



досліджувалися. При чому, горостен володіє більш вираженим фунгіцидним ефектом порівняно з декасаном, як щодо музейного, так і клінічних штамів *C. albicans*.

СКРИНІНГОВА ОЦІНКА ПРИРОДНОЇ РЕЗИСТЕНТНОСТІ ПОРОЖНИНИ РОТА

Петрушанко Т.О., Черета В.В., Лобань Г.А.

Вищий державний навчальний заклад України «Українська медична стоматологічна академія», кафедра терапевтичної стоматології, кафедра мікробіології, вірусології та імунології, м. Полтава

Мета. Визначення взаємозв'язку рівня адгезії оральних стрептококів до букальних епітеліоцитів та стану мікробіоценозу порожнини рота.

Матеріали і методи. Обстежено 50 осіб віком 18-22 років, яким провели скринінгову оцінку колонізаційної резистентності слизової оболонки порожнини рота запропонованим нами способом (патент на корисну модель UA 51373). Здійснювали мікробіологічне дослідження загальної мікробної заселеності ротової рідини та її заселеності окремими видами мікрофлори.

Результати та обговорення. У 43% обстежених виявили високий рівень коцонізаційної резистентності порожнини рота, у 37% - низький, у 20% досліджених спостерігали збільшення напруги колонізаційного бар'єру. Високий рівень колонізаційної резистентності порожнини рота супроводжувався заселенням порожнини рота представниками симбіотичної мікрофлори, яка має антагоністичну дію на умовно-патогенні та патогенні мікроорганізми. Виявлені порушення колонізаційного бар'єру підтверджувались зростанням загальної мікробної заселеності, виявленням умовно-патогенних та патогенних мікроорганізмів.

Висновки. Рівень адгезії оральних стрептококів до букальних епітеліоцитів об'єктивно відбиває стан колонізаційного бар'єру слизової оболонки порожнини рота. Сбалансованість функціонального потенціалу антиадгезивного і мікробного компонентів забезпечує природну резистентність організму. У випадку значного зниження колонізаційного бар'єру відбувається збільшення числа і спектра потенційно патогенних мікроорганізмів, що може призвести до їх транслокації через слизову оболонку і супроводжуватись виникненням ендогенної інфекції або суперінфекції.

УДОСКОНАЛЕННЯ ЛАБОРАТОРНОЇ ДІАГНОСТИКИ *V.CHOLERAЕ 01* ТА *V.CHOLERAЕ NON 01*

Петренко О.В.¹, Алексєєнко В.В.¹, Хайтович О.Б.², Мурашко О.В.¹

¹ДУ «Інститут епідеміології та інфекційних хвороб ім. Л.В. Громашевського» НАМН України, м. Київ

²ФДАОЗ ВО «КФУ ім. В.І. Вернадського» Медична Академія ім. С.І. Георгієвського, м. Сімферополь

Мета. На основі молекулярно-генетичних досліджень штамів *V.cholerae* Q1/non 01, виділених від людей в Україні удосконалити їх лабораторну діагностику за основними генами патогенності.

Матеріали і методи. Досліджено 104 штами *V.cholerae* 01:69 штамів, виділених від людей при спалахах холери в Україні та 35 штамів, виділених у міжспалаховий період на холеру; 100 штамів *V.cholerae* non 01, виділених від людей у 2011- 2013 роках. Молекулярно-генетичні властивості вивчали за допомогою методу ПЛР з виявленням основних генів патогенності - *ctxA*, *ace*, *zot*, *rstR*, *rstC*, *rtxC*, *tcpAE*, *toxR*, *mshA*, *wbeT*, *wbfR*, *hapA*, *Hly*.

Результати та обговорення. Проведені молекулярно-генетичні дослідження показали, що вірулентні штами *V.cholerae* 01 несуть в своєму геномі основні гени патогенності, крім гена *wbfR*, який відповідає за синтез 0139 серогрупи. У геномі авірулентних штамів *V.cholerae* 01 не виявлено генів, які входять до так званої «касети вірулентності» - *ctxA*, *ace*, *zot*, *rstR*, *rstC*, *tcpAE*, а також гена *wbfR*. В різних відсотках виявляються гени *mshA* і *wbeT*. Геном штамів *V.cholerae* non 01 також не несе основні гени патогенності холерних вібріонів - *ctxA*, *ace*, *zot*, *rstR*, *rstC*, *tcpAE*, *wbfR*, *wbeT*. Проте, у геномі вірулентних/авірулентних штамів *V.cholerae* 01 та *V.cholerae* non 01 завжди присутні гени *Hly*, *rtxC*, *toxR*, *hapA*. Таким чином, при наявності в геномі холерних вібріонів генів *ctxA*, *ace*, *zot*, *rstR*, *rstC*, *tcpAE*, можна стверджувати, що це вірулентний штам. За наявністю генів *wbeT/wbfR* можна встановити серогрупу холерного вібріона, а за генами *Hly* та *rtxC* належність до виду *V.cholerae*.

Висновок. За результатами молекулярно-генетичних досліджень штамів *V.cholerae* 01 та *V.cholerae* non 01 розроблений алгоритм з визначення патогенного потенціалу холерних вібріонів за основними генами патогенності методом ПЛР, що удосконалює лабораторну діагностику та пришвидшує їх ідентифікацію.

ПОШИРЕНІСТЬ ЕКСТРЕМАЛЬНО РЕЗИСТЕНТНИХ ТА ПАНРЕЗИСТЕНТНИХ ДО АНТИБІОТИКІВ ФЕНОТИПІВ СЕРЕД АКТУАЛЬНИХ ШТАМІВ МНОЖИННОСТІЙКИХ ЗБУДНИКІВ НОЗОКОМІАЛЬНИХ ІНФЕКЦІЙ

Покас О.В., Мележик І.О.

ДУ «Інститут епідеміології та інфекційних хвороб ім. Л.В. Громашевського» НАМН України, м. Київ

Мета. Визначити розповсюдженість екстремально-резистентних (XDR) та панрезистентних (PDR) фенотипів серед збудників нозокоміальних інфекцій у хірургічних стаціонарах України та дослідити синтез даними штамми бета-лактамаз різних типів.

Матеріали і методи. Досліджено 150 множинностійких штамів умовно-патогенних мікроорганізмів, виділених в хірургічних стаціонарах України в 2016 р. Чутливість до антибіотиків визначали відповідно до МВ 9.9.5-143-2007. Синтез бета-лактамаз визначали методами подвійних дисків, Tris-ЕДТА тесту та тесту Ходжа. Резистентність до антибіотиків