

## ԱՆԱՀԻՏ ՄԱՆՎԵԼՅԱՆ, ՄԱՐԻՆԵ ԲԱԼԱՅԱՆ, ԼԵՆԱ ՄԱԼԽԱՍՅԱՆ

*Հայաստանի ազգային ագրարային համալսարանի  
Մանդի անվրանգության և կենսաարեխինոլոգիայի բաժնի ախագ  
գիտաշխատող, կենսաբանական գիտությունների թեկնածու*

### ՄԱՐԻԱՆԱ ԻՍԱԶԱՆՅԱՆ

*Հայկական պետական մանկավարժական համալսարանի գիտաշխատող*

### ՎԱՐԴԱՆ ԾԱՏՈՒՐՅԱՆ

*Մարդու և կենդանիների առողջության բարելավման միջազգային  
ասոցիացիա, բժշկական գիտությունների թեկնածու*

### ԱՍՏՂԻԿ ՓԵՓՈՅԱՆ

*Հայաստանի ազգային ագրարային համալսարանի  
Մանդի անվրանգության և կենսաարեխինոլոգիայի բաժնի  
վարիչ, առաջատար գիտաշխատող,  
կենսաբանական գիտությունների դոկտոր*

## ԱՂԻՔԱՅԻՆ ԴԻՍԲԱԿՏԵՐԻՈՋԻ ԳՆԱՀԱՏՄԱՆ ՄԵԹՈԴՆԵՐԻ ՀԱՄԵՄԱՏՈՒԹՅՈՒՆ

Չնայած մոլեկուլային գենետիկական մեթոդների առկայությանը, այնուամենայնիվ, ՀՀ բժշկական և անասնաբուժական պրակտիկայում լայնորեն օգտագործվում է մանրէների կուլտիվացիոն տարբերակումը: Բացի նրանից, որ այս դեպքում հետազոտողների վերահսկողությունից դուրս են մնում չկուլտիվացվող մանրէները, նաև, հետազոտողների շրջանում կա կասկած, որ կուլտիվացիոն անալիզի տվյալները խաբուսիկ են նաև կուլտիվացվող բակտերիաների գնահատման համար: Ներկա հետազոտությունները վկայում են, որ բակտերիաների կուլտիվացիոն անալիզը վստահորեն կարելի է կիրառել դիսբակտերոզի գնահատման գործընթացներում՝ աղիքային «*Escherichia*» և «*Lactobacillus*» բակտերիաների գնահատման համար:

**Հանգուցային բառեր և արտահայտություններ՝** մանրէ, կուլտիվացիոն անալիզ, դիսբակտերիոզ, պրոբիոտիկ, *Escherichia*, *Lactobacillus*:

Մարդու միկրոբիոմի բազմաթիվ հետազոտությունների արդյունքում պարզվել է, որ, չնայած մանրէները զբաղեցնում են համարյա բոլոր բաց էպիթելային մակերեսները [Taskalova-Hogenova H. et al., 2011], նրանց հիմնական զանգվածը տեղակայվում է աղիներում: Մանրէների ընդհանուր թիվը միկրոբիոմում 10-100 անգամ գերազանցում է մարդու բջիջների քանակը, իսկ միկրոբիոտայի գեների քանակը ավել է մարդու գեների ընդհանուր քանակից մոտ 150 անգամ [Morowitz M.J. et al., 2011]:

Ի սկզբանե մանրէների տաքսոնոմիկ նույնականացումը հիմնվել է ընտրողական միջավայրերում դրանց կուլտիվացիայի վրա: Երկար ժամանակ այն մանրէները, որոնց հնարավոր չի եղել կուլտիվացնել տարբերակիչ միջավայրերի վրա, դուրս են մնացել են հետազոտողների ուշադրությունից [Nystrom T., 2001]: Հայտնի է, որ առողջ մարդու օրգանիզմում ներկայացված են մոտ 1000 տեսակի մանրէներ, որոնց 70%-ը

առայում ենթակա չէ սննդամիջավայրերի վրա աճեցման: Հայտնի է նաև, որ կենսամիկրոօրգանիզմի տեխնոլոգիան հնարավորություն է տալիս արագ նույնականացնելու միկրոօրգանիզմներին՝ ըստ նրանց գենոտիպային հատկությունների [Schneider T., Riedel K. 2010, Nocker A. et al., 2007]: Ժամանակակից այլ մեթոդների կողքին այս մեթոդն աչքի է ընկնում բարձր զգայունությամբ, վերարտադրելիությամբ և կատարման պարզությամբ: ԴՆԹ հիբրիդիզացիայի արդյունքը մեթոդի կիրառման ժամանակ գնահատվում է ֆլյուորեսցենտ ազդանշանի մակարդակով: Այնուամենայնիվ, չնայած, որ այս և այլ մոլեկուլային գենետիկական մեթոդների կիրառումը հեշտացրել է մանրէների տարբերակումը, առ այսօր էլ չկուլտիվացվող մանրէների կենսագործունեության հիմնական առանձնահատկությունները մնում են անհայտ, քանի որ անհնարին է այդ բակտերիաների վերարտադրությունը և վերահսկողությունը «անտեսանելի» պայմաններում [Rhoads D.D., Wolcott R.D., 2012]:

Չնայած գենետիկական մեթոդների ակտիվ կիրառմանը՝ մանրէաբանական կուլտիվացիոն հետազոտության մեթոդները շարունակվում են կիրառվել բժշկական պրակտիկայում, և դրանք, առավել ևս, հանդիսանում են ՀՀ կլինիկական լաբորատորիաներում մանրէների հայտնաբերման և տարբերակման հիմնական մեթոդները: Ակտիվ զարգացող ժամանակակից մոլեկուլային գենետիկական անալիզի մեթոդների կողքին դասական այս մեթոդների կիրառումը երբեմն տեղիք են տալիս բազմաթիվ կասկածների [Савичева А.М., 2008]: Մի շարք հեղինակներ նշում են աղիքային միկրոբիոտային վերաբերող տվյալների տարամիտում՝ ստացված դասական կուլտուրալ մեթոդների և մոլեկուլային գենետիկայի մեթոդների համադրումից [Espy M.J. et al., 2006, Fratamico P.M. et al., 2005]: Տվյալների անհամապատասխանելիությունը,

առաջին հերթին, հավանաբար, պայմանավորվում է դասական մանրէաբանության մեթոդների անկատարելիությամբ և մյուս կողմից էլ՝ կլինիկական նմուշներում չկուլտիվացվող մանրէների առկայությամբ [Rhoads D.D. Cox S.B. et al., 2012, Chakravorty S. et al., 2009]:

Ընտանեկան միջերկրածովյան տենդը (MIM no 249100) կամ պարբերական հիվանդությունը (ՊՀ) հանդիսանում է ժառանգական աուտոբրոքրային հիվանդություն, որը հանդիպում է հիմնականում միջերկրածովային շրջանում հայերի, հույների, ջիուդների, իտալացիների պոպուլյացիաներում: ՊՀ-ն տարածված հիվանդություն է, որով աշխարհում տառապում են ավելի քան 100 հազար մարդ [Ayvazyan A. et al., 2005, Yamazaki K., Yamazaki T. et al., 2009, Ozen S., 2003]: Այն ժառանգվում է աուտոսոմ ռեցեսիվ ձևով՝ պայմանավորված MEFV (MEDITERRANEAN FEVER) գենի մուտացիայով (գենը տեղակայված է 16 քրոմոսոմի կարճ ոտիկին (16p13.3) [Pras E., Kastner D., 1992, 1995]:

ՊՀ-ի արդյունավետ բուժումն իրականացվում է համամիտոտիկ ազդեցությամբ դեղամիջոցի՝ կոլխիցինի օգնությամբ, որը հիվանդներին հիմնականում ամբողջ կյանքի ընթացքում նշանակվում է օրական 1-2 մգ դեղաչափով [Nidorf S.M., Eikelboom J.W., 2013]: Կոլխիցինը ընկճում է բորբոքումը և երկարացնում ՊՀ-ի նոպաների միջև ժամանակահատվածը [Kalinich T., Haffer D., 2007], ինչպես նաև այն դանդաղացնում է ամիլոիդոզի զարգացումը մոտ 2/3 հիվանդների մոտ: Կոլխիցինը, սակայն, ունի նաև կողմնակի ազդեցություններ, այդ թվում՝ այս դեղամիջոցի երկարատև ընդունումը հիվանդների կողմից կարող է նպաստել աղիքային դիսբակտերիոզի զարգացմանը:

Հայտնի է, որ աղիների գործունեության վերականգման նպատակով օգտագործվում են պրոբիոտիկներ, մասնավորապես՝ «*Lactobacillus*»,

«*Bifidobacterium*», «*Enterococcus*», «*Saccharomyces boulardii*» բակտերիաներ [Floch M.H. et al., 2008., Borivant M. et al., 2007]:

Հաշվի առնելով վերոնշյալը՝ մեր կողմից խնդիր դրվեց ուսումնասիրելու պարբերական հիվանդությամբ տառապող հիվանդների աղիքային միկրոբիոտայի կազմը դասական կուլտիվացիոն և ժամանակակից «PHILOCHIP™» անալիզի մեթոդներով:

ՆՅՈՒԻՐԵՐԸ ԵՎ ՄԵԹՈԴՆԵՐԸ

Ուսումնասիրությունների համար նյութ են հանդիսացել պարբերական հիվանդությամբ 45 հիվանդների և 30 առողջների կեղտի նմուշները: Հետազոտության ընթացքում օգտագործվել են Վիտամաքս-Ե արտադրության հայտնի «Նաբինե #1» (*Lactobacillus acidophilus* INMIA 9602) և «Կոլիբակտերոն #2» («*Escherichia coli*» M-17) պրոբիոտիկները: Հետազոտությունների համար օգտագործվել է նաև պատվիրված «պլացեբո #3»:

Հիվանդների յուրաքանչյուր խումբը, համապատասխանաբար ընդունած #1, #2 և #3 հաբերը, բաղկացած էր 15 անձից: Պրոբիոտիկ (պլացեբո) ընդունվել է մեկ ամիս տևողությամբ՝ օրական երեք անգամ մեկ հաբից (Վիտամաքս-Ե): Հետազոտվել են միայն ռեմիսիայի շրջանում գտնվող ՊՀ հիվանդներ: Յուրաքանչյուր մասնակցից վերցվում էին կեղտի նմուշներ տարբեր ժամանակահատվածներում և գնահատվում էին մանրէային համակեցությունները կուլտուրալ և «Phylochip™» մեթոդների միջոցով: Կուլտուրալ անալիզն իրականացվում էր ընտրողական և նույնականացման թեստային միջավայրերի օգտագործմամբ: «Phylochip™» անալիզի համար անջատվում էր գենոմային ԴՆԹ-ն: Երկու մեթոդների միջոցով էլ որոշվում էին լակտոբակտերիաների և «*Escherichia*»-ների քանակները:

Վիճակագրական վերլուծությունը կատարվել է «Student's t test» ծրագրի միջոցով:

ԱՐԴՅՈՒՆՔՆԵՐԻ ՔՆՆԱՐԿՈՒՄ

Կուլտիվացիոն մեթոդը հնարավորություն է տալիս մանրէները տարբերակելու և որոշելու՝ ըստ նրանց ֆիզիոլոգիական և կենսաքիմիական հատկանիշների, իսկ «PhyloChip™» միկրոչիպերի մեթոդը հնարավորություն է տալիս բակտերիաների տարբերակումն իրականացնելու ըստ նրանց հիբրիդիզացիոն առանձնահատկությունների՝ հիմնվելով օպերատիվ տաքսոնոմիկ միավորների՝ OTU, որոշման վրա [Hofle M.G. et al., 2008]:

Հետազոտությունների արդյունքները՝ իրականացված «PhyloChip™»-ով, ցույց են տալիս, որ #1 պրոբիոտիկի օգտագործումը նպաստում է հիվանդների աղիքային միկրոֆլորայում լակտոբակտերիաների OTU -երի ավելացմանը և հակառակը՝ «*Escherichia*» բակտերիաների OTU -երի նվազմանը [նկար 1, 2]:

Հետազոտությունները վկայում են նաև, որ «*Escherichia*» բակտերիաների տարածվածությունը հիվանդների աղիքային միկրոբիոտայում հավաստիորեն ավելանում է «#2 Կոլիբակտերոն» պրոբիոտիկն ընդունելուց անմիջապես հետո, ինչը դիտվում է նաև PhyloChip™ անալիզի արդյունքում [նկար 3]:

Աղիքային *Escherichia* և *Lactobacillus* բակտերիաների համար կատարվել է նաև PhyloChip™ անալիզի և կուլտուրալ մեթոդի համեմատական վերլուծություն [նկար 4, 5]: Համեմատությունների համար օգտագործվել են «PhyloChip™» անալիզի հիբրիդիզացիայի ցուցանիշները և կուլտիվացիոն մեթոդի օգնությամբ գնահատված բակտերիալ խտությունները՝ մինչ պրոբիոտիկաթերապիան և նրանից հետո (a և b փուլեր): Համեմատությունների համար օգտագործվել են a և b փուլերին համապատասխանող հիբրիդիզացիայի ցուցանիշների և կուլտիվացիոն մեթոդի օգնությամբ գնահատված բակտերիալ խտությունների հարաբերակցությունները: Արդյունքները ներկայացված են

նկար 4– 5-ում:

Համաձայն ուսումնասիրությունների արդյունքների՝ երկու մեթոդների օգնությամբ «*Escherichia*» և «*Lactobacillus*» բակտերիաների համար ստացված տվյալների միջև գոյություն ունի համապատասխանություն: Չնայած վիճակագրական հավաստի արդյունքներին (համապատասխանաբար  $P = 0.002517$  և  $P = 0.034257$ ), այնուամենայնիվ, նկար 4–5-ի տվյալները նաև վկայում են, որ կուլտուրալ և «PhyloChip™» անալիզ տվյալների միջև որոշ նմուշների դեպքում կան անհամապատասխանություններ:

Հայտնի է, որ սնունդը կարող է ազդել աղիքային միկրոբիոտայի քանակական և որակական կազմի վրա [de Wouters T., Dore J., Lepage P., 2012; Albenberg L.G., 2012]: Որոշ նմուշներում

PhyloChip™ անալիզի և կուլտուրալ մեթոդի տվյալների միջև վերը նկարագրված տարբերությունները (նկար 4) կարող են բացատրվել աղիքային միկրոբիոտայի վրա սննդի գործոնի ազդեցությամբ: Մյուս կողմից՝ կուլտուրալ անալիզի ժամանակ հաշվի է առնվել միայն լակտոզ-դրական կոմենսալ «*Escherichia*»-ների քանակը, ինչը ևս կարող էր ազդել «PhyloChip™» անալիզի և կուլտուրալ մեթոդի տվյալների միջև տարբերության առաջացմանը:

Այսպիսով՝ դասական կուլտուրալ մեթոդի և նորագույն «PhyloChip™» անալիզի հետազոտության տվյալները ցույց են տվել այդ երկու մեթոդների արդյունքների համապատասխանությունը:

Հոդվածի ներկայացման տարեթիվը՝  
12.03.2015

## ՓՐԱԿԱՆՈՒԹՅՈՒՆ

1. Бухарин О.В., Гинцбург А.Л., Романова Ю.М., Эль-Регистан Г.И. Механизмы выживания бактерий // Медицина, 2005, ст. 367.
2. Савичева А.М. Лабораторная диагностика и терапия репродуктивно значимых инфекций // Лечащий врач, 2008, № 3.
3. Хоулт Дж., Криг Н. Определитель бактерий Берджи // В 2-х т. Издательство: Мир, 1997.
4. Albenberg L.G., Lewis J.D., Wu G.D. Food and the gut microbiota in inflammatory bowel diseases: a critical connection // Curr Opin Gastroenterol., 2012, 28(4), p. 314–320.
5. Arumugam M., Raes J., Pelletier E. et al. Enterotypes of the human gut microbiome // Nature, 2011, 473(7346), p. 174–180.
6. Ayvazyan A., et al. The Fourth International Congress on Systemic Autoinflammatory Diseases // 2005, Nov. 6–10, Bethesda, Maryland, p. 204.
7. Borivant M., Strober W. The mechanism of action of probiotics // Curr Opin Gastroenterol., 2007, 23 (6), p. 679–692.
8. Chakravorty S., Aladegbami B., Burday M., Levi M., Marras S.A., Shah D., El-Hajj H.H., Kramer F.R., Alland D. Rapid universal identification of bacterial pathogens from clinical cultures by using a novel sloppy molecular beacon melting temperature signature technique // J Clin Microbiol., 2010, 48(1), p. 258–267.
9. de Wouters T., Doré J., Lepage P. Does our food (environment) change our gut microbiome ('in-vi-environment'): a potential role for inflammatory bowel disease // Dig Dis., 2012, 30(3), p. 33–9. doi: 10.1159/000342595. Epub 2013 Jan 3.
10. Eckburg P.B., Bik E.M., Bernstein C.N., Purdom E., Dethlefsen L., Sargent M., Gill S.R., Nelson K.E., Relman D.A. Diversity of the human intestinal microbial flora // Science, 2005, 308, p. 1635–1638.
11. Espy M.J., Uhl J.R., Sloan L.M. et al. Real-time PCR in clinical Microbiology: applications for routine laboratory testing // Clinical Microbiology Reviews, 2006, v. 19(1), p. 165–256.
12. Floch M.H., Walker W.A., Guandalin S. et al. Recommendations for Probiotic Use // Clin Gastroenterol., 2008, 42(2), p. 104–108.
13. Fratamico P.M., Bhunia A.K., Smith J.L. Foodborne Pathogens: Microbiology and Molecular Biology // Caister Academic Press, USA, 2005, Ed: ISBN: 1-904455-00-X, p. 454.
14. Furrie A. A molecular revolution in the study of intestinal microflora // Gut, 2006, 55(2), p. 141–143. doi: 10.1136/gut.2005.081695.

15. Hofle M.G., Kirchman D.L., Christen R., Brettar I. Molecular diversity of bacterioplankton: link to a predictive biogeochemistry of pelagic ecosystems // *Aquat. Microb. Ecol.*, 2008, 53(1), p. 39–58.
16. Kalinich T., Haffer D., Niehues T. et al. Colchicine Use in Children and Adolescents With Familial Mediterranean Fever: Literature Review and Consensus Statement // *Pediatrics*, 2007, 119, p. 474–483.
17. Lawrence D., Fiegna F., Behrends V., Bundy J.G., Phillimore A.B., Bell T., Barraclough T.G. Species Interactions Alter Evolutionary Responses to a Novel Environment // *PLoS Biol.*, 2012, 10(5): e1001330. doi:10.1371/journal.pbio.1001330.
18. Maron P.A., Ranjard L., Mougél C., Lemanceau P. Metaproteomics: a new approach for studying functional microbial ecology // *Microb. Ecol.*, 2007, 53, p. 486–493.
19. Mortimer D, Mortimer S.T. Quality and risk management in the IVF laboratory // Cambridge: Cambridge University Press 2005, p. 232.
20. Morowitz M.J., Carlisle E.M., Alverdy J.C. Contributions of intestinal bacteria to nutrition and metabolism in the critically ill // *Surg. Clin. North Am.*, 2011, 91(4), p. 771–785.
21. Nardini E., Kisand V., Lettieri T. Microbial biodiversity and molecular approach. EUR – Scientific and Technical Research Series. Luxembourg: Office for Official Publications of the European Communities, 2010, p. 49.
22. Nidorf S.M., Eikelboom J.W., Budgeon C.A., Thompson P.L. Low-dose colchicine for secondary prevention of cardiovascular disease // *J Am Coll Cardiol.*, 2013, 61, p. 404–410.
23. Nocker A., Burr M., Camper A.K. Genotypic microbial community profiling: A critical technical review // *Microb. Ecol.*, 2007, 54, p. 276–289.
24. Nyström T. Not quite dead enough: on bacterial life, culturability, senescence, and death // *Arch. Microbiol.*, 2001, 176, p. 159–164.
25. Ozen S. Familial mediterranean fever: revisiting an ancient disease // *Eur J Pediatr.*, 2003, 162, p. 449–454.
26. Pras E., Aksentijevich I., Gruber L., Balow J., Prosen L., Dean M., Steinberg A., Pras M., Kastner D. Mapping of a gene causing familial Mediterranean fever to the short arm of chromosome 16 // *N Engl J Med.*, 1992, 326(23), p. 1509–13.
27. Pras M., Pras E., Kastner D. The origin of the FMF gene // *Isr J Med Sci.*, 1995, 31(8), p. 503–504.
28. Rhoads D.D., Cox S.B., Rees E.J., Sun Y., Wolcott R.D. Clinical identification of bacteria in human chronic wound infections: culturing vs. 16S ribosomal DNA sequencing // 2012, 24(12), p. 321. doi: 10.1186/1471-2334-12-321. Department of Pathology, University of Pittsburgh Medical Center (UPMC), Pittsburgh, PA, USA.
29. Rhoads D.D., Wolcott R.D., Sun Y., Dowd S.E. Comparison of culture and molecular identification of bacteria in chronic wounds Southwest Regional Wound Care Center, Lubbock, TX 79410, USA // *Int J Mol Sci.*, 2012, 13(3), p. 2535–50.
30. Schneider T., Riedel K. Environmental proteomics: Analysis of structure and function of microbial communities // *Proteomics*, 2010, 10, p. 785–798.
31. Tlaskalova-Hogenova H., Stepankova R., Kozakova H., Hudcovic T., Vannucci L., Tuckova L., Rossmann P., et al. The role of gut microbiota (commensal bacteria) and the mucosal barrier in the pathogenesis of inflammatory and autoimmune diseases and cancer: contribution of germ-free and gnotobiotic animal models of human diseases // *Cell Mol. Immunol.*, 2011, 8(2), p. 110–120.
32. Yamazaki K., Yamazaki T., Masumoto J., Suzuki A., Yazaki M., Agematsu K. Familial Mediterranean fever as representative autoinflammatory disease // *Rinsho Byori.*, 2009, 57(4), p. 371–381.
33. Zhou X., Bent S.J., Schneider M.G. et al. Characterization of vaginal microbial communities in adult healthy women using cultivation-independent methods // *Microbiology*, 2004, 150(8), p. 2565–73.

## СРАВНИТЕЛЬНАЯ ОЦЕНКА МЕТОДОВ ДИСБАКТЕРИОЗА

**АНАИТ МАНВЕЛЯН, МАРИНЕ БАЛАЯН, ЛЕНА МАЛХАСЯН**

*Национальный аграрный университет РА, отдел безопасности питания и биотехнологии старший научный сотрудник кандидат биологических наук*

**МАРИАННА ИСАДЖАНЫАН**

*Армянский государственный педагогический университет, научный сотрудник*

**ВАРДАН ЦАТУРЯН**

*Международная ассоциация по оздоровлению человека и животных, кандидат медицинских наук*

**АСТГИК ПЕПОЯН**

*Национальный аграрный университет РА, ведущий отдела безопасности питания и биотехнологии, ведущий научный сотрудник, доктор биологических наук*

Несмотря на развитие генетических методов идентификации микроорганизмов, микробиологический культуральный метод до сих пор широко применяется в медицинской и ветеринарной практике Республики Армения. Существуют опасения, что, помимо невозможности оценки некультивируемых видов микроорганизмов, применение культурального метода дает неоднозначные результаты и для культивируемых бактерий. Представленные исследования свидетельствуют о том, что культуральный анализ может с уверенностью применяться для идентификации бактерий родов *Escherichia* и *Lactobacillus* при оценке кишечного дисбактериоза.

Дата представления статьи: 12.03.2015

## COMPARATIVE ASSESSMENT OF DYSBACTERIOSIS METHODS

**ANAHIT MANVELYAN, MARINE BALAYAN, LENA MALKHASIAN**

*Armenian National Agrarian University  
Department of Biotechnology and Food Safety  
Senior Research Assistant, Candidate of Biological Sciences*

**MARIANNA ISAJANYAN**

*Armenian State Pedagogical University after Khachatur Abovyan, Research assistant*

**VARDAN TSATURYAN**

*International Association for Human and Animals Health Improvement, RA  
Candidate of Medical Sciences*

**ASTGHİK PEPOYAN**

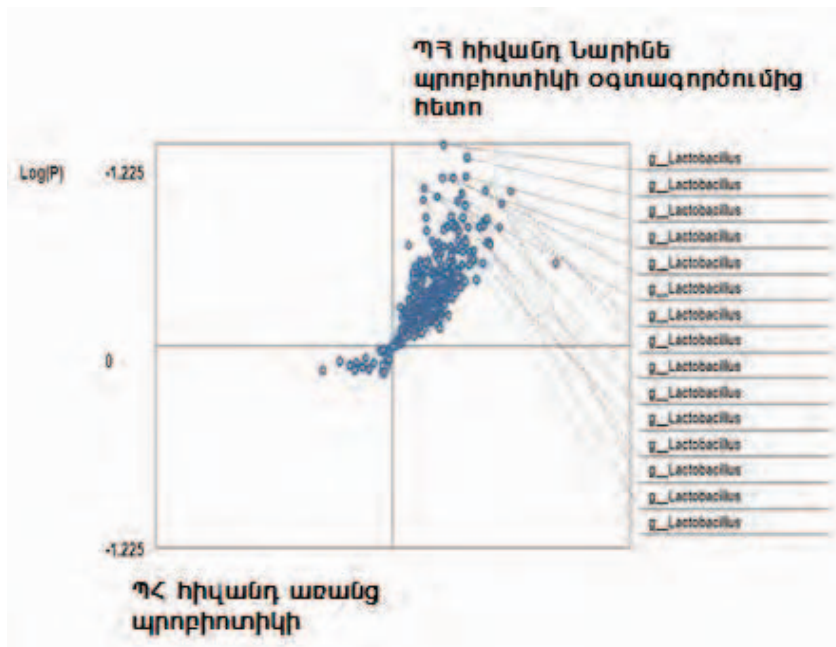
*Armenian National Agrarian University  
Head of the Department of Biotechnology and Food Safety  
Leading Research Assistant, Doctor of Biological Sciences*

Despite the development of genetic methods for identification of microorganisms, microbiological cultural method is still widely used in medical and veterinary practice in the Republic of Armenia. There are concerns that, in addition to the incapability to assess the non-cultivated microbial species, the use of the cultural method gives diverse results for cultivated bacteria too.

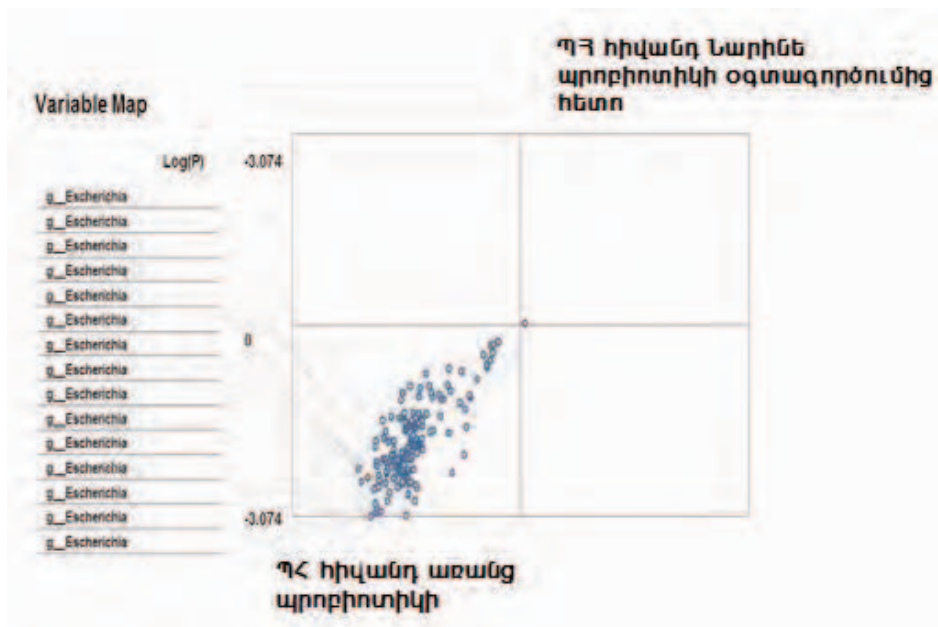
The present study suggests that the cultural analysis can safely be used to identify the bacteria of the genera *Lactobacillus* and *Escherichia* when assessing intestinal dysbacteriosis

Article submission date: 12.03.2015

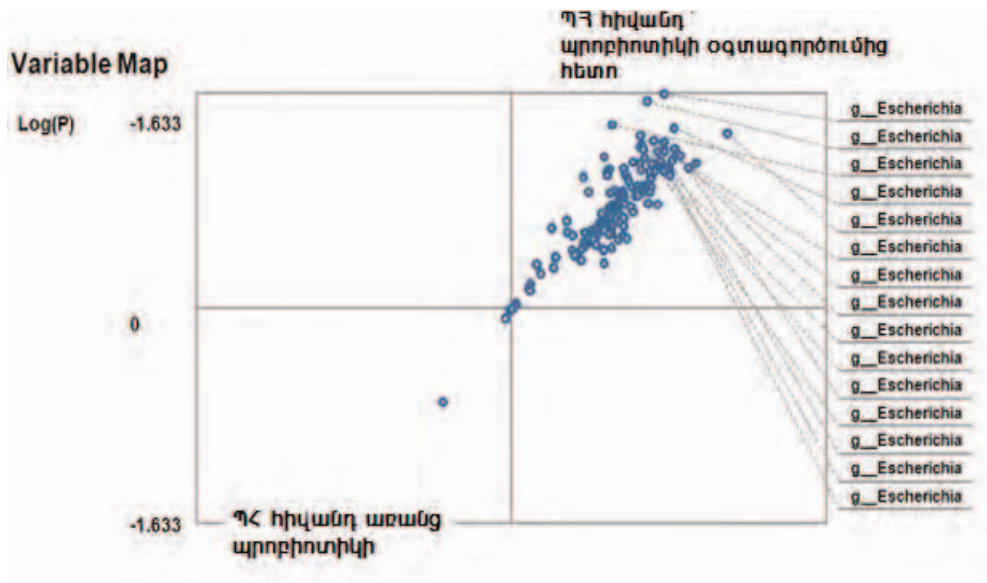
## ՀԱՎԵԼՎԱԾ



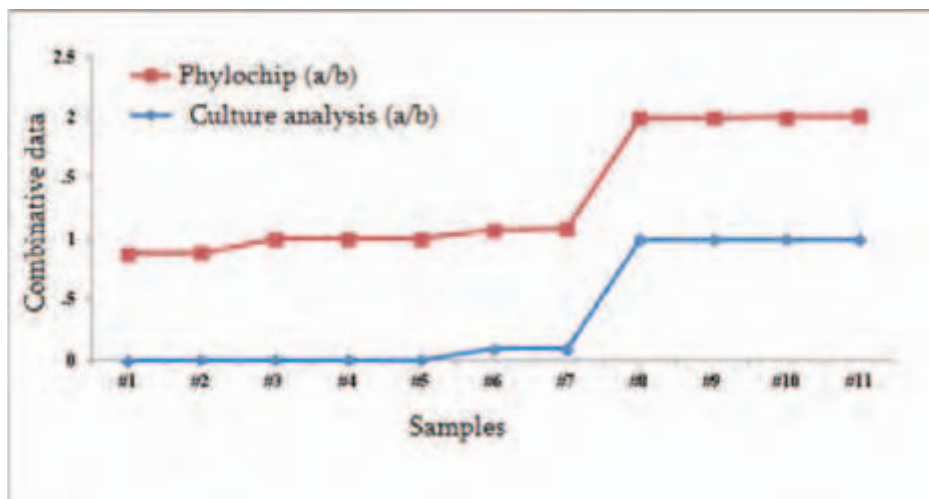
Նկար 1. «Lactobacillus» աղիքային մանրէների փարսովածությունը պարբերական հիվանդությանը անձանց շրջանում «Նարինե» պրոբիոտիկի մեկ ամսյա օգտագործումից անմիջապես հետո:



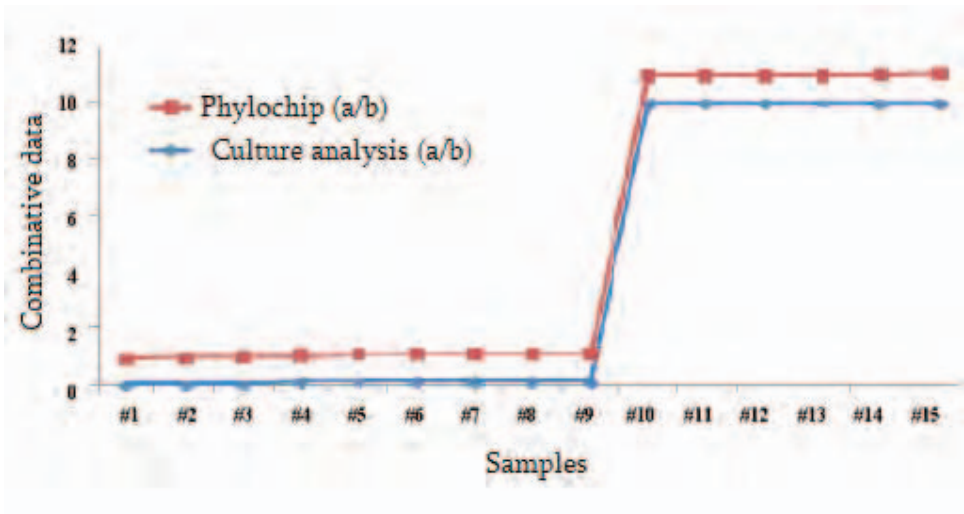
Նկար 2. «Escherichia» դասի աղիքային մանրէների տեղաբաշխումը պարբերական հիվանդությանը անձանց աղիքային միկրոբիոտայում #1 պրոբիոտիկի մեկամսյա օգտագործումից հետո PhylloChip™ անալիզի րվյալներով:



Նկար 3. *PhyloChip™* անալիզի րվյալներով աղիքային *Escherichia* մանրէների տեղաբաշխումը պարբերական հիվանդությանը անձանց շրջանում #2 պրոբիոտիկի միանյալ օգտագործումից անմիջապես հետո:



Նկար 4. Պարբերական հիվանդությանը անձանց կեղտի նմուշներում *Escherichia* բակտերիաների քանակական համեմատությունը: Անալիզները կատարվել են կուլտուրալ և *PhyloChip™* մեթոդներով: Համեմատվել են 11 պարբերական հիվանդների *a* և *b* փուլերի րվյալները՝ նախքան պրոբիոտիկ/պլազմեր ընդունելը՝ *a*, և *b*՝ դրանից հետո:



Նկար 5. Պարբերական հիվանդությամբ սնձանց կեղտի նմուշներում *Lactobacillus* բակտերիաների քանակների համեմատությունը: Անալիզները կատարվել են կուլտուրալ և PhyloChip<sup>TM</sup> մեթոդներով: Համեմատվել են 15 հիվանդների a և b փուլերի տվյալները՝ նախքան սրտբիրտփիկ/սլացերո ընդունելը՝ a, և b՝ դրանից հետո: