DOI: https://doi.org/10.51922/1818-426X.2026.4.26

Ю. Е. Еременко, Е. В. Шестакова-Ткаченко

ПРОБЛЕМА ДИСБИОЗА ГЛОТКИ ПРИ ХРОНИЧЕСКОМ ФАРИНГИТЕ И ТОНЗИЛЛИТЕ

ГУ «Республиканский научно-практический центр оториноларингологии», Минск, Республика Беларусь

Изолированная или ассоциированная с признаками ОРВИ боль в горле выступает ведущей причиной обращений к врачам общей практики, педиатрам, оториноларингологам. Боль в горле длительностью более 14 дней расценивается как хроническая и в большинстве случаев является следствием развития хронической воспалительной патологии глотки: фарингита или тонзиллита.

Нормальная микробиота глотки служит барьером против патогенов и необходима для поддержания здоровья дыхательной системы. Когда респираторный микробиом становится несбалансированным – развивается дисбиоз. Определение того, является ли дисбиоз глотки фактором риска рецидивирования или хронизации патологического процесса, представляет собой социальный и экономический интерес. Целью обзорной статьи является анализ роли дисбиоза глотки в развитии хронического фарингита и/или хронического тонзиллита.

Для изучения результатов научных исследований по проблеме дисбиоза глотки использованы наукометрические базы данных Pubmed, Scopus, Web of science, eLibrary. Ключевыми словами для поиска необходимой информации явились: «микробиом глотки», «дисбиоз глотки», «хронический фарингит», «хронический тонзиллит». Все изученные литературные источники опубликованы в 2020–2025 годах.

Путем анализа литературных данных установлено, что хронические воспалительные заболевания глотки обусловлены не только патогенами, но и сложным балансом между ними, комменсальной микробиотой и иммунным ответом. Данные исследований микробиома глотки подчеркивают важность применения комплексных, ориентированных на пациента стратегий диагностики, лечения и медицинской профилактики – коррекции микробиома глотки, что является перспективным направлением с учетом возрастающей проблемы антибиотикорезистентности во всем мире.

Мы предполагаем, что более глубокие фундаментальные знания о составе микробиома глотки и его сложных бактериальных сообществ дадут понимание того, почему у одних людей происходит развитие хронических заболеваний глотки, а других – нет.

Определения ключевых терминов:

микробиота – совокупность всех микроорганизмов определенной области;

микробиом – совокупность микроорганизмов, их генов и факторов среды определенной области;

дисбиоз – дисбаланс условно-патогенных и комменсальных бактерий.

Ключевые слова: *дисбиоз, хронический фарингит, хронический тонзиллит, микробиом, хронические воспалительные заболевания глотки.*

Yu. Yaromenka, K. Shastakova-Tkachenka

THE PROBLEM OF PHARYNGEAL DYSBIOSIS IN CHRONIC PHARYNGITIS AND TONSILLITIS

Republic Scientific and Practical Center of Otorhinolaryngology, Minsk, Republic of Belarus

A sore throat, whether as the sole symptom or in combination with other symptoms of acute respiratory infections, is the most common reason for consulting general practitioners, paediatricians and ENT specialists. A sore throat lasting longer than 14 days is classified as chronic and, in most cases, is the result of a chronic inflammatory condition of the throat: pharyngitis or tonsillitis.

A healthy throat microbiota acts as a barrier against pathogens and is essential for maintaining respiratory health. When the respiratory microbiome becomes unbalanced, dysbiosis develops.

Determining whether pharyngeal dysbiosis is a risk factor for recurrence or chronicity of the pathological process is of social and economic interest. The aim of this review article is to analyse the role of pharyngeal dysbiosis in the development of chronic pharyngitis and/or chronic tonsillitis. To examine the results of scientific research on pharyngeal dysbiosis, we used the scientometric databases PubMed, Scopus, Web of Science, and e-Library. The keywords used to search for the necessary information were: «pharyngeal microbiome», «pharyngeal dysbiosis», «chronic pharyngitis» and «chronic tonsillitis.» All articles reviewed were published between 2020 and 2025.

An analysis of the literature has shown that chronic inflammatory diseases of the pharynx are caused not only by pathogens, but also by a complex balance between them, the commensal microbiota and the immune response. Findings from studies of the oropharyngeal microbiome highlight the importance of adopting comprehensive, patient-centred strategies for diagnosis, treatment and medical prevention — specifically, the modulation of the oropharyngeal microbiome — which represents a promising avenue of research given the growing global problem of antibiotic resistance.

We believe that a deeper fundamental understanding of the composition of the pharyngeal microbiome and its complex bacterial communities will shed light on why some people develop chronic pharyngeal conditions whilst others do not.

Definitions:

microbiota is the composition of all microorganisms in a particular area;

microbiome is the collection of microorganisms, their genes and environmental factors in a particular area;

dysbiosis is an imbalance of pathogenic and beneficial bacteria.

Key words: *dysbiosis, chronic pharyngitis, chronic tonsillitis, microbiome, chronic inflammatory diseases of the pharynx.*

Изолированная или ассоциированная с признаками ОРВИ боль в горле выступает ведущей причиной обращений к врачам общей практики, педиатрам, оториноларингологам. Боль в горле длительностью более 14 дней расценивается как хроническая и в ряде случаев является следствием развития хронической воспалительной патологии глотки: фарингита или тонзиллита [1]. Целью настоящего обзора является анализ роли дисбиоза глотки в развитии хронического фарингита и/или хронического тонзиллита.

Хронический фарингит – воспаление слизистой оболочки глотки, вызывающее ухудшение качества жизни и проявляющееся следующими симптомами: боль в горле, ощущение инородного тела, ощущение сухости, затруднение глотания, изменения голоса. Хронический фарингит составляет около 10–20 % всех заболеваний глотки и около 12–14 % заболеваний ЛОР-органов, причем заболеваемость растет с каждым годом [2]. Этиология заболевания многофакторна. Одной из важных причин является бактериальная инфекция [3]. В патогенезе хронического фарингита играют роль и неинфекционные причины – синдром обструктивного апноэ во сне, гастроэзофагальная рефлюксная болезнь, эндокринные и гормональные нарушения и другое [3, 4].

Хронический тонзиллит – это общее инфекционно-аллергическое заболевание с местной воспалительной реакцией в небных миндалинах. Частота хронического тонзиллита составляет 12–15 % у детей и 4–10 % у взрослых [4]. В патогенезе хронического тонзиллита играют роль анатомические и физиологические особенности небных миндалин, ослабление местного и общего иммунитета и прочее. Некоторые авторы считают, что хронический тонзиллит является следствием полимикробной инфекции с анаэробными бактериями, образующими биопленки в криптах миндалин [5]. При неэффективности консервативного лечения хронического тонзиллита пациенты в конечном итоге могут подвергнуться тонзиллэктомии [4, 5].

Важную роль в возникновении хронической воспалительной патологии глотки играет нарушение ее микробиома, который формируется из микробиоты ротовой полости и полости носа, вследствие чего является достаточно разнообразным – в нем обнаруживается до 15 % видового состава микробиоты человека, состоящей из комменсальных и условно-патогенных микроорганизмов, грибов и вирусов. У здоровых людей микробиом глотки характеризуются низкой плотностью и высоким разнообразием бактериальных колоний, он насчитывает >700 видов бактерий в ротовой полости, из них 65 % приходится на грамположительные, 30 % – на грамотрицательные бактерии, 5 % составляет грибковая флора.

При снижении иммунитета и воздействии различных факторов нарушается соотношение между нормальной и условно-патогенной микробиотой, что приводит к формированию дисбиоза и, как следствие, к развитию хронического фарингита и/или тонзиллита [6, 7].

Дисбиоз как фактор развития хронической воспалительной патологии

В современном понимании сложных взаимоотношений между микроорганизмами и людьми сохраняются ограничения и теоретические пробелы. Результаты важнейших исследований в рамках проектов «Микробиом человека» (HMP, 2007–2016) и «Интегративный микробиом человека» (iHMP, 2014–2016), Европейского проекта MetaHIT (Метагеномика кишечного тракта человека, 2008–2012), Американского проекта по изучению кишечника (AGP, 2012 год – по настоящее время), Голландского проекта по изучению микробиома (DMP, 2015 – по настоящее время), Инициативы по изучению микробиома человека в Канаде, (CMI, 2009 – по настоящее время), проекта «Австралийский микробиом» (AM, 2020 – по настоящее время) значительно облегчили понимание значения микробиома [8].

Микробиом человека – это сложная и динамичная система, содержащая весь спектр генов микроорганизмов и играющая важную роль в поддержании здоровья и развитии болезней человека. В частности, респираторный микробиом представляет собой микробную экосистему, населяющую слизистую оболочку дыхательных путей и эпителиальные поверхности от носовой полости до альвеол вместе с микросредой, от которой зависят эти микроорганизмы. Нормальная респираторная микробиота служит барьером против патогенных микроорганизмов и необходима для поддержания здоровья дыхательной системы. Когда респираторный микробиом становится несбалансированным и микробное разнообразие уменьшается с последующим обогащением патогенными видами, развивается дисбиоз, что может привести к хронизации респираторных заболеваний, включая фарингит и/или тонзиллит [9, 10].

В настоящее время микробный дисбиоз получил широкое признание как отличительный признак здоровья и болезней человека, а также процесса старения. Например, комменсальные микроорганизмы играют фундаментальную роль в образовании и поддержании иммунного гомеостаза посредством антигенной конкуренции и модуляции воспалительных реакций. Также, микробные сообщества, обитающие на слизистых оболочках и/или коже человека, способны предотвращать колонизацию патогенами и их чрезмерный рост («колонизационная резистентность») посредством конкуренции за специфическую пищевую и физико-химическую среду человеческого организма с помощью различных механизмов [8]. В многочисленных исследованиях микробиоты носоглотки человека описаны различные механизмы, участвующие во взаимодействии бактерий: конкуренция за счет подавления роста, снижения колонизации, иммуноопосредованного ингибирования и уменьшения синтеза биопленок. Механизмы подавления роста включали выработку перекиси водорода, высвобождение свободных жирных кислот под действием бактериальной липазы, конкуренцию за железо и другие питательные вещества, выработку бактериоцинов. Перекись водорода, вырабатываемая *Streptococcus*, включая виды *S. pneumoniae* и другие альфа-гемолитические стрептококки, воздействует на ряд бактерий, включая *M. catarrhalis*, *H. influenzae*, *S. aureus* и *Pseudomonas aeruginosa*. Межвидовая конкуренция Haemophilus была обусловлена бактериоциноподобными соединениями, продуцируемыми *Haemophilus haemolyticus* и высвобождением гемосвязывающего белка гемофилина, который защищал от адгезии и инвазии нетипируемых H. influenzae в клетках эпителия дыхательных путей человека. Транскриптомный анализ *H. influenzae*, культивируемых в двух- или трехвидовых биопленках с *S. pneumoniae* и *M. catarrhalis*, показал, что конкуренция за аргинин играет центральную роль в выживании *H. influenzae* в полимикробных биопленках. Было также показано, что липофильные и нелипофильные виды Corynebacterium продуцируют липазы, которые гидролизуют триацилглицеролы хозяина, что приводит к высвобождению свободных жирных кислот, ингибирующих рост *S. pneumoniae in vitro* [11].

В некоторых научных обзорах собраны и обобщены данные, указывающие на существенную патогномоническую роль микробиома в развитии заболеваний ЛОР-органов. Конечной целью многочисленных исследований, посвященных изучению микробиома, является использование терапевтического потенциала и создание новых стратегий для разработки методов профилактики, диагностики и лечения заболеваний [12, 13].

Микробиота глотки пациентов с хронической воспалительной патологией и здоровых людей

В исследовании Jensen A. (2013) сравнили бактериальное разнообразие в криптах небных миндалин у детей и взрослых с рецидивирующим тонзиллитом, а также у здоровых взрослых и детей с гиперплазией небных миндалин, используя высокопроизводительный мультиплексный анализ гена 16S рРНК. Всего в исследование включено 20 человек: 10 взрослых и 10 детей. Ограничением исследования является малая выборка и сопутствующие заболевания в группе здоровых взрослых (полипы голосовых связок, доброкачественное новообразование горла, а также операция на среднем ухе и септумпластика). Обнаружено, что основной микробиом крипт миндалин человека независимо от возраста и состояния здоровья миндалин состоит из таких родов как *Streptococcus*, *Prevotella*, *Fusobacterium*, *Porphyromonas*, *Neisseria*, *Parvimonas*, *Haemophilus*, *Actinomyces*, *Rothia*, *Granulicatella* и *Gemella*. Значимых различий по индексам разнообразия между исследованными группами пациентов обнаружено не было.

С помощью метастатического анализа было обнаружено, что типы *Bacteroidetes* и *Firmicutes* были связаны со здоровыми взрослыми. Виды *Fusobacterium necrophorum*, *Streptococcus intermedius* и *Prevotella melaninogenica*, *Prevotella histicola* были связаны с рецидивирующим тонзиллитом у взрослых.

Виды *Haemophilus influenzae*, *Streptococcus pneumoniae*, род Neisseria были обнаружены в большем количестве у детей. Также у детей в изобилии присутствовали роды *Porphyromonas*, *Prevotella* и *Fusobacterium*, но видовое разнообразие *Porphyromonas* и *Prevotella* наблюдалось больше у взрослых (*Porphyromonas gingivalis*, *Porphyromonas endodontalis* и *Tannerella forsythia*) [5, 12].

В исследовании Shen Y. (2022) изучали микробиоту глотки у здоровых людей и пациентов с хроническим фарингитом с использованием технологии обнаружения на основе 16S рДНК для анализа особенностей распределения бактерий в глотке с последующим биоинформатическим анализом. В исследование было включено 22 пациента с хроническим фарингитом и 8 здоровых лиц, что являлось достаточным для получения оптимизированных последовательностей в количестве более 55 тысяч для каждой группы исследования. Критериями исключения явилось наличие хронического воспаления верхних дыхательных путей, воспалительных заболеваний полости рта, аллергических заболеваний и прием лекарственных препаратов. Обнаружено, что основными доминирующими типами бактерий в глотке здоровых людей явились *Bacteroidetes* и *Firmicutes*. У пациентов с хроническим фарингитом выявлено большее обилие условно-патогенных микроорганизмов родов *Selenomonas*, *Campylobacter*, *Escherichia*, *Mycoplasma* и *Porphyromonas*. Численность комменсальных бактерий (Lactobacillus) была значительно снижена. Анализ α-разнообразия микрофлоры глотки показал, что индекс

обилия микрофлоры глотки повышен у пациентов с хроническим фарингитом по сравнению со здоровыми лицами, однако индекс разнообразия бактерий глотки у всех групп пациентов существенно не изменился. При анализе β-разнообразия микробиоты глотки статистически значимых различий обнаружено не было [2].

В обзоре Ma Z. (2024) показано, что у здоровых людей верхние дыхательные пути – полость носа, пазухи, глотка и надгортанная часть гортани – имеют разный микробный состав. В частности, в носовой полости и носоглотке преобладают роды *Moraxella*, *Staphylococcus*, *Corynebacterium*, *Haemophilus* и *Streptococcus*, тогда как в ротоглотке определены роды *Prevotella*, *Veillonella*, *Streptococcus*, *Leptotrichia*, *Rothia*, *Neisseria* и *Haemophilus* [8].

В обзоре Li Y. et al. (2024) провели всесторонний анализ общедоступных баз данных по метагеномике дыхательной системы. Был собран набор данных из 4067 метагеномных анализов в рамках 20 независимых исследований. Обнаружено, что в носовой полости и носоглотке здоровых людей доминирующими типами были *Firmicutes*, *Actinobacteriota* и *Proteobacteria* [14].

В обзоре Beule A. G. (2018) в микробиоме миндалин здоровых взрослых людей (28 человек) описано доминирование бактерий рода *Streptococcus*. В глотке обнаружены представители родов *Streptococcus*, *Fusobacteria* и *Prevotella*. Исследования проведены методом секвенирования гена 16S рРНК [12].

В исследовании Ren L. et al. (2025) показано, что микробиом ротоглотки здоровых взрослых в основном состоит их представителей родов *Streptococcus*, *Neisseria*, *Veillonella*, *Prevotella* и представлен такими видами как *Neisseria subflava*, *Prevotella intermedia*, *Prevotella melaninogenica*, *Haemophilus parainfluenzae*, *Schaalia odontolytica*, *Veillonella atypica*, *Veillonella dispar*, *Veillonella parvula*, *Campylobacter concisus*, *Fusobacterium nucleatum*, *Myoviridae* sp. и *Siphoviridae* sp. Также, в исследовании установлено, что микроорганизмы вида *S. pneumoniae* содержали больше генов устойчивости к антибиотикам, чем другие виды. Авторы исследования утверждают, что состав микробиома глотки зависит от образа жизни (возраст, курение, окружающая среда (качество воздуха), сбалансированное питание и т. д.) [15].

В обзоре Santacroce L. et al. (2020) представлен перечень родов микроорганизмов, которые колонизируют в носоглотке здоровых взрослых людей: *Streptococcus*, *Haemophilus* и *Neisseria* spp., а также грамотрицательные анаэробные виды *Veillonella*, *Prevotella*, *Leptotrichia* и *Fusobacterium*. В глотке обнаруживалось несколько возбудителей рода Streptococcus, такие как *S. pneumoniae*, *S. pyogenes* и *S. agalactiae*. Было отмечено, что виды бактерий, колонизирующих носоглотку, контактируют с видами из близлежащих анатомических областей, таких как ротоглотка (*Streptococcus* spp.) и небно-язычные дужки (преимущественно аэробные грамположительные бактерии, принадлежащие к родам *Staphylococcus*, *Dolosigranulum*, *Corynebacterium*) [7].

В исследовании Dietl B. et al. (2025) определен микробный состав носоглотки здоровых взрослых участников (37 пациентов) методом секвенирования гена 16S рРНК. Выделены гетерогенные профили микробиоты с различными пропорциями пяти основных родов: *Staphylococcus*, *Streptococcus*, *Cutibacterium* и *Aerococcus*, Corynebacterium. По мнению авторов исследования, основные роды бактерий носоглотки у взрослых могут различаться в зависимости от региона и образа жизни, что подчеркивает необходимость проведения дополнительных исследований для достижения консенсуса относительно состава здоровой микробиоты [16].

В исследовании Стомы И. О. (2024) род *Corynebacterium* обозначен как доминирующий в носоглотке здоровых взрослых. Ротоглотка здоровых взрослых характеризовалась наличием родов *Streptococcus* spp. (*S. pneumoniae*, S. pyogenes), *Staphylococcuss* spp., *Haemophiluss* pp., *Neisseria* spp., *Veillonella* spp., *Prevotella* spp., *Leptotrichia* spp.

Многие авторы подчеркивают, что такие факторы как пол, возраст, географическое местоположение, климат, культура, образ жизни, а также различия в стандартизации процедуры микробиомных исследований (используемой базы данных и биоинформатического анализа) влияют на результаты исследования микробиома, поэтому их сопоставимость может быть ограничена [12, 14–16].

Таким образом, у здоровых людей микробиом глотки представлен в основном такими таксономическими группами, как *Bacteroidetes* (род *Prevotella*), Firmicutes (род *Streptococcus*, *Staphylococcus*, *Aerococcus*), *Actinobacteria* (род *Cutibacterium*, *Corynebacterium*), *Proteobacteria*, *Fusobacteria*, и такими видами, как *Neisseria subflava*, *Prevotella intermedia*, *Prevotella melaninogenica*, *Haemophilus parainfluenzae*, *Schaalia odontolytica*, *Veillonella atypica*, *Veillonella dispar*, *Veillonella parvula*, *Campylobacter concisus*, *Fusobacterium nucleatum*, а также бактериофаги *Myoviridae* sp. и *Siphoviridae* sp. (таблица).

По данным систематических обзоров выявлено, что у пациентов с хроническим фарингитом идентифицировались такие бактериальные роды, как *Selenomonas*, *Campylobacter*, *Escherichia*, *Mycoplasma* и *Porphyromonas*. У пациентов с хроническим тонзиллитом чаще идентифицировались такие виды, как *Fusobacterium necrophorum*, *Streptococcus intermedius*, *Prevotella melaninogenica*, *Prevotella histicola*.

Полученные данные свидетельствуют о том, что хронический тонзиллит и хронический фарингит являются полимикробными инфекциями, при которых этиологическую роль играют взаимодействия внутри бактериальных сообществ [2, 5].

Бактериальные взаимодействия как фактор риска дисбиоза

В настоящее время бактериальные взаимодействия остаются плохо изученными, несмотря на их важность для здоровья человека.

Известно, что комменсальная микробиота обладает способностью ограничивать колонизацию и чрезмерный рост патогенных и условно-патогенных микроорганизмов посредством межбактериального взаимодействия: конкуренции за питательные вещества, продукции бактериоцинов, наличия секреторной системы VI у грамотрицательных бактерий – способности к транспорту белков, являющихся антимикробными токсинами по отношению к рядом расположенной бактериальной клетке другого вида [10].

Таблица. **Ключевые исследования микробиома глотки и миндалин у здоровых людей и пациентов с хроническим фарингитом и/или тонзиллитом**

Год	Авторы	Диагноз	Объем выборки	Метод исследования	Результаты	Достоверность/ Ограничения
2013	Jensen A.	Хронический тонзиллит	10	Секвенирование гена 16S рРНК	*Bacteroidetes* и *Firmicutes* (крипты миндалин у здоровых взрослых); F*usobacterium necrophorum*, *Streptococcus intermedius*, P*revotella melaninogenica*, *Prevotella histicola* (рецидивирующий тонзиллит у взрослых)	Малая выборка. Группа сравнения – взрослые, перенесшие операции на среднем ухе, септумпластику, дети – с гиперплазией миндалин
2022	Shen Y.	Здоровые взрослые + хронический фарингит	30	Секвенирование гена 16S рДНК	*Bacteroidetes* и *Firmicutes* (глотка здоровые) *Selenomonas*, *Campylobacter*, *Escherichia*, *Mycoplasma* и *Porphyromonas* (пациенты с хроническим тонзиллитом)	Достоверные результаты с учетом метода исследования и критериев исключения
2024	Li Y. et al.	Здоровые взрослые	124 человек	Метагеномное секвенирование	*Firmicutes*, *Actinobacteriota* и *Proteobacteria*	Достоверные результаты с учетом метода исследования и критериев исключения (клинические признаки инфекции)
2018	Beule A. G.	Здоровые взрослые	28 человек	Секвенирование гена 16S рРНК	*Streptococcus*, *Fusobacteria* и *Prevotella* (глотка); *Streptococcus* (миндалины)	Полипы голосовых связок
		Хронический тонзиллит	100	Культуральный	Streptococcus (миндалины)	Значительная доля микроорганизмов является некультивируемой
2025	Ren L. et al.	Здоровые взрослые	1046 человек	Метагеномный анализ на уровне видов и штаммов	*Neisseria subflava*, *Prevotella intermedia*, *Prevotella melaninogenica*, *Haemophilus parainfluenzae*, *Schaalia odontolytica*, *Veillonella atypica*, *Veillonella dispar*, *Veillonella parvula*, *Campylobacter concisus*, *Fusobacterium nucleatum*, *Myoviridae* sp. и *Siphoviridae* sp. (ротоглотка)	Использование секвенирования гена 16S рРНК на основе ампликонов ограничивает таксономическое разрешение на уровне вида
2020	Santacroce L. et al.	Здоровые взрослые	37 человек	Секвенирование гена 16S рРНК	*Staphylococcus*, *Streptococcus*, *Cutibacterium* и *Aerococcus*, *Corynebacterium* (носоглотка)	

В обзоре de Córdoba-Ansón P. F. et al. (2025) описано несколько методов in vitro (при совместном культивировании) для проверки предполагаемых микробных взаимодействий в дыхательных путях. С помощью методов ингибирования совместного культивирования в сочетании с другими молекулярными методами было установлено подавление роста *Moraxella catarrhalis* посредством *Prevotella oris*, что предполагает защитную роль за счет прямой микробной конкуренции. Было также показано, что *Corynebacterium propinquum* подавляет рост коагулазонегативных стафилококков, продуцируя сидерофоры, подавляющие их рост. Этот подход выявил железо-опосредованную конкуренцию как потенциально значимый механизм защиты от патогенов в носовой полости человека [13].

В обзоре Yu K. et al. (2025) описаны взаимодействия бактерий, выявленные в ходе наблюдений или экспериментальных исследований. Показано, что рост *S. pneumoniae* стимулировался *H. influenzae* или *M. catarrhalis*, соответственно, *S. pneumoniae* подавлял рост данных видов.

Также, в некоторых исследованиях *S. pneumoniae* ингибировал распространение *S. aureus* из биопленок, вызывая инфекционные заболевания. Имеются данные о конкурентных взаимоотношениях, при которых рост *S. aureus* подавлялся в присутствии *S. pneumoniae in vitro*.

Наличие видов *Corynebacterium* было связано со сниженным риском колонизации *S. pneumoniae* в носоглотке, что было подтверждено результатами экспериментальных данных, при которых было выявлено ингибирование *S. pneumoniae* различными видами *Corynebacterium* из носоглотки (*C. propinquum*, *C. pseudodiphtheriticum*, *C. accolens*, *C. Coyleae*, *C. Striatum* и *C. tuberculostearicum in vitro*).

В некоторых исследования in vitro показано ингибирование H. influenzae альфа-гемолитическими стрептококками (*Streptococcus mitis*, *Streptococcus sanguis*, *S. oralis* и *S. salivarius*) или представителями рода *Lactobacillus* (*Lactobacillus rhamnosus*, *Lactobacillus casei*, *Lactobacillus plantarum* и *Lactobacillus sakei*).

M. catarrhalis ингибировался *in vitro* или в экспериментах на лабораторных животных при взаимодействии с альфа-гемолитическим стрептококком или *Lactobacillus*. Аналогично, независимые исследования сообщили об ингибировании *S. aureus* бактериями *S. salivarius*, *S. oralis* или *Lactobacillus* [11].

Таким образом, взаимодействия микроорганизмов на уровне структурированного сообщества – как в пределах биопленок, так и вне их – могут приводить к дисбиозу глотки и, следовательно, к развитию, рецидивированию и/или хронизации патологического процесса [17].

Появляется всё больше доказательств того, что хронические воспалительные заболевания глотки обусловлены не только патогенами, но и сложным балансом между ними, комменсальной микробиотой и иммунным ответом организма. Взаимодействия микроорганизмов на уровне сообщества, которые приводят к дисбиозу глотки, остаются плохо изученными, несмотря на их важность в понимании патогенеза заболеваний.

Микробиом глотки и небных миндалин характеризуется наличием комменсальных и условно-патогенных бактерий, которые у здоровых людей сосуществуют вместе, не вызывая развитие болезни. При воспалительных заболеваниях глотки (хронический фарингит, хронический тонзиллит) происходит увеличение условно-патогенных микроорганизмов и уменьшение комменсальных. Носоглотка и ротоглотка напрямую подвергаются воздействию внешней среды, и воздействие микроорганизмов, аллергенов, загрязняющих веществ и других факторов может изменять состав микробиоты и, следовательно, вызывать дисбиоз.

Мы предполагаем, что более глубокие фундаментальные знания о составе микробиома глотки и его сложных бактериальных сообществ дадут понимание того, почему у одних людей происходит развитие хронических воспалительных заболеваний глотки, а других – нет.

Таким образом, определение того, является ли дисбиоз глотки фактором риска развития хронического фарингита или хронического тонзиллита, представляет собой социальный и экономический интерес. Данные исследований микробиома глотки подчеркнут важность применения комплексных, ориентированных на пациента стратегий диагностики, лечения и медицинской профилактики хронического фарингита и/или тонзиллита, что оправдает дальнейшие исследования по оптимизации лечения хронических воспалительных заболеваний глотки.

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Литература

1. *Роль* топической терапии в комплексном лечении тонзиллофарингитов у детей / Т. И. Гаращенко, Л. И. Ильенко, А. П. Ястремский, Н. Э. Пайганова // Медицинский совет. – 2025. – Т. 19, № 1. – С. 94–102. – doi: 10.21518/ms2025-105.

2. *16SrDNA-Based* Detection Technology in Patients with Chronic Pharyngitis to Analyze the Distribution Characteristics of Pharyngeal Bacteria / Y. Shen, Ch. Liu, J. Luo [et al.] // J Healthc Eng. – 2022. – Vol. 2022. – S. 1–10. – doi: 10.1155/2022/186991.

3. *Prevalence* and Risk Factors of Anxiety Among Adult Patients with Chronic Pharyngitis in Wuhu, China. / Z. Zha, S. Gao, S. Liu, G. Hu // Neuropsychiatr Dis Treat., – 2023. – Vol. 19. – P. 1313–1319. – doi: 10.2147/NDT. S415938.

4. *Пальчун*, В. Т. Оториноларингология: учебник / В. Т. Пальчун, А. И. Крюков, М. М. Магометов. – 4-е изд., перераб. и доп. – М.: ГЭОТАР-Медиа, 2022. – 592 с. : ил.

5. *Molecular* mapping to species level of the tonsillar crypt microbiota associated with health and recurrent tonsillitis / A. Jensen, H. Fagö-Olsen, Ch. Sørensen, M. Kilian // PLoS One. – 2013. – Vol. 8(2). – S. 1–15. – doi: 10.1371/journal.pone.0056418.

6. *Межейникова*, М. О. Микробиом глотки / М. О. Межейникова, А. Д. Буланова // Фундаментальная наука в современной медицине – 2023: материалы научно-практической конференции студентов и молодых ученых. – Минск: БГМУ, 2023. – С. 92–94.

7. *The Human* Respiratory System and its Microbiome at a Glimpse / L. Santacroce, I. A. Charitos, A. Ballini [et al.] // Biology (Basel). – 2020. – Vol. 9(10). – S. 1–16. – doi: 10.3390/biology9100318.

8. *A systematic* framework for understanding the microbiome in human health and disease: from basic principles to clinical translation / Z. Ma, T. Zuo, N. Frey, A. Y Rangrez // Signal Transduct Target Ther. – 2024. – Vol. 9(1). – S. 1–36. – doi: 10.1038/s41392-024-01946-6.

9. *The impact* of environmental factors on respiratory tract microbiome and respiratory system diseases / Y. Ge, G. Tang, Y. Fu [et al.] // Eur J Med Res. – 2025. – Vol. 30(1). – S. 1–8. – doi: 10.1186/s40001-025-02517-3.

10. *Стома*, И. О Микробиом в медицине: руководство для врачей / И. О. Стома. – М.: ГЭОТАР–Медиа, 2024. – 320 с.: ил.

11. *Interactions* between bacteria in the human nasopharynx: a scoping review / K. Yu, V. Tenaglia, E. G. Chua [et al.] // Lancet Microbe. – 2025. – Vol. 6(7). – S. 1–14. – doi: 10.1016/j.lanmic.2024.101062.

12. *Beule*, A. G. The Microbiome – The Unscheduled Parameter for Future Therapies / A. G. Beule // Laryngorhinootologie. – 2018. – Vol. 97. – P. 279–311. – doi: 10.1055/s-0043-122301.

13. *The Respiratory* Tract Microbiome and Human Health / P. F. de Córdoba-Ansón, I. Linares-Ambohades, F. Baquero [et al.] // Microb. Biotechnol. – 2025. – Vol. 18. – № 5. – S. 1–19. – doi: 10.1111/1751-7915.70147.

14. *Comprehensive* human respiratory genome catalogue underlies the high resolution and precision of the respiratory microbiome / Y. Li, G. Pan, S. Wang [et al.] // Brief Bioinform. – 2024. – Vol. 26(1). – S. 1–18. – doi: 10.1093/bib/bbae620.

15. *Transmission* of the human respiratory microbiome and antibiotic resistance genes in healthy populations / L. Ren, J. Yang J, Y. Xiao Y [et al.] // Microbiome. – 2025. – Vol. 13(1). – S. 1–14. – doi: 10.1186/s40168-025-02107-9.

16. *Differential* nasopharyngeal microbiota patterns: A comparative study of pneumococcal pneumonia, COVID-19, and healthy adults / B. Dietl, D. Henares, E. Cuchí [et al.] // J Infect. – 2025. – Vol. 91(3). – S. 1–10. – doi: 10.1016/j.jinf.2025.106589.

17. *Mitra*, A. Combatting biofilm-mediated infections in clinical settings by targeting quorum sensing / A. Mitra // Cell Surf. – 2024. – Vol. 12. – S. 1–8. – doi: 10.1016/j.tcsw.2024.100133.

References

1. *Rol* topicheskoj terapii v kompleksnom lechenii tonzillofaringitov u detej [The role of topical therapy in the complex treatment of tonsillopharyngitis in children] / T. I. Garashenko, L. I. Ilenko, A. P. Yastremskij, N. E. Pajganova // Medicinskij sovet. – 2025. – Vol. 19, № 1. – S. 94–102 [In Russian].

2. *Shen*, Y. 16SrDNA-Based Detection Technology in Patients with Chronic Pharyngitis to Analyze the Distribution Characteristics of Pharyngeal Bacteria / Y. Shen, Ch. Liu, J. Luo [et al.] // J Healthc Eng, – 2022. – Vol. 2022. – S. 1–10. – doi: 10.1155/2022/5186991.

3. *Prevalence* and Risk Factors of Anxiety Among Adult Patients with Chronic Pharyngitis in Wuhu, China / Z. Zha, S. Gao, S. Liu, G. Hu // Neuropsychiatr Dis Treat., – 2023. – Vol. 19. – P. 1313–1319. – doi: 10.2147/NDT. S415938.

4. *Palchun*, V. T. Otorinolaringologiya: uchebnik [Otorhinolaryngology] / V. T. Palchun, A. I. Kryukov, M. M. Magometov. – 4-e izd., pererab. i dop. – M.: GEOTAR-Media, 2022. – 592 s. : il. [In Russian].

5. *Molecular* mapping to species level of the tonsillar crypt microbiota associated with health and recurrent tonsillitis / A. Jensen, H. Fagö-Olsen, Ch. Sørensen, M. Kilian // PLoS One. – 2013. – Vol. 8(2). – S. 1–15. – doi: 10.1371/journal.pone.0056418.

6. *Mezhejnikova*, M. O. Mikrobiom glotki [Pharyngeal Microbiom] / M. O. Mezhejnikova, A. D. Bulanova // Fundamentalnaya nauka v sovremennoj medicine – 2023: materialy nauchno-prakticheskoj konferencii studentov i molodyh uchenyh. – Minsk: BGMU, 2023. – S. 92–94 [In Russian].

7. *The Human* Respiratory System and its Microbiome at a Glimpse / L. Santacroce, I. A. Charitos, A. Ballini [et al.] // Biology (Basel). – 2020. – Vol. 9(10). – S. 1–16. – doi: 10.3390/biology9100318.

8. *A systematic* framework for understanding the microbiome in human health and disease: from basic principles to clinical translation / Z. Ma, T. Zuo, N. Frey, A. Y Rangrez // Signal Transduct Target Ther, – 2024. – Vol. 9(1). – S. 1–36. – doi: 10.1038/s41392-024-01946-6.

9. *The impact* of environmental factors on respiratory tract microbiome and respiratory system diseases / Y. Ge, G. Tang, Y. Fu [et al.] // Eur J Med Res. – 2025. – Vol. 30(1). – S. 1–8. – doi: 10.1186/s40001-025-02517-3.

10. *Stoma*, I. O Mikrobiom v medicine: rukovodstvo dlya vrachej [Microbiome in medicine: a guide for doctors] / I. O. Stoma //. – M.: GEOTAR–Media, 2024. – 320 s.: il. [In Russian].

11. *Interaction*s between bacteria in the human nasopharynx: a scoping review / K. Yu, V. Tenaglia, E. G. Chua [et al.] // Lancet Microbe. – 2025. – Vol. 6(7). – S. 1–14. – doi: 10.1016/j.lanmic.2024.101062.

12. *Beule*, A. G. The Microbiome – The Unscheduled Parameter for Future Therapies / A. G. Beule // Laryngorhinootologie. – 2018. – Vol. 97. – P. 279–311. – doi: 10.1055/s-0043-122301.

13. *The Respiratory* Tract Microbiome and Human Health / P. F. de Córdoba-Ansón, I. Linares-Ambohades, F. Baquero [et al.] // Microb. Biotechnol. – 2025. – Vol. 18, № 5. – S. 1–19. – doi: 10.1111/1751-7915.70147.

14. *Comprehensive* human respiratory genome catalogue underlies the high resolution and precision of the respiratory microbiome / Y. Li, G. Pan, S. Wang [et al.] // Brief Bioinform. – 2024. – Vol. 26(1). – S. 1–18. – doi: 10.1093/bib/bbae620.

15. *Transmission* of the human respiratory microbiome and antibiotic resistance genes in healthy populations / L. Ren, J. Yang J, Y. Xiao Y [et al.] // Microbiome. – 2025. – Vol. 13(1). – S. 1–14. – doi: 10.1186/s40168-025-02107-9.

16. *Differential* nasopharyngeal microbiota patterns: A comparative study of pneumococcal pneumonia, COVID-19, and healthy adults / B. Dietl, D. Henares, E. Cuchí [et al.] // J Infect. – 2025. – Vol. 91(3). – S. 1–10. – doi: 10.1016/j.jinf.2025.106589.

17. *Mitra*, A. Combatting biofilm-mediated infections in clinical settings by targeting quorum sensing / A. Mitra // Cell Surf. – 2024. – Vol. 12. – S. 1–8. – doi: 10.1016/j.tcsw.2024.100133.

Поступила 22.04.2026 г.