

გიორგი თევდორაშვილი<sup>1</sup>, დავით თევდორაშვილი<sup>2</sup>, მარიამ ანდლულაძე<sup>2</sup>,  
მარიამ თევდორაშვილი<sup>2</sup>

ქალის ვაგინალური მიკრობიომის როლი სქესობრივი გზით გადამდები  
ინფექციების განვითარებაში

<sup>1</sup>თბილისის სახელმწიფო სამედიცინო უნივერსიტეტი, მეანობა-გინეკოლოგიის დეპარტამენტი;

<sup>2</sup>სამედიცინო ცენტრი „ლაზერი“, მეანობა-გინეკოლოგიის დეპარტამენტი; საქართველო

Doi: <https://doi.org/10.52340/jecm.2023.05.23>

GEORGE TEVDORASHVILI<sup>1</sup>, DAVID TEVDORASHVILI<sup>2</sup>, MARIAM ANDGULADZE<sup>2</sup>,  
MARIAM TEVDORASHVILI<sup>2</sup>

THE ROLE OF THE FEMALE VAGINAL MICROBIOME IN THE DEVELOPMENT OF SEXUALLY  
TRANSMITTED INFECTIONS (STI)

<sup>1</sup>Tbilisi State Medical University, Department of Obstetrics and Gynecology;

<sup>2</sup>Medical Center „Laser“, Department of Obstetrics and Gynecology; Tbilisi, Georgia

SUMMARY

There are trillions of bacteria, that usually colonize the human body. 9% of them are localized in the female genital tract. Virtually 90% of this microbiome is epitomized by Lactobacilli. Among lactobacilli, 4 different species: L. Crispatus, L. Gasseri, L. Jensenii and L. Iners dominate the vaginal microbiota of women of childbearing age. Modifications of the healthy vaginal microbiome creates Dysbiosis. Vaginal dysbiosis can lead to the development of infection and/or disease.

Refinement of the biomarkers used to measure the vaginal microbiome and a better understanding of vaginal community dynamics may lead to interventions aimed at shifting to, and maintaining, more protective microbial communities. According to the results of recent studies, lactobacilli species potentially inhibit the processes of biofilm formation caused by Pseudomonas Aeruginosa. This could be the future when we no longer use antibiotics against bacteria. Multidisciplinary expertise in such fields as bioinformatics, epidemiology, gynecology, immunology, infectious diseases, microbial ecology, and molecular biology is necessary to exploit the data that will be generated on the vaginal microbiome, to identify new clinical interventions, and to assess these interventions rigorously.

**Future:** Modulation of VMB by alive biotherapeutics or probiotics. Comprehensive study of **microbial biofilm** activity.

**Keywords:** female, vaginal microbiome, sexually transmitted diseases

ადამიანის სხეული, ჩვეულებრივ, კოლონიზებულია ტრილიონამდე ბაქტერიით, მათგან 9% ლოკალიზებულია ქალის გენიტალურ ტრაქტში: ვულვის, საშოს, საშვილოსნოს ყელის, საშვილოსნოსა და დანამატების მიდამოში.

ვაგინალური მიკრობიომა (VMB) მნიშვნელოვანია ადამიანის რეპროდუქციისთვის. ამ მიკრობიომის პრაქტიკულად 90%-ს ლაქტობაცილები წარმოადგენენ. ლაქტობაცილებს შორის, რეპროდუქციული ასაკის ქალების ვაგინალურ მიკრობიოტაში (VB), დომინირებს 4 განსხვავებული სახეობა, ესენია: L. Crispatus, L. Gasseri, L. Jensenii და L. Iners. ლაქტობაცილების მთავარი მიზანია: ვაგინალური გარემოს შენარჩუნება (PH 3.8-4.4), ჰიდროგენ პეროქსიდაზას, რძემჟავას და ბაქტერიოციტების (რიბოსომული ანტიმიკრობული პეპტიდების) პროდუქცირება, ანტივირუსული მოქმედება, ვაგინოტროფიზმი, კონკურენცია პათოგენებს შორის ვაგინალურ ეპითელურ უკრედებზე დამაკავშირებელი რეცეპტორებისთვის და ბაქტერიოციტული მოქმედება.

VM-ის ნებისმიერი მოდიფიკაცია ნორმალური დიაპაზონის მიღმა, იწვევს დისბიოზის განვითარებას. ვაგინალურმა დისბიოზმა შეიძლება გამოიწვიოს ინფექციის და/ან დაავადების განვითარება.

ეპიდემიოლოგიური კვლევები აჩვენებს, რომ ბაქტერიული ვაგინოზი დაკავშირებულია სქესობრივი გზით გადამდები ინფექციების შეძენის მკვეთრად გაზრდილ რისკებთან, მათ შორის HIV-ის და მენჯის ანთებითი დაავადების (PID) განვითარებასთან. სკვი-ის გადაცემა ასევე დაკავშირებულია ბაქტერიულ ვაგინოზთან, ვინაიდან BV ზრდის აივ-1-ის და მარტივი ჰერპეს-ვირუსის ტიპი-2-ის (HSV-2) რეპლიკაციასა და ვაგინალური გამოყოფის მაჩვენებლებს.

ორსულობის დროს BV ასოცირებულია ორსულობის გვიანი დანაკარგების განვითარებასთან და ორსული ქალების 10-30% შემთხვევაში - ნაადრევ მშობიარობასთან. BV შეიძლება ჩავთვალოთ რისკის შედარებით არასპეციფიკურ მარკერად, რომელიც მოტივაციას უნევს ახალი ბიომარკერების განვითარებას ვაგინალური მიკრობიომის გამოკვლევისა და მენეჯმენტისთვის.

მიუხედავად იმისა, რომ ძირითადად გვხვდება ლაქტობაცილების დომინირება, ჯერ კიდევ უცნობია ის სპეციფიკური მექანიზმები, რომლითაც ვაგინალური ეკოსისტემა ზღუდავს “არამკვიდრი” ორგანიზმების ზრდას. საუკუნეზე მეტი ხნის მუშაობის მიუხედავად, ჯერ კიდევ არ არის ბოლომდე შესწავლილი, თუ როგორ ხდება დამცავი ვაგინალური მიკრობიომის შენარჩუნება, რატომ ხდება მიკრობული შემადგენლობის ხშირი ცვლილებები და როგორ იწვევს ეს ძვრები ცვლილებებს საშოს მიკროგარემოში, რაც დაკავშირებულია მგრნობელობის მკვეთრ ზრდასთან ჯანმრთელობის არასასურველი შედეგების ფართო სპექტრის მიმართ.

ვაგინალური მიკრობიომის გასაზომად გამოყენებული ბიომარკერების დახვეწამ და ვაგინალური მიკრობიომის დინამიკის უკეთესად გაგებაში, შეიძლება გვიჩვენოს ის გზები და ჩარევები, რომლებიც მიმართული იქნება უფრო მეტად დამცავ მიკრობულ თემებზე გადასვლისა და შენარჩუნებისკენ.

ამ ყოველივეს გათვალისწინებით, საინტერესო გამოწვევას წარმოადგენს ნორმალური ვაგინალური მიკრობიომის აღდგენა დისბიოზის ან ანტიბიოტიკოთერაპიის შემდეგ.

უახლესი კვლევების შედეგებით, ლაქტობაცილების სახეობები პოტენციურად აინჰიბირებს ფსეუდომონას აეროგენობათი წარმოქმნილი ბიოფილმის ფორმირების პროცესებს. ეს კი შეიძლება იყოს მომავალი, როდესაც ბაქტერიის სანინაალმდეგოდ აღარ გამოვიყენებთ ანტიბიოტიკებს.

მულტიდისციპლინური ექსპერტიზა ისეთ სფეროებში, როგორებიცაა: ბიოინფორმატიკა, ეპიდემიოლოგია, გინეკოლოგია, იმუნოლოგია, ინფექციური დაავადებები, მიკრობული ეკოლოგია და მოლეკულური ბიოლოგია, აუცილებელია ვაგინალურ მიკრობიომზე არსებული მონაცემების გამოსაყენებლად, ახალი კლინიკური ინტერვენციების იდენტიფიკაციისთვის და ამ ინტერვენციების მკაცრად შესაფასებლად.

**მომავალი:** VMB-ის მოდულაცია ცოცხალი ბიოთერაპევტული პროდუქტებით ან პრობიოტიკებით. **მიკრობული ბიოფილმის** მოქმედების სრულყოფილი შესწავლა.

### გამოყენებული ლიტერატურა:

1. Janneke H. H. M. van de Wijgert. The vaginal microbiome and sexually transmitted infections are interlinked: Consequences for treatment and prevention, doi: 10.1371/journal.pmed.1002478
2. M.C. Molenaar, M. Singer, S. Ouburg - The two-sided role of the vaginal microbiome in Chlamydia trachomatis and Mycoplasma genitalium pathogenesis. J of Reprod Immunology. 2018; 130:11-17.
3. Xiaodi Chen, Yune Lu, Tao Chen, Rongguo Li. The Female Vaginal Microbiome in Health and Bacterial Vaginosis. published: 07 April 2021; doi: 10.3389/fcimb.2021.631972

*ვიორჯი თევდორაშვილი<sup>1</sup>, დავით თევდორაშვილი<sup>2</sup>, მარიამ ანდლულაძე<sup>2</sup>,  
მარიამ თევდორაშვილი<sup>2</sup>*

**ქალის ვაგინალური მიკრობიომის როლი სქესობრივი გზით გადამდები  
ინფექციების განვითარებაში**

<sup>1</sup>თბილისის სახელმწიფო სამედიცინო უნივერსიტეტი, მეანობა-გინეკოლოგიის დეპარტამენტი;

<sup>2</sup>სამედიცინო ცენტრი „ლაზერი“, მეანობა-გინეკოლოგიის დეპარტამენტი; საქართველო

### რეზიუმე

ვაგინალური მიკრობიომა (VMB) მნიშვნელოვანია ადამიანის რეპროდუქციისთვის. ამ მიკრობიომის პრაქტიკულად 90%-ს ლაქტობაცილები წარმოადგენენ. ლაქტობაცილებს შორის, რეპროდუქციული ასაკის ქალების ვაგინალურ მიკრობიოტაში (VB), დომინირებს 4 განსხვავებული სახეობა, ესენია: L. Crispatus, L. Gasseri, L. Jensenii და L. Iners. VM-ის ნებისმიერი მოდიფიკაცია ნორმალური დიაპაზონის მიღმა, იწვევს დისბიოზის განვითარებას. ვაგინალურმა დისბიოზმა შეიძლება გამოიწვიოს ინფექციის და/ან დაავადების განვითარება. ვაგინალური მიკრობიომის

გასაზომად გამოყენებული ბიომარკერების დახვეწამ და ვაგინალური მიკრობიომის დინამიკის უკეთესად გაგებას, შეიძლება გვიჩვენოს ის გზები და ჩარევები, რომლებიც მიმართული იქნება უფრო მეტად დამცავ მიკრობულ თემებზე გადასვლისა და შენარჩუნებისკენ.

