

СОСТОЯНИЕ МИКРОБИОЦЕНОЗА ПОЛОСТИ РТА У ДЕТЕЙ НА ФОНЕ ОСТРОГО ТОНЗИЛЛИТА



Насирова Гулмира Рамзитдиновна

Ташкентский государственный медицинский университет, Республика Узбекистан, г. Ташкент

БОЛАЛАРДА ЎТКИР ТОНЗИЛЛИТДА ОҒИЗ БЎШЛИҒИ МИКРОБИОЦЕНОЗИНИ ЎЗИГА ХОСЛИҒИ

Насирова Гулмира Рамзитдиновна

Тошкент давлат тиббиёт университети, Ўзбекистон Республикаси, Тошкент ш.

THE STATE OF THE ORAL MICROBIOCENOSIS IN CHILDREN WITH ACUTE TONSILLITIS

Nasirova Gulmira Ramziddinova

Tashkent State Medical University, Republic of Uzbekistan, Tashkent

e-mail: info@tsmu.uz

Резюме. Оғиз ва ҳалқум тизими аъзоларининг турли касалликларида оғиз бўшлиғи микробиотасида юз берадиган ўзгаришларни ўрганиш замонавий тиббиётнинг долзарб йўналишларидан бири ҳисобланади. Мазкур мақолада турли патологик ҳолатларда, хусусан болаларда учрайдиган ўткир тонзиллитда, оғиз бўшлиғи микробиотасини ўрганишга бағишланган илмий манбалар таҳлили тақдим этилган. Таҳлилга сўнги тўққиз йил давомида маҳаллий, шунингдек яқин ва узоқ хорижий олимлар томонидан чоп этилган илмий-адабий маълумотлар киритилган. Илмий маълумотларни умумлаштириш натижасида оғиз бўшлиғи микрофлорасини ўрганиш замонавий болалар оториноларингологияси ва педиатриясининг муҳим ва истиқболли йўналишларидан бири бўлиб қолмоқда, деган хулосага келинди. Айниқса, бутун дунё бўйлаб COVID-19 пандемияси даврида ушбу муаммонинг долзарблиғи ошди, чунки ўткир тонзиллит мазкур касалликнинг клиник белгиларидан бири сифатида кўзатилиши мумкин. Шу муносабат билан оғиз бўшлиғи микробиотасининг турли касалликларда қандай ўзгаришини ўрганиш муҳим аҳамият касб этади.

Калим сўзлар: болалар, ўткир тонзиллит, микробиота, оғиз бўшлиғи, бактериялар.

Abstract. The study of the oral cavity microbiota in diseases of the oropharyngeal organs has become one of the most relevant areas of modern medicine. This article presents an analysis of scientific literature data on the characteristics of the oral microbiota in various pathological conditions, with particular emphasis on acute tonsillitis in children. The review includes publications from the last nine years by both domestic and international researchers. Based on the analysis of current scientific literature, it was concluded that investigation of the oropharyngeal microbial flora remains a topical direction in modern pediatric otolaryngology and pediatrics. This issue has gained particular significance during the COVID-19 pandemic, as acute tonsillitis is often observed as one of the clinical manifestations of this condition.

Keywords: children, acute tonsillitis, microbiota, oral cavity, bacteria.

Проблема диагностики, лечения и профилактики острого тонзиллита и связанная с ними заболевания детского возраста остаётся одним из актуальных направлений современной педиатрии. При этом изучение особенностей изменения микробиота полости рта при острых и хронических заболеваниях у детей также остаётся одним из актуальных вопросов медицины [2].

Микробиота полости рта человека недавно привлекла внимание к эпидемиологическим исследованиям здоровья и исходов болезней. Было показано, что микробы, проживающие в полости

рта, участвуют не только в развитии заболеваний полости рта, таких как кариес и заболевания пародонта [10, 15], но также и в системных заболеваниях, включая рак, сердечно-сосудистые заболевания, пневмонию и диабет [14,21]. Хотя доказательства многообещающие, многие из этих исследований были ограничены небольшими размерами выборки, проектами перекрестных исследований и выборками из отдельных временных точек суток [30].

По данным Pfaffe T et al., (2011), за последние 10 лет использование слюны в качестве диа-

гностической жидкости привлекло внимание и стало историей успеха трансляционных исследований, но и было продемонстрировано, что некоторые из современных нанотехнологий обладают аналитической чувствительностью, необходимой для использования слюны в качестве диагностической среды для обнаружения и прогнозирования прогрессирования заболевания [26]. В данное время идёт интеграция этой технологии в клиническую практику и рабочий процесс врача.

Одновременно следует разделить понятие микробиом и микробиот полости рта. В частности, микробиота — это собирательное название микроорганизмов, находящихся в симбиозе с человеком, а совокупность разнообразия генов человеческой микробиоты называется микробиомом.

Термин «микробиом» был предложен Joshua Lederberg, лауреатом Нобелевской премии, для обозначения совокупности симбиотических, комменсальных и потенциально патогенных микроорганизмов, образующих единое экологическое сообщество в организме человека [15].

Согласно данным Захаровой И.Н. (2016), микробиом представляет собой сложную и динамичную совокупность микроорганизмов, населяющих как внутренние среды, так и поверхность тела человека. Индивидуальный микробиом является уникальным для каждого человека и по количеству клеток в десятки раз превосходит собственные клетки организма, а по генетическому разнообразию — примерно в 100 раз превышает человеческий геном.

В свою очередь, термин «микробиота» применяется для описания микробных сообществ, характерных для отдельных органов и систем, таких как микробиота кишечника, кожи, плаценты, грудного молока и других биотопов организма [3].

Само понятие «микробиота полости рта» является синонимичным понятию микрофлоры полости рта и объединяет совокупность микроорганизмов, обнаруживаемых в полости рта человека [13]. При этом, микробиота полости рта был впервые идентифицирован голландцем Antony van Leeuwenhoek, который первым идентифицировал микробиота полости рта с помощью регулярного исследования полости рта с помощью построенного им микроскопа, [31], которого называли отцом микробиологии и пионером, открывшим как простейших организмов, так и бактерии [17]. В частности, в 1674 году он наблюдал за своим зубным налётом и сообщил, что «маленькие живые анималькулы красиво движутся» [17,20]. После кишечника ротовая полость является вторым по величине микробным сообществом человека, и по сравнению с другими участ-

ками тела они демонстрируют поразительное разнообразие.

По квалификационной характеристике микробиота человека состоит из основного и изменчивого микробиота. Основной микробиота является общим для всех людей, тогда как изменчивый микробиот уникален для отдельных людей в зависимости от образа жизни и физиологических различий. Одновременно, основной микробиота состоит из преобладающих видов, которые существуют в разных частях тела в здоровых условиях. Изменчивая микробиота эволюционировала в ответ на уникальный образ жизни и генотипические детерминанты и присущ только данному человеку [33].

Одновременно, физиология и экология микробиота тесно связаны с физиологией и экологией хозяина, и данный фактор может оказать решающее влияние на уровень здоровья или прогрессирование заболевания в организме человека [19].

Микробиота полости рта представляет собой динамично развивающееся и научно значимое направление современных исследований. Она играет ключевую роль в поддержании здоровья, поскольку способна участвовать как в развитии стоматологических, так и системных заболеваний. Микроорганизмы ротовой полости преимущественно существуют в составе биопленок, локализованных на различных участках, формируя сложную экосистему, которая в условиях микробного равновесия способствует сохранению физиологического гомеостаза. Вместе с тем нарушения этого равновесия создают условия для активации патогенных микроорганизмов и развития заболеваний. Подобные изменения микробного состава обозначаются как дисбактериоз полости рта.

Определение характеристик микробиоты в состоянии нормы является исходным этапом изучения микробиома человека. В дальнейшем важным направлением исследований становится анализ роли микробных сообществ в перестройке функциональных и метаболических путей, ассоциированных с патологическими процессами.

Одновременно, по данным Ж.В. Вечеркина и соавторов (2020), формирование резидентной микрофлоры полости рта на протяжении жизни человека находится в тесной зависимости от ряда факторов. К ним относятся индивидуальные особенности строения слизистой оболочки, наличие патоморфологических изменений, пищевые привычки, уровень и характер гигиены полости рта, особенности биомеханики жевательного аппарата, а также количественные и качественные характеристики слюны и ее секреции, особенно при использовании ортопедических стоматологических конструкций [1].

В настоящее время исследования микробиоты находятся на этапе интенсивного и всестороннего изучения. Несмотря на большое количество научных работ и постоянно пополняющийся массив данных, результаты различных исследований нередко демонстрируют противоречия. Это может быть обусловлено различиями в применяемых методах исследования, подходах к стандартизации, объемах выборок и других методологических аспектах. В этой связи актуальной задачей является проведение масштабных исследований с большими выборками, охватывающих различные биотопы в условиях нормы и патологии, что позволит сформировать согласованные модели и получить более воспроизводимые данные. Такой подход создаст предпосылки для выявления надежных биомаркеров и развития таргетной и персонализированной медицины в клинической практике [12].

Ротовая полость включает два основных типа поверхностей, доступных для бактериальной колонизации: твердые ткани зубов и мягкие ткани слизистой оболочки [34]. Зубы, язык, слизистая щек, десневые борозды, миндалины, твердое и мягкое небо представляют собой благоприятные биотопы для роста микроорганизмов. Поверхность слизистой оболочки полости рта густо заселена бактериями, которые объединяются в организованные микробные сообщества — биопленки [9,3].

Полость рта и анатомически связанные с ней отделы носоглотки формируют оптимальные условия для жизнедеятельности микроорганизмов. Средняя температура в полости рта составляет около 37 °С и отличается относительной стабильностью, что способствует выживанию и размножению бактерий. Слюна характеризуется устойчивым уровнем рН в пределах 6,5–7, что является благоприятным для большинства микробных видов. Кроме того, она обеспечивает увлажнение микроорганизмов и служит транспортным средством для доставки питательных веществ, необходимых для их метаболической активности [18].

Как правило, ротовая полость новорожденного считается стерильной, несмотря на высокую вероятность микробной контаминации. С началом первого кормления происходит регулярное поступление микроорганизмов в полость рта, что запускает процесс формирования резидентной микрофлоры [20].

Микроорганизмы, которые заселяют ротовую полость сразу после рождения, относят к так называемым видам-первопроходцам; типичным примером является *Streptococcus salivarius*. На ранних этапах микробное сообщество представлено преимущественно аэробными микроорганизмами первой волны колонизации, включая

Streptococcus, *Lactobacillus*, *Actinomyces*, *Neisseria* и *Veillonella*. С началом прорезывания зубов эти бактерии получают возможность заселять неслющающиеся поверхности. После появления всех зубов количество доступных для адгезии участков значительно увеличивается, формируются десневые борозды, создающие условия для колонизации пародонтальных микроорганизмов. Зубной налёт накапливается на различных участках зубов — гладких поверхностях, в ямках и фиссурах, что способствует формированию разнообразных микробных сообществ. В результате развивается высокая видовая вариабельность и сложная микробная последовательность. В пожилом возрасте, при полной утрате зубов, состав микрофлоры вновь становится сходным с микробиотой полости рта детей до периода прорезывания зубов [27].

Одновременно микроорганизмы способны формировать мультиродовые сообщества, прикрепляясь не только к тканям полости рта, но и друг к другу. Состав и устойчивость таких сообществ во многом определяются специфическими межмикробными взаимодействиями и партнерскими связями [16]. На их формирование влияют избирательная адгезия к поверхности зубов и эпителию, межклеточные взаимодействия как фактор раннего состава сообщества, а также метаболические контакты между микроорганизмами, приводящие к изменению локальной среды, что может рассматриваться как начальный этап развития заболеваний полости рта [24].

Ротовая полость характеризуется присутствием широкого спектра микроорганизмов и находится в постоянном контакте с внешней средой, что делает её особенно чувствительной к воздействию экзогенных факторов [11]. Различные поверхности во рту преимущественно заселяются аутохтонными бактериями благодаря наличию специфических адгезинов на их поверхности, которые связываются с комплементарными рецепторами тканей полости рта [5].

Нормальная микробиота полости рта включает бактерии, грибы, вирусы, археи и простейших. Однако большинство исследований сосредоточено преимущественно на бактериальном компоненте (бактериоме), тогда как сведения о грибковой составляющей — микобиоме — остаются ограниченными [34].

На сегодняшний день ротовая полость считается одним из наиболее подробно изученных микробных биотопов организма человека: для 392 штаммов уже определены эталонные геномы, а общее количество известных геномов микроорганизмов полости рта приближается к 1500 [22]. Кроме того, в ротовой полости идентифицировано около 700 видов прокариотических микроорганизмов, относящихся к 185 родам и 12 типам. При этом примерно 54% видов имеют официаль-

ное таксономическое название, 14% культивируются, но не имеют названия, а около 32% известны лишь как некультивируемые филоциты [35].

К числу идентифицированных типов относятся Firmicutes, Fusobacteria, Proteobacteria, Actinobacteria, Bacteroidetes, Chlamydiae, Chloroflexi, Spirochaetes, SR1, Synergistetes, Saccharibacteria (TM7) и Gracilibacteria (GN02) [25].

В исследовании Ahn J. и соавт. (2017) было показано, что основные филумы (Firmicutes, Proteobacteria, Bacteroidetes, Actinobacteria и Fusobacteria) выявлялись с высокой степенью согласованности при использовании двух независимых методов ($r = 0,70-0,86$). Пиросеквенирование гена 16S рНК позволило идентифицировать 77 родов микроорганизмов, тогда как метод НОММ — 49; при этом 37 родов были общими для обоих подходов. Более 98% классифицированных бактерий относились именно к этим 37 родам. Высокая степень совпадения и корреляции отмечалась для наиболее распространённых родов, таких как Streptococcus, Veillonella, Leptotrichia, Prevotella и Haemophilus (корреляция $0,70-0,84$). Таким образом, профили микробных сообществ, полученные с использованием пиросеквенирования 16S рНК и НОММ, демонстрировали тесную корреляцию на уровне филумов и родов наиболее часто встречающихся таксонов [7].

При этом, как отмечают ряд исследователей, микробное разнообразие является строго индивидуальным и зависит от конкретного биотопа, несмотря на общее сходство микробиоты. Так, поверхность языка, благодаря наличию многочисленных сосочков и участков с пониженным содержанием кислорода, характеризуется высокой микробной вариабельностью и включает значительное количество анаэробных микроорганизмов. В то же время слизистая оболочка щек и твердого неба относится к зонам с наименьшим микробным разнообразием [4,29,35].

Микробиота полости рта отличается способностью к быстрым и выраженным изменениям как по составу, так и по функциональной активности в пространственном и временном аспектах, динамично адаптируясь к условиям организма хозяина. Такая сложная неравновесная динамика обусловлена множеством факторов, включая режим питания, частоту приема пищи, колебания рН среды, межмикробные взаимодействия, а также генетические изменения, мутации и процессы горизонтального переноса генов, способствующие формированию новых фенотипических свойств микроорганизмов [22,32].

Между микроорганизмами, населяющими полость рта, формируются устойчивые симбиотические взаимоотношения, основанные на взаимной выгоде. Комменсальные микроорганизмы, не

нанося вреда организму хозяина, ограничивают рост и адгезию потенциально патогенных видов к слизистой оболочке. Патогенные свойства бактерии приобретают, как правило, лишь при нарушении этого защитного барьера, что приводит к развитию инфекционного процесса и заболевания [8].

В здоровой полости рта преобладают определенные роды бактерий. Среди грамположительных микроорганизмов выявляются кокковые формы (абиотрофия, пептострептококки, стрептококки, стоматококки) и палочковидные бактерии, включая Actinomyces, Bifidobacterium, Corynebacterium, Eubacterium, Lactobacillus, Propionibacterium, Pseudoramibacter и Rothia. Грамотрицательная микрофлора представлена кокками рода Moraxella, Neisseria, Veillonella и палочками, такими как Campylobacter, Capnocytophaga, Desulfobacter, Desulfovibrio, Eikenella, Fusobacterium, Haemophilus, Leptotrichia, Prevotella, Selemonas, Simonsiella, Treponema и Wolinella [20].

Наряду с бактериями, в ротовой полости присутствуют и другие микроорганизмы, включая простейших, грибы и вирусы. Наиболее часто встречающимися простейшими являются Entamoeba gingivalis и Trichomonas tenax, которые преимущественно относятся к сапрофитной флоре. Среди грибов доминируют представители рода Candida, являющиеся наиболее распространенными эукариотическими микроорганизмами полости рта.

Так, в исследовании Sharma N. и соавт. (2018), проведенном с использованием культурально-независимых методов у двадцати здоровых добровольцев, было выявлено 85 родов грибов. Наиболее часто обнаруживались представители родов Candida, Cladosporium, Aureobasidium, Saccharomycetales, Aspergillus, Fusarium и Cryptococcus [28].

Среды обитания микроорганизмов в полости рта характеризуются самым высоким уровнем альфа-разнообразия среди всех биотопов человеческого организма, что отражает их значительное функциональное и таксономическое богатство. Более низкие показатели альфа-разнообразия наблюдаются в микробиоте кожи и влагалища. При этом для оральных биотопов характерно минимальное бета-разнообразие при сравнении аналогичных участков у разных людей, что указывает на относительную однородность микробных сообществ полости рта по сравнению с другими анатомическими зонами [23].

Как правило, микробиота полости рта организована в виде биопленок, которые играют ключевую роль в поддержании орального гомеостаза, обеспечивают защитные механизмы слизистой

оболочки и препятствуют развитию патологических процессов.

Знание идентичности микробиота и соседей, с которыми они обычно взаимодействуют, необходимо для понимания механизмов воздействия некоторых ключевых факторов развития заболеваний [14].

По данным Yamashita Y, Takeshita T (2017), Микробиота ротовой полости отражает состояние полости рта и системные состояния, которые включают виды *Prevotella* и *Veillonella*, были связаны с плохим здоровьем полости рта, высоким индексом массы тела [31].

В тоже время по данным Acharya A et al., (2017), имеется данные связывающие патологии дыхательных путей и изменениями микробиота полости рта, особенно это отражается в исследованиях патологии внутренних органов [6].

При изучении микробиота полости рта при респираторных заболеваниях, по данным И.В.Николаевой с соавторами (2016), было определено решающая роль таких микроорганизмов, как *Strept. pyogenes*, *Haemophilus influenzae*, *Strept. pneumoniae*, *Moraxella catarrhalis*, *S. aureus* и др., на слизистой верхних дыхательных путей [4].

В данных условиях по результатам бактериологических исследований у детей старше 3 лет была выявлена нормальная микрофлора ротоглотки. Индигенная (постоянная) микробиота была представлена преимущественно непатогенными микроорганизмами, среди которых обнаруживались *Neisseria spp.* (6,6%), *Staphylococcus epidermidis* (5,6%), *Streptococcus haemolyticus* (1,4%) и *Streptococcus viridans* (2,8%).

У часто болеющих детей при посевах из ротоглотки было идентифицировано 15 видов условно-патогенных микроорганизмов. Наиболее часто встречались *Staphylococcus aureus* (31%), *Haemophilus influenzae* (11,3%), *Streptococcus pyogenes* (11,3%) и *Streptococcus pneumoniae* (8,4%). Реже слизистая оболочка ротоглотки колонизировалась *Haemophilus parainfluenzae* (2,8%), *Enterobacter cloacae* (5,6%), *Moraxella catarrhalis* (2,8%), *Stenotrophomonas maltophilia* (2,8%), *Acinetobacter lwoffii* (1,4%), *Pseudomonas aeruginosa* (2,8%), *Escherichia coli* (1,4%), *Klebsiella pneumoniae* (2,8%), *Klebsiella oxytoca* (1,4%), *Klebsiella ornithinolytica* (1,4%) и *Candida albicans* (1,4%) [4].

Микробные сообщества, населяющие организм человека, играют ключевую роль в реализации важнейших физиологических, метаболических и иммунологических процессов. К их функциям относятся участие в переваривании пищи и обеспечении организма питательными веществами, продукции энергии, дифференцировке и созревании слизистых оболочек и иммунной систе-

мы хозяина. Кроме того, микробиота задействована в регуляции жирового обмена и метаболизма, биотрансформации и детоксикации химических соединений, поступающих из окружающей среды, а также в обеспечении барьерной функции кожи и слизистых оболочек. Существенное значение имеет ее роль в поддержании иммунного гомеостаза, баланса между провоспалительными и противовоспалительными реакциями, формировании колонизационной резистентности и предотвращении внедрения и размножения патогенных микроорганизмов [12].

Заключение. На основании представленных данных можно сделать вывод, что изучение микробиоты ротоглотки является одним из приоритетных и актуальных направлений современной детской оториноларингологии и педиатрии. Особую значимость данная проблема приобрела в период пандемии COVID-19, поскольку острый тонзиллит нередко выступает одним из клинических проявлений данной инфекции и развивается на фоне транзиторного снижения иммунной реактивности у детей. Исследование изменений микробного сообщества ротоглотки при данной патологии способствует более глубокому пониманию механизмов воспалительного процесса и открывает перспективы для совершенствования диагностики, лечения и профилактики острых воспалительных заболеваний ротоглотки в детском возрасте.

Литература:

1. Вечеркина Ж. В., Шалимова Н. А., Чиркова Н. В., Морозов А. Н., Попова Т. А. Анализ этиопатогенеза дисбиоза в стоматологии (обзор литературы) // Вестник новых медицинских технологий. — 2020. — № 3. — С. 11–19. doi: 10.24411/1609-2163-2020-16684
2. Волков Е. А., Половец М. Л., Исаджанян К. Е., Пашкова Г. С., Никитин В. В., Попова В. М., Жиленков Е. Л. Изучение особенностей микрофлоры пациентов с заболеваниями слизистой оболочки полости рта. Оценка эффективности применения средства на основе бактериофагов «Фагодент» в комплексном лечении хронического афтозного стоматита и красного плоского лишая // Исследования и практика в медицине. — 2015. — Т. 2, № 4. — С. 50–58.
3. Захарова И. Н. Микробиом, микробиота. Что нового? // Медицинский совет. — 2016. — № 16. — С. 92–97. doi: 10.21518/2079-701X-2016-16-92-97
4. Николаева И. В., Герасимова Е. С., Павлова Т. Ю. Эффективность мирамистина в коррекции нарушений микробиоценоза ротоглотки у часто болеющих детей // Российский педиатрический журнал. — 2016. — Т. 19, № 1. — С. 9–14. doi: 10.18821/1560-9561-2016-19(1)-9-14

5. Aas J. A., Paster B. J., Stokes L. N., Olsen I., Dewhirst F. E. Defining the normal bacterial flora of the oral cavity // *Journal of Clinical Microbiology*. — 2005. — Vol. 43, No. 11. — P. 5721–5732.
6. Acharya A., Chan Y., Kheur S., Jin L. J., Watt R. M., Mattheos N. Salivary microbiome in non-oral disease: A summary of evidence and commentary // *Archives of Oral Biology*. — 2017. — Vol. 83. — P. 169–173. doi: 10.1016/j.archoralbio.2017.07.019
7. Ahn J., Yang L., Paster B. J., Ganly I., Morris L., Pei Z., Hayes R. B. Oral microbiome profiles: 16S rRNA pyrosequencing and microarray assay comparison // *PLoS ONE*. — 2011. — Vol. 6, No. 7. — P. e22788. doi: 10.1371/journal.pone.0022788
8. Avila M., Ojcius D. M., Yilmaz Ö. The oral microbiota: Living with a permanent guest // *DNA and Cell Biology*. — 2009. — Vol. 28, No. 8. — P. 405–411.
9. Benn A., Heng N., Broadbent J. M., Thomson W. M. Studying the human oral microbiome: Challenges and the evolution of solutions // *Australian Dental Journal*. — 2018. — Vol. 63, Suppl. 1. — P. S14–S24.
10. Costalonga M., Herzberg M. C. The oral microbiome and the immunobiology of periodontal disease and caries // *Immunology Letters*. — 2014. — Vol. 162, No. 2. — P. 22–38. doi: 10.1016/j.imlet.2014.08.017
11. Demmitt B. A., Corley R. P., Huibregtse B. M., Keller M. C., Hewitt J. K., McQueen M. B., et al. Genetic influences on the human oral microbiome // *BMC Genomics*. — 2017. — Vol. 18. — P. 659.
12. Deo P. N., Deshmukh R. Oral microbiome: Unveiling the fundamentals // *Journal of Oral and Maxillofacial Pathology*. — 2019. — Vol. 23, No. 1. — P. 122–128. doi: 10.4103/jomfp.JOMFP_304_18
13. Gao L., Xu T., Huang G., Jiang S., Gu Y., Chen F., et al. Oral microbiomes: More and more importance in oral cavity and whole body // *Protein & Cell*. — 2018. — Vol. 9, No. 5. — P. 488–500.
14. Jia G., Zhi A., Lai P. F. H., Wang G., Xia Y., Xiong Z., Zhang H., Che N., Ai L. The oral microbiota — a mechanistic role for systemic diseases // *British Dental Journal*. — 2018. — Vol. 224, No. 6. — P. 447–455. doi: 10.1038/sj.bdj.2018.217
15. Kilian M., Chapple I. L. C., Hannig M., Marsh P. D., Meuric V., Pedersen A. M. L., Tonetti M. S., Wade W. G., Zaura E. The oral microbiome — an update for oral healthcare professionals // *British Dental Journal*. — 2016. — Vol. 221, No. 10. — P. 657–666. doi: 10.1038/sj.bdj.2016.865
16. Könönen E. Development of oral bacterial flora in young children // *Annals of Medicine*. — 2000. — Vol. 32, No. 2. — P. 107–112.
17. Lane N. The unseen world: Reflections on Leeuwenhoek (1677) 'concerning little animals' // *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*. — 2015. — Vol. 370, No. 1666. — Article 20140344.
18. Lim Y., Totsika M., Morrison M., Punyadeera C. Oral microbiome: A new biomarker reservoir for oral and oropharyngeal cancers // *Theranostics*. — 2017. — Vol. 7, No. 17. — P. 4313–4321.
19. Mark Welch J. L., Rossetti B. J., Rieken C. W., Dewhirst F. E., Borisy G. G. Biogeography of a human oral microbiome at the micron scale // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*. — 2016. — Vol. 113, No. 6. — P. E791–E800.
20. Marsh P. D. Role of the oral microflora in health // *Microbial Ecology in Health and Disease*. — 2000. — Vol. 12, No. 3. — P. 130–137. [год публикации требует уточнения — возможно 2000, а не 2009]

СОСТОЯНИЕ МИКРОБИОЦЕНОЗА ПОЛОСТИ РТА У ДЕТЕЙ НА ФОНЕ ОСТРОГО ТОНЗИЛЛИТА

Насирова Г.Р.

Резюме. Проблема изучения микробиоты полости рта при различных заболеваниях органов ротоглотки является одним из актуальных направлений современной медицины. В статье представлены результаты анализа научно-литературных данных, посвящённых изменениям микробиоты полости рта при ряде патологических состояний, в частности при остром тонзиллите у детей. Проанализированы публикации за последние девять лет отечественных и зарубежных авторов из стран ближнего и дальнего зарубежья. На основании обобщения научных данных сделан вывод о том, что исследование микробиоты ротоглотки остаётся важным и перспективным направлением современной детской оториноларингологии и педиатрии. Особую актуальность данная проблема приобрела в период пандемии COVID-19, поскольку острый тонзиллит нередко выступает одним из клинических проявлений данной инфекции.

Ключевые слова: дети, острый тонзиллит, микробиота, полость рта, бактерии.