



Увеличение разнообразия бактерий рода *Blautia* у пациентов с язвенным колитом

Вахитов Т.Я.¹, Ситкин С.И.^{1,2,3}, Скалинская М.И.³, Егорова Т.С.¹, Салль Т.С.¹, Азаров Д.В.^{1,3}

¹ Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Институт Экспериментальной Медицины», (ул. Академика Павлова, д. 126, Санкт-Петербург, 197022, Россия)

² Федеральное государственное бюджетное учреждение «Национальный медицинский исследовательский центр им. В.А. Алмазова» Минздрава России, (ул. Аккуратова, д. 2, г. Санкт-Петербург, 197341, Россия)

³ Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Северо-Западный государственный медицинский университет имени И.И. Мечникова» Министерства здравоохранения Российской Федерации, (ул. Кирочная, 41, г. Санкт-Петербург, 191015, Россия)

Для цитирования: Вахитов Т.Я., Ситкин С.И., Скалинская М.И., Егорова Т.С., Салль Т.С., Азаров Д.В. Увеличение разнообразия бактерий рода *Blautia* у пациентов с язвенным колитом. Экспериментальная и клиническая гастроэнтерология. 2025;(7): 31–36 doi: 10.31146/1682-8658-ecg-239-7-31-36

✉ Для переписки:

Вахитов

Тимур Яшэрович

tim-vakhitov

@yandex.ru

Вахитов Тимур Яшэрович, д.б.н., главный научный сотрудник научной группы «Метабомика неинфекционных заболеваний», руководитель проекта РНФ №20-65-47026; доцент факультета биотехнологий Мегафакультета наук о жизни

Ситкин Станислав Игоревич, к.м.н., заведующий НИГ функциональной метабомики и микробиома человека Института перинатологии и педиатрии; доцент кафедры пропедевтики внутренних болезней, гастроэнтерологии и диетологии им. С.М. Рысса; ведущий научный сотрудник

Скалинская Мария Игоревна, к.м.н., доцент кафедры пропедевтики внутренних болезней, гастроэнтерологии и диетологии имени С.М. Рысса

Егорова Татьяна Семеновна, ведущий исследователь

Салль Татьяна Сергеевна, ведущий инженер отдела биохимии

Азаров Даниил Валерьевич, к.м.н., старший научный сотрудник НИЛ молекулярной эпидемиологии и исследований бактериофагов, ассистент кафедры эпидемиологии, паразитологии и дезинфектологии

Резюме

Язвенный колит (ЯК) характеризуется выраженным дисбиозом кишечной микробиоты, при этом предыдущие исследования указывают на участие различных бактериальных таксонов в патогенезе заболевания.

В настоящем исследовании изучалось видовое разнообразие *Blautia* у 24 пациентов с язвенным колитом и 15 здоровых контрольных лиц с помощью секвенирования гена *16S* рРНК с идентификацией методом MALDI-TOF-масс-спектрометрии.

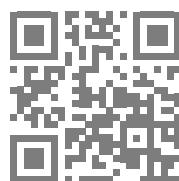
Результаты показали значимое 10,9-кратное увеличение численности *Blautia* у пациентов с ЯК (44,6% против 5,26% в контрольной группе, $p=0,0003$), при этом четыре вида – *B. obeum*, *B. luti*, *B. faecis* и неидентифицированный вид *Blautia* (ID 375) составляли более 80% численности рода. Примечательно, что *B. luti* продемонстрировала 100% распространенность у пациентов с ЯК по сравнению с 79,2% в контрольной группе ($p=0,0086$). Выявленное нами расширение популяции *Blautia* парадоксальным образом коррелировало со снижением численности потенциально защитных бактерий, включая *Faecalibacterium duncaniae*, *Anaerostipes hadrus* и *Dorea longicatena*, и было связано с увеличением тяжести заболевания. Хотя виды *Blautia* известны как продуценты бутирата с противовоспалительными свойствами, их избыток при язвенном колите представляет собой функциональный дисбиоз, при котором микробиота пытается компенсировать нарушенный метаболизм, но не может эффективно поставлять короткоцепочечные жирные кислоты в патологически измененную среду толстой кишки. Одновременное истощение бактерий, ассоциированных со слизистым слоем, указывает на нарушение целостности кишечного барьера.

Полученные результаты подтверждают, что разнообразие представителей рода *Blautia* может служить потенциальным маркером дисбиоза, определяющим тяжесть язвенного колита, открывая новые диагностические и терапевтические возможности для стратификации заболевания и таргетных вмешательств, направленных на восстановление зубиотического состава посредством селективной модуляции бактерий.

Ключевые слова: язвенный колит, дисбиоз, *Blautia*, микробиота кишечника, бутират, воспалительные заболевания кишечника

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

EDN: VZGDND



<https://doi.org/10.31146/1682-8658-ecg-239-7-31-36>

Increased diversity of *Blautia* species in patients with ulcerative colitis

T.Ya. Vakhitov¹, S.I. Sitkin^{1,2,3}, M.I. Skalinskaya³, T.S. Egorova¹, T.S. Sall¹, D.V. Azarov^{1,3}¹ Institute of Experimental Medicine, (12b, Acad. Pavlov Str, St. Petersburg, 197376, Russia)² Almazov National Medical Research Centre of the Ministry of Health of the Russian Federation, (2, str. Akkuratova, St. Petersburg, 197341, Russia)³ North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov, (41, Kirochnaya str., Saint Petersburg, 191015, Russia)

For citation: Vakhitov T.Ya., Sitkin S.I., Skalinskaya M.I., Egorova T.S., Sall T.S., Azarov D.V. Increased diversity of *Blautia* species in patients with ulcerative colitis. *Experimental and Clinical Gastroenterology*. 2025;(7): 31–36. (In Russ.) doi: 10.31146/1682-8658-ecg-239-7-31-36

✉ **Corresponding author:**

Timur Ya. Vakhitov
tim-vakhitov
@yandex.ru

Timur Ya. Vakhitov, PhD, DSc (Biology), Chief Researcher, Non-Infectious Disease Metabolomics Group; Supervisor for the RSF Project No 20-65-47026, Assoc. Professor of the Faculty of Biotechnologies, School of Life Sciences; ORCID: 0000-0001-8221-6910

Stanislav I. Sitkin, MD, PhD, Head of the Functional Metabolomics & Human Microbiome Research Group of the Institute of Perinatology and Pediatrics; Associate Professor of the S.M. Ryss Department of Propedeutics of Internal Diseases, Gastroenterology and Dietetics; Leading Researcher; ORCID: 0000-0003-0331-0963

Maria I. Skalinskaya, MD, PhD, Assoc. Professor of the S.M. Ryss Department of Propedeutics of Internal Diseases, Gastroenterology and Dietetics; ORCID: 0000-0003-0769-8176

Tatyana S. Egorova, Leading Researcher

Tatyana S. Sall, Leading Engineer, Department of Biochemistry; ORCID: 0000-0002-5890-5641

Daniil V. Azarov, MD, PhD, Senior Researcher at the Research Laboratory of Molecular Epidemiology and Bacteriophage Research, Assist. Professor at the Department of Epidemiology, Parasitology and Disinfection; ORCID: 0000-0003-2483-5144

Summary

Ulcerative colitis (UC) is characterized by pronounced dysbiosis of the gut microbiota, with previous studies implicating multiple bacterial taxa in disease pathogenesis.

This study investigated the species-level diversity of *Blautia* in 24 UC patients and 15 healthy controls (HC) using 16S rRNA gene sequencing and MALDI-TOF mass spectrometry for species identification.

Results demonstrated a marked 10.9-fold increase in *Blautia* abundance in UC patients (mean 44.6% vs. 5.26% in HC, $p=0.0003$), with four species—*B. obeum*, *B. luti*, *B. faecis*, and unidentified *Blautia* sp. (ID 375)—accounting for >80% of the genus. Notably, *B. luti* showed 100% prevalence in UC patients versus 79.2% in HC ($p=0.0086$). This *Blautia* expansion paradoxically correlated with reduced abundance of protective bacteria, including *Faecalibacterium duncaniae*, *Anaerostipes hadrus*, and *Dorea longicatena*, and was associated with increased disease severity. Although *Blautia* species are known butyrate producers with anti-inflammatory properties, their overabundance in UC represents functional dysbiosis, in which the microbiota attempts metabolic compensation but fails to effectively deliver short-chain fatty acids in the pathologically altered colonic environment. The concurrent depletion of mucus-layer-associated bacteria indicates compromised intestinal barrier integrity.

These findings establish *Blautia* diversity as a potential marker of dysbiosis for UC severity, opening new diagnostic and therapeutic avenues for disease stratification and targeted interventions aimed at restoring eubiotic composition through selective bacterial modulation.

Keywords: ulcerative colitis, dysbiosis, *Blautia*, gut microbiota, butyrate, inflammatory bowel disease

Conflict of interests. The authors declare no conflict of interest.

ЯК – это хроническое иммуноопосредованное воспалительное заболевание толстой кишки, в основе патогенеза которого лежит увеличение проницаемости кишечного барьера и истощение слоя муцина, а также изменение состава, функций и биологической активности бактерий, населяющих ЖКТ больного.

Бактерии рода *Blautia* (класс *Clostridia*, порядок *Eubacteriales*, семейство *Lachnospiraceae*) относятся к одним из наиболее многочисленных микроорганизмов желудочно-кишечного тракта человека. Принято считать, что основная физиологическая роль этих бактерий заключается в утилизации

водорода и углекислого газа с образованием уксусной кислоты.

В настоящей работе были использованы результаты метагеномного анализа микробиоты 24-х больных ЯК мужчин, и 27 здоровых добровольцев, 10 больных ЯК женщин и 10 женщин здоровых добровольцев. Из рассмотрения были исключены 4 человека – 2 мужчины (пациент с ЯК и доброволец) и 2 женщины с ЯК. Все исключенные отличались от остальных обследованных аномально низким количеством выявленных микроорганизмов (от 16 до 39 видов при среднем уровне показателя 128 видов на человека) и, соответственно,

Таблица 1.

Общее содержание микроорганизмов рода *Blautia* в составе микробиоты мужчин и женщин больных ЯК и здоровых добровольцев

Примечания:

* $p=0,004$; ** $p=0,003$

Категории пациентов	К-во видов	Содержание бактерий,% от общего			
		Среднее	макс	мин	медиана
Мужчины	23				
Здоровые	15*	5,26	19,09	0,17	4,77**
Больные	23*	10,88	44,60	0,66	8,55**
Женщины	15				
Здоровые	12	4,32	8,82	1,55	3,73
Больные	15	3,76	10,27	0,62	2,99

аномально высоким их процентным содержанием. Весьма показательным является отсутствие у всех исключенных пациентов бактерий рода *Blautia*, включая *Blautia* с условным идентификационным номером ID 375. Последний вид по данным мета-геномного анализа являлся единственным видом среди всех 917 идентифицированных бактерий, обнаруженным у всех не исключенных больных и здоровых участников исследования.

Кроме *Blautia* 375 еще три вида *Blautia* попали в десятку наиболее распространенных бактерий – это *B. faecis* ID 385, *B. luti* ID 392 (частота встречаемости каждого из видов 91,5%) и *B. obeum* ID 396 (81,7%). Вместе с представителями *Blautia* в «десятке лидеров» оказались следующие виды бактерий: *Anaerostipes hadrus* ID 364 (95,8%), *Streptococcus salivarius* ID 109 (93%), *Faecalibacterium duncaniae* ID 539 (93%), не идентифицированная до вида некая бактерия рода *Faecalibacterium* с ID 541 (88,7%), *Dorea longicatena* ID 416 (88,7%), *Phocaeicola vulgatus* ID 765 (87,3%), *Romboutsia timonensis* ID 641 (83,1%).

В общей сложности в рамках исследования было идентифицировано 24 уникальных последовательностей (ID-373 – ID-396), отнесенных к роду *Blautia*, 15 из них были идентифицированы до вида и 9 – только до рода. Наибольшее количество видов (23) было обнаружено у мужчин с ЯК, причем это число статистически значимо ($p=0,004$) превышало число видов у здоровых мужчин (табл. 1, 2).

Количественное содержание бактерий рода *Blautia* у больных мужчин в среднем также оказалось в 2 с лишним раза выше, чем у здоровых ($p=0,003$) и составляло 10,9% от общего пула бактерий микробиоты. Максимальное значение при этом у больных достигало 44,6%, то есть у одного из пациентов бактерии рода *Blautia* составляли почти половину всей микробиоты (табл. 1).

У женщин с ЯК число обнаруженных видов (15) также было больше, чем у здоровых (12), при этом среднее (медиана) число видов у больной женщины (4,5) было статистически значимо ниже ($p=0,02$), чем у здоровой (7,5). Менее явно эта же тенденция прослеживалась и у мужчин: по 6 видов в среднем выявлялось у больных и по 7 видов у здоровых представителей этого пола (табл. 3).

Таким образом, микробиоты всех больных (мужчин и женщин) отличались от микробиоты всех здоровых пониженным видовым разнообразием *Blautia* (т.е. пониженным α -разнообразием) и повышенным видовым разнообразием внутри своей группы (т.е. γ -разнообразием в группе больных было выше, чем в группе здоровых). Как следствие,

β -разнообразие в группах больных (т.е. различия больных между собой) было также выше, поскольку $\beta = \gamma/\alpha$. При этом общая численность бактерий рода *Blautia* у больных мужчин была также статистически значимо выше, чем у здоровых мужчин и всех (здоровых и больных) женщин, а группы больных и здоровых женщин между собой не различались. Эти статистические данные подтверждают наличие принципиальных особенностей в симптоматике ЯК у мужчин и женщин.

В табл. 2 перечислены все 24 вида *Blautia*, выявленные в настоящем исследовании, и приведены условные их идентификационные номера. Необходимость введения идентификационных номеров была обусловлена тем, что в ряде случаев одному и тому же названию вида часто соответствовало несколько различающихся сиквенсов: *Blautia obeum* была представлена 4-мя последовательностями (ID 393–396), *B. faecis*, *B. hominis*, *B. hydrogenotrophica* и *B. luti* – по 2 последовательности. Весьма показательно, что при этом из 4-х «подвидов» *B. obeum* широко представленным оказался только один с ID 396. Он был обнаружен у 92,6% и 100% здоровых мужчин и женщин, а также у 66,7% больных мужчин и 70% больных женщин. Аналогичным образом вид *B. luti* ID 392 был обнаружен у 100% здоровых мужчин и женщин, а также у 79,2% больных мужчин и 90% больных женщин; носительство другого подвида при этом отмечалось только у 4,2% больных мужчин. Один вид *B. faecis* (с ID 385) присутствовал у 100% здоровых мужчин и женщин, а также у 87,5% больных мужчин и 70% больных женщин, а второй (ID 384, выделен полужирным шрифтом) у мужчин вообще отсутствовал и был обнаружен только у 20% больных женщин.

Наибольший интерес среди всех *Blautia*, как уже отмечалось, представлял вид с ID 375, идентифицированный, к сожалению, только до рода. Этот вид был обнаружен у всех без исключения мужчин и женщин, здоровых и больных. При этом в микробиоте больных мужчин его содержание было в среднем (отношение медиан) более чем в 3 раза выше, чем у здоровых. Этот вид был единственным среди всех 24 видов, численность бактерий которого в группах больных и здоровых мужчин достоверно ($p=0,0086$) различалась (в отношении остальных видов больные и здоровые различались только по частоте носительства). Доля бактерий этого вида в составе микробиоты больных достигала 15%.

Как уже отмечалось, виды *Blautia* 375, *B. faecis* 385, *B. luti* 392 и *B. obeum* 396 относились

Таблица 2.
Бактерии рода *Blautia*, идентифицированные в составе микробиоты мужчин и женщин – больных ЯК и здоровых добровольцев

Примечания:
* Значение p вычислено на основании различий медиан, а не числа носителей, как в остальных случаях.
**p=0,02.
*** p=0,01

ID	Название	% Носителей						Медианы концентраций (% от всех бактерий микробиоты)					
		Мужчины			Женщины			Муж+жен			Мужчины		
		здоровые	больные	p	здоровые	больные	p	здоровые	больные	p	здоровые	больные	Зд/Б
373	род <i>Blautia</i>	55,6	37,5	н.д.	50	40	н.д.	0,18	0,12	н.д.	0,22	0,27	0,84
374	род <i>Blautia</i>	29,6	8,3	н.д.	30	20	0,04	0,05	0,05	н.д.	0,05	0,22	0,24
375	род <i>Blautia</i>	100,0	100,0	0,0086*	100	100	н.п.	1,17	3,67	н.п.	1,03	0,86	1,20
376	род <i>Blautia</i>	25,9	16,7	н.д.	50	20	0,1	0,07	0,05	н.д.	0,07	0,05	1,46
377	род <i>Blautia</i>	3,7	8,3	н.д.	0	0	н.д.	0,03	0,22	н.д.	0,00	0,00	–
378	род <i>Blautia</i>	3,7	4,2	н.д.	10	10	н.д.	0,06	0,11	н.д.	0,09	0,08	1,09
379	род <i>Blautia</i>	0,0	16,7	н.д.	0	0	н.д.	0,00	0,23	н.д.	0,00	0,00	–
380	род <i>Blautia</i>	40,7	8,3	0,007	50	20	0,001	0,05	0,06	н.д.	0,08	0,29	0,26
381	род <i>Blautia</i>	3,7	4,2	н.д.	0	0	н.д.	0,32	0,29	н.д.	0,00	0,00	–
382	<i>Blautia_argi</i>	0,0	29,2	н.д.	0	0	0,016	0,00	0,36	н.д.	0,00	0,00	–
383	<i>Blautia_caecimuris</i>	0,0	8,3	н.д.	0	0	н.д.	0,00	0,44	н.д.	0,00	0,00	–
384	<i>Blautia_faecis</i>	0,0	0,0	н.д.	0	20	н.д.	0,00	0,00	н.д.	0,00	0,19	0,00
385	<i>Blautia_faecis</i>	100,0	87,5	0,02	100	70	0,02	0,43	1,09	н.д.	0,37	0,29	1,29
386	<i>Blautia_hominis</i>	33,3	4,2	0,008	30	10	0,006	0,16	0,46	н.д.	0,33	0,09	3,58
387	<i>Blautia_hominis</i>	0,0	16,7	н.д.	0	10	н.д.	0,00	0,16	н.д.	0,00	0,13	0,00
388	<i>B. hydrogenotrophica</i>	3,7	8,3	н.д.	0	0	н.д.	0,04	0,24	н.д.	0,00	0,00	–
389	<i>B. hydrogenotrophica</i>	0,0	4,2	н.д.	0	10	н.д.	0,00	0,09	н.д.	0,00	0,32	0,00
390	<i>Blautia_intestinalis</i>	85,2	41,7	0,0008	100**	40**	6,4E-06	0,18	0,15	н.д.	0,22***	0,00***	0,00
391	<i>Blautia_luti</i>	0,0	4,2	н.д.	0	0	н.д.	0,00	0,81	н.д.	0,00	0,00	–
392	<i>Blautia_luti</i>	100,0	79,2	н.д.	100	90	0,02	1,50	1,89	н.д.	1,07	1,19	0,90
393	<i>Blautia_obeum</i>	0,0	8,3	н.д.	0	0	н.д.	0,00	0,44	н.д.	0,00	0,00	–
394	<i>Blautia_obeum</i>	29,6	8,3	0,06	40	10	0,01	0,08	0,13	н.д.	0,11	0,21	0,55
395	<i>Blautia_obeum</i>	0,0	8,3	н.д.	0	0	н.д.	0,00	0,47	н.д.	0,00	0,00	–
396	<i>Blautia_obeum</i>	92,6	66,7	0,02	100	70	0,003	0,45	0,92	н.д.	0,30	0,37	0,82

Таблица 3.

Количество видов *Blautia*, обнаруженных у пациентов по категориям

Примечание:

* $p=0,02$ – по количеству видов *Blautia* в составе микробиоты здоровые женщины значительно отличаются от больных

Категория пациентов	У индивидуального пациента		
	Макс.	Мин.	Медиана
Все мужчины	11	2	
Здоровые мужчины	11	3	7
Больные мужчины	10	2	6
Все женщины	12	2	
Здоровые женщины	9	5	7,5*
Больные женщины	12	2	4,5

к наиболее распространенным видам не только среди *Blautia*, но и в отношении всей микробиоты. Частота носительства этих видов у здоровых мужчин и женщин была выше, чем у больных, и составляла 100 или почти 100%, а у больных в целом была несколько ниже и опускалась до 67%. Медианная концентрация при этом у здоровых мужчин была в 2–3 раза ниже, чем у больных (табл. 2). Таким образом, популяция больных мужчин по содержанию данных видов *Blautia* оказалась значительно более гетерогенна, чем популяция здоровых мужчин.

Больные женщины также отличались пониженной частотой носительства этих видов *Blautia* по сравнению со здоровыми женщинами, однако медианные концентрации бактерий у здоровых и больных женщин при этом заметно не различались.

Значительный интерес при изучении механизмов взаимодействия хозяина и микробиоты представляет сопоставление данных метагеномного и метаболомного анализа крови пациентов. Поскольку эта тема в целом выходит за рамки настоящего сообщения, отметим только, что у пациентов с повышенным содержанием основных видов *Blautia* (*Blautia* 375 и *B. luti* 392) часто наблюдалось повышенное содержание в крови индолилуксусной и 2-оксиизовалериановой кислот. А у пациента БИИ-19 с аномально высоким содержанием *Blautia luti* 392 (36,6%) и вообще всех *Blautia* (44,6%) уровень в крови докозановой кислоты в 4,4 раза был выше её среднего уровня у мужчин, принимавших участие в данном исследовании. Уровень и-пентадекановой кислоты превышал этот показатель в 4,1 раза, рибита (компонент тейхоевых кислот) – в 2,6 раза, бензойной и 6-окси-2-аминокапроновой кислоты – в 2,6 раза и гептадекановой кислоты – в 2,4 раза.

У мужчин из 24 видов *Blautia* отсутствовал только вид *B. faecis* ID-384, а у женщин отсутствовало 9 видов. Эти же 9 видов у мужчин (за исключением *B. argi*) присутствовали всего у 2–8% членов популяции, так что вполне вероятно, что их отсутствие у женщин было следствием более низкой численности выборки (20 женщин против 51 мужчины). Аналогичным образом, отсутствующая у мужчин *B. faecis* ID-384, присутствовала только у двух больных женщин в относительно небольших количествах (0,1 и 0,3%).

Из приведенных в табл. 2 данных видно, что у больных мужчин было обнаружено на 8 видов *Blautia* больше, чем у здоровых (ID этих 8 видов выделены полужирным шрифтом в табл. 2). Бактерии этих специфических для больных видов присутствовали у 54% мужчин с ЯК, то есть больше, чем у половины страдающих этим заболеванием.

Больные женщины отличались от здоровых присутствием всего 3-х специфических для ЯК видов, причем частота их встречаемости была минимальной: у двух видов – по 10% (то есть всего по одной женщине), а у 3-го вида – 20%, то есть всего 2 женщины носителя.

Максимальное количество специфических для больных видов у одного пациента составляло 4, и было обнаружено у 2-х больных. У одного больного было 3 вида, у 4-х – по 2 вида, у 6 – по одному виду. Таким образом, обнаружение этих видов в микробиоте пациента, особенно если таких видов будет не один, а несколько, может служить дополнительным признаком ЯК или предрасположенности к нему. Относительное содержание бактерий одного из уникальных видов могло достигать 1,7%, а всех видов в совокупности у одного больного – 2,8%.

Таким образом, на основании приведенных данных можно сделать следующие заключения:

1. Микробиоты всех больных ЯК независимо от пола пациента отличаются пониженным видовым α -разнообразием *Blautia*. При этом β - и γ -разнообразие в группе больных выше, чем в группе здоровых. Интерпретировать этот факт можно таким образом: организм хозяина и микробиота как единая система (суперорганизм) «стремятся» найти тот минимальный по разнообразию и при этом оптимальный состав видов, который бы способствовал наилучшему противостоянию болезни. В результате этого поиска различия микробиот между отдельными больными (β -разнообразие) возрастают, а разнообразие собственной микробиоты у каждого больного понижается. Возрастает также и γ -разнообразие, что можно интерпретировать как попытку организма хозяина привлечь к борьбе с заболеванием дополнительно те виды *Blautia*, которые в норме в популяции отсутствуют (или присутствуют в концентрации ниже порога обнаружения).
2. Общей характеристикой для здоровых мужчин и женщин (табл. 2) является достоверная более

высокая частота носительства *Blautia* 374, *Blautia* 380, *B. faecis* 385, *B. hominis* 386, *B. intestinalis* 390, *B. luti* 392, *B. obeum* 394 и *B. obeum* 396. Та же тенденция проявляется и для *Blautia* 376, однако она при данном объеме выборки она оказалась менее значимой.

Кроме этого, больных ЯК мужчин отличали следующие признаки:

1. Высокое суммарное содержание бактерий рода *Blautia* (10,9% от общего числа бактерий микробиоты, что приблизительно в 2 раза выше, чем у здоровых ($p=0,003$)).
2. Высокое содержание бактерий *Blautia* 375 (у 44% больных с ЯК содержание *Blautia* 375 было

выше 3,8%. Такой же показатель наблюдался только у одного здорового).

3. Наличие одного или нескольких следующих специфических для больных видов *Blautia*: *Blautia* 379, *B. argi* 382, *B. caecimuris* 383, *B. hominis* 387, *B. hydrogenotrophica* 389, *B. luti* 391, *B. obeum* 393 и *B. obeum* 395.

Работа проводилась с использованием оборудования ЦКП «Геномные технологии, протеомика и клеточная биология» ФГБНУ ВНИИСХМ – для русскоязычных публикаций и “The study was carried out using the equipment of the resource center “Genomic Technologies, Proteomics and Cell Biology” of ARRIAM” – для англоязычных публикаций.

Информация о финансировании

Работа была выполнена при поддержке РФФ (проект №20-65-47026).

Financial support

This study was supported by the Russian Science Foundation (project No 20-65-47026).