

Zaburzenia homeostazy mikrobiomu jelitowego u dzieci z czynnościowym zaparciem stolca.

Monika Kwiatkowska, Ewa Łoś- Rycharska, Marcin Gołębiowski,, Magdalena Kuśmierk, Ewelina Matuła- Rzeńska, Aneta Krogulska

Katedra i Klinika Pediatrii, Alergologii i Gastroenterologii CM UMK Bydgoszcz

WSTĘP

Zaparcie to problem o wieloczynnikowej etiologii, szeroko rozpowszechniony w praktyce pediatrycznej. Jednym z modyfikowalnych czynników o narastającym znaczeniu w powstawaniu zaparć są zaburzenia homeostazy mikrobiomu przewodu pokarmowego. Do tej pory opublikowano niewiele badań wyjaśniających skład mikrobiomu u dzieci z czynnościowym zaparciem stolca oraz ustalających jej znaczenie w patogenezie choroby.

CEL

Celem pracy jest ocena składu jakościowego i ilościowego mikrobiomu jelit u dzieci z czynnościowym zaparciem stolca

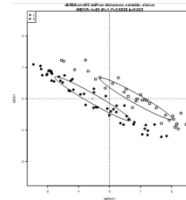
METODY

Do badania włączono dzieci powyżej 3 roku życia; 57 dzieci z czynnościowym zaparciem stolca zakwalifikowano do grupy badanej, a 34 zdrowych dzieci do grupy kontrolnej. Mikrobiom stolca zbadano za pomocą sekwencjonowania fragmentów genów 16S rRNA..

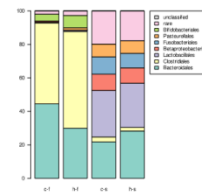
WYNIKI

Wykazano istotne różnice w zakresie Beta-diversity mikrobiomu stolca między pacjentami z grupy badanej i z grupy kontrolnej ($p=0,002$). Stwierdzono również istotne różnice mikrobiomu stolca pomiędzy dziećmi z obu grup na poszczególnych poziomach taksonomicznych. U pacjentów z zaparciem wykazano istotnie mniejszą obfitość rodzin tj. Burkholderiaceae ($q=4,74 \times 10^{-2}$), Chrystensenellaceae ($q=4,74 \times 10^{-2}$), Chlostridiaceae ($q=4,74 \times 10^{-2}$), a większą obfitość Tannerellaceae ($q=6,97 \times 10^{-3}$). Na poziomie rodzaju u dzieci z grupy badanej stwierdzono istotnie mniejszą obfitość Chrystensenellaceae r-7 ($q=2,88 \times 10^{-2}$), Fusicatenibacter ($q=2,88 \times 10^{-2}$), Parabacteroides ($q=1,63 \times 10^{-2}$), Romboutsia ($q=3,19 \times 10^{-2}$), Subdoligranulum ($q=1,17 \times 10^{-2}$). Na poziomie wariacji ASV różnicujących próbki u pacjentów z zaparciem wykazano, iż mikrobiom stolca jest mniej zróżnicowany u pacjentów z zaparciem niż u pacjentów z grupy kontrolnej

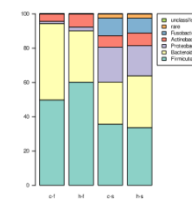
Rycina 1. Analiza Beta-diversity mikrobiomu stolca u dzieci z grupy badanej vs grupa kontrolna



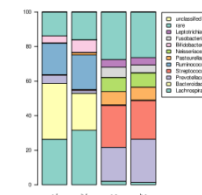
Rycina 4 Analiza taksonomiczna na poziomie rzędów mikrobiomu stolca u dzieci z grupy badanej vs grupa kontrolna



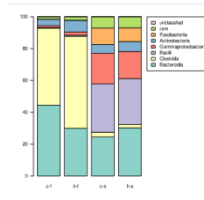
Rycina 2. Analiza taksonomiczna na poziomie typu mikrobiomu stolca u dzieci z grupy badanej vs grupa kontrolna



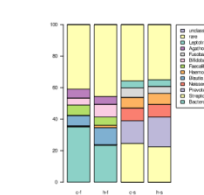
Rycina 5 Analiza taksonomiczna na poziomie rodzaju mikrobiomu stolca u dzieci z grupy badanej vs grupa kontrolna



Rycina 3 Analiza taksonomiczna na poziomie klas mikrobiomu stolca u dzieci z grupy badanej vs grupa kontrolna



Rycina 6 Analiza taksonomiczna na poziomie rodzaju mikrobiomu stolca u dzieci z grupy badanej vs grupa kontrolna



WNIOSKI

Wykazano istotne różnice składu mikrobiomu stolca w zakresie Beta-diversity oraz taksonomii pomiędzy dziećmi z zaparciem a dziećmi zdrowymi. Pogłębienie wiedzy na temat mikrobiomu stolca u dzieci z zaparciem stwarza nadzieję na wprowadzenie nowych metod leczenia zaburzeń rytmu wypróżnień.