



ООО «СЕРБАЛАБ»
Лицензия ЛО-78-01-007244
г. Санкт-Петербург, Большой пр-т ВО,
90, к 2, лит 3

info@cerbalab.ru |
www.cerbalab.ru
+7 (812) 602 93 38

Информация о пациенте

ФИО

Дата рождения

Пол

женский

Заказчик

Информация о биологическом материале

Образец №

Вид биоматериала

Мазок из цервикального
канала

Дата поступления образца

Дата выдачи результата

МЕТАГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ WGS ДИАГНОСТИКА ИНФЕКЦИЙ: МИКРОБИОТА ВЛАГАЛИЩА

Метагеном человека – это совокупность геномов микроорганизмов, населяющих конкретную среду обитания. Выделяют несколько основных локализаций в организме человека: ЖКТ, носоглотка, легкие; кожа, мочеполовая система, лимфатическая система.

Влагалище – это часть женской репродуктивной системы, и изучение микробиома влагалища имеет большое значение для понимания здоровья женщин. Существует несколько факторов, которые могут повлиять на состав микробиома влагалища у женщин, такие как гормональный фон, инфекционные заболевания, сексуальное поведение и использование некоторых местных лекарственных средств. Изучение этих факторов очень важно для разработки новых методов лечения и профилактики различных заболеваний.

В последнее время научными исследованиями рассматривают возможность использования пробиотиков для коррекции состава микробиома влагалища у женщин. Они могут быть полезны при лечении рецидивирующих бактериальных вагинозов, кандидозного вульвовагинита и других воспалительных заболеваний, связанных с нарушением микробного состава. Также изучаются механизмы защиты бактерий влагалища и их роли при защите женского здоровья.

РЕЗУЛЬТАТЫ СЕКВЕНИРОВАНИЯ

СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ РОДОВ БАКТЕРИЙ ТОП-100

Классификация	Доля %	Классификация	Доля %	Классификация	Доля %
Lactobacillus	95,63	Blautia	0,04	Megamonas	0,02
Ureaplasma	0,95	Akkermansia	0,04	Duodenibacillus	0,02
Bacteroides	0,54	Butyricimonas	0,03	Klebsiella	0,02
Phocaeicola	0,35	Phascolarctobacterium	0,03	Clostridium	0,02
Faecalibacterium	0,24	Escherichia	0,02	Lachnospira	0,02
Parabacteroides	0,16	Staphylococcus	0,02	Pediococcus	0,02
Segatella	0,11	Wujia	0,02	Xanthomonas	0,01
Bacillus	0,11	Streptococcus	0,02	Paraprevotella	0,01
Roseburia	0,07	Lentilactobacillus	0,02	Dorea	0,01
Alistipes	0,07	Companilactobacillus	0,02	Cloacibacillus	0,01
Ruminococcus	0,06	Pseudomonas	0,02	Sutterella	0,01
Simiaoa	0,05	Flavobacterium	0,02	Bifidobacterium	0,01
Agathobacter	0,04	Coprobacter	0,02	Streptomyces	0,01
Mediterraneibacter	0,04	Corynebacterium	0,02	Eubacterium	0,01
Coproccoccus	0,04			Oscillibacter	0,01
Cutibacterium	0,04			Lachnoclostridium	0,01

СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ ВИДОВ БАКТЕРИЙ ТОП-100

Классификация	Доля %
<i>Lactobacillus crispatus</i>	95,18
<i>Ureaplasma parvum</i>	0,74

Классификация	Доля %
<i>Lactobacillus helveticus</i>	0,35
<i>Lactobacillus amylovorus</i>	0,23

Классификация	Доля %
<i>Phocaeicola vulgatus</i>	0,16

СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ РОДОВ ГРИБОВ ТОП-50

Классификация	Доля %
<i>Kwoniella</i>	0,06

Классификация	Доля %
<i>Malassezia</i>	0,01

Классификация	Доля %
<i>Lodderomyces</i>	0,01

БАКТЕРИИ: НОРМОФЛОРА

Классификация бактерий/род/вид	Класс патогенности	Ваш вариант, %	
<i>Lactobacillus</i>	-	95,63	
<i>Lactobacillus acidophilus</i>	-	0	
<i>Lactobacillus casei</i>	-	0	
<i>Lactobacillus coleohominis</i>	-	0	
<i>Lactobacillus crispatus</i>	-	95,18	
<i>Lactobacillus curvatus</i>	-	0	
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	-	0	
<i>Lactobacillus fermentum</i>	-	0	
<i>Lactobacillus fornicalis</i>	-	0	
<i>Lactobacillus gasseri</i>	-	0	
<i>Lactobacillus jensenii</i>	-	0	
<i>Lactobacillus johnsonii</i>	-	0	
<i>Lactobacillus helveticus</i>	-	0,35	
<i>Lactobacillus kefirianofaciens</i>	-	0	
<i>Lactobacillus iners</i>	2	0	
<i>Lactobacillus oris</i>	-	0	
<i>Lactobacillus paracasei</i>	-	0	
<i>Lactobacillus pontis</i>	-	0	
<i>Lactobacillus rhamnosus</i>	-	0	
<i>Lactobacillus reuteri</i>	-	0	
<i>Lactobacillus taiwanensis</i>	-	0	
<i>Lactobacillus timonensis</i>	-	0	
<i>Lactobacillus vaginalis</i>	-	0	

Основной компонент микробиома влагалища – это лактобактерии. Они выполняют важную функцию при продуцировании молочной кислоты, которая поддерживает оптимальный pH для роста полезных бактерий и предотвращает развитие инфекций. Отсутствие лактобактерий может привести к нарушениям в работе мочеполовой системы и проникновению различных патогенных микроорганизмов.

Так же с возрастом биоразнообразие во влагалище изменяется, поэтому данный показатель сегодня является оценкой вашего биологического возраста

ПАТОГЕННАЯ НАГРУЗКА

БАКТЕРИИ

Частью обычной микрофлоры человека, кроме полезных микроорганизмов, являются и условно-патогенные бактерии. Их отличительная черта — потенциальная, а не однозначная, опасность для здоровья. Патогенные качества они проявляют только при определенных обстоятельствах, при которых их количество существенно увеличивается. При этом у большинства людей, особенно городских жителей, эти микроорганизмы часто проявляются при обследованиях. Если на фоне положительных результатов анализов у человека нет симптомов болезни, лечение не прописывается, поскольку антибиотикотерапия может лишь ухудшить состояние. В этом случае человеку рекомендуется укреплять иммунитет и стараться избегать самолечения антибактериальными средствами. Патогенные бактерии принципиально отличаются от условно-патогенных. Их наличие в организме всегда приводит к развитию заболевания, поэтому даже при обнаруженных в анализе незначительных количествах этих микроорганизмов, назначается лечение.

Классификация бактерий/род/вид	Класс патогенности		Ваш вариант, %	
	ВОЗ	РФ		
Патогенные и условно-патогенные бактерии				
<i>Atopobium vaginale</i>			0	
<i>Chamydia</i>			0	
<i>Chlamydophila psittaci</i>	3	2	0	
<i>Chamydia trachomatis</i>			0	
<i>Chlamydophila abortus</i>			0	
<i>Chlamydophila pneumoniae</i>			0	
<i>Corynebacterium diphtheriae</i>	2	3	0	
<i>Corynebacterium afermentans</i>			0	
<i>Corynebacterium afermentans</i>			0	
<i>Corynebacterium bovis</i>			0	
<i>Corynebacterium jeikeium</i>			0	
<i>Corynebacterium kutscheri</i>			0	
<i>Corynebacterium macginleyi</i>			0	
<i>Corynebacterium minutissimum</i>			0	
<i>Corynebacterium propinquum</i>			0	
<i>Corynebacterium pseudodiphthericum</i>			0	
<i>Corynebacterium pseudotuberculosis</i>			0	
<i>Corynebacterium striatum</i>			0	
<i>Corynebacterium ulcerans</i>			0	
<i>Corynebacterium urealyticum</i>			0	
<i>Corynebacterium xerosis</i>			0	
<i>Dialister</i>			0	
<i>Dialister invisus</i>			0	
<i>Dialister pneumosintes</i>			0	
<i>Enterococcus avium</i>	-		0	
<i>Enterococcus hirae</i>	2		0	
<i>Enterococcus faecalis</i>	2	4	0	
<i>Enterococcus faecium</i>	2	4	0	
<i>Enterococcus casseliflavus</i>			0	
<i>Enterococcus durans</i>			0	

<i>Enterococcus flavescens</i>			0	
<i>Enterococcus gallinarum</i>			0	
<i>Enterococcus mundtii</i>			0	
<i>Enterococcus raffinosus</i>			0	
<i>Enterococcus rhusiopathiae</i>			0	
<i>Escherichia coli</i>	2	4	0	
<i>Escherichia albertii</i>	2		0	
<i>Escherichia fergusonii</i>	2		0	
<i>Eubacterium endocarditidis</i>	2	4	0	
<i>Eubacterium lentum</i>	2	4	0	
<i>Eubacterium ventricosum</i>	2	4	0	
<i>Eubacterium brachy</i>			0	
<i>Eubacterium cylindroides</i>			0	
<i>Eubacterium limosum</i>			0	
<i>Eubacterium moniliforme</i>			0	
<i>Eubacterium multiforme</i>			0	
<i>Eubacterium nodatum</i>			0	
<i>Eubacterium rectale</i>			0	
<i>Eubacterium saphenum</i>			0	
<i>Eubacterium sulci</i>			0	
<i>Eubacterium tenue</i>			0	
<i>Eubacterium timidum</i>			0	
<i>Fusobacterium nucleatum</i>	2		0	
<i>Fusobacterium naviforme</i>	2		0	
<i>Fusobacterium necrophorum</i>	2		0	
<i>Fusobacterium varium</i>	2		0	
<i>Fusobacterium mortiferum</i>			0	
<i>Fusobacterium periodonticum</i>			0	
<i>Fusobacterium ulcerans</i>			0	
<i>Gardnerella vaginalis</i>			0	
<i>Gardnerella greenwoodii</i>			0	
<i>Gardnerella leopoldii</i>			0	
<i>Gardnerella pickettii</i>			0	
<i>Gardnerella piovii</i>			0	
<i>Gardnerella swidsinskii</i>			0	
<i>Klebsiella granulomatis</i>	-		0	
<i>Klebsiella ozaenae</i>	2	4	0	
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	2	4	0	
<i>Klebsiella mobilis</i>	2		0	
<i>Klebsiella oxytoca</i>	2		0	
<i>Klebsiella variicola</i>	2		0	
<i>Klebsiella rhinoscleromatis</i>	2	4	0	
<i>Klebsiella ornithinolytica</i>			0	
<i>Klebsiella aerogenes</i>			0	
<i>Megasphaera</i>			0	
<i>Megasphaera cerevisiae</i>			0	
<i>Megasphaera elsdenii</i>			0	
<i>Megasphaera hexanoica</i>			0	
<i>Megasphaera hominis</i>			0	

<i>Megasphaera indica</i>			0	
<i>Megasphaera massiliensis</i>			0	
<i>Megasphaera micronuciformis</i>			0	
<i>Megasphaera sueciensis</i>			0	
<i>Megasphaera paucivorans</i>			0	
<i>Mobiluncus</i>			0	
<i>Mobiluncus curtisii</i>			0	
<i>Mobiluncus mulieris</i>			0	
<i>Mycoplasmoides genitalium</i>			0	
<i>Mycoplasmoides pneumoniae</i>			0	
<i>Mycoplasmoides fermentans</i>			0	
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>			0	
<i>Mycoplasma genitalium</i>			0	
<i>Mycoplasma fermentans</i>			0	
<i>Mycoplasma penetrans</i>			0	
<i>Mycoplasma incognita</i>			0	
<i>Mycoplasma hominis</i>			0	
<i>Neisseria gonorrhoeae</i>			0	
<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>	2		0	
<i>Peptostreptococcus asaccharolyticus</i>			0	
<i>Peptostreptococcus lactolyticus</i>			0	
<i>Peptostreptococcus prevotii</i>			0	
<i>Peptostreptococcus vaginalis</i>	2		0	
<i>Prevotella bivia</i>			0	
<i>Prevotella buccae</i>			0	
<i>Prevotella buccalis</i>			0	
<i>Prevotella corporis</i>			0	
<i>Prevotella dentalis</i>			0	
<i>Prevotella enoeca</i>			0	
<i>Prevotella heparinolytica</i>			0	
<i>Prevotella intermedia</i>			0	
<i>Prevotella loescheii</i>			0	
<i>Prevotella melaninogenica</i>			0	
<i>Prevotella nigrescens</i>			0	
<i>Prevotella oralis</i>			0	
<i>Prevotella oris</i>			0	
<i>Prevotella oulora</i>			0	
<i>Prevotella ruminicola</i>			0	
<i>Prevotella veroralis</i>			0	
<i>Prevotella zoogloformans</i>			0	
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>			0	
<i>Pseudomonas alcaligenes</i>	-		0	
<i>Pseudomonas fluorescens</i>	2		0	
<i>Pseudomonas pseudoalcaligenes</i>			0	
<i>Pseudomonas putida</i>			0	
<i>Staphylococcus hominis</i>	2		0	
<i>Staphylococcus caprae</i>	2		0	
<i>Staphylococcus aureus</i>	2		0	
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	2		0	

<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	2		0	
<i>Staphylococcus schleiferi</i>	2		0	
<i>Staphylococcus pseudintermedius</i>	2		0	
<i>Streptococcus acidominimus</i>	2		0	
<i>Streptococcus agalactiae</i>	2		0	
<i>Streptococcus mutans</i>	2		0	
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	2		0	
<i>Streptococcus equi</i>	2		0	
<i>Streptococcus gallolyticus</i>	2		0	
<i>Streptococcus intermedius</i>	2		0	
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	2		0	
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>			0	
<i>Sneathia</i>			0	
<i>Sphingomonas</i>	-		0	
<i>Treponema</i>	-		0	
<i>Treponema pallidum</i>	2		0	
<i>Treponema vincentii</i>	2		0	
<i>Treponema socranskii</i>	2		0	
<i>Treponema denticola</i>	2		0	
<i>Treponema endemicum</i>			0	
<i>Treponema carateum</i>			0	
<i>Treponema refringens</i>			0	
<i>Treponema orale</i>			0	
<i>Ureaplasma</i>			0,95	
<i>Ureaplasma urealyticum</i>			0	
<i>Ureaplasma parvum</i>			0,74	
<i>Veillonella atypica</i>			0	
<i>Veillonella dispar</i>			0	
<i>Veillonella parvula</i>			0	

ГРИБЫ

Значение грибковой инфекции в гастроэнтерологии или переоценивается, или наоборот, не находит должной оценки. Часто имеет место явная гипердиагностика. Например, на основании наличия грибов *Candida* в посеве мазка со слизистой ротовой полости у человека без признаков стоматита, или в анализе кала “на дисбактериоз” больного с синдромом раздраженной кишки устанавливается диагноз кандидоза или даже “системного микоза”. При этом совершенно не учитывается, что грибок является комменсалом человека и широко распространен в окружающей среде (как например, *Candida*, *Aspergillus*). Всегда нужно учитывать, что **многие грибы не проявляют патогенные свойства, если организм хозяина не ослаблен**. Нарушения анатомических, физиологических и иммунологических механизмов защиты организма создают условия для развития инфекционного процесса, вызванного его собственной в обычных условиях непатогенной микрофлорой или сапрофитными микроорганизмами из окружающей среды. К условиям развития оппортунистической инфекции относятся: лечение кортикостероидами, иммунодепрессантами, антиметаболитами, антибиотиками; СПИД и другие иммунодефицитные состояния; серьезные метаболические расстройства (например, при сахарном диабете, почечной недостаточности); новообразования и противоопухолевая терапия. Грибковое поражение, в том числе и желудочно-кишечного тракта, развивающееся на фоне тяжелого заболевания, должно быть вовремя распознано и адекватно пролечено, так как эта инфекция может оказать отрицательное влияние на прогноз основного заболевания

Классификация грибов/род/вид	Класс патогенности РФ	Ваш вариант, %
------------------------------	--------------------------	----------------

Кандидоз			
<i>Candida</i>	4	0	
<i>Candida albicans</i>	3	0	
<i>Candida_athensensis</i>	4	0	
<i>Candida auris</i>	3	0	
<i>Candida crusei</i>	3	0	
<i>Candida_ethanolica</i>	4	0	
<i>Candida glabrata</i>	3	0	
<i>Candida pseudotropicalis</i>	4	0	
<i>Candida parapsilosis</i>	4	0	
<i>Candida tropicalis</i>	3	0	
<i>Candida_maltosa</i>	-	0	
<i>Candida dubliniensis</i>	4	0	
<i>Candida lisitaniae</i>	4	0	
Другие дрожжевые грибы (бывшие Candida)			
<i>Meyerozyna guilliermondii</i>		0	
<i>Pichia kudriavzevii</i>		0	
<i>Debaryomyces hansenii</i>		0	
<i>Kluyveromyces marxianus</i>		0	
Аспергиллез			
<i>Aspergillus</i>	4	0	
<i>Aspergillus flavus</i>	3	0	
<i>Aspergillus fumigatus</i>	3	0	
<i>Aspergillus terreus</i>	3	0	
<i>Aspergillus niger</i>		0	
<i>Aspergillus nidulans</i>		0	
<i>Aspergillus clavatus</i>		0	
<i>Aspergillus_wentii</i>	4	0	
<i>Aspergillus_flavipes</i>	4	0	
Малассезиоз			
<i>Malassezia</i>	4	0	
<i>Malassezia globosa</i>	4	0	
<i>Malassezia restricta</i>	4	0	
<i>Malassezia furfur</i>	4	0	

ВЫВОДЫ

	Высокий	Средний	Низкий	Отсутствие или крайне низкий
Лактобациллы				
Виды с высоким протективным потенциалом	√			
Виды с низким протективным потенциалом				√
Потенциал развития патологических состояний				
Потенциал развития бактериального вагиноза			√	
Потенциал развития инфекций мочевыделительных путей			√	
Патогенная нагрузка				
Патогенные виды бактерий				√

Бактериальная нагрузка:

1. Видовое разнообразие лактобацилл:

Преобладающий вид *Lactobacillus_ crispatus* (95%)-вид с высоким протективным эффектом

2. Бактерии, ассоциированные с бактериальным вагинозом:

Не выявлены

3. Условно-патогенные микоплазмы:

Выявлена *Ureaplasma parvum* в низком значении (0,70%)- данные бактерии колонизируют слизистую оболочку органов урогенитального тракта 40-80% здоровых людей. Чаще всего встречается бессимптомное носительство, при отсутствии симптомов, лечения не требуется.

4. Патогенные стрептококки-

Streptococcus agalactiae- не выявлен

4. Патогенная нагрузка:

Патогенные виды бактерий не обнаружены

Микотическая нагрузка

ДНК клинически значимых микотических таксонов (относительная численность $\geq 1,0\%$)

➤ Не выявлена

ДНК клинически значимых микотических таксонов (относительная численность $< 1,0\%$, но $> 0,10\%$)

➤ Не выявлена

Выявленные единичные нуклеотидные последовательности могут говорить о транзитной микробиоте или артефакте секвенирования.

Примечание:

**Метод WGS не является валидированным для диагностики инфекций.
При наличии клинической картины для верификации возбудителя необходимо
обследование стандартными диагностическими методами**

Анализ проводили:

Главный биолог:	Эйсмонт Ю.
Биоинформатик:	Данилов Л.
Зав. Лаб. Службы:	Обухова О.Ю.

Анализ интерпретировали:

Врач КЛД:	Севастенкова М.С.
-----------	-------------------



МЕТОД ИССЛЕДОВАНИЯ

Клиническое метагеномное секвенирование (WGS) — это комплексный анализ микробного и генетического материала хозяина (ДНК или РНК) в образцах.

Методы метагеномики используют для идентификации и геномной характеристики бактерий, грибов, паразитов и вирусов без необходимости предварительного знания конкретного патогена непосредственно из клинических образцов. Способность обнаруживать все потенциальные патогены в образце делает метагеномное секвенирование следующего поколения мощным инструментом в диагностике инфекционных заболеваний.

WGS является полуколичественным методом исследования.

Так как количество копий гена может отличаться в различных клетках, то в ходе анализа, может быть, не совсем корректно определено точное количество бактерий (в штуках). Для этого используется пересчет в относительную частоту встречаемости бактериальных таксонов

Преимущества метода:

Прямая идентификация микроорганизмов

Данный метод позволяет идентифицировать бактерии, археи, грибки, вирусы (ДНК-содержащие, РНК-содержащие, только в процессе репликации), простейшие (одноклеточные паразиты).

Высокое таксономическое разрешение

Данная методика позволяет идентифицировать микроорганизмы до вида и штамма.

Прогнозирование устойчивости к противомикробным препаратам¹

- Антибактериальные препараты
- Антимикотические препараты
- Противовирусные препараты

Обнаружение специфических генов²

Обнаружение детерминант вирулентности на уровне вида или штамма, таких как секреция специфических эндотоксинов или экзотоксинов

Диагностика в онкологии³

Секвенирование вирусных опухолей или анализ жидкой биопсии в онкологии могут использоваться для одновременного выявления патогена и характеристики генетических мутаций хозяина.

Ограничения метода:

Не определяет жизнеспособность микроорганизмов.

Данный метод не позволяет оценить жизнеспособность выявленных микроорганизмов, т.к. исследуется ДНК.

Пояснение

Мы ограничиваем эту интерпретацию поиском и количественной оценкой родов и видов, для которых существует научно доказанная связь⁴ с определенными патологиями и для которых, как было показано, изменения в питании и/или микроэлементах могут изменить их значимость.

Выявленное в ходе исследования ДНК патогенных микроорганизмов, следует рассматривать в контексте анамнеза и клинической картины. Микроорганизмы с высоким патогенным потенциалом нуждаются в верификации другими методами. Информация может быть передана лечащему врачу. Варианты, классифицированные по различным критериям как нейтральные, в заключение не включены.

ИНФОРМАЦИЯ, СОДЕРЖАЩАЯСЯ В ЭТОМ ДОКУМЕНТЕ, ДОЛЖНА ИНТЕРПРЕТИРОВАТЬСЯ В СВЕТЕ ЖАЛОБ И КЛИНИЧЕСКИХ ДАННЫХ ПАЦИЕНТА.

Результат исследования или любая значимая информация, полученная из заключения по данному исследованию, не является медицинским диагнозом. Рекомендации, выданные по результатам анализа, не заменяют медицинского лечения. Данное исследование не является медицинской услугой.

¹ Уточняйте покрытие и выход данных секвенирования для получения данной информации. Есть ограничения.

² Уточняйте покрытие и выход данных секвенирования для получения данной информации. Есть ограничения.

³ Уточняйте покрытие и выход данных секвенирования для получения данной информации. Есть ограничения.

⁴ Имеются научные публикации.

Таблица «Классификация патогенности»

Группа риска		Название группы риска	Оценка риска
ВОЗ	РФ		
Группа риска 1	Группа риска 4	Отсутствие или низкая индивидуальная и общественная опасность	Микроорганизм, потенциально не являющийся возбудителем заболеваний человека или животных
Группа риска 2	Группа риска 3	Умеренная индивидуальная опасность, низкая общественная опасность	Патогенный микроорганизм, который может вызвать заболевание, но не представляет серьёзного риска для персонала, населения, домашнего скота или окружающей среды. Неосторожность в лаборатории может вызвать инфекцию, однако существуют доступные лечебные и профилактические меры. Риск распространения ограничен.
Группа риска 3	Группа риска 2	Высокий индивидуальный и низкий общественный риск	Патогенный агент, который обычно вызывает серьёзное заболевание человека или животных, но, как правило, не распространяется от больного к здоровому. Существуют эффективные лечебно-профилактические процедуры.
Группа риска 4	Группа риска 1	Высокий индивидуальный и общественный риск	Патогенный агент вызывает обычно серьёзное заболевание у человека или животных и легко распространяется от больного к здоровому или опосредованно. Эффективных мер в большинстве случаев не существует.

ТАБЛИЦА 1: Классификация ВПЧ

Классификация ВПЧ		Онкогенность
Поражение слизистых	32, 42, 3, 10, 28, 29, 77, 78, 117, 125, 160, XS2, 61, 62, 72, 81, 83, 84, 86, 87, 89, 102, 114, 2, 27, 57, 7, 40, 43, 91, 4, 6, 11, 54, 71, 90, 106,	Низкая
	55, 74	Средняя
	26, 51, 69, 82, 30, 53, 56, 66, 18, 39, 45, 59, 68, 70, 85, 97, 16, 31, 33, 35, 52, 58, 67, 34, 73, 177,	Высокая
Эпителиальная гиперплазия	32, 42, 7, 40, 43, 91, 6, 11, 54,	Низкая
Веруциформная эпидермодисплазия	5, 8, 12, 14, 19, 20, 21, 24, 25, 36, 47, 93, 98, 99, 105, 118, 124, 195, 196,	Низкая
	9, 15, 17, 22, 23, 37, 38, 80, 107, 110, 113, 120, 122, 145, 151, 159, 174, 182, 209, 49, 75, 76, 115, 92, 96, 150, 185,	Средняя
Очаговая гиперплазия эпителия	13,	Средняя
Цервикальная интэраэпителиальная неоплазия	32, 42, 7, 40, 43, 91, 6, 11, 54,	Низкая
Папилломатоз гортани	32, 42, 7, 40, 43, 91, 6, 11	Низкая
	16	Высокая
Плоские бородавки	3, 10, 28, 29, 77, 78, 117, 125, 160, XS2	Низкая

Остроконечная кандилома	11	Низкая
	16	Высокая
Бородавки обыкновенные	2, 27, 57, 7, 40, 43, 91, 4, 65, 95, 173, 205, 48, 200, 50, 88, 60, 88, 103, 108, 109, 123, 134, 138, 139, 149, 155, 170, 186, 193, 112, 119, 147, 164, 168, 176, 116, 129, 121, 130, 133, 142, 180, 191, 126, 136, 140, 141, 154, 169, 171, 181, 202, 230, 127, 132, 148, 157, 158, 165, 199, 210, 128, 153, 131, 135, 146, 179, 192, 137, 144, 156, 162, 166, 161, 163, 183, 167, 172, 175, 178, 197, 184, 187, 201,	Низкая
	9, 15, 17, 22, 23, 37, 38, 80, 107, 110, 113, 120, 122, 145, 151, 159, 174, 182, 209	Средняя
Кожные поражения	5, 8, 12, 14, 19, 20, 21, 24, 25, 36, 47, 93, 98, 99, 105, 118, 124, 195, 196, 4, 65, 95, 173, 205, 48, 200, 50, 88, 60, 103, 108, 109, 123, 134, 138, 139, 149, 155, 170, 186, 193, 112, 119, 147, 164, 168, 176, 116, 129, 121, 130, 133, 142, 180, 191, 126, 136, 140, 141, 154, 169, 171, 181, 202, 230, 127, 132, 148, 157, 158, 165, 199, 210, 128, 153, 131, 135, 146, 179, 192, 137, 144, 156, 162, 166, 161, 163, 183, 167, 172, 175, 178, 197, 184, 187, 201,	Низкая
	1, 63, 204	Средняя
Поражение мягких тканей	1, 63, 204	Средняя
Злокачественные поражения мягких тканей и кожи	41	Высоких
Генитальный рак	26, 51, 69, 82, 30, 53, 56, 66, 18, 39, 45, 59, 68, 70, 85, 97, 16, 31, 33, 35, 52, 58, 67, 34, 73, 177,	Высокая
Рак шейки матки	18, 39, 45, 59, 68, 70, 85, 97, 16, 31, 33, 35, 52, 58, 67,	Высокая
Рак ротоглотки	16	Высокая
Рак кожи	9, 15, 17, 22, 23, 37, 38, 80, 107, 110, 113, 120, 122, 145, 151, 159, 174, 182, 209, 49, 75, 76, 115, 92, 96, 150, 185,	Средняя
Бовеноидный папулез	16	Высокая
Болезнь Боуэна	16	Высокая

ТИПЫ СОСТОЯНИЙ ВАГИНАЛЬНЫХ СООБЩЕСТВ

Относительное содержание преобладающих молочнокислых бактерий в здоровом влагалище определяет тип групп сообществ бактерий, известных как типы состояний сообществ (CST – community state types). CST сгруппированы как CST I, II, III, IV, V, соответственно, при этом в каждом из CST преобладают *L. Crispatus*; *L. Gasseri*; *L. Iners*; полимикробная флора, включая *Lactobacillus*; бактерии, связанные с вагинозом; и *L. Jensenii*.

Тип вагинального сообщества	Характеристика	Состояние влагалища	pH	Доминирующие таксоны
I тип	Данный CST относительно стабилен и редко переходит в патологическое состояние. В связи с беременностью, менструацией и сексуальной практикой может происходить временный переход к CST с преобладанием <i>L. iners</i> или смешанным видам <i>Lactobacillus</i> .	Здоровое/ Переходное	<pH 4.0	<i>Lactobacillus crispatus</i>
II тип	Данное CST динамичное, перехода в патологическое состояние встречается не часто. Переход в CST I типа может происходить в редких случаях во время беременности.	Здоровое/ Переходное	<pH 4.4	<i>Lactobacillus gasseri</i>
III тип	Данный CST связан с высоким исходным уровнем провоспалительных факторов, таких как MIF, IL1a, IL18, TNF-а Снижение метаболической ферментативной активности гликолиза (ALDO, DPS, GAPDH, GPI), связано с повышением pH влагалища (> pH 4.5) при патологическом состоянии CST с преобладанием <i>Lactobacillus iners</i> .	Переходное/ Болезненное	> pH 4.5	<i>Lactobacillus iners</i>
IV тип	Умеренная доля <i>Lactobacillus iners</i> Преобладание BVAB: <i>Atopobium</i> , <i>Gardnerella</i> , <i>Mobiluncus</i> , <i>Prevotella</i> , <i>Sneathia</i> . Низкая выработка молочной кислоты. Нарушение муцинового слоя под воздействием BVAB. Высокий балл по шкале Ньюджекта (>7) наряду с формированием полимикробной биопленки в эпителии влагалища. Повышенный риск ИППП, преждевременных родов, выкидыша и воспалительных заболеваний малого таза.	Болезненное	> pH 4.5	анаэробные бактерии
V тип	Данный CST стабилен, перехода в другие CST не отмечается.	Здоровое	pH 4.2	<i>Lactobacillus jensenii</i>
VI тип	Выделяется у здоровых и асимптомных людей. Возможны механизмы ингибирования вагинального патогена. Могут поддерживать здоровье влагалищной микробиоты.	Здоровое/ Переходное	> pH 4.5	<i>Lactobacillus</i> sp. (исключая <i>L. Crispatus</i> , <i>L.gasseri</i> , <i>L.iners</i> , <i>L.jensenii</i>)

Информация о пациенте

ФИО —
Дата рождения —
Пол —
Заказчик —

Информация о биологическом материале

Образец № —
Вид биоматериала Каловые массы
Дата поступления образца —
Дата выдачи результата —

МЕТАГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ WGS МИКРОБИОМ КИШЕЧНИКА: ФУНКЦИОНАЛЬНЫЙ И ПАТОГЕННЫЙ ПОТЕНЦИАЛЫ

Метагеном человека – это совокупность геномов микроорганизмов, населяющих конкретную среду обитания. Выделяют несколько основных локализаций в организме человека: ЖКТ, носоглотка, легкие; кожа, мочеполовая система, лимфатическая система.

Микробиом кишечника играет ключевую роль в вашем здоровье и влияет на многие аспекты повседневной жизни: переваривание пищи, поддержание здорового метаболизма и оптимального веса тела, регуляция иммунной, эндокринной и нервной системы, защита от патогенных микроорганизмов.

Около 70 % всех микроорганизмов, населяющих организм человека, обитают в толстой кишке. Микробиом кишечника — это самая крупная микробная экосистема в организме. Мы являемся носителями от 3 до 20 млн. генов бактерий, что в сотни раз больше набора генов человека. Поэтому микробиом сегодня называют **«вторым геномом»**.

Биоразнообразие. Многие заболевания человека возникают на фоне нарушений в составе индигенной микрофлоры. Поэтому исследования микробиома организма является актуальной и жизненно важной медикобиологической задачей.

Биоразнообразие является ключевым признаком стабильности. Внешние факторы, такие как инфекции, плохое питание, антибиотики, длительный стресс могут привести к исчезновению одного или нескольких ключевых родов и видов. Если у вас высокое биоразнообразие, то включаются механизмы регуляции и компенсации, другие роды и виды возьмут на себя функции обедневших или исчезнувших бактерий. Ключевые функции микробиома не страдают

ИНДЕКС БИОРАЗНООБРАЗИЯ

	Оптимальный (по возрасту)				Ваш вариант
	0-1 г.	2-7 лет	8-17 лет	18-65+ лет	
По Шеннону	1.5-2	2-3,5	3.4-5,1	3,8 -5,1	3,73
По Пиелу	-	-	Более 0,4		0,40

СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ РОДОВ БАКТЕРИЙ ТОП-100

Классификация	Доля %	Классификация	Доля %	Классификация	Доля %
Phocaeicola	32,25	Lachnoclostridium	0,09	Thomasclavelia	0,03
Bacteroides	19,55	Lawsonibacter	0,08	Mailhella	0,02
Faecalibacterium	10,30	Oscillibacter	0,08	Bradyrhizobium	0,02
Agathobacter	4,99	Wujia	0,08	Rothia	0,02
Alistipes	4,67	Veillonella	0,08	Marvinbryantia	0,02
Lachnospira	4,04	Pseudomonas	0,07	Corynebacterium	0,02
Bifidobacterium	2,53	Anaerostipes	0,07	Hymenobacter	0,02
Parabacteroides	2,08	Clostridioides	0,07	Acinetobacter	0,02
Roseburia	1,96	Sellimonas	0,07	Treponema	0,02
Ruminococcus	1,42	Dialister	0,07	Aristaeella	0,02
Paraprevotella	1,27	Flavobacterium	0,06	Sphingobacterium	0,02
Mediterraneibacter	1,24	Prevotella	0,06	Caproicibacterium	0,02
Coprococcus	1,10	Akkermansia	0,06	Acidaminococcus	0,02
Blautia	0,89	Segatella	0,06	Fusobacterium	0,02
Streptococcus	0,75	Lacrimispora	0,06	Campylobacter	0,02
Dorea	0,57	Solibaculum	0,06	Microbacterium	0,02
Sutterella	0,56	Bacillus	0,06	Polaribacter	0,02
Odoribacter	0,55	Romboutsia	0,05	Micromonospora	0,02
Butyricimonas	0,49	Eshraghiella	0,05	Gordonibacter	0,02
Vescimonas	0,39	Phascolarctobacterium	0,05	Clavellimonas	0,02
Collinsella	0,39	Pusillibacter	0,05	Christensenella	0,02
Subdoligranulum	0,33	Intestinimonas	0,05	Pseudoflavonifractor	0,02
Faecalibacillus	0,30	Dysosmobacter	0,04	Pedobacter	0,02
Escherichia	0,29	Anaerotruncus	0,04	Flintibacter	0,02
Clostridium	0,29	Enterococcus	0,04	Porphyromonas	0,02
Simiaoa	0,24	Holdemania	0,04	Lactobacillus	0,02
Eubacterium	0,19	Hungatella	0,04	Chitinophaga	0,01
Barnesiella	0,17	Staphylococcus	0,03	Sphingomonas	0,01
Coprobacter	0,16	Eisenbergiella	0,03	Mucilaginibacter	0,01
Streptomyces	0,16	Chryseobacterium	0,03	Rhizobium	0,01
Enterocloster	0,14	Anaerocolumna	0,03	Burkholderia	0,01
Flavonifractor	0,14	Haemophilus	0,03	Mycolicibacterium	0,01
Ruthenibacterium	0,10	Vibrio	0,03		
Paenibacillus	0,10	Butyrivibrio	0,03		
Anaerobutyricum	0,09				

СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ ВИДОВ БАКТЕРИЙ ТОП-100

Классификация	Доля %	Классификация	Доля %	Классификация	Доля %
Phocaeicola	31,49	communis		Faecalibacterium	0,22
vulgatus		Faecalibacterium	0,55	sp. I2-3-92	
[Eubacterium]	5,85	sp. I4-1-79		Bacteroides faecis	0,22
rectale		Parabacteroides	0,48	Faecalibacterium	0,21
Bacteroides	5,46	distasonis		sp. IP-3-29	
uniformis		Butyricimonas	0,46	Alistipes ihumii	0,21
Lachnospira	4,74	paravirosa		[Ruminococcus]	0,20
eligens		Alistipes dispar	0,43	lactaris	
Faecalibacterium	4,71	Faecalibacterium	0,43	Faecalibacterium	0,19
prausnitzii		duncaniae		sp. I4-3-84	
Bacteroides	2,76	Streptococcus	0,42	Faecalibacterium	0,18
stercoris		thermophilus		sp. i21-0019-B1	
Phocaeicola dorei	2,64	Alistipes	0,39	Faecalibacterium	0,16
Bacteroides	1,61	senegalensis		sp. HTF-F	
eggerthii		Bifidobacterium	0,39	Flavonifractor	0,16
Bacteroides	1,55	longum		plautii	
finegoldii		Vescimonas	0,38	uncultured	0,16
Ruminococcus	1,47	coprocola		Subdoligranulum	
bicirculans		Collinsella	0,37	sp.	
Bacteroides	1,30	aerofaciens		Parabacteroides	0,15
ovatus		Roseburia hominis	0,37	sp. AD58	
Bacteroides	1,27	[Ruminococcus]	0,37	Subdoligranulum	0,15
thetaitaomicron		gnavus		variabile	
Paraprevotella	1,22	Dorea	0,37	Streptococcus	0,15
clara		formicigenerans		salivarius	
Bifidobacterium	1,16	Alistipes	0,36	Bifidobacterium	0,14
adolescentis		onderdonkii		pseudocatenulatu	
Parabacteroides	1,15	Parabacteroides	0,35	m	
merdae		johnsonii		Phocaeicola	0,13
Alistipes shahii	1,10	Faecalibacillus	0,35	coprophilus	
Coprococcus	1,07	intestinalis		Faecalibacterium	0,13
comes		Alistipes megaguti	0,34	sp. i25-0019-C1	
Roseburia faecis	0,91	Bacteroides	0,34	Coprobacter	0,12
[Ruminococcus]	0,82	cellulosilyticus		secundus	
torques		Blautia obeum	0,33	Bacteroides	0,12
uncultured	0,76	Escherichia coli	0,32	intestinalis	
Alistipes sp.		Blautia wexlerae	0,31	Faecalibacterium	0,12
Roseburia	0,73	Faecalibacterium	0,29	sp. IP-1-18	
intestinalis		taiwanense		Bacteroides sp.	0,11
Bacteroides	0,72	Dorea longicatena	0,29	M10	
xylanisolvans		Simiaoa sunii	0,29	Bacteroides	0,11
Bacteroides	0,71	Faecalibacterium	0,26	humanifaecis	
fragilis		sp. I3-3-89		Anaerobutyricum	0,11
Sutterella	0,66	Alistipes finegoldii	0,25	hallii	
wadsworthensis		Faecalibacterium	0,24	Eubacterium	0,11
Odoribacter	0,64	sp. I3-3-33		ramulus	
splanchnicus		Paraprevotella	0,22	Blautia luti	0,10
Alistipes	0,63	xylaniphila		Bacteroides	0,10

Классификация	Доля %
zhangwenhongii	
Lawsonibacter asaccharolyticus	0,10
Coprococcus sp. ART55/1	0,10
Wujia chipingensis	0,10
Bacteroides luhongzhouii	0,09
Alistipes sp. i18-0019-D1	0,09
Barnesiella sp. An22	0,09
Bacteroides salyersiae	0,09

Классификация	Доля %
Clostridioides difficile	0,08
Bacteroides caccae	0,08
Bacteroides sp. DH3716P	0,08
Bacteroides sp. A1C1	0,08
Coprococcus catus	0,08
Bacteroides faecium	0,08
Roseburia sp. NSJ-69	0,08

Классификация	Доля %
Eubacterium ventriosum	0,07
Coprobacter fastidiosus	0,07
[Clostridium] scindens	0,07
Bacteroides sp. D2	0,07
Enterocloster clostridioformis	0,07
Barnesiella viscericola	0,07
Ruthenibacterium lactatiformans	0,07
Bacteroides nordii	0,07

СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ РОДОВ ГРИБОВ ТОП-50

Классификация	Доля %
Saccharomyces	0,08
Rhizophagus	0,01
Fusarium	0,007
Kwoniella	0,006
Aspergillus	0,004
Cryptococcus	0,004
Colletotrichum	0,003
Puccinia	0,003
Pyricularia	0,002
Candida	0,002
Trichoderma	0,002
Botrytis	0,001
Talaromyces	0,001
Penicillium	0,001
Thermothielavio	0,001
Neurospora	0,001
Vairimorpha	0,001

Классификация	Доля %
Ascochyta	0,001
Brettanomyces	0,001
Naumovozyma	0,001
Psilocybe	0,001
Drechmeria	0,001
Ustilaginoidea	0,001
Tetrapisispora	0,001
Pochonia	0,001
Kazachstania	0,0009
Nakaseomyces	0,0009
Zygorhizoglyphus	0,0008
Lodderomyces	0,0008
Podospora	0,0008
Schizosaccharomyces	0,0008
Pyrenophora	0,0008
Debaryomyces	0,0007
Coccidioides	0,0007

Классификация	Доля %
Yarrowia	0,0007
Thermothelomyces	0,0006
Cercospora	0,0006
Saccharomyces	0,0006
Akanthomyces	0,0006
Eremothecium	0,0006
Malassezia	0,0006
Torulaspora	0,0006
Zymoseptoria	0,0006
Marasmius	0,0006
Purpureocillium	0,0005
Lachancea	0,0005
Metarhizium	0,0005
Sordaria	0,0005
Kluyveromyces	0,0005
Fulvia	0,0005

СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ ВИДОВ ГРИБОВ ТОП-50

Классификация	Доля %
Saccharomyces cerevisiae	0,09
Rhizophagus irregularis	0,01
Cryptococcus neoformans	0,002

Классификация	Доля %
Puccinia striiformis	0,002
Botrytis cinerea	0,002
Puccinia triticina	0,002

Классификация	Доля %
Kwoniella pini	0,001
Thermothielavio	0,001
Neurospora crassa	0,001

Классификация	Доля %	Классификация	Доля %	Классификация	Доля %
Tetrapisispora blattae	0,001	Pochonia chlamydosporia	0,001	Kwoniella shivajii	0,0008
Fusarium graminearum	0,001	Kazachstania africana	0,001	Talaromyces marneffeii	0,0008
Kwoniella dendrophila	0,001	Colletotrichum higginsianum	0,001	Trichoderma atroviride	0,0008
Vairimorpha necatrix	0,001	Nakaseomyces glabratus	0,001	Debaryomyces hansenii	0,0008
Colletotrichum lupini	0,001	Kwoniella botswanensis	0,001	Coccidioides posadasii	0,0008
Fusarium oxysporum	0,001	Zygorhizus a mrakii	0,001	Saccharomyces paradoxus	0,0008
Cryptococcus gattii VGIV/VGIIIc	0,001	Pyricularia grisea	0,001	Yarrowia lipolytica	0,0008
Ascochyta rabiei	0,001	Kwoniella dejecticola	0,001	Fusarium falciforme	0,0008
Fusarium poae	0,001	Pyrenophora tritici-repentis	0,001	Thermothelomyces thermophilus	0,0008
Psilocybe cubensis	0,001	Aspergillus nidulans	0,001	Lodderomyces elongisporus	0,0008
Pyricularia pennisetigena	0,001	Candida albicans	0,0009	Cercospora beticola	0,0008
Drechmeria coniospora	0,001	Talaromyces rugulosus	0,0009	Saccharomyces ludwigii	0,0008
Ustilaginoidea virens	0,001	Saccharomyces kudriavzevii	0,0009	Akanthomyces muscarius	0,0007
Tetrapisispora phaffii	0,001	Candida dubliniensis	0,0008		

СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ РОДОВ АРХЕЙ ТОП-20

Классификация	Доля %	Классификация	Доля %
Methanosarcina	0,004	Methanobacterium	0,002
Methanobrevibacter	0,004	Natrinema	0,002
Thermococcus	0,002	Nitrosopumilus	0,002
Methanohalobium	0,002	Acidianus	0,002
Halobaculum	0,002	Haloarcula	0,002

СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ ВИДОВ АРХЕЙ ТОП-20

Классификация	Доля %
Methanobrevibacter arboriphilus	0,001
Methanosarcina barkeri	0,001

ФУНКЦИОНАЛЬНОСТЬ МИКРОБИОТЫ

СООТНОШЕНИЕ ТИПОВ БАКТЕРИЙ

Состав наших кишечных микробов прямо и косвенно влияет на наше состояние здоровья. Штаммы доминирующих бактерий кишечной флоры человека на уровне *Bacillota* и *Bacteroides*, на субдоминантных уровнях, Представители актинобактерий, фузобактерий и веррукомикробий. Высокий коэффициент обычно сочетается с более низким индексом массы тела, в то время как низкий показатель обычно является ожирением. Диета с высоким содержанием клетчатки увеличивается, в то время как диета с высоким содержанием белка и жира обычно снижает этот показатель.

Соотношение	Оптимум	Ваш вариант
<i>Bacteroides fragilis/Faecalibacterium prausnitzii</i>	Не более 1,3	0,15

ПРОТИВОСПАЛИТЕЛЬНЫЙ ПОТЕНЦИАЛ¹

Бактерия род/вид		Ваш вариант	
Firmicutes	<i>Roseburia</i>	1,96	36,00
	<i>Roseburia hominis</i>	0,37	
	<i>Faecalibacterium</i>	10,30	
	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i>	4,71	
	<i>Lactobacillus</i>	0,02	
	<i>Lactococcus</i>	0,009	
	<i>Leuconostoc</i>	0,003	
	<i>Streptococcus thermophilus</i>	0,42	
	<i>Pediococcus</i>	0,002	
	<i>Ruminococcus</i>	1,42	
	<i>Eubacterium</i>	0,19	
	<i>Coprococcus</i>	1,10	
	<i>Enterococcus durans</i>	0,001	
Bacteroidetes	<i>Bacteroides xylanisolvens</i>	0,72	
	<i>Bacteroides vulgatus</i>	0	
	<i>Bacteroides uniformis</i>	5,46	
	<i>Bacteroides dorei</i>	0	
	<i>Bacteroides stercoris</i>	2,76	
	<i>Bacteroides coprocola</i>	0	
	<i>Bacteroides finegoldii</i>	1,55	
	<i>Bacteroides intestinalis</i>	0,12	
	<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	1,27	
	<i>Parabacteroides distasonis</i>	0,48	
	<i>Candidatus arthromitus</i>	0	
Proteobacteria	<i>Escherichia</i>	0,29	
	<i>Escherichia coli</i>	0,32	
	<i>Wolinella</i>	0,0001	

¹ Апатогенные, проявляющие защитные, регуляторные и пробиотические свойства

Actinobacteria	Bifidobacterium	2,53	
-----------------------	------------------------	------	--

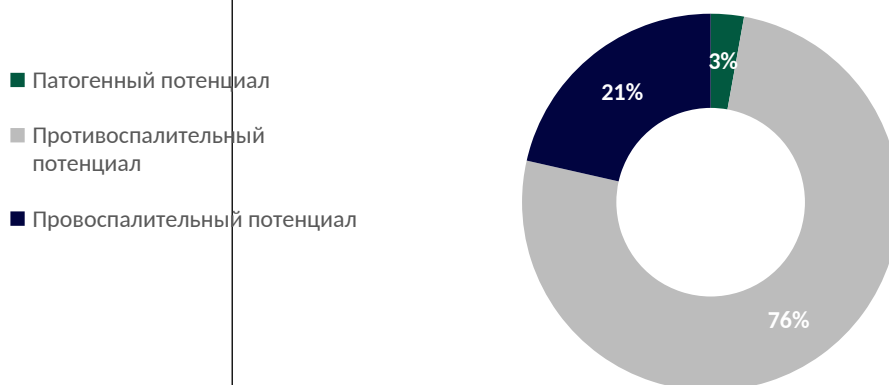
ПРОВОСПАЛИТЕЛЬНЫЙ ПОТЕНЦИАЛ²

Бактерия род/вид		Ваш вариант	
Firmicutes	Staphylococcus	0,03	10,20
	Listeria	0,006	
	Streptococcus pyogenes	0,002	
	Streptococcus pneumoniae	0,005	
	Enterococcus faecalis	0,006	
	Enterococcus faecium	0,01	
	Blautia	0,89	
	Parvimonas micra	0,003	
	Veillonella	0,08	
	Peptococcus	0	
	Lachnoclostridium	0,09	
	Prevotella	0,06	
Bacteroidetes	Alistipes	4,67	
	Bacteroides fragilis	0,71	
	Bacteroides helcogenes	0,04	
	Bacteroides salanitronis	0	
	Parabacteroides	2,08	
	Barnesiella intestinihominis	0	
	Sutterella	0,56	
Proteobacteria	Edwardsiella	0,001	
	Enterobacter	0,01	
	Bilophila	0	
	Pseudomonas	0,07	
	Klebsiella	0,01	
	Citrobacter	0,009	
	Serratia	0,007	
	Cronobacter	0,002	
	Escherichia	0,29	
	Campylobacter	0,02	
	Sulfurospirillum	0,003	
	Pasteurellaceae	0	
	Burkholderia	0,01	
	Haemophilus	0,03	
	Atopobium	0,001	
Actinobacteria	Atopobium species	0	
	Propionibacterium	0,0008	
	Collinsella	0,39	

² Сапрофитные и условно-патогенные, проявляющие протеолитические, гемолитические свойства, способность к продукции токсических факторов

	<i>Collinsella intestinales</i>	0	
<i>Verrucomicrobia</i>	<i>Akkermansia</i>	0,06	
<i>Euryarchaeota</i>	<i>Methanobrevibacter</i>	0,004	
<i>Fusobacteria</i>	<i>Fusobacterium</i>	0,02	

ПОТЕНЦИАЛ КИШЕЧНЫХ БАКТЕРИАЛЬНЫХ ТАКСОНОВ



ПОТЕНЦИАЛ МИКРОБИОТЫ К МЕТАБОЛИЗМУ

БАКТЕРИИ-ПРОИЗВОДИТЕЛИ БУТИРАТА

БАКТЕРИЯ	СРЕДНЕЕ ЗНАЧЕНИЕ ³ , %	ВАШ ВАРИАНТ, %	
<i>Roseburia</i>	0,24-1,18	1,96	
<i>Roseburia hominis</i>	0,0001-0,01	0,37	
<i>Roseburia intestinalis</i>	0,0001-0,01	0,73	
<i>Roseburia inulinivorans</i>	0,0001-0,16	0	
<i>Faecalibacterium</i>	4,01-8,90	10,30	
<i>Faecalibacterium_prausnitzii</i>	1,60-5,77	4,71	
<i>Eubacterium</i>	0,0001-0,01	0,19	
<i>Coprococcus</i>	0,02-0,66	1,10	
<i>Coprococcus_catus</i>	0,0001-0,008	0,08	
<i>Coprococcus_comes</i>	0,0001-0,16	1,07	
<i>Coprococcus_eutactus</i>	0,0001-0,01	0,03	
<i>Anaerostipes</i>	0,02-0,12	0,07	
<i>Anaerostipes hadrus</i>	0,0001-0,08	0,07	
<i>Subdoligranulum</i>	0,73-2,42	0,33	
<i>Butyricimonas</i>	0,0001-0,46	0,49	
<i>Butyricimonas_synergistica</i>	0,0001-0,01	0	

³ Среднее значение по базе данных лаборатории Сербалаб

<i>Butyricimonas virosa</i>	0,0001-0,01	0,05	
<i>Butyrivibrio</i>	0,0001-0,01	0,03	
<i>Butyricoccus</i>	0,05-0,22	0,0004	
<i>Flavonifractor</i>	0,004-0,09	0,14	
<i>Flavonifractor plautii</i>	0,0001-0,04	0,16	
<i>Odoribacter</i>	0,14-0,71	0,55	
<i>Odoribacter splanchnicus</i>	0,09-0,52	0,64	
<i>Lachnospira</i>	0,45-2,04	4,04	
<i>Lachnospira_pectinoschiza</i>	0,05-0,56	0	
<i>Agathobacter</i>	0,25-2,14	4,99	
<i>Agathobacter faecis</i>	0.21-3	0	
<i>Agathobacter rectale</i>	0.21-3	0	

БАКТЕРИИ ПРОИЗВОДИТЕЛИ АЦЕТАТА

БАКТЕРИЯ	СРЕДНЕЕ ЗНАЧЕНИЕ ⁴ , %	ВАШ ВАРИАНТ, %	
<i>Alistipes</i>	1,05-4,44	4,67	
<i>Alistipes_finegoldii</i>	0,0001-0,07	0,25	
<i>Alistipes_ihumii</i>	0,0001-0,01	0,21	
<i>Alistipes_indistinctus</i>	0,0001-0,008	0,03	
<i>Alistipes_inops</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Alistipes_massiliensis</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Alistipes_obesi</i>	0,0001-0,19	0	
<i>Alistipes_putredinis</i>	0,0001-1,36	0	
<i>Alistipes_senegalensis</i>	0,0001-0,01	0,39	
<i>Alistipes_shahii</i>	0,0001-0,14	1,10	
<i>Alistipes_timonensis</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Bacteroides</i>	8,18-24,29	19,55	
<i>Bacteroides_thetaiotaomicron</i>	0,0001-0,14	1,27	
<i>Bacteroides uniformis</i>	0,29-2,35	5,46	
<i>Bacteroides vulgatus</i>	0,36-5,45	0	
<i>Dorea</i>	0,10-0,40	0,57	
<i>Dorea formicigenerans</i>	0,0001-0,06	0,37	
<i>Dorea longicatena</i>	0,04-0,26	0,29	

⁴ Среднее значение по базе данных лаборатории Сербалаб

Blautia	0,25-1,06	0,89	
Blautia wexlerae	0.001-0.02	0,31	
Blautia massiliensis	0,0001-0,04	0,001	
Blautia obeum	0,0001-0,07	0,33	
Prevotella	0,0001-3,35	0,06	
Phascolarctobacterium	0,0001-2,47	0,05	
Anaerostipes	0,02-0,12	0,07	
Anaerostipes hadrus	0,0001-0,08	0,07	
Barnesiella	0,0001-1,40	0,17	
Barnesiella_intestinihominis	0,0001-0,01	0	
Bifidobacterium	0,12-2,58	2,53	
Bifidobacterium longum	0,0001-0,53	0,39	
Odoribacter	0,14-0,71	0,55	
Odoribacter_splanchnicus	0,09-0,52	0,64	
Parabacteroides	0,58-2,46	2,08	
Parabacteroides_distasonis	0,0001-0,34	0,48	
Parabacteroides_merdae	0,0001-0,91	1,15	
Roseburia	0,24-1,18	1,96	
Roseburia hominis	0,0001-0,01	0,37	
Ruminococcus	0,17-1,64	1,42	
Ruminococcus_bicirculans	0,0001-0,01	1,47	
Ruminococcus bromii	0,0001-0,14	0	

БАКТЕРИИ-ПРОИЗВОДИТЕЛИ ПРОПИОНАТА

БАКТЕРИЯ	СРЕДНЕЕ ЗНАЧЕНИЕ ⁵ , %	ВАШ ВАРИАНТ, %	
Akkermansia	0,0001-3,00	0,06	
Akkermansia muciniphila	0,0001-0,59	0,06	
Bacteroides	8,18-24,29	19,55	
Bacteroides caccae	0,0001-0,62	0,08	
Bacteroides faecis	0,0001-0,01	0,22	
Bacteroides fragilis	0,0001-0,25	0,71	
Bacteroides ovatus	0,0001-0,06	1,30	
Bacteroides_thetaiotaomicron	0,0001-0,14	1,27	

⁵ Среднее значение по базе данных лаборатории Сербалаб

<i>Bacteroides_xylanisolvens</i>	0.001-0.02	0,72	
<i>Blautia</i>	0,25-1,06	0,89	
<i>Blautia obeum</i>	0,0001-0,07	0,33	
<i>Clostridium</i>	0-0	0,29	
<i>Clostridium symbiosum</i>	0-0	0	
<i>Coprococcus</i>	0,02-0,66	1,10	
<i>Coprococcus catus</i>	0,0001-0,008	0,08	
<i>Escherichia</i>	0,02-0,47	0,29	
<i>Flavonifractor</i>	0,004-0,09	0,14	
<i>Flavonifractor plautii</i>	0,0001-0,04	0,16	
<i>Klebsiella</i>	0,0001-0,01	0,01	
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0,0001-0,01	0,003	
<i>Megamonas</i>	0,0001-0,01	0,005	
<i>Megamonas funiformis</i>	0,0001-0,01	0,002	
<i>Parabacteroides</i>	0,58-2,46	2,08	
<i>Parabacteroides_goldsteinii</i>	0,0001-0,01	0,04	
<i>Peptostreptococcus</i>	0,0001-0,01	0,001	
<i>Peptostreptococcus_anaerobius</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Veillonella</i>	0,0001-0,08	0,08	
<i>Veillonella dispar</i>	0,0001-0,01	0,006	

БАКТЕРИИ, ПРОДУЦЕНТЫ ЛАКТАТА

БАКТЕРИЯ	СРЕДНЕЕ ЗНАЧЕНИЕ ⁶ , %	ВАШ ВАРИАНТ, %	
<i>Alistipes</i>	1,05-4,44	4,67	
<i>Alistipes_obesi</i>	0,0001-0,19	0	
<i>Alistipes onderdonkii</i>	0,0001-0,1	0,36	
<i>Alistipes_shahii</i>	0,0001-0,14	1,10	
<i>Alistipes_putredinis</i>	0,0001-1,36	0	
<i>Agathobacter</i>	0,25-2,14	4,99	
<i>Agathobacter rectale</i>	0.21-3	0	
<i>Bacteroides</i>	8,18-24,29	19,55	
<i>Bacteroides ovatus</i>	0,0001-0,06	1,30	
<i>Bacteroides_thetaiotaomicron</i>	0,0001-0,14	1,27	

⁶ Среднее значение по базе данных лаборатории Сербалаб

<i>Bacteroides uniformis</i>	0,29-2,35	5,46	
<i>Bacteroides vulgatus</i>	0,36-5,45	0	
<i>Blautia</i>	0,25-1,06	0,89	
<i>Blautia obeum</i>	0,0001-0,07	0,33	
<i>Blautia wexlerae</i>	0.001-0.02	0,31	
<i>Blautia massiliensis</i>	0,0001-0,04	0,001	
<i>Bifidobacterium</i>	0,12-2,58	2,53	
<i>Coprococcus</i>	0,02-0,66	1,10	
<i>Coprococcus_comes</i>	0,0001-0,16	1,07	
<i>Dorea</i>	0,10-0,40	0,57	
<i>Dorea formicigenerans</i>	0,0001-0,06	0,37	
<i>Eubacterium halii</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Enterococcus</i>	0,0001-0,01	0,04	
<i>Lactobacillus</i>	0,0001-0,01	0,02	
<i>Lactococcus</i>	0,0001-0,003	0,009	
<i>Leuconostoc</i>	0,0001-0,01	0,003	
<i>Odoribacter</i>	0,14-0,71	0,55	
<i>Odoribacter_splanchnicus</i>	0,09-0,52	0,64	
<i>Parabacteroides</i>	0,58-2,46	2,08	
<i>Parabacteroides_distasonis</i>	0,0001-0,34	0,48	
<i>Streptococcus</i>	0,08-0,55	0,75	

БАКТЕРИИ, ПРОДУЦЕНТЫ ГАВА

БАКТЕРИЯ	СРЕДНЕЕ ЗНАЧЕНИЕ ⁷ , %	ВАШ ВАРИАНТ, %	
<i>Akkermansia</i>	0,0001-3,00	0,06	
<i>Akkermansia muciniphila</i>	0,0001-0,59	0,06	
<i>Alistipes</i>	1,05-4,44	4,67	
<i>Alistipes_finegoldii</i>	0,0001-0,07	0,25	
<i>Alistipes onderdonkii</i>	0,0001-0,1	0,36	
<i>Alistipes_obesi</i>	0,0001-0,19	0	
<i>Alistipes_shahii</i>	0,0001-0,14	1,10	
<i>Alistipes_putredinis</i>	0,0001-1,36	0	
<i>Alistipes_indistinctus</i>	0,0001-0,008	0,03	

⁷ Среднее значение по базе данных лаборатории Сербалаб

<i>Barnesiella</i>	0,0001-1,40	0,17	
<i>Bacteroides caccae</i>	0,0001-0,62	0,08	
<i>Bacteroides_thetaiotaomicron</i>	0,0001-0,14	1,27	
<i>Bacteroides_xylanisolvens</i>	0.001-0.02	0,72	
<i>Bacteroides uniformis</i>	0,29-2,35	5,46	
<i>Eggerthella lenta</i>	0,0001-0,02	0,006	
<i>Escherichia coli</i>	0.002-0.10	0,32	
<i>Odoribacter_splanchnicus</i>	0,09-0,52	0,64	
<i>Parabacteroides</i>	0,58-2,46	2,08	
<i>Parabacteroides_distasonis</i>	0,0001-0,34	0,48	
<i>Parabacteroides_merdae</i>	0,0001-0,91	1,15	

БАКТЕРИИ, УТИЛИЗИРУЮЩИЕ ОКСАЛАТЫ

БАКТЕРИЯ	СРЕДНЕЕ ЗНАЧЕНИЕ ⁸ , %	ВАШ ВАРИАНТ, %	
<i>Oxalobacter</i>	0,0001-0,01	0,01	
<i>Anaerostipes</i>	0,02-0,12	0,07	
<i>Cloacibacillus</i>	0,0001-0,01	0,002	

БАКТЕРИИ, ПРЕПЯТСТВУЮЩИЕ КОЛОНИЗАЦИИ ПАТОГЕННЫМИ ВНУТРЕБОЛЬНИЧНЫМИ ЭНТЕРОКОККАМИ

БАКТЕРИЯ	СРЕДНЕЕ ЗНАЧЕНИЕ, %	ВАШ ВАРИАНТ, %	
<i>Barnesiella</i>	0,0001-1,40	0,17	

АРХЕИ, ПРОДУЦЕНТЫ МЕТАНА

БАКТЕРИЯ	СРЕДНЕЕ ЗНАЧЕНИЕ ⁹ , %	ВАШ ВАРИАНТ, %	
<i>Methanobrevibacter</i>	0,0001-0,005	0,004	
<i>Methanosphaera</i>	0,0001-0,01	0,001	
<i>Methanomassiliicoccus</i>	0,0001-0,01	0,00008	

БАКТЕРИИ, ПРОДУЦЕНТЫ АММИАКА¹⁰

БАКТЕРИЯ	СРЕДНЕЕ ЗНАЧЕНИЕ %	ВАШ ВАРИАНТ, %	
<i>Alistipes</i>	1,05-4,44	4,67	
<i>Alistipes_finegoldii</i>	0,0001-0,07	0,25	

⁸ Среднее значение по базе данных лаборатории Сербалаб

⁹ Среднее значение по базе данных лаборатории Сербалаб

¹⁰ **Производство аммиака** — это нормальный способ, которым бактерии перерабатывают белок в кишечнике. Однако избыточное производство аммиака может приводить к нарушению барьерной функции кишечника и воспалительным процессам в кишечнике.

<i>Bilophila</i>	0,05-0,36	0	
<i>Bilophila wadsworthia</i>	0,02-0,30	0	
<i>Blautia</i>	0,25-1,06	0,89	
<i>Blautia producta</i>	0,0001-0,01	0,004	
<i>Blautia wexlerae</i>	0.001-0.02	0,31	
<i>Citrobacter</i>	0,0001-0,01	0,009	
<i>Citrobacter freundii</i>	0,0001-0,01	0,0006	
<i>Clostridium</i>	0-0	0,29	
<i>Clostridium saudiense</i>	0-0	0	
<i>Comamonas</i>	0,0001-0,01	0,004	
<i>Comamonas kerstersii</i>	0-0	0	
<i>Desulfovibrio</i>	0,0001-0,02	0,01	
<i>Desulfovibrio_desulfuricans</i>	0,0001-0,01	0,003	
<i>Enterobacter</i>	0,0001-0,01	0,01	
<i>Enterobacter_himalayensis</i>	0-0	0	
<i>Haemophilus</i>	0,0001-0,07	0,03	
<i>Haemophilus_parainfluenzae</i>	0,0001-0,01	0,03	
<i>Klebsiella</i>	0,0001-0,01	0,01	
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0,0001-0,01	0,003	
<i>Odoribacter</i>	0,14-0,71	0,55	
<i>Odoribacter laneus</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Odoribacter_splanchnicus</i>	0,09-0,52	0,64	
<i>Roseburia</i>	0,24-1,18	1,96	
<i>Roseburia intestinalis</i>	0,0001-0,01	0,73	
<i>Ruminococcus</i>	0,17-1,64	1,42	
<i>Ruminococcus_bicirculans</i>	0,0001-0,01	1,47	
<i>Streptococcus</i>	0,08-0,55	0,75	
<i>Streptococcus salivarius</i>	0,0001-0,01	0,15	
<i>Streptococcus_thermophilus</i>	0.001-0.50	0,42	
<i>Streptococcus_vestibularis</i>	0.001-0.50	0,004	
<i>Victivallis</i>	0,0001-0,05	0	
<i>Victivallis vadensis</i>	0,0001-0,01	0	

БАКТЕРИИ, ПРОДУЦЕНТЫ ТМА¹¹

БАКТЕРИЯ	СРЕДНЕЕ ЗНАЧЕНИЕ ¹² , %	ВАШ ВАРИАНТ, %	
<i>Bilophila</i>	0,05-0,36	0	
<i>Bilophila wadsworthia</i>	0,02-0,30	0	
<i>Blautia</i>	0,25-1,06	0,89	
<i>Blautia producta</i>	0,0001-0,01	0,004	
<i>Clostridium_asparagiforme</i>	0-0	0	
<i>Clostridium bolteae</i>	0-0	0	
<i>Clostridium citroniae</i>	0-0	0	
<i>Clostridium_clostridioforme</i>	0-0	0	
<i>Clostridium symbiosum</i>	0-0	0	
<i>Collinsella</i>	0,03-1,33	0,39	
<i>Collinsella_bouchesdurhonensis</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Coprococcus</i>	0,02-0,66	1,10	
<i>Coprococcus comes</i>	0,0001-0,16	1,07	
<i>Desulfovibrio</i>	0,0001-0,02	0,01	
<i>Desulfovibrio_fairfieldensis</i>	0,0001-0,01	0,001	
<i>Dorea</i>	0,10-0,40	0,57	
<i>Dorea longicatena</i>	0,04-0,26	0,29	
<i>Escherichia</i>	0,02-0,47	0,29	
<i>Escherichia coli</i>	0.002-0.10	0,32	
<i>Escherichia flexneri</i>	0.001-0.50	0	
<i>Hungatella hathewayi</i>	0,0001-0,01	0,04	
<i>Klebsiella</i>	0,0001-0,01	0,01	
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0,0001-0,01	0,003	
<i>Lachnoclostridium</i>	0,13-0,54	0,09	

¹¹ **Триметиламин** — это соединение, производимое некоторыми кишечными бактериями при переработке L-карнитина и холина, которое окисляется в печени до триметиламин-п-оксида (ТМАО). Повышенный уровень ТМАО является фактором риска развития метаболических нарушений, сердечно-сосудистых заболеваний, атеросклеротических изменений, сахарного диабета 2 типа.

¹² Среднее значение по базе данных лаборатории Сербалаб

<i>Parasutterella</i>	0,01-0,65	0	
<i>Parasutterella excrementihomini</i>	0.001-0.30	0	
<i>Peptostreptococcus</i>	0,0001-0,01	0,001	
<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Phoceia</i>	0,0001-0,001	0	
<i>Phoceia massiliensis</i>	0,0001-0,01	0	

БАКТЕРИИ, ПРОДУЦЕНТЫ ГИСТАМИНА¹³

БАКТЕРИЯ	СРЕДНЕЕ ЗНАЧЕНИЕ ¹⁴ , %	ВАШ ВАРИАНТ, %	
<i>Bacteroides fragilis</i>	0,0001-0,25	0,71	
<i>Bacteroides nordii</i>	0,0001-0,01	0,07	
<i>Bacteroides oleiciplenus</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Bacteroides salyersiae</i>	0,0001-0,01	0,09	
<i>Bacteroides_stercorisoris</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Clostridium</i>	0,0001-0,01	0,29	
<i>Clostridium perfringens</i>	0,0001-0,01	0,02	
<i>Citrobacter freundii</i>	0,0001-0,01	0,0006	
<i>Eggerthella</i>	0,0001-0,02	0,01	
<i>Eggerthella lenta</i>	0,0001-0,02	0,006	
<i>Eggerthella timonensis</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Enterobacter aerogenes</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Escherichia coli</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Fusobacterium ulcerans</i>	0,0001-0,01	0,001	
<i>Gordonibacter</i>	0,0001-0,01	0,02	
<i>Gordonibacter_massiliensis</i>	0,0001-0,01	0	

¹³ **Гистамин** — биологически активное вещество, которое регулирует различные функции человеческого организма. Он передаёт импульсы в центральную нервную систему и принимает участие в регуляции кислотной секреции желудка, мышечных сокращений матки, тонуса кишечника и сосудов. **Бактерии способны продуцировать гистамин** с помощью ферментов гистидин-декарбоксилазы. Например, *K. aerogenes* — основной продуцент гистамина у пациентов с синдромом раздражённого кишечника (СРК), особенно у пациентов с высокой концентрацией гистамина в моче.

¹⁴ Среднее значение по базе данных лаборатории Сербалаб

<i>Gordonibacter_pamelaeae</i>	0,0001-0,01	0,004	
<i>Gordonibacter_urolithinfaciens</i>	0,0001-0,01	0,01	
<i>Haemophilus pittmaniae</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Hafnia alvei</i>	0,0001-0,01	0,001	
<i>Klebsiella</i>	0,0001-0,01	0,01	
<i>Klebsiella aerogenes</i>	0.001-0.02	0,0007	
<i>Methanobrevibacter</i>	0,0001-0,005	0,004	
<i>Methanobrevibacter_smithii</i>	0.001-0.02	0,0006	
<i>Methanosphaera</i>	0,0001-0,01	0,001	
<i>Methanosphaera_cuniculi</i>	0.001-0.02	0	
<i>Methanosphaera_stadtmanae</i>	0.021-50	0,0006	
<i>Morganella morganii</i>	0,0001-0,01	0,001	
<i>Proteus vulgaris</i>	0,0001-0,01	0,0005	
<i>Proteus mirabilis</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Pseudomonas fluorescens</i>	0,0001-0,01	0,001	
<i>Photobacterium damsela</i>	0,0001-0,01	0,001	
<i>Raoultibacter</i>	0,0001-0,01	0,002	
<i>Raoultibacter massiliensis</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Raoultella planticola</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Raoultella ornithinolytica</i>	0,0001-0,01	0,0004	

БАКТЕРИИ ПРОДУЦЕНТЫ ВСАА¹⁵

БАКТЕРИЯ	СРЕДНЕЕ ЗНАЧЕНИЕ ¹⁶ , %	ВАШ ВАРИАНТ, %	
<i>Akkermansia</i>	0,0001-3,00	0,06	
<i>Akkermansia muciniphila</i>	0,0001-0,59	0,06	
<i>Alistipes</i>	1,05-4,44	4,67	
<i>Alistipes finegoldii</i>	0,0001-0,07	0,25	
<i>Alistipes onderdonkii</i>	0.001-0.10	0,36	

¹⁵ **Аминокислоты с разветвленной цепью (ВСАА)** являются строительными блоками для мышц, участвуют в регуляции метаболизма глюкозы и жира, а также участвуют в регуляции обмена веществ. в регуляции работы иммунной системы. Они могут быть получены из вашего рациона питания, а также из микробиома вашего кишечника. Тем не менее, правильное количество ВСАА очень важно. Повышенная микробная продукция ВСАА может быть связана с метаболическими нарушениями, риском развития резистентности к инсулину и диабета 2 типа. Исследования показали, что увеличение количества микробных генов для производства ВСАА коррелировало с повышением уровня аминокислот в крови. Сочетание некоторых видов бактерий с "западным типом" диеты и малоподвижным образом жизни связаны с повышенным уровнем ВСАА в плазме и повышенным риском развития метаболических заболеваний.

¹⁶ Среднее значение по базе данных лаборатории Сербалаб

Bacteroides	8,18-24,29	19,55	
Bacteroides ovatus	0,0001-0,06	1,30	
Bacteroides_thetaiotaomicron	0,0001-0,14	1,27	
Bacteroides_xylanisolvens	0.001-0.02	0,72	
Bacteroides vulgatus	0,36-5,45	0	
Barnesiella	0,0001-1,40	0,17	
Barnesiella_intestinihominis	0,0001-0,01	0	
Bilophila	0,05-0,36	0	
Bilophila wadsworthia	0,02-0,30	0	
Blautia	0,25-1,06	0,89	
Blautia massiliensis	0,0001-0,04	0,001	
Blautia obeum	0,0001-0,07	0,33	
Eggerthella	0,0001-0,02	0,01	
Eggerthella lenta	0,0001-0,02	0,006	
Escherichia	0,02-0,47	0,29	
Eubacterium	0,0001-0,01	0,19	
Lachnospira	0,45-2,04	4,04	
Lachnospira eligens	0,71-1,54	4,74	
Odoribacter	0,14-0,71	0,55	
Odoribacter_splanchnicus	0,09-0,52	0,64	
Parabacteroides	0,58-2,46	2,08	
Parabacteroides_distasonis	0,0001-0,34	0,48	
Parabacteroides_merdae	0,0001-0,91	1,15	
Prevotella	0,0001-3,35	0,06	
Prevotella copri	0,0001-0,02	0,05	
Roseburia	0,24-1,18	1,96	
Roseburia intestinalis	0,0001-0,01	0,73	
Ruminococcus	0,17-1,64	1,42	
Ruminococcus_bicirculans	0,0001-0,01	1,47	

БАКТЕРИИ, ПРОДУЦИРУЮЩИЕ СЕРОВОДОРОД

БАКТЕРИЯ	СРЕДНЕЕ ЗНАЧЕНИЕ ¹⁷ , %	ВАШ ВАРИАНТ, %
----------	------------------------------------	----------------

¹⁷ Среднее значение по базе данных лаборатории Сербалаб

<i>Bilophila</i>	0,05-0,36	0	
<i>Bilophila wadsworthia</i>	0,02-0,30	0	
<i>Desulfovibrio</i>	0,0001-0,02	0,01	
<i>Desulfovibrio_desulfuricans</i>	0,0001-0,01	0,003	
<i>Desulfovibrio_fairfieldensis</i>	0,0001-0,01	0,001	
<i>Desulfovibrio piger</i>	0,0001-0,01	0,004	
<i>Blautia</i>	0,25-1,06	0,89	
<i>Blautia producta</i>	0,0001-0,01	0,004	
<i>Blautia_hydrogenotrophica</i>	0,0001-0,01	0,03	
<i>Citrobacter</i>	0,0001-0,01	0,009	
<i>Citrobacter freundii</i>	0,0001-0,01	0,0006	
<i>Clostridium</i>	0-0	0,29	
<i>Clostridium_asparagiforme</i>	0-0	0	
<i>Clostridium citroniae</i>	0-0	0	
<i>Clostridium symbiosum</i>	0-0	0	
<i>Enterobacter</i>	0,0001-0,01	0,01	
<i>Enterococcus</i>	0,0001-0,01	0,04	
<i>Enterococcus faecalis</i>	0,0001-0,01	0,006	
<i>Enterococcus faecium</i>	0,0001-0,01	0,01	
<i>Erysipelatoclostridium</i>	0,0001-0,13	0	
<i>Escherichia</i>	0,02-0,47	0,29	
<i>Eubacterium</i>	0,0001-0,01	0,19	
<i>Klebsiella</i>	0,0001-0,01	0,01	
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	0,0001-0,01	0,003	
<i>Phocaea</i>	0,0001-0,001	0	
<i>Phocaea massiliensis</i>	0,0001-0,01	0	

БАКТЕРИИ, ФЕРМЕНТИРУЮЩИЕ ГЛЮТЕН

БАКТЕРИЯ	СРЕДНЕЕ ЗНАЧЕНИЕ ¹⁸ , %	ВАШ ВАРИАНТ, %	
<i>Bifidobacterium</i>	0,12-2,58	2,53	

¹⁸ Среднее значение по базе данных лаборатории Сербалаб

<i>Bifidobacterium longum</i>	0,0001-0,01	0,39	
<i>Lactobacillus</i>	0,0001-0,01	0,02	
<i>Lactobacillus casei</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Lactobacillus helveticus</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Lactobacillus ruminis</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Lactobacillus johnsonii</i>	0,0001-0,01	0,001	
<i>Lactobacillus amylovorus</i>	0,0001-0,01	0,0006	
<i>Lactobacillus salivarius</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Lactobacillus lactis</i>	0,0001-0,01	0	

БАКТЕРИИ, ФЕРМЕНТИРУЮЩИЕ ЛАКТОЗУ (МОЛОЧНЫЙ САХАР)

БАКТЕРИЯ	СРЕДНЕЕ ЗНАЧЕНИЕ ¹⁹ , %	ВАШ ВАРИАНТ, %	
<i>Faecalibacterium</i>	4,01-8,90	10,30	
<i>Roseburia</i>	0,24-1,18	1,96	
<i>Bifidobacterium</i>	0,12-2,58	2,53	
<i>Lactobacillus</i>	0,0001-0,01	0,02	
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Lactobacillus acidophilus</i>	0,0001-0,01	0,0005	
<i>Lactobacillus helveticus</i>	0,0001-0,01	0,0004	
<i>Lactobacillus casei</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Lactobacillus plantarum</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Leuconostoc</i>	0,0001-0,01	0,003	
<i>Lactococcus</i>	0,0001-0,01	0,009	
<i>Lactococcus lactis</i>	0,0001-0,01	0,003	
<i>Collinsella</i>	0,03-1,33	0,39	
<i>Carnobacterium</i>	0,0001-0,01	0,003	
<i>Slackia</i>	0,0001-0,02	0,002	
<i>Enterococcus</i>	0,0001-0,01	0,04	
<i>Pediococcus</i>	0,0001-0,01	0,002	
<i>Streptococcus</i>	0,0001-0,01	0,75	

¹⁹ Среднее значение по базе данных лаборатории Сербалаб

<i>Streptococcus thermophilus</i>	0,0001-0,01	0,42	
<i>Tetragenococcus</i>	0,0001-0,01	0,001	
<i>Vagococcus</i>	0,0001-0,01	0,006	

ПОТЕНЦИАЛ НАРУШЕНИЯ ОРАЛЬНО-КИШЕЧНОГО БАРЬЕРА²⁰

БАКТЕРИЯ	СРЕДНЕЕ ЗНАЧЕНИЕ ²¹ , %	ВАШ ВАРИАНТ, %	
<i>Cutibacterium</i>	0,0001-0,01	0,002	
<i>Cutibacterium_acnes</i>	0,0001-0,01	0,0009	
<i>Dialister</i>	0,0001-2,01	0,07	
<i>Dialister_invisus</i>	0,0001-0,006	0	
<i>Haemophilus</i>	0,0001-0,07	0,03	
<i>Haemophilus_parainfluenzae</i>	0,0001-0,01	0,03	
<i>Haemophilus_pittmaniae</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Peptoniphilus</i>	0,0001-0,01	0,003	
<i>Peptoniphilus_lacrimalis</i>	0,0001-0,01	0,001	
<i>Peptostreptococcus</i>	0,0001-0,01	0,001	
<i>Peptostreptococcus_anaerobius</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Porphyromonas</i>	0,0001-0,01	0,02	
<i>Porphyromonas_gingivalis</i>	0,0001-0,01	0,005	
<i>Porphyromonas_somerae</i>	0,0001-0,01	0,002	
<i>Prevotella_bivia</i>	0,0001-0,01	0,004	
<i>Prevotella_buccalis</i>	0,0001-0,01	0	
<i>Prevotella_corporis</i>	0,0001-0,01	0,004	
<i>Solobacterium</i>	0,0001-0,01	0,004	
<i>Solobacterium_moorei</i>	0,0001-0,01	0,004	
<i>Streptococcus</i>	0,08-0,55	0,75	
<i>Streptococcus_anginosus</i>	0,0001-0,01	0,001	
<i>Streptococcus_mutans</i>	0,0001-0,01	0,001	
<i>Streptococcus_oralis</i>	0,0001-0,01	0,005	
<i>Streptococcus_parasanguinis</i>	0,0001-0,01	0,03	

²⁰ Данные бактерии обитают в ротовой полости, но могут колонизировать кишечник, что может быть связано с факторами окружающей среды, бактерии присутствующие в желудочно-кишечном тракте, такие как желчь и pH (нарушенная кислотность желудка, прием ИПП, воспаление, заболевания, диета). Повышенные значения также могут быть у новорожденных и пожилых людей по причине незрелых или менее функциональных барьеров в организме.

²¹ Среднее значение по базе данных лаборатории Сербалаб

<i>Streptococcus_salivarius</i>	0,0001-0,01	0,15	
<i>Streptococcus_vestibularis</i>	0-0	0,004	
<i>Veillonella</i>	0,0001-0,08	0,08	
<i>Veillonella_atypica</i>	0,0001-0,01	0,01	
<i>Veillonella_dispar</i>	0,0001-0,01	0,006	
<i>Veillonella_parvula</i>	0,0001-0,01	0,02	

ПАТОГЕННАЯ НАГРУЗКА

БАКТЕРИИ

Частью обычной микрофлоры человека, кроме полезных микроорганизмов, являются и условно-патогенные бактерии. Их отличительная черта — потенциальная, а не однозначная, опасность для здоровья. Патогенные качества они проявляют только при определенных обстоятельствах, при которых их количество существенно увеличивается. При этом у большинства людей, особенно городских жителей, эти микроорганизмы часто проявляются при обследованиях. Если на фоне положительных результатов анализов у человека нет симптомов болезни, лечение не прописывается, поскольку антибиотикотерапия может лишь ухудшить состояние. В этом случае человеку рекомендуется укреплять иммунитет и стараться избегать самолечения антибактериальными средствами. Патогенные бактерии принципиально отличаются от условно-патогенных. Их наличие в организме всегда приводит к развитию заболевания, поэтому даже при обнаруженных в анализе незначительных количествах этих микроорганизмов, назначается лечение.

Классификация бактерий/род/вид	Класс патогенности		Ваш вариант, %	
	ВОЗ	РФ		
Патогенные и условно-патогенные бактерии				
<i>Aeromonas caviae</i>			0	
<i>Aeromonas hydrophila</i>			0	
<i>Aeromonas veronii</i>			0	
<i>Aeromonas caviae</i>			0	
<i>Aeromonas hydrophila</i>			0	
<i>Aeromonas sobria</i>			0	
<i>Aerobacter butzleri</i>			0	
<i>Aerobacter cryaerophilus</i>			0	
<i>Bacillus cereus</i>	2	4	0	
<i>Bacteroides fragilis</i>			0,71	
<i>Bifidobacterium dentium</i>			0,01	
<i>Campylobacter rectus</i>	2		0	
<i>Campylobacter upsaliensis</i>	2		0	
<i>Campylobacter fetus</i>	2	3	0	
<i>Campylobacter jejuni</i>	2	3	0	
<i>Campylobacter coli</i>			0	
<i>Campylobacter concisus</i>			0	
<i>Campylobacter lari</i>			0	
<i>Campylobacter sputorum</i>			0	
<i>Campylobacter curvus</i>			0	
<i>Campylobacter gracilis</i>			0	
<i>Campylobacter hyointestinalis</i>			0	
<i>Citrobacter amalonaticus</i>	-	4	0	
<i>Citrobacter freundii</i>			0	
<i>Citrobacter koseri</i>			0	
<i>Citrobacter braakii</i>			0	
<i>Citrobacter farmeri</i>			0	
<i>Citrobacter rodentium</i>			0	
<i>Citrobacter sedlakii</i>			0	
<i>Citrobacter werkmanii</i>			0	
<i>Citrobacter youngae</i>			0	

<i>Clostridium baratii</i>	-		0	
<i>Clostridium botulinum</i>	2	3	0,01	
<i>Clostridium butyricum</i>			0	
<i>Clostridium bifementans</i>	2	4	0	
<i>Clostridium chauvoei</i>	2		0	
<i>Clostridium combesii</i>			0	
<i>Clostridioides difficile</i>	2		0,08	
<i>Clostridium fallax</i>	2		0	
<i>Clostridium haemolyticum</i>	2	4	0	
<i>Clostridium novyi</i>	2	4	0	
<i>Clostridium perfringens</i>	2	4	0,02	
<i>Clostridium sordellii</i>	2		0	
<i>Clostridium septicum</i>	2	4	0	
<i>Clostridium tertium</i>	2		0	
<i>Clostridium tetani</i>	2	3	0	
<i>Clostridium ramosum</i>			0	
<i>Clostridium sporogenes</i>			0	
<i>Corynebacterium diphtheriae</i>	2	3	0	
<i>Cronobacter sakazakii</i>	2		0	
<i>Enterobacter</i>	2		0,01	
<i>Enterobacter aerogenes</i>	2		0	
<i>Enterobacter amnigenus</i>	2		0	
<i>Enterobacter asburiae</i>	2		0	
<i>Enterobacter cancerogenus</i>	2		0	
<i>Enterobacter taylorae</i>	2		0	
<i>Enterobacter cloacae</i>	2		0	
<i>Enterobacter cowanii</i>	2		0	
<i>Enterobacter hormaechei</i>	2		0	
<i>Enterobacter kobei</i>	2		0	
<i>Enterobacter ludwigii</i>	2		0	
<i>Enterococcus avium</i>	-		0	
<i>Enterococcus hirae</i>	2		0	
<i>Enterococcus faecalis</i>	2	4	0	
<i>Enterococcus faecium</i>	2	4	0,01	
<i>Enterococcus casseliflavus</i>			0	
<i>Enterococcus durans</i>			0	
<i>Enterococcus flavescens</i>			0	
<i>Enterococcus gallinarum</i>			0	
<i>Enterococcus mundtii</i>			0	
<i>Enterococcus raffinosus</i>			0	
<i>Enterococcus rhusiopathiae</i>			0	
<i>Escherichia coli</i>	2	4	0,32	
<i>Escherichia albertii</i>	2		0	
<i>Escherichia fergusonii</i>	2		0	
<i>Eggerthella lenta</i>	2		0	
<i>Fusobacterium nucleatum</i>	2		0	
<i>Fusobacterium naviforme</i>	2		0	

<i>Fusobacterium necrophorum</i>	2		0	
<i>Fusobacterium varium</i>	2		0	
<i>Fusobacterium mortiferum</i>			0	
<i>Fusobacterium periodonticum</i>			0	
<i>Fusobacterium ulcerans</i>			0	
<i>Hafnia alvei</i>	2	4	0	
<i>Hathewayia histolytica</i>			0	
<i>Helicobacter fennelliae</i>	-		0	
<i>Helicobacter bizzozeronii</i>	2		0	
<i>Helicobacter canadensis</i>	2		0	
<i>Helicobacter canis</i>	2		0	
<i>Helicobacter cinaedi</i>	2		0	
<i>Helicobacter felis</i>	2		0	
<i>Helicobacter pullorum</i>	2		0	
<i>Helicobacter pylori</i>	2	3	0	
<i>Klebsiella granulomatis</i>	-		0	
<i>Klebsiella ozaenae</i>	2	4	0	
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	2	4	0	
<i>Klebsiella mobilis</i>	2		0	
<i>Klebsiella oxytoca</i>	2		0	
<i>Klebsiella variicola</i>	2		0	
<i>Klebsiella rhinoscleromatis</i>	2	4	0	
<i>Klebsiella ornithinolytica</i>			0	
<i>Klebsiella aerogenes</i>			0	
<i>Morganella morganii</i>	2		0	
<i>Mycobacterium avium</i>	3	3	0	
<i>Neisseria meningitidis</i>			0	
<i>Proteus mirabilis</i>	2		0	
<i>Proteus vulgaris</i>			0	
<i>Proteus penneri</i>			0	
<i>Proteus hauseri</i>			0	
<i>Proteus cibarius</i>			0	
<i>Proteus terrae</i>			0	
<i>Providencia alcalifaciens</i>	2		0	
<i>Providencia rettgeri</i>			0	
<i>Providencia stuartii</i>	-		0	
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>			0	
<i>Pseudomonas alcaligenes</i>	-		0	
<i>Pseudomonas fluorescens</i>	2		0	
<i>Pseudomonas pseudoalcaligenes</i>			0	
<i>Pseudomonas putida</i>			0	
<i>Pseudomonas stutzeri</i>			0	
<i>Parvimonas micra</i>	2		0	
<i>Porphyromonas</i>	-		0,02	
<i>Porphyromonas canoris</i>	2		0	
<i>Porphyromonas gingivalis</i>	2		0	
<i>Porphyromonas levii</i>	2		0	

<i>Salmonella bongori</i>	2	4	0	
<i>Salmonella enterica</i>			0	
<i>Salmonella typhimurium</i>	2		0	
<i>Salmonella typhi</i>	3		0	
<i>Salmonella paratyphi</i>	2	3	0	
<i>Salmonella choleraesuis</i>			0	
<i>Salmonella enteritidis</i>			0	
<i>Serratia ficaria</i>			0	
<i>Serratia marcescens</i>			0	
<i>Serratia odorifera</i>			0	
<i>Serratia plymuthica</i>			0	
<i>Serratia proteamaculans</i>			0	
<i>Serratia rubidaea</i>			0	
<i>Shigella dysenteriae</i>	3		0	
<i>Shigella flexneri</i>			0	
<i>Shigella boydii</i>			0	
<i>Shigella sonnei</i>			0	
<i>Staphylococcus hominis</i>	2		0	
<i>Staphylococcus caprae</i>	2		0	
<i>Staphylococcus aureus</i>	2		0	
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	2		0	
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	2		0	
<i>Staphylococcus schleiferi</i>	2		0	
<i>Staphylococcus pseudintermedius</i>	2		0	
<i>Streptococcus acidominimus</i>	2		0	
<i>Streptococcus agalactiae</i>	2		0	
<i>Streptococcus mutans</i>	2		0	
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	2		0	
<i>Streptococcus equi</i>	2		0	
<i>Streptococcus gallolyticus</i>	2		0	
<i>Streptococcus intermedius</i>	2		0	
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	2		0	
<i>Sphingomonas</i>	-		0,01	
<i>Vibrio alginolyticus</i>	-	4	0	
<i>Vibrio cholerae</i>	2	2	0	
<i>Vibrio cincinnatiensis</i>	2		0	
<i>Vibrio fluvialis</i>	2	4	0	
<i>Vibrio furnissii</i>	2		0	
<i>Vibrio metschnikovii</i>	2		0	
<i>Vibrio mimicus</i>	2	4	0	
<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	2	4	0	
<i>Vibrio vulnificus</i>	2	4	0	
<i>Yersinia bercovieri</i>	-		0	
<i>Yersinia aldovae</i>	1		0	
<i>Yersinia aleksiciae</i>	2		0	
<i>Yersinia intermedia</i>			0	

<i>Yersinia kristensenii</i>			0	
<i>Yersinia mollaretii</i>			0	
<i>Yersinia rohdei</i>			0	
<i>Yersinia enterocolitica</i>	2	4	0	
<i>Yersinia ruckeri</i>			0	
<i>Yersinia frederiksenii</i>	2		0	
<i>Yersinia pseudotuberculosis</i>	2	3	0	

ГРИБЫ

Значение грибковой инфекции в гастроэнтерологии или переоценивается, или наоборот, не находит должной оценки. Часто имеет место явная гипердиагностика. Например, на основании наличия грибов *Candida* в посеве мазка со слизистой ротовой полости у человека без признаков стоматита, или в анализе кала "на дисбактериоз" больного с синдромом раздраженной кишки устанавливается диагноз кандидоза или даже "системного микоза". При этом совершенно не учитывается, что грибок является комменсалом человека и широко распространен в окружающей среде (как например, *Candida*, *Aspergillus*). Всегда нужно учитывать, что **многие грибы не проявляют патогенные свойства, если организм хозяина не ослаблен**. Нарушения анатомических, физиологических и иммунологических механизмов защиты организма создают условия для развития инфекционного процесса, вызванного его собственной в обычных условиях непатогенной микрофлорой или сапрофитными микроорганизмами из окружающей среды.

К условиям развития оппортунистической инфекции относятся: лечение кортикостероидами, иммунодепрессантами, антиметаболитами, антибиотиками; СПИД и другие иммунодефицитные состояния; серьезные метаболические расстройства (например, при сахарном диабете, почечной недостаточности); новообразования и противоопухолевая терапия.

Грибковое поражение, в том числе и желудочно-кишечного тракта, развивающееся на фоне тяжелого заболевания, должно быть вовремя распознано и адекватно пролечено, так как эта инфекция может оказать отрицательное влияние на прогноз основного заболевания

Классификация грибов/род/вид	Класс патогенности РФ	Ваш вариант, %	
Кандидоз			
Candida	4	0	
Candida albicans	3	0	
Candida_athensis	4	0	
Candida auris	3	0	
Candida crusei	3	0	
Candida_ethanolica	4	0	
Candida glabrata	3	0	
Candida_pseudotropicalis	4	0	
Candida_parapsilosis	4	0	
Candida_tropicalis	3	0	
Candida_maltosa	-	0	
Candida_dubliniensis	4	0	
Candida_lisitaniae	4	0	
Другие дрожжевые грибы (бывшие Candida)			
Meyerozyna guilliermondii		0	
Pichia kudriavzevii		0	
Debaryomyces hansenii		0	

<i>Kluyveromyces marxianus</i>		0	
Бластомикоз			
<i>Blastomyces dermatitidis</i>	2	0	
Аспергиллез			
<i>Aspergillus</i>	4	0	
<i>Aspergillus flavus</i>	3	0	
<i>Aspergillus fumigatus</i>	3	0	
<i>Aspergillus terreus</i>	3	0	
<i>Aspergillus niger</i>		0	
<i>Aspergillus nidulans</i>		0	
<i>Aspergillus clavatus</i>		0	
<i>Aspergillus_wentii</i>	4	0	
<i>Aspergillus_flavipes</i>	4	0	
Криптококкоз			
<i>Cryptococcus</i>	4	0	
<i>Cryptococcus neoformans</i>	3	0	
<i>Cryptococcus_vishniacii</i>	-	0	

ПРОСТЕЙШИЕ И ПАЗАЗИТЫ

Таксономическая классификация		Класс патогенности РФ	Ваш вариант, %	
Амебиаз				
<i>Acanthamoeba</i>		4	0	
<i>Acanthamoeba castellani</i>	Амеба		0	
<i>Acanthamoeba astronyxis</i>	Амеба		0	
<i>Acanthamoeba palestinensis</i>	Амеба		0	
<i>Acanthamoeba hatchetti</i>	Амеба		0	
<i>Acanthamoeba polyphaga</i>	Амеба		0	
<i>Acanthamoeba castellanii</i>	Амеба		0	
<i>Acanthamoeba culbertsoni</i>	Амеба		0	
<i>Naegleria</i>			0	
<i>Naegleria fowleri</i>	Амеба жгутиконосная		0	
<i>Balamuthia</i>			0	
<i>Balamuthia mandrillaris</i>	Амеба		0	
<i>Sappinia</i>			0	
<i>Sappinia diploidea</i>	Голая лобозная амеба		0	
<i>Dientamoeba</i>			0	
<i>Dientamoeba fragilis</i>	Амеба фрагилис		0	
<i>Entamoeba</i>			0	
<i>Entamoeba coli</i>	Кишечная амеба		0	
<i>Entamoeba gingivalis</i>	Амеба оральная		0	
<i>Entamoeba histolytica</i>	Дизентерийная амеба	4	0	
<i>Entamoeba hartmanni</i>	Амеба Гартманна		0	
<i>Entamoeba polecki</i>	Амеба Полески		0	
<i>Endolimax nana</i>	Карликовая амеба		0	
<i>Iodamoeba buetschlii</i>	Йодамеба Бючли		0	
Аскаридоз ²²				

Ascaridida			0	
Ascaris lumbricoides	Аскарида человека	4	0	
Ascaris suum	Аскарида свиней	4	0	
Бластоцитоз				
Blastocystis		4	0	
Blastocystis hominis	Бластоцисты	4	0	
Blastocystis ratti	Бластоцисты	4	0	
Балантидиаз				
Balantidium			0	
Balantidium coli	Кишечная балантидия		0	
Балезиоз (пироплазмоз)				
Babesia			0	
Babesia caucasica		3	0	
Изоспора				
Isospora			0	
Isospora belli		4	0	
Криптоспородиоз				
Cryptosporidium			0	
Cryptosporidium parvum		0	0	
Лямблиоз				
Giardia			0	
Giardia lamblia	Лямблии	4	0	
Giardia intestinalis	Лямблии		0	
Giardia duodenalis	Лямблии		0	
Описторхоз ²³				
Opisthorchis			0	
Opisthorchis felineus	Описторхии		0	
Opisthorchis viverrini	Описторхии		0	
Саркоцистоза				
Sarcocystis			0	
Sarcocystis suihominis		4	0	
Sarcocystis hominis		4	0	
Трихомонады				
Trichomonas			0	
Trichomonas hominis	Трихомонада кишечная		0	
Pentatrichomonas hominis	Трихомонада кишечная	3	0	
Trichomonas tenax	Трихомонада оральная		0	
Trichomonas vaginalis	Трихомонада влагалищная	3	0	
Циклоспороза				
Cyclospora			0	
Cyclospora cayetanensis	Циклоспора		0	
Энтеробиоз				
Enterobius			0	
Enterobius vermicularis	Острицы		0	

²² Многоклеточные (круглые, ленточные и др.) паразиты могут быть не идентифицированы по причине малого количества биоматериала для данного исследования.

²³ Многоклеточные (круглые, ленточные и др.) паразиты могут быть не идентифицированы по причине малого количества биоматериала для данного исследования.

ДНК-ВИРУСЫ

ДАН ВАШ ВОЗРАСТ

Таксономическая классификация		Класс патогенности РФ	Ваш вариант, %	
Гепатит				
Hepatitis B virus	вирус гепатита В	2	0	
Герпес				
Human alphaherpesvirus 1	вирус простого герпеса I	3	+	
Human alphaherpesvirus 2	вирус простого герпеса II	3	0	
Human alphaherpesvirus 3	герпесвирус зостер-ветрянки	3	0	
Human betaherpesvirus 6A	вирус герпеса 6A типа	3	0	
Human betaherpesvirus 6B	вирус герпеса 6B типа	3	0	
Human betaherpesvirus 4	вирус Эпштейн-Барра		0	
Human betaherpesvirus 5	вирус цитомегалии	3	0	
Human gammaherpesvirus 7	вирус герпеса 7 типа		0	
Human gammaherpesvirus 8	вирус герпеса 8 типа		0	

ВЫВОДЫ

ПОТЕНЦИАЛ ПАТОГЕННОЙ НАГРУЗКИ МИКРОБИОТЫ КИШЕЧНИКА

	высокий	повышенный	умеренный	пониженный	низкий	крайне низкий
Бактериальная нагрузка					V	
Микотическая нагрузка					V	
Паразитическая нагрузка						V
Вирусная нагрузка					V	

ПОТЕНЦИАЛЫ МИКРОБИОТЫ КИШЕЧНИКА

	высокий	повышенный	умеренный	пониженный	низкий	крайне низкий
Синтез бутирата			V			
Синтез ацетата			V			
Синтез пропионата			V			
Синтез лактата			V			
Синтез GABA			V			
Синтез ТМА			V			
Синтез ВСАА			V			
Синтез гистамина			V			
Синтез сероводорода			V			
Синтез метана			V			

ПОТЕНЦИАЛЫ МИКРОБИОТЫ КИШЕЧНИКА

	высокий	повышенный	умеренный	пониженный	низкий	крайне низкий
Кишечная инфекция					V	
Воспалительные					V	

процессы						
Нарушение орально-кишечного барьера					V	
Синдром повышенной эпителиальной проницаемости (СПЭП)					V	

Анализ проводили:

Главный биолог: Эйсмонт Ю.А.

Биоинформатик: Данилов Л.Г.

Зав. Лаб. Службы: Обухова О.Ю.

Анализ интерпретировали:

Врач КЛД: Севастенкова М.С.

МЕТОД ИССЛЕДОВАНИЯ

Клиническое метагеномное секвенирование (WGS) — это комплексный анализ микробного и генетического материала хозяина (ДНК или РНК) в образцах.

Методы метагеномики используют для идентификации и геномной характеристики бактерий, грибов, паразитов и вирусов без необходимости предварительного знания конкретного патогена непосредственно из клинических образцов. Способность обнаруживать все потенциальные патогены в образце делает метагеномное секвенирование следующего поколения мощным инструментом в диагностике инфекционных заболеваний.

WGS является полуколичественным методом исследования.

Так как количество копий гена может отличаться в различных клетках, то в ходе анализа, может быть, не совсем корректно определено точное количество бактерий (в штуках). Для этого используется пересчет в относительную частоту встречаемости бактериальных таксонов

Преимущества метода:

Прямая идентификация микроорганизмов

Данный метод позволяет идентифицировать бактерии, археи, грибки, вирусы (ДНК-содержащие, РНК-содержащие, только в процессе репликации), простейшие (одноклеточные паразиты).

Высокое таксономическое разрешение

Данная методика позволяет идентифицировать микроорганизмы до вида и штамма.

Прогнозирование устойчивости к противомикробным препаратам²⁴

- Антибактериальные препараты
- Антимикотические препараты
- Противовирусные препараты

Обнаружение специфических генов²⁵

²⁴ Уточняйте покрытие и выход данных секвенирования для получения данной информации. Есть ограничения.

Обнаружение детерминант вирулентности на уровне вида или штамма, таких как секреция специфических эндотоксинов или экзотоксинов

Диагностика в онкологии²⁶

Секвенирование вирусных опухолей или анализ жидкой биопсии в онкологии могут использоваться для одновременного выявления патогена и характеристики генетических мутаций хозяина.

Ограничения метода:

Не определяет жизнеспособность микроорганизмов.

Данный метод не позволяет оценить жизнеспособность выявленных микроорганизмов, т.к. исследуется ДНК.

Пояснение

Мы ограничиваем эту интерпретацию поиском и количественной оценкой родов и видов, для которых существует научно доказанная связь²⁷ с определенными патологиями и для которых, как было показано, изменения в питании и/или микроэлементах могут изменить их значимость.

Выявленное в ходе исследования ДНК патогенных микроорганизмов, следует рассматривать в контексте анамнеза и клинической картины. Микроорганизмы с высоким патогенным потенциалом нуждаются в верификации другими методами. Информация может быть передана лечащему врачу. Варианты, классифицированные по различным критериям как нейтральные, в заключение не включены.

ИНФОРМАЦИЯ, СОДЕРЖАЩАЯСЯ В ЭТОМ ДОКУМЕНТЕ, ДОЛЖНА ИНТЕРПРЕТИРОВАТЬСЯ В СВЕТЕ ЖАЛОБ И КЛИНИЧЕСКИХ ДАННЫХ ПАЦИЕНТА.

Результат исследования или любая значимая информация, полученная из заключения по данному исследованию, не является медицинским диагнозом. Рекомендации, выданные по результатам анализа, не заменяют медицинского лечения. Данное исследование не является медицинской услугой.

Таблица «Классификация патогенности»

Группа риска		Название группы риска	Оценка риска
ВОЗ	РФ		
Группа риска 1	Группа риска 4	Отсутствие или низкая индивидуальная и общественная опасность	Микроорганизм, потенциально не являющийся возбудителем заболеваний человека или животных
Группа риска 2	Группа риска 3	Умеренная индивидуальная опасность, низкая общественная опасность	Патогенный микроорганизм, который может вызвать заболевание, но не представляет серьёзного риска для персонала, населения, домашнего скота или окружающей среды. Неосторожность в лаборатории может вызвать инфекцию, однако существуют доступные лечебные и профилактические меры. Риск распространения ограничен.
Группа риска 3	Группа риска 2	Высокий индивидуальный и низкий общественный риск	Патогенный агент, который обычно вызывает серьёзное заболевание человека или животных, но, как правило, не распространяется от больного к здоровому. Существуют

²⁶ Уточняйте покрытие и выход данных секвенирования для получения данной информации. Есть ограничения.

²⁷ Имеются научные публикации.

			эффективные лечебно-профилактические процедуры.
Группа риска 4	Группа риска 1	Высокий индивидуальный и общественный риск	Патогенный агент вызывает обычно серьёзное заболевание у человека или животных и легко распространяется от больного к здоровому или опосредованно. Эффективных мер в большинстве случаев не существует.

Информация о пациенте

ФИО —
Дата рождения —
Пол —
Заказчик —

Информация о биологическом материале

Образец № —
Вид биоматериала Каловые массы
Дата поступления образца —
Дата выдачи результата —

МЕТАГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ WGS АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ

Ген	Бактерии	Антибиотик, группа	Эффект мутации
ACI-1	Acidaminococcus fermentans	cephalosporin; penam; penem	antibiotic inactivation
LpsB	Acinetobacter baumannii	peptide antibiotic	reduced permeability to antibiotic
tet(X3)	Acinetobacter baumannii	glycylcycline; tetracycline antibiotic	antibiotic inactivation
OXA-844	Acinetobacter calcoaceticus	carbapenem; penam	antibiotic inactivation
OXA-308	Acinetobacter gernerii	penam	antibiotic inactivation
ImrB	Bacillus subtilis	lincosamide antibiotic; nucleoside antibiotic	antibiotic efflux
ErmF	Bacteroides fragilis	macrolide antibiotic; lincosamide antibiotic; streptogramin antibiotic; streptogramin A antibiotic; streptogramin B antibiotic	antibiotic target alteration
tet(X)	Bacteroides fragilis	glycylcycline; tetracycline antibiotic	antibiotic inactivation
tet(Q)	Bacteroides fragilis	tetracycline antibiotic	antibiotic target protection
Mef(En2)	Bacteroides fragilis	macrolide antibiotic; lincosamide antibiotic	antibiotic efflux
CepA-29	Bacteroides fragilis	cephalosporin	antibiotic inactivation
ErmG	Bacteroides thetaiotaomicron	macrolide antibiotic; lincosamide antibiotic; streptogramin antibiotic; streptogramin A antibiotic; streptogramin B antibiotic	antibiotic target alteration
Bifidobacterium adolescentis rpoB mutants conferring resistance to rifampicin	Bifidobacterium adolescentis	rifamycin antibiotic	antibiotic target alteration; antibiotic target replacement
Bifidobacterium bifidum ileS conferring resistance to mupirocin	Bifidobacterium bifidum	mupirocin-like antibiotic	antibiotic target alteration
tet(W)	Butyrivibrio fibrisolvens	tetracycline antibiotic	antibiotic target protection
OXA-623	Campylobacter	penam	antibiotic inactivation
APH(3')-IIIa	Campylobacter coli	aminoglycoside antibiotic	antibiotic inactivation
SAT-4	Campylobacter coli	nucleoside antibiotic	antibiotic inactivation
Campylobacter coli chloramphenicol acetyltransferase	Campylobacter coli	phenicol antibiotic	antibiotic inactivation

tet(O/M/O)	Campylobacter coli	tetracycline antibiotic	antibiotic target protection
FosXCC	Campylobacter coli	phosphonic acid antibiotic	antibiotic inactivation
ANT(6)-Ib	Campylobacter fetus	aminoglycoside antibiotic	antibiotic inactivation
tet(44)	Campylobacter fetus	tetracycline antibiotic	antibiotic target protection
tet(O)	Campylobacter jejuni	tetracycline antibiotic	antibiotic target protection
OXA-605	Campylobacter jejuni	penam	antibiotic inactivation
CfxA3	Capnocytophaga ochracea	cephamycin	antibiotic inactivation
CIA-2	Chryseobacterium indologenes	carbapenem; cephalosporin	antibiotic inactivation
tet(O/32/O)	Clostridiaceae bacterium	tetracycline antibiotic	antibiotic target protection
Erm(52)	Clostridioides difficile	macrolide antibiotic; lincosamide antibiotic; streptogramin antibiotic	antibiotic target alteration
mef(H)	Clostridioides difficile	macrolide antibiotic	antibiotic efflux
catP	Clostridium perfringens	phenicol antibiotic	antibiotic inactivation
tetA(P)	Clostridium perfringens	tetracycline antibiotic	antibiotic efflux
tetB(P)	Clostridium perfringens	tetracycline antibiotic	antibiotic target protection
cfrE	Clostridium sp.	lincosamide antibiotic; streptogramin antibiotic; oxazolidinone antibiotic; phenicol antibiotic; pleuromutilin antibiotic	antibiotic target alteration
EBR-4	Empedobacter falsenii	carbapenem; cephalosporin; penam	antibiotic inactivation
EBR-5	Empedobacter stercoris	carbapenem; cephalosporin; penam	antibiotic inactivation
TEM-141	Enterobacter cloacae	monobactam; cephalosporin; penam; penem	antibiotic inactivation
dfrF	Enterococcus faecalis	diaminopyrimidine antibiotic	antibiotic target replacement
vanR gene in vanG cluster	Enterococcus faecalis	glycopeptide antibiotic	antibiotic target alteration
efrA	Enterococcus faecalis	macrolide antibiotic; fluoroquinolone antibiotic; rifamycin antibiotic	antibiotic efflux
vanXY gene in vanL cluster	Enterococcus faecalis	glycopeptide antibiotic	antibiotic target alteration
ErmB	Enterococcus faecium	macrolide antibiotic; lincosamide antibiotic; streptogramin antibiotic; streptogramin A antibiotic; streptogramin B antibiotic	antibiotic target alteration
efrB	Enterococcus faecium	macrolide antibiotic; fluoroquinolone antibiotic; rifamycin antibiotic	antibiotic efflux
tet(M)	Erysipelothrix rhusiopathiae	tetracycline antibiotic	antibiotic target protection
EC-5	Escherichia	cephalosporin	antibiotic inactivation
mdtP	Escherichia coli	nucleoside antibiotic; disinfecting agents and antiseptics	antibiotic efflux
gadX	Escherichia coli	macrolide antibiotic; fluoroquinolone antibiotic; penam	antibiotic efflux
mdtF	Escherichia coli	macrolide antibiotic; fluoroquinolone antibiotic; penam	antibiotic efflux
cpxA	Escherichia coli	aminoglycoside antibiotic; aminocoumarin antibiotic	antibiotic efflux
mdtH	Escherichia coli	fluoroquinolone antibiotic	antibiotic efflux
mdtA	Escherichia coli	aminocoumarin antibiotic	antibiotic efflux

emrY	Escherichia coli	tetracycline antibiotic	antibiotic efflux
mdtG	Escherichia coli	phosphonic acid antibiotic	antibiotic efflux
emrK	Escherichia coli	tetracycline antibiotic	antibiotic efflux
aadA	Escherichia coli	aminoglycoside antibiotic	antibiotic inactivation
eptA	Escherichia coli	peptide antibiotic	antibiotic target alteration
AcrS	Escherichia coli	fluoroquinolone antibiotic; cephalosporin; glycylicycline; cephamycin; penam; tetracycline antibiotic; rifamycin antibiotic; phenicol antibiotic; disinfecting agents and antiseptics	antibiotic efflux
mdtB	Escherichia coli	aminocoumarin antibiotic	antibiotic efflux
CRP	Escherichia coli	macrolide antibiotic; fluoroquinolone antibiotic; penam	antibiotic efflux
ugd	Escherichia coli	peptide antibiotic	antibiotic target alteration
evgA	Escherichia coli	macrolide antibiotic; fluoroquinolone antibiotic; penam; tetracycline antibiotic	antibiotic efflux
acrB	Escherichia coli	fluoroquinolone antibiotic; cephalosporin; glycylicycline; penam; tetracycline antibiotic; rifamycin antibiotic; phenicol antibiotic; disinfecting agents and antiseptics	antibiotic efflux
H-NS	Escherichia coli	macrolide antibiotic; fluoroquinolone antibiotic; cephalosporin; cephamycin; penam; tetracycline antibiotic	antibiotic efflux
mdtC	Escherichia coli	aminocoumarin antibiotic	antibiotic efflux
evgS	Escherichia coli	macrolide antibiotic; fluoroquinolone antibiotic; penam; tetracycline antibiotic	antibiotic efflux
tet(32)	Escherichia coli	tetracycline antibiotic	antibiotic target protection
emrR	Escherichia coli	fluoroquinolone antibiotic	antibiotic efflux
acrD	Escherichia coli	aminoglycoside antibiotic	antibiotic efflux
mdtN	Escherichia coli	nucleoside antibiotic; disinfecting agents and antiseptics	antibiotic efflux
AcrF	Escherichia coli	fluoroquinolone antibiotic; cephalosporin; cephamycin; penam	antibiotic efflux
AcrE	Escherichia coli	fluoroquinolone antibiotic; cephalosporin; cephamycin; penam	antibiotic efflux
emrA	Escherichia coli	fluoroquinolone antibiotic	antibiotic efflux
bacA	Escherichia coli	peptide antibiotic	antibiotic target alteration
emrB	Escherichia coli	fluoroquinolone antibiotic	antibiotic efflux
mdtE	Escherichia coli	macrolide antibiotic; fluoroquinolone antibiotic; penam	antibiotic efflux
marA	Escherichia coli	fluoroquinolone antibiotic; monobactam; carbapenem; cephalosporin; glycylicycline; cephamycin; penam; tetracycline antibiotic; rifamycin antibiotic; phenicol antibiotic; penem; disinfecting agents and antiseptics	antibiotic efflux; reduced permeability to antibiotic
mdtO	Escherichia coli	nucleoside antibiotic; disinfecting agents and	antibiotic efflux

		antiseptics	
PmrF	Escherichia coli	peptide antibiotic	antibiotic target alteration
gadW	Escherichia coli	macrolide antibiotic; fluoroquinolone antibiotic; penam	antibiotic efflux
kdpE	Escherichia coli	aminoglycoside antibiotic	antibiotic efflux
msbA	Escherichia coli	nitroimidazole antibiotic	antibiotic efflux
tet(X4)	Escherichia coli	glycylcycline; tetracycline antibiotic	antibiotic inactivation
Escherichia coli emrE	Escherichia coli	macrolide antibiotic	antibiotic efflux
Escherichia coli acrA	Escherichia coli	fluoroquinolone antibiotic; cephalosporin; glycylcycline; penam; tetracycline antibiotic; rifamycin antibiotic; phenicol antibiotic; disinfecting agents and antiseptics	antibiotic efflux
Escherichia coli mdfA	Escherichia coli	tetracycline antibiotic; disinfecting agents and antiseptics	antibiotic efflux
Klebsiella pneumoniae KpnH	Escherichia coli	macrolide antibiotic; fluoroquinolone antibiotic; aminoglycoside antibiotic; carbapenem; cephalosporin; penam; peptide antibiotic; penem	antibiotic efflux
EC-19	Escherichia coli	cephalosporin	antibiotic inactivation
ToIC	Escherichia coli	macrolide antibiotic; fluoroquinolone antibiotic; aminoglycoside antibiotic; carbapenem; cephalosporin; glycylcycline; cepharmycin; penam; tetracycline antibiotic; peptide antibiotic; aminocoumarin antibiotic; rifamycin antibiotic; phenicol antibiotic; penem; disinfecting agents and antiseptics	antibiotic efflux
YojI	Escherichia coli	peptide antibiotic	antibiotic efflux
leuO	Escherichia coli	nucleoside antibiotic; disinfecting agents and antiseptics	antibiotic efflux
ANT(6)-Ia	Exiguobacterium sp.	aminoglycoside antibiotic	antibiotic inactivation
OXA-85	Fusobacterium nucleatum	penam	antibiotic inactivation
tet(B)	Gram-negative bacterium	tetracycline antibiotic	antibiotic efflux
hmrM	Haemophilus influenzae	fluoroquinolone antibiotic; disinfecting agents and antiseptics	antibiotic efflux
AAC(6')-II	Klebsiella aerogenes	aminoglycoside antibiotic	antibiotic inactivation
dfrA1	Klebsiella oxytoca	diaminopyrimidine antibiotic	antibiotic target replacement
OmpA	Klebsiella pneumoniae	peptide antibiotic	reduced permeability to antibiotic
LptD	Klebsiella pneumoniae	carbapenem; peptide antibiotic; aminocoumarin antibiotic; rifamycin antibiotic	antibiotic efflux
OXA-534	Klebsiella pneumoniae	cephalosporin; penam	antibiotic inactivation
tet(O/W/32/O)	Lactobacillus johnsonii	tetracycline antibiotic	antibiotic target protection
ImrD	Lactococcus lactis	lincosamide antibiotic	antibiotic efflux
Erm(43)	Mammaliicoccus lentus	macrolide antibiotic;	antibiotic target alteration

		lincosamide antibiotic; streptogramin antibiotic; streptogramin B antibiotic	
IsaB	Mammaliicoccus sciuri	lincosamide antibiotic; streptogramin antibiotic; pleuromutilin antibiotic	antibiotic target protection
tet(O/W)	Megasphaera elsdenii	tetracycline antibiotic	antibiotic target protection
tet(O/W/O)	Megasphaera elsdenii	tetracycline antibiotic	antibiotic target protection
rpoB2	Nocardia farcinica	rifamycin antibiotic	antibiotic target alteration; antibiotic target replacement
PEDO-2	Pedobacter sp.	carbapenem	antibiotic inactivation
ErmX	Plasmid pNG2	macrolide antibiotic; lincosamide antibiotic; streptogramin antibiotic; streptogramin A antibiotic; streptogramin B antibiotic	antibiotic target alteration
CfxA2	Prevotella intermedia	cephamycin	antibiotic inactivation
POM-1	Pseudomonas	carbapenem	antibiotic inactivation
AAC(6')-Iae	Pseudomonas aeruginosa	aminoglycoside antibiotic	antibiotic inactivation
APH(6)-Id	Pseudomonas aeruginosa	aminoglycoside antibiotic	antibiotic inactivation
APH(3'')-Ib	Pseudomonas aeruginosa	aminoglycoside antibiotic	antibiotic inactivation
aadA6	Pseudomonas aeruginosa	aminoglycoside antibiotic	antibiotic inactivation
qacEdelta1	Pseudomonas aeruginosa	disinfecting agents and antiseptics	antibiotic efflux
RAD-1	Riemerella anatipestifer	carbapenem; cephalosporin	antibiotic inactivation
aadA22	Salmonella enterica	aminoglycoside antibiotic	antibiotic inactivation
dfrA15b	Salmonella enterica	diaminopyrimidine antibiotic	antibiotic target replacement
TEM-178	Serratia marcescens	monobactam; cephalosporin; penam; penem	antibiotic inactivation
SRT-2	Serratia marcescens	cephalosporin	antibiotic inactivation
Shigella flexneri acrA	Shigella flexneri	fluoroquinolone antibiotic; cephalosporin; glycylicycline; penam; tetracycline antibiotic; rifamycin antibiotic; phenicol antibiotic; disinfecting agents and antiseptics	antibiotic efflux
EstT	Sphingobacterium faecium	macrolide antibiotic; glycylicycline; tetracycline antibiotic	antibiotic inactivation
mgrA	Staphylococcus aureus	fluoroquinolone antibiotic; cephalosporin; penam; tetracycline antibiotic; peptide antibiotic; disinfecting agents and antiseptics	antibiotic efflux
mecl	Staphylococcus aureus	penam	antibiotic target replacement
poxtA	Staphylococcus aureus	tetracycline antibiotic; oxazolidinone antibiotic; phenicol antibiotic	antibiotic target protection
AAC(6')-Ie- APH(2'')-Ia bifunctional protein	Staphylococcus aureus	aminoglycoside antibiotic	antibiotic inactivation
smeB	Stenotrophomonas maltophilia	aminoglycoside antibiotic; cephalosporin; cephamycin; penam	antibiotic efflux
InuC	Streptococcus	lincosamide antibiotic	antibiotic inactivation

	agalactiae		
tetA(46)	Streptococcus australis	tetracycline antibiotic	antibiotic efflux
tetB(46)	Streptococcus australis	tetracycline antibiotic	antibiotic efflux
aad(6)	Streptococcus oralis	aminoglycoside antibiotic	antibiotic inactivation
patA	Streptococcus pneumoniae	fluoroquinolone antibiotic	antibiotic efflux
patB	Streptococcus pneumoniae	fluoroquinolone antibiotic	antibiotic efflux
RlmA(II)	Streptococcus pneumoniae	macrolide antibiotic; lincosamide antibiotic	antibiotic target alteration
catS	Streptococcus pyogenes	phenicol antibiotic	antibiotic inactivation
mel	Streptococcus pyogenes	macrolide antibiotic; streptogramin antibiotic	antibiotic target protection
aadS	Transposon Tn4551	aminoglycoside antibiotic	antibiotic inactivation
tet(W/32/O)	Trueperella pyogenes	tetracycline antibiotic	antibiotic target protection
sul2	Vibrio cholerae	sulfonamide antibiotic	antibiotic target replacement
almE	Vibrio cholerae	peptide antibiotic	antibiotic target alteration
sul1	Vibrio fluvialis	sulfonamide antibiotic	antibiotic target replacement
CblA-1	mixed culture	cephalosporin	antibiotic inactivation
OXA-347	uncultured bacterium	penam	antibiotic inactivation
tet(40)	uncultured bacterium	tetracycline antibiotic	antibiotic efflux
aadA8	uncultured bacterium	aminoglycoside antibiotic	antibiotic inactivation
tetB(60)	uncultured bacterium	tetracycline antibiotic	antibiotic efflux
tetA(60)	uncultured bacterium	tetracycline antibiotic	antibiotic efflux
tet(W/N/W)	uncultured bacterium	tetracycline antibiotic	antibiotic target protection
CfxA6	uncultured organism	cephamycin	antibiotic inactivation

Антибиотикорезистентность — это способность бактерий выживать и размножаться, несмотря на присутствие антибиотиков, которые ранее эффективно уничтожали эти микроорганизмы.

Некоторые причины развития антибиотикорезистентности:

- Чрезмерное использование антибиотиков. Часто их назначают без необходимости, например, при вирусных инфекциях, на которые они не действуют.
- Неправильное использование антибиотиков. Неполный курс лечения, неправильная дозировка или самоназначение антибиотиков способствуют возникновению устойчивых штаммов бактерий.
- Использование антибиотиков в животноводстве. Это приводит к развитию устойчивых бактерий, которые могут передаваться людям через пищу.
- Недостаточная гигиена и плохие санитарные условия. В таких условиях бактерии легко распространяются, повышая вероятность передачи устойчивых штаммов.
- Низкое качество медицинского образования. Недостаток знаний о правильном использовании антибиотиков среди медицинских работников и пациентов способствует нерациональному их использованию.

Эффект мутаций

Antibiotic inactivation. Инактивация антибиотика

Antibiotic efflux. Механизм, с помощью которого бактерии выводят антибиотики из своих клеток во внешнюю среду. Для этого используются специальные транспортные белки — эффлюксные насосы.

Antibiotic target protection. Антибиотиковая защита мишени — это механизм устойчивости бактерий к антибиотикам. Он заключается во взаимодействии защитного белка и мишени антибиотика, что предотвращает блокировку мишени антибиотиком и подавляет его эффект

Antibiotic target alteration это изменение цели действия антибиотиков, которое происходит у бактерий. Такие изменения предотвращают связывание или распознавание антибиотика, при этом цель сохраняет свою функциональность. Некоторые механизмы изменения цели:

- Изменение структуры клеточной стенки, мембраны или других клеточных компонентов. Например, некоторые бактерии могут изменять структуру клеточной стенки, уменьшая места связывания для антибиотиков, которые конкретно нацелены на клеточную стенку (бета-лактамы препараты).
- Мутации в ДНК. Они изменяют структуру рибосом — клеточных компонентов, отвечающих за производство белков.
- Защита цели. Бактерии могут производить молекулу, которая имитирует цель антибиотика, связываясь с ним и уменьшая его эффективную концентрацию

Анализ проводили:

Главный биолог: Эйсмонт Ю.А.

Биоинформатик: Данилов Л.Г.

Зав. Лаб. Службы: Обухова О.Ю.

Анализ интерпретировали:

Врач КЛД: Севастенкова М.С.

Информация о пациенте

ФИО —
Дата рождения —
Пол —
Заказчик —

Информация о биологическом материале

Образец № —
Вид биоматериала Каловые массы
Дата поступления образца —
Дата выдачи результата —

МЕТАГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ WGS¹ ВЫПИСКА ДЛЯ ЛЕЧАЩЕГО ВРАЧА

Бактериальная нагрузка²

ДНК бактериальных видов, относительная численность которых составляет 30%:

➤ *Phocaeicola vulgatus* (32%)

Phocaeicola vulgatus -это обычный обитатель кишечника. Используемые источники топлива: он может использовать клетчатку, простые сахара (включая лактозу), широкий спектр белков и слизь в качестве источников энергии. Ключевые производимые метаболиты: в первую очередь производит сукцинат, также пропионат, а на «западном» типе диеты способны к выработке аминокислот с разветвленной цепью, ВСАА (валин, лейцин, изолейцин), которые могут быть связаны с метаболическими нарушениями и воспалительными процессами. Высокие уровни этого вида могут быть с плохим здоровьем кишечника. Этот вид также был связан с диетой с высоким содержанием красного мяса. Необходимо сопоставить результаты с диетой.

¹ Чувствительность и специфичность метода mNGS/WSG составляет 70-99% в зависимости от патогена и исследуемого биоматериала

² Инфекционный патоген определялся, если он соответствовал любому из следующих пороговых значений:

- при положительном результате посева и/или гистопатологического исследования на наличие бактерий, вирусов или грибов, определения антител ИФА, ПЦР;
- относительная численность бактерий или грибов на уровне рода составляет 30%
- не менее 50 уникальных прочтений одного вида бактерий, вирусов или грибов; если количество уникальных прочтений патогена меньше 50, его всё равно можно диагностировать как инфекционный патоген при наличии соответствующей клинической картины;
- как минимум одно уникальное чтение из *Mycobacterium tuberculosis complex*. Микобактерия туберкулёза считалась выявленной, если хотя бы одно прочтение совпадало с эталонным геномом на уровне вида или рода;
- если патоген был обнаружен с помощью традиционных методов обнаружения патогенов и количество прочтений mNGS составило более 50, этот патоген также может считаться обнаруженным с помощью mNGS в литературе имелись свидетельства патогенности в данном биотопе.

doi: [10.1016/j.jare.2021.09.012](https://doi.org/10.1016/j.jare.2021.09.012)

Условно-патогенная нагрузка:

ДНК условно-патогенных видов бактерий, относительная численность которых составляет $\geq 1,0\%$, которые могут иметь клиническое значение:

➤ **Не выявлена**

ДНК условно-патогенных видов бактерий, относительная численность которых составляет $< 1,0\%$, но $> 0,10\%$ и не менее 50 уникальных прочтений в образце, которые могут иметь клиническое значение:

➤ ***Escherichia coli* (гены патогенности не выявлены)**

При отсутствии клиники острой кишечной инфекции наиболее вероятен комменсальный вид Escherichia coli — распространённый представитель нормальной микробиоты кишечника, участвует в колонизационной резистентности и синтезе витамина К. Результаты анализа необходимо интерпретировать в совокупности с анамнезом и клинической картиной.

Выявленные единичные нуклеотидные последовательности могут говорить о транзитной микробиоте или артефакте секвенирования.

Микотическая нагрузка⁴

ДНК клинически значимых микотических таксонов (относительная численность $\geq 1,0\%$)

➤ **Не выявлена**

ДНК клинически значимых микотических таксонов (относительная численность $< 1,0\%$, но $> 0,10\%$)

➤ **Не выявлена**

Выявленные единичные нуклеотидные последовательности могут говорить о транзитной микробиоте или артефакте секвенирования.

Паразитическая нагрузка⁵

ДНК клинически значимых простейших (относительная численность $\geq 1,0\%$)

➤ **Не выявлена**

ДНК клинически значимых простейших (относительная численность $< 1,0\%$ и не менее 100 уникальных прочтений)

➤ **Не выявлена**

⁴ Инфекционный патоген определялся, если он соответствовал любому из следующих пороговых значений:

- при положительном результате посева и/или гистопатологического исследования на наличие грибов, определения антител ИФА, ПЦР;
- относительная численность грибов на уровне рода составляет 30%
- не менее 50 уникальных прочтений одного вида грибов; если количество уникальных прочтений патогена **меньше 50**, его всё равно можно диагностировать как инфекционный патоген при наличии соответствующей клинической картины;

⁵ Инфекционный патоген определялся, если он соответствовал любому из следующих пороговых значений: не менее 100 уникальных прочтений **SDSMRN ≥ 100**

Выявленные единичные нуклеотидные последовательности могут говорить о транзиторной микробиоте или артефакте секвенирования.

Вирусная нагрузка

Выявлена ДНК следующих вирусов:

➤ ***Human alphaherpesvirus 1***

Наличие вирусной ДНК в фекалиях не обязательно свидетельствует о клинически значимой инфекции. Это может отражать выделение вируса или транзит его нуклеиновых кислот через желудочно-кишечный тракт либо носительство. Клиническая значимость определяется картиной симптомов и иммунным статусом пациента.

Примечание:

Метод WGS не является валидированным для диагностики инфекций.

При наличии клинической картины для верификации возбудителя необходимо обследование стандартными диагностическими методами.

Анализ интерпретировали:

Врач КЛД: Севастенкова М.С.

Информация о пациенте

ФИО

Дата рождения

Пол

Заказчик

Врач

Информация о биологическом материале

Образец

Вид биоматериала эякулят

Дата поступления образца

Дата выдачи результата

МЕТАГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ WGS УРОГЕНИТАЛЬНЫЙ ТРАКТ

Метагеном человека – это совокупность геномов микроорганизмов, населяющих конкретную среду обитания. Выделяют несколько основных локализаций в организме человека: ЖКТ, носоглотка, легкие; кожа, мочеполовая система, лимфатическая система.

Урогенитальный тракт – это совокупность органов мочевыделительной и половой систем, объединенных общностью функций, анатомического расположения и кровоснабжения.

У мужчин в урогениальный тракт входят мочевой пузырь, уретра, предстательная железа (простата), семенные пузырьки и яички с придатками.

Существует несколько факторов, которые могут повлиять на состав урогенитального тракта, такие как гормональный фон, инфекционные заболевания, сексуальное поведение и использование некоторых местных лекарственных средств. Изучение этих факторов очень важно для разработки новых методов лечения и профилактики различных заболеваний.

РЕЗУЛЬТАТЫ СЕКВЕНИРОВАНИЯ

СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ РОДОВ

В ходе секвенирования выявлены следующие роды:

Классификация	Доля %	Классификация	Доля %	Классификация	Доля %
Segatella	15,33	Bacteroides	2,94	Faecalibacterium	1,53
Phocaeicola	8,69	Bacillus	2,93	Akkermansia	1,40
Enterococcus	3,47	Mediterraneibacter	1,70		
Alistipes	2,23	Agathobacter	1,70		

В ходе секвенирования выявлены следующие виды:

Классификация	Доля %	Классификация	Доля %	Классификация	Доля %
Segatella copri	15,33	Bacillus velezensis	1,88	Faecalibacterium prausnitzii	1,53
Phocaeicola vulgatus	7,23	Mediterraneibacter torques	1,70	Phocaeicola dorei	1,47
Enterococcus faecium	3,47	Agathobacter rectalis	1,70	Akkermansia muciniphila	1,40
Alistipes onderdonkii	2,23	Bacteroides uniformis	1,59	Bacteroides cellulosilyticus	1,35

СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ РОДОВ ГРИБОВ

Классификация	Доля %	Классификация	Доля %
Kwoniella	2,76	Lodderomyces	1,41

СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ ВИДОВ ГРИБОВ

Классификация	Доля %
Kwoniella botswanensis	2,76
Lodderomyces beijingensis	1,41

ЗНАЧИМЫЕ МИКРООРГАНИЗМЫ В СОСТАВЕ МИКРОБИОМА

Классификация бактерий/род/вид	Ваш вариант, %
Транзиторная микробиота	
<i>Lactobacillus</i>	0,00
Нормофлора	
<i>Staphylococcus</i>	0,00
<i>Streptococcus</i>	0,00
<i>Corynebacterium</i>	0,00
Анаэробные бактерии	
<i>Bacteroides</i>	2,94
<i>Segatella</i>	15,33
<i>Anaerococcus</i>	0,00
<i>Enterococcus</i>	3,47
<i>Clostridioides</i>	0,00
<i>Finegoldia</i>	0,00
<i>Eubacterium</i>	0,00
<i>Lachnobacterium</i>	0,00
<i>Mobiluncus</i>	0,00
<i>Peptoniphilus</i>	0,00
<i>Bifidobacterium</i>	0,00
<i>Bilophila</i>	0,00
Условно-патогенные бактерии, ассоциированные с баквагинозом	
<i>Gardnerella</i>	0,00
<i>Atopobium</i>	0,00
<i>Megasphaera</i>	0,00
<i>Veillonella</i>	0,00
<i>Dialister</i>	0,00
<i>Sneathia</i>	0,00
<i>Leptotrichia</i>	0,00
Условно-патогенные бактерии Факультативно-анаэробные	

<i>Enterobacter</i>	0,00
<i>Klebsiella</i>	0,00
<i>Salmonella</i>	0,00
<i>Proteus</i>	0,00
<i>Morganella</i>	0,00
<i>Pseudomonas</i>	0,00
<i>Burkholderia</i>	0,00
<i>Escherichia/Shigella</i>	0,00
Оральные бактерии	
<i>Fusobacterium</i>	0,00
<i>Haemophilus</i>	0,00
<i>Parvimonas</i>	0,00
<i>Peptostreptococcus</i>	0,00
<i>Porphyromonas</i>	0,00
Аэробные бактерии	
<i>Bacillus</i>	2,93
<i>Brucella</i>	0,00
Условно-патогенные микоплазмы	
<i>Ureaplasma</i>	0,00
<i>Ureaplasma urealyticum</i>	0,00
<i>Ureaplasma parvum</i>	0,00
<i>Mycoplasma</i>	0,00
<i>Mycoplasma hominis</i>	0,00
Патогенные бактерии	
<i>Mycoplasma genitalium</i>	0,00
<i>Treponema pallidum</i>	0,00
<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	0,00
<i>Chlamydia trachomatis</i>	0,00

ПАТОГЕННАЯ НАГРУЗКА

БАКТЕРИИ

Частью обычной микрофлоры человека, кроме полезных микроорганизмов, являются и условно-патогенные бактерии. Их отличительная черта — потенциальная, а не однозначная, опасность для здоровья. Патогенные качества они проявляют только при определенных обстоятельствах, при которых их количество существенно увеличивается. При этом у большинства людей, особенно городских жителей, эти микроорганизмы часто проявляются при обследованиях. Если на фоне положительных результатов анализов у человека нет симптомов болезни, лечение не прописывается, поскольку антибиотикотерапия может лишь ухудшить состояние. В этом случае человеку рекомендуется укреплять иммунитет и стараться избегать самолечения антибактериальными средствами. Патогенные бактерии принципиально отличаются от условно-патогенных. Их наличие в организме всегда приводит к развитию заболевания, поэтому даже при обнаруженных в анализе незначительных количествах этих микроорганизмов, назначается лечение.

Классификация бактерий/род/вид	Класс патогенности		Ваш вариант, %	
	ВОЗ	РФ		
Патогенные и условно-патогенные бактерии				
<i>Atopobium vaginale</i>			0	
<i>Chamydia</i>			0	
<i>Chlamydomphila psittaci</i>	3	2	0	
<i>Chamydia trachomatis</i>			0	
<i>Chlamydomphila abortus</i>			0	
<i>Chlamydomphila pneumoniae</i>			0	
<i>Corynebacterium diphtheriae</i>	2	3	0	
<i>Corynebacterium afermentans</i>			0	
<i>Corynebacterium afermentans</i>			0	
<i>Corynebacterium bovis</i>			0	
<i>Corynebacterium jeikeium</i>			0	
<i>Corynebacterium kutscheri</i>			0	
<i>Corynebacterium macginleyi</i>			0	
<i>Corynebacterium minutissimum</i>			0	
<i>Corynebacterium propinquum</i>			0	
<i>Corynebacterium pseudodiphthericum</i>			0	
<i>Corynebacterium pseudotuberculosis</i>			0	
<i>Corynebacterium striatum</i>			0	
<i>Corynebacterium ulcerans</i>			0	
<i>Corynebacterium urealyticum</i>			0	
<i>Corynebacterium xerosis</i>			0	
<i>Dialister</i>			0	
<i>Dialister invisus</i>			0	
<i>Dialister pneumosintes</i>			0	
<i>Enterococcus avium</i>	-		0	
<i>Enterococcus hirae</i>	2		0	
<i>Enterococcus faecalis</i>	2	4	0	
<i>Enterococcus faecium</i>	2	4	3,47	
<i>Enterococcus casseliflavus</i>			0	
<i>Enterococcus durans</i>			0	
<i>Enterococcus flavescens</i>			0	

<i>Enterococcus gallinarum</i>			0	
<i>Enterococcus mundtii</i>			0	
<i>Enterococcus raffinosus</i>			0	
<i>Enterococcus rhusiopathiae</i>			0	
<i>Escherichia coli</i>	2	4	0	
<i>Escherichia albertii</i>	2		0	
<i>Escherichia fergusonii</i>	2		0	
<i>Eubacterium endocarditidis</i>	2	4	0	
<i>Eubacterium lentum</i>	2	4	0	
<i>Eubacterium ventriosum</i>	2	4	0	
<i>Eubacterium brachy</i>			0	
<i>Eubacterium cylindroides</i>			0	
<i>Eubacterium limosum</i>			0	
<i>Eubacterium moniliforme</i>			0	
<i>Eubacterium multiforme</i>			0	
<i>Eubacterium nodatum</i>			0	
<i>Eubacterium rectale</i>			0	
<i>Eubacterium saphenum</i>			0	
<i>Eubacterium sulci</i>			0	
<i>Eubacterium tenue</i>			0	
<i>Eubacterium timidum</i>			0	
<i>Fusobacterium nucleatum</i>	2		0	
<i>Fusobacterium naviforme</i>	2		0	
<i>Fusobacterium necrophorum</i>	2		0	
<i>Fusobacterium varium</i>	2		0	
<i>Fusobacterium mortiferum</i>			0	
<i>Fusobacterium periodonticum</i>			0	
<i>Fusobacterium ulcerans</i>			0	
<i>Gardnerella vaginalis</i>			0	
<i>Gardnerella greenwoodii</i>			0	
<i>Gardnerella leopoldii</i>			0	
<i>Gardnerella pickettii</i>			0	
<i>Gardnerella piovii</i>			0	
<i>Gardnerella swidsinskii</i>			0	
<i>Klebsiella granulomatis</i>	-		0	
<i>Klebsiella ozaenae</i>	2	4	0	
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	2	4	0	
<i>Klebsiella mobilis</i>	2		0	
<i>Klebsiella oxytoca</i>	2		0	
<i>Klebsiella variicola</i>	2		0	
<i>Klebsiella rhinoscleromatis</i>	2	4	0	
<i>Klebsiella ornithinolytica</i>			0	
<i>Klebsiella aerogenes</i>			0	
<i>Megasphaera</i>			0	
<i>Megasphaera cerevisiae</i>			0	
<i>Megasphaera elsdenii</i>			0	
<i>Megasphaera hexanoica</i>			0	
<i>Megasphaera hominis</i>			0	
<i>Megasphaera indica</i>			0	

<i>Megasphaera massiliensis</i>			0	
<i>Megasphaera micronuciformis</i>			0	
<i>Megasphaera sueciensis</i>			0	
<i>Megasphaera paucivorans</i>			0	
<i>Mobiluncus</i>			0	
<i>Mobiluncus curtisii</i>			0	
<i>Mobiluncus mulieris</i>			0	
<i>Mycoplasmoides genitalium</i>			0	
<i>Mycoplasmoides pneumoniae</i>			0	
<i>Mycoplasmoides fermentans</i>			0	
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>			0	
<i>Mycoplasma genitalium</i>			0	
<i>Mycoplasma fermentans</i>			0	
<i>Mycoplasma penetrans</i>			0	
<i>Mycoplasma incognita</i>			0	
<i>Mycoplasma hominis</i>			0	
<i>Neisseria gonorrhoeae</i>			0	
<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>	2		0	
<i>Peptostreptococcus asaccharolyticus</i>			0	
<i>Peptostreptococcus lactolyticus</i>			0	
<i>Peptostreptococcus prevotii</i>			0	
<i>Peptostreptococcus vaginalis</i>	2		0	
<i>Prevotella bivia</i>			0	
<i>Prevotella buccae</i>			0	
<i>Prevotella buccalis</i>			0	
<i>Prevotella corporis</i>			0	
<i>Prevotella dentalis</i>			0	
<i>Prevotella enoeca</i>			0	
<i>Prevotella heparinolytica</i>			0	
<i>Prevotella intermedia</i>			0	
<i>Prevotella loescheii</i>			0	
<i>Prevotella melaninogenica</i>			0	
<i>Prevotella nigrescens</i>			0	
<i>Prevotella oralis</i>			0	
<i>Prevotella oris</i>			0	
<i>Prevotella oulora</i>			0	
<i>Prevotella ruminicola</i>			0	
<i>Prevotella veroralis</i>			0	
<i>Prevotella zoogloiformans</i>			0	
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>			0	
<i>Pseudomonas alcaligenes</i>	-		0	
<i>Pseudomonas fluorescens</i>	2		0	
<i>Pseudomonas pseudoalcaligenes</i>			0	
<i>Pseudomonas putida</i>			0	
<i>Staphylococcus hominis</i>	2		0	
<i>Staphylococcus caprae</i>	2		0	
<i>Staphylococcus aureus</i>	2		0	
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	2		0	
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	2		0	

<i>Staphylococcus schleiferi</i>	2		0	
<i>Staphylococcus pseudintermedius</i>	2		0	
<i>Streptococcus acidominimus</i>	2		0	
<i>Streptococcus agalactiae</i>	2		0	
<i>Streptococcus mutans</i>	2		0	
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	2		0	
<i>Streptococcus equi</i>	2		0	
<i>Streptococcus gallolyticus</i>	2		0	
<i>Streptococcus intermedius</i>	2		0	
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	2		0	
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>			0	
<i>Sneathia</i>			0	
<i>Sphingomonas</i>	-		0	
<i>Treponema</i>	-		0	
<i>Treponema pallidum</i>	2		0	
<i>Treponema vincentii</i>	2		0	
<i>Treponema socranskii</i>	2		0	
<i>Treponema denticola</i>	2		0	
<i>Treponema endemicum</i>			0	
<i>Treponema carateum</i>			0	
<i>Treponema refringens</i>			0	
<i>Treponema orale</i>			0	
<i>Ureaplasma</i>			0	
<i>Ureaplasma urealyticum</i>			0	
<i>Ureaplasma parvum</i>			0	
<i>Veillonella atypica</i>			0	
<i>Veillonella dispar</i>			0	
<i>Veillonella parvula</i>			0	

ГРИБЫ

Значение грибковой инфекции в гастроэнтерологии или переоценивается, или наоборот, не находит должной оценки. Часто имеет место явная гипердиагностика. Например, на основании наличия грибов *Candida* в посеве мазка со слизистой ротовой полости у человека без признаков стоматита, или в анализе кала “на дисбактериоз” больного с синдромом раздраженной кишки устанавливается диагноз кандидоза или даже “системного микоза”. При этом совершенно не учитывается, что грибок является комменсалом человека и широко распространен в окружающей среде (как например, *Candida*, *Aspergillus*). Всегда нужно учитывать, что **многие грибы не проявляют патогенные свойства, если организм хозяина не ослаблен**. Нарушения анатомических, физиологических и иммунологических механизмов защиты организма создают условия для развития инфекционного процесса, вызванного его собственной в обычных условиях непатогенной микрофлорой или сапрофитными микроорганизмами из окружающей среды. К условиям развития оппортунистической инфекции относятся: лечение кортикостероидами, иммунодепрессантами, антиметаболитами, антибиотиками; СПИД и другие иммунодефицитные состояния; серьезные метаболические расстройства (например, при сахарном диабете, почечной недостаточности); новообразования и противоопухолевая терапия.

Грибковое поражение, в том числе и желудочно-кишечного тракта, развивающееся на фоне тяжелого заболевания, должно быть вовремя распознано и адекватно пролечено, так как эта инфекция может оказать отрицательное влияние на прогноз основного заболевания

Классификация грибов/род/вид	Класс патогенности РФ	Ваш вариант, %
Кандидоз		

<i>Candida</i>	4	0	
<i>Candida albicans</i>	3	0	
<i>Candida athensensis</i>	4	0	
<i>Candida auris</i>	3	0	
<i>Candida crusei</i>	3	0	
<i>Candida ethanolica</i>	4	0	
<i>Candida glabrata</i>	3	0	
<i>Candida pseudotropicalis</i>	4	0	
<i>Candida parapsilosis</i>	4	0	
<i>Candida tropicalis</i>	3	0	
<i>Candida maltosa</i>	-	0	
<i>Candida dubliniensis</i>	4	0	
<i>Candida lusitanae</i>	4	0	
Другие дрожжевые грибы (бывшие Candida)			
<i>Meyerozyma guilliermondii</i>		0	
<i>Pichia kudriavzevii</i>		0	
<i>Debaryomyces hansenii</i>		0	
<i>Kluyveromyces marxianus</i>		0	
Аспергиллез			
<i>Aspergillus</i>	4	0	
<i>Aspergillus flavus</i>	3	0	
<i>Aspergillus fumigatus</i>	3	0	
<i>Aspergillus terreus</i>	3	0	
<i>Aspergillus niger</i>		0	
<i>Aspergillus nidulans</i>		0	
<i>Aspergillus clavatus</i>		0	
<i>Aspergillus wentii</i>	4	0	
<i>Aspergillus flavipes</i>	4	0	
Малассезиоз			
<i>Malassezia</i>	4	0	
<i>Malassezia globosa</i>	4	0	
<i>Malassezia restricta</i>	4	0	
<i>Malassezia furfur</i>	4	0	

ПРОСТЕЙШИЕ И ПАРАЗИТЫ

Таксономическая классификация		Класс патогенности РФ	Ваш вариант, %
Амебиаз			
<i>Acanthamoeba</i>		4	0
<i>Acanthamoeba castellanii</i>	Амеба		0
<i>Acanthamoeba astronyxis</i>	Амеба		0
<i>Acanthamoeba palestinensis</i>	Амеба		0
<i>Acanthamoeba hatchetti</i>	Амеба		0
<i>Acanthamoeba polyphaga</i>	Амеба		0
<i>Acanthamoeba castellanii</i>	Амеба		0
<i>Acanthamoeba culbertsoni</i>	Амеба		0
<i>Naegleria</i>			0
<i>Naegleria fowleri</i>	Амеба жгутиконосная		0

Balamuthia			0
Balamuthia mandrillaris	Амеба		0
Sappinia			0
Sappinia diploidea	Голая лобозная амеба		0
Dientamoeba			0
Dientamoeba fragilis	Амеба фрагилис		0
Entamoeba			0
Entamoeba coli	Кишечная амеба		0
Entamoeba gingivalis	Амеба оральная		0
Entamoeba histolytica	Дизентерийная амеба	4	0
Entamoeba hartmanni	Амеба Гартманна		0
Entamoeba polecki	Амеба Полески		0
Endolimax nana	Карликовая амеба		0
Iodamoeba buetschlii	Йодамеба Бючли		0
Ascaridida			0
Ascaris lumbricoides	Аскарида человека	4	0
Ascaris suum	Аскарида свиней	4	0
Blastocystis		4	0
Blastocystis hominis	Бластоцисты	4	0
Blastocystis ratti	Бластоцисты	4	0
Giardia			0
Giardia lamblia	Лямблии	4	0
Giardia intestinalis	Лямблии		0
Giardia duodenalis	Лямблии		0
Opisthorchis			0
Opisthorchis felinus	Описторхии		0
Opisthorchis viverrini	Описторхии		0
Toxoplasma			0
Toxoplasma gondii		4	0
Trichomonas			0
Trichomonas hominis	Трихомонада кишечная		0
Pentatrichomonas hominis	Трихомонада кишечная	3	0
Trichomonas tenax	Трихомонада оральная		0
Trichomonas vaginalis	Трихомонада влагалищная	3	0
Enterobius			0
Enterobius vermicularis	Острицы		0

ДНК-ВИРУСЫ

Таксономическая классификация		Класс патогенности РФ	Ваш вариант, %	
Герпес				
<i>Human alphaherpesvirus 1</i>	вирус простого герпеса I	3	0	
<i>Human alphaherpesvirus 2</i>	вирус простого герпеса II	3	0	
<i>Human alphaherpesvirus 3</i>	герпесвирус зостор-ветрянки	3	0	
<i>Human betaherpesvirus 6A</i>	вирус герпеса 6А типа	3	0	
<i>Human betaherpesvirus 6B</i>	вирус герпеса 6В типа	3	0	
<i>Human betaherpesvirus 4</i>	вирус Эпштейн-Барра		0	
<i>Human betaherpesvirus 5</i>	вирус цитомегалии	3	0	

Human gammaherpesvirus 7	вирус герпеса 7 типа		0	
Human gammaherpesvirus 8	вирус герпеса 8 типа		0	

Примечание:

Метод WGS не является валидированным для диагностики инфекций.

При наличии клинической картины для верификации возбудителя необходимо обследование стандартными диагностическими методами.

WGS-анализ РНК-вирусов ограничен (низкая чувствительность и специфичность) из-за малой вирусной нагрузки в сочетании с большим количеством человеческих нуклеотидов (маскировка сигналов вирусной РНК «фоновым шумом» РНК клеток человека), сложности получения достаточного количества уникальных прочтений для идентификации и надежного покрытия для идентификации вирусного генома, а также получения гетерогенных данных из-за высокой частоты мутаций РНК-вирусов, генетического разнообразия вирусов и отсутствия консервативных участков.

ВЫВОДЫ

ПОТЕНЦИАЛ ПАТОГЕННОЙ НАГРУЗКИ

	высокая	повышен ная	умеренна я	понижен ная	низкая	крайне низкая
Бактериальная нагрузка				V		
Микотическая нагрузка				V		
Паразитическая нагрузка					V	
Вирусная нагрузка					V	

Анализ проводили:

Главный биолог: Эйсмонт Ю.
 Биоинформатик: Данилов Л.
 Зав. Лаб. Службы: Обухова О.Ю.

Анализ интерпретировали:

Врач-бактериолог Чернова Т.В.



МЕТОД ИССЛЕДОВАНИЯ

Клиническое метагеномное секвенирование (WGS) — это комплексный анализ микробного и генетического материала хозяина (ДНК или РНК) в образцах.

Методы метагеномики используют для идентификации и геномной характеристики бактерий, грибов, паразитов и вирусов без необходимости предварительного знания конкретного патогена непосредственно из клинических образцов. Способность обнаруживать все потенциальные патогены в образце делает метагеномное секвенирование следующего поколения мощным инструментом в диагностике инфекционных заболеваний.

WGS является полуколичественным методом исследования.

Так как количество копий гена может отличаться в различных клетках, то в ходе анализа, может быть, не совсем корректно определено точное количество бактерий (в штуках). Для этого используется пересчет в относительную частоту встречаемости бактериальных таксонов

Преимущества метода:

Прямая идентификация микроорганизмов

Данный метод позволяет идентифицировать бактерии, археи, грибки, вирусы (ДНК-содержащие, РНК-содержащие, только в процессе репликации), простейшие (одноклеточные паразиты).

Высокое таксономическое разрешение

Данная методика позволяет идентифицировать микроорганизмы до вида и штамма.

Прогнозирование устойчивости к противомикробным препаратам¹

- Антибактериальные препараты
- Антимикотические препараты
- Противовирусные препараты

Обнаружение специфических генов²

Обнаружение детерминант вирулентности на уровне вида или штамма, таких как секреция специфических эндотоксинов или экзотоксинов

Диагностика в онкологии³

Секвенирование вирусных опухолей или анализ жидкой биопсии в онкологии могут использоваться для одновременного выявления патогена и характеристики генетических мутаций хозяина.

Ограничения метода:

Не определяет жизнеспособность микроорганизмов.

Данный метод не позволяет оценить жизнеспособность выявленных микроорганизмов, т.к. исследуется ДНК.

WGS-анализ РНК-вирусов ограничен (низкая чувствительность и специфичность) из-за малой вирусной нагрузки в сочетании с большим количеством человеческих нуклеотидов (маскировка сигналов вирусной РНК «фоновым шумом» РНК клеток человека), сложности получения достаточного количества уникальных прочтений для идентификации и надежного покрытия для идентификации вирусного генома, а также получения гетерогенных данных из-за высокой частоты мутаций РНК-вирусов, генетического разнообразия вирусов и отсутствия консервативных участков.

Пояснение

Мы ограничиваем эту интерпретацию поиском и количественной оценкой родов и видов, для которых существует научно доказанная связь⁴ с определенными патологиями и для которых, как было показано, изменения в питании и/или микроэлементах могут изменить их значимость.

Выявленное в ходе исследования ДНК патогенных микроорганизмов, следует рассматривать в контексте анамнеза и клинической картины. Микроорганизмы с высоким патогенным потенциалом нуждаются в

¹ Уточняйте покрытие и выход данных секвенирования для получения данной информации. Есть ограничения.

² Уточняйте покрытие и выход данных секвенирования для получения данной информации. Есть ограничения.

³ Уточняйте покрытие и выход данных секвенирования для получения данной информации. Есть ограничения.

⁴ Имеются научные публикации.

верификации другими методами. Информация может быть передана лечащему врачу. Варианты, классифицированные по различным критериям как нейтральные, в заключение не включены.

ИНФОРМАЦИЯ, СОДЕРЖАЩАЯСЯ В ЭТОМ ДОКУМЕНТЕ, ДОЛЖНА ИНТЕРПРЕТИРОВАТЬСЯ В СВЕТЕ ЖАЛОБ И КЛИНИЧЕСКИХ ДАННЫХ ПАЦИЕНТА.

Результат исследования или любая значимая информация, полученная из заключения по данному исследованию, не является медицинским диагнозом. Рекомендации, выданные по результатам анализа, не заменяют медицинского лечения. Данное исследование не является медицинской услугой.

Таблица «Классификация патогенности»

Группа риска		Название группы риска	Оценка риска
ВОЗ	РФ		
Группа риска 1	Группа риска 4	Отсутствие или низкая индивидуальная и общественная опасность	Микроорганизм, потенциально не являющийся возбудителем заболеваний человека или животных
Группа риска 2	Группа риска 3	Умеренная индивидуальная опасность, низкая общественная опасность	Патогенный микроорганизм, который может вызвать заболевание, но не представляет серьёзного риска для персонала, населения, домашнего скота или окружающей среды. Неосторожность в лаборатории может вызвать инфекцию, однако существуют доступные лечебные и профилактические меры. Риск распространения ограничен.
Группа риска 3	Группа риска 2	Высокий индивидуальный и низкий общественный риск	Патогенный агент, который обычно вызывает серьёзное заболевание человека или животных, но, как правило, не распространяется от больного к здоровому. Существуют эффективные лечебно-профилактические процедуры.
Группа риска 4	Группа риска 1	Высокий индивидуальный и общественный риск	Патогенный агент вызывает обычно серьёзное заболевание у человека или животных и легко распространяется от больного к здоровому или опосредованно. Эффективных мер в большинстве случаев не существует.

Информация о пациенте

ФИО

Дата рождения

Пол

Заказчик

Врач

Информация о биологическом материале

Образец №

Вид биоматериала

Мокрота

Дата поступления образца

Дата выдачи результата

МЕТАГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ WGS

Метагеном человека – это совокупность геномов микроорганизмов, населяющих конкретную среду обитания. Выделяют несколько основных локализаций в организме человека: ЖКТ, носоглотка, легкие; кожа, мочеполовая система, лимфатическая система.

Микроорганизмы, населяющие органы дыхания человека, или **микробиом дыхательных путей**, представляет собой уникальную обширную экосистему. По данным культуральных и молекулярно-биологических методов исследования, в состав микробиома дыхательных путей входят представители свыше 700 видов бактерий.

Приблизительно 54% описаны и имеют видовое имя, 14% культивируются, но не описаны, 32% не культивируются. Большинство из представленных видов бактерий являются транзитной микрофлорой, так как они не способны к длительному выживанию в особых условиях среды ротовой полости.

ОБЩИЙ СОСТАВ: КОЛИЧЕСТВО ТАКСОНОМИЧЕСКИХ ЕДИНИЦ

РЕЗУЛЬТАТЫ СЕКВЕНИРОВАНИЯ

СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ РОДОВ БАКТЕРИЙ

Классификация	Доля %	Классификация	Доля %	Классификация	Доля %
Staphylococcus	47,08	Pseudomonas	0,12	Micrococcus	0,04
Streptococcus	9,70	Streptomyces	0,12	Flavobacterium	0,04
Cutibacterium	11,34	Paenibacillus	0,11	Butyricimonas	0,04
Corynebacterium	4,31	Limosilactobacillus	0,10	Akkermansia	0,04
Proteus	2,24	Segatella	0,10	Odoribacter	0,04
Rothia	1,14	Roseburia	0,08	Gemella	0,04
Bacteroides	0,77	Simiaoa	0,08	Escherichia	0,04
Phocaeicola	0,45	Mediterraneibacter	0,07	Chryseobacterium	0,03
Veillonella	0,32	Finegoldia	0,07	Peptoniphilus	0,03
Moraxella	0,29	Granulicatella	0,07	Bifidobacterium	0,03
Acinetobacter	0,26	Polynucleobacter	0,06	Allomeiothermus	0,03
Anaerococcus	0,21	Klebsiella	0,06	Aeromonas	0,03
Prevotella	0,19	Ligilactobacillus	0,06	Nocardioideis	0,03
Schaalia	0,18	Neisseria	0,06	Thermus	0,03
Parabacteroides	0,18	Hoyleisella	0,06	Haemophilus	0,03
Enterococcus	0,15	Agathobacter	0,06	Nitrospira	0,03
Alistipes	0,14	Lactococcus	0,05	Dorea	0,03
Actinomyces	0,14	Blautia	0,05	Brevundimonas	0,03
Faecalibacterium	0,14	Sphingomonas	0,05	Bradyrhizobium	0,03
Lactobacillus	0,13	Fusobacterium	0,05	Capnocytophaga	0,03

Классификация	Доля %	Классификация	Доля %	Классификация	Доля %
Paraprevotella	0,03	Ruminococcus	0,02	Gordonia	0,01
Paracoccus	0,02	Brochothrix	0,02	Phascolarctobacterium	0,01
Mammaliicoccus	0,02	Coprococcus	0,02	Hymenobacter	0,01
Arthrobacter	0,02	Barnesiella	0,02	Porphyromonas	0,01
Leuconostoc	0,02	Massilia	0,02	Acidovorax	0,01
Spiroplasma	0,02	Psychrobacter	0,02	Lachnospira	0,01
Microbacterium	0,02	Kocuria	0,02	Haliovirga	0,01
Limnohabitans	0,02	Hydrogenophaga	0,01	Epilithonimonas	0,01
Thomasclavella	0,02	Parascardovia	0,01	Rhodoferrax	0,01
Nitrosomonas	0,02	Eubacterium	0,01		
Eshraghiella	0,02	Leptotrichia	0,01		
Sphingobium	0,02	Brevibacterium	0,01		

СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ ВИДОВ БАКТЕРИЙ

Классификация	Доля %	Классификация	Доля %	Классификация	Доля %
Staphylococcus epidermidis	36,54	Streptococcus oralis	0,59	Kwoniella shivajii	0,15
Cutibacterium acnes	10,33	Streptococcus pseudopneumoniae	0,49	Schaalia odontolytica	0,14
Staphylococcus lugdunensis	6,66	unclassified Anaerococcus	0,06	Anaerococcus nagayae	0,14
Corynebacterium marqueziae	2,55	Streptococcus toyakuensis	0,35	Streptococcus lingualis	0,14
Proteus mirabilis	2,24	Staphylococcus capitis	0,31	unclassified Barnesiella	0,02
Streptococcus pneumoniae	1,83	Bacteroides uniformis	0,31	Streptococcus gordonii	0,11
Streptococcus mitis	1,69	Phocaeicola dorei	0,26	Streptococcus thermophilus	0,11
Staphylococcus haemolyticus	1,24	Corynebacterium simlans	0,23	Staphylococcus auricularis	0,11
Staphylococcus hominis	1,17	Streptococcus salivarius	0,22	Limosilactobacillus fermentum	0,11
Corynebacterium tuberculostrictum	1,01	Moraxella osloensis	0,21	Streptococcus sanguinis	0,10
Cutibacterium granulosum	0,84	Phocaeicola vulgatus	0,19	Enterococcus cecorum	0,10
Streptococcus parapneumoniae	0,84	Kwoniella botswanensis	0,19	Simiaoa sunii	0,10
Staphylococcus aureus	0,66	Streptococcus gwangjuense	0,17	Parabacteroides merdae	0,09
Streptococcus dysgalactiae group	0,66	Fusarium poae	0,17	Prevotella copri	0,09
Streptococcus parasanguinis	0,61	Cutibacterium avidum	0,17	Veillonella atypica	0,09
		Corynebacterium kefirresistentii	0,17	Streptococcus lactarius	0,08
		Cryptomonas paramecium	0,17	Finegoldia magna	0,08
				Rothia dentocariosa	0,08

Классификация	Доля %	Классификация	Доля %	Классификация	Доля %
Bacteroides stercoris	0,08	Agathobacter rectalis	0,06	Veillonella dispar	0,06
Staphylococcus caprae	0,08	Veillonella nakazawae	0,06	unclassified Schaalia	0,06
Bacteroides caccae	0,08	Alistipes onderdonkii	0,06	Enterococcus faecium	0,05
Bacteroides salyersiae	0,08	unclassified Anaerococcus	0,06	Staphylococcus pseudintermedius	0,05
Faecalibacterium prausnitzii	0,08	Hoylella buccalis	0,06	Staphylococcus devriesei	0,05
Ligilactobacillus salivarius	0,07	Streptococcus australis	0,06	Acinetobacter johnsonii	0,05
Granulicatella adiacens	0,07	Corynebacterium haemomassiliense	0,06		
Bacteroides thetaiotaomicron	0,06	Parabacteroides distasonis	0,06		
		Veillonella parvula	0,06		

СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ РОДОВ ГРИБОВ

Классификация	Доля %
Candida	0,006
Malassezia	0,001

Клинически значимых представителей отделов Fungi (грибы) Ascomycota, Basidiomycota и Zygomycota не обнаружено

СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ ВИДОВ ВИРУСОВ И БАКТЕРИОФАГОВ

Классификация	Доля %	Классификация	Доля %	Классификация	Доля %
Sepunavirus SEP1	4,64	Pahexavirus PHL070N00	0,02	Pahexavirus attacne	0,02
Sepunavirus IPLAC1C	4,09	Pahexavirus PHL132N00	0,02	Pahexavirus PHL095N00	0,02
Sextaevirus sextaec	0,05	Pahexavirus PHL116M00	0,02	Propionibacterium phage BruceLethal	0,02
Sextaevirus SEP9	0,04	Pahexavirus PHL025M00	0,02	Pahexavirus P144	0,02
Streptococcus phage EJ-1	0,03	Pahexavirus PHL141N00	0,02	Pahexavirus P100D	0,02
Pahexavirus P11	0,03	Pahexavirus procrass1	0,02	Pahexavirus PHL111M01	0,02
Propionibacterium phage PA1-14	0,03	Pahexavirus P104A	0,02	Streptococcus phage SpSL1	0,002
Sciuriunavirus SscM1	0,03	Pahexavirus PHL071N05	0,02	Pahexavirus SKKY	0,002
Pahexavirus PHL301M00	0,02	Pahexavirus wizzo	0,02		

Представленные виды вирусов являются вирусами бактерий (бактериофагами), присутствующих в микробиоте хозяина.

НОРМОФЛОРА

Классификация бактерий/род/вид	Ваш вариант, %
<i>Actinomyces</i>	0,095
<i>Actinobacillus</i>	0
<i>Abiotrophia</i>	0
<i>Bifidobacterium</i>	0,03
<i>Bacteroides</i>	0,77
<i>Capnocytophaga</i>	0,012
<i>Corynebacterium</i>	4,31
<i>Desulfobacter</i>	0
<i>Desulfovibrio</i>	0
<i>Eikenella</i>	0
<i>Enterococcus</i>	0,15
<i>Eubacterium</i>	0,01
<i>Fusobacterium</i>	0,05
<i>Hemophilus</i>	0
<i>Lactobacillus</i>	0,13
<i>Leptotrichia</i>	0,01
<i>Leptospira</i>	0,005
<i>Moraxella</i>	0,29
<i>Neisseria</i>	0,06
<i>Peptostreptococcus</i>	0,002
<i>Peptococcus</i>	0
<i>Propionibacterium</i>	0,004
<i>Porphyromonas</i>	0,01
<i>Prevotella</i>	0,19
<i>Seimonas</i>	0
<i>Simonsiella</i>	0
<i>Stomatococcus</i>	0
<i>Streptococcus</i>	9,70
<i>Staphylococcus</i>	47,08
<i>Veillonella</i>	0,32
<i>Wolinella</i>	0

ПАТОГЕННАЯ НАГРУЗКА

БАКТЕРИИ

Частью обычной микрофлоры человека, кроме полезных микроорганизмов, являются и условно-патогенные бактерии. Их отличительная черта — потенциальная, а не однозначная, опасность для здоровья. Патогенные качества они проявляют только при определенных обстоятельствах, при которых их количество существенно увеличивается. При этом у большинства людей, особенно городских жителей, эти микроорганизмы часто проявляются при обследованиях. Если на фоне положительных результатов анализов у человека нет симптомов болезни, лечение не

прописывается, поскольку антибиотикотерапия может лишь ухудшить состояние. В этом случае человеку рекомендуется укреплять иммунитет и стараться избегать самолечения антибактериальными средствами. Патогенные бактерии принципиально отличаются от условно-патогенных. Их наличие в организме всегда приводит к развитию заболевания, поэтому даже при обнаруженных в анализе незначительных количествах этих микроорганизмов, назначается лечение.

Классификация бактерий/род/вид	Класс патогенности		Ваш вариант, %	
	ВОЗ	РФ		
Патогенные и условно-патогенные бактерии				
<i>Aeromonas caviae</i>			0	
<i>Aeromonas dhakensis</i>			0	
<i>Aeromonas hydrophila</i>			0	
<i>Aeromonas veronii</i>			0	
<i>Aeromonas caviae</i>			0	
<i>Aeromonas hydrophila</i>			0	
<i>Aeromonas sobria</i>			0	
<i>Acinetobacter baumannii</i>	2		0	
<i>Acinetobacter calcoaceticus</i>			0	
<i>Acinetobacter haemolyticus</i>			0	
<i>Acinetobacter johnsonii</i>			0	
<i>Acinetobacter junii</i>			0	
<i>Acinetobacter lwoffii</i>			0	
<i>Acinetobacter radioresistens</i>			0	
<i>Bordetella pertussis</i>	2	3	0	
<i>Bordetella avium</i>			0	
<i>Bordetella bronchiseptica</i>			0	
<i>Bordetella parapertussis</i>			0	
<i>Borrelia</i>	2	4	0	
<i>Branchamella catarrhalis</i>	2	4	0	
<i>Burkholderia cepacia</i>	2	4	0	
<i>Burkholderia thailandensis</i>	2	4	0	
<i>Burkholderia pseudomallei</i>			0	
<i>Chamydia trachomatis</i>			0	
<i>Chlamydophila pneumoniae</i>			0	
<i>Clostridium perfringens</i>	2	4	0	
<i>Corynebacterium diphtheriae</i>	2	3	0	
<i>Corynebacterium afermentans</i>			0	
<i>Corynebacterium afermentans</i>			0	
<i>Corynebacterium bovis</i>			0	
<i>Corynebacterium jeikeium</i>			0	
<i>Corynebacterium kutscheri</i>			0	
<i>Corynebacterium macginleyi</i>			0	
<i>Corynebacterium minutissimum</i>			0	
<i>Corynebacterium propinquum</i>			0	
<i>Corynebacterium pseudodiphthericum</i>			0	
<i>Corynebacterium pseudotuberculosis</i>			0	
<i>Corynebacterium striatum</i>			0	
<i>Corynebacterium ulcerans</i>			0	

<i>Corynebacterium urealyticum</i>			0	
<i>Corynebacterium xerosis</i>			0	
<i>Dialister invisus</i>			0	
<i>Dialister pneumosintes</i>			0	
<i>Enterobacter cloacae</i>	2		0	
<i>Enterobacter hormaechei</i>	2		0	
<i>Enterococcus faecium</i>	2	4	0,05	
<i>Fusobacterium nucleatum</i>	2		0	
<i>Fusobacterium naviforme</i>	2		0	
<i>Fusobacterium necrophorum</i>	2		0	
<i>Fusobacterium varium</i>	2		0	
<i>Fusobacterium mortiferum</i>			0	
<i>Fusobacterium periodonticum</i>			0	
<i>Fusobacterium ulcerans</i>			0	
<i>Gardnerella vaginalis</i>			0	
<i>Gemella haemolysans</i>			0	
<i>Haemophilus actinomycetemcomitans</i>	-		0	
<i>Haemophilus parahaemolyticus</i>			0	
<i>Haemophilus influenzae</i>	2	4	0	
<i>Haemophilus parainfluenzae</i>			0	
<i>Haemophilus aphrophilus</i>			0	
<i>Haemophilus ducreyi</i>			0	
<i>Haemophilus haemolyticus</i>			0	
<i>Klebsiella granulomatis</i>	-		0	
<i>Klebsiella ozaenae</i>	2	4	0	
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	2	4	0	
<i>Klebsiella mobilis</i>	2		0	
<i>Klebsiella oxytoca</i>	2		0	
<i>Klebsiella variicola</i>	2		0	
<i>Klebsiella rhinoscleromatis</i>	2	4	0	
<i>Klebsiella ornithinolytica</i>			0	
<i>Klebsiella aerogenes</i>			0	
<i>Legionella pneumophila</i>			0	
<i>Moraxella atlantae</i>			0	
<i>Moraxella bovis</i>			0	
<i>Moraxella catarrhalis</i>			0	
<i>Moraxella caviae</i>			0	
<i>Moraxella cuniculi</i>			0	
<i>Moraxella lacunata</i>			0	
<i>Moraxella lincolnii</i>			0	
<i>Moraxella nonliquefaciens</i>			0	
<i>Moraxella osloensis</i>			0,21	
<i>Moraxella ovis</i>			0	
<i>Mycobacterium avium</i>	3	3	0	
<i>Mycobacterium africanum</i>	3		0	
<i>Mycobacterium abscessus</i>			0	
<i>Mycobacterium asiaticum</i>			0	
<i>Mycobacterium bovis</i>			0	

<i>Mycobacterium celatum</i>			0	
<i>Mycobacterium chelonae</i>			0	
<i>Mycobacterium conspicuum</i>			0	
<i>Mycobacterium caprae</i>			0	
<i>Mycobacterium fortuitum</i>			0	
<i>Mycobacterium genavense</i>	3	3	0	
<i>Mycobacterium gordonae</i>	3		0	
<i>Mycobacterium haemophilum</i>			0	
<i>Mycobacterium kansasii</i>			0	
<i>Mycobacterium leprae</i>			0	
<i>Mycobacterium malmoense</i>			0	
<i>Mycobacterium marinum</i>			0	
<i>Mycobacterium mucogenicum</i>			0	
<i>Mycobacterium microti</i>	3	3	0	
<i>Mycobacterium peregrinum</i>	3		0	
<i>Mycobacterium porcinum</i>			0	
<i>Mycobacterium pinnipedii</i>			0	
<i>Mycobacterium scrofulaceum</i>			0	
<i>Mycobacterium senegalense</i>			0	
<i>Mycobacterium shimoidei</i>	3		0	
<i>Mycobacterium simiae</i>	3	3	0	
<i>Mycobacterium smegmatis</i>	3		0	
<i>Mycobacterium szulgai</i>			0	
<i>Mycobacterium tuberculosis</i>			0	
<i>Mycobacterium ulcerans</i>			0	
<i>Mycobacterium xenopi</i>			0	
<i>Mycoplasmoides pneumoniae</i>			0	
<i>Neisseria cinerea</i>			0	
<i>Neisseria elongata</i>			0	
<i>Neisseria flavescens</i>			0	
<i>Neisseria gonorrhoeae</i>			0	
<i>Neisseria meningitidis</i>			0	
<i>Prevotella intermedia</i>			0	
<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>	2		0	
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>			0	
<i>Parvimonas micra</i>	2		0	
<i>Porphyromonas canoris</i>	2		0	
<i>Porphyromonas gingivalis</i>	2		0	
<i>Porphyromonas levii</i>	2		0	
<i>Staphylococcus aureus</i>	2		0,66	
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	2		36,54	
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	2		1,24	
<i>Staphylococcus schleiferi</i>	2		0	
<i>Staphylococcus pseudintermedius</i>	2		0,05	
<i>Streptococcus acidominimus</i>	2		0	
<i>Streptococcus agalactiae</i>	2		0	
<i>Streptococcus mutans</i>	2		0	
<i>Streptococcus dysgalactiae</i>	2		0	
<i>Streptococcus equi</i>	2		0,66	

<i>Streptococcus gallolyticus</i>	2		0	
<i>Streptococcus intermedius</i>	2		0	
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	2		1,83	
<i>Streptococcus pyogenes</i>			0	
<i>Treponema pallidum</i>	2		0	
<i>Treponema vincentii</i>	2		0	
<i>Treponema socranskii</i>	2		0	
<i>Treponema denticola</i>	2		0	
<i>Treponema endemicum</i>			0	
<i>Treponema carateum</i>			0	
<i>Treponema refringens</i>			0	
<i>Treponema orale</i>			0	
<i>Veillonella atypica</i>			0,09	
<i>Veillonella dispar</i>			0,06	
<i>Veillonella parvula</i>			0,06	

ГРИБЫ

Значение грибковой инфекции в гастроэнтерологии или переоценивается, или наоборот, не находит должной оценки. Часто имеет место явная гипердиагностика. Например, на основании наличия грибов *Candida* в посеве мазка со слизистой ротовой полости у человека без признаков стоматита, или в анализе кала “на дисбактериоз” больного с синдромом раздраженной кишки устанавливается диагноз кандидоза или даже “системного микоза”. При этом совершенно не учитывается, что грибок является комменсалом человека и широко распространен в окружающей среде (как например, *Candida*, *Aspergillus*). Всегда нужно учитывать, что **многие грибы не проявляют патогенные свойства, если организм хозяина не ослаблен**. Нарушения анатомических, физиологических и иммунологических механизмов защиты организма создают условия для развития инфекционного процесса, вызванного его собственной в обычных условиях непатогенной микрофлорой или сапрофитными микроорганизмами из окружающей среды. К условиям развития оппортунистической инфекции относятся: лечение кортикостероидами, иммунодепрессантами, антиметаболитами, антибиотиками; СПИД и другие иммунодефицитные состояния; серьезные метаболические расстройства (например, при сахарном диабете, почечной недостаточности); новообразования и противоопухолевая терапия. Грибковое поражение, в том числе и желудочно-кишечного тракта, развивающееся на фоне тяжелого заболевания, должно быть вовремя распознано и адекватно пролечено, так как эта инфекция может оказать отрицательное влияние на прогноз основного заболевания

Классификация грибов/род/вид	Класс патогенности РФ	Ваш вариант, %	
Кандидоз			
<i>Candida</i>	4	0,006	
<i>Candida albicans</i>	3	0	
<i>Candida_athensensis</i>	4	0	
<i>Candida auris</i>	3	0	
<i>Candida crusei</i>	3	0	
<i>Candida_ethanolica</i>	4	0	
<i>Candida glabrata</i>	3	0	
<i>Candida_pseudotropicalis</i>	4	0	
<i>Candida parapsilosis</i>	4	0	
<i>Candida tropicalis</i>	3	0	
<i>Candida_maltosa</i>	-	0	
<i>Candida dubliniensis</i>	4	0	
<i>Candida lisitaniae</i>	4	0	
Другие дрожжевые грибы (бывшие Candida)			

<i>Meyerozyna guilliermondii</i>		0	
<i>Pichia kudriavzevii</i>		0	
<i>Debaryomyces hansenii</i>		0	
<i>Kluyveromyces marxianus</i>		0	
Аспергиллез			
<i>Aspergillus</i>	4	0	
<i>Aspergillus flavus</i>	3	0	
<i>Aspergillus fumigatus</i>	3	0	
<i>Aspergillus terreus</i>	3	0	
<i>Aspergillus niger</i>		0	
<i>Aspergillus nidulans</i>		0	
<i>Aspergillus clavatus</i>		0	
<i>Aspergillus wentii</i>	4	0	
<i>Aspergillus flavipes</i>	4	0	
Криптококкоз			
<i>Cryptococcus</i>	4	0	
<i>Cryptococcus neoformans</i>	3	0	
<i>Cryptococcus vishniacii</i>	-	0	
Малассезиоз			
<i>Malassezia</i>	4	0,001	
<i>Malassezia globosa</i>	4	0	
<i>Malassezia restricta</i>	4	0,001	
<i>Malassezia furfur</i>	4	0	

ДНК-ВИРУСЫ

Таксономическая классификация		Класс патогенности РФ	Ваш вариант, %	
Герпес				
<i>Human alphaherpesvirus 1</i>	вирус простого герпеса I	3	0	
<i>Human alphaherpesvirus 2</i>	вирус простого герпеса II	3	0	
<i>Human alphaherpesvirus 3</i>	герпесвирус зостер-ветрянки	3	0	
<i>Human betaherpesvirus 6A</i>	вирус герпеса 6A типа	3	0	
<i>Human betaherpesvirus 6B</i>	вирус герпеса 6B типа	3	0	
<i>Human betaherpesvirus 4</i>	вирус Эпштейн-Барра		0	
<i>Human betaherpesvirus 5</i>	вирус цитомегалии	3	0	
<i>Human gammaherpesvirus 7</i>	вирус герпеса 7 типа		0	
<i>Human gammaherpesvirus 8</i>	вирус герпеса 8 типа		0	

Примечание:

Метод WGS не является валидированным для диагностики инфекций.

При наличии клинической картины для верификации возбудителя необходимо обследование стандартными диагностическими методами.

WGS-анализ РНК-вирусов ограничен (низкая чувствительность и специфичность) из-за малой вирусной нагрузки в сочетании с большим количеством человеческих нуклеотидов (маскировка сигналов вирусной РНК «фоновым шумом» РНК клеток человека), сложности получения достаточного количества уникальных прочтений для идентификации и надежного покрытия для идентификации вирусного генома, а также получения гетерогенных данных из-за высокой частоты мутаций РНК-вирусов, генетического разнообразия вирусов и отсутствия консервативных участков.

ВЫВОДЫ

ПОТЕНЦИАЛ ПАТОГЕННОЙ НАГРУЗКИ

	<i>высокая</i>	<i>повышен ная</i>	<i>умеренна я</i>	<i>понижен ная</i>	<i>низкая</i>	<i>крайне низкая</i>
Бактериальная нагрузка			V			
Микотическая нагрузка					V	
Паразитическая нагрузка					V	
Вирусная нагрузка					V	

Анализ проводили:

Главный биолог: Эйсмонт Ю.
Биоинформатик: Данилов Л.
Зав. Лаб. Службы: Обухова О.Ю.

Анализ интерпретировали:

Врач-микробиолог Чернова Т.В.



МЕТОД ИССЛЕДОВАНИЯ

Клиническое метагеномное секвенирование (WGS) — это комплексный анализ микробного и генетического материала хозяина (ДНК или РНК) в образцах.

Методы метагеномики используют для идентификации и геномной характеристики бактерий, грибов, паразитов и вирусов без необходимости предварительного знания конкретного патогена непосредственно из клинических образцов. Способность обнаруживать все потенциальные патогены в образце делает метагеномное секвенирование следующего поколения мощным инструментом в диагностике инфекционных заболеваний.

WGS является полуколичественным методом исследования.

Так как количество копий гена может отличаться в различных клетках, то в ходе анализа, может быть, не совсем корректно определено точное количество бактерий (в штуках). Для этого используется пересчет в относительную частоту встречаемости бактериальных таксонов

Преимущества метода:

Прямая идентификация микроорганизмов

Данный метод позволяет идентифицировать бактерии, археи, грибки, вирусы (ДНК-содержащие, РНК-содержащие, только в процессе репликации), простейшие (одноклеточные паразиты).

Высокое таксономическое разрешение

Данная методика позволяет идентифицировать микроорганизмы до вида и штамма.

Прогнозирование устойчивости к противомикробным препаратам¹

- Антибактериальные препараты
- Антимикотические препараты
- Противовирусные препараты

Обнаружение специфических генов²

Обнаружение детерминант вирулентности на уровне вида или штамма, таких как секреция специфических эндотоксинов или экзотоксинов

Диагностика в онкологии³

Секвенирование вирусных опухолей или анализ жидкой биопсии в онкологии могут использоваться для одновременного выявления патогена и характеристики генетических мутаций хозяина.

Ограничения метода:

Не определяет жизнеспособность микроорганизмов.

Данный метод не позволяет оценить жизнеспособность выявленных микроорганизмов, т.к. исследуется ДНК.

Ограничения метода mNGS (метагеномики) при детекции вирусов

Интерпретация результатов полногеномного секвенирования (WGS) в формате shotgun-метагеномики в отношении РНК-содержащих вирусов сопряжена с существенными ограничениями. В условиях преобладающей концентрации человеческой ДНК в образце вирусный сигнал нивелируется «фоновым шумом» генома хозяина, что критически снижает чувствительность и специфичность метода. Технические сложности усугубляются крайне низким количеством уникальных прочтений, релевантных для патогена, что не позволяет достичь необходимой глубины покрытия для достоверной сборки генома. Дополнительным дестабилизирующим фактором выступает высокая генетическая вариабельность РНК-вирусов и отсутствие строго консервативных локусов, что затрудняет биоинформатическую идентификацию. В отношении РНК-содержащих вирусов применение данного подхода без этапа обратной транскрипции и последующего таргетного обогащения признано неинформативным, поскольку процедура секвенирования будет детектировать преимущественно последовательности с высокой гомологией к

¹ Уточняйте покрытие и выход данных секвенирования для получения данной информации. Есть ограничения.

² Уточняйте покрытие и выход данных секвенирования для получения данной информации. Есть ограничения.

³ Уточняйте покрытие и выход данных секвенирования для получения данной информации. Есть ограничения.

геному человека, что делает рутинное выявление РНК-патогенов данным методом невозможным.

Пояснение

Мы ограничиваем эту интерпретацию поиском и количественной оценкой родов и видов, для которых существует научно доказанная связь⁴ с определенными патологиями и для которых, как было показано, изменения в питании и/или микроэлементах могут изменить их значимость.

Выявленное в ходе исследования ДНК патогенных микроорганизмов, следует рассматривать в контексте анамнеза и клинической картины. Микроорганизмы с высоким патогенным потенциалом нуждаются в верификации другими методами. Информация может быть передана лечащему врачу. Варианты, классифицированные по различным критериям как нейтральные, в заключение не включены.

ИНФОРМАЦИЯ, СОДЕРЖАЩАЯСЯ В ЭТОМ ДОКУМЕНТЕ, ДОЛЖНА ИНТЕРПРЕТИРОВАТЬСЯ В СВЕТЕ ЖАЛОБ И КЛИНИЧЕСКИХ ДАННЫХ ПАЦИЕНТА.

Результат исследования или любая значимая информация, полученная из заключения по данному исследованию, не является медицинским диагнозом. Рекомендации, выданные по результатам анализа, не заменяют медицинского лечения. Данное исследование не является медицинской услугой.

Таблица «Классификация патогенности»

Группа риска		Название группы риска	Оценка риска
ВОЗ	РФ		
Группа риска 1	Группа риска 4	Отсутствие или низкая индивидуальная и общественная опасность	Микроорганизм, потенциально не являющийся возбудителем заболеваний человека или животных
Группа риска 2	Группа риска 3	Умеренная индивидуальная опасность, низкая общественная опасность	Патогенный микроорганизм, который может вызвать заболевание, но не представляет серьёзного риска для персонала, населения, домашнего скота или окружающей среды. Неосторожность в лаборатории может вызвать инфекцию, однако существуют доступные лечебные и профилактические меры. Риск распространения ограничен.
Группа риска 3	Группа риска 2	Высокий индивидуальный и низкий общественный риск	Патогенный агент, который обычно вызывает серьёзное заболевание человека или животных, но, как правило, не распространяется от больного к здоровому. Существуют эффективные лечебно-профилактические процедуры.
Группа риска 4	Группа риска 1	Высокий индивидуальный и общественный риск	Патогенный агент вызывает обычно серьёзное заболевание у человека или животных и легко распространяется от больного к здоровому или опосредованно. Эффективных мер в большинстве случаев не существует.

⁴ Имеются научные публикации.

ВЫПИСКА ДЛЯ ЛЕЧАЩЕГО ВРАЧА

На долю генетического материала человека приходится 99,98% метагеномной библиотеки, что существенно ограничивает глубину покрытия микробного сообщества

Бактериальная нагрузка

ДНК бактериальных видов, относительная численность которых составляет 30%:

➤ *Staphylococcus* (47,08%)

Стафилококки широко распространены в окружающей среде (почва, воздух) и являются частью нормальной микрофлоры кожи и слизистых оболочек человека.

В данном образце род *Staphylococcus* на 98,4 % представлен видами, являющимися резидентной микрофлорой кожи и слизистых оболочек и составляют его нормальный микробиом.

➤ *Streptococcus* (9,7%)

В данном образце род *Streptococcus* на 96,2 % представлен видами, являющимися резидентной микрофлорой слизистых оболочек ротоглотки и носоглотки и составляют нормальный микробиом полости рта.

➤ *Cutibacterium acnes* (10,33%)

Является частью нормальной микрофлоры кожи человека, свидетельствует о контаминации образца микроорганизмами с других локусов хозяина

Условно-патогенная нагрузка:

ДНК условно-патогенных видов бактерий, относительная численность которых составляет $\geq 1,0\%$, которые могут иметь клиническое значение:

➤ *Streptococcus pneumoniae* (1,83%)

Streptococcus pneumoniae является одним из наиболее частых этиологических агентов при обострении ХОБЛ за счет нарушения специфического иммунного ответа. Пневмококк может вызывать не только обострение хронического бронхита, но и **пневмонию** — одно из самых серьёзных осложнений, которое значительно ухудшает состояние и повышает риск госпитализации. Риск развития пневмококковой пневмонии у пациентов с ХОБЛ повышен в 8–10 раз по сравнению с людьми без ХОБЛ.

ДНК условно-патогенных видов бактерий, относительная численность которых составляет $< 1,0\%$, но $> 0,10\%$, которые могут иметь клиническое значение:

➤ *Staphylococcus aureus* (0,66%), *mecA* (+)

Золотистый стафилококк (*Staphylococcus aureus*) не является основным этиологическим агентом в поддержании воспаления при хронической обструктивной болезни легких (ХОБЛ), однако бактерия способна колонизировать дыхательные пути, и на фоне поврежденной слизистой при ХОБЛ провоцировать опасные воспалительные процессы и деструкцию легочной ткани. Выявлены нуклеотидные последовательности гена резистентности *mecA*. Данный ген служит маркером метициллин-резистентного стафилококка (MRSA) и делает бактерию нечувствительной к бета-лактамам антибиотикам.

Микотическая нагрузка

ДНК клинически значимых микотических таксонов (относительная численность $\geq 1,0\%$)

- **Не выявлена**

ДНК клинически значимых микотических таксонов (относительная численность $< 1,0\%$, но $> 0,10\%$)

- **Не выявлена**

Выявленные единичные нуклеотидные последовательности могут говорить о транзиторной микробиоте или артефакте секвенирования.

Паразитическая нагрузка

ДНК клинически значимых простейших (относительная численность $\geq 1,0\%$)

- **Не выявлена**

ДНК клинически значимых простейших (относительная численность $< 1,0\%$ и не менее 100 уникальных прочтений)

- **Не выявлена**

Выявленные единичные нуклеотидные последовательности могут говорить о транзиторной микробиоте или артефакте секвенирования.

Вирусная нагрузка

ДНК клинически значимых вирусов:

- **Не выявлена**

Примечание:

Метод WGS не является валидированным для диагностики инфекций.

При наличии клинической картины для верификации возбудителя необходимо обследование стандартными диагностическими методами.

WGS-анализ РНК-вирусов ограничен (низкая чувствительность и специфичность) из-за малой вирусной нагрузки в сочетании с большим количеством человеческих нуклеотидов (маскировка сигналов вирусной РНК «фоновым шумом» РНК клеток человека), сложности получения достаточного количества уникальных прочтений для идентификации и надежного покрытия для идентификации вирусного генома, а также получения гетерогенных данных из-за высокой частоты мутаций РНК-вирусов, генетического разнообразия вирусов и отсутствия консервативных участков.

Информация о пациенте

ФИО
Дата рождения
Пол
Заказчик

Информация о биологическом материале

Образец №
Вид биоматериала
Дата поступления образца
Дата выдачи результата

Венозная кровь

МЕТАГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ WGS ДИАГНОСТИКА ИНФЕКЦИЙ РЕЗУЛЬТАТЫ СЕКВЕНИРОВАНИЯ

СООТНОШЕНИЕ КЛАССИФИЦИРУЕМЫХ ПРОЧТЕНИЙ

Классификация	Доля %
ДНК человека	99,99%
Bacteroides	0,001%
Kwoniella	0,001%
Bacillus	0,001%
Plasmodium	0,001%
Phocaeicola	0,001%

Обнаружены следовые количества ДНК микроорганизмов. Количество обнаруженных прочтений ниже порога детекции наличия данных микроорганизмов в пробе и является техническим шумом.

Метод WGS не является валидированным для диагностики инфекций. Отрицательный результат не является доказательством отсутствия инфекции и обусловлен объективными ограничениями метода. При наличии клинической картины для верификации возбудителя необходимо обследование стандартными диагностическими методами.

Ограничения метода:

- в цельной крови более 99,9 % прочтений принадлежат ДНК человека, что снижает чувствительность при низкой виремии или бактериемии;
- стандартный mNGS-протокол детектирует только ДНК-содержащие возбудители, РНК-вирусы (включая респираторные) в анализ не попадают;
- чувствительность метагеномики уступает таргетной ПЦР при латентных инфекциях;
- локальные очаги инфекции могут не сопровождаться поступлением ДНК патогена в кровотоки.

Интерпретация:

Данный результат подтверждает лишь отсутствие массивной ДНК-бактериемии или ДНК-виремии на момент забора крови.

Рекомендации:

В случае скрытого иммунодефицита рекомендовано дополнительное обследование серологическими методами и высокочувствительной ПЦР (включая РНК-содержащие вирусы) с учётом клинической картины.

Анализ проводили:

Главный биолог:	Эйсмонт Ю.
Биоинформатик:	Данилов Л.
Зав. Лаб. Службы:	Обухова О.Ю.



Анализ интерпретировали:

Врач КЛД:	Севастенкова М.С .
-----------	--------------------