

МИКРОБИОТА ПОЛОСТИ РТА ПРИ ОСТРОМ ТОНЗИЛЛИТЕ У ДЕТЕЙ



Турдиева Шохида Толкуновна, Насирова Гулмира Рамзитдиновна
Ташкентский педиатрический медицинский институт, Республика Узбекистан, г. Ташкент

БОЛАЛАРДА ЎТКИР ТОНЗИЛЛИТДА ОҒИЗ БЎШЛИҒИ МИКРОБИОТАСИНИ ЎЗИГА ХОСЛИҒИ

Турдиева Шохида Толкуновна, Насирова Гулмира Рамзитдиновна
Тошкент педиатрия тиббиёт институти, Ўзбекистон Республикаси, Тошкент ш.

FEATURES OF THE ORAL MICROBIOTE IN ACUTE TONZILLITIS IN CHILDREN

Turdieva Shokhida Tolkunovna, Nasirova Gulmira Ramzitdinovna
Tashkent Pediatric Medical Institute, Republic of Uzbekistan, Tashkent

e-mail: shohidahon69@mail.ru

Резюме. Оғиз ва ҳалқум тизими аъзоларининг бир қатор касалликларида оғиз бўшлиғи микробиотасини ўзига хос равишда ўзгаришини ўрганиши муаммоси замонавий тиббиётнинг долзарб йўналишларидан бирига айланмоқда. Мақолада бир қатор патологик жараёнларда, хусусан, болалардаги ўткир тонзиллитда, оғиз микробиотасини ўрганиши бўйича илмий маълумотларни таҳлил қилиши натижалари келтирилган. Сўнги 9 йил давомида маҳаллий, ҳамда яқин ва узоқ хорижий олимлар тамонидан чоп этилган илмий-адабий маълумотлар таҳлили келтирилган. Илмий маълумотларни ўрганиши асосида, оғиз бўшлиғи микрофлорасини ўрганиши замонавий болалар отоларингологияси ва педиатриясининг долзарб йўналишларидан бири бўлиб қолмоқда деган хулосага келинди. Айниқса, ушбу муаммо бутун дунё бўйлаб COVID-19 пандемияси долзарб муаммо бўлиб қолаётган бир вақтда, ушбу касалликнинг клиник белгиларидан бири бу ўткир тонзиллитнинг ривожланишидир. Шу сабаб, оғиз бўшлиғи микробиотаси қай даражада касалликларда ўзгаришини ўрганиши муҳим омил касб этади.

Калит сўзлар: болалар, ўткир тонзиллит, микробиота, оғиз бўшлиғи, бактерия.

Abstract. The problem of studying the microbiota of the oral cavity in many diseases of the oropharyngeal organs is becoming one of the urgent areas of modern medicine. The article presents the results of analyzing scientific data on the study of the oral microbiota in many pathological conditions, particularly in acute tonsillitis in children. Literary data are given for the last 9 years, both domestic and foreign scientists from near and far abroad. Based on the study of scientific and literary data, it was concluded that the study of the microbial flora of the oropharynx remains one of the topical trends in modern pediatric otolaryngology and pediatrics. Especially, this problem has become more relevant with the COVID-19 pandemic around the world, when one of the clinical signs of this pathology is the development of acute tonsillitis.

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 особенности изменение 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 диагностической 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, микро-

биота — это собирательное название микроорганизмов, находящихся в симбиозе с человеком, а совокупность разнообразия генов человеческой микробиоты называется микробиомом.

Термин «микробиом» был введен Joshua Lederberg, лауреатом Нобелевской премии, для описания экологического сообщества симбиотических, комменсальных и патогенных микроорганизмов [15].

По данным Захаровой И.Н., (2016), микробиом представляет собой сообщество бактерий, которое каждый из нас имеет внутри и снаружи своего тела. Микробиом каждого человека является уникальным для него и содержит в десятки раз больше клеток и в 100 раз больше генов, чем собственных генов человеческого организма. Микробиота – это термин, который используется для характеристики микробиоценоза отдельных органов и систем. Например, микробиота кишечника, микробиота кожи, микробиота плаценты, микробиота грудного молока и т. д. [3].

Само понятие “микробиота” полости рта, является синонимом понятия микрофлоры полости рта объединяющие в единую микробиоту обнаруживаемым 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 участками 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. Изменяемая 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 - захватывающая и постоянно расширяющаяся область исследований. Микробиота полости рта имеет решающее значение для здоровья, поскольку может вызывать как заболевания полости рта, так и системные заболевания. Он находится внутри биопленок по всей полости рта и образует экосистему, которая поддерживает здоровье в состоянии равновесия. Однако определенные дисбалансы в этом состоянии равновесия позволяют патогенам проявляться и вызывать болезнь. Нарушение микро-

биота полости рта приводит к дисбактериозу. Идентификация микробиота в состоянии здоровья является первым шагом исследования микробиота человека, после которого необходимо понять роль микробиота в изменении функциональных и метаболических путей, связанных с болезненными состояниями.

Одновременно по данным Ж.В.Вечеркиной с соавторами (2020), существует тесная взаимосвязь формирования резидентной микрофлоры полости рта в течение жизни и таких факторов, как индивидуальные особенности строения слизистой оболочки патоморфологические процессы на слизистой оболочки полости рта, культура питания, гигиенические аспекты, персонафицированная биомеханика жевательного аппарата, количественные и качественные показатели слюны, особенности секреции слюны, особенно при наличии в ротовой полости ортопедических конструкций [1].

Исследования микробиота в настоящее время находятся на всесторонней стадии изучения. Проводится много исследований, и данные постоянно добавляются. Однако результаты, полученные в различных исследованиях, противоречат друг другу. Это может быть связано с используемыми методами, методами стандартизации, размером выборки и т. д. Требуются исследования с большим размером выборки, включающие различные участки в области здоровья и болезни, которые могут разработать согласованные модели для получения конкретных данных. Это позволит дополнительно идентифицировать различные биомаркеры и помочь в выборе целевого лечения и персонализированной медицины для лучшего ведения пациентов в клинической практике [12].

Ротовая полость имеет два типа поверхностей, на которых могут колонизировать бактерии: твердые и мягкие ткани зубов и слизистая оболочка полости рта, соответственно [34]. Зубы, язык, щеки, десневые борозды, миндалины, твердое и мягкое небо являются богатой средой, в которой развиваются микроорганизмы, и поверхность слизистой ротовой полости покрыта множеством бактерий, образующие бактериальную биопленку [9,3].

Полость рта и связанные с ней области носоглотки создают идеальную среду для роста микроорганизмов. Нормальная температура полости рта в среднем составляет 37 °С без значительных изменений, что обеспечивает бактериям стабильную среду для выживания. Слюна также имеет стабильный pH 6,5–7, подходящий для большинства видов бактерий. Он сохраняет бактерии гидратированными, а также служит средой для транспортировки питательных веществ к микроорганизмам [18].

Обычно ротовая полость новорожденного стерильна, несмотря на большую вероятность заражения. С момента первого кормления рот регулярно заражается микроорганизмами, и начинается процесс приобретения резидентной микрофлоры полости рта [20].

Микроорганизмов, первыми колонизаторами сразу после рождения, называются видами-первопроходцами, например, *Streptococcus salivarius*. Ротовая полость захвачена в основном аэробы от 1 -^{го} ряда, и может включать в себя *Streptococcus*, *Lactobacillus*, *Actinomyces*, *Neisseria* и *Veillonella*. Как только начинается прорезывание зуба, эти организмы

могут колонизировать не шелушащиеся поверхности. После прорезывания всех зубов создается больше поверхностей для колонизации. Происходит развитие десневых щелей для колонизации пародонтальных микробов. Накопление зубного налета наблюдается на разных участках зуба, таких как гладкие поверхности, ямки и трещины, для образования различных микробных колоний. В результате этого процесса развивается высокое видовое разнообразие и микробная последовательность. С возрастом, когда все зубы потеряны, флора становится похожей на флору ребенка до прорезывания зубов [27].

Одновременно, бактерии могут образовывать мультиродовые сообщества, прикрепляясь не только к поверхностям ротовой полости, но и друг к другу. На их состав и стабильность влияют конкретные партнерские отношения [16]. На формирование и развитие сообществ влияют такие факторы, как избирательное прилипание к поверхности зубов или эпителию, специфическое межклеточное связывание как фактор раннего состава сообщества и взаимодействие между организмами, которое приводит к изменениям в окружающей среде, что представляет собой первый шаг на пути к заболеваниям полости рта [24].

Также в ротовой полости присутствует широкий спектр микроорганизмов. Он находится в постоянном контакте с окружающей средой и, как было показано, уязвим к ее воздействиям [11].

Различные поверхности во рту заселяются преимущественно бактериями полости рта из-за специфических адгезинов на их поверхности, которые связываются с дополнительными рецепторами на поверхности полости рта [5]. Нормальный микробиот состоит из бактерий, грибов, вирусов, архей и простейших. Однако отчеты о нормальном микробиоте ограничиваются бактериомом, а о микобиомно-грибном микробиоте очень мало информации [34].

На сегодняшний день полость рта является одним из наиболее хорошо изученных микробиотом: в общей сложности дифференцированы хотя бы один эталонный геном у 392 штампа, а общее количество геномов в полости рта приближается к 1500 [22].

Также в ротовой полости идентифицировано около 700 видов прокариотов микроорганизмов. Эти виды принадлежат к 185 родам и 12 типам, из которых приблизительно 54% имеют официальные названия, 14% не имеют названия (но культивируются) и 32% известны только как некультивируемые флотипы [35].

К 12 видам идентифицированным типам относятся: Firmicutes, Fusobacteria, Proteobacteria, Actinobacteria, Bacteroidetes, Chlamydiae, Chloroflexi, Spirochaetes, SR1, Synergistetes, Saccharibacteria (TM7) и Gracilibacteria (GN02) [25].

Ahn J et al., (2017), в ходе исследования Firmicutes, Proteobacteria, Bacteroidetes, Actinobacteria и Fusobacteria были идентифицированы с высокой степенью корреляции двумя методами ($r = 0,70 \sim 0,86$). Пироквенирование гена 16S рРНК позволило идентифицировать 77 родов, а НОММ - 49, при этом 37 родов были обнаружены обоими методами; более 98% классифицированных бактерий были отнесены к этим 37 родам. Соответствие двух тестов (наличие / отсутствие) и корреляция были высокими для общих родов

(Streptococcus, Veillonella, Leptotrichia, Prevotella и Haemophilus; корреляция = 0,70-0,84). То есть, профили микробиотных сообществ, оцененные с помощью пироквенирования 16S рРНК и НОММ, сильно коррелировали на уровне филума, а при сравнении наиболее часто обнаруживаемых таксонов - также на уровне рода [7].

При этом, как определили ряд авторов, разнообразие микробиота индивидуально и зависит от места, несмотря на сходство. Язык имеет многочисленные сосочки с небольшим количеством анаэробных участков и, следовательно, содержит разнообразную микробиоту, в которую также входят анаэробы. Области с низким микробным разнообразием являются слизистые оболочки щеки и неба [4,29,35]. Микробиот полости рта может показывать большие и быстрые изменения в составе и активности как в пространственном, так и во временном отношении и динамично развиваться вместе с хозяином. Эта множественная неравновесная динамика является результатом многих факторов, таких как временная частота хозяина и диеты, реакция на изменения рН среды, взаимодействия между бактериями, а также временные изменения, мутации генов и горизонтальный перенос генов, которые способствуют развитию новых свойств штампов [22,32].

Между микроорганизмами в полости рта существуют симбиотические отношения, основанные на взаимной выгодной основе. Комменсальные популяции не наносят вреда и контролируют патогенные виды, не позволяя им прилипать к слизистой оболочке. Бактерии становятся патогенными только после того, как преодолевают барьер комменсалов, вызывая инфекцию и болезнь [8].

Основными родами бактерий, обнаруженные в здоровой полости рта, являются:

1) из грамположительных микроорганизмов: кокки - абиотрофия, пептострептококк, стрептококк, стоматококк; палочки - Actinomyces, Bifidobacterium, Corynebacterium, Eubacterium, Lactobacillus, Propionibacterium, Pseudoramibacter, Rothia;

2) из грамотрицательных: кокки - Moraxella, Neisseria, Veillonella; палочки - Campylobacter, Capnocytophaga, Desulfobacter, Desulfovibrio, Eikenella, Fusobacterium, Hemophilus, Leptotrichia, Prevotella, Seimonas, Simonsiella, Treponema, Wolinella. [20].

Одновременно, в ротовой полости содержатся различные формы микробов, такие как простейшие, грибы и вирусы. Entamoeba gingivalis и Trichomonas tenax - наиболее часто встречающиеся простейшие и в основном сапрофиты. Виды Candida - наиболее распространенные виды грибов, встречающихся в полости рта.

Sharma N et al. (2018), провели независимые от культуры исследования на двадцати здоровых хозяевах и сообщили о 85 родах грибов. Основными наблюдаемыми видами были виды, принадлежащие Candida, Cladosporium, Aureobasidium, Saccharomycetales, Aspergillus, Fusarium и Cryptococcus [28].

Среды обитания ротовой полости имеют самое высокое альфа-разнообразие в организме, демонстрируя самое высокое функциональное богатство на уровне таксономических единиц. Более низкое альфа-разнообразие проявляется в микробиоте кожи и влажной поверхности. У оральных участков самое низкое бета-

разнообразие, когда сравниваются образцы из одних и тех же участков среди людей (бета-разнообразие), что означает, что члены популяции имеют относительно похожие организмы в оральных участках, чем в других участках тела [23].

Микробиота полости рта обычно образуют биопленки. Он играет решающую роль в поддержании гомеостаза полости рта, защите полости рта и предотвращении развития заболеваний. 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].

На данном фоне, нормальная микрофлора ротоглотки констатирована по результатам бактериологических исследований у детей старше 3 лет, и индигенная (постоянная) флора или микробиот была представлена непатогенными *Neisseria spp.* (6,6%), *Staph.epidermidis* (5,6%), *Strept. haemolyticus* (1,4%), *Strept. viridans* (2,8%). У часто болеющих детей в посевах из ротоглотки было идентифицировано 15 потенциально патогенных видов бактерий, среди которых по частоте встречаемости доминировали *S. aureus* (31%), *Haemophilus influenzae* (11,3%), *Strept.pyogenes* (11,3%) и *Strept. Pneumoniae* (8,4%), реже слизистые были колонизированы *H.parainfluenzae* (2,8%), *Enterobacter cloacae* (5,6%), *Moraxella catarrhalis* (2,8%), *Stenophormans maltophilia* (2,8%), *Acinetobacter lwoffii* (1,4%), *Pseudomonas aeruginosa* (2,8%), *E. coli* (1,4%), *Klebsiella pneumoniae* (2,8%), *Klebsiella oxytoca* (1,4%), *Klebsiella ornithinolytica* (1,4%) и *Candida albicans* (1,4%) [4].

Микробные сообщества, присутствующие в организме человека, играют важную роль в важнейших физиологических, метаболических и иммунологических функциях, которые включают: переваривание пищи и питание; выработка энергии, дифференциация и созревание слизистой оболочки хозяина и его иммунной системы; контроль накопления жира и регуляция метаболизма; переработка и дезинтоксикации химических веществ попадающих в организм из окружающей среды; барьерная функция кожи и слизистых оболочек; поддержание иммунной системы и баланс между провоспалительными и противовоспалительными процессами; продвижение микроорганизмов (ус-

тойчивость к колонизации) и предотвращение инвазии и роста болезней [12].

Заключение. Основываясь на выше изложенных данных можно заключить, что изучение микробиота ротоглотки остаётся одним из актуальных направлений в современной детской отоларингологии и педиатрии. Особенно данная проблема стала более актуальна с пандемией COVID-19 во всём мире, когда одним из клинических признаков данной патологии является развитие острого тонзиллита, на фоне снижения иммунитета у детей при данной патологии.

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 URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/analiz-etiotopatogeneza-disbioza-v-stomatologii-obzor-literatury>
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.92-92. Doi: 10.21518/2079-701X-2016-16-92-97 URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/mikrobiom-mikrobiota-chto-novogo> (дата обращения: 01.03.2021).
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 JA, Paster BJ, Stokes LN, Olsen I, Dewhirst FE. Defining the normal bacterial flora of the oral cavity. J Clin Microbiol. 2005;43:5721–32.
6. Acharya A, Chan Y, Kheur S, Jin LJ, Watt RM, Mattheos N. Salivary microbiome in non-oral disease: A summary of evidence and commentary. Arch Oral Biol. 2017 Nov;83:169-173. doi: 10.1016/j.archoralbio.2017.07.019.
7. Ahn J, Yang L, Paster BJ, Ganly I, Morris L, Pei Z, Hayes RB. Oral microbiome profiles: 16S rRNA pyrosequencing and microarray assay comparison. PLoS One. 2017;6(7):e22788. doi: 10.1371/journal.pone.0022788.
8. Avila M, Ojcius DM, Yilmaz O. The oral microbiota: Living with a permanent guest. DNA Cell Biol. 2019;28:405–11.
9. Benn A, Heng N, Broadbent JM, Thomson WM. Studying the human oral microbiome: Challenges and the evolution of solutions. Aust Dent J. 2018;63:14–24.
10. Costalonga M, Herzberg MC.. The oral microbiome and the immunobiology of periodontal disease and caries. Immunol Lett . 2014;162:22–38. doi:10.1016/j.imlet.2014.08.017.

11. Demmitt BA, Corley RP, Huibregtse BM, Keller MC, Hewitt JK, McQueen MB, et al. Genetic influences on the human oral microbiome. *BMC Genomics*. 2017;18:659.
12. Deo PN, Deshmukh R. Oral microbiome: Unveiling the fundamentals. *J Oral Maxillofac Pathol*. 2019;23(1):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;9:488–500.
14. Jia G, Zhi A, Lai PFH, Wang G, Xia Y, Xiong Z, Zhang H, Che N, Ai L. 2018. The oral microbiota – a mechanistic role for systemic diseases. *Br Dent J* 224:447–455. doi:10.1038/sj.bdj.2018.217.
15. Kilian M, Chapple ILC, Hannig M, Marsh PD, Meuric V, Pedersen AML, Tonetti MS, Wade WG, Zaura E.. The oral microbiome – an update for oral healthcare professionals. *Br Dent J*. 2016; 221:657–666. doi:10.1038/sj.bdj.2016.865.
16. Könönen E. Development of oral bacterial flora in young children. *Ann Med*. 2000;32:107–12.
17. Lane N. The unseen world: Reflections on Leeuwenhoek (1677) ‘concerning little animals’ *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*. 2015;370 pii: 20140344.
18. Lim Y, Totsika M, Morrison M, Punyadeera C. Oral microbiome: A New biomarker reservoir for oral and oropharyngeal cancers. *Theranostics*. 2017;7:4313–21.
19. Mark Welch JL, Rossetti BJ, Rieken CW, Dewhirst FE, Borisy GG. Biogeography of a human oral microbiome at the micron scale. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2016;113:E791–800.
20. Marsh PD. Role of the oral microflora in health. *Microbial Ecol Health Dis*. 2009;12:130–7.
21. Mascitti M, Togni L, Troiano G, Caponio VCA, Gissi DB, Montebugnoli L, Procaccini M, Lo Muzio L, Santarelli A. Beyond head and neck cancer: the relationship between oral microbiota and tumour development in distant organs. *Front Cell Infect Microbiol*. 2019; 9:232. doi:10.3389/fcimb.2019.00232.
22. McLean JS. Advancements toward a systems level understanding of the human oral microbiome. *Front Cell Infect Microbiol*. 2014;4:98.
23. Moon HJ. Probing the diversity of healthy oral microbiome with bioinformatics approaches. *BMB Rep*. 2016;49:662–70.
24. Palmer RJ., Jr Composition and development of oral bacterial communities. *Periodontol 2000*. 2014;64:20–39.
25. Perera M, Al-Hebshi NN, Speicher DJ, Perera I, Johnson NW. Emerging role of bacteria in oral carcinogenesis: A review with special reference to perio-pathogenic bacteria. *J Oral Microbiol*. 2016;8:32762.
26. Pfaffe T, Cooper-White J, Beyerlein P, Kostner K, Punyadeera C. Diagnostic potential of saliva: current state and future applications. *Clin Chem*. 2011 May;57(5):675-87. doi: 10.1373/clinchem.2010.153767. Epub 2011 Mar 7. PMID: 21383043.
27. Rao RS, Amrutha N, Sanketh DS. Oral microbial flora in health. *World J Dent*. 2013;4:262–266.
28. Sharma N, Bhatia S, Sodhi AS, Batra N. Oral microbiome and health. *AIMS Microbiol*. 2018;4:42–66.
29. Sultan AS, Kong EF, Rizk AM, Jabra-Rizk MA. The oral microbiome: A Lesson in coexistence. *PLoS Pathog*. 2018;14:e1006719.
30. Vogtmann E, Goedert JJ. Epidemiologic studies of the human microbiome and cancer. *Br J Cancer*. 2016; 114:237–242. doi:10.1038/bjc.2015.465.
31. Yamashita Y, Takeshita T. The oral microbiome and human health. *J Oral Sci*. 2017;59(2):201-206. doi: 10.2334/josnusd.16-0856.
32. Yano Y, Hua X, Wan Y, et al. Comparison of Oral Microbiota Collected Using Multiple Methods and Recommendations for New Epidemiologic Studies. *mSystems*. 2020;5(4):e00156-20. Published 2020 Jul 7. doi:10.1128/mSystems.00156-20.

МИКРОБИОТА ПОЛОСТИ РТА ПРИ ОСТРОМ ТОНЗИЛЛИТЕ У ДЕТЕЙ

Турдиева Ш.Т., Насирова Г.Р.

Резюме. Проблема изучения микробиота полости рта в ряде заболеваний органов ротоглотки становится одним из актуальных направлений современной медицины. В статье даны результаты анализа научно-литературных данных по изучению изменений микробиота полости рта при ряде патологических состояний, в частности при остром тонзиллите у детей. Даны научно-литературные данные за последние 9 лет, как отечественных, так и зарубежных учёных из ближнего и дальнего зарубежья. На основании изучения научно-литературных данных было сделано заключение, что изучение микробиота ротоглотки остаётся одним из актуальных направлений в современной детской отоларингологии и педиатрии. Особенна данная проблема стала более актуальна с пандемией COVID-19 во всём мире, когда одним из клинических признаков данной патологии является развитие острого тонзиллита.

Ключевые слова: дети, острый тонзиллит, микробиота, ротовая полость, бактерия.