

Вивчення показників мікробіому шкіри у пацієнтів із вугровою хворобою

С.В. Вольбин, О.О. Сизон, М.О. Дашко, І.О. Чаплик-Чижо

Львівський національний медичний університет імені Данила Галицького

Вугрова хвороба (акне) — хронічний рецидивний дерматоз, який посідає одне з провідних місць у структурі дерматологічної патології, особливо в осіб молодого працездатного віку, є частою причиною стійких рубцевих змін шкіри, негативно впливає на психоемоційний стан хворих, якість їхнього життя та працездатність. У наукових працях вітчизняних і зарубіжних авторів є вказівки на взаємозв'язок розвитку, клінічного перебігу та ступеня тяжкості акне зі станом мікробіоти шкіри, зміни якої також призводять до зниження місцевої антимікробної резистентності організму.

Мета роботи — вивчити та оцінити ступінь змін мікробіоценозу шкіри у пацієнтів із вугровою хворобою залежно від її клінічного перебігу.

Матеріали та методи. Під нашим спостереженням перебували 85 пацієнтів віком від 18 до 45 років із вугровою хворобою (з них 49 (57,65 %) осіб жіночої та 36 (42,35 %) — чоловічої статі) і 25 практично здорових осіб (донорів) подібного віку, яких включили в контрольну групу. Мікробіоценоз шкіри вивчали за допомогою мікробіологічного дослідження складу мікрофлори шкіри методом змиву.

Результати та обговорення. Згідно з клінічною класифікацією акне (G. Plewing, A.M. Kligman, 1994) у 45 (51,8 %) хворих діагностовано папульозну, у 31 (35,3 %) — комедонну, а в 11 (12,9 %) — вузлувату форму акне.

Після вивчення стану мікробіоценозу шкіри у хворих на акне встановлено, що його якісний склад достовірно відрізнявся від такого в осіб контрольної групи. На підставі кількісних і якісних показників обсіменіння ураженої шкіри в монокультури виділено штами бактерій *Propionbacterium acnes*, *Staphylococcus epidermidis* і *Corynebacterium xerosis*, але найчастіше спостерігали обсіменіння асоціаціями бактерій.

У мікробіоценозі шкіри у 23 (27,05 %) хворих на акне було збільшено обсіменіння асоціаціями *Streptococcus α haemolyticus* + *Staphylococcus haemolyticus* + *Micrococcus*, у 39 (45,88 %) — асоціації *Streptococcus β haemolyticus* + *Staphylococcus aureus* + *E. coli* + *Candida albicans*, особливо за папульозної форми, причому жодну з них не було виявлено в осіб контрольної групи. Порівняно з особами контрольної групи, в яких частіше висівали асоціації з перевагою *Staphylococcus epidermidis* і були відсутні патогенні коки, у хворих на акне в мікробіоценозі певна частка належала монокультурам мікробів *Staphylococcus haemolyticus* і *Staphylococcus aureus*.

В 11 (12,94 %) хворих спостерігали значне збільшення росту *Streptococcus α haemoliticus*, у 12 (14,12 %) — *Staphylococcus haemoliticus*, у 28 (32,94 %) — *Staphylococcus aureus*. У 13 (15,29 %) хворих на акне висівали гриби роду *Candida*, причому всі перераховані вище мікроорганізми були відсутні в осіб контрольної групи.

У пацієнтів з акне із більш важким ступенем тяжкості захворювання порівняно з особами контрольної групи на тлі видового різноманіття у біоценозі вірогідно зросли частота монокультур мікробів та частка *Staphylococcus aureus*. У 31,37 % у хворих обмежилася частка сапрофітів і, зокрема, *Staphylococcus epidermidis* (частка *Staphylococcus epidermidis* в осіб контрольної групи становила 85,71 %).

Порушення мікробіоценозу шкіри виявлено у 20 (66,66 %) хворих з комедогенною формою акне, у 37 (84,09 %) — з папульозною, у всіх хворих — з вузловою.

Отже, у мікробіоценозі ураженої шкіри у пацієнтів з акне встановлено збільшення питомої ваги асоціацій мікробів з перевагою етіологічно значущих видів анаеробних ліпофільних бактерій (*P. acnes*, *Corinebacterium min.*) та золотистого стафілокока на тлі зменшення кількості сапрофітів, зокрема *Staphylococcus epidermidis*.

Висновки. У хворих з акне виявлено зміни показників мікробіоценозу шкіри якісного та кількісного характеру, який перебуває у взаємозалежності з клінічним перебігом та тривалістю дерматозу. Це вказує на доцільність проведення у таких пацієнтів бактеріологічного і культурального досліджень з метою своєчасної інформативної діагностики та призначення комплексної диференційованої патогенетично обґрунтованої терапії.

Наведені дані є результатом виконання науково-дослідної роботи (номер державної реєстрації: 0120U105735).