

МІКРОБІОЛОГІЯ

© Гончарова С. Ю., Голодок Л. П., Хлопова О. В., Вінніков А. І.

УДК 57. 579.61:616-078

¹Гончарова С. Ю., ¹Голодок Л. П., ²Хлопова О. В.,
¹Вінніков А. І.

СКЛАД МІКРОФЛОРИ УРОГЕНІТАЛЬНОГО ТРАКТУ ЖІНОК В НОРМІ ТА ПРИ ПАТОЛОГІЧНИХ УСКЛАДНЕННЯХ

¹Дніпропетровський національний університет

імені Олеся Гончара (м. Дніпро)

²Лікувально-діагностичний центр

медичної академії міста Дніпра (м. Дніпро)

svetlana_honcharova@mail.ru

Роботу було виконано у межах держбюджетної теми № 1-294-15, що виконується на кафедрі мікробіології, вірусології та біотехнології Дніпропетровського національного університету ім. Олеся Гончара, № державної реєстрації 0115U002385.

Вступ. В даний час інфекційно-запальні захворювання уrogenітального тракту, обумовлені умовно-патогенними мікроорганізмами, займають лідируючі позиції в структурі інфекційної патології у жінок репродуктивного віку. Частота виникнення таких захворювань супроводжується вираженими порушеннями вагінальної мікрофлори і не мають тенденції до зниження. Патологічні стани репродуктивного тракту жінок частіше всього носять полімікробний характер, який пов'язаний з запальними процесами певних груп збудників, які представляються собою асоціації різних умовно-патогенних мікроорганізмів.

Мета дослідження – дослідити склад нормальної мікрофлори та аналіз умовно-патогенних мікроорганізмів при патологічних ускладненнях.

Об'єкт і методи дослідження. В експериментальному дослідженні був проведений аналіз співвідношення нормальної та умовно-патогенної аеробної і анаеробної мікрофлори УГТ жінок в нормі та при дисбіозах.

Для мікробіологічного аналізу у жінок віком від 18 до 55 років відібрали клінічні зразки з піхви та цервікального каналу. Посів біологічного матеріалу проводиться на середовища лактобакагар, кров'яний агар, агар Шедлера, КА для культивування в CO₂, агар Гарднерела та середовище Сабуро [1,4,5]. Після культивування здійснювали ідентифікацію вирослих колоній за загальноприйнятими методами [2,3].

Результати дослідження та їх обговорення. Нами була обстежена генітальна

мікрофлора 276 жінок різних вікових груп за допомогою культурального методу, які звернулись до лікаря з різними дисбіотичними порушеннями.

За результатами обстеження було встановлено, що серед 276 досліджуваних пацієнток у 32 (11,6%) був виявлений нормоценоз, тому для оцінки загального стану мікробіоценозу сечостатевої системи жінок було досліджено якісно-кількісні показники представників нормальної мікрофлори жінок різного віку у порівнянні зі стандартними лабораторними показниками нормоценозу.

На **рисунку 1** вказано, що при нормоценозі кількість *Lactobacillus spp.* становить 10⁸ КУО/мл, представників родів *Enterobacteriaceae spp.*, *Streptococcus spp.*, *Staphylococcus spp.* – 10⁴ КУО/мл, *Gardnerella vaginalis* – 10³ КУО/мл, *Prevotella spp.* – 10² КУО/мл, *Fusobacterium spp.*, *Veillonella spp.*, *Mobiluncus spp.*, *Peptostreptococcus spp.* – 10³ КУО/мл, *Atopobium vaginae* – 10² КУО/мл.

При нормоценозі репродуктивного тракту жінок за допомогою культурального дослідження було проведено ідентифікацію представників роду *Lactobacillus spp.* Було встановлено високу частоту виділення *L. crispatus* – 51,2%, *L. iners* –

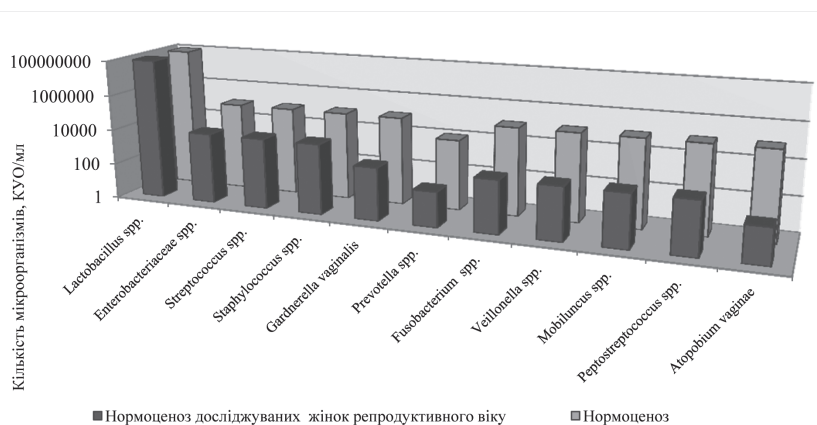


Рис. 1. Особливості нормальної мікрофлори жінок у порівнянні зі стандартними лабораторними показниками нормоценозу.

32,1%, *L. gasseri* – 19,2% та інші *Lactobacillus spp.*, – 7,5%. В результаті дослідження було спростовано представлення про провідну роль виду *L. acidophilus* в пулі молочнокислих бактерій піхвової мікробіоти, даний вид жодного разу не був ідентифікований серед всіх штамів.

Для оцінки загального стану мікробіоценозу при різних патологічних станах спричинених умовно-патогенними мікроорганізмами сечостатевої системи жінок та у зв'язку з тим, що дослідженню піддавалися проби, які в нормі містять різноманітну мікрофлору, провідна роль належала якісно-кількісній оцінці представників різних видів мікроорганізмів в асоціаціях, виділених із патологічного матеріалу, і порівнянню отриманих результатів з нормальним складом біоценозу репродуктивного тракту.

При дослідженні дисбалансів мікрофлори, аеробний вагініт був обумовлений порушенням якісно-кількісного співвідношення представників нормальної та умовно-патогенної мікрофлори.

На **рисунку 2** показано, що при аеробному вагініті спостерігається зменшення кількості *Lactobacillus spp.* від 10^8 до 10^5 КУО/мл. Представники родів *Enterobacteriaceae spp.*, *Streptococcus spp.*, *Staphylococcus spp.* мали тенденцію до збільшення в кількості від 10^3 до 10^6 КУО/мл. Кількість представників родів *Gardnerella vaginalis*, *Prevotella spp.*, *Fusobacterium spp.*, *Veillonella spp.*, *Mobiluncus spp.*, *Peptostreptococcus spp.* та *A. vaginae* залишались відповідно до нормального значення кількості мікроорганізмів. Збільшення титру представників родів *Enterobacteriaceae spp.*, *Staphylococcus spp.* та *Streptococcus spp.* пояснюється етіологічним значенням даних представників мікроорганізмів у розвитку аеробного вагініту та зниженням кількості представників нормальної мікрофлори уrogenітального тракту жінок *Lactobacillus spp.*

За результатами культурального дослідження при бактеріальному вагінозі в 28,4% БВ був асоційований з *L. iners*, які займають значне місце серед видового різноманіття лактобактерій піхвового середовища, але у порівнянні з останніми не продукують H_2O_2 . *L. iners* являються важко культивуємими лактобактеріями, тому їх було виявлено лише при посівах на поживних середовищах з дефібрированою кров'ю барана.

На **рисунку 3** вказано, що при бактеріальному вагінозі кількість *L. iners* становить 10^7 КУО/мл, представників родів *Enterobacteriaceae spp.*, *Streptococcus spp.*, *Staphylococcus spp.* – 10^4 КУО/мл, *Gardnerella vaginalis* – 10^7 КУО/мл, *Prevotella spp.*, *Fusobacterium spp.*, *Veillonella*

spp., *Mobiluncus spp.*, *Peptostreptococcus spp.* – 10^6 КУО/мл, *Atopobium vaginae* – 10^7 КУО/мл.

На основі отриманих результатів можна припустити, що індикація *L. iners* може свідчити про схильність до розвитку БВ, а також повторне заселення *L. iners* після епізоду бактеріального вагінозу може бути фактором ризику розвитку рецидиву. Питання про патогенетичну роль *L. iners* у розвитку та рецидивах бактеріального вагінозу залишається відкритим.

В окрему групу були виділені дисбіози викликані дріжджоподібними грибами роду *Candida spp.* Серед жінок віком від 18 до 25 років виділені *C. albicans* (23,5%) та *C. glabrata* (8,8%). Серед другої вікової групи – *C. albicans* (53%) та *C. glabrata* (5,8%). Серед жінок 43-55 років – *C. albicans* (8,8%). Значне виділення дріжджоподібних грибів роду *Candida spp.* у жінок перших двох вікових груп пов'язане з підвищенням рівня естрогену та накопиченням великої кількості глікогену, що в свою чергу сприяє збільшенню числа *Lactobacillus spp.*, які продукуючи у великій кількості кислі метаболіти, змінюють рН у кислий бік, що сприяє контамінації мікрофлори геніального тракту дріжджоподібних грибів роду *Candida spp.*

Висновки

1. За результатами обстеження було встановлено, що серед 276 досліджуваних пацієнток у 32 (11,6%) виявлений нормоценоз та у 244 (88,4%) жінок дисбіоз уrogenітального тракту.

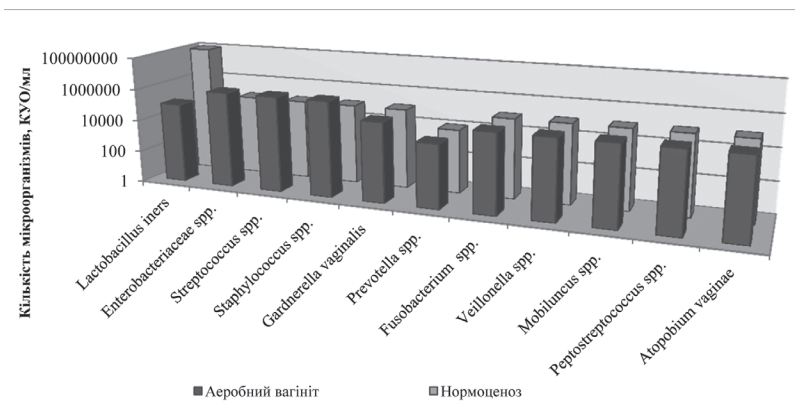


Рис. 2. Зміни якісно-кількісного складу представників нормальної та умовно-патогенної мікрофлори геніального тракту при аеробному вагініті.

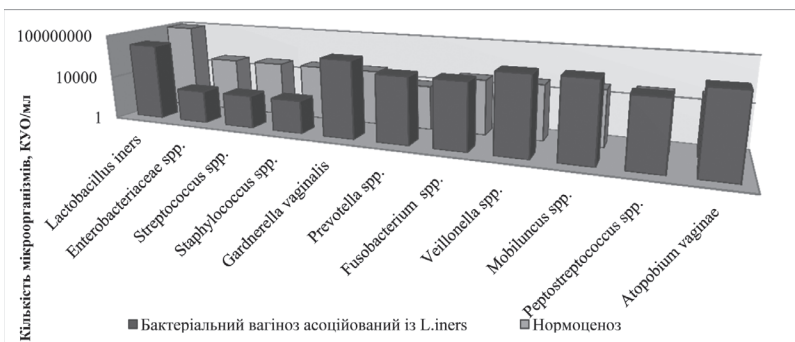


Рис. 3. Якісно-кількісні показники збудників бактеріального вагінозу асоційованого з *L. iners*.

2. Встановлено, що при нормоценозі кількість *Lactobacillus spp.* становить 10^8 КУО/мл, представників родів *Enterobacteriaceae spp.*, *Streptococcus spp.*, *Staphylococcus spp.* – 10^4 КУО/мл, *Gardnerella vaginalis* – 10^3 КУО/мл, *Prevotella spp.* – 10^2 КУО/мл, *Fusobacterium spp.*, *Veillonella spp.*, *Mobiluncus spp.*, *Peptostreptococcus spp.* – 10^3 КУО/мл, *Atopobium vaginae* – 10^2 КУО/мл.

3. Видова ідентифікація *Lactobacillus spp.* виявила *L. crispatus* – 51,2%, *L. iners* – 32,1%, *L. gasseri* – 19,2%, *Lactobacillus spp.* – 7,5%.

4. При кандидозних моноінфекціях серед жінок від 18 до 25 років виділені *C. albicans* (23,5%) та *C.*

glabrata (8,8%). Серед жінок від 26-42 років – *C. albicans* (53%) та *C. glabrata* (5,8%). Серед жінок від 43 до 55 років – *C. albicans* (8,8%).

Перспективи подальших досліджень. Отримані експериментальні дані представляють практичний інтерес, оскільки дані, отримані в результаті досліджень, можуть бути використані для подальшого аналізу співвідношення аеробних та анаеробних мікроорганізмів урогенітального тракту жінок та розробки засобів для профілактики та лікування дисбіозів урогенітального тракту жінок.

Література

1. Валерський І.А. Мікрофлора у нормі та при захворюваннях урогенітального тракту / І.А. Валерський. – М.: 2001. – 215 с.
2. Мавров І.І. Уніфікація лабораторних методів дослідження в діагностиці захворювань, що передаються статевим шляхом / І.І. Мавров, О.П. Белозоров, Л.С. Тацька. – Х.: Факт, 2005. – № 1. – С. 20.
3. Марущенко В.С. Основи гінекології / В.С. Марущенко. – К.: 1998. – 78 с.
4. Linhares I.M. New findings about vaginal bacterial flora / I.M. Linhares, P.C. Giraldo // Revista da Associacao Medica Brasileira. – 2010. – Vol. 56, № 3. – P. 370-374.
5. Mehta A. Microbial flora of the vagina / A. Mehta, J. Talwalkar, C.V. Shetty // Microecology and Therapy. – 1995. – Vol. 23. – P. 1-7.

УДК 57. 579.61:616-078

СКЛАД МІКРОФЛОРИ УРОГЕНІТАЛЬНОГО ТРАКТУ ЖІНОК В НОРМІ ТА ПРИ ПАТОЛОГІЧНИХ УСКЛАДНЕННЯХ

Гончарова С. Ю., Голодок Л. П., Хлопова О. В., Вінников А. І.

Резюме. Виділено, ідентифіковано та проведено аналіз співвідношення нормальної та умовно-патогенної аеробної і анаеробної мікрофлори при патологічних станах урогенітального тракту у 276 жінок віком від 18 до 55 років за допомогою культурального методу. Одержані в ході роботи результати показують частоту виявлення умовно-патогенних мікроорганізмів з урогенітального тракту жінок та співвідношення аеробної та анаеробної мікрофлори при дисбіотичних порушеннях. Науково-дослідна робота представляє практичний інтерес, оскільки дані, отримані в результаті досліджень, можуть бути використані для подальшого аналізу співвідношення аеробних та анаеробних мікроорганізмів урогенітального тракту жінок та розробки засобів для профілактики та лікування дисбіозів урогенітального тракту жінок.

Ключові слова: дисбіоз, мікрофлора, ідентифікація, урогенітальний тракт.

УДК 57. 579.61:616-078

СОСТАВ МИКРОФЛОРЫ УРОГЕНИТАЛЬНОГО ТРАКТА ЖЕНЩИН В НОРМЕ И ПРИ ПАТОЛОГИЧЕСКИХ ОСЛОЖНЕНИЯХ

Гончарова С. Ю., Голодок Л. П., Хлопова О. В., Винников А. И.

Резюме. Выделены, идентифицированы и проведен анализ соотношения нормальной и условно-патогенной аэробной и анаэробной микрофлоры при патологических состояниях урогенитального тракта у 276 женщин в возрасте от 18 до 55 лет с помощью культурального метода. Полученные в ходе работы результаты показывают частоту выявления условно-патогенных микроорганизмов из урогенитального тракта женщин и соотношение аэробной и анаэробной микрофлоры при дисбиотических нарушениях. Научно-исследовательская работа представляет практический интерес, поскольку данные, полученные в результате исследований, могут быть использованы для дальнейшего анализа соотношения аэробных и анаэробных микроорганизмов урогенитального тракта женщин и разработки средств для профилактики и лечения дисбиоза урогенитального тракта женщин.

Ключевые слова: дисбиоз, микрофлора, идентификация, урогенитальный тракт.

UDC 57. 579.61:616-078

THE COMPOSITION OF MICROFLORA UROGENITAL TRACT OF WOMEN IN HEALTH AND DISEASE

Honcharova S. Y., Golodok L. P., Khlopova O. V., Vinnikov A. I.

Abstract. The purpose of the study was qualitative and quantitative ratio representatives of normal microflora, isolation and identification of microorganisms genitourinary women with pathological complications.

The object of the study was to analyze the correlation analysis of normal and pathogenic aerobic and anaerobic microorganisms urogenital tract of women in various pathological complications.

For the task was applied and culture method. Obtained in the course of the results show incidence of opportunistic microorganisms from urogenital tract of women and the ratio of aerobic and anaerobic microorganisms during dysbiotic disorders.

A survey found that among the 276 patients studied, 32 (11.6%) was found in normotsenoz and 244 (88.4%) women dysbiosis urogenital tract caused by opportunistic aerobic and anaerobic microorganisms. Among 244 women were dysbiotic identifying violations, such as aerobic vaginitis – 20,7%, bacterial vaginosis – 17,4%, vaginal candidiasis – 28,6%, urogenital mycoplasmosis – 9,4% and mixed dysbiosis, aerobic and anaerobic dysbiosis – 6,9% and bacterial vaginosis is associated with urogenital mycoplasmosis – 5,4%.

In reproductive tract of women through cultural research conducted identification of the genus *Lactobacillus* spp. It found a high frequency allocation *L. crispatus* – 51,2%, *L. iners* – 32,1%, *L. gasseri* – 19,2% and other *Lactobacillus* spp., – 7,5%. The study refuted the idea of the leading role type *L. acidophilus* pool lactic acid bacteria in the vaginal microbiota, this type has never been identified among all strains.

To assess the general state of microbiota in various pathological conditions caused by opportunistic microorganisms genitourinary and women due to the fact that the research exposed samples, which normally contains a variety of flora, the leading role belonged to the qualitative and quantitative assessment of different types of microorganisms in associations isolated from pathological material.

In the study of imbalances microflora, aerobic vaginitis was due to a violation of qualitative and quantitative ratio representatives of normal and pathogenic microflora. The increase in titer of representatives of the families *Enterobacteriaceae* spp., *Staphylococcus* spp. and *Streptococcus* spp. explained etiological value of these representatives of microorganisms in aerobic vaginitis and decrease the number of representatives of the normal microflora of the urogenital tract of women *Lactobacillus* spp.

For culture results in bacterial vaginosis in 28,4% of BV was associated with *L. iners*. which On the basis of the results suggests that *L. iners* indication may indicate a tendency to develop BV and recolonization of *L. iners* after an episode of bacterial vaginosis may be a risk factor for relapse. The issue of *L. iners* pathogenic role in the development and recurrent bacterial vaginosis remains open.

A significant allocation of yeast fungi of the genus *Candida* spp. women first two age groups is associated with increased estrogen levels and the accumulation of large amounts of glycogen, which in turn increases the number of *Lactobacillus* spp., Are producing a large number of acidic metabolites, the change in pH the acid side, which contributes to contamination tract microflora brilliant yeasts kind *Candida* spp.

Research work is of practical interest because the data obtained from the research can be used for further analysis ratio of aerobic and anaerobic microorganisms urogenital tract of women and the development of tools for the prevention and treatment of dysbiosis urogenital tract of women.

Keywords: dysbiosis, microflora, identification, urogenital tract.

Рецензент – проф. Лобань Г. А.
Стаття надійшла 19.11.2016 року