

Особенности бактерий рода *Blautia* – представителей микробиоты толстой кишки

Н.Н.Кукалевская, Т.А.Бажукова, Н.В.Давидович, М.А.Сабанаев

ФГБОУ ВО «Северный государственный медицинский университет», Архангельск, Российская Федерация

Бактерии рода *Blautia* проявляют метаболическую активность в отношении сложного динамического биоценоза постоянных и изменяющихся популяций микробиоты толстой кишки. Однако информация, имеющаяся на сегодняшний день в отношении данных представителей, разрознена и не структурирована. В связи с этим цель настоящего обзора – систематизировать и структурировать имеющиеся знания о бактериях рода *Blautia*. Проведен поиск публикаций 2010–2022 гг. в базах данных Pubmed и e-LIBRARY на русском и английском языках. Из 515 источников нами были отобраны 44, в которых была приведена информация относительно данного рода микроорганизмов. В статье дана характеристика рода *Blautia*, а также некоторых ее видов: *B. luti*, *B. wexlerae*. Обобщена информация о метаболической активности бактерий: утилизации углеводов, а также участии в процессах биотрансформации и других субстратных обменах. Уточнены и описаны механизмы влияния *Blautia* на здоровье организма хозяина, отражено распределение бактериальных сообществ в зависимости от типа питания, географии, возраста. Отмечено, что бактерии рода *Blautia* играют роль в возникновении воспалительных заболеваний и других патологий, однако некоторые виды обладают пробиотическим потенциалом. Таким образом, изучение данного рода бактерий является актуальным для всестороннего понимания их функций в организме хозяина и решения вопроса о пробиотическом потенциале.

Ключевые слова: *Blautia luti*, *Blautia wexlerae*, толстая кишка, микробиота, кишечник, пробиотический потенциал

Для цитирования: Кукалевская Н.Н., Бажукова Т.А., Давидович Н.В., Сабанаев М.А. Особенности бактерий рода *Blautia* – представителей микробиоты толстой кишки. Бактериология. 2024; 9(2): 81–88. DOI: 10.20953/2500-1027-2024-2-81-88

Features of bacteria of the genus *Blautia* – representatives of the microbiota of the colon

N.N.Kukalevskaya, T.A.Bazhukova, N.V.Davidovich, M.A.Sabanaev

Northern State Medical University, Arkhangelsk, Russian Federation

Bacteria of the genus *Blautia* are representative of the colon microbiota. However, to date, there is little information known about this genus, while many studies are being carried out to study this bacteria, their functional and metabolic activity, and its effect on the host organism. The goal is to systematize and structure the existing knowledge about *Blautia*. Searched for publications 2010–2022 in the Pubmed and e-LIBRARY databases in Russian and English. From 515 sources, we selected 44, which provided information on this genus of microorganisms. The article describes the characteristics of the genus *Blautia*, including some species. Information about the utilization of carbohydrates, the dependence of its distribution on diet, geography, and age is described. Known mechanisms of influence of *Blautia* on the health of the host organism are uncovered. It is indicated which substrates are capable of biotransformation bacteria of this genus and what products are formed in this case. There is no doubt that bacteria of the genus *Blautia* play a role in the occurrence of inflammatory diseases and other pathologies. At the same time, it is not necessary to generalize equally positive or negative effect to all species of this genus. To date, the study of this genus of bacteria is relevant for a comprehensive understanding of its functions in the host organism and for resolving the issue of a possible probiotic potential.

Key words: *Blautia luti*, *Blautia wexlerae*, colon, microbiota, intestines, probiotic potential

For citation: Kukalevskaya N.N., Bazhukova T.A., Davidovich N.V., Sabanaev M.A. Features of bacteria of the genus *Blautia* – representatives of the microbiota of the colon. Bacteriology. 2024; 9(2): 81–88. (In Russian). DOI: 10.20953/2500-1027-2024-2-81-88

Микробиота человека – сообщество микроорганизмов, включающее бактерии, грибы, вирусы и археи. Большая часть микробиоты кишечника представлена бактериями [1]. Согласно результатам исследований секвенирования 16S рНК, *Bacillota* (ранее *Firmicutes*) является одним из основных типов кишечной микробиоты человека и других

позвоночных, а семейство *Lachnospiraceae* и *Ruminococcaceae* составляют 50 и 30% от общей массы микроорганизмов соответственно [2].

Blautia, как представитель рода семейства *Lachnospiraceae*, особенно интересна для исследователей ввиду ее роли в развитии воспалительных и метаболических заболе-

Для корреспонденции:

Кукалевская Наталья Николаевна, ассистент кафедры клинической биохимии, микробиологии и лабораторной диагностики ФГБОУ ВО «Северный государственный медицинский университет»

Адрес: 163000, Архангельск, Троицкий пр-т, 180

Телефон: (81822) 28-5765

ORCID: 0000-0003-3371-1485

Статья поступила 14.09.2023, принята к печати 28.06.2024

For correspondence:

Natalya N. Kukalevskaya, Assistant of the Department of Clinical Biochemistry, Microbiology and Laboratory Diagnostics, Northern State Medical University

Address: 180 Troitsky ave., Arkhangelsk, 163000, Russian Federation

Phone: (81822) 28-5765

ORCID: 0000-0003-3371-1485

The article was received 14.09.2023, accepted for publication 28.06.2024

ваний, а также антибактериальной активности против некоторых видов микроорганизмов [3].

В ряде исследований показано, что состав и изменения популяции *Blautia* в кишечнике связаны с возрастом хозяина, географией, характером питания, генотипом, состоянием здоровья и другими физиологическими особенностями. Было обнаружено, что этот род играет определенную роль в биотрансформации и взаимодействии с другими кишечными микроорганизмами – *Ruminococcus*, *Akkermansia*, *Roseburia*, *Prevotella* [4]. Несмотря на то, что *Blautia* показала ряд потенциальных пробиотических свойств, до сих пор нет всестороннего понимания этого рода бактерий, вероятно, из-за отсутствия полной филогенетической, метаболической, функциональной и других характеристик. 9-е издание Руководства Берджи по систематической бактериологии не содержит описания рода *Blautia*, только некоторые филогенетические характеристики некоторых «предыдущих» видов, принадлежащих к роду *Clostridium* или *Ruminococcus*, и краткое описание характеристик штаммов [5].

В связи с этим целью работы явились систематизация и структурирование имеющихся знаний о *Blautia*. Проведен поиск публикаций 2010–2022 гг. в базах данных Pubmed и e-LIBRARY на русском и английском языках. Из 515 источников нами были отобраны 44, в которых была приведена информация относительно данного рода микроорганизмов. В этой статье рассматриваются исследования, касающиеся *Blautia*, и обсуждается потенциальный пробиотический потенциал данных бактерий.

Характеристики

Разнообразие видов

С помощью филогенетического анализа последовательностей генов 16S рРНК в сочетании с культуральным анализом установлено, что на сегодняшний день род *Blautia* составляют около 30 видов, включая *B. coccoides*, *B. hansenii*, *B. producta* [6]. Филогенетическое дерево этого рода постоянно обновляется по мере добавления новых видов и штаммов, но в целом виды рода *Blautia* по-прежнему образуют относительно стабильную и последовательную однолинейную ветвь [7].

Наиболее распространенными видами *Blautia* spp., выделенными из микробиоты кишечника, в т.ч. в детском возрасте, являются *B. wexlerae* и *B. luti*, тогда как в состав микробиоты верхних дыхательных путей входила *B. producta*, выделенная из мокроты [8].

Характеристика бактерии

Бактериальные клетки *Blautia* обычно сферической или овальной формы, располагаются парами или в виде нитей, не имеют жгутиков, большинство штаммов не имеют спор. По типу дыхания данные бактерии относятся к строгим анаэробам. Для большинства штаммов *Blautia* температурный оптимум составляет 37°C, pH 7,0 [6]. Некоторые виды, такие как *B. producta*, обладают как гетеротрофными, так и автотрофными свойствами и могут использовать CO, H₂/CO₂ и углеводы в качестве источников энергии (табл. 1) [7].

Длинноцепочечные жирные кислоты, продуцируемые штаммами *Blautia*, подразделяются на насыщенные и мононенасыщенные, основными видами являются C14:0, C16:0 и C16:0DMA – диметилацетиленовые жирные кислоты [6].

Зависимость от возраста, питания и географии

Питание

Рацион питания является основополагающим фактором, влияющим на состав и характеристику микробиоты [9]. Так, добавление пищевых волокон, извлеченных из кукурузы (F-FOPs), в рацион мышей, получающих высокое содержание жиров с пищей (HF), значительно увеличивало содержание *Blautia* в мышечных фекалиях [10]. Такой же феномен также наблюдался у здоровых взрослых собак, рацион которых был дополнен картофельной клетчаткой [11]. В одном исследовании доброволец мужского пола потреблял 600 мг ω-3 ежедневно в течение 14 дней, в результате общее микробное разнообразие кишечника уменьшилось, снизилось количество *Faecalibacterium*, но значительно увеличилось содержание *Blautia* [12].

Возраст

Возраст – еще один фактор, влияющий на видовое многообразие микробиоты кишечника. В ходе исследования A.Endo et al. по оценке микробиоты кишечника у детей в возрасте от 2 нед. до 13 лет было выявлено, что *B. coccoides* редко присутствовала в кишечной микробиоте детей младше 6 мес., но чаще встречалась у детей старше 1 года [13]. Перекрестное исследование фекалий 367 здоровых японцев в возрасте 0–104 лет показало, что кишечная микробиота взрослых японцев (21–69 лет) содержала большое количество *Blautia* и *Bifidobacterium* и мало *Bacteroides*. Кроме того, по сравнению со взрослыми у пожилых людей наблюдалось снижение биоразнообразия микробиома, в т.ч. снижение *Blautia*. Эта особенность может быть связана с возрастным

Таблица 1. Характеристика утилизации углеводов у разных штаммов
 Table 1. Characteristics of carbohydrate utilization in different strains

Штамм / Strain	<i>Blautia coccoides</i>	<i>Blautia hansenii</i>	<i>Blautia luti</i>	<i>Blautia producta</i>	<i>Blautia wexlerae</i>
Конечные продукты / Final products	A, C	Л, А	A, C	Л, А	A, C
Глюкоза / Glucose	+	+	+	+	+
Ксилоза / Xylose	+	-	+	+	+
Сахароза / Sucrose	+	-	+	+	+/-
Фруктоза / Fructose	+	-	+	+	+/-
Лактоза / Lactose	+	+	+	+	+/-
Рафиноза / Raffinose	+	+	+	+	+/-

A – ацетат; C – сукцинат; Л – лактат. / A – acetate; C – succinate; Л – lactate.

физиологическим угнетением иммунной функции, сопровождающимся наличием хронического воспаления [14].

География

Некоторые исследования указывают на зависимость состава кишечной микробиоты от географического района проживания и высоты над уровнем моря. В ходе изучения характеристик микробного сообщества в фекалиях 303 детей школьного возраста из городских или сельских районов пяти стран, находящихся в умеренных и тропических регионах Азии, было выявлено, что кишечная микробиота детей была разделена на две группы: *Prevotella* (тип P) и *Bifidobacterium/Bacteroides* (тип ВВ). Кишечная микробиота детей в Китае, Японии, Тайване и других регионах с умеренным климатом была в основном ВВ-типа, тогда как у детей в Таиланде, Индонезии и других тропических странах – Р-типа. Примечательно, что высокое содержание *Blautia* было характерно для людей с кишечной микробиотой ВВ-типа, составляя 10% от общего бактериального состава ВВ-типа, но только 5% от общего бактериального состава Р-типа [15].

Секвенирование образцов фекальной микробиоты 208 тибетцев из 6 регионов на основе анализа операционных таксономических единиц показало, что представители рода *Blautia* доминировали в микробиоте кишечника всех обследованных и их содержание менялось с увеличением высоты над уровнем моря, индекса массы тела и возраста; в частности, увеличилось содержание факультативных анаэробов [16]. Другое исследование показало, что преобладающими кишечными родами у японцев являются *Bifidobacterium* и *Clostridium*, а у американцев, китайцев, французов и испанцев – *Bacteroides*, у австралийцев – *Blautia* [17]. Вероятно, различия в микробном биоразнообразии кишечника человека в зависимости от географического местоположения в значительной степени связаны с наследственностью, образом жизни и особенностями питания [18].

Физиологические функции

Биотрансформация биоактивных веществ

Бактерии рода *Prevotella* и *Xylanibacter* могут разлагать такие компоненты пищи, как целлюлоза и ксилан, которые не перевариваются организмом хозяина. В результате повышается содержание короткоцепочечных жирных кислот (КЦЖК) в фекалиях, улучшается переваривание пищи [19]. В последние годы исследователей привлекает изучение биотрансформации и метаболизма травяных растений и функциональных пищевых продуктов с помощью *Blautia*. Исследования показали, что штамм *Blautia* spp. MRG-PMF1 оказывает гидролитическое действие на функциональные группы арилметилового эфира в 5,7-диметоксифлавоне (5,7-ДМФ) и 5,7,4-триметоксифлавоне (5,7,4-ТМФ). Полиметоксифлавоны представляют собой флавоноиды, выделенные из *Kaempferia* и цитрусовых, обладающие противораковыми, противовоспалительными, противовирусными и антикоагулянтными свойствами [20]. Штамм *Blautia* spp. MRG-PMF1 также обладает способностью к дегликозилированию, вследствие чего может метаболизировать изофлавоны, флавоны и флавоноиды в соответствующие агликоны. В ходе превращения флавоноидов реакции, катализируемые *Blautia*, включают деметилирование, дегидроксилирование,

Таблица 2. Биотрансформация биоактивных веществ
 Table 2. Biotransformation of bioactive substances

Субстрат / Substrate	Штамм / Strain	Продукт биотрансформации / Product of biotransformation
5,7-ДМФ / 5,7-DMF 5,7,4-ТМФ / 5,7,4-TMF	<i>Blautia</i> spp. MRG-PMF1	Хризин / Chrysin Апигенин / Apigenin
Икариин / Icaritin		Десметиликаритин, гидролизаты икарина / <i>Desmethylicaritin, icarin hydrolysates</i>
Куркумин / Curcumin		Деметилкуркумин, бисдескуркумин / <i>Demethylcurcumin, bisdescurcumin</i>
Глюкозилцерамид / <i>Glucosylceramide</i>	<i>Blautia glucerasei</i> spp. nov. HFTH-1 T	Функциональные вещества со специфическим профилактическим действием против рака толстой кишки / <i>Functional substances with specific preventive effects against colon cancer</i>
ДМФ – диметоксифлавон, ТМФ – триметоксифлавон. / DMF – dimethoxyflavone, TMF – trimethoxyflavone.		

О- и С-дегликозилирование и расщепление С-кольца. Также исследователи обнаружили, что *Blautia* spp. MRG-PMF1 может биотрансформировать икариин и куркумин в анаэробных условиях (табл. 2) [21].

Диметилкуркумин, по сравнению с куркумином, обладает высоким антиканцерогенным потенциалом в отношении НСТ116 рака толстой кишки, в то время как синтетический диметилкуркумин обладает нейропротекторным и противовоспалительным действием [22]. В то же время *Blautia glucerasei* spp. nov. HFTH-1 T продуцирует специфический внеклеточный фермент, который гидролизует глюкозилцерамид в функциональные вещества со специфическим профилактическим действием против рака толстой кишки [23].

Следует отметить, что некоторые виды биотрансформации с участием *Blautia* имеют потенциально негативные свойства. Так, некоторые виды *Blautia* могут осуществлять 7- α -дегидроксилирование первичных желчных кислот и преобразовывать их во вторичные желчные кислоты, такие как литохолевая и дезоксихолевая. Их содержание коррелирует с развитием рака толстой кишки, и их обнаруживают в более высоких концентрациях в фекалиях пациентов с язвенным колитом, дисплазией или злокачественным новообразованием [24].

Blautia также участвует в процессах дегликозилирования полифенолов и катаболизма лигнанов. В целом бактериальный метаболизм в кишечнике включает восстановление и гидролиз, в результате чего образуются неполярные низкомолекулярные продукты [25]. Исследование биотрансформации *Blautia* имеет важное значение для разработки новых ферментов и биоактивных метаболитов для пищевых добавок и обеспечивает ценную перспективу для дальнейших исследований кишечного микробиома человека [26, 27].

Связь со вторичными метаболитами

Вторичные метаболиты представляют собой биологически активные соединения, продуцируемые микроорганизма-

Таблица 3. Типы бактерицидов, продуцируемых *Blautia*
 Table 3. Types of bactericides produced by *Blautia*

Штамм / Strain	Бактериоцины/ Bacteriocins
<i>B. schinkii</i> DSM 10518	Имеет кластер генов, кодирующий сактипептид [30] / Has a gene cluster encoding sactipeptide [30]
<i>Blautia</i> sp. SF-50	Имеет кластер генов, кодирующий сактипептид и лантипептид [31] / Has a gene cluster encoding sactipeptide and lantipeptide [31]
<i>B. obeum</i> A2-162	Содержит новый лантибиотик – низин О, который показал антибактериальную активность в отношении <i>Clostridium perfringens</i> [32] / Contains a new lantibiotic – nisin O, which has shown antibacterial activity against <i>Clostridium perfringens</i> [32]
<i>B. producta</i>	Ингибирует рост устойчивых к ванкомицину энтерококков (VRE), секретируя лантибиотик, аналогичный низину-А, который оказывает бактериостатическое действие [32] / Inhibits the growth of vancomycin-resistant enterococci (VRE) by secreting a lantibiotic similar to nisin-A, which has a bacteriostatic effect [32]

ми в процессе роста и жизнедеятельности, которые широко используются в антибактериальных, противоопухолевых препаратах, гербицидах и инсектицидах [28].

Одной из особенностей *Blautia* является ее антибактериальная активность, связанная с синтезом бактериоцинов. При изучении вторичных метаболитов у 74 штаммов *Blautia* был выявлен 261 кластер генов вторичного метаболического биосинтеза, включающих нерибосомальные пептиды, сактипептид, лантипептид, бактериоцин, лассопептид, бета-лактон (табл. 3). Нерибосомальные пептиды и поликетиды – вторичные метаболиты с широким спектром свойств: сидерофоры, участвующие в очистке железа, пигменты, которые обеспечивают защиту от множества факторов стресса, а также усвоение питательных веществ, химическую коммуникацию и защитные реакции [29].

Виды *B. obeum* и *B. producta* могут ингибировать пролиферацию *C. perfringens* и ванкомицин-резистентных энтерококков, что свидетельствует об их пробиотических функциях.

Связь с метаболическим синдромом

В последние десятилетия во всем мире резко возросла распространенность метаболических заболеваний, связанных с ожирением, таких как сахарный диабет 2-го типа (СД2), что, в свою очередь, привело к повышению распространенности атеросклероза, неалкогольной жировой болезни печени и некоторых видов рака. Недавние исследования показали, что кишечная микробиота играет важную роль в ожирении и связанных с ним заболеваниях [33]. Было обнаружено, что *Blautia* является единственным родом, который показал выраженную отрицательную связь с накоплением висцерального жира у японцев, независимо от пола [34]. В другом исследовании у детей с ожирением было обнаружено более высокое содержание *Bacteroides* и более низкое содержание *Firmicutes* в кишечнике, что сопровождалось снижением содержания *Blautia* и *Faecalibacterium*. Другие ученые выявили, что количество *Blautia* значительно уменьшилось у детей с диабетом по сравнению со здоровыми детьми [35]. *Blautia* является продуцентом уксусной кислоты в кишечнике, которая может ингибировать передачу сигналов инсулина и накопление жира в адипоцитах путем активации рецепторов, связанных с G-белком GPR41 и GPR43.

Это способствует метаболизму несвязанных липидов и глюкозы в других тканях и, таким образом, облегчает течение заболеваний, связанных с ожирением [36]. Поперечное исследование показало, что *Blautia*, особенно *B. luti* и *B. wexlerae*, помогают уменьшить воспаление, связанное с ожирением. Таким образом, эти результаты могут служить базой для основанных на микробиоте стратегий ранней профилактики ожирения и его осложнений в будущем [37].

Также в недавних исследованиях было показано, что у детей при СД2 содержание бактерий *Blautia* и отношение *Firmicutes/Bacteroidetes* положительно коррелировали с уровнем гликированного гемоглобина (HbA1c). Некоторые авторы сообщали, что число *Blautia* положительно коррелировало и с количеством аутоантител. Следовательно, бактерии *Blautia* могут влиять на развитие СД2 посредством регуляции иммунного ответа [38].

Связь с преэклампсией

На сегодняшний день были опубликованы результаты первого исследования, в котором изучался состав кишечной микробиоты у женщин с преэклампсией (ПЭ), в котором были проанализированы образцы кала во время беременности, через 1 и 6 нед. после родов. Результаты показали ряд интересных особенностей: были выделены 13 ПЭ-ассоциированных бактериальных видов, центральная роль в патологическом микробиоме кишечника при ПЭ принадлежала *Blautia* и *Ruminococcus* [39].

Связь с воспалением

Blautia, как род комменсальных облигатных анаэробных бактерий, играет важную роль в поддержании экологического баланса в кишечнике и предотвращении воспаления путем активизации кишечных регуляторных Т-клеток и продукции КЦЖК [40].

Число воспалительных заболеваний кишечника (ВЗК), включая болезнь Крона и язвенный колит, в последние десятилетия увеличивается во многих развивающихся странах, число которых в последние десятилетия увеличивается во многих развивающихся странах [41]. Анализ микробиоты фекалий и слизистых оболочек у больных ВЗК и здоровых людей показал, что количество *Blautia* значительно снижено в микробиоте слизистой оболочки слепой кишки у пациентов с болезнью Крона [38]. Аналогичный факт был также зарегистрирован в микробиоте слизистых оболочек пациентов с колоректальным раком [42]. Также было показано, что *Blautia* и *Faecalibacterium prausnitzii* составляют меньшую долю в микробиоте, ассоциированной со слизистой оболочкой кишечника, у больных спорадическим раком по сравнению со здоровыми людьми, но их много во внеопухолевой микросреде [43]. Имеются данные о распространенности *Blautia* у пациентов с ранним раком молочной железы [44]. Большинство представленных исследований были сосредоточены на уровне бактериального рода и не проводили углубленного изучения на уровне видов или штаммов, в связи с этим необходимо продолжить оценку свойств бактерий *Blautia* на уровне видов и штаммов при различных физиологических и патологических состояниях для возможности оценки благотворного или неблагоприятного воздействия на здоровье человека.

Воздействие других бактерий на представителей рода *Blautia*

Перекрестное питание *Blautia*, как рода анаэробных бактерий, с другими бактериями также в некоторой степени способствует регуляции метаболизма. Исследование J.A.Laverde Gomez et al. показало, что при использовании 0,2%-го резистентного крахмала в качестве источника энергии *Ruminococcus bromii* производит муравьиную кислоту, этанол и уксусную кислоту примерно в равных молярных соотношениях на среде RUM-RS [4]. Однако периодическое совместное культивирование с ацетогенными бактериями *B. hydronotrophica* на крахмале приводило к исчезновению муравьиной кислоты при повышении уровня уксусной кислоты. Секвенирование РНК использовалось для дальнейшего изучения межвидовых взаимодействий для обнаружения экспрессии генов в непрерывных совместных культурах *R. bromii* и *B. hydronotrophica*. Анализ транскриптома выявил повышенную регуляцию генов *B. hydronotrophica*, участвующих в пути Вуда–Льонгдаля, в дополнение к кластеру из 10 генов, ответственному за усиление ферментации аминокислот с разветвленной цепью в совместной культуре. Перекрестное питание между видами, продуцирующими муравьиную кислоту, и видами, продуцирующими уксусную кислоту, может играть важную роль в образовании КЦЖК в толстой кишке и способствовать массовому производству уксусной кислоты [4]. Будучи ключевым анаэробным микроорганизмом, *B. hydronotrophica* потребляет H_2 и CO_2 по пути Вуда–Льонгдаля с образованием уксусной кислоты. Этот путь активируется при сосуществовании с *Bifidobacterium bifidum*. *B. bifidum* служит особым видом, ферментирующим углеводы и производящим CO_2 , который является фиксированным субстратом в пути Вуда–Льонгдаля. Таким образом, изменения, наблюдаемые в пути Вуда–Льонгдаля у *B. hydronotrophica*, могут быть результатом перекрестного питания *B. bifidum* [45].

Заключение

Таким образом, являясь одним из доминирующих видов кишечной микробиоты, бактерии рода *Blautia* играют значительную роль в обмене веществ, воспалительных заболеваниях и биотрансформации. Большинство свойств этого рода ассоциированы с потенциальным пробиотическим эффектом, тогда как причинно-следственные связи между различным содержанием *Blautia* и метаболическими/воспалительными заболеваниями пока не до конца установлены. Количественное содержание бактерий по-разному коррелирует с различными патологическими состояниями (низкое содержание *Blautia* отмечается у людей, страдающих сахарным диабетом / ожирением, тогда как повышение содержания отмечается при ВЗК). Однако необходимо осуществлять мониторинг взаимосвязи метаболических, функциональных и иммунных эффектов *Blautia* на состояние макроорганизма не только на уровне бактериального рода, но и на видовом уровне и даже на уровне штаммов. На сегодняшний день выделено всего несколько штаммов *Blautia*, и в руководстве Берджи нет описания характеристик этого рода, а информация о геноме остается ограниченной. Таким образом, необходимо выделить, секвенировать и описать больше штаммов *Blautia* от различных хозяев, чтобы охарактеризовать

физиологические свойства этого рода и упорядочить их геномы. Учитывая роль *Blautia* в метаболизме хозяина, также остается актуальным вопрос об изучении ее пробиотического потенциала.

Информация о финансировании

Финансирование данной работы не проводилось.

Financial support

No financial support has been provided for this work.

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interest

The authors declare that there is no conflict of interest.

Литература

1. Miller AL, Bessho S, Grando K, Tükel Ç. Microbiome or Infections: Amyloid-Containing Biofilms as a Trigger for Complex Human Diseases. *Front Immunol*. 2021 Feb 26;12:638867. DOI: 10.3389/fimmu.2021.638867
2. Biddle A, Stewart L, Blanchard J, Leschine S. Untangling the Genetic Basis of Fibrolytic Specialization by *Lachnospiraceae* and *Ruminococcaceae* in Diverse Gut Communities. *Diversity*. 2013;(5):627-640. DOI: 10.3390/d5030627
3. Kalyana Chakravarthy S, Jayasudha R, Sai Prashanthi G, Ali MH, Sharma S, Tyagi M, et al. Dysbiosis in the Gut Bacterial Microbiome of Patients with Uveitis, an Inflammatory Disease of the Eye. *Indian J Microbiol*. 2018 Dec;58(4):457-469. DOI: 10.1007/s12088-018-0746-9
4. Laverde Gomez JA, Mukhopadhyaya I, Duncan SH, Louis P, Shaw S, Collieduguid E, et al. Formate cross-feeding and cooperative metabolic interactions revealed by transcriptomics in co-cultures of acetogenic and amylolytic human colonic bacteria. *Environ Microbiol*. 2019 Jan;21(1):259-271. DOI: 10.1111/1462-2920.14454
5. Хоулт Дж. Определитель бактерий Берджи. Том 2. М.: Мир, 1997;574-575.
6. Shin NR, Kang W, Tak EJ, Hyun DW, Kim PS, Kim HS, et al. *Blautia hominis* sp. nov., isolated from human faeces. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2018 Apr;68(4):1059-1064. DOI: 10.1099/ijsem.0.002623
7. Liu C, Finegold SM, Song Y, Lawson PA. Reclassification of *Clostridium coccooides*, *Ruminococcus hansenii*, *Ruminococcus hydrogenotrophicus*, *Ruminococcus luti*, *Ruminococcus productus* and *Ruminococcus schinkii* as *Blautia coccooides* gen. nov., comb. nov., *Blautia hansenii* comb. nov., *Blautia hydrogenotrophica* comb. nov., *Blautia luti* comb. nov., *Blautia producta* comb. nov., *Blautia schinkii* comb. nov. and description of *Blautia wexlerae* sp. nov., isolated from human faeces. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2008 Aug;58(Pt 8):1896-902. DOI: 10.1099/ijms.0.65208-0
8. Touyama M, Jin JS, Kibe R, Hayashi H, Benno Y. Quantification of *Blautia wexlerae* and *Blautia luti* in human faeces by real-time PCR using specific primers. *Benef Microbes*. 2015;6(4):583-90. DOI: 10.3920/BM2014.0133
9. Scott KP, Gratz SW, Sheridan PO, Flint HJ, Duncan SH. The influence of diet on the gut microbiota. *Pharmacol Res*. 2013 Mar;69(1):52-60. DOI: 10.1016/j.phrs.2012.10.020
10. Yang J, Bindels LB, Segura Munoz RR, Martinez I, Walter J, Ramer-Tait AE, et al. Disparate Metabolic Responses in Mice Fed a High-Fat Diet Supplemented with Maize-Derived Non-Digestible Feruloylated Oligo- and Polysaccharides Are Linked to Changes in the Gut Microbiota. *PLoS One*. 2016 Jan 5;11(1):e0146144. DOI: 10.1371/journal.pone.0146144
11. Panasevich MR, Kerr KR, Dilger RN, Fahey GC Jr, Guérin-Deremaux L, Lynch GL, et al. Modulation of the faecal microbiome of healthy adult dogs by inclusion of potato fibre in the diet. *Br J Nutr*. 2015 Jan 14;113(1):125-33. DOI: 10.1017/S0007114514003274

12. Noriega BS, Sanchez-Gonzalez MA, Salyakina D, Coffman J. Understanding the Impact of Omega-3 Rich Diet on the Gut Microbiota. *Case Rep Med*. 2016;2016:3089303. DOI: 10.1155/2016/3089303
13. Endo A, Pärtty A, Kalliomäki M, Isolauri E, Salminen S. Long-term monitoring of the human intestinal microbiota from the 2nd week to 13 years of age. *Anaerobe*. 2014 Aug;28:149-56. DOI: 10.1016/j.anaerobe.2014.06.006
14. Vaiserman AM, Koliada AK, Marotta F. Gut microbiota: A player in aging and a target for anti-aging intervention. *Ageing Res Rev*. 2017 May;35:36-45. DOI: 10.1016/j.arr.2017.01.001
15. Nakayama J, Watanabe K, Jiang J, Matsuda K, Chao SH, Haryono P, et al. Diversity in gut bacterial community of school-age children in Asia. *Sci Rep*. 2015 Feb 23;5:8397. DOI: 10.1038/srep08397
16. Lan D, Ji W, Lin B, Chen Y, Huang C, Xiong X, et al. Correlations between gut microbiota community structures of Tibetans and geography. *Sci Rep*. 2017 Dec 5;7(1):16982. DOI: 10.1038/s41598-017-17194-4
17. Gupta VK, Paul S, Dutta C. Geography, Ethnicity or Subsistence-Specific Variations in Human Microbiome Composition and Diversity. *Front Microbiol*. 2017 Jun 23;8:1162. DOI: 10.3389/fmicb.2017.01162
18. Zhang J, Guo Z, Xue Z, Sun Z, Zhang M, Wang L, et al. A phylo-functional core of gut microbiota in healthy young Chinese cohorts across lifestyles, geography and ethnicities. *ISME J*. 2015 Sep;9(9):1979-90. DOI: 10.1038/ismej.2015.11
19. Tremaroli V, Bäckhed F. Functional interactions between the gut microbiota and host metabolism. *Nature*. 2012 Sep 13;489(7415):242-9. DOI: 10.1038/nature11552
20. Wongsrikaew N, Kim H, Vichitphan K, et al. Antiproliferative activity and polymethoxyflavone composition analysis of *Kaempferia parviflora* extracts. *J Korean Soc Appl Biol Chem*. 2012;55:813-817. DOI: 10.1007/s13765-012-2175-5
21. Liu X, Mao B, Gu J, Wu J, Cui S, Wang G, et al. *Blautia* – a new functional genus with potential probiotic properties? *Gut Microbes*. 2021 Jan-Dec;13(1):1-21. DOI: 10.1080/19490976.2021.1875796
22. Pinkaew D, Changtam C, Tocharus C, Govitrapong P, Jumnonprakhon P, Suksamrarn A, et al. Association of Neuroprotective Effect of Di-O-Demethylcurcumin on A β 25-35-Induced Neurotoxicity with Suppression of NF- κ B and Activation of Nrf2. *Neurotox Res*. 2016 Jan;29(1):80-91. DOI: 10.1007/s12640-015-9558-4
23. Furuya H, Ide Y, Hamamoto M, Asanuma N, Hino T. Isolation of a novel bacterium, *Blautia glucerasei* sp. nov., hydrolyzing plant glucosylceramide to ceramide. *Arch Microbiol*. 2010 May;192(5):365-72. DOI: 10.1007/s00203-010-0566-8
24. Vaughn BP, Kaiser T, Staley C, Hamilton MJ, Reich J, Graiziger C, et al. A pilot study of fecal bile acid and microbiota profiles in inflammatory bowel disease and primary sclerosing cholangitis. *Clin Exp Gastroenterol*. 2019 Jan 10;12:9-19. DOI: 10.2147/CEG.S186097
25. González-Sarriás A, Espín JC, Tomás-Barberán FA. Non-extractable polyphenols produce gut microbiota metabolites that persist in circulation and show anti-inflammatory and free radical-scavenging effects. *Trends Food Sci. Technol*. 2017;69:281-8. DOI: 10.1016/J.TIFS.2017.07.010
26. Braune A., Blaut M. Bacterial species involved in the conversion of dietary flavonoids in the human gut. *Gut Microbes*. 2016; 7(3):216-34. DOI: 10.1080/19490976.2016.1158395
27. Xu X, Xu P, Ma C, Tang J, Zhang X. Gut microbiota, host health, and polysaccharides. *Biotechnol Adv*. 2013 Mar-Apr;31(2):318-37. DOI: 10.1016/j.biotechadv.2012.12.009
28. Blin K, Medema MH, Kazempour D, Fischbach MA, Breitling R, Takano E, et al. antiSMASH 2.0 – a versatile platform for genome mining of secondary metabolite producers. *Nucleic Acids Res*. 2013 Jul;41(Web Server issue):W204-12. DOI: 10.1093/nar/gkt449
29. Dror B, Jurkevitch E, Cytryn E. State-of-the-art methodologies to identify antimicrobial secondary metabolites in soil bacterial communities – A review. *Soil Biol. Biochem*. 2020;147:107838. DOI: 10.1016/j.soilbio.2020.107838
30. Azevedo AC, Bento CB, Ruiz JC, Queiroz MV, Mantovani HC. Distribution and Genetic Diversity of Bacteriocin Gene Clusters in Rumen Microbial Genomes. *Appl Environ Microbiol*. 2015 Oct;81(20):7290-304. DOI: 10.1128/AEM.01223-15
31. Hatziioanou D, Gherghisan-Filip C, Saalbach G, Horn N, Wegmann U, Duncan SH, et al. Discovery of a novel lantibiotic nisin O from *Blautia obeum* A2-162, isolated from the human gastrointestinal tract. *Microbiology (Reading)*. 2017 Sep;163(9):1292-1305. DOI: 10.1099/mic.0.000515
32. Caballero S, Kim S, Carter RA, Leiner IM, Sušac B, Miller L, et al. Cooperating Commensals Restore Colonization Resistance to Vancomycin-Resistant *Enterococcus faecium*. *Cell Host Microbe*. 2017 May 10;21(5):592-602.e4. DOI: 10.1016/j.chom.2017.04.002
33. Козлова ИВ, Лаптева ЕА, Лекарева ЛИ. Неалкогольная жировая болезнь печени и кишечник: взаимосвязи и взаимовлияния. *Экспериментальная и клиническая гастроэнтерология*. 2017;138(2):86-91.
34. Ozato N, Saito S, Yamaguchi T, Katashima M, Tokuda I, Sawada K, et al. *Blautia* genus associated with visceral fat accumulation in adults 20–76 years of age. *NPJ Biofilms Microbiomes*. 2019 Oct 4;5(1):28. DOI: 10.1038/s41522-019-0101-x
35. Murri M, Leiva I, Gomez-Zumaquero JM, Tinahones FJ, Cardona F, Sorriquer F, et al. Gut microbiota in children with type 1 diabetes differs from that in healthy children: a case-control study. *BMC Med*. 2013 Feb 21;11:46. DOI: 10.1186/1741-7015-11-46
36. Kimura I, Ozawa K, Inoue D, Imamura T, Kimura K, Maeda T, et al. The gut microbiota suppresses insulin-mediated fat accumulation via the short-chain fatty acid receptor GPR43. *Nat Commun*. 2013;4:1829. DOI: 10.1038/ncomms2852
37. Benítez-Páez A, Gómez Del Pugar EM, López-Almela I, Moya-Pérez Á, Codoñer-Franch P, Sanz Y. Depletion of *Blautia* Species in the Microbiota of Obese Children Relates to Intestinal Inflammation and Metabolic Phenotype Worsening. *mSystems*. 2020 Mar 24;5(2):e00857-19. DOI: 10.1128/mSystems.00857-19
38. Харитоновна ЛА, Папышева ОВ, Маяцкая ТА, Котайш ГА. Состояние микробиоты кишечника при дислипидемии у детей. *Экспериментальная и клиническая гастроэнтерология*. 2019;171(11):76-82. DOI: 10.31146/1682-8658-ecg-171-11-76-82
39. Железова МЕ, Бектур КБ, Шарипова РИ. Роль материнского микробиома в патогенезе преэклампсии. *Практическая медицина*. 2020;18(6):8-12. DOI: 10.32000/2072-1757-2020-6-8-12
40. Kim CH, Park J, Kim M. Gut microbiota-derived short-chain Fatty acids, T cells, and inflammation. *Immune Netw*. 2014 Dec;14(6):277-88. DOI: 10.4110/in.2014.14.6.277
41. Мкртчян ЛС, Мазовка КЕ, Ткачев АВ. В лабиринтах патогенеза воспалительных заболеваний кишечника: эволюция микробиологической теории. *Практическая медицина*. 2022;20(1):8-13. DOI: 10.32000/2072-1757-2022-1-8-13
42. Chen L, Wang W, Zhou R, Ng SC, Li J, Huang M, et al. Characteristics of fecal and mucosa-associated microbiota in Chinese patients with inflammatory bowel disease. *Medicine (Baltimore)*. 2014 Aug;93(8):e51. DOI: 10.1097/MD.0000000000000051
43. Chen W, Liu F, Ling Z, Tong X, Xiang C. Human intestinal lumen and mucosa-associated microbiota in patients with colorectal cancer. *PLoS One*. 2012;7(6):e39743. DOI: 10.1371/journal.pone.0039743
44. Luu TH, Michel C, Bard JM, Dravet F, Nazih H, Bobin-Dubigeon C. Intestinal Proportion of *Blautia* sp. is Associated with Clinical Stage and Histoprognostic Grade in Patients with Early-Stage Breast Cancer. *Nutr Cancer*. 2017 Feb-Mar;69(2):267-275. DOI: 10.1080/01635581.2017.1263750
45. Plichta DR, Juncker AS, Bertalan M, Rettedal E, Gautier L, Varela E, et al; Metagenomics of the Human Intestinal Tract (MetaHIT) Consortium; Sommer MO, Ehrlich SD, Sicheritz-Pontén T, Brunak S, Nielsen HB. Transcriptional interactions suggest niche segregation among microorganisms in the human gut. *Nat Microbiol*. 2016 Aug 26;1(11):16152. DOI: 10.1038/nmicrobiol.2016.152

References

1. Miller AL, Bessho S, Grando K, Tükel Ç. Microbiome or Infections: Amyloid-Containing Biofilms as a Trigger for Complex Human Diseases. *Front Immunol*. 2021 Feb 26;12:638867. DOI: 10.3389/fimmu.2021.638867
2. Biddle A, Stewart L, Blanchard J, Leschine S. Untangling the Genetic Basis of Fibrolytic Specialization by *Lachnospiraceae* and *Ruminococcaceae* in Diverse Gut Communities. *Diversity*. 2013;(5):627-640. DOI: 10.3390/d5030627
3. Kalyana Chakravarthy S, Jayasudha R, Sai Prashanthi G, Ali MH, Sharma S, Tyagi M, et al. Dysbiosis in the Gut Bacterial Microbiome of Patients with Uveitis, an Inflammatory Disease of the Eye. *Indian J Microbiol*. 2018 Dec;58(4):457-469. DOI: 10.1007/s12088-018-0746-9
4. Laverde Gomez JA, Mukhopadhyay I, Duncan SH, Louis P, Shaw S, Collie-Duguid E, et al. Formate cross-feeding and cooperative metabolic interactions revealed by transcriptomics in co-cultures of acetogenic and amylolytic human colonic bacteria. *Environ Microbiol*. 2019 Jan;21(1):259-271. DOI: 10.1111/1462-2920.14454
5. Khoult Dzh. Opredelitel' bakterii Berdzhii. Tom 2. M.: Mir Publ., 1997;574-575. (In Russian).
6. Shin NR, Kang W, Tak EJ, Hyun DW, Kim PS, Kim HS, et al. *Blautia hominis* sp. nov., isolated from human faeces. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2018 Apr;68(4):1059-1064. DOI: 10.1099/ijsem.0.002623
7. Liu C, Finegold SM, Song Y, Lawson PA. Reclassification of *Clostridium coccoides*, *Ruminococcus hansenii*, *Ruminococcus hydrogenotrophicus*, *Ruminococcus luti*, *Ruminococcus productus* and *Ruminococcus schinkii* as *Blautia coccoides* gen. nov., comb. nov., *Blautia hansenii* comb. nov., *Blautia hydrogenotrophica* comb. nov., *Blautia luti* comb. nov., *Blautia producta* comb. nov., *Blautia schinkii* comb. nov. and description of *Blautia wexlerae* sp. nov., isolated from human faeces. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2008 Aug;58(Pt 8):1896-902. DOI: 10.1099/ijms.0.65208-0
8. Touyama M, Jin JS, Kibe R, Hayashi H, Benno Y. Quantification of *Blautia wexlerae* and *Blautia luti* in human faeces by real-time PCR using specific primers. *Benef Microbes*. 2015;6(4):583-90. DOI: 10.3920/BM2014.0133
9. Scott KP, Gratz SW, Sheridan PO, Flint HJ, Duncan SH. The influence of diet on the gut microbiota. *Pharmacol Res*. 2013 Mar;69(1):52-60. DOI: 10.1016/j.phrs.2012.10.020
10. Yang J, Bindels LB, Segura Munoz RR, Martínez I, Walter J, Ramer-Tait AE, et al. Disparate Metabolic Responses in Mice Fed a High-Fat Diet Supplemented with Maize-Derived Non-Digestible Feruloylated Oligo- and Polysaccharides Are Linked to Changes in the Gut Microbiota. *PLoS One*. 2016 Jan 5;11(1):e0146144. DOI: 10.1371/journal.pone.0146144
11. Panasevich MR, Kerr KR, Dilger RN, Fahey GC Jr, Guérin-Deremaux L, Lynch GL, et al. Modulation of the faecal microbiome of healthy adult dogs by inclusion of potato fibre in the diet. *Br J Nutr*. 2015 Jan 14;113(1):125-33. DOI: 10.1017/S0007114514003274
12. Noriega BS, Sanchez-Gonzalez MA, Salyakina D, Coffman J. Understanding the Impact of Omega-3 Rich Diet on the Gut Microbiota. *Case Rep Med*. 2016;2016:3089303. DOI: 10.1155/2016/3089303
13. Endo A, Pärtty A, Kalliomäki M, Isolauri E, Salminen S. Long-term monitoring of the human intestinal microbiota from the 2nd week to 13 years of age. *Anaerobe*. 2014 Aug;28:149-56. DOI: 10.1016/j.anaerobe.2014.06.006
14. Vaiserman AM, Koliada AK, Marotta F. Gut microbiota: A player in aging and a target for anti-aging intervention. *Ageing Res Rev*. 2017 May;35:36-45. DOI: 10.1016/j.arr.2017.01.001
15. Nakayama J, Watanabe K, Jiang J, Matsuda K, Chao SH, Haryono P, et al. Diversity in gut bacterial community of school-age children in Asia. *Sci Rep*. 2015 Feb 23;5:8397. DOI: 10.1038/srep08397
16. Lan D, Ji W, Lin B, Chen Y, Huang C, Xiong X, et al. Correlations between gut microbiota community structures of Tibetans and geography. *Sci Rep*. 2017 Dec 5;7(1):16982. DOI: 10.1038/s41598-017-17194-4
17. Gupta VK, Paul S, Dutta C. Geography, Ethnicity or Subsistence-Specific Variations in Human Microbiome Composition and Diversity. *Front Microbiol*. 2017 Jun 23;8:1162. DOI: 10.3389/fmicb.2017.01162
18. Zhang J, Guo Z, Xue Z, Sun Z, Zhang M, Wang L, et al. A phylo-functional core of gut microbiota in healthy young Chinese cohorts across lifestyles, geography and ethnicities. *ISME J*. 2015 Sep;9(9):1979-90. DOI: 10.1038/ismej.2015.11
19. Tremaroli V, Bäckhed F. Functional interactions between the gut microbiota and host metabolism. *Nature*. 2012 Sep 13;489(7415):242-9. DOI: 10.1038/nature11552
20. Wongsrikaew N, Kim H, Vichitphan K, et al. Antiproliferative activity and polymethoxyflavone composition analysis of *Kaempferia parviflora* extracts. *J Korean Soc Appl Biol Chem*. 2012;55:813-817. DOI: 10.1007/s13765-012-2175-5
21. Liu X, Mao B, Gu J, Wu J, Cui S, Wang G, et al. *Blautia* – a new functional genus with potential probiotic properties? *Gut Microbes*. 2021 Jan-Dec;13(1):1-21. DOI: 10.1080/19490976.2021.1875796
22. Pinkaew D, Changtam C, Tocharus C, Govitrapong P, Jumnonprakhon P, Suksamrarn A, et al. Association of Neuroprotective Effect of Di-O-Demethylcurcumin on Aβ₂₅₋₃₅-Induced Neurotoxicity with Suppression of NF-κB and Activation of Nrf2. *Neurotox Res*. 2016 Jan;29(1):80-91. DOI: 10.1007/s12640-015-9558-4
23. Furuya H, Ide Y, Hamamoto M, Asanuma N, Hino T. Isolation of a novel bacterium, *Blautia glucerasei* sp. nov., hydrolyzing plant glucosylceramide to ceramide. *Arch Microbiol*. 2010 May;192(5):365-72. DOI: 10.1007/s00203-010-0566-8
24. Vaughn BP, Kaiser T, Staley C, Hamilton MJ, Reich J, Graiziger C, et al. A pilot study of fecal bile acid and microbiota profiles in inflammatory bowel disease and primary sclerosing cholangitis. *Clin Exp Gastroenterol*. 2019 Jan 10;12:9-19. DOI: 10.2147/CEG.S186097
25. González-Sarriás A, Espin JC, Tomás-Barberán FA. Non-extractable polyphenols produce gut microbiota metabolites that persist in circulation and show anti-inflammatory and free radical-scavenging effects. *Trends Food Sci. Technol*. 2017;69:281-8. DOI: 10.1016/J.TIFS.2017.07.010
26. Braune A., Blaut M. Bacterial species involved in the conversion of dietary flavonoids in the human gut. *Gut Microbes*. 2016; 7(3):216-34. DOI: 10.1080/19490976.2016.1158395
27. Xu X, Xu P, Ma C, Tang J, Zhang X. Gut microbiota, host health, and polysaccharides. *Biotechnol Adv*. 2013 Mar-Apr;31(2):318-37. DOI: 10.1016/j.biotechadv.2012.12.009
28. Blin K, Medema MH, Kazempour D, Fischbach MA, Breitling R, Takano E, et al. antiSMASH 2.0 – a versatile platform for genome mining of secondary metabolite producers. *Nucleic Acids Res*. 2013 Jul;41(Web Server issue):W204-12. DOI: 10.1093/nar/gkt449
29. Dror B, Jurkevitch E, Cytryn E. State-of-the-art methodologies to identify antimicrobial secondary metabolites in soil bacterial communities – A review. *Soil Biol. Biochem*. 2020;147:107838. DOI: 10.1016/j.soilbio.2020.107838
30. Azevedo AC, Bento CB, Ruiz JC, Queiroz MV, Mantovani HC. Distribution and Genetic Diversity of Bacteriocin Gene Clusters in Rumen Microbial Genomes. *Appl Environ Microbiol*. 2015 Oct;81(20):7290-304. DOI: 10.1128/AEM.01223-15
31. Hatzioanou D, Gherghisan-Filip C, Saalbach G, Horn N, Wegmann U, Duncan SH, et al. Discovery of a novel lantibiotic nisin O from *Blautia obeum* A2-162, isolated from the human gastrointestinal tract. *Microbiology (Reading)*. 2017 Sep;163(9):1292-1305. DOI: 10.1099/mic.0.000515
32. Caballero S, Kim S, Carter RA, Leiner IM, Sušac B, Miller L, et al. Cooperating Commensals Restore Colonization Resistance to Vancomycin-Resistant *Enterococcus faecium*. *Cell Host Microbe*. 2017 May 10;21(5):592-602.e4. DOI: 10.1016/j.chom.2017.04.002
33. Kozlova IV, Lapteva EA, Lekareva LI. Nonalcoholic fatty liver disease and colon: the relationship and interaction. *Experimental and clinical gastroenterology*. 2017;138(2):86-91. (In Russian).

34. Ozato N, Saito S, Yamaguchi T, Katashima M, Tokuda I, Sawada K, et al. *Blautia* genus associated with visceral fat accumulation in adults 20–76 years of age. NPJ Biofilms Microbiomes. 2019 Oct 4;5(1):28. DOI: 10.1038/s41522-019-0101-x
35. Murri M, Leiva I, Gomez-Zumaquero JM, Tinahones FJ, Cardona F, Sorriquer F, et al. Gut microbiota in children with type 1 diabetes differs from that in healthy children: a case-control study. BMC Med. 2013 Feb 21;11:46. DOI: 10.1186/1741-7015-11-46
36. Kimura I, Ozawa K, Inoue D, Imamura T, Kimura K, Maeda T, et al. The gut microbiota suppresses insulin-mediated fat accumulation via the short-chain fatty acid receptor GPR43. Nat Commun. 2013;4:1829. DOI: 10.1038/ncomms2852
37. Benítez-Páez A, Gómez Del Pugar EM, López-Almela I, Moya-Pérez Á, Codoñer-Franch P, Sanz Y. Depletion of *Blautia* Species in the Microbiota of Obese Children Relates to Intestinal Inflammation and Metabolic Phenotype Worsening. mSystems. 2020 Mar 24;5(2):e00857-19. DOI: 10.1128/mSystems.00857-19
38. Kharitonova LA, Papisheva OV, Mayatskaya TA, Kotaysh GA. State of the microbiota of bowels with dislipidemii in the children. Experimental and Clinical Gastroenterology. 2019;171(11):76-82. DOI: 10.31146/1682-8658-ecg-171-11-76-82 (In Russian).
39. Zhelezova ME, Bektur BK, Sharipova RI. Role of the maternal microbiome in the pathogenesis of preeclampsia. Practical Medicine. 2020;18(6):8-12. DOI: 10.32000/2072-1757-2020-6-8-12 (In Russian).
40. Kim CH, Park J, Kim M. Gut microbiota-derived short-chain Fatty acids, T cells, and inflammation. Immune Netw. 2014 Dec;14(6):277-88. DOI: 10.4110/in.2014.14.6.277
41. Mkrтчan LS, Mazovka KE, Tkachev AV. In the labyrinths of pathogenesis of inflammatory bowel diseases: evolution of microbiology theory. Practical Medicine. 2022;20(1):8-13. DOI: 10.32000/2072-1757-2022-1-8-13 (In Russian).
42. Chen L, Wang W, Zhou R, Ng SC, Li J, Huang M, et al. Characteristics of fecal and mucosa-associated microbiota in Chinese patients with inflammatory bowel disease. Medicine (Baltimore). 2014 Aug;93(8):e51. DOI: 10.1097/MD.0000000000000051
43. Chen W, Liu F, Ling Z, Tong X, Xiang C. Human intestinal lumen and mucosa-associated microbiota in patients with colorectal cancer. PLoS One. 2012;7(6):e39743. DOI: 10.1371/journal.pone.0039743
44. Luu TH, Michel C, Bard JM, Dravet F, Nazih H, Bobin-Dubigeon C. Intestinal Proportion of *Blautia* sp. is Associated with Clinical Stage and Histoprognotic Grade in Patients with Early-Stage Breast Cancer. Nutr Cancer. 2017 Feb-Mar;69(2):267-275. DOI: 10.1080/01635581.2017.1263750
45. Plichta DR, Juncker AS, Bertalan M, Rettedal E, Gautier L, Varela E, et al; Metagenomics of the Human Intestinal Tract (MetaHIT) Consortium; Sommer MO, Ehrlich SD, Sicheritz-Pontén T, Brunak S, Nielsen HB. Transcriptional interactions suggest niche segregation among microorganisms in the human gut. Nat Microbiol. 2016 Aug 26;1(11):16152. DOI: 10.1038/nmicrobiol.2016.152

Информация о соавторах:

Бажукова Татьяна Александровна, доктор медицинских наук, профессор, заведующая кафедрой клинической биохимии, микробиологии и лабораторной диагностики ФГБОУ ВО СГМУ «Северный государственный медицинский университет»
ORCID: 0000-0002-7890-2341

Давидович Наталья Валерьевна, кандидат медицинских наук, доцент кафедры клинической биохимии, микробиологии и лабораторной диагностики ФГБОУ ВО СГМУ «Северный государственный медицинский университет»
ORCID: 0000-0002-6414-9870

Сабанаев Михаил Алексеевич, студент 6-го курса медико-профилактического дела и медицинской биохимии: отделение медицинской биохимии ФГБОУ ВО «Северный государственный медицинский университет»
ORCID: 0000-0001-5642-3019

Information about co-authors:

Tatyana A. Bazhukova, MD, PhD, DSc, Professor, Head of the Department of Clinical Biochemistry, Microbiology and Laboratory Diagnostics, Northern State Medical University
ORCID: 0000-0002-7890-2341

Natalia V. Davidovich, PhD, MD, Associate Professor, Associate Professor of the Department of Clinical Biochemistry, Microbiology and Laboratory Diagnostics, Northern State Medical University
ORCID: 0000-0002-6414-9870

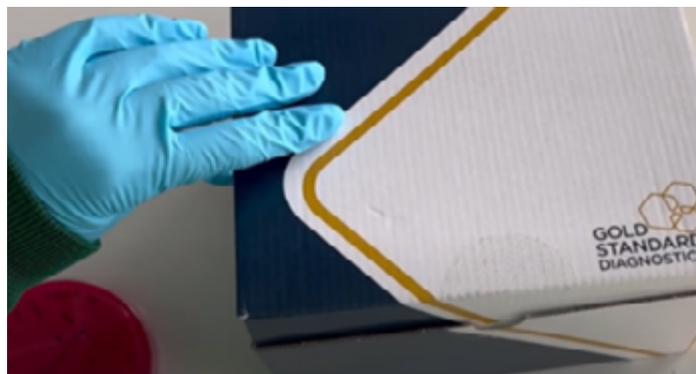
Mikhail A. Sabanaev, 6th year student of preventive health care and medical biochemistry, Department of Medical Biochemistry, Northern State Medical University
ORCID: 0000-0001-5642-3019

НОВОСТИ НАУКИ

Наборы для латексной агглютинации Microgen на сальмонеллу, легионеллу или золотистый стафилококк ID

Gold Standard Diagnostics запустила тесты быстрой латексной агглютинации Microgen – быстрые, простые и экономичные методы для подтверждающей идентификации колоний сальмонеллы, легионеллы или золотистого стафилококка в пробах пищевых продуктов и окружающей среды.

Эти тесты, результаты которых достигаются всего за 2 минуты, легко интегрируются в рабочие процессы лаборатории, предлагая высокоспецифичную и чувствительную альтернативу традиционным методам культивирования. Кроме того, их удобный дизайн не требует специального обучения или оборудования, что позволяет лабораториям немедленно внедрить их.



Microgen Latex Agglutination Kits [Электронный ресурс].

Режим доступа: <https://www.rapidmicrobiology.com/news/microgen-latex-agglutination-kits-for-salmonella-legionella-or-staphylococcus-aureus-id> (дата обращения: 20.06.2024).