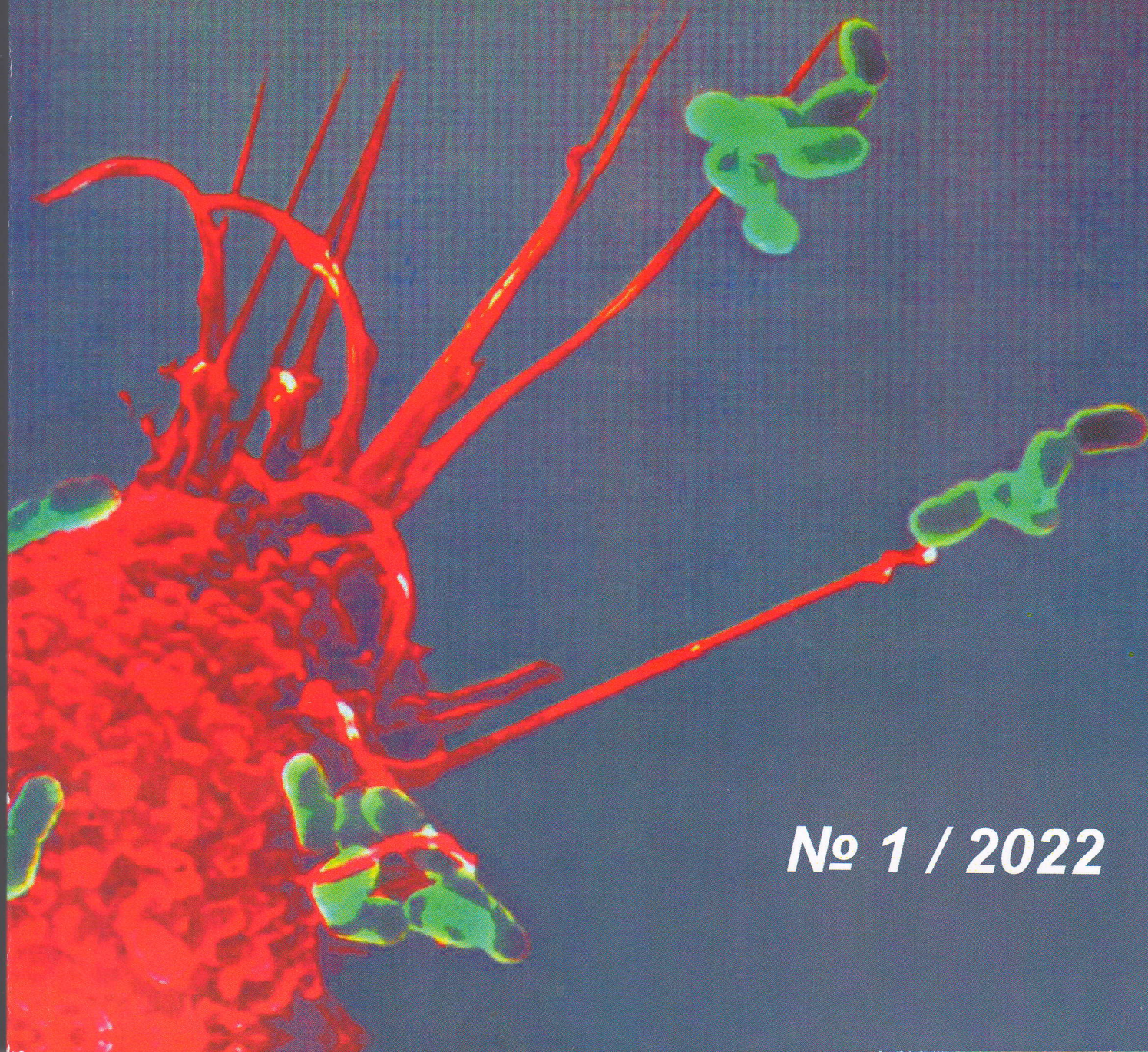


ISSN 2181-5534

ИНФЕКЦИЯ, ИММУНИТЕТ И ФАРМАКОЛОГИЯ



№ 1 / 2022

33. **РУЗИБОЕВ Д.Р., НУРИМОВ Г.К.** ОСОБЕННОСТИ ПРИМЕНЕНИЯ АНТИФИБРИНОЛИТИЧЕСКОГО ПРЕПАРАТА ДЛЯ СНИЖЕНИЯ ПРИ КРОВОПОТЕРИ ВО ВРЕМЯ ЭНДОПРОТЕЗИРОВАНИЯ КОЛЕННОГО СУСТАВА.....201
34. **РУСТАМОВА К.Б.** РЕЗУЛЬТАТЫ ЛЕЧЕНИЯ БОЛЬНЫХ С ЭНДОФТАЛЬМИТОМ ПО ДАННЫМ РЕСПУБЛИКАНСКОЙ КЛИНИЧЕСКОЙ ОФТАЛЬМОЛОГИЧЕСКОЙ БОЛЬНИЦЫ ЗА ПЕРИОД 2019-2020гг208
35. **САБИРОВ Д.Р., ИГНАТОВ П.Е., ЮСУПОВА (РУЗИЕВА) О.Ж.** ОПТИМИЗИРОВАННЫЙ ПОДХОД К ИММУНОЛОГИЧЕСКОЙ КОРРЕКЦИИ У БОЛЬНЫХ СО ЗЛОКАЧЕСТВЕННЫМИ НОВООБРАЗОВАНИЯМИ.....213
36. **ТАДЖИХАНОВА Д.П.** РАЦИОНАЛЬНЫЙ ВЫБОР АНТИБИОТИКОВ ПРИ ЛЕЧЕНИИ ДЕТЕЙ С ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИЕЙ ЗАТЯЖНОГО ТЕЧЕНИЯ.....221
37. **ТУЙЧИЕВ Л.Н., ХУДАЙКУЛОВА Г.К., МУМИНОВА М.Т., МАМАТМУСАЕВА Ф.Ш.** ОИВ БИЛАН ЗАРАРЛАНГАН БОЛАЛАРДАГИ ЎТКИР ИНФЕКЦИОН ДИАРЕЯЛАРДА ИЧАК МИКРОБИОЦЕНОЗИНИНГ ҲОЛАТИ.....229
38. **ТУРДИЕВА З.В., ЮНУСОВА Х.М.** «СЕДТАБ» ТАБЛЕТКАСИНИНГ БИОСАМАРАДОРЛИГИНИ ЎРГАНИШ БОРАСИДАГИ ТАДҚИҚОТЛАР.....238
39. **ТУРСУНОВА Л.И., ХАДЖИЕВА У.А., ТУЛЯГАНОВ Р.Т., ШАКАРОВ Н.К.** ПОЛУЧЕНИЕ СУХОГО ЭКСТРАКТА ИЗ ПЛОДОВ МОЖЖЕВЕЛЬНИКА (*Juniperus communis* L) И ИЗУЧЕНИЕ АНТИБАКТЕРИАЛЬНОЙ И ДИУРЕТИЧЕСКОЙ АКТИВНОСТИ.....243
40. **УЗАКОВА Ш.Б.** ЧАСТОТА ВСТРЕЧАЕМОСТЬ И РОЛЬ ВИТАМИНА Д У ДЕТЕЙ, БОЛЬНЫХ МУКОВИСЦИДОЗОМ.....247
41. **УЛМАСОВА С.И., КАСИМОВ И.А., ШОМАНСУРОВА Ш.Ш.** ОСНОВОПОЛАГАЮЩИЕ ПРИНЦИПЫ БОРЬБЫ С НОВОЙ КОРОНАВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИЕЙ COVID-19 В РЕСПУБЛИКЕ УЗБЕКИСТАН.....255
42. **ФИЛАТОВА А.В., ВЫПОВА Н.Л., ДЖУРАБАЕВ Д.Т., АЗИМОВА Л.Б.** ИММУНОМОДУЛИРУЮЩИЕ СВОЙСТВА ПОЛИСАХАРИДОВ И МЕЛАНИНА, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ (*HELIANTHUS ANNUUS* L.), ЛУЗГИ ПОДСОЛНЕЧНИКА.....262
43. **ХОДЖАЕВА М.Э., ХИКМАТУЛЛАЕВА А.С., АБДУКАДЫРОВА М.А., ИБАДУЛЛАЕВА Н.С., АБДУРАХИМОВА Д.Р.** МИКРОРНК КАК

laboratory diagnostics is due, on the one hand, to the peculiarities of the etiology of the disease, on the other hand, to the lack of common approaches to identifying pathogens. In this regard, the urgency of the problem of a comprehensive assessment of the severity of a patient's condition with CAP and predicting the course of the disease in the early stages of hospitalization increases.

УДК: 616.34-002-008.1-008.87:616.34-008.314.4:616.98:578.828.6-053.2

ОИВ БИЛАН ЗАРАРЛАНГАН БОЛАЛАРДАГИ ЎТКИР ИНФЕКЦИОН ДИАРЕЯЛАРДА ИЧАК МИКРОБИОЦЕНОЗИНИНГ ҲОЛАТИ

Туйчиев Лазиз Нодирович, Худайкулова Гульнара Каримовна, Муминова Махбуба Тешаевна, Маматмусаева Фотима Шайдуллаевна

Тошкент тиббиёт академияси

doctor.shakhnoza@mail.ru

Калит сўзлар: ОИВ-инфекцияси, болалар, диарея, микробиоценоз.

Муаммонинг долзарблиги. ОИВ-инфекциясида ичак микробиоценозидаги ўзгаришлар зарарланган вақтдан 21-28 сутка ўтгач намоён бўла бошлайди, чунки ичак ОИВ репликациясининг локусларидан бири ҳисобланади [7, 9]. Бундан ташқари ичак микробиомига антиретровирусли дори воситалари ингибирловчи таъсир кўрсатади, ҳамда микроэкологик бузилишлар ривожланишини кучайтиради [5]. ОИВ-инфекциясида микробиоценоз тузилмаси бузилади, микрофлоранинг метаболизмида ўзгаришлар кузатилади. Аниқландики, ОИВ-инфекциясида *Staphylococcus*, *Streptococcus*, *Lactobacillus*, *Clostridium spp.* каби *Firmicutes* турининг айрим вакиллари имунорегулятор хусусиятлари билан бирга микдорий даражаси ҳам пасаяди [10]. *Prevotella* тури вакиллари микдорий даражаси ортади [8], *Bacteroides spp.* микдори эса пасаяди [4]. Мазкур микроорганизмлар CD4+ Т-хужайраларини Treg га айланишини кучайтирган ҳолда адаптив имунитетнинг таъминланишида муҳим ўрин тутди. Қонда айланиб юривчи Treg нинг бошқа бактериал индукторлари – *B. massiliensis*, *B. thetaiotaomicron*, *Parabacteroides distasonis* ёки *B. uniformis* – жуда паст микдорий даражаларда фақат ОИВ-инфекциясининг кечки босқичларида аниқланади [3]. Кўпчилик тадқиқотчилар ОИВ билан зарарланганларда протеобактериялар улушини ортиши кузатилади [5, 6, 10]. Даволанмаган ва антиретровирус даво курсини ўтаган ОИВ билан зарарланган беморларда нафақат индиген ва *Escherichia*, *Klebsiella* турига мансуб шартли-патоген энтеробактерияларнинг микдорлари ортади, балки шиллиқ қаватларда *Salmonella spp.*, *Yersinia spp.* турига мансуб патоген бактериялар ўсиши даражасини ортиши кузатилади [1, 7]. Тажрибаларда *in vitro Escherichia coli* ВИЧ-1 репликацияси ортишини кучайтириши аниқланди [3].

Тадқиқот мақсади: ОИВ билан зарарланган болалардаги ўткир инфекцияларда ичак микрофлорасининг ҳолатини ўрганиш.

Тадқиқот материали ва услублари. “ОИВ инфекцияси” ташхиси болаларда ЎЗР ССВнинг 30.04.2018 й.даги 277-сонли “ОИВ инфекцияси бўйича миллий клиник протоколни амалиётга киритиш ҳақида”ги буйруғи асосида қўйилди. Тадқиқот Республика ОИТСга қарши кураш маркази қошидаги ихтисослаштирилган юқумли касалликлар клиникаси, Тошкент шаҳар ОИТСга қарши кураш маркази, Ўзбекистон Республикаси Соғлиқни сақлаш вазирлиги Вирусология илмий текшириш институтининг болалар ОИВ-инфекцияси бўлимида, Тошкент шаҳар 4-сон болалар юқумли касалликлари шифохонасида ўтказилди. Тадқиқот давомида 18 ёшгача бўлган 846 нафар бемор болалар учта гуруҳга тақсимланиб ўрганилди: 1-гуруҳни – инфекциялар диарея кузатилган 261 нафар ОИВ билан зарарланган болалар, 2-гуруҳни – инфекциялар диарея кузатилмаган ОИВ билан зарарланган 238 нафар болалар, 3-гуруҳни – ОИВ бўлмаган факультатив инфекциялар диарея аниқланган 247 нафар болалар ташкил этди. Ташхис беморлар шикоят, клиник, антропометрик, серологик, бактериологик, иммунологик, вирусологик ва инструментал текширувлар асосида қўйилди. Микробиологик текширув усуллари ичак микробиоценозини ўрганишни микродорий бактериологик усуллари ўз ичига олган.

Тадқиқот натижалари. Кузатувимиздаги ўткир диарея билан оғриган болаларда 6 хил вируслар, *Rotovirus*, *Norovirus*, *Astrovirus*, *Adenovirus*, *Citomegalovirus* ва *Herpes virus* лар, шунингдек 4 хил патоген бактериялар, *Salmonella spp*, *Shigella spp*, *Campilobacter spp.*, *Yersinia spp.* аниқланди. Шу билан бирга ичакнинг облигат ва факультатив микрофлорасининг микробиологик кўрсаткичлардаги *Bifidobacterium spp.* (*B.bifidum*, *B.breve*, *B.adolescentis*, *B.longum*, *B.dentium*), *Lactobacillus spp.* (*L. acidophilus*, *L. casei*, *L. bulgaricus*, *L. plantarum*, *L. salivarius*, *L. Reuteri*, *L. Rhamnosus*), *Bacillus spp.* (*B.subtilis*, *B.licheniformis*, *B.pumilus*, *B. coagulans*, *B. cereus*), *Peptococcus spp.* (*P. asaccharolyticus*, *P. glycinophilus*, *P. heliotrinreducens*, *P. indolicus*, *P. magnus*, *P. niger*, *P. prevotii*, *P. saccharolyticus*), *Eubacterium spp.*, *Escherichia spp.* (*E. coli lac +*, *E. coli lac-*, *E. coli hly+*, *E. faecalis*, *E.faecium*), *Peptostreptococcus spp.* (*species*), *Enterobacter spp.* (*E. aerogenes*, *E. cloacae*, *E. gergoviae*), *Staphylococcus spp.* (*St. haemolyticus*, *St. epidermidis*, *St. aureus*, *St. xylosus*, *St. intermedius*, *St. lentus*, *St. simulans*, *cohnii*), *Streptococcus spp.* (*pyogenes*, *pneumoniae*, *agalactiae*, *viridans*), *Proteus spp.* (*vulgaris*, *mirabilis*), *Clostridium spp.* (*perfringens*, *difficile*), *Klebsiella spp.* (*K. pneumoniae*, *K. oxytoca*), *Citrobacter*, *Serratia*, *Bacillus cereus*, *Lactobacillus spp.*, ўзгаришлар, шунингдек замбруғлар *Candida spp.* (*C. albicans*, *C. zylanoidea*, *C. dubliniensis*, *C. krusei*, *C. parapsilosis*, *C. lyopolitica*) кўзгатувчилари аниқланди.

Облигат (доимий) флора таркибига бифидобактериялар, лактобациллаларни, энтерококкларни, ичак таёқчасини,

пропионибактерияларни, пептострептококкларни ўз ичига олади. 1-гуруҳдаги болаларнинг барчасида (100%), 2-гуруҳдаги болаларнинг 94,1%ида ва 3-гуруҳдаги болаларнинг 88,7%ида ичак микробиоценозининг бузилишлари кузатилди. Облигат миклофлорадан *Bacteroides spp.*, $<10^{10}$ КХКБ /г бўлиши 1-гуруҳда 68,6% ҳолатларда аниқланган бўлса, унга нисбатан 2-гуруҳда деярли 1,5 баробар, 3-гуруҳдаги болаларда эса мазкур кўрсаткич ишонарли 1,7 баробар кам ҳолларда қайд этилди, 1- ва 2-гуруҳ кўрсаткичлари ўртасида ишонарли фарқ аниқланмади, (57,9% ва 38,8% мос равишда, $P<0,05$). *Bifidobacterium spp.* $<10^9$ КХКБ/г бўлиши 1- ва 2-гуруҳдаги болалар, шунингдек 2- ва 3-гуруҳдагилар кўрсаткичлари ўртасида ишонарли фарқ аниқланмади, лекин 1- ва 3-гуруҳдаги болалар кўрсаткичлари ўртасида фарқ деярли 2 баробарни ташкил этди (71,2%; 53,4% ва 37,2% ҳолларда мос равишда). 1- ва 3- гуруҳдагиларда *Lactobacillus spp.* $<10^7$ КХКБ /г бўлиши 65,5% ва 47,8% ҳолларда аниқланган бўлса, 2-гуруҳдагиларда кўрсаткич 34,9% бўлган. Назоратдаги болаларнинг *E. coli lac+* $<10^7$ КХКБ /г бўлиши ўртасида ишонарли фарқ аниқланмади (58,2%; 40,0% ва 35,2% мос равишда, $P>0,05$). Қиёсий гуруҳлардаги *Bacillus spp.* $>10^4$ КХКБ /г кўрсаткичи ўртасида ишонарли фарқ аниқланмади (36,8%; 27,3% ва 31,9% ҳолларда мос равишда, $P>0,05$).

1-жадвал.

Назоратдаги болаларнинг ичак микробиоценози (ИМБ) ҳолатидаги ўзгаришларнинг тавсифи.

Ичак облигат микрофлораси кўрсаткичлари			
	1-гуруҳ n=261 (%)	2-гуруҳ n=238 (%)	3-гуруҳ n=247 (%)
ИМБ аниқланган бузилишлар	261 (100)	224 (94,1)	219 (88,7)
<i>Bacteroides spp.</i> , $<10^{10}$ КХКБ /г	179 (68,6)	138 (57,9)	103 (38,8)
<i>Bifidobacterium spp.</i> $<10^9$ КХКБ/г	186 (71,2)	127 (53,4)	92 (37,2)
<i>Lactobacillus spp.</i> $<10^7$ КХКБ /г	171 (65,5)	83 (34,9)	118 (47,8)
<i>E. coli lac+</i> $<10^7$ КХКБ /г	152 (58,2)	95 (40,0)	87 (35,2)
<i>Bacillus spp.</i> $>10^4$ КХКБ /г	96 (36,8)	65 (27,3)	79 (31,9)
<i>Peptostreptococcus spp.</i> $>10^4$ КХКБ /г	87 (33,3)	52 (21,8)	35 (14,2)
<i>Peptococcus spp.</i> $>10^4$ КХКБ /г	73 (27,9)	44 (18,5)	14 (9,7)
<i>Eubacterium spp.</i> $>10^{10}$ КОЕ/г	54 (20,7)	13 (5,5)	29 (11,7)
Ичак факультатив микрофлорасининг кўрсаткичлари			
Шартли-патоген энтеробактериялар	179 (68,6)	132 (55,5)	152 (61,5)
<i>Enterobacter spp.</i> $>10^3$ КХКБ /г	155 (59,4)	113 (47,5)	98 (39,6)
<i>E. coli lac-</i> $>10^4$ КХКБ /г	194 (74,3)	144 (60,5)	132 (53,4)
<i>E. coli hly+</i>	169 (64,7)	62 (26,0)	106 (42,9)
<i>Klebsiella spp.</i> $>10^3$ КХКБ /г	123 (47,1)	48 (20,1)	75 (30,3)
<i>Citrobacter</i> $>10^3$ КХКБ /г	70 (26,8)	26 (10,9)	43 (17,4)
<i>Enterococcus spp.</i> $<10^7$ КХКБ /г /г	152 (58,2)	111 (46,6)	102 (41,3)

<i>Staphylococcus spp.</i> . 10^4 КХКБ /г	164 (62,8)	127 (53,3)	114 (46,1)
<i>Staphylococcus aureus</i>	138 (52,8)	64 (26,9)	81 (32,7)
<i>Streptococcus spp.</i> . 10^4 КХКБ /г	129 (49,4)	76 (31,9)	58 (23,5)
<i>Clostridium.</i> 10^5 КХКБ /г	64 (25,9)	18 (7,6)	34 (13,8)
<i>Proteus spp.</i> . >math>10^3</math> КХКБ /г	118 (45,2)	72 (29,8)	49 (19,8)
<i>Serratia spp.</i> . >math>10^3</math> КОЕ/г	39 (14,9)	15 (6,3)	21 (8,5)
<i>Propionibacterium spp.</i>	52 (19,9)	27 (11,3)	13 (5,2)
<i>Candida spp.</i> . >math>10^4</math> КХКБ /г	178 (68,1)	132 (55,4)	104 (42,1)

Peptostreptococcus spp. ва *Peptococcus spp.* шартли патоген микрофлора таркибига киради, иммунодепрессияларда ёки тўқималар шикастланиши, ҳамда септик асоратлар ривожланиши билан намоён бўлади. *Peptostreptococcus spp.* >math>10^4</math> КХКБ /г ва *Peptococcus spp.* >math>10^4</math> КХКБ /г 1-гуруҳда 2-гуруҳга нисбатан 1,5 баробар, 2-гуруҳда 3-гуруҳга нисбатан *Peptostreptococcus spp.* >math>10^4</math> КХКБ /г 1,5 баробар, *Peptococcus spp.* >math>10^4</math> КХКБ /г эса 1,9 баробар, шунингдек 1-гуруҳда 3-гуруҳга нисбатан *Peptostreptococcus spp.* >math>10^4</math> КХКБ /г 2,3 баробар, *Peptococcus spp.* >math>10^4</math> КХКБ /г эса 2,8 баробар кўп ҳолларда аниқланганлиги кузатилди (33,3%; 21,8%; 14,2% ва 27,9%; 18,5%; 9,7% ҳолларда мос равишда, $P < 0,05$). Бу эҳтимол, ОИВ-мусбат беморларда инвазив диареялар ривожланишидан далолат беради. *Eubacterium spp.* одам ингичка ва йўғон ичакларининг асосий резидент микрофлораси таркибига киради. 1-гуруҳдаги беморларда *Eubacterium spp.* >math>10^{10}</math> КОЕ/г бўлиши 54 нафар болада кузатилган бўлса, 2-гуруҳ болаларида унга нисбатан деярли 3,7 баробар, 3-гуруҳдагиларда эса 1,7 баробар ишонарли кам ҳолатларда аниқланди, 2- ва 3-гуруҳлар ўртасида ишонарли фарқ деярли 2 баробарни ташкил этди (20,7%; 5,5% ва 11,7% ҳолларда мос равишда, $P < 0,05$).

Назоратдаги болаларни ичак микрофлорасида шартли патоген энтеробактерияларнинг учраш кўрсаткичлари барча гуруҳларида деярли бир хил бўлганлиги аниқланди (68,6%; 55,9% ва 61,5% мос равишда, $P < 0,05$). *Proteobacteria* типига мансуб *Enterobacter spp.* >math>10^3</math> КХКБ /г шунингдек *E. coli lac-* >math>10^4</math> КХКБ /г 1-гуруҳдаги беморларда юқори кўрсаткичларда аниқланган бўлсада, бироқ гуруҳлар кўрсаткичлари ўртасида ишонарли фарқ кузатилмади (59,0%; 47,5%; 39,6% ва 74,3%; 60,3%; 53,4% мос равишда, $P > 0,05$). Аксинча, *E. coli hly+*, *Klebsiella spp.* >math>10^3</math> КХКБ /г ва *Citrobacter* >math>10^3</math> КХКБ /г бўлиши кўпинча 1- ва 3-гуруҳ болаларда юқори кўрсаткичларда аниқланди, қиёсий гуруҳларнинг кўрсаткичлари ўртасида ишонарли фарқ қайд этилди, яъни ишонарли фарқлар 1- ва 2-гуруҳлар ўртасида 2,4 баробарга, 2- ва 3-гуруҳлар, ҳамда 1- ва 3-гуруҳлар ўртасидаги эса деярли 1,5 баробарга тенг ($P < 0,05$).

Ичак микробиоценози таркибига кирувчи *Firmicutes* типига ҳам облигат, ҳамда факультатив анаэроб бактериялар киради. *Firmicutes* турининг таркибига *Bacilli* синфи киради, мазкур синф *Bacillales* турининг

4 (46,1)
(32,7)
(23,5)
(13,8)
(19,8)
1 (8,5)
3 (5,2)
(42,1)

патоген
симптомлар
намоён
KХКБ
нисбатан
р. >10⁴
нисбатан
р. >10⁴
(33,3%
,05). Бу
ишидан
арининг
орларда
олса, 2-
арда эса
ртасида
а 11,7%

патоген
деярли
авишда,
KХКБ/г
юқори
кичлари
74,3%
ella spp.
3-гуруҳ
ларнинг
ионарли
дамда 1-
га ҳам
rmicutes
турини

(*Bacillus* авлоди, *Staphylococcus* авлоди), *Lactobacillales* турини (*Enterococcus* авлоди, *Lactobacillus* авлоди, *Streptococcus* авлоди) ўз ичига олади. Текширувдаги барча гуруҳ беморларда *Staphylococcus spp.* <10⁴ КХКБ /г учраши бўйича ишонарли фарқлар аниқланмади (62,8%; 53,3% ва 46,1% ҳолларда мос равишда, P>0,05). 1- ва 2-гуруҳдагиларда *Staphylococcus aureus* учраши ўртасида 1,6 баробарани ташкил этди (52,8% ва 32,7% ҳолларда мос равишда, P<0,05), 2- (26,9%) ва 3-гуруҳ болалар кўрсаткичларига яқин бўлди (P>0,05). *Enterococcus spp.* <10⁷ КХКБ /г /г учраши бўйича қиёсий гуруҳларда ишонарли фарқ аниқланмади (58,2%; 46,6% ва 41,3% мос равишда, P>0,05). 1-гуруҳ болаларининг 49,4%ида *Streptococcus spp.* <10⁴ КХКБ /г аниқланди, уларга нисбатан 2-гуруҳдагиларда 1,3 баробар (P>0,05), 3-гуруҳдагиларда деярли 2,1 баробар ишонарли кам ҳолларда қайд этилди, 2-гуруҳ билан 3-гуруҳ кўрсаткичлари ўртасидаги ишонарли фарқ 1,5 баробар бўлди (P<0,05).

Firmicutes турининг таркибига кирувчи Clostridia синфи клиник жиҳатдан аҳамиятли ҳисобланади, улар ичак локал иммун гомеостазини йўғон ичак регулятор Т-лимфоцитларини жалб қилган ҳолда ушлаб туради, Clostridium I (*C. perfringens*, *C. tetani*) ва Clostridium XI (*C. difficile*) кластер вакиллари патоген ҳисобланади ва одамда юқумли касалликларни чақиради. Масалан, *C. difficile* ичак эпителиал тўсиғини бузади, эпителий хужайраларини шикастлайди ва инфекциянинг инвазив шаклларида олиб келади. 1-гуруҳ болалар ичак микробиоценозида *Clostridium* <10⁵ КХКБ /г 2-гуруҳ болаларга нисбатан 3,4 баробар, 3-гуруҳ болаларга нисбатан 1,8 баробар ишонарли кўп ҳолларда аниқланди (25,9%; 7,6% ва 13,8% ҳолларда мос равишда, P<0,05).

Протей авлодининг 3 та тури – *Proteus mirabilis*, *Proteus vulgaris* ва *Proteus penneri* одам учун патоген ҳисобланади, одатда 75-90% инфекцияларни *Proteus mirabilis* чақиради. *Proteus spp.* >10³ КХКБ /г 1- ва 2-гуруҳ болаларда юқори кўрсаткичларда аниқланган бўлса, 3-гуруҳ болаларнинг 49 нафарида (19,8%) кузатилди, қиёсий гуруҳлар ўртасида фарқ 1,5 баробарни ташкил этди. 1- ва 3-гуруҳ болаларда *Proteus spp.* >10³ КХКБ /г кўрсаткичлари ўртасида ишонарли фарқ деярли 2,3 баробарга тенг бўлди (P<0,05).

Serratia species (серрации) – *Enterobacteriaceae* оиласига мансуб грамманфий шартли-патоген факультатив анаэроб бактерия бўлиб, унинг кенг тарқалган ва ўрганилган тури *Serratia marcescens*, кам учрайдиган турлари *S. plymuthica*, *S. liquefaciens*, *S. rubidaea* ва *S. odoriferae* ҳисобланади. *Serratia spp.* >10³ КОЕ/г аниқланиши 1- 3-гуруҳ болаларда ишонарли кўп ҳолларда кузатилди (14,9% ва 8,5% ҳолларда мос равишда, P<0,05), 2-гуруҳ болаларнинг атиги 6,3%ида учради.

Ичак микросимбионтларининг анаэроб турларидан бири бўлган *Propionibacterium spp.* 1-гуруҳдаги болаларнинг 19,9%ида, 2-гуруҳдагиларнинг 11,3%ида, 3-гуруҳдагиларнинг 5,2%ида қайд этилди,

қиёсий гуруҳларнинг кўрсаткичлари ўртасида ишонарли фарқ аниқланди ($P < 0,05$).

Кандидозлар ОИВ билан зарарланганлардаги оппортунистик инфекциялар орасида етакчи ўринни эгаллайди. Ичак *Candida* туридаги замбруғларнинг асосий резервуари ҳисобланади. *Candida* туридаги замбруғлар 68,1% 1-гуруҳ болалар ичак шиллиқ қаватида колониялар ҳосил қилган, қиёсий гуруҳларда микромицетларни учраш даражаси 55,4% ва 42,1%ни ташкил этди. Фақат 1- ва 3-гуруҳдагиларда *Candida spp.* > 10^6 КХКБ /г кўрсаткичлари ўртасида ишонарли фарқ 1,6 баробарни ташкил қилди аниқланди ($P < 0,05$).

2-жадвал

Ичак микрофлорасининг патоген бактерияларининг манзараси

Сони, n	1-гуруҳ n=261	2-гуруҳ n=238	3-гуруҳ n=247
<i>Salmonella enteritidis</i>	55 (21,1)	11 (4,6)	62 (25,1)
<i>S. sonnei, S. flexneri</i>	48 (18,4)	18 (7,5)	56 (22,7)
<i>C. jejuni, C. coli</i>	16 (6,1)	9 (3,8)	13 (5,2)
<i>Y. enterocolitica</i>	7 (2,7)	4 (1,7)	2 (0,8)

Ичак микробиомни одамнинг кўпгина физиологик жараёнларида иштирок этади, патогенлар, хусусан сальмонеллалар колонизациясининг химоясига қаратилган иммун реакцияларни бошқарилиши ҳисобига гомеостазнинг шаклланиши ва ушлаб турилишига олиб келади. Сальмонеллез ОИВ-инфекция кузатилган беморларда ўзига хос клиник хусусиятларга эга, уни ОИТС ҳамкор касалликлар қаторига киритилган. Касаллик қайталанувчи характерга эга. *Salmonella enteritidis* диарея ривожланган 1- ва 3-гуруҳ болаларида деярли бир кўрсаткичларда қайд этилди, 2-гуруҳ болаларнинг кўрсаткичлари нисбатан ишонарли паст кўрсаткичларни қайд этди (21,1%; 4,6% ва 25,1% ҳолларда мос равишда, $P < 0,05$).

Shigella авлоди дунё бўйича кенг тарқалган шигиллэзнинг (дизентерия) асосий сабабчиси ҳисобланади, кўпгина худудларда диареяларнинг 5–10%и *Shigella* га тўғри келади. Унинг 4 та асосий серогруппари мавжуд (*S. Dysenteria, S. Flexneri, S. Boydii, S. sonnei*). *S. flexneri* ва *S. sonnei S. boydii* га нисбатан кенг тарқалган. Диарея кузатилган 1- ва 3- гуруҳ болаларнинг кўпчилигида *S. sonnei* ва *S. flexneri* (18,4% ва 22,7% ҳолларда мос равишда, $P > 0,05$), диарея кузатилмаган 2-гуруҳдагиларда (7,5%) 1-гуруҳга нисбатан деярли 2,5 баробар, 2-гуруҳга нисбатан 3 баробар ишонарли кам ҳолларда аниқланди ($P < 0,05$).

Ҳозирги кунда *Campylobacteriaceae* 3 тури: *Campylobacter, Arcobacter, Helicobacter*. Бугунги кунда *C. jejuni* ва *C. coli* аҳамиятга эга, кам ҳолларда *C. laridis, C. fetus, C. upsaliensis, C. hyointestinalis, C. sputorum, C. mucosalis* ва бошқалар. Таъкидлаб ўтиш керакки, кампилобактерии III гуруҳдаги патоген кўзғатувчиларига киради. *C. jejuni, C. coli* 1- ва 3-

диареяли болалар гуруҳида 2-гуруҳ болаларига нисбатан ишонарли кўпроқ ҳолларда кузатилди (6,1%; 3,8% ва 5,2% ҳолларда мос равишда, $P < 0,05$).

Yersinia авлоди *Enterobacteriaceae* оиласига мансуб грамманфий факультатив анаэроб микроорганизмларнинг катта гуруҳини ўз ичига олади. Уларнинг 16 та тури орасида *Yersinia* авлоди мансуб фақат 3 та тури одам учун патоген – ўлат кўзгатувчиси *Y. pestis*, псевдотуберкулез кўзгатувчиси *Y. pseudotuberculosis* ва ичак иерсиниозининг кўзгатувчиси *Y. Enterocolitica* хисобланади. *Y. enterocolitica* қиёсий гуруҳларда кўйидагича аниқланди; 1-гуруҳдагиларнинг – 7 нафарида (2,7%), 2-гуруҳдагиларнинг – 4 нафарида (1,7%) ва 3-гуруҳдаги болаларнинг – атиги 2 нафарида (0,8%) қайд этилди. Қиёсий гуруҳлардаги кўрсаткичлар ўртасида ишонарли фарқлар аниқланди ($P < 0,05$).

ХУЛОСАЛАР

1. Ўткир диарея кузатилган ОИВ билан зарарланган болаларнинг барчаси ичак микробиоценозининг ўзгаришлар кузатилади. Ичакнинг облигат микрофлорасининг *Bacteroides spp.*, *Bifidobacterium spp.*, *Lactobacillus spp* ва *E. coli lac+* каби кўрсаткичларидан чуқур ўзгаришлар аниқланади.

2. Қиёсий гуруҳларнинг деярли барчасида шартли-патоген, айниқса *E. coli lac-*, *Enterobacter spp.*, *Enterococcus spp.*, *Staphylococcus spp* энтеробактериялар юқори кўрсаткичларда қайд этилди ($P > 0,05$). ОИВ-мусбат ўткир диареяли болаларда *E. coli hly+* (64,7%), *Staphylococcus aureus* (52,8%), *Streptococcus spp.* (49,4%), *Klebsiella spp.* (47,1%) ва *Proteus spp.* (45,2%) аниқланиши уларда эҳтимол инвазив диареялар ривожланганлигидан далолат беради. ОИВ-мусбат диареяли болаларда 68,1% ҳолларда *Candida spp.* $> 10^4$ КХКБ /г ташкил этди.

3. Патоген бактерияларнинг (*Salmonella*, *Shigella*, *Cambilobacter*, *Yersinia*) қиёсий гуруҳларда аниқланиши ўртасида ишонарли фарқлар аниқланди ($P < 0,05$). ОИВ-мусбат болалардаги ўткир инфекцион диареяларда юқори аниқланган дисбиотик ўзгаришлар уларни даволаш режасига ичак микробиоценозини тикловчи дори воситаларини тадбиқ этишни тақозо қилади.

Фойдаланилган адабиётлар

1. МУ 2.3.2.2789-10. «Методические указания по санитарно-эпидемиологической оценке, безопасности и функционального потенциала пробиотических микроорганизмов, используемых для производства пищевых продуктов». – М., 2011. – 105 б.
2. Нурузова, З. А. Изменчивость кишечной микрофлоры у ВИЧ-инфицированных больных / З. А. Нурузова, Ф. Ш. Хасанов, С. К. Ганиева // Биология и интегративная медицина. – 2016. – № 4. – Б. 15–18.
3. Altamimi, M. Effect of oligosaccharides on the adhesion of gut bacteria to human HT-29 cell / M. Altamimi, O. Abdelhay, R. A. Rastall // Anaerobe. – 2016. – Vol. 39. – P. 136–142.

4. Bondue, P. Genome of *Bifidobacteria* and carbohydrate metabolism / P. Bondue, 203 V. Delcenserie // Korean J. Food Science of Animal Resources. – 2015. – Vol. 35, N 1. – P. 1–9.
5. Gonzalez-Rodriguez, I. Role of extracellular transaldolase from *Bifidobacterium bifidum* in mucin adhesion and aggregation / I. Gonzalez-Rodriguez, B. Sanchez, L. Ruiz, F. Turrone, M. Ventura, P. Ruas-Madiedo, M. Gueimonde, A. Margolles // 206 Applied and Environmental Microbiology. – 2012. – Vol. 78 (11). – P. 3992–3998.
6. Kainulainen, V. BopA does not have a major role in the adhesion of *Bifidobacterium bifidum* to intestinal epithelial cells, extracellular matrix proteins, and mucus / V. Kainulainen, J. Reunanen, K. Hiippala S. Guglielmetti, S. Vesterlund, A. Palva, R. Satokari // Applied and Environmental Microbiology. – 2013. – Vol. 79 (22). – P. 6989–6997.
7. Lozupone, C. A. HIV-induced alteration in gut microbiota: driving factors, consequences and effects of antiretroviral therapy / C. A. Lozupone, M. Rhodes, C. Neff, A.P. Fontenot, T.B. Campbell, B.E. Palmer // Gut Microbes. – 2014. – Vol. 4 (5). – P. 562–570.
8. O’Callaghan, A. *Bifidobacteria* and their role as members of the human gut microbiota / A. O’Callaghan, D. van Sinderen // Frontiers in Microbiology. – 2016. – Vol. 7. – P. 925.
9. Shen, Z. H. Relationship between intestinal microbiota and ulcerative colitis: mechanisms and clinical application of probiotics and fecal microbiota transplantation / Z. H. Shen, Ch. Zhu, Y. Quan Z. Y. Yang, S. Wu, W. W. Luo, B. Tan, X. Y. Wang // World J. Gastroenterol. – 2018. – Vol. 1, N 24. – P. 5–14.
10. Wei, X. Proteomic analysis of the interaction of *Bifidobacterium longum* NCC2705 with the intestine cells Caco-2 and identification of plasminogen receptor / X. Wei, X. Yan, X. Chen, Z. Yang, H. Li, D. Zou, X. He, S. Wang, Q. Cui, W. Liu, D. Zhurina, X. Wang, X. Zhao, L. Huang, M. Zeng, Q. Ye, C. U. Riedel, J. Yuan // J. Proteomics. – 2014. – Vol. 108. – P. 89–98.

РЕЗЮМЕ

СОСТОЯНИЕ МИКРОБИОЦЕНОЗА КИШЕЧНИКА У ВИЧ-ИНФИЦИРОВАННЫХ ДЕТЕЙ С ОСТРЫМИ ИНФЕКЦИОННЫМИ ДИАРЕЯМИ

Туйчиев Лазиз Нодирович, Худайкулова Гульнара Каримовна,
Муминова Махбуба Тешаевна, Маматмусаева Фотима Шайдуллаевна

Ташкентская медицинская академия

doctor_shakhnoza@mail.ru

Ключевые слова: ВИЧ-инфекция, дети, диарея, микробиоценоз.

У всех ВИЧ-инфицированных детей с острыми инфекционными диареями отмечалось изменение микробиоценоза кишечника. Выявлено снижение показателей облигатной микрофлоры кишечника, как *Bacteroides spp.*, *Bifidobacterium spp.*, *Lactobacillus spp* и *E. coli lac+*. Почти во всех

сравнимых группах отмечался высокий рост показателей условно-патогенной флоры, особенно *E. coli lac-*, *Enterobacter spp.*, *Enterococcus spp.*, *Staphylococcus spp.* ($P > 0,05$). У ВИЧ-позитивных детей с острыми диареями появление *E. coli hly+* (64,7%), *Staphylococcus aureus* (52,8%), *Streptococcus spp.* (49,4%), *Klebsiella spp.* (47,1%) и *Proteus spp.* (45,2%) может свидетельствовать о развитии инвазивных диарей. У ВИЧ-инфицированных детей с острыми диареями в 68,1% случаев выявлена *Candida spp.* $> 10^4$ КОЕ /г. При выявлении патогенных бактерий (*Salmonella*, *Shigella*, *Cambilobacter*, *Yersinia*), в сравниваемых группах, отмечались достоверные различия ($P < 0,05$). Выявленные дисбиотические изменения у ВИЧ-инфицированных детей с острыми инфекционными диареями требует дальнейшей коррекции лечения с использованием лекарственных препаратов, улучшающих микробиocenоз кишечника.

SUMMARY

STATE OF INTESTINAL MICROBIOCENOSIS IN HIV-INFECTED CHILDREN WITH ACUTE INFECTIOUS DIARRHEA

Tuichiev Laziz Nadirovich, Hudaykulova Gulnara Karimova,
Muminova Mahbuba Teshayeva, Mamatmusayeva Fatima
Shaidullayeva

Tashkent Medical Academy

doctor_shakhnoza@mail.ru

Key words: HIV infection, children, diarrhea, microbiocenosis.

All HIV-infected children with acute infectious diarrhea showed a change in the intestinal microbiocenosis. A decrease in obligate intestinal microflora, such as *Bacteroides spp.*, *Bifidobacterium spp.*, *Lactobacillus spp.* and *E. coli lac+*, was revealed. Almost in all compared groups, there was a high increase in the indicators of opportunistic flora, especially *E. coli lac-*, *Enterobacter spp.*, *Enterococcus spp.*, *Staphylococcus spp.* ($P > 0,05$). In HIV-positive children with acute diarrhea, the appearance of *E. coli hly +* (64.7%), *Staphylococcus aureus* (52.8%), *Streptococcus spp.* (49.4%), *Klebsiella spp.* (47.1%) and *Proteus spp.* (45.2%) may indicate the development of invasive diarrhea. In HIV-infected children with acute diarrhea, *Candida spp.* was detected in 68.1% of cases. $> 10^4$ CFU/g When pathogenic bacteria (*Salmonella*, *Shigella*, *Cambilobacter*, *Yersinia*) were detected in the compared groups, there were significant differences ($P < 0,05$). Identified dysbiotic changes in HIV-infected children with acute infectious diarrhea require further correction of treatment using drugs that improve intestinal microbiocenosis.