

▶ Kommentár

▶ A mikrobiom tüdőgyógyászati kórképekben

DR. ANTUS BALÁZS

A korábbi évtizedekben a tüdőt, illetve az alsó légutakat bakteriológiai szempontból gyakorlatilag steril területnek gondolták. Napjainkra bizonyossá vált, hogy jelentős baktériumflóra van jelen még az egészséges tüdőben is. A tüdő mikrobiomján a légutakban, valamint a tüdőparenchimában élő mikrobák összességét értjük. Ezek a mikroorganizmusok leggyakrabban baktériumok, vírusok vagy gombák.

A legújabb elképzelések szerint a lokális légúti mikrobiomnak fontos szerepe van a légzőrendszer fiziológiás védekező mechanizmusainak fenntartásában, de emellett – a gazdaszervezet és a mikrobák közötti interakciók révén – különböző légúti betegségek kialakulásának is meghatározó tényezője.¹ A különféle mikroorganizmusok egymással szimbiotikus viszonyban élve és egymásra is hatva komplex hálózatot képeznek. A hálózat egyensúlyának megbomlása befolyásolja a légúti gyulladásra való predispozíciót, és megfelelő környezeti triggererek (pl. dohányzás vagy antigénnel való találkozás) hatására definitív tüdőbetegségek kialakulásához vezethet.

AZ „EGÉSZSÉGES” LÉGÚTI FLÓRA

Úgy tűnik, mind a gyermekek, mind pedig a felnőttek „egészséges” légúti flórája valójában számos, potenciálisan patogén baktériumot is tartalmaz. Így pl. a gyermekek felső légúti mintáiból gyakran mutatható ki *Streptococcus*, *Haemophilus*, *Staphylococcus*, *Moraxella* és *Alloicoccus* törzsek jelenléte a már korábban is ismert *Corynebacterium* mellett.² Hasonlóképpen, a felnőttek bronchoalveoláris lavage (BAL) mintáiban is gyakran lehet *Pseudomonas*, *Streptococcus*, *Prevotella*, *Fusobacterium*, *Haemophilus*, *Veillonella* és *Porphyromonas* jelenlétét igazolni különböző, nagy érzékenységgű mikrobiológiai technikák alkalmazásával.³

Egyes megfigyelések szerint a nazofaringeális légutaknak a korai gyermekkorban (<1 év) *Staphylococcus* és *Corynebacterium* törzsekkel való kolonizációja a későbbiekben átalakul, és *Moraxella*, illetve *Alloicoccus* törzsek jelennek meg.² A légutak *Haemophilus*, *Streptococcus* és *Moraxella* baktériumokkal való kolonizációja növeli a virális légúti infekciókra való hajlamot, ami fokozott kockázatot jelent a gyermekkori asztma kialakulása szempontjából, különösen a tünetmentes *Streptococcus*-kolonizáció esetében.

A MIKROBIOM LÉGÚTI BETEGSÉGEKBE

Úgy tűnik, hogy a krónikus obstruktív tüdőbetegség (COPD) patogenezisének is egyik fontos eleme a tüdő bakteriális mikrobiomjának változása.⁴ Mint ismeretes, a stabil állapotban lévő COPD-s betegekből gyakran lehet izolálni különböző patogéneket anélkül, hogy ennek különösebb klinikai következménye lenne. Ugyanakkor a bakteriális kolonizáció jelenléte predispozíciós tényezőt jelent az akut exacerbációk kialakulása szempontjából, amelyek már közismerten kedvezőtlenül befolyásolják a COPD kórlefolását és a betegek életminőségét. Az exacerbációk kiváltásában a hagyományos bakteriális ágensek (*Haemophilus*, *Streptococcus*, *Moraxella*) mellett a rinovírusoknak és az adenovírusoknak is szerepük van.

Külön figyelmet érdemelnek a tisztás fibrózisos (CF) betegek légúti bakteriális kolonizációi. Mint ismeretes, CF-ben a betegség előrehaladtával a tüdő szövete fibrotikus-cisztikusan átépül, és ezzel párhuzamosan a légutakban kifejezett neutrofil sejtes dominanciával járó légúti gyulladás és krónikus bakteriális kolonizáció alakul ki.⁵ Ezekben az állapotokban klinikai és prognosztikai szempontból a legnagyobb jelentősége a külön-

böző *Pseudomonas* törzsek légúti megtelepedésének van.⁶ A *Pseudomonas*-kolonizáció jelenléte felgyorsítja a tüdőbetegség progresszióját, és előrevetíti a végállapotú tüdőbetegség kialakulását. A kolonizáció korai felismerése és lehetőség szerinti visszaszorítása különböző eradikációs kezelési stratégiák alkalmazásával alapvető jelentőségű, és fontos része e betegek gondozási programjainak.

A szerző és munkahelye:

DR. ANTUS BALÁZS

PhD. Osztályvezető főorvos, Országos Korányi TBC és Pulmónológiai Intézet, Kórélettani Osztály, Budapest



Levelezési cím:

antusb@hotmail.com



Irodalom:

1. Salami O, Marsland BJ. Has the airway microbiome been overlooked in respiratory disease? *Genome Med* 2015;7:62
2. Teo SM, Mok D, Pham K, Kusel M, Serralha M, Troy N, Holt BJ, Hales BJ, Walker ML, Hollams E, Bochkov YA, Grindle K, Johnston SL, Gern JE, Sly PD, Holt PG, Holt KE, Inouye M. The infant nasopharyngeal microbiome impacts severity of lower respiratory infection and risk of asthma development. *Cell Host Microbe* 2015;17:704–715
3. Erb-Downward JR, Thompson DL, Han MK, Freeman CM, McCloskey L, Schmidt LA, Young VB, Toews GB, Curtis JL, Sundaram B, Martinez FJ, Huffnagle GB. Analysis of the lung microbiome in the „healthy” smoker and in COPD. *PLoS One* 2011;6:e16384
4. Sze MA, Hogg JC, Sin DD. Bacterial microbiome of lungs in COPD. *Int J Chron Obstruct Pulmon Dis* 2014;9:229–238
5. Elizur A, Cannon CL, Ferkol TW. Airway inflammation in cystic fibrosis. *Chest* 2008;133:489–495
6. Moreau-Marquis S, Stanton BA, O’Toole GA. *Pseudomonas aeruginosa* biofilm formation in the cystic fibrosis airway. *Pulm Pharmacol Ther* 2008;21:595–599