

ვაგინალური ინფექციების ეტიოლოგიური სტრუქტურა საქართველოში 2014-2016 წ.წ.

თსსუ, საზოგადოებრივი ჯანდაცვის, მენეჯმენტის, პოლიტიკისა და ეკონომიკის დეპარტამენტი ინფექციურ დაავადებებს წამყვანი ადგილი უკავია გინეკოლოგიურ პათოლოგიაში. ამ დაავადებათა ხვედრითი წილი სისტემატურად იზრდება და უშუალოდ აისახება საზოგადოების რეპროდუქციულ პოტენციალზე. ვაგინალური ბიოცენოზი წარმოადგენს დინამიკურ ეკოსისტემას, რომელიც განიცდის ადაპტოგენურ ფიზიოლოგიურ ცვლილებებს. სამოს მიკროეკოლოგიის ნორმის პარამეტრები მეტად ცვალებადი და მობილურია და დამოკიდებულია მრავალ ფაქტორზე: ასაკობრივ, ეთნიკურ და სოციალურ ფაქტორებზე, კვების რაციონზე, ჰიგიენურ კულტურაზე, ქალის ემოციურ-სტრესულ მდგომარეობაზე და ა.შ. [1,2,3].

კვლევის მიზანს შეადგენდა ვაგინალურ მიკრობთა ფართო სპექტრის იდენტიფიკაცია 2014-2016 წლებში საქართველოში.

მასალა და მეთოდები: ჩვენს მიერ, 2014-2016 წლებში, შესწავლილი იქნა 240 ბაქტერიული კულტურა. გამოსაკვლევ მასალას წარმოადგენდა ვაგინალური სეკრეტი, რომლის აღებას ვაწარმოებდით სპეციალური ერთჯერადი სტერილური ტამპონით, სამოს უკანა თაღიდან, გინეკოლოგიური სარკის ჩადგმის შემდეგ. გამოსაკვლევი მასალა ერთდროულად ითესებოდა სისხლიან აგარზე, ენდოს, პლოსკირევის, ლევისის ნიადაგებზე ფინჯნებში, 1%-იან შაქრიან ბულიონში და საბუროს აგარზე სინჯარებში. გამოყოფილი მიკროორგანიზმების შესწავლა ხდებოდა საყოველთაოდ მიღებული მეთოდებით მორფოლოგიური, ტინქტორიალური და ბიოქიმიური თვისებების საფუძველზე [4,5].

შედეგები და მათი განხილვა: 2014-2016 წლებში, ვაგინალური დაავადების მქონე 240 ქალის სამოს ფლორის ბაქტერიოლოგიური კვლევის შედეგებმა გვიჩვენა, რომ ვაგინალური სეკრეტიდან გამოყოფის სიხშირის მიხედვით პირველ ადგილზე იყო და სტაბილურად გამოიყოფოდა *S. aureus* (42,2%). მეორე ადგილი წილად ხვდა *T. vaginalis* (22,5%), საფუარისებური სოკო *C. albicans* კი ვაგინიტების ეტიოლოგიაში მესამე ადგილს იკავებს (13,6%) - ცხრილი 1. ასევე აღინიშნებოდა მისი იზოლირების ყოველწლიური მატების ტენდენცია (საშუალოდ 1,15%-ით).

გამოყოფის სიხშირის მიხედვით მეოთხე ადგილზე იყო ენტერობაქტერიები (საშუალოდ 12,3% 2014-2016 წლებში) და მათ შორის ყველაზე ხშირად - *E.coli*.

საგრძნობლად იმატა დიფტერიოიდების გამოყოფის სიხშირემ (1,12%-დან 10,2%-მდე), ხოლო *Neisseria gonorrhoea*-ს გამოყოფის სიხშირე ყოველწლიურად სტაბილურად კლებულობდა (8,3%-დან 0,2%-მდე).

ცხრილი №1. 2014-2016 წლებში ვაგინიტით დაავადებულთაგან გამოყოფილი მიკროორგანიზმები

მიკროორგანიზმების დასახელება	%
<i>S.aureus</i>	42,2
<i>T.vaginalis</i>	22,5
<i>C.albicans</i>	13,6
<i>E.coli</i>	12,3
<i>Diphtheroidi</i>	10,2 S.
<i>Epidermidis</i>	9,2
<i>N.gonorrhoeae</i>	8,3
<i>S.pneumoniae</i>	2,39
<i>K.pneumoniae</i>	1,55
<i>M.catarhalis</i>	1,32

2014-2016 წლებში ვაგინალური სეკრეტის ბაქტერიოლოგიური გამოკვლევის თანახმად მიკროორგანიზმთა 1/2 გამოვლენილია მონოკულტურის სახით, ხოლო მიკროორგანიზმთა 2/3 – ასოციაციის სახით. მათ შორის გამოყოფის სიხშირის მიხედვით ვარიანტები განაწილდა შემდეგნაირად: *T.vaginalis* + *S.aureus*, *T. vaginalis* + *C. albicans*, *T. vaginalis* + *E. coli*,

S.epidermidis+diphtheroidi, S.epidermidis+ T.vaginalis, S.aureus + C.albicans, S.aureus + E.coli. ამგვარად, 2014-2016 წლებში ვაგინალური დაავადების მქონე 240 ქალის საშოს ფლორის ბაქტერიოლოგიური კვლევის შედეგების თანახმად შემთხვევათა 1/2-ში გამოვლინდა მონოინფექცია, ხოლო 2/ 3-ში – შერეული ინფექცია. აღნიშნული მონაცემები გვამღებს ანთებითი ვაგინალური დაავადებების მიკროფლორის ნათელ სურათს 3 წლის დინამიკაში.

ლიტერატურა:

1. გოგიჩაძე გ. – სამედიცინო მიკრობიოლოგია/ /თბილისი, მეცნიერება, 2009, 418გვ.
2. Бондареко В.М., Рубакова Э.А. - ЖМЭИ, 1998, №5, 107-112.
3. Покровский В.И., Поздеев О.К., Медицинская микробиология// М., “Мир”, 2008, 595с.
4. Тец В.В. - Справочник по клинической микробиологии// СПб., “Аврора”, 1994, 414с.
5. Бигер М.О. Справочник по микробиологическим и вирусологическим методам исследования//М., “Медицина”, 1992, 369с.
6. Воробьев А.А., Лыкова Е.А., ЖМЭИ, 2008, №6, 102-105.
7. Essentials of EPIDEMIOLOGY in Public Health. Ann Aschengrau. George R.Seage III. 229.

Mirvelashvili E., Dzagidze M., Kikacheishvili E., Charkviani T.

DYNAMICS OF THE ETIOLOGICAL STRUCTURE OF VAGINITES 2014-2016

TSMU, DEPARTMENT OF HEALTH CARE, POLICY AND HEALTH ECONOMY MANAGEMENT

Aim of the study was to investigate the etiological structure of vaginitis dynamics in 2014-2016. Vaginal flora in 240 females during the inflammatory vaginitis was investigated by bacteriological analysis.

By the rate of excretion, staphylococci came the first, the second was T. vaginalis, C.albicans being the third. One third of the microorganisms were detected in a form of monocultures, two-thirds as associations, the most frequent combinations among which were: S. aureus+ T.vaginalis, T.vaginalis + C.albicans, T.vaginalis + E.coli. Among the combinations were manifested in a vaginitis of mix-infectious etiology caused by the presence of three or more symbionts.