СРАВНЕНИЕ КИШЕЧНОГО МИКРОБИОМА У ЖЕНЩИН С СПКЯ И ЗДОРОВЫХ ЖЕНЩИН СЕВЕРНО-ЗАПАДНОГО РЕГИОНА РФ

¹Васюкова Е.А., ¹Ткачук А.С., ^{1,2}Even C., Levin R., Koren O., ^{1,3}Попова П.В.

¹Национальный медицинский исследовательский центр имени В.А. Алмазова, Санкт-Петербург

²Университет Бар-Илан, Сафед, Израиль

³Санкт-Петербургский государственный медицинский университет им. академика И.П. Павлова, Санкт-Петербург

Синдром поликистозных яичников (СПКЯ) является наиболее частой причиной хронической ановуляции и одной из ведущих причин бесплодия. Помимо проблем в репродуктивном возрасте, СПКЯ сопровождается повышением риска развития сахарного диабета и сердечно-сосудистых заболеваний. Хотя патогенез СПКЯ длительно изучается, точные механизмы, приводящие к клиническому симптомокомплексу СПКЯ, остаются в значительной степени неясными. Новой областью исследований является изучение микробиома и его вклада в патогенез СПКЯ.

ЦЕЛЬ: сопоставить состав кишечного микробиома у женщин с СПКЯ и здоровых женщин в зависимости от индекса массы тела.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ: в исследование были включены 34 женщины с СПКЯ (11 женщин с ИМТ ≤ 25 кг/м² и 23 женщины с ИМТ > 25 кг/м²) и 25 женщин без признаков СПКЯ (группа контроля) (17 женщин с ИМТ ≤ 25 кг/м² и 8 женщин с ИМТ > 25 кг/м²). Диагноз СПКЯ ставили согласно Роттердамским критериям (наличие как минимум двух из трех критериев: признаки гиперандрогенемии — клинические и/или биохимические, признаки хронической ановуляции, ультразвуковые признаки поликистозных яичников). Средний возраст участниц исследования был $27,2 \pm 4,2$ лет. В образцах кала участниц исследования проведена идентификация таксономического состава кишечной микробиоты путем сравнительного анализа последовательностей гипервариабельного региона V4 гена 16SrRNA, полученных методом секвенирования нового поколения на платформе Illumina MiSeq. Биоинформатический анализ ДНК микробиоты проводился с использованием программного обеспечения QIIME2.

РЕЗУЛЬТАТЫ: в обеих группах было идентифицировано шесть биологических типов, а именно — Actinobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes, Proteobacteria, Verrucomicrobia, Yeuryarchaeota. Доминирующими являлись Bacteroidetes и Firmicutes, содержание которых не различалось для образцов обеих групп. При анализе бета-разнообразия методом анализа принципиальных координат (PCoA) на основе взвешенных расстояний (UniFrac) выявлено два отдельных кластера, один из которых состоял из пациенток с СПКЯ, имеющих нормальный вес, а другой — из пациенток с ИМТ ≥ 25 кг/м², ($p=0,007$). Был произведен отдельный анализ таксономической структуры и особенностей состава кишечной микробиоты для женщин с СПКЯ и группы контроля, имеющих нормальный вес и избыточный вес/ожирение. При сравнении образцов от женщин с избыточным весом/ожирением различий между группами СПКЯ и контроля выявлено не было. При сравнении образцов от женщин с нормальным весом выявлены различия в бета-разнообразии между группами СПКЯ и контроля, ($p=0,02$).

ВЫВОДЫ: учитывая выявленные различия в бета-разнообразии кишечного микробиома у женщин с СПКЯ и нормальным весом по сравнению с контрольной группой, можно предполагать, что изменения в микробиоме кишечника могут влиять на развитие СПКЯ. Необходимы дальнейшие исследования для объяснения механизмов, лежащих в основе этой ассоциации, и роли кишечной микробиоты в патогенезе СПКЯ.