

© Е.А. Щуплова, С.Б. Фадеев, 2016

УДК 617-022:616-018:576.851

Е.А. Щуплова, С.Б. Фадеев

**ИЗУЧЕНИЕ ВИДОВОГО СОСТАВА МИКРОФЛОРЫ ОЧАГОВ
ГНОЙНО-ВОСПАЛИТЕЛЬНЫХ ПРОЦЕССОВ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ
РАЗНЫХ МЕТОДИЧЕСКИХ ПОДХОДОВ**

Институт клеточного и внутриклеточного симбиоза УрО РАН, Оренбург, Россия

Цель. Изучить видовой состав микрофлоры очагов гнойно-воспалительных процессов с помощью стандартных бактериологических методов исследования и с использованием метагеномного анализа.

Материалы и методы. В исследовании использовали бактериологический метод и метагеномный анализ патологического материала, полученного от больных с гнойными ранами.

Результаты. С использованием бактериологического метода установлено, что чаще из очагов гнойно-воспалительных процессов высевался *S. aureus*, а при метагеномном анализе патологического материала обнаружено преобладание ДНК представителей семейств *Clostridiaceae* и *Enterobacteriaceae*.

Заключение. Использование стандартного бактериологического подхода и метагеномного секвенирования позволяет более полно охарактеризовать видовой состав микрофлоры очагов гнойно-воспалительных процессов.

Ключевые слова: бактериологический метод, метагеномный анализ, микрофлора очагов гнойно-воспалительных заболеваний.

E.A. Shchuplova, S.B. Fadeev

THE STUDY OF SPECIES COMPOSITION OF MICROFLORA FOCAL INFLAMMATORY PROCESSES USING DIFFERENT METHODOLOGICAL APPROACHES

Institute of Cellular and Intracellular Symbiosis UrB RAS, Orenburg, Russia

Objective. The study of species composition of microflora focal of inflammatory processes using standard bacteriological methods of research and the use of metagenomic analysis.

Materials and methods. The study used the bacteriological method and metagenomic analysis of pathological material obtained by for patients with purulent wounds.

Results. Using a bacteriological method found that most of the centers of inflammatory processes seeded *S.aureus*, and in metagenomic analysis of the prevalence of pathological material found DNA representatives *Clostridiaceae* and *Enterobacteriaceae* families.

Conclusion. Using the standard bacteriological and metagenomic sequencing approach allows for a more complete characterization of the species composition of microflora foci of inflammatory processes.

Keywords: bacteriological method, metagenomic analysis, microflora foci of inflammatory diseases.