

АНДРОФЛОР®:

краткий гид по бланку
результатов

АНДРОФЛОР®: краткий гид по бланку результатов

- Андрофлор® — это комплексное исследование на основе метода ПЦР в реальном времени для оценки состояния микробиоты (микрофлоры) уrogenитального тракта мужчин и идентификации безусловно патогенных микроорганизмов — возбудителей инфекций, передающихся половым путем (ИППП).
- Андрофлор® не имеет аналогов в мире.
- Андрофлор® позволяет в короткие сроки (от 3 часов) провести количественное определение компонентов нормальной и условно-патогенной микробиоты, в том числе труднокультивируемых анаэробных микроорганизмов, а также выявить патогены *Chlamydia trachomatis*, *Mycoplasma genitalium*, *Neisseria gonorrhoeae* и *Trichomonas vaginalis*.

В данном буклете обсуждаются вопросы выбора исследования из линейки Андрофлор®, особенностей взятия биоматериала и интерпретации полученных результатов.

ОГЛАВЛЕНИЕ

ВЫБОР ИССЛЕДОВАНИЯ АНДРОФЛОР®	3
ВЗЯТИЕ БИОМАТЕРИАЛА	7
Особенности взятия образцов биоматериала для исследования Андрофлор®	7
Условия хранения и транспортировки биоматериала	10
Информация для лабораторий об исследовании эякулята	10
АНАЛИЗ РЕЗУЛЬТАТОВ	11
Памятка для чтения бланков	12
Контрольные показатели качества взятия биоматериала	14
Структура бактериального микробиома	15
Облигатные патогены	16
Схема трактовки	16
ПРИМЕРЫ БЛАНКОВ РЕЗУЛЬТАТОВ	18
1. Структура бактериального микробиома соответствует норме	18
Что считается нормой для мужского урогенитального тракта?	18
Если ОБМ низкая, нужно ли отправлять пациента на повторное взятие биоматериала?	21
Почему отсутствует ОБМ?	22
Почему на бланке нет цветовой индикации?	25
2. Структура бактериального микробиома не соответствует норме	26
Абсолютное доминирование одной из групп нормобиоты	26
Баланс нормальной и условно-патогенной микробиоты умеренно нарушен	27
Баланс нормальной и условно-патогенной микробиоты значительно нарушен	31
Значительное снижение / отсутствие нормальной микробиоты не пропорционально отсутствию / незначительному увеличению условно-патогенной микробиоты	34
Присутствуют патогенные микроорганизмы	36
3. Заключение не выдается	37
Недостаточное количество биоматериала: ОБМ и ГДЧ одновременно не выявлены или ниже пороговых значений	37
Превышение пороговых значений транзитной микробиоты	38
Будет ли обнаружен патоген, если ГДЧ и ОБМ не выявлены?	40

ВЫБОР ИССЛЕДОВАНИЯ АНДРОФЛОР®

В линейку Андрофлор® входят исследования Андрофлор® и Андрофлор® Скрин. В обоих вариантах исследования проводится обнаружение патогенов *Chlamydia trachomatis*, *Mycoplasma genitalium*, *Neisseria gonorrhoeae*, *Trichomonas vaginalis* и количественное определение компонентов нормальной и условно-патогенной микробиоты (бактерий, дрожжевых грибов рода *Candida*).

Основное различие между исследованиями заключается в профиле определяемых условно-патогенных микроорганизмов (УПМ) и, следовательно, в показаниях к назначению исследований.

Андрофлор® Скрин — это сокращенный вариант исследования, который предназначен для скрининга и дифференциальной диагностики острых форм заболеваний уrogenитального тракта.

Андрофлор® — это детальное исследование структуры микробиоты, которое включает в себя широкий спектр УПМ. Его рекомендуется назначать при хронических формах заболеваний, для определения возможного влияния инфекций на репродуктивную функцию при подготовке к ЭКО, а также при обследовании пациентов с жалобами на неэффективное лечение.

Андрофлор® Скрин	Андрофлор®
<i>Staphylococcus spp.</i> <i>Streptococcus spp.</i> <i>Corynebacterium spp.</i>	<i>Staphylococcus spp.</i> <i>Streptococcus spp.</i> <i>Corynebacterium spp.</i>
<i>Lactobacillus spp.</i>	<i>Lactobacillus spp.</i>
<i>Gardnerella vaginalis</i> <i>Ureaplasma urealyticum</i> <i>Ureaplasma parvum</i> <i>Mycoplasma hominis</i> <i>Enterobacteriaceae / Enterococcus spp.</i> <i>Candida spp.</i>	<i>Gardnerella vaginalis</i> <i>Megasphaera spp. / Veillonella spp. / Dialister spp.</i> <i>Sneathia spp. / Leptotrichia spp. / Fusobacterium spp.</i> <i>Ureaplasma urealyticum</i> <i>Ureaplasma parvum</i> <i>Mycoplasma hominis</i> <i>Atopobium cluster</i> <i>Bacteroides spp. / Porphyromonas spp. / Prevotella spp.</i> <i>Anaerococcus spp.</i> <i>Peptostreptococcus spp. / Parvimonas spp.</i> <i>Eubacterium spp.</i> <i>Haemophilus spp.</i> <i>Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.</i> <i>Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.</i> <i>Candida spp.</i>
<i>Mycoplasma genitalium</i> <i>Trichomonas vaginalis</i> <i>Neisseria gonorrhoeae</i> <i>Chlamydia trachomatis</i>	<i>Mycoplasma genitalium</i> <i>Trichomonas vaginalis</i> <i>Neisseria gonorrhoeae</i> <i>Chlamydia trachomatis</i>

В зависимости от особенностей клинической ситуации и задач обследования по усмотрению врача дополнительно к исследованию Андрофлор® можно назначить другие ПЦР-исследования, например, определение герпесвирусов *HSV1/HSV2/CMV* (Герпес-Комплекс) или вирусов папилломы человека (HPV-Квант 21).

ВАЖНО! Информацию о возможности выполнения нескольких ПЦР-исследований с использованием одного образца биоматериала уточняйте в Вашей медицинской лаборатории.

Для дифференциальной диагностики хронических рецидивирующих заболеваний в паре и поисков возможных причин бесплодия целесообразно проводить комплексную количественную оценку состояния микробиоты репродуктивного тракта партнеров с помощью исследований линеек Андрофлор® и Фемофлор®.

Пример обследования супружеской пары с применением исследований Андрофлор® и Фемофлор®16

Пациент обратился с жалобами на боль в области головки полового члена и покраснение крайней плоти. У его партнерши наблюдались зуд и раздражение гениталий после полового контакта.

С использованием тест-системы Андрофлор® был исследован образец соскоба из уретры, полученный от мужчины. Образец вагинального соскоба, полученный от женщины, был исследован с использованием тест-системы Фемофлор®16.

Исследование микрофлоры урогенитального тракта мужчин методом ПЦР в режиме реального времени Андрофлор®

Дата
Номер пробирки
Ф.И.О. пациента
Пол
Возраст
Организация
Врач
Примечание



Информация о лаборатории

Идентификатор образца:

№	Название исследования	Результат		% от ОБМ
		Количественный	Относительный Lg (X/ОБМ)	
	Геномная ДНК человека	10 ^{5.7}	<input type="checkbox"/>	
1	Общая бактериальная масса	10 ^{4.5}	<input type="checkbox"/>	
ТРАНЗИТОРНАЯ МИКРОФЛОРА				
2	Lactobacillus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
НОРМОФЛОРА				
3	Staphylococcus spp.	не выявлено		
4	Streptococcus spp.	не выявлено		
5	Corynebacterium spp.	10 ^{3.1}	-1,4 (3-5%)	
	Сумма: Нормофлора	10 ^{3.1}	-1,4 (3-5%)	<input type="checkbox"/>
УПМ, ассоциированные с баквагинозом				
6	Gardnerella vaginalis	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
7	Megasphaera spp. / Veillonella spp. / Dialister spp.	10 ^{3.6}	-0,9 (11-14%)	<input type="checkbox"/>
8	Sneathia spp. / Leptotrichia spp. / Fusobacterium spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
9	Ureaplasma urealyticum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
10	Ureaplasma parvum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
11	Mycoplasma hominis *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
12	Atopobium cluster	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
	Сумма: УПМ, ассоциированные с баквагинозом	10 ^{3.6}	-0,9 (11-14%)	<input type="checkbox"/>
УПМ анаэробы				
13	Bacteroides spp. / Porphyromonas spp. / Prevotella spp.	10 ^{4.3}	-0,2 (54-73%)	<input type="checkbox"/>
14	Anaerococcus spp.	10 ^{3.8}	-0,7 (17-23%)	<input type="checkbox"/>
15	Peptostreptococcus spp. / Parvimonas spp.	10 ^{3.6}	-1,1 (7-9%)	<input type="checkbox"/>
16	Eubacterium spp.	10 ^{4.3}	-0,2 (54-73%)	<input type="checkbox"/>
	Сумма: УПМ анаэробы	10 ^{4.7}	0,2 (85-100%)	<input type="checkbox"/>
УПМ Haemophilus spp.				
17	Haemophilus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.				
18	Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.				
19	Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.	10 ^{3.3}	-1,2 (5-7%)	<input type="checkbox"/>
ДРОЖЖЕВЫЕ ГРИБЫ				
20	Candida spp. *	10 ^{3.2}	<input type="checkbox"/>	
ПАТОГЕНЫ				
21	Mycoplasma genitalium **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
22	Trichomonas vaginalis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
23	Neisseria gonorrhoeae **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
24	Chlamydia trachomatis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	

* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения

Заключение:

ДНК патогенных микроорганизмов не выявлена.

ОБНАРУЖЕНО: Candida spp.

Структура бактериального микробиома не соответствует норме: присутствуют условно-патогенные микроорганизмы.

Исследование биоценоза урогенитального тракта Фемофлор®16

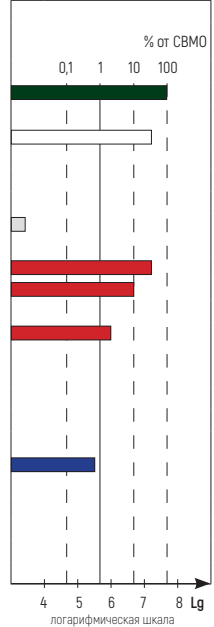
Дата
Номер пробирики
Ф.И.О. пациента
Пол
Возраст
Организация
Врач
Примечание



Информация о лаборатории

Идентификатор образца:

№	Название исследования	Результат		
		Количественный	Относительный Lg (X/СВМО)	
	Контроль взятия материала	10 ^{6,8}	<input type="checkbox"/>	
1	Общая бактериальная масса	10 ^{7,7}	<input type="checkbox"/>	
НОРМОФЛОРА				
2	<i>Lactobacillus</i> spp.	10 ^{7,3}	-0,3 (39-53%)	■
ФАКУЛЬТАТИВНО-АНАЭРОБНЫЕ МИКРООРГАНИЗМЫ				
3	сем. Enterobacteriaceae	не выявлено		<input type="checkbox"/>
4	<i>Streptococcus</i> spp.	не выявлено		<input type="checkbox"/>
5	<i>Staphylococcus</i> spp.	10 ^{3,3}	-4,3 (<0,1%)	<input type="checkbox"/>
ОБЛИГАТНО-АНАЭРОБНЫЕ МИКРООРГАНИЗМЫ				
6	<i>Gardnerella vaginalis</i> + <i>Prevotella bivia</i> + <i>Porphyromonas</i> spp.	10 ^{7,2}	-0,4 (31-42%)	■
7	<i>Eubacterium</i> spp.	10 ^{6,8}	-0,8 (12-17%)	■
8	<i>Sneathia</i> spp. + <i>Leptotrichia</i> spp. + <i>Fusobacterium</i> spp.	не выявлено		<input type="checkbox"/>
9	<i>Megasphaera</i> spp. + <i>Veillonella</i> spp. + <i>Dialister</i> spp.	10 ^{6,0}	-1,6 (2,0-2,7%)	■
10	<i>Lachnobacterium</i> spp. + <i>Clostridium</i> spp.	не выявлено		<input type="checkbox"/>
11	<i>Mobiluncus</i> spp. + <i>Corynebacterium</i> spp.	не выявлено		<input type="checkbox"/>
12	<i>Peptostreptococcus</i> spp.	не выявлено		<input type="checkbox"/>
13	<i>Atopobium</i> vaginae	не выявлено		<input type="checkbox"/>
ДРОЖЖЕПОДОБНЫЕ ГРИБЫ				
14	<i>Candida</i> spp. *	10 ^{5,6}		■
МИКОПЛАЗМЫ				
15	<i>Mycoplasma hominis</i> *	не выявлено		<input type="checkbox"/>
16	<i>Ureaplasma</i> (<i>urealyticum</i> + <i>parvum</i>) *	не выявлено		<input type="checkbox"/>
ПАТОГЕННЫЕ МИКРООРГАНИЗМЫ				
17	<i>Mycoplasma genitalium</i> **	не выявлено		<input type="checkbox"/>



* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения

Заключение:

УМЕРЕННЫЙ АНАЭРОБНЫЙ ДИСБИОЗ

Патогенные микроорганизмы не были выявлены ни у одного из партнеров.

У партнеров наблюдалось снижение содержания нормобиоты с повышением числа анаэробных условно-патогенных микроорганизмов. У женщины присутствовали грибы рода *Candida* в клинически значимом количестве.

По результатам исследований Андрофлор® и Фемофлор®16 была назначена и проведена эффективная этиотропная терапия у обоих партнеров.

ВЗЯТИЕ БИОМАТЕРИАЛА

Для получения корректных результатов ПЦР в реальном времени большое значение имеет преаналитический этап: подготовка пациента к исследованию, выбор и качество взятия биоматериала, условия хранения образца и его транспортировки в лабораторию.

Выбор биоматериала для проведения исследований Андрофлор® и Андрофлор® Скрин зависит от целей диагностики (табл. 1).

Важно учитывать специальные **правила подготовки к исследованию**:

- Рекомендуется **половое воздержание или применение барьерной контрацепции** в течение **3 дней** перед исследованием для минимизации риска контаминации материала микробиотой полового партнера.
- Следует **исключить использование антисептиков**, в том числе антибактериального мыла.

Назначение исследования при приеме антибиотиков возможно (например, для мониторинга терапии), но необходимо учитывать, что антибиотикотерапия может повлиять на результаты.

Особенности взятия образцов биоматериала для исследования Андрофлор®

Исследование ДНК микроорганизмов методом ПЦР в режиме реального времени относится к прямым лабораторным методам, поэтому биоматериал необходимо получать из локализаций, максимально близких к предполагаемому очагу инфекционного процесса.

Таблица 1: рекомендуемый биоматериал и техника его взятия для исследования

БИО-МАТЕРИАЛ	ЦЕЛЬ ДИАГНОСТИКИ	ОСОБЕННОСТИ ПОДГОТОВКИ	ПРАВИЛА ВЗЯТИЯ
Соскоб с головки полового члена, крайней плоти, препуциального мешка, уретры	Выявление этиологии острых и хронических инфекционно-воспалительных процессов нижних отделов мочеполового тракта (уретрит, баланопостит)	<p>Перед взятием биоматериала пациенту рекомендуется воздержаться от мочеиспускания в течение 1,5–2 часов.</p> <p>Важно взять максимальное количество эпителиальных клеток и минимальное количество слизи</p>	<p>Соскоб выполняют стерильным одноразовым урогенитальным зондом. После взятия биоматериала зонд погружают в пластиковую пробирку объемом 1,5 мл с транспортной средой. Тщательно ополаскивают зонд в транспортной среде, после чего вращательными движениями отжимают зонд о край пробирки, зонд выбрасывают. Зонд не обламывают, в пробирке не оставляют.</p> <p>Детали взятия соскоба из уретры Непосредственно перед взятием биоматериала необходимо обработать наружное отверстие уретры тампоном, который можно смочить стерильным физиологическим раствором. При наличии свободных выделений из уретры биоматериал получают через 15–20 минут после мочеиспускания. Зонд вводят в уретру на глубину до 5 см, затем осторожными вращательными движениями продвигают к наружному отверстию уретры</p>
Моча	Выявление этиологии острых воспалительных процессов (только ИППП), ассоциированных с выраженностью болезненностью введения уретральных зондов в уретру	В отсутствие острого воспаления количество клеток человека в образце может быть очень малым и параметр ГДЧ будет ниже порогового значения	Первую порцию мочи (в минимально возможном количестве, до 10–15 мл) собирают в специальную сухую стерильную емкость объемом до 60 мл с герметично закрывающейся крышкой
	Диагностика мочевых инфекций	Лучше назначать исследование БакСкрин УПМ , так как оно включает в себя микроорганизмы, ассоциированные с инфекциями мочевыводящих путей	
Эякулят	Диагностика эпидидимитов, простатитов, ИППП с бессимптомным течением, мужское бесплодие	Эякулят не должен быть получен путем прерванного полового акта (возможна примесь транзиторной микрофлоры) или из презерватива (компоненты смазки ингибируют ПЦР)	Эякулят собирается пациентом только путем ручной мастурбации в стерильный контейнер объемом до 60 мл, может быть получен в лаборатории или дома. Взятый биоматериал необходимо хранить в холодильнике не более суток или заморозить

БИО-МАТЕРИАЛ	ЦЕЛЬ ДИАГНОСТИКИ	ОСОБЕННОСТИ ПОДГОТОВКИ	ПРАВИЛА ВЗЯТИЯ
Секрет простаты	Диагностика эпидидимитов, простатитов, ИППП с бессимптомным течением, мужское бесплодие	<p>Рекомендуется половое воздержание в течение 3 суток до исследования.</p> <p>При подозрении на острый простатит выполнять массаж простаты категорически запрещено!</p>	<p>Головку полового члена обрабатывают стерильным ватным тампоном, смоченным физиологическим раствором.</p> <p>Секрет простаты собирают после предварительного массажа простаты через прямую кишку, массаж проводит врач посредством энергичного надавливающего движения от основания к верхушке железы. Выделившийся простатический секрет в виде свободной стекающей капли (0,5–1,0 мл) собирают в одноразовую сухую стерильную пробирку объемом 2 мл или контейнер объемом до 60 мл</p>
Остаточная моча после массажа простаты	Диагностика эпидидимитов, простатитов, ИППП с бессимптомным течением, мужское бесплодие	<p>Рекомендуется половое воздержание в течение 3 суток до исследования.</p> <p>При подозрении на острый простатит выполнять массаж простаты категорически запрещено!</p>	<p>Пациент мочится в туалете, оставляя часть мочи в мочевом пузыре. Перед сбором мочи головку полового члена обрабатывают стерильным ватным тампоном, смоченным физиологическим раствором.</p> <p>В течение 1–3 минут пациенту проводят массаж предстательной железы, интенсивность массажа зависит от консистенции простаты: при мягкой предстательной железе осуществляют несильные надавливания, при плотной консистенции простаты силу давления увеличивают.</p> <p>После массажа простаты пациент собирает первые 10–15 мл мочи в стерильный пластиковый контейнер для сбора мочи объемом до 60 мл</p>
Биопсийный материал из ткани простаты	Диагностика эпидидимитов, простатитов, ИППП с бессимптомным течением, мужское бесплодие		Биопсийный материал помещают в стерильную пробирку со стерильным физиологическим раствором или водой (не более 0,5 мл) или в пустую стерильную пробирку

Условия хранения и транспортировки биоматериала



Биоматериал для выполнения ПЦР-исследования допустимо хранить при температуре от 2 °С до 8 °С в течение 24 часов, поэтому образец необходимо передать в лабораторию в течение суток или заморозить.

Допускается хранение замороженного материала при температуре от -18 °С до -22 °С не более одного месяца.

ИНФОРМАЦИЯ ДЛЯ ЛАБОРАТОРИЙ ОБ ИССЛЕДОВАНИИ ЭЯКУЛЯТА:

При выделении ДНК из эякулята рекомендуется использовать 100 мкл образца.

Для выделения ДНК из эякулята рекомендуется использовать набор ПРОБА-МЧ МАКС. Также возможно проводить выделение ДНК с применением наборов ПРОБА-НК-ПЛЮС и ПРОБА-ГС-ПЛЮС.

АНАЛИЗ РЕЗУЛЬТАТОВ



В качестве единицы измерения в исследовании Андрофлор® используется геном-эквивалент (ГЭ) / образец. ГЭ — это количество генетического материала, соответствующее одному геному микроорганизма, единица измерения метода ПЦР похожа на КОЕ в микробиологическом посеве. Если необходимо установить соотношения микроорганизмов в микробиоте, то для этого используются относительные величины, доли.

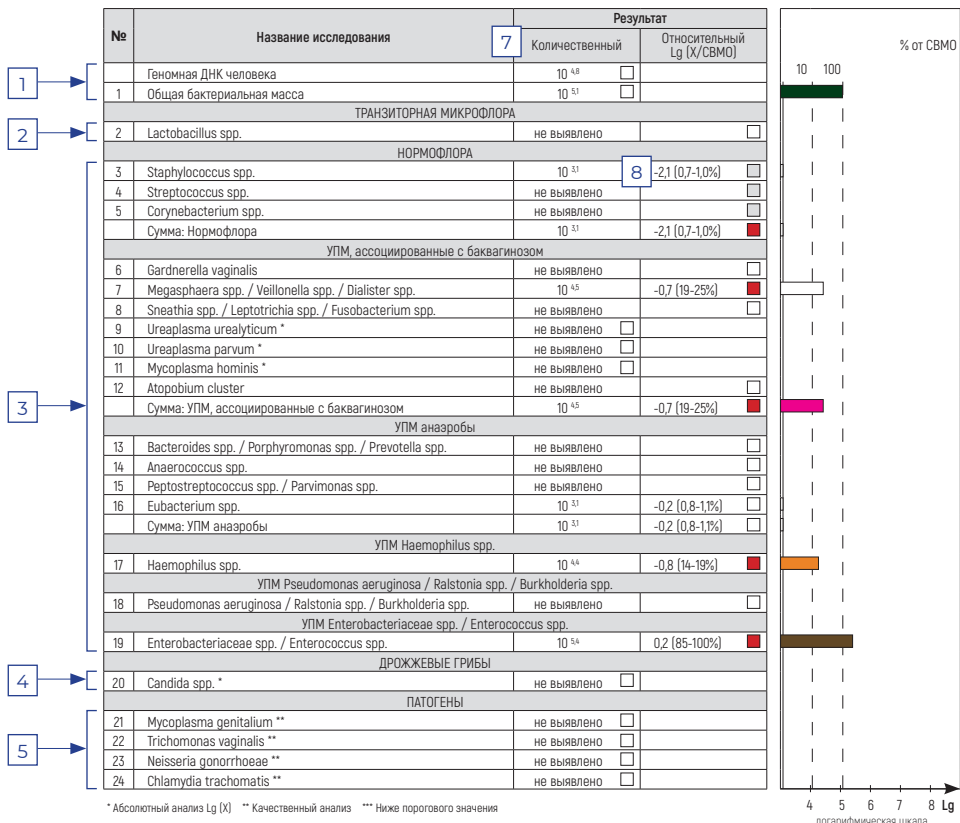
В исследованиях линейки Андрофлор® значения показателей представлены в двух форматах: абсолютном и относительном.

- Абсолютные значения выражены в геном-эквивалентах (ГЭ / образец) и для микроорганизмов пропорциональны микробной обсемененности урогенитального биотопа.
- Относительные значения выражены в % и представляют долю каждого из таксонов в общем количестве бактерий. Значения представлены в виде диапазонов с учетом погрешности метода. ПЦР для каждого из микроорганизмов проводится независимо, в том числе и для показателя ОБМ (общая бактериальная масса), поэтому сумма относительных значений не обязательно будет равна 100%, складывать относительные значения некорректно.

Памятка для чтения бланков

На схемах ниже представлены памятки для чтения бланков Андрофлор® и Андрофлор® Скрин

Андрофлор®



* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения

Заключение:

ДНК патогенных микроорганизмов не выявлена.

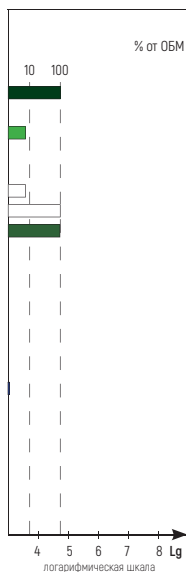
ДНК дрожжевых грибов Candida spp. не выявлена.

Структура бактериального микробиома не соответствует норме: баланс нормальной и условно-патогенной микрофлоры значительно нарушен – преобладают «УПМ Enterobacteriaceae / Enterococcus».

Андрофлор® Скрин

№	Название исследования	Результат	
		Количественный	Относительный Lg (X/ОБМ)
1	Геномная ДНК человека	10 ^{4.9}	<input type="checkbox"/>
	Общая бактериальная масса	10 ^{8.8}	<input type="checkbox"/>
ТРАНЗИТОРНАЯ МИКРОФЛОРА			
2	Lactobacillus spp.	10 ^{5.5}	-1.2 (5-7%) <input type="checkbox"/>
НОРМОФЛОРА			
3	Staphylococcus spp.	не выявлено	
4	Streptococcus spp.	10 ^{5.5}	-1.2 (5-7%) <input type="checkbox"/>
5	Corynebacterium spp.	10 ^{5.8}	-0.1 (85-100%) <input type="checkbox"/>
	Сумма: Нормофлора	10 ^{5.8}	-0.1 (85-100%) <input checked="" type="checkbox"/>
УПМ, ассоциированные с баквагинозом			
6	Gardnerella vaginalis	не выявлено	<input type="checkbox"/>
7	Ureaplasma urealyticum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>
8	Ureaplasma parvum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>
9	Mycoplasma hominis *	не выявлено	<input type="checkbox"/>
	Сумма: УПМ, ассоциированные с баквагинозом	не выявлено	<input type="checkbox"/>
УПМ Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.			
10	Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.	10 ^{5.1}	-1.6 (2.1-2.9%) <input checked="" type="checkbox"/>
ДРОЖЖЕВЫЕ ГРИБЫ			
11	Candida spp. *	ниже ПЗ ***	<input type="checkbox"/>
ПАТОГЕНЫ			
12	Mycoplasma genitalium **	не выявлено	<input type="checkbox"/>
13	Trichomonas vaginalis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>
14	Neisseria gonorrhoeae **	не выявлено	<input type="checkbox"/>
15	Chlamydia trachomatis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>

* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения



Заключение:

ДНК патогенных микроорганизмов не выявлена.
Candida spp. ниже порогового значения.
Структура бактериального микробиома соответствует норме.

- 1 Оценка биоматериала
 - Количество клеток человека
 - Количество бактерий
- 2 Оценка транзитной микрофлоры
 - Маркер наличия женской микрофлоры
- 3 Оценка структуры микробиома
 - Количество нормофлоры
 - Количество условно-патогенных микроорганизмов
- 4 Оценка дрожжевых грибов
- 5 Оценка патогенов
- 6 Краткое заключение
- 7 Абсолютные значения – число копий на образец
Относительные значения – доля группы микроорганизмов в СВМО/ОБМ
- 8 Процентное содержание микроорганизмов в образце с учетом погрешности

- В графе «Относительный Lg» отрицательное значение, когда содержание ДНК микроорганизма меньше показателя общей бактериальной массы
- Проценты в графе «Относительный Lg» складывать неинформативно. Сумма не равна 100%

Контрольные показатели качества взятия биоматериала

Геномная ДНК человека (ГДЧ) — количество ДНК человека в образце. Значение ГДЧ может различаться в разных типах биоматериала, например, в моче оно может быть очень низким (в норме, при хронических формах простатитов) или высоким (при острых уретритах).

Общая бактериальная масса (ОБМ) — общее количество бактерий в образце. Данный показатель используется для оценки структуры микробиома путем определения долей конкретных микроорганизмов и групп микроорганизмов в ОБМ.

Важно учитывать, что *Candida spp.* (дрожжевые грибы) и *Trichomonas vaginalis* (простейшее, одноклеточный паразит) не являются бактериями и не входят в состав ОБМ.

Сумма выделенных микроорганизмов (СВМО) — это математически вычисляемый параметр, который используется для оценки соотношений групп микроорганизмов в образце.

- **ВАЖНО!** Если в образце биоматериала **одновременно показатели ОБМ и ГДЧ ниже пороговых значений**, дальнейший анализ структуры микробиома не проводится, т.к. нет подтверждения, что биоматериал был взят корректно. Интерпретировать результат исследования может только лечащий врач, исходя из особенностей клинической ситуации. При положительном результате исследования по выявлению облигатных патогенов и определению *Candida spp.* будут являться корректными. В таких случаях может быть рекомендовано повторное взятие биоматериала с обязательным соблюдением правил подготовки пациента к исследованию.
- Если **хотя бы один** из показателей ОБМ и ГДЧ имеет значение выше порогового, то автоматический анализ структуры микробиома может быть выполнен.

Разбор примеров бланков результатов на странице 18.

Транзиторная микробиота (микрофлора) (*Lactobacillus spp.*)

В качестве маркера присутствия в половых путях пациента микробиоты его партнерши оценивается наличие бактерий *Lactobacillus spp.* и их доля в ОБМ.

Lactobacillus spp. могут выявляться в течение нескольких дней после незащищенного полового контакта при исследовании биоматериала мужчины с использованием тест-систем Андрофлор® и Андрофлор® Скрин.

В случае, если содержание *Lactobacillus spp.* в образце выше порогового значения (10% от ОБМ), анализ структуры микробиоты не проводится. Это связано с тем, что истинный состав микробиоты мужчины может быть искажен присутствием значительного количества микробиоты женщины, что особенно важно учитывать при диагностике хронических заболеваний урогенитального тракта. В заключении указывается на некорректную подготовку к взятию биоматериала и рекомендуется повторное взятие биоматериала при условии защищенных половых контактов или полового воздержания в течение 3 дней.

В клинической практике встречаются пациенты, у которых присутствует значительное количество *Lactobacillus spp.* в эякуляте даже при соблюдении всех правил взятия биоматериала. Обнаружение *Lactobacillus spp.* в эякуляте может служить дополнительным маркером нарушения гормонального фона у мужчины даже при нормальных показателях спермограммы [1].

Необходимо также учитывать, что условно-патогенные микроорганизмы, в том числе ассоциированные с бактериальным вагинозом, могут быть частью микробиоты партнера и вызывать острое воспаление нижних отделов урогенитального тракта у мужчины.

Структура бактериального микробиома

Нормобиота (нормофлора)

Нормобиота урогенитального тракта мужчин представлена бактериями родов *Staphylococcus*, *Streptococcus* и *Corynebacterium*. В норме все три группы суммарно должны составлять большую долю ОБМ. При этом доминирование только одной группы при достаточной ОБМ не является вариантом нормы и свидетельствует о нарушении структуры бактериального микробиома.

Условно-патогенные микроорганизмы

УПМ можно разделить на несколько групп:

- УПМ, ассоциированные с баквагинозом,
- УПМ анаэробы,
- УПМ *Haemophilus spp.*,
- УПМ *Pseudomonas aeruginosa* / *Ralstonia spp.* / *Burkholderia spp.*,
- УПМ *Enterobacteriaceae spp.* / *Enterococcus spp.*

УПМ, ассоциированные с баквагинозом, включают в себя облигатных анаэробов и генитальные микоплазмы, классических возбудителей бактериального вагиноза у женщин, и могут вызывать воспаление в урогенитальном тракте мужчины.

[1] Почерников Д. Г., Постовойтенко Н. Т., Гетьман В. В., Галкина И. С.. Диагностическая значимость выявления *Lactobacillus spp.* в эякуляте. ВЕСТНИК РГМУ 3, 2020.

Условно-патогенные микоплазмы (*Ureaplasma urealyticum*, *Ureaplasma parvum*, *Mycoplasma hominis*) и дрожжевые грибы *Candida spp.*: для этих показателей в бланке приводятся только абсолютные значения, относительная оценка не проводится, так как их клиническая значимость определяется по количественному содержанию в образце вне зависимости от их доли в ОБМ.

Для остальных представителей УПМ определяется доля в ОБМ.

- ! Присутствие дрожжевых грибов рода *Candida* не учитывается в структуре бактериальной микробиоты (показатель не входит в состав ОБМ)

Облигатные патогены

Облигатные патогены (***Mycoplasma genitalium*, *Trichomonas vaginalis*, *Neisseria gonorrhoeae*, *Chlamydia trachomatis***) являются возбудителями ИППП. Их присутствие в любом количестве не является нормой, поэтому результат их детекции выдается в качественном формате. Анализ облигатных патогенов не зависит от других показателей, в том числе контрольных (ОБМ, ГДЧ, транзиторная микрофлора).

Схема трактовки



ГДЧ: количество ДНК (клеток) человека в биоматериале.
Показатель определяется по результатам ПЦР.



ОБМ: количество бактерий в биоматериале.
Показатель определяется по результатам ПЦР.



СВМО: сумма выделенных микроорганизмов, входящих в тест Андрофлор® или Андрофлор®Скрин.
Показатель является математически вычисленным.
Может не совпадать с ОБМ.

1-й шаг — оценка присутствия облигатных патогенов и *Candida spp.*

Указываются в заключении даже при недостаточном количестве биоматериала

Облигатные патогены



Не выявлено



ОБНАРУЖЕНО

Candida spp.



Ниже ПЗ*



10^3-10^4



$>10^4$

2-й шаг — контроль соответствия биоматериала условиям анализа

1. ГДЧ  $>10^3$



Если и ОБМ, и ГДЧ ниже ПЗ, выдается заключение о недостаточном количестве биоматериала

2. ОБМ  $>10^4$



! ОБМ  10^4-10^5

Низкие значения, возможны математические погрешности

3. *Lactobacillus spp.*



Не выявлено



10^n



$>10\%$

3-й шаг — оценка баланса нормальной и условно-патогенной микрофлоры

Соответствует норме

- ✓ Доминирование нормофлоры
- ✓ Нормофлора представлена 2+ родами микроорганизмов при ОБМ $>10^5$
- ✓ Нормофлора представлена 1 родом микроорганизмов при ОБМ $<10^5$

Не соответствует норме

- ✓ Низкая обсемененность образца
- ✗ Содержание нормофлоры снижено
- ✗ Доминирование УПМ
- ✗ Нормофлора представлена 1 родом микроорганизмов при ОБМ $>10^5$

4-й шаг — формирование автоматического заключения

- Наличие патогенов
- Присутствие *Candida spp.*
- Оценка структуры бактериального микробиома с определением преобладающей группы

* Ниже ПЗ (ниже порогового значения) – ниже уровня значимости.

ПРИМЕРЫ БЛАНКОВ РЕЗУЛЬТАТОВ

1. Структура бактериального микробиома соответствует норме

ЧТО СЧИТАЕТСЯ НОРМОЙ ДЛЯ МУЖСКОГО УРОГЕНИТАЛЬНОГО ТРАКТА?

Нормой считается доминирование нормобиоты (нормофлоры) в образце при отсутствии патогенов. Допустимо незначительное содержание условно-патогенных бактерий.

При этом нормобиота должна быть представлена более чем одной группой микроорганизмов (пример 1). В случае, когда при высоком уровне обсемененности наблюдается только один представитель нормобиоты, идет речь о нарушении структуры микробиома (пример 7).

Особенности трактовки нормы при низкой обсемененности образца (ОБМ $<10^5$)

- В некоторых случаях при достаточном для проведения анализа содержании ДНК человека (при ГДЧ выше пороговых значений) в образце не выявляются микроорганизмы. Особенно часто это встречается при исследовании эякулята. Такие результаты трактуются как вариант нормы (примеры 3–5).
- При низкой обсемененности присутствие только одной группы нормобиоты считается вариантом нормы (пример 6).

- ! Присутствие *Candida spp.* указывается отдельно и не учитывается в структуре бактериального микробиома, клиническая трактовка результата производится лечащим врачом (пример 2).

Пример 1. Исследование Андрофлор®

№	Название исследования	Результат		% от СВМО
		Количественный	Относительный Lg (X/СВМО)	
	Геномная ДНК человека	10 ^{4,6}	<input type="checkbox"/>	
1	Общая бактериальная масса	10 ^{4,8}	<input type="checkbox"/>	
ТРАНЗИТОРНАЯ МИКРОФЛОРА				
2	Lactobacillus spp.	10 ^{3,1}	-1,5 (3-4%)	<input type="checkbox"/>
НОРМОФЛОРА				
3	Staphylococcus spp.	10 ^{4,8}	0,2 (85-100%)	
4	Streptococcus spp.	не выявлено		
5	Corynebacterium spp.	10 ^{4,5}	-0,1 (68-91%)	
	Сумма: Нормофлора	10 ^{5,0}	0,4 (85-100%)	<input checked="" type="checkbox"/>
УПМ, ассоциированные с баквагинозом				
6	Gardnerella vaginalis	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
7	Megasphaera spp. / Veillonella spp. / Dialister spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
8	Sneathia spp. / Leptotrichia spp. / Fusobacterium spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
9	Ureaplasma urealyticum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
10	Ureaplasma parvum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
11	Mycoplasma hominis *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
12	Atopobium cluster	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
	Сумма: УПМ, ассоциированные с баквагинозом	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ анаэробы				
13	Bacteroides spp. / Porphyromonas spp. / Prevotella spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
14	Anaerococcus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
15	Peptostreptococcus spp. / Parvimonas spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
16	Eubacterium spp.	10 ^{3,4}	-1,2 (5-7%)	<input type="checkbox"/>
	Сумма: УПМ анаэробы	10 ^{3,4}	-1,2 (5-7%)	<input type="checkbox"/>
УПМ Haemophilus spp.				
17	Haemophilus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.				
18	Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.				
19	Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
ДРОЖЖЕВЫЕ ГРИБЫ				
20	Candida spp. *	ниже ПЗ ***	<input type="checkbox"/>	
ПАТОГЕНЫ				
21	Mycoplasma genitalium **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
22	Trichomonas vaginalis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
23	Neisseria gonorrhoeae **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
24	Chlamydia trachomatis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	

* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения

Заключение:

ДНК патогенных микроорганизмов не выявлена.

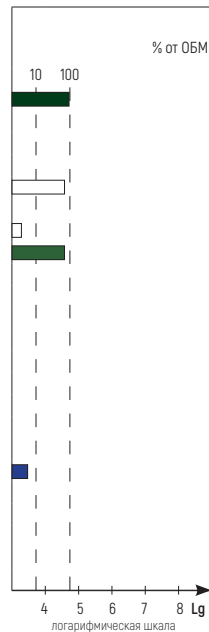
Candida spp. ниже порогового значения.

Структура бактериального микробиома соответствует норме.

Пример 2. Исследование Андрофлор® Скрин

№	Название исследования	Результат		% от ОБМ
		Количественный	Относительный Lg (X/ОБМ)	
	Геномная ДНК человека	10 ^{5,0}	<input type="checkbox"/>	
1	Общая бактериальная масса	10 ^{4,8}	<input type="checkbox"/>	
ТРАНЗИТОРНАЯ МИКРОФЛОРА				
2	<i>Lactobacillus</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
НОРМОФЛОРА				
3	<i>Staphylococcus</i> spp.	10 ^{4,7}	-0,1 (68-91%)	
4	<i>Streptococcus</i> spp.	не выявлено		
5	<i>Corynebacterium</i> spp.	10 ^{3,2}	-1,6 (2,1-2,9%)	
	Сумма: Нормофлора	10 ^{4,7}	-0,1 (70-94%)	
УПМ, ассоциированные с баквагинозом				
6	<i>Gardnerella vaginalis</i>	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
7	<i>Ureaplasma urealyticum</i> *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
8	<i>Ureaplasma parvum</i> *	ниже ПЗ ***	<input type="checkbox"/>	
9	<i>Mycoplasma hominis</i> *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
	Сумма: УПМ, ассоциированные с баквагинозом	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ <i>Enterobacteriaceae</i> spp. / <i>Enterococcus</i> spp.				
10	<i>Enterobacteriaceae</i> spp. / <i>Enterococcus</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
ДРОЖЖЕВЫЕ ГРИБЫ				
11	<i>Candida</i> spp. *	10 ^{3,6}	<input checked="" type="checkbox"/>	
ПАТОГЕНЫ				
12	<i>Mycoplasma genitalium</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
13	<i>Trichomonas vaginalis</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
14	<i>Neisseria gonorrhoeae</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
15	<i>Chlamydia trachomatis</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	

* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения



Заключение:

ДНК патогенных микроорганизмов не выявлена.

ОБНАРУЖЕНО: *Candida* spp.

Структура бактериального микробиома соответствует норме.

ЕСЛИ ОБМ НИЗКАЯ, НУЖНО ЛИ ОТПРАВЛЯТЬ ПАЦИЕНТА НА ПОВТОРНОЕ ВЗЯТИЕ БИОМАТЕРИАЛА?

Низкая ОБМ при прохождении контроля взятия биоматериала (при ГДЧ выше пороговых значений) трактуется как вариант нормы (пример 3). Повторное взятие биоматериала не требуется.

Пример 3. Исследование Андрофлор®

№	Название исследования	Результат		% от ОБМ
		Количественный	Относительный Lg [X/ОБМ]	
	Геномная ДНК человека	10 ^{5.4}	<input type="checkbox"/>	
1	Общая бактериальная масса	10 ^{3.3}	<input type="checkbox"/>	
ТРАНЗИТОРНАЯ МИКРОФЛОРА				
2	Lactobacillus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
НОРМОФЛОРА				
3	Staphylococcus spp.	не выявлено		
4	Streptococcus spp.	не выявлено		
5	Corynebacterium spp.	не выявлено		
	Сумма: Нормофлора	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ, ассоциированные с баквагинозом				
6	Gardnerella vaginalis	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
7	Megasphaera spp. / Veillonella spp. / Dialister spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
8	Sneathia spp. / Leptotrichia spp. / Fusobacterium spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
9	Ureaplasma urealyticum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
10	Ureaplasma parvum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
11	Mycoplasma hominis *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
12	Atopobium cluster	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
	Сумма: УПМ, ассоциированные с баквагинозом	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ анаэробы				
13	Bacteroides spp. / Porphyromonas spp. / Prevotella spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
14	Anaerococcus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
15	Peptostreptococcus spp. / Parvimonas spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
16	Eubacterium spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
	Сумма: УПМ анаэробы	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Haemophilus spp.				
17	Haemophilus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.				
18	Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.				
19	Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
ДРОЖЖЕВЫЕ ГРИБЫ				
20	Candida spp. *	ниже ПЗ ***	<input type="checkbox"/>	
ПАТОГЕНЫ				
21	Mycoplasma genitalium **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
22	Trichomonas vaginalis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
23	Neisseria gonorrhoeae **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
24	Chlamydia trachomatis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	

* Абсолютный анализ Lg [X] ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения

4 5 6 7 8 Lg
логарифмическая шкала

Заключение:

ДНК патогенных микроорганизмов не выявлена.

Candida spp. ниже порогового значения.

Структура бактериального микробиома соответствует норме.

ПОЧЕМУ ОТСУТСТВУЕТ ОБМ?

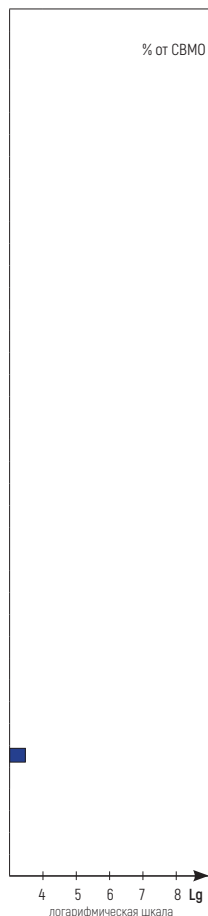
Отсутствие ОБМ при наличии ГДЧ — это **НЕ** показатель недостаточного количества биоматериала. Это может быть вариантом нормы для некоторых типов биоматериала.

В примерах 4 и 5 биоматериал — эякулят. При исследовании Андрофлор® была выявлена ГДЧ, но не выявлено ни ОБМ, ни каких-либо бактерий (*Candida spp.* — это дрожжевые грибы, в ОБМ не входят). В данных случаях биоматериал взят корректно (ГДЧ выше порогового значения), однако эякулят характеризуется низким количеством бактерий. Это вариант нормы.

Пример 4. Исследование Андрофлор®

№	Название исследования	Результат	
		Количественный	Относительный Lg (X/СВМО)
	Геномная ДНК человека	10 ^{4.5}	<input type="checkbox"/>
1	Общая бактериальная масса	не выявлено	<input type="checkbox"/>
ТРАНЗИТОРНАЯ МИКРОФЛОРА			
2	<i>Lactobacillus</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
НОРМОФЛОРА			
3	<i>Staphylococcus</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
4	<i>Streptococcus</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
5	<i>Corynebacterium</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
	Сумма: Нормофлора	не выявлено	<input type="checkbox"/>
УПМ, ассоциированные с баквагинозом			
6	<i>Gardnerella vaginalis</i>	не выявлено	<input type="checkbox"/>
7	<i>Megasphaera</i> spp. / <i>Veillonella</i> spp. / <i>Dialister</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
8	<i>Sneathia</i> spp. / <i>Leptotrichia</i> spp. / <i>Fusobacterium</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
9	<i>Ureaplasma urealyticum</i> *	не выявлено	<input type="checkbox"/>
10	<i>Ureaplasma parvum</i> *	не выявлено	<input type="checkbox"/>
11	<i>Mycoplasma hominis</i> *	не выявлено	<input type="checkbox"/>
12	Atopobium cluster	не выявлено	<input type="checkbox"/>
	Сумма: УПМ, ассоциированные с баквагинозом	не выявлено	<input type="checkbox"/>
УПМ анаэробы			
13	<i>Bacteroides</i> spp. / <i>Porphyromonas</i> spp. / <i>Prevotella</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
14	<i>Anaerococcus</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
15	<i>Peptostreptococcus</i> spp. / <i>Parvimonas</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
16	<i>Eubacterium</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
	Сумма: УПМ анаэробы	не выявлено	<input type="checkbox"/>
УПМ Haemophilus spp.			
17	<i>Haemophilus</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
УПМ <i>Pseudomonas aeruginosa</i> / <i>Ralstonia</i> spp. / <i>Burkholderia</i> spp.			
18	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> / <i>Ralstonia</i> spp. / <i>Burkholderia</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
УПМ Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.			
19	Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
ДРОЖЖЕВЫЕ ГРИБЫ			
20	<i>Candida</i> spp. *	10 ^{3.3}	<input checked="" type="checkbox"/>
ПАТОГЕНЫ			
21	<i>Mycoplasma genitalium</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>
22	<i>Trichomonas vaginalis</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>
23	<i>Neisseria gonorrhoeae</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>
24	<i>Chlamydia trachomatis</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>

* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения



Заключение:

ДНК патогенных микроорганизмов не выявлена.

ОБНАРУЖЕНО: *Candida* spp.

Структура бактериального микробиома соответствует норме.

Пример 5. Исследование Андрофлор®

№	Название исследования	Результат	
		Количественный	Относительный Lg (X/СВМО)
	Геномная ДНК человека	10 ^{5.5}	<input type="checkbox"/>
1	Общая бактериальная масса	не выявлено	<input type="checkbox"/>
ТРАНЗИТОРНАЯ МИКРОФЛОРА			
2	<i>Lactobacillus</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
НОРМОФЛОРА			
3	<i>Staphylococcus</i> spp.	не выявлено	
4	<i>Streptococcus</i> spp.	не выявлено	
5	<i>Corynebacterium</i> spp.	не выявлено	
	Сумма: Нормофлора	не выявлено	<input type="checkbox"/>
УПМ, ассоциированные с баквагинозом			
6	<i>Gardnerella vaginalis</i>	не выявлено	<input type="checkbox"/>
7	<i>Megasphaera</i> spp. / <i>Veillonella</i> spp. / <i>Dialister</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
8	<i>Sneathia</i> spp. / <i>Leptotrichia</i> spp. / <i>Fusobacterium</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
9	<i>Ureaplasma urealyticum</i> *	не выявлено	<input type="checkbox"/>
10	<i>Ureaplasma parvum</i> *	не выявлено	<input type="checkbox"/>
11	<i>Mycoplasma hominis</i> *	не выявлено	<input type="checkbox"/>
12	<i>Atopobium</i> cluster	не выявлено	<input type="checkbox"/>
	Сумма: УПМ, ассоциированные с баквагинозом	не выявлено	<input type="checkbox"/>
УПМ анаэробы			
13	<i>Bacteroides</i> spp. / <i>Porphyromonas</i> spp. / <i>Prevotella</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
14	<i>Anaerococcus</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
15	<i>Peptostreptococcus</i> spp. / <i>Parvimonas</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
16	<i>Eubacterium</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
	Сумма: УПМ анаэробы	не выявлено	<input type="checkbox"/>
УПМ Haemophilus spp.			
17	<i>Haemophilus</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
УПМ <i>Pseudomonas aeruginosa</i> / <i>Ralstonia</i> spp. / <i>Burkholderia</i> spp.			
18	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> / <i>Ralstonia</i> spp. / <i>Burkholderia</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
УПМ Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.			
19	Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
ДРОЖЖЕВЫЕ ГРИБЫ			
20	<i>Candida</i> spp. *	ниже ПЗ ***	<input type="checkbox"/>
ПАТОГЕНЫ			
21	<i>Mycoplasma genitalium</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>
22	<i>Trichomonas vaginalis</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>
23	<i>Neisseria gonorrhoeae</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>
24	<i>Chlamydia trachomatis</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>



* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения

Заключение:

ДНК патогенных микроорганизмов не выявлена.

Candida spp. ниже порогового значения.

Структура бактериального микробиома соответствует норме.

ПОЧЕМУ НА БЛАНКЕ НЕТ ЦВЕТОВОЙ ИНДИКАЦИИ?

В примере 6 на бланке отсутствует цветовая индикация, так как показатель ОБМ $\leq 10^4$ и относительная оценка при таких низких значениях не проводится из-за погрешностей математических расчетов, связанных с особенностью метода ПЦР. Результат данного теста при этом является валидным — ГДЧ выше порогового значения.

Стоит отметить, что в данном случае нормобиота представлена только одной группой бактерий — *Corynebacterium spp.* В данном образце низкая обсемененность (ОБМ $< 10^5$), и это является вариантом нормы.

Пример 6. Исследование Андрофлор® Скрин

№	Название исследования	Результат	
		Количественный	Относительный Lg (X/ОБМ)
1	Геномная ДНК человека	10 ^{4.5}	<input type="checkbox"/>
	Общая бактериальная масса	10 ^{3.8}	<input type="checkbox"/>
ТРАНЗИТОРНАЯ МИКРОФЛОРА			
2	Lactobacillus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
НОРМОФЛОРА			
3	Staphylococcus spp.	не выявлено	
4	Streptococcus spp.	не выявлено	
5	Corynebacterium spp.	10 ^{3.1}	
	Сумма: Нормофлора	10 ^{3.1}	<input type="checkbox"/>
УПМ, ассоциированные с баквагинозом			
6	Gardnerella vaginalis	не выявлено	<input type="checkbox"/>
7	Ureaplasma urealyticum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>
8	Ureaplasma parvum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>
9	Mycoplasma hominis *	не выявлено	<input type="checkbox"/>
	Сумма: УПМ, ассоциированные с баквагинозом	не выявлено	<input type="checkbox"/>
УПМ Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.			
10	Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
ДРОЖЖЕВЫЕ ГРИБЫ			
11	Candida spp. *	не выявлено	<input type="checkbox"/>
ПАТОГЕНЫ			
12	Mycoplasma genitalium **	не выявлено	<input type="checkbox"/>
13	Trichomonas vaginalis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>
14	Neisseria gonorrhoeae **	не выявлено	<input type="checkbox"/>
15	Chlamydia trachomatis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>

% от ОБМ

логарифмическая шкала

* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения

Заключение:

ДНК патогенных микроорганизмов не выявлена.

ДНК дрожжевых грибов Candida spp. не выявлена.

Структура бактериального микробиома соответствует норме.

2. Структура бактериального микробиома не соответствует норме

Нарушение баланса между нормобиотой и условно-патогенной микробиотой указывает на изменение структуры бактериального микробиома. В зависимости от степени снижения нормобиоты и увеличения доли УПМ указывается степень нарушения и тип выявленных УПМ.

АБСОЛЮТНОЕ ДОМИНИРОВАНИЕ ОДНОЙ ИЗ ГРУПП НОРМОБИОТЫ (НОРМОФЛОРЫ)

В случае, когда в нормобиоте представлена только одна группа микроорганизмов при достаточном уровне обсемененности (ОБМ $>10^5$), идет речь о дисбалансе компонентов микробиоты (пример 7). Нормой считается присутствие более чем одной группы бактерий нормобиоты при высокой обсемененности. В случае низкой обсемененности доминирование одного рода не считается нарушением баланса микробиоты (пример 6).

Пример 7. Исследование Андрофлор® Скрин

№	Название исследования	Результат		
		Количественный	Относительный Lg (X/ОБМ)	
	Геномная ДНК человека	$10^{5.6}$	<input type="checkbox"/>	
1	Общая бактериальная масса	$10^{5.1}$	<input type="checkbox"/>	
ТРАНЗИТОРНАЯ МИКРОФЛОРА				
2	Lactobacillus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
НОРМОФЛОРА				
3	Staphylococcus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
4	Streptococcus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
5	Corynebacterium spp.	$10^{4.9}$	-0,2 [54-73%]	
	Сумма: Нормофлора	$10^{4.9}$	-0,2 [54-73%]	■
УПМ, ассоциированные с баквагинозом				
6	Gardnerella vaginalis	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
7	Ureaplasma urealyticum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
8	Ureaplasma parvum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
9	Mycoplasma hominis *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
	Сумма: УПМ, ассоциированные с баквагинозом	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.				
10	Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.	$10^{4.0}$	-1,1 [7-9%]	■
ДРОЖЖЕВЫЕ ГРИБЫ				
11	Candida spp. *	ниже ПЗ ***	<input type="checkbox"/>	
ПАТОГЕНЫ				
12	Mycoplasma genitalium **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
13	Trichomonas vaginalis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
14	Neisseria gonorrhoeae **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
15	Chlamydia trachomatis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	

* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения

Заключение:

ДНК патогенных микроорганизмов не выявлена.

Candida spp. ниже порогового значения.

Структура бактериального микробиома не соответствует норме: абсолютное доминирование Corynebacterium spp. указывает на дисбаланс компонентов нормофлоры.

БАЛАНС НОРМАЛЬНОЙ И УСЛОВНО-ПАТОГЕННОЙ МИКРОБИОТЫ (МИКРОФЛОРЫ) УМЕРЕННО НАРУШЕН

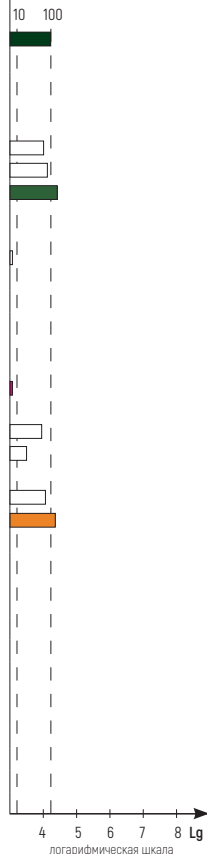
ПОЧЕМУ ЗАКЛЮЧЕНИЯ В ПРИМЕРАХ НИЖЕ РАЗЛИЧАЮТСЯ?
ПОЧЕМУ СУММА ВЫДЕЛЕННЫХ МИКРООРГАНИЗМОВ МОЖЕТ СОСТАВЛЯТЬ БОЛЬШЕ 100%?

В примерах 8 и 9 низкая обсемененность биоматериала (показатель ОБМ $<10^5$), поэтому степень нарушения баланса между нормальной и условно-патогенной микробиотой не анализируется.

В примере 8 ОБМ составляет $10^{4,3}$ — это образец с низкой обсемененностью. При таких низких показателях ОБМ корректно «делить» ее на составляющие невозможно из-за погрешностей расчетов. Также важно учитывать, что при постановке ПЦР-анализа ОБМ определяется в отдельной пробирке независимо от остальных показателей, поэтому возможны незначительные (в диапазоне ошибки метода $\pm 0,3$ lg) числовые расхождения, как в примере 8. В образце выявляются показатели «Сумма: Нормофлора» в количестве $10^{4,5}$ и «Сумма: УПМ анаэробы» в $10^{4,4}$. Показатели процентов в данном случае совпадают. Это допустимая числовая погрешность. В заключении указана информация о присутствии условно-патогенных микроорганизмов.

Пример 8. Исследование Андрофлор®

№	Название исследования	Результат		%
		Количественный	Относительный Lg (X/СВМО)	
	Геномная ДНК человека	10 ^{5.9}	<input type="checkbox"/>	
1	Общая бактериальная масса	10 ^{4.5}	<input type="checkbox"/>	
ТРАНЗИТОРНАЯ МИКРОФЛОРА				
2	<i>Lactobacillus</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
НОРМОФЛОРА				
3	<i>Staphylococcus</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
4	<i>Streptococcus</i> spp.	10 ^{4.1}	<input type="checkbox"/>	-0,2 (54-73%)
5	<i>Corynebacterium</i> spp.	10 ^{4.2}	<input type="checkbox"/>	-0,1 (68-91%)
	Сумма: Нормофлора	10 ^{4.5}	<input type="checkbox"/>	0,2 (85-100%)
УПМ, ассоциированные с баквагинозом				
6	<i>Gardnerella vaginalis</i>	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
7	<i>Megasphaera</i> spp. / <i>Veillonella</i> spp. / <i>Dialister</i> spp.	10 ^{3.1}	<input type="checkbox"/>	-1,2 (5-7%)
8	<i>Sneathia</i> spp. / <i>Leptotrichia</i> spp. / <i>Fusobacterium</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
9	<i>Ureaplasma urealyticum</i> *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
10	<i>Ureaplasma parvum</i> *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
11	<i>Mycoplasma hominis</i> *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
12	Atopobium cluster	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
	Сумма: УПМ, ассоциированные с баквагинозом	10 ^{3.1}	<input type="checkbox"/>	-1,2 (5-7%)
УПМ анаэробы				
13	<i>Bacteroides</i> spp. / <i>Porphyromonas</i> spp. / <i>Prevotella</i> spp.	10 ^{4.0}	<input type="checkbox"/>	-0,3 (43-58%)
14	<i>Anaerococcus</i> spp.	10 ^{3.5}	<input type="checkbox"/>	-0,8 (13-18%)
15	<i>Peptostreptococcus</i> spp. / <i>Parvimonas</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
16	<i>Eubacterium</i> spp.	10 ^{4.1}	<input type="checkbox"/>	-0,2 (54-73%)
	Сумма: УПМ анаэробы	10 ^{4.4}	<input type="checkbox"/>	0,1 (85-100%)
УПМ Haemophilus spp.				
17	<i>Haemophilus</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.				
18	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> / <i>Ralstonia</i> spp. / <i>Burkholderia</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.				
19	Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
ДРОЖЖЕВЫЕ ГРИБЫ				
20	<i>Candida</i> spp. *	ниже ПЗ ***	<input type="checkbox"/>	
ПАТОГЕНЫ				
21	<i>Mycoplasma genitalium</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
22	<i>Trichomonas vaginalis</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
23	<i>Neisseria gonorrhoeae</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
24	<i>Chlamydia trachomatis</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	



* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения

Заключение:

ДНК патогенных микроорганизмов не выявлена.

Candida spp. ниже порогового значения.

Структура бактериального микробиома не соответствует норме: присутствуют условно-патогенные микроорганизмы.

В примере 9 при низкой ОБМ содержание нормобиоты снижено, доминирующая группа в структуре бактериального микробиома — условно-патогенные анаэробные микроорганизмы.

Пример 9. Исследование Андрофлор®

№	Название исследования	Результат		% от СВМО
		Количественный	Относительный Lg (X/СВМО)	
	Геномная ДНК человека	10 ^{5.4}	<input type="checkbox"/>	
1	Общая бактериальная масса	10 ^{4.2}	<input type="checkbox"/>	
ТРАНЗИТОРНАЯ МИКРОФЛОРА				
2	Lactobacillus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
НОРМОФЛОРА				
3	Staphylococcus spp.	не выявлено		
4	Streptococcus spp.	10 ^{3.4}	-0,8 (13-18%)	
5	Corynebacterium spp.	10 ^{3.5}	-0,7 (17-23%)	
	Сумма: Нормофлора	10 ^{3.8}	-0,4 (30-41%)	
УПМ, ассоциированные с баквагинозом				
6	Gardnerella vaginalis	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
7	Megasphaera spp. / Veillonella spp. / Dialister spp.	10 ^{3.3}	-0,9 (11-14%)	
8	Sneathia spp. / Leptotrichia spp. / Fusobacterium spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
9	Ureaplasma urealyticum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
10	Ureaplasma parvum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
11	Mycoplasma hominis *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
12	Atopobium cluster	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
	Сумма: УПМ, ассоциированные с баквагинозом	10 ^{3.3}	-0,9 (11-14%)	
УПМ анаэробы				
13	Bacteroides spp. / Porphyromonas spp. / Prevotella spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
14	Anaerococcus spp.	10 ^{3.7}	-0,5 (27-36%)	
15	Peptostreptococcus spp. / Parvimonas spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
16	Eubacterium spp.	10 ^{3.6}	-0,6 (21-29%)	
	Сумма: УПМ анаэробы	10 ^{4.0}	-0,2 (48-65%)	
УПМ Haemophilus spp.				
17	Haemophilus spp.	10 ^{3.8}	-0,4 (34-46%)	
УПМ Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.				
18	Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.				
19	Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.	10 ^{3.4}	-0,8 (13-18%)	
ДРОЖЖЕВЫЕ ГРИБЫ				
20	Candida spp. *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
ПАТОГЕНЫ				
21	Mycoplasma genitalium **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
22	Trichomonas vaginalis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
23	Neisseria gonorrhoeae **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
24	Chlamydia trachomatis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	

* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения

Заключение:

ДНК патогенных микроорганизмов не выявлена.

ДНК дрожжевых грибов Candida spp. не выявлена.

Структура бактериального микробиома не соответствует норме: присутствуют условно-патогенные микроорганизмы (преобладают условно-патогенные анаэробные микроорганизмы).

В примере 10 показатель ОБМ $>10^5$, содержание нормофлоры снижено, делается вывод о степени нарушения баланса микробиоты — в данном случае баланс нормальной и условно-патогенной микробиоты умеренно нарушен.

Пример 10. Исследование Андрофлор®

№	Название исследования	Результат		% от ОБМ
		Количественный	Относительный Lg (X/ОБМ)	
	Геномная ДНК человека	$10^{5.7}$	<input type="checkbox"/>	
1	Общая бактериальная масса	$10^{5.5}$	<input type="checkbox"/>	
ТРАНЗИТОРНАЯ МИКРОФЛОРА				
2	Lactobacillus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
НОРМОФЛОРА				
3	Staphylococcus spp.	$10^{4.7}$	-0,5 (27-36%)	
4	Streptococcus spp.	$10^{3.9}$	-1,3 (4-6%)	
5	Corynebacterium spp.	$10^{3.6}$	-1,6 (2,1-2,9%)	
	Сумма: Нормофлора	$10^{4.8}$	-0,4 (33-45%)	
УПМ, ассоциированные с баквагинозом				
6	Gardnerella vaginalis	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
7	Megasphaera spp. / Veillonella spp. / Dialister spp.	$10^{3.3}$	-1,9 (1,1-1,4%)	
8	Sneathia spp. / Leptotrichia spp. / Fusobacterium spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
9	Ureaplasma urealyticum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
10	Ureaplasma parvum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
11	Mycoplasma hominis *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
12	Atopobium cluster	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
	Сумма: УПМ, ассоциированные с баквагинозом	$10^{3.3}$	-1,9 (1,1-1,4%)	
УПМ анаэробы				
13	Bacteroides spp. / Porphyromonas spp. / Prevotella spp.	$10^{5.6}$	0,4 (85-100%)	
14	Anaerococcus spp.	$10^{3.7}$	-1,5 (3-4%)	
15	Peptostreptococcus spp. / Parvimonas spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
16	Eubacterium spp.	$10^{3.6}$	-1,6 (2,1-2,9%)	
	Сумма: УПМ анаэробы	$10^{5.6}$	0,4 (85-100%)	
УПМ Haemophilus spp.				
17	Haemophilus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.				
18	Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.				
19	Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.	$10^{4.3}$	-0,9 (1,1-1,4%)	
ДРОЖЖЕВЫЕ ГРИБЫ				
20	Candida spp. *	ниже ПЗ ***	<input type="checkbox"/>	
ПАТОГЕНЫ				
21	Mycoplasma genitalium **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
22	Trichomonas vaginalis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
23	Neisseria gonorrhoeae **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
24	Chlamydia trachomatis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	

* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения

Закключение:

ДНК патогенных микроорганизмов не выявлена.

Candida spp. ниже порогового значения.

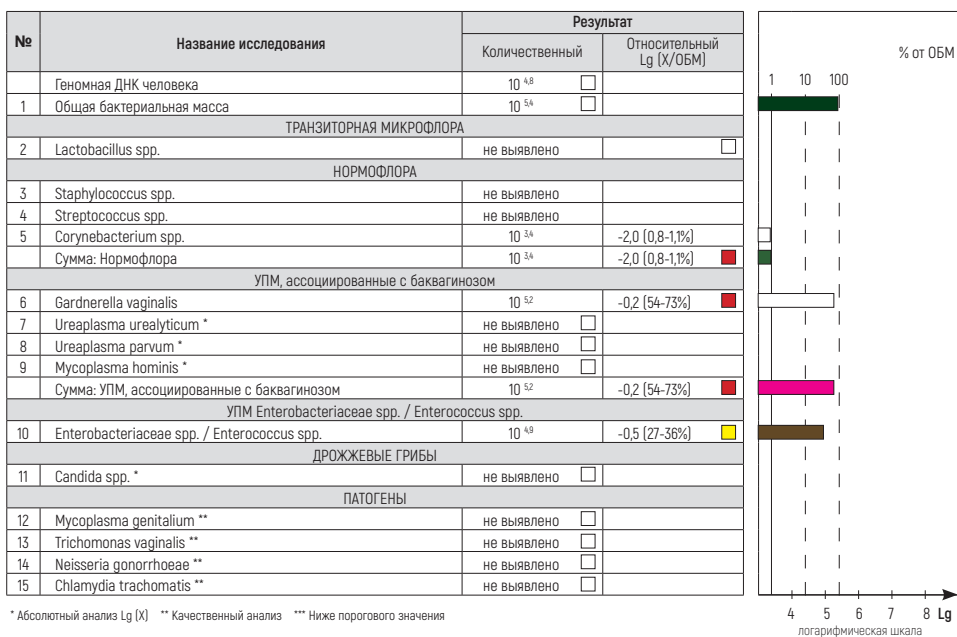
Структура бактериального микробиома не соответствует норме: баланс нормальной и условно-патогенной микрофлоры умеренно нарушен.

БАЛАНС НОРМАЛЬНОЙ И УСЛОВНО-ПАТОГЕННОЙ МИКРОБИОТЫ (МИКРОФЛОРЫ) ЗНАЧИТЕЛЬНО НАРУШЕН

В случае, когда в исследуемом образце нормобиота присутствует в малом количестве и в биотопе доминируют УПМ, делается вывод о значительном нарушении баланса нормальной и условно-патогенной микробиоты (примеры 11, 12 и 13).

В примере 12 в образце также был выявлен патогенный микроорганизм (*Mycoplasma genitalium*), информация об этом вынесена в заключение наряду с выводом о нарушении баланса микрофлоры.

Пример 11. Исследование Андрофлор® Скрин



* Абсолютный анализ Lg [X] ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения

Заключение:

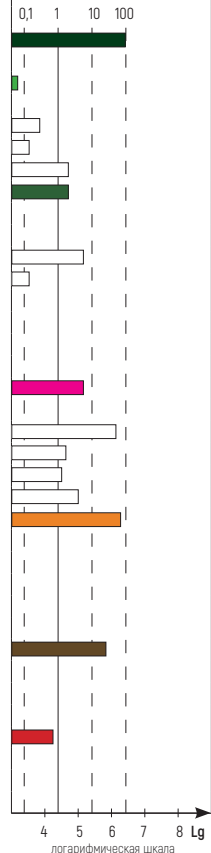
ДНК патогенных микроорганизмов не выявлена.

ДНК дрожжевых грибов *Candida* spp. не выявлена.

Структура бактериального микробиома не соответствует норме: баланс нормальной и условно-патогенной микрофлоры значительно нарушен (преобладают условно-патогенные микроорганизмы, ассоциированные с бактериальным вагинозом).

Пример 12. Исследование Андрофлор®

№	Название исследования	Результат	
		Количественный	Относительный Lg (X/СВМО)
	Геномная ДНК человека	10 ^{4,6}	<input type="checkbox"/>
1	Общая бактериальная масса	10 ^{6,4}	<input type="checkbox"/>
ТРАНЗИТОРНАЯ МИКРОФЛОРА			
2	<i>Lactobacillus</i> spp.	10 ^{3,2}	-3,2 (<0,1%) <input type="checkbox"/>
НОРМОФЛОРА			
3	<i>Staphylococcus</i> spp.	10 ^{3,9}	-2,5 [0,3-0,4%]
4	<i>Streptococcus</i> spp.	10 ^{3,5}	-2,9 (0,1-0,1%)
5	<i>Corynebacterium</i> spp.	10 ^{4,5}	-1,9 (1,1-1,4%)
	Сумма: Нормофлора	10 ^{4,6}	-1,8 [1,4-2,0%] <input checked="" type="checkbox"/>
УПМ, ассоциированные с баквагинозом			
6	<i>Gardnerella vaginalis</i>	не выявлено	<input type="checkbox"/>
7	<i>Megasphaera</i> spp. / <i>Veillonella</i> spp. / <i>Dialister</i> spp.	10 ^{5,2}	-1,2 (5-7%) <input type="checkbox"/>
8	<i>Sneathia</i> spp. / <i>Leptotrichia</i> spp. / <i>Fusobacterium</i> spp.	10 ^{3,5}	-2,9 (0,1-0,1%) <input type="checkbox"/>
9	<i>Ureaplasma urealyticum</i> *	не выявлено	<input type="checkbox"/>
10	<i>Ureaplasma parvum</i> *	не выявлено	<input type="checkbox"/>
11	<i>Mycoplasma hominis</i> *	не выявлено	<input type="checkbox"/>
12	<i>Atopobium</i> cluster	не выявлено	<input type="checkbox"/>
	Сумма: УПМ, ассоциированные с баквагинозом	10 ^{5,2}	-1,2 (5-7%) <input type="checkbox"/>
УПМ анаэробы			
13	<i>Bacteroides</i> spp. / <i>Porphyromonas</i> spp. / <i>Prevotella</i> spp.	10 ^{6,1}	-0,3 (43-58%) <input checked="" type="checkbox"/>
14	<i>Anaerococcus</i> spp.	10 ^{4,7}	-1,7 (1,7-2,3%) <input type="checkbox"/>
15	<i>Peptostreptococcus</i> spp. / <i>Parvimonas</i> spp.	10 ^{4,5}	-1,9 (1,1-1,4%) <input type="checkbox"/>
16	<i>Eubacterium</i> spp.	10 ^{5,1}	-1,3 (4-6%) <input type="checkbox"/>
	Сумма: УПМ анаэробы	10 ^{6,2}	-0,2 (50-67%) <input checked="" type="checkbox"/>
УПМ <i>Haemophilus</i> spp.			
17	<i>Haemophilus</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
УПМ <i>Pseudomonas aeruginosa</i> / <i>Ralstonia</i> spp. / <i>Burkholderia</i> spp.			
18	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> / <i>Ralstonia</i> spp. / <i>Burkholderia</i> spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
УПМ <i>Enterobacteriaceae</i> spp. / <i>Enterococcus</i> spp.			
19	<i>Enterobacteriaceae</i> spp. / <i>Enterococcus</i> spp.	10 ^{5,9}	-0,5 (27-36%) <input checked="" type="checkbox"/>
ДРОЖЖЕВЫЕ ГРИБЫ			
20	<i>Candida</i> spp. *	ниже ПЗ ***	<input type="checkbox"/>
ПАТОГЕНЫ			
21	<i>Mycoplasma genitalium</i> **	ОБНАРУЖЕНО	<input checked="" type="checkbox"/>
22	<i>Trichomonas vaginalis</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>
23	<i>Neisseria gonorrhoeae</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>
24	<i>Chlamydia trachomatis</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>



* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения

Заключение:

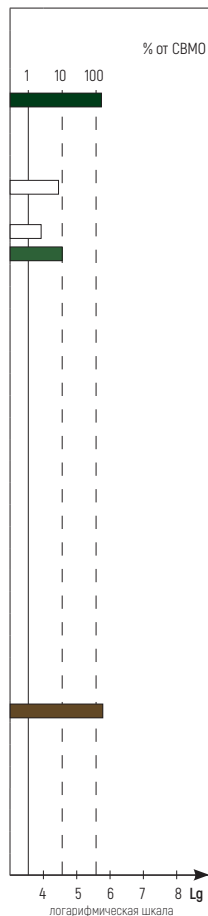
ОБНАРУЖЕНО: *Mycoplasma genitalium*.

Candida spp. ниже порогового значения.

Структура бактериального микробиома не соответствует норме: обнаружены патогенные микроорганизмы, баланс нормальной и условно-патогенной микрофлоры значительно нарушен.

Пример 13. Исследование Андрофлор®

№	Название исследования	Результат	
		Количественный	Относительный Lg (X/СВМО)
	Геномная ДНК человека	10 ^{5,8}	<input type="checkbox"/>
1	Общая бактериальная масса	10 ^{5,7}	<input type="checkbox"/>
ТРАНЗИТОРНАЯ МИКРОФЛОРА			
2	Lactobacillus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
НОРМОФЛОРА			
3	Staphylococcus spp.	10 ^{4,3}	-1,2 (5-7%)
4	Streptococcus spp.	не выявлено	
5	Corynebacterium spp.	10 ^{5,8}	-1,6 (2,1-2,9%)
	Сумма: Нормофлора	10 ^{4,4}	-1,1 (7-10%)
УПМ, ассоциированные с баквагинозом			
6	Gardnerella vaginalis	не выявлено	<input type="checkbox"/>
7	Megasphaera spp. / Veillonella spp. / Dialister spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
8	Sneathia spp. / Leptotrichia spp. / Fusobacterium spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
9	Ureaplasma urealyticum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>
10	Ureaplasma parvum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>
11	Mycoplasma hominis *	не выявлено	<input type="checkbox"/>
12	Atopobium cluster	не выявлено	<input type="checkbox"/>
	Сумма: УПМ, ассоциированные с баквагинозом	не выявлено	<input type="checkbox"/>
УПМ анаэробы			
13	Bacteroides spp. / Porphyromonas spp. / Prevotella spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
14	Anaerococcus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
15	Peptostreptococcus spp. / Parvimonas spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
16	Eubacterium spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
	Сумма: УПМ анаэробы	не выявлено	<input type="checkbox"/>
УПМ Haemophilus spp.			
17	Haemophilus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
УПМ Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.			
18	Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>
УПМ Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.			
19	Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.	10 ^{5,7}	0,2 (85-100%)
ДРОЖЖЕВЫЕ ГРИБЫ			
20	Candida spp. *	ниже ПЗ ***	<input type="checkbox"/>
ПАТОГЕНЫ			
21	Mycoplasma genitalium **	не выявлено	<input type="checkbox"/>
22	Trichomonas vaginalis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>
23	Neisseria gonorrhoeae **	не выявлено	<input type="checkbox"/>
24	Chlamydia trachomatis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>



* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения

Заключение:

ДНК патогенных микроорганизмов не выявлена.

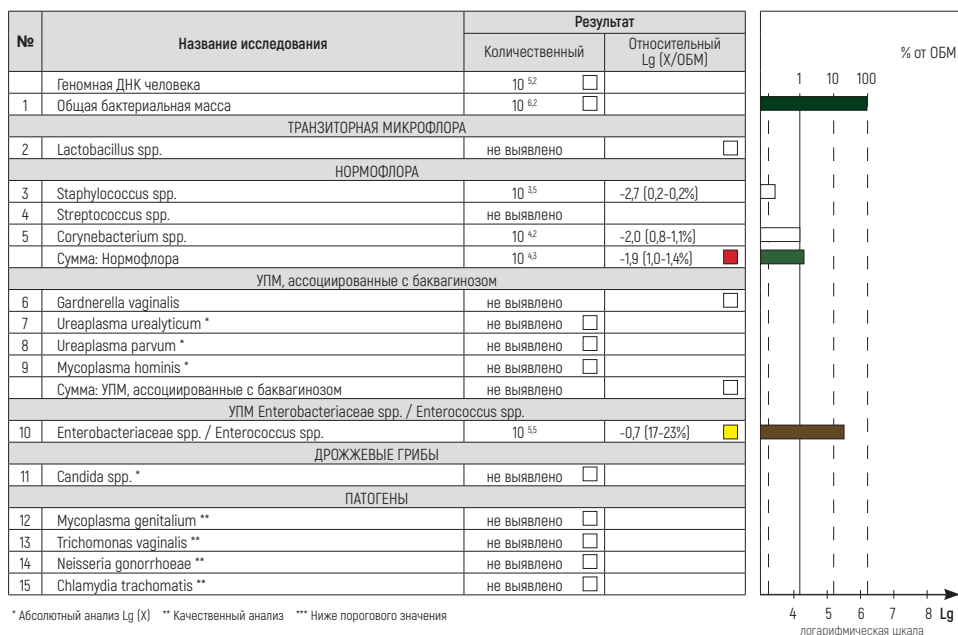
Candida spp. ниже порогового значения.

Структура бактериального микробиома не соответствует норме: баланс нормальный и условно-патогенной микрофлоры значительно нарушен (преобладают Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.).

ЗНАЧИТЕЛЬНОЕ СНИЖЕНИЕ / ОТСУТСТВИЕ НОРМАЛЬНОЙ МИКРОБИОТЫ (МИКРОФЛОРЫ) НЕ ПРОПОРЦИОНАЛЬНО ОТСУТСТВИЮ / НЕЗНАЧИТЕЛЬНОМУ УВЕЛИЧЕНИЮ УСЛОВНО-ПАТОГЕННОЙ МИКРОБИОТЫ

В примере 14 снижение нормальной микробиоты не пропорционально увеличению УПМ. Анализ был проведен с использованием сокращенной версии исследования — Андрофлор® Скрин, который предназначен для скрининга и не включает в себя полный спектр УПМ. По усмотрению врача можно провести дополнительное исследование с использованием тест-системы Андрофлор® с расширенным перечнем УПМ.

Пример 14. Исследование Андрофлор® Скрин



* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения

Заключение:

ДНК патогенных микроорганизмов не выявлена.

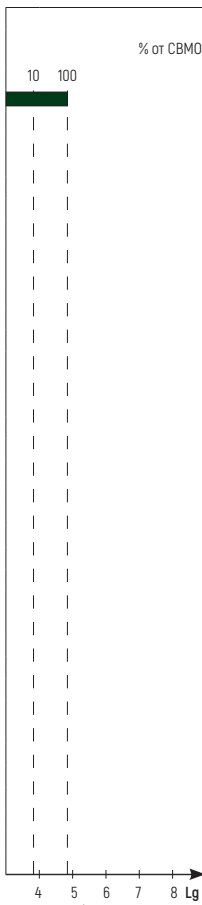
ДНК дрожжевых грибов Candida spp. не выявлена.

Структура бактериального микробиома не соответствует норме: значительное снижение / отсутствие нормальной микрофлоры не пропорционально отсутствию / незначительному увеличению условно-патогенной микрофлоры.

В примере 15 соскоб из уретры анализировали с помощью исследования Андрофлор®. ОБМ составила $10^{4,7}$, при этом никаких организмов, входящих в перечень аналитов, выявлено не было. То есть в данном образце присутствовал микроорганизм, который не входит в состав тест-системы Андрофлор®. При дальнейшем исследовании методом секвенирования была выявлена *Treponema pallidum*.

Пример 15. Исследование Андрофлор®

№	Название исследования	Результат		% от СВМО
		Количественный	Относительный Lg (X/СВМО)	
	Геномная ДНК человека	$10^{4,2}$	<input type="checkbox"/>	
1	Общая бактериальная масса	$10^{4,7}$	<input type="checkbox"/>	
ТРАНЗИТОРНАЯ МИКРОФЛОРА				
2	Lactobacillus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
НОРМОФЛОРА				
3	Staphylococcus spp.	не выявлено		
4	Streptococcus spp.	не выявлено		
5	Corynebacterium spp.	не выявлено		
	Сумма: Нормофлора	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ, ассоциированные с баквагинозом				
6	Gardnerella vaginalis	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
7	Megasphaera spp. / Veillonella spp. / Dialister spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
8	Sneathia spp. / Leptotrichia spp. / Fusobacterium spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
9	Ureaplasma urealyticum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
10	Ureaplasma parvum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
11	Mycoplasma hominis *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
12	Atopobium cluster	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
	Сумма: УПМ, ассоциированные с баквагинозом	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ анаэробы				
13	Bacteroides spp. / Porphyromonas spp. / Prevotella spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
14	Anaerococcus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
15	Peptostreptococcus spp. / Parvimonas spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
16	Eubacterium spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
	Сумма: УПМ анаэробы	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Haemophilus spp.				
17	Haemophilus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.				
18	Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.				
19	Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
ДРОЖЖЕВЫЕ ГРИБЫ				
20	Candida spp. *	ниже ПЗ ***	<input type="checkbox"/>	
ПАТОГЕНЫ				
21	Mycoplasma genitalium **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
22	Trichomonas vaginalis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
23	Neisseria gonorrhoeae **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
24	Chlamydia trachomatis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	



* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения

Заключение:

ДНК патогенных микроорганизмов не выявлена.

Candida spp. ниже порогового значения.

Структура бактериального микробиома не соответствует норме: снижение / отсутствие нормальной микрофлоры не пропорционально отсутствию / незначительному увеличению условно-патогенной микрофлоры.

ПРИСУТСТВУЮТ ПАТОГЕННЫЕ МИКРООРГАНИЗМЫ

В примере 16 присутствует ГДЧ и отсутствует ОБМ: результат валидный. При этом выявлены *Mycoplasma genitalium* и *Candida spp.* в значительном количестве — структура микробиома не соответствует норме.

Пример 16. Исследование Андрофлор®

№	Название исследования	Результат		% от СВМО
		Количественный	Относительный Lg (X/СВМО)	
	Геномная ДНК человека	10 ^{5.9}	<input type="checkbox"/>	
1	Общая бактериальная масса	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
ТРАНЗИТОРНАЯ МИКРОФЛОРА				
2	Lactobacillus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
НОРМОФЛОРА				
3	Staphylococcus spp.	не выявлено		
4	Streptococcus spp.	не выявлено		
5	Corynebacterium spp.	не выявлено		
	Сумма: Нормофлора	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ, ассоциированные с баквагинозом				
6	Gardnerella vaginalis	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
7	Megasphaera spp. / Veillonella spp. / Dialister spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
8	Sneathia spp. / Leptotrichia spp. / Fusobacterium spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
9	Ureaplasma urealyticum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
10	Ureaplasma parvum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
11	Mycoplasma hominis *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
12	Atopobium cluster	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
	Сумма: УПМ, ассоциированные с баквагинозом	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ анаэробы				
13	Bacteroides spp. / Porphyromonas spp. / Prevotella spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
14	Anaerococcus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
15	Peptostreptococcus spp. / Parvimonas spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
16	Eubacterium spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
	Сумма: УПМ анаэробы	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Haemophilus spp.				
17	Haemophilus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.				
18	Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.				
19	Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
ДРОЖЖЕВЫЕ ГРИБЫ				
20	Candida spp. *	10 ^{5.2}	<input checked="" type="checkbox"/>	
ПАТОГЕНЫ				
21	Mycoplasma genitalium **	ОБНАРУЖЕНО	<input checked="" type="checkbox"/>	
22	Trichomonas vaginalis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
23	Neisseria gonorrhoeae **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
24	Chlamydia trachomatis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	

* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения

4 5 6 7 8 Lg
логарифмическая шкала

Заключение:

ОБНАРУЖЕНО: *Mycoplasma genitalium*.

ОБНАРУЖЕНО: *Candida spp.*

Структура бактериального микробиома не соответствует норме: присутствуют патогенные микроорганизмы.

3. Заключение не выдается

НЕДОСТАТОЧНОЕ КОЛИЧЕСТВО БИОМАТЕРИАЛА: ОБМ И ГДЧ
ОДНОВРЕМЕННО НЕ ВЫЯВЛЕНЫ ИЛИ НИЖЕ ПОРОВОГОВЫХ ЗНАЧЕНИЙ

Пример 17. Исследование Андрофлор®

№	Название исследования	Результат		% от СВМО
		Количественный	Относительный Lg (X/СВМО)	
	Геномная ДНК человека	не выявлено	■	
1	Общая бактериальная масса	10 ^{3,4}	■	
ТРАНЗИТОРНАЯ МИКРОФЛОРА				
2	Lactobacillus spp.	не выявлено	□	
НОРМОФЛОРА				
3	Staphylococcus spp.	10 ^{3,2}	-2,2 (54-73%)	
4	Streptococcus spp.	не выявлено		
5	Corynebacterium spp.	10 ^{3,2}	-0,2 (54-73%)	
	Сумма: Нормофлора	10 ^{3,5}	0,1 (85-100%)	■
УПМ, ассоциированные с баквагинозом				
6	Gardnerella vaginalis	не выявлено	□	
7	Megasphaera spp. / Veillonella spp. / Dialister spp.	не выявлено	□	
8	Sneathia spp. / Leptotrichia spp. / Fusobacterium spp.	не выявлено	□	
9	Ureaplasma urealyticum *	не выявлено	□	
10	Ureaplasma parvum *	10 ^{3,4}	■	
11	Mycoplasma hominis *	не выявлено	□	
12	Atopobium cluster	не выявлено	□	
	Сумма: УПМ, ассоциированные с баквагинозом	не выявлено	□	
УПМ анаэробы				
13	Bacteroides spp. / Porphyromonas spp. / Prevotella spp.	не выявлено	□	
14	Anaerococcus spp.	не выявлено	□	
15	Peptostreptococcus spp. / Parvimonas spp.	не выявлено	□	
16	Eubacterium spp.	не выявлено	□	
	Сумма: УПМ анаэробы	не выявлено	□	
УПМ Haemophilus spp.				
17	Haemophilus spp.	не выявлено	□	
УПМ Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.				
18	Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.	не выявлено	□	
УПМ Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.				
19	Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.	не выявлено	□	
ДРОЖЖЕВЫЕ ГРИБЫ				
20	Candida spp. *	ниже ПЗ ***	□	
ПАТОГЕНЫ				
21	Mycoplasma genitalium **	не выявлено	□	
22	Trichomonas vaginalis **	не выявлено	□	
23	Neisseria gonorrhoeae **	не выявлено	□	
24	Chlamydia trachomatis **	не выявлено	□	

* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения

Заключение:

Недостаточное количество биологического материала для характеристики микробиома.

ПРЕВЫШЕНИЕ ПОРОГОВЫХ ЗНАЧЕНИЙ ТРАНЗИТОРНОЙ МИКРОБИОТЫ (МИКРОФЛОРЫ)

В случаях, когда транзитная микробиота составляет более 10% от обсемененности биотопа, заключение о структуре микробиома не выдается. По решению врача возможно повторное взятие биоматериала при условии защищенных половых контактов или полового покоя в течение 3 дней.

Пример 18. Исследование Андрофлор® Скрин

№	Название исследования	Результат		% от ОБМ
		Количественный	Относительный Lg (X/ОБМ)	
	Геномная ДНК человека	10 ^{4,8}	<input type="checkbox"/>	
1	Общая бактериальная масса	10 ^{4,3}	<input type="checkbox"/>	
ТРАНЗИТОРНАЯ МИКРОФЛОРА				
2	Lactobacillus spp.	10 ^{3,8}	-0,5 (27-36%)	<input checked="" type="checkbox"/>
НОРМОФЛОРА				
3	Staphylococcus spp.	10 ^{3,1}	-1,2 (5-7%)	<input type="checkbox"/>
4	Streptococcus spp.	не выявлено		<input type="checkbox"/>
5	Corynebacterium spp.	10 ^{3,5}	-0,8 (13-18%)	<input type="checkbox"/>
	Сумма: Нормофлора	10 ^{3,6}	-0,7 (19-25%)	<input checked="" type="checkbox"/>
УПМ, ассоциированные с баквагинозом				
6	Gardnerella vaginalis	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
7	Ureaplasma urealyticum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
8	Ureaplasma parvum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
9	Mycoplasma hominis *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
	Сумма: УПМ, ассоциированные с баквагинозом	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.				
10	Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
ДРОЖЖЕВЫЕ ГРИБЫ				
11	Candida spp. *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
ПАТОГЕНЫ				
12	Mycoplasma genitalium **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
13	Trichomonas vaginalis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
14	Neisseria gonorrhoeae **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
15	Chlamydia trachomatis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	

* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения

Заключение:

ДНК патогенных микроорганизмов не выявлена.

ДНК дрожжевых грибов Candida spp. не выявлена.

Превышение пороговых значений транзитной микрофлоры. Транзитная микрофлора может быть причиной острых воспалительных процессов нижних отделов урогенитального тракта. Соблюдение правил подготовки пациента и методики взятия биоматериала влияют на результат исследования.

По решению врача возможно повторное взятие биоматериала и выполнение исследования.

В примере 19 помимо *Lactobacillus spp.* также была выявлена *Gardnerella vaginalis* в значимом количестве при соблюдении всех требований к преаналитическому этапу при повторном взятии биоматериала. В данном случае *Lactobacillus spp.* и *Gardnerella vaginalis* являются доминирующими компонентами микробиоты мужчины и могут быть причиной острого воспаления в нижних отделах мочеполового тракта [1].

Пример 19. Исследование Андрофлор®

№	Название исследования	Результат		% от СВМО
		Количественный	Относительный Lg (X/СВМО)	
1	Геномная ДНК человека	10 ^{5,7}	<input type="checkbox"/>	1 10 100
	Общая бактериальная масса	10 ^{5,5}	<input type="checkbox"/>	
ТРАНЗИТОРНАЯ МИКРОФЛОРА				
2	<i>Lactobacillus spp.</i>	10 ^{5,6}	0,1 (85-100%)	<input checked="" type="checkbox"/>
НОРМОФЛОРА				
3	<i>Staphylococcus spp.</i>	10 ^{3,9}	-1,6 (21-2,9%)	<input type="checkbox"/>
4	<i>Streptococcus spp.</i>	10 ^{3,6}	-1,9 (11-14%)	<input type="checkbox"/>
5	<i>Corynebacterium spp.</i>	10 ^{3,8}	-1,7 (17-2,3%)	<input type="checkbox"/>
	Сумма: Нормофлора	10 ^{4,3}	-1,2 (5-7%)	<input checked="" type="checkbox"/>
УПМ, ассоциированные с баквагинозом				
6	<i>Gardnerella vaginalis</i>	10 ^{5,4}	-0,1 (68-91%)	<input checked="" type="checkbox"/>
7	<i>Megasphaera spp. / Veillonella spp. / Dialister spp.</i>	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
8	<i>Sneathia spp. / Leptotrichia spp. / Fusobacterium spp.</i>	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
9	<i>Ureaplasma urealyticum</i> *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
10	<i>Ureaplasma parvum</i> *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
11	<i>Mycoplasma hominis</i> *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
12	<i>Atopobium cluster</i>	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
	Сумма: УПМ, ассоциированные с баквагинозом	10 ^{5,6}	-0,1 (68-91%)	<input checked="" type="checkbox"/>
УПМ анаэробы				
13	<i>Bacteroides spp. / Porphyromonas spp. / Prevotella spp.</i>	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
14	<i>Anaerococcus spp.</i>	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
15	<i>Peptostreptococcus spp. / Parvimonas spp.</i>	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
16	<i>Eubacterium spp.</i>	10 ^{4,8}	-0,7 (17-23%)	<input checked="" type="checkbox"/>
	Сумма: УПМ анаэробы	10 ^{4,8}	-0,7 (17-23%)	<input checked="" type="checkbox"/>
УПМ Haemophilus spp.				
17	<i>Haemophilus spp.</i>	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ <i>Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.</i>				
18	<i>Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.</i>	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ <i>Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.</i>				
19	<i>Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.</i>	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
ДРОЖЖЕВЫЕ ГРИБЫ				
20	<i>Candida spp.</i> *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
ПАТОГЕНЫ				
21	<i>Mycoplasma genitalium</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
22	<i>Trichomonas vaginalis</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
23	<i>Neisseria gonorrhoeae</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
24	<i>Chlamydia trachomatis</i> **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	

* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения

Заключение:

ДНК патогенных микроорганизмов не выявлена.

ДНК дрожжевых грибов *Candida spp.* не выявлена.

Превышение пороговых значений транзитной микрофлоры. Транзитная микрофлора может быть причиной острых воспалительных процессов нижних отделов урогенитального тракта. Соблюдение правил подготовки пациента и методики взятия биоматериала влияют на результат исследования.

По решению врача возможно повторное взятие биоматериала и выполнение исследования.

[1] Почерников Д. Г., Поставойтенко Н. Т., Гетьман В. В., Галкина И. С. Диагностическая значимость выявления *Lactobacillus spp.* в эякуляте. ВЕСТНИК РГМУ 3, 2020.

БУДЕТ ЛИ ОБНАРУЖЕН ПАТОГЕН, ЕСЛИ ГДЧ И ОБМ НЕ ВЫЯВЛЕННЫ?

Даже если ОБМ и ГДЧ ниже пороговых значений или присутствует транзитная микрофлора, составляющая больше 10% от ОБМ, в заключение выносится информация о выявленных облигатных патогенах. При этом анализ структуры микробиома не проводится (пример 20).

Пример 20. Исследование Андрофлор®

№	Название исследования	Результат		% от ОБМ
		Количественный	Относительный Lg (X/ОБМ)	
1	Геномная ДНК человека	не выявлено	<input checked="" type="checkbox"/>	
	Общая бактериальная масса	не выявлено	<input checked="" type="checkbox"/>	
ТРАНЗИТОРНАЯ МИКРОФЛОРА				
2	Lactobacillus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
НОРМОФЛОРА				
3	Staphylococcus spp.	не выявлено		
4	Streptococcus spp.	не выявлено		
5	Corynebacterium spp.	10 ^{3.3}		
	Сумма: Нормофлора	10 ^{3.3}	<input type="checkbox"/>	
УПМ, ассоциированные с баквагинозом				
6	Gardnerella vaginalis	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
7	Megasphaera spp. / Veillonella spp. / Dialister spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
8	Sneathia spp. / Leptotrichia spp. / Fusobacterium spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
9	Ureaplasma urealyticum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
10	Ureaplasma parvum *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
11	Mycoplasma hominis *	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
12	Atopobium cluster	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
	Сумма: УПМ, ассоциированные с баквагинозом	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ анаэробы				
13	Bacteroides spp. / Porphyromonas spp. / Prevotella spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
14	Anaerococcus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
15	Peptostreptococcus spp. / Parvimonas spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
16	Eubacterium spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
	Сумма: УПМ анаэробы	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Haemophilus spp.				
17	Haemophilus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.				
18	Pseudomonas aeruginosa / Ralstonia spp. / Burkholderia spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
УПМ Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.				
19	Enterobacteriaceae spp. / Enterococcus spp.	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
ДРОЖЖЕВЫЕ ГРИБЫ				
20	Candida spp. *	ниже ПЗ ***	<input type="checkbox"/>	
ПАТОГЕНЫ				
21	Mycoplasma genitalium **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
22	Trichomonas vaginalis **	ОБНАРУЖЕНО	<input checked="" type="checkbox"/>	
23	Neisseria gonorrhoeae **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	
24	Chlamydia trachomatis **	не выявлено	<input type="checkbox"/>	

* Абсолютный анализ Lg (X) ** Качественный анализ *** Ниже порогового значения

4 5 6 7 8 Lg
логарифмическая шкала

Заключение:

ОБНАРУЖЕНО: Trichomonas vaginalis.

С дополнительной информацией можно ознакомиться в информационных материалах, размещенных на сайте dna-technology.ru





206-1 2023 09 18



ДНК-ТЕХНОЛОГИЯ