

## ПРИМЕНЕНИЕ МЕТОДОВ МАШИННОГО ОБУЧЕНИЯ ДЛЯ МЕТАГЕНОМНОГО И ПОЛНОГЕНОМНОГО АНАЛИЗОВ МИКРОБИОТЫ КИШЕЧНИКА

Буланцев Н.А. (Университет ИТМО)

Асс., врач-эпидемиолог - Круглов Е.Е. (ФГБОУ ВО СамГМУ Минздрава России)

Научный руководитель – в.н.с, к.б.н Комиссаров А.С. (Университет ИТМО)

Язвенный колит относится к группе мультифакториальных заболеваний с невыясненной этиологией. Предполагается, что нарушенный состав и сниженное разнообразие микробиоты кишечника являются факторами возникновения воспалительных заболеваний кишечника и влияют на их патогенез. Мы разработали систему оценки микробного состава методами машинного обучения для пациентов с язвенным колитом.

**Введение.** Язвенный колит относится к группе мультифакториальных заболеваний с невыясненной этиологией. Предполагается, что нарушенный состав и сниженное разнообразие микробиоты кишечника являются факторами возникновения воспалительных заболеваний кишечника и влияют на их патогенез. Актуальность данного исследования прописана развитием персонализированного подхода в медицине, проведением забора материала до медицинского вмешательства в протекание заболевания.

**Основная часть.** В исследовании принимали участие 25 пациентов с язвенным колитом, у которых были отобраны биоптаты в пораженной и здоровой области толстой кишки. При помощи функции бета-разнообразия было доказано, что в пораженной и здоровой областях имеют сходство во всей совокупности выборки. Альфа-разнообразие по индексу Шеннона показало снижение микробного разнообразия в пораженной области: значение в пораженной -  $2.779 + 0.534$ , значение в здоровой -  $2.834 + 0.66$ . Проведя анализ микробиома по родам при помощи метода главных компонент с точностью при 3 компонентах - 0.876, были выявлены области, выделяющиеся из выборки. Таким образом, была обнаружена область, в которую входили пациенты, с тяжелым течением болезни, подтвержденная молекулярно-биологическим путем. Таксон "Эшерихия-Шигелла" в здоровой и пораженной областях у 2 пациентов с тяжелым течением болезни был значительно повышен относительно значений выборки: соответственно в 6,36 и 7,21 раза выше среднего; в 7,27 и 8,4 раза выше среднего. Полногеномное секвенирование изолята *E. coli* одного из пациентов показало наличие генов, связанных с адгезивно-инвазивным патологическим типом: *aar*, фактор *AcfD*, *fis*, *aar*, *aggR*, *aggA*, *aggB*, *aggC*, *aggD*.

**Выводы.** Разработанный пайплайн для оценки микробиома кишечника при метагеномном исследовании у пациентов с язвенным колитом может быть использован в клинической медицинской практики для выявления тяжелых случаев протекания болезни. Представленная технология может изменить прогнозирование и медицинское вмешательство в практике врачей посредством сервиса системы принятия решения врача.