



The aim of the research was to study the taxonomic composition, its associations and microecological indicators of the ecosystem "macroorganism-microbiome" of vulvovaginal content in women of the reproductive age with trichomonal vulvovaginitis. Bacteriological, microscopic and protistological examination was performed in 171 women of reproductive age in whom, on the basis of clinical manifestations (nonspecific vulvovaginitis), test results, specific gynecological examination and general laboratory examination (detection in vulvovaginal contents of neutrophils, monocytes/macrophages, mucus, epithelial and phagocytic cells, degenerative and reactively altered cells, as well as *T. vaginalis* cells stained with methylene blue by the Giemsa method), Trichomonas vulvovaginitis was diagnosed. At the same time, the vulvovaginal contents were removed from the posterior fornix and inoculated into sterile centrifuge test tubes. To the taken material, tenfold volume of standard buffer solution for better preservation of anaerobic bacteria and the possibility of seeding the diluted material on separate sectors of a Petri dish with the optimal agar medium for each taxon with following identification, was added.

It has been found that the microbiota of vulvovaginal content of women of the reproductive age with trichomonas vulvovaginitis represents itself associations, a mandatory component of which is *T. vaginalis*, and in majority (70.15 %) of cases there formed associations with pathogenic and opportunistic microorganisms of 3-5 different taxons. In 51 (29.82 %) patients, in addition to *T. vaginalis* and opportunistic pathogens there are found physiologically normal autochthonous obligate and the most important in the vulvovaginal contents with a multifunctional role in the biotope bacteria of the genus *Lactobacillus* or *Bifidobacterium*. *T. vaginalis* monoculture was not detected in any patient. According to the constancy index, frequency of occurrence, Margalef's species richness index, Whittaker's species diversity, Simpson's and Berger-Parker's species dominance indices *T. vaginalis* has a dominant role in all patients. The most important associates of this eukaryotic pathogen are opportunistic yeast-like fungi of the genus *Candida* (67.95 %), *Staphylococcus aureus* (y 57.31 %), as well as pathogenic for the biotope *G. vaginalis* (5.85 %), *N.gonorrhoeae* (5.26 %), and opportunistic anaerobic bacteria of the genus *Peptostreptococcus* (46.73%), *B. fragilis* (30.99 %) and *E. faecalis* (9.36 %), *E. coli* (8.19 %), *K pneumoniae* (5.85 %), *S. epidermidis* 6.43 %, *S. agalactiae* (4.09 %), *P. niger* (4.09 %) and others.

Thus, in the vulvovaginal content of women of the reproductive age with trichomonal vulvovaginitis there persist associations consisting of three (26.32 %), four (65.50 %) and five (8.19%) components. All three-component associations contain *T. vaginalis*, bacteria of the genus *Lactobacillus* and other opportunistic taxons. Four-component associations include *T. vaginalis*, 3 taxons of opportunistic bacteria and fungi of the genus *Candida*. Only 6 (3.5 %) patients have *T. vaginalis*, bacteria of the genus *Lactobacillus* (2.92 %) or *Bifidobacterium* (0.58 %). Five-component associations are formed with *T. vaginalis* and 4 opportunistic taxons, which suggests that vulvovaginal trichomoniasis is an infectious-inflammatory process of mixed etiology, a key role in it, except *T. vaginalis*, play pathogenic and opportunistic for the biotope bacteria and yeast-like fungi of the genus *Candida*.

Бендас В.В.

**ВИЗНАЧЕННЯ СКЛАДУ МІКРОБІОТИ ТОВСТОГО КИШКІВНИКА У ДІТЕЙ, ЯКІ
ВХОДИЛИ У ГРУПУ РИЗИКУ ПО РОЗВІТКУ ДИСБІОЗА КИШЕЧНИКА ТА
МЕТОДИ КОРЕКЦІЇ ЙОГО**

Кафедра мікробіології та вірусології

Буковинський державний медичний університет

Зміна кількісних або якісних характеристик нормальної мікрофлори створюють умови для розвитку умовно патогенних бактерій (УПБ) - представників родів клебсієл, ентеробактерів, протей, стафілококів, ацинетобактерів, псевдомонад і грибів роду *Candida*. Порушення нормальної мікрофлори характеризується зникненням або зменшенням кількості облігатних її представників та збільшенням популяційного рівня УПБ, які відсутні або зустрічаються в невеликих кількостях в нормі. В результаті такі дисбіотичні мікробні



асоціації не здатні виконувати захисні і фізіологічні функції в кишечника, які вони здійснюють в умовах нормобіоценозу.

Метою роботи було дослідити кількісний та якісний склад мікрофлори порожнини товстого кишечника при дисбіотичних порушеннях у дітей, які знаходилися в групі ризику по розвитку дисбіозу кишечника. Визначення складу мікрофлори порожнини товстої кишки проводили мікробіологічним методом. Біологічним матеріалом для дослідження служили випорожнення. Кал забирався після природної дефекації в стерильний контейнер в кількості не менш, ніж 5 гр. (пів чайної ложки). Матеріал після забору доставляли в бактеріологічну лабораторію протягом 2-х годин з моменту забору. При дослідженні якісного та кількісного складу мікрофлори товстої кишки були проведені дослідження у дітей, в яких спостерігались порушення мікробіоценозу кишечника різного ступеня. Дослідження видового та кількісного складу мікрофлори товстої кишки проводили методом десятикратних розведень (10^1 - 10^9) на стандартні диференційно-діагностичні середовища для виділення аеробних та анаеробних мікроорганізмів. Одиниця виміру: колонієутворюючих одиниць на грам. Ідентифікацію мікроорганізмів здійснювали за загально прийнятою схемою. Оцінка порушення мікробіоти кишечника здійснювалась відповідно до класифікації дисбіозу за І.Б. Куваєвою та К.С. Ладодо (1991 р).

У дослідженні взяли участь 29 дітей віком від 0 до 6 років. Усі діти були розподілені на три групи. До 1-ї групи увійшли - новонароджені діти, у яких порушенню нормофлори товстого кишечника сприяли такі фактори, як бактеріальний вагіноз і мастит у матері, пізні прикладання до грудей (n=8). До 2-ї групи - діти грудного та раннього віку в анамнезі яких несприятливий перебіг періоду новонароджуваності, раннього штучного вигодовування, диспептичних порушень, частих ГРВІ, (n=16). До 3-ї групи - діти, дошкільного віку, які знаходилися в закритому колективі (дитячий садочок), з частими ГРВІ, з алергічними реакціями (n=5).

При первинному бактеріологічному дослідженні калу 29 пацієнтів порушення дисбіозу товстого кишечника виявлено у 23 дітей, серед яких дисбіоз I ст. - у 8 (34,78%), дисбіоз II ст. - у 9 (39,13%), дисбіоз III ст. - у 6 (26,09%) дітей. У всіх хворих відмічалось зменшення кількості лакто та біфідобактерій - $< 10^6$ КУО, а також спостерігалось кількісне збільшення умовно-патогенної та патогенної мікрофлори: гриби роду *Candida* (21,74%), стафілококи (гемолітичні, плазмокоагулюючі) 21,74%, *Kl.pneumonie* 14,04%, *E. faecalis* (8,70 %), *E.coli* (8,70 %), *P.mirabilis* (4,35%).

Таким чином, ступінь дисбіотичних порушень у дітей трьох груп обумовлений появою в кишечнику умовно патогенної та патогенної мікрофлори грибів роду *Candida*, стафілококи (гемолітичні, плазмокоагулюючі), *Kl.pneumonie*, *E.faecalis*, *E.coli*, *P.mirabilis*. Діти, які були піддані факторам ризику потребують своєчасного проведення адекватної корекції змін кількісного та якісного складу кишкової мікрофлори. Прикладом такої терапії можуть бути такі пробіотичні препарати як «Лактіале Малюк Формула», Лінекс-бебі.

Гуменна А.В.

СКРИНІНГ АНТИМІКРОБНОЇ АКТИВНОСТІ СЕРЕД НОВИХ ГІДРАЗОНІВ

Кафедра мікробіології та вірусології

Буковинський державний медичний університет

Нераціональне використання лікарських препаратів, що володіють антимікробною дією, сприяють селекції стійких штамів патогенних і умовно-патогенних мікроорганізмів до антибактеріальних та антисептичних препаратів, що викликає збільшення питомої ваги інфекційних захворювань, викликаних резистентними штамми мікроорганізмів. У зв'язку з розповсюдженням збудників інфекцій, які набули стійкості до багатьох антибактеріальних та антисептичних препаратів, залишається необхідним пошук нових речовин, які можна було би використовувати в медицині, як антимікробні та антисептичні речовини.

Скринінг антимікробної активності серед нових диметилгідразонів проводився з використанням 2 тест-культур: *S.aureus* ATCC 25923, *E.coli* ATCC 25922. Експерименти для