

УДК 616.248:616.5-002.2-06:616.31/32-008.87]-053.2

Л.А. Волянська, О.Є. Федорців, Л.Б. Романюк, Е.І. Бурбела, Я.В. Рогальська

Порівняльний аналіз мікробіоценозу ротоглотки в дітей з atopічним дерматитом і бронхіальною астмою

Тернопільський національний медичний університет імені І.Я. Горбачевського, Україна

Modern Pediatrics. Ukraine. (2026).1(153): 75-81. doi: 10.15574/SP.2026.1(153).7581

For citation: Volyanska LA, Fedortsiv OYe, Romaniuk LB, Burbela EI, Rohalska YaV. (2026). Comparative analysis of oropharyngeal microbiocenosis in children with atopic dermatitis and bronchial asthma. Modern Pediatrics. Ukraine. 1(153): 75-81. doi: 10.15574/SP.2026.1(153).7581.

Важко переоцінити роль мікробіоти для здоров'я людини. Мікробіота впливає на розвиток імунних клітин та імунні відповіді, а склад мікробіоти ротової порожнини може спричиняти сенсibiлізацію та розвиток алергічних реакцій.

Мета – якісно і кількісно охарактеризувати мікрофлору біотопу ротоглотки в дітей, хворих на бронхіальну астму (БА) та atopічний дерматит (АД). **Матеріали і методи.** Обстежено 11 пацієнтів з АД і 15 дітей із частково контрольованою БА в періоді загострення легкого і середнього ступеня тяжкості віком 9–17 років. Для оцінювання біоти ротоглотки використано посів харкотиння на поживні середовища. Визначено кількісний і якісний склад мікрофлори ротоглотки, ступінь домінування мікроорганізмів, оцінено показник зустрічальності популяцій різних мікроорганізмів.

Результати. Діти, хворі на АД, були носіями стафілококів (α -гемолітичних – 54,54%, β -гемолітичних – 45,45%, а також *S. aureus* – 36,36%). У 80% хворих на БА домінували α -гемолітичні стрептококи в поєднанні з більшою ваговою часткою автохтонних мікроорганізмів: *Corynebacterium spp.*, *Branhamella spp.*, *Moraxella spp.* Константними для біотопів ротоглотки дітей із АД і БА були стафілококи і гемолітичні стрептококи. Групи дослідження різнилися за складом другорядних за значенням мікроорганізмів: при АД – *Streptococcus spp.* з β -гемолізом, *E. coli*, *Candida spp.*, при БА – представники автохтонної мікрофлори (*Streptococcus spp.* з β -гемолізом, *Moraxella spp.*, *Corynebacterium spp.*). Варіабельність видового складу біоти ротоглотки у хворих на АД майже вдвічі перевищувала аналогічну біоту пацієнтів із БА.

Висновки. Визначення мікробних асоціацій ротоглотки у хворих на АД і БА, встановлення їхньої тригерної ролі та впливу на перебіг цих захворювань у дітей є новим напрямом у розумінні чинників ризику розвитку алергії та хронічного легеневого запалення, а також можливих терапевтичних цілей. При цій патології константними для біотопів ротоглотки дітей визначено стафілококи та α -гемолітичні стрептококи. Варіабельність видового складу біоти ротоглотки у хворих на АД майже вдвічі перевищує аналогічну біоту пацієнтів із БА.

Дослідження виконано відповідно до принципів Гельсінської декларації. Протокол дослідження ухвалено локальним етичним комітетом установи. На проведення досліджень отримано інформовану згоду батьків дітей.

Автори заявляють про відсутність конфлікту інтересів.

Ключові слова: бронхіальна астма, atopічний дерматит, мікрофлора ротоглотки, діти.

Comparative analysis of oropharyngeal microbiocenosis in children with atopic dermatitis and bronchial asthma

L.A. Volyanska, O.Ye. Fedortsiv, L.B. Romaniuk, E.I. Burbela, Ya.V. Rohalska

I. Horbachevsky Ternopil National Medical University, Ukraine

It is difficult to overestimate the role of microbiota for human health. The microbiota affects the development of immune cells and immune responses, and the composition of the oral microbiota can contribute to sensitization and the development of additional reactions.

Aim – to qualitatively and quantitatively characterize the microflora of the oropharyngeal biotope in children with bronchial asthma (BA) and atopic dermatitis (AD).

Materials and methods. 11 people with AD and 15 children with partially controlled BA during the period of exacerbation of mild and moderate severity aged 9–17 years were examined. To assess the oropharyngeal biota, sputum culture was used on living media. The quantitative count of bacteria was expressed as the number of colonies of microorganisms in colony-forming units per gram (CFU/g).

Results. Children with AD were carriers of staphylococci: 54.54% α -hemolytic and 45.45% β -hemolytic and *S. aureus* in 36.36%. In 80% of patients with asthma, α -hemolytic streptococci dominated in combination with a greater by weight. autochthonous microorganisms: *Corynebacterium spp.*, *Branhamella spp.*, *Moraxella spp.* Thus, staphylococci and hemolytic streptococci were constant for the biotopes of the oropharynx of children with AD and BA. The study groups differed in the composition of secondary microorganisms: in AD – *Streptococcus spp.* with β -hemolysis, *E. coli*, and *Candida spp.*, in BA – representatives of the autochthonous microflora (*Streptococcus spp.* with β -hemolysis, *Moraxella spp.*, *Corynebacterium spp.*). The variability of the species composition of the oropharynx biota in patients with AD was almost twice as high as the similar biota replaced with BA.

Conclusions. Determining the microbial associations of the oropharynx in patients with AD and BA, establishing their trigger role and the impact on the course of these diseases in children is a new direction in understanding the risk factors for the development of allergies and chronic inflammation, as well as possible therapeutic goals. In this pathology, staphylococci and α -hemolytic streptococci are determined to be constant for the oropharyngeal biotopes of children. The variability of the species composition of oropharyngeal biota in patients with AD was almost twice as high as that of patients with BA.

The study was conducted in accordance with the principles of the Declaration of Helsinki. The research protocol was approved by the Local Ethics Committee of the institution. Informed parental consent was obtained for participation in the study.

The authors declare no conflict of interest.

Keywords: bronchial asthma, atopic dermatitis, oropharyngeal microflora, children.

На сьогодні складно переоцінити роль мікробіоти в стані здоров'я людини та у виникненні захворювань чи підтримуванні перебігу патологічного процесу. Мікро-

бні спільноти перебувають у симбіозі з хазяїном, сприяючи гомеостазу і регулюючи імунну функцію. Але виникнення порушень рівноваги «мікробіота – людський організм» (дисбактеріоз мікро-

біоти) спричиняє дисрегуляцію функцій організму і провокує виникнення захворювання [8]. Мікробіота порожнини рота вважається другим за величиною мікробним співтовариством людського організму [3]. Вона складається щонайменше з семи окремих частин: слини, язика, поверхні зубів, ясен, слизової оболонки щік, ротоглотки та під'ясенного/над'ясенного нальоту, які можуть мати суттєві відмінності складу та активності. В усіх семи місцях склад мікробіоти має загальну схожість, але з невеликими відмінностями. Загалом, основними бактеріями, присутніми в ротовій мікробіоті, є *Firmicutes*, *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria* і *Fusobacteria* [13]. Маніпуляції з мікробіотою в організмі людини можуть бути ключовими для лікування захворювання.

Організм людини є суперкомплексом, що складається з людських клітин і мікроорганізмів, що як другий геном впливає на здоров'я людини. Як важлива частина мікробіому людини мікробіом ротової порожнини є системним і специфічним [12]. Вивчення його все ще знаходиться в зародковому стані. Багато досліджень зосереджуються на відкритті мікробного різноманіття, і лише деякі з них вивчають вплив на формування захворювань.

Мікробіота порожнини рота взаємодіє з імунною системою людини-хазяїна і відіграє важливу роль не тільки в стані здоров'я ротової порожнини, але й організму в цілому. Вона є різноманітною, структурованою і може впливати на патофізіологію господаря в системному масштабі. Метагеномне секвенування та інші технології продовжують підтверджувати, що, крім канонічних бактерій, мікробіота порожнини рота є «домом» для дуже різноманітної спільноти ультрамалих бактерій-кандидатів, а також грибів, аміб, джгутикових, архей і вірусів. Нині все більше визнається, що мікробіом порожнини рота відіграє важливу роль у розвитку багатьох системних захворювань [2].

Склад мікрофлори генетично пов'язаний у середині біоплівки і специфічний на штамовому рівні для кожного індивідуума, навіть детермінований спадково [14]. За її складом можна ідентифікувати індивід із більшою точністю, ніж за відбитками пальців. Тому цікавим є вивчення відмінностей видового складу мікроорганізмів, що населяють ротоглотку в пацієнтів, що тривало хворіють, зокрема, у дітей із бронхіальною астмою (БА) та atopічним дерматитом (АД).

Мікробіота хазяїна може впливати на розвиток імунних клітин та імунні відповіді, і останні дані свідчать, що зміни складу мікробіоти ротової порожнини також можуть зумовлювати сенсibiliзацію і розвиток алергічних реакцій, у тому числі астму й алергію [11].

Мета дослідження – якісно і кількісно охарактеризувати мікрофлору біотопу ротоглотки у дітей, хворих на БА і АД.

Матеріали і методи дослідження

У дослідженні взяли участь 11 пацієнтів з АД і 15 дітей із частково контрольованою БА в періоді загострення легкого і середнього ступеня тяжкості віком 9–17 років, які перебували на стаціонарному лікуванні в пульмонологічному та інфекційно-боксованому дитячих відділеннях КНП «Тернопільська обласна дитяча клінічна лікарня» чи отримували допомогу амбулаторно. Групи обстежених дітей були порівнювані за віком, статтю і місцем проживання.

Відповідно до Уніфікованого клінічного протоколу первинної та вторинної (спеціалізованої) медичної допомоги «Бронхіальна астма у дітей» (Наказ Міністерства охорони здоров'я України від 23.12.2021 № 2856), об'єктивними ознаками загострення бронхіальної астми визначено: вираженість тахіпноє і тахікардії; характер мовлення (здатність говорити реченнями, фразами або окремими словами); активність дитини; положення в ліжку (не може прийняти горизонтальне положення); рівень сатурації (насичення гемоглобіну киснем) при диханні повітрям: легкий напад – вище 95%, середньотяжкий – 91–95%, тяжкий – $\leq 90\%$.

Хворі на БА отримували стандартну базисну терапію та в якості невідкладної терапії – повторні інгаляції β_2 -антагоністів короткої дії.

Мікробіологічне дослідження в цій групі провели в перші дні періоду загострення. У 38,46% (n=5) хворих загострення виникало на тлі легкого персистуючого перебігу захворювання. У решти, 61,54% (n=8), обстежуваних відзначали БА середнього ступеня. Давність захворювання становила в середньому $4,46 \pm 2,5$ року. Востаннє антибактеріальну терапію пацієнти отримували 1–7 місяців тому до цього обстеження. Усі обстежувані застосовували лише 1 вид антибіотика (переважно цефалоспорини).

Серед проявів АД переважали екзантема, свербіж, ліхенізація з локалізацією на обличчі, руках

(кисті, передпліччя). У 7 пацієнтів загострення виникали 3–4 рази на рік із ремісією менше 4 місяців, тобто мав місце АД середнього ступеня тяжкості. У решти – легкий, із загостреннями 1–2 рази на рік, переважно в зимово-весняний період і хорошою відповіддю на терапію.

Комплекс лікування АД складався з місцевої топічної кортикостероїдної терапії 1–2 рази на добу протягом 1–3 тижнів залежно від тяжкості проявів АД і тривалого призначення емолієнтів і регідратантів із продовженням їх у період ремісії. Короткочасно усі пацієнти отримували антигістамінні препарати.

Дослідження проводили в першу добу стаціонарного лікування або після першого амбулаторного огляду.

Основні методи дослідження обстежених:

- загальноклінічні: збирання анамнезу, огляд хворого, оцінювання скарг хворого;
- мікробіологічні.

Усі діти були ретельно клінічно обстежені, що включало детальний аналіз скарг, анамнезу життя, наявності супутніх захворювань, вживання лікарських препаратів, даних об'єктивного обстеження.

Для оцінювання біоти ротоглотки досліджуваного контингенту використовували загальноживані методи з посівом харкотиння на поживні середовища (колумбійський агар, шоколадний агар, агар Макконки, жовточно-сольовий агар, середовище Сабуро, суло-агар та ін.). Кількісний підрахунок бактерій проводили шляхом вираження об'єктивної кількості колоній мікроорганізмів у колонієутворюючих одинцях на грам (КУО/г). Враховували кількість виділених штамів сапрофітних бактерій (*Neisseria spp.*, *St. epidermidis* тощо) та умовнопатогенних бактерій (*St. aureus*, *Klebsiella spp.* тощо) у кількості 1×10^5 і більше, дріжджових (*Candida spp.*) і пліснявих мікроміцетів (*Aspergillus spp.*, *Penicillus spp.* тощо). Ступінь домінування того чи іншого мікроорганізму в угрупованні визначали за частотою його виявлення. Для цього використовували індекс постійності С, що виражається часткою добутку кількості зразків, що містять досліджуваний вид (р) на 100% від кількості взятих зразків (Р). Види, що зустрічалися найчастіше (понад 50%), вважали константними, у межах 20–50% – другорядними, такими, що зустрічалися нечасто – 1–19%, такими, що зустрічалися рідко – <1%. Для оцінювання зустрічальності популяцій різ-

них мікроорганізмів у ротоглотці використовували показник зустрічальності (Рi), що являє собою відношення числа штамів даного виду до загальної кількості штамів [19].

Статистичний аналіз проведено за допомогою STATISTICA 10. Якісні змінні наведено у вигляді абсолютних частот і відсотків.

Дослідження проведено відповідно до Гельсінської декларації 1975 року (переглянутої у 2000 р.) і схвалено етичним комітетом Тернопільського національного медичного університету імені І. Горбачевського (протокол № 70 від 1 серпня 2022 року). Письмову інформовану згоду отримано від усіх учасників дослідження (дітей та їхніх батьків).

Результати дослідження та їх обговорення

Не існує стандартного таксономічного складу здорової мікробіоти, але здорові композиції мікробіоти найчастіше представлені певними штамми, виявленими у здоровій популяції. Мікробіота людини складається з усіх мікробів (прокаріотів, архей і вірусів) в організмі, відіграє гомеостатичну роль у розвитку здорової імунної системи, взаємодіє з вродженими й адаптивними імунними клітинами хазяїна таким чином, що сприяє тренуванню імунітету та толерантності до патогенних і коменсальних бактерій. Приблизно 700 видів бактерій ідентифіковані в ротовій порожнині людини за допомогою молекулярного аналізу. Поява нових геномних технологій, зокрема, секвенування наступного покоління та біоінформатика, підтвердили складність мікробіому порожнини рота [3]. Сучасні дослідження дитячого мікробіому базуються винятково на секвенуванні ампліконів 16S рРНК, тому обмежуються оцінюванням таксономічного складу і різноманітності мікробіому [16]. Мікробіота ротової порожнини тісно взаємодіє з імунною системою людини, що засвідчують дослідження останніх років [10,17].

Серед обстеженого контингенту висіяли стафілококи в 6 (54,54%) дітей, хворих на АД, причому 4 (36,36%) із них – *S. aureus*. Майже в половині обстежуваних виділили різного роду стрептококи: α -гемолітичні – 54,54%, β -гемолітичні – 45,45% (табл. 1).

Отже, до константних видів при АД належали стафілококи та α -гемолітичні стрептококи, до другорядних – відповідно β -гемолітичні стрепто-

Таблиця 1

Ступінь домінування мікроорганізмів у ротоглотці хворих на atopічний дерматит дітей

Виділені мікроорганізми	Індекс постійності С (%)
<i>Staphylococcus spp.</i>	63,63
<i>Streptococcus spp.</i> з α-гемолізом	54,54
<i>Streptococcus spp.</i> з β-гемолізом	45,45
<i>E. coli</i>	45,45
<i>Candida spp.</i>	36,36
<i>Neisseria spp.</i>	18,18
<i>Moraxella spp.</i>	18,18
<i>Corynebacterium spp.</i>	9,09
<i>Klebsiella spp.</i>	9,09
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	9,09
<i>Branhamella spp.</i>	9,09

Таблиця 2

Ступінь домінування мікроорганізмів у ротоглотці хворих на бронхіальну астму дітей

Виділені мікроорганізми	Індекс постійності С (%)
<i>Staphylococcus spp.</i>	59,90
<i>Streptococcus spp.</i> з α-гемолізом	80,00
<i>Streptococcus spp.</i> з β-гемолізом	40,00
<i>E. coli</i>	-
<i>Candida spp.</i>	-
<i>Neisseria spp.</i>	6,70
<i>Moraxella spp.</i>	20,20
<i>Corynebacterium spp.</i>	20,20
<i>Klebsiella spp.</i>	6,70
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	-
<i>Branhamella spp.</i>	13,30

Таблиця 3

Частота виявлення стафіло- і стрептококів у хворих на бронхіальну астму дітей

Виділені мікроорганізми	Індекс постійності С (%)
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	6,30
<i>Streptococcus spp.</i> з α-гемолізом	75,00
<i>Streptococcus spp.</i> з β-гемолізом	37,50
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	18,80

Таблиця 4

Структура мікробного пейзажу ротоглотки хворих на бронхіальну астму дітей

Виділені мікроорганізми	Індекс постійності С (%)
<i>Staphylococcus spp.</i>	97,80
<i>Streptococcus spp.</i>	48,60
<i>Neisseria spp.</i>	60,00
<i>Micrococcus spp.</i>	11,50
<i>Corynebacterium spp.</i>	16,70
<i>Klebsiella spp.</i>	5,50

коки та *E. coli* (45,45%), а також *Candida spp.* (36,36%). Решта мікроорганізмів – нейсерії, мораксели, корінебактерії, клебсієли, пневмококи та бранхамели – належали до третьої групи – ті, що зустрічаються нечасто.

При БА ступінь домінування мікроорганізмів був дещо іншим, хоча константні види виявилися тими самими (табл. 2).

Проте в дітей із БА порівняно з мікрофлорою при АД значно зростала кількість α-гемолітичних стрептококів (80,00% проти 54,54%) і збільшувалася вагова частка автохтонних мікроорганізмів: *Corynebacterium spp.*, *Branhamella spp.*, *Moraxella spp.* Серед виявлених стафіло- і стрептококів у хворих на БА домінували *Streptococcus spp.* з α-гемолізом (табл. 3).

У структурі біотопу ротоглотки дітей із БА не спостерігали видимих явищ дисбіозу (наявності нехарактерних для даного біотопу мікроорганізмів або збільшення кількості тих, що рідко зустрічаються) (табл. 4).

Із ротоглотки досліджуваних дітей з АД виділили 95 різних штамів мікроорганізмів. Лівову частку становили стафіло- і стрептококи (n=7 і n=11, відповідно). Далі за величиною показника зустрічальності (Pi) були *E. coli* та дріжджоподібні гриби роду *Candida* (табл. 5). Це переконливо засвідчило наявність у значної (45,45%) частки обстежених дисбіозу ротоглотки, оскільки і кишкова паличка, і гриби *Candida* не є представниками нормобіотопу ротоглотки.

Серед 46 штамів, виділених від 15 пацієнтів із БА, найвищий показник зустрічальності (Pi) відзначали в α-гемолітичних стрептококів, на другому місці був *S. aureus* і *Streptococcus spp.* з β-гемолізом. Решта представників зустрічалися практично однаково часто (табл. 6).

Тобто за цим показником суттєвих змін у порівнянні біотопів ротоглотки в обстежених хворих не спостерігали, за винятком *E. coli* і *Candida spp.* при АД.

Отже, аналізуючи індекс постійності (С, %) можна підсумувати, що константними для біотопів ротоглотки дітей з АД і БА були лише два види – стафілококи та α-гемолітичні стрептококи. Але щодо другорядних за значенням мікроорганізмів ці групи значно різнилися: при АД виділяли *Streptococcus spp.* з β-гемолізом, *E. coli*, *Candida spp.*, при БА – представники автохтонної мікрофлори: *Streptococcus spp.* з β-гемолізом, *Moraxella spp.*, *Corynebacterium spp.* Серед мікроор-

ганізмів, що зустрічалися нечасто в дітей з АД, були представники таких патогенів, як *Neisseria spp.* (18,18%) і *Moraxella spp.* (18,18%), *Klebsiella spp.* (9,09%) і *Corynebacterium spp.* (9,09%), *Streptococcus pneumoniae* (9,09%), *Branhamella spp.* (9,09%). Тоді як при БА нечастими були лише *Neisseria spp.* (6,70%), *Klebsiella spp.* (6,70%) і *Branhamella spp.* (13,30%).

Отже, константними для біотопів ротоглотки дітей з АД і БА були стафілококи та α -гемолітичні стрептококи. Групи дослідження різнилися за складом другорядних за значенням мікроорганізмів: при АД виділили *Streptococcus spp.* з β -гемолізом, *E. coli*, *Candida spp.*, при БА – представники автохтонної мікрофлори (*Streptococcus spp.* з β -гемолізом, *Moraxella spp.*, *Corynebacterium spp.*). Варіабельність видового складу біоти ротоглотки у хворих на АД майже вдвічі перевищувала аналогічну біоту пацієнтів із БА. Домінуючими за показником зустрічальності (Pi) мікроорганізмами при обох захворюваннях були стафіло- і стрептококи.

У недавніх дослідженнях констатували зміни складу мікробіоти порожнини рота та глотки і їхній зв'язок із розвитком алергії, а також розвитком астми. Тут слід відзначити важливу відмінність між алергією та астмою. Астма є хронічним респіраторним розладом, який проявляється у вигляді епізодів свистячого дихання, кашлю та задишки, і тяжкі епізоди іноді можуть призводити до непоправного зниження функції легенів. Атопія або генетична схильність до розвитку алергічних захворювань, таких як риніт і специфічні алергії, пов'язані з підвищеним ризиком розвитку астми. Однак не всі пацієнти з астмою виявляють підвищену алергічну реакцію [15]. Гіперреакція з опосередкованим Th17/IL-17 запаленням у пацієнтів із БА асоціюється з *Proteobacteria* [9]. А найчастішим збудником, ізольованим від хворих із резистентними до стероїдів нейтрофільними алергічними захворюваннями дихальних шляхів, є *H. Influenza* [6]. *Proteobacterium M. Catarrhalis* може посилювати алергічні захворювання дихальних шляхів, запускаючи сильну імунну відповідь, що характеризується нейтрофільною інфільтрацією, високими рівнями IL-6 і TNF- α і помірними рівнями інтерферону (IFN)- γ та IL-17 у моделі миші [1]. Мікроорганізми з роду *Proteobacteria* можуть викликати хронічне запалення і передбачити високу тяжкість захворювання [7]. У структурі біотопу ротоглотки спо-

Таблиця 5

Варіабельність показника зустрічальності (Pi) у представників мікробіоценозу ротоглотки хворих на atopічний дерматит дітей

Виділені мікроорганізми	Показник зустрічальності (Pi), ОД
<i>Staphylococcus spp.</i>	0,21
<i>Streptococcus spp.</i> з α -гемолізом	0,18
<i>Streptococcus spp.</i> з β -гемолізом	0,17
<i>E. coli</i>	0,16
<i>Candida spp.</i>	0,085
<i>Neisseria spp.</i>	0,05
<i>Moraxella spp.</i>	0,05
<i>Corynebacterium spp.</i>	0,03
<i>Klebsiella spp.</i>	0,035
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	0,01
<i>Branhamella spp.</i>	0,01

Таблиця 6

Варіабельність показника зустрічальності (Pi) у представників мікробіоценозу ротоглотки дітей із бронхіальною астмою

Виділені мікроорганізми	Показник зустрічальності (Pi), ОД
<i>Staphylococcus spp.</i>	0,19
<i>Streptococcus spp.</i> з α -гемолізом	0,26
<i>Streptococcus spp.</i> з β -гемолізом	0,125
<i>Neisseria spp.</i>	0,02
<i>Moraxella spp.</i>	0,065
<i>Corynebacterium spp.</i>	0,07
<i>Branhamella spp.</i>	0,03
<i>Micrococcus spp.</i>	0,04

стережуваних нами хворих на БА дітей не спостерігали видимих явищ дисбіозу. Проте, попри константні види стафілококи й α -гемолітичні стрептококи, другорядними були представники автохтонної мікрофлори: *Streptococcus spp.* з β -гемолізом, *Moraxella spp.*, *Corynebacterium spp.* і такий патогенний вид, як *Neisseria spp.* Це перекликається з дослідженням М. Dzidic (2018), у якому також ідентифікували кілька видів стрептококів, у тому числі *S. sanguinis* і *S. mitis*, виявлені в більшій кількості у дітей-астматиків [5]. Тобто дисбактеріоз легеневої мікробіоти потенційно може бути пов'язаний із розвитком хронічних респіраторних захворювань, таких як БА.

Склад мікробіоти в дітей визначається віком і значно варіює при алергійних захворюваннях. У дітей, у яких виникали алергічні захворювання, М. Dzidic зі співавт. (2018) спостерігали нижчу різноманітність слинних бактерій у поєднанні

з дуже дивергентним бактеріальним складом, що засвідчило зміни мікробіоти ротової порожнини. Так, збільшена відносна чисельність родів *Bacteroides*, виявлена у віці 3 місяців і 7 років, була пов'язана з розвитком алергічних захворювань поряд із підвищенням рівня *Streptococcus lactarius* і *Gemella haemolysans* у віці 7 років [5]. У дітей, у яких розвивалися алергічні захворювання, зокрема астма, у 7-річному віці спостерігали нижчу різноманітність слинних бактерій разом із дуже дивергентним бактеріальним складом, що вказало на чітко змінену мікробіоту ротової порожнини в цих осіб, імовірно, як наслідок порушення імунної системи в немовлячому віці. Більше того, відносна кількість кількох видів бактерій, у тому числі підвищена чисельність *Gemella haemolysans* у дітей, у яких розвивалися алергії, та *Lactobacillus gasseri* та *Lactobacillus crispatus* у здорових дітей, була відмінною в ранньому немовлячому віці, ймовірно, впливаючи на раннє імунне дозрівання [5].

Константними для біотопів ротоглотки в спостережуваного нами контингенту дітей з АД поряд зі стафілококами були стрептококи α -гемолітичні. Поряд із цими рідше виділяли й інші види мікроорганізмів: *Streptococcus spp.* з β -гемолізом, *E. coli*, *Candida spp.*, але з удвічі вищою варіабельністю видового складу біоти порівняно з аналогічною біотою в пацієнтів із БА. Відмінності в складі біотопів при АД і БА відзначаються в інших дослідників. Підвищення рівня *Alloprevotella* у віці 1 року та *Staphylococcus* у віці 2 років пов'язують із розвитком астми [5]. Відмінності у відносній чисельності родів бактерій, таких як *Streptococcus*, *Moraxella*, *Neisseria* та *Lactobacillus*, у наведеному нами спостереженні також були пов'язані з астмою й атопією (серед інших *Granulicatella* та *Aggregatibacter*). Композиційна структура мікробіоти мокротиння мала

значно більше відхилення від вихідного рівня в пацієнтів з астмою, які не реагували на інгаляційні кортикостероїди, отримувані протягом 6 тижнів, ніж у суб'єктів, які реагували на інгаляційні кортикостероїди [4]. Накопичення додаткових кореляційних досліджень допоможе ідентифікувати видоспецифічні бактерії для подальшого вивчення їхньої ролі в розвитку алергії. Опубліковані дані обмежені, і для встановлення причинно-наслідкових зв'язків потрібно більше роботи [11].

Висновки

Визначення мікробних асоціацій ротоглотки у хворих на АД і БА, встановлення їхньої триггерної ролі та впливу на перебіг цих захворювань у дітей є новим напрямом у розумінні чинників ризику розвитку алергії та хронічного легеневого запалення, а також можливих терапевтичних цілей. При цій патології константними для біотопів ротоглотки дітей визначені стафілококи та α -гемолітичні стрептококи. Варіабельність видового складу біоти ротоглотки хворих на АД майже вдвічі перевищує аналогічну біоту пацієнтів із БА.

Необхідні додаткові дослідження, щоб встановити причинно-наслідкові зв'язки і механізми між складом мікробіоти порожнини рота та розвитком хронічних запальних захворювань легень і алергічних станів. Коли ми краще зрозуміємо, яким чином імунотуляція на рівні слизової оболонки рота корегується мікробним складом ротової порожнини, імовірно, стане можливим розробити вдосконалені та нові терапевтичні засоби для лікування або запобігання розвитку хронічних запальних захворювань і алергічних станів у дітей.

Автори заявляють про відсутність конфлікту інтересів.

REFERENCES/ЛІТЕРАТУРА

1. Alnahas S, Hagner S, Raifer H, Kilic A, Gasteiger G, Mutters R et al. (2017, Nov 14). IL-17 and TNF- α Are Key Mediators of *Moraxella catarrhalis* Triggered Exacerbation of Allergic Airway Inflammation. *Front Immunol.* 8: 1562. doi: 10.3389/fimmu.2017.01562. PMID: 29184554; PMCID: PMC5694487.
2. Baker JL, Mark Welch JL, Kauffman KM, McLean JS, He X. (2024, Feb). The oral microbiome: diversity, biogeography and human health. *Nat Rev Microbiol.* 22(2): 89-104. Epub 2023 Sep 12. doi: 10.1038/s41579-023-00963-6. PMID: 37700024; PMCID: PMC11084736.
3. Deo PN, Deshmukh R. (2019, Jan-Apr). Oral microbiome: Unveiling the fundamentals. *J Oral Maxillofac Pathol.* 23(1): 122-128. doi: 10.4103/jomfp.JOMFP_304_18. PMID: 31110428; PMCID: PMC6503789.
4. Durack J, Christian LS, Nariya S, Gonzalez J, Bhakta NR, AnselKM et al. (2020, Nov). Distinct associations of sputum and oral microbiota with atopic, immunologic, and clinical features in mild asthma. *J Allergy Clin Immunol.* 146(5): 1016-1026. Epub 2020 Apr 13. doi: 10.1016/j.jaci.2020.03.028. PMID: 32298699; PMCID: PMC7554083.
5. Dzidic M, Abrahamsson TR, Artacho A, Collado MC, Mira A, Jenmalm MC. Oral microbiota maturation during the first 7 years of life in relation to allergy development. *Allergy.* 2018 Oct;73(10):2000-2011. doi: 10.1111/all.13449. Epub 2018 Sep 28. PMID: 29602225.
6. Essilfie AT, Simpson JL, Dunkley ML, Morgan LC, Oliver BG, Gibson PG et al. (2012, Jul). Combined *Haemophilus influenzae*

- respiratory infection and allergic airways disease drives chronic infection and features of neutrophilic asthma. *Thorax*. 67(7): 588-599. Epub 2012 Mar 3. doi: 10.1136/thoraxjnl-2011-200160. PMID: 22387445.
7. Garcia-Núñez M, Millares L, Pomares X, Ferrari R, Pérez-Brocal V, Gallego M et al. (2014, Dec). Severity-related changes of bronchial microbiome in chronic obstructive pulmonary disease. *J Clin Microbiol*. 52(12): 4217-4223. Epub 2014 Sep 24. doi: 10.1128/JCM.01967-14. PMID: 25253795; PMCID: PMC4313290.
 8. Hou K, Wu ZX, Chen XY, Wang JQ, Zhang D, Xiao C et al. (2022). Microbiota in health and diseases. *Sig Transduct Target Ther*. 7: 135. <https://doi.org/10.1038/s41392-022-00974-4>.
 9. Huang YJ, Nelson CE, Brodie EL, Desantis TZ, Baek MS, Liu J et al. (2011, Feb). Airway microbiota and bronchial hyperresponsiveness in patients with suboptimally controlled asthma. *J Allergy Clin Immunol*. 127(2): 372-381.e1-3. Epub 2010 Dec 30. doi: 10.1016/j.jaci.2010.10.048. PMID: 21194740; PMCID: PMC3037020.
 10. Idris A, Hasnain S, Huat L, Koh D. (2017). Human diseases, immunity and the oral microbiota-Insights gained, from metagenomic studies. *Oral. Sci. Int*. 14: 27-32.
 11. Moreno CM, Boeree E, Freitas CMT, Weber KS. (2023). Immunomodulatory role of oral microbiota in inflammatory diseases and allergic conditions. *Front. Allergy*. 4: 1067483. doi: 10.3389/falgy.2023.1067483.
 12. Peng X, Cheng L, You Y, Tang C, Ren B, Li Y et al. (2022, Mar 2). Oral microbiota in human systematic diseases. *Int J Oral Sci*. 14(1): 14. <https://doi.org/10.1038/s41368-022-00163-7>.
 13. Segata N, Haake SK, Mannon P, Lemon KP, Waldron L, Gevers D et al. (2012, Jun 14). Composition of the adult digestive tract bacterial microbiome based on seven mouth surfaces, tonsils, throat and stool samples. *Genome Biol*. 13(6): R42. doi: 10.1186/gb-2012-13-6-r42. PMID: 22698087; PMCID: PMC3446314.
 14. Tierney BT, Yang Z, Lubner JM, Beaudin M, Wibowo MC, Baek C et al. (2019, Aug 14). The Landscape of Genetic Content in the Gut and Oral Human Microbiome. *Cell Host Microbe*. 26(2): 283-295.e8. doi: 10.1016/j.chom.2019.07.008. PMID: 31415755; PMCID: PMC6716383.
 15. Toskala E, Kennedy DW. (2015, Sep). Asthma risk factors. *Int Forum Allergy Rhinol*. 5 Suppl 1 (Suppl 1): S11-S16. doi: 10.1002/alr.21557. PMID: 26335830; PMCID: PMC7159773.
 16. Xiao J, Fiscella KA, Gill SR. (2020, Apr 30). Oral microbiome: possible harbinger for children's health. *Int J Oral Sci*. 12(1): 12. doi: 10.1038/s41368-020-0082-x. PMID: 32350240; PMCID: PMC7190716.
 17. Horokhovskiy VV, Dienha OV. (2024). Vplyv modeliuвання porushennia terminiv prorizuvannia zubiv na pokaznyky mikrobiotsenozu v slizovii obolonci porozhnyni rota eksperymentalnykh tvaryn. *Klinichna Stomatohiia*. (1): 50-55. [Гороховський ВВ, Деньга ОВ. (2024). Вплив моделювання порушення термінів прорізування зубів на показники мікробіоценозу в слизовій оболонці порожнини рота експериментальних тварин. *Клінічна Стomatологія*. (1): 50-55]. <https://doi.org/10.11603/2311-9624.2024.113918>.
 18. Klymniuk SI. (1995). Mikrobna ekolohiia shkiry liudyny v rizni vikovi periody v normi ta pry patolohii. *Avtoref. dys. ... doktora med. nauk: spets. 03.00.07 «Mikrobiolohiia»*. К.: 23. [Климнюк СІ. (1995). Мікробна екологія шкіри людини в різні вікові періоди в нормі та при патології. *Автореф. дис. ... доктора мед. наук: спец. 03.00.07 «Мікробіологія»*. К.: 23].

Відомості про авторів:

Волянська Любов Августинівна – к.мед.н., доц. каф. дитячих хвороб з дитячою хірургією ТНМУ ім. І.Я. Горбачевського. Адреса: м. Тернопіль, Майдан Волі, 1. <https://orcid.org/0000-0001-5447-8059>.

Федорців Ольга Євгенівна – д.мед.н., проф. каф. дитячих хвороб з дитячою хірургією ТНМУ ім. І.Я. Горбачевського. Адреса: м. Тернопіль, Майдан Волі, 1. <https://orcid.org/0000-0002-2544-1887>.

Романюк Лідія Богданівна – к.мед.н., доц. каф. мікробіології, вірусології та імунології ТНМУ ім. І.Я. Горбачевського. Адреса: м. Тернопіль, Майдан Волі, 1. <https://orcid.org/0000-0002-8844-8082>.

Бурбела Емілія Ігорівна – к.мед.н., доц. каф. дитячих хвороб з дитячою хірургією ТНМУ ім. І.Я. Горбачевського. Адреса: м. Тернопіль, Майдан Волі, 1. <https://orcid.org/0000-0002-8439-2966>.

Рогальська Яна Вячеславівна – к.мед.н., доц. каф. дитячих хвороб з дитячою хірургією ТНМУ ім. І.Я. Горбачевського. Адреса: м. Тернопіль, Майдан Волі, 1. <https://orcid.org/0000-0002-6376-1953>.

Стаття надійшла до редакції 03.10.2025 р., прийнята до друку 08.02.2026 р.