

Влияние кишечной микробиоты на риск мочекаменной болезни

Н. В. СТУРОВ, *С. В. ПОПОВ, З. А. ИВАНОВ, В. А. ЖУКОВ

Российский университет дружбы народов имени Патриса Лумумбы, Москва, Россия

Резюме

Цель: изучить особенности кишечной микробиоты (КМ) при мочекаменной болезни (МКБ) в сравнении со здоровыми добровольцами с определением бактерий, изменение содержания которых влияет на риск развития уrolithiasis, с установлением пороговых значений данных показателей. **Материал и методы.** С помощью метода газовой хроматографии-масс-спектрометрии (ГХМС) образцов фекалий был изучен состав КМ у 35 пациентов с МКБ и 31 здорового добровольца. Выполнен статистический анализ полученных результатов с целью определения бактерий, изменение численности которых ассоциируется с риском развития уrolithiasis. **Результаты.** В группе пациентов с МКБ было отмечено увеличение численности следующих бактерий: *Alcaligenes* spp. / *Klebsiella* spp., *C. hystolyticum* / *S. pneumonia*, *Bacillus cereus*, *Clostridium perfringens*, *Clostridium difficile*. Состав КМ пациентов с МКБ отличался в зависимости от типа мочевых камней: при оксалатном уrolithiasis наблюдалось повышение количества условно-патогенных бактерий *Peptostreptococcus anaerobius* 18623 и *Clostridium perfringens*, а при мочекишлом уrolithiasis — снижение представителей здоровой микробиоты *Propionibacterium jensenii* и *Clostridium propionicum*. Повышение количества *Peptostreptococcus anaerobius* 18623 более 37996×10^5 кл/г и/или снижение численности *Clostridium propionicum* менее 2178×10^5 кл/г ассоциировалось с повышением риска уrolithiasis. **Выводы.** КМ пациентов с МКБ статистически достоверно отличается от КМ здоровых добровольцев. Состав КМ различен в зависимости от типа мочевых камней. Повышение количества *P. anaerobius* 18623 и/или снижение числа *Clostridium propionicum* в КМ могут рассматриваться в качестве потенциальных факторов риска развития МКБ.

Ключевые слова: мочекаменная болезнь; кишечная микробиота; газовая хроматография-масс-спектрометрия; оксалатные камни; мочекишлые камни; факторы риска

Для цитирования: Стуров Н. В., Попов С. В., Иванов З. А., Жуков В. А. Влияние кишечной микробиоты на риск мочекаменной болезни. *Антибиотики и химиотер.* 2025; 70 (7–8): 34–40. doi: <https://doi.org/10.37489/0235-2990-2025-70-7-8-34-40>. EDN: PWUMWG.

Impact of the Gut Microbiota on the Risk of Urolithiasis

NIKOLAY V. STUROV, *SERGEY V. POPOV,
ZAKHAR A. IVANOV, VLADIMIR A. ZHUKOV

RUDN University, Moscow, Russia

Abstract

The aim was to study the characteristics of the gut microbiota (GM) in urinary stone disease (urolithiasis) in comparison with healthy volunteers (HV), to identify bacteria whose content changes affect the risk of developing urolithiasis, as well as to establish threshold values for these indicators. **Material and methods.** The composition of GM in 35 patients with urolithiasis and 31 healthy volunteers was conducted using the method of gas chromatography-mass spectrometry (GCMS) of fecal samples; subsequent statistical analysis of the obtained results was performed to identify the bacteria whose changes in abundance are associated with the risk of urolithiasis. **Results.** In the group of patients with urolithiasis, an increase in the numbers of the following bacteria was noted: *Alcaligenes* spp. / *Klebsiella* spp., *C. hystolyticum* / *S. pneumonia*, *Bacillus cereus*, *Clostridium perfringens*, *Clostridium difficile*. The GM composition in patients with urolithiasis differed depending on the type of urinary stones: in case of oxalate urolithiasis, there was an increase of opportunistic bacteria *Peptostreptococcus anaerobius* 18623 and *Clostridium perfringens*, while in uric acid urolithiasis, a decrease in healthy microbiota representatives *Propionibacterium jensenii* and *Clostridium propionicum* was observed. An increase in the number of *Peptostreptococcus anaerobius* 18623 over 37996×10^5 cells/g and/or a decrease in the number of *Clostridium propionicum* to fewer than 2178×10^5 cells/g were associated with increased risk of urolithiasis. **Conclusions.** The GM of patients with urolithiasis significantly differs from the GM of healthy volunteers. The composition of GM varies depending on the type of urinary stones. An increase in the amount of *Peptostreptococcus anaerobius* 18623 and/or a decrease in the amount of *Clostridium propionicum* in GM can be considered as potential risk factors of urolithiasis.

Keywords: urolithiasis; gut microbiota; gas chromatography-mass spectrometry; oxalate stones; uric acid stones; risk factors

*Адрес для корреспонденции:
E-mail: popov-serv@rudn.ru



*Correspondence to:
E-mail: popov-serv@rudn.ru



For citation: Sturov N. V., Popov S. V., Ivanov Z. A., Zhukov V. A. Impact of the gut microbiota on the risk of urolithiasis. *Antibiotiki i Khimioter = Antibiotics and Chemotherapy*. 2025; 70 (7–8): 34–40. doi: <https://doi.org/10.37489/0235-2990-2025-70-7-8-34-40>. EDN: PWUMWG. (in Russian)

Введение

Мочекаменная болезнь (МКБ) — это хроническое системное заболевание, являющееся следствием метаболических нарушений и/или влияния факторов внешней среды и проявляющееся образованием камней в верхних мочевых путях [1]. В среднем риск заболеваемости уролитиазом колеблется от 1 до 20%, при этом МКБ чаще встречается у мужчин (соотношение около 3 : 1), хотя в последние десятилетия это соотношение обрело обратную тенденцию: так, по данным авторов [2, 3], на основании регистра NHANES, эта пропорция составила 1,75 к 1. Заболеваемость МКБ наиболее распространена в возрасте от 35 до 50 лет.

На сегодняшний день имеются данные о связи нарушений КМ с риском развития уролитиаза [4]. A. W. Miller и соавт. [5] показали, что у пациентов с МКБ отмечается снижение количества бактерий, продуцирующих короткоцепочечную жирную кислоту (КЦЖК) бутират, таких как *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Enterococcus*, *Clostridium*, *Eggerthella*, *Providencia*, *Streptococcus* и *Leuconostoc* 35, что повышает проницаемость кишечной стенки и усиливает всасывание в кровоток основных субстратов для образования мочевых камней. По результатам исследования L. Guo и соавт. [6] были выявлены классы бактерий в составе КМ, которые опосредованно способны предотвращать уролитиаз, среди них семейство Actinomycetaceae, семейство Clostridiaceae 1, род *Clostridium sensu stricto* 1, род *Hungatella*, род *Lachnospiraceae* UCG001, род *Lachnospiraceae* UCG008 и порядок Actinomycetales. Бактерии родов *Haemophilus*, *Ruminococcaceae* UCG010, порядка Rhodospirillales и типа *Actinobacteria*, наоборот, могут повышать риск уролитиаза. Недавний метаанализ исследований, посвящённых изучению состава КМ у пациентов с МКБ, также продемонстрировал таксономические изменения в структуре КМ: у пациентов с МКБ была обнаружена более высокая численность *Bacteroides* (35,11 против 21,25%) и *Escherichia* — *Shigella* (4,39 против 1,78%), а также более низкая численность *Prevotella* (8,41 против 10,65%) в структуре общего количества бактерий [7].

Таким образом, современные данные литературы гетерогенны и в полной мере не описывают конкретные изменения состава КМ при уролитиазе, а также не позволяют применить накопленные знания в клинической практике.

Основной целью проведённого нами исследования было изучение нарушений КМ у пациентов с МКБ в сравнении со здоровыми добровольцами с определением бактерий, изменение содержания которых может влиять на риск раз-

вития уролитиаза, с установлением пороговых значений данных показателей.

Материал и методы

Набор участников исследования осуществлялся на базе ГБУЗ города Москвы «Поликлиника «Кузнецки»» Департамента здравоохранения города Москвы. В исследование включали пациентов старше 18 лет с подтверждённым диагнозом МКБ. Обязательным условием участия было подписание добровольного информированного согласия.

В качестве критериев исключения были определены такие сопутствующие заболевания, как сахарный диабет, аутоиммунный тиреоидит, хроническая болезнь почек, подагра, системные заболевания соединительной ткани, злокачественные новообразования, неспецифический язвенный колит, болезнь Крона, мочевые инфекции в предшествующие 3 мес., а также иные заболевания, по поводу которых был зафиксирован факт приёма антимикробных препаратов в течение предыдущих 4 нед. В исследование не включали пациентов с психическими заболеваниями, резекцией любого из отделов желудочно-кишечного тракта (ЖКТ) в анамнезе, а также беременных женщин и пациентов младше 18 лет.

В период с ноября 2022 г. по декабрь 2024 г. нами были отобраны и предоставлены образцы фекалий 35 пациентов с МКБ. Для формирования группы контроля образцы фекалий были получены от 31 здорового добровольца (ЗД). На основании данных о плотности камней, полученных по результатам МСКТ почек и мочевыводящих путей, пациенты с МКБ были разделены на две подгруппы: с оксалатными ($n=18$) и мочеислыми ($n=17$) камнями. Возрастно-половой состав участников исследования представлен в табл. 1.

Таблица 1. Возрастно-половой состав участников исследования, абс. (%)

Table 1. Age and gender composition of the study participants, x-axis (%)

Параметр	Оксалатные камни	Мочеислые камни	ЗД
<i>n</i> , чел.	18	17	31
Мужчины, чел.	10 (55,6)	9 (52,9)	14 (45,2)
Женщины, чел.	8 (44,4)	8 (47,1)	17 (54,8)
Мужчины, лет	49,3 ($\pm 10,47$)	44,9 ($\pm 9,48$)	28,6 ($\pm 4,15$)
Женщины, лет	42,3 ($\pm 8,4$)	42,8 ($\pm 9,86$)	38 ($\pm 12,22$)

Участники исследования самостоятельно собирали образцы фекалий в стерильный сухой контейнер; в тот же день образцы доставлялись в специализированную лабораторию для проведения ГХМС на приборе «Маэстро». ГХМС является высокочувствительным и селективным методом изучения состава КМ на основании измерения концентраций специфических микробных маркеров (жирных кислот) в анализируемом материале. Данный метод в настоящее время позволяет количественно определять в образцах фекалий содержание суммарно 57 бактерий, грибов и вирусов.

Статистическая обработка полученных данных проводилась с использованием пакетов прикладного программного обеспечения Statsoft Statistica 13, IBM SPSS Statistics 30, Past 4.03, Origin, CoDaPack, DATAtab, Microsoft Excel.

Для анализа многомерных данных и ординации применялись неметрическое многомерное шкалирование (NMDS) и линейный дискриминантный анализ (LDA). Достоверность различий оценивалась с помощью непараметрического пермутационного многофакторного дисперсионного анализа (PERMANOVA, Permutational multivariate analysis of variance)

и теста ANOSIM (Analysis of Similarity) при 9999 перестановках. Данный подход также известен как метод оценки бета-разнообразия микробиоты. В качестве метрик схожести использовались мера Брея–Кёртиса и Манхэттенское расстояние.

Для оценки степени влияния переменных на риск развития заболевания использовалась модель пошаговой логистической регрессии и анализ ROC-кривых. Значимость различий переменных считалась достоверной при $p < 0,05$.

Результаты

Изучение состава КМ методом анализа многомерных данных. Мы провели неметрическое многомерное шкалирование (NMDS) данных, полученных методом ГХМС образцов фекалий, предварительно удалив переменные с большинством нулевых значений как не вносящих свой вклад в описание микробиоты, а также убрав показатели, представляющие собой суммы отдельных переменных — суммарного количества микроорганизмов, суммарного количества маркеров вирусов и суммарной грибковой нагрузки, чтобы избежать искажений результатов. Всего в анализ вошло 48 переменных-биомаркеров микроорганизмов.

Было установлено, что КМ пациентов с МКБ значительно отличается от группы ЗД (PERMANOVA: мера Брея–Кёртиса $p = 0,0023$, Манхэттенское расстояние $p = 0,0009$; ANOSIM: мера Брея–Кёртиса $p = 0,0029$, Манхэттенское расстояние $p = 0,0179$) (рис. 1, 2).

Образцы КМ в группе ЗД, по результатам ординации, имеют более концентрированное расположение около центральной области диаграммы (синие кружочки), в то время как в группе МКБ имеется более высокий разброс

образцов (красные крестики). Несмотря на то, что часть образцов КМ обеих групп занимает близкое друг к другу центральное расположение, тенденция к разделению на диаграмме ординации и в особенности достоверность различий по тестам PERMANOVA и ANOSIM выглядит многообещающе, указывая на значительные различия в микробных сообществах как комплексных сложных системах, с большим количеством внутренних взаимодействий.

Удаление образцов КМ от центральной области диаграммы и большее соответствие группе МКБ было обусловлено увеличением численности следующих бактерий: *Alcaligenes* spp. / *Klebsiella* spp., *C. hystolyticum* / *S. pneumonia*, *Bacillus cereus*, *Clostridium perfringens*, *Clostridium difficile*. При этом также стоит отметить направления вектора *Blautia coccoides* в сторону группы ЗД.

Для решения задачи классификации подгрупп участников в многомерном пространстве после преобразования данных с центрированным логарифмическим соотношением (CLR) применён линейный дискриминантный анализ (LDA), результаты которого представлены на рис. 3.

Было установлено, что большее абсолютное содержание в КМ таких патобионтов, как *Peptostreptococcus anaerobius* 18623 и *Clostridium perfringens*, лучше характеризует группу пациентов с оксалатными камнями, в то время как пропионат-продуцирующие *Propionibacterium jensenii* и *Clostridium propionicum* лучше характеризуют группу здоровых добровольцев. При этом группа пациентов с мочекислыми камнями преимущественно характеризовалась меньшей представ-

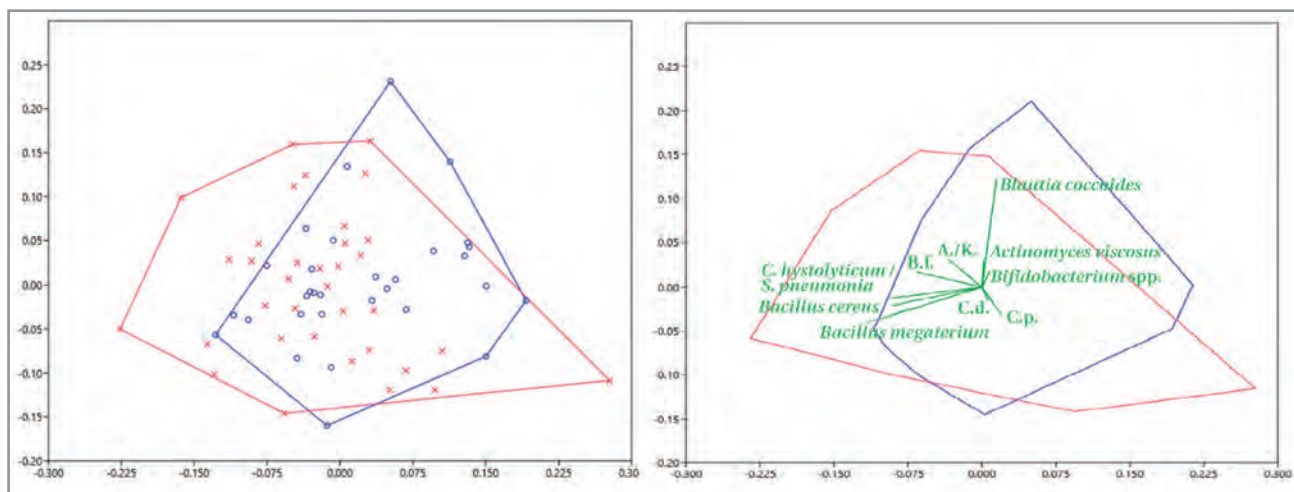


Рис. 1. Результаты ординации (NMDS) данных ГХМС образцов кала в зависимости от группы.

Примечание. Образцы МКБ — красный цвет, крестики; образцы ЗД — синий цвет, кружочки. Мера Брея–Кёртиса. B.f. — *Bacteroides fragilis*; A./K. — *Alcaligenes* spp. / *Klebsiella* spp.; C.d. — *Clostridium difficile*; C.p. — *Clostridium perfringens*.

Fig. 1. Results of the ordination (NMDS) of GCMS fecal samples data depending on the group.

Note. USD samples — red, crosses; HV samples — blue, circles. The Bray–Curtis measure. B.f. — *Bacteroides fragilis*; A./K. — *Alcaligenes* spp. / *Klebsiella* spp.; C.d. — *Clostridium difficile*; C.p. — *Clostridium perfringens*.

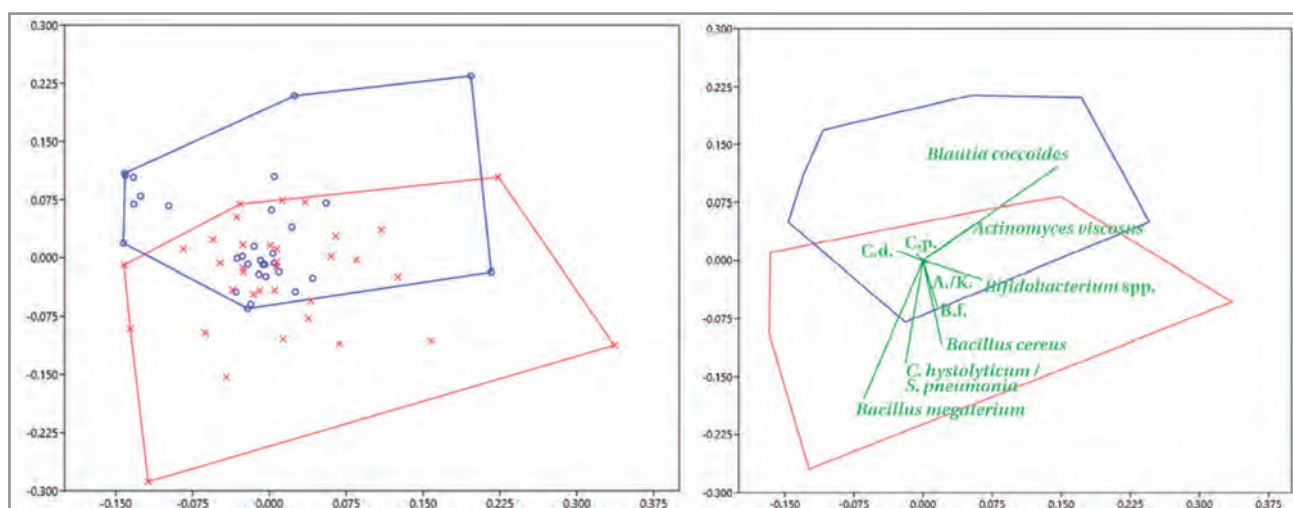


Рис. 2. Результаты ординации (NMDS) данных ГХМС образцов кала в зависимости от группы.

Примечание. Образцы МКБ — красный цвет, крестики; образцы ЗД — синий цвет, кружочки. Манхэттенское расстояние. B.f. — *Bacteroides fragilis*; A./K. — *Alcaligenes* spp. / *Klebsiella* spp.; C.d. — *Clostridium difficile*; C.p. — *Clostridium perfringens*.

Fig. 2. Results of the ordination (NMDS) of GCMS fecal samples data depending on the group.

Note. USD samples — red, crosses; HV samples — blue, circles. Manhattan distance. B.f. — *Bacteroides fragilis*; A./K. — *Alcaligenes* spp. / *Klebsiella* spp.; C.d. — *Clostridium difficile*; C.p. — *Clostridium perfringens*.

Таблица 2. Влияние численности микробных маркеров на вероятность МКБ.

Table 2. Effect of abundance changes of some microbial markers on the risk of USD.

Название бактерий	ОШ	95% ДИ		Уровень <i>p</i>
		Нижняя граница	Верхняя граница	
<i>Peptostreptococcus anaerobius</i> 18623, $\times 10^9$ кл/г	1,086	1,004	1,174	0,039
<i>Clostridium propionicum</i> , $\times 10^9$ кл/г	0,427	0,206	0,888	0,023
<i>Clostridium propionicum</i> , %	0,284	0,121	0,666	0,004
<i>Candida</i> spp., %	28,659	1,540	533,291	0,024
<i>Peptostreptococcus anaerobius</i> 18623, %	1,074	1,002	1,151	0,044
<i>Clostridium perfringens</i> , %	1,096	1,001	1,199	0,047

Примечание. ОШ — отношение шансов; ДИ — доверительный интервал.

Note. ОШ — odds ratio; ДИ — confidence interval.

ленностью *Propionibacterium jensenii* и *C. propionicum*. Таким образом, мы установили, что состав КМ пациентов с МКБ и здоровых добровольцев статистически значимо отличается.

Анализ факторов риска развития МКБ: логистическая регрессия, ROC-кривые. Для оценки влияния численности микробных маркеров на риск уролитиаза была построена модель логистической регрессии. Нами была проанализирована как абсолютная, так и относительная численность исследуемых микробных маркеров. В результате анализа были отобраны биомаркеры, численность которых значимо влияет на риск развития заболевания (табл. 2). Параметры оценки риска рассчитывались для абсолютной численности бактерий, представленной в 10^9 кл/г.

Как следует из данных, представленных в табл. 2, увеличение абсолютной численности *Peptostreptococcus anaerobius* 18623 на каждые 1×10^9 кл/г в составе КМ повышает вероятность наличия МКБ примерно на 8,6%, а снижение абсолютной численности *Clostridium propionicum*

на каждые 1×10^9 кл/г снижает вероятность МКБ на 57,3%. То же справедливо и для относительной численности этих маркеров: увеличение относительной численности *P. anaerobius* 18623 в структуре КМ на каждый 1% (процентный пункт, п. п.) повышает вероятность наличия МКБ примерно на 7,4%, а снижение *C. propionicum* на каждый 1% (п. п.) — понижает на 71,6%. Таким образом, как абсолютная, так и относительная численность имеют значимость в определении риска развития МКБ.

Для вычисления пороговых значений и определения факторов риска был проведён ROC-анализ (рис. 4, 5). Точки отсечения выбраны при оптимальном сочетании чувствительности и специфичности. На рис. 4 продемонстрирована ROC-кривая для повышения абсолютной численности биомаркеров *P. anaerobius* 18623 как фактора риска МКБ. Было установлено, что количество *P. anaerobius* 18623 в образцах фекалий более 37996×10^5 кл/г (AUC 0,684, 95% ДИ: 0,553; 0,815, $p=0,006$) является значимым фактором, повы-

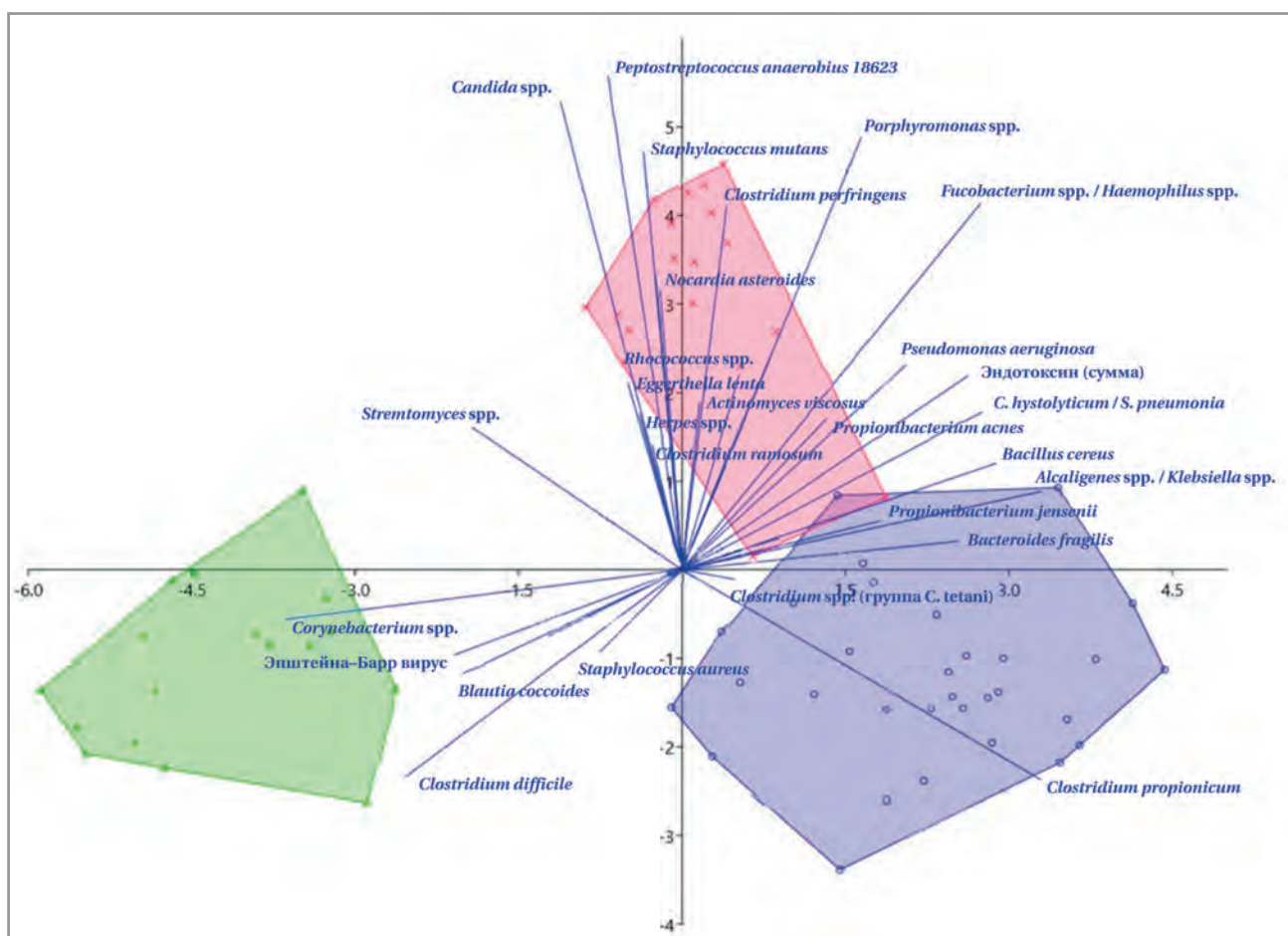


Рис. 3. Результаты ординации (LDA) данных ГХМС образцов кала в зависимости от подгруппы.

Примечание. Оксалатные — красный цвет, крестики; мочекислые камни — зеленый цвет, треугольники; ЗД — синий цвет, кружочки.

Fig. 3. Results of the ordination (LDA) of GCMS fecal samples data depending on the subgroup.

Note. Oxalate — red, crosses; uric acid stones — green, triangles; HV — blue, circles.

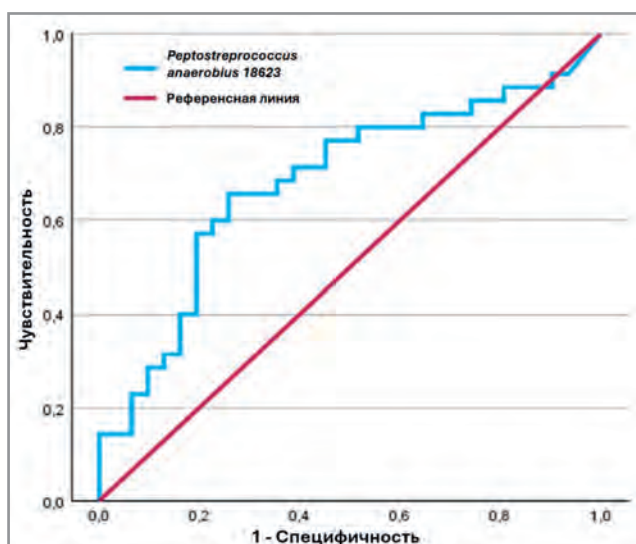


Рис. 4. ROC-кривая для повышения абсолютной численности биомаркеров *Peptostreptococcus anaerobius* 18623 в качестве фактора риска уролитиаза.

Fig. 4. ROC curve for the increase of the absolute number of *Peptostreptococcus anaerobius* 18623 biomarkers as a risk factor of urolithiasis.

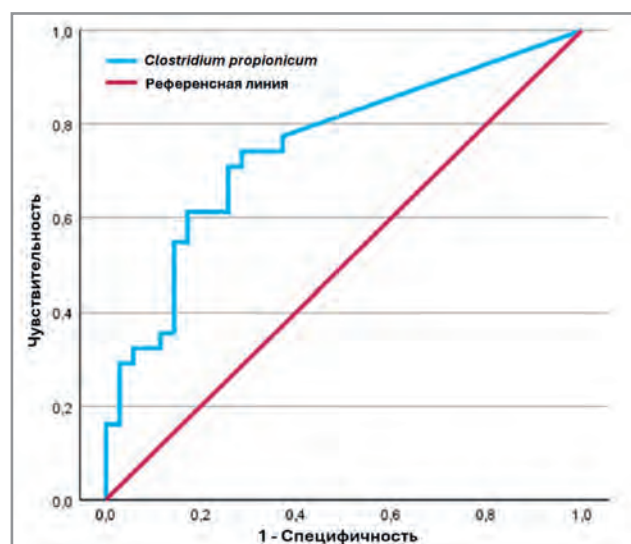


Рис. 5. ROC-кривая для снижения абсолютной численности биомаркеров *Clostridium propionicum* в качестве фактора риска уролитиаза.

Fig. 5. ROC curve for the reduction of the absolute abundance of *Clostridium propionicum* biomarkers as a risk factor of urolithiasis.

Таблица 3. Частоты встречаемости выявленных факторов риска уролитиаза

Table 3. Frequency of the identified urolithiasis risk factors

Фактор риска		Наличие МКБ		Уровень p^*
		Да	Нет	
<i>Peptostreptococcus anaerobius</i> 18623, $>38\,000 \times 10^5$ кл/г	Да	24	11	0,008
	Нет	11	20	
<i>Clostridium propionicum</i> , $<2\,200 \times 10^5$ кл/г	Да	25	8	<0,001
	Нет	10	23	

Примечание. * — сравнение частот по критерию χ^2 .

Note. * — frequency comparison using the Chi-square test

шающим риск развития уролитиаза. Чувствительность данного порогового значения составила 69%, специфичность — 65%.

Биомаркер *C. propionicum* был определён нами в качестве профилактического фактора в отношении МКБ, а его снижение — как фактор риска развития уролитиаза (см. рис. 5). Снижение численности *C. propionicum* менее 2178×10^5 кл/г (AUC 0,751, 95% ДИ: 0,631; 0,871, $p < 0,001$) оказалось значимым фактором, повышающим риск развития МКБ. Чувствительность данного порогового значения составила 74%, специфичность — 71%.

Сравнение частот встречаемости факторов *C. propionicum* менее 2178×10^5 кл/г и *Peptostreptococcus anaerobius* 18623 более 37996×10^5 кл/г представлены в табл. 3. Можно считать, что повышение численности *P. anaerobius* 18623 $> 38\,000 \times 10^5$ кл/г (ОШ 3,967, 95% ДИ: 1,423; 11,056) и/или снижение численности *C. propionicum* $< 2\,200 \times 10^5$ кл/г (ОШ 7,188, 95% ДИ: 2,420; 21,348) являются потенциальными факторами риска уролитиаза с относительно сильной связью.

Обсуждение

Результаты, полученные в ходе проведённого исследования, показали отличия в составе КМ у пациентов с МКБ в сравнении со здоровыми добровольцами. В структуре КМ испытуемых с уролитиазом преобладали преимущественно условно-патогенные бактерии с провоспалительной активностью.

P. anaerobius 18623 — грамположительный анаэробный кокк, условно-патогенный микроорганизм, встречающийся в КМ в норме и являющийся одним из самых многочисленных в её структуре. В литературе не представлено данных об изменении количества данной бактерии у пациентов с МКБ. Известно, что *P. anaerobius* 18623 является одним из редко встречающихся возбудителей инфекций мочевых путей (ИМП). Сообщается, что при нормальной функции КМ данный микроорганизм безвреден для макроорганизма, но при определённых условиях приобретает выражённую патогенность [8].

C. perfringens — известная своим патогенным потенциалом бактерия, которая вырабатывает более 20 токсинов и ферментов агрессии, но при

этом является частью нормальной микробиоты у людей [9]. Ранее Е. Т. Голощанов и соавт. [10] сообщали о присутствии *C. perfringens* в мочевых камнях в высоких титрах.

S. pneumoniae принадлежит к числу редких возбудителей ИМП, проявляет литогенные эффекты, оказывая значительное стимулирующее воздействие на рост и агрегацию кристаллов оксалата кальция [11, 12]. *Bacillus cereus* — патоген, ответственный за пищевые отравления у людей [13]. *Clostridium difficile* — известный патоген, который может вызывать кишечную инфекцию, симптомы которой варьируются от бессимптомной колонизации или лёгкой диареи до тяжёлых проявлений, таких как псевдомембранозный колит [14, 15]. Известно, что *Alcaligenes faecalis* может быть возбудителем цистита [16]. *Klebsiella pneumoniae* также является известным возбудителем ИМП и ассоциируется с дисбиозом кишечника [17, 18]. Сообщается о высокой распространённости *K. pneumoniae* с множественной лекарственной устойчивостью в моче пациентов с МКБ, а также об усилении процессов камнеобразования данным микроорганизмом, в том числе благодаря уреазопродуцирующей активности [19, 20].

В литературе не описана связь состава КМ с типом образующихся мочевых камней. Также на сегодняшний день отсутствуют данные по пороговым количественным значениям уровня бактерий в составе КМ, определённых при помощи ГХМС образцов фекалий, нарушение которых может считаться потенциальным фактором риска уролитиаза. Следует отметить, что ввиду относительно небольшой выборки пациентов наши результаты пока не могут быть рекомендованы к применению в клинической практике, тем не менее, они дополняют имеющиеся данные о нарушении КМ при МКБ и свидетельствуют в пользу продолжения исследований в данном направлении.

Заключение

Полученные в ходе нашего исследования результаты показали, что КМ пациентов с МКБ имеет характерные отличия от таковой у здоровых добровольцев, параллельно с этим была установлена разница в составе КМ в зависимости от типа развивающихся мочевых камней (мочекис-

лых или оксалатных). Определение количества *Peptostreptococcus anaerobius* 18623 и *Clostridium propionicum* в образцах фекалий методом ГХМС

Литература/References

1. Мочекаменная болезнь. 2024 Клинические рекомендации. <https://uroweb.ru/news/opublikovani-klinicheskie-rekomendatsii-mochekamennaya-bolezn-2024> (доступно на 30.05.2025). [Urinary stone disease. 2024 Clinical Guidelines. <https://uroweb.ru/news/opublikovani-klinicheskie-rekomendatsii-mochekamennaya-bolezn-2024> (accessed: 30.05.2025). (in Russian)]
2. Руденко В. И., Семенякин И. В., Малхасян В. А., Гаджиев Н. К. Мочекаменная болезнь. Урология. 2017; 2S: 30–63. [Rudenko V. I., Semenyakin I. V., Malkhasyan V. A., Gadzhiev N. K. Urolithiasis. Urologiya. 2017; 2S: 30–63. (in Russian)]
3. Каприн А. Д., Аполихин О. И., Сивков А. В., Анохин Н. В., Гаджиев Н. К., Малхасян В. А., Акопян Г. Н., Просяников М. Ю. Заболеваемость мочекаменной болезнью в Российской Федерации с 2005 по 2020 гг. Экспериментальная и клиническая урология. 2022; 15 (2): 10–7. doi: <https://doi.org/10.29188/2222-8543-2022-15-2-10-17>. [Kaprin A. D., Apolikhin O. I., Sivkov A. V., Anokhin N. V., Gadzhiev N. K., Malkhasyan V. A., Akopyan G. N., Prosyannikov M. Yu. The incidence of urolithiasis in the Russian Federation from 2005 to 2020. Experimental and Clinical Urology. 2022; 15 (2): 10–7. doi: <https://doi.org/10.29188/2222-8543-2022-15-2-10-17>. (in Russian)]
4. Sturov N. V., Popov S. V., Ivanov Z. A., Rusanova E. I., Kobylanu G. N. State of the gut microbiota in oxalate nephrolithiasis. J Renal Inj Prev. 2023; 12 (1): e32060. doi: <https://doi.org/10.34172/jrip.2022.32060>.
5. Miller A. W., Penniston K. L., Fitzpatrick K., Agudelo J., Tasian G., Lange D. Mechanisms of the intestinal and urinary microbiome in kidney stone disease. Nat Rev Urol. 2022 Dec; 19 (12): 695–707. doi: 10.1038/s41585-022-00647-5.
6. Guo L., Lan Q., Zhou M., Liu F From gut to kidney: microbiota modulates stone risk through inflammation — a mediated Mendelian randomization study. Mamm Genome. 2025 Mar; 36 (1): 250–261. doi: 10.1007/s00335-024-10094-9.
7. Yuan T., Xia Y., Li B., Yu W., Rao T., Ye Z., Yan X., Song B., Li L., Lin F., Cheng F Gut microbiota in patients with kidney stones: a systematic review and meta-analysis. BMC Microbiol. 2023 May 19; 23 (1): 143. doi: 10.1186/s12866-023-02891-0.
8. Legaria M. C., Nastro M., Camporro J., Heger F, Barberis C., Stecher D., Rodriguez C. H., Vay C. A. *Peptostreptococcus anaerobius*: pathogenicity, identification, and antimicrobial susceptibility. Review of monobacterial infections and addition of a case of urinary tract infection directly identified from a urine sample by MALDI-TOF MS. Anaerobe. 2021 Dec; 72: 102461. doi: 10.1016/j.anaerobe.2021.102461.
9. Ba X., Jin Y., Ning X., Gao Y., Li W., Li Y., Wang Y., Zhou J. *Clostridium perfringens* in the intestine: innocent bystander or serious threat? Microorganisms. 2024 Aug 7; 12 (8): 1610. doi: 10.3390/microorganisms12081610.

Информация об авторах

Николай Владимирович Стуров — к. м. н., доцент, заведующий кафедрой общей врачебной практики медицинского института, Российский университет дружбы народов имени Патриса Лумумбы, Москва, Россия. ORCID ID: 0000-0002-3138-8410

Сергей Витальевич Попов — д. м. н., профессор кафедры общей врачебной практики медицинского института, врач-уролог, Российский университет дружбы народов имени Патриса Лумумбы, Москва, Россия. ORCID ID: 0000-0002-0567-4616

Захар Андреевич Иванов — ассистент кафедры общей врачебной практики медицинского института, Российский университет дружбы народов имени Патриса Лумумбы, Москва, Россия. ORCID ID: 0000-0002-6655-0369

Владимир Андреевич Жуков — к. м. н., доцент кафедры общей врачебной практики медицинского института, Российский университет дружбы народов имени Патриса Лумумбы, Москва, Россия. ORCID ID: 0000-0001-9995-264X

можно считать перспективным для прогнозирования риска уролитиаза и определения типа мочевых камней.

10. Голощапов Е. Т., Четвериков А. В., Белозеров Е. С. Инфекционный фактор в генезе мочевого камнеобразования. Урологические ведомости. 2016; 6 (4): 21–27. doi: <https://doi.org/10.17816/uroved6421-27>. [Goloshapov E. T., Chetverikov A. V., Belozеров E. S. The infectious factor in the genesis of urinary stone formation. Urology reports (St.-Petersburg). 2016; 6 (4): 21–27. doi: <https://doi.org/10.17816/uroved6421-27> (in Russian)]
11. Juda M., Korona-Glowniak I., Prystupa A., Malm A. *Streptococcus pneumoniae* as an agent of urinary tract infection. J Pre Clin Clin Res. 2018; 12 (3): 87–88. doi: <https://doi.org/10.26444/jppccr/94205>.
12. Razi A., Ghiaei A., Dolatabadi F K., Haghighi R. Unraveling the association of bacteria and urinary stones in patients with urolithiasis: an update review article. Front Med (Lausanne). 2024 Aug 30; 11: 1401808. doi: 10.3389/fmed.2024.1401808.
13. Calvigioni M., Panattoni A., Biagini F, Donati L., Mazzantini D., Mas-simino M., Daddi C., Celandroni E, Vozzi G., Ghelardi E. Impact of *Bacillus cereus* on the human gut microbiota in a 3D *in vitro* model. Microorganisms. 2023 Jul 17; 11 (7): 1826. doi: 10.3390/microorganisms11071826.
14. Piccioni A., Rosa E, Manca E, Pignataro G., Zanza C., Savioli G., Covino M., Ojetti V., Gasbarrini A., Franceschi F, Candelli M. Gut microbiota and *Clostridium difficile*: What we know and the new frontiers. Int J Mol Sci. 2022 Nov 1; 23 (21): 13323. doi: 10.3390/ijms232113323.
15. Spigaglia P. *Clostridioides difficile* and gut microbiota: from colonization to infection and treatment. Pathogens. 2024 Jul 31; 13 (8): 646. doi: 10.3390/pathogens13080646.
16. Huang C. Extensively drug-resistant *Alcaligenes faecalis* infection. BMC Infect Dis. 2020 Nov 11; 20 (1): 833. doi: 10.1186/s12879-020-05557-8.
17. Jiang Q., Xu Q, Kenéz Á., Chen S., Yang G. *Klebsiella pneumoniae* infection is associated with alterations in the gut microbiome and lung metabolome. Microbiol Res. 2022 Oct; 263: 127139. doi: 10.1016/j.micres.2022.127139.
18. Vornhagen J., Rao K., Bachman M. A. Gut community structure as a risk factor for infection in *Klebsiella pneumoniae*-colonized patients. mSystems. 2024 Aug 20; 9 (8): e0078624. doi: 10.1128/mSystems.00786-24.
19. Razi A., Ghiaei A., Dolatabadi F K., Haghighi R. Unraveling the association of bacteria and urinary stones in patients with urolithiasis: an update review article. Front Med (Lausanne). 2024 Aug 30; 11: 1401808. doi: 10.3389/fmed.2024.1401808.
20. Wallace B., Chmiel J. A., Al K. F., Bjazevic J., Burton J. P., Goldberg H. A., Razvi H. The role of urinary modulators in the development of infectious kidney stones. J Endourol. 2023 Mar; 37 (3): 358–366. doi: 10.1089/end.2022.0458.

Поступила / Received 15.05.2025
Принята в печать / Accepted 30.05.2025

About the authors

Nikolay V. Sturov — Ph. D. in Medicine, Associate Professor, Head of the Department of General Practice, Peoples' Friendship University of Russia named after Patrice Lumumba (RUDN University), Moscow, Russia. ORCID: 0000-0002-3138-8410

Sergey V. Popov — D. Sc. in Medicine, Professor at the Department of General Practice, Peoples' Friendship University of Russia named after Patrice Lumumba (RUDN University), Moscow, Russia. ORCID: 0000-0002-0567-4616

Zakhar A. Ivanov — Assistant Professor at the Department of General Practice, Peoples' Friendship University of Russia named after Patrice Lumumba (RUDN University), Moscow, Russia. ORCID: 0000-0002-6655-0369

Vladimir A. Zhukov — Ph. D. in Medicine, Associate Professor at the Department of General Practice, Peoples' Friendship University of Russia named after Patrice Lumumba (RUDN University), Moscow, Russia. ORCID: 0000-0001-9995-264X