

Василевский И.В.

ТАЙНЫ ЛЕГОЧНОГО МИКРОБИОМА ПОСТЕПЕННО РАСКРЫВАЮТСЯ

Белорусский государственный медицинский университет, Минск, Беларусь

Проанализированы результаты исследований об особенностях легочного микробиома и его роли в патогенезе респираторных вирусных заболеваний у детей. Используются современные литературные данные по изучаемому вопросу. Тайны легочного микробиома постепенно раскрываются. Микробиом легких состоит из бактериома, микобиома и вирома. Среди бактериомов наиболее распространенными родами являются *Streptococcus*, *Veillonella* и *Prevotella*. Микобиом менее многочисленный, с преобладанием *Candida*. Фаги, с другой стороны, доминируют в виrome в дополнение к присутствию небольшого количества респираторных вирусов. Легочный микробиом обладает уникальной характеристикой подвижности, которая создается механизмами клиренса дыхательной системы. Кашель, движение респираторных ресничек, фагоцитоз макрофагов и альвеолярных поверхностно-активных веществ составляют механизмы очистки дыхательной системы, придавая селективность микробиому легких [Li R. с соавт., 2024].

Исследования показали, что обитатель легочного микробиома не является постоянным, а динамически меняется в зависимости от иммунного ответа организма и миграционных движений верхних дыхательных путей [Hilty M. с соавт., 2010]. Микробиом легких участвует во врожденном и адаптивном иммунитете; он может способствовать антимикробной активности макрофагов через АФК, индуцировать иммунные клетки вырабатывать цитокины, такие как TNF- α , IL-6, IL-10 и IL-17, или ингибировать передачу сигналов TLR4. Реакция адаптивного иммунитета в легких определяет прогрессирование заболевания и, таким образом, влияет на экологический баланс микробиома. Нейтрофильное воспаление у детей с затяжным бактериальным бронхитом (ЗББ) связано с множественностью микробиома. Обнаруженная корреляция между бактериальной биомассой и маркерами воспаления позволяет предположить, что воспаление ЗББ не связано с каким-то одним патогенным видом [Marsh R. L. с соавт., 2019]. Бронхит с признаками, связанными с *Prevotella*, имеет симптомы, сходные с симптомами бронхита с преобладанием патогенных бактерий. Микробиом легких тесно связан с прогнозом бронхита. У детей с ЗББ инфицирование нижних дыхательных путей *H. influenzae* увеличивало скорость дилатации бронхов в 7 раз [Wurzel D. F. с соавт., 2016]. Исследования детей с острыми респираторными инфекциями показали,

что *M. catarrhalis* связана с кашлем у детей, продолжавшимся 28 дней [O'Grady K. F. с соавт., 2017]. Ранние исследования ЗББ также указывали на существенный вклад *Neisseria* и *Streptococcus* в формировании затяжного процесса в бронхах [Cuthbertson L. с соавт., 2017].

Микробиом легких также является важным фактором при облитерирующем бронхоолите (ОБ). В исследовании пациентов с ОБ у всех у них наблюдалось меньшее респираторное сообщество, в котором доминировали *Aspergillus*, а бактериальное разнообразие временно уменьшалось при ОБ и коррелировало с нейтропенией и лечением антибиотиками [Metwally A. A. с соавт., 2020]. Более того, особенности микробиома можно использовать для оценки прогноза ОБ. Например, богатый грамположительными микроорганизмами легочный микробиом может предсказать устойчивость ОБ к проводимой терапии [Schott C. с соавт., 2018].

Выводы. Накопление новых знаний о легочном микробиоме позволит оптимизировать процесс определения цели лечения острых и хронических заболеваний легких и может способствовать разработке новых терапевтических стратегий, включая лечение острых респираторных заболеваний у детей.

(Опубликовано: Журнал инфектологии. – 2025. – Том 17. - №3. - Приложение 1. – С.37.)