

Інтестинальна мікробіота у пацієнтів із сальмонельозом

П.В. Петах

Державний вищий навчальний заклад «Ужгородський національний університет», Ужгород, Україна

Анотація. Мета: визначити особливості мікробіоти кишечника (видовий, кількісний склад) при сальмонельозі залежно від віку. **Об'єкт і методи дослідження.** Відібрано 60 пацієнтів із сальмонельозом за період 2018–2020 рр., яким проведено бактеріологічне дослідження випорожнень. Учасників поділено на дві групи: 1-ша — діти віком <1 року, 2-га — діти віком >1 року та дорослі. Бактеріологічне дослідження випорожнень проводили згідно з діючими наказами та методичними рекомендаціями. **Результати.** Мікробіота кишечника пацієнтів 1-ї групи характеризується наявністю *Staphylococcus aureus* (>10⁴ КУО/г) (47%), різноманіттям бактерій родин *Morganellaceae* та *Enterobacteriaceae* (>10⁴ КУО/г) (82%) та асоціацією умовно-патогенних бактерій *Klebsiella spp.* та *Proteus spp.* (5,8%). У 58,8% дітей виявлений кандидоз кишечника. В усіх осіб 1-ї групи кількість лакто- та біфідобактерій була в межах норми. Жодної дитини без змін видового та кількісного складу мікробіоти кишечника не виявлено. У 2-й групі кількість осіб із *Staphylococcus aureus* значно менша (11,6%). У 27% осіб виявлено бактерії родин *Morganellaceae* та *Enterobacteriaceae*. *Candida spp.* відмічено у 16% осіб. Кількість лактобактерій та біфідобактерій в межах норми. 4% осіб не мали жодних змін видового та кількісного складу мікробіоти кишечника. **Висновки.** В обох досліджуваних групах виявлено зміни мікробіоценозу кишечника різної вираженості. Характерною особливістю пацієнтів 1-ї групи є наявність *Staphylococcus aureus* у майже половини дітей та широке різноманіття умовно-патогенних ентеробактерій та бактерій роду *Proteus*, дріжджоподібних грибів роду *Candida*. У 2-й групі дисбіотичні процеси менш виражені порівняно з показниками 1-ї групи: утричі менше умовно-патогенних ентеробактерій та бактерій роду *Proteus*, у 4 рази менше *Staphylococcus aureus* та у 3,7 рази менше *Candida spp.*

Ключові слова: мікробіота кишечника, сальмонельоз, дисбактеріоз, кандидоз.

Вступ

Гострі кишкові інфекції залишаються актуальною патологією, яка потребує постійного удосконалення діагностики, лікування і профілактики. Згідно з даними Всесвітньої організації охорони здоров'я щороку в світі реєструють 68,4–275 млн випадків діарейних захворювань, кількість яких з року в рік збільшується [1].

Доведено вагомий роль нормального мікробіоценозу кишечника у забезпеченні його колонізаційної резистентності, що певною мірою унеможливорює адгезію та колонізацію інших мікроорганізмів, патогенних для людини, у тому числі патогенних ентеробактерій роду *Shigella* та *Salmonella* [2].

Лікування гострих кишкових інфекцій, в тому числі сальмонельозу, нерозривно корелює зі станом мікробіоценозу кишечника, мікрофлора якого є первинною мішенню дії екзогенної флори та факторів її агресії [3].

У більшості хворих із кишковою інфекцією впродовж перших днів детермінуються дисбіотичні розлади кишечника різної інтенсивності, під якими насамперед розуміють клініко-лабораторні розлади зі зміною якісного та/або кількісного складу мікрофлори біотопу, транслокацією різних представників у невластиві їм біотопи, розвитком метаболічних та імунних порушень і можливими клінічними симптомами, а також підсиленням розладів травлення з порушенням водно-електролітного обміну, виникненням ентерального синдрому (діарея, здуття живота, бурчання), нерідко — дисфункцію товстого кишечника, порушення синтезу і засвоєння основних вітамінів, порушення обміну речовин і, як результат, — тяжкий перебіг локалізованого гастроінтестинального сальмонельозу [4].

При несвоєчасному зверненні до лікаря чи самолікуванні сальмонельоз може призвести до порушення нормобіоценозу, зниження резистентності організму до інфекційних агентів, що створює умови для підвищення тяжкості перебігу хвороби, виникнення генералізації та носійства сальмонел, саме тому слід визначити основні особливості інтестинальної мікробіоти [5].

Мета дослідження — визначити особливості мікробіоценозу кишечника у пацієнтів із сальмонельозом у різних вікових групах.

Об'єкт і методи дослідження

Відібрано 60 пацієнтів із сальмонельозом за період 2018–2020 рр., яким проведено бактеріологічне дослідження випорожнень. Учасників поділено за віком на дві групи: 1-ша — діти віком <1 року (n=17), 2-га — діти віком >1 року та дорослі (n=43).

Бактеріологічне дослідження випорожнень проводили згідно з діючими наказами та методичними рекомендаціями. Аналізували мікробіоценоз товстого кишечника за кількістю *Escherichia coli* (*E. coli*) (лактозопозитивної, слабоферментуючої, лактозонегативної), *Staphylococcus spp.*, *Candida spp.*, *Proteus spp.*, кількістю гемолітичних форм, умовно-патогенних бактерій родин *Enterobacteriaceae*, *Bifidobacterium spp.*, *Lactobacillus spp.*

Для обробки результатів дослідження використовували програму «Excel 2019».

Результати та їх обговорення

Мікробіота кишечника пацієнтів 1-ї групи характеризувалася наявністю *Staphylococcus aureus* (*S. aureus*) (>10⁴ КУО/г) (47%), різноманіттям бактерій родин *Morganellaceae*, *Enterobacteriaceae* (>10⁴ КУО/г) (82%), а саме: *Klebsiella pneumoniae* (18,2%), *Enterobacter spp.* (47%), *Proteus spp.* (5,8%), *Citrobacter* (5,8%) та асоціацією умовно-патогенних бактерій *Klebsiella spp.* та *Proteus spp.* (5,8%). У 58,8% дітей виявлений кандидоз кишечника. У 17,7% пацієнтів відмічали гемолітичну *E. coli* (>10⁴ КУО/г). Збільшення кількості слабоферментуючої *E. coli* виявлено у 70,5% пацієнтів. Лактозонегативна *E. coli* зафіксована у кількості, яка перевищує референсну, в 11% осіб. Зауважимо, що в усіх пацієнтів 1-ї групи кількість лакто- та біфідобактерій була в межах норми. Жодної дитини без змін видового та кількісного складу мікробіоти кишечника не виявлено.

У 2-й групі кількість осіб із *S. aureus* значно менша (11,6%). У 23,2% виявлено гемолітичну *E. coli*. У 27% осіб виявлено бактерії родин *Morganellaceae* та *Enterobacteriaceae* (*Klebsiella pneumoniae* — 14%, *Enterobacter spp.* — 2%, *Citrobacter spp.* — 4%, *Proteus spp.* — 7%). *Candida spp.* відмічено у 16% осіб. Встановле-

но підвищення кількості слабоферментуючої *E. coli* (30%), лакто-зонегативної *E. coli* (14%); в усіх осіб лактозопозитивна *E. coli* була в достатній кількості. Кількість лакто- та біфідобактерій — у межах норми. У 4% осіб не відмічено жодних змін видового та кількісного складу мікробіоти кишечника.

Висновки

В обох досліджуваних групах виявлено зміни мікробіоценозу кишечника різної вираженості. Характерною особливістю пацієнтів 1-ї групи є наявність *S. aureus* у майже половини дітей та широке різноманіття умовно-патогенних ентеробактерій та бактерій роду *Proteus*, дріжджоподібних грибів роду *Candida*.

У 2-й групі дисбіотичні процеси менш виражені порівняно з показниками 1-ї групи: наявність утрити менше умовно-патогенних ентеробактерій та бактерій роду *Proteus*, у 4 рази менше *S. aureus* та у 3,7 рази менше *Candida spp.*

Список використаної літератури/References:

1. Porub S.E., Usachova O.V., Paholchuk T.M. (2019) Diarrheal *Escherichia coli*: features of the clinic and treatment in children of Zaporozhye region. *dspace.zsmu.edu.ua/handle/123456789/9819*. (In Ukr.).
2. Kramarev S.A., Vygovskaya O.V. (2008) Probiotics in the clinic of infectious diseases. *Perinatology and pediatrics*, 1: 140–146. (In Rus.).
3. Sidorchuk A.S., Bogachuk N.A., Venglovska Ya.V. et al. (2013) Gastrointestinal salmonellosis: clinical and epidemiological aspects in Bukovina and modern therapeutic approaches using biolact. *Pivdennoukr. Med. Sci. J.*, 2: 70–72. (In Ukr.).
4. Sukhov Yu.A., Gebesh V.V., Golub A.P. (2008) Influence of enterosorption on the level of anti-inflammatory cytokines in intestinal infections and measles. *Modern infections*, 3: 107–111. (In Ukr.).
5. Maly V.P., Paliy G.K., Paliy D.V., Volyansky Yu.V. (2010) Rationale for anti-infective therapy of salmonellosis. *Infectious diseases*, 1: 41–46. (In Ukr.).

Intestinal microbiota in patients with salmonellosis

Відомості про автора:

Петак Павло Владиславович — асистент кафедри біохімії та фармакології Державного вищого навчального закладу «Ужгородський національний університет», Ужгород, Україна.

Адреса для кореспонденції:

Петак Павло Владиславович
88000, Ужгород, вул. Університетська, 14
E-mail: pavlo.petakh@uzhnu.edu.ua

P.V. Petakh

Uzhhorod National University, Uzhhorod, Ukraine

Abstract. Objective: to determine the features of the intestinal microbiota (species, quantitative composition) in salmonellosis, depending on age. **Materials and methods.** 60 patients with salmonellosis (for the period from 2018 to 2020) were selected for bacteriological examination of feces. These patients were divided into two groups: 1st — children <1 year of age, 2nd — children >1 year of age and adults. Bacteriological examination of feces was performed in accordance with acting orders and methodical recommendations. **Results.** The intestinal microbiota of children from 1st group is characterized by the presence of *Staphylococcus aureus* (>10⁴ CFU/g) (47%), a variety of bacteria of the families *Morganellaceae* and *Enterobacteriaceae* (>10⁴ CFU/g) (82%) and the association conditionally-pathogenic bacteria: *Klebsiella spp.* with *Proteus spp.* (5.8%). Intestinal candidiasis was found in 58.8% of children. The number of lacto- and bifidumbacteria in all children from 1st group was within normal limits. No child was found without changes in the species and quantitative composition of intestinal microbiota. In 2nd group, the number of patients with *Staphylococcus aureus* was much lower (11.6%). Bacteria of the families *Morganellaceae* and *Enterobacteriaceae* were found in 27%. *Candida spp.* was found in 16%. The number of lacto- and bifidumbacteria was within normal limits. 4% of patients did not have any changes in the species and quantitative composition of intestinal microbiota. **Conclusions.** It is established that in both studied groups there are changes in the intestinal microbiocenosis of different severity. A characteristic feature of 1st group is the presence of *Staphylococcus aureus* in almost half of children, a wide variety of conditionally-pathogenic enterobacteria and bacteria of the genus *Proteus*, yeast-like fungi of the genus *Candida*. In 2nd group dysbiotic processes are less pronounced, compared to 1st group: the presence of three times less conditionally-pathogenic enterobacteria and bacteria of the genus *Proteus*, 4 times less — *Staphylococcus aureus* and 3.7 times less — *Candida spp.*

Key words: intestinal microbiota, salmonellosis, dysbacteriosis, candidiasis.

Information about the author:

Petakh Pavlo V. — Assistant Professor, Department of Biochemistry and Pharmacology, Uzhhorod National University, Uzhhorod, Ukraine.

Address for correspondence:

Pavlo Petakh
88000, Uzhhorod, Universytets'ka st., 14
E-mail: pavlo.petakh@uzhnu.edu.ua

Надійшла до редакції/Received: 16.05.2021

Прийнято до друку/Accepted: 15.06.2021