**Разновидность микробиоты орофарингеальной зоны у больных хронической обструктивной болезни легких**

**Авторы:** Эгамбердиева Д.А., Сайпназарова Х.Б.

**РЕЗЮМЕ**

**Разновидность микробиоты орофарингеальной зоны у больных хронической обструктивной болезни легких**

Микробиота (или микрофлора) человека представляет собой все микроорганизмы, которые обитают на поверхности и внутри нашего организма. Основными частями микробиоты человека являются бактерии, вирусы, грибы, дрожжи и простейшие организмы.

Недостаточно изученными остаются вопросы, касающиеся орофарингеальной микробиоты в зависимости от тяжести течения ХОБЛ, ее фенотипов, частоты обострений и особенностей коморбидного фона.

**Ключевые слова:** хроническая обструктивная болезнь легких, коморбидные заболевания

**SUMMARY**

**Variety of microbiota of the oropharyngeal zone in patients with chronic obstructive pulmonary disease**

The microbiota (or microflora) of aperson is all microotganisms that live on the surface and inside our body. The main frequencies of the human microbiota are bacteria, viruses, fungi, pests and simple organisms.

The issues concerning the oropharyngeal microbiota, depending on the severity of COPD, its phenotypes, the frequency of exacerbations and the characteristics of the comorbid background, remain insufficiently studied.

**Keywords**: chronic obstructive pulmonary disease, comorbid diseases

Микробиота (или микрофлора) человека представляет собой все микроорганизмы, которые обитают на поверхности и внутри нашего организма. Основными частями микробиоты человека являются бактерии, вирусы, грибы, дрожжи и простейшие организмы.

Изменение состава нормальной микробиоты приводят к серьезным заболеваниям, таким как: сердечно-сосудистые заболевания (хроническая сердечная недостаточность), нарушения обмена веществ (ожирение, сахарный диабет 2-го типа), аутоиммунные заболевания (целиакия, болезнь Крона, неспецифический язвенный колит) и особенно респираторные заболевания (хронический обструктивный болезнь легких, бронхиальная астма).

В настоящий момент установлено, что в норме бронхиальное древо колонизировано разнообразными микроорганизмами. Роль микробиоты в той или иной степени определена для многих респираторных заболеваний. Изменения их состава (качественного и количественного) приводят к различным заболеваниям органов дыхания, в том числе, к хронической обструктивной болезни легких.

Дыхательные пути у больных хронической обструктивной болезнью легких часто колонизированы такими микроорганизмами, как Haemophilus influenzae, Haemophilus spp., Moraxella catarrhalis, Streptococcus pneumoniae, на поздних стадиях заболевания присоединяются Pseudomonas spp, Klebsiella spp.

В ротоглотке выделяют облигатные микроорганизмы: α и γ- гемолитические стрептококки (105-106КОЕ/мл), нейссерии (104-107 КОЕ/мл), лактобациллы и бифидобактерии (102-106 КОЕ/мл). В составе факультативной микрофлоры допустимо выделение в небольшом количестве (≤10⁴КОЕ/мл) стафилококков, непатогенных типов гемофильной палочки и нетоксигенных видов коринобактерий в пределах 5-46%. В единичных случаях в количестве 102 -103 КОЕ/мл могут обнаруживаться микроорганизмы транзиторной группы - энтеробактерии, псевдомонады, β-гемолитические стрептококки групп В, энтерококки и дрожжеподобные грибы.

Хроническая обструктивная болезнь легких (ХОБЛ) является одним из наиболее распространенных заболеваний бронхолегочной системы среди взрослого населения, приводящей к существенному снижению качества жизни, ранней инвалидизации и высокой смертности больных. Хроническая обструктивная болезнь легких (ХОБЛ) имеет много общих черт с астмой и является четвертой по значимости причиной смерти во всем мире.

**Цель исследования:** исследоватьвариабельность состава орофарингеальной микробиоты по степени тяжести у пациентов ХОБЛ в стабильном периоде.

**Материалы и методы:** В исследование были включены 32 больных с верифицированным диагнозом ХОБЛ. Из них мужчины 23 (72%) и женщины 9 (28%) поступившие в отделение пульмонологии РСНПМЦТ и МР в 2020 год. Средний возраст больных составил 62,5±2,65 лет для мужчин, 68,4±4,34 лет для женщин.

Для получения микробиоты верхних дыхательных путей использован метод орофарингеальных мазков по стандартной методике с применением стерильного ватного тампона, помещенного в пробирку.

Все участники характеризовались отсутствием обострений и приема системных антибактериальных препаратов (АБП) на протяжении предшествующих 3 недель и более.

**Результаты исследовании.** Результаты нашего исследования показали, что при изучении микробиоты ротоглотки у пациентов с ХОБЛ разной степени тяжести с помощью бактериального посева их качественный и количественный состав отличался друг от друга. Streptococcus, Veillonella и Prevotella широко представлены в исследуемом материале и составляют 12% или более от общего числа микроорганизмов. Porphyromonas, Fusobacterium, Haemophilus, Actinomyces, Rothia, Neisseria, Leptotrichia 2-8% микроорганизмов бактериальной культуры. По степени тяжести заболевания количество микробиоты бывают разными. Число протобактерии в орофарингеальных мазков меньше у больных ХОБЛ тяжелый и очень тяжелый степени со сравнением больных с ХОБЛ средний степени тяжести (9,17±7,53% и 11,67±7,48%).

Наоборот, у больных среднетяжелой степени ХОБЛ в анализе мазка встречалось более высокое содержание бактерий рода Haemophilus.

**Заключение.** В зависимости от состава микроорганизма можно определить степень тяжести хронической обструктивной болезни легких. Изменения их качественного и количественного состава показывают нам тяжесть заболевания и степень состояния пациента. По полученным результатам можно рассмотреть тактику лечения.

**Литературы:**

1. Федосенко С.В., Огородова Л.М., Фрейдин М.Б., Салтыкова И.В., Куликов Е.С., Деев И.А., Кириллова Н.А., Селиванова П.А., Балашева И.И. Состав сообщества микроорганизмов нижних дыхательных путей при хронической обструктивной болезни легких. – Клиническая

медицина. – 2014. – 8: 26–32.

2. Hilty M., Burke C., Pedro H., Cardenas P. et al. Disordered microbial communities in asthmatic airways // PLoS One. 2010. 5 (1):e8578.

**3.**Сетхи С., Эванс Н., Грант Б.Дж., Мерфи Т.Ф. (2002) Новые штаммы бактерий и обострения хронической обструктивной болезни легких. N Engl J Med 347: 465–471.

**4.**Murray PR, Rosenblatt JE (1976). Бактериальное вмешательство в ротоглоточные и клинические изоляты анаэробных бактерий. J Infect Dis 134: 281–285.

5. Смит Н.Х., Холмс Е.С., Донован Г.М., Карпентер Г.А., Спратт Б.Г. (1999) Сети и группы в роду Neisseria: анализ последовательностей argF, recA, rho и 16S рРНК из видов Neisseria человека. Мол Биол Эвол 16: 773–783

6. Karnaushkina M.A., Fedosenko S.V., Sazonov A.E., Petrov V.A., Ovsyannikov D.Yu., Ogorodova L.M. Microbiological oropharyngeal patterns in patients with different phenotypes of chronic obstructive pulmonary disease. Sovremennye tehnologii v medicine 2018; 10(2): 101–109.

7. Wu D., Hou C., Li Y., Zhao Z., Liu J., Lu X., Shang X., Xin Y. Analysis of the bacterial community in chronic obstructive pulmonary disease sputum samples by denaturing gradient gelelectrophoresis and real-time PCR. - BMC Pulm Med. 2014. - 14:179.