



МОНГОЛ ХҮНИЙ БАТГА ҮҮСГЭГЧ, ЭМГЭГШҮҮЛЭГЧИЙГ ТОДОРХОЙЛСОН ДҮН

Н.Оюунбат¹, М.Энхцацрагал¹, Б.Болортуяа¹, Б.Даваапүрэв¹, Р.Чинзориг¹,
Ё.Анзай², А.Фукумото², Ё.Ийзака², Г.Номиндалай³, Ж.Энхжаргал³, Ж.Батхүү^{1*}

1. Хэрэглээний Шинжлэх Ухааны Инженерчлэлийн Сургууль, МУИС, Монгол улс

2. Тохо Их Сургууль, Япон улс

3. Арьсны өвчин судлалын үндэсний төв (АӨСҮТ), Монгол улс

* Цахим шуудан: jbaikhui@nutm.edu.mn

Редакцийд ирүүлсэн: 2017.05.15

ХУРААНГУЙ

Арьс нь хүний биеийг гадна орчны халдвараас хамгаалан бүрхэж байдаг бөгөөд энэ хэсэгт *Staphylococcus*, *Micrococcus*, *Corynebacterium*, *Brevibacteria*, *Propionibacteria*, *Acinetobacter* зэрэг арьсны хэвийн микрофлор оршин байдаг байна. Гэвч эдгээр микроорганизмууд нь тохиromжтой нөхцөл бүрдсэн тохиолдолд батга, үрэвслэл үүсгэх процессд оролцдог. Батга нь өвчтөний амь насанд төдийлөн эрсдэл үүсгэдэггүй боловч сэтгэл санаа, өвчтний өөртөө ингэх ингэлд сөргөөр нөлөөлдөг. Батга үүсгэг бичил биетэн нь *Propionibacterium acnes* юм. Одогоор манай оронд *P.acnes*-ийн судалгаа хийгдээгүй байна. Иймээс бид Монгол хүний батганаас дээжж авч батга үүсгэгч болон түүний эмгэгшүүлэгчийн төрөл зүйлийн хамаарлыг тогтоох судалгааны ажлыг хийж гүйцэтгэв. Монгол хүний батганы дээжнээс 7 зүйлийн бичил биетэн илрүүлсэн ба эдгээр бичил биетнууд нь тухайн хүний батгашилтийн хүндэрэлээс шалтгаалан зүйлийн бүрдлийн хувьд өөр өөр байдгийг батлав. Ялангуяа хүнд хэлбэрийн батга нь демодекс хачиг, *P. acnes*, *S.epidermidis* бактериудын хавсарсан тохиолдолд нөхцөлдөг болохыг тогтоон зарим орны судлаачдын үр дүнтэй харьцууллаа.

Үлхүүр үс: Батга, *Propionibacterium acnes*, Монгол хүн;

ОРШИЛ

Батга нь өсвөр насыханд элбэг тохиолддог, ихэнхдээ аажимдаа эдгэрдэг өвчин боловч цөөн тохиолдолд (5% хүртлэх) 40-50 нас хүртэл үргэлжлэн гарах нь бий. Залуу хүмүүсийн хувьд батга гарснаар ичих, илүү уур уцаартай болох, сэтгэлээр унах асуудлуудтай учирдаг. Харамсалтай нь энэ өвчин үүсэх механизмын бүрэн тайлгадаагүй бөгөөд дараах 3 хүчин зүйлийг үүсгэгч

гэж тооцож байна. Үүнд: гормоны баланс алдагдсанаас тосны булчирхай тос их хэмжээгээр нийлэгжүүлэх, суваг битүүрэх буюу эвэрших (*ductal cornification*), бичил биетнууд үржин үрэвслийг өдөөх зэрэг болно. *Staphylococcus*, *Micrococcus*, *Corynebacterium*, *Brevibacteria*, *Propionibacterium*, *Acinetobacter* зэрэг нь хэдийгээрхүний арьсныхэвийн микрофлорт



тооцогдох [1] боловч тохиромжтой нөхцөл бүрдсэн тохиолдолд батга, үрэвсэл үүсгэх процессд оролцно [2,3]. Үүний улмаас арьсны хамгаалах чадвар буурч биесийн тодорхой хэсгийг аливаа халдварт өртөмхий болгодог. Батга үүсгэгч *Propionibacterium acnes* болон бусад бичил биетэн, андроген дааврын ихсэлт, ретинойдын дутагдал нь хавсарч батганы эмгэг жамын үйл явцыг хүндрүүлнэ [4]. Батгыг хүндрэлийн зэргээр нь 4 ангилдаг [2].

а. Хар батга гэдэг нь арьсан дээр нүхжилт үүссэн, битүүрсэн байдалтай харагддаг боловч үрэвсэлийн зангилаагүй байна.

б. Хөнгөн хэлбэрийн батгашилтын үед хар батга болон цөөн тооны үрэвслийн гувдруү үүснэ.

с. Дунд зэргийн батгашилтын үед хар батга болон үрэвслийн гувдруү, зангилаа нь хөнгөн хэлбэрийн батгашилтын үеийнхээс илүү их тоотой илэрнэ.

д. Хүнд хэлбэрийн батгашилтын үед хар батга болон үрэвслийн шингэн агуулсан 5 мм-ээс том хэмжээтэй зангилаат үрэвсэл үүснэ [4].

Батга үүсгэгч бичил биетэн нь *Propionibacterium acnes* юм. Энэ микроорганизм анаэроб боловч хүчилтөрөгчтэй орчинд тэсвэртэй,

грам эерэг, морфологийн хувьд саваа, торлосон буюу салаалсан хэлбэрийн байж болох ба ганц нэгээрээ, хосоор, эсвэл бүлгээр будагдаж харагдана. Ангилал зүйн хувьд *Bacteria*-ийн аймаг, *Actinobacteria*-ийн хүрээ, *Actinomycetales*-ийн анги, *Propionibacteriaceae*-ийн овог, *Propionibacterium*-ийн төрөл, *Propionibacterium acnes* гэсэн зүйлд хамаарна. *Propionibacterium* төрөлд хамаарах зүйлүүд өвчин үүсгэгчид биш, зарим зүйлүүдийг бяслаг, В12 витамин, пробиотикин үйлдвэрлэлд ашигладаг [5]. *P.acnes* арьсны бичил биетний микрофлорт комменсал хэлбэрээр оролцох тул хэвийн буюу эрүүл арьстай насанд хүрэгчидэд ч илэрнэ. Нэн ялангуяа арьсны халимд (*sebum*) ялгарсан тосны хүчлийн хэсэгт амьдарна. Иймд *P.acnes* тээгч хүний бодисын солилцоо болон бусад онцлогоос шалтгаалан тосны хүчил ихээр нийлэгжих тохиолдолд үсний уутанцар битүүрч хүчилтөрөгчгүй орчин үүссэн бол бактери үржих таатай нөхцөл болдог [6,7].

Одоогоор манай оронд *P.acnes*-ийн судалгаа хийгдээгүй байна. Иймээс бид Монгол хүний батганаас дээж авч батга үүсгэгч болон түүний эмгэгшүүлэгчдийн төрөл зүйлийн хамаарлыг тогтоох судалгааны ажлыг хийж гүйцэтгэв.

МАТЕРИАЛ, АРГА ЗҮЙ

АӨСҮТ-ийн лабораториор 2016 оны 10 сараас 2017 оны 3 сар хүртлэх хугацаанд үйлчлүүлсэн 40 хүнээс судалгааны асуумж [2,3] бөглүүлэн батганы дээжийг тосны булчирхайн шүүрлийг шахах аргаар авлаа [8]. Батганы дээжийг зориулалтын материалаар авч (*Hiculture transport swab, Himedia, India*) 24 цагийн дотор шинжилсэн болно. Батганы дээжинд демодекс хачиг (*Demodex folliculorum*) байгаа эсэхийг бичил харуурын (10X өсөлтгэй) аргаар [9] илрүүлэв. Мөн батганы дээжинд агуулагдах агаартан бичил биетний зүйлийн бүрдлийг тодорхойлоходоо Nutrient agar (*Biolab, Hungary*), Tryptose soy agar (*Biolab, Hungary*) тэжээлт орчин, агааргүйтэн бичил биетний зүйлийн бүрдлийг тодорхойлоходоо [10] Gifu Anaerobic Medium (*Nissui, Japan*), Blood agar base (*Biolab, Hungary*) тэжээлт орчин, цусыг Цус сэлбэлт судалалын үндэсний төвөөс тус тус авч ашиглан 2-4 хоног, 37°C-д, 100% хийн азотын нөхцөлд өсгөвөрлөв [7]. Аэроб орчинд ургасан бичил биетнүүдийн төрөл зүйлийн бүрдлийг тодорхойлоходоо API STAPH-IDENT (*Biomerieux, France*) системийг ашиглав [14]. Энэхүү систем нь биохимиийн 20 шинжилгээгээр гарсан

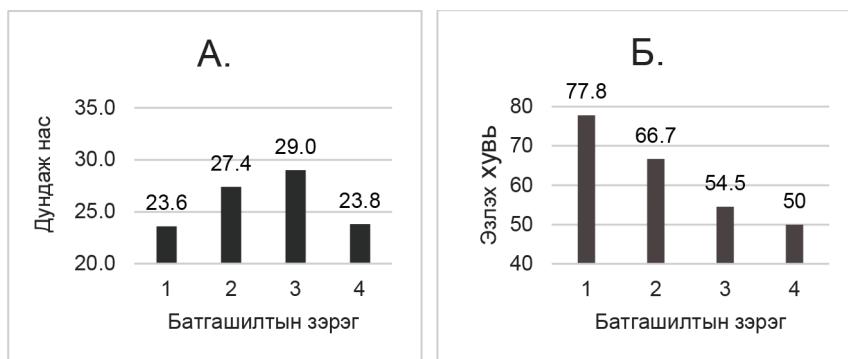
Үр дүнг API-WEB програмыг ашиглан боловсруулдаг. Анаэроб орчинд ялгасан бичил биетнүүдийн төрлийг граммын [11] болон каталаза ферментийн идэвхийн [12] арга ба *Propionibacterium acnes* зүйлийг полимеразын гинжин урвалын аргаар тодорхойлов (праймер 10F AGTTTGATCCTGGCTC, праймер 1541R AAGGAGGTGATCCAGCC (95°C 3', 98°C 10", 50°C 10", 68°C 2', 68°C 10'100 bp Ladder ADD ДНХ маркер)) [13]. Үр дүнг харьцуулах болох баталгаажуулах зорилгоор *Propionibacterim acnes* (NBRC 107605, NITE.Japan)-ийг ашигласан бөгөөд *P.acnes*-ийн 16S рибосомын ДНХ-ын дарааллыг тодорхойлоо 2xKOD Fx neo buffer 25μl, 2mM dNTPs 10 μl, 10 μl primer 10F 0.5 μl, 10 μl primer 1541R 0.5 μl, template DNA 0.5 μl, KOD FX neo DNA polymerase

(1U/ μL) 1 μL, DDW up to 50 μl холимогийг 95°C 3', 98°C 10", 50°C 10", 68°C 2', 68°C 10' нөхцөлд ПГУ явуулав. Урвалын дараах дээжийг 1,5% агароз гель электрофорезоор гүйлгэхэд 1,3 ба 1,5 kb фрагментүүд илрэв. 1,5kb фрагментыг ялан авахад Wizard SV Gel болон PCR Lean-Up System (Promega)-ийг үйлдвэрлэгчийн заасан протоколын дагуу ашиглав. Мөн ДНХ-ийн фрагменттай холбогдсон будгийг угаахдаа BigDye XTerminator (Applied Biosystems) ашигласан болно. pHX-ийн дарааллыг 3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems) ашиглан тодорхойлов. Батгашилтын зэрэг болон баттанаас илэрсэн эмгэгшүүлэгч микроорганизмын хамаарлыг тооцоходо SPSS 21 программын Compare means цэсийг ашигласан.

ҮР ДҮН БА ХЭЛЦЭМЖ

Судалгаанд хамрагдсан хүмүүсийг батгашилтын зэрэг, хүндэрлээс нь хамааруулан үрэвсэлгүй, хөнгөн хэлбэрийн, дунд зэргийн, хүнд хэлбэрийн

гэж 4 ангилсан бөгөөд [2] бүлэг тус бүрт хамрагдах хүний тоо харгалзан 9, 12, 11, 8 байв. Нийт хамрагдсан 40 хүний 25 буюу 62,5 хувь нь эмэгтэйчүүдийн байлаа (Зураг 1).



Зураг 1. Бүлэг тус бүрт хамаарах хүний А) дундаж нас Б) эмэгтэйчүүдийн эзлэх хувь.

Насны хувьд 57,5% нь 15-25 насын хүмүүс байсан бол 42,5% нь 26-52 насынхан байв. Харин арьсны хэв шинжийн хувьд 51% нь тослог, 47% нь холимог, 1 % нь хуурай, 1 % нь хэвийн арьстай хүмүүс байлаа. Зураг 1, Б-с үзэхэд судалгаанд хамрагдагсадын батгашилтын зэрэг

хүндрэх тусам эмэгтэйчүүдийн эзлэх хувь багасч байгаа бол бүлэг тус бүрийн дундаж насын хэмжээ ямар нэг хамааралгүй байна. Юта нарын судалгаагаар [14] батга үүсэхэд хүйсийн ялгаа байхгүй боловч эрчүүдийн хувьд илүү их хүндэрдэг болох нь тогтоогджээ.

Судалгааны нийт дээжинд грам зэрэг, агаартан бактериуд болох *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus aureus*, *Micrococcus spp*, *Staphylococcus capitis*,

Staphylococcus cohnii болон грам зэрэг, агааргүйтэн бактери *Propionibacterium acnes* мөн демодекс хачиг *Demodex folliculorum* байлаа (хүснэгт 1).

Хүснэгт 1. Батганаас ялгасан микроорганизмын зүйлийн бурдэл

Бичил биетний төрөл зүйл Илэрсэн хувь	<i>P.acnes</i>	<i>S.aureus</i>	<i>S.epidermidis</i>	<i>Micrococcus spp</i>	<i>S.capitis</i>	<i>S.cohnii</i>	<i>Demodex</i>
Тоо	12	19	40	11	2	2	18
Эзлэх хувь	30%	47,5%	100%	27,5%	5%	5%	45%

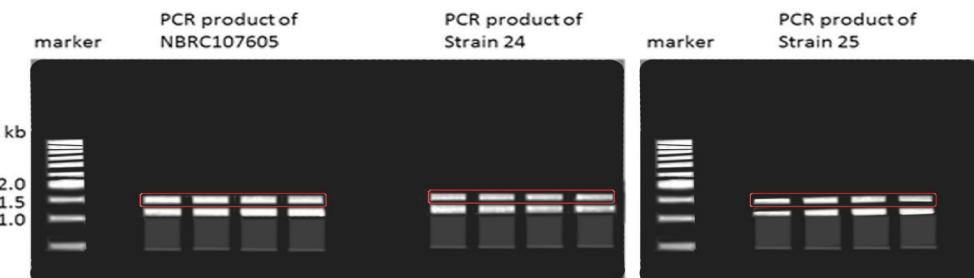
Хүснэгт 1-ээс харахад Demodex судалгаанд хамрагсдын 45%-д, *S.epidermidis* бүх хүнд, *Propionibacterium acnes* 30%-д, *Staphylococcus aureus* 47,5%-д, *Micrococcus spp* 27,5%-д илэрсэн бол *S.Capitis*, *S.Cohnii* тус бүр 5%-д илэрлээ. Энэхүү дүнг Герман, Францын судлаачдын батга үүсгэгчийн төрөл зүйлийн бурдлийг тодорхойлсон судалгааны дүнтэй харьцуулахад *Propionibacterium* (16%-иар их), *Staphylococcus* (64%-иар их) эзлэх хувь нь харьцангуй өндөр байсан бол Энэтхэг, Япон судлаачдын дүнтэй харьцуулахад *Propionibacterium* (32%-иар бага)-ийн эзлэх хувь бага, *Staphylacoccus* (47%-иар их)-ийн

эзлэх хувь нь харьцангуй их байна [16,17, 18].

Дээрх микроорганизмуудаас демодекс хачгийг АӨСҮТ-д илрүүлэн тогтоов. *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus aureus*, *Micrococcus spp*, *Staphylococcus capitis*, *Staphylococcus cohnii* бактериудыг сонгомол тэжээлийн орчинд өсгөвөрлөж физиологи-биохимийн шинжбая API STAPH-IDENT биохимийн тестын аргаар МУИС-ийн Биоорганик хими-Фармакогнозын лабораторид, *Propionibacterium acnes*-ийг ПГУ-ийн аргаар Японы Тохо их сургуулийн Микробиологийн лабораторид тус тус тодорхойлов (Хүснэгт 2, Зураг 2,3).

Хүснэгт 2. Батганаас ялгасан аэроб бичил биетний төрөл зүйлийг API STAPH-IDENT тестээр тодорхойлсон дүн

Өсгөврийн дугаар	Хамааргдах төрөл зүйл	Биохимийн шинжилгээ																				
		0	GLU	FRU	MNE	MAL	LAC	TRE	MAN	XLT	MEL	NIT	PAL	VP	RAF	XYL	SAC	MDG	NAG	ADH	URE	LSTR
3	<i>S.aureus</i>	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	-	+	+	+	-	-	-	+	-
16	<i>Micrococcus spp</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-
5	<i>S.epidermidis</i>	-	-	+	+	+	+	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-
31	<i>S.capitis</i>	-	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	-	-	+	-	-	+	+	+
8	<i>S.cohnii</i>	-	+	+	+	+	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	+	+	-



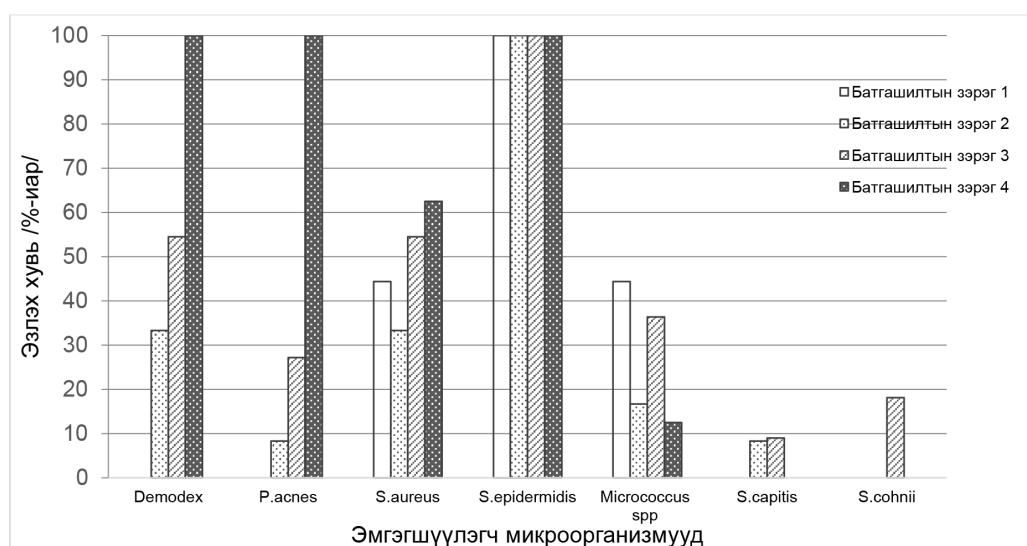
(Улаан өнгөөр 1,5kb хэмжээтэй фрагментүүдийг узүүлэв)

Зураг 2. ПГУ-ын бүтээгдэхүүнүүдийг гель электрофорезоор узүүлсэн дүн

25-р өсгөвөрийн 16S rPHX-ийн дараалал ээрэг хяналт болгон авсан *P.acnes* NBRC107605 зүйтэй 100% гомолог байсан бол 24-р өсгөвөр *P.acnes* NBRC107605-тэй нэг нуклеотидын зөрүүтэй гарсан. Дээрх 16S rPHX-ийн дараалалуудыг BLAST программ дээр тооцоолоход *P.acnes* NBRC107605 болон 25-р өсгөвөр нь *Propionibacterium acnes* strain PA_12_1_L1 бактеритэй 100% гомолог, 24-р өсгөвөр *Propionibacterium acnes* TypeIA2 *P.acn33* бактеритэй 100% гомолог байлаа. Энэхүү туршилтаар бид урьд нь гарган авсан

(зураг 2) ПГУ-ын үр дүнг баталгаажуулан 24, 25-р өсгөвөр болон ижил морфологи ба физиологийн идэвхи үзүүлсэн бусад өсгөвөрүүд нь *Propionibacterium acnes* юм гэдгийг баталж чадлаа (Хавсралт 1).

Хэвлэлийн тоймоос үзэхэд *P.acnes* батга үүсэх үйл явцад оролцдог бол, *S.epidermidis*, *S.aureus* болон демодекс хачиг нь батганы эмгэг жамын үйл явцыг хүндрүүлдэг болох нь тогтоогдсон [15] бөгөөд бидний судалгаагаар батлагдаж байна (зураг 3).



Зураг 3. Батгашилтын зэрэгээс хамааран илэрсэн эмгэгшүүлэгч микроорганизмуудыг илрэхийлсэн дун (хувиар).

Бидний судалгаанд хамрагдсан бүх хүнд *S.epidermidis* илэрсэн. Батгашилтын 1-р зэрэгтэй хүнд демодекс хачиг болон *P.acnes* илрээгүй бол 2-р зэрэгтэй нийт хүний 33,3%-д демодекс хачиг, 8,3%-д *P.acnes*, 3-р зэрэгтэй нийт хүний 54,5%-

д демодекс хачиг, 27,2%-д *P.acnes*, 4-р зэрэгтэй бүх хүнд *P.acnes* болон демодекс хачиг илрэч байв. *S.aureus*, *Micrococcus spp*, *S.capitis*, *S.cohnii* бактериуд нь батганы дээжинд илэрсэн нь батганы хүндрэлийн зэрэгтэй хамааралгүй байв.

ДҮГНЭЛТ

Бидний судалгаагаар Монгол хүнээс ялгасан батганы дээжнээс нийт 7 зүйлийн бичил биетэн илрүүллээ. Дээрх бичил биетнууд нь тухайн хүний батгашилтийн

хүндрэлээс шалтгаалан зүйлийн бүрдлийн хувьд өөр өөр байдгийг батлав. Ялангуяа хүнд хэлбэрийн батга нь демодекс хачиг, *P.acnes*, *S.epidermidis* бактериудын



хавсарсан тохиолдолд нөхцөлдөг болохыг тогтоон гадны судлаачдын үр дүнтэй харьцууллаа. Мөн *S.aureus*, *Micrococcus spp.*, *S.capitis*, *S.cohnii* бактериуд нь батганы дээжинд илэрч буй боловч тохиолдлын шинж чанартай буюу батганы хүндрэлийн зэрэгтэй хамаарлгүй байв.

Монгол хүний батга үүсгэгч, эмгэгшүүлэгчдийн төрөл зүйлийн

бүрдлийг бусад орны хүмүүсийн батга, түүний эмгэгшүүлэгчдийн төрөл зүйлийн бүрдэлтэй харьцуулахад *S.epidermidis* – ийн эзлэх хувь харьцаангуй өндөр байлаа. Энэ микроорганизм нь арьсны хэвийн бичил биетэн боловч тохиромжтой нөхцөл бүрдсэн тохиолдолд батга, үрэвсэл үүсгэх процессд оролцдог болохыг тогтоов.

НОМ ЗҮЙ

1. Wilson, M., *Bacteriology of humans: an ecological perspective*. 2009: John Wiley & Sons.
2. O'brien, S., J. Lewis, and W. Cunliffe, *The Leeds revised acne grading system. Journal of dermatological treatment*, 1998. 9(4): p. 215-220.
3. Leyden, J.J., et al., *Skin microflora. The Journal of investigative dermatology*, 1987. 88(3 Suppl): 65s.
4. Kellett, S. and D. Gawkrodger, *The psychological and emotional impact of acne and the effect of treatment with isotretinoin*. British Journal of Dermatology, 1999. 140: 273-282.
5. Stachebrandt, E., C.S. Cummins, and J.L. Johnson, *Family propionibacteriaceae: the genus Propionibacterium*, in *The prokaryotes*. 2006, Springer. 400-418.
6. Bhatia, A., J.-F. Maisonneuve, and D.H. Persing. *Propionibacterium acnes and chronic diseases*. in *The Infectious Etiology of Chronic Diseases: Defining the Relationship, Enhancing the Research, and Mitigating the Effects--Workshop Summary*. 2004. National Academies Press.
7. Nakase, K., et al., *Relationship between the severity of acne vulgaris and antimicrobial resistance of bacteria isolated from acne lesions in a hospital in Japan*. Journal of medical microbiology, 2014. 63(5): 721-728.
8. Ross, J., et al., *Antibiotic-resistant acne: lessons from Europe*. British journal of Dermatology, 2003. 148(3): 467-478.
9. Mathison, B.A. and B.S. Pritt, *Laboratory identification of arthropod ectoparasites*. Clinical microbiology reviews, 2014. 27(1): 48-67.
10. Douglas, H. and S.E. Gunter, *The taxonomic position of Corynebacterium acnes*. Journal of bacteriology, 1946. 52(1): 15.
11. Bartholomew, J.W. and T. Mittwer, *The gram stain*. Bacteriological reviews, 1952. 16(1): 1.
12. Ross, F., S. Torriani, and F. Dellaglio, *Identification and clustering of dairy propionibacteria by RAPD-PCR and CGE-REA methods*. Journal of applied microbiology, 1998. 85(6): 956-964.
13. Patel, J.B., *16S rRNA gene sequencing for bacterial pathogen identification in the clinical laboratory*. Molecular Diagnosis, 2001. 6(4): 313-321.
14. Kloos, W. and J. Wolfshohl, *Identification of Staphylococcus species with the API STAPH-IDENT system*. Journal of Clinical Microbiology, 1982. 16(3): 509-516.
15. Jahns, A.C., et al., *No link between rosacea and Propionibacterium acnes*. Apmis, 2012. 120(11): 922-925.
16. Zeeuwen P.L, van den Bogaard E.H, et al. *Microbiome dynamics of human epidermis following skin barrier disruption*. Genome Biol. 2012; 13: R101.
17. Numata S, Akamatsu H, Akaza N, et al. *Analysis of skin-resident microbiota in Japanese acne patients*. Dermatology. 2014; 228: 86-92.
18. Brigitte D, Thomas B, et al. *The skin microbiome in patients with acne vulgaris*. Dermatology. 2015; 11: 45-50



IDENTIFICATION OF PATHOGENIC MICROORGANISMS ISOLATED FROM MONGOLIAN ACNE PATIENTS

Oyunbileg N.¹, Enkhtsatsral M.¹, Bolortuya B.¹,
Davaapurev B.¹, Chinzorig R.¹, Anzai Yo.², Fukumoto A.²,
Iizak Yo.², Nomindalai G³, Enkhjargal J³, Batkhuu J^{1*}

1. National University of Mongolia, Mongolia

2. University of Toho, Japan

3. National Center of Dermatology (NCD), Mongolia

*corresponding author: e-mail: jbatkhuu@num.edu.mn

Abstract: The skin is thin layer of tissue forming the natural outer covering of the body of a person, it is protected from some infections [1]. Skin's naturally occurring microbes are *Staphylococcus*, *Micrococcus*, *Corynebacterium*, *Brevibacteria*, *Propionibacteria* and *Acinetobacteria* [2, 3]. Acnes caused by *Propionibacterium acnes* (*P.acnes*) infection but it is commensal with other microorganisms. Sometimes *P.acnes* identified in normal skin. *P. acnes* live deep within follicles oil-bag and pores, away from the surface of the skin. Elevated production of sebum by hyperactive sebaceous glands (sebaceous hyperplasia) or blockage of the follicle can cause *P. acnes* to grow and multiply. Acne is chronic inflammatory disease affecting the pilosebaceous follicle [18]. Skin infections are decreasing immunity of certain parts of the body.

Acne severity correlated highly with increasing stress and harmful for self-confidence [4].

The most countries had study about their acne patient's microflora and pathogenic microbes. Currently, our country has not been study yet. Therefore, we carried out research to determine the relationship between Mongolian samples of acne and acne causing their pathogenic microorganisms.

We were interested microflora of Mongolian acne patients. We took samples by swab and obtained from 40 acne patients. The acne patients were 25 females and 15 males with teenagers of 57.5% and 25-52 years old of 42.5%. The samples were cultured on modified GAM agar (Nissui, Japan) under anaerobic conditions at 37°C for 96 hr. *P. acnes* was identified by PCR and the 16s rRNA gene sequences. Also the samples were cultured on Nutrient agar (Biolab, Hungary), Tryptose soy agar (Biolab, Hungary) in aerobic conditions at 37°C for 48 hr. *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus aureus*, *Micrococcus spp*, *Staphylococcus capitis* and *Staphylococcus cohnii* were identified by API-STAPH-IDENT (Biomerieux, France). We detected demodex mite by microscope.

We were found demodex 45% of all patient. All patients had *S.epidermidis*, *P.acnes* had 30% of them, *S.aureus* in 47.5%, *Micrococcus*, *spp* in 27.5%, *S.Capitis* and *S.Cohnii* each 5%. We compared our research result with Germany, French, Indian and Japanese researcher's similar studies. Whereas our research results were more than European acne patients such as *P.acnes* 16 percent and *Staphylococcus* 64 percent. However Mongolian acne patient's microorganisms determined more than European acne patients, *P.acnes* determined 32 percent lower than Japan and Indian patients. Even though *Staphylococcus* was 47 percent more than their result.

Our study shows in causing acne, especially severe acne is associated cases demodex mite, *P. Acnes*, *S.epidermidis*. And the strains of bacteria *S.aureus*, *Micrococcus* spp conditions from acne were related degree occur in acne but complications. Appearance acne bacteria *S. capitis*, *S.cohnii* samples, but only casually. Mongolian people causing acne, pathogenic species had a relatively high percent of people in other countries, *S.epidermidis* acne compared to the complete condition pathogenic type of acne vulgaris.

Keywords: acne, *Propionibacterium acnes*, Mongolian;



*Хавсралт 1. Контроль осгөвөр *P.acnes* NBRC107605 болон биодний ялгасан осгөвүүдийн 16S rPHX-ийн нуклеотидын дарааллын үндсэн зураглал*

[ATGC:Output Alignment]
Date : 2017.04.07 12:13:56
Project Name : Project5

** Contig1 **

*** 1 :AGTTTGATCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGCGTGTAAACACATGCAAGTCGAACCGG
+ SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605.gnu 1 :AGTTTGATCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGCGTGTAAACACATGCAAGTCGAACCGG
+ SQ_16SrRNA_Strain24.gnu 1 :AGTTTGATCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGCGTGTAAACACATGCAAGTCGAACCGG
+ SQ_16SrRNA_strain25.gnu 1 :AGTTTGATCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGCGTGTAAACACATGCAAGTCGAACCGG

*** 61 :AAAGGCCCTGCTTGTGGGGTGTGAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCC
+ SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605.gnu 61 :AAAGGCCCTGCTTGTGGGGTGTGAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCC
+ SQ_16SrRNA_Strain24.gnu 61 :AAAGGCCCTGCTTGTGGGGTGTGAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCC
+ SQ_16SrRNA_strain25.gnu 61 :AAAGGCCCTGCTTGTGGGGTGTGAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCC

*** 121 :TGCCCTTGACTTTGGGATAACTTCAGGAAACTGGGGCTAATACCGGATAGGAGCTCTGC
+ SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605.gnu 121 :TGCCCTTGACTTTGGGATAACTTCAGGAAACTGGGGCTAATACCGGATAGGAGCTCTGC
+

+GGAAACTGGGCTAATACCGGATAGGAGCTCTGC
+ SQ_16SrRNA_Strain24.gnu 121 :TGCCCTTGACTTTGGGATAACTTCAGGAAACTGGGGCTAATACCGGATAGGAGCTCTGC
+ SQ_16SrRNA_strain25.gnu 121 :TGCCCTTGACTTTGGGATAACTTCAGGAAACTGGGGCTAATACCGGATAGGAGCTCTGC

*** 181 :TGCATGGGGGGTTGGAAAAGTTTCGGGGTTGGGGATGGACTCGGGCTTACAGCTTGC
+ SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605.gnu 181 :TGCATGGGGGGTTGGAAAAGTTTCGGGGTTGGGGATGGACTCGGGCTTACAGCTTGC
+ SQ_16SrRNA_Strain24.gnu 181 :TGCATGGGGGGTTGGAAAAGTTTCGGGGTTGGGGATGGACTCGGGCTTACAGCTTGC
+ SQ_16SrRNA_strain25.gnu 181 :TGCATGGGGGGTTGGAAAAGTTTCGGGGTTGGGGATGGACTCGGGCTTACAGCTTGC

*** 241 :TTGGTGGGGTAGTGGCTTACCAAGGCTTACGGGGTAGCCGGCTGAGAGGGTGA
+ SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605.gnu 241 :TTGGTGGGGTAGTGGCTTACCAAGGCTTACGGGGTAGCCGGCTGAGAGGGTGA
+ SQ_16SrRNA_Strain24.gnu 241 :TTGGTGGGGTAGTGGCTTACCAAGGCTTACGGGGTAGCCGGCTGAGAGGGTGA
+ SQ_16SrRNA_strain25.gnu 241 :TTGGTGGGGTAGTGGCTTACCAAGGCTTACGGGGTAGCCGGCTGAGAGGGTGA

*** 301 :CACATTGGGACTGAGATAACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGAATATTGCA
+ SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605.gnu 301 :CACATTGGGACTGAGATAACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGAATATTGCA
+ SQ_16SrRNA_Strain24.gnu 301 :CACATTGGGACTGAGATAACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGAATATTGCA
+ SQ_16SrRNA_strain25.gnu 301 :CACATTGGGACTGAGATAACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGAATATTGCA

*** 361 :CAATGGGCGGAAGCCTGATGCGAGCAACGCCGCGTGCAGCAACGCCGCGTGCAGGATGACGCCCTCGGGTTGAA
+ SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605.gnu 361 :CAATGGGCGGAAGCCTGATGCGAGCAACGCCGCGTGCAGGATGACGCCCTCGGGTTGAA
+ SQ_16SrRNA_Strain24.gnu 361 :CAATGGGCGGAAGCCTGATGCGAGCAACGCCGCGTGCAGGATGACGCCCTCGGGTTGAA
+ SQ_16SrRNA_strain25.gnu 361 :CAATGGGCGGAAGCCTGATGCGAGCAACGCCGCGTGCAGGATGACGCCCTCGGGTTGAA

*** 421 :ACCGCTTICGCTGTGACGAAGCGTAGCGTGA
+ SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605.gnu 421 :ACCGCTTICGCTGTGACGAAGCGTAGCGTGA
+ SQ_16SrRNA_Strain24.gnu 421 :ACCGCTTICGCTGTGACGAAGCGTAGCGTGA
+ SQ_16SrRNA_strain25.gnu 421 :ACCGCTTICGCTGTGACGAAGCGTAGCGTGA

*** 481 :TACGTGCCAGCAGCCGGGTGATCGTAGGGTGCAGCGTAGCGTGA
+ SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605.gnu 481 :TACGTGCCAGCAGCCGGGTGATCGTAGGGTGCAGCGTAGCGTGA
+ SQ_16SrRNA_Strain24.gnu 481 :TACGTGCCAGCAGCCGGGTGATCGTAGGGTGCAGCGTAGCGTGA
+ SQ_16SrRNA_strain25.gnu 481 :TACGTGCCAGCAGCCGGGTGATCGTAGGGTGCAGCGTAGCGTGA

*** 541 :AAAGGGCTCGTAGGTGGTGTGATCGCGTCCAAGTGTAA
+ SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605.gnu 541 :AAAGGGCTCGTAGGTGGTGTGATCGCGTCCAAGTGTAA
+ SQ_16SrRNA_Strain24.gnu 541 :AAAGGGCTCGTAGGTGGTGTGATCGCGTCCAAGTGTAA
+ SQ_16SrRNA_strain25.gnu 541 :AAAGGGCTCGTAGGTGGTGTGATCGCGTCCAAGTGTAA

*** 601 :TGCTTTCGATACGGGGTAGCTGAGGAAGGTAGGGGAGAATGGAATTCTGGTGGAGCGG
+ SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605.gnu 601 :TGCTTTCGATACGGGGTAGCTGAGGAAGGTAGGGGAGAATGGAATTCTGGTGGAGCGG
+ SQ_16SrRNA_Strain24.gnu 601 :TGCTTTCGATACGGGGTAGCTGAGGAAGGTAGGGGAGAATGGAATTCTGGTGGAGCGG
+ SQ_16SrRNA_strain25.gnu 601 :TGCTTTCGATACGGGGTAGCTGAGGAAGGTAGGGGAGAATGGAATTCTGGTGGAGCGG

*** 661 :TGAATGCCAGATATCAGGAGGAACACCA
+ SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605.gnu 661 :TGAATGCCAGATATCAGGAGGAACACCA
+ SQ_16SrRNA_Strain24.gnu 661 :TGAATGCCAGATATCAGGAGGAACACCA
+ SQ_16SrRNA_strain25.gnu 661 :TGAATGCCAGATATCAGGAGGAACACCA



*** 721 :GACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGCTAGATACCTGGTAGTCACACGT
+SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605. gnu 721 :GACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGCTAGATACCTGGTAGTCACACGT
+ SQ_16SrRNA_Strain24. gnu 721 :GACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGCTAGATACCTGGTAGTCACACGT
+ SQ_16SrRNA_strain25. gnu 721 :GACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGCTAGATACCTGGTAGTCACACGT

*** 781 :GTAACACGGTGGGTACTAGGTGTTGGGTCATTCCACGGGTTCCGTGCCCTAGCTAACACGT
+SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605. gnu 781 :GTAACACGGTGGGTACTAGGTGTTGGGTCATTCCACGGGTTCCGTGCCCTAGCTAACACGT
+ SQ_16SrRNA_Strain24. gnu 781 :GTAACACGGTGGGTACTAGGTGTTGGGTCATTCCACGGGTTCCGTGCCCTAGCTAACACGT
+ SQ_16SrRNA_strain25. gnu 781 :GTAACACGGTGGGTACTAGGTGTTGGGTCATTCCACGGGTTCCGTGCCCTAGCTAACACGT

*** 841 :TTAAGTACCCCGCCTGGGAGTACGGCCGAAGGCTAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGC
+SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605. gnu 841 :TTAAGTACCCCGCCTGGGAGTACGGCCGAAGGCTAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGC
+ SQ_16SrRNA_Strain24. gnu 841 :TTAAGTACCCCGCCTGGGAGTACGGCCGAAGGCTAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGC
+ SQ_16SrRNA_strain25. gnu 841 :TTAAGTACCCCGCCTGGGAGTACGGCCGAAGGCTAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGC

*** 901 :CCCGCACAAAGCGCGGAGCATGCGGATAATTGATGCAACCGTAGAACCTTACCTGGG
+SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605. gnu 901 :CCCGCACAAAGCGCGGAGCATGCGGATAATTGATGCAACCGTAGAACCTTACCTGGG
+ SQ_16SrRNA_Strain24. gnu 901 :CCCGCACAAAGCGCGGAGCATGCGGATAATTGATGCAACCGTAGAACCTTACCTGGG
+ SQ_16SrRNA_strain25. gnu 901 :CCCGCACAAAGCGCGGAGCATGCGGATAATTGATGCAACCGTAGAACCTTACCTGGG

*** 961 :TTTGACATGGATGGGAGTGCTCAGAGATGGGTGTCCTCTTTGGGTGCGTTACAGG
+SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605. gnu 961 :TTTGACATGGATGGGAGTGCTCAGAGATGGGTGTCCTCTTTGGGTGCGTTACAGG
+ SQ_16SrRNA_Strain24. gnu 961 :TTTGACATGGATGGGAGTGCTCAGAGATGGGTGTCCTCTTTGGGTGCGTTACAGG
+ SQ_16SrRNA_strain25. gnu 961 :TTTGACATGGATGGGAGTGCTCAGAGATGGGTGTCCTCTTTGGGTGCGTTACAGG

*** 1021 :TGGTGCATGGCTGCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCACAGAGCG
+SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605. gnu 1021 :TGGTGCATGGCTGCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCACAGAGCG
+ SQ_16SrRNA_Strain24. gnu 1021 :TGGTGCATGGCTGCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCACAGAGCG
+ SQ_16SrRNA_strain25. gnu 1021 :TGGTGCATGGCTGCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCACAGAGCG

*** 1081 :CAACCCCTGTTCACTGTTGCCAGCAGTTATGGTGGGACTCAGTGGAGACCGCCGGGT
+SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605. gnu 1081 :CAACCCCTGTTCACTGTTGCCAGCAGTTATGGTGGGACTCAGTGGAGACCGCCGGGT
+ SQ_16SrRNA_Strain24. gnu 1081 :CAACCCCTGTTCACTGTTGCCAGCAGTTATGGTGGGACTCAGTGGAGACCGCCGGGT
+ SQ_16SrRNA_strain25. gnu 1081 :CAACCCCTGTTCACTGTTGCCAGCAGTTATGGTGGGACTCAGTGGAGACCGCCGGGT

*** 1141 :CAACTCGGAGGAAGGTGGGATGACGTCAGTCATCATGCCCTTATGTCAGGGCTCA
+SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605. gnu 1141 :CAACTCGGAGGAAGGTGGGATGACGTCAGTCATCATGCCCTTATGTCAGGGCTCA
+ SQ_16SrRNA_Strain24. gnu 1141 :CAACTCGGAGGAAGGTGGGATGACGTCAGTCATCATGCCCTTATGTCAGGGCTCA
+ SQ_16SrRNA_strain25. gnu 1141 :CAACTCGGAGGAAGGTGGGATGACGTCAGTCATCATGCCCTTATGTCAGGGCTCA

*** 1201 :CGCATGTCACATGGCTGTACAGAGAGTGGCAGCCTGTGAGGGTGAGCGAATCTCGGA
+SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605. gnu 1201 :CGCATGTCACATGGCTGTACAGAGAGTGGCAGCCTGTGAGGGTGAGCGAATCTCGGA
+ SQ_16SrRNA_Strain24. gnu 1201 :CGCATGTCACATGGCTGTACAGAGAGTGGCAGCCTGTGAGGGTGAGCGAATCTCGGA
+ SQ_16SrRNA_strain25. gnu 1201 :CGCATGTCACATGGCTGTACAGAGAGTGGCAGCCTGTGAGGGTGAGCGAATCTCGGA

*** 1261 :AAGCCGGTCTCAGTTCGATTGGGCTCGAACCTCATGAAGTCGGAGTCGCTAG
+SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605. gnu 1261 :AAGCCGGTCTCAGTTCGATTGGGCTCGAACCTCATGAAGTCGGAGTCGCTAG
+ SQ_16SrRNA_Strain24. gnu 1261 :AAGCCGGTCTCAGTTCGATTGGGCTCGAACCTCATGAAGTCGGAGTCGCTAG
+ SQ_16SrRNA_strain25. gnu 1261 :AAGCCGGTCTCAGTTCGATTGGGCTCGAACCTCATGAAGTCGGAGTCGCTAG

*** 1321 :TAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGTTCCGGGCTTGACACACCGCCCGT
+SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605. gnu 1321 :TAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGTTCCGGGCTTGACACACCGCCCGT
+ SQ_16SrRNA_Strain24. gnu 1321 :TAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGTTCCGGGCTTGACACACCGCCCGT
+ SQ_16SrRNA_strain25. gnu 1321 :TAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGTTCCGGGCTTGACACACCGCCCGT

*** 1381 :CAAGTCATGAAAGTGGTAACACCGGAAGCGGTGGCTAACCGTTGTTGGGGAGCCGTC
+SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605. gnu 1381 :CAAGTCATGAAAGTGGTAACACCGGAAGCGGTGGCTAACCGTTGTTGGGGAGCCGTC
+ SQ_16SrRNA_Strain24. gnu 1381 :CAAGTCATGAAAGTGGTAACACCGGAAGCGGTGGCTAACCGTTGTTGGGGAGCCGTC
+ SQ_16SrRNA_strain25. gnu 1381 :CAAGTCATGAAAGTGGTAACACCGGAAGCGGTGGCTAACCGTTGTTGGGGAGCCGTC

*** 1441 :GAAGGTGGGACTGGTGTAGGACTAACGTCGAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGGTGC
+SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605. gnu 1441 :GAAGGTGGGACTGGTGTAGGACTAACGTCGAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGGTGC
+ SQ_16SrRNA_Strain24. gnu 1441 :GAAGGTGGGACTGGTGTAGGACTAACGTCGAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGGTGC
+ SQ_16SrRNA_strain25. gnu 1441 :GAAGGTGGGACTGGTGTAGGACTAACGTCGAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGGTGC

*** 1501 :CTGGATCACCTCCTT
+SQ_16SrRNA_P.acne NBRC107605. gnu 1501 :CTGGATCACCTCCTT
+ SQ_16SrRNA_Strain24. gnu 1501 :CTGGATCACCTCCTT
+ SQ_16SrRNA_strain25. gnu 1501 :CTGGATCACCTCCTT
