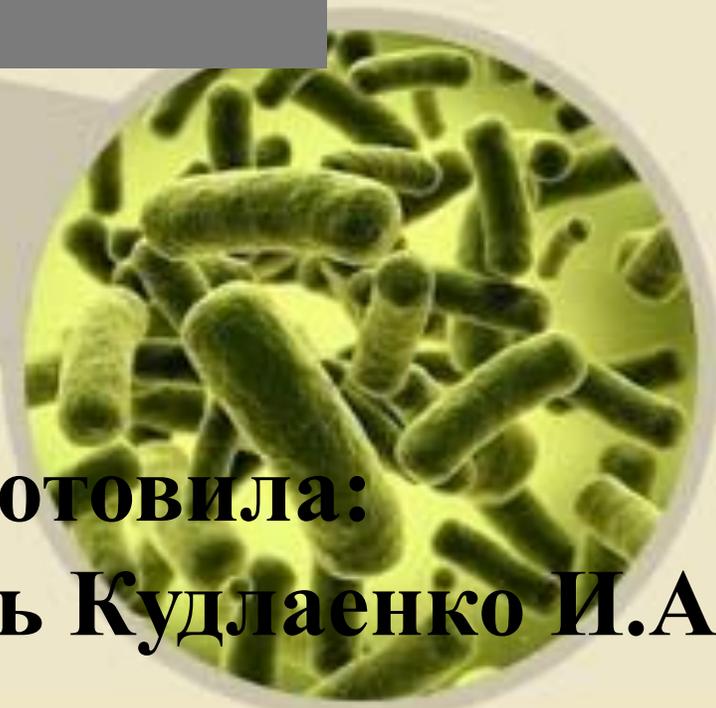
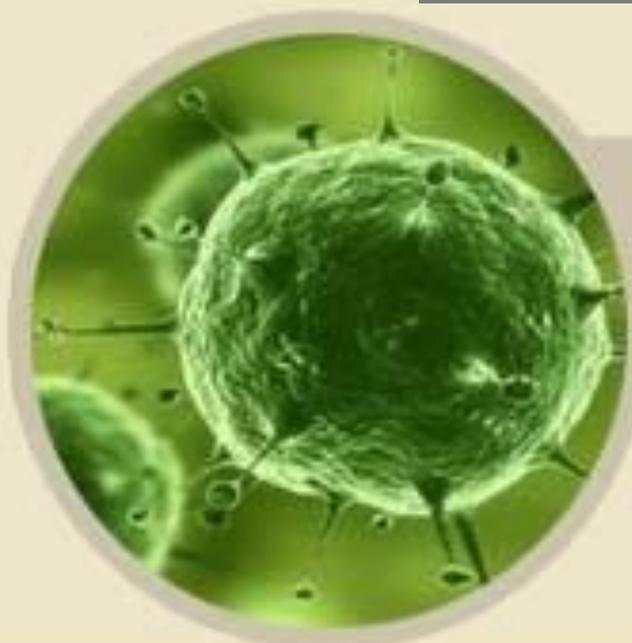


ГАПОУ НСО «КМТ»

**Локализация микроорганизмов в
организме человека**

**Подготовила:
преподаватель Кудлаенко И.А.**



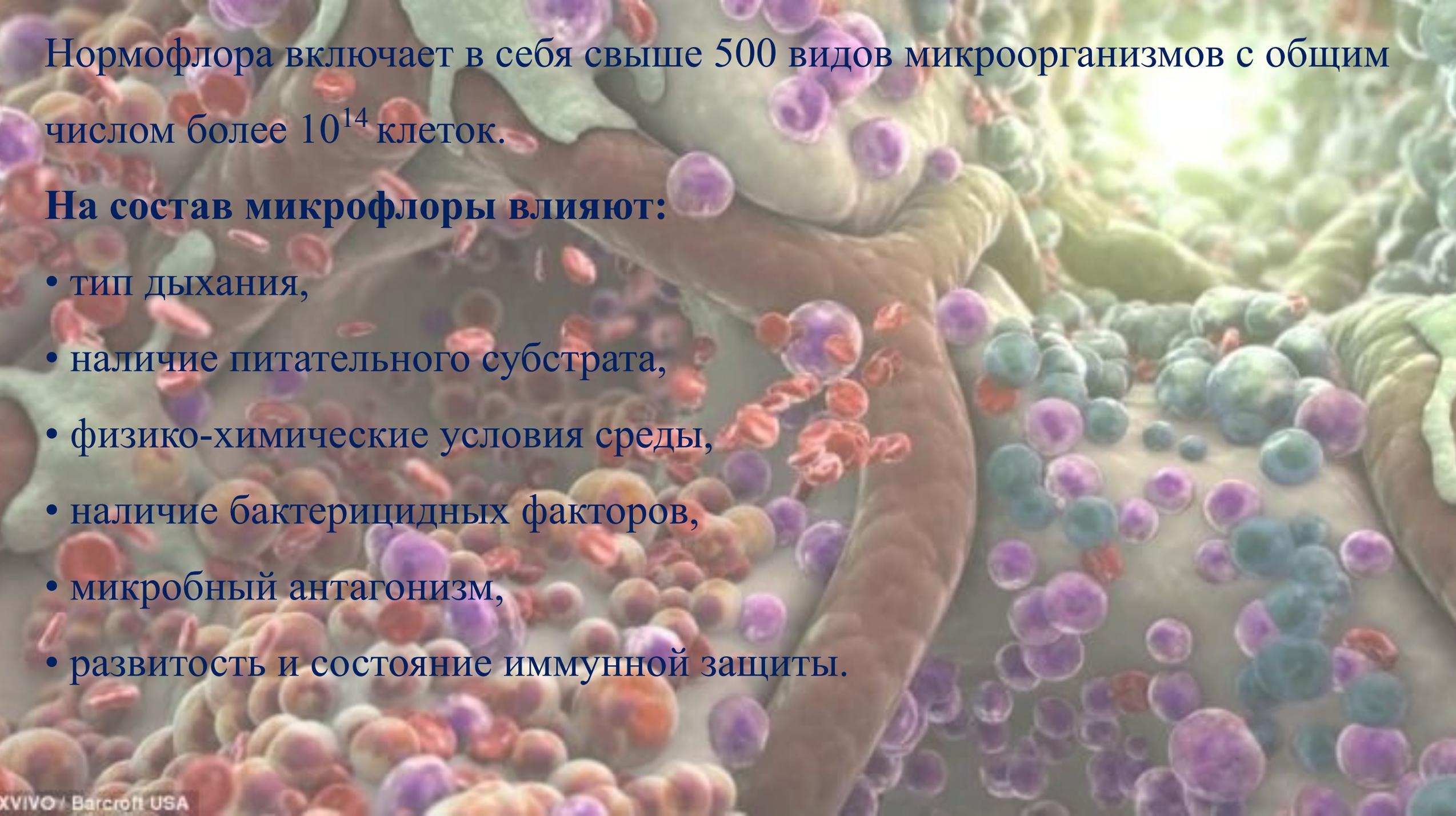
Содержание:

1. Введение
2. Понятие нормальной микрофлоры
3. Значение нормальной микрофлоры
4. Нормальная микрофлора отдельных биотопов организма человека
5. Характеристики, определяющие взаимоотношения хозяина и его микрофлоры
6. Эубиоз
7. Дисбиоз

Введение

Организм человека и населяющая его микрофлора являются составными частями единой экологической системы, находящейся в состоянии динамического равновесия. Микрофлорой организм человека заселяется сразу после рождения. В процессе жизни конкретного индивидуума происходит становление его микрофлоры, формируются ее индивидуальные особенности.

Нормальная микрофлора - это совокупность всех сложных эволюционно-закрепленных микробиоценозов органов и тканей или участков тела, контактирующих с внешней средой

A detailed 3D illustration of the human gut's internal environment. The scene is filled with a vast population of diverse microorganisms, represented by various shapes and colors including purple, blue, green, and red spheres and rods. The background shows the textured, folded lining of the intestinal wall, with light streaming in from the right, creating a bright, airy atmosphere.

Нормофлора включает в себя свыше 500 видов микроорганизмов с общим числом более 10^{14} клеток.

На состав микрофлоры влияют:

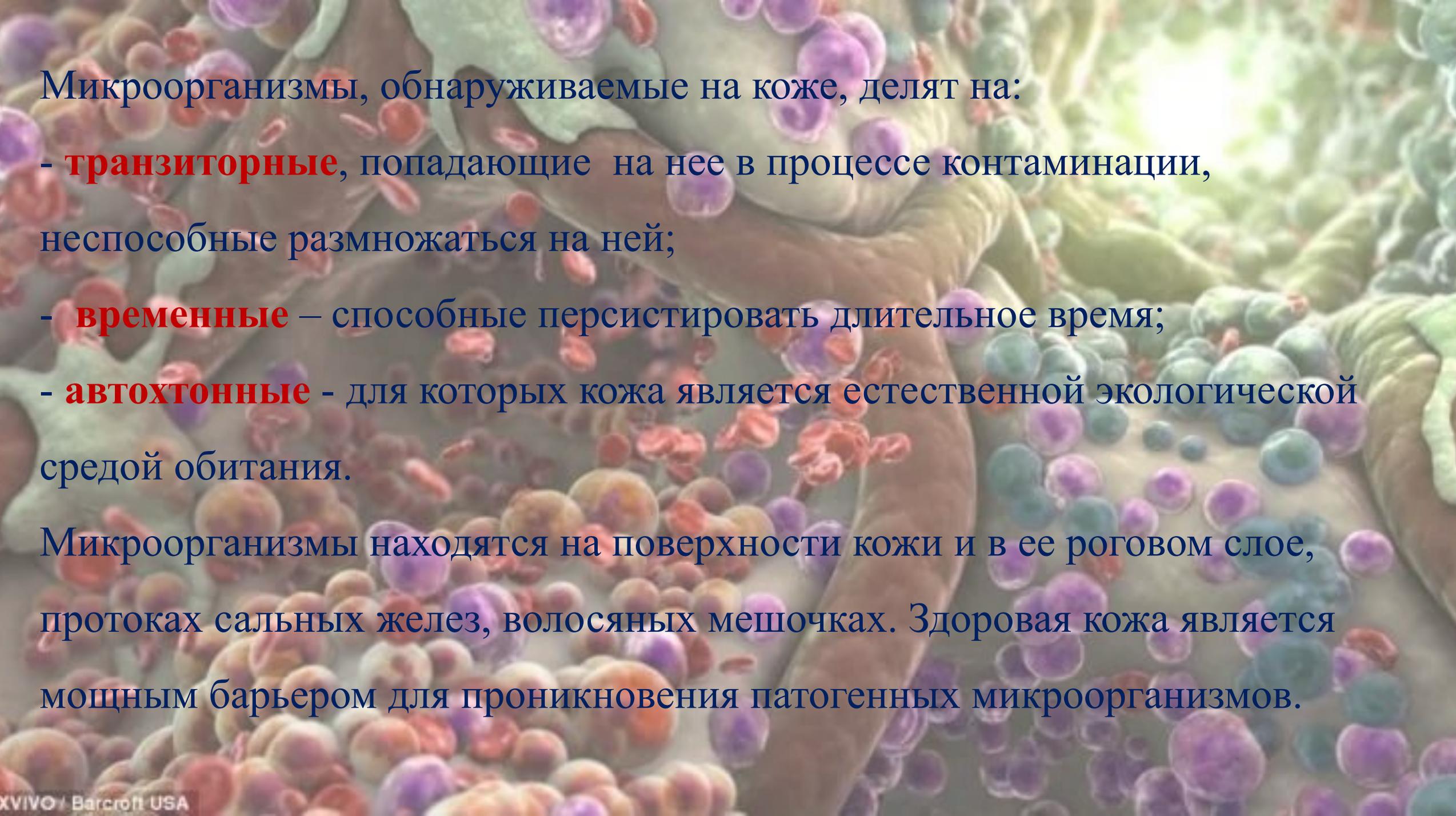
- тип дыхания,
- наличие питательного субстрата,
- физико-химические условия среды,
- наличие бактерицидных факторов,
- микробный антагонизм,
- развитость и состояние иммунной защиты.

Значение микрофлоры для жизнедеятельности человека

- блокирование рецепторов адгезии;
- антагонистическая;
- витаминобразующая;
- участие в пищеварении;
- участие в минеральном обмене (Ca, Na, K, Fe, Mg и др.);
- индукция иммунного ответа, продукция стимуляторов и активаторов фагоцитарной и ферментативной активности;
- стимуляция обновления эпителия на поверхности ворсинок и др.;
- противоопухолевая;
- регуляция всасывания и др.

Микрофлора кожи

Кожа является основным физиологическим барьером на пути микробного проникновения, площадь поверхности кожи — 2-3 м². Количественный и качественный состав микрофлоры зависит от климатических, экологических и социальных факторов. Количество микроорганизмов, в норме колонизирующих кожные покровы у здорового человека, зимой достигает максимума (10000±600 КОЕ/см²), а летом — минимальных значений - 100±400 КОЕ/см²).

A detailed 3D rendering of a human skin surface, showing the intricate folds and ridges of the epidermis. The skin is populated with a diverse array of microorganisms, represented by various shapes and colors: purple and blue spheres, red and orange rod-like structures, and green, branching filamentous forms. The lighting is soft and directional, highlighting the texture of the skin and the presence of the microbial community.

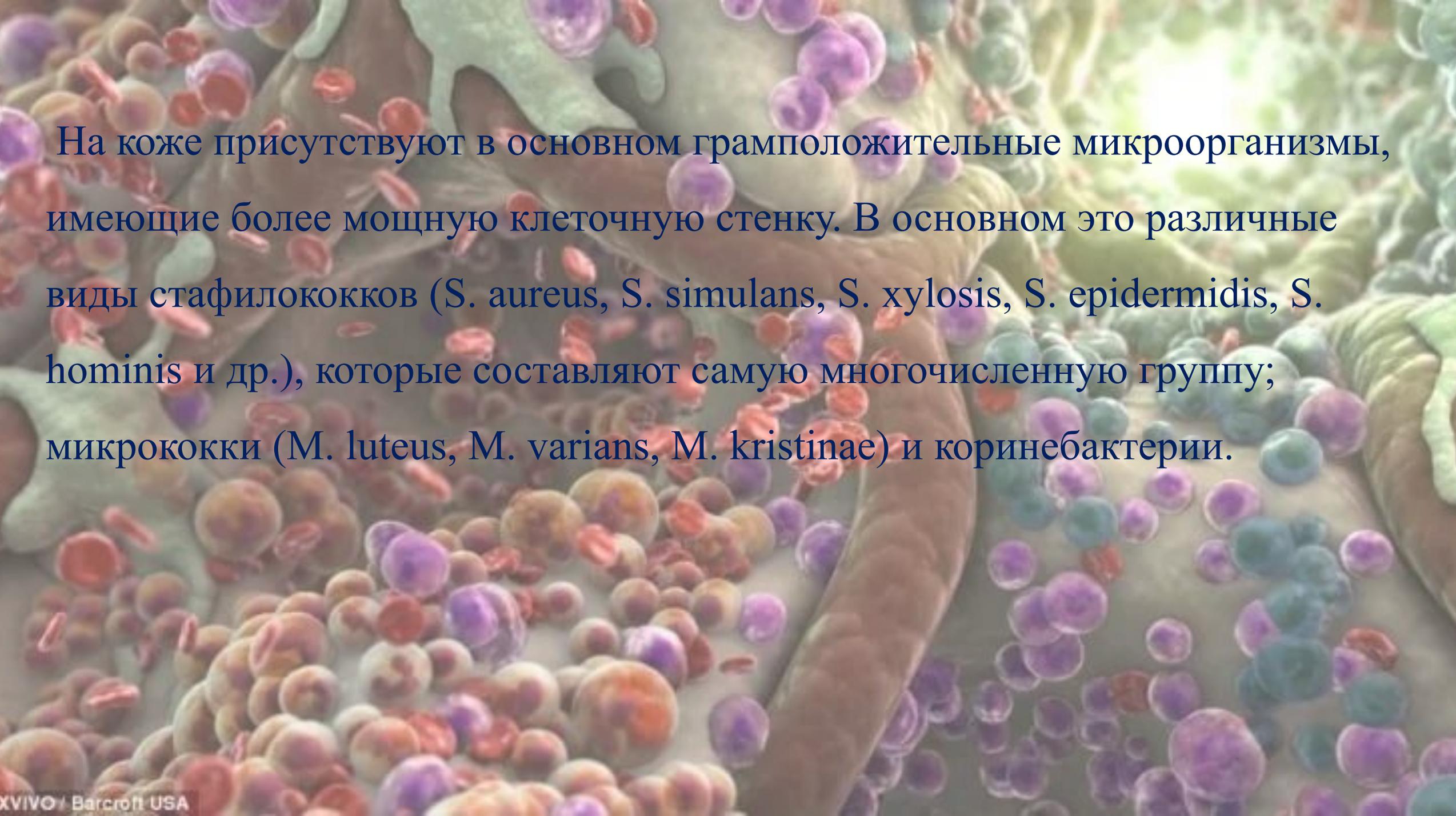
Микроорганизмы, обнаруживаемые на коже, делят на:

- **транзиторные**, попадающие на нее в процессе контаминации, неспособные размножиться на ней;

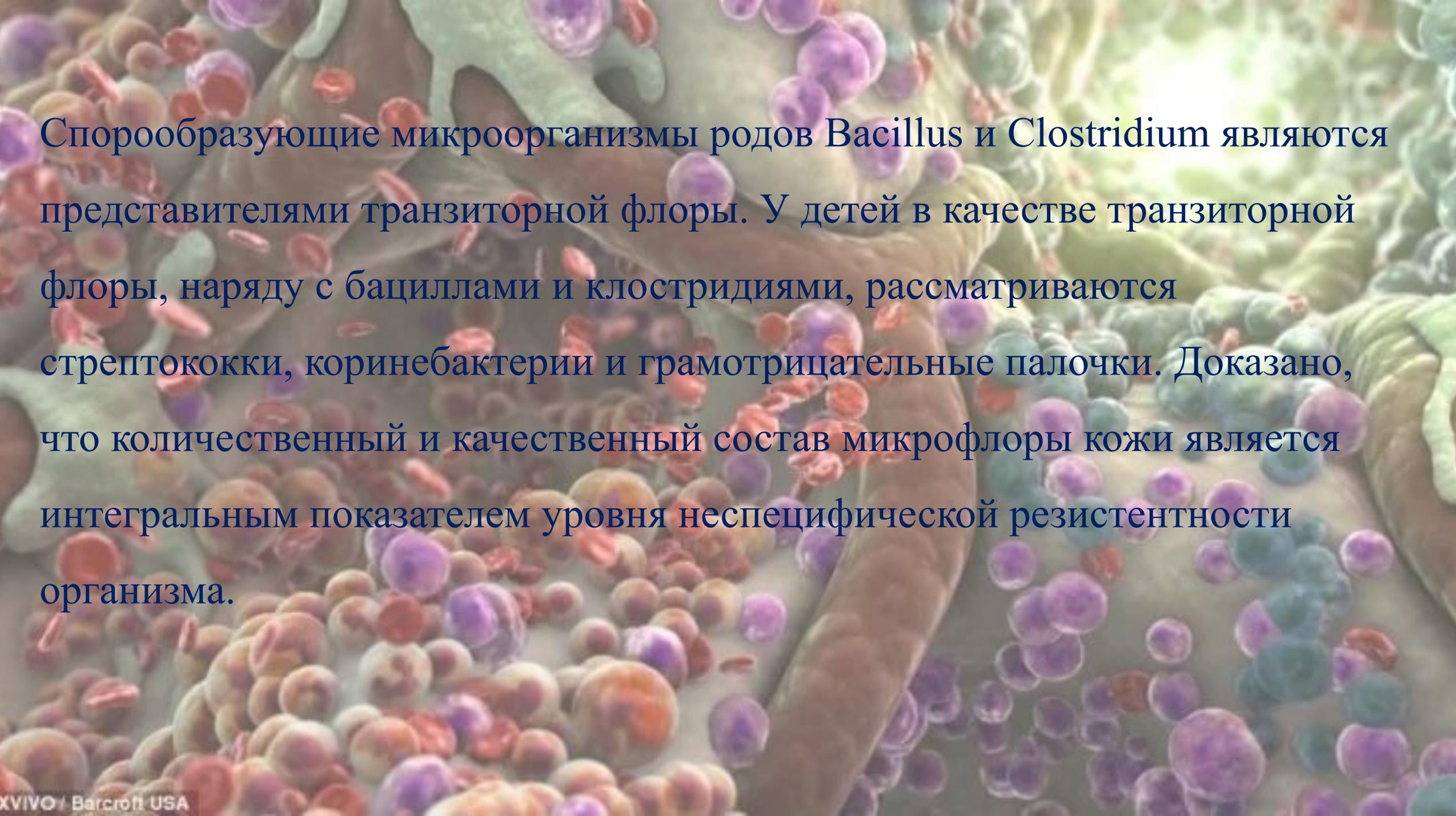
- **временные** – способные персистировать длительное время;

- **автохтонные** - для которых кожа является естественной экологической средой обитания.

Микроорганизмы находятся на поверхности кожи и в ее роговом слое, протоках сальных желез, волосяных мешочках. Здоровая кожа является мощным барьером для проникновения патогенных микроорганизмов.

A detailed 3D rendering of a skin surface, showing the intricate folds and ridges of the epidermis. The surface is densely populated with a variety of microorganisms. Numerous purple and blue spherical bacteria are scattered across the skin, some appearing in clusters. Interspersed among these are smaller, reddish, rod-shaped bacteria. The overall scene is brightly lit, highlighting the textures of the skin and the diverse shapes and colors of the microbial life.

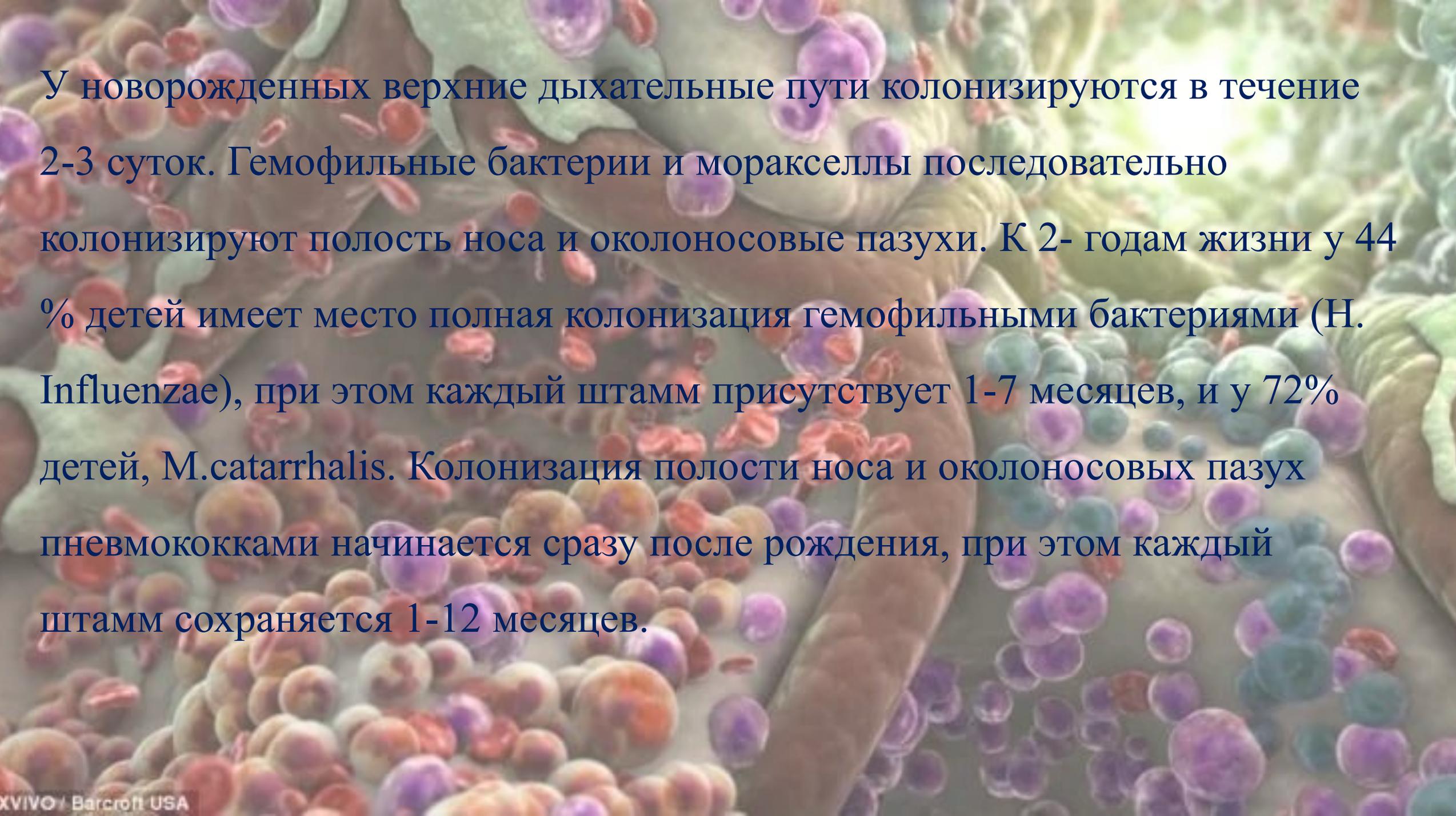
На коже присутствуют в основном грамположительные микроорганизмы, имеющие более мощную клеточную стенку. В основном это различные виды стафилококков (*S. aureus*, *S. simulans*, *S. xylois*, *S. epidermidis*, *S. hominis* и др.), которые составляют самую многочисленную группу; микрококки (*M. luteus*, *M. varians*, *M. kristinae*) и коринебактерии.

A detailed 3D rendering of a human skin surface, showing the intricate folds and ridges of the epidermis. The skin is populated with a diverse community of microorganisms. Numerous spherical bacteria, some in purple and others in reddish-orange, are scattered across the surface. Interspersed among these are elongated, rod-shaped bacteria, some appearing as thin, pinkish filaments. The overall scene is brightly lit, highlighting the texture of the skin and the vibrant colors of the microbial life.

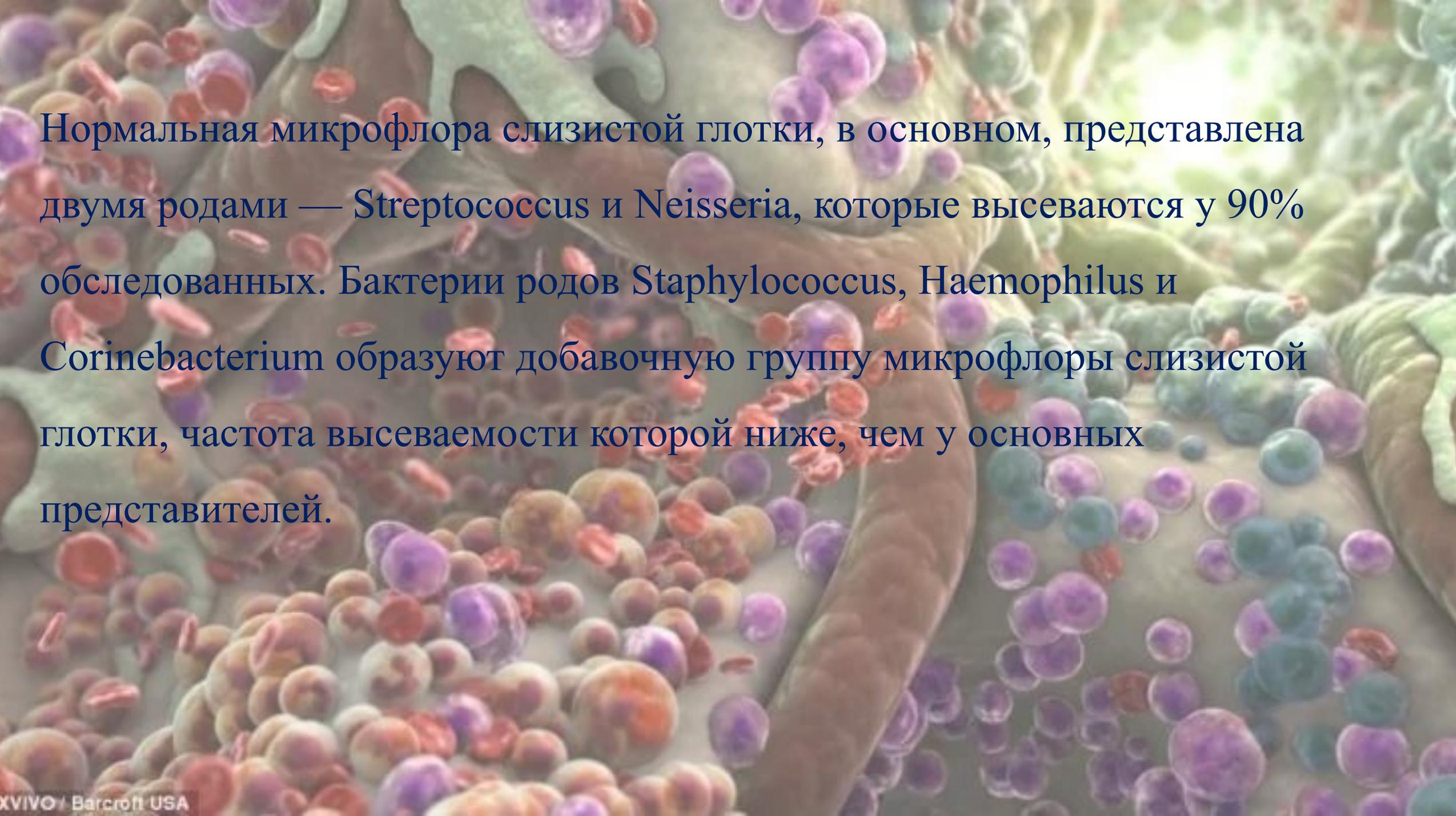
Спорообразующие микроорганизмы родов *Bacillus* и *Clostridium* являются представителями транзиторной флоры. У детей в качестве транзиторной флоры, наряду с бациллами и клостридиями, рассматриваются стрептококки, коринебактерии и грамотрицательные палочки. Доказано, что количественный и качественный состав микрофлоры кожи является интегральным показателем уровня неспецифической резистентности организма.

Микрофлора слизистой верхних дыхательных путей

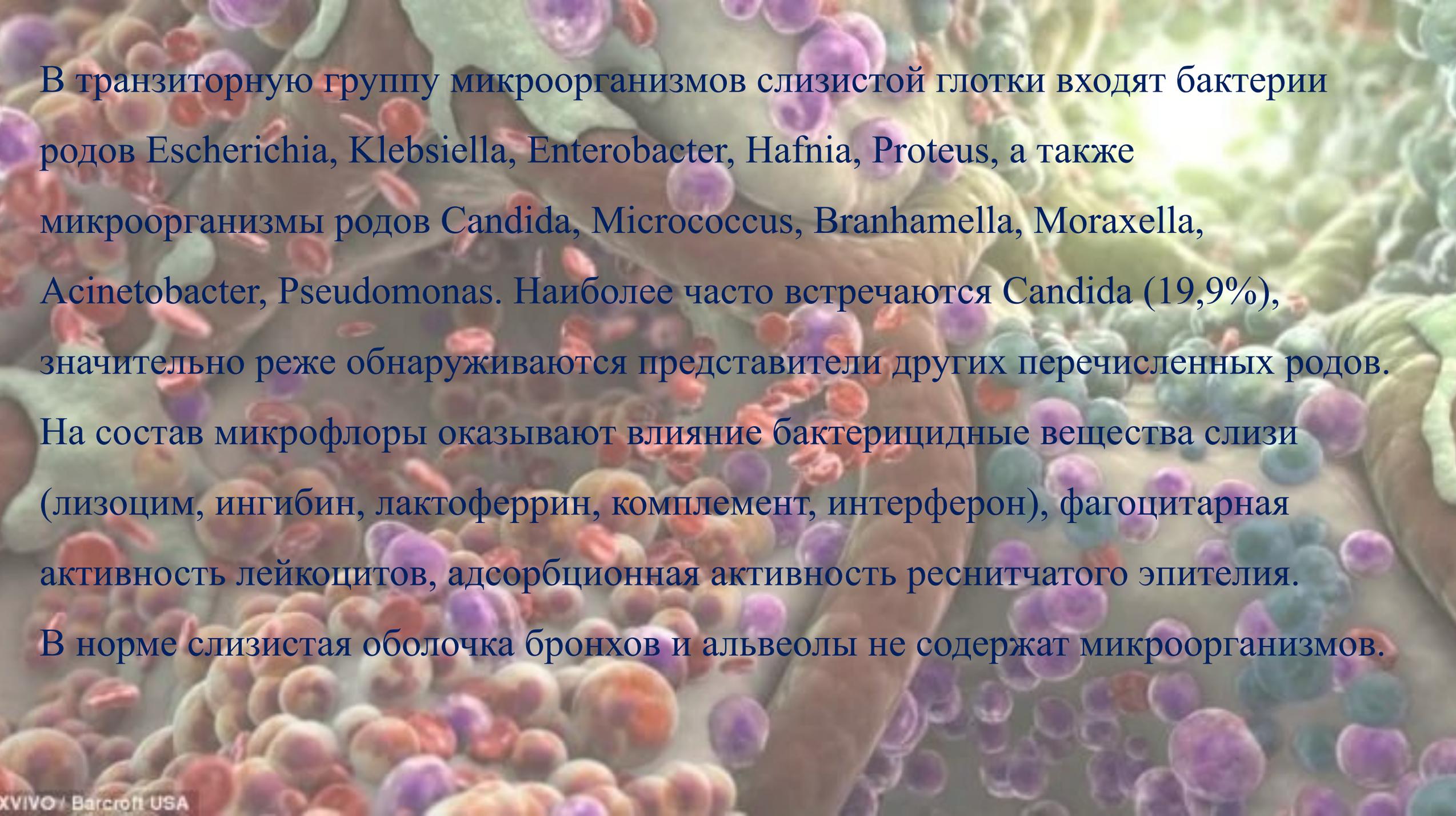
Верхние дыхательные пути, включая носовую полость, носоглотку и гортань, содержат различные микробные ассоциации. С током воздуха в верхние дыхательные пути попадают пылевые частицы, нагруженные микроорганизмами. С каждым вдохом поглощается от 1500 до 14000 и более микробных клеток. Большая их часть оседает в носо- и ротоглотке.

A detailed 3D illustration of a human nasal cavity. The nasal passage is shown in a light, translucent color, with the nasal septum and turbinates visible. The cavity is densely populated with various types of bacteria, including spherical cocci in chains and pairs, and rod-shaped bacilli. The bacteria are rendered in various colors like purple, blue, green, and orange, giving a vibrant, almost abstract appearance to the biological scene. The lighting is soft, highlighting the textures of the mucosal lining and the individual bacterial cells.

У новорожденных верхние дыхательные пути колонизируются в течение 2-3 суток. Гемофильные бактерии и моракселлы последовательно колонизируют полость носа и околоносовые пазухи. К 2- годам жизни у 44 % детей имеет место полная колонизация гемофильными бактериями (*H. Influenzae*), при этом каждый штамм присутствует 1-7 месяцев, и у 72% детей, *M. catarrhalis*. Колонизация полости носа и околоносовых пазух пневмококками начинается сразу после рождения, при этом каждый штамм сохраняется 1-12 месяцев.



Нормальная микрофлора слизистой глотки, в основном, представлена двумя родами — *Streptococcus* и *Neisseria*, которые высеваются у 90% обследованных. Бактерии родов *Staphylococcus*, *Haemophilus* и *Corinebacterium* образуют добавочную группу микрофлоры слизистой глотки, частота высеваемости которой ниже, чем у основных представителей.



В транзиторную группу микроорганизмов слизистой глотки входят бактерии родов *Escherichia*, *Klebsiella*, *Enterobacter*, *Hafnia*, *Proteus*, а также микроорганизмы родов *Candida*, *Micrococcus*, *Branhamella*, *Moraxella*, *Acinetobacter*, *Pseudomonas*. Наиболее часто встречаются *Candida* (19,9%), значительно реже обнаруживаются представители других перечисленных родов. На состав микрофлоры оказывают влияние бактерицидные вещества слизи (лизоцим, ингибин, лактоферрин, комплемент, интерферон), фагоцитарная активность лейкоцитов, адсорбционная активность реснитчатого эпителия. В норме слизистая оболочка бронхов и альвеолы не содержат микроорганизмов.

Микрофлора желудочно-кишечного тракта

Самым заселенным микрофлорой органом является толстый кишечник. В каждом отделе желудочно-кишечного тракта микрофлора имеет различный количественный и качественный состав. Основная масса полезной флоры расположена в нижних отделах кишечника.

В желудке человека бактерий не много, так как он имеет кислую среду, их количество составляет 10^3 вида, самое большое количество бактерий расположено в толстом кишечнике, их количество составляет около 10^{13} видов.

Вредные бактерии
например: *Salmonella*,
Listeria, *E. coli*

Ободочная (толстая)
кишка
Лактобактерии
Бифидобактерии

Тонкая кишка
Лактобактерии
Стрептококки

Лактобактерии или
бифидобактерии



Микрофлора полости рта

Микрофлора ротовой полости представлена многочисленными видами, так как здесь имеются благоприятные условия для развития микроорганизмов (влажность, постоянная температура, остатки пищи и т.д.). Соотношение анаэробов и аэробов составляет 10:1. Концентрация бактерий в 1 мл слюны достигает $10^7 - 10^8$ КОЕ/мл. Среди бактерий доминируют стрептококки, составляющие 30-60% всей микрофлоры. Менее вентилируемые участки колонизируют анаэробы - актиномицеты, бактероиды, фузобактерии, вейлонеллы, превотеллы. В полости рта также обитают грибы рода *Candida*, спирохеты (*T. dentica*, *T. orale*, *T. macrodentium*), микоплазмы (*M. salivarium*, *M. orale*).

Накапливаясь на зубах, микроорганизмы образуют зубные бляшки.

Основные поражения полости рта (кариес, пульпиты, периодонтиты и др.) вызывают стрептококки, пептострептококки, актиномицеты, лактобациллы, коринебактерии и др.



Остатки пищи оседают на зубах

Образуется зубной налет

Он становится питательной средой для микробов

Продукты их жизнедеятельности повышают кислотность во рту. Кислота разъедает эмаль зуба

Если не предпринимать мер, то образуется кариозная полость

Микрофлора пищевода

A detailed 3D rendering of the esophageal lining, showing the mucosal folds and a dense population of diverse bacteria. The bacteria are depicted in various colors (purple, blue, orange, red) and shapes (spheres, rods, spirals), illustrating the transient nature of the microbiome in this area.

Не имеет своей постоянной микрофлоры. Бактерии, которые здесь обнаруживаются, являются транзиторными представителями полости рта и ГЛОТКИ.

Микрофлора желудка

Содержит небольшое количество микроорганизмов, что объясняется бактерицидным действием желудочного сока. Общее количество бактерий обычно не превышает 10^3 . Наиболее часто обнаруживаются кислотоустойчивые грамположительные лактобациллы, стафилококки, стрептококки, микрококки, а также грибы рода *Candida*. Могут обнаруживаться сарцины и *Helicobacter pylori*.

Микрофлора кишечника

Главным компонентом нормальной микрофлоры кишечника человека являются неклостридиальные анаэробы (лактобактерии, бифидумбактерии и т.п.). Анаэробы находятся в зоне непосредственно прилегающей к эпителию.

Случайная (транзиторная) - условно-патогенная микрофлора представлена: клебсиеллами, протеем, клостридиями и др.). Эта флора составляет 1-4 % от общего количества биомассы микробов кишечника.

Функции нормальной микрофлоры кишечника:

- выработка ферментов,
- участие в пищеварении,
- образование некоторых витаминов,
- участие в формировании иммунитета,
- препятствие развитию гнилостной и патогенной микрофлоры в кишечнике и др.

Продуцируя кислоты, бифидобактерии являются антагонистами по отношению к патогенным и условно-патогенным бактериям.

Микрофлора тонкого кишечника

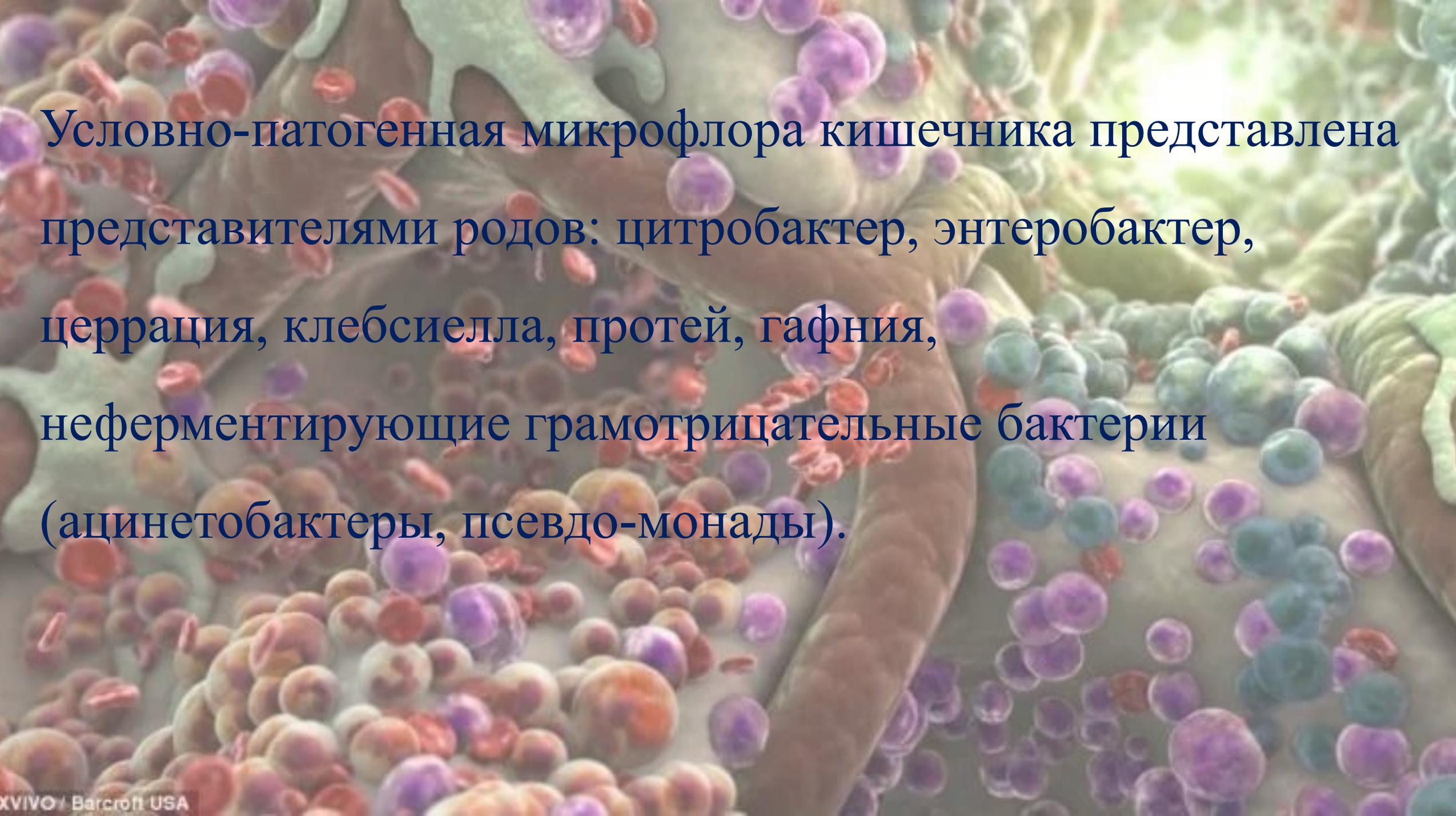
Количество микроорганизмов в двенадцати-перстной, тощей и проксимальном отделе подвздошной кишки составляет 10^4 КОЕ/г. Важной характеристикой данного биотопа является полное отсутствие облигатно анаэробных микроорганизмов и колинеформных бактерий. Верхние отделы близки по характеру к микрофлоре желудка и бактерии локализируются в мукозном слое, а в нижних отделах начинает превалировать просветная микрофлора, близкая микрофлоре толстого кишечника. В дистальных отделах присоединяются грамотрицательные бактерии (кишечная палочка) и энтерококки. В тонкой кишке обитают бактерии родов: *Bifidobacterium*, *Clostridium*, *Eubacterium*, *Lactobacillus*, *Peptostreptococcus*, *Veillonella*.

Микрофлора толстого кишечника

Количество микроорганизмов достигает 10^{11} - 10^{12} КОЕ/мл и составляет 30% каловых масс. Анаэробы составляют 96% всей микрофлоры. Численно преобладают представители родов: *Acetovibrio*, *Anaerovibrio*, *Acidominococcus*, *Bacteroides*, *Bifidobacterium*, *Campylobacter*, *Peptostreptococcus*, *Peptococcus*, *Eubacterium*, *Fusobacterium*, *Lactobacillus*, *Propionobacterium*, *Spirochetes*, *Veillonella*, *Succinomonas* и др. Обнаруживаются клостридии.

Факторы, влияющие в норме на характер микрофлоры кишечника:

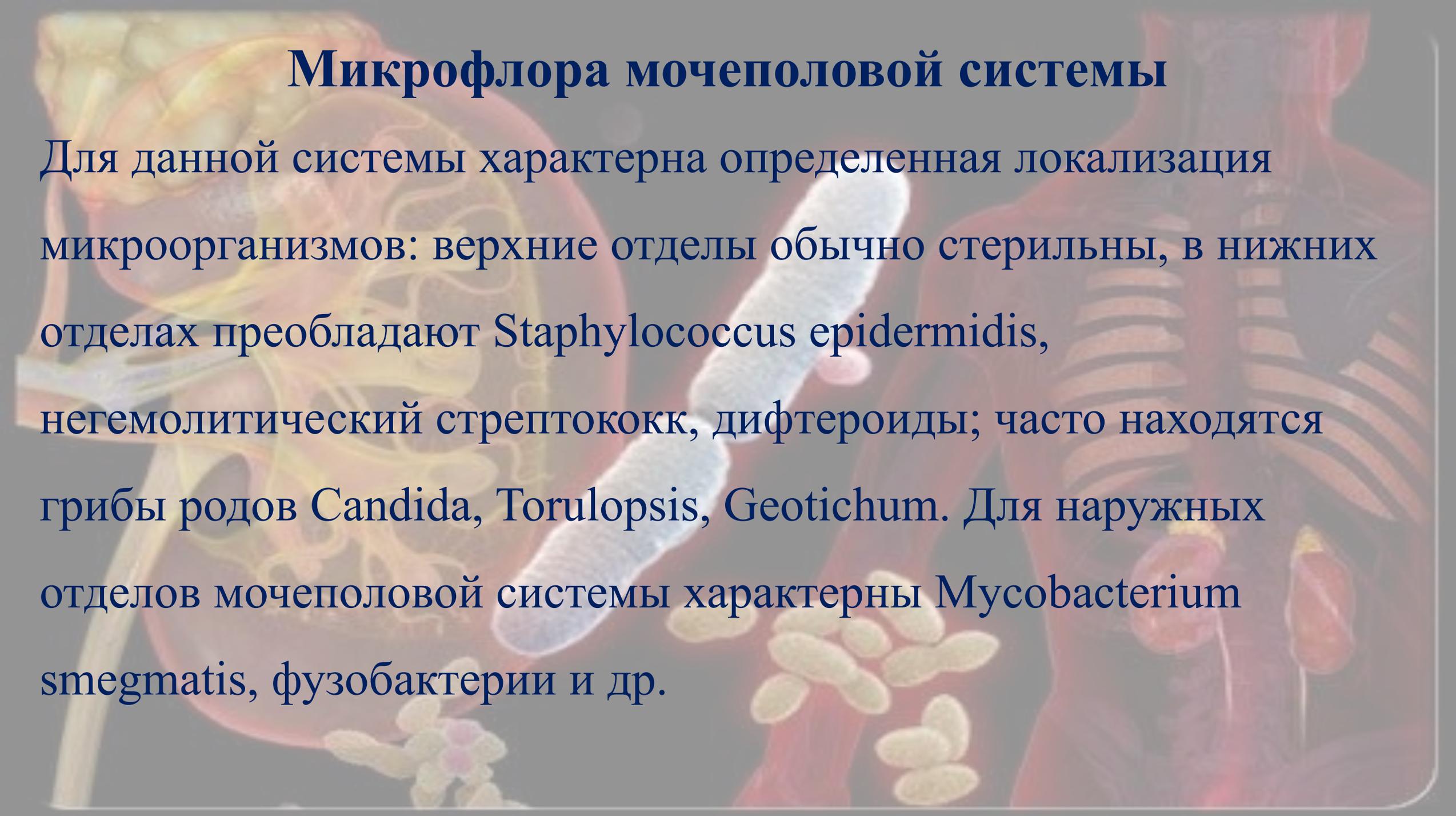
- перистальтика кишечника,
- постоянное обновление эпителия ЖКТ;
- из химических факторов - пепсин, соляная кислота, трипсин, соки кишечника и желчные кислоты;
- из неспецифических факторов: лизоцим, интерферон, комплемент, лактоферин;
- из специфических факторов: защита лимфоидным аппаратом кишечника (лимфоциты, пейеровы бляшки, мезентериальные лимфатические узлы, секреторный иммуноглобулин А).

A detailed 3D rendering of the human intestinal mucosal surface. The surface is covered with numerous small, colorful bacteria in various shapes and sizes, including spheres, rods, and chains. The background shows the complex, folded structure of the gut lining, with light filtering through from the right side, creating a soft, ethereal glow.

Условно-патогенная микрофлора кишечника представлена представителями родов: цитробактер, энтеробактер, церрация, клебсиелла, протей, гафния, неферментирующие грамотрицательные бактерии (ацинетобактеры, псевдо-монады).

Микрофлора мочеполовой системы

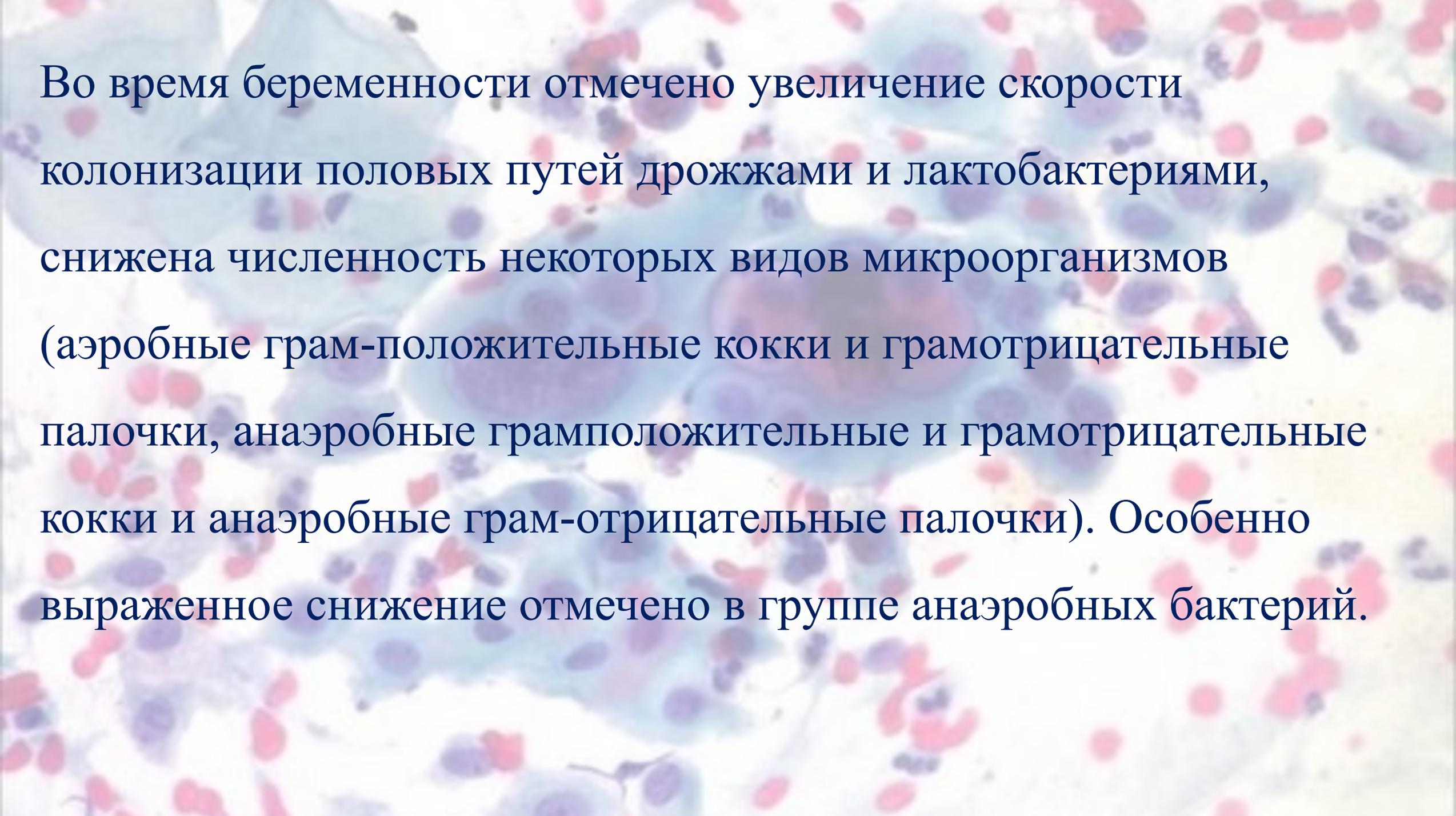
Для данной системы характерна определенная локализация микроорганизмов: верхние отделы обычно стерильны, в нижних отделах преобладают *Staphylococcus epidermidis*, негемолитический стрептококк, дифтероиды; часто находятся грибы родов *Candida*, *Torulopsis*, *Geotrichum*. Для наружных отделов мочеполовой системы характерны *Mycobacterium smegmatis*, фузобактерии и др.

The background features a semi-transparent anatomical illustration of the human urinary and reproductive systems. Overlaid on this are several 3D models of microorganisms: a long, white, cylindrical rod-shaped bacterium (likely Staphylococcus epidermidis), a cluster of small, yellow, oval-shaped bacteria (likely streptococci), and a cluster of larger, yellow, oval-shaped structures (likely fungi like Candida or Geotrichum).

Микрофлора влагалища

У здоровых небеременных женщин репродуктивного возраста обнаружено 10^9 анаэробных и 10^8 аэробных колониеобразующих единиц (КОЕ) на 1 мл влагалищного содержимого. Ранговая последовательность бактериальных видов следующая: анаэробные лакто-бактерии, пептококки, бактероиды, стафилококки эпидермальные, корине-бактерии, зубактерии. Среди анаэробов - пептострептококки, бифидо-бактерии, бактероиды.

Лактобактерии у женщин репродуктивного возраста составляют 90-95 % всей микрофлоры. Лактобациллы идентифицируют как влагалищные палочки (палочки Додерлейна). Обычно выделяют пять видов: *Lactobacillus casei*, *L.acidophilus*, *L.fermentum*, *L.brevis*, *L.cellobiosus*.



Во время беременности отмечено увеличение скорости колонизации половых путей дрожжами и лактобактериями, снижена численность некоторых видов микроорганизмов (аэробные грам-положительные кокки и грамотрицательные палочки, анаэробные грамположительные и грамотрицательные кокки и анаэробные грам-отрицательные палочки). Особенно выраженное снижение отмечено в группе анаэробных бактерий.

A detailed 3D rendering of the human gut microbiome. The image shows a complex network of intestinal villi and crypts. The surface is densely populated with various types of bacteria, represented by different colors and shapes: purple and blue spheres, red and orange spheres, and some rod-shaped structures. The background is a soft, glowing green, suggesting a healthy, active environment.

ЭУБИОЗ

Это динамическое равновесие нормальной микрофлоры и организма человека

Применение
антибиотиков

Стрессы

Факторы, влияющие
на равновесие
микрофлоры

Нерациональное
питание

Заболевания ЖКТ

ДИСБИОЗ

A detailed 3D illustration of a human gut, showing the internal folds and villi. The scene is filled with a dense population of various microorganisms, including large purple and blue spheres, smaller red and orange spheres, and rod-shaped bacteria. The lighting is bright and focused on the right side, creating a sense of depth and highlighting the complex microbial ecosystem.

Это нарушение качественного и количественного состава
микробиоценоза



СПАСИБО ЗА ВНИМАНИЕ!