

Роль микробиоценоза пазух носа в развитии респираторной инфекции у больных муковисцидозом

Научный руководитель – Воронина Ольга Львовна

Лосева Эвелина Викторовна

Студент (магистр)

Московский педагогический государственный университет, Москва, Россия

E-mail: loseva.ewelina@yandex.ru

Введение. Микробиоценоз отделов верхних и нижних дыхательных путей является важным барьером инфекции. Он формируется в норме в условиях работы мукоцилиарного клиренса. При моногенном заболевании муковисцидоз (МВ) мукоцилиарный клиренс нарушен, что вызывает дисбаланс здорового микробиоценоза прежде всего в пазухах носа [2]. Как следствие, хронический риносинусит диагностируют у всех пациентов с МВ, у 40% - полипозный. В результате пазухи носа превращаются в резервуар для первичной адаптации инфекции [3].

Целью данной работы стало исследование влияния микробиоценоза пазух носа, формирующегося при полипах и без них, на микробиом нижних дыхательных путей больных МВ.

Материалы и методы. Образцы из респираторного тракта детей (4-13 лет) и взрослых (18-30 лет) с МВ и риносинуситом. Бактерии и грибы в образцах из легких и пазух носа генотипировали с помощью таксон-специфичных мишеней [1,4]. Состав бактериома определяли методом массового параллельного секвенирования ампликонов гена *16S rDNA* (MiSeq Illumina) [4]. Оценку альфа-, бета-разнообразия, PCoA анализ и PERMANOVA проводили в программе CLC Genomic Workbench v.12.

Результаты. Показали, что уже в раннем возрасте пазухи носа пациентов с МВ инфицируют классические (*Pseudomonas aeruginosa*, *Burkholderia cenocepacia*, *Achromobacter spp.*) и редкие для МВ патогенные микроорганизмы. У близнецов обнаружен редкий потенциально патогенный базидиомицет *Auriculariopsis ampla* (Schizophyllaceae). Представители филума Proteobacteria преобладали в пазухах носа у 2/3 взрослых, у 3 пациентов даже в периоды благополучного состояния микробиома легких. Сравнение генотипов выявленных протеобактерий в верхних и нижних дыхательных путях показало их совпадение. Состав других филумов бактерий был сайтспецифичен: микробиом пазух представляли *Staphylococcus aureus* (Firmicutes) и *Propionibacterium* (Actinobacteria), а сообщества легких - *Streptococcus* (Firmicutes); *Actinomyces*, *Atopobium* (Actinobacteria); *Prevotella*, *Carnocytophaga* (Bacteroidetes). Не выявлено связи между составом микробиома респираторного тракта и наличием полипов.

Заключение. Показано, что пазухи носа уже с ранних лет могут являться резервуаром для бактерий и грибов, инфицирующих нижние дыхательные пути. Полипы не оказывают влияния на формирование микробиома респираторного тракта.

Источники и литература

- 1) Воронина О.Л. и соавт. Разработка подходов к идентификации возбудителей микозов легких у больных муковисцидозом непосредственно в клинических образцах из респираторного тракта // Лабораторная служба. 2015, 4. С.11–17.
- 2) de Steenhuijsen Piters W.A. et al. The role of the local microbial ecosystem in respiratory health and disease // Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci. 2015, 370(1675). pii: 20140294.

- 3) 3. Fothergill J.L. et al. *Pseudomonas aeruginosa* adaptation in the nasopharyngeal reservoir leads to migration and persistence in the lungs // *Nat Commun.* 2014, 5:4780.
- 4) 4. Voronina O.L. et al. On Burkholderiales Order Microorganisms and Cystic Fibrosis in Russia // *BMC Genomics.* 2018, 19(Suppl 3). P.74.