**Резюме.** Современные исследования роли кишечной микробиоты у животных и человека показывают, что микроорганизмы является важным фактором, определяющим здоровье хозяина и участвуют в патогенезе различных инфекционных и неинфекционных заболеваний. В настоящее время активно исследуются механизмы формирования функциональной оси «кишечник-легкие» при новой коронавирусной инфекции COVID-19, где желудочно-кишечный тракт может являться входными воротами инфекции, указывая на вовлечение кишечной микробиоты в инфекционный процесс. С одной стороны, изменение микробиоты пациентов (дисбиоз), инфицированных вирусом SARS-CoV-2, является одним из факторов развития вторичной бактериальной инфекции, сепсиса, системного воспаления и полиорганной недостаточности. С другой стороны, нарушение микробиоты кишечника способствует развитию тяжелого течения и летального исхода у пациентов из-за двунаправленной связи кишечной микробиоты через систему иммунитета посредством цитокинов.  Показана связь степени тяжести COVID-19 у пациентов с уровнем цитокинов и выявлением в кишечном биотопе определенных видов «провоспалительных» или «противовоспалительных» бактерий. Иммунологические нарушения у пациентов с COVID-19 также опосредованы изменением профиля метаболома на фоне дисбиотических нарушений микробиоты. Связь между составом микробиоты кишечника, уровнями цитокинов и воспалительными маркерами позволяет предположить, что микробиом кишечника влияет на развитие и течение коронавирусной инфекции, а «симбиотический потенциал» нормобиоты может быть использован для разработки мер профилактики и реабилитации пациентов. Этому может способствовать развитие исследований в направлении проблемы симбиоза человека и микробиоты. Ряд ключевых механизмов изучения интеграции бифидобактерий и лактобацилл с хозяином, опосредованные системой иммунитета, гормонов и нейромедиаторов, открывают новые перспективы для медицины, включая получение новых пробиотических штаммов различной целевой установки для лечебно-профилактической коррекции нарушенных функций организма. Изучение микросимбиоценоза, как одного из векторов ассоциативного симбиоза, позволило разработать метод межмикробного распознавания «свой-чужой», где в качестве тестовой распознающей культуры используются бифидобактерии, т.к. для «своих» штаммов характерен синергизм (поддержка), тогда как при встрече с «чужой клеткой» - антагонизм. Именно этот фундаментальный механизм можно использовать при отборе «своих» для хозяина штаммов, пригодных для создания пробиотической композиции.

**Abstract.** Modern studies of the role of the intestinal microbiota in animals and humans show that microorganisms are an important determinant of host health, participating in the pathogenesis of various infectious and non-infectious diseases. Currently, the mechanisms of formation of the functional gut-lung axis in the new coronavirus COVID-19 infection are being actively investigated. The gastrointestinal tract may be the point of entry for infection, indicating the involvement of the intestinal microbiota in the infectious process. On the one hand, changes in the microbiota (dysbiosis) in SARS-CoV-2 patients is one of the factors contributing to the development of secondary bacterial infection, sepsis, systemic inflammation and multi-organ failure. On the other hand, impaired gut microbiota contributes to the development of severe course and mortality in patients due to bidirectional coupling of the gut microbiota through the immune system via cytokines. The studies have shown a link between the severity of COVID-19 in patients with the level of cytokines and the presence of particular types of “pro-inflammatory” and “anti-inflammatory” bacteria in the intestinal biotope. Immunological abnormalities in COVID-19 patients are also mediated by metabolome profile alteration associated with dysbiotic microbiota disturbances. The connection between the composition of the gut microbiota, cytokine levels and inflammatory markers suggests that the gut microbiome influences the progression of coronavirus infection, and the "symbiotic potential" of the normobiotic microbiota can be used to develop prevention and rehabilitation measures for patients. This can be facilitated by the development of research towards the problem of human-microbiota symbiosis. A number of key mechanisms for studying the integration of bifidobacteria and lactobacilli with the host, mediated by the system of immunity, hormones and neurotransmitters, open new perspectives for medicine, including obtaining new probiotic strains of different targeting for therapeutic and preventative correction of impaired functions of the organism. The study of microsymbiocenosis as one of the vectors of associative symbiosis has enabled the development of a method of intermicrobial “friend or foe identification”, where bifidobacteria are used as a diagnostic culture, since “friendly” strains are characterised by synergism (support), whereas encountering a "foreign cell" leads to antagonism. This fundamental mechanism may be used for choosing the “host-friendly” bacteria strains eligible for the creation of a probiotic composition.