

4. Rishardson S., Grimwood K., Gorrell R., Palombo E., Barnes G., Bishop R. Extended excretion of rotavirus after severe diarrhoea in young children. *Lancet*. 1998; 351(9119): 1844–8.
5. Musher D.M., Musher B.L. Contagious acute gastrointestinal infections. *N. Engl. J. Med.* 2004; 351(23): 2417–27.
6. Akihara S., Phan T.G., Nguyen T.A., Hansman G., Okitsu S., Ushijima H. Existence of multiple outbreaks of viral gastroenteritis among infants in a day care center in Japan. *Arch. Virol.* 2005; 150(10): 2061–75.
7. Podkolzin A.T., Veselova O.A., Jakovenko M.L., Konovalova T.A., Petukhov D.N., Jacyshina S.B., Vorob'eva N.S., Shipulin G.A. The analysis of structure of lethal outcomes in young children suffering from acute diarrheal infections. *Infectious diseases*. 2013; 11(2): 38–44. (in Russian)
8. Litvinchuk O.A., Konovalova T.A., Podkolzin A.T., Gorelov A.V., Shipulin G.A. Nosocomial infection in intestinal infectious departments of children's hospitals. In: *Molecular Diagnostics. V.I. Pokrovsky, ed.*, 2010. (in Russian)

Received 01.12.14

© КОЛЛЕКТИВ АВТОРОВ, 2015

УДК 612.3.086

Самоукина А. М.<sup>1</sup>, Михайлова Е. С.<sup>1</sup>, Червинец В. М.<sup>1</sup>, Миронов А. Ю.<sup>2</sup>, Алексеева Ю. А.<sup>1</sup>

## МИКРОЭКОЛОГИЯ ПИЩЕВАРИТЕЛЬНОГО ТРАКТА КАК ПОКАЗАТЕЛЬ СОСТОЯНИЯ ЗДОРОВЬЯ ЧЕЛОВЕКА

<sup>1</sup>ГБОУ ВПО «Тверская ГМА» Минздрава России, 170100, г. Тверь; <sup>2</sup>ФБУН «Московский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии» им. Г. Н. Габричевского Роспотребнадзора, 125212, г. Москва

*Изучены качественные и количественные параметры ротовой жидкости и кала у 74 практически здоровых людей различных возрастных групп. В большинстве случаев выявлены изменения микроэкологии, характеризующиеся уменьшением количества индигенной микрофлоры и увеличением численности условно-патогенных микроорганизмов родов Staphylococcus, Bacillus, Candida, степень выраженности этих изменений достоверно увеличивается с возрастом. Установлено, что микробиота начальный и конечный биотопы пищеварительного тракта тесно взаимосвязаны между собой и имеют ряд общих особенностей, зависящих от возраста, гормонального и иммунного статуса и отражают состояние микробиоценоза пищеварительного тракта в целом. Характер и степень выраженности изменений микробиоценоза могут быть эффективным диагностическим критерием для комплексной оценки состояния здоровья человека с последующим формированием групп риска, нуждающихся в определенном объеме коррекционных мероприятий.*

Ключевые слова: микробиоценоз; полость рта; кишечник; пищеварительный тракт; здоровые люди.

Для цитирования: Клиническая лабораторная диагностика. 2015; 60(6): 57–60.

Samoukina A.M.1, Mikhailova E.S.1, Chervinets V.M.1, Mironov A.Yu.2, Alekseeva Yu.A.1

THE MICRO-ECOLOGY OF DIGESTIVE TRACT AS AN INDICATOR OF HUMAN HEALTH CONDITIONS

<sup>1</sup>The Tverskaia state medical academy of Minzdrav of Russia, 170100 Tver, Russia; <sup>2</sup>The G.N. Gabritchevskii Moscow research institute of epidemiology and microbiology of Rosпотребнадзор, 125212 Moscow, Russia

*The study was carried out to analyze qualitative and quantitative parameters of oral fluid and feces in 74 healthy individuals of different age groups. In most of the cases, alterations of micro-ecology are established characterizing by decreasing of amount of indigenous micro-flora and increasing of number of opportunistic pathogenic microorganisms of genera of Staphylococcus, Bacillus, Candida. The degree of evidence of these alterations reliably increases with age. It is established that microbiota, initial and terminal biotopes of digestive tract are closely interrelated and have number of common characteristics depending on age, hormonal and immune status and reflect conditions of micro-biocenosis of digestive tract in general. The character and degree of evidence of alterations of micro-biocenosis can be an effective diagnostic criterion for complex evaluation of human health conditions with following formation of risk groups in need of particular volume of correction activities.*

Key words: micro-biocenosis; oral cavity; intestine; digestive tract; health individuals

Citation: Klinicheskaja Laboratornaia Diagnostika. 2015; 60 (6): 57–60.

**Введение.** Дисбиотические изменения в желудочно-кишечном тракте (ЖКТ) связаны с различными заболеваниями органов и систем и сами могут приводить к возникновению патологических изменений во всех отделах пищеварительного тракта от ротовой полости до кишечника. Микробное сообщество различных биотопов пищеварительного тракта характеризуется сложной системой взаимосвязей и быстро реагирует на воздействие внешних и внутренних факторов видовыми и количественными изменениями даже при отсутствии клинических симптомов и жалоб [1–7].

Формирование здорового поколения является приоритетной задачей современного здравоохранения. Концепция развития здравоохранения РФ до 2020 г. рассматривает обязательства по охране здоровья подрастающего поколения как

инвестиции в главный ресурс общественного развития. Составление микрофлоры пищеварительного тракта может быть одним из интегральных критериев оценки состояния здоровья человека, а изменения численности микроорганизмов или их индикаторных свойств могут рассматриваться как показатели индивидуального адаптогенеза [8–12].

Выявление наиболее часто встречающихся изменений микроэкологии в различных биотопах пищеварительного тракта, их взаимосвязь и выбор более доступного для исследования биоматериала у здоровых людей имеют важное практическое значение при проведении диспансеризации [9, 10, 13, 14].

Для детального изучения микрофлоры ЖКТ проводятся сложные микробиологические исследования, которые занимают достаточно продолжительное время, являются трудоемкими, экономически затратными. Наиболее распространенным методом оценки микробиоты пищеварительного тракта является бактериологическое исследование кала, тогда как микроэкология полости рта, являющаяся начальным отделом пищеварительного тракта и доступная для забора биоматериала

Для корреспонденции: Самоукина Анна Михайловна, anna\_samoukina@mail.ru

For correspondence: Samoukina A.M., anna\_samoukina@mail.ru

териала, практически не исследуется в практическом здравоохранении [3, 5, 11, 15]. Вышеизложенное делает актуальным поиск более простых, эффективных, экономически выгодных методик исследования микрофлоры пищеварительного тракта как показателя состояния здоровья человека.

Цель исследования – определить видовой и количественный состав микрофлоры ротовой жидкости и кала у здоровых людей в возрастном аспекте для оценки состояния микробиоценоза пищеварительного тракта как показателя здоровья человека.

Настоящее исследование проводится в рамках НИР «Проблемы формирования здоровья детей подросткового возраста в современных социально-средовых условиях» на базе научной платформы «Педиатрия», реализуемой в порядке выполнения приказа МЗ РФ от 30.04.2013 г. № 281.

**Материалы и методы.** Видовые и количественные параметры микробиоценозов ротовой жидкости и фекалий исследованы у 74 лиц мужского и женского пола различного возраста. В 1-ю группу вошел 31 человек в возрасте 12–16 лет (16 девочек, 15 мальчиков), 2-ю группу составили 43 студента I курса Тверской ГМА 17–18 лет (37 девушек, 6 юношей). Все обследованные добровольцы были клинически здоровы и относились к I–II группе здоровья.

У всех лиц получено информированное согласие на сбор материала. Анкета содержала сведения об отсутствии хронических заболеваний пищеварительного тракта и других систем организма, данные семейного анамнеза, особенности питания и др. В обследовании принимали участие клиницисты различных специальностей (педиатр, терапевт, стоматолог, оториноларинголог, хирург, эндокринолог); проведен ряд функциональных исследований (антропометрия, физиометрия, соматоскопия, кардио-респираторные нагрузочные пробы, спирография, УЗИ щитовидной железы и органов брюшной полости, 12-канальная ЭКГ, энцефалография).

Для изучения микробиоценоза ротовой полости использована ротовая жидкость, являющаяся интегральной средой данного биотопа и позволяющая дать комплексную оценку состояния микрофлоры данного биотопа [2, 5]. Ротовая жидкость собиралась в стерильные одноразовые пластиковые контейнеры утром, натощак, перед проведением гигиенического ухода за полостью рта. Бактериологическое исследование кала проводилось в соответствии с отраслевым стандартом [15].

Видовой и количественный состав микрофлоры изучали с помощью классических бактериологических методик. Для культивирования использованы питательные среды Columbia Agar с кровью, Sabouraud Dextrose Agar, Shaedler Agar с кровью (BBL®), маннит-солевой агар с добавлением эмульсии куриного желтка, стрептококковый агар, хромогенный агар для грибов рода *Candida* (Himedia), среда Эндо-ГРМ (г. Оболенск). Посевы инкубировали при температуре 37°C в течение 24–48 ч в аэробных, микроаэрофильных и анаэробных условиях с использованием микроанаэроостатов (BBL®) и газогенераторных пакетов Gas Pack Plus (BBL®). Количество бактерий определяли путем подсчета колониеобразующих единиц на 1 г фекалий или 1 мл ротовой жидкости (lg КОЕ/г, lg КОЕ/мл).

Для проведения молекулярно-генетического исследования ротовой жидкости ДНК вирусов выделяли с помощью комплекта реагентов РИБО-преп с внесением ВКО. Для амплификации нуклеиновых кислот использовали комплекты реагентов «АмплиСенс® EBV/CMV/HHV6-скрин-FL» (амплификация ДНК вируса Эпштейна–Барр, цитомегаловируса, вируса герпеса человека типа 6), «АмплиСенс® HSV-typing-FL» (амплификация вирусов простого герпеса типов 1 и 2) с гибридационно-флуоресцентной детекцией в режиме реального времени (ФГУН Центральный НИИ эпидемиологии Роспотребнадзора) и амплификатор Applied BioSystem.

Для статистической обработки использован стандартный пакет программ Excel и определены средние значения, стандартное отклонение, стандартная ошибка.

**Результаты и обсуждение.** В исследуемых биотопах пищеварительного тракта определялись микроорганизмы родов *Streptococcus*, *Enterococcus*, *Staphylococcus*, *Lactobacillus*,

*Candida*, *Micrococcus*, *Neisseria*, *Bifidobacterium*, *Peptostreptococcus*, *Petococcus*, *Bacillus*, *Actinomyces*, *Clostridium*, *Veillonella*, *Bacteroides*, *Leptotrichia*, представители семейства Enterobacteriaceae и др. Для оценки соотношения микрофлоры полости рта и кишечника выбраны доминирующие представители облигатной и факультативной микрофлоры, которые встречаются в обоих исследованных биотопах и могут интегрально отражать состояние микроэкологии пищеварительного тракта: лактобациллы, бифидобактерии, стрептококки, стафилококки, кандиды, бациллы.

При исследовании микробиоценоза ротовой полости существенного различия качественных параметров в 1-й и 2-й возрастных группах не выявлено, что соответствует данным литературы [2, 4]. Частота встречаемости и количество выделенных микроорганизмов в возрастном аспекте имели ряд особенностей (табл. 1).

Микроорганизмы рода *Streptococcus*, не обладающие гемолитической активностью, встречались в 100% случаев, *Staphylococcus spp.* во 2-й группе выделялись достоверно чаще и в достоверно большем количестве. При этом если частота выделения *S.aureus* достаточно высока и практически не имела различий в возрастном аспекте, а количественно выявлялась тенденция к увеличению, то *S.epidermidis* и другие коагулазоотрицательные стафилококки достоверно чаще и в большем количестве определялись во 2-й группе. Качественные и количественные параметры грибов рода *Candida* достоверно выше во 2-й группе. В обеих группах более чем в половине положительных образцов идентифицирована *C.albicans*.

Представители облигатной микрофлоры бактерии рода *Lactobacillus* и факультативной микрофлоры рода *Bacillus* также достоверно чаще и в большем количестве выделены в старшей возрастной группе. Достоверных различий по частоте встречаемости и количеству бифидобактерий в возрастном аспекте не выявлено. Низкий процент выделения бифидобактерий из ротовой жидкости в обеих группах соответствует данным литературы, согласно которым эти микроорганизмы преобладают в зубодесневом желобке [2, 5]. Учитывая имеющиеся в литературе сведения и результаты исследования, увеличение частоты встречаемости и количества представителей условно-патогенной микрофлоры (УПМ) родов *Staphylococcus*, *Candida*, *Bacillus* во 2-й группе можно объяснить действием целого ряда экзогенных и эндогенных факторов: особенностями питания, учебной нагрузкой, психоэмоциональным воздействием, малоподвижным образом жизни, нарушением местного иммунологического баланса и др.

На основании выявленных различий и имеющихся в литературе данных о типах дисбиоза полости рта [2, 5] выделены три варианта микробиоценоза ротовой полости у здоровых людей (табл. 2).

Для первого варианта характерно присутствие *Streptococcus spp.*, не обладающих гемолитической активностью, в ко-

Таблица 1

#### Микробиоценоз полости рта у здоровых людей разных возрастных групп

Микроорганизмы	Частота выделения, %		Количество, lg КОЕ/мл	
	1-я группа	2-я группа	1-я группа	2-я группа
<i>Streptococcus spp.</i>	100	100	7,37 ± 0,63	7,8 ± 0,91
<i>Staphylococcus spp.</i>	64,5	95,3*	3,12 ± 1,07	5,29 ± 1,9*
<i>S.aureus</i>	61,3	62,8	2,59 ± 0,71	3,57 ± 0,99
<i>S.epidermidis</i> и др.	66,7	86*	2,19 ± 0,54	3,35 ± 0,84*
<i>Candida</i>	32,3	67,4*	1,79 ± 0,64	3,64 ± 1,06*
<i>Lactobacillus</i>	29,03	55,8*	1,95 ± 0,7	3,79 ± 0,72*
<i>Bacillus</i>	25,8	79,1*	2,14 ± 0,37	3,98 ± 0,78*
<i>Bifidobacterium spp.</i>	13,6	16,3	3,4 ± 0,97	2,6 ± 0,62

Примечание. \* – достоверность различий между показателями в 1-й и 2-й группах ( $p \leq 0,05$ ).

Таблица 2

## Варианты микробиоценоза полости рта у здоровых людей

Микроорганизмы	Варианты		
	первый	второй	третий
<i>Streptococcus</i> spp., lg КОЕ/мл	5–6	6–7	6–7
<i>Lactobacillus</i> spp., lg КОЕ/мл	3–4	2–3	0–2
УПМ ( <i>Staphylococcus</i> spp., <i>Candida</i> spp., <i>Bacillus</i> spp.), lg КОЕ/мл	0	3–4	4–5

Таблица 3

## Микробиоценоз кишечника у здоровых людей разных возрастных групп

Микроорганизмы	Частота выделения, %		Количество, lg КОЕ/мл	
	1-я группа	2-я группа	1-я группа	2-я группа
<i>Enterococcus</i> spp.	68,3	52,3	7,47 ± 0,63	6,82 ± 0,91
<i>Lactobacillus</i>	64,1*	49,2	6,25 ± 0,37	5,79 ± 0,72
<i>Bifidobacterium</i> spp.	53,5*	31,3	7,72 ± 0,45	5,94 ± 0,41*
<i>S.aureus</i>	27,7	57,1*	3,8 ± 0,40	4,7 ± 0,82*
<i>Candida</i>	22,3	47,6*	3,7 ± 0,66	4,4 ± 0,92*
<i>Bacillus</i>	47,8	68,3*	3,14 ± 0,46	4,98 ± 0,78*

Примечание. \* – достоверность различий между показателями в 1-й и 2-й группах ( $p \leq 0,05$ ).

личестве 5–6 lg КОЕ/мл и *Lactobacillus* spp. 3–4 lg КОЕ/мл. Второй вариант характеризуется увеличением количества негемолитических *Streptococcus* spp. до 6–7 lg, снижением количества *Lactobacillus* spp. до 2–3 lg КОЕ/мл и появлением УПМ (*Staphylococcus* spp., *Candida* spp., *Bacillus* spp.) в количестве не выше 3–4 lg КОЕ/мл. У лиц с третьим вариантом микробиоценоза полости рта наблюдалось повышение количества негемолитических *Streptococcus* spp. до 6–7 lg КОЕ/мл, снижение количества *Lactobacillus* spp. до 1–2 lg КОЕ/мл или их полное отсутствие, повышение уровня УПМ, обладающей ферментативной активностью, коррелирующей с патогенностью до 4–5 lg КОЕ/мл.

При сравнении частоты встречаемости каждого варианта в возрастном аспекте установлено, что в 1-й группе они выявлены соответственно в 25,8, 38,7 и 35,5% случаев, а во 2-й группе – в 13,9, 25,6 и 60,5% случаев. Это свидетельствует о том, что с возрастом увеличивается число лиц с третьим вариантом преимущественно за счет уменьшения числа лиц с первым вариантом микробиоценоза, т.е. наблюдается тенденция к нарастанию выраженности микробиологических изменений ротовой полости.

При проведении молекулярно-генетического исследования ротовой жидкости у здоровых людей 1-й и 2-й групп выявлена ДНК вируса Эпштейна–Барр в 38,1 и 58,3% случаев, вируса герпеса типа 6 – в 32,3 и 74,4% соответственно, однако количество ДНК было менее 400 копий/мл. ДНК вирусов Эпштейна–Барр и герпеса типа 6 преимущественно выявлены у людей со вторым и третьим вариантом нормобиоценоза. ДНК вирусов простого герпеса типа 1 выделена в 2 (4,7%) случаях во 2-й группе обследованных. ДНК вируса герпеса типа 2 и цитомегаловируса не выявлена ни в одной из групп.

При изучении микробиоценоза кишечника в возрастном аспекте установлено (табл. 3), что в обеих группах параметры микробиоценоза по спектру и количеству соответствовали возрастной норме [3, 5, 15].

В 1-й и 2-й группах наиболее часто встречались представители родов *Enterococcus* spp., *Lactobacillus* spp., *Bifidobacterium* spp. достоверно чаще выделялись у обследованных 1-й группы. У 100% лиц 2-й возрастной группы количество лактобацилл и бифидобактерий ниже общепринятой возрастной нормы в среднем на  $2,7 \pm 0,82$  lg КОЕ/г, а частота встречаемо-

Таблица 4

## Варианты микробиоценоза кишечника

Микроорганизмы	Вариант		
	первый	второй	третий
Эшерихии с нормальной ферментативной активностью, lg КОЕ/г	$\geq 8$	$\leq 8$	$\leq 7$
Лактозонегативные и гемолитические эшерихии, lg КОЕ/г	0	0	$\geq 3$
Лактобациллы, lg КОЕ/г	$\geq 7$	$\leq 6$	$\leq 6$
Бифидобактерии, lg КОЕ/г	$\geq 8$	$\leq 8$	$\leq 7$
УПМ ( <i>Staphylococcus</i> spp., <i>Candida</i> spp., <i>Bacillus</i> spp.), lg КОЕ/г	0	2–3	3–4

сти и количество *S.aureus*, грибов рода *Candida* и *Bacillus* spp. с возрастом достоверно увеличивалась.

При анализе видовых и количественных параметров микробиоценоза кишечника у здоровых лиц, как и в полости рта, выделено три варианта (табл. 4).

У лиц с первым вариантом микробиоценоза показатели полностью соответствовали возрастной норме микробиоценоза кишечника. Для второго варианта характерно снижение уровня индигенной микрофлоры (эшерихий, лактобацилл, бифидобактерий) на 1–2 порядка и наличие УПМ в количестве 2–3 lg КОЕ/г, а для третьего варианта – увеличение количества УПМ, обладающей факторами, коррелирующими с патогенностью, не превышающее возрастной нормы, на фоне снижения уровня индигенной микрофлоры.

При сравнении частоты встречаемости каждого варианта в возрастном аспекте установлено, что в 1-й группе первый, второй и третий варианты встречались соответственно в 22,6, 54,8 и 25,8% случаев, а во 2-й группе – в 9,3, 34,9 и 55,8% случаев. В кишечнике, как и в ротовой полости, у здоровых лиц более старшего возраста наблюдается нарастание микробиологических изменений с преобладанием лиц с третьим вариантом микробиоты.

**Заключение.** Сопоставляя полученные данные, можно констатировать, что микрофлора полости рта и кишечника здоровых людей имеет ряд общих взаимосвязанных характеристик, определяющих состояние микробиоты всего пищеварительного тракта и здоровья человека. Анализ видовых и количественных параметров микробиоценоза в изучаемых отделах позволил выявить три варианта микробиоты пищеварительного тракта, которые характеризуются различным сочетанием доминирующей облигатной и факультативной микрофлоры, что обусловлено возрастными и индивидуальными особенностями организма человека.

Частота выявления ДНК вирусов Эпштейна–Барр и герпеса типа 6 в ротовой жидкости достоверно выше у лиц 2-й группы и преобладала у лиц со вторым и третьим вариантом микробиоты.

Изменения видовых и количественных параметров нормобиоценоза, а также выявление определенных микробных «маркеров» могут рассматриваться как показатели индивидуального адаптогенеза, использоваться для прогностической оценки снижения уровня здоровья, выделения групп риска с последующей превентивной коррекцией путем назначения рационального питания, физических нагрузок, пребиотиков и пробиотиков в зависимости от степени риска.

## ЛИТЕРАТУРА

- Бондаренко В.М., Парфенов А.И. Что нам дал вековой опыт познания симбиотной кишечной микрофлоры? *Терапевтический архив*; 2012; Т. 84 (2): 5–10.
- Гаврилова О.А., Червинец Ю.В., Бондаренко В.М., Червинец В.М., Самоукина А.М., Лебедев Д.В. Микробный пейзаж полости рта у здоровых подростков и больных хроническим гастродуоденитом. *Журнал микробиологии*. 2008; 6: 59–63.
- Червинец В.М., Червинец Ю.В., Михайлова Е.С., Самоукина А.М., Беляева Е.А., Миронов А.Ю. Микробиоценоз кишечника и иммун-

- ный статус у детей младшего школьного возраста. *Клиническая лабораторная диагностика*. 2013; 2: 49–51.
4. Чернин В.В., Парфенов А.И., Бондаренко В.М., Рыбальченко О.В., Червинец В.М. *Симбиотное пищеварение человека. Физиология. Клиника, диагностика и лечение его нарушений*. Тверь: «Триада»; 2013.
  5. Чернин В.В., Бондаренко В.М., Червинец В.М., Базлов С.Н. *Дисбактериоз мукозной микрофлоры эзофагогастроуденальной зоны, его диагностика и лечение*. Москва: МИА; 2011.
  6. Buccigrossi V., Nicastro E., Guarino A. Functions of intestinal microflora in children. *Curr. Opin. Gastroenterol.* 2013; 29(1): 31–8.
  7. Kelly Morris. Make way for the microbiota. *Lancet Infectious Diseases*. 2012, 12 (10): 749–50.
  8. Чичерин Л.П., Согияйнен А.А. Состояние здоровья подростков как индикатор эффективности системы медицинского обеспечения призыва на военную службу. *Российский педиатрический журнал*. 2013; 4: 58–60.
  9. Покровский В.И., Акимкин В.Г., Брико Н.И., Брусина Е.Б., Зуева Л.П., Ковалишена О.В. и др. *Национальная концепция профилактики инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи, и информационный материал по ее положениям*. Н. Новгород: «Ремедиум Приволжье», 2012.
  10. Abraham J.E., Maranian M.J., Spiteri I., Russell R., Ingle S., Luccarini C. et al. Saliva samples are a viable alternative to blood samples as a source of DNA for high throughput genotyping. *BMC Med. Genomics*. 2012; 5(2): 19.
  11. Жмакин И.А., Кушнир С.М. Охрана здоровья детей Тверской области в условиях реализации научной платформы медицинской науки «Педиатрия». *Верхневолжский медицинский журнал*. 2013; Т. 11(4): 12–5.
  12. Соболева Ю.В., Усвятцов Б.Я., Хлопко Ю.А., Бухарин О.В. Динамика микросимбиозов верхних дыхательных путей в норме и при патологии. *Журнал микробиологии*. 2012; 3: 55–61.
  13. Chiappin S., Antonelli G., Gatti R., De Palo E.F. Saliva specimen: a new laboratory tool for diagnostic and basic investigation. *Clin. Chim. Acta*. 2007; 383(1–2): 30–40.
  14. Koni A.C., Scott R.A., Wang G., Bailey M.E., Peplies J., Bammann K. et al. DNA yield and quality of saliva samples and suitability for large-scale epidemiological studies in children. *Int. J. Obes. (Lond.)*. 2011; 35 (1): 113–8.
  15. Отраслевой Стандарт «Протокол ведения больных. Дисбактериоз кишечника». (ОСТ 91500.11.0004–2003, утверждён Приказом МЗ РФ № 231 от 09.06.2003).

Поступила 15.12.14

## REFERENCES

1. Bondarenko V.M., Parfenov A.I. That gave us a century of experience knowledge symbiotic intestinal microflora. *Terapevticheskiy arkhiv*. 2012; Т. 84 (2): 5–10. (in Russian)

Received 15.12.14

© КОЛЛЕКТИВ АВТОРОВ, 2015

УДК 616.313.1-022-02:616.314-08]-078

Гаврилова О.А., Червинец В.М., Червинец Ю.В., Матлаева А.С., Трошин А.В., Миронов А.Ю.

## ВЛИЯНИЕ ДЛИТЕЛЬНОСТИ ОРТОДОНТИЧЕСКОГО ЛЕЧЕНИЯ НА МИКРОБИОЦЕНОЗ СЛИЗИСТОЙ ОБОЛОЧКИ СПИНКИ ЯЗЫКА

ГБОУ ВПО «Тверская ГМА» Минздрава России, 170100, г. Тверь, ул. Советская, д. 4

В статье представлен анализ результатов изучения спектра, частоты встречаемости и количества микроорганизмов на слизистой оболочке спинки языка перед началом ортодонтического лечения зубочелюстных аномалий и деформаций и на различных этапах фиксации. Установлено, что у всех пациентов доминантными микроорганизмами исследуемого биотопа были бактерии рода *Streptococcus* и *Peptostreptococcus*, выделяющиеся в количестве 5–6 lg КОЕ/см<sup>2</sup>. Видовые и количественные характеристики условно-патогенных микроорганизмов варьировали во время всего года наблюдений, но их распространенность и количество либо возвращались к первоначальному показателю, либо не превышали допустимых значений. Полученные результаты свидетельствуют о необходимости разработки стандартов ведения ортодонтических пациентов на протяжении всего периода лечения для проведения корректирующих мероприятий, предотвращающих развитие осложнений.

Ключевые слова: микробиоценоз; спинка языка; ортодонтическое лечение; дети и подростки.

Для цитирования: *Клиническая лабораторная диагностика*. 2015; 60(6): 60–63.

Для корреспонденции: Гаврилова Ольга Анатольевна, kafdetstom@mail.ru

For correspondence: Gavrilova O.A., kafdetstom@mail.ru