

Od kilku lat obserwujemy rosnącą wiedzę na temat fundamentalnej roli ludzkiego mikrobiomu w inicjacji, adaptacji i funkcjonowaniu układu odpornościowego człowieka. Głównie mikrobiom człowieka był badany w kontekście znaczenia mikroflory układu pokarmowego. Ostatnio coraz większą uwagę przykuwa mikrobiom układu oddechowego. Staje się jasne, że mikrobiota płuc może kształtować lokalną homeostazę, a utrzymujący się brak równowagi społeczności drobnoustrojów w płucach może być związany z rozwojem wielu chorób, w tym astmą/alergią wziewną. Co ciekawe, wykazano, że pojawienie się, rozwój, a nawet nasilenie objawów astmy/alergii wziewnej może mieć również związek z dysbiozą mikrobioty jamy nosowo-gardłowej. Nasza wiedza na temat tego, jak mikrobiota noso-gardła kształtuje homeostazę płuc i jak dysbioza noso-gardła wpływa na stan układu oddechowego, jest wciąż znikoma.

Zarówno mikrobiom noso-gardła, jak i mikrobiom jelitowy zmieniają się w ciągu naszego życia. Koncentrując się wyłącznie na mikrobiomie zatok przynosowych, wykazano, że w ciągu pierwszych dwóch lat życia człowieka jest on mniej zróżnicowany w porównaniu z osobami dorosłymi. Mikrobiota dorosłych osób zdrowych jest zasiedlana przez bakterie należące do czterech typów: *Actinobacterium*, np. *Corynebacterium*, *Bifidobacterium*, *Rothia* lub *Propionibacterium*; *Firmicutes*, takie jak *Dolosigranulum*, *Staphylococcus*, *Streptococcus*; *Bacteroides* np. *Sfingobacterium* czy *Prevotella* oraz *Proteobacteria* z przedstawicielami *Moraxella* i *Haemophilus*. Dotychczasowe badania wykazały, że zachodzą istotne zmiany w różnorodności drobnoustrojów jamy nosowo-gardłowej pomiędzy osobami zdrowymi i chorymi. Na przykład wykazano, że mikrobiom nosa pacjentów z przewlekłym zapaleniem zatok przynosowych (CRS) najczęściej obejmuje koagulazoujemne *Staphylococcus*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Haemophilus*, *Fusobacterium spp*, *Alloiococcus* i *Corynebacterium spp*. Co ciekawe, zaobserwowano, że u pacjentów cierpiących na CRS bardzo często rozwija się astma dróg oddechowych. Nadal jednak nie znamy dokładnej natury związku pomiędzy występowaniem dysbiozy mikroflory noso-gardła u pacjentów z CRS a występowaniem u nich chorób o podłożu alergicznym. Pomimo braku jednoznacznie potwierdzonego udziału konkretnych bakterii w patogenezie chorób alergicznych u pacjentów z CRS, istnieją uzasadnione przesłanki do przypisywania im roli czynników inicjujących schorzenie, a także modyfikujących jego aktywność i przebiegu. Różnice w składzie mikrobiomu nosowo-gardłowego (i profilu stymulowanej przez jego elementy odpowiedzi autoimmunologicznej) u pacjentów z CRS mogą stanowić jeden z czynników wpływających na znaczne indywidualne zróżnicowanie przebiegu schorzenia oraz efektu stosowanych w nim terapii.

W ramach niniejszego projektu zostanie zbadany wpływ komensalnej mikrobioty noso-gardła osób cierpiących na CRS w kontekście jej wpływu na funkcjonowanie układu oddechowego jak również zostanie oceniony jej potencjalny wpływ na rozwój alergii wziewnej w eksperymentach *in vitro* i *in vivo*.