

© Клименюк С. І., Романюк Л. Б., 2024
УДК 616-008.87
DOI 10.11603/1681-2727.2024.4.15005

С. І. Клименюк, Л. Б. Романюк

ДЕЯКІ ОСОБЛИВОСТІ МІКРОБІОМУ ЛЮДИНИ

Тернопільський національний медичний університет імені І. Я. Горбачевського МОЗ України

Наведено приклади використання сучасних методів дослідження мікробіому людини, зокрема транскриптоміки, метагеноміки та метабіоміки, які базуються на розшифруванні геномів мікроорганізмів, що дозволяють оцінити видовий склад мікробіоти певного біотопу організму людини без виділення чистих культур.

Наведено історичний екскурс дослідження людського мікробіому і внесок вітчизняних та іноземних дослідників у розвиток знань про мікробіом.

Грунтовно описані функції, які виконує людський мікробіом у процесі життєдіяльності макроорганізму та його вплив на ефективність роботи численних органів і систем макроорганізму, зокрема системи імунітету.

Показано роль мікробного благополуччя організму майбутньої матері у формуванні неонатальної мікробіоти та її здатності виконувати ключові функції в організмі малюка.

Розглядається біосоціологічне значення мікробних симбіонтів та їх зв'язок із соціально-психологічним «кліматом».

В огляді вказується на важливості стабільного складу мікробіому людини і чинниках, що можуть на нього вплинути, тим самим спричиняючи негативні впливи на організм в цілому. Охарактеризовано деякі особливості мікробного пейзажу найбільш значущих біотопів людини.

Робота розширює уявлення практикуючих спеціалістів усіх галузей медицини про склад мікробіому людини, роль мікроорганізмів у фізіологічному функціонуванні організму людини та їх значення у виникненні патологічних станів різної локалізації і можливості профілактики цих станів шляхом оздоровлення мікробіому людини.

Ключові слова: мікробіом; симбіоз; макроорганізм; мікроорганізм.

Організм людини заселений великою кількістю мікроорганізмів, які утворюють складну екологічну спільноту і впливають на фізіологію людини, зумовлюючи як її здоров'я, так і виникнення різноманітних хвороб. Ці

мікроби мають тісний взаємозв'язок з імунною системою людини, спричинений тисячолітньою коеволуцією [1–4].

Ще лауреат Нобелівської премії Джошуа Ледерберг запропонував використовувати термін «мікробіом» для визначення складних екологічних спільнот симбіонтних, коменсальних і патогенних мікроорганізмів, що колонізують організм людини [2].

Впровадження нових молекулярних технологій, таких як транскриптоміка, метагеноміка та метабіоміка, сприяло розширенню розуміння сутності мікробіому людини. Ці новітні технології, що швидко розвиваються, збільшують нашу здатність розуміти роль мікробіому людини і його вплив на її здоров'я [1, 3, 4].

Ще донедавна сукупність мікроорганізмів, які живуть в людському організмі, залишалася маловивченою. Зараз завдяки масштабним дослідженням, проведеним в рамках проєкту «Мікробіом людини» (Human Microbiome Project), ми змогли скласти хоч якесь уявлення про розмаїття мікрофлори тіла [1, 4].

Кінцевою метою проєкту «Мікробіом людини» є не тільки розширення академічних знань про мікрофлору нашого тіла, але й його практичне застосування.

Мета проєкту – розшифрування 900 повних геномів мікробів, представлених найпростішими одноклітинними, бактеріями та археями, проте навіть ці знання в кінцевому підсумку будуть лише малою часткою інформації про всі мікроби, що колонізують людське тіло, складаючи його «мікробіом». Як виявилось, взаємодія мікроорганізмів з людським тілом набагато тісніша, ніж передбачалося, а до розвитку багатьох хвороб призводить саме порушення балансу між бактеріями [1, 3].

Надзвичайно важливим є використання сучасних підходів як інструментів вивчення мікробів. Ідентифіковано близько 70 % мікробіоти людини, яка стала можливою саме завдяки розробці передових технологій дослідження – метагеноміки, метатранскриптоміки та метаболоміки метатранскриптомії [4, 5].

Метагеноміка створює біотехнологічну перспективу вивчення геномної структури ДНК, безпосередньо виділеної з їхнього природного джерела [6]. Ці нові методи були використані вченими, щоб надати докази існуван-

ня генів понад тисячі навіть нових видів мікробів, які колонізують наш організм. Метагеномний підхід має потенціал для виявлення генів, родин генів і кодованих ними білків, які є абсолютно новими та можуть мати велике значення в галузі біотехнологічної та фармацевтичної науки, і дозволяє досліджувати склад мікробної спільноти [7].

Що це за нові галузі знань?

Метагеноміка означає дослідження структури та функції повних нуклеотидних послідовностей, виділених і проаналізованих мікроорганізмів у груповій пробі. Вона використовується для вивчення певної спільноти мікроорганізмів, наприклад тих, що є у різних біотопах.

Метатранскриптоміка передбачає екстракцію та аналіз метагеномної мРНК (метатранскриптома). Вона – високопродуктивний незалежний від виділення чистої культури метод кількісного визначення рівнів експресії генів у складному мікробіоценозі. Вона виходить за межі генетичного потенціалу спільноти, оціненого методами на основі ДНК. За допомогою сигналів як від філогенетичних, так і від метаболічних маркерів метатранскриптоміка може одночасно відновлювати склад спільноти та надавати інформацію про її активність.

Метаболоміка (метаболомний аналіз) стосується систематичної ідентифікації та кількісного визначення малих молекул у біологічній системі (клітина, тканина, орган, біологічна рідина чи організм) у певний момент часу.

Для вивчення мікробіому широко використовують секвенування 16S рРНК – швидкий, економічний та ефективний метод ідентифікації бактерій. 16S рРНК має особливу структуру, яка характеризується наявністю гіперваріабельної ділянки, що робить її ідеальною для ідентифікації бактерій аж до видового рівня. У цьому методі немає необхідності культивувати мікроби, а ДНК екстрагується безпосередньо зі зразка з подальшою ампліфікацією гена 16S рРНК за допомогою техніки полімеразної ланцюгової реакції, після чого фрагменти вирівнюються та порівнюються послідовність з базою даних для ідентифікації [8]. Крім того, відповідний вибір гіперваріабельних ділянок також може привести до ймовірного відкриття рідкісних таксонів, присутніх у цих мікробіомах [1].

Були використані й інші новітні технології, наприклад, із секвенуванням тривалого зчитування в реальному часі. Довге зчитування було успішно використано для визначення метагеномних до РНК мета-транскриптомів у мікробіомі [9], а також для бактерійного одноклітинного секвенування [10].

Багато вчених науково-дослідних інститутів США та інших країн світу протягом декількох років працювали над цим першим в історії «переписом» мікроорганізмів,

які колонізують всі біотопи людини, розшифровуючи ДНК мікробів, використовуючи деякі з методів, які застосовуються в генетиці людини [1].

За результатами генетичного аналізу зібраного матеріалу було встановлено, що в організмі людини живе понад квадрильон (10^{15}) бактерій орієнтовно 10 тисяч видів. У той час як організм цілком здорової людини складається зі 100 трильйонів, або 10^{14} клітин. Тобто кількість бактерій на порядок перевищує кількість власних клітин організму.

На одній людській клітині живе близько 10 клітин бактерій, але вони настільки малі, що зібрані разом мікроби становлять приблизно 1-3 % маси тіла. Це означає, що 90-кілограмова особа може бути колонізована близько 0,9–2,7 кг бактерій, а загальна маса клітин, що заселяють кишку людини, за об'ємом дорівнює філіжанці кави.

Така велика кількість мікробів забезпечує життєдіяльність людини набагато більшою кількістю генів, ніж може надати людський організм сам собі. За підрахунками вчених, якщо в геномі людини 22 тисячі генів, що кодують білки, забезпечуючи наш метаболізм, то мікрофлора приносить близько восьми мільйонів унікальних генів, тобто бактерійних генів в людини в 360 разів більше, ніж власне людських [4].

Сучасні знання дозволяють стверджувати, що немає двох людей на земній кулі з однаковим мікробіомом. Отже, мікробіом людини – це складна сукупність мікроорганізмів, що заселяють різні біотопи людського тіла, включаючи шкіру, ротову порожнину, дихальні шляхи, травний канал, сечовивідні шляхи, репродуктивний тракт тощо і формується із спільнот різноманітних мікроорганізмів, включаючи еукаріоти, археї, бактерії та віруси [3, 4, 11, 12]. Мікробіота описується як спільнота мікроорганізмів, яка проживає в окремому середовищі, а сукупність цілих геномних елементів окремої мікробіоти є мікробіомом.

Таке співжиття мікроорганізмів і людини пояснюється їх тісним симбіонтним співіснуванням.

Симбіоз – одне з найцікавіших і досі ще багато в чому загадкових явищ у біології, хоча його вивчення має тривалу історію. Воно вперше було описано швейцарським ботаніком Симоном Швенденером у 1877 р. у лишайників, які, як з'ясувалося, є симбіонтними організмами, що складаються з водоростей і грибів. Сам термін «симбіоз» було запропоновано в 1879 р. німецьким ботаніком та мікробіологом Антоном де Барі [1].

Натепер зрозуміло, що всі рослини, тварини і люди на пройшли у своєму розвитку тривалий процес коеволюції з іншими представниками біосфери, але, насамперед, – з мікроорганізмами, без участі яких життя на планеті було б неможливе. Практично немає жодного

виду багатоклітинних організмів, які не мають ендогенних мікроорганізмів-симбіонтів. Однією з найбільш рідких симбіонтних систем є взаємодіюча кооперація людини із своєю ендогенною мікробіотою.

Ще донедавна вважали, що людина є самостійним незалежним видом, який з'явився на Землі у певний період еволюції. Проте за своєю біологічною сутністю людина є стійким симбіозом двох рівноправних автономних систем: макроорганізму – власне тіла людини (соматичних клітин) і системи мікроорганізмів-симбіонтів, які адаптувалися в процесі філогенезу до існування у відносно відкритих біотопах людини на основі взаємовигідних відносин. Таке біологічне співжиття виявилось настільки корисним обом об'єктам симбіозу, що спільними зусиллями макроорганізму та його мікроскопічних союзників у процесі їх тривалої тисячолітньої спільної еволюції сконструйована і вдосконала додаткова анатомічна мікробно-тканинна структура тіла людини – мікробна екологічна система, що відіграє суттєву роль у функціонуванні організму. Як і будь-яка інша система організму вона має свою структуру та фізіологічні функції, що реалізуються за безпосередньої участі симбіонтних мікроорганізмів у багатьох життєвих процесах макроорганізму або в регуляції цих процесів.

Зародження мікробної екології людини тісно пов'язане з ім'ям нашого видатного співвітчизника, лауреата Нобелівської премії 1908 р. І. І. Мечникова, який вперше передбачив важливу роль нормальної мікрофлори у підтримці фізичного та психічного здоров'я людей і продовженні їх життя. Вчений першим запропонував цілеспрямоване застосування у клінічній практиці кислomолочних продуктів і препаратів, що містять спеціальні культури лактобацил з високою антагоністичною активністю для оздоровлення кишкової мікрофлори. Концепція такої мікробіологічної терапії І. І. Мечникова, заснована на наявності тісного зв'язку між здоров'ям людини, станом його кишкової мікрофлори та імунітетом, стала потужним імпульсом для еволюції знань у галузі мікробної екології людини та розробки широкого спектру мікробних препаратів, які зараз використовуються для усунення мікроекологічних порушень [3, 12].

Сучасні знання про індигенну симбіонтну мікробну флору (мікробіоту) людини дозволяють розглядати мікробну екологічну систему як особливий мікробно-метаболічний орган, що виконує широкий спектр надважливих місцевих і системних функцій, які забезпечують ефективний захист організму від шкідливих мікроорганізмів та субстанцій, а також суттєво впливають на структурно-функціональний стан внутрішніх органів, імунної системи та процеси регуляції життєво важливих функцій. Експериментально доведено участь біоценозів у побудові молекулярних структур макроорганізму, син-

тезі ряду інформаційних і регуляторних молекул, акумуляції теплової та вільної енергії та ін.

Колосальна кількість мікроорганізмів, що колонізують у нормальних умовах біотопа людини, свідчить про їх надзвичайну важливість для життєдіяльності макроорганізму, забезпечуючи:

- антагоністичну функцію – підтримання колонізаційної резистентності, зумовлюючи стійкість біотопів до заселення випадковою, в тому числі і патогенною мікрофлорою, що забезпечується як продукцією бактеріоцинів та інших речовин, що мають бактерицидну і бактеріостатичну дію, так і конкуренцією бактерій за поживні субстрати в екологічних нішах;
- імуногенну функцію – «тренування» імунної системи своїми антигенами, зумовлюючи певний рівень нормальних антитіл, які є ланкою вродженого імунітету;
- травну функцію – за рахунок виділення своїх численних ферментів беруть участь у порожнинному травленні;
- метаболічну функцію – їх ферменти сприяють участі в обміні білків, ліпідів, уратів, оксалатів, стероїдних гормонів, холестерину та ін.;
- синтез вітамінів – бактерії товстої кишки синтезують біотин, рибофлавін, пантотенову кислоту, вітаміни К, Е, В₁₂, фолієву кислоту;
- детоксикаційну функцію – здатність знешкоджувати ендогенні та екзогенні токсичні субстрати шляхом біосорбції або трансформації їх в нетоксичні сполуки;
- регуляторну функцію – участь в регуляції газового, водно-сольового обміну, підтримці рН;
- енергетичну функцію – служить джерелом енергії, наприклад, внесок симбіонтної мікробіоти в енергетичне забезпечення людини може досягати 25 % від загальної потреби, а травна система на 90 % покриває свою потребу в енергії за рахунок жирних кислот мікробного походження;
- генетичну функцію – нормальна мікрофлора – це необмежений банк генетичного матеріалу, оскільки обмін генетичного матеріалу постійно відбувається як між самими представниками нормальної мікрофлори, так і патогенними видами, що потрапляють в ту чи іншу екологічну нішу;
- антимутагенну активність – полягає у формуванні стійкості епітеліальних клітин до мутагенів (канцерогенів) і руйнуванні їх; таким чином інактивуються проканцерогени – речовини, здатні викликати онкологічні процеси;
- регуляцію запрограмованої загибелі клітин (апоптозу);
- утилізацію надлишків їжі і формування калових мас;

- нормалізацію психічного стану, регуляцію сну, циркадних ритмів, апетиту;
- морфокінетичну дію – беруть участь у рості, розвитку та апоптозі епітеліальних клітин, ангиогенезі, перистальтуванні тощо;
- вплив на мозкову діяльність і поведінкові реакції людини;
- формування епігенетичної програми розвитку організму та її реалізацію, починаючи з внутрішньоутробного періоду і до глибокої старості [3, 12].

Якщо уявити, що нормальну мікрофлору якимось чином видалили з організму людини, стане помітною швидка втрата життєздатності через відсутність інших органів і систем, які могли б взяти на себе багатоспекторні функції нормальної симбіотичної мікрофлори. Але сама собою мікробіота людини надзвичайно стійка [12].

Симбіотична система, що складається з організму людини та суми мікробних угруповань, які колонізують його біотопи, характеризується складною організацією та стійкою структурою. Взаємодія макроорганізму та його мікросимбіотів чітко збалансована і пов'язана з розмежуванням функцій та їхньою спеціалізацією.

Така колосальна кількість мікроорганізмів, що мешкають у нормальних умовах у біотопах людини, свідчить про їх надзвичайну важливість для життєдіяльності макроорганізму.

Мікробна екологічна система починає формуватися і дозрівати переважно після народження дитини, тобто після здійснення перших прямих контактів тіла новонародженого з масивом мікроорганізмів: спочатку з мікрофлорою родових шляхів і шкіри матері, а потім і з екзогенним мікробним світом. Проте протягом усього періоду вагітності відбувається підготовка плода до майбутнього конструювання мікробної екологічної системи, властивої конкретному індивідууму. Тобто ще до зачаття батьки несуть відповідальність за формування мікроекологічного здоров'я своєї дитини, яке найбільше залежить від стану мікробної екології майбутньої матері.

Людина разом із симбіотичними мікроорганізмами, що живуть у його біотопах, розглядається як єдиний «надорганізм». Обмін речовин цього надорганізму зумовлюється не тільки генами людських хромосом, але й обумовлений геномами симбіотичних мікробів. Попередні оцінки показують, що загальна генетична система мікробних угруповань, що заселяють різні ділянки тіла людини, в сотні більша за кількість генів, ніж геном людини.

За даними молекулярно-генетичних досліджень, склад мікрофлори в біоценозах людини генетично пов'язаний усередині спільноти та специфічний на шта-

мовому рівні для кожного індивідуума. Тому впровадження у здоровий біоценоз чужорідного штаму практично неможливе [12].

Мікробіота людини розглядається деякими авторами не лише як додатковий орган людини, але й як своєрідний індикатор, що чітко реагує на соматичний стан, рівень стресу, навіть настрої людини. Оскільки стан окремої людини перебуває під впливом його взаємин з іншими людьми в рамках соціуму, то вважається, що мікробні симбіоти повинні опосередковано відкликатися на соціально-психологічний «клімат» і тому мати певне біосоціологічне значення [7, 8, 12].

Кількість і видовий склад мікрофлори залежить від віку, статі, клімату в регіоні, режиму харчування, мікробіоценозів навколишнього середовища, індивідуальних санітарно-гігієнічних навичок особи тощо. Особливу роль у змінах нормальних мікробіоценозів відіграють антибіотики, інші хіміотерапевтичні та імунологічні препарати. Вони спричиняють сильний селективний тиск на популяції окремих бактерій, знищуючи чутливі особини, тим самим сприяючи розвиткові стійких варіантів.

Важливою особливістю нормальної мікрофлори є її індивідуальна й анатомічна стабільність. При контактній бактерії можуть передаватися від однієї людини до іншої, але, як правило, не приживаються.

Симбіотична мікрофлора кожного біотопу має свій видовий склад. Ключовий компонент біоценозу (домінантна, резидентна, автохтонна, головна мікрофлора) досить стабільний, інші компоненти (додаткова, алохтонна, транзиторна мікрофлора) постійно змінюються залежно від зовнішніх чинників.

Виділяють декілька ключових біотопів людини, колонізованих мікроорганізмами: порожнина рота, верхні дихальні шляхи, травний канал, шкірні покриви та сечостатева система. Фактично будь-яка поверхня людського тіла, відкрита для оточення, колонізована мікроорганізмами, які відіграють важливу роль у підтримці імунітету, обміну речовин і травлення, функціонуванні ендокринної та нервової систем, а також у реалізації інших важливих функцій. Ротова порожнина, волосся, ніс, вуха, сечостатеві шляхи, шкіра, очі, травний канал, бронхолегенева система містять власний унікальний специфічний потенціал, але саме кишковий мікробіом через свою чисельність активно впливає на перебіг багатьох фізіологічних процесів людини [12].

Отже, доведено, що симбіотична система, що формується тілом людини та сумою мікробних угруповань, що населяють його біотопи, характеризується складною організацією та стійкою структурою. Взаємодія макроорганізму та його мікросимбіотів чітко збалансована і пов'язана з розмежуванням функцій та їхньою спеціалізацією.

Таким чином, мікробіом (мікробіота) – це сукупність бактерій, вірусів, грибів й архей симбіонтних і патогенних, що колонізують слизові оболонки людини всередині та поверхню її шкіри. Часто це поняття скорочують до бактерій, а для інших спільнот вводять окремі назви, наприклад, віром – для сукупності вірусів, а мікобіом – для популяцій грибів. Мікробіом в збалансованому стані називають здоровим.

У своєму розвитку людина, як і інші ссавці, пройшла тривалий, розтягнутий на сотні тисяч років, етап коєволюції з мікробіоценозом.

Одним з найвагоміших результатів тривалої взаємодії людини з мікробами стало створення унікальної симбіонтної гібридної системи, так званого «суперорганізму» *Homo sapiens*, яка складається з клітин людини та багатовидового консорціуму бактерій, архей, найпростіших, вірусів і грибів, що функціонують у динаміці та симбіонтній рівновазі.

Така форма біологічного співжиття виявилася настільки корисною для обох сторін симбіозу, що спільними зусиллями людини та її мікроскопічних супутників у процесі їх тривалої спільної еволюції вдосконалено додаткову структуру тіла людини, яка зараз отримала назву мікробіом.

Тіло людини колонізується різними мікробними популяціями з раннього неонатального стану, дитинства [13]. Склад спільноти та щільність мікробіому надзвичайно різняться на різних ділянках системи органів [14]. Наприклад, верхні відділи дихальних шляхів густіше заселені, ніж нижні відділи дихальних шляхів [3]. Шлунок, дванадцятипала кишка та клубова кишка мають низьку щільність колонізації, тоді як порожня, сліпа та товста кишка густо заселені [3, 15, 16].

У принципі, склад мікробіоценозів людини та колонізаційна щільність його популяцій вивчаються вже понад століття, а основні їх таємниці так і не розкриті. Не претендуючи на повноцінний виклад популяційної структури мікробіоценозів людини, надалі звертаємо увагу на основні їх особливості.

Відповідно до домінування, переважаючими типами бактерій, що включають сотні родів і видів в організмі людини, є типи *Bacteroidetes*, *Firmicutes*, *Actinobacteria* і *Proteobacteria* [1].

Популяції цих різних видів бактерій суттєво різняться серед індивідуумів, а склад бактерійного мікробіоценозу, здається, в першу чергу залежить від різних біотопів тіла.

Так, мікробіомний склад несхожих ділянок шкіри людини різко відрізняється на основі відмінностей їх відносної вологості в неоднакових місцях на тілі людини з переважною присутністю представників бактерійних типів *Actinobacteria*, *Firmicutes* або *Proteobacteria*.

Bacteroidetes також представляють незначну частину мікробіому шкіри залежно від особливостей її ділянок [16]. У травному каналі переважаючими є *Firmicutes*, *Bacteroidetes* і *Proteobacteria*, тоді як *Firmicutes* складають основний тип у піхві [17]. Склад бактерій, пов'язаних із кишечником, різко змінювався у немовлят залежно від часу його становлення та колонізації окремими видами бактерій [18].

Найбільший орган людського тіла, – шкіра, колонізована великою групою мікроорганізмів, більшість з яких нешкідливі або навіть корисні для людини, але деякі є небезпечними [15]. Шкіра – це екосистема, що складається з 1,8 м² і має широкий діапазон біотопів існування з величезними складками та інвазіями разом зі спеціалізованими нішами, які підтримують широкий спектр мікроорганізмів [19]. Чотири основні типи бактерій – *Actinobacteria*, *Firmicutes*, *Bacteroidetes* і *Proteobacteria* [20] характеризують мікробіоту шкіри з помітними популяціями *Actinobacteria*, і також тих, що належать до родів *Corynebacterium*, *Propionibacterium* в біотопах тіла, які багаті на сальні залози, тоді як сухі ділянки, такі як долонна поверхня передпліччя колонізована протеобактеріями.

Мікроорганізми, що належать до родів *Corynebacterium*, *Staphylococcus*, *Propionibacterium*, *Micrococcus*, *Malassezia*, *Brevibacterium*, *Dermobacter* і *Actinobacter* [21], є найбільш поширеними представниками мікробіоценозу поверхні шкіри, а *Staphylococcus spp.* і *Corynebacterium spp.* є найпоширенішими бактеріями, які колонізують вологі ділянки, наприклад, ліктюву ямку, сідничну складку, підколінну ямку, пупок і пахову складку, що було виявлено метагеномним аналізом [22, 23].

Бактерії-коменсали, що колонізують шкіру, захищають людину від можливих патогенних бактерій, синтезуючи бактеріоцини, деякі токсичні метаболіти, білкові комплекси, які мають антагоністичну дію на патогенні організми [24]. Наприклад, відомо, що штам *Staphylococcus aureus* 502A синтезує бактеріоцин, який сприяє гальмуванню інших вірулентних стафілококів. Позаклітинний фермент, що утворюється багатьма представниками шкірної мікробіоти, також здатний відігравати ключову роль, гідролізуючи макромолекули хазяїна до сполук з низькою молекулярною масою, які можуть транспортуватися всередині клітини, і служити живильними субстратами. Резидентні бактерії також конкурують з іншими штамми подібного виду за доступні ресурси, такі як місця зв'язування, поживні речовини, екологічні ніші тощо, запобігаючи їх колонізації. *Staphylococcus epidermidis* зв'язуючись з рецепторами кератиноцитів пригнічує адгезію *Staphylococcus aureus* [24, 25].

Один із найбільш великих і досліджених мікробіомів знаходиться в ротовій порожнині людини, і включає бактерії, гриби, віруси, найпростіші тощо. Цей зв'язок між людьми та їхньою мікрофлорою порожнини рота починається одразу після народження та зберігається на все життя [26]. Ротова порожнина має дві категорії поверхонь, які можуть бути колонізовані бактеріями. Це тверді поверхні зубів або зубних протезів і м'які тканини слизової оболонки порожнини рота [27]. Понад 700 видів бактерій живуть і відіграють певну роль у забезпеченні здоров'я ротової порожнини [28]. До основних родів бактерій порожнини рота людини належать *Streptococcus*, *Granulicatella*, *Gamella*, *Actinomyces*, *Corynebacterium*, *Rothia*, *Veillonella*, *Fusobacterium*, *Prevotella*, *Porphyromonas*, *Capnocytophaga*, *Neisseria*, *Haemophilus*, *Treponema*, *Eikenella*, *Leptotrichia*, *Lactobacterium*, *Peptostreptococcus*, *Staphylococcus*, *Eubacteria* і *Propionibacterium* [28], а *Candida*, *Cladosporium*, *Saccharomycetales*, *Fusarium*, *Aspergillus* і *Cryptococcus* є переважаючими родами грибів [29].

Деякі віруси, які в основному пов'язані із захворюваннями, також можуть бути в ротовій порожнині, наприклад віруси паротиту та віруси сказу, які уражають слинні залози. Також можна знайти віруси папіломи людини, відповідальні за різні захворювання ротової порожнини, включаючи конділоми, папіломи та вогнищеву епітеліальну гіперплазію, [30]. *Trichomonas tenax* і *Entamoeba gingivalis* є двома найпростішими, які переважно мешкають у ротовій порожнині людини [1].

Структурними компонентами респіраторної системи людини є дихальний тракт (провідна зона) і дихальна зона. Провідна частина включає ніс, глотку, гортань, альвеолярні ходи, альвеоли. Провідний сегмент дихального апарату сильно колонізований мікроорганізмами, але респіраторний відділ вільний від мікробів і, як правило, стерильний [31]. Дихальні шляхи, як відомо, поділяються на верхні дихальні шляхи (ніс і глотка) і нижні дихальні шляхи (гортань, трахея, бронхи, бронхиоли, легені).

Найпоширеніші види бактерій дихальних шляхів включають *Streptococcus pyogenes*, *Streptococcus viridians*, *Streptococcus pneumoniae*, *Corynebacterium diphtheriae*, *Staphylococcus aureus*, *Haemophilus influenzae*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Bordetella pertussis*, *Klebsiella* spp., *Neisseria meningitidis*, *Mycoplasma pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Moraxella* spp. [32]. Крім цих мікроорганізмів там може бути багато вірусів (аденовіруси, риновіруси, віруси грипу, віруси Епштейна-Барр, віруси кору тощо) і різних видів грибів (*Aspergillus* spp., *Candida albicans*, *Candida immitis*, *Candida neoformans* тощо), також пов'язаних дихальними шляхами людини [33].

Мікробіота, присутня в дихальних шляхах, діє як фактор, який забезпечує колонізаційну резистентність дихальних шляхів, протидіючи заселенню тракту потенційними збудниками.

Респіраторна мікробіота також пов'язана з дозріванням і збереженням балансу між фізіологією респіраторної системи та її імунітетом [34].

Z. Gao та ін. [35] також відзначають, що мікробіом глотки відіграє життєво важливу роль у запобіганні виникненню інфекцій дихальних шляхів, захищаючи оболонку дихальних шляхів від патогенної мікрофлори, що передається через повітря. Вважають, що деякі представники мікробіоти, зокрема, *Dolosigranulum* spp. і *Corynebacterium* spp. мають значний сприятливий вплив на баланс екосистеми дихальних шляхів, відіграючи вирішальну роль у підтриманні здоров'я дихальних шляхів і виключенні патогенних бактерій, наприклад *Streptococcus pneumoniae*, *Pseudomonas* spp., *Haemophilus* spp., *Klebsiella* spp. і *Legionella* spp. [36, 37].

Кишечник людини – це природне середовище існування, яке містить велику та динамічну популяцію мікроорганізмів. Термін «кишкова мікробіота» використовується для опису значного розмаїття мікроорганізмів, що колонізують травний канал людини і включають бактерії, археї, віруси та еукарії [38]. Мікробіом кишечника формується численною спільнотою різноманітних мікроорганізмів, які різняться один від одного залежно від їх розташування в різних відділах травного каналу [39]. Як зазначалось, число мікробних клітин більш ніж у 10 разів перевищує кількість еукаріотичних клітин, присутніх в організмі людини [40, 41], причому лише в кишечнику людини живе понад 100 трильйонів мікробів. Ці організми колонізують різні ділянки кишки людини та впливають на багато аспектів її здоров'я [42, 43].

У шлунку і тонкій кишці живе дуже мало видів бактерій, порівняно з товстою кишкою, яка містить більш складну та дуже динамічну екосистему мікробів [44].

Структура мікробіоти залежить не лише від місця розташування, але й від різноманітних факторів, таких як вік, дієта, ліки, стать, кишкова інфекція тощо. *Actinobacteria*, *Firmicutes*, *Bacteroidetes* і *Proteobacteria* є переважними типами бактерій в кишці людини [45]. Субдомінантними типами бактерій, які там живуть, є *Fusobacteria* та *Verrucomicrobia* [46]. Мікроби родів *Bacteroides*, *Bifidobacterium*, *Eubacterium*, *Peptostreptococcus*, *Clostridium*, *Peptococcus* і *Ruminococcus* є основними родами мікробів у кишечнику людини. А аероби та факультативні анаероби, зокрема, роди *Enterobacter*, *Klebsiella*, *Enterococcus*, *Lactobacillus*, *Escherichia*, *Proteus* тощо є субдомінантними родами мікробів, присутніх у кишці людини [45]. У шлунку та тонкій кишці найпоширенішими родами бак-

терій є *Helicobacter*, *Streptococcus*, *Staphylococcus*, *Prevotella*, *Veillonella*, *Lactobacillus*, *Actinomyces*, *Rothia* тощо [47,48]. Крім цих бактерій, в кишці людини за деяких умов можуть попадати патогенні мікроби – *Campylobacter jejuni*, *Vibrio cholerae*, *Salmonella enterica* [49]. Є також різноманітні рідкісні мікробні таксони, які здебільшого не помічаються, але можуть мати великий вплив на фізіологічні функції людини. *Oxalobacter formigenes* є прикладом рідкісних мікробних видів, присутніх у кишкової мікробіоті, що відіграють роль в оксалатному гомеостазі [50]. Описана наявність *Fusobacterium nucleatum* та *Anaerostipes hadrus* [51].

Methanosphaera stadtmanae та *Methanobrevibacter smithii* є домінуючими видами архей в кишкової мікробіоті разом із малопоширеними таксонами, наприклад *Methanomassiliicoccus luminyensis* [52], та видами, що належать до роду *Nitrososphaera*.

Кишечник людини також населений різними еукаріотами, хоча інформації про ці популяції в ньому менше. Вони можуть відігравати потенційну роль у збереженні здоров'я людини, наприклад *Saccharomyces boulardii* відіграє певну роль як пробіотик [52], тоді як лямблійоз пов'язаний з рідкісним еукаріотом *Giardia duodenalis*, присутнім у кишці людини [53, 54].

Говорячи про наявність у кишці людини бактерій антагоністів родів *Lactobacillus* і *Bifidobacterium*, не можна не згадати про їх позитивне значення [3, 12].

Зокрема, лактобактерії товстої кишки можуть:

- забезпечувати стабільний мікробіоценоз;
- забезпечувати антагонізм відносно патогенних бактерій, гнильної та газоутворювальної мікрофлори;
- продукцію антибіотиків [лактолін, лактоцидин, ацидофілін];
- стимуляцію росту нормальної мікрофлори; покращувати перистальтику кишки;
- брати участь у процесах протеолізу та ліполізу в дистальних відділах кишки;
- синтезувати лактазу;
- покращувати засвоєння заліза, фосфору і кальцію;
- забезпечувати протипухлинну активність;
- активувати синтез лізоциму, інтерферону та імуноглобулінів;
- стимулювати фагоцитарну активність нейтрофілів, макрофагів.

Біфідобактерії товстої кишки здатні:

- забезпечувати антагонізм відносно патогенних і умовно-патогенним мікроорганізмів;
- забезпечувати колонізаційну резистентність;
- брати участь у регуляції, регенерації кишкового епітелію; регулювати травлення;
- активувати моторику травного каналу;
- утилізувати харчові субстрати

- активувати пристінкове травлення;
- синтезувати амінокислоти і білки;
- синтезувати вітамін К, вітаміни групи В, нікотину, пантотенову, фолієву кислоти; синтезувати нейропептиди, оксид азоту, антиоксиданти, гормони; сприяти засвоєнню кальцію, калію, хлору, цинку, вітаміну D;
- регулювати електролітний та кислотно-лужний баланс;
- активувати специфічні та неспецифічні захисні реакції;
- індукувати синтез лізоциму, інтерферону та нормальних імуноглобулінів;
- акумулювати токсичні продукти та виводити їх з організму;
- розкладати цукри без газоутворення, адже це дуже важливо для людини [особливо немовляти].

Сечовидільна система включає парну нирку і сечоводи, сечовий міхур і уретру. Оскільки анатомія сечовидільної системи у чоловіків і жінок значно відрізняється, їх мікробний склад також відрізняється [55]. У жінки нирки, сечоводи та сечовий міхур зазвичай стерильні, але уретри жінки, як правило, колонізована різними мікроорганізмами. Основними мікроорганізмами, що її населяють, є *Lactobacillus spp.*, *Corynebacterium spp.*, *Fusobacterium spp.*, *Veillonella spp.*, *Escherichia coli*, *Enterobacteriaceae* (*Klebsiella*, *Proteus*, *Enterobacter*), *Burkholderia spp.*, коагулазонегативні стафілококи, *Bacteroides spp.*, грампозитивні анаеробні коки, включаючи *Peptococcus*, *Peptostreptococcus*, *Anaerococcus*, *Peptoniphilus*, *Micromonas*, *Ruminococcus*, *Coprococcus*, *Sarcina* тощо [56, 57]. У чоловіків мікробний пейзаж уретри бідніший за жінок. Домінантними мікроорганізмами чоловічої уретри є коагулазонегативні *Staphylococci*, *Corynebacterium spp.*, *Streptococcus viridans*, грампозитивні анаеробні коки, *Mollicute* [1].

Нормальна вагінальна мікробіота відіграє важливу роль в імунитеті, фізіології та харчуванні, причому більшість цих бактерій живе в мутуалістичній асоціації з людьми, і лише деякі з них є умовно-патогенними мікроорганізмами, які потенційно можуть спричинити хворобу [58]. Основними бактеріями, присутніми у піхві, є *Lactobacillus spp.*, *Staphylococcus spp.*, *Enterococcus spp.*, *Bifidobacterium spp.*, *Streptococcus spp.*, *Corynebacterium spp.*, *Propionibacterium spp.*, *Bacteroides spp.*, *Porphyromonas spp.*, *Clostridium spp.*, *Veillonella spp.*, *Fusobacterium spp.*, *Prevotella spp.*, *Mycoplasma spp.* і грампозитивні анаеробні коки, *Candida albicans* [58–60].

Великі та різноманітні групи мікроорганізмів, які живуть у різних частинах людського тіла, мають високий рівень спільної еволюції зі здоров'ям людини. Незважа-

ючи на те, що велика кількість цих мікробів виконує функції, які є ключовими для фізіології хазяїна, здається, що мінливість мікробіому значно перевищує генетичні варіації людини. У цьому огляді ми представили оновлення мікробіоти людини та її зв'язку зі здоров'ям людини, досліджуючи шість частин тіла, включаючи шкіру, ротову порожнину, дихальні шляхи, травний канал, сечовивідні шляхи та піхву. Серед цих ділянок мікробіота травного каналу безперервно розвивається протягом життя хазяїна на відміну від інших ділянок тіла. Останні розробки в галузі проєктів секвенування мікробіомів усвідомили високу складність різних мікробних спільнот, присутніх у різних місцях в організмі людини. Вони підтвердили важливість екосистем людини та мікробіоти для зміцнення здоров'я та різноманітних хвороботворних процесів. Завдяки постійним вдосконаленням методів секвенування мікробіоти ми тепер маємо безмежні можливості для отримання нових знань про мікробіом та його зв'язок із людиною, особливо щодо розуміння того, як ця взаємодія сприяє виникненню захворювань шкіри, дихальних шляхів, ротової порожнини, травного каналу, сечовивідних шляхів. Крім того, спекулятивна роль кишкових мікробів для інших метаболічних розладів, таких як діабет 2 типу та гіпероксалурія, була охарактеризована в індійському населенні [61]. Динаміка популяції *Fermicutes* була б винуватцем метаболічного дисбактеріозу екології кишечника, а стратегії корек-

ції були гіпотезами, що стосуються додаткової кількості екзогенної флори в системі. Розробка та постійне оновлення все потужніших інструментів для вилучення значущих шаблонів із цього масиву даних ще більше доповнили наявний пул знань.

Останні досягнення в процесі секвенування мікробіомів і технології omics, такі як метагеноміка, транскриптоміка, метаболоміка, додатково нададуть фундаментальну інформацію про екосистему людини та мікробіоти в процесі зміцнення здоров'я або захворювання. Ці дослідження забезпечать подальше розуміння взаємодії людини та мікробіому, що зрештою забезпечить удосконалення терапії для підтримки здоров'я людини. Крім того, пробіотики є однією з найважливіших терапевтичних стратегій для різних станів, включаючи IBD, діабет, і це може бути важливим для майбутнього лікування захворювань шкіри, порожнини рота, органів дихання, травного каналу та інших недуг. Майбутні досягнення прояснять взаємодію між людиною та мікробіомом і стратегії діагностики та лікування захворювань, які можна буде використовувати в майбутньому для персоналізованої медицини.

Сьогодні, враховуючи тісний взаємозв'язок симбіонтної мікробіоти з тілом людини, під поняттям «мікробіом» мається на увазі не тільки сукупність мікробних клітин, але й приєднані біоплівки, що утворюються мікроорганізмами разом зі своїм макросимбіонтом [3].

Література

1. Dekaboruah, E., Suryavanshi, M.V., Chettri, D., & Verma, A.K. (2020). Human microbiome: an academic update on human body site specific surveillance and its possible role. *Archives of microbiology*, 202, 2147-2167.
2. Shreiner, A.B., Kao, J.Y., & Young, V.B. (2015). The gut microbiome in health and in disease. *Current opinion in gastroenterology*, 31(1), 69-75.
3. Yankovskyi, D.S., Shirobokov, V.P., Dyment, G.S. (2017). *Microbiome: monograph*. Kyiv: FIP Veres, 640 p. [in Ukrainian].
4. Aguiar-Pulido, V., Huang, W., Suarez-Ulloa, V., Cickovski, T., Mathee, K., & Narasimhan, G. (2016). Metagenomics, metatranscriptomics, and metabolomics approaches for microbiome analysis: supplementary issue: bioinformatics methods and applications for big metagenomics data. *Evolutionary bioinformatics*, 12, EBO-S36436.
5. Kinross, J.M., Darzi, A.W., & Nicholson, J.K. (2011). Gut microbiome-host interactions in health and disease. *Genome medicine*, 3, 1-12.
6. Lim, Y.W., Schmieder, R., Haynes, M., Willner, D., Furlan, M., Youle, M., ... & Rohwer, F. (2013). Metagenomics and metatranscriptomics: windows on CF-associated viral and microbial communities. *Journal of Cystic Fibrosis*, 12(2), 154-164.
7. Gifford, S.M., Sharma, S., Rinta-Kanto, J.M., & Moran, M.A. (2011). Quantitative analysis of a deeply sequenced marine microbial metatranscriptome. *The ISME journal*, 5(3), 461-472.
8. Hayashi, H., Sakamoto, M., & Benno, Y. (2002). Phylogenetic analysis of the human gut microbiota using 16S rDNA clone libraries and strictly anaerobic culture-based methods. *Microbiology and immunology*, 46(8), 535-548.
9. Franzosa, E.A., Morgan, X.C., Segata, N., Waldron, L., Reyes, J., Earl, A.M., ... & Huttenhower, C. (2014). Relating the metatranscriptome and metagenome of the human gut. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(22), E2329-E2338.
10. Gawad, C., Koh, W., & Quake, S.R. (2016). Single-cell genome sequencing: current state of the science. *Nature Reviews Genetics*, 17(3), 175-188.
11. Kilian, M., Chapple, I.L.C., Hannig, M., Marsh, P.D., Meuric, V., Pedersen, A.M.L., ... & Zaura, E. (2016). The oral microbiome—an update for oral healthcare professionals. *British dental journal*, 221(10), 657-666.
12. Klimniuk, S.I., Volch, I.R., Zagrychuk, O.M., Kravets, N.Ya., Medvid, I.I., Mykhailyshyn, G.M. (2023). *Microbiome of the human body: textbook*. Ternopil: Osadna Yu. V., 416 p. [in Ukrainian].
13. Johnson, C.L., & Versalovic, J. (2012). The human microbiome and its potential importance to pediatrics. *Pediatrics*, 129(5), 950-960.
14. Dethlefsen, L., McFall-Ngai, M., & Relman, D.A. (2007). An ecological and evolutionary perspective on human-microbe mutualism and disease. *Nature*, 449(7164), 811-818.

15. Belizário, J. E., & Napolitano, M. (2015). Human microbiomes and their roles in dysbiosis, common diseases, and novel therapeutic approaches. *Frontiers in microbiology*, 6, 1050.
16. Wang, B., Yao, M., Lv, L., Ling, Z., & Li, L. (2017). The human microbiota in health and disease. *Engineering*, 3(1), 71-82.
17. Palmer, C., Bik, E.M., DiGiulio, D.B., Relman, D.A., & Brown, P.O. (2007). Development of the human infant intestinal microbiota. *PLoS biology*, 5(7), e177.
18. Wang, Y., Wang, B., Wu, J., Jiang, X., Tang, H., & Nielsen, O.H. (2017). Modulation of gut microbiota in pathological states. *Engineering*, 3(1), 83-89.
19. Grice, E.A., & Segre, J.A. (2011). The skin microbiome. *Nature reviews microbiology*, 9(4), 244-253.
20. Pflughoeft, K.J., & Versalovic, J. (2012). Human microbiome in health and disease. *Annual Review of Pathology: Mechanisms of Disease*, 7(1), 99-122.
21. Cundell, A.M. (2018). Microbial ecology of the human skin. *Microbial ecology*, 76(1), 113-120.
22. Grice, E.A., & Segre, J.A. (2011). The skin microbiome. *Nat Rev Microbiol*. 2011, 244, 10.
23. Grice, E.A., & Segre, J.A. (2012). The human microbiome: our second genome. *Annual review of genomics and human genetics*, 13(1), 151-170.
24. Ibrahim, F., Khan, T., & Pujalte, G.G. (2015). Bacterial skin infections. *Primary Care: Clinics in Office Practice*, 42(4), 485-499.
25. Asadi, A., Razavi, S., Talebi, M., & Gholami, M. (2019). A review on anti-adhesion therapies of bacterial diseases. *Infection*, 47, 13-23.
26. Lamont, R.J., Koo, H., & Hajishengallis, G. (2018). The oral microbiota: dynamic communities and host interactions. *Nature reviews microbiology*, 16(12), 745-759.
27. Zaura, E., Keijsers, B.J., Huse, S.M., & Crielaard, W. (2009). Defining the healthy «core microbiome» of oral microbial communities. *BMC microbiology*, 9, 1-12.
28. Zarco, M.F., Vess, T.J., & Ginsburg, G.S. (2012). The oral microbiome in health and disease and the potential impact on personalized dental medicine. *Oral diseases*, 18(2), 109-120.
28. Lu, M., Xuan, S., & Wang, Z. (2019). Oral microbiota: A new view of body health. *Food Science and Human Wellness*, 8(1), 8-15.
29. Wade, W.G. (2013). The oral microbiome in health and disease. *Pharmacol Res*, 69(1), 137-143.
30. Kumaraswamy, K.L., & Vidhya, M. (2011). Human papilloma virus and oral infections: an update. *Journal of cancer research and therapeutics*, 7(2), 120-127.
31. Wilson, M. (2005). *Microbial inhabitants of humans: their ecology and role in health and disease*. Cambridge University Press.
32. Kelly, B.J., Imai, I., Bittinger, K., Laughlin, A., Fuchs, B.D., Bushman, F.D., & Collman, R.G. (2016). Composition and dynamics of the respiratory tract microbiome in intubated patients. *Microbiome*, 4, 1-13.
33. Dickson, R.P., Erb-Downward, J.R., Martinez, F.J., & Huffnagle, G.B. (2016). The microbiome and the respiratory tract. *Annual review of physiology*, 78(1), 481-504.
34. Man, W.H., de Steenhuijsen Piters, W.A., & Bogaert, D. (2017). The microbiota of the respiratory tract: gatekeeper to respiratory health. *Nature Reviews Microbiology*, 15(5), 259-270.
35. Gao, Z., Kang, Y., Yu, J., & Ren, L. (2014). Human pharyngeal microbiome may play a protective role in respiratory tract infections. *Genomics, Proteomics and Bioinformatics*, 12(3), 144-150.
36. Biesbroek, G., Tsivtsivadze, E., Sanders, E.A., Montijn, R., Veenhoven, R.H., Keijsers, B.J., & Bogaert, D. (2014). Early respiratory microbiota composition determines bacterial succession patterns and respiratory health in children. *American journal of respiratory and critical care medicine*, 190(11), 1283-1292.
37. Hollister, E.B., Gao, C., & Versalovic, J. (2014). Compositional and functional features of the gastrointestinal microbiome and their effects on human health. *Gastroenterology*, 146(6), 1449-1458.
38. Aragon, I.M., Herrera-Imbroda, B., Queipo-Ortuño, M.I., Castillo, E., Del Moral, J.S.G., Gomez-Millan, J., ... & Lara, M.F. (2018). The urinary tract microbiome in health and disease. *European urology focus*, 4(1), 128-138.
39. Min, Y.W., & Rhee, P.L. (2015). The role of microbiota on the gut immunology. *Clinical therapeutics*, 37(5), 968-975.
41. Wang, Y., Wang, B., Wu, J., Jiang, X., Tang, H., & Nielsen, O.H. (2017). Modulation of gut microbiota in pathological states. *Engineering*, 3(1), 83-89.
42. Kinross, J.M., von Roon, A.C., Holmes, E., Darzi, A., & Nicholson, J.K. (2008). The human gut microbiome: implications for future health care. *Current gastroenterology reports*, 10(4), 396-403.
43. Lozupone, C.A., Stombaugh, J.I., Gordon, J.I., Jansson, J.K., Knight, R. (2012). Diversity, stability and resilience of the human gut microbiota. *Nature*, 489(7415), 220-230.
44. Shyrobokov, V.P., Yankovskyi, D.S., Dymont, G.S. (2011). *Human microbial ecology with color atlas: textbook. 2nd edition, revised and supplemented*. Kyiv LLC: Chervona Ruta-Tours., 312 p. [in Ukrainian].
45. Donaldson, G.P., Lee, S.M., Mazmanian, S.K. (2016). Gut biogeography of the bacterial microbiota. *Nat Rev Microbiol.*, 14(1), 20-32.
46. Hollister, E.B., Gao, C., Versalovic, J. (2014). Compositional and functional features of the gastrointestinal microbiome and their effects on human health. *Gastroenterology*, 146(6), 1449-58.
47. Dridi, B., Fardeau, M.L., Ollivier, B., Raoult, D., Drancourt, M. (2012). *Methanomassiliicoccus luminyensis* gen. nov., sp. nov., a methanogenic archaeon isolated from human faeces. *Int J Syst Evol Microbiol.*, 62(8), 1902-1907.
48. Chuang, Y.F., Fan, K.C., Su, Y.Y., Wu, M.F., Chiu, Y.L., Liu, Y.C., & Lin, C.C. (2024). Precision probiotics supplement strategy in aging population based on gut microbiome composition. *Briefings in Bioinformatics*, 25(4), bbae351.
49. Kelesidis, T., Pothoulakis, C. (2012). Efficacy and safety of the probiotic *Saccharomyces boulardii* for the prevention and therapy of gastrointestinal disorders. *Therap Adv Gastroenterol.*, 5(2), 111-125.
50. Sidhu, H., Schmidt, M.E., Cornelius, J.G., Thamilselvan, S., Khan, S.R., Hesse, A., Peck, A.B. (1999). Direct correlation between hyperoxaluria/oxalate stone disease and the absence of the gastrointestinal tract-dwelling bacterium *Oxalobacter formigenes*: possible prevention by gut recolonization or enzyme replacement therapy. *J Am Soc Nephrol.*, 10(14), 334-340.
51. Lee, S., Portlock, T., Le Chatelier, E., Garcia-Guevara, F., Clasen, F., Oñate, F.P., ... & Shoaie, S. (2024). Global compositional and functional states of the human gut microbiome in health and disease. *Genome research*, 34(6), 967-978.
52. Greenblum, S., Turnbaugh, P.J., Borenstein, E. (2012). Metagenomic systems biology of the human gut microbiome reveals topological shifts associated with obesity and inflammatory bowel disease. *Proc Natl Acad Sci.*, 109(2), 594-599.
53. Kinross, J.M., Darzi, A.W., Nicholson, J.K. (2011). Gut microbiome-host interactions in health and disease. *Genome Med.*, 3(3), 14.
54. Wang, Y., Wang, B., Wu, J., Jiang, X., Tang, H., Nielsen, O.H. (2017). Modulation of gut microbiota in pathological states. *Engineering*, 3(1), 83-89.
55. Foxman, B. The epidemiology of urinary tract infection. (2010). *Nat Rev Urol.*, 7(12), 653-660.

56. Sheerin, N.S. (2011). Urinary tract infection. *Medicine*, 39(7), 384-389.

57. Colella, M., Topi, S., Palmirotta, R., D'Agostino, D., Charitos, I.A., Lovero, R., & Santacroce, L. (2023). An overview of the microbiota of the human urinary tract in health and disease: current issues and perspectives. *Life*, 13(7), 1486.

58. Hetticarachchi, N., Ashbee, H.R., Wilson, J.D. (2010). Prevalence and management of non-albicans vaginal candidiasis. *Sex Transm Infect.*, 86(2), 99-100.

59. Dhakar, K., Pandey, A. (2016). Wide pH range tolerance in extremophiles: towards understanding an important phenomenon for future biotechnology. *Appl Microbiol Biotechnol.*, 100(6), 2499-2510.

60. Paduch-Jakubczyk, W., & Dubińska, M. (2024). The Role of Vaginal Microbiota in Women's Health.

61. Suryavanshi, M.V., Bhute, S.S., Jadhav, S.D., Bhatia, M.S., Gune, R.P., & Shouche, Y.S. (2016). Hyperoxaluria leads to dysbiosis and drives selective enrichment of oxalate metabolizing bacterial species in recurrent kidney stone endures. *Scientific reports*, 6(1), 1-15.

SOME FEATURES OF THE HUMAN MICROBIOME

S. I. Klymnyuk, L. B. Romanyuk

I. Horbachevsky Ternopil National Medical University

SUMMARY. *The article provides examples of using modern methods of human microbiome research, for example transcriptomics, metagenomics, and metabiomics, which are based on decoding the genomes of microorganisms, which make it possible to assess the species composition of the microbiota of the human body certain biotope without isolating pure cultures.*

A short historical overview of the human microbiome study and the contribution of national and foreign researchers to the development of knowledge about the microbiome is given.

The functions performed by the human microbiome in the vital activity of the macroorganism and their influence on the efficiency of the work of numerous macroorganism organs and systems of the organs, in particular the immune system, are thoroughly described.

The role of the microbial well-being of the future mother's body in the formation of the neonatal microbiota and its ability to perform key functions in the baby's body is shown.

The biosociological significance of microbial symbionts and their connection with the socio-psychological «climate» of human were considered.

The review emphasizes the importance of the stability of the composition of the human microbiome and the factors that can affect it, thereby causing negative effects on the body as a whole. Some features of the microbial landscape of the most important human biotopes are characterized.

The review points out the importance of a stable composition of the human microbiome and the factors that can affect it, thereby causing negative effects on the body. Some features of the microbial landscape of the most important human biotopes are characterized.

This work expands the understanding by specialists of all branches of medicine the knowledge about the composition of the human microbiome, the role of its microorganisms in the physiological functioning the human body and their importance in the formation of pathological states of various localization, indicates the possibility of maintaining the stability of the microbiome in different biotopes and the possibility of their correction by improving the health of the human microbiome.

Key words: *microbiome; symbiosis; macroorganism; microorganism.*

Відомості про авторів:

Климнюк Сергій Іванович – д. мед. наук, професор, завідувач кафедри мікробіології, вірусології та імунології Тернопільського національного медичного університету імені І. Я. Горбачевського; e-mail: klymnyuk@tdmu.edu.ua

ORCID: 0000-0002-1308-3250

Романюк Лідія Богданівна – канд. мед. наук, доцентка кафедри мікробіології, вірусології та імунології Тернопільського національного медичного університету імені І. Я. Горбачевського; e-mail: romanyuk@tdmu.edu.ua

ORCID: 0000-0003-4703-4438.

Information about the authors:

Klymnyuk S. I. – DSc (Medicine), Professor, the Head of the Department of Microbiology, Virology and Immunology, I. Horbachevsky Ternopil National Medical University; e-mail: klymnyuk@tdmu.edu.ua

ORCID: 0000-0002-1308-3250

Romanyuk L. B. – PhD, Associated Professor of the Department of Microbiology, Virology and Immunology I. Horbachevsky Ternopil National Medical University; e-mail: romanyuk@tdmu.edu.ua

ORCID: 0000-0003-4703-4438

Конфлікту інтересів немає.

Authors have no conflict of interest to declare.

Отримано 4.11.2024 р.