

Заболевания верхних дыхательных путей: этиологическая структура возбудителей

М. А. Дуцаева^{1,2}, М. А. Юнусова², Т. С. Скачкова¹, В. Г. Акимкин¹

¹ ФБУН «Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия

² ФГБУ «Национальный медицинский исследовательский центр оториноларингологии Федерального медико-биологического агентства России», Москва, Россия

РЕЗЮМЕ

Введение. Заболевания верхних дыхательных путей традиционно сохраняют лидирующие позиции в структуре инфекционной патологии и представляют собой значимую медико-социальную проблему, оказывая влияние на детскую и взрослую популяции, уровень временной нетрудоспособности, качество жизни пациентов и затраты системы здравоохранения. При этом нозологический спектр воспалительных заболеваний верхних дыхательных путей отличается разнообразием, а микробиологический пейзаж – выраженной вариабельностью, что обуславливает потребность в регулярном пересмотре данных об этиологической структуре возбудителей.

Цель исследования. Изучить этиологическую структуру возбудителей заболеваний верхних дыхательных путей в стационаре оториноларингологического профиля.

Материалы и методы. В медицинском учреждении оториноларингологического профиля было обследовано 115 пациентов с заболеваниями верхних дыхательных путей. Проведено микробиологическое исследование 139 образцов слизистых ротоглотки, носоглотки, носовых пазух и гортани.

Результаты. По результатам микробиологического исследования в учреждении оториноларингологического профиля выявлен 41 вид микроорганизмов, включая три вида грибов. Наиболее часто определялись *Staphylococcus aureus* (20,1%), *Pseudomonas aeruginosa* (15,6%), *Staphylococcus epidermidis* (11,7%), *Escherichia coli* и *Klebsiella pneumoniae* (по 6,5%). Значимая доля выявленных штаммов характеризовалась выраженной антибиотикорезистентностью: 72,2% оказались ESBL-продуцирующими изолятами, 16,7% – метициллин-резистентными стафилококками, 11,1% – резистентными к карбапенемам.

Заключение. Полученные данные отражают полимикробный характер воспалительных заболеваний верхних дыхательных путей и подтверждают рост резистентных форм микроорганизмов. Результаты подчеркивают необходимость регулярного микробиологического мониторинга и дифференцированного подхода к выбору антибактериальной терапии на основании локальных данных по чувствительности возбудителей.

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА: возбудители заболеваний верхних дыхательных путей, микробиота, антибиотикорезистентность, *Staphylococcus aureus*.

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСО. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Diseases of the upper respiratory tract: structure of pathogens

M. A. Dutsaeva^{1,2}, M. A. Yunusova², T. S. Skachkova¹, V. G. Akimkin¹

¹ Central Research Institute of Epidemiology, Moscow, Russia

² National Medical Research Center for Otorhinolaryngology of the Federal Medico-Biological Agency of Russia, Moscow, Russia

SUMMARY

Introduction. Upper respiratory tract diseases traditionally remain among the leading conditions in the structure of infectious pathology and represent a significant medical and social problem, affecting both pediatric and adult populations, contributing to temporary disability, impacting patients' quality of life, and increasing healthcare system costs. The nosological spectrum of inflammatory diseases of the upper respiratory tract is diverse, and the microbiological landscape is highly variable, necessitating regular updates on the etiological structure of pathogens.

The aim of the study – to study the etiological structure of pathogens causing upper respiratory tract diseases in an otorhinolaryngology inpatient setting.

Materials and methods. A total of 115 patients with upper respiratory tract diseases were examined in an otorhinolaryngology specialty hospital. Microbiological analysis was performed on 139 samples from the mucosa of the oropharynx, nasopharynx, nasal sinuses, and larynx.

Results and discussion. Microbiological studies identified 41 microbial species, including three fungal species. The most frequently detected microorganisms were *Staphylococcus aureus* (20,1%), *Pseudomonas aeruginosa* (15,6%), *Staphylococcus epidermidis* (11,7%), *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* (each 6,5%). A significant proportion of the isolates exhibited pronounced antibiotic resistance: 72,2% were ESBL-producing strains, 16,7% were methicillin-resistant staphylococci, and 11,1% were carbapenem-resistant.

Conclusion. The data reflect the polymicrobial nature of inflammatory diseases of the upper respiratory tract and confirm the increasing prevalence of resistant microbial forms. The results highlight the necessity of regular microbiological monitoring and a differentiated approach to selecting antibacterial therapy based on local pathogen susceptibility data.

KEYWORDS: pathogens of upper respiratory tract diseases, microbiota, antibiotic resistance, *Staphylococcus aureus*.

CONFLICT OF INTEREST. The authors declare no conflict of interest.

Введение

Заболевания верхних дыхательных путей (ВДП) традиционно сохраняют лидирующие позиции в структуре инфекционной патологии и представляют собой значимую медико-социальную проблему, оказывая влияние на детскую и взрослую популяции, уровень временной нетрудоспособности, качество жизни пациентов и затраты системы здраво-

охранения. При этом нозологический спектр воспалительных заболеваний ВДП отличается разнообразием, а микробиологический пейзаж – выраженной вариабельностью, что обуславливает потребность в регулярном пересмотре данных об этиологической структуре возбудителей. Одной из наиболее распространенных патологий является острый фарингит, характеризующийся воспалением слизистой оболочки глотки

с типичными симптомами – сухостью, першением, болезненностью при глотании, возможной иррадиацией боли в область ушей. За последние годы в клинической практике укрепился термин «острый тонзиллофарингит», который более точно отражает сочетанный характер поражения – воспаление одновременно охватывает слизистую глотки и небные миндалины. Считается, что данная форма является одной из наиболее часто встречающихся инфекционных патологий у пациентов разных возрастных групп, особенно в периоды сезонных подъемов респираторной заболеваемости [1].

Этиологический спектр тонзиллофарингита включает значительное количество микроорганизмов. По данным ряда исследований, среди выявляемых бактерий встречаются *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus aureus*, представители рода *Neisseria*, а также различные микробные ассоциации, что подчеркивает полиэтиологичность заболевания. Однако ведущим этиологическим агентом продолжает оставаться *Streptococcus pyogenes*, обладающий высокой вирулентностью и способностью вызывать как локальные, так и системные постстрептококковые осложнения [1].

Среди воспалительных процессов ВДП особое место занимает острый риносинусит, который, согласно современным клиническим рекомендациям (НМАО, 2021; EPOS, 2020), определяется как воспаление слизистой оболочки полости носа и околоносовых пазух. Факторами риска являются анатомические особенности строения полости носа, аллергические реакции, нарушение мукоцилиарного клиренса, воздействие неблагоприятных факторов окружающей среды, вирусные инфекции и иммунодефицитные состояния. Источником микроорганизмов, которые попадают в носовые пазухи и в конечном итоге могут вызвать синусит, является носовая полость.

Международные документы EPOS (2012, 2020) выделяют три варианта течения заболевания: вирусный; поствирусный; бактериальный. Вирусный процесс является основным пусковым механизмом, который приводит к нарушению функции эпителия, изменению свойств секрета и блокаде естественных соустьев пазух, способствуя развитию бактериальной инфекции.

Среди бактериальных возбудителей наиболее часто выявляются *Streptococcus pneumoniae*, *Haemophilus influenzae*, *Moraxella catarrhalis* и *Staphylococcus aureus*, составляющие 70–75% всей бактериальной этиологии острого риносинусита. В целом, вопрос о том, существует ли нормальная бактериальная флора в носовых пазухах, является спорным. Сообщение носовых пазух с полостью носа через устья может способствовать распространению микроорганизмов, обитающих в носоглотке, в носовые пазухи. После закрытия устья эти бактерии могут быть вовлечены в воспаление [1, 2].

Одной из актуальных задач современной медицины труда является оценка профессиональных рисков и сохранение здоровья медицинских работников, что отражено в отраслевой программе Российской Федерации «Оценка профессионального риска и разработка мероприятий по сохранению здоровья медицинских работников на 2016–2020 гг.». Одним из значимых направлений является изучение микробиологического статуса медицинского персонала как индикатора воздействия факторов рабочей среды и риска формирования профессионально обусловленной патологии.

Микробиологический анализ показал, что у 65,2% медицинских работников выявлена клинически значимая бактериальная обсемененность слизистой верхних дыхательных путей. Доминирующими микроорганизмами являлись *Staphylococcus aureus* (35,2%), *Candida albicans* (17,0%) и *Streptococcus pyogenes* (12,3%); около 1% приходилось на грамотрицательную флору (*Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa* и др.), концентрации которой клинического значения, как правило, не имели.

Таким образом, каждый третий обследованный был носителем клинически значимой концентрации *Staphylococcus aureus*, каждый шестой – *Candida albicans*, а каждый седьмой – *Streptococcus pyogenes*. У 34,8% работников определялась резидентная микрофлора (коагулазонегативные стафилококки, зеленящие стрептококки, нейссерии).

Посевы часто выявляли микробные ассоциации: на слизистой зева – в 89% случаев, слизистой носа – в 75,5%. Наиболее частыми сочетаниями были: *Candida albicans* + *Staphylococcus aureus* (55,3%), *Staphylococcus aureus* + *Klebsiella pneumoniae* (34,7%), *Staphylococcus epidermidis* + *Streptococcus pyogenes* (10%).

Отмечена отчетливая зависимость микробного пейзажа от профессионального стажа. У работников со стажем до 5 лет *Staphylococcus aureus* высевался со слизистой зева в 5,5% случаев, носа – в 6,8%; в период от 5 до 10 лет частота его выделения удваивалась. Аналогичная динамика отмечена для *Streptococcus pyogenes*. Удельный вес *Candida albicans* и *Klebsiella pneumoniae* к 10 годам стажа возрастал приблизительно в 3 раза. В структуре микрофлоры работников со стажем более 5 лет наблюдалось увеличение доли *Staphylococcus aureus*, *Candida albicans*, *Streptococcus pyogenes* и *Pseudomonas aeruginosa* при одновременном вытеснении менее значимых видов.

Аналогичные закономерности выявлены и при анализе посевов со слизистой носа: наиболее частым микроорганизмом являлась *Candida albicans* (36%), стабильная по частоте выделения в разные стажевые периоды; доля *Staphylococcus aureus* возрастала с 26,3% до 35% к 10 годам стажа. При увеличении продолжительности работы возрастал удельный вес *Klebsiella pneumoniae* (в 3 раза), *Pseudomonas aeruginosa* (в 1,5 раза) и *Streptococcus pyogenes* (в 1,3 раза), тогда как *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus xylois* и *Streptococcus mitis* практически исчезали из микробного спектра, снижаясь в 5 раз.

Полученные данные свидетельствуют о выраженных изменениях микробиоценоза слизистых оболочек верхних дыхательных путей у медицинских работников под влиянием профессиональных факторов, что подчеркивает необходимость систематического мониторинга и профилактических мероприятий, направленных на снижение микробной нагрузки и предупреждение развития профессионально обусловленных заболеваний. [7].

Также в результате исследования отечественных авторов было установлено, что доминирующими семействами являлись *Staphylococcus spp.* (38,3%), *Enterobacteriaceae* (24,2%), *Enterococcus spp.*, *Moraxella spp.* и *Pseudomonas spp.* Отмечено также присутствие грамположительной, грамотрицательной флоры и грибов рода *Candida*. Анализ антибиотикорезистентности показал высокий уровень

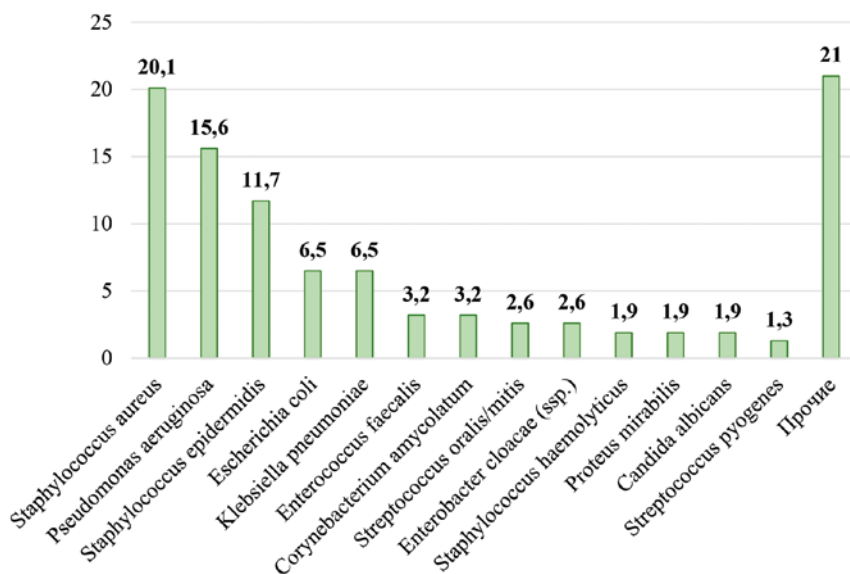


Рисунок 1. Этиологическая структура возбудителей заболеваний верхних дыхательных путей (2022–2025 гг.), %

устойчивости *Pseudomonas spp.* (53%), *Enterococcus spp.* (51%), *Moraxella spp.* (48%) и *Staphylococcus spp.* (39%) к β-лактамам. Выявлена значимая резистентность *Staphylococcus spp.* (40%) и *Streptococcus spp.* (33%) к макролидам, а также устойчивость *Pseudomonas spp.* (21%), *Enterococcus spp.* (23%) и *Staphylococcus spp.* (19%) к фторхинолонам [3].

Особую актуальность приобретают вопросы антибиотикорезистентности, рост которой подтвержден в ряде исследований и требует пересмотра подходов к терапии, а также подчеркивает необходимость регулярного микробиологического мониторинга.

Результаты исследований чувствительности показывают, что β-гемолитические стрептококки группы А демонстрируют сохранение чувствительности к большинству цефалоспоринов I–III поколений, полусинтетическим пенициллинам и макролидам. Напротив, *Streptococcus pneumoniae* – другой значимый возбудитель заболеваний ВДП – характеризуется высокой чувствительностью к ванкомицину и цефалоспорином, но одновременно отмечается значительный уровень резистентности к макролидам. Эти особенности подчеркивают важность дифференцированного подхода к выбору антибактериальных препаратов, основанного на региональных данных по резистентности [4, 5].



Рисунок 2. Полирезистентные штаммы микроорганизмов, выделенные от пациентов с заболеваниями ВДП в 2022–2025 гг., %

Цель исследования

Изучить этиологическую структуру возбудителей заболеваний верхних дыхательных путей в стационаре оториноларингологического профиля.

Материалы и методы

Исследование было проведено в Национальном медицинском исследовательском центре оториноларингологии ФМБА России (далее Центр). Было обследовано 115 пациентов с заболеваниями верхних дыхательных путей, находившиеся на стационарном лечении в 2022–2025 гг.

Проводился отбор мазков со слизистых ротоглотки, носоглотки, носовых пазух и с гортани (139 образцов). Отбор биоматериала проводился стерильным одноразовым зондом-тампоном) и далее помещался в пробирку

с транспортной средой Эймса для отправки в лабораторию на микробиологическое исследование. В 2022 году было проведено 23 исследования от 22 пациентов, в 2023 году – 21 исследование от 16 пациентов, в 2024 году – 28 исследований от 25 пациентов, в 2025 году – 35 исследований от 21 пациента. Чувствительность микроорганизмов к антибактериальным препаратам (основного спектра) определяли с помощью диско-диффузионного метода. С целью мониторинга микробного пейзажа и уровня антибиотикорезистентности выделенных микроорганизмов результаты исследований вносились в автоматизированную систему регистрации, учета и ведения базы данных «Микроб-2».

Результаты

В этиологической структуре заболеваний верхних дыхательных путей был выявлен 41 вид микроорганизмов, из них 3 вида грибов.

По результатам проведенного анализа в 2022–2025 годах у пациентов с заболеваниями верхних дыхательных путей чаще всего высевались следующие микроорганизмы: *Staphylococcus aureus* – 20,1%; *Pseudomonas aeruginosa* – 15,6%; *Staphylococcus epidermidis* – 11,7%; *Escherichia coli* – 6,5%; *Klebsiella pneumoniae* – 6,5% и др. (рис. 1).

Особое значение имеет выявленный высокий уровень антибиотикорезистентности. Среди выделенных изолятов 72,2% являлись продуцентами β-лактамаз расширенного спектра, 16,7% – метициллин-резистентными стафилококками, а 11,1% проявляли резистентность к одному или нескольким карбапенемам. Эти данные указывают на продолжающийся рост резистентных штаммов и подчеркивают важность рациональной антибактериальной терапии, основанной на результатах локального микробиологического мониторинга (рис. 2).

Заключение

Проведенное исследование этиологической структуры возбудителей заболеваний верхних дыхательных путей у пациентов, находившихся на лечении в Центре в 2022–2025 гг.,

показало выраженное разнообразие микробного пейзажа и наличие широкого спектра бактерий и грибов, участвующих в формировании воспалительных процессов. Всего был выявлен 41 вид микроорганизмов, включая три вида грибов рода *Candida*, что подтверждает сложность и вариативность этиологии патологий ВДП.

Наиболее значимыми этиологическими агентами оставались *Staphylococcus aureus* (20,1%), *Pseudomonas aeruginosa* (15,6%), *Staphylococcus epidermidis* (11,7%), а также представители семейства *Enterobacteriales*, включая *Escherichia coli* и *Klebsiella pneumoniae* (по 6,5%). Данные результаты коррелируются с современными отечественными и международными исследованиями, подтверждая ведущую роль стафилококков и грамотрицательных микроорганизмов в формировании воспалительных заболеваний ВДП.

Особую тревогу вызывает высокий уровень антибиотикорезистентных штаммов. Подобная резистентность существенно ограничивает возможности эмпирической антибактериальной терапии и повышает риск неблагоприятных исходов, пролонгирования лечения и распространения устойчивых штаммов в условиях стационара.

Полученные данные показывают, что регулярный микробиологический мониторинг является неотъемлемой частью качественного инфекционного контроля в оториноларингологическом стационаре. Систематический сбор, анализ и актуализация сведений о возбудителях и их антибиотикорезистентности позволяют:

- своевременно корректировать локальные стандарты антибактериальной терапии;
- применять персонализированный подход к выбору этиотропных препаратов;
- предупреждать внутрибольничное распространение резистентных патогенов;
- повышать эффективность лечения и снижать риск осложнений;
- рационально использовать антибактериальные средства, что является ключевым компонентом программ по контролю антимикробной резистентности.

Таким образом, результаты исследования подчеркивают, что микробиологический мониторинг – это не просто инструмент диагностики, а стратегический механизм обес-

печения безопасности пациентов и качества медицинской помощи. Регулярное обновление данных о микробной структуре и резистентности позволяет выстраивать обоснованную тактику терапии и является важнейшим условием замедления роста антибиотикорезистентности в медицинском учреждении.

Список литературы / References

1. М.Ю. Кормазов, М.А. Ленгина, И.Д. Дубинец, А.М. Кормазов, А.А. Смирнов, Возможности коррекции отдельных звеньев патогенеза аллергического ринита и бронхиальной астмы с оценкой качества жизни пациентов, 2022, № 4. М.Ю. Korkmazov, M.A. Lengina, I.D. Dubinets, A.M. Korkmazov, A.A. Smitov, Possibilities for correcting individual links in the pathogenesis of allergic rhinitis and bronchial asthma with assessment of the quality of life of patients, 2022, № 4. (In Russ.).
2. Brook I. Microbiology of sinusitis, Proc Am Thorac Soc., 2011, 8(1), 90–100. DOI: 10.1513/pats.201006-038RN.
3. И.В. Криворучко, Л.А. Каширина, Изменение микрорейзажа мокроты и отделяемого верхних дыхательных путей и динамика антибактериальной резистентности у больных внебольничной пневмонией, в том числе ассоциированной с SARS-CoV-2, в Воронежской области за период 2014–2021 гг., 2021, с. 39–43. DOI: 10.31857/S0026365621010079. I.V. Krivoruchko, L.A. Kashirina, Changes in the microscape of sputum and secretions of the upper respiratory tract and the dynamics of antibacterial resistance in patients with community acquired pneumonia, including those associated with SARS-CoV-2, in the Voronezh region over the period 2014–2021, 2021, p. 39–43. (In Russ.). DOI: 10.31857/S0026365621010079.
4. Е.Б. Слезко, Д.В. Михайлова, Л.Е. Шевкунова, Возбудители воспалительных заболеваний верхних дыхательных путей и изучение их устойчивости к антимикробным препаратам, Материалы Всероссийского научного форума студентов оториноларингологии Всероссийского научного форума студентов с международным участием «СТУ-ДЕНЕЧЕСКАЯ НАУКА – 2024», с. 653, 2024. E.B. Slezko, D.V. Mikhailova, L.E. Shevkunova, Pathogens of inflammatory diseases of the upper respiratory tract and the study of their resistance to antimicrobial drugs, Materials of the All-Russian Scientific Forum of Students Materials of the All-Russian Scientific Forum of Students with international participation «STUDENT SCIENCE – 2024», 2024, p. 653. (In Russ.).
5. И.И. Абабий, Л.А. Данилов, М.К. Манюк, П.И. Абабий и др., Значения микробной флоры ротоглотки в развитии острых и хронических заболеваний верхних дыхательных путей, Инфекция и иммунитет, 2020, 10(2), с. 359–367. I.I. Ababiy, L.A. Danilov, M.K. Manyuk, P.I. Ababiy et al., The importance of the microbial flora of the oropharynx in the development of acute and chronic diseases of the upper respiratory tract, Russian Journal of Infection and Immunity, 2020, 10(2), pp. 359–367. (In Russ.).
6. Л.А. Краева, Е.С. Кунилова, О.А. Бургасова, Г.Н. Хамдулаева, Е.М. Данилова, Г.И. Беспалова, Значение факторов патогенности некоторых видов стрептококков и клебсиел при определении их этиологической роли в развитии воспалительных процессов респираторного тракта, 2020, 10(1), с. 121–128. DOI: http://dx.doi.org/10.15789/2220-7619-110-1339. L.A. Kraeva, E.S. Kunilova, O.A. Burgasova, G.N. Khamdulaeva, E.M. Danilova, G.I. Bepalova, The importance of pathogenicity factors of certain types of streptococci and Klebsiella in determining their etiological role in the development of inflammatory processes of the respiratory tract, Russian Journal of Infection and Immunity, 2020, 10(1), pp. 121–128. (In Russ.). DOI: http://dx.doi.org/10.15789/2220-7619-110-1339.
7. Л.М. Карамова, Н.В. Власова, Л.Г. Гизатулина, Л.М. Масягутова, Гематологические и бактериологические предикторы профессионально и производственно обусловленных заболеваний у медицинских работников, Гигиена и санитария, 2020, 99 (1), 125–128. DOI: http://dx.doi.org/10.33029/00169900-2020-99-1-125-128. L.M. Karamova, N.V. Vlasova, L.G. Gizatulina, L.M. Maslyagutova, Hematological and bacteriological predictors of occupational and work-related diseases in medical workers, Hygiene and Sanitation, 2020, 99 (1), 125–128. (In Russ.). DOI: http://dx.doi.org/10.33029/00169900-2020-99-1-125-128.

Статья поступила / Received 11.11.2025

Получена после рецензирования / Revised 15.11.2025

Принята в печать / Accepted 15.12.2025

Сведения об авторах

Дуцаева Марият Аднановна, врач клинической лабораторной диагностики².

E-mail: roze_555@mail.ru. ORCID: 0009-0004-8910-7281

Юнусова Мариям Аднановна, врач-эпидемиолог².

E-mail: yunusova.mariyam@mail.ru. ORCID: 0000-0002-3234-0080

Скачкова Татьяна Сергеевна, к.м.н., ВРИО заведующего лабораторией

молекулярной диагностики и эпидемиологии инфекций органов

репродукции¹, E-mail: skachkova@cmd.su ORCID: 000-0003-1924-6521

Акимкин Василий Геннадьевич, д.м.н., профессор, академик РАН,

член-корреспондент РАМН, директор¹, E-mail: v.akimkin@cmd.su. ORCID:

0000-0003-4228-9044

¹ ФБУН «Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия

² ФГБУ «Национальный медицинский исследовательский центр оториноларингологии Федерального медико-биологического агентства России», Москва, Россия

Автор для переписки: Дуцаева Марият Аднановна.

E-mail: dutsaeva.mariyat@mail.ru

About authors

Dutsaeva Mariyat A., clinical laboratory diagnostics physician².

E-mail: roze_555@mail.ru. ORCID: 0009-0004-8910-7281

Yunusova Mariyam A., epidemiologist². E-mail: yunusova.mariyam@mail.ru.

ORCID: 0000-0002-3234-0080

Skachkova Tatyana S., PhD Med, acting head of the Laboratory of Molecular

Diagnosics and Epidemiology of Reproductive Organ Infections¹.

E-mail: skachkova@cmd.su ORCID: 000-0003-1924-6521

Akimkin Vasily G., Dr Med Sci (habil.), professor, RAS academician, corresponding

member of the Russian Academy of Medical Sciences, director¹.

E-mail: v.akimkin@cmd.su. ORCID: 0000-0003-4228-9044

¹ Central Research Institute of Epidemiology, Moscow, Russia

² National Medical Research Center for Otorhinolaryngology of the Federal Medico-Biological Agency of Russia, Moscow, Russia

Corresponding author: Dutsaeva Mariyat A. E-mail: dutsaeva.mariyat@mail.ru

Для цитирования: Дуцаева М.А., Юнусова М.А., Скачкова Т.С., Акимкин В.Г. Заболевания верхних дыхательных путей: этиологическая структура возбудителей. Медицинский алфавит. 2025; (29): 46–49. <https://doi.org/10.33667/2078-5631-2025-29-46-49>

For citation: Dutsaeva M.A., Yunusova M.A., Skachkova T.S., Akimkin V.G. Diseases of the upper respiratory tract: structure of pathogens. Medical alphabet. 2025; (29): 46–49. <https://doi.org/10.33667/2078-5631-2025-29-46-49>

