

Биоразнообразие микробиоты толстой кишки у жителей г. Архангельска

Н. Н. Кукалевская^{*1}, Т. А. Бажукова¹, А. М. Гржибовский^{1,2,3},
Н. В. Давидович¹, С. Н. Писарева¹, М. А. Сабанаев¹

¹ ФГБОУ ВО «Северный государственный медицинский университет» Минздрава России, г. Архангельск

² ФГАУ ВО «Северный (Арктический) федеральный университет имени М. В. Ломоносова», г. Архангельск

³ ФГАУ ВО «Северо-Восточный федеральный университет имени М.К. Аммосова», г. Якутск

Резюме

Актуальность. Микробиота толстой кишки представляет собой сложный, динамичный биоценоз постоянных и изменяющихся популяций, который сложился эволюционно под воздействием множества эндо- и экзогенных факторов. Арктический регион является приоритетным направлением исследований в связи с особенностями природных экосистем и уникальностью многофакторного влияния на организм человека. Широко распространенные стрессорные факторы могут изменять состав, функции и метаболическую активность микробиоты. **Цель.** Изучить биоразнообразие микробиоты толстой кишки у здоровых лиц молодого возраста, постоянно и временно проживающих в г. Архангельске (Арктическая зона). **Материалы и методы.** Тип эпидемиологического исследования – поперечный. В ходе исследования нами была изучена микробиота толстой кишки (материал – фекалии) у 90 здоровых лиц молодого возраста (45 постоянно и 45 временно проживающих в г. Архангельске) с индексом массы тела в пределах нормы, без острых и хронических воспалительных заболеваний. Возраст в группе постоянных жителей составил 23 (21;33) года, а временно проживающих – 20 (19;23) лет ($p = 0,377$). Изучение микробного состава толстой кишки (32 показателя) проводили с помощью молекулярно-генетического метода (ПЦР в режиме реального времени). Данные представлены в виде количественных данных (lg КОЕ/г) и категориальных (не обнаружено, норма, меньше и больше нормы). **Результаты и обсуждение.** В обеих группах выявлялся абсолютный дефицит *Lactobacillus* spp., сниженное количество *Enterococcus* spp., *Bifidobacterium* spp., функциональной *E. coli* и установлено статистически значимое различие в численности *Enterococcus* spp. ($p = 0,009$), *Fecalibacterium prausnitzii* ($p = 0,029$), *Ruminococcus* spp. ($p = 0,01$), *Agathobacter rectalis* ($p = 0,042$). У временно проживающих лиц отмечено повышенное содержание *B. thetaiotaomicron* ($p = 0,005$), *F. nucleatum* ($p = 0,039$), *Bacteroides* spp. ($p = 0,048$) и сниженное – *A. muciphila* ($p = 0,057$). Полученные результаты отражают тенденцию к сокращению содержания в толстой кишке облигатных и увеличению условно-патогенных представителей микробиоты у жителей северных регионов, что соотносится с результатами других исследований. **Заключение.** Выявлены различия в микробном составе толстой кишки у постоянно и временно проживающих жителей г. Архангельска, который расположен в Арктической зоне РФ. Дополнительное изучение рациона участников исследования позволит проанализировать гипотезу о географических особенностях данного региона и воздействии факторов на количество облигатных представителей микрофлоры: лактобактерий, бифидобактерий, кишечной палочки, энтерококков.

Ключевые слова: микробиота, толстая кишки, Арктика, ПЦР

Конфликт интересов не заявлен.

Для цитирования: Кукалевская Н. Н., Бажукова Т. А., Гржибовский А. М. и др. Биоразнообразие микробиоты толстой кишки у жителей г. Архангельска. Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2025;24(2):51-58. <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2025-24-2-51-58>

Biodiversity of colon microbiota in residents of Arkhangelsk

NN Kukalevskaya^{*1}, TA Bazhukova¹, AM Grjibovskij^{1,2,3}, NV Davidovich¹, SN Pisareva¹, MA Sabanaev¹

¹ Northern State Medical University, Arkhangelsk, Russia

² Northern (Arctic) Federal University named after M.V. Lomonosov, Arkhangelsk, Russia

³ North-Eastern Federal University named after M.K. Ammosov, Yakutsk, Russia

* Для переписки: Кукалевская Наталья Николаевна, ассистент кафедры клинической биохимии, микробиологии и лабораторной диагностики, ФГБОУ ВО СГМУ (г. Архангельск) Минздрава России, 163069, Архангельская область, г. Архангельск, пр-т Троицкий, д. 51. +7 (911) 874-73-10, n.kukalevskaya@yandex.ru. ©Кукалевская Н. Н. и др.

** For correspondence: Kukalevskaya Natalya N., assistant at the Department of Clinical Biochemistry, Microbiology and Laboratory Diagnostics, FSBEI HE NSMU (Arkhangelsk) MOH Russia, 51, Troitsky Ave., Arkhangelsk region, Arkhangelsk, 163069, Russia. +7 (911) 874-73-10, n.kukalevskaya@yandex.ru. ©Kukalevskaya NN, et al.

Abstract

Relevance. The colon microbiota represents the richest human biotope in its biodiversity. The region of residence, particularly the Arctic zone, takes part in its formation. Currently, there are few studies examining the nature of the intestinal microbiota in individuals exposed to severe climatic conditions in northern regions. **Aim.** To study the biodiversity of the colon microbiota in permanent and temporary residents of one of the Arctic regions (the city of Arkhangelsk). **Materials and methods.** A cross-sectional study was conducted on 90 participants. A PCR study tested feces from 45 permanent and 45 temporary residents, with the reanalysis of 33 indicators of microbial composition. The sample included young people from 18 to 45 years old, BMI within normal limits, without acute and chronic inflammatory diseases. Data presented in the form of quantitative data (lg CFU/g) and categorical (not detected, normal, less and more than normal). Statistical analysis included the use of Pearson and Mann-Whitney chi-square tests. **Results.** Study showed common features among all residents of this region – a deficiency of obligate representatives of microflora: lactobacilli, enterococci, a reduced number of bifidobacteria, and functional *Escherichia coli*. Also, temporary residents had a higher number of *B. thetaiotaomicron* ($p=0.005$), *Ruminococcus* spp. ($p = 0.01$), *F. nucleatum* ($p = 0.039$), *F. prausnitzii* ($p = 0.029$), *A. rectalis* ($p=0.042$), *Bacteroides* spp. ($p = 0.048$), below *A. municipihila* ($p = 0.057$), *Enterococcus* spp. were more often detected ($p = 0.008$). Moreover, the results are comparable with data from residents of Irkutsk, St. Petersburg and Canadian Inuit, which indicates a tendency towards a decrease in obligate representatives of the microbiota among residents of the northern regions and an increase in opportunistic flora. **Conclusions.** The results of the study demonstrate differences in the microbial composition of the colon in permanent and temporary residents of the city of Arkhangelsk, which belongs to the Arctic zone of the Russian Federation. Additional study of the diet of the subjects will allow us to analyze the hypothesis about the geographical features of this region and the impact of factors on the number of obligate representatives of microflora: lactobacilli, bifidobacteria, *E. coli*, enterococci.

Keywords: microbiota, colon, Arctic, PCR

No conflict of interest to declare.

For citation: Kukalevskaya NN, Bazhukova TA, Grijbovski AM et al. Biodiversity of colon microbiota in residents of Arkhangelsk. *Epidemiology and Vaccinal Prevention*. 2025;24(2):51-58 (In Russ.). <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2025-24-2-51-58>

Введение

Микробиом человека богат своим генетическим составом и функциональной активностью микроорганизмов [1]. Начавшись в 1960-х годах, изучение вероятных связей микробиома человека с заболеваниями активно продолжается, и предпринимаются усилия, чтобы понять, как микробиом меняется в зависимости от образа жизни хозяина, генетики, возраста, питания, медикаментозного лечения и окружающей среды [2]. Большое внимание исследованиям микробиоты человека уделяется во многих странах (США, Китае, Германии, Польше, Канаде, Индии и др.). В ряде исследований выявлены различия в составе микробиома в зависимости от этнической принадлежности [3,4].

Особое место в изучении факторов, влияющих на микробиоту кишечника, занимает регион проживания, в частности, Арктические регионы. Известно, что на Крайнем Севере организм людей, прибывших туда из более южных районов для постоянного или временного проживания, оказывается в среде, характеризующейся суровыми природно-климатическими условиями, повышенной электромагнитной активностью и радиацией, фотопериодизмом, преобладанием углеводно-липидного характера питания, особым составом питьевой воды. У работающих нередко отсутствует возможность полноценного отдыха при напряженном трудовом графике. К отрицательным факторам, влияющим на организм жителей Арктики, относят также ограничение перемещения и общения людей, монотонность обстановки и высокое распространение вредных привычек [5]. Все вышеперечисленное может изменять состав, функцию

и метаболическую активность кишечной микробиоты [6].

В России были проведены исследования по изучению микробиоты у сельских (деревни и маленькие города республик Хакасия, Татарстан, Тыва и Омская область) и городских (Санкт-Петербург, Ростов-на-Дону, Саратов, Новосибирск) жителей [7]. Также был проведен анализ микрофлоры у жителей Северо-западного региона (г. Санкт-Петербург) и Новой Гвинеи [8], с изучением устойчивости представителей микробиоты к антимикробным препаратам [9]. В настоящее время актуально изучение особенностей микробиома лиц, проживающих в условиях Арктической зоны, появляются исследования, посвященные изучению микробиоты толстой кишки у взрослых здоровых жителей Арктической зоны Российской Федерации [10].

Цель исследования – изучить биоразнообразие микробиоты толстой кишки у здоровых лиц молодого возраста, постоянно и временно проживающих в г. Архангельске (Арктическая зона).

Материалы и методы

Тип эпидемиологического исследования – поперечный. В ходе исследования нами была изучена микробиота толстой кишки (материал – фекалии) у 90 здоровых лиц молодого возраста от 18 до 45 лет (молодой возраст по классификации ВОЗ). Исследование проводили с марта 2023 г. по февраль 2024 г. Участники были разделены на 2 группы: 1 – постоянно проживающие жители г. Архангельска ($n = 45$), которые родились и прожили всю свою жизнь на территории данного города,

2 – временно проживающие жители, прожившие на территории города менее 3 лет ($n = 45$), которые прибыли из Республик Коми и Карелия, Санкт-Петербурга, Калининграда, Мурманска, Волгограда, Воронежа, Вологды. Участниками являлись студенты и сотрудники ФГБОУ ВО СГМУ (г. Архангельск) Минздрава России. Исследование выполняли в соответствии с этическими нормами Хельсинкской декларации Всемирной медицинской ассоциации (1964, 2004). Все участники подписали добровольное информированное согласие. Работа одобрена локальным этическим комитетом Северного государственного медицинского университета (протокол № 07/09-22 от 28.09.2022 г.).

Критерии включения: возраст от 18 до 45 лет; индекс массы тела (ИМТ) в пределах нормы; отсутствие заболеваний (острых и хронических воспалительных, а также аутоиммунных, аллергических, эндокринных, злокачественных); приема антибактериальных или пробиотических препаратов в течение трех месяцев до сбора материала для исследования; наличие добровольного информированного согласия на участие в исследовании и заполненная анкета участника исследования.

Изучение микробиоты толстой кишки проводили с использованием молекулярно-генетического метода – полимеразной цепной реакции (ПЦР) в режиме реального времени. ДНК из фекалий выделяли с помощью комплекта реагентов («ДНК-сорб-В», AmpliSens, Россия) в соответствии с инструкцией по применению. Пробы очищенных ДНК хранили в замороженном виде при минус 20 °С не более 1 месяца. ПЦР в режиме реального времени осуществляли, используя набор реагентов «Колонофлор-16 премиум» (АльфаЛаб, Россия). Данный набор выявляет 32 микроба (общая бактериальная масса, *Lactobacillus* spp., *Bifidobacterium* spp., *Escherichia coli*, *Bacteroides* spp., *Faecalibacterium prausnitzii*, *Bacteroides thetaiotaomicron*, *Akkermansia muciniphila*, *Enterococcus* spp., *Escherichia coli* enteropathogenic, *Klebsiella pneumoniae*, *Klebsiella oxytoca*, *Candida* spp., *Staphylococcus aureus*, *Clostridioides difficile*, *Clostridium perfringens*, *Proteus vulgaris/mirabilis*, *Citrobacter* spp., *Enterobacter* spp., *Fusobacterium nucleatum*, *Parvimonas micra*, *Salmonella* spp., *Shigella* spp., *Blautia* spp., *Acinetobacter* spp., *Agathobacter rectalis*, *Streptococcus* spp., *Roseburia inulinivorans*, *Prevotella* spp., *Methanobrevibacter smithii*, *Methanosphaera stadtmanae*, *Ruminococcus* spp.) и соотношение *Bacteroides* spp./*Faecalibacterium prausnitzii*. Количественное содержание микроорганизмов выражали в Ig КОЕ/г.

Статистическая обработка данных производилась с помощью программы Stata 14 (Stata Corp., TX, USA). Распределение количественных данных оценивали с помощью критерия Шапиро-Уилка. Категориальные признаки анализировали с помощью критерия χ^2 Пирсона. Так как большая часть данных имела скошенное распределение, количественные

данные представлены в виде медианы (Me) и 1 и 3 квартилей (Q1;Q3) и анализировались с использованием критерия Манна-Уитни. Количественные данные были представлены в виде ящичных диаграмм, после чего Ig КОЕ/г был переведен в категориальные величины: «не обнаружен», «<N (дефицит)», «N (норма)», «>N (избыток)» согласно референсным значениям тест системы «АльфаЛаб».

Данные по микроорганизмам были представлены согласно их принадлежности к типам *Bacillota*, *Pseudomonadota*, *Bacteroidota*, *Actinomycetota*, *Verrucomicrobiota*, *Fusobacteriota*, *Euryarchaeota*, *Ascomycota*.

Результаты

Общая бактериальная масса (ОБМ) составила соответственно 11,8 (11,6; 12,3) Ig КОЕ/г и 12,3 (11,9;12,6) Ig КОЕ/г ($p = 0,311$).

При исследовании представителей типа *Bacillota* в обеих группах обследованных выявлялись: абсолютный дефицит *Lactobacillus* spp., статистически значимые различия в численности *Enterococcus* spp. ($p = 0,009$), *Faecalibacterium prausnitzii* ($p = 0,029$), *Ruminococcus* spp. ($p = 0,01$), *Agathobacter rectalis* ($p = 0,042$). К примеру, частота встречаемости нормального содержания *Ruminococcus* spp. была выше в 1,5 раза ($p = 0,032$), а *Enterococcus* spp. в 9 раз ($p = 0,008$) в группе временно проживающих (табл. 1).

Статистически значимых различий по количественному содержанию микроорганизмов типа *Pseudomonadota* между двумя группами обнаружено не было (рис. 1). Однако незначимые различия отражали повышенное содержание типичной кишечной палочки у приехавших из других регионов, по сравнению с постоянными жителями г. Архангельска. Также у временно проживающих в большей численности были обнаружены условно-патогенные микроорганизмы: *Enterobacter* spp., *Acinetobacter* spp., энтеропатогенная кишечная палочка, в то время как другие представители условно-патогенной микрофлоры (*Citrobacter* spp., *Klebsiella pneumoniae*, *Klebsiella oxytoca*) в обеих группах были в сходных количествах. Среди обследованных лиц не выявлялись *Salmonella* spp., *Shigella* spp., *Proteus vulgaris/mirabilis*.

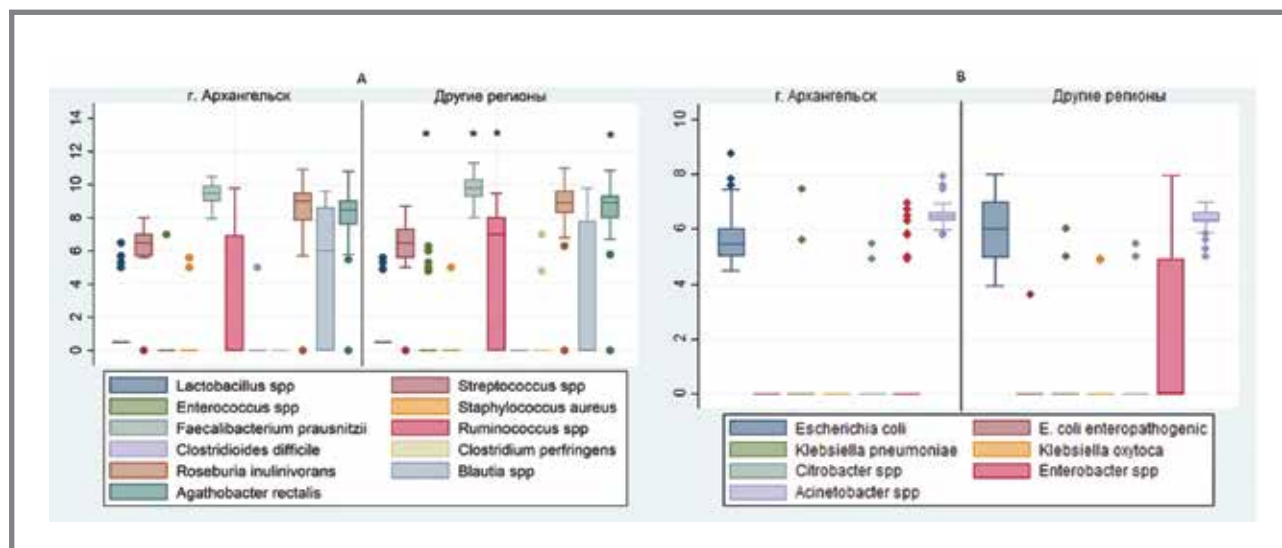
Представители типа *Pseudomonadota* (табл. 2) обнаруживались практически с равной частотой в первой и второй группах. При этом дефицит типичной *E. coli* наблюдался чаще у постоянно проживающих – 62,22%, чем у временно – 48,89%.

Среди определяемых микроорганизмов типа *Bacteroidota*, нами были выявлены три представителя: *Bacteroides* spp., *Prevotella* spp. и *Bacteroides thetaiotaomicron* (рис. 2). Статистически значимые различия обнаружены в количественном содержании *Bacteroides* spp. ($p = 0,048$): у постоянно проживающих жителей – 11,0 (10,7;11,6) Ig КОЕ/г, у временно проживающих – 11,6 (10,8;11,9) Ig КОЕ/г, а также *B. thetaiotaomicron* ($p = 0,005$):

Таблица 1. Частота обнаружения представителей типа Bacillota у жителей г. Архангельска (%)
Table 1. Frequency of detection of representatives of the phylum Bacillota among residents of Arkhangelsk (%)

Род Вид Genus/species	г. Архангельск n = 45, % Arkhangelsk n = 45, %				Другие регионы n = 45, % Other regions n = 45, %				p
	Не обнаружены Not found	<N	N	>N	Не обнаружены Not found	<N	N	>N	
<i>Lactobacillus spp.</i>		100				100			1,0
<i>Streptococcus spp.</i>	22,22		77,78		13,33		80,0	6,67	0,105
<i>Enterococcus spp.</i>	97,78		2,22		80,0		20,0		0,008
<i>Staphylococcus aureus</i>	95,56			4,44	97,78			2,22	0,559
<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>		2,22	97,78				97,78	2,22	0,159
<i>Ruminococcus spp.</i>	51,11		48,89		28,89		71,11		0,032
<i>Clostridioides difficile</i>	97,78			2,22	100				0,317
<i>Clostridium perfringens</i>	100				95,56			4,44	0,155
<i>Roseburia inulinivorans</i>	4,44		95,56		2,22		95,56	2,22	0,32
<i>Blautia spp.</i>	44,44	26,67	28,89		53,33	24,44	22,22		0,374
<i>Agathobacter rectalis</i> (<i>Eubacterium rectale</i>)	6,67	31,11	62,22		2,22	22,22	75,56		0,153
<i>Parvimonas micra</i>	100				100				–

Рисунок 1. Количественное распределение (lg КОЕ/г) представителей типов Bacillota (A), Pseudomonadota (B) у жителей г. Архангельска (*обнаружение статистически значимых различий на уровне альфа-ошибки 0,05)
Figure 1. Quantitative distribution (lg CFU/g) of representatives of the phylum Bacillota (A), Pseudomonadota (B) among residents of Arkhangelsk (*detection of statistically significant differences at the alpha error level of 0.05)



7,6 (0;9,0) lg КОЕ/г и 8,6 (8,0;9,8) lg КОЕ/г соответственно. Частота встречаемости содержания *B. thetaiotaomicron* в норме также была выше в 1,2 раза ($p = 0,026$) в группе временно проживающих (табл. 3). Среднее количественное содержание *Prevotella spp.* находилось на одном уровне в обеих группах ($Me = 8,3$ lg КОЕ/г, $p = 0,819$).

Среди представителей других филумов (*Actinomyetota*, *Fusobacteriota*, *Verrucomicrobiota*, *Euryarchaeota*) статистически значимые различия

в группах обследованных были выявлены в отношении *Fusobacterium nucleatum*. У этого представителя было установлено как более высокое количественное содержание ($p = 0,039$, с максимальным значением 6,84 lg КОЕ/г.), так и частота встречаемости в группе временно проживающих – в 2,7 раза ($p = 0,049$), по сравнению с постоянными жителями г. Архангельска.

Также в группе временно проживающих в г. Архангельске отмечено большее содержание

Рисунок 2. Количественное распределение (lg КОЕ/г) микроорганизмов у жителей г. Архангельска типов: Bacteroidota (A), Actinomycetota, Verrucomicrobiota, Fusobacteriota, Euryarchaeota (B). (* обнаружение статистически значимых различий на уровне альфа-ошибки 0,05)

Figure 2. Quantitative distribution of microorganisms (lg CFU/g) among residents of Arkhangelsk phylum: Bacteroidota (A), Actinomycetota, Verrucomicrobiota, Fusobacteriota, Euryarchaeota (B). (*detection of statistically significant differences at the alpha error level of 0.05)

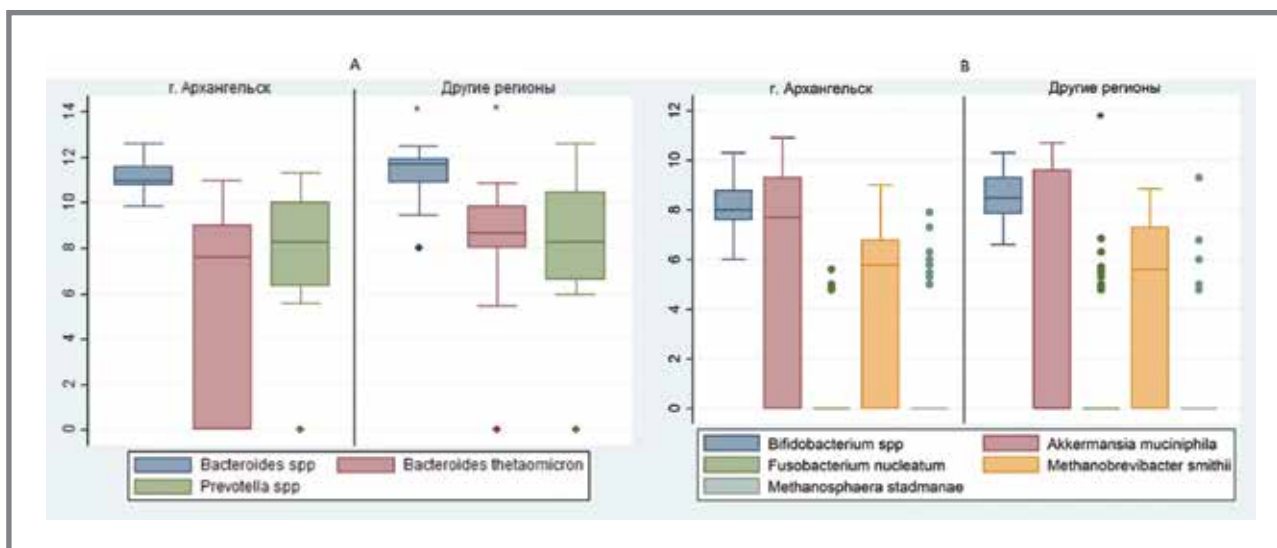


Таблица 2. Частота обнаружения представителей типа Pseudomonadota у жителей г. Архангельска (%)
Table 2. Frequency of detection of representatives of the phylum Pseudomonadota among residents of Arkhangelsk (%)

Род Вид Genus Species	г. Архангельск n = 45, % Arkhangelsk n = 45, %				Другие регионы n = 45, % Other regions n = 45, %				p
	Не обнаружены Not found	<N	N	>N	Не обнаружены Not found	<N	N	>N	
<i>Citrobacter spp.</i>	95,56			4,44	95,56			4,44	1,0
<i>Enterobacter spp.</i>	80,0			20,0	71,11			28,89	0,329
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	93,33			6,67	95,56			4,44	0,647
<i>Klebsiella oxytoca</i>	100				95,56			4,44	0,155
<i>Escherichia coli</i>		62,22	35,56	2,22		48,89	51,11		0,249
<i>Escherichia coli enteropathogenic</i>	100				97,78			2,22	0,317
<i>Salmonella spp.</i>	100				100				–
<i>Shigella spp.</i>	100				100				–
<i>Proteus vulgaris/mirabilis</i>	100				100				–
<i>Acinetobacter spp.</i>			22,22	77,78			24,44	75,56	0,804

Bifidobacterium spp. – 8,4 (7,8;9,3) lg КОЕ/г), однако различие между группами статистически незначимо. Остальные представители типов Verrucomicrobiota (*A. muciniphila*) и Euryarchaeota (*M. stadmanae*, *M. smithii*) были представлены в микробиоте обеих групп в среднем примерно на одном уровне.

Грибы рода *Candida* (тип Ascomycota) не были обнаружены ни у кого из участников исследования.

Значимых различий в соотношении *Bacteroides spp./Faecalibacterium prausnitzii* выявлено не было: постоянные жители имели соотношение 50

(15;100), а временно проживающие – 35 (12;150). Отмечено преобладание типа Bacteroidota в отношении типа Bacillota, так как все значения были >1. Колебания соотношения *Bacteroides spp./Faecalibacterium prausnitzii* у постоянно проживающих жителей составляли от 1 до 2000, а у временно – от 1 до 800.

Обсуждение

Результаты исследования позволяют предположить наличие различий в микробном составе толстой кишки у молодых жителей г. Архангельска

Таблица 3. Частота обнаружения представителей типов *Bacteroidota*, *Actinomycetota*, *Verrucomicrobiota*, *Fusobacteriota*, *Euryarchaeota* у жителей г. Архангельска (%)Table 3. Frequency of detection of representatives of the phylum *Bacteroidota*, *Actinomycetota*, *Verrucomicrobiota*, *Fusobacteriota*, *Euryarchaeota* in residents of Arkhangelsk (%)

Тип Phylum	Род Вид Genus Species	г. Архангельск n = 45, % Arkhangelsk n = 45, %				Другие регионы n = 45, % Other regions n = 45, %				p
		Не обнаружены Not found	<N	N	>N	Не обнаружены Not found	<N	N	>N	
<i>Bacteroidota</i>	<i>Bacteroides spp.</i>			95,56	4,44		2,22	91,11	6,67	0,984
	<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	26,67		73,33		8,89		91,11		0,026
	<i>Prevotella spp.</i>	11,11		86,67	2,22	8,89		75,56	15,56	0,093
<i>Actinomycetota</i>	<i>Bifidobacterium spp.</i>		82,22	15,56	2,22		64,44	35,56		0,07
<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Akkermansia miniciphila</i>	33,33		66,67		53,33		46,67		0,057
<i>Fusobacteriota</i>	<i>Fusobacterium nucleatum</i>	91,11			8,89	75,56			24,44	0,049
<i>Euryarchaeota</i>	<i>Methanobrevibacter smithii</i>	31,11		68,89		48,89		51,11		0,087
	<i>Methanosphaera stadmanae</i>	80,0		13,33	6,67	86,67		8,89	4,44	0,4
<i>Ascomycota</i>	<i>Candida spp.</i>	100				100				–

в зависимости от их времени проживания в городе. Микробный состав постоянных жителей сформировался под воздействием факторов окружающей среды, местного рациона, состава воды. Временно проживающие на территории г. Архангельска участники исследования прибыли из соседних регионов, где на состав микробиоты толстой кишки могли оказывать воздействие региональные модулирующие факторы, в том числе экологические.

Нормальная микрофлора зависит напрямую от факторов окружающей среды, является мишенью для любых попадающих в организм различных веществ и первой вовлекается в их трансформацию, в том числе ксенобиотиков и экотоксикантов. Эти воздействия изменяют биоразнообразие микроорганизмов биотопов хозяина, приводя к адаптации физиологических функций, изменению биохимических и иммунологических показателей, к накоплению и селекции атипичных штаммов микробиоты, к формированию в организме новых микробных сообществ, зачастую патогенных [11]. При исследовании микрофлоры кишечника практически здоровых лиц в г. Иркутске были отмечены негативные тенденции, связанные с дефицитом бифидо- и лактобактерий и широким распространением условно-патогенной микрофлоры, что соотносится с результатами нашего исследования.

При сравнении количественных данных и категориальных были обнаружены статистически значимые различия в группах по числу *Enterococcus spp.*, *Ruminococcus spp.*, *F. nucleatum*, *B. thetaiotaomicron*. Дополнительно выявлены различия в численности *F. prausnitzii*, *A. rectalis*,

Bacteroides spp. Данные находки могли быть результатом инфляции ошибки 1 рода, вызванной большим количеством сравнений. При применении консервативного подхода критический уровень значимости $p = 0,05/27$, т.е. обнаруженные различия менее этого числа будут считаться значимыми. При использовании консервативного подхода ни один результат нашего исследования не будет считаться значимым. Обнаружение большего числа значимых результатов при количественном определении микроорганизмов, по сравнению с категориальными, говорит о большей чувствительности методов анализа, при котором используются непрерывные данные.

В ходе нашего гипотезо-генерирующего исследования мы можем предположить наличие количественных и качественных колебаний состава микробиоты у жителей Арктической зоны, однако для подтверждения данной гипотезы необходимо расширение выборочной совокупности. Так, выявленное в нашем исследовании сниженное содержание *Akkermansia* согласуется с данными об ограниченном распространении *Akkermansia* в Арктике [12].

Дефицит облигатных микроорганизмов толстой кишки, таких как лактобактерии, бифидобактерии, функционально значимой кишечной палочки, приводит к снижению колонизационной резистентности и увеличению условно-патогенных видов (патобионтов). Низкое количество лактобактерий у всех обследованных можно объяснить несколькими факторами: например, пищевыми предпочтениями. Большая часть обследованных – студенты,

которые мало употребляют кисломолочных продуктов, богатых пробиотическими культурами, включая бифидобактерии, лактобактерии, энтерококки. В рационе студентов преобладают простые углеводы, которые приводят к снижению числа лактобактерий [13], а также повышено потребление поваренной соли. Лактобактерии обладают высокой кислотообразующей активностью, которая значительно снижается при увеличении содержания поваренной соли в среде, в итоге угнетая рост данных микроорганизмов за счет защелачивания среды обитания [14].

Длительное воздействие низких температур снижает число *A. municipihila*, *Ruminococcaceae*, представителей типа *Pseudomonadota* (ранее *Proteobacteria*) [15]. Недосыпание – один из основных факторов жизни студентов, что отражается на уровне содержания продуцентов короткоцепочечных жирных кислот (бутирата). Уменьшение количества бактерий, продуцирующих этот метаболит, особенно принадлежащих к родам *Akkermansia* и *Faecalibacterium*, было выявлено в эксперименте у мышей, подвергшихся 7-дневному и 3-дневному бодрствованию. У мышей, подвергшихся нарушению сна в течение 5 дней, наблюдалось снижение количества родов *Bifidobacterium* и *Lactobacillus*. Дисбиоз у мышей, вызванный недосыпанием, приводил к увеличению проницаемости кишечного барьера и снижению содержания короткоцепочечных жирных кислот, причем оба эти явления были обратимыми после последующего введения *Lactobacillus plantarum* [16].

Хроническая инфекция полости рта приводит к эктопической оральной колонизации *F. nucleatum* кишечника, при этом успешное лечение пародонтита снижало уровень данного представителя в фекалиях [17].

Повышенное содержание условно-патогенных микроорганизмов у приезжих жителей может отражать снижение иммунной функции кишечника, напряжение адаптационных возможностей в новых условиях проживания [8].

Наше исследование осуществлялось с использованием ПЦР как одного из молекулярно-генетических методов, однако одного метода недостаточно

для полноценной оценки всего спектра микроорганизмов, населяющих толстую кишку. Для оценки функциональной активности представителей микрофлоры кишечника и изучения метаболитов микробиоты целесообразно применение культурального метода. В продолжении исследования микробиоты толстого кишечника необходимо изучить пищевые привычки, проанализировать рацион участников исследования и оценить возможную пластичность микробиоты под действием этого модулятора.

Отсутствие полной картины микробиома населения Арктического региона России и других стран при выраженной специфике, проживания на территории арктической зоны демонстрирует потребность в увеличении количества исследований микробиоты различными методиками для анализа полной картины микробного сообщества.

Заключение

Результаты нашего исследования демонстрируют имеющиеся различия в микробном составе толстой кишки у постоянно и временно проживающих жителей г. Архангельска, расположенного в Арктической зоне России. Показан дефицит у постоянных и временных жителей облигатных представителей микрофлоры: лактобактерий, бифидобактерий, функциональной кишечной палочки, энтерококков. У временно проживающих лиц определялось повышенное содержание *B. thetaiotaomicron*, *Ruminococcus spp.*, *F. nucleatum*, *F. prausnitzii*, *A. rectalis*, *Bacteroides spp.*, снижение *A. municipihila*, чаще обнаруживались *Enterococcus spp.*

Изучение рациона участников проведенного исследования позволит проанализировать гипотезу о географических особенностях данного региона и воздействию различных факторов на количество облигатных представителей микрофлоры (лактобактерий, бифидобактерий, кишечной палочки, энтерококков). Изучение иммунных показателей у прибывающих в арктическую зону лиц позволит оценить их адаптацию к суровым климатическим условиям проживания и разработать мероприятия по профилактике развития оппортунистических инфекций.

Литература

- Lloyd-Price J., Abu-Ali G., Huttenhower C. The healthy human microbiome. *Genome Med.* 2016. Vol. 8, № 1. P. 51.
- Gupta V.K., Paul S., Dutta C. Geography, Ethnicity or Subsistence-Specific Variations in Human Microbiome Composition and Diversity. *Front. Microbiol.* 2017. Vol. 8. P. 1162.
- Goodrich J.K., Davenport ER, Beaumont M, et al. Genetic Determinants of the Gut Microbiome in UK Twins. *Cell Host Microbe.* 2016. Vol. 19, № 5. P. 731–743.
- Li J., Quinque D., Horz HP, et al. Comparative analysis of the human saliva microbiome from different climate zones: Alaska, Germany, and Africa. *BMC Microbiol.* 2014. Vol. 14, № 1. P. 316.
- Солонин Ю. Г., Бойко Е. Р. Медико-физиологические проблемы в Арктике. *Известия Коми НЦ УрО РАН.* 2017. №4 (32). С.33–40.
- Chashchin V., Kovshov A.A., Thomassen Y., et al. Health Risk Modifiers of Exposure to Persistent Pollutants among Indigenous Peoples of Chukotka. *Int. J. Environ. Res. Public Health.* 2019. Vol. 17, № 1. P. 128.
- Tyakht A.V., Kostryukova E.S., Popenko A.S., et al. Human gut microbiota community structures in urban and rural populations in Russia. *Nat. Commun.* 2013. Vol. 4, № 1. P. 2469.
- Попова А. Ю., Кафтырева Л. А., Сужаева Л. В. и др. Сравнительная характеристика особенностей микробиоты кишечника жителей Гвинейской республики и России. *Инфекция и иммунитет.* - 2017. - Т. 7. - №4. - С. 375–382. doi:10.15789/2220-7619-2017-4-375-382
- Егорова С. А., Макарова М. А., Кафтырева Л. А. Чувствительность к антимикробным препаратам штаммов энтеробактерий, выделенных при изучении микробиоты кишечника жителей Гвинейской Республики и России (Санкт-Петербург). *Инфекция и иммунитет.* 2018. Т. 8, № 3. С. 349–354. doi: 10.15789/2220-7619-2018-3-349-354

Practical Aspects of Epidemiology and Vaccine Prevention

10. Nekrasova AI, Kalashnikova IG, Korobeynikova AV, et al. Characteristics of the Gut Microbiota Composition of the Arctic Zone Residents in the Far Eastern Region. *Biomedicine*. 2024. Vol. 12, № 11. P. 2472.
11. Лешук С. И., Попкова С. М., Будникова З. И. и др. Особенности кишечного микробиоценоза у населения промышленного города. *Гигиена и санитария*. 2011. №2. С.33–37.
12. Girard C, Tromas N, Amyot M, et al. Gut Microbiome of the Canadian Arctic Inuit // *mSphere*. 2017. N 2(1):e00297-16. doi:10.1128/mSphere.00297-16
13. Khan S, Waliullah S, Godfrey V, et al. Dietary simple sugars alter microbial ecology in the gut and promote colitis in mice. *Sci. Transl. Med.* 2020. Vol. 12, № 567. P. eaay6218.
14. Afroz K.F., Reyes N., Young K., et al. Altered gut microbiome and autism like behavior are associated with parental high salt diet in male mice. *Sci. Rep.* 2021. Vol. 11, № 1. P. 8364.
15. Meng Y, Chen L, Lin W, et al. Exercise Reverses the Alterations in Gut Microbiota Upon Cold Exposure and Promotes Cold-Induced Weight Loss. *Front. Physiol.* 2020. Vol. 11. P. 311.
16. Myers B, Vidhatha R, Nicholas B., et al. Sleep and the Gut Microbiome in Psoriasis: Clinical Implications for Disease Progression and the Development of Cardiometabolic Comorbidities. *J. Psoriasis Psoriatic Arthritis*. 2021. Vol. 6, № 1. P. 27–37.
17. Lu Y, Li Z, Peng X. Regulatory effects of oral microbe on intestinal microbiota and the illness. *Front. Cell. Infect. Microbiol.* 2023. Vol. 13. P. 1093967.

References

1. Lloyd-Price J, Abu-Ali G, Huttenhower C. The healthy human microbiome. *Genome Med.* 2016;8(1):51. doi:10.1186/s13073-016-0307-y.
2. Gupta VK, Paul S, Dutta C. Geography, Ethnicity or Subsistence-Specific Variations in Human Microbiome Composition and Diversity. *Front Microbiol.* 2017;8:1162. doi:10.3389/fmicb.2017.01162
3. Goodrich JK, Davenport ER, Beaumont M, et al. Genetic Determinants of the Gut Microbiome in UK Twins. *Cell Host Microbe*. 2016;19(5):731–743. doi:10.1016/j.chom.2016.04.017
4. Li J, Quinque D, Horz HP, et al. Comparative analysis of the human saliva microbiome from different climate zones: Alaska, Germany, and Africa. *BMC Microbiol.* 2014;14(1):316. doi:10.1186/s12866-014-0316-1
5. Solonin Yu.G., Boyko E.R. Medical and physiological problems in the Arctic. *News of the Komi Scientific Center of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences*. 2017. No. 4 (32). P. 33–40 (In Russ).
6. Chashchin V, Kovshov AA, Thomassen Y, et al. Health Risk Modifiers of Exposure to Persistent Pollutants among Indigenous Peoples of Chukotka. *Int J Environ Res Public Health*. 2019;17(1):128. doi:10.3390/ijerph17010128
7. Tyakht AV, Kostyukova ES, Popenko AS, et al. Human gut microbiota community structures in urban and rural populations in Russia. *Nat Commun.* 2013;4(1):2469. doi:10.1038/ncomms3469
8. Popova AY, Kaftayeva LA, Suzhaeva LV, et al. Comparative characteristics of intestine microbiome of republic of guinea and russian federation residents. *J Infect Immun.* 2018;7(4):375–382. doi:10.15789/2220-7619-2017-4-375-382 (In Russ)
9. Egorova SA, Makarova MA, Kaftayeva LA, et al. Antimicrobial susceptibility of enterobacteriaceae isolated from intestinal microbiota of residents of the Republic of Guinea and Russia (Saint Petersburg). *Russ J Infect Immun.* 2018;8(3):349–354 (In Russ). doi:10.15789/2220-7619-2018-3-349-354
10. Nekrasova AI, et al. Characteristics of the Gut Microbiota Composition of the Arctic Zone Residents in the Far Eastern Region // *Biomedicine*. 2024. Vol. 12, № 11. P. 2472.
11. Leshuk S.I., Popkova S.M., Budnikova Z.I., et al. Features of intestinal microbiocenosis among the population of an industrial city. *Hygiene i sanitariya*. 2011. No. 2. P.33–37 (In Russ).
12. Girard C, Tromas N, Amyot M, et al. Gut Microbiome of the Canadian Arctic Inuit // *mSphere*. 2017. N 2(1):e00297-16. doi:10.1128/mSphere.00297-16
13. Khan S, Waliullah S, Godfrey V, et al. Dietary simple sugars alter microbial ecology in the gut and promote colitis in mice. *Sci Transl Med.* 2020;12(567):eaay6218. doi:10.1126/scitranslmed.aay6218
14. Afroz KF, Reyes N, Young K, et al. Altered gut microbiome and autism like behavior are associated with parental high salt diet in male mice [published correction appears in *Sci Rep.* 2022 Apr 5;12(1):5686]. *Sci Rep.* 2021;11(1):8364. Published 2021 Apr 16. doi:10.1038/s41598-021-87678-x
15. Meng Y, Chen L, Lin W, et al. Exercise Reverses the Alterations in Gut Microbiota Upon Cold Exposure and Promotes Cold-Induced Weight Loss. *Front Physiol.* 2020;11:311. Published 2020 May 4. doi:10.3389/fphys.2020.00311
16. Myers B, Vidhatha R, Nicholas B, et al. Sleep and the gut microbiome in psoriasis: clinical implications for disease progression and the development of cardiometabolic comorbidities. *J Psoriasis Psoriatic Arthritis*. 2021;6(1):27–37. doi:10.1177/2475530320964781
17. Lu Y, Li Z, Peng X. Regulatory effects of oral microbe on intestinal microbiota and the illness. *Front Cell Infect Microbiol.* 2023;13:1093967. Published 2023 Feb 1. doi:10.3389/fcimb.2023.1093967

Об авторах

- **Наталья Николаевна Кукалевская** – ассистент кафедры клинической биохимии, микробиологии и лабораторной диагностики, ФГБОУ ВО СГМУ Минздрава России, г. Архангельск. +7 (911) 874-73-10, n.kukalevskaya@yandex.ru. <https://orcid.org/0000-0003-3371-1485>.
- **Татьяна Александровна Бажукова** – д. м. н., профессор, зав. кафедрой клинической биохимии, микробиологии и лабораторной диагностики, ФГБОУ ВО СГМУ Минздрава России, г. Архангельск. +7 (960) 001-60-61, tbazhukova@yandex.ru. <https://orcid.org/0000-0002-7890-2341>.
- **Андрей Мечиславович Гржибовский** – начальник управления по научной и инновационной работе, ФГБОУ ВО СГМУ Минздрава России, г. Архангельск. +7 (921) 495-10-62, a.grjibovskiy@yandex.ru. <https://orcid.org/0000-0002-5464-0498>.
- **Наталья Валерьевна Давидович** – к. м. н., доцент, доцент кафедры клинической биохимии, микробиологии и лабораторной диагностики, ФГБОУ ВО СГМУ Минздрава России, г. Архангельск. +7 (902) 190-49-29, nvdavidovich@gmail.com. <https://orcid.org/0000-0002-6414-9870>.
- **Светлана Николаевна Писарева** – старший преподаватель кафедры клинической биохимии, микробиологии и лабораторной диагностики, ФГБОУ ВО СГМУ Минздрава России, г. Архангельск. +7 (996) 503-96-09, pisareva.svetla3917@yandex.ru. <https://orcid.org/0000-0003-0793-4749>.
- **Михаил Алексеевич Сабанаев** – ассистент кафедры клинической биохимии, микробиологии и лабораторной диагностики, ФГБОУ ВО СГМУ Минздрава России, г. Архангельск. +7 (904) 866-72-33, mix.sabanaeff@gmail.com. <https://orcid.org/0000-0001-5642-3019>.

Поступила: 16.01.2025. Принята к печати: 27.03.2025.

Контент доступен под лицензией CC BY 4.0.

About the Authors

- **Natalya N. Kukalevskaya** – assistant at the Department of Clinical Biochemistry, Microbiology and Laboratory Diagnostics, FSBEI HE NSMU Ministry of Health of Russia, Arkhangelsk. +7 (911) 874-73-10, n.kukalevskaya@yandex.ru. <https://orcid.org/0000-0003-3371-1485>.
- **Tatyana A. Bazhukova** – Dr. Sci. (Med.), Professor, Head of the Department of Clinical Biochemistry, Microbiology and Laboratory Diagnostics FSBEI HE NSMU Ministry of Health of Russia, Arkhangelsk. +7 (960) 001-60-61, tbazhukova@yandex.ru. <https://orcid.org/0000-0002-7890-2341>.
- **Andrej M. Grjibovski** – Phd, Head of the Directorate for Research and Innovations FSBEI HE NSMU Ministry of Health of Russia, Arkhangelsk. +7 (921) 495-10-62, a.grjibovski@yandex.ru. <https://orcid.org/0000-0002-5464-0498>.
- **Natalia V. Davidovich** – Cand. Sci. (Med.), Associate Professor, Associate Professor of the Department of Clinical Biochemistry, Microbiology and Laboratory Diagnostics of FSBEI HE NSMU Ministry of Health of Russia, Arkhangelsk. +7 (902) 190-49-29, nvdavidovich@gmail.com. <https://orcid.org/0000-0002-6414-9870>.
- **Svetlana N. Pisareva** – senior lecturer at the Department of Clinical Biochemistry, Microbiology and Laboratory Diagnostics, FSBEI HE NSMU Ministry of Health of Russia, Arkhangelsk. +7 (996) 503-96-09, pisareva.svetla3917@yandex.ru. <https://orcid.org/0000-0003-0793-4749>.
- **Mikhail A. Sabanaev** – assistant at the Department of Clinical Biochemistry, Microbiology and Laboratory Diagnostics, FSBEI HE NSMU Ministry of Health of Russia, Arkhangelsk. +7 (904) 866-72-33, mix.sabanaeff@gmail.com. <https://orcid.org/0000-0001-5642-3019>.

Received: 16.01.2025. Accepted: 27.03.2025.

Creative Commons Attribution CC BY 4.0.