методы исследования:

Термин микробиом представляет собой сочетание слов «микроб» или «живущий в организме» и «биом», что означает экосистему. Микробиом относится к микроорганизмам, живущим в организме, и их генетической информации, в то время как термин микробиота относится к группам микроорганизмов.

Считается, что в организме человека содержится в 1,3–10 раз больше микробов, чем клеток человека. Поэтому геном человека нельзя обсуждать без обсуждения микробов, которые иногда называют «вторым геномом». Большинство микроорганизмов организма — это бактерии, но также встречаются вирусы, грибки и простейшие. Состав микробиома человека различается в зависимости от частей тела, но сохраняется относительно



сбалансированное и стабильное сообщество. Было проведено несколько исследований взаимосвязи микроорганизмов с болезнями и метаболизмом. Поскольку недавние исследования показали, что микробы оказывают значительное влияние на здоровье, микробиомика стала растущей областью исследований в биологии. После того, как микробиом полностью интерпретирован как карта, гены могут быть извлечены из образцов крови, мочи, кала, тканей и т. д. и проанализированы для прогнозирования, диагностики и лечения заболеваний.

Идентификация микроорганизмов выполняется с использованием видовой специфичности 16S рРНК. Для этого микроорганизмы сначала изолируются, а затем массово культивируются и подтверждаются с помощью 16S рРНК культивируемых колоний. Однако типы микроорганизмов, присутствующих в природе, которые можно чисто культивировать в среде, ограничены. Чтобы преодолеть эти ограничения, было предпринято много попыток изучить микроорганизмы, не полагаясь на культуру. Секвенирование следующего поколения (NGS) позволило получить информацию о всей последовательности генов в определенном микробном сообществе.

Результаты исследования:

Микробиом, вероятно, играет роль в ИМП (Инфекциях мочевыводящих путей), поскольку они связаны с бактериями. Патогенез ИМП часто объясняется восходящим ростом кишечных бактерий. Недавние исследования сообщили о важной роли вагинальной, мочевой и кишечной микробиоты в регуляции активности заболевания. Комменсальные бактерии могут превосходить патогены и действовать как барьеры для уропатогенов, высвобождая ингибирующие или бактерицидные молекулы. Исследование пациентов с постоянными мочевыми катетерами показало, что микробное разнообразие играет защитную роль в развитии ИМП и что ИМП могут быть вызваны дисбиозом комменсалов.

Наиболее распространенным методом лечения ИМП является антибактериальная терапия. Однако использование антибиотиков широкого спектра действия может отрицательно влиять на полезные популяции бактерий хозяина и, следовательно, влиять на селективный рост патогенных бактерий. Длительное использование антибиотиков может



вызывать нежелательные побочные эффекты, такие как бактериальная резистентность.

Lactobacilli могут предотвращать прилипание, рост и колонизацию уропатогенных бактерий. Антибактериальная активность штаммов *Lactobacillus* может быть объяснена подкислением слизистых поверхностей, ингибированием адгезии патогенов, выработкой веществ, таких как витамины и иммуномодуляторы, и синергической активностью с иммунной системой хозяина.

В гликозаминогликановом слое эпителия влагалища молочная кислота, выделяемая в окружающую среду в процессе метаболизма углеводов, снижает pH, создавая плохую среду для большинства патогенных бактерий. Виды *Lactobacillus* также вырабатывают антибактериальные метаболиты, включая перекись водорода и бактериоцин. Из-за этой характеристики были проведены исследования со штаммами *Lactobacillus*, и есть сообщения о том, что штаммы *Lactobacillus*, такие как *Lactobacillus rhamnosus* GR-1, *Lactobacillus fermentum* RC-14 и *Lactobacillus reuteri* B-54, эффективны для лечения и профилактики ИМП. Однако доза, продолжительность и пути введения не установлены, а доказательства эффективности слабы.

Трансплантация фекальной микробиоты была предпринята для модуляции эффектов кишечной микробиоты на патогенез рецидивирующих ИМП. Тарик и др. сообщили о снижении рецидивирующих ИМП и профиля антибиотикорезистентности мочевых бактерий у пациентов с рецидивирующими инфекциями *Clostridium difficile* в течение года после трансплантации фекальной микробиоты. Кроме того, сообщалось о лечении рецидивирующих ИМП путем трансплантации фекальной микробиоты у реципиентов почечного трансплантата. Были проведены клинические испытания безопасности и переносимости переливания мочи у пациентов с рецидивирующими ИМП, но никаких результатов не было сообщено.

NGS(Секвенирование нового поколения) можно использовать для выявления возбудителей ИМП и выявления моделей устойчивости к антибиотикам. Поскольку очевидно, что микробиом мочи изменяется во время ИМП и антибиотикотерапии, усилия по профилактике или лечению рецидивирующих ИМП путем доставки отдельных штаммов в мочевой



пузырь или влагалище или путем трансплантации фекальной микробиоты, несомненно, будут продолжены.

Вывод:

Наблюдение за тем, что мочевыводящие пути не являются стерильной средой и имеют сложный и отчетливый мочевой микробиом, привело к новому взгляду на урологические заболевания, которые до сих пор считались не имеющими микробиологической этиологии.

Необходим консенсус по терминологии, сбору образцов, методам хранения и аналитическим подходам, а также требуются дальнейшие крупномасштабные исследования. После того, как мочевой микробиом будет хорошо охарактеризован и будет завершена база данных для понимания того, как эти микроорганизмы участвуют в здоровье и болезнях человека, микробиом будет играть много важных ролей в диагностике, лечении, прогнозировании и профилактике мочевыводящих заболеваний.

