Клиническая Микробиология и Антимикробная Химиотерапия

Тезисы

XXVI Международный конгресс МАКМАХ по антимикробной терапии и клинической микробиологии

29–31 мая | 2024 | Москва

г. Москва, проспект Мира, 150
ГК «Космос», Большой зал конгрессов

Министерство здравоохранения Российской Федерации

Межрегиональная ассоциация по клинической микробиологии и антимикробной химиотерапии (МАКМАХ)

Международное общество по антимикробной химиотерапии (ISAC)

Федерация европейских микробиологических обществ (FEMS)

ФГБОУ ВО «Смоленский государственный медицинский университет» Министерства здравоохранения Российской Федерации

Том 26 | 2024
Приложение 1

Основан в 1999 г.
ISSN 1684-4386

https://cmac-journal.ru

Межрегиональная ассоциация по клинической микробиологии и антимикробной химиотерапии
Научно-исследовательский институт антимикробной химиотерапии ФГБОУ ВО СГМУ Минздрава России

Учредитель
Межрегиональная ассоциация по клинической микробиологии и антимикробной химиотерапии

Издатель
Межрегиональная ассоциация по клинической микробиологии и антимикробной химиотерапии
www.iacmac.ru

Журнал зарегистрирован Комитетом РФ по печати 30.09.1999 г. (№019273)
Тираж 3000 экз.

Подписка на сайте издателя
https://service.iacmac.ru

Адрес для корреспонденции
214019, г. Смоленск, а/я 5.
Тел./факс: (4812)45 06 02

Электронная почта:
info@cmac-journal.ru

Электронная версия журнала:
https://cmac-journal.ru

Журнал входит в Перечень рецензируемых научных изданий, в которых должны быть опубликованы основные научные результаты диссертаций на соискание ученой степени кандидата наук, на соискание ученой степени доктора наук

Присланные в редакцию статьи проходят рецензирование

Мнение редакции может не совпадать с точкой зрения авторов публикуемых материалов

Ответственность за достоверность рекламных публикаций несут рекламодатели

При перепечатке ссылка на журнал обязательна

Журнал является научным изданием для врачей, в связи с чем на него не распространяются требования Федерального закона от 29.12.2010 436-ФЗ «О защите детей от информации, причиняющей вред их здоровью и развитию»

© Клиническая микробиология и антимикробная химиотерапия, 2024.

Ответственный редактор
Р.С. Козлов — Смоленск

Главный редактор
А.И. Синопальников — Москва

Зам. главного редактора
А.В. Дехнич — Смоленск

Ответственный секретарь
А.В. Веселов — Смоленск

Редакционная коллегия
С.Н. Авдеев — Москва
Г.П. Арутюнов — Москва
Г.Е. Афиногенов — С.-Петербург
А.А. Визель — Казань
О.М. Драпкина — Москва
Е.В. Елисеева — Владивосток
Н.А. Ефименко — Москва
А.А. Зайцев — Москва
С.К. Зырянов — Москва
Л.К. Катосова — Москва
Ю.В. Лобзин — С.-Петербург
В.В. Малеев — Москва
Э.А. Ортенберг — Тюмень
В.И. Петров — Волгоград
Г.Г. Пискунов — Москва
В.В. Покровский — Москва
Д.А. Попов — Москва
А.П. Ребров — Саратов
В.А. Руднов — Екатеринбург
А.М. Савичева — С.-Петербург
С.В. Сидоренко — С.-Петербург
Д.А. Сычев — Москва
Н.Н. Хачатрян — Москва
И.В. Шлык — Санкт-Петербург
М.В. Эйдельштейн — Смоленск

Международный редакционный совет
К. Набер — Штраубинг, Германия
А. Родлоф — Лейпциг, Германия
Д. Ло Фо Вонг — Копенгаген, Дания
Д. Ливермор — Лондон, Великобритания
Д. МакИнтош — Лондон, Великобритания
Ж. Жанель — Виннипег, Канада
Е. Иделевич — Мюнстер, Германия
К. Экманн — Гановер, Германия
М. Бассетти — Удине, Италия
Т. Мацумото — Китакуши, Япония
Х. Гарау — Барселона, Испания
Э. Каплан — Миннеаполис, США

Информационно-техническое сопровождение
С.Б. Якушин, научный редактор — Смоленск
А.Г. Коробова, научный редактор — Москва
А.А. Шашкевич, дизайнер — Смоленск
Н.С. Малышева, технический редактор — Смоленск
А.А. Авраменко, редактор сайта — Смоленск
И.В. Трушин, разработчик сайта — Смоленск
А.Г. Виноградова, информационный менеджер — Смоленск

Содержание

Абдраймова Н.К., Шитиков Е.А., Беспятых Д.А., Корниенко М.А.
ТРАНСКРИПЦИОННЫЙ ОТВЕТ *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* НА КОМБИНИРОВАННОЕ ПРИМЕНЕНИЕ ЛИНЕЗОЛИДА И ЛИТИЧЕСКОГО БАКТЕРИОФАГА СЕМЕЙСТВА *HERELLEVIRIDAE* 9

Аблакимова Н.Е., Смагулова Г.А., Мусина А.З., Рачина С.А., Саханова С.К.
КОМПЛЕКСНЫЙ ПОДХОД К ЭТИОЛОГИЧЕСКОЙ ДИАГНОСТИКЕ ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИИ В МНОГОПРОФИЛЬНЫХ СТАЦИОНАРАХ ГОРОДА АКТОБЕ, РЕСПУБЛИКА КАЗАХСТАН 9

Авдеева В.А., Евсеева М.А., Кисличкина А.А., Сизова А.А., Федюкина Г.Н., Ахременко Я.А., Сухорукова М.В., Алексеева Е.А., Ларионова И.А., Фурсова Н.К., Хохлова О.Е.
ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ КЛИНИЧЕСКИХ ШТАММОВ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* 10

Азизов И.С., Иванчик Н.В., Микотина А.В., Чагарян А.Н., Склеенова Е.Ю.
ВЫЯВЛЕНИЕ *MCR*-ОПОСРЕДОВАННОЙ УСТОЙЧИВОСТИ К КОЛИСТИНУ У МИКРООРГАНИЗМОВ РОДА *SALMONELLA* 10

Акуленко Г.В., Маджарова О.А., Качанко Е.Ф.
ВЫЯВЛЕНИЕ ГЕНОВ БЕТА-ЛАКТАМАЗ В ИЗОЛЯТАХ *ESCHERICHIA COLI*, ВЫДЕЛЕННЫХ ОТ ПАЦИЕНТОВ МНОГОПРОФИЛЬНОГО ЦЕНТРА 11

Алексеева А.Е., Бруснигина Н.Ф., Гординская Н.А.
ГЕНОТИПОВАЯ СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ КАРБАПЕНЕМОУСТОЙЧИВЫХ ШТАММОВ *ACINETOBACTER BAUMANNII* 11

Артюх Т.В., Тапальский Д.В.
АНТИБАКТЕРИАЛЬНЫЕ ЭФФЕКТЫ КЕТОРОЛАКА И ДИКЛОФЕНАКА В ОТНОШЕНИИ ГРАМОТРИЦАТЕЛЬНЫХ БАКТЕРИЙ С РАЗЛИЧНЫМИ МЕХАНИЗМАМИ РЕЗИСТЕНТНОСТИ 12

Асташкин Е.И., Новикова Т.С., Фурсова Н.К.
КЛОНИРОВАНИЕ НОВОГО ГЕНА $BLA_{CTX-M-1}$-ТИПА ($BLA_{CTX-M-169}$) И ОПРЕДЕЛЕНИЕ ЕГО ФУНКЦИОНАЛЬНОЙ АКТИВНОСТИ 12

Асташкин Е.И., Панферцев Е.А., Щит И.Ю., Решетняк Т.В., Шевяков А.Г., Бикетов С.Ф.
КОНСТРУИРОВАНИЕ ТЕСТ-СИСТЕМЫ, СОЧЕТАЮЩЕЙ МЕТОДЫ ПЦР И CRISPR-CAS, ДЛЯ ДЕТЕКЦИИ ГЕНА BLA_{OXA-48} 13

Ахременко Я.А., Босиков И.Д., Москалев А.В., Тарасова Л.А.
АНАЛИЗ РАСПРОСТРАНЕННОСТИ РЕЗИСТЕНТНЫХ НОЗОКОМИАЛЬНЫХ ПАТОГЕНОВ В ПАЛЛИАТИВНЫХ ЦЕНТРАХ ЯКУТСКА 13

Баязитова Л.Т., Тюпкина О.Ф., Чазова Т.А., Родионова М.С., Исаева Г.Ш.
МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА НОСОГЛОТОЧНЫХ ИЗОЛЯТОВ *STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE* СЕРОГРУПП 15 И 11 14

Баязитова Л.Т., Шаяхметова А.А., Белова М.Н.
ХАРАКТЕРИСТИКА АНТИБИОТИКОЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ *STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE* ПРИ ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИИ 14

Березовская М.Ю., Висков М.А., Рубель М.С.
ВОЗМОЖНОСТЬ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ИЗОТЕРМИЧЕСКОЙ АМПЛИФИКАЦИИ И ДРУГИХ ПОДХОДОВ ДИАГНОСТИКИ В МЕСТЕ ОКАЗАНИЯ ПОМОЩИ ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕТЕРМИНАНТ РЕЗИСТЕНТНОСТИ К АНТИБИОТИКАМ У ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ИППП 15

Бисенова Н.М., Ергалиева А.С., Тулеубаева Э.А., Айтышева У.С.
МОНИТОРИНГ ГРАМОТРИЦАТЕЛЬНЫХ БАКТЕРИЙ ESKAPE В ОТДЕЛЕНИИ РЕАНИМАЦИИ МНОГОПРОФИЛЬНОЙ КЛИНИКИ 15

Бисенова Н.М., Ергалиева А.С., Тулеубаева Э.А., Айтышева У.С.
АКТИВНОСТЬ ЦЕФТАЗИДИМА-АВИБАКТАМА ПРОТИВ КЛИНИЧЕСКИХ ИЗОЛЯТОВ В МНОГОПРОФИЛЬНОЙ КЛИНИКЕ КАЗАХСТАНА 16

Бондарева Н.Е., Зигангирова Н.А.
ПЕРСПЕКТИВЫ ЛЕЧЕНИЯ ХРОНИЧЕСКИХ ХЛАМИДИЙНЫХ ИНФЕКЦИЙ 16

Бонцевич Р.А., Тихойванова А.А., Анненков Н.В., Батищева Г.А., Невзорова В.А., Мартыненко И.М., Биккинина Г.М., Кетова Г.Г., Богданова В.О., Лучинина Е.В.
ЗНАНИЯ СТУДЕНТОВ ПО АНТИМИКРОБНОЙ ТЕРАПИИ: КРАТКИЙ ОБЗОР ИТОГОВЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ПРОЕКТА KANT-IV 17

Бубман Л.И., Тополянская С.В., Рачина С.А., Гладких М.А., Усова Т.В., Лыткина К.А., Мелконян Г.Г.
МИКРОБНЫЙ ПЕЙЗАЖ ПРОЛЕЖНЕЙ У МОЛОДЫХ ПАЦИЕНТОВ С ТЯЖЕЛЫМИ ТРАВМАМИ ЦЕНТРАЛЬНОЙ НЕРВНОЙ СИСТЕМЫ 17

Валиуллина И.Р., Кулагина Л.Ю., Тагирова Т.Р., Фрузенкова Е.И.
МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИЙ МОНИТОРИНГ В ОТДЕЛЕНИЯХ ПАТОЛОГИИ И РЕАНИМАЦИИ НОВОРОЖДЕННЫХ ПЕРИНАТАЛЬНОГО ЦЕНТРА 18

Валиуллина И.Р., Тагирова Т.Р., Фрузенкова Е.И., Бикчантаева Г.Р.
АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ И СТРУКТУРА КАРБАПЕНЕМАЗ *ACINETOBACTER BAUMANNII* 18

Вешкурцева И.М., Аксельров М.А., Сергиенко Т.В., Танзыбаев А.В., Спирина Е.И., Столяр А.В.
СТРУКТУРА ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ПРИ НЕКРОТИЗИРУЮЩЕМ ЭНТЕРОКОЛИТЕ У НОВОРОЖДЕННЫХ ДЕТЕЙ 19

Вешкурцева И.М., Извин А.И., Кузнецова Н.Е., Рудзевич А.В., Кудымов С.А., Ребятникова М.А.
РОЛЬ *STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE* В РАЗВИТИИ ВТОРИЧНЫХ ГНОЙНЫХ МЕНИНГИТОВ ОТОРИНОГЕННОЙ ЭТИОЛОГИИ У ВЗРОСЛЫХ И ДЕТЕЙ 19

Видманова М.В.
ВЛИЯНИЕ ПИТАТЕЛЬНЫХ СРЕД НА ПРОТЕОМНОЕ ПРОФИЛИРОВАНИЕ БОРДЕТЕЛЛ 20

Виноградова А.Г., Трушин И.В., Кузьменков М.Ю., Кузьменков А.Ю., Старостенков А.А., Авраменко А.А.
РАЗРАБОТКА ДИАЛОГОВОЙ ИНФОРМАЦИОННОЙ СИСТЕМЫ ДЛЯ ОЦЕНКИ РЕЗУЛЬТАТОВ ОПРЕДЕЛЕНИЯ ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ МИКРООРГАНИЗМОВ К АНТИМИКРОБНЫМ ПРЕПАРАТАМ 20

Волошина О.А., Куренная Л.Ю., Исперян В.К.
МОНИТОРИНГ КАРБАПЕНЕМАЗОПРОДУЦИРУЮЩИХ ШТАММОВ С ПОМОЩЬЮ ИММУНОХРОМАТОГРАФИЧЕСКИХ ТЕСТОВ 21

Воропаев А.Д., Ерещенко К.О., Маркова Ж.В., Кожушная О.С., Солопова Г.Г.
ОПРЕДЕЛЕНИЕ ЭФФЕКТИВНОСТИ ИММУНОХРОМАТОГРАФИЧЕСКОГО ЭКСПРЕСС-ТЕСТА NG-TEST CARBA 5 И МИКРОБИОЛОГИЧЕСКОГО АНАЛИЗАТОРА BD PHOENIX ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ КАРБАПЕНЕМАЗ У ГРАМОТРИЦАТЕЛЬНЫХ БАКТЕРИЙ 21

Галёмина В.Д., Стрекаловская Е.И., Иванова А.А., Поздняков А.С.
АНАЛИЗ ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ МИКРООРГАНИЗМОВ К НОВОМУ ПОЛИМЕРНОМУ НАНОКОМПОЗИТУ 22

Гальвидис И.А., Суровой Ю.А., Царенко Ю.А., Соболев П.Д., Мощева А.Г., Буркин М.А.
ИССЛЕДОВАНИЕ ФАРМАКОКИНЕТИКИ ЭРАВАЦИКЛИНА С ПОМОЩЬЮ НОВОГО ИММУНОАНАЛИЗА 23

Георгиева К.С., Павлова С.И., Дубова А.В., Бабокин В.Е., Жучкова С.М.
РЕЗУЛЬТАТЫ МОНИТОРИНГА НЕЖЕЛАТЕЛЬНЫХ ЛЕКАРСТВЕННЫХ РЕАКЦИЙ НА АНТИМИКРОБНЫЕ ПРЕПАРАТЫ В КАРДИОЛОГИЧЕСКОМ ДИСПАНСЕРЕ ЧУВАШСКОЙ РЕСПУБЛИКИ 23

Голуб М.А., Эйдельштейн И.А., Кирпанева В.В., Иванова О.В., Данилова Г.В.
ИССЛЕДОВАНИЕ РАСПРОСТРАНЕННОСТИ КАНДИДОЗНОГО СТОМАТИТА ПРИ НАЛИЧИИ ИЛИ ОТСУТСТВИИ КЛИНИЧЕСКИХ ПРОЯВЛЕНИЙ ИНФЕКЦИИ В РОТОВОЙ ПОЛОСТИ МЕТОДОМ ПЦР 24

Горбачева А.А., Ни О.Г.
РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ ПАНРЕЗИСТЕНТНЫХ ЭНТЕРОКОККОВ В МНОГОПРОФИЛЬНОМ СТАЦИОНАРЕ ПО РЕЗУЛЬТАТАМ ДВЕНАДЦАТИМЕСЯЧНОГО МОНИТОРИНГА 24

Гордина Е.М., Божкова С.А., Ерузин А.А.
АНТИСТАФИЛОКОККОВАЯ АКТИВНОСТЬ ПОКРЫТИЙ С ОКСИДАМИ СЕРЕБРА И ЦИНКА НА ПОВЕРХНОСТИ НЕТКАНОГО МАТЕРИАЛА 25

Гординская Н.А., Борискина Е.В., Шкуркина И.С.
УСТОЙЧИВОСТЬ К КАРБАПЕНЕМАМ И ПРОДУКЦИЯ КАРБАПЕНЕМАЗ КЛИНИЧЕСКИМИ ИЗОЛЯТАМИ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* 25

Городничев Р.Б., Малахова М.В., Корниенко М.А., Шитиков Е.А.
ОЦЕНКА ИЗМЕНЕНИЯ ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ ШТАММОВ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* К ВИРУЛЕНТНЫМ БАКТЕРИОФАГАМ В ПЕРИОД С 2019 ПО 2023 Г. 26

Гультяева Н.А.
ВЛИЯНИЕ ВНЕДРЕНИЯ ПРОТОКОЛОВ АНТИМИКРОБНОЙ ТЕРАПИИ И АДМИНИСТРАТИВНЫХ МЕР НА СТРУКТУРУ ПОТРЕБЛЕНИЯ АНТИБАКТЕРИАЛЬНЫХ ПРЕПАРАТОВ В МНОГОПРОФИЛЬНОМ СТАЦИОНАРЕ 26

Дмитриева Н.В., Мавлявиева Э.Р., Мирилашвили Т.Ш., Салимов К.А., Москалева Н.В.
СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ЧАСТОТЫ ВЫДЕЛЕНИЯ И РЕЗИСТЕНТНОСТИ К АНТИБИОТИКАМ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* И *ACINETOBACTER BAUMANNII*, ВЫДЕЛЕННЫХ ОТ БОЛЬНЫХ ОТДЕЛЕНИЯ РЕАНИМАЦИИ И ИНТЕНСИВНОЙ ТЕРАПИИ ДЛЯ БОЛЬНЫХ С ОСТРЫМ НАРУШЕНИЕМ МОЗГОВОГО КРОВООБРАЩЕНИЯ 27

Елистратов Н.Д., Сафонова К.А., Новикова П.И., Владимирова Э.И., Шихкеримова К.Ф., Дехнич Н.Н., Пунин А.А.
ПРОГНОСТИЧЕСКАЯ ЦЕННОСТЬ ЛАБОРАТОРНЫХ ПОКАЗАТЕЛЕЙ И ИНСТРУМЕНТАЛЬНЫХ ДАННЫХ У ПАЦИЕНТОВ С НОВОЙ КОРОНАВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИЕЙ 27

Жамборова С.Х., Хоанг Тхи Ай Ван, Макарова М.А.
РЕЗИСТЕНТНОСТЬ САЛЬМОНЕЛЛ К АНТИМИКРОБНЫМ ПРЕПАРАТАМ, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ ПИЩЕВЫХ ПРОДУКТОВ 28

Замарина Т.В., Алексеева В.В., Меркулова С.В., Леглер М.В., Демьянова О.Б., Гришина М.А., Панина А.А.
ОЦЕНКА СПЕКТРА ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ К АНТИБАКТЕРИАЛЬНЫМ ПРЕПАРАТАМ ИЗОЛЯТОВ *STREPTOCOCCUS AGALACTIAE*, ВЫДЕЛЕННЫХ У ЖЕНЩИН РЕПРОДУКТИВНОГО ВОЗРАСТА НА ТЕРРИТОРИИ ВОЛГОГРАДСКОЙ ОБЛАСТИ 28

Зигангирова Н.А.
НОВАЯ СТРАТЕГИЯ БОРЬБЫ С АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬЮ 29

Каменева О.А., Григорьева Н.С., Морозова С.Е., Косякова К.Г.
ИЗМЕНЕНИЕ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ *SALMONELLA ENTERITIDIS* В САНКТ-ПЕТЕРБУРГЕ ЗА 5-ЛЕТНИЙ ПЕРИОД 30

Каменева О.А., Швабауэр Э.В., Анисимова Е.Н., Косякова К.Г.
ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТЬ К АНТИМИКРОБНЫМ ПРЕПАРАТАМ КЛИНИЧЕСКИХ ИЗОЛЯТОВ *STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE* 30

Карпенко А.Е., Михайлова Ю.В., Шеленков А.А., Петрова Л.В., Акимкин В.Г.
ПОЛНОГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ ДВУХ КЛОНАЛЬНЫХ ГРУПП КЛИНИЧЕСКИХ ИЗОЛЯТОВ *PROTEUS MIRABILIS* С МНОЖЕСТВЕННОЙ УСТОЙЧИВОСТЬЮ К АНТИМИКРОБНЫМ ПРЕПАРАТАМ 31

Киприна Е.С., Шафикова А.А., Балкаров А.А., Чистякова Д.А., Лягина И.А., Мелкумян А.Р.
ОЦЕНКА РОЛИ ПРЕСЕПСИНА И ПРОКАЛЬЦИТОНИНА В СТРАТИФИКАЦИИ РИСКА СЕПСИСА У ПАЦИЕНТОВ КОЛОПРОКТОЛОГИЧЕСКОГО ПРОФИЛЯ 31

Климук Д.А., Яцкевич Н.В., Данькова А.В., Тышко М.А.
ЭФФЕКТИВНОСТЬ ЛЕЧЕНИЯ КОГОРТЫ ПАЦИЕНТОВ С РИФАМПИЦИН-УСТОЙЧИВЫМ ТУБЕРКУЛЕЗОМ ПРИ ИСПОЛЬЗОВАНИИ КОРОТКИХ РЕЖИМОВ ХИМИОТЕРАПИИ 32

Кокаева И.К., Хомякова И.В., Баранич А.И., Сычев А.А., Гаджиева О.А., Сухорукова М.В.
ВЫЯВЛЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕТЕРМИНАНТ КАРБАПЕНЕМАЗ ГРАМОТРИЦАТЕЛЬНЫХ БАКТЕРИЙ У ПАЦИЕНТОВ НЕЙРОХИРУРГИЧЕСКОГО ПРОФИЛЯ 32

Кондратьева Д.А., Голикова М.В.
РОЛЬ АНТИБИОТИКА КАК ФАКТОРА, ВЛИЯЮЩЕГО НА ЧАСТОТУ ГОРИЗОНТАЛЬНОЙ ПЕРЕДАЧИ ГЕНОВ У БАКТЕРИЙ: ИССЛЕДОВАНИЕ С МЕРОПЕНЕМОМ, *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* И *ESCHERICHIA COLI* 33

Коробова А.Г., Мещурова С.Ю., Самоходская Л.М.
ОСОБЕННОСТИ ВИДОВОГО СОСТАВА И ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ К АНТИБИОТИКАМ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ИНТРААБДОМИНАЛЬНЫХ ИНФЕКЦИЙ У БОЛЬНЫХ В МНОГОПРОФИЛЬНОМ СТАЦИОНАРЕ 33

Косилова И.С., Домотенко Л.В.
ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНЫХ ОБРАЗЦОВ МПК-СТРИПОВ С АНТИБИОТИКАМИ ДЛЯ ТЕСТИРОВАНИЯ КЛИНИЧЕСКИХ И РЕФЕРЕНТНЫХ ШТАММОВ МИКРООРГАНИЗМОВ 34

Кравцов Д.В., Шаскольский Б.Л., Грядунов Д.В.
ГОНОКОККОВЫЙ ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ОСТРОВ – МОЛЕКУЛЯРНЫЙ ДРАЙВЕР РАСПРОСТРАНЕНИЯ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ *NEISSERIA GONORRHOEAE* 34

Кулагина Л.Ю., Нигмедзянова А.З., Кадысева Э.Р., Давлетшина Р.В., Хабиров Р.А., Нивина А.Ю.
ОСОБЕННОСТИ СТРУКТУРЫ И АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ МИКРООРГАНИЗМОВ В ОТДЕЛЕНИИ РЕАНИМАЦИИ И ИНТЕНСИВНОЙ ТЕРАПИИ НОВОРОЖДЕННЫХ ДЕТЕЙ В ГАУЗ «РКБ МЗ РТ» КАЗАНИ 35

Кулешов А.А., Данилов А.И.
ПРОМЕЖУТОЧНЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ АНАЛИЗА АНТИМИКРОБНОЙ ТЕРАПИИ ОСЛОЖНЕННЫХ ИНФЕКЦИЙ МОЧЕВЫВОДЯЩИХ ПУТЕЙ В ГОРОДЕ БРЯНСКЕ 35

Купрюшина О.А., Рачина С.А., Стрелкова Д.А., Яцышина С.Б., Тихонова М.А., Авдеев С.Н., Мержоева З.М., Волосовцова Е.С., Мелкумян Д.С., Яснева А.С., Антонов В.Н., Агибалова М.Н., Трофименко И.Н., Юданова Т.А.
ЭТИОЛОГИЯ ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИИ У ГОСПИТАЛИЗИРОВАННЫХ ВЗРОСЛЫХ ПАЦИЕНТОВ В ПОСТПАНДЕМИЧЕСКИЙ ПЕРИОД 36

Лебедькова А.А., Акушева Д.Н., Камшилова В.В., Федюкович Н.В., Багирова Н.С., Петухова И.Н., Кисличкина А.А., Авдеева В.А., Хохлова О.Е.
МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ ВАНКОМИЦИНОРЕЗИСТЕНТНЫХ *ENTEROCOCCUS FAECIUM*, MRSA 36

Левченко Е.Н., Калинкина С.Р., Мартинович А.А.
ОЦЕНКА АНТИМИКРОБНОЙ АКТИВНОСТИ АНТИСЕПТИЧЕСКИХ СРЕДСТВ В ОТНОШЕНИИ НАИБОЛЕЕ ЗНАЧИМЫХ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ГНОЙНО-ВОСПАЛИТЕЛЬНЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ 37

Лохмачева А.В., Фоминых С.Г.
КАЧЕСТВЕННЫЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ РЕСПИРАТОРНОЙ, РАНЕВОЙ, МОЧЕВОЙ И АНГИОГЕННОЙ *PSEUDOMONAS AERUGINOSA* КАК ПРЕДИКТОР БОЛЬНИЧНЫХ ПРОТОКОЛОВ АНТИМИКРОБНОЙ ТЕРАПИИ 37

Маджарова О.А., Эйдельштейн И.А., Сухобокова Н.Н., Лапука М.О., Чернякова Н.И.
РЕЗУЛЬТАТЫ МОНИТОРИНГА ГЕНЕТИЧЕСКИХ МАРКЕРОВ РЕЗИСТЕНТНОСТИ К МАКРОЛИДАМ В КЛИНИЧЕСКИХ ИЗОЛЯТАХ *MYCOPLASMA GENITALIUM* В РЕСПУБЛИКЕ БЕЛАРУСЬ ЗА ПЕРИОД С МАРТА 2022 Г. ПО ОКТЯБРЬ 2023 Г. 38

Мамонова И.А., Ковалева О.Г., Кульшань Т.А., Шаповал О.Г.
ВЫЯВЛЕНИЕ ПРОДУКЦИИ ОСНОВНЫХ ТИПОВ КАРБАПЕНЕМАЗ У ШТАММОВ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE*, ВЫДЕЛЕННЫХ ОТ ПАЦИЕНТОВ, НАХОДЯЩИХСЯ НА ЛЕЧЕНИИ В ОТДЕЛЕНИИ РЕАНИМАЦИИ И ИНТЕНСИВНОЙ ТЕРАПИИ 39

Мательский Н.А., Горбич Ю.Л., Горбич О.А., Пузанов Р.М., Кулагин А.Е., Солоненко Д.А.
ТЕРАПЕВТИЧЕСКИЙ ЛЕКАРСТВЕННЫЙ МОНИТОРИНГ ПОЛИМИКСИНОВ У ПАЦИЕНТОВ ОТДЕЛЕНИЯ РЕАНИМАЦИИ И ИНТЕНСИВНОЙ ТЕРАПИИ 39

Махова Т.И., Гатцаева Н.Д., Головешкина Е.Н., Скачкова Т.С., Акимкин В.Г.
МУТАЦИИ, АССОЦИИРОВАННЫЕ С УСТОЙЧИВОСТЬЮ К АНТИБАКТЕРИАЛЬНЫМ ПРЕПАРАТАМ У *MYCOPLASMA GENITALIUM*, В 2022 И 2023 ГГ. НА ТЕРРИТОРИИ МОСКОВСКОГО РЕГИОНА 40

Мещурова С.Ю., Коробова А.Г., Самоходская Л.М.
МЕСТО ЭНТЕРОКОККОВ В СПЕКТРЕ МИКРООРГАНИЗМОВ, ПОЛУЧЕННЫХ ПРИ БАКТЕРИОЛОГИЧЕСКОМ ИССЛЕДОВАНИИ МОЧИ ПАЦИЕНТОВ С НАЛИЧИЕМ И ОТСУТСТВИЕМ СИМПТОМОВ ИНФЕКЦИИ МОЧЕВЫВОДЯЩИХ ПУТЕЙ 40

Михайличенко А.О., Таран Е.К., Антонов А.Г.
АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ ОСНОВНЫХ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ОСТРОГО ВТОРИЧНОГО ПИЕЛОНЕФРИТА 41

Немченко У.М., Белькова Н.Л., Клименко Е.С., Смурова Н.Е., Савилов Е.Д.
ФЕНОТИПИЧЕСКАЯ И ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИЗМЕНЧИВОСТЬ КЛИНИЧЕСКИХ ИЗОЛЯТОВ *PSEUDOMONAS AERUGINOSA*, ПЕРСИСТИРУЮЩИХ У ПАЦИЕНТОВ С МУКОВИСЦИДОЗОМ 42

Никитина И.В.
СТРУКТУРА И АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ИНФЕКЦИЙ МОЧЕВОЙ СИСТЕМЫ У ДЕТЕЙ В АМБУЛАТОРНОЙ ПРАКТИКЕ 42

Новикова И.Е., Садеева З.З., Самойлова Е.А., Лазарева А.В.
ХАРАКТЕРИСТИКА ФАКТОРОВ ВИРУЛЕНТНОСТИ ШТАММОВ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE*, ВЫДЕЛЕННЫХ В ОРИТ И ХИРУРГИЧЕСКИХ ОТДЕЛЕНИЯХ 43

Новикова И.Е., Садеева З.З., Самойлова Е.А., Лазарева А.В.
МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА КАРБАПЕНЕМОРЕЗИСТЕНТНЫХ ГРАМОТРИЦАТЕЛЬНЫХ БАКТЕРИЙ, ВЫДЕЛЕННЫХ В ПЕДИАТРИЧЕСКОМ СТАЦИОНАРЕ 43

Носов Н.Ю., Охлопкова О.В., Шагабиева Ю.З., Шпилевая М.В.
ГЕНЕТИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ АНТИМИКРОБНОЙ РЕЗИСТЕНТНОСТИ РОССИЙСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ *NEISSERIA GONORRHOEAE* 43

Образцова О.А., Шпилевая М.В., Лагун К.М.
МОЛЕКУЛЯРНЫЕ ТИПЫ И АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ *TREPONEMA PALLIDUM*, ВЫДЕЛЕННОЙ НА ТЕРРИТОРИИ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ В 2013–2023 ГГ. 44

Перфильева Д.Ю., Бойков В.А., Мирошниченко А.Г., Перфильев В.Ю., Лещева Д.Д., Антипина Е.А.
ЭТИОЛОГИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА И АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ МИКРООРГАНИЗМОВ У ПАЦИЕНТОВ С ПОСТИНЪЕКЦИОННЫМИ АБСЦЕССАМИ 45

Петров А.Д., Горгоцкий И.А., Шкарупа А.Г.
ЕСТЬ ЛИ СМЫСЛ ПОВТОРЯТЬ ПОСЕВ МОЧИ В СТАЦИОНАРЕ ПРИ НАЛИЧИИ АМБУЛАТОРНОГО ПОСЕВА ПЕРЕД ЭНДОУРОЛОГИЧЕСКИМ ВМЕШАТЕЛЬСТВОМ ПО ПОВОДУ МОЧЕКАМЕННОЙ БОЛЕЗНИ? 45

Прибыткова О.В., Кутрова Е.Ф., Мухамедзян Р.М., Романенко О.А.
ЭТИОЛОГИЯ ИНФЕКЦИЙ, СВЯЗАННЫХ С ОКАЗАНИЕМ МЕДИЦИНСКОЙ ПОМОЩИ ПАЦИЕНТАМ В МНОГОПРОФИЛЬНОМ СТАЦИОНАРЕ 46

Прибыткова О.В., Кутрова Е.Ф., Романенко О.А., Мухамедзян Р.М.
ЭТИОЛОГИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА И АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ МИКРОФЛОРЫ РАН В ОТДЕЛЕНИИ ГНОЙНОЙ ХИРУРГИИ 46

Пунченко О.Е., Гордеева С.А., Лисицын И.Ю., Савченко М.В.
ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТЬ К АНТИМИКРОБНЫМ ПРЕПАРАТАМ У БАКТЕРИЙ, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ МОЧЕВЫХ КАТЕТЕРОВ И ДРЕНАЖНЫХ ТРУБОК 47

Пырсиков А.С., Солтынская И.В., Крылова Е.В., Кирсанова Н.А., Тимофеева И.А., Путинцева А.В., Прасолова О.В., Гордеева В.Д., Иванова О.Е.
ПОЛНОГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ ИЗОЛЯТОВ *LISTERIA MONOCYTOGENES*, ВЫДЕЛЕННЫХ В РАМКАХ МОНИТОРИНГА АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ 47

Рагимов И.Г., Кочетов А.Г., Прокопьева М.А.
МОНИТОРИНГ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ В УСЛОВИЯХ УРОЛОГИЧЕСКОГО СТАЦИОНАРА 48

Ребятникова М.А., Свинобоев С.Л., Цулаия Р.М., Черкасова И.А., Вешкурцева И.М.
ОСНОВНЫЕ ВОЗБУДИТЕЛИ ПЕРИИМПЛАНТНОЙ РАНЕВОЙ ИНФЕКЦИИ ПО РЕЗУЛЬТАТАМ РАБОТЫ ОТДЕЛЕНИЯ ТРАВМАТОЛОГИИ И ОРТОПЕДИИ МНОГОПРОФИЛЬНОГО СТАЦИОНАРА 48

Рыжова К.А., Гультяева Н.А., Колесникова И.В., Шелковникова О.В.
МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИЙ МОНИТОРИНГ КАК ОСНОВА ПОДХОДА К ФОРМИРОВАНИЮ ПРОТОКОЛОВ СТАРТОВОЙ АНТИМИКРОБНОЙ ТЕРАПИИ НОЗОКОМИАЛЬНЫХ ИНФЕКЦИЙ 49

Рычагова К.Э., Бочанова Е.Н., Курц Е.М., Шерстнева Е.Н.
СТРУКТУРА НЕЖЕЛАТЕЛЬНЫХ РЕАКЦИЙ НА АНТИМИКРОБНЫЕ ПРЕПАРАТЫ В КРАСНОЯРСКОМ КРАЕ 49

Рябинин И.А., Васильева Н.В., Чилина Г.А., Богомолова Т.С.
МАСС-СПЕКТРОМЕТРИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ ШТАММОВ *ASPERGILLUS FUMIGATUS* В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ К ИТРАКОНАЗОЛУ 50

Салина Т.Ю.
МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНОТИПИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА КЛИНИЧЕСКИХ ИЗОЛЯТОВ *MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS*, ВЫДЕЛЕННЫХ ОТ БОЛЬНЫХ С ОСТРОПРОГРЕССИРУЮЩИМИ ФОРМАМИ ТУБЕРКУЛЕЗА 50

Сафронова Е.В., Ролдугина Т.В., Филатова М.В., Шаповалова И.В., Склеенова Е.Ю.
РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ КАРБАПЕНЕМОРЕЗИСТЕНТНЫХ ШТАММОВ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* В МНОГОПРОФИЛЬНОМ СТАЦИОНАРЕ ЛИПЕЦКА..... 51

Сильванович Е.А., Литвинчук Д.В., Анисько Л.А., Данилов Д.Е., Карпов И.А.
БАКТЕРИАЛЬНЫЕ ОСЛОЖНЕНИЯ, ВЫЗВАННЫЕ *ACINETOBACTER BAUMANNII*, У ПАЦИЕНТОВ С ПАНДЕМИЧЕСКИМ COVID-19, ГОСПИТАЛИЗИРОВАННЫХ В ГОРОДСКУЮ КЛИНИЧЕСКУЮ ИНФЕКЦИОННУЮ БОЛЬНИЦУ МИНСКА 51

Славохотова А.А., Шеленков А.А., Михайлова Ю.В., Акимкин В.Г.
БАЗА ДАННЫХ ДЛЯ ГЕНОМНОГО ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОГО МОНИТОРИНГА БАКТЕРИАЛЬНОГО ПАТОГЕНА *KLEBSIELLA PNEUMONIAE*..... 52

Сливкин М.Д., Данилов А.И.
РЕТРОСПЕКТИВНЫЙ АНАЛИЗ АНТИМИКРОБНОЙ ТЕРАПИИ КУЛЬТУРАЛЬНО-НЕГАТИВНОГО ИНФЕКЦИОННОГО ЭНДОКАРДИТА В МНОГОПРОФИЛЬНОМ СТАЦИОНАРЕ СМОЛЕНСКА 52

Смирнов А.К., Елисеева Е.В., Федяшев Г.А.
СОСТАВ И АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ МИКРОФЛОРЫ КОНЪЮНКТИВЫ НЕДОНОШЕННЫХ НОВОРОЖДЕННЫХ..... 53

Соболь М.М., Миронов А.А., Копылова А.В., Богданов Р.С.
ВЫЯВЛЕНИЕ ГЕНОВ РЕЗИСТЕНТНОСТИ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* И *PSEUDOMONAS AERUGINOSA* У ОНКОЛОГИЧЕСКИХ ПАЦИЕНТОВ ОТДЕЛЕНИЯ РЕАНИМАЦИИ В ДИНАМИКЕ ЗА 4 ГОДА..... 53

Солодовникова В.В., Исайкина Я.И., Ветушко Д.А., Яцкевич Н.В., Скрягина Е.М.
БЕЗОПАСНОСТЬ ПРИМЕНЕНИЯ БИОМЕДИЦИНСКОГО КЛЕТОЧНОГО ПРОДУКТА ПРИ ЛЕЧЕНИИ ЛЕКАРСТВЕННО-УСТОЙЧИВОГО ТУБЕРКУЛЕЗА ЛЕГКИХ С ПРИМЕНЕНИЕМ КОРОТКИХ РЕЖИМОВ ХИМИОТЕРАПИИ 54

Старкова Д.А., Гладышев Н.С., Полев Д.Е., Сварваль А.В.
МУТАЦИИ В ГЕНЕ 23S рРНК, АССОЦИИРОВАННЫЕ С УСТОЙЧИВОСТЬЮ КЛИНИЧЕСКИХ ИЗОЛЯТОВ *HELICOBACTER PYLORI* К КЛАРИТРОМИЦИНУ..... 54

Сужаева Л.В., Егорова С.А.
МОЛЕКУЛЯРНЫЕ ОСНОВЫ УСТОЙЧИВОСТИ К ФТОРХИНОЛОНАМ У ПОЛИРЕЗИСТЕНТНЫХ *ESCHERICHIA COLI*, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ МИКРОБИОТЫ КИШЕЧНИКА ДЕТЕЙ 55

Сужаева Л.В., Егорова С.А., Саитова А.Т., Полев Д.Е.
РАЗНООБРАЗИЕ БЕТА-ЛАКТАМАЗ ПОЛИРЕЗИСТЕНТНЫХ *ESCHERICHIA COLI*, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ МИКРОБИОТЫ КИШЕЧНИКА ДЕТЕЙ..... 55

Теймуразов М.Г., Коваленко И.М., Кисличкина А.А., Тазина О.И., Евсеева М.А., Хохлова О.Е.
МИКРОЦИН L ПРОТИВ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНЫХ ГРАМОТРИЦАТЕЛЬНЫХ БАКТЕРИАЛЬНЫХ ПАТОГЕНОВ И ХАРАКТЕРИСТИКА ЕГО ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ..... 56

Титаренко А.Ф., Ибрагимова Н.Р., Сакмарова Л.И.
ЭТИОЛОГИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА И АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ БАКТЕРИАЛЬНЫХ ИНФЕКЦИЙ В ОНКОЛОГИЧЕСКОМ СТАЦИОНАРЕ 56

Тополянская С.В., Бубман Л.И., Рачина С.А., Гладких М.А., Усова Т.В., Карпов В.В., Молочников А.Ю., Хан С.О., Лыткина К.А., Мелконян Г.Г.
МИКРОБНЫЙ ПЕЙЗАЖ ПРИ ИССЛЕДОВАНИИ РАН У ПАЦИЕНТОВ С БОЕВЫМИ ТРАВМАМИ КОНЕЧНОСТЕЙ..... 57

Трапезникова Б.В., Парохонько Т.С., Шкарпеткин Ю.А., Ли Н.В.
ЛОКАЛЬНАЯ РЕЗИСТЕНТНОСТЬ К ПРОТИВОТУБЕРКУЛЕЗНЫМ ПРЕПАРАТАМ (ПТП), В ТОМ ЧИСЛЕ ПТП РЕЗЕРВА БЕДАКВИЛИНУ И ЛИНЕЗОЛИДУ..... 58

Туфанова О.С., Касимова А.Р.
ДИНАМИКА СПЕКТРА ВЕДУЩИХ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ОРТОПЕДИЧЕСКОЙ ИНФЕКЦИИ ЗА ПЕРИОД 2011–2022 ГГ..... 58

Хабибрахманова Д.Ф.
ДИНАМИКА РЕЗИСТЕНТНОСТИ ОСНОВНЫХ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ИНТРААБДОМИНАЛЬНЫХ ИНФЕКЦИЙ У ПАЦИЕНТОВ ОБЛАСТНОЙ КЛИНИЧЕСКОЙ БОЛЬНИЦЫ № 1 В 2022–2023 ГГ..... 59

Чагарян А.Н., Иванчик Н.В., Миронов К.О., Гапонова И.И.
ИЗМЕНЕНИЯ В РАСПРЕДЕЛЕНИИ СЕРОТИПОВ ИНВАЗИВНЫХ ИЗОЛЯТОВ *STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE* В ПЕРИОД ДО И ПОСЛЕ ВКЛЮЧЕНИЯ ПНЕВМОКОККОВЫХ ВАКЦИН В НАЦИОНАЛЬНЫЙ КАЛЕНДАРЬ ПРОФИЛАКТИЧЕСКИХ ПРИВИВОК..... 59

Черненькая Т.В., Евдокимова Н.В., Дмитриев И.В., Балкаров А.Г., Лоньшаков Д.В., Шмарина Н.В.
ЭТИОЛОГИЯ ГНОЙНО-СЕПТИЧЕСКИХ ОСЛОЖНЕНИЙ У ПАЦИЕНТОВ ОТДЕЛЕНИЯ ТРАНСПЛАНТАЦИИ ПОЧКИ И ПОДЖЕЛУДОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ (ОПЫТ НИИ СП ИМ. Н.В. СКЛИФОСОВСКОГО) 60

Черненькая Т.В., Борисова Л.А., Матвеева Э.Я., Воробьева Т.Ю.
ЧАСТОТА ОБНАРУЖЕНИЯ ГЕНОВ КАРБАПЕНЕМАЗ СРЕДИ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE*, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ КРОВИ ПАЦИЕНТОВ СТАЦИОНАРА СКОРОЙ МЕДИЦИНСКОЙ ПОМОЩИ 60

Чистякова Д.А., Мелкумян А.Р., Шафикова А.А., Лягина И.А., Спивак М.В.
ОЦЕНКА АНТАГОНИСТИЧЕСКОЙ АКТИВНОСТИ ЛАКТОБАЦИЛЛ В ОТНОШЕНИИ АНАЭРОБНЫХ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ИНФЕКЦИИ У ПАЦИЕНТОВ КОЛОПРОКТОЛОГИЧЕСКОГО ПРОФИЛЯ..... 61

Шагабиева Ю.З., Шпилевая М.В., Носов Н.Ю.
ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ *NEISSERIA GONORRHOEAE* В РОССИИ ЗА ПЕРИОД 2022–2023 ГГ. ПО ПРОТОКОЛУ NG-STAR..... 61

Шамаева С.Х., Андросов В.Д., Маркова В.Н., Портнягина У.С., Кампеев С.С., Потапов А.Ф., Петрова Н.С., Матвеев А.С.
МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ СЕПСИСА В УСЛОВИЯХ МНОГОПРОФИЛЬНОГО СТАЦИОНАРА..... 62

Шангареева З.А., Санникова А.В., Мананова А.Ф., Ларина А.В.
ТРУДНОСТИ ВЫБОРА АНТИМИКРОБНОЙ ТЕРАПИИ ПРИ ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИИ У ДЕТЕЙ..... 62

Шафикова А.А., Мелкумян А.Р., Чистякова Д.А., Лягина И.А., Спивак М.В.
АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ ОБЛИГАТНО-АНАЭРОБНЫХ БАКТЕРИЙ, ВЫДЕЛЕННЫХ ОТ ПАЦИЕНТОВ С КОЛОПРОКТОЛОГИЧЕСКИМИ ЗАБОЛЕВАНИЯМИ 63

Щапина М.Ю., Мещурова С.Ю., Коробова А.Г., Залепаев П.В., Самоходская Л.М.
ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТЬ К АНТИБИОТИКАМ И БАКТЕРИОФАГАМ *PSEUDOMONAS AERUGINOSA*, ВЫДЕЛЕННЫХ ОТ ПАЦИЕНТОВ В МНОГОПРОФИЛЬНОМ СТАЦИОНАРЕ 63

Яцкевич Н.В., Гуревич Г.Л., Солодовникова В.В., Данькова А.В., Тышко М.А., Скрягина Е.М.
ПРЕДВАРИТЕЛЬНАЯ ОЦЕНКА ЭФФЕКТИВНОСТИ, ПРОГНОСТИЧЕСКИХ ФАКТОРОВ НЕБЛАГОПРИЯТНЫХ ИСХОДОВ 6-МЕСЯЧНЫХ РЕЖИМОВ BPaLM/C У ПАЦИЕНТОВ С РИФАМПИЦИН-УСТОЙЧИВЫМ ТУБЕРКУЛЕЗОМ В РЕСПУБЛИКЕ БЕЛАРУСЬ 64

АБДРАЙМОВА Н.К., ШИТИКОВ Е.А., БЕСПЯТЫХ Д.А., КОРНИЕНКО М.А.

1. ТРАНСКРИПЦИОННЫЙ ОТВЕТ *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* НА КОМБИНИРОВАННОЕ ПРИМЕНЕНИЕ ЛИНЕЗОЛИДА И ЛИТИЧЕСКОГО БАКТЕРИОФАГА СЕМЕЙСТВА *HERELLEVIRIDAE*

ФГБУ «ФНКЦ физико-химической медицины им. акад. Ю.М. Лопухина ФМБА», Москва, Россия

Цель. Оценка комбинированного применения субингибирующей концентрации линезолида и литического фага семейства *Herelleviridae* против *S. aureus* с применением транскрипционного анализа.

Материалы и методы. Клинический штамм *S. aureus* SA413 демонстрировал чувствительность к фагу vB_SauM-515A1 (сем. *Herelleviridae)* и промежуточную чувствительность к линезолиду за счет наличия Lmrs-помпы. Оценка эффективности комбинации фага (0,1; 0,01; 0,001 MOI, от англ. multiplicity of infection)) и линезолида (2; 1; 0,5 мкг/мл) проводилась посредством анализа кривых роста зараженных клеток. Для РНК-секвенирования клеток, подвергшихся воздействию фага (10 MOI) и антибиотика (1 мкг/мл) совместно или по отдельности, отбирались пробы в точках 5, 20, 30 и 50 мин. Секвенирование проводилось на платформе Illumina.

Результаты. Сочетание антибиотика и бактериофага демонстрировало повышенный антибактериальный эффект, в сравнении с отдельным использованием антибактериальных агентов. По данным РНК-секвенирования штамма под действием двух агентов был выявлен 841 дифференциально экспрессирующийся ген (ДЭГ) по сравнению с неинфицированным контролем (FDR ⩽ 0,05; FC ⩾ 2). Количество ДЭГ для культур, обработанных только антибиотиком или только бактериофагом, было ниже – 653 и 681 генов соответственно. Функциональный анализ ДЭГ показал, что бактериофаг вызывал изменения в метаболизме пиримидинов, аминокислот (аргинин, глутамин, гистидин), способствовал выходу профагов. Антибиотик оказывал влияние на процессы трансляции, биосинтез пуринов, процессы гликолиза. Транскрипционный ответ бактерии на комбинацию двух агентов характеризовался наличием как уникальных категорий, отличных от случаев индивидуального воздействия двух агентов, так и общих категорий. Уникальные категории включали себя такие процессы, как биосинтез аминокислот, репарация, системы рестрикции модификации, метаболизм сирогема, биотина, дыхания, синтеза изопреноидов и некоторых компонентов, участвующих в процессе трансляции.

Выводы. Комбинация субингибирующих концентраций линезолида и бактериофага vB_SauM-515A1 наиболее эффективно ингибирует бактериальный рост. Транскрипционный ответ штамма *S. aureus* SA413 в ходе совместного воздействия фага и антибиотика характеризуется наличием уникальных функциональных категорий.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 22-15-00443.

АБЛАКИМОВА Н.Е.[1], СМАГУЛОВА Г.А.[1], МУСИНА А.З.[1], РАЧИНА С.А.[2], САХАНОВА С.К.[1]

2. КОМПЛЕКСНЫЙ ПОДХОД К ЭТИОЛОГИЧЕСКОЙ ДИАГНОСТИКЕ ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИИ В МНОГОПРОФИЛЬНЫХ СТАЦИОНАРАХ ГОРОДА АКТОБЕ, РЕСПУБЛИКА КАЗАХСТАН

[1] НАО «Западно-Казахстанский медицинский университет им. Марата Оспанова», Актобе, Казахстан
[2] ФГАОУ ВО «Первый МГМУ им. И.М. Сеченова» Минздрава России, Москва, Россия

Цель. Изучить этиологическую структуру внебольничной пневмонии (ВП) у взрослых в многопрофильных стационарах города Актобе.

Материалы и методы. В проспективное исследование включали пациентов 18 лет и старше, госпитализированных с диагнозом ВП в 2 многопрофильных стационара города Актобе с января по май 2024 г. Обследование и лечение осуществлялись в соответствии с клинической практикой и локальными рекомендациями. Для установления этиологии ВП выполнялось культуральное исследование образца из нижних дыхательных путей (мокрота), экспресс-тесты на наличие легионеллезной и пневмококковой антигенурии (при тяжелой ВП), ПЦР-исследование для выявления «атипичных» возбудителей (*Mycoplasma pneumoniae* и *Chlamydia pneumoniae*), иммунохроматографические экспресс-тесты с респираторными мазками для выявления антигенов вируса гриппа A и B и SARS-CoV-2.

Результаты. Включено 104 взрослых пациента с диагнозом ВП, в том числе 55 (53%) женщин, медиана возраста составила 63 [21;75] года. Зарегистрировано 3 (2,9 %) случая тяжелой ВП. Среди сопутствующих заболеваний наиболее распространенными являлись гипертоническая болезнь – 55 (52,9%), ХОБЛ – 19 (18,3%), ХСН – 18 (17,3%) и СД – 15 (14,4%). Госпитальная летальность составила 3,8%. В общей сложности было собрано 64 образца мокроты для культурального исследования, 44 из которых были отсеяны при бактериоскопии и не подлежали дальнейшему культивированию; 47 респираторных образцов исследовались методом ПЦР. Этиологический диагноз ВП установлен у 30 (28,8%) пациентов. Среди бактериальных возбудителей самыми частыми являлись *M. pneumoniae* – 8 (26,7%), *Streptococcus pneumoniae* – 6 (20%), *C. pneumoniae* – 6 (20%), *Klebsiella pneumoniae* – 6 (20%) и *Moraxella catarrhalis* – 4 (13,3%) случаев, среди вирусов выявлен 1 случай инфекции SARS-CoV-2 (3,3%). Коинфекция зарегистрирована у 6 (20%) пациентов. Это ассоциации *C. pneumoniae* + *S. pneumoniae* – 2 (6,7%), *C. pneumoniae* + *Haemophilus influenzae* – 2 (6,7%), *M. pneumoniae* + *H. influenzae* – 1 (3,3%), *M. pneumoniae* + SARS-CoV-2 – 1 (3,3%) случай.

Выводы. Основными возбудителями ВП у взрослых госпитализированных пациентов города Актобе, Республика Казахстан, являлись *M. pneumoniae*, *S. pneumoniae*, *C. pneumoniae*, *K. pneumoniae*. Учитывая частое обнаружение бактерий, которые сложно культивиро-

вать в лабораторных условиях, необходимо расширить применение ПЦР-диагностики в медицинской практике. Важно также отметить, что у некоторых пациентов с ВП отсутствует мокрота, либо сбор материала проводится некачественно, что затрудняет проведение последующих этапов исследования после бактериоскопии. В связи с этим, рекомендуется шире использовать экспресс-тесты, что позволит эффективно проводить этиологическую диагностику ВП даже в условиях отсутствия или недостаточного объема/качества биоматериала для культуральных методов исследования.

АВДЕЕВА В.А.[1], ЕВСЕЕВА М.А.[1], КИСЛИЧКИНА А.А.[1], СИЗОВА А.А.[1], ФЕДЮКИНА Г.Н.[1], АХРЕМЕНКО Я.А.[2], СУХОРУКОВА М.В.[3], АЛЕКСЕЕВА Е.А.[4], ЛАРИОНОВА И.А.[5], ФУРСОВА Н.К.[1], ХОХЛОВА О.Е.[1]

3. ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ КЛИНИЧЕСКИХ ШТАММОВ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE*

[1] ФБУН «ГНЦ прикладной микробиологии и биотехнологии» Роспотребнадзора, Оболенск, Россия
[2] ФГАОУ ВО «Северо-Восточный федеральный университет им. М.К. Аммосова», Якутск, Россия
[3] ФГАУ «НМИЦ нейрохирургии им. акад. Н.Н. Бурденко» Минздрава России, Москва, Россия
[4] ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Вологодской области», Вологда, Россия
[5] ФГБОУ ВО «Красноярский государственный медицинский университет им. проф. В.Ф. Войно-Ясенецкого» Минздрава России, Красноярск, Россия

Цель. Изучить молекулярно-генетические особенности клинических штаммов *K. pneumoniae*.

Материалы и методы. Штаммы *K. pneumoniae* (n = 35) выделены из нижних отделов дыхательных путей, крови, мочи пациентов г. Москвы, Вологды и Якутска в 2021–2023 гг.; депонированы в ГКПМ-Оболенск. Идентифицировали на MALDI-TOF Biotyper (Bruker, Германия); антибиотикочувствительность определяли с помощью анализатора Vitek 2 Compact (bioMerieux, Франция) и методом серийных разведений в бульоне. В ПЦР выявляли гены антибиотикорезистентности и вирулентности (*rmpA, iroN, iroD, uge, wabG, kfu, fimH, allS, allR*). Анализ полногеномного секвенирования (GenoLab M) осуществляли с помощью BLAST, PubMLST, Kaptive, ResFinder, CARD, MEGARes, ARIBA, VAMPr, VFanalyzer.

Результаты. В г. Москве штаммы выделены от нейрохирургических больных и больных Covid-19; преобладали типы ST512 (K37/107), 395 (K2/39), реже ST874 (K45), 147 (K64), 336 (K25), 11 (K27), 1773 (K123); выявлены гены антибиотикорезистентности $bla_{SHV-106/121/28/182}$, bla_{TEM-1B}, $bla_{CTX-M-15}$, bla_{KPC-3}, bla_{NDM-1}, bla_{OXA-48}, *armA, aph(3')-VI; aac(3)-IIa/d, aac(6')-Ib-cr; aph(3')-Ia/VI, aadA2, sul1/2, fosA, catA1/B3, msrE, mphA, ermB, tetA*. Штаммы, выделенные от больных ОРИТ с Covid-19, осложненной бактериальной пневмонией в г. Вологда отнесены к ST874 (K45), 395 (K64); имеют гены резистентности $bla_{NDM-1/5}$; bla_{TEM-1B}, $bla_{SHV-121}$, $bla_{CTX-M-15}$, *armA, aph(3')-VI; aac(3)-IId, aac(6')-Ib-cr; aadA2, sul1/2; fosA; msrE; rmtB; catA1; mphA*. Штаммы, выделенные от госпитализированных больных в г. Якутск отнесены к ST307 (K102), 23 (K57), 147 (K64), реже ST395 (K108), 3551 (K64); имеют гены резистентности: $bla_{SHV-11/67/106/75/28/182}$, bla_{OXA-48}, bla_{OXA-1}, $bla_{CTX-M-15}$, bla_{TEM-1B}, *aac(3)-IIa, aac(6')-Ib-cr, aph(6)-Id, aadA1, rmtF, fosA/6, sul2, catA1/B3, tetA, rmtF*. Выявлены эффлюксные насосы *oqxA, oqxB, KpnF/E/H/G, LptD, msbA, qacEdelta1, H-NS, emrR, CRP, baeR, marA*; порины *OmpK37, OmpA;* везикулы наружной мембраны *Mdtq*. Резистентность к фторхинолонам обусловлена также мутациями в генах *gyrA* (D87N); *parC* (S80I). Гены вирулентности *wabG, fimH, uge_2* выявлены у всех штаммов; *rmpA* – у 5 штаммов, относящихся к ST395, 23, 147 из Москвы и Якутска; *ugeE* – у 4 штаммов типов K64 (ST395, 874) из Вологды.

Выводы. Выявлено генетическое разнообразие штаммов *K. pneumoniae*, принадлежащих к успешным клонам, имеющих в резистоме множество маркеров устойчивости.

Работа выполнена в рамках отраслевой программы Роспотребнадзора.

АЗИЗОВ И.С., ИВАНЧИК Н.В., МИКОТИНА А.В., ЧАГАРЯН А.Н., СКЛЕЕНОВА Е.Ю.

4. ВЫЯВЛЕНИЕ *MCR*-ОПОСРЕДОВАННОЙ УСТОЙЧИВОСТИ К КОЛИСТИНУ У МИКРООРГАНИЗМОВ РОДА *SALMONELLA*

НИИ антимикробной химиотерапии ФГБОУ ВО СГМУ Минздрава России, Смоленск, Россия

Цель. Выявление плазмидно-опосредованной устойчивости к колистину микроорганизмов рода *Salmonella* в рамках многоцентрового эпидемиологического исследования «МАРАФОН 2012–2022».

Материалы и методы. В исследование включено 23 клинических изолята *Salmonella enteritidis*, выделенных в различных стационарах России в 2012–2022 гг. Видовая идентификация проводилась с использованием метода MALDI-TOF масс-спектрометрии. Определение чувствительности к колистину проводилось методом микроразведений в бульоне в соответствии с требованиями ISO 20776-1:2006. При интерпретации результатов использовали пограничные значения минимальных подавляющих концентраций в соответствии со стандартами EUCAST v.14.0. Для контроля качества определения чувствительности использовали контрольный штамм *Escherichia coli* ATCC 25922 (отрицательный контроль) и *E.coli* NCTC 14846 *mcr-1 positive* (положительный контроль). Выделение ДНК проводилось кипячением в течении 10 мин. в ТЕ-буфере. Детекция плазмидных генов *mcr-1, mcr-2, mcr-3*, детерминирующих устойчивость к колистину, проводилась методом ПЦР в реальном режиме времени с использованием home made тест-системы.

Результаты. $МПК_{50}$ и $МПК_{90}$ составили 2 мг/л и 8 мг/л соответственно. 43,4% изолятов *S. enteritidis* были устойчивы к колистину, при этом более половины изолятов имели МПК в диапазоне 2–8 мг/л что, в соответствии с литературными данными является характерным для устойчивости к колистину, детерминируемой плазмидными *mcr*-генами. Проведение ПЦР-тестирования не выявило плазмидных генов *mcr-1, mcr-2* и *mcr-3* у изученных изолятов рода *Salmonella*.

Выводы. В рамках исследования «МАРАФОН» за период 2012–2022 гг. не выявлено *mcr*-опосредованной устойчивости к колистину у микроорганизмов рода *Salmonella*.

АКУЛЕНКО Г.В., МАДЖАРОВА О.А., КАЧАНКО Е.Ф.

5. ВЫЯВЛЕНИЕ ГЕНОВ БЕТА-ЛАКТАМАЗ В ИЗОЛЯТАХ *ESCHERICHIA COLI*, ВЫДЕЛЕННЫХ ОТ ПАЦИЕНТОВ МНОГОПРОФИЛЬНОГО ЦЕНТРА

ГУ «Республиканский клинический медицинский центр» Управления делами Президента Республики Беларусь, Минск, Республика Беларусь

Цель. Анализ устойчивости к антимикробным препаратам (АМП) изолятов *E .coli*, выделенных от пациентов центра.

Материалы и методы. Идентификация микроорганизмов и тестирование чувствительности к АМП проводились на анализаторе Vitek-2 Compact, выявления генов резистентности методом ПЦР в режиме реального времени с использованием набора реагентов для выявления генов резистентности к гликопептидным и бета-лактамным антибиотикам у бактерий методом ПЦР в режиме реального времени БакРезиста GLA (ООО «ДНК-Технология», Россия).

Результаты. Фенотипический анализ показал, что 14% изолятов *E. coli* имеют устойчивость к АМП. Проанализировано 25 антибиотикорезистентных изолятов кишечной палочки, выделенных в 2024 г. от пациентов центра: 18 образцов (72%) от пациентов стационара и 7 образцов (28%) из поликлинического отделения. У штаммов устойчивых к бета-лактамам, были выявлены гены бета-лактамаз следующих молекулярных классов: TEM – 8 изолятов (32%), CTX-M-10 (40%); сочетанное наличие генов TEM и CTX-M – 7 изолятов (28%).

Выводы. В изученных с помощью метода ПЦР изолятах *E. coli* основной механизм устойчивости связан с продукцией бета-лактамаз молекулярных классов TEM (60%) и CTX-M (68%). Наличие генов бета-лактамаз подтвердило фенотипическую резистентность.

АЛЕКСЕЕВА А.Е., БРУСНИГИНА Н.Ф., ГОРДИНСКАЯ Н.А.

6. ГЕНОТИПОВАЯ СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ КАРБАПЕНЕМОУСТОЙЧИВЫХ ШТАММОВ *ACINETOBACTER BAUMANNII*

ФБУН «Нижегородский НИИ эпидемиологии и микробиологии им. акад. И.Н. Блохиной» Роспотребнадзора, Нижний Новгород, Россия

Цель. Анализ молекулярно-генетической характеристики популяции карбапенемоустойчивых штаммов *A. baumannii*.

Материалы и методы. Проведено полногеномное секвенирование на приборе Iseq100 (Illumina) штаммов *A. baumannii* (n = 51), полученных от больных, находящихся на стационарном лечении в медицинских организациях Нижнего Новгорода.

Результаты. В результате типирования по схемам MLST Pasteur/Oxford, исследуемые штаммы *A. baumannii* принадлежат следующим сиквенс-типам (ST): $ST2^{Pas}$ ($ST2062,2063^{Oxf}$ (n = 22), $ST2182,2324^{Oxf}$ (n = 5), $ST450^{Oxf}$ (n = 1), $ST новый^{Oxf}$ (n = 1), $ST1816,195^{Oxf}$ (n = 1)); $ST78^{Pas}$ ($ST1961,944^{Oxf}$ (n = 3), $ST1757^{Oxf}$ (n = 5), $ST2019^{Oxf}$ (n = 3)); $ST400^{Pas}/ST1100^{Oxf}$ (n = 7); $ST19^{Pas}/ST231^{Oxf}$ (n = 1), ST новый (n = 2). Штаммы *A. baumannii* $ST2^{Pas}$ и $ST78^{Pas}$ относятся к международным клональным линиям (ICL) 2 и ICL6, представители которых наиболее распространены на территории России. В структуре резистома штаммов *A. baumannii* $ST2^{Pas}$ определены гены *blaPER-1*, *blaOXA-72*, *blaOXA-66* и *blaOXA-23*, а у штаммов $ST78^{Pas}$ – *blaOXA-90*, *blaOXA-72*, *blaCTX-M-115* и *blaCARB-16*. В исследуемой популяции штаммы *A. baumannii* $ST400^{Pas}$ занимают третье ранговое место, данный генотип рассматривается как новая эмерджентная клональная линия. В геноме штаммов *A. baumannii* $ST400^{Pas}$ выявлены гены бета-лактамаз GES-11 и OXA-100. К ICL1 относится лишь один штамм *A. baumannii* $ST19^{Pas}/ST231^{Oxf}$, несущий гены карбапенемаз OXA-69 и OXA-72. Показано, что два штамма *A. baumannii* принадлежат новому сиквенс-типу как по схеме Pasteur, так и схеме Oxford. При проведении анализа с использованием алгоритма eBURST было установлено, что новый ST относится к клональным группам, образуемым $ST25^{Pas}$ и $ST440^{Oxf}$. Данные штаммы *A. baumannii* принадлежат ICL7, в нуклеотидной последовательности которых определены гены *blaOXA-64*, *blaCTX-M-115* и *blaCARB-16*.

Выводы. Таким образом, структура исследуемой популяции карбапенемоустойчивых штаммов *A. baumannii* разнообразна и представлена 11 различными сиквенс-типами, которые являются представителями ICL 1, 2, 6 и 7, а также новой клональной линии, образуемой $ST400^{Pas}$.

АРТЮХ Т.В.[1], ТАПАЛЬСКИЙ Д.В.[2]

7. АНТИБАКТЕРИАЛЬНЫЕ ЭФФЕКТЫ КЕТОРОЛАКА И ДИКЛОФЕНАКА В ОТНОШЕНИИ ГРАМОТРИЦАТЕЛЬНЫХ БАКТЕРИЙ С РАЗЛИЧНЫМИ МЕХАНИЗМАМИ РЕЗИСТЕНТНОСТИ

[1] УО «Гродненский государственный медицинский университет», Гродно, Республика Беларусь
[2] ГНУ Институт физиологии НАН Беларуси, Минск, Республика Беларусь

Цель. Оценить антибактериальные эффекты кеторолака и диклофенака в отношении *K. pneumoniae, P. aeruginosa, A. baumannii* с различными механизмами резистентности.

Материалы и методы. Для 12 штаммов, выделенных в 7 городах Беларуси, методом ПЦР в реальном времени определяли наличие генов сериновых карбапенемаз KPC, OXA-48 и OXA-23, а также металло-бета-лактамаз VIM и NDM. Тестирование антибактериальной активности субстанций кеторолака и диклофенака выполняли методом серийных микроразведений в бульоне Мюллера-Хинтон согласно рекомендациям EUCAST v.13.0 с определением минимальных ингибирующих концентраций (МИК). Результаты получены на основе среднего значения трех независимых экспериментов.

Результаты. Из 12 исследуемых штаммов продуцентами карбапенемазы NDM являлись 2 штамма *K. pneumoniae*, OXA-48 – 2 штамма *K. pneumoniae*, KPC – 2 штамма *K. pneumoniae*, VIM – 3 штамма *P. aeruginosa*, OXA-23 – 3 штамма, *A. baumannii*. Все штаммы были XDR патогенами: устойчивыми к гентамицину; цефтриаксону; левофлоксацину; устойчивыми к колистину за исключением двух штаммов *P. aeruginosa*; устойчивыми к меропенему за исключением двух штаммов *K. pneumoniae*. МИК диклофенака для всех исследуемых штаммов определена в диапазоне 1,2 – 5 мг/мл ($p < 0,05$). По чувствительности к диклофенаку, на основании средних величин МИК, штаммы распределились в следующем порядке: *K. pneumoniae* NDM, OXA-48, KPC *P. aeruginosa* VIM – 1,2 мг/мл; *A. baumannii* OXA-23 – 5 мг/мл. Следует отметить, что величина МИК диклофенака не отличалась для клебсиелл с различными механизмами резистентности. МИК кеторолака для всех исследуемых штаммов определена в диапазоне 5 – 6,5 мг/мл ($p < 0,05$). По чувствительности к кеторолаку, на основании средних величин МИК, штаммы распределились в следующем порядке: *K. pneumoniae* KPC, *P. aeruginosa* VIM – 5 мг/мл; *A. baumannii* OXA-23 – 5,5 мг/мл; *K. pneumoniae* NDM – 6 мг/мл; *K. pneumoniae* OXA-48 – 6,5 мг/мл. МИК кеторолака в отношении *K. pneumoniae* NDM и *K. pneumoniae* OXA-48 имела разные значения в отличии от диклофенака.

Выводы. Выявлены индивидуальные МИК диклофенака и кеторолака в отношении XDR грамотрицательных бактерий, при этом диклофенак обладает большей активностью по сравнению с кеторолаком. Для кеторолака в большей мере свойственна тенденция отличия МИК для штаммов с различными механизмами резистентности. Значения МИК исследуемых НПВП находятся в пределах превышающих концентрации достижимые в организме человека, в то же время соединения являются перспективными для дальнейшего изучения в качестве адъювантов антибактериальной терапии.

АСТАШКИН Е.И., НОВИКОВА Т.С., ФУРСОВА Н.К.

8. КЛОНИРОВАНИЕ НОВОГО ГЕНА $BLA_{CTX\text{-}M\text{-}1}$-ТИПА ($BLA_{CTX\text{-}M\text{-}169}$) И ОПРЕДЕЛЕНИЕ ЕГО ФУНКЦИОНАЛЬНОЙ АКТИВНОСТИ

ФБУН «ГНЦ прикладной микробиологии и биотехнологии» Роспотребнадзора, Оболенск, Россия

Цель. Клонирование гена $bla_{CTX\text{-}M\text{-}169}$ в лабораторный штамм *E. coli* BMH и изучение его функциональной активности по спектру резистентности рекомбинантного штамма-продуцента к бета-лактамным антибиотикам.

Материалы и методы. Для амплификации гена $bla_{CTX\text{-}M\text{-}169}$ использовали праймеры IntI1-F(opp) и P2D. Для клонирования ПЦР-продукта использовали набор «Quicr-TA kit» («Евроген», Россия). В работе использованы ферменты *Taq*- и *Pfu*-полимеразы, рестриктазы ApaI и EcoRI, буферные растворы и трифосфаты (Thermo Fisher Scientific Baltics, Литва). Минимальные подавляющие концентрации пенициллинов, цефалоспоринов и карбапенемов (HiMedia, Индия) определяли методом микроразведений в бульоне. Результаты интерпретировали в соответствии с рекомендациями EUCAST v.14 (2024).

Результаты. Ген БЛРС $bla_{CTX\text{-}M\text{-}1}$-типа $bla_{CTX\text{-}M\text{-}169}$ [GenBank KR779864.1] был идентифицирован нами ранее в клиническом изоляте *E. coli* I-1753. Данный ген, по сравнению с геном БЛРС $bla_{CTX\text{-}M\text{-}3}$, содержит мутации T21C, A275G, A725G, C741T и A840G, приводящие к аминокислотным заменам Asn92Ser и Asp242Gly. Клонирование гена $bla_{CTX\text{-}M\text{-}169}$ с собственным промотором было проведено в два этапа. Ампликон IntI1-F(opp)-P2D (1100 п.н.), несущий ген $bla_{CTX\text{-}M\text{-}169}$, был клонирован в вектор pAI2-T (Ap^R), а затем перенесен в плазмиду pET28b (Km^R) в составе рестрикта ApaI-EcoRI. Исследование фенотипов трех клонов *E. coli* BMH с плазмидами pETCTX169-8, -12 и -24, несущими клонированный ген $bla_{CTX\text{-}M\text{-}169}$, выявило резистентность к пенициллинам (ампициллину и амоксициллину/клавулановой кислоте) и цефалоспоринам (цефотаксиму, цефтазидиму и цефоперазону/сульбактаму), при этом, отмечена чувствительность к карбапенемам (меропенему и эртапенему). Наличие новых мутаций не привело к изменению спектра антимикробной активности, по сравнению с геном БЛРС $bla_{CTX\text{-}M\text{-}3}$. Контрольные штаммы *E. coli* BMH и *E. coli* BMH pET28b были чувствительны ко всем антибиотикам, используемым в данном исследовании.

Выводы. Таким образом, проведено клонирование нового гена БЛРС $bla_{CTX\text{-}M\text{-}169}$ и показана его активность в отношении бета-лактамных антибиотиков (пенициллинов и цефалоспоринов), что соответствует свойствам

хорошо изученных эпидемически значимых генов $bla_{CTX-M-1}$-типа.

Работа выполнена в рамках отраслевой темы Роспотребнадзора.

АСТАШКИН Е.И., ПАНФЕРЦЕВ Е.А., ЩИТ И.Ю., РЕШЕТНЯК Т.В., ШЕВЯКОВ А.Г., БИКЕТОВ С.Ф.

9. КОНСТРУИРОВАНИЕ ТЕСТ-СИСТЕМЫ, СОЧЕТАЮЩЕЙ МЕТОДЫ ПЦР И CRISPR-CAS, ДЛЯ ДЕТЕКЦИИ ГЕНА BLA_{OXA-48}

ФБУН «ГНЦ прикладной микробиологии и биотехнологии» Роспотребнадзора, Оболенск, Россия

Цель. Разработка PCR-CRISPR-Cas системы для детекции гена bla_{OXA-48}.

Материалы и методы. Синтез ампликонов гена bla_{OXA-48} проводили методом ПЦР (праймеры OXA48-A, OXA48-B). РНК-олигонуклеотиды и репортер 8C FQ синтезированы в компании «Синтол» (Россия). В работе использовали ферменты Taq, Pfu, трифосфаты, буферные растворы (Thermo Fisher Scientific, Латвия) и экспериментальный рекомбинантный фермент Cas12a, полученный во ФБУН ГНЦ ПМБ в качестве аналога импортной нуклеазы (NEB, США). Амплификацию проводили на приборе MiniAmp Plus (Thermo Fisher Scientific, Латвия), а нуклеазную реакцию, опосредованную Cas12a проводили при 37°C в течение 15 мин. на AB 7500 Real Time PCR System (Applied Biosystems, США). Положительным результатом считали устойчивое повышение флуоресцентного сигнала репортеров. В качестве положительных образцов для реакции PCR-CRISPR-Cas были использованы типированные клинические изоляты *K. pneumoniae*.

Результаты. Показана возможность сочетать реакции PCR и CRISPR-Cas для детекции гена bla_{OXA-48} путем последовательного проведения следующих этапов: получение ДНК матриц из культур *K. pneumoniae*, потенциально несущих ген bla_{OXA-48}, получение ампликонов гена bla_{OXA-48} и проведение реакции с Cas12a. На последнем этапе реакционная смесь включала фермент Cas12a, одну из нескольких кандидатных gRNA с разными протоспейсерами, репортер 8C FQ и различные количества ПЦР-ампликона (концентрация варьировала 10–250 нг). Положительными контролями служили ампликоны гена bla_{OXA-48} и плазмиды с клонированными ампликонами, отрицательными контролями были произвольные ампликоны, гибридные плазмиды и деионизованная вода. Экспериментально установлено, что время реакции системы PCR-CRISPR-Cas, необходимое для выявления гена bla_{OXA-48}, составляет 1,5 часа. Отработан алгоритм расчета кандидатных gRNA, продемонстрировано что две gRNA, отличающиеся протоспейсерами, показывают идентичные результаты детекции гена bla_{OXA-48}.

Выводы. Таким образом, получены лабораторные образцы новой тест-системы для детекции гена bla_{OXA-48} на платформе PCR-CRISPR-Cas, что позволит провести экспериментальные исследования по определению ее чувствительности, специфичности и экспрессности с использованием коллекции типированных клинических изолятов *K. pneumoniae*.

Работа выполнена в рамках гранта Минобрнауки России (соглашение № 075-15-2019-1671 от 31.10.2019 г.).

АХРЕМЕНКО Я.А., БОСИКОВ И.Д., МОСКАЛЕВ А.В., ТАРАСОВА Л.А.

10. АНАЛИЗ РАСПРОСТРАНЕННОСТИ РЕЗИСТЕНТНЫХ НОЗОКОМИАЛЬНЫХ ПАТОГЕНОВ В ПАЛЛИАТИВНЫХ ЦЕНТРАХ ЯКУТСКА

ФГАОУ ВО «Северо-Восточный федеральный университет им. М.К. Аммосова», Якутск, Россия

Цель. Анализ этиологической структуры и профиля резистентности возбудителей инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи, у пациентов паллиативных центров г. Якутска.

Материалы и методы. Микробиологическое исследование проводилось на базе Учебно-научной микробиологической лаборатории Клиники СВФУ. Идентификация микроорганизмов осуществлялась методом времяпролетной масс-спектрометрии. Определение чувствительности к антимикробным препаратам проводили диско-диффузным методом в соответствии с клиническими рекомендациями по определению чувствительности к антибиотикам, а также посредством микробиологического анализатора Vitek 2 Compact. Определение генов резистентности проводили методом ПЦР в режиме реального времени с использованием набора «Бакрезиста GLA». Проанализировано 64 пробы биоматериала, полученных от 45 пациентов, находившихся в центрах паллиативной помощи г. Якутска. Для мониторинга и анализа полученных данных используется онлайн-платформа AMRcloud.

Результаты. В 90,6% случаев (58 проб) была выделена грамотрицательная флора представленная: *K. pneumoniae* 40,6% (26), *P. aeruginosa* 14,1% (9), *E. coli* 14,1% (9), *A. baumannii* 12,5% (8), *Proteus* spp. 6,3% (4), *E. cloacae* 3,1% (2). В целом резистентность у выделенных микроорганизмов к цефалоспоринам была от 31% до 67%; к карбапенемам – от 30% до 79%; к аминогликозидам – от 33% до 76%; к фторхинолонам – от 75% до 79%. Наибольшей резистентностью отмечались штаммы *K. pneumoniae,* 15 изолятов которых были отобраны для выявления генов резистентности к бета-лактамным антибиотикам. Всего было обнаружено генов 51 (от 2 до 6 в одном изоляте, в среднем 3–4 на один образец): SHV – 44%, OXA-48-like – 41%, CTX-M-1 – 34%, KPC – 16%, TEM – 14%, NDM – 13%.

Выводы. В качестве главного этиологического агента инфекций у пациентов в паллиативных центрах г. Якутска

выступает *K. pneumoniae*, что отражает общемировые тенденции в изменении этиологической структуры нозокомиальных инфекций. Фатальная вирулентность госпитальных штаммов клебсиелл связана с продукцией широкого спектра бета-лактамаз, обусловленных циркуляцией генов резистентности: SHV, OXA-48, CTX-M-1. В связи с этим необходимо предусмотреть усиление мер инфекционного контроля в данных стационарах, в том числе, целесообразен скрининг поступающих в данные стационары пациентов на носительство соответствующих полирезистентных микроорганизмов и генов резистентности.

БАЯЗИТОВА Л.Т.[1,2], ТЮПКИНА О.Ф.[1], ЧАЗОВА Т.А.[1], РОДИОНОВА М.С.[1], ИСАЕВА Г.Ш.[1,2]

11. МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА НОСОГЛОТОЧНЫХ ИЗОЛЯТОВ *STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE* СЕРОГРУПП 15 И 11

[1] ФБУН «Казанский НИИ эпидемиологии и микробиологии» Роспотребнадзора, Казань, Россия
[2] ФГБОУ ВО «Казанский государственный медицинский университет» Минздрава России, Казань, Россия

Цель. Провести полногеномное секвенирование носоглоточных изолятов *S. pneumoniae* серогрупп 15 и 11.

Материалы и методы. Выделение ДНК из *S. pneumoniae* выполнено при помощи набора «QIAamp DNA Mini Kit» (Qiagen, США). Полногеномное секвенирование осуществляли на платформах DNBSEQ-G50 (MGI) и GridION (Oxford Nanopore Technologies, Великобритания). Библиотеки готовили при помощи набора «MGIEasy Fast FS DNA Library Prep Set» (MGI, Китай) и Native Barcoding Expansion и Ligation Sequencing Kit (Oxford Nanopore Technologies, Великобритания). Медиана длины фрагментов библиотеки составила 430 bp (идентифицировано с помощью системы капиллярного гель-электрофореза QIAxcel Advanced system). Секвенирование с получением парно-концевых прочтений выполнялось на платформе DNBSEQ-G50 (MGI) с использованием наборов DNBSEQ-G50RS (FCL PE150/FCS PE150).

Результаты. Проведено полногеномное секвенирование носоглоточных изолятов *S. pneumoniae* – штамма27_Kz и штамма 105_Kz. Изолят 27Kz (серотип 15C) относился к одному из наиболее распространенных сиквенс-типов ST1025. Известно, что изоляты этой генетической линии ассоциируются с инвазивными заболеваниями. У штамма 27_Kz отсутствовали детерминанты устойчивости к пенициллинам, эритромицину, тетрациклину, хлорамфениколу; но обнаружены детерминанты резистентности к ко-тримоксазолу. Изолят содержал в геноме уникальный оперон, кодирующий компоненты транспортера олигопептидов, которые могут принимать участие в регуляции экспрессии холин-связывающих белков, то есть потенциально могут ассоциироваться с вирулентностью. Изолят 105_Kz (серотип 11D) относился к сиквенс-типу ST62 и не содержал детерминанты устойчивости к пенициллинам, эритромицину, тетрациклину, хлорамфениколу и ко-тримоксазолу. Изолят содержал оперон, кодирующий синтез бактериоцина, участвующего в межвидовой конкуренции, компоненты транспортера олигопептидов и флавинредуктазы-подобного белка, способствующего адгезии и защищающего от окислительного стресса, что повышает вирулентность микроорганизма.

Выводы. Данные полногеномного секвенирования изолятов пневмококков серогрупп 15 и 11, выделенные у детей-носителей *S. pneumoniae*, свидетельствуют, что данные изоляты принадлежат генетическим линиям с потенциально повышенной вирулентностью.

БАЯЗИТОВА Л.Т.[1,2], ШАЯХМЕТОВА А.А.[2], БЕЛОВА М.Н.[3]

12. ХАРАКТЕРИСТИКА АНТИБИОТИКОЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ *STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE* ПРИ ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИИ

[1] ФБУН «Казанский НИИ эпидемиологии и микробиологии» Роспотребнадзора, Казань, Россия
[2] ФГБОУ ВО «Казанский государственный медицинский университет» Минздрава России, Казань, Россия
[3] ГАУЗ «Республиканская клиническая инфекционная больница им. проф. А.Ф. Агафонова», Казань, Россия

Цель. Анализ динамики антибиотикочувствительности *S. pneumoniae*, выделенных из мокроты пациентов с внебольничной пневмонией, за период 2021–2023 гг.

Материалы и методы. Проведено исследование уровня чувствительности к антибиотикам *S. pneumoniae*, выделенных из мокроты пациентов (2021 г. – n = 68; 2022 г. – n = 94; 2023 г. – n = 176). Культивирование пневмококков осуществляли на колумбийском агаре с 5% бараньей крови. Идентификацию штаммов проводили согласно требованиям нормативных документов. Определение чувствительности к АМП и интерпретация результатов выполнялась в соответствии с требованиями КР МАКМАХ «Определение чувствительности микроорганизмов к антимикробным препаратам (2021)» на агаре Мюллера-Хинтон + 5% дефибринированной бараньей крови.

Результаты. По результатам скрининга с оксациллином 1 мкг выявлено, что доля оксациллиночувствительных (т.е. чувствительных к бета-лактамным антибиотикам) пневмококков составила 65,7% в 2021 г.; 79,6% – в 2022 г.; 67,6% – в 2023 г. Чувствительность к макролидам (эритромицину) наблюдалась в пределах: 2021 г. – 74,3%; 2022 г. – 82,8%; 2023 г. – 64,9%. Сохраняется достаточно высокая чувствительность *S. pneumoniae* к оксазолидинонам (линезолиду): 98,9–100%. К линкозамидам (клиндамицину) чувствительны 80,0–90,4% штаммов. Чувствительность к фторхинолонам составила 83,7–96,7% в зависимости от года исследования. Доля чувствительных к ко-тримоксазолу штаммов варьировала от 61,9% до 81,9%.

Выводы. В соответствии с КР «Пневмония (внебольничная)» от 2022 г., «…всем пациентам с диагнозом ВП рекомендовано назначение антибактериального препарата с учетом наиболее вероятного возбудителя и его чувствительности в регионе с целью этиотропного лечения». Препаратами выбора при пневмококковых пневмониях являются бета-лактамные АМП. Полученные результаты исследования свидетельствуют, что к ним чувствительны 65,7–79,6% пневмококков; к макролидам (применяемым в качестве альтернативы) чувствительность снизилась за период наблюдения до 64,9%. Таким образом, мониторинг антибиотикорезистентности пневмококков является важным условием для обоснования антибактериальной терапии пациентов с внебольничной пневмонией.

БЕРЕЗОВСКАЯ М.Ю., ВИСКОВ М.А., РУБЕЛЬ М.С.

13. ВОЗМОЖНОСТЬ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ИЗОТЕРМИЧЕСКОЙ АМПЛИФИКАЦИИ И ДРУГИХ ПОДХОДОВ ДИАГНОСТИКИ В МЕСТЕ ОКАЗАНИЯ ПОМОЩИ ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕТЕРМИНАНТ РЕЗИСТЕНТНОСТИ К АНТИБИОТИКАМ У ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ИППП

ФГАОУ ВО «Национальный исследовательский университет ИТМО», Санкт-Петербург, Россия

Цель. Разработка методики детекции точечных мутаций, опосредующих антибиотикорезистентность *Mycoplasma genitalium* и *Neisseria gonorrhoeae,* с помощью ДНК сенсоров, образующих перекрестные структуры (4WJ).

Материалы и методы. В данной работе рассматриваются гибридизационные сенсоры, образующие перекрестные ДНК структуры (4WJ), которые в настоящий момент используются для детекции и генотипирования коротких ДНК фрагментов. Классический бинарный 4WJ сенсор состоит из трех частей: аналит-расплетающего f-фрагмента, SNP-специфичного m-фрагмента и универсального молекулярного зонда (UMB). F- и m-фрагменты состоят из двух плеч: аналит-связывающего и UMB-связывающего, соединенных линкером. В растворе UMB имеет конформацию шпильки, на 5′ и 3′ которой находятся флуорофор и гаситель флуоресценции соответственно. Находясь на небольшом расстоянии друг от друга, гаситель взаимодействует с флуорофором, однако в присутствии целевого фрагмента ДНК происходит сборка молекулы сенсора, UMB расплетается и расстояние между флуорофором и гасителем увеличивается. Это ведёт к увеличению флуоресцентного сигнала, детектируемого при помощи спектрофлуориметра. Классические 4WJ сенсоры были модифицированы дополнительной платформой. Дизайн сенсоров был проведен с помощью инструментов UNAfold, IDT oligoanalyzer. Реакцию проводили в присутствии 50 мМ $MgCl_2$, 50 мМ Tris HCl при комнатной температуре. Флуоресцентный сигнал считывался с помощью спектрофлуориметра Spark Reader, Tecan.

Результаты. В данной работе были созданы дизайны ДНК сенсоров типа 4WJ для детекции однонуклеотидных замен A2058G (нумерация по *E. coli*) 23S рРНК *M. genitalium* и D86N в гене *parC N. gonorrhoeae*. Была проведена оптимизация условий реакции детекции анализируемых фрагментов, а также были обнаружены условия для наименьшего предела обнаружения с наибольшим соотношением сигнал/фон.

Выводы. В результате работы была показана возможность выявления однонуклеотидных замен в гене *parC N. gonorrhoeae* и 23S рРНК *M. genitalium* с помощью флуоресцентных 4WJ зондов с пределом обнаружения 5 нм и 2 нм соответственно. Данный метод может использоваться в клинической практике после предварительной амплификации.

Авторы исследования благодарны Министерству образования и науки Российской Федерации № FSER-2022-0009 за финансовую поддержку.

БИСЕНОВА Н.М., ЕРГАЛИЕВА А.С., ТУЛЕУБАЕВА Э.А., АЙТЫШЕВА У.С.

14. МОНИТОРИНГ ГРАМОТРИЦАТЕЛЬНЫХ БАКТЕРИЙ ESKAPE В ОТДЕЛЕНИИ РЕАНИМАЦИИ МНОГОПРОФИЛЬНОЙ КЛИНИКИ

АО «Национальный научный медицинский центр», Астана, Казахстан

Цель. Определить текущую ситуацию с тенденциями резистентности грамотрицательных микроорганизмов группы ESKAPE в ОРИТ многопрофильного стационара.

Материалы и методы. Проспективное исследование 1715 образцов клинического материала (респираторный, уретральный тракты, раневое отделяемое, содержимое дренажей и катетеров) от пациентов ОРИТ многопрофильного стационара в период с 2015 по 2022 г. Идентификацию и чувствительность выделенных патогенов проводили на анализаторе Vitek 2 (bioMerieux, Франция). Микробиологический мониторинг пейзажа и резистентности проводили с помощью программы WHONET 5.6.

Результаты. За исследуемый период выделено 1501 штамм микроорганизмов, из которых грамотрицательные бактерии группы ESCAPE составили более 43% (n = 654): *K. pneumoniae* 15,2% (n = 229), *A. baumannii* 13,5% (n = 203), *P. aeruginosa* 12,1% (n = 183) и *E. cloacae* 5,9% (n = 39). Штаммы *A. baumannii* показали высокий уровень резистентности к большинству тестируемым антибиотикам – к карбапенемам – 93,9%, к хинолонам – 95,6%. Наименьший уровень резистентности отмечен к амикацину – 67,5% и к тобрамицину – 61,5%. Резистентность штаммов *P. aeruginosa*: к цефепиму – 73,9%, к цефтазидиму – 57,5%; к меропенему – 63,6%, к имипенему – 78%; к ципрофлоксацину – 60,1%, к левофлоксацину – 69,8%; к аминогликозидам – в среднем 35%. Более 95% штаммов *K. pneumoniae* были БЛРС-продуцирующими и резистентность к карбапенемам зафиксирована на

уровне 15%. Для штаммов *E. cloacae* эти показатели составили 77,8% и 0% соответственно.

Выводы. Проведенное исследование показало высокий уровень обнаружения грамотрицательных бактерий группы ESKAPE в структуре возбудителей пациентов ОРИТ, высокую степень резистентности, что подчеркивает необходимость локального микробиологического мониторинга для программ использования противомикробных препаратов, особенно актуально в виду тяжести основного заболевания пациента, снижением иммунного статуса и ограниченных терапевтических возможностей в отделениях реанимации.

БИСЕНОВА Н.М., ЕРГАЛИЕВА А.С., ТУЛЕУБАЕВА Э.А., АЙТЫШЕВА У.С.

15. АКТИВНОСТЬ ЦЕФТАЗИДИМА-АВИБАКТАМА ПРОТИВ КЛИНИЧЕСКИХ ИЗОЛЯТОВ В МНОГОПРОФИЛЬНОЙ КЛИНИКЕ КАЗАХСТАНА

АО «Национальный научный медицинский центр», Астана, Казахстан

Цель. Определить уровень чувствительности грамотрицательных бактерий, выделенных от пациентов многопрофильной клиники, к цефтазидиму-авибактаму.

Материалы и методы. Исследование антибиотикочувствительности проводилось в рамках участия в третьем этапе эпидемиологического исследования «Оценка чувствительности клинических изолятов Enterobacterales и *Pseudomonas aeruginosa* к цефтазидиму-авибактаму с помощью диско-диффузионного метода (CAZAVI – III, Россия)». В период с мая по ноябрь 2021 г. в исследование было включено 205 штаммов, идентификацию которых проводили с помощью анализатора Vitek 2 (bioMerieux, Франция). Чувствительность к цефтазидиму-авибактаму определяли ДДМ с интерпретацией результатов согласно EUCAST v11.0.

Результаты. Штаммы, включенные в исследование: *K. pneumoniae* – 35,1% (72), *E. coli* – 30,7% (63), *P. aeruginosa* – 25,3% (52), *E. cloacae* – 8,7% (18). Наибольшее количество исследуемых изолятов были выделены от пациентов детского кардиохирургического отделения – 39,5% (81), реанимации – 20% (41), урологии – 12,6% (26), нейрохирургии – 10,7% (22). Все штаммы кишечной палочки и *E. cloacae* имели 100% чувствительность к цефтазидиму-авибактаму, при этом уровень БЛРС-продуцирующих изолятов составил 65,1% и 77,8% соответственно. Исследуемые штаммы *K. pneumoniae* были БЛРС-продуцирующими в 79,2% случаях, чувствительность к карбапенемам составила 83,3%, к цефтазидиму-авибактаму – 97%. К цефтазидиму-авибактаму были чувствительны 86,5% штаммов *P. aeruginosa*, при этом чувствительность к карбапенемам составила всего 61,7%.

Выводы. Цефтазидим-авибактам показал высокую активность в отношении изолятов БЛРС-продуцирующих энтеробактерий и карбапенеморезистентных штаммов *P. aeruginosa*, что представляет особый интерес для клинической практики в качестве эмпирической терапии инфекций, вызванных данными возбудителями.

БОНДАРЕВА Н.Е., ЗИГАНГИРОВА Н.А.

16. ПЕРСПЕКТИВЫ ЛЕЧЕНИЯ ХРОНИЧЕСКИХ ХЛАМИДИЙНЫХ ИНФЕКЦИЙ

ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия

Цель. Изучение эффективности инновационного отечественного антибактериального препарата Фтортиазинон в отношении хронической хламидийной инфекции.

Материалы и методы. В исследовании использованы методы моделирования хронической хламидийной инфекции урогенитального тракта на моделях *in vivo* с дальнейшим изучением смывов из органов урогенитального тракта культуральными, иммуногистохимическими, гистологическими и молекулярно-генетическими методами.

Результаты. Применение Фтортиазинона в дозе 50 мг/кг в течение 5 дней приводило к подавлению хламидийной инфекции в нижних отделах урогенитального тракта. В верхних отделах урогенитального тракта при макроскопической оценке также отмечалось снижение воспалительных изменений на фоне применения Фтортиазинона в сравнении с контролем. Гистологические исследования через 30 дней после заражения показали, что лечение Фтортиазиноном приводило к значительному уменьшению признаков воспалительной патологии в гистоархитектонике тканей матки в сравнении с контрольной группой. На фоне снижения воспалительных процессов, показанного как на макроскопическом, так и на микроскопическом уровне, наблюдалось значительное снижение количества ДНК хламидий через 30 дней после заражения в верхних отделах урогенитального тракта. Изучение продукции клинически значимых воспалительных цитокинов спленоцитами мышей, получавших Фтортиазинон, продемонстрировало выраженный противовоспалительный потенциал Фтортиазинона при его использовании для лечения хронической инфекции.

Выводы. На модели хронической хламидийной инфекции *in vivo* показана эффективность инновационного антибактериального препарата Фтортиазинон, выражающаяся в снижении количества хламидий в верхних отделах урогенитального тракта, снижении микро- и макроскопических изменений органов, а также уменьшении воспалительного ответа.

БОНЦЕВИЧ Р.А.[1], ТИХОЙВАНОВА А.А.[2], АННЕНКОВ Н.В.[2], БАТИЩЕВА Г.А.[3], НЕВЗОРОВА В.А.[4], МАРТЫНЕНКО И.М.[4], БИККИНИНА Г.М.[5], КЕТОВА Г.Г.[6], БОГДАНОВА В.О.[7], ЛУЧИНИНА Е.В.[8]

17. ЗНАНИЯ СТУДЕНТОВ ПО АНТИМИКРОБНОЙ ТЕРАПИИ: КРАТКИЙ ОБЗОР ИТОГОВЫХ РЕЗУЛЬТАТОВ ПРОЕКТА KANT-IV

[1] ФГБОУ ВО «Марийский государственный университет», Йошкар-Ола, Россия
[2] ФГАОУ ВО «Белгородский государственный национальный исследовательский университет», Белгород, Россия
[3] ФГБОУ «Воронежский государственный медицинский университет им Н.Н. Бурденко» Минздрава России, Воронеж, Россия
[4] ФГБОУ ВО «Тихоокеанский государственный медицинский университет» Минздрава России, Владивосток, Россия
[5] ФГБОУ ВО «Башкирский государственный медицинский университет» Минздрава России, Уфа, Россия
[6] ФГБОУ ВО «Южно-Уральский государственный медицинский университет» Минздрава России, Челябинск, Россия
[7] ФГБУ «Национальный медицинский исследовательский центр эндокринологии» Минздрава России, Москва, Россия
[8] ФГБОУ ВО «Саратовский государственный медицинский университет им. В.И. Разумовского» Минздрава России, Саратов, Россия

Цель. Определение уровня базовых знаний студентов старших курсов в вопросах, касающихся рациональной антибактериальной терапии.

Материалы и методы. Многоцентровое анонимное анкетирование – 4-й этап проекта KANT (полное название проекта – «Physicians' (Students') knowledge in antimicrobials usage), проведенный в 2020–2023 гг. среди студентов 5–6 курсов медицинских вузов из 6 городов России. Применялась авторская анкета из 10 комплексных вопросов с оценкой от 0 до 1 балла за каждый вопрос (0–100%). Применялись методы описательной статистики, сравнение групп методом «хи-квадрат», z-критерия.

Результаты. Всего в анкетировании участвовали 277 студентов. Средний уровень корректности ответов по проекту – 42,2%. Хуже всего студенты ответили на вопросы: обоснование ситуации продления антимикробной терапии более 5–7 дней у пациента с положительной клинической динамикой при терапии внебольничной пневмонии (средний уровень полноты ответа, СПО – 19,5%, различия между центрами незначимы – $p > 0,05$); назначение вспомогательных лекарственных средств к обоснованному назначению антимикробного препарата (АМП) выбора при лечении инфекций дыхательных путей (СПО – 21,3%, $p < 0,01$); указание АМП выбора в терапии различных инфекций (СПО – 22,9%, $p < 0,001$). Лучший результат был зафиксирован на вопросы анкеты о выборе временного интервала, в течение которого проводится оценка эффективности антимикробной терапии (СПО – 90,6%, $p < 0,05$); о выборе наиболее рационального действия при диагностировании на приеме острого тонзиллита или фарингита (СПО – 57,8%, $p < 0,001$); указание корректного режима применения различных АМП (СПО – 55,2%).

Выводы. Авторы установили, что уровень знаний студентов в вопросах рациональной антимикробной терапии остается достаточно низким в целом по всей анкете. Авторы предполагают, что имеется потребность введения в программу обучения дополнительных часов, новых подходов и методик в освоении данной тематики. Также, на недостаточный уровень знаний может влиять тот фактор, что студенты используют устаревшие источники информации, не отражающие коррекцию дозировок вследствие роста антибиотикорезистентности.

БУБМАН Л.И.[1], ТОПОЛЯНСКАЯ С.В.[2], РАЧИНА С.А.[2], ГЛАДКИХ М.А.[1], УСОВА Т.В.[1], ЛЫТКИНА К.А.[1], МЕЛКОНЯН Г.Г.[1]

18. МИКРОБНЫЙ ПЕЙЗАЖ ПРОЛЕЖНЕЙ У МОЛОДЫХ ПАЦИЕНТОВ С ТЯЖЕЛЫМИ ТРАВМАМИ ЦЕНТРАЛЬНОЙ НЕРВНОЙ СИСТЕМЫ

[1] Госпиталь для ветеранов войн № 3, Москва, Россия
[2] ФГАОУ ВО «Первый МГМУ им. И.М. Сеченова» Минздрава России, Москва, Россия

Цель. Изучить частоту встречаемости пролежней и структуру бактериальных возбудителей у молодых пациентов, перенесших тяжелую травму головного или спинного мозга.

Материалы и методы. В проспективное наблюдательное исследование включено 69 пациентов, перенесших тяжелую травму головного или спинного мозга в сроки от 3 до 9 мес. до поступления в стационар. Во время пребывания в стационаре регулярно проводилось микробиологическое исследование отделяемого, полученного при хирургической обработке пролежней, с посевом на питательные среды и идентификацией микроорганизмов в соответствии со стандартными методами и процедурами. Пробы с раневым отделяемым засевали в 5% кровяной агар, маннитол солевой агар, агар Эндо. Посевы инкубировали от 24 до 120 ч. при 35–37°C. Видовая идентификация выделенных микроорганизмов проводилась с использованием биохимических тест-систем на микробиологическом анализаторе iEMSReaderMF. Определение чувствительности к антимикробным препаратам проводили полуавтоматическим методом путем определения минимальной подавляющей концентрации антибиотика на планшетах SensiLaTestMIC и диско-диффузионным методом с использованием дисков производства Bio-Rad (США). Интерпретация результатов выполнялась согласно клиническим рекомендациям «Определение чувствительности микроорганизмов к антимикробным препаратам», версия 2021-01.

Результаты. Все участники исследования были мужчинами. Возраст включенных в исследование больных варьировал от 19 до 52 лет, в среднем составляя 31,4 ± 7,8 лет. Пролежни наблюдались у 37 из 69 пациентов (53,6%). Исходно при микробиологическом исследовании (МБИ) наиболее часто выявлялись *Pseudomonas aeruginosa* – 13 больных (35,1%), *Staphylococcus aureus* – 11 (29,7%), *Enterococcus faecalis* – 7 (18,9%), *Proteus mirabilis* – 5 (13,5%), *Klebsiella pneumoniae* – у 4 (10,8%), *Acinetobacter baumannii* – у 1 (2,7%). 62,2% больных для

лечения инфицированных пролежней назначалась антибактериальная терапия, у 37,8% антибактериальная терапия не проводилась или антибиотики назначались только с целью периоперационной профилактики инфекции (при проведении аутодермопластики). Наряду с традиционной терапией 20 больным (54%) была наложена вакуум-ассистированная повязка. На фоне проводимой терапии в 21 случае удалось достигнуть полной элиминации микроорганизмов, особенно при инфицировании *P. aeruginosa*. Во время стационарного лечения лишь у двух больных оставалась та же микрофлора в пролежнях (*S. aureus*), у других пациентов зарегистрирована суперинфекция. У 15 больных наблюдалось присоединение *Enterococcus* spp. (у 1 экстремально-резистентный штамм, у 1 – полирезистентный штамм). У 10 пациентов зарегистрировано инфицирование *K. pneumoniae* (у 3 – экстремально-резистентные штаммы, у 4 – полирезистентные штаммы, у 1 – панрезистентный штамм), у 9 – *Proteus* spp. (у 6 – экстремально-резистентные штаммы, у 1 – панрезистентный штамм, у 1 – полирезистентный штамм), у 6 – *S. aureus* (у 4 – полирезистентными штаммами), у 3 – *E. coli*, у 3 – *A. baumannii* (у 2 –панрезистентные штаммы, у 1 – полирезистентные штаммы). В ходе стационарного лечения аутодермопластика была проведена у 14 больных (37,8%), в 13 из этих случаев – успешно.

Выводы. Результаты пилотного исследования свидетельствуют об эффективности комбинированной терапии антибактериальными препаратами в сочетании с ВАК-ассистированной повязкой у молодых пациентов с инфицированными пролежнями, обусловленными тяжелыми травмами центральной нервной системы.

ВАЛИУЛЛИНА И.Р., КУЛАГИНА Л.Ю., ТАГИРОВА Т.Р., ФРУЗЕНКОВА Е.И.

19. МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИЙ МОНИТОРИНГ В ОТДЕЛЕНИЯХ ПАТОЛОГИИ И РЕАНИМАЦИИ НОВОРОЖДЕННЫХ ПЕРИНАТАЛЬНОГО ЦЕНТРА

ГАУЗ «Республиканская клиническая больница МЗ РТ», Казань, Россия

Цель. Провести анализ результатов микробиологического мониторинга микрофлоры клинического материала в отделениях патологии и реанимации новорожденных перинатального центра за 2023 г.

Материалы и методы. В 2023 г. было исследовано 1121 проб биоматериала с обнаружением микроорганизмов. Анализировали результаты посевов крови на стерильность, сосудистых катетеров (СК), эндотрахеальных трубок (ЭТТ) и мазков из зева новорожденных детей, находящихся в отделениях патологии и реанимации перинатального центра ГАУЗ «РКБ МЗ РТ». Анализ проводили с применением онлайн-платформы AMRcloud.

Результаты. За 1 кв. 2023 г. было проанализировано 236 исследований, из них 27 проб крови, 49 – СК, 87 – ЭТТ, 73 – мазков из зева. Во 2 кв. было исследовано 339 проб: из них 52-кровь, 75-СК, 134-ЭТТ, 78-мазков из зева. В 3 кв. проанализирована 321 проба: из них кровь-40, СК-65, ЭТТ-108, мазков из зева-108. В 4 кв. было проанализировано 225 проб: из них 27-кровь, 47-СК, 74-ЭТТ, 77-мазков из зева. В 1 кв. из крови выделено 13 (48%) коагулазонегативных стафилококков (КНС), *K. pneumoniae* 8 (29,6%), *C. albicans* 4 (15%). Из СК 22 (44,9%) КОС, *K. pneumoniae* 7 (14,2%), *C. albicans* 2 (4%). Из ЭТТ *K. pneumoniae* 43 (49,4%), 16 (18,3%) КОС, *E. coli* 6 (6,9%). Из зева *K. pneumoniae* 48 (65,7%), *E. coli* 12 (16,4%), *S. aureus* 4 (5,4%). В 2 кв. из крови выделено 26 (50%) КНС, *K. pneumoniae* 7 (13,4%), *C. albicans* 4 (7,69%). Из СК 51 (68%) КОС, *K. pneumoniae* 7 (9,3%), *C. albicans* 1 (1,3%). Из ЭТТ *K. pneumoniae* 54 (40%), 44 (32,8%) КНС, *A. baumannii* 4 (2,9%). Из зева *K. pneumoniae* 44 (56,4%), *E. coli* 9 (11,5%), *S. aureus* 6 (7,7%). В 3 кв. из крови выделено 22 (55%) КНС, *K. pneumoniae* 5 (12,5%), *A. baumannii* 2 (5%). Из СК 34 (52,3%) КНС, *Bacillus* spp. 8 (12,3%), *K. pneumoniae* 7 (10,7%). Из ЭТТ 35 (32,4%) КНС, *K. pneumoniae* 31 (28,7%), *A. baumannii* 6 (5%). Из зева *K. pneumoniae* 40 (37%), КНС 29 (26,8%), *A. baumannii* 12 (11,1%). В 4 кв. из крови выделено 15 (19,7%) КНС, *K. pneumoniae* 4 (5,2%), *E. coli* 1 (1%). Из СК 23 (38,9%) КНС, *S. oralis* 5 (8,4%), *S. aureus* 4 (6,7%). Из ЭТТ 32 (36,7%) КНС, *K. pneumoniae* 12 (13,8%), *C. parapsilosis* 3 (3,4%). Из зева *K. pneumoniae* 52 (63,4%), *A. baumannii* 10 (12,1%), *E. coli* 4 (4,8%).

Выводы. Лидерами инфекций у данного контингента пациентов являются микроорганизмы семейства Enterobacterales и НГОБ, что необходимо учитывать при назначении эмпирической терапии. КНС при однократном выделении не учитывались, как клинически значимые микроорганизмы. Использование онлайн-платформы AMRcloud существенно ускоряет мониторинг циркулирующей микрофлоры.

ВАЛИУЛЛИНА И.Р., ТАГИРОВА Т.Р., ФРУЗЕНКОВА Е.И., БИКЧАНТАЕВА Г.Р.

20. АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ И СТРУКТУРА КАРБАПЕНЕМАЗ *ACINETOBACTER BAUMANNII*

ГАУЗ «Республиканская клиническая больница МЗ РТ», Казань, Россия

Цель. Изучить структуру карбапенемаз *A. baumannii*, выделенных из различного биоматериала у пациентов ГАУЗ «РКБ МЗ РТ» за период с января по март 2023 г.

Материалы и методы. Были отобраны карбапенеморезистентные штаммы *A. baumannii,* выделенные из крови, мочи, мокроты, лаважной жидкости, зева, выпотов, раневого отделяемого у пациентов ГАУЗ «РКБ МЗ РТ». Всего в исследование были включены 49 изолятов *A. baumannii,* которые проверяли на наличие генов карбапенемаз групп OXA-23, OXA-58, OXA-40 подобных. Выявление генов, кодирующих карбапенемазы, проводили методом ПЦР с гибридизационно-флуоресцентной детекцией. Идентификацию микроорганизмов до вида проводили методом MALDI-TOF

масс-спектрометрии (MICROFLEX MALDI BIOTYPER, Германия). Рекомендуемые значения score ⩾ 2,3 были использованы в качестве критерия надежной видовой идентификации. Кроме того, подтверждали принадлежность тестируемых изолятов к виду *A. baumannii* с помощью детекции генов-маркеров. Чувствительность к антибиотикам определяли диско-диффузионным методом. Статистический анализ проводили с применением онлайн-платформы AMRcloud.

Результаты. За исследуемый период из анализируемого материала *A. baumannii* был выделен в 6,4% (253) случаев. Из них процент меропенемоустойчивых изолятов был 90%, имипенемоустойчивых – 89%, амикациноустойчивых – 90%, устойчивых к триметоприму-сульфаметоксазолу – 82% и левофлоксацину – 92%. У 49 взятых в исследование изолятов *A. baumannii* продукция карбапенемаз OXA-23 подобных выявлена у 55% (27) изолятов, OXA-40 подобных – у 38% (19). Штаммов *A. baumannii*, продуцирующих OXA-58 подобные карбапенемазы, выявлено не было. Выделенные группы карбапенемаз (OXA-23 и OXA-40 подобные) относятся к приобретенным карбапенемазам класса D. У 3 изолятов генов исследуемых карбапенемаз выявлено не было.

Выводы. Среди штаммов *A. baumannii*, выделенных из исследуемого биоматериала у пациентов ГАУЗ «РКБ МЗ РТ», наблюдается широкое распространение резистентности к большинству антибиотиков, а также рост резистентности к карбапенемам. Резистентность к карбапенемам у *A. baumannii* была обусловлена преимущественно продукцией карбапенемаз класса D (OXA-23 и OXA-40 подобные). Нами показано, что *A. baumannii* обладает устойчивостью к основным антимикробным препаратам, поэтому выбор антибиотиков для лечения является затруднительным и требует регулярного мониторинга.

ВЕШКУРЦЕВА И.М.[1,2], АКСЕЛЬРОВ М.А.[1,2], СЕРГИЕНКО Т.В.[1,2], ТАНЗЫБАЕВ А.В.[2], СПИРИНА Е.И.[2], СТОЛЯР А.В.[1]

21. СТРУКТУРА ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ПРИ НЕКРОТИЗИРУЮЩЕМ ЭНТЕРОКОЛИТЕ У НОВОРОЖДЕННЫХ ДЕТЕЙ

[1] *ФГБОУ ВО «Тюменский государственный медицинский университет» Минздрава России, Тюмень, Россия*
[2] *ГБУЗ ТО «Областная клиническая больница № 2», Тюмень, Россия*

Цель. Изучить структуру возбудителей при хирургической стадии некротизирующего энтероколита (НЭК) у новорожденных детей (НД) за 2019–2023 гг.

Материалы и методы. Проанализированы 108 законченных случаев НЭК у НД, в том числе и недоношенных (средний срок гестации при рождении 28,1 ± 2,2 нед.), в ОРИТ хирургического профиля и отделении патологии НД, результаты микробиологического исследования (477 изолята, взятие материала – при поступлении в ОРИТ и каждые 7 дней пребывания пациента в отделении), чувствительность к антибактериальным препаратам (АБП).

Результаты. Анализ результатов продемонстрировал преобладание представителей порядка Enterobacterales (46,6%), главным образом *K. pneumoniae*. Отмечены высокие показатели устойчивости выделенных штаммов Enterobacterales: 60,4% – к амикацину, 66,1% – к карбапенемам, 74,5 – 79,3% – к цефалоспоринам 3–4 поколения. Неферментирующие грамотрицательные бактерии (НГОБ) заняли вторую позицию (18,7%). Из группы НГОБ первенство принадлежало *P. aeruginosa* (48,9%). В отношении синегнойной палочки наибольшую активность проявил амикацин (71,4% чувствительных штаммов). К остальным тестируемым АБП резистентность колебалась от 57,1% до 85,7%. Доля *Acinetobacter* spp. из всех НГОБ составила 39,5%, с показателями устойчивости к сульбактам-содержащим препаратам до 64,7%, к карбапенемам до 88,2%. *Staphylococcus* spp. обнаруживались в 11,3% случаев, представленные главным образом *S. epidermidis*, которые в 54% случаев высевались из стерильных локусов (кровь, ликвор). Доля метициллинорезистентных штаммов *Staphylococcus* spp. составила 59,3%. *Enterococcus* spp. высевались в 5,5%. В 58,3% случаев выделенные штаммы были чувствительны к ампициллину, в 33,3% – к гентамицину и имипенему, в 75% – к ванкомицину. На фоне профилактического применения флуконазола грибы рода *Candida* spp. высевались в 16,6% случаев. Более чем в половине случаев (52,9%) *Candida* spp. высевалась из крови.

Выводы.

1. В структуре возбудителей НЭК у НД преобладают представители порядка Enterobacterales.
2. Наблюдаются высокие показатели устойчивости у этиологически значимых микроорганизмов, что затрудняет выбор эффективной антибактериальной терапии.

ВЕШКУРЦЕВА И.М.[1,2], ИЗВИН А.И.[1], КУЗНЕЦОВА Н.Е.[1], РУДЗЕВИЧ А.В.[2], КУДЫМОВ С.А.[2], РЕБЯТНИКОВА М.А.[2]

22. РОЛЬ *STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE* В РАЗВИТИИ ВТОРИЧНЫХ ГНОЙНЫХ МЕНИНГИТОВ ОТОРИНОГЕННОЙ ЭТИОЛОГИИ У ВЗРОСЛЫХ И ДЕТЕЙ

[1] *ФГБОУ ВО «Тюменский государственный медицинский университет» Минздрава России, Тюмень, Россия*
[2] *ГБУЗ ТО «Областная клиническая больница № 2», Тюмень, Россия*

Цель. Изучить структуру возбудителей вторичных гнойных менингитов (ВГМ) оториногенной этиологии у взрослых и детей и роль *S. pneumoniae* в развитии данной патологии.

Материалы и методы. Анализ структуры микрофлоры, выделенной из материала (ликвор, послеоперационная рана, кровь) пациентов с ВГМ за период 2014–2023 гг.

Результаты. В исследование были включены 74 законченных случая ВГМ (61-взрослых, 13 – детей),

248 результатов микробиологического исследования за изученный период. Положительные результаты получены в 45,2% случаев. Анализ полученных результатов продемонстрировал, что у взрослых пациентов и у детей доля *S. pneumoniae* в структуре возбудителей оториногенных ВГМ составила 22,6% и 20% соответственно. Все штаммы характеризовались хорошей чувствительностью в бета-лактамным антибиотикам. *Staphylococcus* spp. высевались в 29,1% случаев у взрослых пациентов и в 55% – у детей, при этом доля *S. aureus* составила у взрослых – 16,7%, у детей – в 2 раза больше (36,4%). Различий в частоте обнаружения *Enterococcus* spp. и анаэробной микрофлоры в различных возрастных группах не выявлено (по 4,8% и 5% соответственно). У взрослых пациентов в структуре выделенной микрофлоры присутствовали неферментирующие грамотрицательные бактерии (17,7%), представители порядка Enterobacterales, главным образом *K. pneumoniae* (4,8%). В единичных случаях во всех группах высевались грибы рода *Candida, H. influenzae* и *L. monocytogenes*.

Выводы.

1. Внедрение в Национальный календарь профилактических прививок обязательной вакцинации детей против пневмококковой инфекции существенно не повлияло на роль *S. pneumoniae* в развитии ВГМ оториногенной этиологии у данной категории пациентов.

2. Роль *H. influenzae* в развитии ВГМ оториногенной этиологии минимальна.

3. В структуру возбудителей оториногенных ВГМ у взрослых пациентов в 22,5% случаев входили грамотрицательные бактерии, что необходимо учитывать при выборе системной антимикробной терапии.

ВИДМАНОВА М.В.

23. ВЛИЯНИЕ ПИТАТЕЛЬНЫХ СРЕД НА ПРОТЕОМНОЕ ПРОФИЛИРОВАНИЕ БОРДЕТЕЛЛ

ФГБОУ ВО «Самарский государственный медицинский университет» Минздрава России, Самара, Россия

Цель. Проанализировать данные по белковому профилированию распространённых представителей *Bordetella* spp., выращенных на питательных средах (ПС) с комбинациями состава согласно отечественным и иностранным руководствам.

Материалы и методы. Производились посевы *B. pertussis, B. parapertussis, B. bronchiseptica* на питательные среды с рецептурными вариантами. В качестве основы ПС были использованы: казеиново-угольный агар, Borde-Gengou Agar, Regan-Lowe Charcoal Agar. В качестве кровяного компонента (гемокомпонента) использовались лошадиная, баранья, донорская дефибринированная кровь и донорская эритромасса. В качестве антимикробного препарата (АМП) были использованы пенициллин, бициллин, цефалексин и рецептура без АМП. Всего апробировано 48 рецептурных варианта. Получение и идентификация протеомных профилей *Bordetella* spp. проводилась на MALDI-TOF масс-спектрометре Bruker в режиме Standart. Учитывалось количественное значение Score. Статистический анализ проводился в программе StatTech 3.1.8 (ООО «Статтех», Россия).

Результаты. Значения показателя «Score» подвергались сравнительному анализу в зависимости от используемой основы, гемокомпонента, АМП, а также в зависимости от сочетаний «ПС + гемокомпонент», «гемокомпонент + АМП», «ПС + АМП». Наиболее достоверная идентификация основных представителей рода *Bordetella* по показателю Score отмечалась при использовании ПС Borde-Gengou Agar (статистически значимые различия p = 0,035, критерий Крускала-Уоллиса). При использовании других компонентов и их комбинаций статистически значимых различий выявить не удалось.

Выводы. Использование питательной среды Borde-Gengou Agar в качестве основы является оптимальным для идентификации *Bordetella* spp. по протеомному профилю. Для успешной интеграции бактериологической диагностики коклюша с масс-спектрометрической идентификацией необходима актуализация базы данных протеомных профилей бордетелл, подготовленных на отечественных ПС.

ВИНОГРАДОВА А.Г., ТРУШИН И.В., КУЗЬМЕНКОВ М.Ю., КУЗЬМЕНКОВ А.Ю., СТАРОСТЕНКОВ А.А., АВРАМЕНКО А.А.

24. РАЗРАБОТКА ДИАЛОГОВОЙ ИНФОРМАЦИОННОЙ СИСТЕМЫ ДЛЯ ОЦЕНКИ РЕЗУЛЬТАТОВ ОПРЕДЕЛЕНИЯ ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ МИКРООРГАНИЗМОВ К АНТИМИКРОБНЫМ ПРЕПАРАТАМ

НИИ антимикробной химиотерапии ФГБОУ ВО СГМУ Минздрава России, Смоленск, Россия

Цель. Создание открытой диалоговой информационной системы (чат-бота) для анализа результатов определения чувствительности микроорганизмов.

Материалы и методы. Разработка диалоговой информационной системы проводилась в несколько этапов: 1) сбор бланков микробиологических заключений (общее количество – 500 единиц); 2) ручная разметка данных в бланках микробиологических заключений; 3) контроль качества для обеспечения точности меток и их оптимизации; 4) конструирование архитектуры нейросети SSD500 для размеченных данных; 5) создание синтетического набора данных бланков на основании типовых форм для генерации микробиологических заключений (общее количество – 3 млн единиц); 6) автоматическая разметка данных в бланках микробиологических заключений; 7) обучение и тестирование нейронной сети YOLO на синтетическом наборе данных микробиологических заключений; 8) создание API для нейронной сети; 9) создание чат-бота для комплексного анализа пользовательского изображения антибиотико-

граммы с применением функциональных возможностей экспертной системы по оценке результатов определения чувствительности микроорганизмов (подключение к платформе AMRexpert).

Результаты. Разработанная нами диалоговая информационная система, расположенная в мессенджере Telegram (@AMRexpert_bot), позволяет осуществлять обмен данными, которые содержатся в микробиологическом заключении, и экспертной системой по оценке и интерпретации антибиотикограмм. Для начала работы необходимо отправить изображение (фотографию) микробиологического заключения в чат-бот. Встроенная нейронная сеть обеспечивает распознавание записей в микробиологическом заключении, которые передаются по API для дальнейшей оценки платформой AMRexpert. По результатам работы формируется готовое экспертное заключение о результатах определения чувствительности микроорганизмов к антибактериальным препаратам с поясняющей информацией по каждому изоляту. Сохранение экспертного заключения предусмотрено в нескольких форматах: docx, html, pdf, png.

Выводы. Созданная открытая диалоговая информационная система может быть использована в рутинной клинической практике при получении микробиологического заключения с данными определения чувствительности. Представленная система позволяет быстро перевести данные микробиологического заключения в машиночитаемый формат и провести комплексную оценку результатов определения чувствительности, а также может быть использована для поиска терапевтических альтернатив и рационального выбора этиотропной терапии инфекций.

ВОЛОШИНА О.А., КУРЕННАЯ Л.Ю., ИСПЕРЯН В.К.

25. МОНИТОРИНГ КАРБАПЕНЕМАЗОПРОДУЦИРУЮЩИХ ШТАММОВ С ПОМОЩЬЮ ИММУНОХРОМАТОГРАФИЧЕСКИХ ТЕСТОВ

ГБУ РО Клинико-диагностический центр «Здоровье», Ростов-на-Дону, Россия

Цель. Провести мониторинг карбапенемазопродуцирующих штаммов с помощью иммунохроматографических тестов в клинических образцах.

Материалы и методы. В анализ были включены изоляты, выделенные из клинического материала (моча, бронхоальвеолярный лаваж, кровь). Видовую идентификацию бактерий осуществляли с помощью MALDI-TOF масс-спектрометрии (Bruker, Германия). Определение продукции карбапенемаз у нечувствительных к карбапенемам штаммов проводили с помощью иммунохроматографических (ИХА) тестов «NG-Test CARBA5».

Результаты. Из 72 культур, устойчивых к карбапенемам, карбапенемазы были обнаружены у 57 штаммов (79%), в 51% карбапенемазы выявляли у K. pneumoniae. Из них 28% были представлены карбапенемазами типа OXA, 12% – NDM, 11% – KPC. У 8% штаммов *E. coli* также присутствовали карбапенемазы типа KPC и NDM. У одного из 9 штаммов *P. aeruginosa* обнаружили карбапенемазу типа VIM. Одновременная продукция нескольких типов карбапенемаз присутствовала у штаммов *K. pneumoniae* – OXA + NDM в 13% и OXA + KPC в 1,4%. Кроме того, в 2,8% случаев были выявлены сочетание генов KPC + NDM у штаммов *K. pneumoniae* и *E. coli*. В одном образце было обнаружено наличие сразу двух штаммов энтеробактерий, имеющих карбапенемазы типа OXA + NDM (*K. pneumoniae*) и OXA (*P. mirabilis*). Из 79% энтеробактерий, продуцирующих карбапенемазы 43% имели карбапенемазы типа OXA и 31% NDM типа. В 21% случаев карбапенемазы обнаружить не удалось.

Выводы. В большинстве случаев продукция карбапенемаз была выявлена у *K. pneumoniae*. Преобладающим типом карбапенемаз, продуцируемых данным видом, являлись карбапенемазы типа OXA, а также их сочетанная продукция, представленная типами OXA + NDM, OXA + KPC и KPC + NDM. Кроме того, у штаммов *E. coli* также присутствовали карбапенемазы типа KPC, NDM и их сочетание. Таким образом, детекция, карбапенемаз с помощью ИХА тестов является эффективным и быстрым методом определения резистентности к антибиотикам с целью своевременного назначения рациональной антибактериальной терапии. Однако неполный набор карбапенемаз в данных тестах не позволяет в полной мере провести мониторинг резистентности к карбапенемам, что требует дополнительного использования молекулярно-генетических методов диагностики.

ВОРОПАЕВ А.Д., ЕРЕЩЕНКО К.О., МАРКОВА Ж.В., КОЖУШНАЯ О.С., СОЛОПОВА Г.Г.

26. ОПРЕДЕЛЕНИЕ ЭФФЕКТИВНОСТИ ИММУНОХРОМАТОГРАФИЧЕСКОГО ЭКСПРЕСС-ТЕСТА NG-TEST CARBA 5 И МИКРОБИОЛОГИЧЕСКОГО АНАЛИЗАТОРА BD PHOENIX ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ КАРБАПЕНЕМАЗ У ГРАМОТРИЦАТЕЛЬНЫХ БАКТЕРИЙ

ФГБУ «НМИЦ детской гематологии, онкологии и иммунологии им. Дмитрия Рогачева» Минздрава России, Москва, Россия

Цель. Оценить эффективность иммунохроматографического экспресс-теста NG-Test CARBA 5 и микробиологического анализатора BD Phoenix для выявления карбапенемаз у штаммов грамотрицательных бактерий, выделенных у пациентов НМИЦ ДГОИ им. Д. Рогачева.

Материалы и методы. В исследование включено 54 штамма грамотрицательных бактерий: 40 штаммов *K. pneumoniae* и 1 – *K. oxytoca,* 2 штамма *E. coli,* 1 штамм *E. asburiae,* а также 10 штаммов *Pseudomonas* spp.: 7 *P. aeruginosa* и 3 *P. putida*. 7 штаммов *K. pneumoniae* продуцировали карбапенемазу KPC, еще 3 штамма – одновременно KPC и NDM, 7 – OXA-48, 4 – NDM, 4 – NDM и OXA-48. 1 штамм *E. coli* был продуцентом NDM. VIM продуцировали 3 штамма *P. aeruginosa,* IMP – 1 штамм

P. putida, еще 1 штамм *P. putida* – NDM. 15 штаммов *K. pneumoniae*, 1 – *K. oxytoca,* 1 – *E. coli,* 1 – *E. asburiae,* а также 4 – *P. aeruginosa* и 1 *P. putida* не продуцировали карбапенемаз. Выявление карбапенемаз производилось иммунохроматографическим методом с помощью теста NG-Test CARBA 5, при помощи микробиологического анализатора BD Phoenix M50 (панель NMIC-505), а также с помощью ПРЦ-РВ тест-систем АмплиСенс MDR MLB-FL, MDR KPC/OXA-48-FL (ЦНИИ эпидемиологии, Россия) в качестве референтного метода.

Результаты. В отношении исследованных штаммов чувствительность и специфичность тест-системы NG-Test CARBA 5 составили 100% для всех типов карбапенемаз, результаты полностью совпали с генетическими исследованиями. Для BD Phoenix показатели разнились среди типов карбапенемаз: для класса A чувствительность и специфичность составили 70% и 72,9%, для класса B – 58,8% и 56,76%, для класса D – 91,7% и 71,4% соответственно. При этом в целом в отношении всех карбапенемаз чувствительность составила 84,4%, специфичность – 54,5%.

Выводы. Тест-система NG-Test CARBA 5 обладает высокой чувствительностью и специфичностью для выявления пяти основных типов карбапенемаз у грамотрицательных бактерий, в то время как BD Phoenix – относительно высокой чувствительностью и низкой специфичностью. Таким образом, иммунохроматографический метод допустимо использовать для выявления продукции карбапенемаз наравне с ПЦР-РВ, а BD Phoenix – только с последующим подтверждением более специфичными методами.

ГАЛЁМИНА В.Д.[1,2], СТРЕКАЛОВСКАЯ Е.И.[1,2], ИВАНОВА А.А.[2], ПОЗДНЯКОВ А.С.[2]

27. АНАЛИЗ ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ МИКРООРГАНИЗМОВ К НОВОМУ ПОЛИМЕРНОМУ НАНОКОМПОЗИТУ

[1] *ФГБОУ ВО «Иркутский государственный университет», Иркутск, Россия*
[2] *ФГБУН «Иркутский институт химии им. А.Е. Фаворского СО РАН», Иркутск, Россия*

Цель. Изучить действие наночастиц селена, инкапсулированных в матрицу гидрофильного сополимера 1-винил-1,2,4-триазола с N-винилпирролидоном в отношении некоторых микроорганизмов.

Материалы и методы. В данной исследовательской работе водные дисперсии селенсодержащего водорастворимого нанокомпозита (HKSe) на основе сополимера 1-винил-1,2,4-триазола с N-винилпирролидоном (соотношение ВТ:ВП = 60:40, Mw = 94,7КДа, Mw/Mn 1,9) были протестированы на антимикробную активность методом «колодцев» против 7 тест-культур *(Escherichia coli*, *Micrococcus lutes*, *Bacillus subtilis*, *Bacillus megaterium*, *Pseudomonas putida*, *Sarcina flava*, *Staphylococcus aureus)*, все культуры взяты из коллекции микробиологического музея ИГУ, источник выделения: объекты окружающей среды (вода, почва, воздух) подвергающиеся антропогенной нагрузке. Инокулировали бактериальную суспензию с помощью тампона, предварительно смоченного в микробной суспензии (0,5 по стандарту мутности МакФарланда). HKSe исследовали в 8 концентрациях (0,23; 0,46; 0,91; 1,81; 3,63; 7,25; 14,5; 29 мг/мл). Установлено, что наночастицы селена имели сферическую форму диаметром 10–115 нм с преобладающей фракцией 25–40 нм.

Результаты. Все культуры, за исключением *M. luteus, S. flava, B. megaterium*, проявляли 100% устойчивость ко всем исследованным разведениям HKSe. Микрококки и сарцины широко распространены в окружающей среде (почва, воздух, пыль и др.), они считаются частью нормальной микрофлоры человека и животных и только при определенных условиях (иммуносупрессия индивидуума, проникновение в кровоток) способны вызывать определенные патологии, а также могут быть причиной оппортунистических инфекций. В свою *очередь B. megaterium* – продуцент антибактериальных веществ и иммуномодуляторов, что позволяет его использовать как пробиотический штамм. *M. luteus* продемонстрировал чувствительность, выражающуюся в снижении задержки роста вокруг лунок, диаметром от 10 до 14 мм. Максимальные зоны задержки роста отмечались в двух концентрациях (29 и 14,5 мг/мл) раствора и составляли 14 и 13 мм соответственно. При концентрации HKSe 7,25 мг/мл подавление роста тест-штамма несколько снижалось до 10 мм. В последующих концентрациях от 0,23 до 3,63 мг/мл не отмечалось подавления роста. *B. megaterium* проявлял чувствительность к HKSe (29 мг/мл – 10 мм, 14,5 мг/мл – 9 мм, 7,25 мг/мл – 7 мм). *S. flava* при 29 мг/мл имела задержку роста в 16 мм. При этом полимерная матрица сама по себе не проявляла какого-либо антибактериального эффекта на исследуемые тест-штаммы.

Выводы. Чувствительными к исследованным концентрациям нанокомпозита оказались только *M. luteus, B. megaterium, S. flava*. Максимальная зона задержки роста составила 14 мм при концентрации HKSe 29 мг/мл. В дальнейшем требуется продолжение исследования механизма антимикробного влияния HKSe в иных концентрациях, в том числе для определения минимальной ингибирующей концентрации. Проведенные исследования могут быть положены в основу создания новых эффективных антимикробных препаратов как медицинского, так и сельскохозяйственного назначения.

ГАЛЬВИДИС И.А.[1], СУРОВОЙ Ю.А.[2], ЦАРЕНКО Ю.А.[3], СОБОЛЕВ П.Д.[4], МОЩЕВА А.Г.[1], БУРКИН М.А.[1]

28. ИССЛЕДОВАНИЕ ФАРМАКОКИНЕТИКИ ЭРАВАЦИКЛИНА С ПОМОЩЬЮ НОВОГО ИММУНОАНАЛИЗА

[1] ФГБНУ «НИИ вакцин и сывороток им И.И. Мечникова», Москва, Россия
[2] Больница колледжа Лондонского университета, Лондон, Великобритания
[3] Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия
[4] ООО «Экзактэ Лабс», Москва, Россия

Цель. Создание иммуноферментного анализа эравациклина (ЭРА) – нового фторсодержащего тетрациклина и его применение для исследования фармакокинетики в сыворотке человека и лабораторных животных.

Материалы и методы. Анализ ЭРА выполняли в непрямом конкурентном иммуноферментном анализе (ИФА). Адекватность количественного определения антибиотика в сыворотке крови человека и животных оценивали методом введено/найдено и подтверждали ВЭЖХ-МС/МС. Для фармакокинетического анализа трем кроликам внутривенно однократно вводили ЭРА в дозе 0,5 мг/кг. Забор крови у животных осуществляли до введения препарата и в течение 24 ч.

Результаты. Получены антитела на конъюгаты антибиотика с белковым носителем. Разработан специфичный иммуноанализ для определения ЭРА с чувствительностью (IC_{50}) 3,3 нг/мл, пределом обнаружения 0,09 нг/мл и диапазоном измерения 0,27–54 нг/мл. Для контроля точности измерения препарата было проведено сравнительное исследование определения заранее известной концентрации препарата. Образцы сыворотки крови кроликов и сыворотки крови здоровых добровольцев обогащали серией концентраций ЭРА, инкубировали в течение 1 ч. при 37°C и анализировали двумя методами ИФА и ВЭЖХ-МС/МС. Выявление ЭРА в клинически значимом диапазоне концентраций 0,1–3,0 мг/л из сыворотки крови кроликов и человека составило 85–105% и показало соответствие между двумя методами ($R2$ = 0.997). Метод использован для количественного определения концентрации ЭРА в пилотном исследовании фармакокинетики на кроликах породы советская шиншилла. Максимальная концентрация ЭРА в сыворотке крови была определена через 15 мин., среднее значение составило 1,3 мг/л. Средняя экспозиция, выраженная в виде площади под кривой концентрации с течением времени ($AUC_{0–24\ ч.}$), составила 4,1 мг × ч/л. Средний объем распределения и клиренс достигали 0,81 л/кг и 0,11 л/ч/кг соответственно. При нагрузочной дозе 0,5 мг/кг ЭРА выводился из крови в течение 24 ч.

Выводы. Впервые разработан ИФА для количественного определения ЭРА в сыворотке человека и лабораторных животных. Полученные результаты подтвердили применимость разработанного метода для исследования фармакокинетики на животных моделях.

ГЕОРГИЕВА К.С.[1,2], ПАВЛОВА С.И.[1], ДУБОВА А.В.[1,2], БАБОКИН В.Е.[1,2], ЖУЧКОВА С.М.[1]

29. РЕЗУЛЬТАТЫ МОНИТОРИНГА НЕЖЕЛАТЕЛЬНЫХ ЛЕКАРСТВЕННЫХ РЕАКЦИЙ НА АНТИМИКРОБНЫЕ ПРЕПАРАТЫ В КАРДИОЛОГИЧЕСКОМ ДИСПАНСЕРЕ ЧУВАШСКОЙ РЕСПУБЛИКИ

[1] ФГБОУ ВО «Чувашский государственный университет им. И.Н. Ульянова, Чебоксары, Россия
[2] БУ «Республиканский кардиологический диспансер», Чебоксары, Россия

Цель. Проанализировать структуру извещений о развитии НПР при применении антибактериальных препаратов (АБП) в РКД за 2023 г.

Материалы и методы. Проведен анализ спонтанных сообщений, поданных РКД и зарегистрированных в Автоматизированной информационной системе «Фармаконадзор 2,0» Росздравнадзора за 2023 г.

Результаты. В 2023 г. в РКД было зарегистрировано 121 извещение о НПР, тогда как за период с 2020 по 2022 г. количество сообщений составляло 10, 8 и 6 соответственно. Для определения причинно-следственной связи между лекарственным препаратом и НПР применялась шкала Наранжо. В большинстве случаев была установлена вероятная связь, все НПР были внесены в АИС «Фармаконадзор 2,0» согласно установленным временным срокам. Средний возраст пациентов составил 69,7 ± 12,5 лет, НПР чаще отмечались у мужского пола 67,6% (n = 26). В структуре НПР за 2023 г. доля сообщений на АБП составила 30,6% (n = 37). В общей структуре преобладали НПР на бета-лактамные антибиотики – 54% (n = 20), из них большая часть приходилась на цефалоспорины (ЦС) (40,5%) и карбапенемы – (10,8%). Извещения на фторхинолоны составляли 8,1%. Были зарегистрированы 2 случая НПР при применении комбинаций сульбактам-защищенных ЦС с аминогликозидами, характеризовавшиеся нарастанием печёночных трансаминаз. В общей структуре преобладали НПР типа B – 64,9%, НПР типа A встречались в 35,1% случаев. Из общего числа НПР 89,2% были определены как «серьезные события», из которых 5,4% оценивались как «угроза жизни», 83,8% относились к «клинически значимым событиям». Летальных исходов от применения АБП зарегистрировано не было. Случаев терапевтической неэффективности также не отмечено.

Выводы. Количество сообщений о развитии НПР в РКД в 2023 г. значимо возросло, что, вероятно, связано с повышением осведомленности медицинского персонала о значимости, целях и принципах фармаконадзора. Были проанализированы наиболее «проблемные» группы АБП, приводящие к развитию НПР, чаще всего отмечались НПР типа B. Проведенный анализ свидетельствует об актуальности дальнейшей работы по выявлению и предупреждению развития НПР у пациентов кардиологического диспансера, особенно с учетом их коморбидности.

ГОЛУБ М.А.[1], ЭЙДЕЛЬШТЕЙН И.А.[2], КИРПАНЕВА В.В.[3], ИВАНОВА О.В.[4], ДАНИЛОВА Г.В.[1]

30. ИССЛЕДОВАНИЕ РАСПРОСТРАНЕННОСТИ КАНДИДОЗНОГО СТОМАТИТА ПРИ НАЛИЧИИ ИЛИ ОТСУТСТВИИ КЛИНИЧЕСКИХ ПРОЯВЛЕНИЙ ИНФЕКЦИИ В РОТОВОЙ ПОЛОСТИ МЕТОДОМ ПЦР

[1] ФГБОУ ВО «Смоленский государственный медицинский университет» Минздрава России, Смоленск, Россия
[2] НИИ антимикробной химиотерапии ФГБОУ ВО СГМУ Минздрава России, Смоленск, Россия
[3] Центр стоматологии доктора Латышева, Смоленск, Россия
[4] Филиал № 4 ФГКУ «1586 военный клинический госпиталь» Минобороны России, Смоленск, Россия

Цель. Проанализировать распространённость кандидоза полости рта при наличии и отсутствии явных клинических проявлений инфекции с использованием метода ПЦР, определить видовой состав грибов рода *Candida*.

Материалы и методы. В исследуемую группу было включено 22 пациента (возрастной категории от 18 лет и старше) с подозрением на кандидоз полости рта из трёх клинических центров города Смоленска. На каждого пациента заполнена индивидуальная регистрационная карта (ИРК). Взятие биоматериала проводилось со слизистых оболочек полости рта в «Транспортную среду с муколитиком» (ЦНИИ эпидемиологии, Россия). Для выделения ДНК использовали «ДНК-сорб-АМ» (ЦНИИ эпидемиологии, Россия), для оценки микрофлоры – АмплиСенс® «*C. albicans*/*C. glabrata*/*C. krusei*-МУЛЬТИПРАЙМ-FL» (ЦНИИ эпидемиологии, Россия).

Результаты. Из 22 проб у 45,5% (10/22) в клиническом материале обнаружены грибы рода *Candida*. У пациентов возрастной группы 40–50 лет наблюдались явные клинические проявления инфекции; при взятии мазков у группы 18–25 лет при отсутствии видимых клинических проявлений наблюдалось изменение цвета транспортной среды с розовой на желтую вследствие изменения pH раствора. У пациентов выявляли *C. albicans* – 80% (8/10) и *C. krusei* (*P. kudriavzevii*) – 20% (2/10). На основании анализа ИРК были выявлены предрасполагающие к развитию инфекции факторы: приём лекарственных препаратов, наличие сопутствующих заболеваний, ношение ортопедических конструкций.

Выводы. В ходе исследования было выделено две группы пациентов с подозрением на кандидозный стоматит: 1 – с явными клиническими проявлениями инфекции; 2 – без явных проявлений инфекции; изменение цвета транспортной среды служило дополнительным диагностическим фактором для обследования. В первой группе микроорганизмы выявлены в 26,7% (4/15) случаев и представлены *C. albicans*, во второй обнаружены в 100% (7/7): *C. albicans* – 71,4% (5/7), *C. krusei* – 28,6% (2/7).

ГОРБАЧЕВА А.А., НИ О.Г.

31. РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ ПАНРЕЗИСТЕНТНЫХ ЭНТЕРОКОККОВ В МНОГОПРОФИЛЬНОМ СТАЦИОНАРЕ ПО РЕЗУЛЬТАТАМ ДВЕНАДЦАТИМЕСЯЧНОГО МОНИТОРИНГА

ГБУЗ «ММКЦ «Коммунарка» ДЗМ», Москва, Россия

Цель. Оценить динамику распространения *пан-R* энтерококков в различных отделениях многопрофильного стационара в течение 12 мес. и их клиническую значимость.

Материалы и методы. Ретроспективное эпидемиологическое исследование данных из лабораторной информационной системы «Алиса» (n = 12067); медицинской документации пациентов с выявленными *пан-R* энтерококками (n = 124) в ГБУЗ ММКЦ «Коммунарка» ДЗМ. Исследуемый период с 01.09.2022 по 31.12.2023.

Результаты. Всего за исследуемый период *E. faecalis* и *E. faecium* были обнаружены в 48% образцов (5789/12067). Из них *VRE* встречались в 15,9% (n = 918) и были представлены *E. faecium* – 92,2%, *E. faecalis* – 7,8%. *Пан-R* энтерококки обнаруживались в 2,1% (n = 124) и в 100% случаев были представлены *E. faecium*. Первые случаи выявления *пан-R* энтерококков были зафиксированы в сентябре 2022 г. (n = 9, ОРИТ), следующие эпизоды – в январе (n = 2, ОРИТ), в феврале и марте (n = 7) – гематология, химиотерапия, ОРИТ. В исследуемой популяции *пан-R E. faecium* чаще всего обнаруживался в ректальном мазке (38,7%), мазке из ротоглотки (20,2%), моче (19,3%), реже в пунктате из легкого (7,3%), раневом отделяемом (4%), крови (3,2%) и прочих образцах (7,3%). Чаще *пан-R* энтерококки обнаруживались у мужчин (52,3%). Средний возраст составил 58,2 ± 13,3 лет (21–89 лет). Средний койко-день на момент обнаружения составил 12,2 ± 12,4 дня (1–40 дней). Анализ историй болезни показал, что лишь 8,9% случаев обнаружения *пан-R E. faecium* были расценены как клинически значимые, что повлекло изменение тактики антибактериальной терапии.

Выводы. В ММКЦ «Коммунарка» ДЗМ отделениями с наибольшим риском выявления резистентных энтерококков являются отделения гематологии, химиотерапии и ОРИТ. Большая часть случаев обнаружения *пан-R E. faecium* расценивалась как колонизация, не требовавшая назначения специализированной антибактериальной терапии. Однако потенциально распространение *пан-R E. faecium* представляет серьезную угрозу, особенно для пациентов с онкогематологическими заболеваниями. Для предотвращения распространения устойчивых энтерококков необходима разработка и проведение дополнительного комплекса противоэпидемических мероприятий.

ГОРДИНА Е.М., БОЖКОВА С.А., ЕРУЗИН А.А.

32. АНТИСТАФИЛОКОККОВАЯ АКТИВНОСТЬ ПОКРЫТИЙ С ОКСИДАМИ СЕРЕБРА И ЦИНКА НА ПОВЕРХНОСТИ НЕТКАНОГО МАТЕРИАЛА

ФГБУ «НМИЦ травматологии и ортопедии им. Р.Р. Вредена» Минздрава России, Санкт-Петербург, Россия

Цель. Оценить антибактериальное действие покрытия с комплексом ZnO/AgO на поверхности нетканого материала в отношении *Staphylococcus aureus*.

Материалы и методы. Покрытия содержали ZnO/AgO (брутто-формула с соотношениями компонентов в оксидах, где количество кислорода и металлов переменное). Пленки оксидов осаждали в вакууме на медицинский нетканый материал (спанлейс, 40 г/м^2) методом дугового ионно-плазменного распыления металлической мишени. Идентификацию *S. aureus* выполняли методом MALDI-TOF-MS, антибиотикочувствительность – в соответствии с EUCAST v.14. Тестировали 10 метициллиночувствительных штаммов (MSSA) и 10 метициллинорезистентных *S. aureus* (MRSA). На образцы с покрытием (1 см^2) наносили 50 мкл бактериальной суспензии 0,5 по McF, отрицательный контроль – образцы без покрытия и 50 мкл бактериальной суспензии. Через час инкубации при 22°C образец погружали в 3 мл среды LB, положительный контроль – LB и 50 мкл взвеси бактерий. Пробирки инкубировали при 37°C и через сутки измеряли оптическую плотность (ОП) при 600 нм. Результаты проанализированы в GraphPad Prism 9.0. Образцы считали активными при наличии статистически значимого различия между значениями ОП инкубационных сред с тестируемыми образцами и контролем. Также выполнена оценка возможных изменений активности образцов после стерилизации.

Результаты. Покрытия с оксидами серебра и цинка на поверхности медицинского нетканого материала продемонстрировали выраженную антистафилококковую активность, вне зависимости от чувствительности *S. aureus* к антибиотикам. Так, среднее значение ОП контрольных инкубационных сред без образцов составило для MSSA – 0,546 ± 0,042, в опытных в присутствии образцов с комплексом ZnO/AgO – 0,148 ± 0,021 (p = 0,019); для MRSA – 0,405 ± 0,009 в контрольных пробирках и 0,124 ± 0,03 – в опытных (p < 0,0001). Также показано, что процесс низкотемпературной плазменной стерилизации не снижал активность образцов и данный метод может быть использован на предварительном этапе подготовки материала.

Выводы. Восприимчивость *S. aureus* к действию полученных покрытий не зависела от антибиотикопрофиля штамма. Установленная эффективность полученных покрытий в отношении *S. aureus* и сохранение антибактериальной активности в ходе стерилизации делают перспективным дальнейшие исследования комплекса ZnO/AgO в качестве покрытия перевязочного материала.

ГОРДИНСКАЯ Н.А., БОРИСКИНА Е.В., ШКУРКИНА И.С.

33. УСТОЙЧИВОСТЬ К КАРБАПЕНЕМАМ И ПРОДУКЦИЯ КАРБАПЕНЕМАЗ КЛИНИЧЕСКИМИ ИЗОЛЯТАМИ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE*

ФБУН «Нижегородский НИИ эпидемиологии и микробиологии им. акад. И.Н. Блохиной» Роспотребнадзора, Нижний Новгород, Россия

Цель. Анализ количества устойчивых к карбапенемам штаммов *Klebsiella pneumoniae* у пациентов медицинских стационаров различного профиля и определение продукции карбапенемаз.

Материалы и методы. Для анализа в ходе микробиологического мониторинга отобраны 164 изолята *K. pneumoniae*, выделенные за 2023 г. Почти половина изолятов (48,3%) *K. pneumoniae* выделены из мокроты, 26,2% – из раневого отделяемого, 16,4% – из мочи, остальные (9,1% в сумме) – из крови, ликвора и других биосубстратов. Видовая идентификация и антибиотикорезистентность бактерий проводились с использованием коммерческих наборов Энтеротест 24 и СенсиЛаТест Гр- (Erba Mannheim, Чехия). Молекулярную детекцию клинически значимых сериновых карбапенемаз групп KPC, OXA-48 и металло-бета-лактамаз групп IMP, VIM и NDM осуществляли методом ПЦР в режиме реального времени на приборе CFX-96 (Bio-Rad, США) с коммерческими наборами АмплиСенс «MDR KPC/OXA 48-FL» и «MDR MBL-FL» («АмплиСенс», Россия). Категории чувствительности изолятов к антимикробным препаратам определяли на основании диаметра зоны задержки роста бактерий вокруг диска с антимикробным препаратом или значений МПК, установленных клиническими рекомендациями EUCAST «Определение чувствительности микроорганизмов к антимикробным препаратам», версия 2024-14.

Результаты. Результаты оценки фенотипа антибиотикорезистентности показали, что половина (50,1%) анализируемых *K. pneumoniae* устойчивы к карбапенемам, при этом, к имипенему – 32,3%, меропенему – 41,4%, дорипенему – 48,7%, эртапенему – 78,0% штаммов. Молекулярные исследования подтвердили наличие карбапенемаз группы OXA-48 у 47 штаммов (28,7%) *K. pneumoniae*, группы KPC – у 27 (16,4%). Продуцентов металло-бета-лактамаз среди *K. pneumoniae* обнаружено не было. На фоне значительной резистентности к карбапенемам отмечена высокая активность цефтазидима/авибактама, только 49 изолятов *K. pneumoniae* (29,9%) проявляли устойчивость к препарату.

Выводы. Таким образом, молекулярная детекция бета-лактамаз у фенотипически устойчивых к карбапенемам штаммов *K. pneumoniae* дает возможность рационального назначения антибактериальной терапии.

ГОРОДНИЧЕВ Р.Б., МАЛАХОВА М.В., КОРНИЕНКО М.А., ШИТИКОВ Е.А.

34. ОЦЕНКА ИЗМЕНЕНИЯ ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ ШТАММОВ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* К ВИРУЛЕНТНЫМ БАКТЕРИОФАГАМ В ПЕРИОД С 2019 ПО 2023 Г.

ФГБУ «ФНКЦ физико-химической медицины им. акад. Ю.М. Лопухина ФМБА», Москва, Россия

Цель. Оценить изменение чувствительности штаммов *Klebsiella pneumoniae* к коммерческим препаратам бактериофагов и капсулоспецифичным монофагам.

Материалы и методы. Штаммы *K. pneumoniae* (n = 367) были изолированы в 6 медицинских учреждениях Москвы и Санкт-Петербурга и охарактеризованы по типу капсулы методом секвенирования гена wzi. Были использованы коммерческие препараты: Пиобактериофаг поливалентный очищенный (серия У23) и Бактериофаг клебсиелл поливалентный очищенный (серия У19), произведённые НПО «Микроген». В качестве монофагов использовали капсуло-специфичные фаги *K. pneumoniae* разных семейств. Чувствительность штаммов к фагам определяли методом спот-тестирования.

Результаты. Штаммы *K. pneumoniae* относились к 33 капсульным типам, причем представители семи из них (KL2, KL20, KL23, KL39, KL64, KL102, KL107) составляли 70% всех штаммов коллекции. Штаммы капсульных типов KL2, KL23, KL39, KL64 и KL107 присутствовали в пуле изолятов на протяжении всех лет наблюдений, а штаммы капсульных типов KL102, KL20, KL24, KL25, KL3, KL47, KL57, KL62, KL63 выделялись большую часть наблюдаемого периода. Эффективность коммерческих препаратов на штаммах 2019–2022 гг. была стабильна и составляла 51,5–52,2% для У19 и 41,3–48,1% для У23, снижаясь до 36,7–38,2% на штаммах 2023 г. Эффективность для всей коллекции составила 49,3% для У19 и 44,1% для У23. Наименьшую эффективность коктейли продемонстрировали против штаммов с капсульным типом KL20, KL23, KL24, KL102 и KL107. Эффективность монофагов против штаммов с капсульным типом KL2, KL23, KL39, KL64 и KL107 в большинстве случаев была стабильно выше 75%, за исключением штаммов с капсульным типом KL64 2021 г., на которых эффективность упала до 53,8% и 2022 г., которые были полностью устойчивы к монофагу, а также капсульным типом KL23, на которых эффективность в 2021 и 2022 г. упала до 33,3% и 43,3% соответственно.

Выводы. Проведенное исследование установило, что изменение эффективности препаратов связано с постепенным изменением репертуара циркулирующих штаммов, а не с приобретением штаммами систем защиты от инфекции бактериофагами.

Исследование выполнено в рамках государственного задания «Бактериофаг-2», номер государственного учета НИОКТР 122022800139-0.

ГУЛЬТЯЕВА Н.А.

35. ВЛИЯНИЕ ВНЕДРЕНИЯ ПРОТОКОЛОВ АНТИМИКРОБНОЙ ТЕРАПИИ И АДМИНИСТРАТИВНЫХ МЕР НА СТРУКТУРУ ПОТРЕБЛЕНИЯ АНТИБАКТЕРИАЛЬНЫХ ПРЕПАРАТОВ В МНОГОПРОФИЛЬНОМ СТАЦИОНАРЕ

ФГАУ «НМИЦ лечебно-реабилитационный центр» Минздрава России, Москва, Россия

Цель. Оценить влияние протоколов антимикробной терапии (АМТ) в сочетании с административными мерами в рамках внедрения программы управления АМТ в многопрофильном стационаре на изменение паттерна поведения при назначении антибактериальных препаратов (АБП) и оптимизацию их потребления.

Материалы и методы. С июля 2023 г. в ФГАУ «НМИЦ ЛРЦ» Минздрава России внедрены компоненты программы управления АМТ в виде утверждения протокола эмпирической АМТ, протокола периоперационной антибиотикопрофилактики (ПАП), формуляра АБП, а также ряда рестриктивных мер, ограничивающих доступ специалистам нереанимационных отделений к АБП, предназначенным для лечения НИ. В качестве мер дополнительного контроля введены «Лист антимикробной терапии», выполняющий роль документа предодобрения АМТ, и чек-лист ПАП с ограничением сроков проведения профилактики. В начале 2024 г. проведена сравнительная оценка потребления АБП между 2022 и 2023 г. по ATC/DDD-методологии.

Результаты. Согласно полученным данным, за 5 мес. существования описанных мер значимо изменилась годовая структура потребления АБП стационарными отделениями. Так, потребление ципрофлоксацина упало с 4,98 до 0,41, цефтриаксона с 3,04 до 1,56, амикацина с 6,31 до 2,7, метронидазола с 3,04 до 0,9, амоксициллина/клавуланата с 3,34 до 1,39 в выражении в NDDD/100 койко-дней. Однако при этом выросла значимость таких АБП, как цефоперазон/сульбактам (0,51 и 0,96), меропенем (0,68 и 1), имипенем/циластатин (0,04 и 0,19), ванкомицин (0,43 и 0,71) и полимиксин B (0,065 и 0,35). И если сокращение применения перечисленных в первой группе АБП больше обусловлено приведением к единому локальному стандарту схем и сроков ПАП в зависимости от локуса вмешательства, то рост обоснованного потребления АБП для терапии НИ согласуется с мировыми тенденциями распространения АМР.

Выводы. Таким образом, внедрение локальных протоколов по применению АБП для лечения НИ и в профилактических целях, подкрепленное административными мерами поддержки и контроля, в краткосрочной перспективе способно внести изменения в локальную культуру назначения АБП, что находит свое отражение в структуре их потребления. Для лучшего результата составление протоколов должно основываться на надежных локальных эпидемиологических данных.

ДМИТРИЕВА Н.В., МАВЛЯВИЕВА Э.Р., МИРИЛАШВИЛИ Т.Ш., САЛИМОВ К.А., МОСКАЛЕВА Н.В.

36. СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ЧАСТОТЫ ВЫДЕЛЕНИЯ И РЕЗИСТЕНТНОСТИ К АНТИБИОТИКАМ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* И *ACINETOBACTER BAUMANNII*, ВЫДЕЛЕННЫХ ОТ БОЛЬНЫХ ОТДЕЛЕНИЯ РЕАНИМАЦИИ И ИНТЕНСИВНОЙ ТЕРАПИИ ДЛЯ БОЛЬНЫХ С ОСТРЫМ НАРУШЕНИЕМ МОЗГОВОГО КРОВООБРАЩЕНИЯ

ГБУЗ «ГКБ им. А.К. Ерамишанцева ДЗМ», Москва, Россия

Цель. Провести анализ частоты выделения (ЧВ) и резистентности к антибиотикам *K. pneumoniae* и *A. baumannii* в периоды 2022 и 2023 г. для эмпирической терапии в отделении реанимации и интенсивной терапии (ОРИТ) для больных с острым нарушением мозгового кровообращения (ОНМК).

Материалы и методы. Проанализировано 186 (10,8%) и 159 (15,2%) штаммов *A. baumannii*, выделенных в 2022 и 2023 г. соответственно, а также 338 (19,6%) и 207 (19,7%) *K. pneumoniae*, выделенных в эти же годы из различных патологических материалов от больных в ОРИТ ОНМК. Повторно выделенные микроорганизмы от одного и того же больного были исключены из исследования. Проанализировано количество резистентных штаммов к ампициллину/сульбактаму, меропенему, колистину и тигециклину. Идентификацию и определение чувствительности проводили на автоматических микробиологических системах. Статистическую обработку данных проводили в программе medstatistic.ru.

Результаты. Отмечено нарастание ЧВ *A. baumannii* в 2023 г.: ЧВ составила 10,8% в 2022 г. и 15,2% в 2023 г. (p = 0,004). ЧВ *K. pneumoniae* за эти периоды не изменилась: 19,7% и 19,6% (p > 0,05) в 2022 и 2023 г. соответственно. В оба периода времени ЧВ *K. pneumoniae* была достоверно выше, чем ЧВ *A. baumannii:* 10,8% против 19,7% и 15,2% против 19,6% (p < 0,001/0,05). Количество резистентных штаммов *A. baumannii* к ампициллину/сульбактаму увеличилось с 29% до 47% (p = 0,046), к меропенему – 93% и 95% (p > 0,05), к тигециклину увеличилось с 4% до 36% (p < 0,001), к колистину 0% и 8% (p > 0,05) в 2022 и 2023 г. соответственно. Число резистентных штаммов *K. pneumoniae* не изменилось – к ампициллину/сульбактаму составило 93% и 94% (p > 0,05), к меропенему – 79% и 89% (p > 0,05), к тигециклину – 3% и 2% (p > 0,05), к колистину 0% и 4% (p > 0,05) в 2022 и 2023 г. соответственно. МИК меропенема для обоих возбудителей ни в одном случае не превышала 8 мкг/мл. При анализе 5 штаммов *K. pneumoniae*, полученных из крови, были выделены сериновые бета-лактамазы KPC во всех случаях, металло-бета-лактамазы NDM – в 2случаях. Карбапенемазы OXA-48 выявлены не были.

Выводы. В ОРИТ ОНМК отмечено достоверное нарастание количества *A. baumannii* в 2023 г. до 15,2%. Частота выделения *K. pneumoniae* не изменялась, оставаясь на уровне до 20%. При этом, ЧВ *K. pneumoniae* достоверно превышала ЧВ *A. baumannii* в оба периода времени. Сохраняется низкое количество резистентных штаммов к тигециклину и колистину, что делает их препаратами выбора при эмпирической терапии. Почти все выделенные штаммы были резистентными к меропенему, однако МИК 8 мкг/мл позволяет использовать его в комбинации с другими препаратами.

ЕЛИСТРАТОВ Н.Д.[1], САФОНОВА К.А.[2], НОВИКОВА П.И.[1], ВЛАДИМИРОВА Э.И.[1], ШИХКЕРИМОВА К.Ф.[1], ДЕХНИЧ Н.Н.[1], ПУНИН А.А.[1]

37. ПРОГНОСТИЧЕСКАЯ ЦЕННОСТЬ ЛАБОРАТОРНЫХ ПОКАЗАТЕЛЕЙ И ИНСТРУМЕНТАЛЬНЫХ ДАННЫХ У ПАЦИЕНТОВ С НОВОЙ КОРОНАВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИЕЙ

[1] ФГБОУ ВО «Смоленский государственный медицинский университет» Минздрава России, Смоленск, Россия
[2] ОГБУЗ «Клиническая больница № 1», Смоленск, Россия

Цель. Выявить прогностическую ценность оценки показателей биохимического анализа крови, коагулограммы и изменений в печени по данными УЗИ у пациентов с новой коронавирусной инфекцией (COVID-19).

Материалы и методы. В ретроспективное исследование включены медицинские карты стационарных больных 385 пациентов с подтвержденной новой коронавирусной инфекцией, поступивших в ОГБУЗ «КБ № 1» г. Смоленска летом 2021 г. Изучены показатели биохимического анализа крови (общий белок, С-реактивный белок, АЛТ, АСТ), коагулограммы (ПТИ, ПТВ, АЧТВ) и УЗИ органов брюшной полости в начале госпитализации, у выживших и умерших пациентов. Проведен сравнительный анализ при помощи значений *p* и расчет относительного риска.

Результаты. Средний возраст (СО) пациентов – 58,5 (15,8) лет, из них 196 женщин (50,9%). Смертность составила 21,6% (n = 83). Средний уровень общего белка у выживших пациентов – 73,4 (7,2) г/л, у умерших – 70,2 (8,4), p < 0,01. Медиана (IQR) С-реактивного белка у выживших пациентов – 42,3 (19,1–100,7) мг/л, у умерших – 77,7 (41,2–211,8), p < 0,01. Медиана АСТ у выживших пациентов – 49,8 (34,0–76,5) ед/л, у умерших – 67,4 (40,9–98,6), p = 0,02. Уровень АЛТ, значения ПТИ, ПТВ и АЧТВ у выживших и умерших пациентов значимо не различались. УЗИ органов брюшной полости проводилось у 265 пациентов, из них умерло 64 (24,2%). Изменения печени были распределены в 3 группы: 1) диффузные изменения, стеатоз; 2) гепатомегалия, портальная гипертензия; 3) ДЖВП, неоднородное содержимое желчного пузыря. При наличии диффузных изменений и/или стеатоза смертность пациентов составляла 27,6%, при отсутствии – 8,3%, p < 0,01. Расчет относительного риска (95% ДИ): общий белок ниже 60 г/л – 3,6 (2,5–5,2) , С-реактивный белок выше 50 мг/л – 2,2 (1,4–3,4), АСТ выше 70 ед/л – 2,0 (1,3–2,9), выявление диффузных изменений и/или стеатоза печени на УЗИ – 3,3 (1,3–8,7).

Выводы. Уровень общего белка менее 60 г/л, С-реактивного белка более 50 мг/л, АСТ выше 70 ед/л, выявление диффузных изменений и/или стеатоза печени на УЗИ при госпитализации в стационар являются прогностически неблагоприятным фактором летального исхода у пациентов с COVID-19.

ЖАМБОРОВА С.Х.[1,2], ХОАНГ ТХИ АЙ ВАН[3], МАКАРОВА М.А.[1,2]

38. РЕЗИСТЕНТНОСТЬ САЛЬМОНЕЛЛ К АНТИМИКРОБНЫМ ПРЕПАРАТАМ, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ ПИЩЕВЫХ ПРОДУКТОВ

[1] ФБУН «Санкт-Петербургский НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера» Роспотребнадзора, Санкт-Петербург, Россия
[2] ФГБОУ ВО «Северо-Западный государственный медицинский университет им. И.И. Мечникова» Минздрава России, Санкт-Петербург, Россия
[3] Институт Пастера, Нячанг, Вьетнам

Цель. Охарактеризовать чувствительность к антибиотикам штаммов *Salmonella* spp., выделенных из пищевых продуктов животного происхождения (говядины, свинины, мяса птиц).

Материалы и методы. Изучены 232 штамма *Salmonella* spp., выделенные в институте Пастера в Нячанге, Вьетнам. Чувствительность к 15 антимикробным препаратам (ампициллину, амоксициллину/клавуланату, цефтазидиму, цефотаксиму, цефепиму, меропенему, налидиксовой кислоте, пефлоксацину, стрептомицину, гентамицину, тобрамицину, амикацину, тетрациклину, хлорамфениколу, триметоприму/сульфаметоксазолу) изучали диско-диффузионным методом. МПК ципрофлоксацина – методом градиентной диффузии (Е-тест). Интерпретацию результатов проводили согласно клиническим рекомендациям «Определение чувствительности микроорганизмов к антимикробным препаратам», версия 2021-01.

Результаты. По суммарным данным ко всем тестируемым препаратам чувствительными были 62 штамма сальмонелл. Остальные характеризовались резистентностью хотя бы к одному АМП. У всех штаммов отмечена 100% чувствительность к меропенему. В группе бета-лактамных антибиотиков выявлена статистически значимая активность ингибиторозащищенного аминопенициллина, цефалоспоринов III–IV поколения и карбапенемов по сравнению с ампициллином ($p < 0,05$). Продукция бета-лактамаз расширенного спектра (БЛРС) была выявлена у 19,0% штаммов. Выявлено преимущество аминогликозидов III поколения (тобрамицин, амикацин) над I и II (стрептомицин, гентамицин). Клинически значимая резистентность к ципрофлоксацину – препарату выбора для лечения сальмонеллезов у людей, была выявлена у 85,3%, штаммов (МПК ⩾ 0,06 мг/л).

Выводы. Микробиологическая безопасность пищевых продуктов имеет приоритетное значение, влияющее на охрану здоровья населения во всех странах. Поскольку сальмонеллезы способны к широкому эпидемическому распространению, то контаминация пищевых продуктов животного происхождения штаммами *Salmonella* spp. представляют не только глобальную угрозу безопасности пищевых продуктов, но и причиной заражения человека. Инфицирование резистентными к антимикробным препаратам штаммами сальмонелл может приводить к неэффективности проводимой терапии. Полученные результаты свидетельствуют о необходимости постоянного мониторинга чувствительности и резистентности к антибиотикам штаммов *Salmonella* spp., контаминирующих пищевые продукты.

ЗАМАРИНА Т.В.[1,2], АЛЕКСЕЕВА В.В.[1,2], МЕРКУЛОВА С.В.[1], ЛЕГЛЕР М.В.[1], ДЕМЬЯНОВА О.Б.[1,2], ГРИШИНА М.А.[1,2], ПАНИНА А.А.[1,2]

39. ОЦЕНКА СПЕКТРА ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ К АНТИБАКТЕРИАЛЬНЫМ ПРЕПАРАТАМ ИЗОЛЯТОВ *STREPTOCOCCUS AGALACTIAE*, ВЫДЕЛЕННЫХ У ЖЕНЩИН РЕПРОДУКТИВНОГО ВОЗРАСТА НА ТЕРРИТОРИИ ВОЛГОГРАДСКОЙ ОБЛАСТИ

[1] ГУЗ «Консультативно-диагностическая поликлиника № 2», Волгоград, Россия
[2] ФГБОУ ВО «Волгоградский государственный медицинский университет» Минздрава России, Волгоград, Россия

Цель. Выявление спектра антибиотикочувствительности штаммов *S. agalactiae*, выделенных у женщин репродуктивного возраста на территории Волгоградской области в 2019–2023 гг.

Материалы и методы. Объектами исследования были штаммы *S. agalactiae*, выделенные от пациенток медицинских организаций амбулаторного профиля Волгоградской области за период 2019–2023 гг. Видовая идентификация проводилась с применением MALDI-TOF масс-спектрометрии (Bruker, Германия). Спектр антибиотикорезистентности определяли двумя способами: диско-диффузионным методом (ДДМ) с помощью анализатора ADAGIO (Bio-Rad, США) (интерпретацию проводили согласно критериям EUCAST) и на автоматическом анализаторе Vitek 2 (bioMerieux, Франция). На анализаторе Vitek 2 определяли чувствительность к карбапенемам, макролидам, пенициллинам, тетрациклинам, рифамицину, линкозамидам, аминогликозидам, гликопептидам, глицилциклинам, монобактамам, нитрофуранам, оксазолидинонам, хинупристину-дальфопристину, сульфаниламидам, ванкомицину, фторхинолонам, даптомицину, цефалоспоринам I, II, III, IV, V поколения. С использованием ДДМ определяли зоны задержки роста *S. agalactiae* при использовании дисков с линезолидом, ванкомицином, бензилпенициллином, норфлоксацином, клиндамицином.

Результаты. Бактериологическим методом было проанализировано 65373 образца отделяемого половых органов женщин репродуктивного возраста, из них у 3052 (4,6%) был выделен *S. agalactiae,* чувствительность к антимикробным препаратам была оценена у 2535 штаммов. При анализе активности фторхинолонов получены следующие результаты: чувствительными

(S) оказались 74% штаммов *S. agalactiae*, устойчивыми (R) – 6%, I – 20%. К карбапенемам чувствительными (S) оказались 98% штаммов *S. agalactiae*, устойчивыми (R) – 1,5%, I – 0,5%. Чувствительность выделенных штаммов к макролидам составила 65,4 %, к резистентным были отнесены 34,3% штаммов, I – 0,3%. Спектр антибиотикорезистентности к линкозамидам (клиндамицин) составил 24,5%, чувствительными были 75% штаммов, I – 0,5%. Активность препаратов пенициллина показала, что чувствительными (S) были 74% штаммов *S. agalactiae*, устойчивыми (R) – 26%. Активность препаратов тетрациклинового ряда в отношении выделенных штаммов *S. agalactiae* была следующей: к категории S были отнесены 12% штаммов, к категории I – 0,4%, к категории R – 87,6%. Чувствительность штаммов *S. agalactiae* к цефалоспоринам была следующей: I поколение – чувствительными (S) оказались 98,6%, устойчивыми (R) – 1,4%, II поколение – чувствительные (S) – 99% штаммов, устойчивые (R) – 1%, III поколение – чувствительные (S) – 99% штаммов, устойчивые (R) – 1%, IV поколение – чувствительные (S) – 96% штаммов, устойчивые (R) – 4%, V поколение – чувствительные (S) – 98% штаммов, устойчивые (R) – 2%. Суммарно к цефалоспоринам чувствительными (S) оказались 98% штаммов, устойчивыми (R) – 2%. Активность в отношении групп антибактериальных препаратов, которые были представлены одним препаратом и составили небольшую по размеру выборку, была следующей: аминогликозиды (гентамицин) – чувствительные S – 99,5%, устойчивые R – 0,5%, гликопептиды (тейкопланин) – S – 98,3%, R – 1,7%, глицилциклины (тигециклин) – S – 98,9%, R – 0,8%, I – 0,3%, монобактамы (азтреонам) – S – 64%, R – 36%, нитрофураны (нитрофурантоин) – S – 97%, R – 3%, оксазолидиноны (линезолид) – S – 98,6%, R – 0,6%, I – 0,8%, хинупристин-дальфопристин – S – 95%, R – 4%, I – 1%, сульфаниламиды (триметоприм/сульфаметоксазол) – S – 99,2%, R – 0,8%, ванкомицин – S – 99,2%, R – 0,8%, даптомицин – S – 95%, R – 5%, рифампицин – S – 67%, R – 32%, I – 1%.

Выводы. Наиболее эффективными в отношении *S. agalactiae* являлись бета-лактамные антибиотики (пенициллины, цефалоспорины и карбапенемы). К препаратам тетрациклинового ряда отмечалась самая низкая чувствительность (резистентность более 87% штаммов). В целом, частота встречаемости резистентных штаммов *S. agalactiae* в Волгоградской области составила в среднем около 13,6%, что, по данным литературы, совпадает со среднестатистическими российскими показателями. У большинства штаммов наблюдалась множественная устойчивость к двум и более антибактериальным препаратам, что указывает на необходимость мониторинга за надлежащим назначением антибактериальной терапии данной инфекции.

ЗИГАНГИРОВА Н.А.

40. НОВАЯ СТРАТЕГИЯ БОРЬБЫ С АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬЮ

ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, Москва, Россия

Цель. Показать перспективы и эффективность разработки препаратов, механизм действия которых основан на подавлении вирулентности патогенов.

Материалы и методы. Технологическая платформа мишень-направленного поиска, объединяющая все этапы разработки лекарственных препаратов, начиная от выбора мишени для ингибирования и заканчивая проведением клинических исследований.

Результаты. В ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России разработан оригинальный отечественный антибактериальный препарат широкого спектра действия, эффективный в отношении бактерий, устойчивых к разным классам антибиотиков, Фтортиазинон, таблетка 300 мг. Зарегистрирован в РФ по требованиям ЕАЭС. Номер РУ ЛП-№ (005077)-(РГ-RU) от 03.04.2024. Не имеет аналогов в мире и за рубежом. Мишенью действия лекарственного средства Фтортиазинон является АТФ-аза ключевого фактора патогенности широкого круга грамотрицательных патогенных бактерий – системы секреции третьего типа (ССТТ), а также жгутика, играющих важную роль в патогенности возбудителей инфекционных заболеваний. Механизм действия лекарственного средства Фтортиазинон: специфическое подавление подвижности, секреции токсинов, инвазии, колонизации, внутриклеточного выживания, образования биопленок патогенными бактериями: *Pseudomonas aeruginosa, Acinetobacter baumannii, Escherichia coli, Klebsiella pneumoniae, Salmonella enterica, Chlamydia* spp. Для *Enterococcus* spp. и *Staphylococcus aureus in vitro* показано подавление биопленок. Новый механизм действия препарата Фтортиазинон отличен от антибиотиков: Фтортиазинон не убивает бактерии, а блокирует вирулентность.

Препарат Фтортиазинон будет востребован для лечения и профилактики инфекций, вызванных полирезистентными бактериями. Среди этих заболеваний крайне проблемные для лечения внутрибольничные инфекции, катетер-ассоциированные инфекции, инфекции кожи и мягких тканей, хронические инфекции мочеполовой системы.

Выводы. Препарат Фтортиазинон отвечает необходимым требованиям инновационности для современных антибактериальных препаратов: новый механизм действия, новый класс соединений, эффективность в отношении устойчивых к антибиотикам бактерий, снижение скорости развития резистентности. На примере разработанного препарата показана перспектива разработки антибактериальных препаратов, действующих по альтернативному антибиотикам механизму. Это направлено на расширение возможностей терапии инфекций, вызванных множественно резистентными патогенами и снижению рисков распространения антибиотикорезистентности.

КАМЕНЕВА О.А.[1], ГРИГОРЬЕВА Н.С.[1], МОРОЗОВА С.Е.[1], КОСЯКОВА К.Г.[2]

41. ИЗМЕНЕНИЕ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ *SALMONELLA ENTERITIDIS* В САНКТ-ПЕТЕРБУРГЕ ЗА 5-ЛЕТНИЙ ПЕРИОД

[1] СПб ГУЗ «Детская городская больница № 22», Санкт-Петербург, Россия
[2] ФГБОУ ВО «Северо-Западный государственный медицинский университет им. И.И. Мечникова» Минздрава России, Санкт-Петербург, Россия

Цель. Изучить изменение уровня и спектров резистентности к антимикробным препаратам (АМП) клинических изолятов *Salmonella enteritidis* за период с 2018 по 2023 г.

Материалы и методы. Проанализированы результаты определения чувствительности к АМП 397 штаммов *S. enteritidis*, выделенных из проб (фекалии) детей и взрослых в специализированной централизованной бактериологической лаборатории Санкт-Петербурга. Видовую идентификацию проводили методом MALDI-TOF масс-спектрометрии (Maldi Byotyper 4.1, Bruker Daltonics Microflex LT, MBT 84668 MSP Library), серотипирование – в реакции агглютинации с адсорбированными сальмонеллезными сыворотками (ЗАО «Эколаб», Россия), определение чувствительности к АМП – диско-диффузионным методом на агаре Мюллера-Хинтон (Condalab, Испания) с применением стандартных дисков (Bio-Rad, США), учет чувствительности – на анализаторе Adagio (Bio-Rad, США) с использованием критериев EUCAST, Клинических рекомендаций.

Результаты. Среди возбудителей гастроэнтеритов сальмонеллезной этиологии количество штаммов *S. enteritidis* в 2018 г. составило 272 (86,3%), в 2023 г. – 125 (89,3%), реже выделялись *S. infantis* (7,6% и 0,7%), *S. typhimurium* (1,3% и 2,9%) и другие. Среди изолятов *S. enteritidis*, выделенных в 2018 г., резистентными были: к амоксициллину/клавуланату – 19 (15,2%), триметоприму/сульфаметоксазолу – 13 (10,5%), цефалоспоринам III поколения – 11 (9,6%), фторхинолонам (по результатам скрининга с диском пефлоксацина 5 мкг) – 204 (75,0%). В 2023 г. количество резистентных изолятов: к амоксициллину/клавуланату – 33 (12,1%), триметоприму/сульфаметоксазолу – 19 (7,0%), цефалоспоринам III поколения – 26 (9,6%), фторхинолонам – 210 (77,2%). Согласно стандартам оказания специализированной медицинской помощи, препаратами выбора для лечения сальмонеллезов являются ципрофлоксацин и цефтриаксон, однако, согласно рекомендациям по определению чувствительности к АМП, имеются данные о низкой эффективности ципрофлоксацина при терапии инфекций, вызванных сальмонеллами.

Выводы. В период с 2018 по 2023 г. отмечается тенденция к снижению количества штаммов *S. enteritidis*, устойчивых к амоксициллину/клавуланату и триметоприму/сульфаметоксазолу. Резистентными к фторхинолонам являются 75,0–77,2% штаммов, что в совокупности с противопоказанием к применению ципрофлоксацина у пациентов до 18 лет ограничивает возможность его использования в клинической практике. Доля резистентных к цефалоспоринам III поколения штаммов не превышает 9,6%, что определяет их эффективность в терапии сальмонеллезов.

КАМЕНЕВА О.А.[1], ШВАБАУЭР Э.В.[1], АНИСИМОВА Е.Н.[1], КОСЯКОВА К.Г.[2]

42. ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТЬ К АНТИМИКРОБНЫМ ПРЕПАРАТАМ КЛИНИЧЕСКИХ ИЗОЛЯТОВ *STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE*

[1] СПб ГУЗ «Детская городская больница № 22», Санкт-Петербург, Россия
[2] ФГБОУ ВО «Северо-Западный государственный медицинский университет им. И.И. Мечникова» Минздрава России, Санкт-Петербург, Россия

Цель. Изучить чувствительность к антимикробным препаратам (АМП) клинических изолятов *Streptococcus pneumoniae*, выделенных в Санкт-Петербурге в 2021–2023 гг.

Материалы и методы. Исследовано 1792 штаммов *S. pneumoniae*, выделенных от пациентов разного возраста трех районов Санкт-Петербурга (Колпинский, Пушкинский, Фрунзенский) в течение 2021–2023 гг. Идентификацию штаммов проводили методом MALDI-TOF масс-спектрометрии (Maldi Byotyper 4.1, Bruker Daltonics Microflex LT, MBT 84668 MSP Library) и стандартными фенотипическими тестами (культуральные свойства на кровяном агаре, чувствительность к оптохину, лизис желчью). Чувствительность к АМП определяли диско-диффузионным методом на агаре Мюллера-Хинтон с добавлением 5% дефибринированной лошадиной крови и 20 мг/л β-НАД с применением стандартных дисков (Bio-Rad, США) и учетом результатов на анализаторе ADAGIO (Bio-Rad, США) в соответствии с критериями EUCAST, Клинических рекомендаций.

Результаты. Среди 1792 протестированных штаммов, 1679 (93,7%) были выделены из верхних дыхательных путей, 90 (5,0%) из нижних дыхательных путей, 11 (0,6%) из мочевыделительной системы, 8 (0,4%) из отделяемого ран или гноя, 3 (0,2%) из глаз и ушей, 1 (0,05%) из крови. Чувствительными к бета-лактамам (по результатам скрининга с диском оксациллина 1 мкг) были 87,8% изолятов, к фторхинолонам (по результатам скрининга с диском норфлоксацина 10 мкг) – 98,9%, к клиндамицину – 83,3%. Чувствительными к эритромицину при стандартной и повышенной концентрациях были 63,7% и 2,7% штаммов соответственно, к триметоприму/сульфаметоксазолу – 61,4% и 9,7%, что ниже уровней чувствительности согласно данным многоцентрового исследования «ПЕГАС 2020–2021». Чувствительными к тетрациклину были 75,9% штаммов, чувствительными при повышенной концентрации – 2,0%, чувствительными к хлорамфениколу – 93,5%, линезолиду и ванкомицину – 100,0% изолятов.

Выводы. Изоляты *S. pneumoniae* сохраняют 100,0% чувствительность к оксазолидинонам, гликопептидам, высокой активностью обладают фторхинолоны, бета-лактамы, хлорамфеникол. Тенденция к сохранению высокого уровня чувствительности штаммов *S. pneumoniae* к АМП разных групп позволяет проводить эффективную антимикробную терапию при различной локализации инфекционного процесса.

КАРПЕНКО А.Е.[1], МИХАЙЛОВА Ю.В.[1], ШЕЛЕНКОВ А.А.[1], ПЕТРОВА Л.В.[2], АКИМКИН В.Г.[1]

43. ПОЛНОГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ ДВУХ КЛОНАЛЬНЫХ ГРУПП КЛИНИЧЕСКИХ ИЗОЛЯТОВ *PROTEUS MIRABILIS* С МНОЖЕСТВЕННОЙ УСТОЙЧИВОСТЬЮ К АНТИМИКРОБНЫМ ПРЕПАРАТАМ

[1] ФБУН «ЦНИИ эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия
[2] ФГБУ «Национальный медико-хирургический центр им. Н.И. Пирогова» Минздрава России, Москва, Россия

Цель. Провести полногеномный анализ клинических изолятов *Proteus mirabilis* с множественной лекарственной устойчивостью.

Материалы и методы. В данном исследовании участвовали 12 клинических изолятов, полученных из одного хирургического отделения больницы г. Москвы из ран разных пациентов в течение одной недели в 2023 г. Видовое определение и тесты на чувствительность к антимикробным препаратам проводили с помощью анализатора Sensititre (Thermo Fisher Scientific, США). Полногеномное секвенирование проводили на платформе Illumina NextSeq 2000 с сопутствующими наборами пробоподготовки (Illumina, США).

Результаты. Согласно cgMLST анализу, данные изоляты *P. mirabilis* относились к двум различным клонам (клон 1 (C1) – 7, и клон 2 (C2) – 5 изолятов соответственно). Почти все изоляты обладали устойчивостью к ципрофлоксацину (n = 11), цефтазидиму, цефепиму, гентамицину (n = 10), левофлоксацину и триметоприму/сульфаметоксазолу (n = 9). Кроме того, 5 изолятов C1 обладали устойчивостью к амикацину. Фенотипические данные коррелируют с выявленными генетическими детерминантами антибиотикорезистентности, полученными с помощью анализа данных полногеномного секвенирования. Некоторые гены были специфичны для каждого из клонов. Так, C1 характеризовался наличием генов *aac(6')-Ib10, ant(2'')-Ia,* и *blaVEB-6*, в то время как у C2 присутствовали *aadA5, fosA3* и *blaCTX-M-65*. Анализ плазмид выявил одинаковый тип репликона CoI3M для всех C1, при этом некоторые изоляты характеризовались наличием нескольких репликонов одновременно (4 изолята C1, 2 изолята C2). С помощью анализа данных WGS было так же выявлено, что изоляты C2 обладают системой CRISPR-CAS типа I-E. Все анализируемые образцы вне зависимости от принадлежности к C1 или C2 характеризовались одинаковым набором факторов вирулентности.

Выводы. В целом наши данные показывают, что штаммы *P. mirabilis*, выделенные у пациентов хирургического отделения, можно разделить на два клональных кластера, характеризующихся специфическими генетическими детерминантами. Несмотря на небольшую выборку, согласно исходным метаданным, а также полногеномному анализу, мы можем предположить, что эти клоны являются внутрибольничными.

КИПРИНА Е.С., ШАФИКОВА А.А., БАЛКАРОВ А.А., ЧИСТЯКОВА Д.А., ЛЯГИНА И.А., МЕЛКУМЯН А.Р.

44. ОЦЕНКА РОЛИ ПРЕСЕПСИНА И ПРОКАЛЬЦИТОНИНА В СТРАТИФИКАЦИИ РИСКА СЕПСИСА У ПАЦИЕНТОВ КОЛОПРОКТОЛОГИЧЕСКОГО ПРОФИЛЯ

ФГБУ «НМИЦ колопроктологии им. А.Н. Рыжих» Минздрава России, Москва, Россия

Цель. Изучение роли маркёров – пресепсина и прокальцитонина – в стратификации риска сепсиса у пациентов колопроктологического профиля.

Материалы и методы. Проанализированы результаты исследований на пресепсин и прокальцитонин у пациентов, проходивших лечение в ФГБУ «НМИЦ колопроктологии им. А.Н. Рыжих» Минздрава России за период 2022–2024 гг. В анализ включены 71 пациент, которым одномоментно определяли значения пресепсина (ПСП) в цельной крови при помощи иммунохемилюминесцентного анализатора PATHFAST (LSI Medience Corporation, Япония), и прокальцитонина (ПКТ) в сыворотке крови при помощи иммунохемилюминесцентного анализатора (Minividas® VIDAS BRAHMS PCT). За данный период у 50 пациентов было проведено однократное взятие крови, у 10 пациентов – двукратное, у 8 пациентов –трёхкратное и по одному пациенту с 5-, 7- и 9-кратным определением. Всего в анализ включены 115 образцов крови пациентов с одномоментным взятием на оба маркера.

Результаты. В соответствии с полученными результатами образцы разделены на 2 группы. Первая группа с сопоставимыми результатами ПКТ и ПСП в 32 образцах (27,8%) и вторая группа с расхождениями по интерпретации результатов – 83 пробы (72,2%). Во второй группе выделены 5 образцов, в которых расхождения были незначительные и вошли в 10% отклонения от пограничных значений. По анализу оставшихся 78 проб (67,8%) получено, что в 2 пробах в пределах нормы (< 200 пг/мл) по ПСП, уровни ПКТ были 0,87 и 2,05 нг/мл (низкий риск развития сепсиса). В 35 пробах в пределах нормы по ПКТ (< 0,05 нг/мл), уровни ПСП были в диапазоне 229 до 2996 пг/мл (от низкого до высокого уровня). При оценке данных по которым ПКТ (> 10 нг/мл) и ПСП (> 1000 пг/мл) интерпретируется как диапазон высокого риска сепсиса, получено, что в пробах с высоким риском сепсиса по ПКТ (n = 11) ПСП был в диапазоне низкого и вероятного развития сепсиса (361–872 пг/мл), при этом в пробах с высокими показателями риска по ПСП (n = 19), ПКТ был в норме (n = 4), с низким риском (n = 8) и вероятным риском (n = 7).

Выводы. Мы отмечаем неоднозначные результаты интерпретации ПКТ и ПСП при проведенном одномоментном определении у пациентов колопроктологического профиля. Для оценки значимости маркеров будет проведен анализ полученных данных в динамике, на различных стадиях развития сепсиса, а также их роль при развитии сепсиса у пациентов с различными нозологиями, такими как болезнь Крона, колоректальный рак и другими заболеваниями толстой кишки.

КЛИМУК Д.А., ЯЦКЕВИЧ Н.В., ДАНЬКОВА А.В., ТЫШКО М.А.

45. ЭФФЕКТИВНОСТЬ ЛЕЧЕНИЯ КОГОРТЫ ПАЦИЕНТОВ С РИФАМПИЦИН-УСТОЙЧИВЫМ ТУБЕРКУЛЕЗОМ ПРИ ИСПОЛЬЗОВАНИИ КОРОТКИХ РЕЖИМОВ ХИМИОТЕРАПИИ

ГУ «РНПЦ пульмонологии и фтизиатрии», Минск, Республика Беларусь

Цель. Оценить применение коротких режимов лечения когорты пациентов с рифампицин-устойчивым туберкулезом.

Материалы и методы. Проведено обзорное ретроспективное нерандомизированное исследование эффективности лечения пациентов с РУ-ТБ, начавших лечение в 2018–2021 гг. в Республике Беларусь. Первичные данные собраны с использованием республиканского электронного регистра «Туберкулез». Анализ проведен для годовых когорт, в которых все пациенты закончили лечение. Использован коэффициент корреляции Пирсона для выявления связи между охватом короткими режимами химиотерапии и уровнем эффективности лечения.

Результаты. Установлено снижение абсолютного количества пациентов с РУ-ТБ, начавших лечение в период 2018–2021 гг. – с 1303 в 2018 г. до 724 в 2021 г., среднегодовой темп снижения составил 17,6%. Данное снижение обусловлено сокращением числа зарегистрированных случаев РУ-ТБ за указанный период – с 1465 в 2018 г. до 798 в 2021 г., среднегодовой темп снижения составил 18,0%. Доля охвата короткими режимами выросла с 2,8% (ДИ 95% 2,3–3,3) в 2018 г. до 41,9% (ДИ 95% 40,1–43,7) в 2021 г. Доля успеха лечения выросла с 73,9% (ДИ 95% 75,11–72,71) в 2018 г. до 78,7% (ДИ 95% 78,23–79,23) в 2021 г. Проанализирована связь между охватом короткими режимами химиотерапии и уровнем эффективности лечения. Коэффициент корреляции Пирсона (r) составил 0,773 ($p < 0,05$), что свидетельствует о сильной положительной связи между исследуемыми значениями показателей. Применение коротких режимов химиотерапии РУ-ТБ в первую очередь является более приемлемым для пациента – длительность курса лечения для коротких режимов химиотерапии РУ-ТБ составляет 6–9 мес., тогда как длительность курса лечения обычных режимов составляет 18 мес. Применение режима BPaL и его модификаций способствует снижению риска неэффективного лечения и возникновения нежелательных явлений у пациентов за счет использования новых, высокоэффективных противотуберкулезных лекарственных препаратов, так и за счет снижения продолжительности курса лечения по сравнению со стандартной. Увеличение доли случаев, успешно закончивших курс лечения в когорте пациентов РУ-ТБ, является прямым следствием применения коротких режимов химиотерапии.

Выводы. Применение коротких режимов химиотерапии РУ-ТБ является эффективной мерой борьбы с туберкулезом. Исследование эффективности лечения при увеличении доли охвата короткими режимами химиотерапии выявило достоверную положительную тенденцию к росту эффективности лечения пациентов с РУ-ТБ в Республике Беларусь в 2018–2021 гг.

КОКАЕВА И.К., ХОМЯКОВА И.В., БАРАНИЧ А.И., СЫЧЕВ А.А., ГАДЖИЕВА О.А., СУХОРУКОВА М.В.

46. ВЫЯВЛЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕТЕРМИНАНТ КАРБАПЕНЕМАЗ ГРАМОТРИЦАТЕЛЬНЫХ БАКТЕРИЙ У ПАЦИЕНТОВ НЕЙРОХИРУРГИЧЕСКОГО ПРОФИЛЯ

ФГАУ «НМИЦ нейрохирургии им. акад. Н.Н. Бурденко» Минздрава России, Москва, Россия

Цель. Оценить частоту выявления и молекулярную структуру генов карбапенемаз грамотрицательных бактерий у пациентов нейрохирургического профиля на этапе госпитализации в отделение реанимации и интенсивной терапии.

Материалы и методы. В исследование включались пациенты, поступавшие в ОРИТ по клиническим показаниям, в том числе переведенные из других стационаров, и находившиеся в данном отделении более 48 ч. (группа 1), а также пациенты, находившиеся в ОРИТ не более 24 ч. после планового оперативного вмешательства (группа 2), с марта 2023 по февраль 2024 г. Мазки со слизистой оболочки прямой кишки брали не позднее 24 ч. от момента поступления в ОРИТ, у пациентов группы 1 – также на 3, 5, 7 и 10 сутки пребывания в отделении. Выявление генов карбапенемаз групп KPC, OXA-48-подобных и генов групп VIM, IMP и NDM проводили методом ПЦР в реальном времени с использованием коммерческих наборов АмплиСенс® MDR MBL-FL и АмплиСенс® MDR KPC/OXA-48-FL и амплификатора CFX96 Touch Real-Time.

Результаты. На этапе госпитализации в ОРИТ гены карбапенемаз выявлены у 12,08% (18/149) пациентов. В группе 1 при поступлении гены карбапенемаз выявлены у 21,7 (15/69) пациентов с преобладанием в молекулярной структуре генов карбапенемаз групп OXA-48, обнаруженных у 7,25% (5/69) пациентов, NDM – у 4,35% (3/69) и комбинации NDM + OXA-48 – у 4,35% (3/69) пациентов; гены KPC обнаружены у 2,9% (2/69), комбинации генов NDM + KPC и NDM + KPC + OXA-48 у 1,45% (1/69) пациентов каждая. Частота выявления генов карбапенемаз на 3, 5, 7 и 10 сутки пребывания в ОРИТ составила 28,8% (17/59), 32,0% (16/50), 42,1% (16/38) и 72,7% (16/22) пациентов соответственно; в молекулярной структуре преобладающими оставались гены карбапенемаз групп OXA-48, NDM и комбинация NDM + OXA-48. В группе 2 гены карбапенемаз обнаружены у 3,8% (3/80) пациентов: IMP – у 1,25% (n = 1) и комбинации генов NDM + OXA-48 и NDM + OXA-48 + KPC – у 1,25% (n = 1) пациентов каждая.

Выводы. На этапе госпитализации в ОРИТ гены карбапенемаз грамотрицательных бактерий выявлены у 12,08% пациентов нейрохирургического профиля: в том числе у 21,7% пациентов с факторами риска и у 3,8% без выявленных факторов развития нозокомиальных инфекций. У пациентов, находящихся в ОРИТ более 48 ч., на всех этапах пребывания с наибольшей частотой выявлялись гены карбапенемаз групп OXA-48, NDM и комбинация NDM + OXA-48.

КОНДРАТЬЕВА Д.А., ГОЛИКОВА М.В.

47. РОЛЬ АНТИБИОТИКА КАК ФАКТОРА, ВЛИЯЮЩЕГО НА ЧАСТОТУ ГОРИЗОНТАЛЬНОЙ ПЕРЕДАЧИ ГЕНОВ У БАКТЕРИЙ: ИССЛЕДОВАНИЕ С МЕРОПЕНЕМОМ, *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* И *ESCHERICHIA COLI*

ФГБНУ «НИИ по изысканию новых антибиотиков им. Г.Ф. Гаузе», Москва, Россия

Цель. Изучить, как меропенем может влиять на частоту межвидовой передачи плазмид с генами карбапенемаз между штаммами донора и реципиента у энтеробактерий.

Материалы и методы. Донор плазмид – клинический штамм *Klebsiella pneumoniae* 565 с плазмидой с генами карбапенемаз типа KPC (PKPCAPSS, IncFII). Реципиент – мутант штамма *Escherichia coli* ATCC 25922 с устойчивостью к хлорамфениколу, не продуцирующий карбапенемазы. Оценку МПК антибиотиков проводили методом микроразведений. Скрещивание донора и реципиента проводили на агаризованной среде Luria-Bertani с меропенемом и без (контроль). Концентрации меропенема в агаре были кратными МПК антибиотика в отношении реципиента: 1/8 × МПК, 1/4 × МПК, 1/2 × МПК. Смесь клеток донора и реципиента (соотношение 1/1) наносили на поверхность LBA и культивировали при 37°C в течение 18–20 ч. Выросшие колонии собирали с поверхности агара и переносили в физиологический раствор. Полученную суспензию рассевали на чашки с антибиотиками (меропенем (М), хлорамфеникол (ХФ)) для разделения клеток донора (Д), реципиента (Р) и трансконъюганта (ТК). Для подтверждения наличия плазмид в трансконъюгантных клетках использовали ПЦР-анализ в стандартных условиях.

Результаты. Частота конъюгативного переноса плазмид с генами карбапенемаз между штаммами *K. pneumoniae* и *E. coli* в присутствии меропенема была в 5–10 раз выше, чем в контроле без меропенема. Наиболее высокая частота конъюгации ($1,3 \times 10^{-3}$) наблюдалась при самой высокой концентрации меропенема в среде (1/2 × МПК), самая низкая частота передачи плазмид была в контроле (1×10^{-4}). После выделения трансконъюгантных колоний проводили ПЦР-анализ для выявления плазмид. Было обнаружено, что в случае, когда меропенема в агаре не было, плазмид в трансконъюгантных клетках, как правило, не обнаруживалось. Вероятно, наблюдалась деградация плазмид в клетках. Когда конъюгация проходила в присутствии антибиотика, большая часть трансконъюгантных клеток несли плазмиды с генами карбапенемаз.

Выводы. Меропенем влиял на частоту передачи плазмид между клетками *K. pneumoniae* и *E. coli*, и эта частота была тем выше, чем выше была концентрация антибиотика в среде, где проходила конъюгация. Это указывает на то, что антибиотик может выступать в роли фактора, который стимулирует процессы горизонтального переноса генов.

КОРОБОВА А.Г.[1,2], МЕЩУРОВА С.Ю.[2], САМОХОДСКАЯ Л.М.[1,2]

48. ОСОБЕННОСТИ ВИДОВОГО СОСТАВА И ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ К АНТИБИОТИКАМ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ИНТРААБДОМИНАЛЬНЫХ ИНФЕКЦИЙ У БОЛЬНЫХ В МНОГОПРОФИЛЬНОМ СТАЦИОНАРЕ

[1] Медицинский научно-образовательный центр МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия
[2] Факультет фундаментальной медицины МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия

Цель. Изучить особенности видового состава и чувствительность к антибиотикам возбудителей интраабдоминальных инфекций.

Материалы и методы. В исследование включены образцы, полученные от 68 пациентов с интраабдоминальными инфекциями, проходивших стационарное лечение в МНОЦ МГУ в 2021–2023 гг. Медиана возраста пациентов – 62 года (25–86 лет). Культуральное исследование проводили с использованием твердых (кровяной агар, агар Мак-Конки, агар Шедлера, солевой агар с маннитом, агар Шедлера, агар Сабуро) и жидких (триптон-соевый бульон) питательных сред. Чувствительность к антибиотикам и продукцию бета-лактамаз расширенного спектра (БЛРС) определяли стандартными методами, гены карбапенемаз – с помощью набора «АмплиСенс® MDR MBL-FL» (ЦНИИ эпидемиологии, Россия).

Результаты. В исследование был включен 151 изолят, выделенный из 100 положительных образцов (раневое отделяемое 50,3%, перитонеальная жидкость 37,8%, абсцессы брюшной полости 6,6%, кровь при генерализации инфекции 3,3%, желчь 2%). В спектре микроорганизмов преобладали энтеробактерии (*E. coli* – 32,5%, *K. pneumoniae* – 9,9%, *E. cloacae* complex – 4,6%, *P. mirabilis* – 4,6%, *C. kozeri* – 1,3% и по одному изоляту *M. morganii*, *C. youngae*, *H. alvei*, *K. aerogenes*, *K. oxytoca*), реже детектировали *Enterococcus* spp. (*E. faecium* – 10,6%, *E. faecalis* – 6%, *E. gallinarum* – 0,7%), неферментирующие грамотрицательные палочки (*P. aeruginosa* – 8,6%, *A. baumannii* – 1,3%, *S. maltophilia* – 1,3%), грамположительные кокки (6,6%), дрожжевые грибы (4,6%) и анаэробные бактерии (2%). Микроорганизмы чаще выделяли в монокультуре (64%), сочетание двух изолятов было в 34% случаев, трех – в 5%, четырех и пяти – по 2%. Наиболее часто были сочетания энтеробактерий с энтерококками (38,9%), реже – энтеробактерий с *P. aeruginosa* (13,9%) и сочетание разных видов энтеробактерий (11,1%). Следует отметить, что большая часть анаэробов, *Enterococcus* spp. и дрожжевых грибов была в сочетании с другими микроорганизмами (60%, 76,9% и 85,7% соответственно). Среди энтеробактерий устойчивыми к цефотаксиму были 48,7% изолятов, к фторхинолонам – 34,9%. Продуцентами БЛРС были 40% Enterobacterales, продуцентами карбапенемаз – 2,4%. У всех продуцентов карбапенемаз были металло-бета-лактамазы NDM. Чувствительность к тигециклину не определялась.

Выводы. В спектре возбудителей интраабдоминальных инфекций преобладали энтеробактерии, среди них

устойчивыми к цефалоспоринам были около 50% изолятов, к фторхинолонам – 34,9%, активность карбапенемов превышала 97%.

КОСИЛОВА И.С., ДОМОТЕНКО Л.В.

49. ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНЫХ ОБРАЗЦОВ МПК-СТРИПОВ С АНТИБИОТИКАМИ ДЛЯ ТЕСТИРОВАНИЯ КЛИНИЧЕСКИХ И РЕФЕРЕНТНЫХ ШТАММОВ МИКРООРГАНИЗМОВ

ФБУН «ГНЦ прикладной микробиологии и биотехнологии» Роспотребнадзора, Оболенск, Россия

Цель. Определить значения МПК антибиотиков для клинических и референтных штаммов микроорганизмов с помощью экспериментальных образцов МПК-стрипов и сравнить их с данными автоматического анализатора Vitek.

Материалы и методы. В работе использовали экспериментальные образцы МПК-стрипов с ванкомицином, гентамицином и колистином (концентрации 16,0–0,25 мг/л), разработанные в ГНЦ ПМБ, и бульон Мюллера-Хинтон (ГНЦ ПМБ, РУ № РЗН 2023/21584), для тестирования 11 клинических штаммов (*K. pneumoniae* – 3, *P. aeruginosa* – 2, *A. baumannii*, *E. coli*, *M. morganii*, *E. faecalis*, *S. aureus*, *S. epidermidis*) и 5 тест-штаммов (*E. coli* ATCC 25922, *P. aeruginosa* ATCC 27853, *E. faecalis* ATCC 29212, *S. aureus* ATCC 29213, *E. coli* NCTC 13846) методом микроразведений в бульоне. Параллельно проводили аналогичное тестирование на анализаторе Vitek (bioMerieux, Франция).

Результаты. В исследовании использованы наборы МПК-стрипов трех наименований, для двух из которых (с ванкомицином и колистином) не рекомендовано определять чувствительность диско-диффузионным методом, а для третьего результаты тестирования зависят от элементного состава бульона Мюллера-Хинтон. Проведенные исследования МПК-стрипов показали, что для исследуемых 5 тест-штаммов (25 тестов) все полученные значения МПК антибиотиков соответствовали целевым значениям, определенных как с помощью МПК-стрипов, так и с помощью Vitek, что гарантировало получение достоверных результатов для клинических штаммов. Для клинических штаммов поставлено 50 тестов. Существенных (ME) и очень существенных (VME) ошибок, которые могли бы привести к ложным категориям клинической чувствительности, выявлено не было. Обнаруженные расхождения в значениях МПК классифицированы как незначительные ошибки (ME), т.к. они не влияли на категорийное согласование (CA) с данными Vitek, которое составило 100 % для всех 3 антибиотиков. Так, в 3 из 15 тестов значения МПК ванкомицина превышали на 1 двукратное разведение от данных, полученных с помощью Vitek. Для колистина такое же отличие зарегистрировано в 2 из 20 тестов. Проведенные испытания для гентамицина показали, что значения МПК были ниже на 1 разведение в 5 тестах и на 2 выше в 2 тестах из 15.

Выводы. Результаты, полученные в данном исследовании, подтверждают необходимость расширения ассортимента антибиотиков в МПК-стрипах и проведения дальнейших исследований с ними, а также пригодность отечественного бульона Мюллера-Хинтон для выполнения метода микроразведений в бульоне.

Работа выполнена в рамках отраслевой программы Роспотребнадзора

КРАВЦОВ Д.В., ШАСКОЛЬСКИЙ Б.Л., ГРЯДУНОВ Д.В.

50. ГОНОКОККОВЫЙ ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ОСТРОВ – МОЛЕКУЛЯРНЫЙ ДРАЙВЕР РАСПРОСТРАНЕНИЯ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ *NEISSERIA GONORRHOEAE*

ФГБУН «Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта Российской академии наук», Москва, Россия

Цель. Изучение генетического разнообразия гонококкового острова (GGI) в глобальной популяции *N. gonorrhoeae*, выявление ассоциаций между GGI и молекулярными типами из широко применяемых схем генотипирования гонококка NG-MAST и MLST, а также установление связи GGI с устойчивостью к антимикробным препаратам.

Материалы и методы. Система секреции IV типа, кодируемая GGI, является одним из ключевых механизмов горизонтального переноса генов *N. gonorrhoeae*. Она позволяет гонококку секретировать хромосомную ДНК, которая затем специфично распознается пилями клетки-реципиента и рекомбинируется в ее геном. Для анализа GGI была составлена выборка в 14763 геномов изолятов, выделенных в 1996–2019 гг. в 68 странах, взятых из базы *Pathogenwatch* (https://pathogen.watch/). Выборка включала 48 геномов российских изолятов, секвенированных нами с использованием платформ Oxford Nanopore и Illumina MiniSeq (Genbank PRJNA768989). Анализ включал определение генетических детерминант устойчивости к антибиотикам, поиск GGI, установление его аллельного состава и нахождение статистических закономерностей между GGI, антибиотикорезистентностью и сиквенс-типами NG-MAST и MLST.

Результаты. Установлено, что только 66% изолятов мировой популяции обладают GGI, при этом 22% из них имеют изменения и поломки в генах GGI, приводящие к потере функциональности, т.е. способности секретировать ДНК. Предложена модель, описывающая разделение глобальной популяции изолятов *N. gonorrhoeae* в соответствии с генным составом GGI и его функциональностью. Большинство российских изолятов обладало дефектами в критически важных генах *atlA* и *traG*, приводящими к потере функциональности GGI. Найдено, что схемы молекулярного типирования MLST

и NG-MAST позволяют сделать вывод о наличии GGI и его активности с точностью 83% и 91% соответственно. Попарное сравнение распределения устойчивости к антибиотикам у изолятов *N. gonorrhoeae* с функциональным и нефункциональным GGI показало, что доля устойчивых к ципрофлоксацину изолятов с функциональным GGI была больше в 2,2 раза, чем без него, устойчивых к цефиксиму – в 3,4 раза, тетрациклину – в 3,9 раза и пенициллину – в 2,9 раза, но не к азитромицину – доля не изменилась ($p < 0,001$).

Выводы. Данные о наличии гонококкового острова и о его функциональности могут быть использованы для эпидемиологического наблюдения, с целью прогнозирования развития устойчивости к антибиотикам в популяции *N. gonorrhoeae*.

КУЛАГИНА Л.Ю.[1,2], НИГМЕДЗЯНОВА А.З.[1], КАДЫСЕВА Э.Р.[1,3], ДАВЛЕТШИНА Р.В.[1], ХАБИРОВ Р.А.[4], НИВИНА А.Ю.[5]

51. ОСОБЕННОСТИ СТРУКТУРЫ И АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ МИКРООРГАНИЗМОВ В ОТДЕЛЕНИИ РЕАНИМАЦИИ И ИНТЕНСИВНОЙ ТЕРАПИИ НОВОРОЖДЕННЫХ ДЕТЕЙ В ГАУЗ «РКБ МЗ РТ» КАЗАНИ

[1] *ГАУЗ «Республиканская клиническая больница МЗ РТ», Казань, Россия*
[2] *Казанская государственная медицинская академия – филиал ФГБОУ ДПО РМАНПО Минздрава России, Казань, Россия*
[3] *ФГАОУ ВО «Казанский (Приволжский) федеральный университет», Казань, Россия*
[4] *ГАУЗ «Госпиталь для ветеранов войн», Казань, Россия*
[5] *ГАУЗ «Многопрофильный клинико-диагностический центр», Казань, Россия*

Цель. Оценить структуру и антибиотикорезистентность микроорганизмов в отделении реанимации и интенсивной терапии (ОРИТ) новорожденных детей в ГАУЗ «РКБ МЗ РТ» г. Казани.

Материалы и методы. В период 01.01.2023–28.03.2024 проведен анализ 262 результатов бактериологических исследований эндотрахеальных трубок, сосудистых катетеров и материалов цельной венозной крови. Определение видовой принадлежности микроорганизмов осуществлялось по утвержденным в лаборатории протоколам. Чувствительность к антибактериальным препаратам определялась диско-диффузионным методом в соответствии с критериями EUCAST v.11.0 (2021). Для обработки данных использовалась платформа AMRcloud.

Результаты. За период 01.01.23–28.03.24 из 262 результатов бактериологических исследований 81,7% занимает порядок Enterobacterales (*K. pneumoniae* – 72,9%, *E. coli* – 8,0%, *S. marcescens* – 0,8%), 6,1% – род *Acinetobacter* (*A. baumannii* – 4,96%, *Acinetobacter* spp. – 1,2%), 5,3% – род *Stenotrophomonas* (*S. maltophilia* – 5,3%), 4,6% – род *Staphylococcus* (*S. aureus* – 4,6%), 2,3% – род *Pseudomonas* (*P. aeruginosa* – 1,2%, *Pseudomonas* spp. – 11,5%). Чувствительность к антимикробным препаратам *K. pneumoniae* была крайне низкой: единственный препарат, к которому остается хорошая чувствительность – цефтазидим-авибактам 95,2% (n = 20), при этом устойчивость к ципрофлоксацину составила 85%, к меропенему – 88,6%, к амикацину – 94,2%, к цефалоспоринам (цефепиму, цефтазидиму) – 95,9% и 98,2% соответственно, к амоксициллину/клавуланату – 98,8%.

Выводы. За весь исследуемый период наиболее проблемным микроорганизмом в ОРИТ новорожденных детей ГАУЗ «РКБ МЗ РТ» является *K. pneumoniae*, которая становится причиной возникновения внутрибольничной инфекции. Вырабатывая бета-лактамазы расширенного спектра, *K. pneumoniae* осложняет и продляет нахождение новорожденных пациентов в отделении. И это ведет к проблемам как в борьбе за жизнь пациента, так и в решении экономической составляющей в виде увеличенного койко-дня и использования крайне дорогих антибактериальных препаратов либо их не менее дешевых комбинаций.

КУЛЕШОВ А.А.[1], ДАНИЛОВ А.И.[2]

52. ПРОМЕЖУТОЧНЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ АНАЛИЗА АНТИМИКРОБНОЙ ТЕРАПИИ ОСЛОЖНЕННЫХ ИНФЕКЦИЙ МОЧЕВЫВОДЯЩИХ ПУТЕЙ В ГОРОДЕ БРЯНСКЕ

[1] *ГАУЗ «Брянская областная больница № 1», Брянск, Россия*
[2] *ФГБОУ ВО «Смоленский государственный медицинский университет» Минздрава России, Смоленск, Россия*

Цель. Изучить практику назначения антимикробной терапии осложненных инфекций мочевыводящих путей (МВП) в г. Брянске.

Материалы и методы. Исследование основано на анализе случаев терапии осложненных инфекций МВП в многопрофильном стационаре и консультативной поликлинике г. Брянска в период с февраля 2022 г. по январь 2024 г. Антимикробная терапия проводилась стационарно и(или) амбулаторно. Результат терапии оценивался через 1–3 мес. по данным общего клинического анализа мочи и бактериологического исследования мочи.

Результаты. В исследование включено 38 случаев осложненных инфекций МВП. Были выделены: *E. coli* в 18 случаях (43,9% изолятов), *K. pneumoniae* 8 (19,5%), *Enterococcus* spp. 5 (12,2%), *P. aeruginosa* 4 (9,8%), *Raoultella terrigena* 2 (4,9%), *K. oxytoca*, *Enterobacter aerogenes*, *Citrobacter freundii*, *Citrobacter koseri* по 1 (по 2,4%). В рамках назначения антимикробной терапии, наиболее часто использовались: цефалоспорины III поколения и аминогликозиды в 18 случаях (47,4%), ингибиторозащищенные аминопенициллины – 14 (36,8%), фторхинолоны – 13 (34,2%), карбапенемы – 6 (15,8%), ко-тримоксазол – 3 (7,9%), метронидазол и доксициклин – 2 (5,3%), фосфомицин и колистиметат натрия – 1 (2,6%). В ходе исследования выявлено влияние степени санации МВП на результаты антимикробной терапии. Так, среди 15 пациентов, не имевших к концу лечения мочевых конкрементов, дренажей и обструк-

ции МВП, стойкая ремиссия инфекции достигнута в 11 случаях (73,3%). Среди 23 пациентов, имевших хотя бы один из вышеперечисленных факторов риска, полное излечение достигнуто лишь в 2 случаях (8,7%).

Выводы.

1. В подавляющем большинстве случаев при антимикробной терапии осложненных инфекций МВП в г. Брянске использовались цефалоспорины III поколения (47,4%), аминогликозиды (47,4%), ингибиторозащищенные аминопенициллины (36,8%), фторхинолоны (34,2%) и карбапенемы (15,8%).

2. На результаты антимикробной терапии осложненных инфекций МВП значительно влияет наличие мочевых конкрементов, дренажей и обструкции.

3. Учитывая наличие в структуре возбудителей осложненных инфекций МВП потенциально полирезистентных штаммов, при выборе антимикробной терапии следует учитывать региональные особенности резистентности.

КУПРЮШИНА О.А.[1], РАЧИНА С.А.[1], СТРЕЛКОВА Д.А.[1], ЯЦЫШИНА С.Б.[2], ТИХОНОВА М.А.[2], АВДЕЕВ С.Н.[1], МЕРЖОЕВА З.М.[1], ВОЛОСОВЦОВА Е.С.[1], МЕЛКУМЯН Д.С.[1], ЯСНЕВА А.С.[1], АНТОНОВ В.Н.[3], АГИБАЛОВА М.Н.[4], ТРОФИМЕНКО И.Н.[5], ЮДАНОВА Т.А.[6]

53. ЭТИОЛОГИЯ ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИИ У ГОСПИТАЛИЗИРОВАННЫХ ВЗРОСЛЫХ ПАЦИЕНТОВ В ПОСТПАНДЕМИЧЕСКИЙ ПЕРИОД

[1] ФГАОУ ВО «Первый МГМУ им. И.М. Сеченова» Минздрава России, Москва, Россия
[2] ФБУН «ЦНИИ эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия
[3] ФГБОУ ВО «Южно-Уральский государственный медицинский университет» Минздрава России, Челябинск, Россия
[4] ГБУЗ «Котласская центральная больница им. Св. Луки (В.Ф. Войно-Ясенецкого)», Котлас, Россия
[5] Иркутская государственная медицинская академия последипломного образования – филиал ФГБОУ ДПО РМАНПО Минздрава России, Иркутск, Россия
[6] ОГБУЗ «Смоленская областная клиническая больница», Смоленск, Россия

Цель. Изучить структуру возбудителей внебольничной пневмонии (ВП) у взрослых госпитализированных пациентов.

Материалы и методы. В проспективное исследование включали пациентов 18 лет и старше, госпитализированных с диагнозом ВП в 6 стационаров различных регионов Российской Федерации с июля по декабрь 2024 г. Обследование и лечение проводилось в соответствии с клиническими рекомендациями. Для установления этиологии ВП выполнялось культуральное исследование образца из нижних дыхательных путей (мокрота, трахеальный аспират или бронхоальвеолярный лаваж) и крови (тяжелая ВП), экспресс-тесты на наличие легионеллезной и пневмококковой антигенурии. Дополнительно образец из нижних дыхательных путей или, при его отсутствии, комбинированный респираторный мазок исследовали методом ПЦР для выявления ДНК труднокультивируемых бактериальных возбудителей и ДНК/РНК респираторных вирусов.

Результаты. Включено 152 взрослых пациента с диагнозом ВП, в том числе 77 (51%) мужчин, медиана возраста составила 55 [37,75;69] лет. Зарегистрировано 17 (11,2%) случаев тяжелой ВП. Среди сопутствующих заболеваний наиболее распространенными являлись гипертоническая болезнь – 75 (49,3%), ХСН – 35 (23%), ХБП С3а-С5 – 30 (19,7%) и СД – 26 (17,1%). Госпитальная летальность составила 7,9%. Этиологический диагноз ВП установлен в 96 (63,2%) случаях. Среди бактериальных возбудителей самыми частыми оказались *Mycoplasma pneumoniae* 42 (43,8%) и *Streptococcus pneumoniae* 17 (17,7%) случаев, среди вирусного поражения легких – риновирус – 23 (24%), SARS-CoV-2 – 13 (13,5%) пациентов. Коинфекция зарегистрирована у 21 (21,9%) пациента. Наиболее часто встречались ассоциации *M. pneumoniae* + риновирус – 5 (5,2%), *S. pneumoniae* + риновирус – 3 (3,1%), *Legionella pneumophila* + SARS-CoV-2 – 2 (2,1%), *M. pneumoniae* + SARS-CoV-2 – 2 (2,1%) случая.

Выводы. Ведущими возбудителями ВП у взрослых госпитализированных пациентов в исследуемый период времени являлись *M. pneumoniae*, *S. pneumoniae*, риновирус и SARS-CoV-2. В связи с высокой частотой выявления труднокультивируемых бактериальных возбудителей необходимо более широкое внедрение в клиническую практику ПЦР-диагностики. Также возрастает актуальность дифференциации вирусного поражения легких и бактериальной пневмонии на уровне приемного отделения с целью грамотной маршрутизации и оптимального лечения.

ЛЕБЕДЬКОВА А.А.[1], АКУШЕВА Д.Н.[2], КАМШИЛОВА В.В.[3], ФЕДЮКОВИЧ Н.В.[3], БАГИРОВА Н.С.[4], ПЕТУХОВА И.Н.[4], КИСЛИЧКИНА А.А.[1], АВДЕЕВА В.А.[1], ХОХЛОВА О.Е.[1]

54. МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ ВАНКОМИЦИНОРЕЗИСТЕНТНЫХ *ENTEROCOCCUS FAECIUM*, MRSA

[1] ФБУН «ГНЦ прикладной микробиологии и биотехнологии» Роспотребнадзора, Оболенск, Россия
[2] ФГБОУ ВО «Красноярский государственный медицинский университет им. проф. В.Ф. Войно-Ясенецкого» Минздрава России, Красноярск, Россия
[3] КГБУЗ «КМКБСМП им. Н.С. Карповича», Красноярск, Россия
[4] ФГБУ «НМИЦ онкологии им. Н.Н. Блохина» Минздрава России, Москва, Россия

Цель. Охарактеризовать молекулярно-генетические особенности ванкомицинорезистентных *Enterococcus faecium* и MRSA.

Материалы и методы. Клинические штаммы *E. faecium* (n = 52) и MRSA (n = 22) выделены из крови, мочи, бронхоальвеолярной жидкости в г. Москве и г. Красноярске. Идентификацию штаммов проводили с помощью MALDI-TOF масс-спектрометрии (Bruker, Германия). Чувствительность к антибиотикам, выявляли Vitek 2 (bioMerieux, Франция), методом микроразведений, Е-тестом. Чувствительность к ванкомицину у штам-

мов MRSA определяли в популяционном анализе, трансмиссионной и сканирующей электронной микроскопией. Методом ПЦР определяли гены *vanA/B*, *nuc*, *mecA*, гены вирулентности и др. Проводили анализ полногеномных последовательностей для генотипирования, выявления резистома, вирулома.

Результаты. Клинические ванкомицинорезистентные штаммы *E. faecium* в 94,2% случаев имели оперон *vanA*, относились к ST80, 872, 1886, выделены от больных в г. Москве и Красноярске. Штаммы *E. faecium* в 3,8% случаев имели *vanB*, относились к ST80 и выделены в г. Красноярске. У штаммов *E. faecium* выявлены мутации в генах *gyrA* (p.S83I) и *parC* (p.S80I), обеспечивающие устойчивость к фторхинолонам; мутации в *pbp5* (V24A, S27G, R34Q, G66E, A68T, E85D, E100Q, K144Q, T172A, L177I, D204G, A216S, T324A, M485A, N496K, A499T, E525D, p.E629V, P667S) к ампициллину. Резистентность к аминогликозидам – *aac(6')-Ii*; макролидам – *msrC*, *ermB*; тетрациклинам – *tetL*. Выявлены в геномах *E. faecium* маркеры вирулентности, в т.ч. адгезины – *acm, ebpA/B/C, srtC, ecbA, efaA, scm, sgrA*; антифагоцитарные факторы – *cpsA/uppS, cpsB/cdsA*; маркеры биопленкообразования – *bopD*. Штаммы MRSA со сниженной чувствительностью к ванкомицину (n = 15 МПК 2 мкг/мл; n = 7 МПК 4 мкг/мл) относились к ST8, ST239, ST1, ST152, ST30, ST154. У таких штаммов выявлена утолщенная клеточная стенка, а также выраженное межклеточное вещество, что блокирует ванкомицин. Фенотипы hVISA и VISA связаны с мутациями в регуляторных системах *graRS*, *vraSR* и *walkR*, а также за счет дополнительных мутаций.

Выводы. Штаммы *E. faecium* и MRSA характеризуются генетическим разнообразием, наличием в резистоме *vanA/B*, мутаций.

Работа выполнена в рамках отраслевой программы Роспотребнадзора.

ЛЕВЧЕНКО Е.Н., КАЛИНКИНА С.Р., МАРТИНОВИЧ А.А.

55. ОЦЕНКА АНТИМИКРОБНОЙ АКТИВНОСТИ АНТИСЕПТИЧЕСКИХ СРЕДСТВ В ОТНОШЕНИИ НАИБОЛЕЕ ЗНАЧИМЫХ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ГНОЙНО-ВОСПАЛИТЕЛЬНЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ

ФГБОУ ВО «Смоленский государственный медицинский университет» Минздрава России, Смоленск, Россия

Цель. Изучить антимикробную активность антисептических средств для местного применения.

Материалы и методы. Выбраны тест-культуры из разных таксономических групп на основе спектра наиболее значимых агентов гнойно-воспалительных заболеваний (URL: https://amrmap.ru/): *E. coli* (ATCC 25922), *E. coli* (ATCC 35218), *K. pneumoniae* (ATCC 700603), *P. aeruginosa* (*ATCC* 27853), *S. aureus* (*ATCC* 29213), *A. baumannii* (*ATCC* 119876), *S. pneumoniae* (*ATCC* 49619), *S. pyogenes* (*ORGID* 19615), *S. epidermidis* (*ORGID* 119944), *P. mirabilis* (*ORGID* 119943) и *C. albicans* (*ORGID* 132201). Исследование проведено на 6 антисептиках с широким спектром действия (Россия): Тригексилон (Росбио), LonstinBio (ЛОНСТИН), Малавит (Малавит), BiaSeptPro (Бирюза), Дезиптол Ультра (ДЕЗНЭТ), Septanaizer (Полимериум). Заявленная производителем активность дезинфектантов в отношении широкого спектра микроорганизмов, не продемонстрирована в микробиологических исследованиях. Оценка антимикробной активности проводилась методом простой радиальной диффузии в агаре, модификация метода Кирби-Бауэра для растворов.

Результаты. Исходя из полученных данных антисептики условно разделены три группы: 1. С низкой активностью – Septanaizer и LonStinBio: зона подавления роста (ЗПР) ⩾ 2 видов микроорганизмов не превышала 11 мм. 2. С умеренной активностью – Малавит и BioSeptPro: ЗПР в диапазоне 11–19 мм. 3. С высокой активностью – Тригексилон и Дезиптол: ЗПР большинства микроорганизмов ⩾ 20 мм. Корреляции между видовой принадлежностью микроорганизмов и степенью активности антисептиков не выявлено. Дезинфицирующие препараты Septanaizer и LonStinBio проявили ограниченную активность в отношении исследованных микроорганизмов. Наиболее выраженную антимикробную активность продемонстрировал Тригексилон, который является модифицированным вариантом хлоргексидина.

Выводы. Заявленная активность антисептиков может не соответствовать реальной. Тригексилон предпочтителен для использования в медицинских учреждениях и микробиологических лабораториях ввиду высокой антимикробной активности. Для определения истинного спектра активности необходимо проведение *in vitro* исследований в отношении заявленных патогенов.

ЛОХМАЧЕВА А.В., ФОМИНЫХ С.Г.

56. КАЧЕСТВЕННЫЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ РЕСПИРАТОРНОЙ, РАНЕВОЙ, МОЧЕВОЙ И АНГИОГЕННОЙ *PSEUDOMONAS AERUGINOSA* КАК ПРЕДИКТОР БОЛЬНИЧНЫХ ПРОТОКОЛОВ АНТИМИКРОБНОЙ ТЕРАПИИ

ФГБОУ ВО «Омский государственный медицинский университет» Минздрава России, Омск, Россия

Цель. Доказать существование отличий в качественных характеристиках *P. aeruginosa* и значение этого феномена для составления протоколов антимикробной терапии в многопрофильном стационаре.

Материалы и методы. В исследование включены изоляты *P. aeruginosa*, выделенные из ран, мокроты, мочи и крови пациентов, находившихся на лечении в БУЗОО ГК «БСМП № 1» г. Омска в 2023 г. Качественные свойства бактерий определяли стандартным диско-диффузионным методом. Результаты оценивали в соответствии с требованиями клинических рекомендаций по опреде-

лению чувствительности к антимикробным препаратам (АМП) (версия 2021-01).

Результаты. В течение 2023 г. всего выполнено 7925 бактериологических исследований содержимого ран, мокроты, мочи и крови, из которых 5663 оказались информативными. На долю *P. aeruginosa* пришлось 4,7% (266 исследований). Чаще всего рост *P. aeruginosa* обнаружен в моче – 40%, затем в содержимом ран (35%) и в мокроте (24%), в крови (1%). Исследование качественных свойств *P. aeruginosa*, выделенной из мочи, не выявило высокого потенциала у исследованных АМП. Наибольшая чувствительность обнаружена к полимиксину: доля чувствительных штаммов составила 70,3%. Доля *P. aeruginosa*, чувствительной к фосфомицину, составила 52%. К остальным АМП уровень резистентности оказался выше: азтреонаму – 74,6%, имипенему/циластатину – 81,3%, меропенему – 84,1%. «Раневая» *P. aeruginosa* проявила аналогичные свойства чувствительности к полимиксину (доля чувствительных штаммов 73,5%). Доля резистентных штаммов к фосфомицину составила 35,7%, меропенему – 53,9%, амикацину – 69,2%, имипенему/циластатину – 81,8%, азтреонаму – 83,3%. «Респираторная» *P. aeruginosa* более чувствительна к фосфомицину: доля чувствительных штаммов 66,7%. Доля резистентных штаммов к полимиксину составила 41,0%, к меропенему – 63,6%, к цефоперазону/сульбактаму – 64,3%, к амикацину – 66,7%, к азтреонаму – 78,7%. Количество образцов *P. aeruginosa*, выделенных из крови пациентов многопрофильного стационара, было немногочисленным, в связи с чем зафиксирована единичная чувствительность возбудителя в одном случае к амикацину, в другом – к офлоксацину и имипенему/циластатину, а третий образец продемонстрировал абсолютную резистентность ко всем препаратам.

Выводы. Таким образом, потенциала традиционных антисинегнойных АМП (цефоперазона/сульбактама, амикацина, ципрофлоксацина, азтреонама) не обнаружено (уровень резистентности выше 60%). Среди резервных АМП наивысшую чувствительность для лечения больных с мочевой и раневой инфекцией синегнойной этиологии подтвердил полимиксин, респираторной – фосфомицин, а при синегнойном сепсисе возможно применение аминогликозидов, фторхинолонов и карбапенемов при подтвержденной чувствительности выделенных штаммов микроорганизмов.

МАДЖАРОВА О.А.[1], ЭЙДЕЛЬШТЕЙН И.А.[2], СУХОБОКОВА Н.Н.[3], ЛАПУКА М.О.[4], ЧЕРНЯКОВА Н.И.[5]

57. РЕЗУЛЬТАТЫ МОНИТОРИНГА ГЕНЕТИЧЕСКИХ МАРКЕРОВ РЕЗИСТЕНТНОСТИ К МАКРОЛИДАМ В КЛИНИЧЕСКИХ ИЗОЛЯТАХ *MYCOPLASMA GENITALIUM* В РЕСПУБЛИКЕ БЕЛАРУСЬ ЗА ПЕРИОД С МАРТА 2022 Г. ПО ОКТЯБРЬ 2023 Г.

[1] ГУ «Республиканский клинический медицинский центр» Управления делами Президента Республики Беларусь, Минск, Республика Беларусь
[2] НИИ антимикробной химиотерапии ФГБОУ ВО СГМУ Минздрава России, Смоленск, Россия
[3] УЗ «Минский городской клинический центр дерматовенерологии» Минск, Республика Беларусь
[4] УЗ «Брестский областной кожно-венерологический диспансер», Брест, Республика Беларусь
[5] УЗ «Витебский областной клинический центр дерматовенерологии и косметологии» Витебск, Республика Беларусь

Цель. Определить спектр и распространенность маркеров резистентности к макролидам у *Mycoplasma genitalium (MG)*, выделенных от пациентов из Беларуси за период с марта 2022 г. по октябрь 2023 г.

Материалы и методы. Коллекция из 232 положительных образцов клинических изолятов ДНК *MG* представлена из централизованных лабораторий трех областных центров Беларуси: Минск (n = 162), Брест (n = 37), Витебск (n = 33), биологический материал: соскобы со слизистых оболочек уретры (n = 73) и цервикального канала (n = 159). Выделение и идентификация ДНК *MG* проводилась с использованием коммерческих наборов АО «Вектор-Бест» и «ДНК-технология». Использовались регистрирующие амплификаторы серии ДТ («ДНК-технология», Россия), Rotor-Gene Q (QIAGEN, Германия). Тестирование образцов на наличие генетических маркеров резистентности к макролидам проводили на базе НИИ антимикробной химиотерапии, Смоленск (в рамках проекта DeMaRes). Подтверждение мутаций проводили методом секвенирования по Сэнгеру с использованием наборов BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit и генетического анализатора Applied Biosystems 3500 (Life Technologies, США).

Результаты. Входе тестирования было установлено: в 15% (34/232) образцов выявлены мутации, в 85% (198/232) образцов мутации не были выявлены. Мутационный профиль представлен 2 вариантами нуклеотидных замен V домена в гене 23S рРНК *MG*: позиция A2059G 11% (25/232) и A2058G 4% (9/232). Минск: уровень макролидорезистентности у *MG* – 18% (29/162), мутационный профиль: позиции A2059G – 14% (22/162) и A2058G – 4% (7/162). Брест: уровень макролидорезистентности у *MG* – 5% (2/37), мутационный профиль: позиция A2059G – 5% (2/37). Витебск: уровень макролидорезистентности у *MG* – 9% (3/33), мутационный профиль: позиции A2058G – 6% (2/33) и A2059G – 3% (1/3). Таким образом, город Минск занимает лидирующую позицию по уровню макролидорезистентности среди других областных центров, а также выше среднереспубликанского уровня. В Бресте и Минске доминирует одинаковый вариант нуклеотидной замены – A2059G. В Витебске лидирующую

позицию занимает вариант A2058G. Установленный уровень макролидорезистентности у *MG* по Беларуси 15% (34/232) ниже аналогичного суммарного показателя 35,5% (Machalek D.A. et al, 2020). Выявленный по Беларуси спектр мутаций к макролидам согласуется с данными зарубежных исследователей.

Выводы. Полученные результаты подтверждают важность и актуальность проблемы резистентности *MG* к макролидам для Беларуси, демонстрируют необходимость внедрения эпидемиологического мониторинга за проблемой антибиотикорезистентности у *MG*.

МАМОНОВА И.А., КОВАЛЕВА О.Г., КУЛЬШАНЬ Т.А., ШАПОВАЛ О.Г.

58. ВЫЯВЛЕНИЕ ПРОДУКЦИИ ОСНОВНЫХ ТИПОВ КАРБАПЕНЕМАЗ У ШТАММОВ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE*, ВЫДЕЛЕННЫХ ОТ ПАЦИЕНТОВ, НАХОДЯЩИХСЯ НА ЛЕЧЕНИИ В ОТДЕЛЕНИИ РЕАНИМАЦИИ И ИНТЕНСИВНОЙ ТЕРАПИИ

ФГБОУ ВО «Саратовский государственный медицинский университет им. В.И. Разумовского» Минздрава России, Саратов, Россия

Цель. Выявление продукции основных типов карбапенемаз у штаммов *Klebsiella pneumoniae*, выделенных от пациентов, находящихся на лечении в отделение реанимации и интенсивной терапии (ОРИТ) Университетской клинической больницы № 1 им. С.Р. Миротворцева.

Материалы и методы. В работе изучен 31 штамм грамотрицательных микроорганизмов, выделенный из клинического материала пациентов, находящихся на лечении в ОРИТ Университетской клинической больницы № 1 им. С.Р. Миротворцева в период с сентября по декабрь 2023 г. Идентификацию возбудителей осуществляли стандартными микробиологическими методами. Продукцию карбапенемаз (KPC, OXA, VIM, IMP и NDM) определяли иммунохроматографическим методом с использованием экспресс-тест системы CARBA 5 (NG Biotech Z.A., Франция).

Результаты. Анализ полученных данных позволил установить, что основными этиологическими агентами инфекционных заболеваний пациентов, находящихся на лечении в отделение реанимации и интенсивной терапии, являлись микроорганизмы, относящиеся к порядку Enterobacterales, на долю которых приходилось 81,7% выделенных штаммов. При этом, 80% выделенных энтеробактерий были отнесены к *K. pneumoniae,* 67,7% из которых синтезировали ферменты – карбапенемазы. Установлено, что наиболее часто синтезируемыми карбапенемазами являлись металло-бета-лактамазы типа NDM, которые регистрировались у 57,1% исследуемых штаммов микроорганизмов, и OXA-48, относящимся к сериновым бета-лактамазам класса D, детектируемые у 35,7% штаммов. Обращает на себя внимание факт, что 28,6% штаммов имели способность к совместной продукции ферментов типов NDM и OXA-48. Сериновые бета-лактамазы типа KPC вырабатывал 28,6% штаммов *K. pneumoniae*, металло-бета-лактамазы типа VIM – 7,1% изолятов.

Выводы. Проведенное исследование позволило установить, что наиболее часто встречающимися типами карбапенемаз, продуцируемыми штаммами *K. pneumoniae*, выделенными от пациентов отделения реанимации и интенсивной терапии, являлись NDM и OXA-48, а также их сочетание. Полученные данные указывают об информативности иммунохроматографического метода для определения типа карбапенемаз у клинических изолятов, и перспективы его применения для оптимизации клинической диагностики.

МАТЕЛЬСКИЙ Н.А.[1], ГОРБИЧ Ю.Л.[2], ГОРБИЧ О.А.[3], ПУЗАНОВ Р.М.[4], КУЛАГИН А.Е.[5], СОЛОНЕНКО Д.А.[1]

59. ТЕРАПЕВТИЧЕСКИЙ ЛЕКАРСТВЕННЫЙ МОНИТОРИНГ ПОЛИМИКСИНОВ У ПАЦИЕНТОВ ОТДЕЛЕНИЯ РЕАНИМАЦИИ И ИНТЕНСИВНОЙ ТЕРАПИИ

[1] ГУ «РНПЦ детской онкологии, гематологии и иммунологии», Республика Беларусь
[2] Министерство здравоохранения РБ, Минск, Республика Беларусь
[3] УЗ «1-я городская клиническая больница», Минск, Республика Беларусь
[4] УЗ «Национальная антидопинговая лаборатория», Республика Беларусь
[5] УО «Белорусский государственный медицинский университет», Минск, Республика Беларусь

Цель. Изучить особенности фармакокинетики колистина у пациентов с химиоиндуцированной фебрильной нейтропенией.

Материалы и методы. Объектом исследования были 30 пациентов в возрасте от 1 года до 20 лет, Me = 12 [7;16] лет, которые находились в ОРИТ онкогематологического стационара с фебрильной нейтропенией в период с сентября 2023 г. по апрель 2024 г. Всем пациентам колистин был назначен в качестве препарата резерва с целью лечения XDR грамотрицательной инфекции. Медиана суточной дозы назначенного колистина составила Me = 150,6 [140,5;156,3] тыс. Me/кг. Данная суточная доза является максимально возможной согласно инструкции производителя. Проводилось определение плазменной концентрации двух основных полипептидов: колистин A (полимиксин E1) и колистин B (полимиксин E2). Забор образцов крови у пациентов производили на третьи сутки от начала терапии колистином. Целевые значения равновесной плазменной концентрации (Css) колистина были приняты в диапазоне от 2 до 4 мг/л, что соответствует площади под фармакокинетической кривой порядка 50–100 мг × ч/л. Полученные значения выше/ниже указанных значений, трактовались как неадекватное дозирование. Для количественного определения колистина в сыворотке крови нами был применен метод ВЭЖХ с масс-спектрометрией. В работе использовали жидкостной хроматограф Agilent 1200, соединенный с тандемным масс-спектрометром Agilent 6410 Triple Quad. Статистическая обработка проводилась в программе Statistica 10.0 (StatSoft Inc.).

Результаты. Среди 30 пациентов терапевтический диапазон был достигнут лишь у 11 (36,7%) пациентов. В 15 случаях (50,0%) плазменная концентрация была ниже терапевтического диапазона, а в 4 (13,3%) – повышена. Среди пациентов с адекватной плазменной концентрацией (n = 11) нормальная почечная функция была отмечена лишь у 4 человек (36,4%), остальные 7 пациентов (63,6%) характеризовались сниженной функцией, троим проводилась почечная заместительная терапия (ПЗТ). У оставшихся 19 (63,3%) пациентов равновесная плазменная концентрация была отличной от целевой (2–4 мг/л): снижена у 15 человек (50,0%) и повышена у 4 (13,3%), ПЗТ проводилась 6 пациентам (31,6%). Среди пациентов, со сниженной целевой плазменной концентрацией, 7 человек (46,7%) из 15 имели повышенный почечный клиренс. Более детальное изучение пациентов (n = 7), которым проводилась почечно-заместительная терапия, показало вариабельность полученных плазменных концентраций (n = 33) в зависимости от интенсивности проведения CVVHD. Повышенные значения плазменной концентрации колистина (n = 16) чаще ассоциировались с применением скорости диализата менее 30 мл/кг/ч, сниженные значения (n = 8) – в случае применения скорости диализата более 40 мл/кг/ч, в тоже время, целевой терапевтический диапазон (n = 5) чаще достигался в интервале от 30 до 40 мл/кг/ч. Исходя из результатов статистического анализа, неадекватная плазменная концентрация колистина ассоциировалась с риском неблагоприятного исхода (ОШ = 1,9; 95% ДИ 0,6–8,9).

Выводы. Среди пациентов онкогематологического профиля для подбора эффективной и безопасной дозы колистина необходимо в обязательном порядке осуществлять проведение терапевтического лекарственного мониторинга с дальнейшей своевременной коррекцией дозы лекарственного средства в зависимости от плазменной концентрации. Полученные данные указывают на необходимость индивидуального подбора режима дозирования колистина в зависимости от различных параметров проводимой почечно-заместительной терапии.

МАХОВА Т.И., ГАТЦАЕВА Н.Д., ГОЛОВЕШКИНА Е.Н., СКАЧКОВА Т.С., АКИМКИН В.Г.

60. МУТАЦИИ, АССОЦИИРОВАННЫЕ С УСТОЙЧИВОСТЬЮ К АНТИБАКТЕРИАЛЬНЫМ ПРЕПАРАТАМ У *MYCOPLASMA GENITALIUM*, В 2022 И 2023 ГГ. НА ТЕРРИТОРИИ МОСКОВСКОГО РЕГИОНА

ФБУН «ЦНИИ эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия

Цель. Сравнение частоты выявления мутаций устойчивости в ДНК *M. genitalium* в 2022 и 2023 гг. на территории Московского региона.

Материалы и методы. В работу включены 406 образцов с выявленной ДНК *M. genitalium* от пациентов, обращавших в 2022 г. и 328 образцов – в 2023 г. Для диагностики были использованы «ДНК-сорб-АМ» и «АмплиСенс® *N. gonorrhoeae/C. trachomatis/M. genitalium/T. vaginalis* – МУЛЬТИПРАЙМ-FL», «АмплиСенс® M.genitalium-ML/FQ-Resist-FL». Сравнение групп проводили с применением критерия Пирсона (χ^2) (MedCalc v20), значимыми считались различия при $p < 0,05$.

Результаты. В 2022 г. в 127 (31,3%) образцах обнаружены мутации, ассоциированные с устойчивостью к антибактериальным препаратам, в 2023 г. – в 106 (32,3%) образцах, значимых отличий не выявлено. Мутации, ассоциированные с устойчивостью к антибиотикам из группы макролидов выявлены в 2022 г. в 39 (30,7%) образцах, в 2023 г. – 32 (30,2%), фторхинолонов в 2022 г. – 25 (19,7%) в 2023 г. – 23 (21,7%), одновременно к двум группам в 2022 г. – 63 (49,6%), в 2023 г. – 51 (48,1%), значимых отличий не выявлено ни в одной из групп.

Выводы. В 2022 и 2023 гг. на территории Московского региона более чем в 30% образцов с ДНК *M. genitalium* обнаружены мутации, ассоциированные с резистентностью к антибактериальным препаратам. Почти в 50% образцов были выявлены мутации, ассоциированные с резистентностью как к макролидам, так и фторхинолонам. Однако, значимых отличий в частоте выявления за этот период не выявлено.

МЕЩУРОВА С.Ю.[1], КОРОБОВА А.Г.[1,2], САМОХОДСКАЯ Л.М.[1,2]

61. МЕСТО ЭНТЕРОКОККОВ В СПЕКТРЕ МИКРООРГАНИЗМОВ, ПОЛУЧЕННЫХ ПРИ БАКТЕРИОЛОГИЧЕСКОМ ИССЛЕДОВАНИИ МОЧИ ПАЦИЕНТОВ С НАЛИЧИЕМ И ОТСУТСТВИЕМ СИМПТОМОВ ИНФЕКЦИИ МОЧЕВЫВОДЯЩИХ ПУТЕЙ

[1] *Факультет фундаментальной медицины МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия*
[2] *Медицинский научно-образовательный центр МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия*

Цель. Сравнить частоту встречаемости энтерококков в моче у пациентов с наличием и отсутствием симптомов инфекции мочевыводящих путей (ИМП).

Материалы и методы. В исследование включены образцы мочи, полученные от пациентов поликлиники и стационара с симптомами ИМП (n = 141) и без симптомов ИМП в рамках скрининга перед урологическим хирургическим вмешательством (n = 181) в МНОЦ МГУ за 2023 г. Медиана возраста пациентов составила 65 (18–92) лет и 66 (19–93) лет соответственно. Образцы культивировали в соответствии с методическими рекомендациями по микробиологическому исследованию мочи (2014 г.). Интерпретацию результатов культивирования проводили согласно рекомендациям с разделением возбудителей на первичные, вторичные, сомнительные патогены и нормобиоту урогенитального тракта. Следует отметить, что энтерококки в этой классификации не указаны.

Результаты. У пациентов с симптомами ИМП микроорганизмы были выделены в 66,7% (n = 94) исследованных образцов, из них в 52,1% была получена монокультура. Общее число изолятов составило 160, преобладали энтеробактерии – 34,4% (*E. coli* – 17,5%, *K. pneumoniae* – 10%, другие – 6,9%), доля энтерококков составила 19,4% (*E. faecalis* – 14,4%, другие – 5%). У пациентов без симптомов ИМП положительными были 72,4% (n = 131) образцов, в 50,4% микроорганизмы выявляли в монокультуре. Всего было получено 229 изолятов, преобладали Enterobacterales (32,3%), доля энтерококков была 24,5%. В спектре микроорганизмов ведущими были *E. faecalis* (21,4%) и *E. coli* (19,2%). Среди образцов полученных в монокультуре *Enterococcus* spp. составили 12,2% и 25,8% у пациентов с симптомами и без симптомов ИМП, титр более 10^5 КОЕ/мл был только в 2,0% (n = 1) и 10,6% (n = 7) соответственно. Чаще энтерококки выделяли в комбинации с другими микроорганизмами. Среди смешанных культур в 40% и 33,9% случаев совместно с первичными и/или вторичными уропатогенами детектировали энтерококки, в 15,6% и 18,5% – энтерококки были выявлены вместе с сомнительными возбудителями и/или нормобиотой мочевых путей.

Выводы. Таким образом, энтерококки выделяли в значительной доле образцов при культуральном исследовании мочи. Однако у пациентов с симптомами ИМП преобладали изоляты *E. coli*, а детекция *E. faecalis* в монокультуре в титре более 10^5 КОЕ/мл была только в одном случае. Следует отметить, что чаще энтерококки были в сочетании с другими возбудителями либо с нормобиотой мочевых путей. Вопрос о роли энтерококков в развитии ИМП остается открытым.

МИХАЙЛИЧЕНКО А.О.[1], ТАРАН Е.К.[1], АНТОНОВ А.Г.[2]

62. АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ ОСНОВНЫХ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ОСТРОГО ВТОРИЧНОГО ПИЕЛОНЕФРИТА

[1] КГБУЗ «Краевая клиническая больница им. проф. С.И. Сергеева», Хабаровск, Россия
[2] ФГБОУ ВО «Дальневосточный государственный медицинский университет» Минздрава России, Хабаровск, Россия

Цель. Выявить основных возбудителей острого вторичного пиелонефрита и оценить их антибиотикорезистентность на базе Краевой клинической больницы им. проф. С.И. Сергеева г. Хабаровска.

Материалы и методы. Всего за период 2015–2023 гг. было проанализировано 248 историй болезни пациентов с установленным диагнозом «вторичный (осложненный) острый пиелонефрит». В исследование включены 287 этиологически значимых изолятов, выделенных из мочи. Посев биоматериала производился в соответствии с клиническими рекомендациями ФЛМ «Бактериологический анализ мочи» 2014 г., с применением хромогенного HiCrom UTI агара. Идентификацию выделенных микроорганизмов проводили на основании морфологических, культуральных и биохимических свойств. Чувствительность к антимикробным препаратам тестировалась диско-диффузионным методом на агаре Мюллера-Хинтон с последующей интерпретацией результатов по EUCAST.

Результаты. При бактериологическом исследовании мочи у 139 (48,4%) пациентов выявлена грамотрицательная, у 76 (26,5%) грамположительная и у 72 (25,1%) смешанная микрофлора. Среди выделенных грамотрицательных микроорганизмов преобладали *Escherichia coli* (63,6%) и *Klebsiella pneumoniae* (22,7%), значительно реже выявляли *Pseudomonas aeruginosa* (3,9%) *Acinetobacter baumannii* (2,8%) другие представители порядка Enterobacterales (7%). Обращает на себя внимание высокая частота выявления грамположительной микрофлоры рода *Enterococcus* (33,8%). Энтерококки были представлены *Enterococcus faecalis* (30%) и *Enterococcus faecium* (3,8%). Антибиотикорезистентность выделенных штаммов *E. coli* существенно варьирует для разных антимикробных препаратов. Высокая частота резистентности штаммов *E. coli* была зарегистрирована к амоксициллину/клавуланату (50%). Резистентность *E. coli* к цефалоспоринам (цефтриаксон – 20,2%, цефтазидим – 20,1%, цефепим – 36%), что свидетельствует о росте БЛРС-продуцирующих штаммов кишечной палочки. Отмечена высокая частота резистентности *E. coli* к ципрофлоксацину (60%). Сохраняется на высоком уровне чувствительность *E. coli* к аминогликозидам III поколения (амикацин) – 96,5%, и карбапенемам (меропенем – 94,7%, эртапенем – 97,3% имипенем – 99,2%). В этиологической структуре осложненного (вторичного) пиелонефрита *K. pneumoniae* занимает одну из ведущих позиций. Полученные нами данные свидетельствуют о высоком уровне резистентности *K. pneumoniae* к защищенным аминопенициллинам (амоксициллину/клавуланату) – 72,5%, цефалоспоринам III и IV поколения (цефтриаксон – 50%, цефтазидим – 42,5%, цефепим – 50%), к ципрофлоксацину – 70%. Чувствительность *K. pneumoniae* к амикацину, эртапенему, имипенему и меропенему составила соответственно 85%, 82,5%, 87,5% и 80%. У пациентов с острым вторичным пиелонефритом из представителей *Enterococcus* spp. наиболее часто выявляли *E. faecalis*, значительно реже *E. faecium*. Отмечен высокий уровень резистентности *E. faecalis* к ампициллину – 24,7%. Ванкомицин как антибиотик резерва для лечения энтерококковых инфекций, вызываемых штаммами микроорганизмов, устойчивых к бета-лактамным антибиотикам, проявлял высокую эффективность в отношении большинства штаммов *E. faecalis*. Было выявлено лишь 3 изолята *E. faecalis*, резистентных к ванкомицину.

Выводы. При подозрении на острый вторичный пиелонефрит и назначении эмпирической терапии оценка локального фенотипа резистентности ведущих патогенов необходима для исключения из препаратов выбора антибактериальных средств, к которым отмечается высокий уровень резистентности.

НЕМЧЕНКО У.М., БЕЛЬКОВА Н.Л., КЛИМЕНКО Е.С., СМУРОВА Н.Е., САВИЛОВ Е.Д.

63. ФЕНОТИПИЧЕСКАЯ И ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИЗМЕНЧИВОСТЬ КЛИНИЧЕСКИХ ИЗОЛЯТОВ *PSEUDOMONAS AERUGINOSA*, ПЕРСИСТИРУЮЩИХ У ПАЦИЕНТОВ С МУКОВИСЦИДОЗОМ

Институт эпидемиологии и микробиологии ФГБНУ «Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека», Иркутск, Россия

Цель. Определение фенотипической и генетической изменчивости клинических изолятов *P. aeruginosa*, персистирующих у пациентов с муковисцидозом (МВ) на фоне постоянного приема антимикробных препаратов.

Материалы и методы. Объектом исследования стали девять клинических штаммов *P. aeruginosa* (Pa) из рабочей коллекции лаборатории микробиома и микроэкологии ИЭМ НЦ ПЗСРЧ, выделенных от пяти пациентов с муковисцидозом (МВ) перед и на фоне лечения. Чувствительность к антимикробным препаратам (АМП) определяли согласно критериям EUCAST. Способность к биопленкообразованию (БПО) оценивали по методу O'Toole G.A. (2011). Геномную ДНК выделяли набором Quick-DNA Fungal/Bacterial Miniprep Kit (Zymo Research, США). Полногеномное секвенирование штаммов проводили на оборудовании Illumina NextSeq 550. Типирование штаммов на основании последовательностей геномов проводили с использованием базы данных PubMLST, поиск генов антибиотикорезистентности – Res Finder 2.0.

Результаты. У двух пациентов обнаружено более чем по одному изоляту Pa. От пациента № 1 выделено 2 изолята, от пациента № 2 – 4 изолята. Обладая невысоким уровнем устойчивости к тестируемым АМП (отмечена резистентность к пиперациллину/тазобактаму, меропенему и амикацину), штаммы различались по способности к БПО. Так, в паре штаммов, выделенных от пациента № 1, при снижении уровня резистентности возрастала эффективность БПО. Все изоляты, полученные от пациента № 2, обладали слабой способностью к БПО. Остальные 3 изолята проявляли слабое и умеренное БПО. На основании MLST типирования обнаружено 6 различных сиквенс-типов (ST) Pa. Два изолята, выделенные от пациента № 1, отнесены к сиквенс-типу ST1641. У пациента № 2, изолят, выделенный в начале лечения, относился к ST532, а выделенные в процессе лечения – ST555. Остальные три штамма были представлены разными ST. Генетические детерминанты адаптивной резистентности штаммов Pa были представлены генами аминогликозид-модифицирующих ферментов (*aph* и *arm*) и генами бета-лактамаз *blaPAO* (бета-лактамазы, класс C) и *blaOXA* (бета-лактамазы, класс D).

Выводы. Полученные данные расширяют представление о фенотипической и генотипической гетерогенности *P. aeruginosa,* свидетельствующие о ее высоком адаптационном потенциале при персистирующей инфекции.

НИКИТИНА И.В.

64. СТРУКТУРА И АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ИНФЕКЦИЙ МОЧЕВОЙ СИСТЕМЫ У ДЕТЕЙ В АМБУЛАТОРНОЙ ПРАКТИКЕ

ГБУЗ НСО «Детская городская клиническая больница № 4 им. В.С. Гераськова», Новосибирск, Россия

Цель. Проанализировать структуру и антибиотикорезистентность возбудителей инфекций мочевой системы у детей в амбулаторной практике.

Материалы и методы. Проведен анализ 356 возбудителей инфекций мочевой системы у амбулаторных детей за 3 года (2021–2023 гг.), выделенных в бактериологической лаборатории «ДГКБ № 4 им. В.С. Гераськова». Возраст пациентов от 0 мес. до 18 лет. В анализ включены пациенты с острыми и хроническими инфекциями мочевой системы. Идентификация микроорганизмов проводилась в соответствии со стандартными процедурами, принятыми в лаборатории. Определение чувствительности к антибиотикам – диско-диффузионным методом по критериям интерпретации EUCAST v.13. Выявление продукции бета-лактамаз расширенного спектра (БЛРС) фенотипическим методом двойных дисков, карбапенемаз – модифицированным методом инактивации карбапенемов mCIM и методом eCIM. Обработка данных с помощью онлайн-платформы AMRcloud.

Результаты. В структуре возбудителей инфекций мочевой системы у детей в амбулаторной практике лидируют представители порядка Enterobacterales: *E. coli* (70,8%) и *K. pneumoniae* (11,3%). На долю других возбудителей приходится небольшой процент: *Enterococcus* spp. – 9,8%, *Enterobacter* spp. – 3,9%, *P. mirabilis* – 2,8%, *P. aeruginosa* – 1,4%. Резистентность основных возбудителей инфекций мочевой системы у амбулаторных детей вызывает тревогу. Устойчивость *E. coli* к антибиотикам: амоксициллину/клавуланату – 35%, цефотаксиму – 29%, фосфомицину – 0%, меропенему – 0%, амикацину – 1%, продукция БЛРС – 43%. Устойчивость *K. pneumoniae* к амоксициллину/клавуланату – 54%, цефотаксиму – 44%, меропенему – 8%, амикацину – 6%, продукция БЛРС – 32%, продукция металло-бета-лактамаз – 3%.

Выводы. Основными возбудителями инфекций мочевой системы у детей в амбулаторной практике являются *E. coli* и *K. pneumoniae*. Уровень их антибиотикорезистентности значительный, вызывает тревогу и диктует необходимость определения чувствительности, особенно к амоксициллину/клавуланату и цефалоспоринам, а также выявления продукции БЛРС.

НОВИКОВА И.Е., САДЕЕВА З.З., САМОЙЛОВА Е.А., ЛАЗАРЕВА А.В.

65. ХАРАКТЕРИСТИКА ФАКТОРОВ ВИРУЛЕНТНОСТИ ШТАММОВ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE*, ВЫДЕЛЕННЫХ В ОРИТ И ХИРУРГИЧЕСКИХ ОТДЕЛЕНИЯХ

ФГАУ «НМИЦ здоровья детей» Минздрава России, Москва, Россия

Цель. Определить факторы вирулентности *Klebsiella pneumoniae* (KP).

Материалы и методы. В 2018–2020 гг. от пациентов педиатрического стационара г. Москвы были выделены штаммы KP. Чувствительность к антибиотикам определяли методом микроразведений в бульоне. Все штаммы были исследованы на наличие генов вирулентности и принадлежность к K1/K2 серотипам методом мультиплексной ПЦР с детекцией в 2% агарозном геле.

Результаты. Было отобрано 38 штаммов из клинически значимых локусов: мочи (n = 21), нижних дыхательных путей (n = 12), ран (n = 3), брюшной полости (n = 2). Высокая частота устойчивости выявлена к тикарциллину/клавуланату (84%), тобрамицину (71%), азтреонаму (68%), цефтазидиму (61%), триметоприму/сульфаметоксазолу (61%), цефепиму (55%), ципрофлоксацину (55%), гентамицину (53%), фосфомицину (53%), амикацину (50%), левофлоксацину (45%), пиперациллину/тазобактаму (47%). Все штаммы проявили чувствительность к имипенему, меропенему и колистину. Ген *entB*, регулирующий синтез энтеробактина, найден во всех изолятах. В большинстве штаммов 97% (n = 37) обнаружен ген *mrkD*, ассоциированный с фимбриальными адгезинами. Ген *ybtS*, ассоциированный с синтезом йерсиниобактина, обнаружен у 61% (n = 23) изолятов. Пять штаммов показали наличие гена *kfu*, ответственного за связывание трехвалентного железа. В трех изолятах обнаружен ген *iutA*, кодирующий транспортер аэробактина. Ген-регулятор гипермукоидного фенотипа *rmpA* обнаружен в одном изоляте. Ген *allS*, ассоциированный с метаболизмом аллантоина, найден в одном изоляте. Было обнаружено 6 комбинаций от двух до пяти генов вирулентности у 97% (n = 37) изолятов. К серотипу K2 принадлежало 7 штаммов. Один изолят с гипермукоидным фенотипом принадлежал к серотипу K1 и показал наличие всех генов вирулентности.

Выводы. Вирулентность у чувствительных к карбапенемам и колистину штаммов KP ассоциировалась с наличием генов сидерофоров *entB* и *ybtS* и гена *mrkD*, ассоциированного с фимбриальными адгезинами.

НОВИКОВА И.Е., САДЕЕВА З.З., САМОЙЛОВА Е.А., ЛАЗАРЕВА А.В.

66. МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА КАРБАПЕНЕМОРЕЗИСТЕНТНЫХ ГРАМОТРИЦАТЕЛЬНЫХ БАКТЕРИЙ, ВЫДЕЛЕННЫХ В ПЕДИАТРИЧЕСКОМ СТАЦИОНАРЕ

ФГАУ «НМИЦ здоровья детей» Минздрава России, Москва, Россия

Цель. Определить механизмы резистентности к карбапенемам у грамотрицательных бактерий.

Материалы и методы. Чувствительность к антибиотикам определяли методом микроразведений в бульоне и на анализаторе Vitek 2. Группы генов карбапенемаз детектировали методом ПЦР в режиме реального времени.

Результаты. В период 2022–2023 гг. было исследовано 620 грамотрицательных микроорганизмов, выделенных из различных клинических локусов. Среди Enterobacterales (n = 349) встречались *Klebsiella pneumoniae* (n = 280, 80,2%), *Serratia marcescens* (n = 36, 10,3%) и *Escherichia coli* (n = 15, 4,3%) и другие (n = 18, 5,2%). Грамотрицательные неферментирующие бактерии (n = 271) были представлены *Pseudomonas aeruginosa* (n = 197, 72,7%) и *Acinetobacter baumannii* (n = 74, 27,3%). Продукция карбапенемаз обнаружена у 91,7% (n = 320) Enterobacterales, 51,8% (n = 102) *P. aeruginosa* и всех исследованных штаммов *A. baumannii* (n = 74, 100%). Резистентность к карбапенемам у энтеробактерий главным образом ассоциировалась с металло-бета-лактамазой группы NDM (n = 90, 28,1%). Карбапенемаза группы OXA-48 встречалась у 26,9% (n = 86) штаммов, у 25,9% (n = 83) обнаружена карбапенемаза группы KPC. Также были найдены штаммы, сочетающие несколько генов карбапенемаз: OXA-48 + NDM (n = 45, 14,1%), KPC + NDM (n = 12, 3,8%), OXA-48 + KPC + NDM (n = 3, 0,9%), OXA-48 + KPC (n = 1, 0,3%). У большинства штаммов *P. aeruginosa* детектирована металло-бета-лактамаза группы VIM (n = 100, 98,0%). Один изолят продуцировал IMP. В одном изоляте обнаружена карбапенемаза группы NDM. Среди штаммов *A. baumannii* преобладала карбапенемаза OXA-40 (n = 51, 68,9%), карбапенемаза OXA-23 обнаружена у 31,1% (n = 23) штаммов.

Выводы. Резистентность к карбапенемам у большинства штаммов Enterobacterales ассоциировалась с карбапенемазой группы NDM. Основной механизм резистентности к карбапенемам у *P. aeruginosa* – продукция VIM. Среди штаммов *A. baumannii* преобладала карбапенемаза OXA-40.

НОСОВ Н.Ю., ОХЛОПКОВА О.В., ШАГАБИЕВА Ю.З., ШПИЛЕВАЯ М.В.

67. ГЕНЕТИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ АНТИМИКРОБНОЙ РЕЗИСТЕНТНОСТИ РОССИЙСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ *NEISSERIA GONORRHOEAE*

ФГБУ «ГНЦ дерматовенерологии и косметологии» Минздрава России, Москва, Россия

Цель. Исследовать наличие генетических детерминант резистентности у штаммов современной российской популяции *Neisseria gonorrhoeae*.

Материалы и методы. В исследовании использовали 19 клинических изолятов *N. gonorrhoeae*, поступивших из медицинских организаций дерматовенерологического профиля Российской Федерации в 2022 г. Для получения полногеномных последовательностей про-

водили секвенирование на платформе MiSeqIllumina. Поиск генетических детерминант резистентности проводили с использованием специализированных программ ResFinder и CARD.

Результаты. Исследования по выявлению и анализу генетических детерминант резистентности у российских штаммов *N. gonorrhoeae*, выявили наличие большого количества замен в генах *penA, ponA* и *porB,* участвующих в формировании устойчивости к бета-лактамным антибиотикам, также у всех исследованных штаммов были обнаружены замены в генах *gyrA и parC*, ответственные за развитие резистентности к фторхинолонам. У 3-х из 19 исследуемых штаммов обнаружена характерная делеция А в 13 п.н. инвертированном повторе, локализованном между -10 и -35 регионами промотора mtrR, данная мутация угнетает транскрипцию mtrR и нарушает репрессию системы эффлюкса mtrCDE, что приводит к повышению одновременной устойчивости к цефалоспоринам, пенициллинам, макролидам и фторхинолонам. В исследуемых штаммах были выявлены множественные несинонимичные замены в гене *mtrF*, однако на данный момент не показано влияние этих замен на экспрессию данного гена и их связь с антибиотикорезистентностью. У 10 исследуемых штаммов была обнаружена замена D11N в гене *rpsE*, участвующая в формировании устойчивости к макролидам. Мутаций, ответственных за устойчивость к спектиномицину, в исследуемой выборке обнаружено не было. Все исследованные штаммы относятся к геногруппе MLST 1901, для штаммов которой характерны подобные профили генотипической резистентности к действию антимикробных препаратов.

Выводы. В настоящее время отмечается значительное увеличение доли штаммов геногруппы MLST 1901 в структуре российской популяции *N. gonorrhoeae*. Проведенное нами исследование показывает наличие большого количества детерминант антимикробной резистентности у российских штаммов, относящихся к данной геногруппе, в том числе наличие ранее не описанных несинонимичных нуклеотидных замен, влияние которых на фенотипическую устойчивость еще предстоит изучить. Распространение на территории штаммов *N. gonorrhoeae* геногруппы MLST 1901 с выявленными детерминантами является наиболее вероятной причиной роста уровня фенотипической устойчивости к пенициллинам, фторхинолонам, тетрациклинам и макролидам после многолетнего периода восстановления чувствительности к этим препаратам.

ОБРАЗЦОВА О.А., ШПИЛЕВАЯ М.В., ЛАГУН К.М.

68. МОЛЕКУЛЯРНЫЕ ТИПЫ И АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ *TREPONEMA PALLIDUM*, ВЫДЕЛЕННОЙ НА ТЕРРИТОРИИ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ В 2013–2023 ГГ.

ФГБУ «ГНЦ дерматовенерологии и косметологии» Минздрава России, Москва, Россия

Цель. Обобщение информации о мониторинге молекулярных типов и устойчивости к макролидам у изолятов *Treponema pallidum,* выделенных на территории Российской Федерации за десять лет – с 2013 по 2023 г.

Материалы и методы. Амплификацию генов *T. pallidum* осуществляли на основе пар праймеров с использованием ДНК-амплификатора T100 Thermal Cycler (Bio-Rad, США). С целью поиска генетических детерминант резистентности к макролидам проводили анализ фрагмента гена 23S рРНК. Первичная расшифровка нуклеотидных последовательностей осуществлялась в программе Sequencing Analysis 5.3.1. Для выравнивания анализируемых фрагментов целевых генов на референсные сиквенсы *T. pallidum* использовали программу Mega 11.

Результаты. Молекулярное типирование 2013 г. по трем генам (*arp*, *tpr* и *tp0548*) определило 8 молекулярных типов с доминированием типа 14 (98,4%), субтипа 14d/f (91,13%); доля следующего по количеству субтипа 14b/f составила 3,05%; на долю каждого минорного субтипа (14d/g; 9d/f 14c/f, 14i/f, 14b/g и 14e/f) приходилось по 0,97%. Анализ нуклеотидной последовательности гена *arp* позволил отнести российскую популяцию *T. pallidum* к геногруппе Street Strain 14. В настоящее время доминирующим остаётся молекулярный тип 14d/f (83,8%), в меньшем количестве определяются субтипы 14d/g (8,7%) и 14d/d (4,6%). В отдельные годы определялись также минорные субтипы 14b/f, 14c/f, 14e/f, 14i/f, 14 b/g и 9 d/f. Основной метод лечения сифилиса – антибиотики группы пенициллина. При невозможности терапии пенициллином назначаются альтернативные схемы лечения с использованием антибиотиков широкого спектра действия, одним из которых является азитромицин. Потенциальные детерминанты резистентности к макролидам определяются как мутации в гене 23S рРНК и обозначаются как A2058G или A2059G. В период 2013–2023 гг. количество штаммов с мутацией устойчивости к азитромицину A2058G составило 13,9% от общего количества выделенных в РФ изолятов *T. pallidum*. Штаммы, несущие данную мутацию, относятся к четырём молекулярным субтипам – 14 d/g, 14 b/g и 14 d/d. Субтип 14 d/g регулярно определяется в Центральном и Сибирском ФО и составляет 64,2% от всех устойчивых к азитромицину штаммов. На втором месте по количеству выделенных изолятов с мутацией A2058 G оказался субтип 14 d/d – 33,9%, который впервые появился в 2022 г. в Центральном ФО, а в 2023 г. определялся также в Северо-Кавказском ФО. Изоляты редко встречаемого подтипа 14 b/g – 1,9%,

поступили из Сибирского ФО. Изоляты с мутацией A2059G на территории РФ не обнаруживаются.

Выводы. Исследования свидетельствуют о динамичности популяции *T. pallidum* на территории РФ – появлении и распространении новых молекулярных типов, в том числе устойчивых к азитромицину. Непрерывный мониторинг циркулирующих штаммов *T. pallidum* может облегчить понимание географического распространения инфекции и антибиотикорезистентности штаммов.

ПЕРФИЛЬЕВА Д.Ю.[1], БОЙКОВ В.А.[1], МИРОШНИЧЕНКО А.Г.[2], ПЕРФИЛЬЕВ В.Ю.[1], ЛЕЩЕВА Д.Д.[1], АНТИПИНА Е.А.[1]

69. ЭТИОЛОГИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА И АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ МИКРООРГАНИЗМОВ У ПАЦИЕНТОВ С ПОСТИНЪЕКЦИОННЫМИ АБСЦЕССАМИ

[1] ФГБОУ ВО «Сибирский государственный медицинский университет» Минздрава России, Томск, Россия
[2] ФГБОУ ДПО «Всероссийский учебно-научно-методический центр по непрерывному медицинскому и фармацевтическому образованию» Минздрава России, Москва, Россия

Цель. Изучить этиологическую структуру возбудителей постинъекционных абсцессов в Томской области и определить чувствительность основных патогенов к антибактериальным препаратам.

Материалы и методы. Проведен ретроспективный анализ 109 случаев постинъекционных абсцессов (ПА) у пациентов, поступивших на лечение в ОГАУЗ «Городская клиническая больница № 3 им. Б.И. Альперовича» (Томск) в 2022–2024 гг. Идентификация микроорганизмов проводились классическим бактериологическим методом. Чувствительность микробных патогенов к антибактериальным препаратам определялась диско-диффузионным методом на среде Мюллера-Хинтон при помощи дисков Bio-Rad (США). Результаты интерпретировали в соответствии с критериями EUCAST.

Результаты. В этиологии ПА превалировали представили порядка Enterobacterales (59,6%) и семейства *Staphylococcaceae* (24,8%). Среди Enterobacterales чаще идентифицировались *K. pneumoniae* (64,6%), *E. coli* (27,7%) и *P. mirabilis* (3,1%). В видовой структуре *Staphylococcaceae* преобладали *S. aureus* (74,1%), *S. haemolyticus* (14,8%) и *S. epidermidis* (11,1%). *K. pneumoniae* проявляла резистентность к цефалоспоринам – цефотаксиму (50,0%), цефтазидиму (42,9%) и цефепиму (40,5%). Выявлена резистентность *K. pneumoniae* к ципрофлоксацину на уровне 42,9%. К аминогликозидам резистентность патогенов варьировала от 26,2% к гентамицину до 4,8% к амикацину. Нечувствительность к карбапенемам – эртапенему, имипенему и меропенему составила 21,4%, 2,4% и 19,1%. *E. coli* характеризовалась резистентностью к ампициллину в 50,0% случаев. Нечувствительность к цефалоспоринам – цефотаксиму и цефтазидиму составила 33,3%, к цефепиму 27,8%. Резистентность изолятов к ципрофлоксацину наблюдалась в 33,3% случаев. Все патогены были чувствительны к гентамицину, при этом резистентность к амикацину составила 5,6%. Резистентность к имипенему составила 5,6%, при этом изоляты проявляли абсолютную чувствительность к эртапенему и меропенему. *S. aureus* отличался 100% чувствительностью к линезолиду, тигециклину и ванкомицину. Резистентность к клиндамицину и эритромицину наблюдалась у 15,0% изолятов. Резистентность *S. aureus* к цефокситину составила 20,0%.

Выводы. В структуре возбудителей ПА превалировали грамотрицательные бактерии, преимущественно представители порядка Enterobacterales. *K. pneumoniae и E. coli* обладали неблагоприятным профилем чувствительности преимущественно к цефалоспоринам и фторхинолонам. Выявленные особенности профиля антибиотикорезистентности основных этиологических агентов ПА следует учитывать при проведении эмпирической антибактериальной терапии.

ПЕТРОВ А.Д., ГОРГОЦКИЙ И.А., ШКАРУПА А.Г.

70. ЕСТЬ ЛИ СМЫСЛ ПОВТОРЯТЬ ПОСЕВ МОЧИ В СТАЦИОНАРЕ ПРИ НАЛИЧИИ АМБУЛАТОРНОГО ПОСЕВА ПЕРЕД ЭНДОУРОЛОГИЧЕСКИМ ВМЕШАТЕЛЬСТВОМ ПО ПОВОДУ МОЧЕКАМЕННОЙ БОЛЕЗНИ?

Клиника высоких медицинских технологий им. Н.И. Пирогова Санкт-Петербургского государственного университета, Санкт-Петербург, Россия

Цель. Сравнение результатов амбулаторного и госпитального посевов мочи, и их влияния на тактику антибактериальной терапии у пациентов, которым планируется оперативное лечение по поводу нефролитиаза.

Материалы и методы. После получения одобрения локального этического комитета КВМТ им. Н.И. Пирогова СПбГУ (№ 3/22 от 10.11.22), с ноября 2022 г. по июнь 2023 г. в исследование проспективно включено 100 пациентов, которым планировалось выполнение эндоурологических вмешательств в урологическом отделении клиники. У всех пациентов, включенных в исследование, имелись результаты амбулаторного посева мочи, а после госпитализации посев мочи повторялся всем пациентам уже в стационаре.

Результаты. По результатам анализа посевов мочи было обнаружено, что из 100% пациентов, прошедших амбулаторный предоперационный скрининг, полное совпадение результатов бактериального посева произошло, только в 41 % случаев. Частота положительного посева мочи на амбулаторном этапе составила 59% (n = 59),при этом в стационаре (до начала терапии) положительный посев мочи был подтвержден у 58% (n = 58) пациентов. При отрицательном амбулаторном посеве, положительный посев был выявлен в 18% случаев. У 23% пациентов наблюдался отрицательный результат микробиологического исследования как в амбулаторном, так и в стационарном посеве. У 40%

пациентов оба варианта посева имели положительный результат, из этих пациентов только у 18 (18%) была выявлена одинаковая флора, а у остальных 22 пациентов (22%) штаммы возбудителей не совпадали. Коррекция антибактериальной терапии произошла в 28% случаев по причине проявления ССВО. У 40% (n = 40) пациентов госпитальный посев привел к корректировке плана антибиотикотерапии. Из грамотрицательной флоры, в 34% преобладала кишечная палочка (*E. coli*). Грамположительная флора в 21% была представлена энтерококком (*Enterococcus* spp.). В большинстве случаев штаммы бактерий, выявленных в амбулаторном посеве мочи, совпадали с результатами госпитального посева.

Выводы. Повторение бактериологического посева мочи при поступлении в стационар повышает точность диагностики и позволяет, при необходимости, провести обоснованную коррекцию антибактериальной терапии.

ПРИБЫТКОВА О.В., КУТРОВА Е.Ф., МУХАМЕДЗЯН Р.М., РОМАНЕНКО О.А.

71. ЭТИОЛОГИЯ ИНФЕКЦИЙ, СВЯЗАННЫХ С ОКАЗАНИЕМ МЕДИЦИНСКОЙ ПОМОЩИ ПАЦИЕНТАМ В МНОГОПРОФИЛЬНОМ СТАЦИОНАРЕ

ГАУЗ «Областная клиническая больница № 3», Челябинск, Россия

Цель. Изучить динамику возбудителей, вызывающих госпитальные инфекции нижних дыхательных путей и инфекций в области хирургического вмешательства.

Материалы и методы. Предоставлен статистический анализ регистрации ИСМП за период 2015–2022 гг., микробиологический пейзаж основных возбудителей нозокомиальных инфекций.

Результаты. В 2015 г. в стационаре было развернуто 1221 коек, в 2022 г. – 1670. Показатель экстренности 70,9% в 2015 г. и 76% в 2022 г. Количество пролеченных больных в 2015 г. составило 51327человек, в 2022 г. – 63170. Проведено операций 16344 в 2015 г. и 24665 в 2022 г. В 2015 г. зарегистрировано 564 ИСМП, из них ИОХВ 92 случая (16,3%), ИНДП составляли 464 эпизода (82,3%), из них ИВЛ-ассоциированных пневмоний было 155 (33,4%). В 2022 г. было 368 случаев ИСМП, из них ИОХВ 67 (18,2%), ИНДП 288 (78,3), из них ИВЛ-ассоциированные пневмонии составили 115 (39,9%). Микробиологический мониторинг ИОХВ показал: 2015 г./2022 г. *A. baumannii* – 8,7%/7,4%, *K. pneumoniae* – 5,4%/13,4%, *P. aeruginosa* – по 5,4%/4,5%, *E. coli* – 5,5%/13,4%, *S. aureus* – 8,7%/11,9%. Микробиологический мониторинг ИНДП выявил: 2015 г./2022 г. *A. baumannii* – 21,3%/17,7%, *K. pneumoniae* – 9,9%/57,6%, *P. aeruginosa* – по 10,3%/12,5%, *E. coli* – 3,2%/4,2%, *S. aureus* – 17,8%/6,6%. За 7 лет увеличилось количество пациентов, пролеченных за год, также вырос процент хирургических больных и количество операций. Тем не менее количество ИСМП уменьшилось. Спектр возбудителей ИСМП остался прежним, однако в 2022 г. резко изменились позиции в структуре ИОХВ – лидируют *K. pneumoniae* (БЛРС-продуценты – 20% и панрезистентные – 2%) и *E. coli* (БЛРС – 20%), на второе место вышел *S. aureus* (в 11% случаев MRSA), затем *A. baumannii* и *P. aeruginosa*.

Выводы. Рост резистентных штаммов *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *S. aureus* в условиях многопрофильного стационара требует усиления инфекционного контроля и постоянного мониторинга антибиотикорезистентности.

ПРИБЫТКОВА О.В., КУТРОВА Е.Ф., РОМАНЕНКО О.А., МУХАМЕДЗЯН Р.М.

72. ЭТИОЛОГИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА И АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ МИКРОФЛОРЫ РАН В ОТДЕЛЕНИИ ГНОЙНОЙ ХИРУРГИИ

ГАУЗ «Областная клиническая больница № 3», Челябинск, Россия

Цель. Провести анализ микрофлоры ран и резистентность к антибактериальным препаратам с использованием системы AMRcloud.

Материалы и методы. Предоставлен микробиологический пейзаж основных возбудителей инфекций в отделении гнойной хирургии при помощи системы AMRcloud.

Результаты. В 2021 г. начато внедрение онлайн-платформы AMRcloud на базе ГАУЗ «ОКБ № 3» бактериологической лаборатории инфекционного центра. За 2022 г. проведено исследование 1460 микробных патогенов из отделения гнойной хирургии. В 33% случаев микрофлора не выделена. В 33% обнаружена грамположительная флора, 33% грамотрицательная флора. В спектре грамположительной флоры преобладают *S. aureus* (68%) и *E. faecalis* (31,7%). Грамотрицательная флора представлена *E. coli* (32%), *K. pneumoniae* (27%), *P. aeruginosa* (16%), *P. mirabilis* (9%), *A. baumannii* (7%). Выявлено, что *A. baumannii* резистентен к меропенему в 19% случаев, к колистину – в 1%. *K. pneumoniae* в 40% резистентна к меропенему, в 7% – к колистину, в 54% – к цефепиму. *P. aeruginosa* в 27% устойчива к меропенему и 7% – к колистину. Из *S. aureus* MRSA составили 18%. Обнаружен *E. faecium*, устойчивый к линезолиду (2%).

Выводы. Система AMRcloud – позволяет быстро проводить глубокий анализ микрофлоры, ее резистентности в разрезе отделений, локусов инфекции в выбранном временном аспекте, что позволит проводить пересмотр протоколов антибиотикотерапии. Система AMRcloud в многопрофильном стационаре это шаг внедрения системы управления качеством оказания медицинской помощи пациентам.

ПУНЧЕНКО О.Е.[1], ГОРДЕЕВА С.А.[1,2], ЛИСИЦЫН И.Ю.[3], САВЧЕНКО М.В.[1]

73. ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТЬ К АНТИМИКРОБНЫМ ПРЕПАРАТАМ У БАКТЕРИЙ, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ МОЧЕВЫХ КАТЕТЕРОВ И ДРЕНАЖНЫХ ТРУБОК

[1] ФГБОУ ВО «Северо-Западный государственный медицинский университет им. И.И. Мечникова» Минздрава России, Санкт-Петербург, Россия
[2] СПб ГБУЗ «Больница Боткина», Санкт-Петербург, Россия
[3] ФГБУ «РНЦРХТ им. акад. А.М. Гранова», Санкт-Петербург, Россия

Цель. Оценить резистентность к антибиотикам и фагам бактерий, колонизирующих мочевые катетеры и дренажи.

Материалы и методы. В исследование были включены пациенты без признаков инфекционного заболевания с установленными мочевыми катетерами или дренажными трубками, принимавшие с профилактической целью/не принимавшие амоксициллин/клавуланат минимум за 5 дней до извлечения устройств. Для изучения микробной контаминации использованных мочевых катетеров и эпицистостомического дренажа их сразу после удаления помещали в транспортную среду и в течение 16 ч. доставляли в лабораторию. Количественный посев проводили на хромогенную среду Urinary Tract Infections (UTIC, Condalab). Микроорганизмы идентифицировали до вида на базе Централизованной бактериологической лаборатории СПб ГБУЗ «Больница Боткина» с использованием метода масс-спектрометрии на приборе Vitek-MS (bioMerieux, Франция). Оценку чувствительности к антибиотикам проводили при помощи ДДМ с интерпретацией результатов по EUCAST, v14.0 (2024), к бактериофагам – при помощи спот-теста. Дополнительно изучали синергию/антагонизм между фагами и антибиотиками по отношению к выделенным штаммам.

Результаты. С каждого устройства были выделены ассоциации микроорганизмов, среди которых доминировали *Klebsiella pneumoniae* и *Enterococcus faecalis*. В случае, если пациент принимал антибиотик до извлечения катетера/дренажа, количество бактерий было достоверно ниже, но все равно превышало 100 000 КОЕ/мл. Устойчивость к антибиотикам была выявлена у следующих бактерий: *Pseudomonas aeruginosa* (к имипенему и промежуточная резистентность к меропенему), *Staphylococcus epidermidis* (к ципрофлоксацину), *K. pneumoniae* (к гентамицину, цефепиму; у больных, получавших антибиотик, дополнительная устойчивость к цефотаксиму). Фаги (Секстафаг, Интестифаг, Стафилофаг, Клебсифаг, Пиофаг) были активны в отношении всех соответствующих штаммов бактерий, за исключением одного штамма *K. pneumoniae*, устойчивого к Клебсифагу, выделенного из эпицистостомического дренажа у больного, принимавшего амоксициллин/клавуланат.

Выводы. Биопленки, образуемые бактериями на мочевых катетерах и стентах, являются серьезной проблемой в урологии. Так как со всех устройств были выделены ассоциации микроорганизмов в значимом количестве, назначение этиотропной терапии с профилактической целью может быть полезным в борьбе с мочевыми инфекциями. Так как у протестированных антибиотиков и бактериофагов не наблюдалось антагонизма при совместном тестировании, эти препараты можно принимать одномоментно.

ПЫРСИКОВ А.С.[1], СОЛТЫНСКАЯ И.В.[1], КРЫЛОВА Е.В.[1], КИРСАНОВА Н.А.[1], ТИМОФЕЕВА И.А.[1], ПУТИНЦЕВА А.В.[1], ПРАСОЛОВА О.В.[1], ГОРДЕЕВА В.Д.[2], ИВАНОВА О.Е.[1]

74. ПОЛНОГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ ИЗОЛЯТОВ *LISTERIA MONOCYTOGENES*, ВЫДЕЛЕННЫХ В РАМКАХ МОНИТОРИНГА АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ

[1] ФГБУ «Всероссийский государственный Центр качества и стандартизации лекарственных средств для животных и кормов», Москва, Россия
[2] ФГБУ «ФНКЦ физико-химической медицины им. акад. Ю.М. Лопухина ФМБА», Москва, Россия

Цель. Пополнение исследовательской коллекции изолятов, полученных ФГБУ «ВГНКИ» в рамках мониторинга антибиотикорезистентности.

Материалы и методы. *Listeria monocytogenes* выделяли стандартными методиками из образцов пищевой продукции, фекалий и образцов из окружающей среды. Пробы отбирали в различных регионах РФ в хозяйствах, выращивающих свиней, коров, кур, овец. Чувствительность к антибиотикам различных классов определяли методом серийных микроразведений в бульоне и интерпретировали с учетом рекомендаций EUCAST. Выделение ДНК осуществляли с помощью набора реагентов PureLink Genomic DNA. Приготовление ДНК-библиотеки проводили с использованием набора Nextera XT DNA Sample Preparation Kit, полногеномное секвенирование – на системе MiSeq (Illumina). Для биоинформатического анализа данных и сборки геномов *de novo* использовали программы: FastQC, Trimmomatic, SPAdes, QUAST. Определение видовой принадлежности бактерий, мультилокусное типирование и поиск генов антибиотикорезистентности проводили на онлайн-ресурсах KmerFinder, MLST и ResFinder.

Результаты. В рамках ветеринарного мониторинга антибиотикорезистентности было отсеквенировано 9 изолятов *L. monocytogenes*. Мультилокусное типирование показало, что большинство изолятов относятся к разным сиквенс-типам. Два изолята относятся к ST-8, два – к ST-111, по одному изоляту – к ST-20, ST-29, ST-37, ST-87 и ST-504. В геномах всех изолятов идентифицировали ген *fosX*, кодирующий белок FosX и обеспечивающий природную устойчивость листерий к фосфомицину за счет его инактивации. Наличие во всех геномах гена *lin* (*lmo0919*) не коррелировало с фенотипом резистентности к макролиду эритромицину. В геномах четырёх изолятов был выявлен ген *norB*, кодирующий NO-редуктазу и ассоциированный с устойчивостью к фторхинолонам. Однако корреляции с их фенотипом установлено не было – только один изолят был резистентен к ципрофлоксацину и моксифлоксацину, тогда как остальные были чувствительны. В изоляте, выделенном из фекалий КРС, выявлен ген *qnrB*, кодирующий

белок QnrB, который связывается с комплексом ДНК/ДНК-гираза и препятствует взаимодействию фторхинолонов с данным ферментом. В геноме этого изолята ген *qnrB* локализован на плазмидном контиге, что способствует его быстрому горизонтальному переносу между микроорганизмами, в том числе таксономически и экологически отдаленными. Генов устойчивости к аминогликозидам (aad, ant, aph и др.) не было выявлено, что объясняет чувствительность всех исследованных изолятов к гентамицину, за исключением одного. Отсутствие этих генов у резистентного изолята указывает на другие механизмы устойчивости к таким антибиотикам.

Выводы. У протестированных методом полногеномного секвенирования изолятов *Listeria monocytogenes* выявлены следующие биохимические механизмы устойчивости к антибиотикам различных классов: инактивация антибиотика (ген *fosX*), эффлюкс (*norB*) и защита мишени (*qnrB*).

РАГИМОВ И.Г.[1], КОЧЕТОВ А.Г.[2], ПРОКОПЬЕВА М.А.[1]

75. МОНИТОРИНГ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ В УСЛОВИЯХ УРОЛОГИЧЕСКОГО СТАЦИОНАРА

[1] Филиал № 3 ФГБУ «НМИЦ высоких медицинских технологий – Центральный военный клинический госпиталь им. А.А. Вишневского» Минобороны России, Одинцово, Россия
[2] ФГБУ «НМИЦ высоких медицинских технологий – Центральный военный клинический госпиталь им. А.А. Вишневского» Минобороны России, Красногорск, Россия

Цель. Проанализировать микробный спектр возбудителей инфекционно-воспалительных осложнений (ИВО) после малоинвазивных операций в условиях урологического стационара и определить антибиотикорезистентность госпитальных штаммов.

Материалы и методы. Выполнено ретроспективное исследование данных 176 пациентов с мочекаменной болезнью, находившихся на лечении в стационаре. Всем пациентам выполнена операция – трансуретральная контактная лазерная уретеролитотрипсия по поводу камня мочеточника. Для оперативного лечения отбирались больные со стерильной мочой. В послеоперационном периоде проводился обязательный бактериологический анализ мочи с определением чувствительности к антибиотикам. Далее выполнялось исследование бактериальных культур на выявление генов резистентности методом ПЦР в режиме реального времени с помощью набора реагентов БакРезиста GLA отечественного производства.

Результаты. Анализ результатов посева мочи, проведенного после оперативного лечения, выявил возникновение послеоперационной бактериурии у 67 (38%) пациентов со стерильной до операции мочой, несмотря на проводимую эмпирическую периоперационную антибиотикопрофилактику. По результатам посевов мочи распределение бактериальной флоры было следующим: *E. coli* – 10 (12,8%), *E. faecalis* – 17 (21,8%), *E. faecium* – 15 (19,2%), *P. aeruginosa* – 6 (7,7%), *A. baumannii* – 2 (2,6%), *K. pneumoniae* – 15 (19,2%), *S. haemolyticus* – 4 (5,2%), прочие микроорганизмы – 9 (11,5%). Монокультуры выявлены в 49 случаях (73,1%), микробные ассоциации – в 18 (26,9%). Представители семейства энтеробактерий выявлены у 25 пациентов (37,3%); в моче у 8 пациентов (11,9%) выделены полирезистентные штаммы *P. aeruginosa* и *A. baumannii*. У 78% выделенных в моче энтеробактерий и неферментирующих грамотрицательных палочек нами были выявлены генетические детерминанты резистентности, среди которых лидирующее место занимали гены: NDM (23%), OXA-48 (16%), VIM и CTX-M-1 (по 11,6%), SHV (7,0%), TEM (4,6%). У 100% выделенных штаммов *A. baumannii* обнаруживали сочетание генов резистентности к карбапенемам – GES-5, OXA-23 и OXA-40.

Выводы. Значительную долю выявляемых в урологическом стационаре возбудителей ИВО составляют энтеробактерии и неферментирующие грамотрицательные микроорганизмы, которые имеют высокий уровень резистентности к используемым с профилактической целью антибактериальным препаратам в периоперационном периоде. Постоянное применение ПЦР-диагностики в реальном времени имеет важное значение в клинической практике для выявления генов резистентности микроорганизмов и подбора оптимальной схемы антибиотикопрофилактики и терапии ИВО.

РЕБЯТНИКОВА М.А.[1], СВИНОБОЕВ С.Л.[1], ЦУЛАИЯ Р.М.[1], ЧЕРКАСОВА И.А.[1], ВЕШКУРЦЕВА И.М.[1,2]

76. ОСНОВНЫЕ ВОЗБУДИТЕЛИ ПЕРИИМПЛАНТНОЙ РАНЕВОЙ ИНФЕКЦИИ ПО РЕЗУЛЬТАТАМ РАБОТЫ ОТДЕЛЕНИЯ ТРАВМАТОЛОГИИ И ОРТОПЕДИИ МНОГОПРОФИЛЬНОГО СТАЦИОНАРА

[1] ГБУЗ ТО «Областная клиническая больница № 2», Тюмень, Россия
[2] ФГБОУ ВО «Тюменский государственный медицинский университет» Минздрава России, Тюмень, Россия

Цель. Изучить профиль и антибиотикорезистентность возбудителей периимплантной инфекции (ПИИ) в многопрофильном стационаре.

Материалы и методы. Проанализированы медицинские карты стационарных пациентов с ПИИ, которые проходили лечение в отделении травматологии и ортопедии в 2023 г. Отбор проводился по «Журналу регистрации случаев инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи». Изучено 70 штаммов бактерий, выделенных из раневого отделяемого, взятого при поступлении пациента в отделение.

Результаты. В 2023 г. лечение по поводу ПИИ проходили 69 человек, из них в 37,6% случаев была инфекция области хирургического вмешательства, развившаяся после имплантации эндопротеза. В 59% раневая инфекция возникала у женщин, в 41% – у мужчин. Средний возраст составил 62,5 года. 96% пациентов были с тяжелой сопутствующей патологией.

Основными возбудителями ПИИ явились грамположительные кокки (81%), из них 56,6% составил *S. aureus*. 79,5% штаммов *S. aureus* были чувствительны к цефокситину и гентамицину. 20,5% составили штаммы *MRSA*. Грамотрицательные бактерии составили 13%, из них в половине случаев выделена *Klebsiella* spp. (все кроме 1 штамма продуцировали БЛРС). Зависимости факторов риска, которые зафиксированы в медицинской карте пациента и могли способствовать развитию инфекции, вызванной резистентными штаммами, и выделенного возбудителя обнаружить не удалось. Всем пациентам проводилась антибактериальная терапия, перевязки, в 8% случаев потребовалось удаление металлоконструкции/эндопротеза, в 55% проводилась инвазивная процедура по удалению инфицированных тканей.

Выводы. ПИИ возникала преимущественно у пожилых пациентов с тяжелой сопутствующей патологией. Основным возбудителем инфекции являлся *S. aureus* в большинстве случаев с хорошей чувствительностью. Случаи инфекции, вызванных резистентными штаммами, с наличием факторов риска связать не удалось. Активное выявление, учет периимплантной инфекции с последующим анализом возбудителей позволяет своевременно провести коррекцию стартовых схем антибактериальной терапии.

РЫЖОВА К.А., ГУЛЬТЯЕВА Н.А., КОЛЕСНИКОВА И.В., ШЕЛКОВНИКОВА О.В.

77. МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИЙ МОНИТОРИНГ КАК ОСНОВА ПОДХОДА К ФОРМИРОВАНИЮ ПРОТОКОЛОВ СТАРТОВОЙ АНТИМИКРОБНОЙ ТЕРАПИИ НОЗОКОМИАЛЬНЫХ ИНФЕКЦИЙ

ФГАУ «НМИЦ лечебно-реабилитационный центр» Минздрава России, Москва, Россия

Цель. Оценить влияние дополнительной клинической информации на результаты анализа локальной этиологической структуры и антимикробной резистентности (АМР) нозокомиальных инфекций (НИ) при составлении рекомендаций для протокола эмпирической терапии на основе данных микробиологического мониторинга.

Материалы и методы. С октября 2022 г. по сентябрь 2023 г. в ФГАУ «НМИЦ ЛРЦ» Минздрава России проведены проспективная оценка заболеваемости НИ и анализ их этиологической структуры по результатам первичных микробиологических исследований (МБИ) для каждого случая. Полученные данные сравнивались со структурой возбудителей, исходя из ретроспективного анализа антибиотикограмм, вносимых в программу «Микроб-2» в течение того же периода, без исходной опции дифференциации первичных, повторных и скрининговых МБИ. Оценка заболеваемости НИ проводилась впервые.

Результаты. Из 193 зарегистрированных НИ 29% представлены пневмониями, 20,7% – интраабдоминальными инфекциями, 20,7% – инфекциями кожи и мягких тканей, 11,4% – инфекциями мочевыводящих путей, 9,3% – инфекциями кровотока, 7,3% – инфекциями суставов, 1,6% – инфекциями ЦНС. При анализе первичных МБИ для случаев НИ получена следующая этиологическая структура: *E. coli* (24,5%), *K. pneumoniae* (21,8%), *P. aeruginosa* (10,1%), *S. aureus* (10,1%), *E. faecalis* (7,8%), *A. baumannii* (5,8%), *P. mirabilis* (5,1%), *Candida* spp. (3,9%), *Enterobacter* spp. (3,5%). Кроме того, оценены рейтинг возбудителей для каждого локуса инфекции и их чувствительность к антибиотикам. При сравнении с микробным пейзажем на основе данных, накопленных в программе «Микроб-2» (которая не учитывала стратификацию данных), получены существенные различия: *E. coli* (22,2%), *K. pneumoniae* (13,8%), *E. faecalis* (11,3%), *Candida* spp. (11,2%), *S. epidermidis* (10,6%), *P. mirabilis* (5,2%), *S. aureus* (5,0%), *P. aeruginosa* (4,2%), *A. baumannii* (1,1%).

Выводы. Продемонстрирована роль учета дополнительных параметров при анализе этиологической структуры, что определяет необходимость организации мониторинга с учетом ряда переменных и применения специализированных инструментов для достижения конечной, с позиции клинического фармаколога, цели мониторинга АМР – оптимизации стартовых схем АМТ. Обновление локальных данных об этиологической структуре и АМР позволило скорректировать режимы стартовой терапии.

РЫЧАГОВА К.Э.[1], БОЧАНОВА Е.Н.[2], КУРЦ Е.М.[3], ШЕРСТНЕВА Е.Н.[4]

78. СТРУКТУРА НЕЖЕЛАТЕЛЬНЫХ РЕАКЦИЙ НА АНТИМИКРОБНЫЕ ПРЕПАРАТЫ В КРАСНОЯРСКОМ КРАЕ

[1] Военная часть 41528, Красноярск, Россия
[2] ФГБОУ ВО «Красноярский государственный медицинский университет им. проф. В.Ф. Войно-Ясенецкого» Минздрава России, Красноярск, Россия
[3] КГБУЗ «Краевая клиническая больница», Красноярск, Россия
[4] Территориальный орган Росздравнадзора по Красноярскому краю, Красноярск, Россия

Цель. Анализ структуры нежелательных реакций (НР), возникших в результате применения антимикробных препаратов (АМП), в Красноярском крае.

Материалы и методы. Проведен анализ базы данных «Фармаконадзор» Росздравнадзора по Красноярскому краю за 2020–2023 гг., информация о НР поступала методом спонтанных сообщений (СС).

Результаты. Из 1408 сообщений о НР лекарственных препаратов, 371 сообщение (27%) было связано с применением АМП. Наибольшее количество НР (37%) зафиксировано в возрастной категории от 18 до 44 лет. Доля женщин (61%) достоверно больше доли мужчин. Сообщения о НР были получены преимущественно из медицинских организаций (МО) г. Красноярска (93%). Наибольшее число сообщений регистрировалось в КГБУЗ ККБ (48%), КГБУЗ КМКБ № 4 (11%), КГБУЗ «КГДБ № 8» (9%), КГБУЗ ККПТД (8%), КГБУЗ КМКБСМП им. Н.С. Карповича (5%). Лидирующими

МО по количеству поданных карт-извещений в районах Красноярского края стали КГБУЗ «Дивногорская МБ», КГБУЗ «Норильская МБ № 1», КГБУЗ «Нижнеингашская РБ». Наиболее часто НР встречались при применении бета-лактамов (цефтриаксон – 18%, амоксициллин/клавуланат – 11%, цефоперазон/сульбактам – 7%), фторхинолонов (левофлоксацин – 15%, ципрофлоксацин – 5%, моксифлоксацин – 2%), гликопептидов (ванкомицин – 10%), карбапенемов (имипенем – 4%, меропенем – 2%, дорипенем – 1%). Основная доля сообщений о НР регистрировалась со стороны кожи и подкожных тканей (крапивница, эритема, токсические высыпания на коже, аллергический дерматит) и составила 78%, в 7% сообщений НР отмечались со стороны нервной системы (головная боль, головокружение, парестезии, нарушение сна), 4% составили нарушения со стороны ЖКТ (тошнота, рвота, диарея, снижение аппетита, диспепсия, метеоризм).

Выводы. В Красноярском крае доля НР на АМП составляет 27%. Наиболее часто НР регистрируются при применении бета-лактамных антибиотиков (44%), фторхинолонов (23%), гликопептидов (13%), карбапенемов (6%).

РЯБИНИН И.А., ВАСИЛЬЕВА Н.В., ЧИЛИНА Г.А., БОГОМОЛОВА Т.С.

79. МАСС-СПЕКТРОМЕТРИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ ШТАММОВ *ASPERGILLUS FUMIGATUS* В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ К ИТРАКОНАЗОЛУ

ФГБОУ ВО «Северо-Западный государственный медицинский университет им. И.И. Мечникова» Минздрава России, Санкт-Петербург, Россия

Цель. Выявить специфические различия в композиции MALDI-масс-спектров штаммов *A. fumigatus* с различными величинами минимальной ингибирующей концентрации итраконазола.

Материалы и методы. Исследовали 22 клинических изолята *A. fumigatus* из Российской коллекции патогенных грибов, в том числе 3 контрольных штамма, идентифицированных методом таргетного ДНК-секвенирования локусов ITS и β-тубулина (РКПГ F-1384, F-1437 и F-1279). Штаммы реидентифицировали морфологически, а также методом линейной MALDI-TOF масс-спектрометрии на инструменте Autoflex speed TOF/TOF в режиме MBT с библиотекой масс-спектро-профилей Fungi Library. Культуры для экстракции белков готовили с помощью оригинального приема получения микроколонии. Чувствительность штаммов к итраконазолу определили согласно действующим клиническим рекомендациям. Сравнительный анализ MALDI-масс-спектров выполнили в flexAnalysis 3.4: для всех масс-спектров сделали субстракцию до условной базовой линии, генерацию масс-листов, цветовое маркирование в зависимости от избранной величины МИК (2 мг/л и более), групповое сравнение наложением.

Результаты. Пятнадцать штаммов *A. fumigatus* имели МИК < 2 мг/л, 7 штаммов – ⩾ 2 мг/л. Благодаря повторным процедурам получили 53 масс-спектра для 1-ой группы штаммов, 19 – для 2-ой. Установили, что только для штаммов с МИК ⩾ 2 мг/л характерна высокая интенсивность пиков 2210, 3114, 3153, 3271, 3708, 3729, 4100, 4109, 4163, 4187, 4288, 4304, 4321, 4352, 4368, 4420, 4439, 4434, 4533, 4555, 4572, 4753, 4946, 5080, 5681, 6073, 6111, 6125, 6763, 6644, 6763, 7419, 7459, 8218, 8607, 8640 и 8739 Da, а также серии малых пиков в диапазоне 2,6–3,1 kDa. Примечательно, что конкретные пики и комплексы пиков из списка были характерны не для всей группы в целом, а в разной степени для отдельных штаммов без единой тенденции. У штаммов с МИК < 2 мг/л более высокой интенсивности достигают пики 3037, 3137, 3448, 3994, 4372, 4821, 4860, 5024 Da, а также серии пиков 2,2–2,5 kDa и 5,5–5,6 kDa.

Выводы. Ранее нами были установлены масс-спектрометрические различия аспергиллов секций Flavi и Nigri с различной чувствительностью к итраконазолу методом матрицы коэффициента корреляции. Но этот метод не позволил выявить такие различия у штаммов *A. fumigatus*. В данном исследовании использовали подход, позволяющий обнаруживать наиболее «мягкие» отличительные черты в композиции MALDI-масс-спектра, что оказалось успешным.

Исследование выполнено в рамках государственного задания Минздрава России № НИОКТР 122012100294-4.

САЛИНА Т.Ю.

80. МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНОТИПИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА КЛИНИЧЕСКИХ ИЗОЛЯТОВ *MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS*, ВЫДЕЛЕННЫХ ОТ БОЛЬНЫХ С ОСТРОПРОГРЕССИРУЮЩИМИ ФОРМАМИ ТУБЕРКУЛЕЗА

ФГБОУ ВО «Саратовский государственный медицинский университет им. В.И. Разумовского» Минздрава России, Саратов, Россия

Цель. Изучить частоту встречаемости разных генотипов *M. tuberculosis* (МБТ), их сполиготипов и мутации в генах katG, inhA, ahpC, rpoB, ассоциированных с лекарственной устойчивостью (ЛУ) к изониазиду (H) и рифампицину (R) у больных с остротекущими формами туберкулеза (ОФТБ).

Материалы и методы. Проведено генетическое типирование 69 клинических изолятов МБТ, выделенных из мокроты больных ОФТБ (диссеминированный – 56 (81,2%), генерализованный – 12 (17,4%), казеозная пневмония – 1 (1,4%)) в Саратовском областном противотуберкулезном диспансере. Использовался метод сполиготипирования и гибридизации на биологическом микрочипе с набором реагентов «Сполиго-биочип» для изучения генотипов МБТ и метод биочипов с набором «БИОЧИП-MDR» (ООО «БИОЧИП-ИМБ», Москва) для определения ЛУ к H и R. Для оценки результатов при-

менялся аппарат «Чипдетектор-01» с программным обеспечением «ImaGeWare®».

Результаты. Обнаружено 8 генотипов МБТ (Beijing, Beijing-like, Haarlem, Ural, T, Microti, Manu 2, EAI 1 SOM). Генотип Beijing. выявлен в 20 (28,9%) образцах, среди которых регистрировались сполиготипы: (SIT) 1 – в 5, SIT 265 – в 4, SIT 250 – в 6 случаях, остальные SIT 585,796,406 – в единичных случаях. Генотипы Haarlem и Ural обнаружены у 10 (14,5%) и у 11 (15,9%) пациентов соответственно, в обоих генотипах наблюдалась большая гетерогенность SIT (9398,1462,1256,1134,1172,1140, 1136 и другие). В 16 (23,2%) образцах зарегистрирован генотип T (SIT 499 – 4 человека, остальные SIT 291,774,173,832, 501,1053,136,263, 214, 189, 1221 – по 1 случаю). Другие генотипы МБТ зарегистрированы в единичных случаях (LAM – у 2 (2,9%), Manu 2 – у 4 (5,8%), Microti – у 4 (5,8%), EAI 1 SOM – у 2 (2,9%). У больных с ОФТБ изолированная устойчивость к H установлена в 14 (20,3%), устойчивость к R – в 12 (17,3%), устойчивость к H и R одновременно (МЛУ) – в 22 (31,8%) случаях. Мутации, ассоциированные с ЛУ к H, включая МЛУ, были представлены: в гене katG – 35 (50,7%), inhA – 13 (37,7%), ahpC – 2 (5,8%). Самыми частыми видами мутации были в гене katG ser315-Thr1 – 22 (31,9%) и в гене rpoB (ser531-Leu) – 18 (26,1%).

Выводы. На территории Саратовской области среди больных с ОФТБ доминирующим генотипом МБТ является Beijing, который регистрируется у каждого пятого пациента с частыми сполиготипами 1 и 5. У пациентов ОФТБ наблюдается высокий уровень МЛУ – 31,8% с превалирующими мутациями в гене katG (ser315-Thr1) и в гене rpoB (ser531-Leu), что свидетельствует о высоком уровне ЛУ и требует своевременной коррекции терапии.

САФРОНОВА Е.В.[1], РОЛДУГИНА Т.В.[1], ФИЛАТОВА М.В.[1], ШАПОВАЛОВА И.В.[2], СКЛЕЕНОВА Е.Ю.[3]

81. РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ КАРБАПЕНЕМОРЕЗИСТЕНТНЫХ ШТАММОВ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* В МНОГОПРОФИЛЬНОМ СТАЦИОНАРЕ ЛИПЕЦКА

[1] ГУЗ «Областной кожно-венерологический диспансер», Липецк, Россия
[2] ГУЗ «Городская больница скорой медицинской помощи № 1», Липецк, Россия
[3] НИИ антимикробной химиотерапии ФГБОУ ВО СГМУ Минздрава России, Смоленск, Россия

Цель. Оценить распространенность карбапенеморезистентных штаммов *Klebsiella pneumoniae* на примере одного из стационаров г. Липецка и спектр выявленных карбапенемаз.

Материалы и методы. Было исследовано 38 клинически значимых штаммов *K. pneumoniae*, выделенных от пациентов, находившихся в многопрофильном стационаре, из различных видов клинического материала (24 штамма из мочи при инфекциях мочевыводящих путей, 12 штаммов из раневого отделяемого при ИКМТ, инфекциях костей и суставах, абдоминальных инфекциях; 2 штамма из мокроты у пациентов с диагнозом «внебольничная пневмония»). Чувствительность к антибиотикам определялась стандартным диско-диффузионным методом, оценка результатов согласно КР-2021.01. При необходимости определяли МПК меропенема или имипенема методом Е-тестов (Liofilhem, Италия или Oxoid, Великобритания). Все штаммы в дальнейшем отправлялись в НИИ антимикробной химиотерапии (г. Смоленск) в рамках многоцентрового исследования «МАРАФОН», где проходили повторную идентификацию на масс-спектрометре и ПЦР-исследование на наличие/отсутствие генов карбапенемаз.

Результаты. Из 38 штаммов *K. pneumoniae* только у 8 гены карбапенемаз обнаружены не были (21%). У остальных штаммов были выявлены карбапенемазы следующих типов – 2 штамма КРС, 18 штаммов имели OXA-48 и 21 штамм – металло-бета-лактамазы NDM, при этом у 11 штаммов *K. pneumoniae* NDM и OXA-48 обнаруживались одновременно. Штаммы с карбапенемазой КРС были выделены из раневого отделяемого (при ИКМТ и интраабдоминальных инфекциях). Оба пациента поступили в стационар г. Липецка после длительного пребывания в стационарах г. Москвы.

Выводы.

1. Карбапенеморезистентные штаммы широко распространены в многопрофильных стационарах г. Липецка.
2. Среди карбапенемаз у *K. pneumoniae* преобладают NDM и OXA-48.
3. Необходимо выявление гипервирулентных штаммов *K. pneumoniae* в рутинной практике, поскольку по данным научных публикаций, имеет место конвергенция гипервирулентности и полирезистентности у госпитальных штаммов *K. pneumoniae*.

СИЛЬВАНОВИЧ Е.А.[1], ЛИТВИНЧУК Д.В.[1], АНИСЬКО Л.А.[2], ДАНИЛОВ Д.Е.[1], КАРПОВ И.А.[1]

82. БАКТЕРИАЛЬНЫЕ ОСЛОЖНЕНИЯ, ВЫЗВАННЫЕ *ACINETOBACTER BAUMANNII*, У ПАЦИЕНТОВ С ПАНДЕМИЧЕСКИМ COVID-19, ГОСПИТАЛИЗИРОВАННЫХ В ГОРОДСКУЮ КЛИНИЧЕСКУЮ ИНФЕКЦИОННУЮ БОЛЬНИЦУ МИНСКА

[1] УО «Белорусский государственный медицинский университет», Минск, Республика Беларусь
[2] УЗ «Городская инфекционная клиническая больница», Минск, Республика Беларусь

Цель. Установить частоту бактериальных осложнений, вызванных *Acinetobacter baumannii*, у пациентов с пандемическим COVID-19, госпитализированных в УЗ «Городская клиническая инфекционная больница» г. Минска, проанализировать микробиологическую чувствительность и клинические исходы.

Материалы и методы. В исследование включено 11203 пациентов, госпитализированных с диагнозом

COVID-19 в УЗ «Городская клиническая инфекционная больница» г. Минска за период с марта 2020 по июнь 2023 г. Исследование крови на стерильность выполнено у 1717 /11203 (15,3%) пациентов, получены 3741 образец крови на стерильность, положительные культуры составили 454/3741 (12,1%). Культивирование образцов крови проводилось на гемокультиваторе Bact/Alert 3D-120 (bioMerieux, Франция), идентификация выделенных культур проводилась с использованием анализаторов Vitek (bioMerieux, Франция). Статистический анализ выполнялся в R 4.2.4 с применением пакетов dplyr, gtsummary.

Результаты. Положительные культуры выявлялись: в 2020 г. – 93/559 (17%), 2021 г. – 174/1371 (13%), 2022 г. – 121/1119 (11%), 2023 г. – 66/716 (9,2%). Частота встречаемости *A. baumannii* среди других положительных культур составила: в 2020 г. – 2,7% (15/559), в 2021 г. – 0,9% (12/1347), в 2022 г. – 0,4% (4/1119), в 2023 г. – 0,6% (4/716); выявлена у 27 пациентов, среди которых 12 мужчин и 15 женщин. Смертность от инфекций кровотока, связанная с *A. baumannii* составила: 74,1% (20/27). По результатам микробиологической чувствительности к антибактериальным препаратам все тестируемые изоляты (17/17) были чувствительны к колистину, 70% тестируемых изолятов (7/10) были чувствительны к тигециклину, 3,9% (1/26) были чувствительны к меропенему.

Выводы. За период наблюдения с 2020 по 2023 г. у госпитализированных пациентов с Covid-19 наблюдается снижение абсолютного количества высевов *A. baumannii*. Смертность от инфекции кровотока, связанной с *A. baumannii*, сохраняется на высоком уровне. В схемах антимикробной терапии инфекции кровотока могут использоваться карбапенемы (в зависимости от значений МПК в повышенных дозах); колистин остается чувствительным к данным изолятам *A. baumannii*. Несмотря на установленную высокую чувствительность тигециклина, применение его для лечения инфекций кровотока является нецелесообразным из-за особенностей фармакокинетики. Таким образом, остро встает вопрос о необходимости наличия новых антибактериальных препаратов, таких как цефидерокол и сульбактам/дурлобактам.

СЛАВОХОТОВА А.А., ШЕЛЕНКОВ А.А., МИХАЙЛОВА Ю.В., АКИМКИН В.Г.

83. БАЗА ДАННЫХ ДЛЯ ГЕНОМНОГО ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКОГО МОНИТОРИНГА БАКТЕРИАЛЬНОГО ПАТОГЕНА *KLEBSIELLA PNEUMONIAE*

ФБУН «ЦНИИ эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия

Цель. Провести анализ геномов 61857 изолятов *K. pneumoniae* из базы данных Genbank с целью определения их ST, KL- и O-типов, профилей cgMLST, а также выявления геномных детерминант резистентности и вирулентности и наличия CRISPR/Cas систем.

Результаты. Было выявлено, что более 25% изолятов относятся к глобальному клону CG258, при этом наиболее распространенным был ST11 (16%). Наиболее распространенным KL-типом был KL64 (8%), O-типом – O1/O2v1 (30%). Также было выявлено, что 29% изолятов содержат CRISPR-Cas систему типа I-E.

Выводы. Полученные данные, несмотря на ограниченную репрезентативность базы Genbank, будут полезны для исследования распространения определенных клонов высокого риска в различных регионах, а также для осуществления эпидемиологического мониторинга и исследования путей и способов приобретения резистентности в популяциях *K. pneumoniae*, что позволить разработать дополнительные меры по ограничению распространения этого опасного патогена. База данных доступна в сети Интернет по адресу: https://zenodo.org/doi/10.5281/zenodo.11069018.

СЛИВКИН М.Д., ДАНИЛОВ А.И.

84. РЕТРОСПЕКТИВНЫЙ АНАЛИЗ АНТИМИКРОБНОЙ ТЕРАПИИ КУЛЬТУРАЛЬНО-НЕГАТИВНОГО ИНФЕКЦИОННОГО ЭНДОКАРДИТА В МНОГОПРОФИЛЬНОМ СТАЦИОНАРЕ СМОЛЕНСКА

ФГБОУ ВО «Смоленский государственный медицинский университет» Минздрава России, Смоленск, Россия

Цель. Изучить практику назначения антимикробной терапии при культурально-негативном инфекционном эндокардите (ИЭ) в многопрофильном стационаре города Смоленска.

Материалы и методы. Исследование основано на ретроспективном анализе случаев ИЭ без выделения этиологически значимых возбудителей в многопрофильном стационаре г. Смоленска в период с января 2016 г. по декабрь 2022 г.

Результаты. В исследование включено 20 случаев ИЭ. В рамках стартовой терапии в ходе настоящей госпитализации аминогликозиды (гентамицин, амикацин) назначались в 85,0% случаев, в 55,0% – цефалоспорины III поколения (цефтриаксон, цефотаксим), в 30,0% – гликопептиды (ванкомицин), в 15,0% – фторхинолоны (ципрофлоксацин, левофлоксацин), в 10,0% – антистафилококковые пенициллины (оксациллин). Эффективность стартовой терапии: в 25,0% – выздоровление, в 20,0% – улучшение, в 50,0% – нет эффекта, в 5,0% – летальный исход. При смене режима терапии в 90,0% случаев назначались аминогликозиды (гентамицин), в 70,0% – гликопептиды (ванкомицин), в 20,0% – цефалоспорины III поколения (цефтриаксон), в 10,0% – антистафилококковые пенициллины (оксациллин), в 5,0% – липопептиды (даптомицин), в 5,0% – карбапенемы (имипенем, меропенем). Эффективность данной терапии: в 50,0% – выздоровление, в 30,0% – улучшение, в 10,0% – нет эффекта, в 10,0% – летальный исход.

Выводы.

1. Наиболее часто назначаемыми группами антимикробных препаратов при стартовой терапии в ходе настоящей госпитализации являлись аминогликозиды – 85,0%, цефалоспорины III поколения – 55,0%, гликопептиды – 30,0% и фторхинолоны – 15,0%.

2. Наиболее часто назначаемыми группами антимикробных препаратов при смене режима терапии в ходе настоящей госпитализации являлись аминогликозиды – 90,0%, гликопептиды – 70,0%, цефалоспорины III – 20,0%, антистафилококковые пенициллины – 10,0%.

3. Отмечена недостаточная эффективность антимикробной терапии при стартовой терапии.

СМИРНОВ А.К., ЕЛИСЕЕВА Е.В., ФЕДЯШЕВ Г.А.

85. СОСТАВ И АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ МИКРОФЛОРЫ КОНЪЮНКТИВЫ НЕДОНОШЕННЫХ НОВОРОЖДЕННЫХ

ФГБОУ ВО «Тихоокеанский государственный медицинский университет» Минздрава России, Владивосток, Россия

Цель. Анализ микрофлоры конъюнктивы у недоношенных новорожденных для выявления основных микроорганизмов и их антибиотикорезистентности.

Материалы и методы. Проведен микробиологический анализ конъюнктивы с определением антибиотикорезистентности у 38 недоношенных новорожденных (76 глаз) в срок до 1 мес. после рождения. Гестационный возраст – от 29 до 36 нед. Масса тела при рождении – от 950 до 3000 г. Для забора материала конъюнктивы использованы eSwab системы со средой Эймса. Идентификацию микроорганизмов и определение чувствительности к антимикробным препаратам проводили диско-диффузионным методом на агаре Мюллера-Хинтон, учет результатов проводили с помощью анализатора ADAGIO (Bio-Rad, США). Также изучены результаты посевов с цервикального канала и наружных половых органов матерей (38 пациентов) для выявления возможной контаминации конъюнктивы детей во время родов. Все результаты были обработаны с помощью программного обеспечения Microsoft Excel.

Результаты. Результаты микробиологического исследования конъюнктивы 38 недоношенных новорожденных (76 глаз): 33 пациента (66 глаз) – стерильно (86,84%); 5 пациентов (10 глаз) – *S. epidermidis* (13,16%); 2 пациента (4 глаза) – MRS (40%); 2 пациент (2 глаза) – MLS-B (10%). Во всех случаях *S. epidermidis* был чувствителен к фторхинолонам. Результаты микробиологического исследования цервикального канала и наружных половых органов матерей (38 пациентов): 2 пациента – *Enterococcus faecalis* (5,26%) – чувствительны к фторхинолонам; 1 пациент – *Escherichia coli* (2,63%) – БЛРС, чувствительная к амикацину, резистентная к левофлоксацину; 2 пациента – кандиды (*Candida glabrata*, *Candida albicans*) (5,26%) – чувствительные к флуконазолу. Объективной корреляции между микрофлорой конъюнктивы недоношенных новорожденных и микрофлорой цервикального канала матерей не выявлено.

Выводы. Часто встречаемым микроорганизмом конъюнктивы недоношенных новорожденных до 1 мес. является *S. epidermidis*, нередко имеющий MRS или MLS-B резистентность. Наименьшая резистентность выявлена к фторхинолонам.

СОБОЛЬ М.М., МИРОНОВ А.А., КОПЫЛОВА А.В., БОГДАНОВ Р.С.

86. ВЫЯВЛЕНИЕ ГЕНОВ РЕЗИСТЕНТНОСТИ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* И *PSEUDOMONAS AERUGINOSA* У ОНКОЛОГИЧЕСКИХ ПАЦИЕНТОВ ОТДЕЛЕНИЯ РЕАНИМАЦИИ В ДИНАМИКЕ ЗА 4 ГОДА

ГБУЗ «Областной онкологический диспансер», Иркутск, Россия

Цель. Оценить динамику роста карбапенемазопродуцирующих штаммов *Klebsiella pneumoniae* и *Pseudomonas aeruginosa*, выделенных от пациентов в отделении анестезиологии-реанимации (АРО) онкологического диспансера за период с 2019 по 2022 г.

Материалы и методы. В исследование включены 133 пациента, находящиеся на лечении в АРО с нозокомиальными инфекциями, у которых выделены карбапенемазы разных классов за период с 2019 по 2022 г. Проанализированы истории болезни 15 пациентов в 2019 г., 34 пациентов в 2020 г., 27 в 2021 г. и 57 пациентов в 2022 г. Детекция генов карбапенемаз проводилась методом ПЦР на приборе Cepheid GeneXpert.

Результаты. За изучаемый период гены карбапенемаз выявлены в основном у *K. pneumoniae*. В 2019 г. впервые выделены карбапенемазы OXA-48 (n = 30), в 2020 г. из 75 группа OXA-48 составила 68, и впервые появились гены NDM *P. aeruginosa* (n = 7); в 2021 г. из 98 карбапенемаз группа OXA-48 составила 48, NDM (n = 16) и выявлены OXA48 + NDM (n = 33), а также впервые зарегистрированы VIM (n = 2). В 2022 г. общее количество карбапенемаз было 183, из них 93 составили OXA-48 и 48 составили NDM, 30 принадлежали OXA-48 + NDM, а также впервые были выделены сериновые карбапенемазы KPC (n = 2). Металло-бета-лактамазы группы NDM впервые появились в 2020 г. от пациента, прибывшего из другого региона (Алтайский край), достаточно быстро распространились, в 2021 г. выявлены (n = 33) в сочетании OXA-48 + NDM.

Выводы. В динамике с 2019 по 2022 г. у пациентов с нозокомиальными инфекциями в АРО онкологического диспансера выявлен рост карбапенемаз группы OXA-48 в 3 раза, группа NDM с 2020 г. увеличилась в 7 раз, группа OXA-48 + NDM появилась в 2021 г. и оставалась примерно на том же уровне, однако с 2021 г. Появилась группа VIM, которая увеличилась в 5 раз по сравнению с предыдущими годами к 2022 г., а в 2022 г. впервые выявлены карбапенемазы группы KPC.

СОЛОДОВНИКОВА В.В.[1], ИСАЙКИНА Я.И.[2], ВЕТУШКО Д.А.[1], ЯЦКЕВИЧ Н.В.[1], СКРЯГИНА Е.М.[1]

87. БЕЗОПАСНОСТЬ ПРИМЕНЕНИЯ БИОМЕДИЦИНСКОГО КЛЕТОЧНОГО ПРОДУКТА ПРИ ЛЕЧЕНИИ ЛЕКАРСТВЕННО-УСТОЙЧИВОГО ТУБЕРКУЛЕЗА ЛЕГКИХ С ПРИМЕНЕНИЕМ КОРОТКИХ РЕЖИМОВ ХИМИОТЕРАПИИ

[1] ГУ «РНПЦ пульмонологии и фтизиатрии», Минск, Республика Беларусь
[2] ГУ «РНПЦ детской онкологии, гематологии и иммунологии», Минск, Республика Беларусь

Цель. Проведение оценки безопасности применения биомедицинского клеточного продукта (БМКП) на основе аутологичных мезенхимальных стромальных клеток (МСК) у пациентов с лекарственно-устойчивым туберкулезом (ЛУ-ТБ) легких, находящихся на коротких режимах химиотерапии туберкулеза.

Материалы и методы. Было проведено когортное нерандомизированное проспективное исследование, направленное на изучение безопасности применения БМКП на основе аутологичных МСК у пациентов, находящихся на коротких режимах лечения ЛУ-ТБ. В исследование было включено 32 пациента: 16 пациентов – в основную группу исследования и 16 – в группу сравнения. Пациенты, в возрасте от 20 до 60 лет с ЛУ-ТБ, находились на лечении в ГУ «Республиканский научно-практический центр пульмонологии и фтизиатрии» в период с 2021 по 2023 г. На фоне противотуберкулезного лечения короткими режимами химиотерапии, пациентам основной группы исследования, проводился забор костного мозга, а затем внутривенное введение БМКП «Клетки мезенхимальные стволовые костного мозга человека» ТУ BY 600395123.001-2014 на основе аутологичных МСК. Применялись 2 варианта коротких режимов лечения ЛУ-ТБ. Первый вариант включал в себя 9 мес. лечения бедаквилином, линезолидом, левофлоксацином, циклосерином и клофазимином. Второй вариант – 5,5 мес. лечения бедаквилином, линезолидом, претоманидом и моксифлоксацином/клофазимином.

Результаты. Доза БМКП составляла в среднем 1,53 (0,52 – 3,14) × 10^6 МСК на килограмм веса пациента. МСК в дозе 104,0 (30 – 160) × 10^6, были получены из 253,81 ± 32,96 × 10^6 мононуклеарных клеток, выделенных из 65,5 (30 – 94) мл костного мозга, и последующей экспансии МСК *in vitro* в течение 21–44 сут. Осложнений и побочных эффектов при введении БМКП не наблюдалось. Нежелательные явления (НЯ), возникающие на фоне противотуберкулезного лечения, оценивались по критериям CTCAE v4. Как в основной, так и в контрольной группах чаще всего встречалась нефропатия (12 эпизодов у 9 пациентов и 14 эпизодов у 10 пациентов соответственно). На втором месте регистрировалась диарея (6 эпизодов у 6 пациентов и 11 эпизодов у 6 пациентов соответственно). На третьем месте по частоте было повышение уровня печеночных трансаминаз: повышение АЛТ было зарегистрировано у 4 пациентов основной группы и у 6 – контрольной; АСТ – у 4 и 7 пациентов соответственно. При проведении мониторинга противотуберкулезного лечения было выявлено, что пациенты основной группы исследования переносят химиотерапию лучше. На одного пациента в контрольной группе исследования за период наблюдения приходилось в среднем 3,9 НЯ, тогда как в основной группе исследования только 2,4 ($p = 0,01$). Сходная картина наблюдалась и при сравнении эпизодов НЯ и эпизодов легких НЯ в основной и контрольной группах: 3,0 и 5,6 ($p > 0,1$); 2,1 и 3,4 ($p > 0,1$) соответственно. Тяжелые НЯ встречались достоверно реже в основной группе исследования: 0,1 в основной и 0,6 в контрольной группе ($p < 0,001$). НЯ крайней тяжести не были зарегистрированы у пациентов в данном исследовании.

Выводы. Наши результаты показывают, что лечение пациентов с ЛУ-ТБ короткими режимами в сочетании с введением БМКП на основе аутологичных МСК является более безопасным. Химиотерапия переносится легче из-за меньшей частоты развития НЯ и снижения их тяжести.

СТАРКОВА Д.А., ГЛАДЫШЕВ Н.С., ПОЛЕВ Д.Е., СВАРВАЛЬ А.В.

88. МУТАЦИИ В ГЕНЕ 23S рРНК, АССОЦИИРОВАННЫЕ С УСТОЙЧИВОСТЬЮ КЛИНИЧЕСКИХ ИЗОЛЯТОВ *HELICOBACTER PYLORI* К КЛАРИТРОМИЦИНУ

ФБУН «Санкт-Петербургский НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера» Роспотребнадзора, Санкт-Петербург, Россия

Цель. Выявление точечных мутаций в гене 23S рРНК, ассоциированных с фенотипической лекарственной устойчивостью к кларитромицину (CLR) клинических изолятов *H. pylori*.

Материалы и методы. Изучены 50 изолятов *H. pylori*, выделенных от взрослых пациентов с хроническим гастритом (n = 36), язвенной болезнью двенадцатиперстной кишки (n = 13) и раком желудка (n = 1) в период с 2014 по 2022 г. Из 50 изолятов 30 были получены от впервые выявленных больных, 20 – от ранее леченых. Культивирование *H. pylori* осуществляли на обогащенном Колумбийском агаре и инкубировали в микроаэрофильных условиях (GasPak 100). Чувствительность изолятов *H. pylori* к кларитромицину определяли диско-диффузионным методом. Продукты амплификации гена 23S рРНК (1402 п.н.) секвенировали по Сэнгеру. Обработка хроматограмм, выравнивание сиквенсов на референсную последовательность *H. pylori* 26695 и идентификация нуклеотидных замен выполнены с использованием программы Unipro UGENE v.38.1.

Результаты. Оценка результатов фенотипического теста лекарственной чувствительности 50 изолятов *H. pylori* показала, что 30 изолятов являлись CLR-устойчивыми, 20 – CLR-чувствительными. Точечная мутация A2147G была обнаружена у 17 (56,7%) CLR-устойчивых изолятов и лишь у одного (5,0%) CLR-чувствительного изолята ($p = 0,0002$). Мутация A2146G выявлена у 13,3% (4/30) CLR-устойчивых изолятов ($p = 0,14$). Ни один из

CLR-устойчивых изолятов не являлся носителем одновременно двух мутаций A2146G/A2147G, в то время как 9 (30,0%) – не имели ни одной мутации. Таким образом, совпадение генотипической и фенотипической устойчивости к CLR на основании присутствия мутаций A2146G + A2147G составило 70,0%. Все клинические изоляты, полученные от ранее леченых больных (n = 20), принадлежали к группе CLR-устойчивых. Из них 16 (80,0%) являлись носителями A2146G или A2147G мутаций, тогда как в группе впервые выявленных больных (n = 30) лишь 5 изолятов (16,7%) являлись носителями одной из двух мутаций (p = 0,003). Помимо точечных замен в позициях 2146/2147, нами были выявлены однонуклеотидные замены G1567T, C1568A/T, A1825G, G1830A, T1834C, T2186C, однако без ассоциации с фенотипической лекарственной устойчивостью (p > 0,05).

Выводы. Из всех вариантов нуклеотидных замен в гене 23S рРНК, только одна – A2147G – ассоциирована с фенотипической лекарственной устойчивостью клинических изолятов *H. pylori* к кларитромицину. Несмотря на низкую частоту встречаемости точечной мутации A2146G, детекция комбинированной мутации A2146G/A2147G может служить предиктором фенотипической устойчивости клинических изолятов *H. pylori*.

СУЖАЕВА Л.В., ЕГОРОВА С.А.

89. МОЛЕКУЛЯРНЫЕ ОСНОВЫ УСТОЙЧИВОСТИ К ФТОРХИНОЛОНАМ У ПОЛИРЕЗИСТЕНТНЫХ *ESCHERICHIA COLI*, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ МИКРОБИОТЫ КИШЕЧНИКА ДЕТЕЙ

ФБУН «Санкт-Петербургский НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера» Роспотребнадзора, Санкт-Петербург, Россия

Цель. Выявить механизмы устойчивости к фторхинолонам у полирезистентных штаммов *Escherichia coli*, выделенных из микробиоты кишечника.

Материалы и методы. Полногеномное секвенирование 36 полирезистентных (устойчивых к 3 и более классам АМП) штаммов *E. coli*, выделенных из микробиоты кишечника детей в возрасте от 1 мес. до 17 лет выполнено на платформе Illumina MiSeq. Анализ полученных данных на предмет поиска детерминант резистентности выполнен с использованием платформы ResFinder. Минимальные ингибирующие концентрации (МИК) ципрофлоксацина и налидиксовой кислоты определены методом градиентной диффузии с использованием Е-тестов.

Результаты. Резистентными к фторхинолонам были 58,3% полирезистентных штаммов, при этом у 47,2% изолятов МИК ципрофлоксацина составляла 32 мг/л и более. Устойчивыми к налидиксовой кислоте были 91,7% штаммов, МИК налидиксовой кислоты 61,1% изолятов превышала 256 мг/л. Механизмы устойчивости к хинолонам/фторхинолонам были выявлены у 91,7% штаммов. Хромосомные мутации в QRDR-регионах генов ДНК-гиразы и топоизомеразы IV выявлены у 69,5% штаммов. Гены семейства *qnr*, кодирующие продукцию экранирующих белков обнаружили у 22,2% изолятов (*qnrB4* – 19,4%, *qnrS1* – 2,8%). Ген аминогликозид-ацетилтрансферазы *(aac(6')-Ib-cr)*, ответственной в том числе и за инактивацию фторхинолонов, выявлен у 11,1% изолятов. Штаммы, устойчивые к налидиксовой кислоте (МИК > 256 мг/л) и ципрофлоксацину (МИК > 32 мг/л), имели от трех до пяти однонуклеотидных замен в генах ДНК-гиразы (*gyrA* (S83L и D87N)) и топоизомеразы IV (*parC* (S80I и E84V); *parE* (I529L)). У четырех штаммов помимо хромосомных мутаций был обнаружен ген аминогликозид-ацетилтрансферазы *(aac(6')-Ib-cr)*. Штаммы, устойчивые к налидиксовой кислоте (МИК от 12 до 96 мг/л) и чувствительные ципрофлоксацину, либо имели одну или две однонуклеотидные замены в генах ДНК-гиразы (*gyrA* (S83A)) и топоизомеразы IV (*parE* (I529L)), либо обладали генами семейства *qnr* (*qnrB4*; *qnrS1*). Штаммы, чувствительные к налидиксовой кислоте и ципрофлоксацину, не обладали ни одним из вышеперечисленных механизмов устойчивости к хинолонам/фторхинолонам.

Выводы. Более половины полирезистентных *E. coli* были устойчивы к фторхинолонам. Из трех выявленных механизмов резистентности ведущим является механизм, связанный с изменением мишени к этой группе препаратов, опосредованный хромосомными мутациями в генах ДНК-гиразы и топоизомеразы IV. Более высокие МИК фторхинолонов связаны с количеством мутаций (3 и более) и их локализацией.

СУЖАЕВА Л.В., ЕГОРОВА С.А., САИТОВА А.Т., ПОЛЕВ Д.Е.

90. РАЗНООБРАЗИЕ БЕТА-ЛАКТАМАЗ ПОЛИРЕЗИСТЕНТНЫХ *ESCHERICHIA COLI*, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ МИКРОБИОТЫ КИШЕЧНИКА ДЕТЕЙ

ФБУН «Санкт-Петербургский НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера» Роспотребнадзора, Санкт-Петербург, Россия

Цель. Выявить механизмы устойчивости к бета-лактамным антибиотикам у полирезистентных штаммов *Escherichia coli*, выделенных из микробиоты кишечника детей.

Материалы и методы. Полногеномное секвенирование 25 полирезистентных (устойчивых к 3 и более классам АМП) штаммов *E. coli*, выделенных из микробиоты кишечника детей в возрасте от 1 мес. до 17 лет выполнено на платформе Illumina MiSeq. Анализ полученных данных на предмет поиска детерминант резистентности выполнен с использованием платформы ResFinder. Минимальные ингибирующие концентрации (МИК) ампициллина, цефалоспоринов III–IV поколения и меропенема определены методом градиентной диффузии с использованием Е-тестов.

Результаты. Среди секвенированных полирезистентных изолятов к ампициллину были резистентными все штаммы (МИК > 512 мг/л), к цефалоспоринам

III–IV поколения были устойчивы 72,0% штаммов. МИК цефотаксима резистентных изолятов варьировала от 8 до 32 мг/л, цефтазидима – от 8 до 256 мг/л, цефепима – от 12 до 128 мг/л. Все штаммы были чувствительны к меропенему (МИК = 0,012–0,064 мг/л). Анализ данных полногеномного секвенирования показал, что все исследуемые штаммы содержали гены бета-лактамаз различных классов (A, B, C по Ambler). Гены класса A выявлены у всех изолятов (SHV – 4,0%; TEM – 72,0%; CTX-M – 72,0%), класса C (DHA-1) у 4%, класса D (OXA-1) у 16,0% штаммов. Более чем у половины изолятов (56%) обнаружено сочетанное присутствие генов. Наиболее часто встречающейся была комбинация TEM + CTX-M, выявленная у 36% штаммов. Всего выявлено 6 генотипов резистентности к бета-лактамам, два из которых представлены одним геном (TEM или CTX-M), а шесть сочетаниями 2–4 генов, относящихся к разным семействам (TEM + CTX-M; CTX-M + OXA; TEM + CTX-M + OXA; TEM + CTX-M + SHV + DHA). Гены семейства CTX-M были выявлены у всех резистентных к цефалоспоринам III–IV поколения штаммов. Генетическое семейство CTX-M включало представителей молекулярных групп CTX-M-1(72,2%) и CTX-M-9 (27,8%). Группа CTX-M-1 была представлена ферментами CTX-M-1, CTX-M-3, CTX-M-15, группа CTX-M-9 – ферментами CTX-M-14 и CTX-M-27.

Выводы. Устойчивость к бета-лактамным антибиотикам у полирезистентных штаммов *E. coli*, выделенных из микробиоты кишечника детей, связана с продукцией бета-лактамаз различных классов (A, C, D), из которых наиболее широко и разнообразно представленным является генетическое семейство CTX-M, включающее 5 разновидностей ферментов (CTX-M-1, CTX-M-3, CTX-M-15, CTX-M-14 и CTX-M-27).

ТЕЙМУРАЗОВ М.Г., КОВАЛЕНКО И.М., КИСЛИЧКИНА А.А., ТАЗИНА О.И., ЕВСЕЕВА М.А., ХОХЛОВА О.Е.

91. МИКРОЦИН L ПРОТИВ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНЫХ ГРАМОТРИЦАТЕЛЬНЫХ БАКТЕРИАЛЬНЫХ ПАТОГЕНОВ И ХАРАКТЕРИСТИКА ЕГО ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ

ФБУН «ГНЦ прикладной микробиологии и биотехнологии» Роспотребнадзора, Оболенск, Россия

Цель. Выявление возможных продуцентов микроцина L, направленного против антибиотикорезистентных грамотрицательных бактериальных патогенов и изучение его генетической структуры.

Материалы и методы. Микробиологические – скрининг штаммов, депонирование в ГКПМ-Оболенск, культивирование для накопления микроцина L, проверка на тест-культуре, подбор условий культивирования. Биофизические – видовая идентификация выделенных бактериальных культур на приборе BactoSCREEN MALDI-TOF Литех. Молекулярно-генетические, биоинформационные – анализ секвенированных полногеномных последовательностей (GenoLab M) на наличие гена микроцина L с помощью веб-ресурсов BLAST, BAGEL4.

Результаты. Проведен фенотипический скрининг штаммов *Escherichia coli* (n = 216), выделенных из объектов внешней среды, от сельскохозяйственных животных, птиц, от больных на предмет наличия микроцина L; проанализировано 22 полногеномных последовательностей штаммов *E. coli*. В 16 геномах штаммов *E. coli* не идентифицированы опероны микроцина L. Проведен сравнительный анализ выявленных генов микроцина L в 6 геномах штаммов *E. coli* и установлено различие в последовательностях препептида. В частности, структура последовательности процессингового белка (АТФ-связывающий белок cvaB) штамма *E. coli* B-9909 отличается от B-9908 более чем на 30 %. При этом, фенотипически, с использованием метода агаровых блоков, у всех перечисленных штаммов определена экспрессия микроцина L. Для оптимизации культивирования на жидких питательных средах M63, Мюллер-Хинтон, 50–52 с целью наработки микроцина L использовали штамм B-9908 *E. coli*. В качестве источников углеводов сравнивали глюкозу, лактозу и мальтозу в концентрациях 1 %/объему. Проводили культивирование в трех температурных режимах: 24°C; 37°C; 42°C. Максимальных выход микроцина L определен при использовании бульона M63 с лактозой при режимах 37°C и 42°C. Протестирована активность полученного микроцина L в отношении штаммов сальмонелл, шигелл и эшерихий.

Выводы. Микроцин L, полученный из штамма *E. coli* имеет различие в последовательностях препептида по сравнению с ранее выявленными штаммами, оптимальной средой для его накопления является бульон M63 с лактозой.

Работа выполнена в рамках отраслевой программы Роспотребнадзора.

ТИТАРЕНКО А.Ф., ИБРАГИМОВА Н.Р., САКМАРОВА Л.И.

92. ЭТИОЛОГИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА И АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ БАКТЕРИАЛЬНЫХ ИНФЕКЦИЙ В ОНКОЛОГИЧЕСКОМ СТАЦИОНАРЕ

ГАУЗ «Республиканский клинический онкологический диспансер МЗ РТ им. проф. М.З. Сигала», Казань, Россия

Цель. Провести анализ чувствительности штаммов микроорганизмов, выделенных в 2023 г. от пациентов онкологического стационара.

Материалы и методы. Обработано 2178 штаммов микроорганизмов. Посев производился стандартными методами. Идентификация возбудителя, определение чувствительности проводилось на анализаторе Vitek-2 Compact (bioMerieux, Франция).

Результаты. Доля грамотрицательной флоры составила 63,1% (*E. coli* – 24,6%, *K. pneumoniae* – 21,1%,

P. aeruginosa – 6,8%, *Enterobacter cloacae* – 4,5%, *A. baumannii* – 6,1%), доля грамположительной – 36,9% (*S. aureus* – 13,0%, *E. faecalis* – 18,1%, *E. faecium* – 5,8%). Среди 2178 штаммов резистентностью хотя бы к одному антибактериальному препарату обладали 1230 штаммов (56,5%). Антибиотикорезистентность более 50% – у *E. coli, P. aeruginosa, K. pneumoniae, E. faecium*. Из 460 штаммов *K. pneumoniae* 60,2% устойчивы к ципрофлоксацину, 65,9% к амоксициллину/клавуланату, выше 63% резистентны к незащищенным цефалоспоринам, около 40% резистентны к карбапенемам. Из 536 штаммов *E. coli* 74,3% устойчивы к ампициллину, более 50% устойчивы к незащищенным цефалоспоринам и ципрофлоксацину. 57,4% *P. aeruginosa* резистентны к тикарциллину/клавуланату. *A. baumannii* более чем в 40% случаев резистентен к меропенему, дорипенему, ципрофлоксацину. У *E. cloacae* резистентность более 40% определялась к цефтазидиму, цефотаксиму. Из 126 выделенных штаммов *E. faecium* 35,7% устойчивы к ванкомицину, более 97% резистентны к фторхинолонам (левофлоксацину и ципрофлоксацину). Из 394 выделенных штаммов *E. faecalis* 47% резистентны к фторхинолонам (левофлоксацину и ципрофлоксацину), 45% резистентны к гентамицину. Ванкомицинорезистентных штаммов *E. faecalis* не было. *S. aureus* сохранял хорошую чувствительность к основным группам антибактериальных препаратов, самая высокая резистентность составила 20,1% к ципрофлоксацину.

Выводы. Среди возбудителей инфекционных осложнений у пациентов онкологического стационара в 2023 г. преобладали грамотрицательные бактерии с высокой резистентностью к незащищенным цефалоспоринам, ципрофлоксацину. *E. faecium* практически резистентен к базовым фторхинолонам, выявлено достаточно большое количество ванкомицинорезистентных штаммов.

ТОПОЛЯНСКАЯ С.В.[1], БУБМАН Л.И.[2], РАЧИНА С.А.[1], ГЛАДКИХ М.А.[2], УСОВА Т.В.[2], КАРПОВ В.В.[2], МОЛОЧНИКОВ А.Ю.[2], ХАН С.О.[2], ЛЫТКИНА К.А.[2], МЕЛКОНЯН Г.Г.[2]

93. МИКРОБНЫЙ ПЕЙЗАЖ ПРИ ИССЛЕДОВАНИИ РАН У ПАЦИЕНТОВ С БОЕВЫМИ ТРАВМАМИ КОНЕЧНОСТЕЙ

[1] ФГАОУ ВО «Первый МГМУ им. И.М. Сеченова» Минздрава России, Москва, Россия
[2] Госпиталь для ветеранов войн № 3, Москва, Россия

Цель. Изучить структуру бактериальных возбудителей у пациентов с боевыми ранениями конечностей.

Материалы и методы. В проспективное наблюдательное исследование включено 234 пациента, перенесших ранение верхних и нижних конечностей в сроки от 4 до 36 дней (в среднем 14,9 ± 7,4 дней) до поступления в стационар. Все участники исследования были мужчинами. Возраст включенных в исследование пациентов варьировал от 19 до 59 лет, в среднем 35,8 ± 8,4 лет. Ранения голеней наблюдались у 29,3% пациентов, стоп – у 12,8%, бедра – у 9,2%, сочетанные раны голеней и стоп – у 9,6%, голеней и бедра – у 8,4%, предплечий – у 7,6%, плеч – у 4%, сочетанные раны верхних и нижних конечностей – у 7,6% пациентов. Во время пребывания в стационаре регулярно проводилось микробиологическое исследование (МБИ) раневого отделяемого с посевом на питательные среды и идентификацией микроорганизмов в соответствии со стандартными методами и процедурами. Пробы с раневым отделяемым засевали в 5% кровяной агар, маннитол солевой агар, агар Эндо. Посевы инкубировали от 24 до 120 ч. при 35–37°С. Видовая идентификация выделенных микроорганизмов проводилась с использованием биохимических тест-систем на микробиологическом анализаторе iEMSReaderMF. Определение чувствительности к антимикробным препаратам проводили полуавтоматическим методом путем определения минимальной подавляющей концентрации антибиотика на планшетах SensiLaTestMIC и диско-диффузионным методом с использованием дисков Bio-Rad (США). Интерпретация результатов выполнялась согласно клиническим рекомендациям «Определение чувствительности микроорганизмов к антимикробным препаратам», версия 2021-01.

Результаты. По результатам микробиологического исследования раневого отделяемого рост микроорганизмов обнаружен у 91,5% пациентов. Наиболее часто выявлялись *Enterococcus faecalis* – в 43,9% случаев и *Acinetobacter baumannii* – в 44,4%. Инфицирование ран *Pseudomonas aeruginosa* зарегистрировано у 26,2%, *Klebsiella pneumoniae* – у 17,3%, *Escherichia coli* – 14%, *Enterobacter cloacae* – у 12,4%, *Staphylococcus aureus* – у 11,2% пациентов. У 22,2% пациентов раны были инфицированы одним микроорганизмом, у 77,8% зарегистрирована ко-инфекция. Наиболее часто отмечалась ко-инфекция *A. baumannii* и *E. faecalis* (у 23 пациентов), *P. aeruginosa* и *E. faecalis* (у 17 пациентов), *A. baumannii* и *E. cloacae* (у 11 пациентов). 40,5% выделенных штаммов *A. baumannii* были панрезистентными, 36,5% – экстремально резистентными, 9,5% – полирезистентными и лишь 13,5% – чувствительными. 42,3% выделенных штаммов *K. pneumoniae* были панрезистентными, 46,1% – экстремально резистентными, 7,7% – полирезистентными и лишь 3,8% – чувствительными. 17,9% выделенных штаммов *P. aeruginosa* были панрезистентными, 33,3% – экстремально резистентными, 33,3% – полирезистентными. Практически все штаммы *E. faecalis* (98,9%) были чувствительными ко всем протестированным антибиотикам. Среди *E. coli* по 23,1% штаммов были экстремально резистентными и полирезистентными, панрезистентных штаммов не обнаружено. 78,2% пациентов (183) для лечения инфицированных ран назначалась антибактериальная терапия, у 21,8% (51) антибактериальная терапия не проводилась. Наиболее часто применяемыми антибактериальными препаратами были бета-лактамы (86,3% пациентов), амикацин (42,1%), ванкомицин (33,3%), карбапенемы (23,5%), линезолид (12%). Тигециклин был назначен 7,6% пациентов, ципрофлоксацин – 5,5%, азтреонам –

3,8%, цефтазидим-авибактам – 3,2%. Наряду с антибактериальной терапией всем пациентам на раны была наложена вакуум-ассистированная повязка. Результаты повторных микробиологических исследований раневого отделяемого были доступны у 162 больных. Во время стационарного лечения у 67 пациентов (41,3%) оставалась та же микрофлора в ранах. У 95 (58,6%) пациентов с серией последующих микробиологических исследований была зарегистрирована суперинфекция. Наиболее часто наблюдалось присоединение *E. faecalis* (у 28,4%) и *A. baumannii* (у 24,2%). У 18,9% пациентов отмечено присоединение *K. pneumoniae*, у 16,8% – *P. aeruginosa*, у 13,7% – *E. coli*, у 10,5% – *E. cloacae*, у 10,5% – *S. aureus*.

Выводы. Результаты настоящего исследования свидетельствуют об очень частом инфицировании ран у пациентов с боевыми травмами конечностей. Наиболее часто выявлялось инфицирование ран чувствительными штаммами *E. faecalis* и резистентными штаммами *A. baumannii*. Необходимо продолжение исследований по изучению микрофлоры ран, а также эффективности антибактериальной терапии и вакуум-ассистированных повязок в отношении элиминации патогенных микроорганизмов из ран пациентов с боевыми травмами.

ТРАПЕЗНИКОВА Б.В., ПАРОХОНЬКО Т.С., ШКАРПЕТКИН Ю.А., ЛИ Н.В.

94. ЛОКАЛЬНАЯ РЕЗИСТЕНТНОСТЬ К ПРОТИВОТУБЕРКУЛЕЗНЫМ ПРЕПАРАТАМ (ПТП), В ТОМ ЧИСЛЕ ПТП РЕЗЕРВА БЕДАКВИЛИНУ И ЛИНЕЗОЛИДУ

КУ «Сургутский клинический противотуберкулезный диспансер», Сургут, Россия

Цель. Оценить уровень резистентности у пациентов с туберкулезом к противотуберкулезным препаратам (ПТП) резерва: бедаквилину (Bd), линезолиду (Lz).

Материалы и методы. Анализ результатов исследования чувствительности культуральным методом (метод пропорций на жидких питательных средах в системе BACTEC MGIT 960) к H, R, E, S, Z, Km, Am, Cm, Lfx, Mfx, Pto, Eto, Lz, Bd сплошным методом за 2023 г. у пациентов из Сургута, Сургутского района и прикрепленных территорий. С 1 июня 2022 г. изменились правила интерпретации и подсчета МЛУ, ШЛУ штаммов – в анализ включен только полный 2023 г.

Результаты. Обследовано за 2023 г. с целью диагностики и контроля терапии 6747 человек. Всего взято в работу 22592 пробы от всех пациентов. Респираторный материал (мокрота, промывные воды бронхов) – 19060 проб (84,3%), не-респираторный материал (моча, операционный материал, СМЖ, секционный материал и др.) – 3532 проб (15,7%). Положительных проб на туберкулез получено 877 (3,88%). Лекарственная чувствительность определялась у 730 образцов (исключены повторяющиеся случаи). Лекарственно-чувствительных ко всем антибиотикам штаммов получено 233 (32%). Резистентных хотя бы к 1–2 препаратам – 66 (9%), из них к H/H + E – 52 (79%). Штаммы туберкулеза с множественной лекарственной устойчивостью (МЛУ) (H + R) – 222 (30,4%), штаммов с пре-широкой лекарственной устойчивостью (пре-ШЛУ) (R + Fq/H, R + Fq) – 190 (26%), *M. tuberculosis* с широкой лекарственной устойчивостью (ШЛУ) (R + Fq + Bd/Lz) выделено за 2023 г. 19 (2,6%), из них 5 пациентов имели сочетанную резистентность сразу к 2 препаратам резерва Bd + Lz – 0,68%.

Выводы. Бедаквилин зарегистрирован в РФ в 2013 г. и был первым за последние 40 лет ПТП с новым механизмом действия. С начала активного использования в учреждении Bd/Lz прошло 6 лет и резистентность к ним составила 2,6%. Появление устойчивости у инновационного препарата с новым механизмом действия настораживает и требует ежегодного мониторинга, жесткого контроля приёма препаратов пациентами, индивидуального подхода при повторном назначении препаратов пациентам после прерывания.

ТУФАНОВА О.С.[1], КАСИМОВА А.Р.[1,2]

95. ДИНАМИКА СПЕКТРА ВЕДУЩИХ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ОРТОПЕДИЧЕСКОЙ ИНФЕКЦИИ ЗА ПЕРИОД 2011–2022 ГГ.

[1] ФГБУ «НМИЦ травматологии и ортопедии им. Р.Р. Вредена» Минздрава России, Санкт-Петербург, Россия
[2] ФГБОУ ВО «Первый Санкт-Петербургский государственный медицинский университет им. акад. И.П. Павлова» Минздрава России, Санкт-Петербург, Россия

Цель. Оценить динамику спектра ведущих возбудителей ортопедической инфекции, у пациентов, поступивших для проведения санирующего хирургического вмешательства на отделение гнойной остеологии в период 2011–2022 гг.

Материалы и методы. Ретроспективно проанализирован спектр микроорганизмов, изолированных от возбудителей ортопедической инфекции за период 2011–2022 гг. Выделение клинических изолятов выполняли стандартными методиками в соответствии с международными стандартами микробиологических исследований. Эпидемиологический анализ выполняли с применением программы «Микроб-2» (2011–2020 гг.) и ЛИС «Акросс-Инжиниринг» (2021–2022 гг.). Полученные данные регистрировали в виде электронных таблиц, анализ проводили с помощью программы MS Office Excel 2007. К ведущим возбудителям в спектре относили тех, доля которых была выше 3,5%. Из выделенных возбудителей 48,8% были единственными этиологическими агентами, в 51,2% определяли наличие микробных ассоциаций.

Результаты. За исследуемый период выделено 10327 уникальных микроорганизмов от 7323 пациентов. Грамположительные аэробы: *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus epidermidis*, *Enterococcus* spp., коагулазонегативные стафилококки (КНС), *Corynebacterium* spp., *Streptococcus* spp. – в структуре спектра патогенов суммарно составили 70,3%. Грамотрицательные аэробы (порядок Enterobacterales, *Pseudomonas aeruginosa*,

Acinetobacter spp.) – 17,7%, на долю анаэробов приходилось 8,8%. В динамике выделенных возбудителей за анализируемый период определено несколько трендов: сокращение долей *S. aureus* с 41,1 до 33,6% (p = 0,066), *Enterococcus* spp. с 8,2 до 4,5% (p = 0,002), *P. aeruginosa* с 5,2 до 3,8% (p = 0,04), *Acinetobacter* spp. с 5,8 до 2,8% (p = 0,033). При этом отмечалось увеличение доли КНС с 2,2 до 12,1% (p = 0,001) и *Corynebacterium* spp. с 3,9 до 5,0% (p = 0,275). Помимо этого, обращает на себя внимание статистически значимое увеличение соотношения MSSA/MRSA с 3,49 до 5,72 (p = 0,01), что совпадает с мировыми тенденциями.

Выводы. Более 70% возбудителей ортопедической инфекции относятся к грамположительным аэробам, на долю грамотрицательных аэробов приходится — 17,7%. В динамике за 12 лет регистрировали статистически значимое снижение доли штаммов MSSA, *Enterococcus* spp. и неферментирующих грамотрицательных микроорганизмов. Одновременно с этим отмечался рост частоты выделения различных видов КНС и соотношения MSSA/MRSA.

ХАБИБРАХМАНОВА Д.Ф.

96. ДИНАМИКА РЕЗИСТЕНТНОСТИ ОСНОВНЫХ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ИНТРААБДОМИНАЛЬНЫХ ИНФЕКЦИЙ У ПАЦИЕНТОВ ОБЛАСТНОЙ КЛИНИЧЕСКОЙ БОЛЬНИЦЫ № 1 В 2022–2023 ГГ.

ГБУЗ ТО «Областная клиническая больница № 1», Тюмень, Россия

Цель. Изучить динамику резистентности основных возбудителей интраабдоминальных инфекций (ИАИ) у пациентов хирургического профиля ГБУЗ ТО «ОКБ 1» за период 2022–2023 гг.

Материалы и методы. Штаммы микроорганизмов из раневого отделяемого пациентов с ИАИ, всего 318 изолятов (*K. pneumoniae* – 116, *E. coli* – 97, *A. baumannii* – 32, *P. aeruginosa* – 24, *Enterococcus* spp. – 49). Чувствительность к АМП определялась согласно требованиям EUCAST (2021–2023). Достоверность различий определяли с помощью метода хи-квадрат.

Результаты. Доля *K. pneumoniae*, резистентной к карбапенемам, в 2022 г. и 2023 г. составила 63% и 68% соответственно, к цефалоспоринам III–IV поколений – 69% и 76%, к амикацину – 58,1% и 48%, к гентамицину – 44,9% и 36%, к ципрофлоксацину – 65,7% и 76%, (различия между годами везде – статистически не значимы). Среди *E. coli* – возбудителей ИАИ – преобладали внебольничные штаммы (62,7%), сохранившие высокий уровень чувствительности ко всем группам АМП. *P. aeruginosa*, резистентных к имипенему, в 2022 г. было 50%, в 2023 г. – 20%, к меропенему – 42,9% и 33,3% соответственно, к амикацину – 23,1% и 33,3%, к цефепиму – 35,7% и 33,3%, к цефтазидиму – 33,3% и 20%, к ципрофлоксацину – 30,8% и 33,3%. Устойчивость *Enterococcus* spp. к ампициллину за 2022–2023 гг. составила 53,8% и 47,1% соответственно, к гентамицину (30 мкг) – 57,7% и 38,9%, к ципрофлоксацину – 63% и 68,4%. В 2022 г. был выделен 1 штамм *E. faecium*, устойчивый к ванкомицину. Доля панрезистентных *A. baumannii* в 2022 г. составляла 100%, в 2023 г. – 91%.

Выводы. На протяжении двух лет резистентность большинства микроорганизмов, выделенных у пациентов с ИАИ (за исключением *E. coli*), оставалась значительно выше «отсекающего» уровня, однако, существенно не изменялась. В качестве основного патогена фигурировала *K. pneumoniae*, резистентная к большинству используемых антибиотиков, включая карбапенемы, что ставит вопрос о более широком использовании детекции типов карбапенемаз для «зрячего» использования новых антибиотиков.

ЧАГАРЯН А.Н.[1], ИВАНЧИК Н.В.[1], МИРОНОВ К.О.[2], ГАПОНОВА И.И.[2]

97. ИЗМЕНЕНИЯ В РАСПРЕДЕЛЕНИИ СЕРОТИПОВ ИНВАЗИВНЫХ ИЗОЛЯТОВ *STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE* В ПЕРИОД ДО И ПОСЛЕ ВКЛЮЧЕНИЯ ПНЕВМОКОККОВЫХ ВАКЦИН В НАЦИОНАЛЬНЫЙ КАЛЕНДАРЬ ПРОФИЛАКТИЧЕСКИХ ПРИВИВОК

[1] НИИ антимикробной химиотерапии ФГБОУ ВО СГМУ Минздрава России, Смоленск, Россия
[2] ФБУН «ЦНИИ эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва, Россия

Цель. Характеристика структуры популяции изолятов *Streptococcus pneumoniae*, ассоциированных с инвазивными формами пневмококковых инфекций (ИПИ).

Материалы и методы. Исследовано 157 штаммов *S. pneumoniae*, выделенных при проведении многоцентрового исследования «ПеГАС» в 2002–2023 гг. Для определения серотипов применены методы ПЦР в режиме реального времени и высокопроизводительное секвенирование (платформа «Illumina»). При обработке данных использовались программы «SeroBA», «PneumoCaT, https://pathogen.watch.

Результаты. Проанализировано 157 инвазивных изолятов, выделенных из ликвора и крови у пациентов с диагнозом бактериальный менингит (БМ), бактериемия и бактериальная пневмония (БП). Определено 42 серотипа пневмококка. В период 2002–2013 гг. доминировали серотипы 19F (10,5%), 3(8,8%), 5 и 8 – по 5,3%; в период 2014–2018 гг. – 3 (22,2%), 19F (11,1%), 23F и 15B – по 5,6%; в период 2019–2023 гг. – 3 (21,8%), 9N (8,7%), 18C (6,5%). За период с 2002 по 2014 г. выявлено увеличение частоты случаев ИПИ, вызванных серотипом 3 – с 8,8% до 22,2%. С момента начала применения пневмококковых вакцин (ПВ) (2014 г.) и до 2019 г. в РФ количество случаев БМ, БП и бактериемии, вызванных вакцинными и невакцинными серотипами, составило 81,1% и 18,9% соответственно. В 2019–2023 гг. невакцинные серотипы 23A, 28A, 13, 15A, 35F, 37, 38 были ответственны за развитие более 26% случаев БМ, бактериемии и БП. При этом невакцинные серотипы 28A, 37 и 38 ранее не были ассоциированы с ИПИ на территории РФ. Распространенность вакцинного серо-

типа 19F за период 2002–2018 гг. составила 11,1%, но в 2019–2023 гг. он не выявлялся. С 2019 г. увеличилась распространенность невакцинного серотипа 15A до 4,4%, невакцинного серотипа 23A до 6,5%. Таким образом, было выявлено снижение доля вакцинных серотипов и увеличение количества и доли невакцинных серотипов. Ограничения данного исследования, связанные с небольшим размером проанализированной бактериальной коллекции, неравномерной выборкой изолятов по годам, разным уровнем вакцинации по регионам, затрудняют возможность выявления реальных изменений после введения ПВ с течением времени.

Выводы. Продолжение и расширение эпидемиологического надзора необходимо для выявления динамики пневмококковой популяции в России, а также для определения стратегии вакцинации.

ЧЕРНЕНЬКАЯ Т.В., ЕВДОКИМОВА Н.В., ДМИТРИЕВ И.В., БАЛКАРОВ А.Г., ЛОНЬШАКОВ Д.В., ШМАРИНА Н.В.

98. ЭТИОЛОГИЯ ГНОЙНО-СЕПТИЧЕСКИХ ОСЛОЖНЕНИЙ У ПАЦИЕНТОВ ОТДЕЛЕНИЯ ТРАНСПЛАНТАЦИИ ПОЧКИ И ПОДЖЕЛУДОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ (ОПЫТ НИИ СП ИМ. Н.В. СКЛИФОСОВСКОГО)

ГБУЗ «НИИ скорой помощи им. Н.В. Склифосовского ДЗМ», Москва, Россия

Цель. Изучить этиологическую структуру возбудителей гнойно-септических осложнений (ГСИ) у пациентов отделения трансплантации почки и поджелудочной железы (ОТПиПЖ).

Материалы и методы. Проведен ретроспективный анализ результатов микробиологического исследования 4123 проб различных видов клинического материала, полученного от больных, находившихся на лечении в ОТПиПЖ в период с 2021 по 2023 г. Показания к проведению микробиологических исследований определялись лечащим врачом больного. Микробиологические исследования проводили с использованием стандартных общепринятых методов. Идентификацию возбудителей и определение их чувствительности к антибиотикам проводили с использованием анализаторов Vitek MS и Vitek 2 Compact (bioMerieux, Франция). Учитывали все этиологически значимые возбудители. В случае выделения от больного одного и того же вида микроорганизма в нескольких пробах клинического материала, для последующего анализа учитывали только первый результат. Для настоящего исследования был отобран 841 штамм микроорганизмов.

Результаты. Ведущими возбудителями ГСИ у больных ОТПиПЖ являлись грамотрицательные патогены (55,1%). Грамположительные бактерии выделялись в 43,6% случаев, грибы рода *Candida* – в 1,3%. Среди грамотрицательных возбудителей преобладали *Klebsiella pneumoniae* (27,7%) и *E. coli* (13,2%). Неферментирующие грамотрицательные бактерии, такие как *Pseudomonas aeruginosa* и *Acinetobacter baumannii* выделялись в 4,0 и 3,7% соответственно. Среди грамположительных возбудителей преобладали энтерококки (27,5%) и коагулазонегативные стафилококки (12,2%). Доля *Staphylococcus aureus* составила 2,5%. Продуцентами бета-лактамаз расширенного спектра (БЛРС) являлись 93,1% штаммов *K. pneumoniae* и 70,3% – *E. coli*. Устойчивыми к карбапенемам были 42,5% штаммов *K. pneumoniae*; 7,2% – *E. coli*; 64,5% – *A. baumannii*; 26,5% – *P. aeruginosa*. Доля метициллинорезистентных штаммов *S. aureus* (MRSA) составила 38,1%, среди коагулазонегативных стафилококков – 45,6%.

Выводы. Ведущими возбудителями ГСИ у больных ОТПиПЖ в 2021–2023 гг. были грамотрицательные патогены, такие как *K. pneumoniae* и *E. coli*, являющиеся в большинстве случаев продуцентами БЛРС. Устойчивыми к карбапенемам среди них были 42,7% и 7,1% штаммов соответственно. Для рациональной антибактериальной терапии пациентов с ГСИ необходим обязательный микробиологический мониторинг.

ЧЕРНЕНЬКАЯ Т.В., БОРИСОВА Л.А., МАТВЕЕВА Э.Я., ВОРОБЬЕВА Т.Ю.

99. ЧАСТОТА ОБНАРУЖЕНИЯ ГЕНОВ КАРБАПЕНЕМАЗ СРЕДИ *KLEBSIELLA PNEUMONIAE*, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ КРОВИ ПАЦИЕНТОВ СТАЦИОНАРА СКОРОЙ МЕДИЦИНСКОЙ ПОМОЩИ

ГБУЗ «НИИ скорой помощи им. Н.В. Склифосовского ДЗМ», Москва, Россия

Цель. Изучить частоту встречаемости наиболее распространенных генов карбапенемаз у полирезистентных штаммов *K. pneumoniae*, выделенных из крови пациентов стационара скорой медицинской помощи.

Материалы и методы. За период с 1 ноября 2023 г. по 31 марта 2024 г. исследовано 3068 проб крови, полученных от 1303 пациентов, госпитализированных в НИИ СП им. Н.В. Склифосовского. Посев крови проводился с использованием анализатора гемокультур Labstar 100 Юнона (Китай). Идентификацию возбудителей и определение чувствительности к антибиотикам проводили с использованием Vitek MS и Vitek 2 Compact (bioMerieux, Франция). Для целей настоящего исследования отобраны 100 уникальных последовательных карбапенеморезистентных штаммов *K. pneumoniae*. Определение генов бета-лактамаз групп VIM, IMP, NDM, KPC, OXA-48 проводили иммунохроматографическим методом с использованием наборов NG-Test CARBA 5 (NG Biotech Z.A Франция).

Результаты. Из 3068 проб крови выделено 916 микроорганизмов. Доля *K. pneumoniae* составила 20,7%. Среди них устойчивыми к карбапенемам были 74,7% штаммов. В случае выделения от больного в нескольких пробах крови *K. pneumoniae*, для последующего анализа отбирали только первый штамм. Из исследованных 100 штаммов у двух гены тестируемых карбапенемаз не обнаружены. Сериновые карбапенемазы групп KPC и OXA-48 обнаружены у 50 и 43 штаммов соответственно. Металло-бета-лактамазы группы NDM – у 44 штаммов.

Металло-бета-лактамазы групп VIM и IMP не обнаружены. Одновременно две карбапенемазы выделены у 35 штаммов (NDM + OXA-48 – у 32 и KPC + OXA-48 – у трех штаммов); три гена (NDM + OXA-48 + KPC) – у двух штаммов. В целом, только сериновые карбапенемазы обнаружены у 54 штаммов, только NDM металло-бета-лактамазы – у 10 штаммов. Различные комбинации сериновых и металло-бета-лактамаз – у 34 штаммов *K. pneumoniae*.

Выводы. В структуре возбудителей бактериемии доля *K. pneumoniae* составляет 20,7%. У 2% штаммов клебсиелл, устойчивых к карбапенемам, механизм резистентности не связан с продукцией бета-лактамаз групп VIM, IMP, NDM, KPC и OXA-48. При подборе антибактериальной терапии у пациентов с бактериемией необходимо учитывать, что 44% штаммов карбапенеморезистентных *K. pneumoniae* являются продуцентами металло-бета-лактамаз группы NDM.

ЧИСТЯКОВА Д.А., МЕЛКУМЯН А.Р., ШАФИКОВА А.А., ЛЯГИНА И.А., СПИВАК М.В.

100. ОЦЕНКА АНТАГОНИСТИЧЕСКОЙ АКТИВНОСТИ ЛАКТОБАЦИЛЛ В ОТНОШЕНИИ АНАЭРОБНЫХ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ИНФЕКЦИИ У ПАЦИЕНТОВ КОЛОПРОКТОЛОГИЧЕСКОГО ПРОФИЛЯ

ФГБУ «НМИЦ колопроктологии им. А.Н. Рыжих» Минздрава России, Москва, Россия

Цель. Поиск штаммов лактобацилл, обладающих антагонистическими свойствами в отношении облигатно-анаэробных бактерий.

Материалы и методы. Объектами исследования являлись бактерии рода *Lactobacillus,* находящиеся в коллекции биобанка Референс-центра по биобезопасности, созданного на базе ФГБУ «НМИЦ колопроктологии им. А.Н. Рыжих» Минздрава России. Для эксперимента создали 2 группы бактерий, которые условно обозначили как «хищники» и «жертвы». К «хищникам» были отнесены 23 штамма лактобацилл: *Lactiplantibacillus plantarum* (№ 2099, 2102, 2134, 9343, 0069247), *Lacticaseibacillus rhamnosus* (№ 7302, 0020247, 0048274, 0072247), *Lacticaseibacillus paracasei* (№ 079, 1041, 2104, 7202, 7289, 7299), *Lactobacillus delbrueckii* (№ 0003242, 0037247, 0008242, 0009242), *Limosilactobacillus fermentum* (№ 9332), *Ligilactobacillus salivarius* (№ 7437, 0064247), *Lactobacillus gasseri* (№ 1386). В группу «жертвы» вошли анаэробные бактерии: *Clostridium perfringens* (n = 2), *Bacteroides fragilis* (n = 2), *Clostridioides difficile* (n = 1), выделенные от пациентов с анаэробной инфекцией. Для поиска бактериоцин-синтезирующих штаммов была использована комбинированная система культивирования (КСК), которая представляет собой методику двухэтапного культивирования микроорганизма антагониста и тестируемой культуры [патент RU 2670585 C1]. КСК проводится на чашке Петри с MRS-агаром на одной половине и анаэробным агаром с 5% бараньей кровью на второй. Суспензия культуры лактобацилл в объеме 100 мкл с мутностью 1,0 McF равномерно рассевается строго по поверхности MRS-агара с последующей инкубацией при 37°C в течение 48 ч. в CO_2-инкубаторе. После роста культуры лактобацилл на второй половине засевается соответствующая объему и мутности культура анаэробных бактерий. Культивирование проводится в течение 48 ч. в анаэростате. Оценка результатов проводится на основе зоны задержки роста: от 25 мм до ⩾ 40 мм – высокая; 25 мм – 15 мм – средняя; 5 мм – 15 мм – низкая антагонистическая активность; и ⩽ 5 мм – отсутствие антагонизма.

Результаты. По результатам исследования лактобациллы ранжировались в зависимости от степени их антагонистической активности на высокую, среднюю и низкую. Среди 23 исследуемых лактобацилл у 19 штаммов антагонистическая активность не была выявлена. У 4 штаммов (18,9%) отмечен антагонизм: *L. paracasei* (№ 7289) и *L. paracasei* (№ 079) оказались высокоактивными к 100% *B. fragilis*; *L. paracasei* (№ 7299), *L. paracasei* (№ 7202) – к 50% штаммам *B. fragilis*; *L. paracasei* (№ 079) высокоактивна к 100% *C. perfringens*; *L. paracasei* (№ 7289) и *L. paracasei* (№ 7202) к 50% *C. perfringens*; *L. paracasei* (№ 7299) обладал средней активностью в отношении *C. perfringens*. Однако данные высокоактивные штаммы не оказали антагонистического действия на *C. difficile*.

Выводы. При тестировании 23 культур лактобацилл получены 4 штамма-антагониста в отношении культур *C. perfringens* и *B. fragilis*. В отношении *C. difficile* у протестированных штаммов антагонизма не выявлено.

ШАГАБИЕВА Ю.З., ШПИЛЕВАЯ М.В., НОСОВ Н.Ю.

101. ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ *NEISSERIA GONORRHOEAE* В РОССИИ ЗА ПЕРИОД 2022–2023 ГГ. ПО ПРОТОКОЛУ NG-STAR

ФГБУ «ГНЦ дерматовенерологии и косметологии» Минздрава России, Москва, Россия

Цель. Провести филогенетический анализ российских клинических изолятов *N. gonorrhoeae* для оценки происходящих изменений в популяционной структуре за период 2022–2023 гг. по протоколу NG-STAR.

Материалы и методы. В исследование включены 34 изолята *N. gonorrhoeae*, поступивших в период с 2022 по 2023 г. в ФГБУ «ГНЦДК» МЗ РФ из медицинских организаций дерматовенерологического профиля. Тестирование резистентности *N. gonorrhoeae* к антимикробным препаратам с определением МПК (мг/л) проводили методом серийных разведений в агаре в соответствии с критериями EUCAST (2022). Молекулярное типирование *N. gonorrhoeae* проводили путем анализа нуклеотидных последовательностей вариабельных участков генов в соответствии с протоколом NG-STAR.

Результаты. В 34 исследованных штаммах *N. gonorrhoeae* было выявлено 9 вариантов аллели penA, 8 вариантов аллели mtrR, 5 вариантов аллели porB, 2 варианта аллели ponA, 2 варианта аллели gyrA, 3 варианта аллели parC и 1 вариант аллели 23S, что позволило идентифицировать 19 сиквенс-типов, входящих в 7 уже описанных клональных комплексов (CC). Новых сиквенс-типов выявлено не было. При этом наиболее распространенными CC из исследованных штаммов были 199 и 427 (38,2% и 26,5% соответственно). Среди исследуемых нами штаммов обнаружено, что доля нечувствительных (I + R) к бензилпенициллину штаммов составила 52,9%. Результаты чувствительности к тетрациклину также свидетельствовали о существовании значительного количества штаммов, нечувствительных к данному антибиотику (I + R). Их доля составила 76,5%. Исследуемые штаммы также имеют высокий уровень резистентности к ципрофлоксацину и азитромицину – 91,1% и 35,3% соответственно.

Выводы. Полученные результаты подчеркивают важность проведения комплексных лабораторных исследований клинических изолятов *N. gonorrhoeae* при проведении мониторинга по предупреждению распространения антимикробной резистентности на территории нашей страны.

ШАМАЕВА С.Х.[1,2], АНДРОСОВ В.Д.[1], МАРКОВА В.Н.[1], ПОРТНЯГИНА У.С.[1,2], КАМПЕЕВ С.С.[1], ПОТАПОВ А.Ф.[1,2], ПЕТРОВА Н.С.[1], МАТВЕЕВ А.С.[1]

102. МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ СЕПСИСА В УСЛОВИЯХ МНОГОПРОФИЛЬНОГО СТАЦИОНАРА

[1] ГБУ РС(Я) «Республиканская больница № 2 – Центр экстренной медицинской помощи», Якутск, Россия
[2] Медицинский институт ФГАОУ ВО «Северо-Восточный федеральный университет им. М.К. Аммосова», Якутск, Россия

Цель. Изучить видовое разнообразие бактерий, выделенных из крови пациентов, и спектр их антибиотикорезистентности.

Материалы и методы. Проведен анализ результатов бактериологического исследования 485 образцов крови с наличием роста микроорганизмов, полученных от пациентов, находившихся в период с 2013 по 2023 г. на лечении в отделении анестезиологии-реанимации и интенсивной терапии ГБУ РС(Я) «Республиканская больница № 2 – Центр экстренной медицинской помощи». Для определения наличия аэробной и анаэробной микрофлоры в исследуемой крови использовали автоматические анализаторы «BACTEC BD 9050» (BD, США) и Юнона LABSTAR 100 (Китай). Идентификацию и определение чувствительности к антибиотикам полученных клинических изолятов микроорганизмов проводили с помощью автоматического микробиологического анализатора Vitek 2 (bioMerieux, Франция). Обработка статистических данных проведена с помощью онлайн-платформы AMRcloud.

Результаты. В спектре гемокультур, полученных в период проведения исследования, преобладали *K. pneumoniae* – 30,1% (n = 146), *E. coli* – 20,2% (n = 98), *A. baumannii* – 13,1% (n = 64). Высоким был также удельный вес штаммов *E. faecalis* – 10,5% (n = 51) и *S. aureus* – 8,6% (n = 42). Анализ чувствительности бактерий, выделенных из гемокультуры к антибактериальным препаратам, позволил установить преобладание полирезистентных штаммов. Для выделенных штаммов *K. pneumoniae*, *E. coli* показаны высокие уровни резистентности к карбапенемам (42,9%; 14,2%), цефалоспоринам III–IV поколения (90–91,3%; 59,5–68,6%), аминогликозидам (43,6%; 27,3%), фторхинолонам (88,9%; 72,7%) соответственно. Настораживает тот факт, что за анализируемый период доля устойчивых к меропенему штаммов *K. pneumoniae* выросла с 0% (95% ДИ: 0–43,45) в 2013 г. до 52,7% (95% ДИ: 37,01–68,01) в 2023 г. Среди *A. baumannii* устойчивость к меропенему отмечена у 40 (63,4% (95% ДИ: 51,15–74,28) штаммов и имипенему – у 39 штаммов (68,4% (95%ДИ: 55,52–79)). Среди *S. aureus* устойчивость к цефокситину (MRSA) отмечена у 6 (15,3% (95% ДИ: 7,25–29,73)) штаммов.

Выводы. В структуре возбудителей инфекции кровотока на протяжении последних 10 лет по-прежнему преобладали грамотрицательные микроорганизмы, которые отличались высокой частотой полирезистентности к антибиотикам, включая карбапенемы.

ШАНГАРЕЕВА З.А.[1], САННИКОВА А.В.[1,2], МАНАНОВА А.Ф.[2], ЛАРИНА А.В.[1,2]

103. ТРУДНОСТИ ВЫБОРА АНТИМИКРОБНОЙ ТЕРАПИИ ПРИ ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИИ У ДЕТЕЙ

[1] ФГБОУ ВО «Башкирский государственный медицинский университет» Минздрава России, Уфа, Россия
[2] ГБУЗ РБ «Городская детская клиническая больница № 17», Уфа, Россия

Цель. Изучить соответствие антимикробной терапии внебольничной пневмонии у детей раннего возраста существующим клиническим рекомендациям.

Материалы и методы. На базе педиатрического отделения ГБУЗ РБ «Городская детская клиническая больница № 17» г. Уфа была сформирована выборка из 219 детей с внебольничной пневмонией (ВП). Все данные пациентов были получены из имеющейся медицинской документации (медицинской карты стационарного больного, истории развития ребенка. Анализ результатов был выполнен методами описательной статистики и представлен в виде медианы и интерквартильного размаха (значения 25%-го и 75%-го квартилей): Me [Q1; Q3]. Доля мальчиков составила 52,05% (n = 114), девочек – 47,95% (n = 105). Средний возраст детей был 2,2 года [8 мес.; 3,5 лет].

Результаты. Согласно анамнезу, на амбулаторном этапе до 73,97% (n = 162) детей получали антимикробную терапию (АМТ) в течение 5 [3; 6] сут. Анализ стартовой АМТ показал, что лишь 19,8% пациентов получали рациональную терапию в виде аминопенициллинов до

обращения в стационар. Ингибиторозащищенные аминопенициллины на амбулаторном этапе были назначены в 35,2% случаев из-за применения антимикробных препаратов (АМП) в течение 3 предыдущих месяцев, что также следует расценить как рациональную терапию. Остальные 45,1% случаев назначения АМП при ВП требуют критического пересмотра в соответствии с клиническими рекомендациями. На госпитальном этапе пациентам назначались пероральные аминопенициллиновые (в том числе и ингибиторозащищенные) и макролидные антибиотики при отсутствии антибактериальной терапии в анамнезе в 23,29% случаев. В остальных ситуациях назначались преимущественно цефалоспорины 3–4 поколения (65,3%). Антимикробная терапия в стационарных условиях проводилась в течение 8 [7; 10] дней. Назначение АМП на госпитальном этапе также требуют критического переосмысления. Выбор рациональной антимикробной терапии внебольничных пневмоний у детей в реальной клинической практике всегда вызывал определенные трудности. Поэтому возникает острая необходимость формирования образовательных программ как для специалистов, так и для обучающихся медицинских вузов. Существуют удобные веб-продукты – онлайн-платформы AMRmap и AMRbook, позволяющие осуществить грамотный выбор АМТ в условиях возрастающей антимикробной резистентности. Применение данных онлайн-платформ в практике врача-педиатра, а также хорошо спланированные образовательные мероприятия позволят повысить эффективность антимикробной терапии ВП у детей.

Выводы. Таким образом, в ходе проведенного исследования было выявлено, что в половине случаев антимикробная терапия на амбулаторном и госпитальном этапе не соответствовала современным клиническим рекомендациям. Отклонения от клинических рекомендаций и нерациональная антимикробная терапия ВП у детей требуют проведения дополнительных организационных и образовательных мероприятий.

ШАФИКОВА А.А., МЕЛКУМЯН А.Р., ЧИСТЯКОВА Д.А., ЛЯГИНА И.А., СПИВАК М.В.

104. АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ ОБЛИГАТНО-АНАЭРОБНЫХ БАКТЕРИЙ, ВЫДЕЛЕННЫХ ОТ ПАЦИЕНТОВ С КОЛОПРОКТОЛОГИЧЕСКИМИ ЗАБОЛЕВАНИЯМИ

ФГБУ «НМИЦ колопроктологии им. А.Н. Рыжих» Минздрава России, Москва, Россия

Цель. Изучить чувствительность к антибактериальным препаратам (АБП) облигатно-анаэробных бактерий, выделенных у пациентов колопроктологического профиля.

Материалы и методы. Исследование выполнено на базе Референс-центра ФГБУ «НМИЦ колопроктологии им. А.Н. Рыжих» Минздрава России (далее – Центр), созданного в целях предупреждения распространения биологической угрозы (опасности) распространения резистентности в рамках государственного задания № 123022700053-9 «Изучение распространения и механизмов возникновения резистентности у клинически значимых анаэробных микроорганизмов к антимикробным препаратам с формированием коллекции штаммов микроорганизмов и разработкой молекулярной тест-системы, позволяющей обнаруживать маркёры резистентности к антимикробным препаратам». Сбор биоматериала проводился в отделениях Центра, также исследовались штаммы, полученные из других медицинских организаций г. Москвы и регионов. Всего исследовано 448 проб биоматериала. В анализ включены результаты тестирования 293 штаммов бактерий, из них *Bacteroides* spp. (n = 124), *Clostridium perfringens* (n = 46), *Clostridioides difficile* (n = 98), *Prevotella* spp. (n = 7), *Schaalia spp*. (n = 11) и *Cutibacterium acnes* (n = 7). Определение чувствительности к АБП выполнялось диско-диффузионным методом и методом серийных разведений в агаре. Интерпретация проводилась по клиническим рекомендациям «Определение чувствительности микроорганизмов к антимикробным препаратам», стандартам EUCAST v.14.0 – для *Bacteroides* spp., *C. perfringens*, *C. difficile*, *C. acnes* и *Prevotella* spp. и по стандартам CLSI (M100 Ed.34:2024) – для *Schaalia* spp. и *C. difficile*.

Результаты. При оценке чувствительности штаммов к антибиотикам в соответствии с EUCAST выявлена резистентность к метронидазолу у 14,5% бактероидов (> 4 мг/л), 26,1% *C. perfringens* (> 4 мг/л) и у 19,4% *C. difficile* (> 2 мг/л). К меропенему получено 8,1% резистентных штаммов бактероидов (> 1 мг/л), 17,4% – *C. perfringens* (> 0,125 мг/л), к клиндамицину отмечена резистентность у 9,7% бактероидов (> 4 мг/л), 17,4% – *C. perfringens* (> 0,25 мг/л), 25,0% *Prevotella* spp. (> 0,25 мг/л) и у 83,7% – *C. difficile* (≥ 8 мкг/мл (CLSI)).

Выводы. Процедура исследования является достаточно трудоемкой, ресурсозатратной, ограниченной по данным интерпретации и вследствие этого редко применимой в рутинной практике. Важным направлением в лечении анаэробных инфекций является поиск «быстрых» методов лабораторного тестирования облигатно-анаэробных бактерий и генов резистентности к АБП.

ЩАПИНА М.Ю.[1], МЕЩУРОВА С.Ю.[1], КОРОБОВА А.Г.[1,2], ЗАЛЕПАЕВ П.В.[1,2], САМОХОДСКАЯ Л.М.[1,2]

105. ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТЬ К АНТИБИОТИКАМ И БАКТЕРИОФАГАМ *PSEUDOMONAS AERUGINOSA*, ВЫДЕЛЕННЫХ ОТ ПАЦИЕНТОВ В МНОГОПРОФИЛЬНОМ СТАЦИОНАРЕ

[1] *Факультет фундаментальной медицины МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия*
[2] *Медицинский научно-образовательный центр МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия*

Цель. Определить чувствительность *P. aeruginosa* к антимикробным препаратам и к коммерчески доступным препаратам бактериофагов.

Материалы и методы. В исследование были включены 33 изолята *P. aeruginosa*, выделенные у пациентов, находившихся на лечении в МНОЦ МГУ им. М.В. Ломоносова 2021–2023 гг. Медиана возраста пациентов – 65 лет. Чувствительность к антибиотикам определяли стандартными методами. Гены карбапенемаз определяли с помощью коммерческого набора «АмплиСенс® MDR MBL-FL» (ЦНИИ эпидемиологии, Россия). Чувствительность к препаратам бактериофагов («Пиобактериофаг поливалентный очищенный» (серии У341222, У360923), «Синегнойный бактериофаг» (Н0040223, Н0091123), «Интестифаг» (Н1101023), НПО «Микроген») проводили в соответствии с требованиями методических рекомендаций по рациональному применению бактериофагов (2022 г.). При интерпретации результатов использовали оценку литической активности фага по пятибалльной шкале (количество «крестов» от 0 до 4).

Результаты. Чувствительными ко всем изученным антибиотикам были только 45,5% штаммов *P. aeruginosa*, тогда как полная резистентность была у 21,21%. Значительная доля изолятов была устойчива к фторхинолонам (54,6%), амикацину (48,5%), пиперациллину/тазобактаму (45,5%), цефепиму (48,5%), цефтазидиму (42,4%). Всего выделено 17 изолятов (51,5%), резистентных к карбапенемам (10 к меропенему, 17 к имипенему), у 10 из них обнаружены карбапенемазы типа VIM. Достаточный уровень литической активности (++++/+++) в отношении *P. aeruginosa* препарата «Синегнойный бактериофаг», необходимый для эффективной фаговой терапии *P. aeruginosa*, был определен для 21,2% для серии Н0040223, однако для серии Н0091123 составил всего лишь 6,1% ($p > 0,05$). Препараты «Пиобактериофаг» серий У341222 и У360923 показали сопоставимый уровень литической активности (15,2% и 12,1% соответственно). «Интестифаг» показал литическую активность только в отношении 3% изолятов. Среди изученных бактериофагов не было препаратов с достаточной литической активностью в отношении *P. aeruginosa* с продукцией карбапенемаз.

Выводы. Отмечен высокий уровень устойчивости *P. aeruginosa* к антибиотикам: половина выделенных *P. aeruginosa* были устойчивыми хотя бы к одному тестируемому антибиотику. Достаточный уровень активности для эффективной фаговой терапии был еще ниже для препаратов бактериофагов с заявленной активностью в отношении *P. aeruginosa* и не превышал 22%. Очевидна необходимость поиска новых литических бактериофагов для борьбы с полирезистентными изолятами *P. aeruginosa*.

ЯЦКЕВИЧ Н.В., ГУРЕВИЧ Г.Л., СОЛОДОВНИКОВА В.В., ДАНЬКОВА А.В., ТЫШКО М.А., СКРЯГИНА Е.М.

106. ПРЕДВАРИТЕЛЬНАЯ ОЦЕНКА ЭФФЕКТИВНОСТИ, ПРОГНОСТИЧЕСКИХ ФАКТОРОВ НЕБЛАГОПРИЯТНЫХ ИСХОДОВ 6-МЕСЯЧНЫХ РЕЖИМОВ BPALM/C У ПАЦИЕНТОВ С РИФАМПИЦИН-УСТОЙЧИВЫМ ТУБЕРКУЛЕЗОМ В РЕСПУБЛИКЕ БЕЛАРУСЬ

ГУ «РНПЦ пульмонологии и фтизиатрии», Минск, Республика Беларусь

Цель. Провести предварительную оценку эффективности, прогностических факторов неблагоприятных исходов режимов лечения длительностью 24 недели у пациентов с туберкулезом с множественной лекарственной устойчивостью или устойчивостью к рифампицину (МЛУ/РУ-ТБ), с пре-широкой лекарственной устойчивостью (пре-ШЛУ-ТБ).

Материалы и методы. Проведена предварительная оценка эффективности режимов лечения, содержащих бедаквилин, претоманид, линезолид и моксифлоксацин (BPaLM) или клофазимин (BPaLC) длительностью 24 нед. у пациентов с МЛУ/РУ-ТБ и пре-ШЛУ-ТБ. Описаны результаты лечения, время до конверсии культуры. Однофакторный и многофакторный логистический регрессионный анализ проведен с целью выявления прогностических факторов неблагоприятных исходов лечения.

Результаты. Из 348 пациентов, включенных в когорты BPaLM и BPaLC, 1 и 3 пациента были исключены, продолжили лечение по индивидуальному режиму, у 93,3% (182/195) и 92,6% (138/149) был зарегистрирован успешный исход лечения, у 8 и 8 – потеря для наблюдения, у 1 и 1 – неудача в лечении, 4 и 2 – умерли. У 3 пациентов причиной смертельного исхода была острая сердечная недостаточность, у 2 – прогрессирование онкологического заболевания, у 1 – ишемия кишечника. Медиана [интерквартильный интервал] времени конверсии культуры мокроты у пациентов когорт BPaLM и BPaLC составила 27 [26; 36] дней.

При проведении однофакторного и многофакторного логистического регрессионного анализа установлено, что прогностическими факторами неблагоприятного исхода у пациентов, включенных в исследование, являлись положительные результаты микроскопии мокроты до начала лечения (отношение шансов (OR) = 5,3, 95% ДИ: 2,2–14,2, $p = 0,0003$), корригированное отношение шансов (aOR) = 5,5, 95% ДИ: 2,2–15,0, $p = 0,0004$), наличие синдрома зависимости от алкоголя (OR = 4,3, 95% ДИ: 1,9–10,6, $p = 0,0009$, aOR = 4,3, 95% ДИ: 1,8–11,0, $p = 0,001$), индекс массы тела < 18,5 кг/м^2 (OR = 2,6, 95% ДИ: 1,0–6,0, $p = 0,03$, aOR = 2,9, 95% ДИ: 1,1–7,5, $p = 0,03$ соответственно).

Выводы. Эффективность режимов BPaLM и BPaLC у пациентов с МЛУ/РУ-ТБ, в том числе с пре-ШЛУ-ТБ высокая (93,3% и 92,6% соответственно). Пациенты с положительным результатом микроскопии мокроты до начала лечения, синдромом зависимости от алкоголя, дефицитом массы тела имеют более низкие шансы на излечение.