

ОСОБЛИВОСТІ СКЛАДУ МІКРОФЛОРИ СЕЧОСТАТЕВОГО ТРАКТУ У ЖІНОК В НОРМІ ТА В ПАТОГЕНЕЗІ

Дніпровський національний університет ім. Олеся Гончара (м. Дніпро)

gospodlera1@gmail.com

Зв'язок публікації з плановими науково-дослідними роботами. Дана робота є частиною науково-дослідної роботи, що проводиться на кафедрі мікробіології, вірусології та біотехнології Дніпровського національного університету імені Олеся Гончара, яка виконана в рамках держбюджетної теми: «Біологічні основи функціонування мікробіоценозів навколишнього середовища та організму людини», № державної реєстрації 0119U100097.

Вступ. Запальні захворювання жіночих статевих органів – одна з актуальних проблем, яка суттєво впливає на здоров'я жінок дитородного віку.

Особи із запальними захворюваннями статевих органів жінок складають 60-70 % гінекологічних хворих, які звертаються по медичну допомогу в жіночі консультації [1]. В усіх країнах світу зростає частота запальних захворювань жіночих статевих органів [2].

Вивчення мікрофлори сечостатевої системи жінки має велике значення для можливості попередження інфекцій сечовивідних шляхів, які посідають перше місце в структурі інших інфекційних захворювань. Дисбаланс біоти урогенітального тракту жінок представляє собою порушення кількісного та якісного співвідношення резистентних, сапрофітних мікроорганізмів з умовно-патогенними, що населяють сечостатеву систему в нормі.

Розвиток дисбалансу мікрофлори урогенітального тракту (УГТ) може супроводжуватися різними змінами, ступінь вираженості яких варіює від безсимптомного носійства до виражених клінічних проявів. Тривале перебування збудників в певних відділах сечостатевої системи може призводити до інфікування органів і систем жінки, та здійснювати прямий вплив на їх репродуктивну функцію і здоров'я загалом.

Ця проблема є актуальною так як ще не до кінця з'ясовані механізми розвитку дисбіотичних станів, відсутні чіткі критерії діагностики, неможливість проведення терапії через високу антибіотикорезистентність збудників.

Проте метод полімеразної ланцюгової реакції у реальному часі (ПЛР) дозволяє виявити збудника при низьких концентраціях, дисбіотичні порушення на ранніх етапах, у короткий термін оцінити якісно-кількісний вміст піхового біоценозу та провести діагностику УГТ, та ін. [3].

Мета дослідження – дослідити склад мікрофлори сечостатевого тракту жінок різних вікових груп при дисбіотичних порушеннях.

Об'єкт і методи дослідження. В експериментальному дослідженні був проведений аналіз співвідношення нормальної та умовно-патогенної аеробної та

анаеробної мікрофлори при різних дисбіотичних порушеннях урогенітального тракту жінок.

Було вивчено видовий склад мікрофлори сечостатевого тракту 80 жінок різних вікових груп. Для цього у жінок віком від 19 до 55 років були відібрані зразки з піхви. При цьому був застосований метод полімеразної ланцюгової реакції в реальному часі. Залежно від віку досліджуваних жінок було поділено на 3 групи: I – від 19 до 25 років, II – від 26 до 40 років, III – від 41 до 55 років. За допомогою цього методу можна за короткий термін об'єктивно і точно оцінити систему біоценозу піхви шляхом кількісної та якісної оцінки різних груп мікроорганізмів і виявлення співвідношення між ними.

Статистичну обробку результатів по визначенню частоти зустрічаємості ознак у відсотках визначали за допомогою стандартного пакету програм Microsoft Office Excel 2007.

Результати досліджень та їх обговорення. Нами була обстежена генітальна мікрофлора 80 жінок різних вікових груп за допомогою методу полімеразної ланцюгової реакції в режимі реального часу, які звернулись до Лікувально-діагностичного центру медичної академії (м. Дніпро) з різними дисбіотичними порушеннями.

За результатами обстеження було встановлено, що серед 80 пацієнтів у 35 (44,75%) був виявлений нормоценоз (рис. 1).

У 45 з них (56,25%) були виявлені різні дисбіотичні порушення урогенітального тракту, викликані умовно-патогенними аеробними та анаеробними мікроорганізмами.

Для оцінки загального стану мікрофлори урогенітального тракту жінок було досліджено якісно-кількісні показники представників нормальної мікрофлори жінок сечостатевого тракту (рис. 2).

На рис. 2 показано, що при нормофлорі кількість представників роду *Lactobacillus spp.* ста-

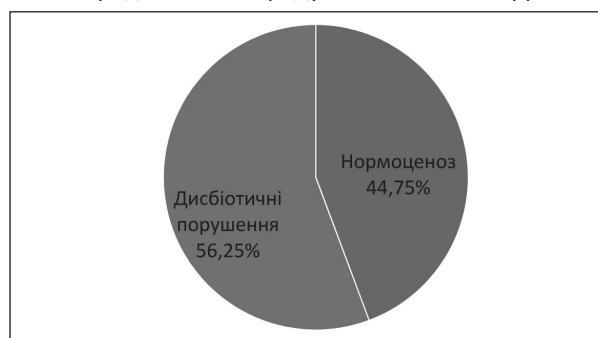


Рисунок 1 – Частота виявлення дисбіотичних порушень серед досліджених жінок, %.

новить у середньому 10^7 КУО/мл, *Gardnarella vaginalis*, *Megashera spp.* – 10^4 КУО/мл, *Enterobacteriaceae spp.*, *Streptococcus spp.*, *Staphylococcus spp.*, *Peptostreptococcus spp.*, *Atopobium vaginae*, *Mobiluncus spp.*, *Mycoplasma spp.*, *Ureaplasma spp.*, *Candida sp.* – 10^3 КУО/мл.

З метою більш детального вивчення мікробного пейзажу урогенітального тракту досліджуваних жінок було поділено на 3 групи залежно від віку: I – від 19 до 25 років, II – від 26 до 40 років, III – від 41 до 55 років (рис. 3).

На рис. 3 представлені показники кількісного складу мікрофлори урогенітального тракту жінок різних вікових категорій при нормоценозі.

На рис. 3 показано кількість мікроорганізмів урогенітального тракту жінок в нормі, яка становить 10^5 - 10^7 КУО/мл.

Серед усіх досліджуваних груп жінок, рівень нормальної мікрофлори знаходиться в межах норми у жінок віком від 20 до 40 років. Такий результат пояснюється наявністю механізмів, які забезпечують сталість мікробіоценозу УГТ жінок. До таких механізмів відносяться сталість гормонального фону та рівня рН середовища. Кількість *Lactobacillus spp.* становить у середньому 10^7 КУО/мл, рівень факультативно-анаеробних бактерій *Staphylococcus spp.*, *G. vaginalis*, *Ureaplasma spp.* 10^3 КУО/мл, кількість облигатних анаеробів *Peptostreptococcus spp.*, *Veillonella spp.*, *Mobiluncus spp.*, *Prevotella spp.* складала 10^3 КУО/мл.

У менопаузі відбувається збільшення рН піхвового середовища до 5,5-7,5. Зміни в складі нормальної урогенітальної мікрофлори спричиняють зниження

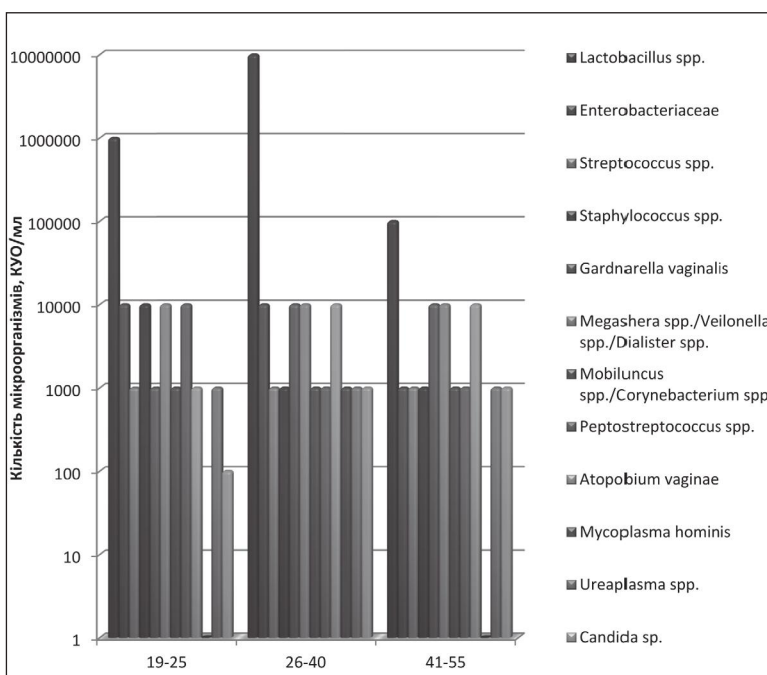


Рисунок 3 – Мікрофлора УГТ жінок різних вікових категорій при нормоценозі.

колонізаційної резистентності і зниженню функціональної активності захисних бар'єрів організму у відношенні до умовно-патогенних мікроорганізмів.

У жінок віком від 41-55 років кількість лактобактерій знижується до 10^5 КУО/мл, починають панувати факультативно-аеробні бактерії *Staphylococcus spp.*, *G. vaginalis*, *Ureaplasma spp.*, а рівень облигатно-анаеробних і факультативних мікроорганізмів *Megashera spp.*, *Peptostreptococcus spp.* становить 10^3 - 10^4 КУО/мл.

Такі кількісні показники мікроорганізмів відповідають стандартним лабораторним показникам при дослідженні нормоценозу репродуктивного тракту жінок.

Далі для оцінки загального стану мікробіоценозу при різних патологічних станах спричинених умовно-патогенними мікроорганізмами сечостатевої системи жінок нами було досліджено якісно-кількісні зміни представників нормальної мікрофлори при неспецифічному вагініті, бактеріальному вагінозі та урогенітальному кандидозі у різних вікових групах.

У нашому дослідженні показано частоту виявлення дисбіотичних порушень УГТ у досліджуваних жінок (рис. 4).

Як видно з рис. 4 серед дисбіотичних порушень бактеріальний вагіноз має найширше розповсюдження і складає 42% від загальної кількості дисбіотичних порушень. Неспецифічний вагініт зустрічається у 30% випадків, кандидоз 25%, асоціації бактеріального вагінозу з неспецифічним вагінітом 3%.

Наші дані співпадають з дослідженнями інших авторів – Назарова Е.К. та ін. які виявили, що найбільш поширеним проявом порушення мікроекології піхви є бактеріальний вагіноз, який є джерелом збудників інфекції [4].

На наступному етапі для більш детального вивчення змін у складі мікрофлори нами було проведено порівняльну оцінку складу мікрофлори при неспецифічному вагініті та нормоценозі (рис. 5).

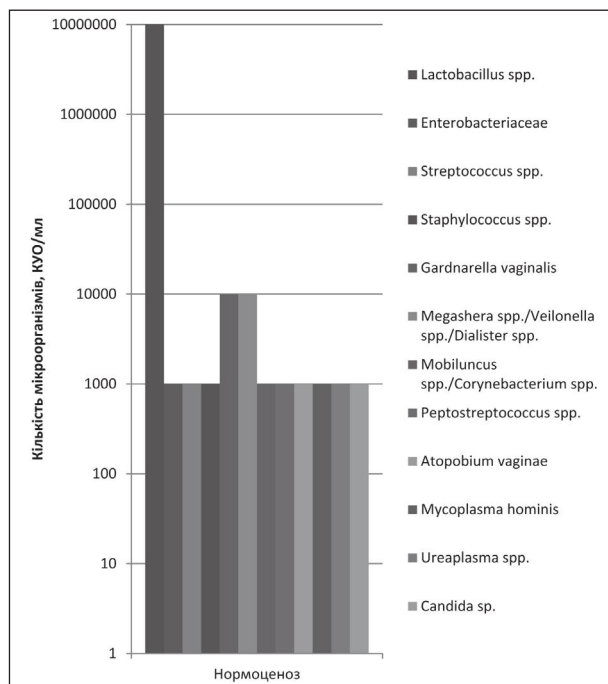


Рисунок 2 – Мікрофлора УГТ жінок при нормоценозі.

Неспецифічний вагініт призводить до розвитку запальних процесів в статевих шляхах жінок, які виникають в результаті збільшення кількості і розширення спектру умовно-патогенних аеробних бактерій, які колонізують слизові оболонки зовнішніх статевих органів.

На **рис. 5** показано, що при неспецифічному вагініті спостерігається зменшення кількості *Lactobacillus spp.* від 10^7 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.

Збільшення титру представників родів *Enterobacteriaceae spp.*, *Staphylococcus spp.* та *Streptococcus spp.* пояснюється етіологічним значенням даних представників мікроорганізмів у розвитку неспецифічного вагініту та зниженням кількості представників нормальної мікрофлори урогенітального тракту жінок *Lactobacillus spp.*

З метою більш детального вивчення неспецифічного вагініту усіх досліджуваних жінок залежно від віку було поділено на 3 групи: I – від 19 до 25 років, II – від 26 до 40 років, III – від 41 до 55 років (**рис. 6**).

Неспецифічний вагініт має свої особливості в різних вікових категоріях жіночої статі (**рис. 6**).

З **рис. 6** можна зробити висновок, що найменший відсоток виявлення неспецифічного вагініту спостерігається у жінок віком від 19 до 25 років – 15% випадків, тоді як у жінок віком від 26 до 40 років виявляється частіше (приблизно 50% випадків) який розвивається внаслідок гормонального збою при виношуванні дитини, зниження імунітету та гіпофункцією яєчників. У жінок після менопаузи віком від 41 до 55 років неспецифічний вагініт виявляється у 35% випадків. Це пов'язано з зниженням активності всіх обмінів в організмі, втратою захисту мікрофлори піхви та припинення виробництва естрогену яєчниками.

Наші дані підтверджуються з дослідженнями Ан-Кірської А.С. яка відмічає що – неспецифічний вагініт є одним з найпоширеніших виявлених видів генітальної інфекції у жінок репродуктивного віку, на яку страждає майже кожна п'ята пацієнтка гінекологічного профілю (19,2%) [5].

Таким чином, неспецифічний вагініт являє собою самостійне захворювання, асоційоване з розмноженням аеробних мікроорганізмів, переважно представлених ентеробактеріями, стафілококами, стрептококами.

Наступним етапом було дослідження бактеріального вагінозу і нормоценозу.

Бактеріальний вагіноз супроводжується надзвичайно високою концентрацією облигатно та факультативно анаеробних умовно-патогенних мікроорганізмів в поєднанні з різким зниженням кількості молочнокислих бактерій. Відбувається еліміна-

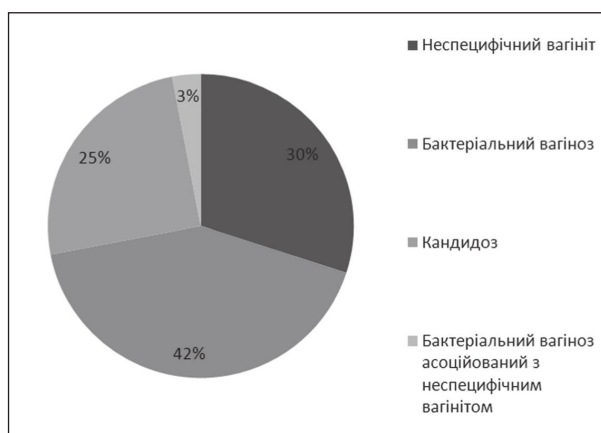


Рисунок 4 – Частота виявлення дисбіотичних порушень УГТ у жінок, %.

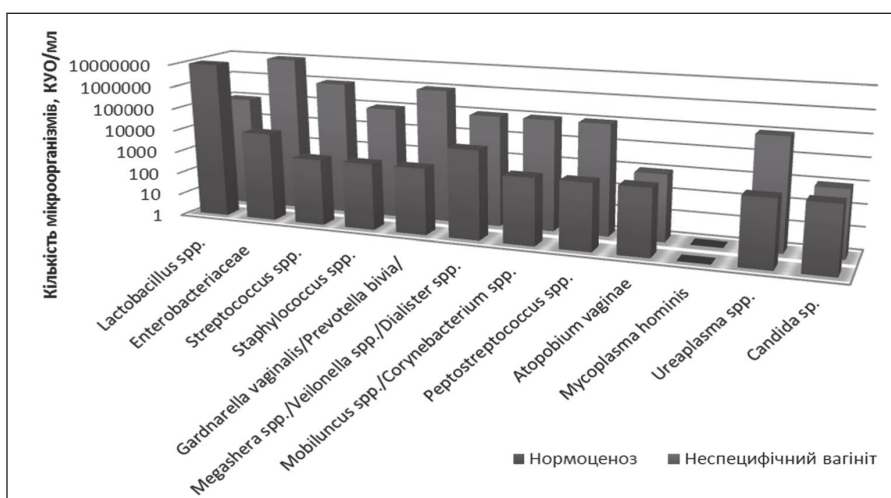


Рисунок 5 – Порівняльний аналіз мікрофлори УГТ жінок при неспецифічному вагініті.

ція лактобацил, яка супроводжується колонізацією піхви облигатними анаеробами (*Peptostreptococcus spp.*, *Mobiluncus spp.*) та *G. vaginalis* (**рис. 7**).

На **рисунку 7** показано, що при бактеріальному вагінозі кількість *Lactobacillus spp.* становить 10^5 КУО/мл, збільшується кількість представників родів *Atopobium vaginae* – 10^7 КУО/мл, *Gardnerella vaginalis* – 10^7 КУО/мл, *Mobiluncus spp.*, *Peptostreptococcus spp.* – 10^6 КУО/мл, *Enterobacteriaceae spp.*, *Streptococcus spp.*, *Staphylococcus spp.* – 10^4 КУО/мл.

З метою більш детального вивчення мікробного пейзажу урогенітального тракту жінок різного репродуктивного віку при бактеріальному вагінозі дослі-

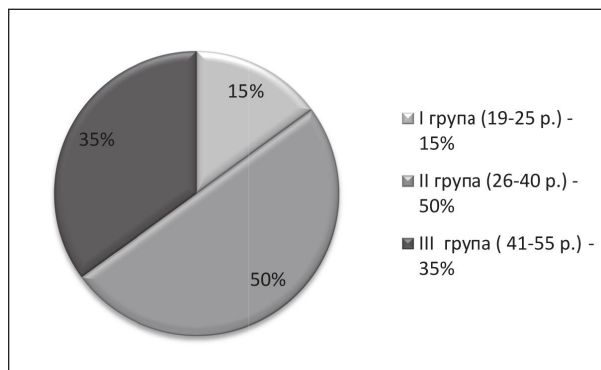


Рисунок 6 – Частота виявлення неспецифічного вагініту у різних вікових категорій.

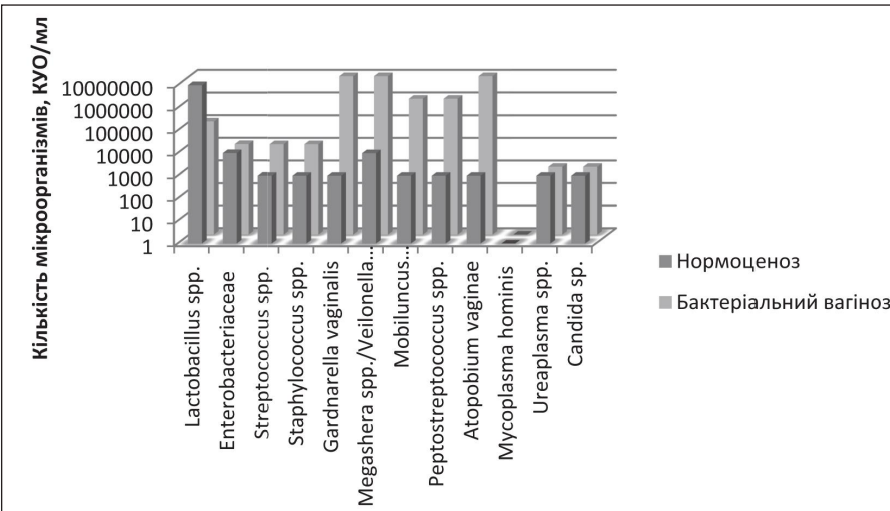


Рисунок 7 – Порівняльний аналіз мікрофлори УГТ жінок при бактеріальному вагінозі.

гітністю, пологами, частою зміною статевих партнерів.

При бактеріальному вагінозі формуються різні полімікробні асоціації, які можуть довгий час існувати у вагінальному середовищі завдяки утворенню біоплівки. Під терміном бактеріального вагінозу розуміють також комплекс патологічних змін середовища піхви, які обумовлені анаеробними неспороформними мікроорганізмами, можливо, полімікробної етіології.

Під час нашого дослідження було виділено асоціацію бактеріального вагінозу з неспецифічним вагінітом (рис. 4), що становила лише 3% з усієї кількості виділених дисбіотичних порушень.

Нами було досліджено дисбіози, які були викликані дріжджеподібними грибами роду *Candida spp.*

Вони є частиною нормальної мікрофлори та можуть бути присутніми у жінок у кількості до 10^4 КУО/мл.

Вони є частиною нормальної мікрофлори та можуть бути присутніми у жінок у кількості до 10^4 КУО/мл.

На рис. 9 представлено порівняльний склад мікрофлори при нормоценозі та кандидозі.

Як видно з рис. 9, гриби роду *Candida spp.* виступають у ролі монозбудника, виділяються в титрі більше ніж 10^4 КУО/мл, а саме досягають 10^7 КУО/мл. Поряд з цим є клінічні ознаки вагінального кандидозу при мікроскопії вагінальних виділень лейкоцити визначаються в кількості більше 10 в полі зору [7].

Наступним етапом було дослідження частоти виявлення грибків роду *Candida spp.* у жінок різного віку (рис. 10).

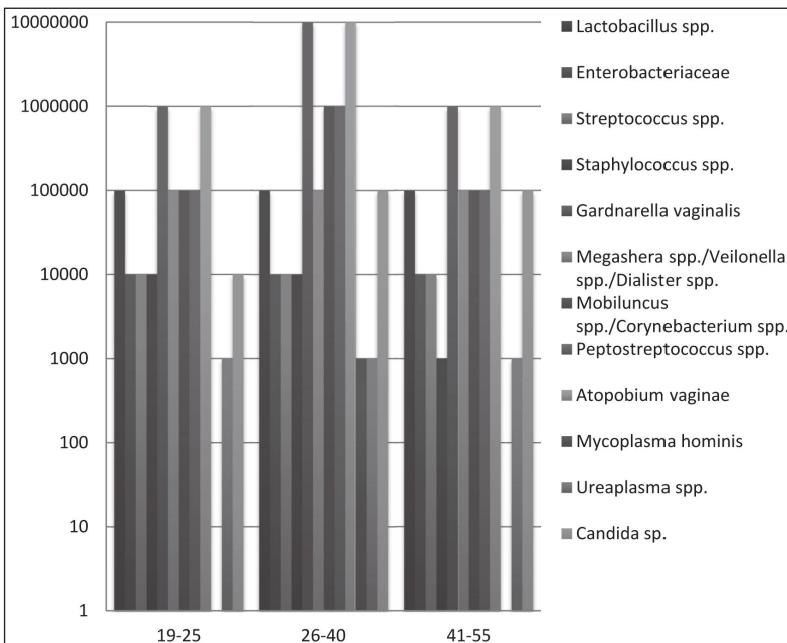


Рисунок 8 – Склад мікрофлори УГТ жінок різних вікових груп при бактеріальному вагінозі.

дживаних жінок було умовно поділено на три вікові групи (рис. 8).

Нами було встановлено, що бактеріальний вагіноз частіше зустрічається у пацієнок репродуктивного віку (рис. 8).

З рис. 8 можна зробити висновок, що у жінок першої вікової категорії незначне підвищення облігатних мікроорганізмів, проте слід відмітити, що в інших вікових групах спостерігається різке підвищення анаеробних і аеробних мікроорганізмів.

У жінок даної вікової категорії *Gardnerella vaginalis*, *Atopobium vaginalis* виділяються на 15-20% у більших концентраціях порівняно з іншими віковими групами. Наші дані корелюють з даними Bradshaw C.S. et al., 2006; De Backer E. et al., які відмітили що *A. vaginae* майже ніколи не буває моноінфекцією, без супроводу *G. vaginalis*. При асоціації цих збудників бактеріальний вагіноз діагностують у 83% пацієнок [6]. Така поширеність збудників може бути пов'язана з тим, що у жінок репродуктивного віку відбуваються зміни мікрофлори УГТ, пов'язані з ва-

На рисунку 10 показано, що серед жінок віком від 19 до 25 років та від 26 до 49 років дріжджеподібні гриби виявляються у 15-25% випадків, тоді як у пацієнок після 40 років *Candida spp.* виявляється у 60% випадків.

Наші дані корелюють з даними А.М. Савичевої та ін. [8], які встановили, що у 31% жінок репродуктивного віку піхву колонізовано дріжджеподібними грибами роду *Candida*.

Значне виділення дріжджеподібних 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 дріжджеподібних грибів роду *Candida spp.*

Високий відсоток виділення дріжджеподібних грибів роду *Candida spp.* у третій віковій групі (41-55 років) пов'язане із зниженням імунного статусу,

зменшенням захисних сил макроорганізму та наявності або перенесенням хронічних захворювань.

Основними причинами вищезазначених дисбіотичних порушень у даних вікових групах пов'язані з ендокринними розладами, стресами, алергіями, змінами клімату, змінами стану місцевого та загального імунного статусу (зниження циркулюючих імунних комплексів, зниження Ig A, підвищення Ig G), безсистемною антибактеріальною терапією та прийомом гормональних препаратів, застосування контрацептивів, перенесені запальні захворювання жіночих статевих органів, часта зміна статевих партнерів, хірургічні та діагностичні та хірургічні втручання, порушення функцій та мікробного стану кишечника [9].

Висновки

1. За результатами обстеження було встановлено, що серед 80 пацієнток у 35 (44,75%) був виявлений нормоценоз. У 45 з них (56,25%) були виявлені різні дисбіотичні порушення уrogenітального тракту, викликані умовно-патогенними аеробними та анаеробними мікроорганізмами.

2. Показано, що при нормоценозі показано кількість мікроорганізмів становить 10^5 - 10^7 КУО/мл. Кількість представників роду *Lactobacillus spp.* становить у середньому 10^7 КУО/мл, *Gardnarella vaginalis*, *Megashera spp.* – 10^4 КУО/мл, *Enterobacteriaceae spp.*, *Streptococcus spp.*, *Staphylococcus spp.*, *Peptostreptococcus spp.*, *Atopobium vaginae*, *Ureaplasma spp.*, *Candida sp.* – 10^3 КУО/мл.

3. Виявлено, що при дисбіотичних порушеннях мікрофлори уrogenітального тракту жінок переважає бактеріальний вагіноз, який складає 42% від загальної кількості дисбіотичних захворювань. Неспецифічний вагіноз зустрічається у 30% досліджених осіб, кандидоз – у 25%.

4. При неспецифічному вагініті спостерігається зменшення кількості *Lactobacillus spp.* від 10^7 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.

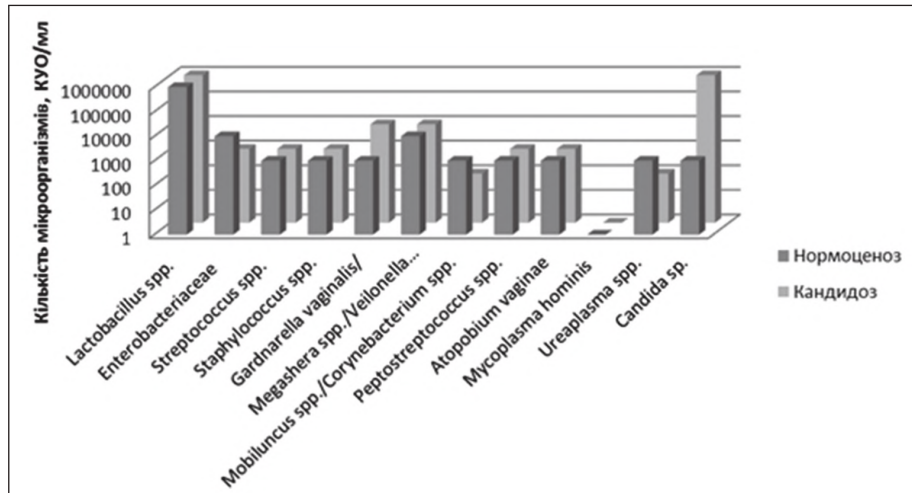


Рисунок 9 – Порівняльний аналіз мікрофлори УГТ жінок при кандидозі.

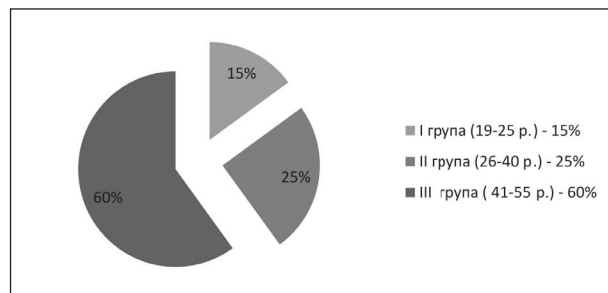


Рисунок 10 – Частота виявлення грибків роду *Candida spp.* у жінок різного віку.

При бактеріальному вагінозі кількість *Lactobacillus spp.* становить 10^5 КУО/мл, спостерігається різке збільшення анаеробних мікроорганізмів родів *Gardnerella vaginalis*, *Atopobium vaginae* – до 10^7 КУО/мл, у жінок репродуктивного віку цей показник на 15-20% виявляється вищим, ніж у жінок інших вікових категорій. Дисбіози, які були викликані дріжджеподібними грибами роду *Candida spp.* виступають у ролі монозбудника, виділяються в титрі більше ніж 10^4 КУО/мл, а саме досягають 10^7 КУО/мл.

Перспективи подальших досліджень. Отримані дані під час дослідження представляють практичний інтерес, так як дані, отримані в результаті наших досліджень можуть бути використані для подальшого аналізу співвідношення аеробних та анаеробних мікроорганізмів сечостатевого тракту жінок та розробки засобів для профілактики та лікування дисбіозів уrogenітального тракту жінок різного віку.

Література

- Ivanova MA, Romanova OV. Zabolevaemost' infekciyami, peredavaemymi polovym putem, v Rossijskoj Federacii za period s 2006 po 2015 gg. Sovremennye problemy zdavoohraneniya i medicinskoj statistiki. 2016;1:8-12. [in Russian].
- L'yuis FM, Bernshtejn KT, Aral SO. Mikrobiom vlagalishcha i ego svyaz' s povedeniem, seksual'nym zdorov'em i zabolevaniyami, peredavaemymi polovym putem. Obstet Gynecol. 2017;129:643-54. [in Russian].
- Okodo M, Kavamura Dzh, Okayama K, Kavaj K, Fukui T, Shiina N, i dr. Citologicheskie osobennosti, svyazannye s ureaplasma urealyticum v mazke iz papcervikal'nogo kanala. Aziatskij Pac J Cancer Prev. 2017;18(8):2239-42. [in Russian].
- Nazarova EK, Gimmelfarb EI, Sozaeva LG. Mikrobiocenoz vlagalishcha i ego narusheniya. Klin. laboratornaya diagnostika. 2003;2:25-32. [in Russian].
- Ankirskaaya AS, Murav'eva VV. Integral'naya ocenka sostoyaniya mikrobioty vlagalishcha. Diagnostika opporunisticheskogo vaginita. Akusherstvo i ginekologiya: novosti, otzvyu, obuchenie. 2020;8(1):69-76. DOI: 10.24411/2303-9698-2020-11009 [in Russian].
- De Baker E, Dubrej L, Brauman M. Aktivnost' seknidazola in vitro protiv Atopobium vaginae, anaerobnogo patogena, vyzyvayushchego bakterial'nyj vaginoz. Clin. microbiol. infekciya. 2010;16(5):470-2. [in Russian].
- Karaulov AV, Afanas'ev SS, Aleshkin VA, Bondarenko NL, Agaeva M, Voropaeva EA, i dr. Rol' TLR v patogeneze i diagnostike urogenital'nyh infekcij u zhenshchin. Voprosy ginekologii, akusherstva i perinatologii. 2017;16(4):32-8. DOI: https://doi.org/10.20953/1726-1678-2017-4-35-41 [in Russian].
- Savicheva AM, Sokolovskij EV, Tapil'skaya NI, Krasnosel'skih TV, Shipicyna EV, Ajlamazyan EK. Vospalitel'nye zabolevaniya v akusherstve i ginekologii. Izdatel'skaya gruppa «GEOTAR-Media»; 2016. 326 s. [in Russian].

9. Savchenko TN, Dobrohotova YuE, Aleshkin VA, Makarov OV, Agaeva MI, Afanas'ev SS, i dr. Osobennosti mikrobiocenoza vlagalishcha pri beremennosti pri bessimptomnoj i latentnoj gerpeticheskoj virusnoj infekcii. Lechashchij vrach. 2016;12:8. [in Russian].

ОСОБЛИВОСТІ СКЛАДУ МІКРОФЛОРИ СЕЧОСТАТЕВОГО ТРАКТУ У ЖІНОК В НОРМІ ТА В ПАТОГЕНЕЗІ

Господ В. В., Голодок Л. П., Скляр Т. В.

Резюме. Виділено та ідентифіковано збудників дисбіотичних порушень сечостатевого тракту у 80 жінок віком від 19 до 55 років у Діагностичному центрі медичної академії міста Дніпро за допомогою методу полімеразно-ланцюгової реакції. За допомогою цього методу можна за короткий термін об'єктивно і точно оцінити систему біоценозу піхви шляхом кількісної та якісної оцінки різних груп мікроорганізмів і виявлення співвідношення між ними. Показано, що при нормоценозі кількість мікроорганізмів становить 10^5 - 10^7 КУО/мл. Кількість представників роду *Lactobacillus spp.* становить у середньому 10^7 КУО/мл, *Gardnarella vaginalis*, *Megashera spp.* – 10^4 КУО/мл, *Enterobacteriaceae spp.*, *Streptococcus spp.*, *Staphylococcus spp.*, *Peptostreptococcus spp.*, *Atopobium vaginae*, *Ureaplasma spp.*, *Candida sp.* – 10^3 КУО/мл, проте при дисбіозі мікробний склад урогенітального тракту характеризується зниженням кількості лактобацил і заміщенням їх умовно-патогенними анаеробними мікроорганізмами. Такі порушення можуть призводити до виникнення бактеріального вагінозу – 42%, неспецифічного вагініту – 30%, кандидоз – 25%, асоціації бактеріального вагінозу з неспецифічним вагінітом 3%. При дисбіотичних порушеннях мікрофлори сечостатевого тракту у високих концентраціях виділяються представники *Mobiluncus spp.*, *Peptostreptococcus spp.*, *Gardnerella vaginalis*, *Atopobium vaginalis*, *Enterobacteriaceae spp.*, *Streptococcus spp.*, *Staphylococcus spp.*, *Velionella spp.*, *Candida spp.* Основними причинами вищезазначених дисбіотичних порушень у даних вікових групах пов'язані з ендокринними розладами, стресами, алергіями, змінами клімату, змінами стану місцевого та загального імунного статусу (зниження циркулюючих імунних комплексів, зниження Ig A, підвищення Ig G), безсистемною антибактеріальною терапією та прийомом гормональних препаратів, застосування контрацептивів, перенесені запальні захворювання жіночих статевих органів, часта зміна статевих партнерів, хірургічні та діагностичні втручання, порушення функцій та мікробного стану кишечника.

Ключові слова: ПЛР, сечостатевий тракт, дисбіоз, репродуктивний вік.

ОСОБЕННОСТИ СОСТАВА МИКРОФЛОРЫ МОЧЕПОЛОВОГО ТРАКТА У ЖЕНЩИН В НОРМЕ И В ПАТОГЕНЕЗЕ

Господ В. В., Голодок Л. П., Скляр Т. В.

Резюме. Выделено и идентифицировано возбудителей дисбиотических нарушений мочевого тракта у 80 женщин в возрасте от 19 до 55 лет в диагностическом центре медицинской академии города Днепр с помощью метода полимеразной цепной реакции. С помощью этого метода можно за короткий срок объективно и точно оценить систему биоценоза влагалища путем количественной и качественной оценки различных групп микроорганизмов и выявление соотношения между ними. Показано, что при нормоценозе количество микроорганизмов составляет 10^5 - 10^7 КОЕ/мл. Количество представителей рода *Lactobacillus spp.* составляет в среднем 10^7 КОЕ/мл, *Gardnarella vaginalis*, *Megashera spp.* – 10^4 КОЕ/мл, *Enterobacteriaceae spp.*, *Streptococcus spp.*, *Staphylococcus spp.*, *Peptostreptococcus spp.*, *Atopobium vaginae*, *Ureaplasma spp.*, *Candida sp.* – 10^3 КОЕ/мл, однако при дисбиозе микробный состав урогенитального тракта характеризуется снижением количества лактобацилл и замещением их условно-патогенными анаэробными микроорганизмами. Такие нарушения могут приводить к возникновению бактериального вагиноза – 42%, неспецифического вагинита – 30%, кандидоза – 25%, ассоциации бактериального вагиноза с неспецифическим вагинитом 3%. При дисбиотических нарушениях в микрофлоре мочевого тракта в высоких концентрациях выделяются представители *Mobiluncus spp.*, *Peptostreptococcus spp.*, *Gardnerella vaginalis*, *Atopobium vaginalis*, *Enterobacteriaceae spp.*, *Streptococcus spp.*, *Staphylococcus spp.*, *Velionella spp.*, *Candida spp.* Основными причинами вышеупомянутых дисбиотических нарушений в данных возрастных группах связаны с эндокринными расстройствами, стрессами, аллергиями, изменениями климата, изменениями состояния местного и общего иммунного статуса (снижение циркулирующих иммунных комплексов, снижение IgA, повышение IgG), бессистемных антибактериальных терапий и прием гормональных препаратов, применение контрацептивов, перенесенные воспалительные заболевания женских половых органов, частая смена половых партнеров, хирургические и диагностические вмешательства, нарушение функций и микробного состояния кишечника.

Ключевые слова: ПЦР, мочевого тракта, дисбиоз, репродуктивный возраст.

FEATURES OF THE COMPOSITION OF THE MICROFLORA OF THE GENITOURINARY TRACT IN WOMEN IN NORMAL AND PATHOGENESIS

Hospod V. V., Golodok L. P., Sklyar T. V.

Abstract. Pathogens of dysbiotic disorders of the genitourinary tract in 80 women aged 19 to 55 years were isolated and identified in the Diagnostic Center of the Medical Academy of the city of Dnipro using the method of polymerase chain reaction. With this method, you can objectively and accurately assess the system of biocenosis of the vagina in a short time by quantitative and qualitative assessment of different groups of microorganisms and identify the relationship between them. It is shown that in the normocenosis the number of microorganisms is 10^5 - 10^7 CFU/ml. The number of members of the genus *Lactobacillus spp.* averages 10^7 CFU/ml, *Gardnarella vaginalis*, *Megashera spp.* – 10^4 CFU/ml, *Enterobacteriaceae spp.*, *Streptococcus spp.*, *Staphylococcus spp.*, *Peptostreptococcus spp.*, *Atopobium vaginae*, *Ureaplasma spp.*, *Candida sp.* – 10^3 CFU/ml, however, in dysbiosis, the microbial composition of the urogenital tract is characterized by a decrease in the number of lactobacilli and their replacement by opportunistic anaerobic microorganisms. Such disorders can lead to bacterial vaginosis – 42%, nonspecific vaginitis – 30%,

candidiasis – 25%, the association of bacterial vaginosis with nonspecific vaginitis 3%. At dysbiotic disturbances of microflora of urogenital tract in high concentrations representatives of *Mobiluncus spp.*, *Peptostreptococcus spp.*, *Gardnerella vaginalis*, *Atopobium vaginalis*, *Enterobacteriaceae spp.*, *Streptococcus spp.*, *Staphylococcus spp.*, *Spp.*, *Velionella spp.*, *Candida spp.* The main causes of the above dysbiotic disorders in these age groups are associated with endocrine disorders, stress, allergies, climate change, changes in local and general immune status (decreased circulating immune complexes, decreased Ig A, increased Ig G), unsystematic antibacterial therapy and reception hormonal drugs, contraceptive use, inflammatory diseases of the female genital organs, frequent change of sexual partners, surgical and diagnostic interventions, dysfunction and microbial status of the intestine.

Key words: PCR, urinary tract, dysbiosis, reproductive age.

Рецензент – проф. Небесна З. М.
Стаття надійшла 09.10.2020 року

DOI 10.29254/2077-4214-2020-4-158-253-259

УДК 57:577.152.34:577.151.5:579:579.6

Погорелова А. М., Соколова І. Є., Виноградова К. О., Гаврилюк В. Г., Скляр Т. В.

АНАЛІЗ СКЛАДУ ФЕРМЕНТІВ ГРУНТОВИХ СТРЕПТОМІЦЕТІВ

Дніпровський національний університет (м. Дніпро)

pogorelovaanet@gmail.com

Зв'язок публікації з плановими науково-дослідними роботами. Робота виконана в рамках ініціативної теми «Біологічні основи функціонування мікробіоценозів навколишнього середовища та організму людини», № державної реєстрації 0119U100097.

Вступ. Стрептоміцети вже давно привертають до себе увагу дослідників у галузях промислової мікробіології, біотехнології та генної інженерії як продуценти різноманітних корисних речовин. Зараз майже 17 % біологічно активних вторинних метаболітів мікроорганізмів (близько 7600 із 43000 відомих) виділено саме із стрептоміцетів. Їх відмінною особливістю є здатність до синтезу амінокислот та їх похідних, екстрацелюлярних ензимів, антибіотиків, авермектинів, біоінсектицидів, стимуляторів росту, вітамінів, пігментів, ароматичних сполук, лактонів – від простих восьмичленних до різних конденсованих макролактонів [1,2].

В наш час продукти біосинтезу стрептоміцетів застосовуються в різних галузях: у сільському господарстві – для лікування і профілактики бактеріальних і грибкових інфекцій, як стимулятори росту і домішки у корм тварин тощо; у харчовій промисловості – при консервуванні харчових продуктів з максимальним збереженням поживних речовин; у наукових дослідженнях – для інгібування певних етапів біохімічних перетворень, руйнування клітин з метою виділення субклітинних структур, при культивуванні вірусів, у генетичних дослідженнях тощо [1,3,4,5].

Завдяки лабільності ферментативного апарату, представники роду *Streptomyces* легко пристосовуються до мінливих умов середовища, а висока антагоністична активність дозволяє їм пригнічувати життєдіяльність інших бактерій. Вони здатні мінералізувати стійкі і важкодоступні для інших мікроорганізмів органічні речовини, такі як хітин, целюлоза, геміцелюлоза, лігнін, водний гумус, фенольні сполуки, клітинні стінки бактерій і грибів [6].

Одними з головних сполук, що синтезують стрептоміцети, є ферменти, в тому числі гідролітичні, зокрема протеїнази, амілази, ліпази, целюлази, ДНК-ази, літичні ензими та інші. Літичні ферменти, за дією на субстрат, можна розділити на бактеріолітичні, міко- і дріжджелітичні. Ензими, що активно лізують

гриби та дріжджі, часто менш активно діють на бактеріальні клітинні стінки, і навпаки [7].

Лізис бактерій під дією літичних ферментів здійснюється шляхом гідролізу певних зв'язків у клітинній стінці, що приводить до загибелі клітин. Бактеріолітичні ензими поділяють на три основні групи: глікозидази, амідози та ендopeптідази. Перша група – глікозидази – представлена двома ферментами – β -1,4-N-ацетилмурамідазою і β -1,4-N-глюкозамінідазою. Фермент β -1,4-N-ацетилмурамідаса (лізоцим ацетилмурамової кислоти та 4-им атомом вуглецю N-ацетилглюкозаміну в молекулах пептидоглікану. Фермент β -1,4-N-глюкозамінідаза руйнує зв'язок між 1-им атомом вуглецю N-ацетилглюкозаміну і 4-им атомом N-ацетилмурамової) гідролізує β -1,4-глікозидний зв'язок між 1-им вуглецевим атомом N-кислоти [8]. Глікозидази виявляють як пряму літичну дію, так і діють у комплексі з іншими літичними ферментами, а також беруть участь у вуглецевому метаболізмі продуцента. До складу літичних ферментів входить також N-ацетилмурамід-L-аланіламідаса (амідаса), що розщеплює зв'язок між мурамовою кислотою полісахариду і пептидною частиною пептидоглікану [9]. Ще однією групою літичних ферментів є ендopeптідази, які гідролізують пептидні зв'язки в пептидоглікані бактерій [10]. Виявлено декілька різних за субстратною специфічністю ендopeптідаз – одні розщеплюють зв'язок гліцил-гліцин в перехресно-зв'язуючих містках, інші – зв'язок гліцил-аланін тощо. Встановлено, що саме присутність ендopeптідаз у ферментних комплексах продуцентів *S. griseus* 11-84, *Bacillus sp.* 739 та *Lysobacter sp.* XL1 визначає повне руйнування клітинної стінки бактерій [11].

Окрім специфічних ендopeптідаз стрептоміцети синтезують також протеїнази з більш широким спектром дії. Вони здатні гідролізувати безліч амідів і складних ефірів, включаючи більшість специфічних субстратів пепсину, трипсину, хімотрипсину, папаїну, катепсину С, карбоксипептідази, амінотрипептідази, гліцил-лейциндипептідази, імінодипептідази, а також пептиди з включенням D-амінокислот [12]. Найбільш активними продуцентами протеїназ є такі види стрептоміцетів, як *Streptomyces*