

## ИЗМЕНЕНИЯ МИКРОБИОТЫ ОРОФАРИНГЕАЛЬНОЙ ЗОНЫ И КИШЕЧНИКА У ДЕТЕЙ С РЕКУРРЕНТНЫМИ РЕСПИРАТОРНЫМИ ИНФЕКЦИЯМИ

Курдюкова Т.И., Красноруцкая О.Н.

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

*Ключевые слова:* микробиота; респираторные инфекции; бактерии

*Актуальность.* Заболеваемость рекуррентными респираторными инфекциями (РРИ) у детей стремительно увеличивается с каждым годом и составляет более 50% общего числа болезней. Патогенез РРИ основан на несостоятельности звеньев иммунной системы, преимущественно вызванной нарушениями иммунного гомеостаза слизистых оболочек, коррекция которых возможна благодаря адекватной колонизационной резистентности барьерных систем растущего организма. В связи с этим представляется актуальным анализ микробиотического фактора кишечного и респираторного биотопов, поиск возможных патогенетических связей состава микробиоты с частыми случаями возникновения острых респираторных инфекций у детей.

*Цель:* определить особенности микробиоты у детей с РРИ и установить изменения микробиоты верхних дыхательных путей и кишечника при острых респираторных инфекциях.

*Материалы и методы.* Комплексно обследовано 90 детей в возрасте от 1 года до 6 лет включительно: мальчиков было 46 (51%), девочек — 44 (49%). Основную группу составили 60 детей, преимущественно это были пациенты из группы часто болеющих детей, референтную группу составили 30 условно здоровых детей. В период клинического благополучия у всех наблюдавшихся детей проводили заборы мазков с задней стенки глотки, а также получали образцы кала для качественного и количественного анализа состава микробиоты орофарингеальной зоны и кишечника соответственно методом генетического секвенирования региона V3–V4 гена *16S* рибосомальной РНК и последующего биоинформатического анализа данных.

*Результаты.* Установлено значимое уменьшение микробного разнообразия состава микробиоты орофарингеальной зоны и кишечника у детей основной группы при сравнении с условно здоровыми детьми. В обеих группах детей доминирующими энтеротипами являются *Firmicutes* и *Bacteroidota* (до 96% состава всей микробиоты). В микробиоте орофарингеальной зоны детей основной группы преобладали *Haemophilus influenzae/parainfluenzae* (до 60%), *Neisseria meningitidis/subflava* (до 30%), *Streptococcus anginosus/australis/pneumoniae/pseudopneumoniae* (до 25%). При этом в микробиоте кишечника детей основной группы существенно уменьшено количество *Bifidobacterium* (менее 1,5%), отсутствуют или крайне снижены *Lactobacillus* (менее 0,2%). В кишечной микробиоте детей с РРИ отсутствуют или крайне уменьшено число бактерий продуцентов масляной кислоты (бутирата): бактерии рода *Roseburia* — менее 0,5–3,0%, *Faecalibacterium* — менее 5,5%, *Anaerostipes* — менее 0,1–1,5%. Установлено также, что в кишечной микробиоте детей данной группы отсутствуют или крайне снижено число рода *Ruminococcus* (менее 0,1%), ответственных за синтез короткоцепочечных жирных кислот (пропионат и ацетат), обладающих противовоспалительным действием.

*Заключение.* У детей основной группы установлен микробный дисбаланс между бактериями, продуцирующими про- и противовоспалительные факторы, а также выявлено крайне низкое содержание или отсутствие бактерий продуцентов масляной кислоты — ключевого противовоспалительного метаболита, участвующего в поддержании иммунного гомеостаза, предотвра-

щающего повышенную кишечную проницаемость, снижающего системное воспаление, что уменьшает резистентность слизистых оболочек к действию микробных агентов.

\* \* \*