



УДК 618.15-002:616-093-/098

О. А. Грузевський

НОРМОЦЕНОЗ ПІХВИ: ЯКІСНІ ТА КІЛЬКІСНІ ХАРАКТЕРИСТИКИ

Одеський національний медичний університет, Одеса, Україна

УДК 618.15-002:616-093-/098

А. А. Грузевский

НОРМОЦЕНОЗ ВЛАГАЛИЩА: КАЧЕСТВЕННЫЕ И КОЛИЧЕСТВЕННЫЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ

Одесский национальный медицинский университет, Одесса, Украина

Методом полимеразной цепной реакции в режиме реального времени проведено количественное определение в отделяемом влагалища 53 женщин в возрасте от 18 до 52 лет без признаков инфекционно-воспалительного процесса нормальной и условно-патогенной микрофлоры при условии отсутствия безусловно патогенных микроорганизмов. Обнаружено, что возраст и акушерско-гинекологический анамнез не оказывали статистически значимого влияния на качественную и количественную характеристики видового состава влагалищной микробиоты. Среди факультативных анаэробов в количественном отношении лидировали микроорганизмы групп *Mobiluncus spp./Corynebacterium spp.*, *Eubacterium spp.* и *Gardnerella vaginalis/Prevotella bivia/Porphyromonas spp.*, однако их количество не превышало 2,2 lg ГЭ/образец. Количество маркера для бактериального вагиноза *Atopobium vaginalis* не превышало 0,7 lg ГЭ/образец. Количество *Ureaplasma urealyticum + parvum* не превышало 1,6 lg ГЭ/образец. Представителей *Candida spp.* выявляли в 85 % случаев в количестве не более 3,2 lg ГЭ/образец. Представителей семейств *Sneathia spp.*, *Leptotrichia spp.*, *Fusobacterium spp.*, а также *Mycoplasma hominis + genitalium* при нормоценозе не выявлено. При оценке суммарного количества видов микроорганизмов обнаружено, что преобладали факультативные анаэробы, доля которых составила 35 %, облигатные анаэробы составили 30 %, кандиды — 25 % и микоплазмы — 10 %.

Ключевые слова: нормоценоз, лактобактерии, факультативные анаэробы, облигатные анаэробы, кандиды, микоплазмы.

UDC 618.15-002:616-093-/098

О. А. Gruzevskyy

VAGINAL NORMOCENOSIS: QUANTITATIVE AND QUALITATIVE CHARACTERISTICS

The Odessa National Medical University, Odessa, Ukraine

Aim: Quantitative and qualitative examination of normal and conditionally-pathogenic microflora in vaginal secretion of 53 women without signs of infectious-inflammatory processes.

Materials, methods: Real-time PCR was used for examination of normal and conditionally-pathogenic microflora in vaginal contents.

Results and discussion: Among facultative anaerobes the microorganisms of *Mobiluncus of spp.* /*Corynebacterium spp.*, *Eubacterium spp.* and *Gardnerella vaginalis/Prevotella bivia/Porphyromonas spp.* prevailed in quantity. However, their amount wasn't more than 2.2 lg of GE/ample. Amount of *Atopobium vaginalis* (marker of bacterial vaginosis) wasn't more than 0.7 lg of GE/sample. Amount of *Ureaplasma urealyticum + parvum* wasn't more than 1.6 lg of GE/sample. Representatives of *Candida spp.* encountered in 85% cases, but not higher than 3.2 lg of GE/sample. Representatives of *Sneathia spp.*, *Leptotrihia spp.*, *Fusobacterium spp.*, and also *Mycoplasma hominis + genitalium* families weren't revealed in normocenosis. While estimating microorganisms species total amount there was shown that facultative anaerobes prevailed and they comprised 35%, obligate anaerobes — 30%, *Candida spp.* — 25% and mycoplasma — 10%.

Conclusions. It was shown that in women with normocenosis the age and obstetric-gynaecological anamnesis did not influence statistically meaningful on qualitative and quantitative characteristics of vaginal microbiota species composition. There were offered limiting indexes of normal microflora's different components.

Key words: normocenosis, lactobacteria, facultative anaerobes, obligate anaerobes, candida, mycoplasma.

Симбіотна мікрофлора відіграє важливу роль у підтримці резистентності колонізації біотопу піхви — складного, багатоконпонентного і рівноважно-

динамічного механізму, який забезпечує стабільність популяційно-кількісного складу компонентів нормального біоценозу [1; 2; 4; 14]. Сучасні уявлен-

ня про склад біоти піхви засновані, перш за все, на даних мікроскопічного та мікробіологічного досліджень вагінального секрету. Ці методи не позбав-



лені відомих недоліків, мають обмежену об'єктивність і вірогідність даних щодо всіх складових біоценозу [3–5; 15]. У зв'язку з цим останнім часом ідентифікація мікроорганізмів будується на молекулярно-генетичному аналізі відмінностей у структурі їх геному. Повноцінний багатофакторний кількісний аналіз структури мікробіоти урогенітального тракту став можливим лише після розробки та впровадження до клінічної практики методу полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) із детекцією результатів у режимі реального часу (real time) [1; 6; 8].

У зв'язку з широкими можливостями молекулярно-генетичного аналізу значне місце посідає проблема визначення якісних і кількісних характеристик, які входять до поняття норми, щодо всіх представників вагінальної біоти [1; 9]. Крім того, остаточно не з'ясованим залишається питання про вплив віку й акушерсько-гінекологічного анамнезу на характеристики нормоценозу піхви, а також на методологію формування групи клінічно здорових пацієнток (група порівняння), для проведення клінічних, соціальних та інших науково й практично вагомих досліджень [10; 11].

Метою дослідження стало вивчення широкого спектра умовно-патогенних мікроорганізмів і нормофлори у вмісті піхви у клінічно здорових пацієнток у різні періоди життя і визначення кількісних характеристик вагінального біотопу, відповідних стану нормоценозу.

Матеріали та методи дослідження

Обстежено 53 жінки віком 18–52 роки, яких розподілили на три групи. До 1-ї групи увійшли 19 пацієнток, що не народжували, з регулярним менструальним циклом віком від 18 до 25 років. До 2-ї групи включили 23 пацієнтки віком

від 26 до 45 років, в анамнезі яких були пологи. До 3-ї групи зарахували 11 пацієнток віком понад 46 років, у постменопаузальному періоді. Усі жінки звернулися до гінеколога для профілактичного огляду. Критеріями діагностики стану вагінального нормоценозу були відсутність скарг на патологічні виділення, дискомфорт у ділянці вульви і піхви, а також відсутність патологічних змін при зовнішньому огляді.

Стан нормоценозу в усіх пацієнток був підтверджений клініко-лабораторними критеріями Амсела (не більше двох критеріїв) [12], визначенням балів Нугента (не більше 3 балів) [13] і лактобацилярного ступеня (1-й ступінь) [15], а також негативними результатами молекулярно-генетичного дослідження вагінального вмісту на наявність безумовно патогенних мікроорганізмів — *Trichomonas vaginalis*, *Neisseria gonorrhoeae*, *Chlamydia trachomatis* і збудників герпесу та сифілісу.

Матеріал для дослідження брали шляхом зшкрібка із задньою боковою стінкою піхви урогенітальним зондом до пробірки типу «Еппендорф», що містила 1 мл фізіологічного розчину. Одночасно частину матеріалу брали на предметне скло для подальшого забарвлення за Грамом і світлової мікроскопії ($\times 1000$). Дослідження біоценозу піхви проводили методом ПЛР у режимі реального часу з використанням апаратури та реактивів ТОВ «НВФ ДНК-технологія» (Російська Федерація) [7]. Виявляли такі мікроорганізми: нормобіота (НБ) — *Lactobacillus spp.* (ЛБ); облигатні анаероби (ОА) — *Atopobium vaginalis*, *Eubacterium spp.*, *Gardnerella vaginalis*, *Prevotella bivia*, *Porphyromonas spp.*, *Lachnobacterium spp.*, *Clostridium spp.*, *Megasphaera spp.*, *Veillonella spp.*, *Dialister spp.*, *Mobiluncus spp.*, *Corynebacterium spp.*, *Peptostreptococcus spp.*, *Sneathia spp.*, *Leptotrichia spp.*,

Fusobacterium spp.; факультативні анаероби (ФА) — *Enterobacteriaceae spp.*, *Staphylococcus spp.*, *Streptococcus spp.*; мікоплазми (МП) — *Ureaplasma urealyticum + parvum*, *Mycoplasma hominis + genitalium* і дріжджоподібні гриби (ДГ) — *Candida spp.* За допомогою вбудованого апаратного програмного забезпечення розраховували кількість загальної бактеріальної маси (ЗБМ) і окремих видів мікроорганізмів. Для зручності подальших розрахунків і оцінки отриманих результатів використовували величину десятичного логарифма кількості еквівалентів геномів мікробіоти в перерахунку на досліджуваний зразок (lg ГЕ/зразок). При цьому кількість мікроорганізмів у транспортному середовищі була прямо пропорційною загальній контамінації відповідного біотопу. За результатами ПЛР розраховували такі сумарні й похідні показники:

а) індекс НБ:

$$(ІНБ) = \lg ЗБМ - \lg ЛБ;$$

б) сумарну кількість ОА:

$$\sum ОА = \lg(\sum 10^{ОА});$$

в) сумарну кількість ФА:

$$\sum ФА = \lg(\sum 10^{ФА});$$

г) сумарну кількість МП:

$$\sum МП = \lg(\sum 10^{МП});$$

д) сумарну кількість ДГ:

$$\sum ДГ = \lg(\sum 10^{ДГ}).$$

Індекс умовно-патогенної мікрофлори (ІУПМ) визначали за формулою:

$$ІУПМ = \lg((\sum 10^{ОА} + \sum 10^{ФА} + \sum 10^{МП} + \sum 10^{ДГ}) - \sum 10^{ЛБ}).$$

Статистичну обробку даних проводили методами варіаційної статистики і дисперсійного аналізу з використанням Statistica 10 (StatSoft, Inc.).

Результати дослідження та їх обговорення

Кількісні характеристики окремих видів мікроорганізмів у



**Результати кількісної полімеразної ланцюгової реакції
вмісту піхви (Ig GE/зразок; M±m) у вікових групах
і оцінка впливу групових характеристик на досліджувані показники (F; p)**

Представники мікробіоти	Вікова група			F	p*
	1	2	3		
Загальна бактеріальна маса	7,758±0,063	7,739±0,058	7,709±0,083	0,108	0,898
Нормобіота					
<i>Lactobacillus spp.</i>	7,622±0,062	7,626±0,062	7,614±0,089	0,007	0,993
Факультативні анаероби					
<i>Enterobacteriaceae spp.</i>	3,889±0,128	3,700±0,204	3,745±0,226	0,300	0,742
<i>Staphylococcus spp.</i>	1,242±0,387	0,707±0,313	1,282±0,463	0,623	0,540
<i>Streptococcus spp.</i>	0,637±0,292	1,148±0,337	1,145±0,482	0,708	0,498
Облігатні анаероби					
<i>Atopobium vaginalis</i>	0,679±0,215	0,487±0,203	0,164±0,164	1,169	0,319
<i>Eubacterium spp.</i>	2,142±0,232	1,487±0,287	2,055±0,413	1,621	0,208
<i>Gardnerella vaginalis, Prevotella bivia, Porphyromonas spp.</i>	0,895±0,281	0,643±0,234	1,555±0,487	1,917	0,158
<i>Lachnobacterium spp., Clostridium spp.</i>	0,305±0,210	0,591±0,245	0,277±0,277	0,651	0,526
<i>Megasphaera spp., Veillonella spp., Dialister spp.</i>	0,326±0,182	0,465±0,223	0,182±0,182	0,390	0,679
<i>Mobiluncus spp., Corynebacterium spp.</i>	1,842±0,271	1,904±0,204	2,236±0,080	0,533	0,590
<i>Peptostreptococcus spp.</i>	0,342±0,187	0,487±0,199	0,818±0,344	0,885	0,419
<i>Sneathia spp., Leptotrichia spp., Fusobacterium spp.</i>	0,000±0,000	0,000±0,000	0,000±0,000	—	—
Мікоплазми і дріжджоподібні гриби					
<i>Ureaplasma urealyticum + parvum</i>	1,116±0,406	1,096±0,348	1,100±0,477	0,001	0,999
<i>Mycoplasma hominis + genitalium</i>	0,000±0,000	0,000±0,000	0,000±0,000	—	—
<i>Candida spp.</i>	2,705±0,337	2,803±0,298	3,209±0,081	0,537	0,588

Примітка. У табл. 1, 2: * — вплив статистично значущий при $p < 0,05$.

вмісті піхви пацієнток досліджуваних груп, а також оцінка впливу віку й акушерсько-гінекологічного анамнезу на досліджувані показники подані в табл. 1.

У кількісному відношенні при нормоценозі абсолютно лідирували ЛБ, на 3–4 порядки нижчою була кількість ентеробактерій, на 5–6 порядків — стафілококів. Ці дані відповідали відомій методичній літературі [6; 7]. Серед облігатних анаеробів переважали *Eubacterium spp.* і *Mobiluncus spp.* + *Corynebacterium spp.* У тій же кількості визначалися *Candida spp.* і *Ureaplasma urealyticum + parvum*.

З віком дещо знижувалися ЗБМ і ЛБ, проте відмінності не були статистично значущими. Спостерігалися деякі коливання кількості представників умовно-патогенної мікрофлори, проте ці зміни також не були статистично значущими внаслідок великої варіабельності вибірки.

Представники сімейств *Sneathia spp.*, *Leptotrichia spp.*, *Fusobacterium spp.*, а також *Mycoplasma hominis + genitalium* при нормоценозі не були виявлені в жодній віковій групі.

Сумарні та похідні показники за результатами кількісної ПЛР вмісту піхви, оцінки впливу віку й акушерсько-гінеколо-

гічного анамнезу на інтегративні обчислювані показники подані в табл. 2.

Як і показники кількісного вмісту окремих видів умовно-патогенної мікрофлори, інтеграційні показники сумарного вмісту груп мікроорганізмів статистично значуще не відрізнялися. Цілком імовірно, істотних вікових відмінностей при нормоценозі не існує. За відсутності урогенітальних інфекційних захворювань показники мікробіоти піхви після пологів і в старшій віковій групі (преклімакс і клімакс) поверталися до рівноваги, характерної для молодого допологового періоду.



Сумарні й обчислювані показники ($M \pm m$) залежно від груп та оцінка вірогідності впливу групових характеристик на досліджувані показники (F ; p)

Показник	Група			F	p*
	1	2	3		
ІНБ, Іg GE/зразок	0,136±0,016	0,113±0,010	0,095±0,014	0,064	0,938
ІУПМ, у. о.	-3,420±0,050	-3,436±0,080	-3,419±0,077	0,537	0,588
Σ ФА, Іg GE/зразок	3,963±0,112	3,955±0,104	3,957±0,144	2,041	0,141
Σ ОА, Іg GE/зразок	3,427±0,102	3,359±0,193	3,547±0,096	0,001	0,999
Σ МП, Іg GE/зразок	1,128±0,405	1,098±0,348	1,107±0,477	0,279	0,758
Σ ДГ, GE/зразок	2,705±0,337	2,830±0,298	3,209±0,081	0,002	0,998

Також нами була зроблена спроба варіаційної оцінки вибірки щодо визначення показників, характерних для норми. Кількісні характеристики окремих видів мікроорганізмів у вмісті піхви пацієнток віком від 18 до 52 років, відповідних стану нормоценозу, подані в табл. 3.

Величина ЗБМ у наших дослідженнях коливалася від 7,665 до 7,815 Іg GE/зразок. Це істотно менше щодо відомої з методичної літератури норми, яка допускає коливання від 5,4 до 8,5 Іg GE/зразок [6; 7]. Частка ЛБ у наших дослідженнях становила від 96,3 до 100 %, що відповідало літературним даним [6; 7].

Серед ФА в кількісному відношенні лідирували мікроорганізми груп *Mobiluncus spp.*/*Corynebacterium spp.*, *Eubacterium spp.* і *Gardnerella vaginalis/Prevotella bivia/Porphyromonas spp.*, проте їх кількість не перевищувала 2,237 Іg GE/зразок (максимальне значення для *Mobiluncus spp./Corynebacte-*

Таблиця 3

Результати кількісної оцінки показників мікробіоти, відповідні стану нормоценозу

Показник, Іg GE/зразок	M±m	CI 95 %	Процентиль		
			25 %	50 %	75 %
Загальна бактеріальна маса	7,740±0,037	7,665–7,815	7,600	7,800	8,000
Нормобіота					
<i>Lactobacillus spp.</i>	7,622±0,039	7,544–7,700	7,500	7,700	7,800
Факультативні анаероби					
<i>Enterobacteriaceae spp.</i>	3,777±0,109	3,559–3,996	3,600	4,000	4,200
<i>Staphylococcus spp.</i>	1,045±0,205	0,614–1,477	0,000	0,000	3,100
<i>Streptococcus spp.</i>	0,964±0,205	0,554–1,375	0,000	0,000	3,000
Облігатні анаероби					
<i>Atopobium vaginalis</i>	0,489±0,123	0,243–0,735	0,000	0,000	0,800
<i>Eubacterium spp.</i>	1,840±0,174	1,490–2,190	0,000	2,300	2,900
<i>Gardnerella vaginalis, Prevotella bivia, Porphyromonas spp.</i>	0,923±0,178	0,566–1,279	0,000	0,000	2,100
<i>Lachnobacterium spp., Clostridium spp.</i>	0,413±0,138	0,136–0,690	0,000	0,000	0,000
<i>Megasphaera spp., Veillonella spp., Dialister spp.</i>	0,357±0,121	0,113–0,600	0,000	0,000	0,000
<i>Mobiluncus spp., Corynebacterium spp.</i>	1,951±0,143	1,665–2,237	2,000	2,200	2,500
<i>Peptostreptococ spp.</i>	0,504±0,130	0,243–0,765	0,000	0,000	0,000
<i>Sneathia spp., Leptotrichia spp., Fusobacterium spp.</i>	0,000±0,000	—	0,000	0,000	0,000
Мікоплазми і дріжджоподібні гриби					
<i>Ureaplasma urealyticum + parvum</i>	1,104±0,228	0,647–1,561	0,000	0,000	2,000
<i>Mycoplasma hominis + genitalium</i>	0,000±0,000	—	0,000	0,000	0,000
<i>Candida spp.</i>	2,864±0,177	2,509–3,219	3,100	3,200	3,500



Сумарні й обчислювані показники,
що характеризують стан вагінального нормоценозу

Показник	M±m	СІ 95 %	Процентиль		
			5 %	50 %	95 %
ІНБ, Іg ГЕ/зразок	0,118±0,08	0,102–0,133	0,100	0,200	0,270
ІУПМ, ум. од.	-3,420±0,041	-3,503...-3,337	-3,558	-3,370	-3,013
Σ ФА, Іg ГЕ/зразок	3,958±0,066 (35 %)	3,825–4,091	3,794	4,000	4,200
Σ ОА, Іg ГЕ/зразок	3,423±0,093 (30 %)	3,236–3,609	3,253	3,465	3,764
Σ МП, Іg ГЕ/зразок	1,111±0,227 (10 %)	0,654–1,567	0,000	0,000	2,004
Σ ДГ, ГЕ/зразок	2,864±0,177 (25 %)	2,509–3,219	3,100	3,200	3,500

rium spp.), тимчасом як, за даними [6; 7], у нормі у 10–20 % жінок кількість кожної з цих груп може сягати 10^5 і вище. При нормоценозі кількість маркерного для бактеріального вагінозу *Atopobium vaginalis* не перевищувала 0,735 Іg ГЕ/зразок. Мікроорганізми груп *Sneathia spp./Leptotrichia spp./Fusobacterium spp.* у наших дослідженнях не траплялися взагалі. Кількість *Ureaplasma urealyticum + parvum* була незначною і не перевищувала 1,561 Іg ГЕ/зразок, тимчасом як, за даними [6; 7], у 21,1 % жінок кількість цих мікроорганізмів у нормі є вищою 10^4 . Представники *Mycoplasma hominis + genitalium* у наших дослідженнях не визначалися; *Candida spp.* спостерігалася в 85 % випадків у кількості, яка не перевищувала 3,219 Іg ГЕ/зразок, що можна вважати клінічно безпечним рівнем.

Величини інтеграційних показників, що характеризують стан нормоценозу піхви у пацієнток віком від 18 до 52 років, наведені в табл. 4.

Оскільки показник нормоценозу характеризувався абсолютним переважанням ЛБ у складі вагінальної мікробіоти (96–100 %), то їх кількість не більше ніж у 30 разів може поступатися показнику ЗБМ. Відповідно до цього, ІНБ не повинен перевищувати 0,3 Іg ГЕ/зразок. У наших дослідженнях при нормоценозі ІНБ коливався від 0,102 до 0,133 Іg ГЕ/зразок. Водночас ІУПМ, що відображає рівень резистентності колонізації піхви, має бути не вищим -3 у. о., тобто кількість ЛБ не менше ніж на 3 порядки повинна перевищувати загальну кількість умовно-патогенної мікрофлори (у наших дослідженнях — від -3,503 до -3,337 у. о.).

Розподіл сумарної кількості видів мікроорганізмів характеризувався таким чином: переважали ФА, частка яких становила 35 %; ОА дорівнювали 30 %, ДГ — 25 % і МП — 10 %.

Ці дані відповідали методичній літературі [6; 7].

Висновки

Вік і акушерсько-гінекологічний анамнез жінок із нормоценозом не мають статистично значущого впливу на якісні та кількісні характеристики видового складу вагінальної мікробіоти. Запропоновані граничні показники норми. Серед ФА в кількісному відношенні лідирували мікроорганізми груп *Mobiluncus spp./Corynebacterium spp., Eubacterium spp. і Gardnerella vaginalis/Prevotella bivia/Porphyromonas spp.*, проте їх кількість не перевищувала 2,237 Іg ГЕ/зразок. Кількість маркерного для бактеріального вагінозу *Atopobium vaginalis* не перевищувала 0,735 Іg ГЕ/зразок. Кількість *Ureaplasma urealyticum + parvum* не перевищувала 1,561 Іg ГЕ/зразок. Представники *Candida spp.* спостерігалися в 85 % випадків з кількістю не вище 3,219 Іg ГЕ/зразок. Представників сімейств *Sneathia spp., Leptotrichia spp., Fusobacterium spp.*, а також *Mycoplasma hominis + genitalium* при нормоценозі не виявлено. При оцінці сумарної кількості видів мікроорганізмів переважали ФА, частка яких становила 35 %, ОА дорівнювали 30 %, ДГ — 25 % і МП — 10 %.

ЛІТЕРАТУРА

1. Биоценоз влагалища с точки зрения количественной полимеразной цепной реакции: что есть норма? / Е. С. Ворошилина, А. В. Тумбинская, А. Е. Донников [и др.] // Акушерство и гинекология. — 2011. — № 1. — С. 57–65.
2. Кира Е. Ф. Бактериальный вагиноз / Е. Ф. Кира. — СПб., 2001. — 364 с.
3. Мавзютов А. Р. Бактериальный вагиноз: этиопатогенетические аспекты / А. Р. Мавзютов, К. Р. Бондаренко, В. М. Бондаренко // ЖМЭИ. — 2007. — № 6 (33). — С. 93–100.
4. Микробная экология влагалища / Л. И. Кафарская, О. В. Коршунова, Б. А. Ефимов [и др.] // Микробиология. — 2002. — № 6. — С. 91–99.
5. Наумкина Е. В. Эпидемиологические и микробиологические аспекты изучения вагинальных дисбиозов / Е. В. Наумкина, Н. В. Рудаков, М. Б. Шумилович // Уральский медицинский журнал. Микробиология. Спецвыпуск. — 2006. — С. 45–48.
6. Применение теста Фемофлор для оценки микробиоценоза влагалища / Е. В. Шипицына, З. М. Мартикайнен, Н. Е. Воробьева [и др.] // Журнал акушерства и женских болезней. — 2009. — № 3. — С. 38–44.
7. Болдырева М. Н. Фемофлор: исследование биоценоза урогенитального тракта у женщин методом ПЛР с детекцией результатов в режиме реального времени: метод. пособие для лаборантов / М. Н. Болдырева, А. Е. Донников, Л. В. Тумбинская. — М.: ФГБУ ГНЦ Институт иммунологии ФМБА России, 2010. — 42 с.
8. Характеристика биоты урогенитального тракта у женщин репродуктивного возраста методом ПЛР в



режиме реального времени / М. Н. Болдырева, Е. В. Липова, Л. П. Алексеев [и др.] // Журнал акушерства и женских болезней. – 2009. – Т. LVIII, вып. 6. – С. 36–42.

9. Bengmark S. Gut microbiota, immune development and function / S. Bengmark // *Pharmacol. Res.* – 2013. – Vol. 69 (1). – P. 87–113.

10. Ravel J. Daily temporal dynamics of vaginal microbiota before, during and after episodes of bacterial vaginosis / J. Ravel, R. M. Brotman, P. Gajer // *Microbiome.* – 2013. – Vol. 2 (1). – P. 1–29.

11. Koumans E. N. Preventing adverse sequelae of bacterial vaginosis public health program and research agenda / E. N. Koumans, J. S. Kendrick // *Sex Transm. Dis.* – 2001. – Vol. 28. – P. 292–297.

12. Nonspecific vaginitis. Diagnostic criteria and microbial and epidemiologic associations / R. Amsel, P. A. Totten, C. A. Spiegel [et al.] // *Am. J. Med.* – 1983. – Vol. 74, N 1. – P. 14–22.

13. Nugent R. P. Reliability of diagnosing bacterial vaginosis in improved by a standardized method of gram stain interpretation / R. P. Nugent, M. A. Krohn, S. L. Hiller // *J. Clin. Microbiol.* – 1991. – Vol. 29, N 2. – С. 297–301.

14. Spiegel C. A. Bacterial vaginosis / C. A. Spiegel // *Rev. Med. Micro.* – 2002. – N 13. – P. 43–51.

15. Spiegel C. A. Diagnosis of bacterial vaginosis by direct gram stain of

vaginal fluid / C. A. Spiegel, R. Amsel, K. K. Holmes // *J. Clin. Microbiol.* – 1983. – Vol. 18, N 1. – P. 170–177.

REFERENCES

1. Voroshilina E.S., Tumbinskaya A.V., Donnikov A.E. et al. Biocenosis of vagina from the point of view of quantitative polymerase chain reaction: what is norma? *Akusherstvo i ginekologiya* 2011; 1: 57-65.

2. Kira E.F. Bacterial vaginosis. St. Petersburg., 2001, 364 p.

3. Mavzyutov A.R., Bondarenko K.R., Bondarenko V.M. Bacterial vaginosis: etiopathogenetic aspects. *JMEI* 2007; 6 (33): 93-100.

4. Kafarskaya L.I., Korshunova O.V., Efimov B.A. et al. Microbial ecology of vagina. *Microbiologia* 2002; 6: 91-99.

5. Naumkina E.V., Rudakov N.V., Shumilovich M.B. Epidemiological and microbiological aspects of vaginal dysbioses studying. *Ural'skiy meditsinskiy zhurnal. Microbiologia. Special issue* 2006: 45-48.

6. Shipitsina E.V., Martikaynen Z.M., Vorobyova N.E. et al. Application of Femoflor test for vaginal microbiocenosis estimation. *Zhurnal akusherstva i zhenskikh boleznei* 2009; 3: 38-44.

7. Boldyreva M.N., Donnikov A.E., Tumbinskaya L.V. Femoflor: examination of female urogenital biocenosis with Real-time PCR: methodical manual for laboratory assistants compilers. *Institute of immunology FMBA of Russia. M.*, 2010. 42 p.

8. Boldyreva M.N., Lipova E.V., Alekseev L.P. et al. Characteristics of female urogenital biota with Real-time PCR. *Zhurnal akusherstva i zhenskikh boleznei* 2009. V.LVIII, 6: 36-42.

9. Bengmark S. Gut microbiota, immune development and function. *Pharmacol. Res* 2013; 69 (1): 87-113.

10. Ravel J., Brotman R.M., Gajer P. Daily temporal dynamics of vaginal microbiota before, during and after episodes of bacterial vaginosis. *Microbiome* 2013; 2 (1): 1-29.

11. Koumans E.N., Kendrick J.S. Preventing adverse sequelae of bacterial vaginosis public health program and research agenda. *Sex Transm. Dis.* 2001; 28: 292-297.

12. Amsel R., Totten P.A., Spiegel C.A. et al. Nonspecific vaginitis. Diagnostic criteria and microbial and epidemiologic associations. *Am. J. Med.* 1983; 74 (1): 14-22.

13. Nugent R.P., Krohn M.A., Hiller S.L. Reliability of diagnosing bacterial vaginosis in improved by a standardized method of gram stain interpretation. *J. Clin. Microbiol.* 1991; 29 (2): 297-301.

14. Spiegel C.A. Bacterial vaginosis. *Rev. Med. Micro* 2002; 13: 43-51.

15. Spiegel C.A., Amsel R., Holmes K.K. Diagnosis of bacterial vaginosis by direct gram stain of vaginal fluid. *J. Clin. Microbiol.* 1983; 18 (1): 170-177.

Надійшла 24.11.2014

УДК 616.12-008.46-036.12-005.8-004-092:612.397:616.379-008.64-056.52

П. П. Кравчун

РОЛЬ ПОРУШЕНЬ ЛІПІДНОГО ОБМІНУ У ПАТОГЕНЕЗІ ХРОНІЧНОЇ СЕРЦЕВОЇ НЕДОСТАТНОСТІ У ХВОРИХ ІЗ ПОСТІНФАРКТНИМ КАРДІОСКЛЕРОЗОМ, ЦУКРОВИМ ДІАБЕТОМ 2 ТИПУ Й ОЖИРІННЯМ

Харківський національний медичний університет, Харків, Україна

УДК 616.12-008.46-036.12-005.8-004-092:612.397:616.379-008.64-056.52

П. П. Кравчун

РОЛЬ НАРУШЕНИЙ ЛИПИДНОГО ОБМЕНА В ПАТОГЕНЕЗЕ ХРОНИЧЕСКОЙ СЕРДЕЧНОЙ НЕДОСТАТОЧНОСТИ У БОЛЬНЫХ С ПОСТИНФАРКТНЫМ КАРДИОСКЛЕРОЗОМ, САХАРНЫМ ДИАБЕТОМ 2 ТИПА И ОЖИРЕНИЕМ

Харьковский национальный медицинский университет, Харьков, Украина

Определяли патогенетическое значение нарушений липидного обмена в прогрессировании хронической сердечной недостаточности у больных с постинфарктным кардиосклерозом, сахарным диабетом 2 типа и ожирением. Установлено, что нарушение липидного обмена у больных с постинфарктным кардиосклерозом, сахарным диабетом 2 типа и ожирением происходит на фоне нарастания функционального класса хронической сердечной недостаточности вследствие

