

СОСТОЯНИЕ МИКРОБИОТЫ ОРОФАРИНГЕАЛЬНОЙ ЗОНЫ У ДЕТЕЙ С РЕКУРРЕНТНЫМИ РЕСПИРАТОРНЫМИ ИНФЕКЦИЯМИ

Курдюкова Т.И.

Научный руководитель:

д.м.н., проф. О.Н. Красноруцкая

Воронежский государственный медицинский университет
им. Н.Н. Бурденко Минздрава России, Воронеж

Ключевые слова: микробиота, респираторные
инфекции, дети

Актуальность. Дети с рекуррентными респираторными инфекциями (РРИ) составляют около 65% эпизодов инфекций верхних дыхательных путей (ВДП). Нормальная микробиота слизистых оболочек обеспечивает иммуномодулирующую функцию путём конкурентного исключения патогенов, усиления врождённых реакций клеточного и гуморального иммунитета. В связи с этим анализ состояния микробиоты ВДП у детей с РРИ и определение патогенетических связей между частой заболеваемостью детей и составом респираторной микробиоты представляются актуальными.

Цель: определить состав и особенности микробиоты орофарингеальной зоны у детей в патогенезе РРИ ВДП.

Материалы и методы. Обследовано 90 детей в возрасте 1–6 лет: мальчики — 51% ($n = 46$), девочки — 49% ($n = 44$); основную группу составили 75 детей — пациенты с кратностью эпизодов РРИ более 8 за календарный год, в контрольную группу вошли 15 условно здоровых детей (с частотой эпизодов РРИ до 3 случаев за год). У всех обследованных детей количественный и качественный состав микробиоты орофарингеальной зоны определяли методом генетического секвенирования региона V3–V4 гена 16S рибосомальной РНК.

Результаты. Доминирующими энтеротипами у детей основной группы являлись *Firmicutes* и *Bacteroidota*. У детей контрольной группы концентрации *Firmicutes* были значительно повышены по сравнению с уровнями у детей основной группы (30,01 и 19,24% соответственно), а количество *Proteobacteria* (ассоциированы с воспалительными заболеваниями, способностью продуцировать эндотоксины, имеют потенциал для чрезмерного роста на фоне антибиотикотерапии) имело обратную динамику: у детей контрольной группы было уменьшено в 3,4 раза по сравнению с уровнем у детей основной группы (2,08 и 7,12% соответственно; $p < 0,001$). Популяции *Actinobacteriota* составили у детей контрольной группы 1,74%, а у детей основной группы — 0,91%. Бактерии *Lactobacillus* у детей контрольной группы составили 0,76%, а у детей основной группы — 0,29% ($p < 0,001$). Эти данные изменений микробиома орофарингеальной зоны у детей с РРИ указывают на снижение микробного биоразнообразия. При этом выявлены значимые различия в количественном содержании патогенной и условно-патогенной микробиоты: у детей контрольной группы уровни *Haemophilus* были снижены (0,201%) по сравнению с данными у детей основной группы (0,703%); содержание *Neisseria* у условно здоровых детей было уменьшено (0,243%) по сравнению с уровнем у детей основной группы (0,518%). При этом содержание *Ruminococcus* у детей контрольной группы было существенно повышено (1,113%) по сравнению с уровнями у детей основной группы (0,153%). Изменения содержания *Faecalibacterium*, которые участвуют в синтезе противовоспалительных метаболитов, характеризовались повышением (0,656%) более чем в 3,5 раза в составе микробиоты условно здоровых детей, чем у детей основной группы — 0,189% ($p < 0,001$).

Заключение. Бактериальный респираторный биотоп у детей с различной частотой РРИ в год имеет значимые различия:

рост частоты эпизодов РРИ приводит к смещению колонизации ВДП в сторону бактерий, ассоциированных с воспалительными заболеваниями, что, в свою очередь, может привести к нарушению иммунного гомеостаза и резистентности слизистой оболочки ВДП у детей.