



New Day in Medicine
Новый День в Медицине

NDM



TIBBIYOTDA YANGI KUN

Ilmiy referativ, marifiy-ma'naviy jurnal



AVICENNA-MED.UZ



ISSN 2181-712X.
EiSSN 2181-2187

1 (75) 2025

**Сопредседатели редакционной
коллегии:**

**Ш. Ж. ТЕШАЕВ,
А. Ш. РЕВИШВИЛИ**

Ред. коллегия:

М.И. АБДУЛЛАЕВ
А.А. АБДУМАЖИДОВ
Р.Б. АБДУЛЛАЕВ
Л.М. АБДУЛЛАЕВА
А.Ш. АБДУМАЖИДОВ
М.А. АБДУЛЛАЕВА
Х.А. АБДУМАДЖИДОВ
Б.З. АБДУСАМАТОВ
М.М. АКБАРОВ
Х.А. АКИЛОВ
М.М. АЛИЕВ
С.Ж. АМИНОВ
Ш.Э. АМОНОВ
Ш.М. АХМЕДОВ
Ю.М. АХМЕДОВ
С.М. АХМЕДОВА
Т.А. АСКАРОВ
М.А. АРТИКОВА
Ж.Б. БЕКНАЗАРОВ (главный редактор)
Е.А. БЕРДИЕВ
Б.Т. БУЗРУКОВ
Р.К. ДАДАБАЕВА
М.Н. ДАМИНОВА
К.А. ДЕХКОНОВ
Э.С. ДЖУМАБАЕВ
А.А. ДЖАЛИЛОВ
Н.Н. ЗОЛотова
А.Ш. ИНОЯТОВ
С. ИНДАМИНОВ
А.И. ИСКАНДАРОВ
А.С. ИЛЬЯСОВ
Э.Э. КОБИЛОВ
А.М. МАННАНОВ
Д.М. МУСАЕВА
Т.С. МУСАЕВ
М.Р. МИРЗОЕВА
Ф.Г. НАЗИРОВ
Н.А. НУРАЛИЕВА
Ф.С. ОРИПОВ
Б.Т. РАХИМОВ
Х.А. РАСУЛОВ
Ш.И. РУЗИЕВ
С.А. РУЗИБОВЕВ
С.А.ГАФФОРОВ
С.Т. ШАТМАНОВ (Кыргызстан)
Ж.Б. САТТАРОВ
Б.Б. САФОВЕВ (отв. редактор)
И.А. САТИВАЛДИЕВА
Ш.Т. САЛИМОВ
Д.И. ТУКСАНОВА
М.М. ТАДЖИЕВ
А.Ж. ХАМРАЕВ
Д.А. ХАСАНОВА
А.М. ШАМСИЕВ
А.К. ШАДМАНОВ
Н.Ж. ЭРМАТОВ
Б.Б. ЕРГАШЕВ
Н.Ш. ЕРГАШЕВ
И.Р. ЮЛДАШЕВ
Д.Х. ЮЛДАШЕВА
А.С. ЮСУПОВ
Ш.Ш. ЯРИКУЛОВ
М.Ш. ХАКИМОВ
Д.О. ИВАНОВ (Россия)
К.А. ЕГЕЗАРЯН (Россия)
DONG JINCHENG (Китай)
КУЗАКОВ В.Е. (Россия)
Я. МЕЙЕРНИК (Словакия)
В.А. МИТИШ (Россия)
В.И. ПРИМАКОВ (Беларусь)
О.В. ПЕШИКОВ (Россия)
А.А. ПОТАПОВ (Россия)
А.А. ТЕПЛОВ (Россия)
Т.Ш. ШАРМАНОВ (Казахстан)
А.А. ЩЕГОЛОВ (Россия)
С.Н. ГУСЕЙНОВА (Азербайджан)
Prof. Dr. KURBANHAN MUSLUMOV (Azerbaijan)
Prof. Dr. DENIZ UYAK (Germany)

**ТИББИЁТДА ЯНГИ КУН
НОВЫЙ ДЕНЬ В МЕДИЦИНЕ
NEW DAY IN MEDICINE**

*Илмий-рефератив, маънавий-маърифий журнал
Научно-реферативный,
духовно-просветительский журнал*

УЧРЕДИТЕЛИ:

**БУХАРСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ
МЕДИЦИНСКИЙ ИНСТИТУТ
ООО «ТИББИЁТДА ЯНГИ КУН»**

Национальный медицинский
исследовательский центр хирургии имени
А.В. Вишневского является генеральным
научно-практическим
консультантом редакции

Журнал был включен в список журнальных
изданий, рецензируемых Высшей
Аттестационной Комиссией
Республики Узбекистан
(Протокол № 201/03 от 30.12.2013 г.)

РЕДАКЦИОННЫЙ СОВЕТ:

М.М. АБДУРАХМАНОВ (Бухара)
Г.Ж. ЖАРЫЛКАСЫНОВА (Бухара)
А.Ш. ИНОЯТОВ (Ташкент)
Г.А. ИХТИЁРОВА (Бухара)
Ш.И. КАРИМОВ (Ташкент)
У.К. КАЮМОВ (Тошкент)
Ш.И. НАВРУЗОВА (Бухара)
А.А. НОСИРОВ (Ташкент)
А.Р. ОБЛОКУЛОВ (Бухара)
Б.Т. ОДИЛОВА (Ташкент)
Ш.Т. УРАКОВ (Бухара)

1 (75)

2025

январь

www.bsmi.uz

<https://newdaymedicine.com> E:

ndmuz@mail.ru

Тел: +99890 8061882

УДК 616.33-008.87-07-08

РОЛЬ МИКРОБИОМА КИШЕЧНИКА В РАЗВИТИЕ ЗАБОЛЕВАНИЙ ЖЕЛУДКА

¹Исмаилова Ж.А. Email: jadida@list.ru

²Далимова Д.А. Email: dilbar.dalimova@gmail.com

¹Рахимова Ш.Ш. Email: rahimovashahnoza0709@gmail.com

¹Республиканский специализированный научно-практический Центр терапии и медицинской реабилитации Узбекистан 100084, город Ташкент, ул. Осие 4 Тел: (+99871)234-55-00, 234-30-77, 234-55-01 Факс: (+99871)235-30-63 www.terapy.uz Email: info@terapy.uz

²Центр Передовых технологий при Министерстве Инновационного развития, Узбекистан

✓ Резюме

Авторами проанализированы новые информации о роли микробиома кишечника в развитии заболеваний желудка. Исследование микробиома является одним из активно развивающихся направлений в современной медицине. *H. pylori* является общепризнанным фактором риска рака желудка. В последние годы появляется все больше доказательств того, что бактерии, отличные от *H. pylori* и их метаболиты также способствуют желудочному канцерогенезу. Исследования показывают, что различные компоненты микробиомы желудка могут влиять на развитие РЖ, но роль отдельных патогенов неясна. А также анализ с помощью секвенирования 16S рРНК для изучения состава микробиомы и его связи с безопасными параметрами, в том числе с риском развития рака желудка. Изучение микробиома кишечника в развитии и прогрессирование заболеваний желудка может привести к улучшению профилактики, диагностики и лечения

Ключевые слова: *H. pylori*, кишечный микробиом, рак желудка, секвенирования 16S рРНК, хронический гастрит, диагностические биомаркеры.

OSHQOZONDAGI KASALLIKLARINI RIVOJLANISHDA ICHAK MIKROBIOMINING ROLI

¹Ismailova J.A. Email: jadida@list.ru

²Dalimova D.A. Email: dilbar.dalimova@gmail.com

¹Raximova Sh.Sh. Email: rahimovashahnoza0709@gmail.com

¹Respublika ixtisostirigan terapiya va tibbiy rehabilitatsiya Ilmiy-amaliy markazi O'zbekiston Respublikasi 100084, Toshkent shahar, Osiyo ko'chasi, 4 Tel: (+99871)234-55-00, 234-30-77, 234-55-01 Faks: (+99871)235-30-63 www.terapy.uz Email: info@terapy.uz

²Innovatsion rivojlanish vazirligi huzuridagi innovatsion texnologiyalar markazi, O'zbekiston

✓ Rezyume

Mualliflar oshqozon kasalliklarini rivojlanishida ichak mikrobiomasining o'rni haqidagi yangi ma'lumotlarni tahlil qildilar. Mikrobioma tadqiqotlari zamonaviy tibbiyotning faol rivojlanayotgan yo'nalishlaridan biridir. *H. pylori* oshqozon saratoni uchun yaxshi tasdiqlangan xavf omilidir. So'nggi yillarda me'da karsinogeneziga *H. pylori* va ularning metabolitlaridan boshqa bakteriyalar ham hissa qo'shayotgani haqida dalillar ko'paymoqda. Research suggests that various components of the gastric microbiome may influence the development of gastric cancer, but the role of individual pathogens is unclear. As well as analysis using 16S rRNA sequencing to study the composition of the microbiome and its relationship with safety parameters, including the risk of developing stomach cancer. Oshqozon kasalliklarining rivojlanishi va rivojlanishida ichak mikrobiomini o'rganish profilaktika, diagnostika va davolashni yaxshilashga olib kelishi mumkin.

Kalit so'zlar: *H. pylori*, ichak mikrobiomasi, oshqozon saratoni, 16S rRНК sekvensiyasi, surunkali gastrit, diagnostik biomarkerlar.

ROLE OF THE GUT MICROBIOME IN THE DEVELOPMENT OF STOMACH DISEASES

¹Ismailova J.A. Email: jadida@list.ru

²Dalimova D.A. Email: dilbar.dalimova@gmail.com

¹Raximova Sh.Sh. Email: rahimovashahnoza0709@gmail.com

¹The respulican specialized scantific practical medical of therapy and medical rehabilitation Osiyo street Toshkent I 100084, The Republic of Uzbekistan Tel: (+99871)234-55-00, 234-30-77, 234-55-01 Faks: (+99871)235-30-63 www.terapy.uz Email: info@terapy.uz

²Center for Advanced Technologies under the Ministry of Innovative Development, Uzbekistan

✓ Resume

The authors analyzed new information about the role of the intestinal microbiome in the development of gastric diseases. Microbiome research is one of the actively developing areas in modern medicine. H. pylori is a well-established risk factor for gastric cancer. In recent years, there has been increasing evidence that bacteria other than H. pylori and their metabolites also contribute to gastric carcinogenesis. Tadqiqotlar shuni ko'rsatadiki, oshqozon mikrobiomasining turli komponentlari oshqozon saratoni rivojlanishiga ta'sir qilishi mumkin, ammo individual patogenlarning roli aniq emas. Shuningdek, 16S rRNK ketma-ketligi yordamida mikrobioma tarkibini va uning xavfsizlik parametrlari bilan bog'liqligini, shu jumladan oshqozon saratoni rivojlanish xavfini o'rganish uchun tahlil qilish. Studying the gut microbiome in the development and progression of gastric diseases may lead to improved prevention, diagnosis and treatment

Key words: H. pylori, intestinal microbiome, gastric cancer, 16S rRNA sequencing, chronic gastritis, diagnostic biomarkers.

Актуальность

В 2022 году во всем мире зарегистрировался 20 миллионов случаев рака и 9,7 миллиона смертей. Рак желудка является четвертой по распространенности злокачественной карциномой и второй по значимости причиной смерти от рака. По оценкам, ежегодно регистрируется 989000 новых случаев рака желудка. В нашей Республике рак желудка занимает второе место в структуре онкологических заболеваний, и частота встречаемости составляет 6,8 случаев на 100000 [24]. Развитие рака обусловлено несколькими факторами, и одним из основных подтверждено наличие *Helicobacter pylori* (*H. pylori*) [7]. Однако многие исследователи считают, что помимо *H. pylori*, и другие бактерии тоже могут провоцировать развитие хронических воспалительных изменений слизистой оболочки желудка и даже способствовать развитию рака желудка. Доказано, развитие атрофического гастрита должно сопровождаться снижением кислотопродукции в желудке, которое, в свою очередь, приводит к изменению микробиома [19]. Многочисленные исследования за последнее время пролили свет на взаимосвязь между микробиомой желудка и раком желудка [2, 12]. В этом обзоре будет рассматриваться анализ соответствующей литературы в области рака желудка и его микробиомы [20]. Хотя *H. pylori* является наиболее важным бактериальным канцерогеном при раке желудка (РЖ), РЖ может трансформироваться даже после уничтожения *H. pylori*.

Развитие наиболее распространённой формы РЖ (то есть кишечного подтипа) представляет собой многоэтапный процесс, известный как каскад Корреа, который начинается с предракового гастрита, кишечной метаплазии (ИМ) и заканчивается дисплазией [5]. Хронический гастрит — это раннее проявление персистирующего воспаления, вызванного инфекцией *H. pylori*. По мере прогрессирования заболевания повреждение эпителиальных клеток желудка может привести к развитию РЖ. *H. pylori* была включена в список канцерогенов I типа Всемирной организацией здравоохранения (ВОЗ) [18]. Поэтому обнаружение и искоренение *H. pylori* на ранней стадии инфекции может предотвратить рак желудка и другие желудочно-кишечные заболевания. *H. pylori* является общепризнанным фактором риска РЖ. В последние годы появляется все больше доказательств того, что бактерии, отличные от *H. pylori* и их метаболиты также способствуют желудочному канцерогенезу [6]. Более половины населения мира инфицировано *H. pylori*,

который может изменять кислотность желудка, изменяя профиль желудочного микробиома, что приводит к заболеваниям, связанным с *H. pylori* [4].

Исследования показывают, что различные компоненты микробиомы желудка могут влиять на развитие РЖ, но роль отдельных патогенов неясна. А также анализ с помощью секвенирования 16S рРНК для изучения состава микробиомы и его связи с безопасными параметрами, в том числе с риском развития рака желудка. 16S рРНК, уникальный и высоко консервативный участок нуклеотидной цепи всех бактерий, по которому принято идентифицировать бактерии [15]. Данный метод считается «золотым стандартом» для максимально полного анализа состава микробиомы. Поэтому выяснение вклада желудочного микробиома в развитие и прогрессирование РЖ может привести к улучшению профилактики, диагностики и лечения [1].

Микробиом здорового человека содержит более 10 000 различных видов микробов. Микробиом - это совокупность сборов генетического материала бактерий. В кишечных бактериях примерно в 150 раз больше генов, чем у человека. Конкретные механизмы, способствующие межличностным различиям в составе микробиома желудка, недостаточно изучены. Состав микробиома зависит от способа родоразрешения (у младенцев), возраста, пола, этнической принадлежности, диеты, образа жизни, географии, использования антибиотиков, использования ингибиторов протонной помпы (ИПП) или антагонистов гистаминовых H₂-рецепторов, а также наличия *H. pylori*. Кислая среда здорового желудка предотвращает чрезмерное размножение бактерий и снижает риск заражения. Длительное лечение ИПП или антагонистами H₂ снижает секрецию желудочной кислоты, что приводит к избыточному росту бактерий. Было обнаружено, что использование антибиотиков, иммуносупрессия и рН желудочного сока > 4 связаны с уменьшением бактериального разнообразия в желудке. Интересно, что исследование желудочного микробиома у близнецов показало, что генетический фон не оказал влияния на структуру желудочного микробного сообщества, аналогичные результаты были также получены для различных ниш организм человека [16].

Микробиом влияет на развитие рака, модулируя местную микросреду опухоли посредством ее воздействия на ремоделирование тканей и иммунитета слизистой оболочки. Ангиогенез, один из аспектов ремоделирования тканей, который происходит во время онкогенеза, обеспечивает адекватный кровоток, который является неотъемлемой частью персистенции и пролиферации опухоли. Хотя прямые связи между эндогенными бактериями и ангиогенезом, связанным с опухолью, не были зарегистрированы, микробиома необходима для нормального развития сосудистой сети в кишечнике. Более того, в контексте инфекции микробные продукты, такие как липополисахариды, взаимодействуют с Toll-подобными рецепторами, способствуя ангиогенезу, эффект, который усиливается молекулярными паттернами, связанными с повреждением, которые также могут присутствовать в микроокружении опухоли [14].

За последнее десятилетие развитие технологий секвенирования нового поколения (NGS) значительно повысило точность обнаружения и выявления таксонов, что в конечном итоге привело к более глубокому профилированию микробиомы желудка и изучению его взаимодействия с организмом хозяина. Среди методов NGS широко используется секвенирование 16S рРНК, поскольку ген 16S содержит как консервативные участки, поддерживающие филогенетическую классификацию на уровне типичных, так и быстро эволюционирующие участки, подходящие для более детальной таксономической классификации [5].

Китайские исследователи выявили значительные различия в микробиоте желудка у пациентов с раком желудка и нераковыми пациентами, что позволяет предположить, что микробиота может играть роль в развитии опухолей. В метаанализе «Использование существующих микробных данных 16S рРНК для определения диагностического биомаркера у китайских пациентов с раком желудка» были проанализированы существующие микробные данные 16S рРНК для поиска комбинаций, состоящих из пяти родов, которые показали хорошую эффективность в различении рака желудка от нераковых пациентов в нескольких типах образцов [8]. Исследования показали, что микроорганизмы в верхнем желудочно-кишечном тракте могут способствовать развитию рака, способствуя воспалению или взаимодействуя с патогенами. Таким образом, исследование диагностических маркеров РЖ на основе микробиомы в популяции имеет большое значение для идентификации, профилактики и лечения РЖ [21].

16S рРНК является компонентом рибосомальной 30S субъединицы, которая является высоко консервативной и специфичной для прокариот. Секвенирование варибельной области 16S рРНК в настоящее время является наиболее распространенным методом изучения разнообразия микроорганизмов. В этом исследовании впервые были изучены основные характеристики флоры в РЖ по сравнению с нераковыми образцами [16]. Показатели альфа-разнообразия (индекс равномерности, индекс Шеннона и наблюдаемые признаки) были повышены в РЖ из группы Matched, но индексы равномерности и Шеннона были снижены в РЖ из группы Unmatched после учета факторов контроля [21]. Текущие исследования не пришли к последовательному выводу о связи между микробным разнообразием и статусом заболевания желудка и другие исследование показали, что разнообразие и обилие желудочной микробиомы были выше в опухолевых тканях, чем в неопухолевых тканях. Однако разнообразие и богатство перитуморальных и опухолевых тканей были снижены у 276 пациентов с РЖ по сравнению с неопухолевыми тканями [10]. Это исследование может частично объяснить непоследовательные результаты альфа-разнообразия в предыдущих исследованиях, которые, связаны с тем, что контроли были от одного и того же человека или от разных людей. Анализ LEfSe показал, что шесть родов, *Streptococcus*, *Peptostreptococcus*, *Selenomonas*, *Pseudomonas*, *Prevotella* и *Fusobacterium*, могут иметь потенциальные диагностические биомаркеры для различения РЖ от Неракового гастрита. Интересно, что все эти роды бактерий относятся к оральным микроорганизмам, что предполагает, что оральная флора играет важную роль в развитии РЖ [5].

В проспективном многоцентровом клиническом исследовании изучался бактериальный микробиом на основе ампликона гена 16SrRNA в 30 гомогенизированных и замороженных образцах желудочной биопсии из восьми географических точек в Австрии [14]. В этом научном исследовании характеристик желудочной микробиомной структуры человека и ее связи с инфекцией *H. pylori* с обнаружением и без обнаружения гена *CagA* были проанализированы желудочные биопсии от когорты из 30 пациентов, которые были проспективно оценены на *H. pylori*. Предыдущие исследования микробиома желудка человека указывают на отчетливую картину микробиома желудка с доминирующими типами *Actinobacteria*, *Bacteroidetes*, *Firmicutes* и *Proteobacteria* и наиболее доминирующим родом *Streptococcus*. Таксоны, выявленные в этом наборе данных, соответствуют этим предыдущим исследованиям от типа до уровня рода. В соответствии с результатами данного исследования, подходы, зависящие от культуры, обнаружили преимущественно *Streptococcus*, *Neisseria*, *Klebsiella* и *Lactobacillus*, причем *Streptococcus* (8,61% по всем образцам) и *Neisseria* (1,13% по всем образцам) были подтверждены как доминирующие таксоны. Это исследование отличается своим перспективным дизайном, многоцентровым сбором образцов и наличием многочисленных клинических данных пробандов [1].

В следующем исследовании от *Chin Med Sci J.* [17] оценили желудочный микробиом у пациентов с хроническим поверхностным гастритом (ХПГ) и кишечной метаплазией (КМ) и изучили влияние *H. pylori* на желудочный микробиом. Образцы из слизистой оболочки желудка были собраны у 54 пациентов с ХПГ и КМ, и пациенты были классифицированы на следующие четыре группы на основе состояния инфекции *H. pylori* и гистологии: *H. pylori*-отрицательный ХПГ (n=24), *H. pylori*-положительный ХПГ (n=14), *H. pylori*-отрицательный КМ (n=11) и *H. pylori*-положительный КМ (n=5). Микробиом желудка был проанализирован с помощью секвенирования гена 16S рРНК. Результаты показали, что обилие и разнообразие микробов желудка ниже у пациентов, инфицированных *H. pylori*, независимо от ХПГ и КМ. По сравнению с группой ХПГ с положительным результатом на *H. pylori* и КМ с положительным результатом на *H. pylori*, относительное обилие *Neisseria*, *Streptococcus*, *Rothia* и *Veillonella* выше у пациентов с положительным результатом на *H. pylori* и КМ, чем у пациентов с положительным результатом на *H. pylori* и ХПГ, особенно *Neisseria*.

Другое исследование [3] было направлено на изучение изменений в бактериальном метагеноме до РЖ и разработку прогностической модели на основе микробиома для точной классификации пациентов с риском РЖ. Бактериальная 16S рДНК была секвенирована из 89 биопсий антрального отдела желудка, полученных от 43 участников.

Компоненты микробиома, в частности *H. pylori*, способствуют иницированию и распространению канцерогенеза РЖ. В этом исследовании был охарактеризован бактериальный состав слизистой оболочки желудка с помощью секвенирования ампликона 16S рРНК, что

показало, что слизистая оболочка желудка преимущественно состоит из групп филумов Proteobacteria и Firmicutes. Полезные бактериальные таксономические признаки, такие как молочнокислые бактерии родов *Lactobacillus* и *Bifidobacteria*, были снижены при КМ и ХПГ [22].

Другие исследования, которые были проведены у пациентов после эрадикации *H. pylori* «Микробиом желудка, после эрадикации *H. pylori*, модулирует проонкогенные процессы и связаны с риском развития рака желудка» [23]. Пациенты после эрадикации *H. pylori* были разделены на 3 подгруппы на основании микробного состава, выявленного с помощью секвенирования 16S рНК. Одна дисбиотическая группа, обогащенная видами *Fusobacterium* и *Neisseria*, была связана со значительно более высокой заболеваемостью РЖ. Эти виды активировали проонкогенные пути в эпителиальных клетках желудка и способствовали воспалению в желудке мышей. Сахарные цепи, составляющие желудочный муцин, ослабляют взаимодействие хозяина и бактерий. Метаболиты видов *Fusobacterium* были генотоксичными, а присутствие бактерий было связано с воспалительной сигнатурой и более высокой мутационной нагрузкой опухоли.

Исследование Olabisi Oluwabukola и соавторов включало анализ гена 16S рНК образцов слизистой оболочки желудка из 81 случая, включая поверхностный гастрит (ПГ), атрофический гастрит (АГ), кишечную метаплазию (КМ) и РЖ из Китая, для определения дисбиоза микробиома слизистой оболочки на разных стадиях РЖ [11]. Пять обогащенных РЖ бактериальных таксонов, идентификация видов которых соответствует *Peptostreptococcus stomatis*, *Streptococcus anginosus*, *Parvimonas micra*, *Slackia exigua* и *Dialister pneumosintes*, имели значительную центральность в экологической сети РЖ ($p < 0,05$) и классифицировали РЖ из ПГ с площадью под кривой действия приемника (AUC) 0,82. Более того, более сильные взаимодействия между желудочными микробами наблюдались в образцах, отрицательных на *H. pylori*, по сравнению с образцами, положительными на *H. pylori*, в ПГ и КМ. Кратность изменений выбранных бактерий и сила их взаимодействия были успешно подтверждены в когорте Внутренней Монголии, в которой пять бактериальных маркеров отличали РЖ от ПГ с AUC 0,81. В другом исследовании [13] изучены образцы эндоскопической биопсии у пациентов с поверхностным гастритом, атрофическим гастритом, кишечной метаплазией и раком желудка (~20 пациентов в каждой группе) и обнаружило, что слизистая оболочка желудка при раке имела выраженные различия в микробиоме по сравнению с другими группами, в частности, повышенное присутствие видов бактерий полости рта, таких как *Peptostreptococcus stomatis* и *Dialister pneumosintes*.

Выводы

1. Способность микробов, как непосредственно, так и в результате повреждения ДНК и геномной нестабильности, делает микробы потенциальным фактором риска и терапевтической мишенью.
2. Изучение микробиома кишечника в развитие и прогрессирование заболеваний желудка может привести к улучшению профилактики, диагностики и лечения.
3. С изучением микробиоты кишечника при заболеваниях желудка в ближайшем будущем может включать персонализированную медицину, ориентированную на микробиом каждого пациента.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ:

1. Berg RD. The indigenous gastrointestinal microflora. //Trends Microbiol. 1996;4:430-5
2. Bik EM, Eckburg PB, Gill SR, Nelson KE, Purdom EA, Francois F. et al. Molecular analysis of the bacterial microbiota in the human stomach. //Proc Natl Acad Sci U S A. 2006;103:732-7
3. Carly Anderson The Human Microbiome. Microbiome Part 1: Introduction Prime Movers Lab, May 26, 2020 diagnostic biomarker in Chinese patients with gastric cancer: a systematic meta-analysis mSystems® October 2023;8(5) DOI:10.1128/msystems.00747-23
4. doi: 10.1007/s00253-020-11043-7. Epub 2021 Jan 6. Gut microbiome analysis as a predictive marker for the gastric cancer patients doi: 10.1038/nrgastro.2017.140. Epub 2017 Oct 18.
5. Fulbright LE, Ellermann M, Arthur JC (2017) The microbiome and the hallmarks of cancer. PLoS Pathog 2017;13(9):e1006480. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1006480>

6. Helicobacter 2019 Feb;24(1):e12547. doi: 10.1111/hel.12547. Epub 2018 Nov 15. Chan Hyuk Park, A-Reum Lee, Yu-Ra Lee, Chang Soo Eun, Sang Kil Lee, Dong Soo Han. Evaluation of gastric microbiome and metagenomic function in patients with intestinal metaplasia using 16S rRNA gene sequencing PMID: 30440093 PMCID: PMC6587566 DOI: 10.1111/hel.12547
7. International Agency for Research on Cancer, World Health Organization. Schistosomes, liver flukes and Helicobacter pylori. IARC Working Group on the Evaluation of Carcinogenic Risks to Humans. Lyon, 7–14. //IARC Monogr Eval Carcinog Risks Hum. 1994;61:1–241.
8. Jijun Chen, Siru Nie, Xunan Qiu, Shuwen Zheng, Chuxuan Ni, Yuan Yuan, Yuehua Gong Leveraging existing 16S rRNA microbial data to identify
9. Jinpu Yang, Xinxin Zhou, Xiaosun Liu, Zongxin Ling, *Feng Ji. Role of the Gastric Microbiome in Gastric Cancer: From Carcinogenesis to Treatment Front. Microbiol., 15 March 2021 Sec. Systems Microbiology
10. Liu X, Shao L, Liu X, Ji F, Mei Y, Cheng Y. et al. Alterations of gastric mucosal microbiota across different stomach microhabitats in a cohort of 276 patients with gastric cancer. //EBioMedicine. 2019;40:336-48
11. Olabisi Oluwabukola Coker, Zhenwei Dai, Yongzhan Nie, Guijun Zhao, Lei Cao, Geicho Nakatsu, William Kk Wu, Sunny Hei Wong, Zigui Chen, Joseph J Y Sung, Jun Yu Gut. 2018 Jun;67(6):1024-1032.doi: 10.1136/gutjnl-2017-314281. Epub 2017 Aug Mucosal microbiome dysbiosis in gastric carcinogenesis PMID: 33404833 DOI: 10.1007/s00253-020-11043-7
12. Png CW, Lee WJJ, Chua SJ, Zhu F, Gastric Consortium⁵, Yeoh KG, Zhang Y. Mucosal microbiome associates with progression to gastric cancer. //Theranostics 2022;12(1):48-58. doi:10.7150/thno.65302. <https://www.thno.org/v12p0048.htm>
13. Shah MA. Gastric cancer: The gastric microbiota - bacterial diversity and implications. //Nat Rev Gastroenterol Hepatol. 2017 Dec;14(12):692-693.
14. The Human Gastric Microbiome Is Predicated upon Infection with Helicobacter pylori Ingeborg Klymiuk, Ceren Bilgiliier, Alexander Stadlmann, Jakob Thannesberger, Marie-Theres Kastner, Christoph Högenauer , Andreas Püspök, Susanne Biowski-Frotz, Christiane Schrutka-Kölb , Gerhard G. Thallinger and Christoph Steininger Front. Microbiol., 14 December 2017 Sec. Infectious Agents and Disease Volume 8 - 2017 | <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.02508> Volume 12 - 2021 | <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.641322>
15. Wang L, Xin Y, Zhou J, Tian Z, Liu C, Yu X. et al. Gastric Mucosa-Associated Microbial Signatures of Early Gastric Cancer. //Front Microbiol. 2020;11:1548
16. Yangyang Zhang, Jian Shen, Xinwei Shi, Yaoqiang Du, Yaofang Niu, Gulei Jin, Zhen Wang, Jianxin Lyu Appl Microbiol Biotechnol. 2021 Jan;105(2):803-814.
17. Ying Liu, Yong-Jun Ma, Cai-Qun Huang Chin Med Sci J. 2022 Mar 31;37(1):44-51. Evaluation of the Gastric Microbiome in Patients with Chronic Superficial Gastritis and Intestinal Metaplasia doi: 10.24920/003889. PMID: 35256045
18. Брей Ф., Ферли Дж., Соерджоматарам И., Сигел Р.Л., Торре Л.А., Джемал А. Глобальная статистика рака за 2018 год: оценки GLOBOCAN заболеваемости и смертности от 36 видов рака в 185 странах. //CA Cancer J Clin. 2018;68:394-424
19. Жесткова Т.В., Санкин А.В., Евдокимова О.В., Журина О.Н. Особенности микробиоты желудка пациентов с Helicobacter pylori-ассоциированными заболеваниями. //Эффективная фармакотерапия. 2021;17(4):22-26.
20. Кокер О.О., Дай З., Не Й., Чжао Г., Цао Л., Накацу Г. и др. Дисбиоз микробиома слизистой оболочки при канцерогенезе желудка. //Gut. 2018;67:1024-32
21. Ли Дж. Дж. В., Чжу Ф., Шривастава С., Цао С. К., Хор К., Хо К. Й. и др. Тяжесть кишечной метаплазии желудка предсказывает риск развития рака желудка: проспективное многоцентровое когортное исследование (GCEP). //Gut. 2021
22. Некула Л., Матей Л., Драгу Д., Неагу А.И., Мамбет С., Недеяну С. и др.. Последние достижения в области ранней диагностики рака желудка. //World J Gastroenterol. 2019;25:2029-44
23. Рёта Никура, Йоку Хаякава и др. Оригинальные исследования — 2023;2(5):684-700.
24. Тилляшайхов М.Н. и соавторы 2022 г.

Поступила 20.12.2024

