

*М.О. Межейникова, А.Д. Буланова*

**МИКРОБИОМ ГЛОТКИ**

*Научные руководители: канд. мед. наук, доц. И.Д. Шляга,  
ассист. Н.П. Челебиева*

*Кафедра оториноларингологии с курсом офтальмологии  
Гомельский государственный медицинский университет, г. Гомель*

*M.O. Miazheinikava, A.D. Bulanava*

**PHARYNGEAL MICROBIOM**

*Tutors: PhD, associate professor I.D. Shlyaga,  
assistant N.P. Cheliabiyeva*

*Department of Otorhinolaryngology with a Course in Ophthalmology  
Gomel State Medical University, Gomel*

**Резюме.** Исследование микробиома глотки является на данный момент актуальным направлением в изучении. В этой статье обозреваются проблемы исследования микробиома глотки.

**Ключевые слова:** микробиом глотки, исследование, проблемы изучения микробиома глотки.

**Resume.** The study of the pharyngeal microbiome is currently an urgent direction in the study. This article reviews the problems of pharyngeal microbiome research.

**Keywords:** pharyngeal microbiome, research, problems of studying the pharyngeal microbiome.

**Актуальность.** Микробиом человека является экосистемой, которая состоит из совокупности микроорганизмов, динамически изменяется, а также находится в тесной симбиотической связи с макроорганизмом. Микробиом осуществляет большое количество различных функций, в том числе возникновение колонизационной резистентности, поддержание гомеостаза, участие в иммунных реакциях, водно-солевом обмене, синтезе витаминов, детоксикации ксенобиотиков и т. д. [1].

Наиболее интересным является исследование микробиома глотки человека. Он формируется из флоры ротовой полости и полости носа, вследствие этого микробиом глотки является достаточно разнообразным – в нем обнаруживается до 15% видового состава микрофлоры человека [2]. Проблема микробиома глотки недостаточно изучена и требует дальнейшего изучения.

Изменение и нарушение функций микробиома приводит к возникновению различных заболеваний. По современным данным микрофлора глотки может вызывать соматические заболевания, такие как инфекционный эндокардит, заболевания сердечно-сосудистой системы, диабет, пневмония [3].

**Цель:** осветить проблему исследования микробиома глотки.

**Задачи.**

1. Проанализировать актуальные исследования по теме;
2. Написать обзорную статью, обобщив результаты по прочитанным исследованиям;
3. Сделать собственные выводы, заключения.

**Материалы и методы.** Поиск информации проводился в базах данных Google Scholar, Elibrary без ограничений по дате публикации и типу статьи. Используемые

поисковые термины: «микробиом глотки», «микробиом дыхательных путей», «pharyngeal microbiom».

**Результаты и их обсуждение.** Рассмотрим более подробно состав микробиома глотки человека в норме.

Микробиом носоглотки – динамическая экосистема, проходящая изменения в процессе взросления человека, вследствие чего может продолжаться до 2 лет и резко отличаться от микробиома взрослых. В самом начале носоглотка заселяется представителями *Corynebacterium* и *Staphylococcus* spp., далее дополняется родами *Dolosigranulum*, *Alloiococcus*, *Moraxella*. У взрослых людей доминирующим родом является *Corynebacterium*, остальное разнообразие микробиома снижается [4].

Ротоглотка – анатомический барьер между дыхательными путями и желудочно-кишечным трактом, это приводит к высокому разнообразию микроорганизмов. К микробиому ротоглотки относят: *Streptococcus* spp., *Haemophilus* spp., *Neisseria* spp., *Prevotella* spp., *Veillonella* spp., *Leptotrichia* spp. [4]. У взрослых и детей видовой состав примерно одинаков, изменяется лишь соотношение и преобладающий вид.

Гортаноглотка- относится к третьему отделу глотки. Ее видовой состав микроорганизмов коррелирует с аналогичным составом ротоглотки, но отличается более низкой плотностью бактерий.

Изменение микробиома глотки, связанное с инфекционным процессом, включает: повышение содержания респираторных патогенов, а именно: *Haemophilus influenzae* типа b, *Streptococcus* spp., а также снижение содержания *Corynebacterium*, *Dolosigranulum*, *Moraxella* spp, которые являются комменсалами [5,6].

По современным данным, выявлено около 300 видов бактерий, населяющих биотоп глотки. Однако при помощи молекулярно-биологических методов исследований (секвенирование 16S рРНК) в глотке обнаружено уже более 750 видов микроорганизмов. Большая часть бактерий на данный момент является некультивируемыми, следовательно, невозможно выделить их чистую культуру и изучить свойства [2].

К сожалению, ситуация усугубляется отсутствием специфических оториноларингологических зондов и отсутствием абсолютно идеального образца биологического материала, который можно использовать довольно часто, с достаточной микробной плотностью и который точно отражает видовой состав микробиома *in situ*, ассоциированный с конкретной анатомической локализацией глотки (носоглотки, ротоглотки, гортаноглотки) [4].

В состав любого микробиома входят резидентные и транзитные микроорганизмы. Резидентная микрофлора участвует в синтезе витаминов, источников энергии и метаболитов, которые в свою очередь обладают противовоспалительными и антиоксидантными свойствами. Однако, при снижении иммунитета, воздействии различных патогенов или при наличии очага инфекции нарушается соотношение между резидентными и транзитными микроорганизмами, что в свою очередь приводит к появлению признаков различных заболеваний [7,8].

Кроме того, снижение видового разнообразия микробиома приводит к снижению его защитной функции и развитию множества неблагоприятных влияний и патологии [9].

**Выводы:** на сегодняшний день заболевания глотки является наиболее актуальной патологией оториноларингологических органов. Одним из факторов является специфический микробиом, который невозможно изучить более точно из-за отсутствия специальных анатомических зондов для каждого отдела глотки (носоглотки, ротоглотки, гортаноглотки). Проблема микробиома глотки не теряет своей актуальности и требует глубокого изучения.

### Литература

1. Борисова О.Ю., Гуров А.В., Гадуа Н.Т., Ефимов Б.А., Кафарская Л.И., Афанасьев С.С., Борисова А.Б. Микробиоценоз небных миндалин у практически здоровых лиц. Вестник оториноларингологии. 2018;83(5):31-35.
2. Свистушкин В.М., Никифорова Г.Н., Асриян Г.Г., Карпова О.Ю. Некоторые аспекты особенностей микрофлоры биотопа глотки у работников медицинского стационара // *Consilium Medicum*. - 2019. - Т. 21. - №11. - С. 24-27. doi: 10.26442/20751753.2019.11.190640
3. Степанова Т.Ю., Тимофеева А.В. МИКРОБИОМ РОТОВОЙ ПОЛОСТИ ЧЕЛОВЕКА // *Современные проблемы науки и образования*. – 2016. – № 5.; URL: <https://science-education.ru/ru/article/view?id=25212> (дата обращения: 15.02.2023).
4. Стома, И. О. Микробиом дыхательных путей: учебно-методическое пособие / И. О. Стома. - Москва: ГЭОТАР-Медиа, 2023. - 104 с. - ISBN 978-5-9704-7692-5, DOI: 10.33029/9704-7692-5-МИС-2023-1-104. - Электронная версия доступна на сайте ЭБС "Консультант студента»: [сайт]. URL: <https://www.studentlibrary.ru/book/ISBN9785970476925.html> (дата обращения: 15.02.2023). - Режим доступа: по подписке. - Текст: электронный
5. Man W.H., van Dongen T.M.A., Venekamp R.P. et al. Respiratory microbiota predicts clinical disease course of acute otorrhea in children with tympanostomy tubes // *Pediatr. Infect. Dis J*. 2018.
6. Man W.H., van Houten M.A., Mérelle M.E. et al. Bacterial and viral microbiota, and host characteristics in children with lower respiratory tract infections: results from a matched case - control study // *Lancet Respir. Med*. 2018.
7. Arweiler N, Netuschil L. The oral microbiota. *Advances in Experimental Medicine and Biology*. 2016; 902:45-60. [https://doi.org/10.1007/978-3-319-31248-4\\_4](https://doi.org/10.1007/978-3-319-31248-4_4)
8. Dewhirst FE, Chen T, Izard J, Paster BJ, Tanner AC, Yu WH, Lakshmanan A, Wade WG. The human oral microbiome. *Journal Bacteriology*. 2010; 192:5002-5017. <https://doi.org/10.1128/JB.00542-10>
9. Segata N, Haake SK, Mannon P, Lemon KP, Waldron L, Gevers D, Huttenhower C, Izard J. Composition og the adult digestive tract bacterial microbiome based on seven mouth surfaces, tonsils, throat and stool samples. *Genome biology*. 2012;13(6):42. <https://doi.org/10.1186/Гб-2012-13-6-p42>