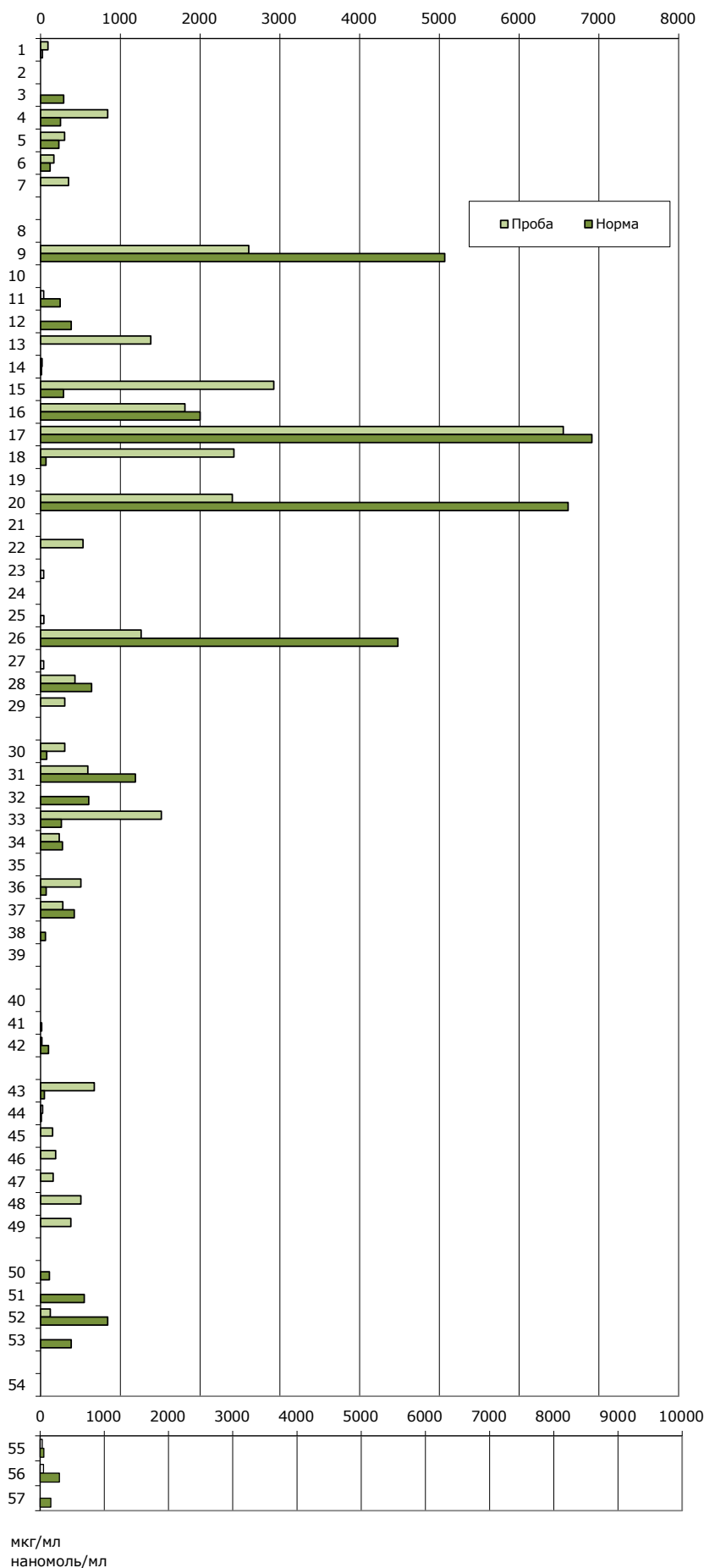


Анализ микрофлоры методом масс-спектрометрии микробных маркеров в **крови**
Метод сертифицирован Росздравнадзором. Разрешение ФС 2010/038 от 24.02.2010.

Фамилия И. О. 38 лет, 12345679_2

№	Микроорганизм, 10 ⁵ клеток/грамм	Проба	Норма
Кокки, бациллы			
1	Bacillus cereus	92	23
2	Bacillus megaterium	0	0
3	Enterococcus spp.	0	290
4	Streptococcus spp.	842	249
5	Streptococcus mutans (анаэробные)	301	229
6	Staphylococcus aureus	166	120
7	Staphylococcus epidermidis	350	0
Анаэробы			
8	Bacteroides fragilis	0	0
9	Bifidobacterium spp.	2611	5067
10	Blautia coxoides	0	0
11	Clostridium spp. (группа C. tetani)	40	245
12	Clostridium difficile	0	385
13	Cl. histolyticum/Str. pneumonia	1382	0
14	Clostridium perfringens	19	12
15	Clostridium propionicum	2923	288
16	Clostridium ramosum	1811	2000
17	Eubacterium spp.	6554	6912
18	Eggerthella lenta	2424	68
19	Fusobacterium spp./Haemophilus spp.	0	0
20	Lactobacillus spp.	2405	6613
21	Peptostreptococcus anaerobius 18623	0	0
22	Peptostreptococcus anaerobius 17642	533	0
23	Prevotella spp.	0	38
24	Propionibacterium spp.	0	0
25	Propionibacterium acnes	0	42
26	Propionibacterium freudenreichii	1260	4480
27	Propionibacterium jensenii	0	38
28	Ruminococcus spp.	431	640
29	Veillonella spp.	303	0
Актинобактерии			
30	Actinomyces spp.	303	77
31	Actinomyces viscosus	592	1190
32	Corynebacterium spp.	0	605
33	Nocardia spp.	1515	262
34	Nocardia asteroides	234	274
35	Mycobacterium spp.	0	0
36	Pseudonocardia spp.	505	70
37	Rhodococcus spp.	278	423
38	Streptomyces spp.	0	62
39	Streptomyces farmamarensis	0	0
Энтеробактерии			
40	Enterobacteriaceae spp. (E.coli и др.)	0	0
41	Helicobacter pylori	0	14
42	Campylobacter mucosalis	16	99
Грам-отрицательные палочки			
43	Alcaligenes spp.	673	48
44	Kingella spp.	26	10
45	Flavobacterium spp.	151	0
46	Moraxella spp./Acinetobacter spp.	189	0
47	Porphyromonas spp.	159	0
48	Pseudomonas aeruginosa	505	0
49	Stenotrophomonas maltophilia	379	0
Грибы, дрожжи			
50	Aspergillus spp.	0	110
51	Candida spp.	0	549
52	Микр грибы, кампестерол	123	842
53	Микр грибы, ситостерол	0	384
Хламидии			
54	Chlamydia trachomatis	0	0
Сумма микроорганизмов:		30095	32758
Маркеры вирусов		усл. ед.	
55	Herpes spp.	34	59
56	Цитомегаловирус	54	300
57	Эпштейна-Барр вирус	0	166
Сумма маркеров вирусов:		88	525
Плазмалоген (по Iba)		41,22	50
Эндотоксин (сумма)		17,14	0,5



Маркеры микроорганизмов, превышающих уровень клинической значимости (выше референсных значений более чем в два раза), выделены желтым цветом. Маркеры микроорганизмов, содержащихся в количестве ниже уровня клинической значимости (в дефиците, ниже референсных значений более чем в два раза), выделены голубым.

Анализ микробиоты методом масс-спектрометрии микробных маркеров в **крови**

Метод сертифицирован Росздравнадзором. Разрешение ФС 2010/038 от 24.02.2010 .

Фамилия И. О. 38 лет, 12345679_2

№	филотип	дыхАие	окраска	генность	Микроорганизм, 10 ⁵ клеток/грамм	Проба	Норма		
					Кокки, бациллы		миним.	средн.	макс.
1	ФК	Ф	†	Т	Bacillus cereus	92	0	23	46
2	ФК	Ф	†	Т	Bacillus megaterium	0	0	0	0
3	ФК	Ф	†	Т	Enterococcus spp.	0	0	290	580
4	ФК	Ф	†	Р	Streptococcus spp.	842	0	249	498
5	ФК	Ф	†	Р	Streptococcus mutans (анаэробные)	301	0	229	458
6	ФК	Ф	†	Р	Staphylococcus aureus	166	0	120	240
7	ФК	Ф	†	Р	Staphylococcus epidermidis	350	0	0	0
					Анаэробы				
8	Б	А	—	Т	Bacteroides fragilis	0	0	0	0
9	АК	А	†	Р	Bifidobacterium spp.	2611	2534	5067	10134
10	ФК	А	†	Р	Blautia coccoides	0	0	0	0
11	ФК	А	†	Р	Clostridium spp. (группа C. tetani)	40	0	245	490
12	ФК	А	†	Т	Clostridium difficile	0	0	385	770
13	ФК	А	†	Т	Cl. histolyticum/Str. pneumonia	1382	0	0	0
14	ФК	А	†	Р	Clostridium perfringens	19	0	12	24
15	ФК	А	†	Р	Clostridium propionicum	2923	0	288	576
16	ФК	А	†	Р	Clostridium ramosum	1811	0	2000	4000
17	ФК	А	†	Р	Eubacterium spp.	6554	3456	6912	13824
18	ФК	А	†	Р	Eggerthella lenta	2424	0	68	136
19	Ф/П	А/Ф	—	Р	Fusobacterium spp./Haemophilus spp.	0	0	0	0
20	ФК	Ф	†	Р	Lactobacillus spp.	2405	3307	6613	13226
21	ФК	А	†	Т	Peptostreptococcus anaerobius 18623	0	0	0	0
22	ФК	А	†	Т	Peptostreptococcus anaerobius 17642	533	0	0	0
23	Б	А	—	Р	Prevotella spp.	0	0	38	76
24	П	А	†	Р	Propionibacterium spp.	0	0	0	0
25	П	А	†	Р	Propionibacterium acnes	0	0	42	84
26	П	А	†	Р	Propionibacterium freudenreichii	1260	2240	4480	8960
27	П	А	†	Р	Propionibacterium jensenii	0	0	38	76
28	П	А	†	Р	Ruminococcus spp.	431	0	640	1280
29	ФК	А	—	Р	Veillonella spp.	303	0	0	0
					Актинобактерии				
30	АК	Ф	†	Р	Actinomyces spp.	303	0	77	154
31	АК	Ф	†	Р	Actinomyces viscosus	592	0	1190	2380
32	АК	Ф	†	Р	Corynebacterium spp.	0	0	605	1210
33	АК	Ф	†	Р	Nocardia spp.	1515	0	262	524
34	АК	Ф	†	Р	Nocardia asteroides	234	0	274	548
35	АК	Ф	†	Т	Mycobacterium spp.	0	0	0	0
36	АК	Ф	†	Р	Pseudonocardia spp.	505	0	70	140
37	АК	Ф	†	Р	Rhodococcus spp.	278	0	423	846
38	АК	Ф	†	Р	Streptomyces spp.	0	0	62	124
39	АК	Ф	†	Т	Streptomyces farmamarensis	0	0	0	0
					Энтеробактерии				
40	П	Ф	—	Т	Enterobacteriaceae spp. (E.coli и др.)	0	0	0	0
41	П	МА	—	Т	Helicobacter pylori	0	0	14	28
42	П	МА	—	Т	Campylobacter mucosalis	16	0	99	198
					Грам-отрицательные палочки				
43	П	АЭ	—	Р	Alcaligenes spp.	673	0	48	96
44	П	Ф	—	Т	Kingella spp.	26	0	10	20
45	Б	АЭ	—	Т	Flavobacterium spp.	151	0	0	0
46	П	АЭ	—	Т	Moraxella spp./Acinetobacter spp.	189	0	0	0
47	Б	А	—	Т	Porphyromonas spp.	159	0	0	0
48	П	АЭ	—	Т	Pseudomonas aeruginosa	505	0	0	0
49	П	АЭ	—	Т	Stenotrophomonas maltophilia	379	0	0	0
					Грибы, дрожжи				
50		АЭ		Р	Aspergillus spp.	0	0	110	220
51		АЭ		Р	Candida spp.	0	0	549	1098
52		АЭ		Р	Микр грибы, кампестерол	123	0	842	1684
53		АЭ		Р	Микр грибы, ситостерол	0	0	384	768
					Хламидии				
54		ВП	—	ПГ	Chlamydia trachomatis	0	0	0	0
					Сумма микроорганизмов:	30095	11536	32758	65516
					Маркеры вирусов	усл. ед.			
55		ВП		Р	Herpes spp.	34	0	59	118
56		ВП		Т	Цитомегаловирус	54	0	300	600
57		ВП		Р	Эпштейна-Барр вирус	0	0	166	332
					Сумма маркеров вирусов:	88	0	525	1050
Плазмодоген (по 16а)						41,22	50	мкг/мл	
Эндотоксин (сумма)						17,14	0,5	наномоль/мл	

Диаграмма дисбиоза

■ - норма ■ - больше нормы
◆ - содержание в пробе



Филотип: АК - актинобактерии, Б - бактериоиды, П - псевдомонадота, ФК - фермикуты, Ф - фузобактерии.

Дыхание (тип): АЭ - аэробы, А - анаэробы, Ф - факультативные анаэробы, МА - микроаэрофилы, ВП - внутриклеточный паразит.

Окраска (по Грамму): "+" - грамположительные, "-" - грамотрицательные. **Генность:** Р - резидентные, Т- транзиторные, ПГ - патоген.

Анализ микробиоты методом масс-спектрометрии микробных маркеров в **крови**

Метод сертифицирован Росздравнадзором. Разрешение ФС 2010/038 от 24.02.2010.

Заключение по пробе: **Фамилия И. О. 38 лет, 12345679_2**

Маркеры микроорганизмов, превышающих уровень клинической значимости (выше референсных значений более чем в два раза), выделены желтым цветом:

Actinomyces spp.
Alcaligenes spp.
Bacillus cereus
Cl. histolyticum/Str. pneumonia
Clostridium propionicum
Eggerthella lenta
Flavobacterium spp.
Kingella spp.
Moraxella spp./Acinetobacter spp.
Nocardia spp.
Peptostreptococcus anaerobius 17642
Porphyromonas spp.
Pseudomonas aeruginosa
Pseudonocardia spp.
Staphylococcus epidermidis
Stenotrophomonas maltophilia
Streptococcus spp.
Veillonella spp.

Маркеры микроорганизмов, содержащихся в количестве ниже уровня клинической значимости (в дефиците, ниже референсных значений более чем в два раза), выделены голубым цветом:

Lactobacillus spp.
Propionibacterium freudenreichii

Экспресс-таблицы:

Соотношения результатов по сгруппированным м.о.				
Микроорганизмы	Проба	Норма	от нормы	
По флотипу	Бактероиды	310	38	816%
	Фермикуты	20145	17434	116%
	Актинобактерии	6038	8030	75%
	Псевдомонады	3479	5371	65%
По типу дыхания	Аэробные бактерии	2020	1933	105%
	Анаэробные бактерии	20450	20215	101%
	Факультативные анаэробы	7609	10497	72%
	Микроаэрофилы	16	113	14%
Окраска по Грамму	Грамотрицательные бактерии	2401	209	1149%
	Грамположительные бактерии	27571	30664	90%
По генности	Резидентные	26697	32162	83%
	Транзиторные	3486	1121	311%
Общая бактериальная нагрузка (ОБН)		29972	30873	97%
Общая микробная нагрузка (ОМН)		30183	33283	91%

Профиль нормофлоры			
Микроорганизм	Проба	Норма	от нормы
Bifidobacterium spp.	2611	5067	52%
Eubacterium spp.	6554	6912	95%
Lactobacillus spp.	2405	6613	36%
Propionibacterium freudenreichii	1260	4480	28%
Нормобиотическое ядро	12830	23072	56%

Профиль общей микробной нагрузки			
Подсуммы	Проба	Норма	от нормы
Сумма бактерий (ОБН)	29972	30873	97%
Микроскопические грибы	123	1885	7%
Сумма вирусов	88	525	17%
Сумма микроорганизмов (ОМН)	30183	33283	91%

Примечание:

Микробиота человека - это совокупность различных видов (не только бактерии, но и микроскопические грибки и вирусы) микроорганизмов, колонизирующих поверхности и полости тела человека.

Обращаем Ваше внимание на то, что большинство микробов являются частью нормальной микробиоты человека. Если имеется их избыток, то это не всегда означает наличие инфекционного заболевания. Это может свидетельствовать о неблагоприятном влиянии на организм, которое вызывает или поддерживает воспалительный процесс в данном биотопе, чаще всего в ассоциации с другими микроорганизмами.

Результат анализа не является диагнозом. Превышение референсных значений не свидетельствует об инфекции!

Норма (референсное значение) - средний арифметический показатель, определенный путем статистической обработки данных пациентов. Характеризует фоновое значение маркеров микроорганизмов в биотопе в отсутствие патологии. Клинически значимым считается отклонение от "Нормы" более чем в два раза.

Значение "0" означает, что возможно присутствие данного микроорганизма в количестве меньше $1 \cdot 10^5$ клеток/на грамм. Отчет по вирусной нагрузке ведется в условных единицах и обозначает не количество вирусных тел, а маркерную (химическую) нагрузку.

Штрихкод заказа: **12345679_2**

Штрихкод пробы: **test BL 1.D**

Дата: **10.03.2026**

Время: **14:30:27**

Анализ микробиоты методом масс-спектрометрии микробных маркеров в **крови**

Метод сертифицирован Росздравнадзором. Разрешение ФС 2010/038 от 24.02.2010.

Анализ соотношений по пробе:

Фамилия И. О. 38 лет, 12345679_2

Профиль общей микробной нагрузки

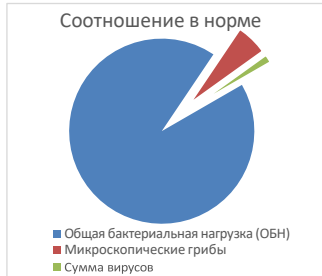
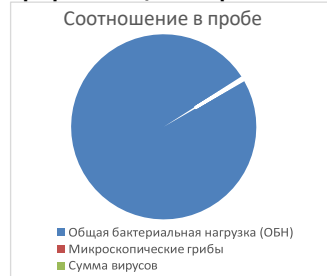
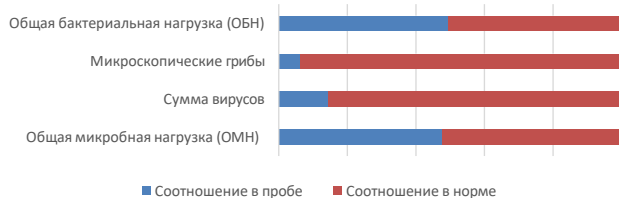


Диаграмма общей микробной нагрузки



Профиль компонентов нормобиоты

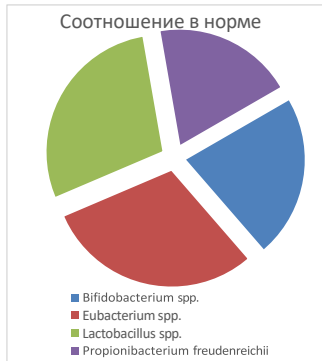
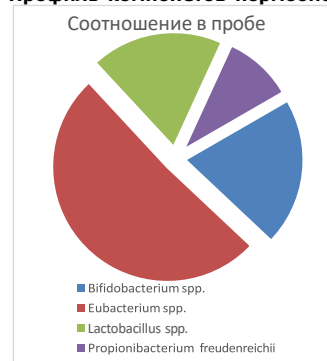
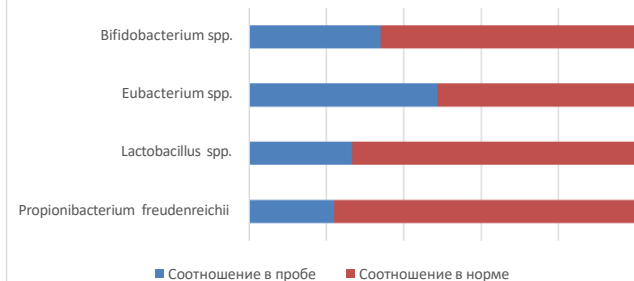


Диаграмма компонентов микробиоты



Распределение бактериальной нагрузки по фило типу

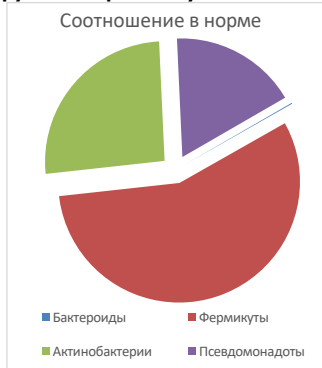
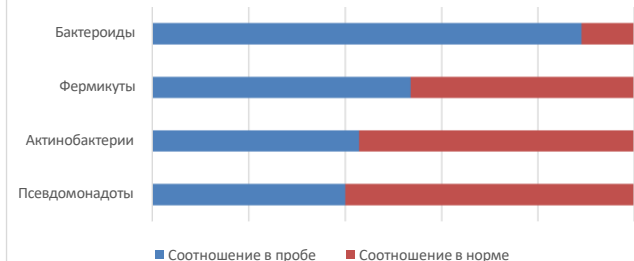


Диаграмма бактериальной нагрузки по фило типу



Распределение бактериальной нагрузки по типу дыхания

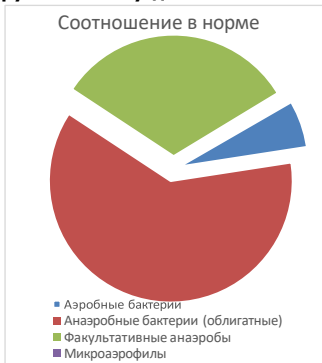
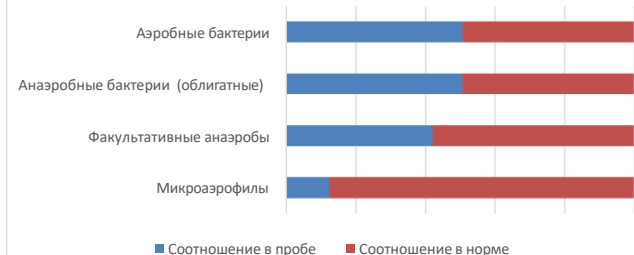


Диаграмма бактериальной нагрузки по типу дыхания



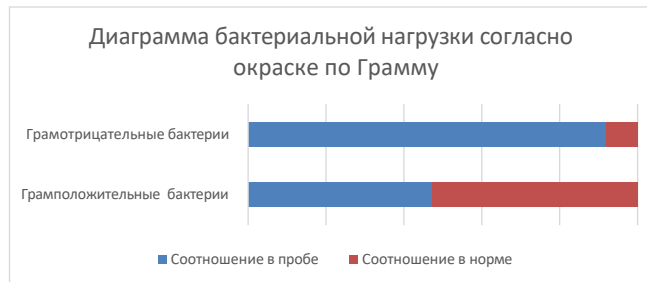
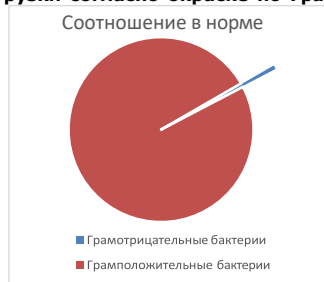
Анализ микробиоты методом масс-спектрометрии микробных маркеров в **крови**

Метод сертифицирован Росздравнадзором. Разрешение ФС 2010/038 от 24.02.2010.

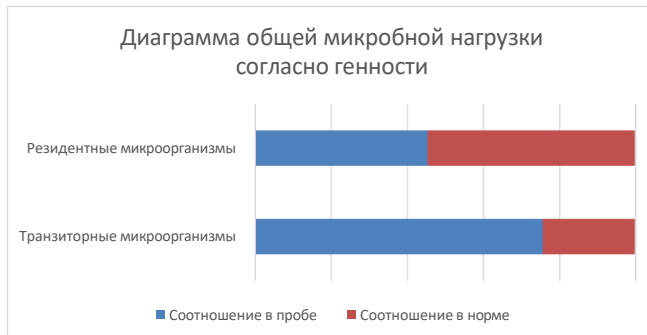
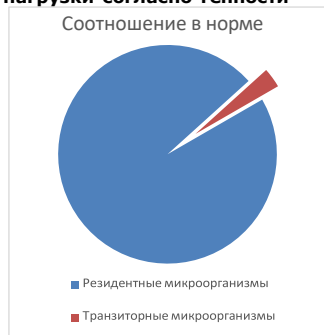
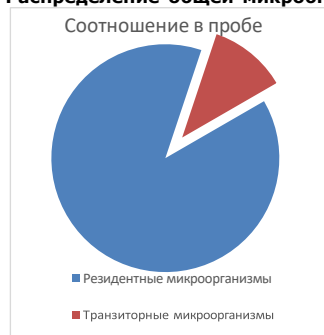
Анализ соотношений по пробе:

Фамилия И. О. 38 лет, 12345679_2

Распределение бактериальной нагрузки согласно окраске по Грамму



Распределение общей микробной нагрузки согласно генности



Дополнительная информация:

Ниже приведена общая информация о дополнительных показателях микробного происхождения, контролируемых в рамках проведения анализа биоматериала методом масс-спектрометрии микробных маркеров.

Плазмалоген

Плазмалоге́ны (альдегидогенные липиды) — подгруппа глицерофосфолипидов, у которых в глицериновом фрагменте одна из жирных кислот замещена жирным альдегидом. В организме человека плазмалоген сосредоточен в миелине нервных клеток, в сердечной мышце, почках и сперме. Плазмалоген участвует в метаболизме полиненасыщенных кислот (протектор окисления), управляет выбросом холестерина из клеток, стимулирует нервные клетки, участвует в осуществлении межклеточных сигнальных функций и др. Кишечная микробиота является одним из основных резервуаров плазмалогена. Кроме эубактерий и бифидобактерий, он содержится в пропионобактериях, клостридиях, бактероидах и некоторых лактобациллах. Отмечено, что продукция плазмалогена существенно снижена у больных с синдромом Целльвегера, болезнью Рефсума, другими неврологическими заболеваниями и при деменции. Поддержание уровня плазмалогена важно для нормального функционирования организма человека в целом и является перспективным направлением в лечении (улучшении качества жизни) страдающих неврологическими расстройствами.

Эндотоксин

Эндотоксин (липополисахарид, ЛПС, липид А) является основной составляющей клеток грамотрицательных микроорганизмов (бактерий и кокков) и первичным продуктом, ответственным за септический шок. Молекулярные маркеры бактериальных ЛПС всегда содержится в анализируемых образцах благодаря естественному присутствию условно-патогенных грамотрицательных бактерий в организме человека. Высокий уровень эндотоксина в крови свидетельствует об их избыточном росте и переходе в патогенное состояние (наличие воспаления, протекающая инфекция). Повышение уровня эндотоксина может быть связано с прочими состояниями критических больных, например, шок и гипоксемия. Реакцией организма на избыточное присутствие эндотоксина является выброс провоспалительных цитокинов и повышение синтеза холестерина в печени. Токсическому действию эндотоксинов особенно подвержены пациенты с болезнями печени, послеоперационные больные и пациенты при шунтировании.

Чувствительность к антибактериальным препаратам согласно литературным данным
Сведения носят информационный характер и не являются медицинской рекомендацией!

№	Микроорганизм	Антимикробные препараты, в скобках ссылка на источник (см. Список литературы)
Кокки, бациллы		
1	<i>Bacillus cereus</i>	Имипенем [6], Ванкомицин [1,6], Клиндамицин [1], Хлорамфеникол [6], Гентамицин [6], Ципрофлоксацин [6]
2	<i>Bacillus megaterium</i>	Ванкомицин [6], Ципрофлоксацин [6]
3	<i>Enterococcus</i> spp.	Бензилпенициллин [1], Ампициллин [1,5], Ванкомицин [1,5]
4	<i>Streptococcus</i> spp.	Амоксициллин [5,8], Амоксициллин/клавуланат [1,8], Бензилпенициллин [1], Ванкомицин [1,5]
5	<i>Strept. mutans</i> (анаэробные)	Имипенем [4], Клиндамицин [1,4], Ампициллин/сульбактам [4], Ванкомицин [1,4], Бензилпенициллин [1]
6	<i>Staphylococcus aureus</i>	Амоксициллин/клавуланат [5,8], Оксациллин [1,5], Ванкомицин [1,5], Триметаприм/сульфаметоксазол [1]
7	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	Оксациллин [5], Ванкомицин [1,5], Бензилпенициллин [1], Амоксициллин [1,8]
Анаэробы		
8	<i>Bacteroides fragilis</i>	Имипенем [4], Пиперацillin/тазобактам [4], Клиндамицин [3,5], Метронидазол [2,3,5]
9	<i>Bifidobacterium</i> spp.	Ампициллин [2,3], Рамопланин [2,3], Клиндамицин [3], Бацитрацин [2]
10	<i>Blautia coecoides</i>	Рамопланин [2], Ампициллин [2]
11	<i>Clostridium</i> spp. (rp. C. tetani)	Хлорамфеникол (левомицетин)[1], Метронидазол [1,3,4], Имипенем [4,11], Ампициллин [1,2,3], Бензилпенициллин [1]
12	<i>Clostridium difficile</i>	Метронидазол [1,2,3,5,11], Далбаванцин [11], Рамопланин [2,3], Ванкомицин [1,3,5], Тейкопланин [3]
13	<i>Clostridium hystolyticum/ Streptococcus pneumonia</i>	CI: Бензилпенициллин [1], Ампициллин [3], Рамопланин [3] Str: Амоксициллин [1,8], Левофлоксацин [8], Бензилпенициллин [1]
14	<i>Clostridium perfringens</i>	Имипенем [4,11], Ампициллин [2,3,4], Рамопланин [2,3], Бисептол [1], Бензилпенициллин [1], Клиндамицин [1,3]
15	<i>Clostridium propionium</i>	Рамопланин [3], Ампициллин [3], Метронидазол [1,3]
16	<i>Clostridium ramosum</i>	Ампициллин [2,3,4], Пиперацillin/тазобактам [4,11], Рамопланин [2,3], Метронидазол [2,1,3], Амоксиклав [1]
17	<i>Eubacterium</i> spp.	Имипенем [4,11], Цефокситин [4], Ампициллин [2,3,4], Рамопланин [2,3], Метронидазол [2,11], Клиндамицин [3,4,11]
18	<i>Eggerthella lenta</i>	Имипенем [4], Рамопланин [2,3], Метронидазол [2,3,4], Клиндамицин [1,3,4], Бензилпенициллин [1], Доксациклин [1]
19	<i>Fusobacterium</i> spp./ <i>Haemophilus</i> spp.	Fus: Имипенем [4], Клиндамицин [3,4], Метронидазол [3,4], Линезолид [3] Haem: Цефтриаксон [8], Цефотаксим [1,5]
20	<i>Lactobacillus</i> spp.	Имипенем [4,11], Ампициллин [2,3,4], Рамопланин [2,3], Бацитрацин [2], Ванкомицин [2,3], Клиндамицин [3,4]
21	<i>Peptostrept. anaerobius</i> 18623	Бензилпенициллин [1], Азитромицин [1], Клиндамицин [1,3,5], Рамопланин [3], Ампициллин [1,3], Тейкопланин [3]
22	<i>Peptostrept. anaerobius</i> 17642	Бензилпенициллин [1], Азитромицин [1], Клиндамицин [1,3,5], Рамопланин [3], Ампициллин [1,3], Тейкопланин [3]
23	<i>Prevotella</i> spp.	Имипенем [4], Ампициллин [2,3], Клиндамицин [3,4], Бацитрацин [2,3], Метронидазол [2,3,4], Бензилпенициллин [1]
24	<i>Propionibacterium</i> spp.	Имипенем [11], Пиперацillin/тазобактам [11], Ампициллин [3], Клиндамицин [3,11], Цефокситин [3]
25	<i>Propionibacterium acnes</i>	Бензилпенициллин [1], Клиндамицин [3], Ампициллин [3], Амикацин [1,2], Линезолид [1,2]
26	<i>Propionibacterium freudenreichii</i>	Клиндамицин [3], Ампициллин [3]
27	<i>Propionibacterium jensenii</i>	Клиндамицин [3], Ампициллин [3], Амикацин [1,2], Триметаприм/Сульфаметоксазол [1]
28	<i>Ruminococcus</i> spp.	Ампициллин [2], Метронидазол [2], Рамопланин [2]
29	<i>Veillonella</i> spp.	Клиндамицин [3], Метронидазол [2,3], Линезолид [3], Ампициллин [2,3]
Актинобактерии		
30	<i>Actinomyces</i> spp.	Имипенем [11], Пиперацillin/тазобактам [11], Ампициллин [1,3], Клиндамицин [1,3], Рамопланин [3]
31	<i>Actinomyces viscosus</i>	Ампициллин [1,3], Клиндамицин [1,3]
32	<i>Corynebacterium</i> spp.	Далбаванцин [11], Имипенем [11], Ванкомицин [1,11], Азитромицин [1], Эритромицин [1]
33	<i>Nocardia</i> spp.	Амикацин [1], Триметаприм/сульфаметоксазол [1], Линезолид [1]
34	<i>Nocardia asteroides</i>	Амикацин [1,5], Триметаприм/сульфаметоксазол [1], Линезолид [1]
35	<i>Mycobacterium</i> spp.	Изониазид [1], Рифампицин [1], Пиразинамид [1]
36	<i>Pseudonocardia</i> spp.	Триметаприм/сульфаметоксазол [1], Линезолид [1], Амикацин [1]
37	<i>Rhodococcus</i> spp.	Азитромицин [1], Левофлоксацин [1], Ванкомицин [1]
38	<i>Streptomyces</i> spp.	Амикацин [1], Линезолид [1]
39	<i>Streptomyces farmamarensis</i>	Амикацин [1], Линезолид [1]
Энтеробактерии		
40	<i>Enterobacteriaceae</i> spp. (E.coli и др.)	Цефиксим [1,8,5], Амоксициллин/клавуланат [8], Имипенем/циластатин [1], Полимиксин В [1]
41	<i>Helicobacter pylori</i>	Амоксициллин [1,8], Кларитромицин [1,8], Метронидазол [1,8]
42	<i>Campylobacter mucosalis</i>	Азитромицин [1], Гентамицин [1], Эритромицин [1]
Грам-отрицательные палочки		
43	<i>Alcaligenes</i> spp./ <i>Klebsiella</i> spp.	Alc: Ципрофлоксацин/Ко-тримоксазол [13], Меропенем [13] Kl: Имипенем [1], Меропенем [1], Ципрофлоксацин [1]
44	<i>Kingella</i> spp.	Эритромицин [9], Хлорамфеникол [9], Гентамицин [9], Тетрациклин [9]
45	<i>Flavobacterium</i> spp.	Триметаприм/сульфаметоксазол [12], Клиндамицин [12], Рифампицин [12]
46	<i>Moraxella</i> spp. / <i>Acinetobacter</i> spp.	Mor: Тетрациклин [8], Амоксиклав [1,5], Азитромицин [1] Acin: Имипенем/циластатин [1], Ампициллин/сульбактам [1]
47	<i>Porphyromonas</i> spp.	Имипенем [4], Ампициллин [2,3], Клиндамицин [3], Метронидазол [2,3,4], Бацитрацин [2], Цефокситин [3,4]
48	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	Полимиксин В [1], Левофлоксацин [8], Меропенем [1,5], Ципрофлоксацин [1,8,5]
49	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	Триметаприм/сульфаметоксазол [1]
Грибы, дрожжи		
50	<i>Aspergillus</i> spp.	Флуконазол [1,10], Амфотерицин В [10], Итраконазол [1]
51	<i>Candida</i> spp.	Флуконазол [1,10], Амфотерицин В [10], Итраконазол [1]
52	Микр грибы, кампестерол	Вориконазол [1], Позаконазол [1], Амфотерицин В [1]
53	Микр грибы, ситостерол	Вориконазол [1], Позаконазол [1], Амфотерицин В [1]
Хламидии		
54	<i>Chlamydia trachomatis</i>	Доксациклин [1,5], Азитромицин [1]
Маркеры вирусы		
55	<i>Herpes</i> spp.	Ацикловир [1,8], Валакцикловир [1], Пенцикловир [1]
56	Цитомегаловирус	Ганцикловир [1]
57	Эпштейна-Барр вирус	Валакцикловир [7]

ВНИМАНИЕ: Рекомендуются назначать вместе с антибиотиками ферменты, разрушающие биопленку (вобензим и другие).

Список литературы:

1. Антимикробная терапия по Джену Сэнфорду. М.: ГРАНАТ, 2013 – 640 с.
2. Anaerobe, August 2004, 10(4): 205-211.
3. Antimicrobial Agents and Chemotherapy. 2003, 47(7): 2334-2338.
4. Antimicrobial Agents and Chemotherapy. 2000, 44(9): 2389-2394.
5. Consilium Medicum. 2001, 01: 44-47.
6. Antimicrobial Agents and Chemotherapy. 1998, 32(5): 642-645.
7. Journal of Clinical Pharmacology. 2010, 50: 734-742.
8. Стратегия и тактика рационального применения антимикробных средств в амбулаторной практике. М.: Издательство Престо, 2014 – 121 с.
9. Journal of Antimicrobial Chemotherapy, 2001, 47: 191-193.
10. American Journal of Respiratory and Critical Care Medicine. 2011, 183: 96-128.
11. Antimicrobial Agents and Chemotherapy. 2003, 47(6): 1968-1971.
12. Clinical Infectious Diseases. 1996, 23: 550-555.
13. Journal of Clinical Microbiology. 2001, 39(11): 3942-3945.

Справочная информация по микроорганизмам с избыточными показателями в результате анализа.

Важно!

В организме человека всегда присутствует естественный микробный фон. Превышение референсных значений не свидетельствует об инфекции само по себе. Результат анализа должен интерпретироваться с учетом клинической картины.

Вся информация предназначена для лечащего врача и не является рекомендацией к самостоятельным действиям пациента. Пожалуйста, не занимайтесь самолечением, это может принести вред здоровью.

- 1 *Bacillus cereus* – вид бактерий рода *Bacillus*, широко распространенных в окружающей среде. Описан как причина пищевых токсикоинфекций. Патогенные штаммы выделяли из разнообразного материала (ожоги, послеоперационные раны, инфекции глаза, абсцессы и инфекции, связанные с шунтированием и др.). С другой стороны, некоторые штаммы *B. cereus* обладают полезными свойствами входят в состав пробиотиков (например, Биоспорин, Biovicerin).
- 4 *Streptococcus* spp. включает широкий спектр микроорганизмов, куда входят как возбудители различных заболеваний, так и представители нормальной микрофлоры, обитающей в ротовой полости, желудочно-кишечном тракте, мочеполовых и дыхательных путях. Суммарное содержание определяется по общему молекулярному маркеру рода стрептококков.
- 7 *Staphylococcus epidermidis* не считается опасным возбудителем заболеваний среди стафилококков. Может участвовать в смешанных инфекциях (конъюнктивит, гнойная инфекция ран и мочевыводящих путей, скарлатиноподобный синдром, тонзиллит и др.). Коагулазу не продуцирует. Группой риска являются иммунокомпрометированные пациенты (пожилой возраст, перенесенные заболевания, операционные вмешательства, диабет).
- 13 *Clostridium histolyticum* и *Streptococcus pneumoniae* объединены наличием общего молекулярного маркера. При интерпретации результата следует учитывать характер клинической картины и особенности биотопа. *C. histolyticum* входит в группу *C. perfringens* в связи с похожей способностью инфекционные процессы путем продукции агрессивных ферментов, однако она менее выражена. Чаще всего выступает в роли сопутствующего микроорганизма в составе смешанной инфекции. *S. pneumoniae* (пневмококк) является одним из основных возбудителей менингита, среднего отита, синусита, внебольничной пневмонии у детей и взрослых.
- 15 *Clostridium propionicum* являются одним из компонентов нормальной микрофлоры кишечника, а также в значительных количествах присутствует на кожных покровах. Случаев, когда *C. propionicum* выступают в качестве основного инфекционного агента, не было описано, тем не менее, этот микроорганизм может активно участвовать в смешанной клостридиальной инфекции, вызванной другими видами.
- 18 *Eggerthella lenta* (раннее *Eubacterium lentum*) является компонентом нормальной микрофлоры ЖКТ человека и других биотопов. Может участвовать в патогенных процессах как сопутствующий микроорганизм. В случаях инфекции выделяли из крови, послеоперационных ран, абсцессов разной локализации. Считается, что фрагменты клеточной стенки *E. lenta* индуцируют хронический полиартрит.
- 21 *Peptostreptococcus anaerobius* – условно-патогенный вид, относящийся к нормальной микробиоте ЖКТ человека. Может активно участвовать в составе смешанной инфекции. Анаэробные пептострептококки выделяли при абсцессах головного мозга, челюсти, плевральной полости, уха, органов таза, брюшной полости и мочеполовой области, материала при остеомиелите. Штамм *P. anaerobius* 18623 впервые получен из раневого отделяемого.
- 29 *Veillonella* spp. – это грамотрицательные анаэробные кокки, являющиеся частью нормальной микрофлоры полости рта, кишечника и урогенитального тракта человека. Они считаются условно-патогенными, редко вызывая инфекции у здоровых людей, но могут приводить к осложнениям (бактериемия, абсцессы) у лиц с ослабленным иммунитетом.
- 30 *Actinomyces* spp. являются обычными обитателями желудочно-кишечного тракта и ротовой полости, однако при определенных условиях могут приобретать агрессивные свойства. Довольно часто дают устойчивую синергическую инфекцию в сочетании с кокковыми бактериями. Актиномицеты могут приводить к развитию достаточно редкого заболевания актиномикоз.
- 33 *Nocardia* spp. широко распространены в природе, особенно в почве, разлагающихся органических субстратах. В организм человека в основном попадают аэрозольным путем с пылью, и первичные очаги инфекции возникают в легких. В процессе роста нocardии образуют относительно развитый мицелий, фрагменты распадающегося мицелия могут стать источником генерализованной инфекции. Патогенность для человека невысокая, однако у больных с иммунодефицитом риск легочного и системного нocardиоза повышен.
- 36 *Pseudonocardia* spp. – род широко распространены в природе микроорганизмов группы актиномицетов. В организм человека в основном попадают аэрозольным путем с пылью. Отдельные виды участвуют в составе смешанных инфекционно-воспалительных процессов, особенно патологий респираторного тракта, могут быть ассоциированы с системным воспалением ЖКТ. Группой риска являются иммунокомпрометированные пациенты (пожилой возраст, перенесенные заболевания, операционные вмешательства, диабет).

- 43** *Alcaligenes* spp. - род эубактерий, обитающий в норме в кишечнике человека. Алкалигены встречаются в воде, пищевых продуктах, почве. Это условный патоген, может становиться причиной заболевания у лиц с ослабленным иммунитетом.
- 44** *Kingella* spp. являются частью нормальной микрофлоры ЖКТ человека. Некоторые виды кингелл вызывают заболевания, характеризующееся высокой температурой, болью в животе и кровью в моче. Передаётся через укусы животных, приводя к инфицированию ран. Вид *K. kingae* считается причиной воспалительных заболеваний костно-мышечной системы у детей раннего возраста (артрит, остеомиелит).
- 45** *Flavobacterium* spp. обитают в почве и пресной воде, обнаруживаются в молочных продуктах, в смывах с поверхностей в стационаре и лечебных учреждениях. Наиболее важный вид, выделенный от человека – *F. meningosepticum* – возбудитель больничных инфекций. У новорожденных, особенно недоношенных в отделениях интенсивной терапии, она вызывает менингит и бактеремию, у взрослых (преимущественно иммунокомпрометированных) наиболее частая форма – пневмония, а также менингит, эндокардит, сепсис.
- 46** *Moraxella* spp. и *Acinetobacter* spp. объединены наличием общего молекулярного маркера, и рамках метода недифференцируемы. При интерпритации следует учитывать особенности биотопы, а также клиническую картину заболевания.
Moraxella spp. являются комменсалами слизистых оболочек, иногда приводят к оппортунистической инфекции. *M. catarrhalis* – наиболее значимый для человека вид вызывает инфекции нижних дыхательных путей у пациентов с хроническими заболеваниями, а также описан одним из основных агентов инфекции у пожилых пациентов с ХОБЛ. *Acinetobacter* spp. являются широко распространенными микроорганизмами, могут обитать на коже и в ЖКТ здоровых людей. В качестве патогена ацинетобактер прежде всего известен как причина внутрибольничных инфекций и послеоперационных осложнений. Наиболее клинически значимым видом рода является *A. baumannii*.
- 47** *Porphyromonas* spp. - грамотрицательные палочки, являются частью нормальной микрофлоры ЖКТ, ротовой полости, вагинальной микрофлоры. Условные патогены, участвуют в смешанных инфекциях. Могут вызывать стоматологические заболевания, аспирационные пневмонии, являются причиной инфекций ран при укусах, прочих инфекций кожи и мягких тканей, в том числе при диабетической стопе.
- 48** *Pseudomonas aeruginosa* (синегнойная палочка) – условный патоген, один из основных возбудителей гнойно-воспалительных процессов, особенно в условиях стационара. Группой риска являются иммунокомпрометированные пациенты (пожилой возраст, перенесённые заболевания, операционные вмешательства, диабет). Является одним из основных патогенов при хронических легочных инфекциях у пациентов с муковисцидозом.
- 49** *Stenotrophomonas maltophilia* – представитель рода *Stenotrophomonas*, обладающего высокой степенью фенотипического и генотипического сродства с родом *Pseudomonas*. Условный патоген, являющаяся причиной больничных инфекций (особенно в отделениях реанимации).