

ФИО пациента: ТЕСТ АНОНИМ АНОНИМ
Пол: ЖЕНСКИЙ
Дата рождения: 04/06/1998 Полных лет: 27
Заказчик: ОБРАЗЕЦ

Референсная группа:



№ заказа: ОБРАЗЕЦ

Исследование	Результат	Единицы	Референсный интервал
ГЕНЕТИКА			
Биоматериал: Кал	Дата взятия биоматериала: Дата поступления в лабораторию:		
	04/06/2025 08:25 05/06/2025		
A26.30.005.000.09 Микробиом кишечника			
МИКРОБИОМ КИШЕЧНИКА			
Заключение:	см. вложенный файл*		

*В случае, если приложение не отображается – обратитесь на горячую линию Ситилаб: 8-800-100-36-30 (звонок бесплатный)

Исполнители: Образец О.Б.

Подпись исполнителя:

Дата выдачи результата: 21/07/2025

Печать организации

МЕТАГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ

секвенирование микробиома кишечника методом 16S рРНК

Информация о пациенте	
Фамилия	
Имя	
Отчество	
Дата рождения	
Пол	
Информация о биологическом материале	
Вид	
Образец №	
Дата поступления образца	
Дата выдачи результата	
Информация о направлении	
ЛПУ	
Врач	

ОБРАЗЕЦ

МЕТОД ИССЛЕДОВАНИЯ

NGS-секвенирование гена 16S рРНК

Анализ микробиомного состава пробы производится с использованием метода ампликонного секвенирования. Из образцов выделяется ген — 16S рРНК, уникальный и высококонсервативный участок нуклеотидной цепи всех бактерий и архей, по которому принято идентифицировать эти микроорганизмы.

Полуколичественный метод

Так как количество копий гена 16S рРНК 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:

Идентификация бактерий и архей

Данный метод оптимизирован для идентификации как можно большего количества бактерий и архей, присутствующих в клинических образцах.

Идентификация труднокультивируемых бактерий

Данный метод позволяет выявлять некультивируемые, труднокультивируемые и прихотливые бактерии. Использование 16S рРНК для идентификации бактерий не требует культивирования, поскольку для этой методики требуется только ДНК исследуемого патогена.

«Золотой стандарт» идентификации бактерий

Данный метод имеет оптимизированный протокол идентификации бактерии, что дает более точные результаты, поскольку последовательность 16S рРНК специфична для каждого рода бактерий.

Ограничения метода:

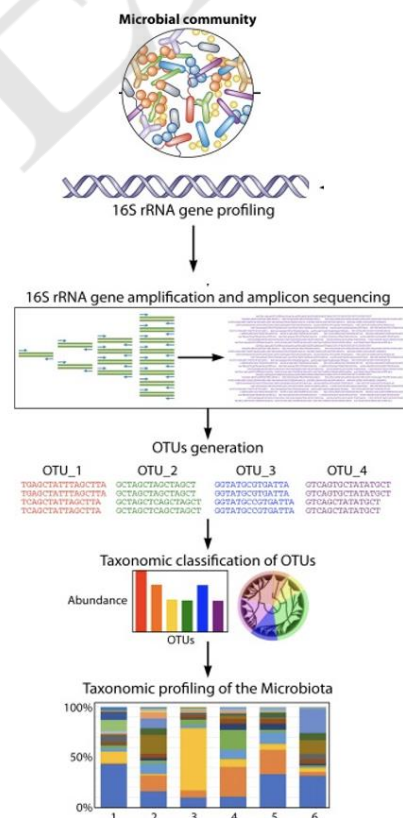
Низкое таксономическое разрешение.

Данная методика позволяет идентифицировать бактерии до рода. Определение до уровня вида ограничено. Короткие прочтения секвенирования 16S рРНК могут быть не идеальными для разрешения видов некоторых бактериальных родов.

Не определяет жизнеспособность микроорганизмов.

Данный метод не позволяет оценить жизнеспособность выявленных микроорганизмов, их функциональные возможности и метаболическую активность, а также восприимчивость к антибиотикам.

Ограничение идентификации близкородственных групп таких как *Escherichia coli* и *Shigella*. При наличии клинических проявлений симптомов диареи необходима дифференциация *Shigella* spp от *Escherichia coli* и уточняющая идентификация возбудителя.



ПРЕДИСЛОВИЕ

Ниже приводится интерпретация результатов метагеномного анализа (секвенирования 16S рРНК) микробиоты вашего пациента

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

Мы намеренно не упоминаем роды и виды, для которых либо нет корреляции с патологиями, либо нет известных способов изменить их значимость.

Центр геномных технологий «Сербалаб» продолжает следить за любыми достижениями в области кишечной микробиоты и по мере поступления новой информации и развития знаний в области метагеномики, будут вноситься изменения и дополнения в список видов.

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

Результаты исследования должны быть сопоставлены с клинической картиной и другими методами диагностики лечащим врачом. Для уточнения диагноза возможно понадобится дообследование.

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.

Интерпретация результатов представлена в ТРЕХ ЧАСТЯХ:

1. ПОТЕНЦИАЛ МИКРОБИОТЫ К МЕТАБОЛИЗМУ
2. ПАТОГЕННЫЙ ПОТЕНЦИАЛ
3. ВЫВОДЫ

ОБРАЗЕЦ

ОБЩИЙ СОСТАВ МИКРОБИОМА

Биоразнообразие

Наличие большого разнообразия бактерий в вашем кишечном микробиоме является показателем здоровья. Люди с хорошим здоровьем, как правило, имеют высокий уровень микробного разнообразия в их кишечнике, но нет конкретной комбинации микроорганизмов, которая идеально подходит для всех. У каждого из нас есть свой уникальный состав микробов, который также зависит от генетики носителя.

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 пострадают.

У пациентов с воспалительными заболеваниями кишечника (ВЗК) и метаболическими нарушениями бактериальное разнообразие меньше, чем у здоровых. Так же с возрастом биоразнообразие падает, поэтому данный показатель сегодня является оценкой вашего биологического возраста.

ИНДЕКС БИОРАЗНООБРАЗИЯ		
Для взрослого населения		
	Оптимальный	Ваш вариант
По Шеннону	3,8 -5,1	3,88
По Пиелу	Более 0,4	0,72
Кол-во родов	100-160	71

Индекс разнообразия — это количественный показатель, который отражает количество различных типов (например, видов) в наборе данных (сообществе) и который может одновременно учитывать филогенетические отношения между особями, распределенными между этими типами.

Индекс разнообразия Шеннона — это способ измерения разнообразия видов в сообществе. Чем выше значение, тем выше видовое разнообразие в конкретном сообществе. Чем меньше значение, тем меньше разнообразие. Значение = 0 указывает на сообщество, состоящее только из одного вида.

Индекс Пиелу (Е) указывает, насколько относительная численность особей при данном количестве видов распределена в сообществе равномерно. Низкие значения показателя свидетельствуют о дисбалансе, демонстрирующем наличие таксонов, резко отличающихся по количеству особей.

ОБРАЗЕЦ

ПРИЧИНЫ СНИЖЕНИЯ МИКРОБНОГО РАЗНООБРАЗИЯ И ИЗМЕНЕНИЯ СОСТАВА МИКРОБИОМА:

Западный тип диеты с большим содержанием простых сахаров, насыщенных жиров, красного мяса, консервантов, подсластителей и низким содержанием растительной клетчатки, ферментированных продуктов, а также однообразное питание

Нерациональное использование антибиотиков, которые резко снижают популяции наших полезных (пробиотических) бактерий, вплоть до полного исчезновения некоторых ключевых родов и видов

Длительный прием лекарственных препаратов:

- ингибиторов протонной помпы (ИПП)
- нестероидных противовоспалительных препаратов (НПВП)
- оральных контрацептивов (КОК)
- антибиотиков
- статинов
- антигипертензивных препаратов
- антидепрессантов и нейролептиков
- противоопухолевая терапия
- противовирусная терапия
- противопаразитарная терапия

Низкая физическая активность, малоподвижный образ жизни. Известно, что физические упражнения увеличивают биоразнообразие микробиоты, обилие полезных бактерий и синтез важных микробных метаболитов.

Длительный латентный стресс. При стрессе происходит активация Оси Гипоталамус-Гипофиз-Надпочечники, нарушается барьерная функция кишечника на фоне повышения глюкокортикоидов.

Воздействие токсических веществ окружающей среды: бисфенол-А, пестициды, хлор, гербицид-глифосат (RoundUp)

Полиморфизм некоторых генов связан с формированием микробиома и, таким образом, являются одним из ключевых факторов, влияющих на индивидуальные вариации кишечной микробиоты человека.

ОБРАЗЕЦ

РЕЗУЛЬТАТЫ СЕКВЕНИРОВАНИЯ 16S

СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ РОДОВ

В ходе секвенирования выявлены следующие варианты:

Классификация	Доля %
<i>Bacteroides</i>	29,42
<i>Faecalibacterium</i>	9,97
<i>Erysipelotrichaceae_UCG-003</i>	7,77
<i>Escherichia/Shigella</i>	7,69
<i>Bifidobacterium</i>	6,61
<i>Veillonella</i>	6,13
<i>Agathobacter</i>	5,83
<i>Phascolarctobacterium</i>	4,20
<i>Parasutterella</i>	3,51
<i>Lachnospiraceae_UCG-001</i>	2,54
<i>Lachnospira</i>	2,13
<i>Unclassified</i>	1,99
<i>Haemophilus</i>	1,50
<i>Dorea</i>	1,13
<i>Ruminococcus</i>	0,89
<i>UCG-002</i>	0,88
<i>Alistipes</i>	0,86
<i>Bilophila</i>	0,76
<i>Streptococcus</i>	0,67
<i>Parabacteroides</i>	0,41
<i>CAG-56</i>	0,39
<i>Coprococcus</i>	0,36
<i>Butyricimonas</i>	0,34
<i>UCG-003</i>	0,34
<i>Lachnospiraceae_NK</i>	0,31

Классификация	Доля %
<i>4A136_group</i>	
<i>Monoglobus</i>	0,30
<i>Blautia</i>	0,27
<i>Subdoligranulum</i>	0,24
<i>Fusicatenibacter</i>	0,21
<i>Romboutsia</i>	0,20
<i>Coprobacter</i>	0,18
<i>Barnesiella</i>	0,17
<i>Roseburia</i>	0,17
<i>Lachnospiraceae_UCG-001</i>	0,17
<i>Lachnospiraceae_UCG-004</i>	0,15
<i>Colidextribacter</i>	0,15
<i>Lachnospiraceae_UCG-010</i>	0,10
<i>Christensenellaceae_R-7_group</i>	0,09
<i>Holdemania</i>	0,09
<i>Olsenella</i>	0,09
<i>Odoribacter</i>	0,08
<i>Enterobacter</i>	0,07
<i>Methanobrevibacter</i>	0,06
<i>Incertae_Sedis</i>	0,06
<i>Butyricicoccus</i>	0,06
<i>Lachnospiraceae_ND3007_group</i>	0,05

Классификация	Доля %
<i>Cutibacterium</i>	0,04
<i>Faecalitalea</i>	0,04
<i>Actinomyces</i>	0,03
<i>Tyzzerella</i>	0,03
<i>Akkermansia</i>	0,03
<i>NK4A214_group</i>	0,03
<i>Clostridium_sensu_stricto_1</i>	0,03
<i>Prevotella</i>	0,02
<i>Flavonifractor</i>	0,02
<i>Gordonibacter</i>	0,02
<i>Oscillibacter</i>	0,02
<i>Anaerostipes</i>	0,02
<i>Collinsella</i>	0,01
<i>Family_XIII_AD3011_group</i>	0,01
<i>Rothia</i>	0,01
<i>TM7x</i>	0,01
<i>Sphingomonas</i>	0,010
<i>Catenisphaera</i>	0,008
<i>Granulicatella</i>	0,008
<i>Fusobacterium</i>	0,007
<i>Actinobacillus</i>	0,005
<i>Dialister</i>	0,003
<i>UBA1819</i>	0,003
<i>Paludicola</i>	0,003
<i>Ralstonia</i>	0,003

ОБРАЗЕЦ

СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ ВИДОВ

В ходе секвенирования выявлены следующие варианты:

Классификация	Доля %	Классификация	Доля %	Классификация	Доля %
<i>Unclassified</i>	24,78	<i>Haemophilus_influenzae/p</i>	0,38	<i>antis/mitis/oralis/sanguinis</i>	
<i>Bacteroides_vulgatus</i>	16,20	<i>arainfluenzae</i>		<i>Lachnospiraceae_NK4A136</i>	0,04
<i>Faecalibacterium_prausnitzii</i>	8,49	<i>Coprococcus_comes</i>	0,34	<i>_group_bacterium</i>	
<i>Erysipelotrichaceae_UCG-003_bacterium</i>	7,75	<i>Bacteroides_uniformis</i>	0,33	<i>Veillonella_parvula/rogosae</i>	0,04
<i>Escherichia/Shigella_albertii/boydii/coli/dysenteriae/fergusonii/flexneri/marmotae/sonnei</i>	7,11	<i>Haemophilus_parainfluenzae</i>	0,31	<i>Cutibacterium_acnes/avidum</i>	0,04
<i>Bifidobacterium_catenuatum/kashiwanohense/pseudocatenulatum</i>	5,27	<i>Alistipes_finegoldii/onderdonkii</i>	0,29	<i>Blautia_faecis</i>	0,04
<i>Phascolarctobacterium_faecium</i>	3,86	<i>Veillonella_atypica</i>	0,23	<i>Streptococcus_mitis/parausanguinis</i>	0,04
<i>Parasutterella_excrementihominis</i>	3,39	<i>Parabacteroides_johnsonii</i>	0,22	<i>Holdemania_filiformis</i>	0,03
<i>Bacteroides_caccae</i>	3,31	<i>Fusicatenibacter_saccharivorans</i>	0,21	<i>Akkermansia_muciniphila</i>	0,03
<i>Veillonella_dispar</i>	3,06	<i>Romboutsia_ilealis/timonensis</i>	0,20	<i>Coprococcus_catus</i>	0,02
<i>Lachnospira_pectinoschiza</i>	2,13	<i>Bacteroides_ovatus</i>	0,18	<i>Flavonifractor_plautii</i>	0,02
<i>Bacteroides_dorei/fragilis</i>	2,11	<i>Roseburia_inulinivorans</i>	0,17	<i>Gordonibacter_urolithinfaciens</i>	0,02
<i>Bacteroides_fragilis/xylanisolvens</i>	1,65	<i>Lachnospiraceae_UCG-001_bacterium</i>	0,17	<i>Coprobacter_secundus</i>	0,02
<i>Bifidobacterium_longum</i>	1,16	<i>Bacteroides_thetaiotaomicron</i>	0,15	<i>Anaerostipes_hadrus</i>	0,02
<i>Dorea_longicatena</i>	0,98	<i>Bacteroides_stercoris</i>	0,15	<i>Collinsella_aerofaciens</i>	0,01
<i>Ruminococcus_bromii</i>	0,89	<i>Dorea_formicigenerans</i>	0,15	<i>Alistipes_obesi</i>	0,01
<i>Bilophila_wadsworthia</i>	0,76	<i>Blautia_obeum/wexlerae</i>	0,14	<i>Rothia_mucilaginosae</i>	0,01
<i>Bacteroides_fragilis</i>	0,52	<i>Bacteroides_fragilis/ovatus</i>	0,13	<i>Sphingomonas_alpina/echinoides/mali/oligophenolica/rhizogenes/sanxanigenens</i>	0,010
<i>Bacteroides_dorei/vulgatus</i>	0,51	<i>Alistipes_shahii</i>	0,13	<i>Granulicatella_adiacens/parra-adiacens</i>	0,008
<i>Faecalibacterium_cf./prausnitzii</i>	0,47	<i>Streptococcus_australis/pneumoniae/rubneri</i>	0,09	<i>Fusobacterium_periodonticum</i>	0,007
<i>Veillonella_dispar/parvula</i>	0,46	<i>Odoribacter_splanchnicus</i>	0,08	<i>Ralstonia_detusculanense/insidiosa/mannitolilytica/pickettii/solanacearum/syzygii</i>	0,003
<i>Veillonella_rogosae</i>	0,41	<i>Holdemania_massiliensis</i>	0,06		
		<i>Blautia_obeum</i>	0,05		
		<i>Bacteroides_intestinalis</i>	0,05		
		<i>Veillonella_tobetsuensis</i>	0,05		
		<i>Streptococcus_australis/inf</i>	0,05		

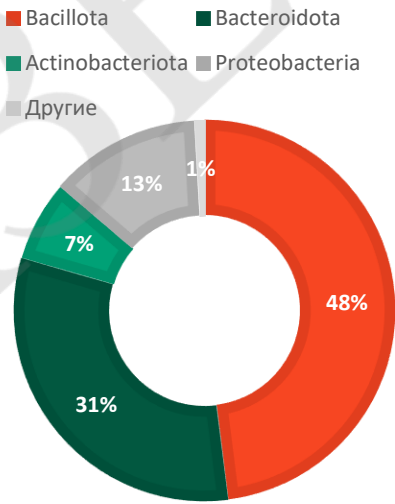
ОБРАЗЕЦ

СООТНОШЕНИЕ ОСНОВНЫХ ТИПОВ

В ходе секвенирования выявлены следующие варианты:

Классификация	Доля %
Bacillota	48,01
Bacteroidota	31,48
Actinobacteriota	6,82
Verrucomicrobiota	0,03
Proteobacteria	12,81
Desulfobacterota	0,76
Euryarchaeota	0,06
Cyanobacteria	0,01
Campilobacterota	0,00
Fusobacteriota	0,01
Incertae_Sedis	0,00
Patescibacteria	0,01
Spirochaetota	0,00
Synergistota	0,00
Thermoplasmata	0,00
Unclassified	0,00

БАКТЕРИЯ ВАШ ВАРИАНТ



ПОТЕНЦИАЛ МИКРОБИОТЫ К МЕТАБОЛИЗМУ

БАКТЕРИЯ	СРЕДНЕЕ ЗНАЧЕНИЕ В ПОПУЛЯЦИИ, %	ВАШ ВАРИАНТ, %	КРАТКАЯ ИНТЕРПРЕТАЦИЯ
БАКТЕРИИ-ПРОИЗВОДИТЕЛИ БУТИРАТА			
Roseburia	0,24-1,18	0,17	Низкое значение
Roseburia hominis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Roseburia intestinalis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Roseburia inulinivorans	0,0001-0,16	0,17	Высокое значение
Faecalibacterium	4,01-8,90	9,97	Высокое значение
Faecalibacterium_prausnitzii	1,60-5,77	8,49	Высокое значение
Eubacterium	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Coprococcus	0,02-0,66	0,36	Среднее значение
Coprococcus_catus	0,0001-0,008	0,02	Высокое значение
Coprococcus_comes	0,0001-0,16	0,34	Высокое значение
Coprococcus_eutactus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Anaerostipes	0,02-0,12	0,02	Низкое значение
Anaerostipes hadrus	0,0001-0,08	0,02	Среднее значение
Subdoligranulum	0,73-2,42	0,24	Низкое значение
Butyricimonas	0,0001-0,46	0,34	Среднее значение
Butyricimonas_synergistica	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Butyricimonas virosa	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Butyrivibrio	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Butyricoccus	0,05-0,22	0,06	Среднее значение
Flavonifractor	0,004-0,09	0,02	Среднее значение
Flavonifractor plautii	0,0001-0,04	0,02	Среднее значение
Odoribacter	0,14-0,71	0,08	Низкое значение
Odoribacter splanchnicus	0,09-0,52	0,08	Низкое значение
Lachnospira	0,45-2,04	2,13	Высокое значение
Lachnospira_pectinoschiza	0,05-0,56	2,13	Высокое значение
Agathobacter	0,25-2,14	5,83	Высокое значение
Agathobacter faecis	0.21-3	0.0	Значение отсутствует
Agathobacter rectale	0.21-3	0.0	Значение отсутствует

ПОТЕНЦИАЛ ПРОИЗВОДСТВА БУТИРАТА			СРЕДНИЙ
БАКТЕРИИ-ПРОИЗВОДИТЕЛИ АЦЕТАТА			
Alistipes	1,05-4,44	0,86	Низкое значение
Alistipes_finegoldii	0,0001-0,07	0,29	Среднее значение
Alistipes_ihumii	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Alistipes_indistinctus	0,0001-0,008	0.0	Значение отсутствует
Alistipes_inops	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Alistipes_massiliensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Alistipes_obesi	0,0001-0,19	0,01	Среднее значение
Alistipes_putredinis	0,0001-1,36	0.0	Значение отсутствует
Alistipes_senegalensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Alistipes_shahii	0,0001-0,14	0,13	Среднее значение
Alistipes_timonensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Bacteroides	8,18-24,29	29,42	Высокое значение
Bacteroides_thetaiotaomicron	0,0001-0,14	0,15	Высокое значение
Bacteroides_uniformis	0,29-2,35	0,33	Среднее значение
Bacteroides_vulgatus	0,36-5,45	16,20	Высокое значение
Dorea	0,10-0,40	1,13	Высокое значение
Dorea_formicigenerans	0,0001-0,06	0,15	Высокое значение
Dorea_longicatena	0,04-0,26	0,98	Высокое значение
Blautia	0,25-1,06	0,27	Среднее значение
Blautia_wexlerae	0.001-0.02	0.0	Значение отсутствует
Blautia_massiliensis	0,0001-0,04	0.0	Значение отсутствует
Blautia_obeum	0,0001-0,07	0,05	Среднее значение
Prevotella	0,0001-3,35	0,02	Среднее значение
Phascolarctobacterium	0,0001-2,47	4,20	Высокое значение
Anaerostipes	0,02-0,12	0,02	Низкое значение
Anaerostipes_hadrus	0,0001-0,08	0,02	Среднее значение
Barnesiella	0,0001-1,40	0,17	Среднее значение
Barnesiella_intestinihominis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Bifidobacterium	0,12-2,58	6,61	Высокое значение
Bifidobacterium_longum	0,0001-0,53	1,16	Высокое значение
Odoribacter	0,14-0,71	0,08	Низкое значение
Odoribacter_splanchnicus	0,09-0,52	0,08	Низкое значение

Parabacteroides	0,58-2,46	0,41	Низкое значение
Parabacteroides_distasonis	0,0001-0,34	0.0	Значение отсутствует
Parabacteroides_merdae	0,0001-0,91	0.0	Значение отсутствует
Roseburia	0,24-1,18	0,17	Низкое значение
Roseburia hominis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Ruminococcus	0,17-1,64	0,89	Среднее значение
Ruminococcus_bicirculans	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Ruminococcus bromii	0,0001-0,14	0,89	Высокое значение
ПОТЕНЦИАЛ ПРОИЗВОДСТВА АЦЕТАТА		СРЕДНИЙ	
БАКТЕРИИ-ПРОИЗВОДИТЕЛИ ПРОПИОНАТА			
Akkermansia	0,0001-3,00	0,03	Среднее значение
Akkermansia muciniphila	0,0001-0,59	0,03	Среднее значение
Bacteroides	8,18-24,29	29,42	Высокое значение
Bacteroides caccae	0,0001-0,62	3,31	Высокое значение
Bacteroides faecis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Bacteroides fragilis	0,0001-0,25	0,52	Высокое значение
Bacteroides ovatus	0,0001-0,06	0,18	Высокое значение
Bacteroides_thetaiotaomicron	0,0001-0,14	0,15	Высокое значение
Bacteroides_xylanisolvens	0.001-0.02	0.0	Значение отсутствует
Blautia	0,25-1,06	0,27	Среднее значение
Blautia obeum	0,0001-0,07	0,05	Среднее значение
Clostridium	0-0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium symbiosum	0-0	0.0	Значение отсутствует
Coprococcus	0,02-0,66	0,36	Среднее значение
Coprococcus catus	0,0001-0,008	0,02	Высокое значение
Escherichia	0,02-0,47	7,69	Высокое значение
Flavonifractor	0,004-0,09	0,02	Среднее значение
Flavonifractor plautii	0,0001-0,04	0,02	Среднее значение
Klebsiella	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Klebsiella pneumoniae	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Megamonas	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Megamonas funiformis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Parabacteroides	0,58-2,46	0,41	Низкое значение
Parabacteroides_goldsteinii	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует

Peptostreptococcus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus_anaerobius	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Veillonella	0,0001-0,08	6,13	Высокое значение
Veillonella dispar	0,0001-0,01	3,06	Высокое значение
ПОТЕНЦИАЛ ПРОИЗВОДСТВА ПРОПИОНАТА		СРЕДНИЙ	
АРХЕИ-ПРОИЗВОДИТЕЛИ МЕТАНА			
Methanobrevibacter	0,0001-0,005	0,06	Высокое значение
Methanospaera	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Methanomassiliicoccus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
ПОТЕНЦИАЛ ПРОИЗВОДСТВА МЕТАНА		СРЕДНИЙ	
БАКТЕРИИ, ПРЕПЯТСТВУЮЩИЕ КОЛОНИЗАЦИИ ПАТОГЕННЫМИ ВНУТРЕБОЛЬНИЧНЫМИ ЭНТЕРОКОККАМИ			
Barnesiella	0,0001-1,40	0,17	Среднее значение
ПРОТЕКТИВНЫЙ ПОТЕНЦИАЛ ПРОТИВ КОЛОНИЗАЦИИ ПАТОГЕННЫМИ ВНУТРЕБОЛЬНИЧНЫМИ ЭНТЕРОКОККАМИ			СРЕДНИЙ
БАКТЕРИИ-ПРОИЗВОДИТЕЛИ АММИАКА 1			
Alistipes	1,05-4,44	0,86	Низкое значение
Alistipes finegoldii	0,0001-0,07	0.0	Значение отсутствует
Bilophila	0,05-0,36	0,76	Высокое значение
Bilophila wadsworthia	0,02-0,30	0,76	Высокое значение
Blautia	0,25-1,06	0,27	Среднее значение
Blautia producta	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Blautia wexlerae	0.001-0.02	0.0	Значение отсутствует
Citrobacter	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Citrobacter freundii	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Clostridium	0-0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium saudiense	0-0	0.0	Значение отсутствует
Comamonas	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Comamonas kerstersii	0-0	0.0	Значение отсутствует
Desulfovibrio	0,0001-0,02	0.0	Значение отсутствует
Desulfovibrio_desulfuricans	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Enterobacter	0,0001-0,01	0,07	Высокое значение
Enterobacter_himalayensis	0-0	0.0	Значение отсутствует
Haemophilus	0,0001-0,07	1,50	Высокое значение
Haemophilus_parainfluenzae	0,0001-0,01	0,31	Высокое значение

1 **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.

Klebsiella	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Klebsiella pneumoniae	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Odoribacter	0,14-0,71	0,08	Низкое значение
Odoribacter laneus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Odoribacter_splanchnicus	0,09-0,52	0,08	Низкое значение
Roseburia	0,24-1,18	0,17	Низкое значение
Roseburia intestinalis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Ruminococcus	0,17-1,64	0,89	Среднее значение
Ruminococcus_bicirculans	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Streptococcus	0,08-0,55	0,67	Высокое значение
Streptococcus salivarius	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Streptococcus_thermophilus	0.001-0.50	0.0	Значение отсутствует
Streptococcus_vestibularis	0.001-0.50	0.0	Значение отсутствует
Victivallis	0,0001-0,05	0.0	Значение отсутствует
Victivallis vadensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует

ПОТЕНЦИАЛ ПРОИЗВОДСТВА АММИАКА

СРЕДНИЙ

БАКТЕРИИ-ПРОИЗВОДИТЕЛИ ТМАО

Bilophila	0,05-0,36	0,76	Высокое значение
Bilophila wadsworthia	0,02-0,30	0,76	Высокое значение
Blautia	0,25-1,06	0,27	Среднее значение
Blautia producta	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Clostridium_asparagiforme	0-0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium bolteae	0-0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium citroniae	0-0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium_clostridioforme	0-0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium symbiosum	0-0	0.0	Значение отсутствует
Collinsella	0,03-1,33	0,01	Низкое значение
Collinsella_bouchesdurhonensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Coprococcus	0,02-0,66	0,36	Среднее значение
Coprococcus comes	0,0001-0,16	0,34	Высокое значение
Desulfovibrio	0,0001-0,02	0.0	Значение отсутствует
Desulfovibrio_fairfieldensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует

2Триметиламин — 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.

Dorea	0,10-0,40	1,13	Высокое значение
Dorea longicatena	0,04-0,26	0,98	Высокое значение
Escherichia	0,02-0,47	7,69	Высокое значение
Escherichia coli	0.002-0.10	0.0	Значение отсутствует
Escherichia flexneri	0.001-0.50	0.0	Значение отсутствует
Hungatella hathewayi	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Klebsiella	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Klebsiella pneumoniae	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Lachnoclostridium	0,13-0,54	2,54	Высокое значение
Parasutterella	0,01-0,65	3,51	Высокое значение
Parasutterella_excrementihomini	0.001-0.30	0.0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus_anaerobius	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Phoceia	0,0001-0,001	0.0	Значение отсутствует
Phoceia massiliensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
ПОТЕНЦИАЛ ПРОИЗВОДСТВА ТМА			СРЕДНИЙ
БАКТЕРИИ-ПРОИЗВОДИТЕЛИ ГИСТАМИНА			
Bacteroides fragilis	0,0001-0,25	0,52	Высокое значение
Bacteroides nordii	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Bacteroides oleiciplenus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Bacteroides salyersiae	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Bacteroides_stercorisoris	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Clostridium	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Clostridium perfringens	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Eggerthella	0,0001-0,02	0.0	Значение отсутствует
Eggerthella lenta	0,0001-0,02	0.0	Значение отсутствует
Eggerthella timonensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Fusobacterium ulcerans	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Gordonibacter	0,0001-0,01	0,02	Высокое значение
Gordonibacter_massiliensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Gordonibacter_pamelaeae	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Gordonibacter_urolithinfaciens	0,0001-0,01	0,02	Высокое значение
Haemophilus pittmaniae	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Klebsiella	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует

Klebsiella aerogenes	0.001-0.02	0.0	Значение отсутствует
Methanobrevibacter	0,0001-0,005	0,06	Высокое значение
Methanobrevibacter_smithii	0.001-0.02	0.0	Значение отсутствует
Methanosphaera	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Methanosphaera_cuniculi	0.001-0.02	0.0	Значение отсутствует
Methanosphaera_stadtmanae	0.021-50	0.0	Значение отсутствует
Morganella morganii	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Raoultibacter	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Raoultibacter massiliensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
ПОТЕНЦИАЛ СИНТЕЗА ГИСТАМИНА			СРЕДНИЙ
БАКТЕРИИ-ПРОИЗВОДИТЕЛИ ВСАА 3			
Akkermansia	0,0001-3,00	0,03	Среднее значение
Akkermansia muciniphila	0,0001-0,59	0,03	Среднее значение
Alistipes	1,05-4,44	0,86	Низкое значение
Alistipes finegoldii	0,0001-0,07	0.0	Значение отсутствует
Alistipes onderdonkii	0.001-0.10	0.0	Значение отсутствует
Bacteroides	8,18-24,29	29,42	Высокое значение
Bacteroides ovatus	0,0001-0,06	0,18	Высокое значение
Bacteroides_thetaiotaomicron	0,0001-0,14	0,15	Высокое значение
Bacteroides_xylanisolvens	0.001-0.02	0.0	Значение отсутствует
Bacteroides vulgatus	0,36-5,45	16,20	Высокое значение
Barnesiella	0,0001-1,40	0,17	Среднее значение
Barnesiella_intestinihominis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Bilophila	0,05-0,36	0,76	Высокое значение
Bilophila wadsworthia	0,02-0,30	0,76	Высокое значение
Blautia	0,25-1,06	0,27	Среднее значение
Blautia massiliensis	0,0001-0,04	0.0	Значение отсутствует
Blautia obeum	0,0001-0,07	0,05	Среднее значение
Eggerthella	0,0001-0,02	0.0	Значение отсутствует

3 **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.

Eggerthella lenta	0,0001-0,02	0.0	Значение отсутствует
Escherichia	0,02-0,47	7,69	Высокое значение
Eubacterium	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Lachnospira	0,45-2,04	2,13	Высокое значение
Lachnospira eligens	0,71-1,54	0.0	Значение отсутствует
Odoribacter	0,14-0,71	0,08	Низкое значение
Odoribacter_splanchnicus	0,09-0,52	0,08	Низкое значение
Parabacteroides	0,58-2,46	0,41	Низкое значение
Parabacteroides_distasonis	0,0001-0,34	0.0	Значение отсутствует
Parabacteroides_merdae	0,0001-0,91	0.0	Значение отсутствует
Prevotella	0,0001-3,35	0,02	Среднее значение
Prevotella copri	0,0001-0,02	0.0	Значение отсутствует
Roseburia	0,24-1,18	0,17	Низкое значение
Roseburia intestinalis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Ruminococcus	0,17-1,64	0,89	Среднее значение
Ruminococcus_bicirculans	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует

ПОТЕНЦИАЛ СИНТЕЗА ВСАА

СРЕДНИЙ

БАКТЕРИИ-ПРОИЗВОДИТЕЛИ СЕРОВОДОРОДА

Bilophila	0,05-0,36	0,76	Высокое значение
Bilophila wadsworthia	0,02-0,30	0,76	Высокое значение
Desulfovibrio	0,0001-0,02	0.0	Значение отсутствует
Desulfovibrio_desulfuricans	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Desulfovibrio_fairfieldensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Desulfovibrio piger	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Blautia	0,25-1,06	0,27	Среднее значение
Blautia producta	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Blautia_hydrogenotrophica	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Citrobacter	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Citrobacter freundii	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Clostridium	0-0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium_asparagiforme	0-0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium citroniae	0-0	0.0	Значение отсутствует
Clostridium symbiosum	0-0	0.0	Значение отсутствует
Enterobacter	0,0001-0,01	0,07	Высокое значение

Enterococcus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Enterococcus faecalis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Enterococcus faecium	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Erysipelatoclostridium	0,0001-0,13	0.0	Значение отсутствует
Escherichia	0,02-0,47	7,69	Высокое значение
Eubacterium	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Klebsiella	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Klebsiella pneumoniae	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Phocaea	0,0001-0,001	0.0	Значение отсутствует
Phocaea massiliensis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
ПОТЕНЦИАЛ СИНТЕЗА СЕРОВОДОРОДА			СРЕДНИЙ
БАКТЕРИИ, ФЕРМЕНТИРУЮЩИЕ ЛАКТОЗУ (молочный сахар)			
Faecalibacterium	4,01-8,90	9,97	Высокое значение
Roseburia	0,24-1,18	0,17	Низкое значение
Bifidobacterium	0,12-2,58	6,61	Высокое значение
Lactobacillus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Collinsella	0,03-1,33	0,01	Низкое значение
Slackia	0,0001-0,02	0.0	Значение отсутствует
Enterococcus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
ПОТЕНЦИАЛ МЕТАБОЛИЗМА ЛАКТОЗЫ			СРЕДНИЙ
ОРАЛЬНЫЕ БАКТЕРИИ 4			
Cutibacterium	0,0001-0,01	0,04	Высокое значение
Cutibacterium_acnes	0,0001-0,01	0,04	Высокое значение
Dialister	0,0001-2,01	0,003	Среднее значение
Dialister_invisus	0,0001-0,006	0.0	Значение отсутствует
Haemophilus	0,0001-0,07	1,50	Высокое значение
Haemophilus_parainfluenzae	0,0001-0,01	0,31	Высокое значение
Haemophilus_pittmaniae	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Peptoniphilus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Peptoniphilus_lacrimalis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует

4 Данные бактерии обитают в ротовой полости, но могут колонизировать кишечник, что может быть связано с факторами окружающей среды, 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.

Peptostreptococcus_anaerobius	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Porphyromonas	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Porphyromonas_gingivalis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Porphyromonas_somerae	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Prevotella	0,0001-3,35	0,02	Среднее значение
Prevotella_bivia	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Prevotella_buccalis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Prevotella_corporis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Solobacterium	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Solobacterium_moorei	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Streptococcus	0,08-0,55	0,67	Высокое значение
Streptococcus_anginosus	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Streptococcus_mutans	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Streptococcus_oralis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Streptococcus_parasanguinis	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Streptococcus_salivarius	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Streptococcus_vestibularis	0-0	0.0	Значение отсутствует
Veillonella	0,0001-0,08	6,13	Высокое значение
Veillonella_atypica	0,0001-0,01	0,23	Высокое значение
Veillonella_dispar	0,0001-0,01	3,06	Высокое значение
Veillonella_parvula	0,0001-0,01	0,04	Высокое значение
Veillonella_dispar/ parvula	0-0	0.0	Значение отсутствует
ЗНАЧЕНИЕ ОРАЛЬНЫХ БАКТЕРИЙ			НИЗКОЕ

ОБРАЗЕЦ

ПАТОГЕННАЯ НАГРУЗКА

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		Среднее значение в популяции	Ваш ВАРИАНТ, %	КРАТКАЯ ИНТЕРПРЕТАЦИЯ
	ВОЗ ⁵	РФ ⁶			
Bacillus	-		0	0.0	Значение отсутствует
Brucella	-		0	0.0	Значение отсутствует
Borrelia		4	0	0.0	Значение отсутствует
Campylobacter	-	4	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Citrobacter	-	4	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Cronobacter	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Clostridioides	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Clostridium	-		0	0.0	Значение отсутствует
Enterobacter	2		0,0001-0,01	0,07	Высокое значение
Escherichia/Shigella	-		0,02-0,50	7,69	Высокое значение
Enterococcus	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Eggerthella	-		0,0001-0,02	0.0	Значение отсутствует
Fusobacterium	-		0,0001-0,01	0,007	Среднее значение
Haemophilus	-		0,0001-0,10	1,50	Высокое значение
Helicobacter	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Klebsiella	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Legionella		3	0	0.0	Значение отсутствует
Leptospira		3	0	0.0	Значение отсутствует
Listeria		3	0	0.0	Значение отсутствует
Mycobacterium		4	0	0.0	Значение отсутствует
Mycoplasma	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Morganella	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует

⁵ **Международная классификация патогенности**, используемая ВОЗ, отличается от существующей в России обратным порядком: микроорганизмы наиболее высокой степени патогенности у них отнесены к IV группе (см. Таблицу 1) 2010 г.

⁶ **Постановление Главного государственного санитарного врача РФ от 28.01.2008 N 4** (ред. от 29.06.2011) Об утверждении санитарно-эпидемиологических правил СП 1.3.2322-08 (вместе с СП 1.3.2322-08. Безопасность работы с микроорганизмами III - IV групп патогенности (опасности) и возбудителями паразитарных болезней. Санитарно-эпидемиологические правила) (Зарегистрировано в Минюсте РФ 21.02.2008 N 11197)>Приложение. СП 1.3.2322-08. Безопасность работы с микроорганизмами III - IV групп патогенности (опасности) и возбудителями паразитарных болезней. Санитарно-эпидемиологические правила>Приложение N 1. Классификация микроорганизмов - возбудителей инфекционных заболеваний человека, простейших, гельминтов и ядов биологического происхождения по группам патогенности

Neisseria	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Nocardia	-		0	0.0	Значение отсутствует
Proteus	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Providencia	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Pseudomonas	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Parvimonas			0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Porphyromonas	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Peptostreptococcus	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Staphylococcus	-	4	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Salmonella	2	4	0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Sphingomonas	-		0,0001-0,01	0,01	Среднее значение
Treponema	-		0,0001-0,01	0.0	Значение отсутствует
Vibrio	-	4	0	0.0	Значение отсутствует
Yersinia	-		0	0.0	Значение отсутствует

ОБРАЗЕЦ

Следует помнить, что даже при обнаружении условно-патогенных штаммов без клинической картины и симптомом инфекции не требуется назначения антибиотикотерапии, в некоторых случаях рекомендован прием пробиотических препаратов и улучшение микробиоценоза кишечника за счет питания и образа жизни.

Пробиотические бактерии проявляют свое действие за счет следующих механизмов:

Непосредственная конкуренция с патогенами за основные питательные вещества и рецепторы адгезии, создание колонизационной резистентности.

Прямой антагонизм через естественную экскрецию противомикробных препаратов.

Снижение pH до уровня, при котором патогены не могут эффективно конкурировать.

Применение антибиотиков в крайней необходимости и строго по назначению врача.

Бесконтрольное использование антибиотиков может привести к резкому снижению и потере основных родов филометаболического ядра, потере важнейших функций микробиома, в частности выработка противовоспалительных, противоонкологических и энергетических метаболитов, резкому снижению иммуномодулирующей функции микробиоты. Следствием такого дисбаланса является высокий риск возникновению аутоиммунных заболеваний, аллергий, появление антибиотико-резистентных штаммов бактерий и ещё большей патогенной нагрузки. Некоторые роды полезных бактерий могут исчезнуть навсегда, восстановить их будет невозможно.

У здоровых молодых людей микрофлора кишечника восстанавливается в среднем в течение 6 месяцев после приема антибиотиков. После некоторых антибиотиков микробиом восстанавливается в течение 1 года и более. Идет постепенное заселение бактериями. Однако первыми восстанавливаются патогенные бактерии с наиболее устойчивыми генами к антибиотикам. «Лидерами» по скорости восстановления являются бактерии с болезнетворными свойствами, что объясняет расстройства желудочно-кишечного тракта после приема лекарств. Некоторые полезные бактериальные виды исчезают полностью, под воздействием лекарств. Их невозможно обнаружить даже спустя 180 дней.

Кишечный микробиом обладает способностью сохранять «память» о предшествующих стрессах. Введение антибиотиков в раннем детском возрасте может в последующем привести к развитию болезни Крона, астмы и ожирения.

Таблица 1

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 серьезного 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 серьезное 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 серьезное заболевание у человека или животных и легко распространяется от больного к здоровому или опосредованно. Эффективных мер в большинстве случаев не существует.

ВЫВОДЫ:

Бактерия	Высокое значение	Среднее значение	Низкое значение	Отсутствие или крайне низкое
Потенциал патогенности микробиоты				
Патогенная нагрузка			✓	
Потенциал развития кишечной инфекции			✓	
Потенциал нарушения орально-кишечного барьера			✓	
Потенциал воспаления			✓	
Протективный потенциал микробиоты				
Бактерии, препятствующие колонизации патогенными внутрибольничными энтерококками		✓		
Бактерии, показатели здорового метаболизма и здорового слизистого барьера		✓		
Бактериальные композиции				
Бактерии, продуцирующие бутират		✓		
Бактерии, продуцирующие ацетат		✓		
Бактерии, продуцирующие пропионат		✓		
Бактерии, продуцирующие аммоний		✓		
Бактерии, продуцирующие ТМА		✓		
Бактерии, продуцирующие ВСАА		✓		
Бактерии, продуцирующие гистамин		✓		
Бактерии, продуцирующие сероводород		✓		
Археи, продуцирующие метан		✓		
Потенциал метаболизма				
Потенциал метаболизма лактозы		✓		
Другое (раздел под специальный запросы)				

Функциональные бактерии

1. Высокое значение *Bacteroides*. Наиболее распространенный род бактерий кишечника. Используют олиго, полисахариды, резистентный крахмал, а также белок и муцин слизистого слоя. Бактероиды поддерживают нормальное функционирование кишечника, моделируют его функции, способствуют усвоению питательных веществ, диверсифицируют кишечную микробиоту. Высокое значение может быть связано с «западной диетой», содержащей много мясных продуктов, животных жиров и сахара. Некоторые виды бактерий из родов *Bacteroides* ассоциированы с плохим здоровьем кишечника. Данные бактерии кроме сукцината и КЖЦК, способны к выработке аминокислот с разветвленной цепью, ВСАА (валин, лейцин, изолейцин), которые могут быть связаны с метаболическими нарушениями и воспалительными процессами. Необходимо сопоставить результаты анализа с диетой.

2. Высокое значение *Bifidobacterium*. Род молочнокислых бактерий с пробиотическими свойствами. Бифидобактерии выделяют лактат и ацетат, который используется другими бактериями для производства полезного метаболита-бутирата. Также Бифидобактерии обладают иммуномодулирующими, защитными и противовоспалительными свойствами. Несмотря на полезные свойства данного рода, очень высокие уровни некоторых видов могут быть неблагоприятными для слизистого барьера кишечника на западном типе диеты. *Bifidobacterium* колонизируют слой слизи кишечника и могут регулировать выработку слизи бокаловидными клетками. Однако некоторые виды *Bifidobacterium* содержат множество ферментов гликозилгидролаз, которые могут в значительной степени разрушать гликаны муцина (белок слизистого слоя кишечника) и нарушать слизистый барьер кишечника. Способность расщеплять гликаны муцина может быть неблагоприятной при снижении выработки муцина, например, во время колита. Необходимо сопоставить результаты анализа с диетой, приемом пре и пробиотиков.

3. Низкое значение *Roseburia*. Данная бактерия является важным представителем микробиома, которая вырабатывает бутират, короткоцепочечную жирную кислоту. Бутират-это основной источник энергии для клеток кишечника, обладает противовоспалительными свойствами и имеет важное значение для здоровья кишечника. Данные бактерии используют пищевые волокна, резистентный крахмал, ацетат для производства бутирата. Необходимо сопоставить результаты с диетой.

4. Выявлен *Methanobrevibacter*. Данный архей встречается у людей с повышенным метаболизмом, у профессиональных спортсменов, а также у пациентов с СРК, метеоризмом, запорами. Благодаря своей уникальной способности превращать водород и углекислый газ в метан, эта архея помогает бактериям эффективно расщеплять пищевые волокна (клетчатку). Эта бактерия участвует в регуляции пищевого поведения и чувства голода. *Methanobrevibacter* чаще встречается у профессиональных спортсменов, особенно велосипедистов, положительно ассоциируется с диетами с высоким содержанием углеводов. Также увеличенное время прохождения каловых масс в толстой кишке увеличивает время роста архей, таких как *Methanobrevibacter*. Однако во многих исследованиях избыточное количество *M. smithii* коррелирует с кишечными расстройствами, включая синдром раздраженного кишечника (СРК) и запоры, а также метеоризм. Необходимо сопоставить результаты с образом жизни, анамнезом.

5. Выявлен *Streptococcus* в высоком значении, в данный род входят как пробиотические виды, такие как *S.thermophilus*, которые используются для приготовления молочнокислой продукции, так и условно-патогенные виды, которые способны вызывать различные заболевания. Оральные виды данного рода могут колонизировать кишечник при нарушении орально-кишечного барьера и обладать провоспалительным потенциалом. Стоит учитывать, что при отсутствии клинической картины, наличие данных микроорганизмов может говорить о носительстве или о перенесенной инфекции и лечения не требует.

6. Высокое значение *Bilophila*. Данная бактерия является обычным обитателем кишечника человека, но может стать проблематичным на высоких уровнях. Эта бактерия может расщеплять таурин (таурохолевая кислота) и производить газообразный сероводород, который является цитотоксичным соединением. Повышенный уровень сероводорода способствует нарушению кишечного барьера, системному воспалению, дисметаболизму желчных кислот, изменению метаболического профиля. Повышенные концентрации сероводорода могут приводить к запорам из-за способности ингибировать моторику желудочно-кишечного тракта. Чрезмерный рост данных бактерий представляет очевидную угрозу барьерной функции, поскольку сероводород нарушает окисление бутирата. Необходимо сопоставить результаты с диетой (западный тип, высокое содержание насыщенных жиров, продуктов животного происхождения).

Условно-патогенные и патогенные бактерии

7. Выявлена *Escherichia/Shigella* в высоком значении. Большинство бактерий данного рода являются безопасными, распространенными членами микробиоты кишечника, сосуществуют в симбиозе с хозяином и обеспечивают устойчивость к патогенным бактериям, способны вырабатывать вит К. Данные бактерии имеют клиническое значение лишь при высоких показателях, чрезмерном росте. Кишечная палочка в большом количестве связана с деградацией муцина и увеличением кишечной проницаемости, возможен риск развития дефицита железа при увеличении популяции бактерий. Самый распространенный вид - *Escherichia coli*. Данный вид является обычным обитателем кишечника, хотя обычно он присутствует в небольшом количестве по сравнению с другими нормальными видами кишечника. Этот вид охватывает большое количество штаммов с разнообразными свойствами; существуют абсолютно - патогенные штаммы, которые являются причиной желудочно-кишечных инфекций и инфекций мочевыводящих путей. Однако большинство штаммов не являются вредными. В рамках 16S рРНК секвенирования штаммы не отображаются. Результаты анализа необходимо сопоставить с клинической картиной.

8. Выявлен *Enterobacter*. В небольшом количестве бактерия встречается в ротовой полости и кишечнике здоровых людей. Повышение представленности и попадание *Enterobacter* в другие органы может вызывать воспаление. Это потенциальная причина развития воспаления органов желудочно-кишечного тракта и мочевыводящих путей. Некоторые виды бактерии участвуют в развитии метаболического синдрома, ожирения, участвуют в изменении липометаболизма. *Enterobacter spp.* по своей природе устойчивы к большинству антибиотиков. Это позволяет им выживать и разрастаться в кишечнике людей, получавших эти антибиотики.

Анализ проводили:

Биотехнолог:

Биоинформатик:



ОБРАЗЕЦ

Дополнительная информация

Чтобы снизить воспалительную нагрузку и повысить разнообразие микробиоты, рекомендуется сбалансированный рацион, близкий к средиземноморской диете.

1. Сокращение/исключение продуктов, негативно влияющих на воспалительный каскад:

- простые углеводы, добавленный сахар, магазинные фруктовые соки
- транс-жиры (на этикетках «частично гидрогенизированные жиры».)
- продукты с высоким гликемическим индексом
- чрезмерное количество насыщенных жиров

2. Включать в свой рацион клетчатку, различные типы пребиотических волокон:

- FOS (фруктоолигосахариды)
- GOS (галактоолигосахариды)
- Пектин
- Инулин
- Резистентный крахмал
- Арабиноксиланы
- Проантоцианиды

ФОС (фруктоолигосахариды) – основной источник топлива (86%) для большинства полезных бактерий, Продукты, которые содержат ФОС: спаржа, пшеница, зерновые, бобовые, кешью, чеснок, лук-порей, лук-шалот, зелёный лук, чечевица, зелёный горошек, артишок, нектарины.

Резистентный (устойчивый) крахмал – это крахмал (включая продукты его разложения), который не расщепляется пищеварительными ферментами поджелудочной железы. Некоторые виды резистентного крахмала ферментируются микробиотой толстого кишечника, что приносит пользу здоровью человека за счет производства короткоцепочечных жирных кислот (SCFAs), увеличения массы полезных бактерий и стимуляции бактерий, продуцирующих бутират. Резистентный крахмал является основным субстратом для питания и роста полезных бактерий из кластера *Clostridium XIVa* & *Ruminococcus*. Согласно исследованиям, потребление продуктов с устойчивым крахмалом снижает гликемический ответ.

Продукты, которые содержат устойчивый крахмал: зеленые бананы, манго, бобовые, семена, зерновой хлеб, а также остывшие после приготовления следующие продукты: рис, макароны и картофель. Это связано с тем, что по мере нагревания и остывания структура крахмала меняется.

Пектин относят к пищевым волокнам, поскольку он не переваривается ни в желудке, ни в тонкой кишке, а в значительной степени ферментируется микробиотой в толстой кишке.

Продукты, которые содержат пектин: яблоки, груши, сливы, абрикосы, инжир, персики, бананы, ананасы, апельсины, дыни, финики, клубника, манго, черника, морковь.

Полифенолы. Большинство фруктов и овощей, зеленый чай, горький шоколад, какое, содержат фитохимические вещества с антимикробными и противовоспалительными свойствами. Фитохимические вещества способны поддерживать баланс микробиоты кишечника и проявлять противоопухолевые свойства (например, уменьшать пролиферацию клеток и стимулировать апоптоз раковых клеток, ингибировать ангиогенез и задерживать метастазирование). Поскольку полифенолы плохо всасываются в тонком кишечнике, они обычно имеют тенденцию накапливаться в толстой кишке, где они могут быть гидролизваны ферментативной активностью кишечного микробного сообщества в биоактивные соединения. Более того, было обнаружено, что полифенолы, присутствующие в толстой кишке, значительно изменяют микробиоту кишечника, в частности, подавляя рост патогенных видов *Clostridium* и *Bacteroides*.

Продукты, которые содержат проантоцианиды: миндаль, черника, горький шоколад, корица, клюква, фундук, арахис, пекан, фисташки, слива, клубника

Инулин состоит из цепочек молекул фруктозы. Инулин не переваривается в тонкой кишке и метаболизируется кишечной микробиотой.

Продукты, которые содержат инулин: топинамбур, артишок, корень цикория, бананы, лук, спаржа, чеснок, пшениц, лук-порей. Однако большое количество инулина может усилить образование газов.

Арабиноксиланы. Цельнозерновые злаки содержат 1,4 и 1,3-бета-глюканы, которые являются субстратом для Bifidobacterium, Lactobacillus и других пробиотических бактерий.

Продукты, которые содержат арабиноксиланы: рожь, пшеница, овес, кукуруза, бурый рис

3. Постепенно включать ферментированные продукты в свой постоянный рацион. Они содержат натуральные пробиотические Bifidobacterium, Lactobacillus. Метаболизм потребителей ферментированных пищевых продуктов обогащен конъюгированной линолевой кислотой (CLA), способствующей укреплению здоровья. Ферментированные продукты необходимо добавлять в рацион в небольшом количестве. Начинать надо с продуктов, которые употреблялись в вашей семье и встречаются в культуре питания ваших предков.

*При гастрите, язве, повышенной кислотности, СРК, и воспалении ЖКТ в стадии обострения- ферментированные продукты исключаются из рациона.

4. Включать растительный белок в свой рацион, например, белки гороха влияют на рост кишечных комменсальных бактерий, особенно лактобацилл и бифидобактерий.

5. Включать в рацион полиненасыщенные жирные кислоты

Разнообразные исследования недавно определили влияние диетических полиненасыщенных жирных кислот омега-3 (ПНЖК) на микробиоту кишечника. ПНЖК способны уменьшать микробный дисбактериоз кишечника за счет увеличения доли полезных бактерий и уменьшения доли патогенных бактерий в желудочно-кишечном тракте. ПНЖК широко изучаются из-за их роли в их защитном эффекте от канцерогенеза CRC, главным образом посредством механизмов, регулирующих дифференцировку и апоптоз колоноцитов. Эти ПНЖК могут также изменять компоненты клеточного цикла, действовать на иммунную систему и модулировать экспрессию генов, связанных с CRC.

ОБРАЗЕЦ

ИНФОРМАЦИЯ О НЕКОТОРЫХ БАКТЕРИЯХ

Бактерия	Функциональное значение
Бактерии-производители бутирата	
Roseburia	<ul style="list-style-type: none"> -синтез бутирата -противовоспалительная -иммуномодулирующая -противоопухолевая функции -связана с метаболическим здоровьем, лучшей чувствительностью к инсулину <p>Данная бактерия увеличивается, когда в рационе присутствуют растительные волокна, полифенолы, пищевые маннаны, арабиноксиланы</p>
Faecalibacterium	<ul style="list-style-type: none"> -синтез бутирата -противовоспалительная -иммуномодулирующая -противоопухолевая функции -способна расщеплять сложные углеводы, например пектин -резко снижена у пациентов с ВЗК, болезнью Крона, после антибиотиков и перенесённого COVID-19 -высокие уровни могут быть связаны с метаболическими изменениями и набором веса, за счет способности лучше поглощать энергию из пищи -некоторые виды данного рода способны разлагать слизь, и повышены у пациентов с атопическим дерматитом, псориазом, экземой
Agathobacter	-синтез бутирата
Eubacterium	<ul style="list-style-type: none"> - синтез бутирата - синтез витамина B12 - синтез реутерина
Coprococcus	- синтез бутирата, высокое содержание ассоциировано с низким индексом массы тела и высоким разнообразием микробиоты
Anaerostipes	- синтез бутирата
Subdoligranulum	- синтез бутирата
Butyricimonas	- синтез бутирата
Butyrivibrio	- синтез бутирата
Butyricicoccus	- синтез бутирата
Flavonifractor	- синтез бутирата
Odoribacter	- синтез бутирата
Lachnospira	- синтез бутирата
Бактерии- производители ацетата, пропионата, сукцината	
Alistipes	<ul style="list-style-type: none"> - устойчивые к желчи бактерии -используют простые сахара (включая лактозу) и белок. -производят сукцинат, ГАМК, участвуют в процессах гниения и выделяют продукты белкового метаболизма, в том числе вредные -некоторые виды являются провоспалительными и связаны с плохим здоровьем кишечника, особенно на диете с большим количеством красного мяса и малым количеством клетчатки. -высокие значения могут быть ассоциированы с синдромом хронической усталости, депрессией - низкие значения ассоциированы с патологиями печени. -данный род обратно коррелирует с показателями ожирения, липидного и глюкозного гомеостаза

Bacteroides	<ul style="list-style-type: none"> -самый распространенный род бактерий толстой кишки -используют олиго, полисахариды, резистентный крахмал, а также белок и муцин слизистого слоя -производят сукцинат, ацетат, пропионат, ГАМК, аминокислоты с разветвленной цепью - помогают эффективно использовать питательные вещества, одновременно помогая другим бактериям функционировать. -существуют разные виды данных бактерий с различными функциями на здоровье хозяина. -высокое значение некоторых провоспалительных видов может быть связано с плохим здоровьем кишечника, «западной диетой» -некоторые виды способны к выработке аминокислот с разветвленной цепью, которые могут быть связаны с метаболическими нарушениями -низкий уровень данного рода может быть связан с воспалительными заболеваниями кишечника (ВЗК), приемом лекарств и нарушением баланса микробиома
Dorea	<ul style="list-style-type: none"> - производит ацетат и газы -обычно эти газы «перехватывают» бактерии рода Blautia, которые производят ацетат, поэтому 2 бактерии обычно встречаются вместе. -высокие значения могут ассоциироваться с метеоризмом, СРК, метаболическими нарушениями, повышенной кишечной проницаемостью -некоторые виды являются провоспалительными, индуцируют Интерферон гамма (IFN γ), метаболизируют сиаловые кислоты и разлагают муцин. Это может приводить к повышенной кишечной проницаемости и воспалению
Blautia	<ul style="list-style-type: none"> - производит ацетат -расщепляет сложные углеводы <p>Чрезмерно высокие значения некоторых видов были ассоциированы с нарушением метаболизма глюкозы</p>
Prevotella	<ul style="list-style-type: none"> -в зависимости от вашей они будут выделять или полезные или вредные метаболиты -специализируются на расщеплении сложных пищевых волокон, например, гемицеллюлозы, часто встречаются в популяциях Африки и Азии и связаны с минимально обработанной пищей и с диетой с высоким содержанием клетчатки, выделяют полезные метаболиты -на «западной диете» переключаются на использование белка и выделяют аминокислоты с разветвленной цепью, которые связаны с риском инсулинорезистентности, СД 2 -некоторые виды в высоком значении были ассоциированы с ревматоидным артритом
Ruminococcus	<ul style="list-style-type: none"> -отвечают за расщепление резистентного крахмала, бобовых, а также способствуют выделению ацетата -некоторые представители данного рода могут способствовать развитию воспалительных заболеваний кишечника при неблагоприятных условиях
Phascolarctobacterium	<ul style="list-style-type: none"> -данный род почти не использует углеводы для роста и вместо этого использует сукцинат от других бактерий для производства полезного пропионата -некоторые виды являются липолитическими, могут использовать глицерин и метаболизировать непереваренные остатки насыщенных жиров, которые попадают в толстую кишку -высокие значения могут быть связаны с диетой с высоким содержанием насыщенных жиров, а также с воспалением. -повышенное количество может рассматриваться как патогенный фактор, участвующий в воспалительной реакции
Продуцент метана	
Methanobrevibacter	<ul style="list-style-type: none"> -основной метаноген. -данный архей встречается у людей с повышенным метаболизмом, у профессиональных спортсменов, на диетах с высоким содержанием углеводов, а также у пациентов с СРК-3, метеоризмом, запорами, дивертикулезом.
Methanosphaera	<ul style="list-style-type: none"> -второй менее распространённый производитель метана. -встречается в 6% образцах

Methanomassiliicoccus	относится к археобиотикам благодаря способности использовать ТМА в качестве субстрата и помогает пациентам, страдающим триметиламинурией. -появление этого архея в желудочно-кишечном тракте человека может уменьшить накопление ТМАО и, следовательно, риск сердечно-сосудистых заболеваний, вызванных этим соединением.
Бактерии, продуценты молочной кислоты	
Bifidobacterium	-производитель лактата и ацетата, которые используются другими бактериями для производства полезного бутирата. -некоторые виды являются пробиотическими, обладают важными функциями для здоровья кишечника.
Lactobacillus	-производитель лактата, большинство присутствующих в толстой кишке лактобацилл являются транзиторными, полученными из ферментированной пищи, ротовой полости или более проксимальных частей ЖКТ.
Lactococcus	-производитель лактата, используется для приготовления молочнокислой продукции, обладают иммуномодулирующей функцией
Leuconostoc	-производитель лактата, используется для приготовления молочнокислой продукции, вина, ферментированных овощей и мясных продуктов.
Streptococcus	-производитель лактата, существуют пробиотические и условно-патогенные виды.
Сульфат редуцирующие бактерии	
Bilophila	-производитель сероводорода -повышенный уровень сероводорода способствует нарушению кишечного барьера, системному воспалению, дисметаболизму желчных кислот и изменению метаболического профиля, запорам.
Desulfovibrio	- производитель сероводорода -повышенный уровень сероводорода способствует нарушению кишечного барьера, системному воспалению, дисметаболизму желчных кислот и изменению метаболического профиля, запорам.
Бактерии, утилизирующие оксалаты	
Oxalobacter	-разрушает оксалаты, основная бактерия оксалобиома -снижает абсорбцию оксалатов в просвете толстой кишки -предотвращает гипероксалурию -снижает риск образования оксалатных камней в почках
Anaerostipes	-разрушает оксалаты, входит в состав оксалобиома
Cloacibacillus	-разрушает оксалаты, входит в состав оксалобиома
Бактерии, продуцирующие эквиол	
Adlercreutzia	-преобразовывают пищевые изофлавоны в эквол, антиканцерогенное вещество. Примеры таких изофлавонов — дайдзеин и генистеин, которые содержатся в соевых продуктах
Бактерии, продуцирующие уролитин-А	
Gordonibacter	-Бактерии, которые преобразовывают производные пищевых полифенолов-эллагитаниннов (гранат, малина, грецкие орехи и др) в метаболит Уролитин-А. -данный метаболит кишечных бактерий стимулирует митохондриальный биогенез, обладает противоопухолевым, противовоспалительным, антиоксидантным, нейропротективным действием.
Бактерии, препятствующие колонизации патогенными внутрибольничными энтерококками	
Barnesiella	-препятствуют колонизации кишечника патогенными внутрибольничными бактериями -повышает эффективность иммуномодулирующей терапии при некоторых видах рака -являются муцин-деградантами, способны метаболизировать муцин- белок защитного слизистого слоя кишечника
Бактерии, показатели здорового метаболизма и здорового слизистого барьера	
Akkermansia	- живет в слизистом слое кишечника и использует муцин в качестве источника питания - играет важную роль в регулировании оборота слизи в кишечнике, поддерживая здоровый слизистый барьер

	<ul style="list-style-type: none"> -улучшает гомеостаз глюкозы, липидов крови -с другой стороны, при избыточном росте деградация муцина под влиянием Akkermansia может снижать толщину муцинового слоя и ослаблять защитный слизистый барьер. <p>Повышается при потреблении ФОС, полифенолов, экстракта клюквы, винограда, ревеня, приеме метформина, после антибиотикотерапии, а также нарушении целостности кишечного барьера, избыточном производстве слизи и некоторых нейродегенеративных заболеваниях</p>
Christensenella	<ul style="list-style-type: none"> -высоконаследуемая бактерия препятствует развитию метаболических нарушений -положительно коррелирует со здоровым липидным профилем и метаболизмом глюкозы -отрицательно коррелирует с массой тела
Oscillospira	-перерабатывают сложные полисахариды -способны к выработке бутирата, снижая уровень воспаления.
Клостридиальная группа	
Clostridium_sensu_stricto_1	Большинство клостридий не патогенны, однако существуют некоторые патогенные виды клостридий, такие как Cl.perfringens , которые могут вызывать тяжелые заболевания
Erysipelatoclostridium	Типичный представитель Erysipelatoclostridium ramosum (ранее Clostridium ramosum) обитает в желудочно-кишечном тракте, принадлежит к комменсальной микробиоте, лишь в редких случаях играет патогенную роль, приводя к инвазивным инфекциям, чаще всего у детей до 5 лет и пожилых людей с любым типом или степенью ослабленной иммунной системы. В некоторых исследованиях изучается его патофизиологическая роль в развитии метаболических изменений.

ОБРАЗЕЦ