

Streszczenie pracy pt. „Wirusowe i bakteryjne składniki mikrobiomu ludzkiego: profilowanie w wybranych stanach chorobowych przewodu pokarmowego.”

Aleksander Szymczak

Postęp w dziedzinie sekwencjonowania następnej generacji zapoczątkował bardziej szczegółowe badania ludzkiego mikrobiomu. Metoda ta pozwoliła na jednoczesne sekwencjonowanie wielu próbek, co obniżyło koszty, a także zbadanie frakcji mikroorganizmów, które wcześniej nie mogły być badane ze względu na trudności w hodowli.

Podczas trwania tego projektu, od pacjentów Pracowni Endoskopii Wojewódzkiego Szpitala Specjalistycznego, podczas badania gastrokopii pobierany był wycinek części odźwiernikowej żołądka. Od pacjentów pobierana była także krew do dalszej analizy pojedynczych mutacji nukleotydowych. Informacje o pacjentach zostały zebrane podczas wywiadu poprzedzającego badanie, a także za pomocą bazy danych medycznych Asseco Medical Management Solutions (AMMS). Po wyizolowaniu DNA z próbek, zostały one zsekwenconowane za pomocą aparatury Illumina NextSeq550 oraz Ion Torrent Personal Genome Machine. Dane ze wszystkich rodzajów analizy zostały ustandaryzowane i przeznaczone do analizy statystycznej.

Analiza statystyczna składników bakteryjnych i chorób sklasyfikowanych w Międzynarodowej Statystycznej Klasyfikacji Chorób ICD-10 ujawniła czternaście korelacji. Analiza statystyczna komponentów bakteriofagowych ujawniła trzy korelacje z chorobami sklasyfikowanymi w ICD-10. Trzydzieści pojedynczych mutacji nukleotydowych, jest powiązane ze statystycznie istotnymi zmianami w różnorodności mikrobiomu. Sześć polimorfizmów nukleotydowych zostało powiązanych z obecnością bakteriofagów z rodzin Kayvirus, Punavirus, Lambdavirus oraz Teseptimavirus. Warianty pojedynczych nukleotydów występujące w patogenach związanych z zapaleniem błony śluzowej żołądka mogą zmieniać cały skład mikrobiomu i predysponować określone gatunki do wzrostu, co skutkuje dysbiozą. Obecność specyficznych alleli w genach może promować wzrost bakterii poprzez upośledzenie funkcji genów, w których występują.

SNP znalezione w patogenach związanych z zapaleniem błony śluzowej żołądka mogą wpływać na skład mikrobiomu i predysponować określone gatunki do wzrostu, co skutkuje dysbiozą i rozwojem stanów chorobowych.