

Кравчук Э. С., Червинец Ю. В.
**МИКРОБИОЦЕНОЗ РТА ЗДОРОВЫХ ЮНОШЕЙ И С ЗАБОЛЕВАНИЯМИ
ДЫХАТЕЛЬНОЙ СИСТЕМЫ**

Научный руководитель д-р мед. наук, проф. Червинец В. М.
Кафедра микробиологии и вирусологии с курсом иммунологии
ФГБОУ ВО Тверской государственной медицинской университет Минздрава России,
г. Тверь

Актуальность. На состав микробиоты ротовой полости и верхних дыхательных путей воздействуют самые разнообразные факторы. Однако наибольшее влияние оказывают заболевания дыхательной системы, повреждающие эпителиальный слой слизистых оболочек. В настоящее время наибольшую распространенность среди взрослого (более 10%) и детского населения имеет хронический тонзиллит.

Цель: определить количественный и видовой состав микробиоценоза рта у здоровых юношей и с хроническими заболеваниями дыхательной системы.

Материал и методы. При добровольном информированном согласии были исследованы образцы ротовой жидкости у 34 клинически здоровых студентов (18-22 лет) Тверского государственного медицинского университета: 17 здоровых и 17 с хроническими заболеваниями дыхательной системы. Забор биоматериала проводился студентами лично по определенной методике и в течение 2 ч доставлялся в бактериологическую лабораторию на микробиологическое исследование. Для изучения микробиоты рта использовались классические бактериологические методы.

Результаты и их обсуждение. При бактериологическом анализе ротовой жидкости двух исследуемых групп было отмечено, что качественный состав не имел существенных различий и был представлен облигатными и условно-патогенными микроорганизмами следующих родов: *Streptococcus*, *Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Peptococcus*, *Peptostreptococcus*, *Staphylococcus*, *Enterococcus*, *Bacillus*, *Clostridium*, *Klebsiella* и *Candida*.

У здоровых юношей при исследовании слюны чаще высевались следующие бактерии: *Streptococcus* (82%), *Peptostreptococcus* (77%), *Lactobacillus*, *Bifidobacterium* и *Staphylococcus* (по 47%). В меньшем проценте случаев изолировались *Peptococcus* и *S. aureus* (24%), *Enterococcus* (18%), *Bacillus* (12%), *Clostridium* (6%). Количество микробиоты варьировало от 4,2±0,2 lgКОЕ/мл у *Bacillus* до 7,6±1,8 lgКОЕ/мл у *Peptostreptococcus*.

При изучении микробиоценоза полости рта у студентов с заболеваниями дыхательной системы с большей частотой высевались следующие микроорганизмы: *Streptococcus* (77%), *Bifidobacterium* и *Peptostreptococcus* (53%), *S. aureus* (47%), *Lactobacillus* (41%), кроме того *Peptococcus* и *Staphylococcus* (по 35%), *Enterococcus* и *Bacillus* (по 24%), *Clostridium* (18%). В слюне стали высеваться *Klebsiella* и *Candida* (по 6%). Количество микроорганизмов изменялось от 4,5±0,9 lgКОЕ/мл у *Lactobacillus* до 7,5±0,1 lgКОЕ/мл у *Streptococcus*.

При сравнении результатов микробиологического исследования ротовой жидкости студентов разных групп оказалось, что у юношей с хроническими заболеваниями дыхательной системы достоверно чаще выделялись следующие бактерии: *S. aureus* - на 13%, *Bacillus* и *Clostridium* - 12%, *Peptococcus* - на 11%, *Enterococcus* и *Bifidobacterium* - на 6%, но снизилась распространенность микроорганизмов: *Peptostreptococcus* - на 24%, *Staphylococcus* - на 12%, *Lactobacillus* - на 6%, *Streptococcus* - на 5%. Количество выделенных микроорганизмов в ротовой жидкости студентов с хроническими заболеваниями дыхательной системы было ниже, чем у здоровых.

Выводы. Анализ качественных и количественных параметров микробиоценоза ротовой полости у здоровых юношей и с хроническими заболеваниями дыхательной системы выявил увеличение условно-патогенных микроорганизмов (*Bacillus*, *Clostridium*, *S. aureus*) в достоверно большем количестве у последних, и одновременно уменьшение облигатных бактерий (*Streptococcus*, *Peptococcus*, *Lactobacillus*).