



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

**Учредители:**

Синопальников А.И.; Пискунов Г.Г.; Козлов Р.С.; Межрегиональная ассоциация по клинической микробиологии и антимикробной химиотерапии (МАКМАХ)

**Главный редактор:**  
Синопальников А.И.

**Адрес редакции:**

214019, Смоленская обл., г. Смоленск, ул. Кирова, д. 46А

**Эл. почта:** info@cmac-journal.ru

**Адрес для корреспонденции:**

214019, г. Смоленск, а/я 5.

Тел./факс: +7(4812)45-06-02

**Издатель МАКМАХ:**

214019, г. Смоленск,

ул. Кирова 46А. www.iacsmac.ru

**Адрес типографии:**

214020, Россия, г. Смоленск,

ул. Смольянинова, д. 1

**Электронная версия журнала:**

https://cmac-journal.ru

**Подписка на сайте издателя:**

https://service.iacsmac.ru

Журнал зарегистрирован Федеральной службой по надзору в сфере связи, информационных технологий и массовых коммуникаций (Роскомнадзор).

Запись в реестре зарегистрированных СМИ: ПИ № ФС 77 – 86269 от 27.11.2023

Не распространяется через предпринятия связи Тираж 3000 экз.

Свободная цена

Дата выхода – 19.05.2025

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»

Иллюстрация для обложки предоставлена: Ольга Николаевна Пинегина (ФГБУ «НМИЦ ДГОИ им. Дмитрия Рогачева» Минздрава России)

© Клиническая микробиология и антимикробная химиотерапия, 2024.

## Содержание

### Болезни и возбудители

Миронов К.О., Гапонова И.И., Корчагин В.И., Михайлова Ю.В., Шеленков А.А., Чагарян А.Н., Иванчик Н.В., Платонов А.Е., Козлов Р.С., Акимкин В.Г.

**396** Определение серотипов *Streptococcus pneumoniae*, вызывающих инвазивные и неинвазивные формы инфекций, с использованием высокопроизводительного секвенирования

Бубман Л.И., Тополянская С.В., Рачина С.А., Гладких М.А., Усова Т.В., Карпов В.В., Молочников А.Ю., Нечаев А.И., Хан С.О., Эмомадов А.М., Захаров Н.С., Харченко Е.И., Лыткина К.А., Марченко И.П., Буриев И.М., Мелконян Г.Г.

**401** Микробный пейзаж при исследовании ран у пациентов с боевыми травмами конечностей

Васильева И.А., Панова А.Е., Грачева А.Н., Байракова А.Л., Казюлина А.А., Елисеев П.И., Самойлова А.Г.

**411** Видовое разнообразие нетуберкулезных микобактерий, выделенных у пациентов ФГБУ «НМИЦ ФПИ» Минздрава России в «доковидный» период и во время пандемии COVID-19

Максимова Е.А., Кузьменков А.Ю., Лямин А.В., Козлов А.В., Кондратьева Е.И., Кондратенко О.В.

**417** Возможности использования онлайн-регистратора AMRcf у пациентов с муковисцидозом

Арсеньева А.А., Лямин А.В., Мигачёва Н.Б., Орлов Е.В., Алексеев Д.В.

**426** Микробиологические аспекты взаимосвязи кожной микробиоты и псориаза

### Антимикробные препараты

Эйдельштейн М.В., Иванчик Н.В., Козлов Р.С.

**439** Разработка критериев интерпретации и оценки качества результатов определения чувствительности представителей порядка Enterobacterales и *Pseudomonas aeruginosa* к цефепиму-сульбактаму

Гамаюнов Д.Ю., Калягин А.Н., Орлова Г.М., Балабина Н.М., Синькова Г.М., Синьков А.В.

**452** Применение фторхинолонов в лечении внебольничной пневмонии и их кардиотоксические эффекты

### Антибиотикорезистентность

Васильева И.А., Панова А.Е., Тинькова В.В., Грачева А.Н., Казюлина А.А., Елисеев П.И., Байракова А.Л., Самойлова А.Г.

**462** Антибиотикорезистентность *Mycobacterium avium* в период пандемии COVID-19

### Опыт работы

Косилова И.С., Домотенко Л.В., Храмов М.В.

**470** Организация производства отечественного бульона Мюллера-Хинтон

Комягина Т.М., Тряпочкина А.С., Алябьева Н.М., Лазарева А.В., Горинова Ю.В., Симонова О.И.

**480** Популяционная структура и молекулярно-генетическая характеристика штаммов

*Streptococcus pneumoniae*, выделенных от детей с хронической бронхолегочной патологией

Козлов Р.С., Тапальский Д.В., Карпова Е.В., Петровская Т.А., Куркова А.А.

**487** Микробиологическая активность бовгиалуронидазы азоксимера в отношении микробных биопленок

Новикова И.Е., Садеева З.З., Самойлова Е.А., Карасева О.В., Янюшкина О.Г., Лазарева А.В.

**496** Характеристика парных штаммов *Klebsiella pneumoniae*, полученных от детей

Белова И.В., Широкова И.Ю., Точилина А.Г., Ковалишена О.В., Белянина Н.А., Тулупов А.А., Молодцова С.Б., Селиверстов А.Н., Кропотов В.С., Соловьева И.В.

**505** Исследование антимикробного действия супернатанта *Lactiplantibacillus plantarum* 8P-A3 на госпитальные штаммы *Klebsiella pneumoniae* и *Acinetobacter baumannii*

Видманова М.В., Жестков А.В., Лямин А.В., Исмагуллин Д.Д., Шеститко Е.Ю., Решетникова В.П.

**514** Микробиологическое исследование при коклюше и влияние состава питательной среды на белковое профилирование *Bordetella* spp.

Немченко У.М., Ситникова К.О., Григорова Е.В., Сухорева М.В., Белькова Н.Л., Чemezова Н.Н., Савилов Е.Д.

**522** Формирование биопленок клиническими изолятами условно-патогенных микроорганизмов под влиянием дезинфицирующих средств

### Описание клинических случаев

Хостелиди С.Н.

**529** Опыт применения изавуконазола для лечения мукормикоза: описание клинического случая и анализ данных регистра

## Видовое разнообразие нетуберкулезных микобактерий, выделенных у пациентов ФГБУ «НМИЦ ФПИ» Минздрава России в «доковидный» период и во время пандемии COVID-19

Васильева И.А., Панова А.Е., Грачева А.Н., Байракова А.Л., Казюлина А.А., Елисеев П.И., Самойлова А.Г.

ФГБУ «Национальный медицинский исследовательский центр фтизиопульмонологии и инфекционных заболеваний» Минздрава России, Москва, Россия

**Контактный адрес:**

Ирина Анатольевна Васильева  
Эл. почта: nmrc@nmrc.ru

**Ключевые слова:** нетуберкулезные микобактерии, микобактериоз, *Mycobacterium*.

**Конфликт интересов:** авторы заявляют об отсутствии конфликтов интересов.

**Внешнее финансирование:** исследование проведено без внешнего финансирования.

**Цель.** Сравнить видовое разнообразие нетуберкулезных микобактерий (НТМБ), выделенных у пациентов фтизиопульмонологических учреждений в 2018–2019 гг. («доковидный» период) и в 2020–2023 гг. (период пандемии COVID-19).

**Материалы и методы.** Проведена идентификация 937 клинических изолятов НТМБ, выделенных от пациентов, проходивших дифференциальную диагностику туберкулеза и других заболеваний органов дыхания в ФГБУ «НМИЦ ФПИ» Минздрава России и в других фтизиопульмонологических учреждениях субъектов Российской Федерации в 2018–2019 гг. («доковидный» период, n = 217) и в 2020–2023 гг. (во время пандемии COVID-19, n = 720).

**Результаты.** Установлено, что в период пандемии COVID-19 чаще, чем до пандемии встречались быстрорастущие НТМБ (12,64% против 6,91%, p = 0,0268), медленнорастущие НТМБ в период пандемии стали встречаться реже (87,36% против 93,09%, p = 0,0268). Среди медленнорастущих преобладающими видами были *M. avium*, *M. chimaera/intracellulare* (*Mycobacterium avium* complex) и *M. kansasii* (*Mycobacterium kansasii* complex). В период пандемии COVID-19 было обнаружено значительно больше видов НТМБ: 16 видов медленнорастущих (*M. celatum*, *M. colombiense*, *M. marseliense*, *M. timonense*, *M. engbaekii*, *M. heraklionense*, *M. nonchromogenicum*, *M. europaeum*, *M. mantenii*, *M. nebraskense*, *M. branderi*, *M. conspicuum*, *M. saskatchewanense*, *M. scrofulaceum*, *M. heckeshornense*, *M. szulgai*) и 15 видов быстрорастущих (*M. chelonae*, *M. immunogenum*, *M. salmophilum*, *M. porcinum*, *M. senegalense*, *M. septicum*, *M. mageritense*, *M. mucogenicum*, *M. neoaurum*, *M. murale/tokaiense*, *M. arabiense*, *M. asiaticum*, *M. chubuense*, *M. novocastrense*, *M. stephanolepidis*).

**Выводы.** В данном исследовании мы показали отличия видового разнообразия НТМБ в 2018–2019 гг. (в «доковидный» период) и в 2020–2023 гг. (во время пандемии COVID-19). Необходимо проведение дополнительных исследований для оценки влияния пандемии COVID-19 на частоту выделенных и видовое разнообразие НТМБ, а также их ассоциацию с микобактериозами, диагностированными у соответствующих пациентов-бактериовыделителей.

Original Article

## Species diversity of non-tuberculous mycobacteria isolated from patients in the “pre-Covid” period and during the COVID-19 pandemic

Vasilyeva I.A., Panova A.E., Gracheva A.N., Bayrakova A.L., Kazylina A.A., Eliseev P.I., Samoylova A.G.

National Medical Research Center of Phthisiopulmonology and Infectious Diseases, Moscow, Russia

**Contacts:**

Irina A. Vasilyeva  
E-mail: nmrc@nmrc.ru

**Key words:** non-tuberculous mycobacteria, mycobacteriosis, *Mycobacterium*, NTM disease.

**Conflicts of interest:** all authors report no conflicts of interest relevant to this article.

**External funding source:** no external funding received.

**Objective.** To compare the species diversity of non-tuberculous mycobacteria (NTM) isolated from patients of phthisiopulmonary institutions in 2018–2019 (“pre-Covid” period) and in 2020–2023 (during the COVID-19 pandemic).

**Materials and methods.** We identified 937 clinical isolates of NTM, isolated from patients undergoing differential diagnosis of tuberculosis and other respiratory diseases at The National Medical Research Center of Phthisiopulmonology and Infectious Diseases under the Ministry of Health of the Russian Federation (NMRC PhPI) and in other phthisiopulmonological institutions of the Russian Federation in 2018–2019 (“pre-Covid” period, n = 217) and in 2020–2023 (during the COVID-19 pandemic, n = 720).

**Results.** It was found that during the COVID-19 pandemic, fast-growing (12.64% versus 6.91%, p = 0.0268) were more common than before the pandemic; slow-growing non-tuberculous mycobacteria became less common during the pandemic (87.36% versus 93.09%, p = 0.0268). Among the slow-growing species the predominant species were *M. avium*, *M. chimaera/intracellulare* (*Mycobacterium avium* complex) and *M. kansasii* (*Mycobacterium kansasii* complex). During the COVID-19 pandemic

significantly more species of non-tuberculous mycobacteria were discovered: 16 species of slow-growing (*M. celatum*, *M. colombiense*, *M. marseliense*, *M. timonense*, *M. engbaekii*, *M. heraklionense*, *M. nonchromogenicum*, *M. europaeum*, *M. mantenii*, *M. nebraskense*, *M. branderi*, *M. conspicuum*, *M. saskatchewanense*, *M. scrofulaceum*, *M. heckeshornense*, *M. szulgai*) and 15 fast-growing species (*M. chelonae*, *M. immunogenum*, *M. salmoniphilum*, *M. porcinum*, *M. senegalense*, *M. septicum*, *M. mageritense*, *M. mucogenicum*, *M. neoaurum*, *M. murale/tokaiense*, *M. arabiense*, *M. asiaticum*, *M. chubuense*, *M. novocastrense*, *M. stephanolepidis*).

**Conclusions.** In this study we showed differences in NTM species diversity in 2018–2019 (during the “pre-Covid” period) and in 2020–2023 (during the COVID-19 pandemic). Additional studies are needed to assess the impact of the COVID-19 pandemic on the incidence and species diversity of NTM, as well as their association with NTM diseases diagnosed in the corresponding patients with NTM.

## Введение

Нетуберкулезные микобактерии (НТМБ) относятся к роду *Mycobacterium* семейства *Mycobacteriaceae*, которое размещено в порядке *Mycobacteriales*, классе *Actinomycetes*, расположенном в типе *Actinomycetota*, домена *Bacteria* («List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature» (LPSN)) [1].

В отличие от строгих патогенов *Mycobacterium tuberculosis* и *Mycobacterium leprae*, НТМБ – это в основном свободноживущие сапрофиты. В настоящее время насчитывается более 200 видов, которые широко распространены в окружающей среде и встречаются практически во всех природных источниках, включая аэрозоли и биоплёнки. Однако на сегодняшний день известно, что более 50 видов НТМБ являются потенциальными патогенами, вызывающими у человека микобактериозы – группу заболеваний, характеризующуюся поражением различных органов, с преимущественной локализацией в бронхолегочной системе.

Первые сообщения о заболеваниях, вызванных НТМБ, появились в начале 50-х гг. XX в. Тогда же заболевание «микобактериоз» появилось как нозологическая единица в международной классификации заболеваний человека [2]. В настоящее время установлено, что заражение микобактериозом происходит аэрогенным, контактным путем при повреждении кожных покровов, а также пищевым и водным путями. Передача микроорганизмов от человека к человеку не характерна, но не исключена. В последние годы вопрос контагиозности микобактериозов активно обсуждается, и до сих пор ответ неоднозначен [3, 4].

Микобактериоз в XX в. считали новой, редкой патологией. Но с начала XXI в. в большинстве стран, обладающих развитыми системами здравоохранения, отмечается неуклонный рост заболеваемости микобактериозами, при которых могут быть поражены практически все органы и системы. Главным образом, это связано с резким подъемом заболеваемости ВИЧ-инфекцией, что впоследствии привело к увеличению показателя смертности от генерализованных форм инфекций, вызываемых НТМБ [5]. Увеличение заболеваемости микобактериозами можно связать и с приме-

нением иммуносупрессивной терапии, например при пересадке органов и при различных аутоиммунных заболеваниях. Кроме врожденных или приобретенных иммунодефицитных состояний, ключевую роль в развитии микобактериозов играют заболевания, вызывающие нарушение архитектоники легких: кистозный фиброз, бронхоэктатическая болезнь, хроническая обструктивная болезнь легких, туберкулез, пневмокониоз и др. По литературным данным перенесенное заболевание COVID-19 также способствует развитию микобактериозов [6]. Международные эксперты ожидают роста числа случаев микобактериозов на фоне пандемии COVID-19 [7].

Ранее возбудителей микобактериозов называли «атипичными микобактериями», в настоящее время этот термин устарел, так как по всем признакам они являются типичными представителями рода *Mycobacterium*. Наиболее изученными и клинически значимыми являются комплексы НТМБ, включающие медленно растущие виды: *M. avium* complex, *M. kansasii* complex, *M. terrae* complex и быстрорастущие виды НТМБ: *M. abscessus-chelonae* complex, *M. fortuitum* complex, *M. mucogenicum-phocaicum* complex. По литературным данным в России наиболее распространенными НТМБ являются виды, входящие в комплекс *M. avium* (MAC). MAC преобладает в Центральном федеральном округе, Калининграде, Европейской части Приволжского федерального округа, Архангельской области, г. Оренбурге и в Ростове-на-Дону [8]. В Пермском крае распространенность MAC сопоставима с *M. gordonae*, в то время как в г. Ханты-Мансийск лидируют культуры *M. gordonae*, в Сыктывкаре наиболее часто выделяются *M. gordonae*, *M. intracellulare*, *M. lentiflavum* [8], в Якутии – *M. scrofulaceum* и *M. fortuitum*. В Московском регионе отмечена высокая распространенность *M. avium* и далее по степени убывания – *M. xenopi*, *M. fortuitum*, *M. chelonae* и *M. abscessus*. В Республике Коми преобладают *M. lentiflavum* и *M. gordonae*. На территории Северо-Запада России отмечен низкий уровень выявляемости видов *M. kansasii* и *M. xenopi* [9]. Несмотря на приведенные данные, распространенность микобакте-

риозов и видовой спектр возбудителей изучен недостаточно [10–12].

Данные отечественных и зарубежных публикаций в период пандемии COVID-19 свидетельствуют о выявлении статистически значимых различий видового состава микробиоты и возбудителей ряда инфекций у пациентов в «доковидный» период и пандемический период, вызванный коронавирусом SARS Cov-2 (2020–2023 гг.), а также об идентификации у пациентов редких или ранее не встречавшихся микроорганизмов [13, 14].

**Цель** исследования – сравнить видовое разнообразие НТМБ, выделенных у пациентов фтизиопульмонологических учреждений в 2018–2019 гг. («доковидный» период) и в 2020–2023 гг. (период пандемии COVID-19).

## Материалы и методы

Проведена идентификация 937 клинических изолятов НТМБ, выделенных от пациентов, проходивших дифференциальную диагностику туберкулеза и других заболеваний органов дыхания в ФГБУ «НМИЦ ФПИ» Минздрава России и в других фтизиопульмонологических учреждениях субъектов Российской Федерации в 2018–2019 гг. («доковидный» период,  $n = 217$ ) и в 2020–2023 гг. (во время пандемии COVID-19,  $n = 720$ ), когда был организован централизованный сбор культур НТМБ. Все клинические изоляты НТМБ были доставлены в микробиологическую лабораторию ФГБУ «НМИЦ ФПИ» Минздрава России для проведения их видовой идентификации. Большинство изолятов НТМБ были получены из лабораторий противотуберкулезных учреждений Центрального федерального округа ( $n = 481$ ) и Приволжского федерального округа ( $n = 257$ ). Изолятов НТМБ, полученных из других федеральных округов, было значительно меньше: из Уральского федерального округа  $n = 40$ , из Северо-Западного федерального округа  $n = 63$ , из Северо-Кавказского федерального округа  $n = 65$ , из Дальневосточного федерального округа  $n = 15$ , из Сибирского федерального округа  $n = 16$ . Все клинические изоляты НТМБ были выделены при культивировании клинического материала (мокрота, жидкость бронхоальвеолярного лаважа, операционный и биопсийный материал).

Культивирование микобактерий осуществляли на плотной среде Левенштейна-Йенсена и в автоматической системе BACTEC MGIT 960 (Becton Dickinson, США). Для дифференциации НТМБ от микобактерий туберкулезного комплекса (МБТК) применяли иммунохроматографический метод, заключающийся в выявлении антигена МРТ64 с помощью экспресс-теста MGIT TBc Identification Test (Becton Dickinson, США). Наличие НТМБ подтверждалось отрицательным результатом обнаружения антигена МРТ64 при положительном результате микроскопии по Цилю-Нильсену. Идентификацию НТМБ до вида осуществляли с применением времяпролетной масс-спектрометрии с матрично ассоциированной лазерной десорбцией/ионизацией (MALDI-TOF MS, Microflex, Bruker Daltonik GmbH, Германия).

Статистические исследования проводили с помощью прикладных программ «Microsoft Excel», MedCalc. Сравнение пропорций проводили методом  $\chi^2$ , рассчитывали долю описываемого признака. Статистически значимыми считали различия при  $p < 0,05$ .

## Результаты

Среди видов НТМБ, выделенных и идентифицированных у пациентов фтизиопульмонологических учреждений России, медленнорастущие НТМБ встречались чаще, чем быстрорастущие как в «доковидном» периоде (93,09% и 6,91% соответственно,  $p < 0,0001$ ), так и во время пандемии COVID-19 (87,36% и 12,64% соответственно,  $p < 0,0001$ ). Однако во время пандемии COVID-19 быстрорастущие НТМБ стали встречаться чаще: 12,64% и 6,85% соответственно,  $p = 0,0268$ . Медленнорастущие НТМБ во время пандемии COVID-19 стали выявляться реже, чем в «доковидный» период: 87,36% и 93,09% соответственно,  $p = 0,0268$ . Среди них реже стали встречаться *M. avium*: 48,75% и 64,98% соответственно,  $p < 0,0001$ . Однако чаще стали встречаться другие медленнорастущие НТМБ (15,69% и 7,37% соответственно,  $p = 0,0026$ ), в том числе *M. lentiflavum* (5,42% и 1,84% соответственно,  $p = 0,0430$ ) и *M. goodii* (4,72% и 0,46% соответственно,  $p = 0,0070$ ) (Таблица 1).

В «доковидный» период среди НТМБ было идентифицировано 14 видов НТМБ, в т.ч. 11 видов медленнорастущих НТМБ и 3 вида быстрорастущих НТМБ. В период пандемии COVID-19 количество видов НТМБ увеличилось до 44, в том числе идентифицировано 26 видов медленнорастущих НТМБ и 18 видов быстрорастущих НТМБ (Таблица 1).

Среди НТМБ стали встречаться 15 видов быстрорастущих НТМБ, которые в «доковидный» период не выявлялись, в т.ч. 3 вида, входящих в *Mycobacterium abscessus-chelonae* complex (*M. chelonae*, *M. immunogenum*, *M. salmoniphilum*), 3 вида, входящих в *Mycobacterium fortuitum* complex (*M. porcinum*, *M. senegalense*, *M. septicum*), 1 вид, входящий в *Mycobacterium mucogenicum-phocaicum* complex (*M. mageritense*), 1 вид, входящий в *Mycobacterium parafortuitum* complex (*M. mucogenicum*) и 7 других видов быстрорастущих НТМБ (*M. neoaurum*, *M. murale/tokaiense*, *M. arabiense*, *M. asiaticum*, *M. chubuense*, *M. novocastrense*, *M. stephanolepidis*).

Среди медленнорастущих НТМБ выявлено 16 новых видов, которые не выявлялись в «доковидный» период, в т.ч. 4 вида, входящих в *Mycobacterium avium* complex (*M. celatum*, *M. colombiense*, *M. marseliense*, *M. timonense*), 3 вида, входящих в *Mycobacterium terrae* complex (*M. engbaekii*, *M. heraklionense*, *M. nonchromogenicum*), 1 вид, входящий в *Mycobacterium simiae* complex (*M. europaeum*) и 8 видов других редко встречающихся видов НТМБ (*M. mantonii*, *M. nebraskense*, *M. branderi*, *M. conspicuum*, *M. saskatchewanense*, *M. scrofulaceum*, *M. heckeshornense*, *M. szulgai*).

Таблица 1. Видовое разнообразие НТМБ, выделенных от пациентов в периоды 2018–2019 гг. и 2020–2023 гг. (абс. и %)

НТМБ	2018–2019 гг.		2020–2023 гг.		$\chi^2$	P
	абс. n = 217	%	абс. n = 720	%		
<b>Медленнорастущие виды НТМБ, всего</b>	<b>202</b>	<b>93,09</b>	<b>629</b>	<b>87,36</b>	<b>4,900</b>	<b>0,0268</b>
<b><i>Mycobacterium avium</i> complex, в т.ч.:</b>	<b>172</b>	<b>79,26</b>	<b>468</b>	<b>65,0</b>	<b>15,010</b>	<b>0,0001</b>
<i>M. avium</i>	141	64,98	351	48,75	16,969	<0,0001
<i>M. celatum</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<i>M. chimaera/intracellulare</i>	31	14,29	112	15,56	0,121	0,7276
<i>M. colombiense</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<i>M. marseliense</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<i>M. timonense</i>	0	0	2	0,28	0,00306	0,9559
<b><i>Mycobacterium terrae</i> complex, в т.ч.:</b>	<b>1</b>	<b>0,46</b>	<b>3</b>	<b>0,42</b>	<b>0,263</b>	<b>0,6078</b>
<i>M. engbaekii</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<i>M. heraklionense</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<i>M. kumamotoense</i>	1	0,46	0	0	0,402	0,5261
<i>M. nonchromogenicum</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<b><i>Mycobacterium kansasii</i> complex</b>	<b>13</b>	<b>5,99</b>	<b>44</b>	<b>6,11</b>	<b>0,00944</b>	<b>0,9226</b>
<i>M. kansasii</i>	13	5,99	44	6,11	0,00944	0,9226
<b><i>Mycobacterium simiae</i> complex</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>0,14</b>	<b>0,397</b>	<b>0,5289</b>
<i>M. europaeum</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<b>Другие медленнорастущие, в т.ч.:</b>	<b>16</b>	<b>7,37</b>	<b>113</b>	<b>15,69</b>	<b>9,037</b>	<b>0,0026</b>
<i>M. malmoense</i>	2	0,92	11	1,53	0,117	0,7322
<i>M. mantonii</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<i>M. nebraskense</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<i>M. branderi</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<i>M. conspicuum</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<i>M. lentiflavum</i>	4	1,84	39	5,42	4,096	0,0430
<i>M. paragordoniae</i>	3	1,38	8	1,11	0,00128	0,9714
<i>M. parascrofulaceum</i>	2	0,92	0	0	3,016	0,0824
<i>M. saskatchewanense</i>	0	0	2	0,28	0,00306	0,9559
<i>M. scrofulaceum</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<i>M. gordonae</i>	1	0,46	34	4,72	7,276	0,0070
<i>M. heckeshornense</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<i>M. interjectum</i>	1	0,46	0	0	0,402	0,5261
<i>M. szulgai</i>	0	0	2	0,28	0,00306	0,9559
<i>M. xenopi</i>	3	1,38	11	1,53	0,0254	0,8733
<b>Быстрорастущие НТМБ, всего</b>	<b>15</b>	<b>6,91</b>	<b>91</b>	<b>12,64</b>	<b>4,900</b>	<b>0,0268</b>
<b><i>Mycobacterium abscessus-chelonae</i> complex, в т.ч.:</b>	<b>12</b>	<b>5,53</b>	<b>51</b>	<b>7,08</b>	<b>0,416</b>	<b>0,5191</b>
<i>M. abscessus</i>	12	5,53	45	6,25	0,0515	0,8204
<i>M. chelonae</i>	0	0	4	0,56	0,263	0,6078
<i>M. immunogenum</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<i>M. salmoniphilum</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<b><i>Mycobacterium fortuitum</i> complex, в т.ч.:</b>	<b>3</b>	<b>1,38</b>	<b>29</b>	<b>4,03</b>	<b>2,791</b>	<b>0,0948</b>
<i>M. fortuitum</i>	2	0,92	23	3,19	2,496	0,1142
<i>M. peregrinum</i>	1	0,46	2	0,28	0,0747	0,7846

Окончание таблицы 1

НТМБ	2018–2019 гг.		2020–2023 гг.		Х <sup>2</sup>	P
	абс. n = 217	%	абс. n = 720	%		
<i>M. porcinum</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<i>M. senegalense</i>	0	0	2	0,28	0,00306	0,9559
<i>M. septicum</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<b><i>Mycobacterium mageritense</i> group, в т.ч.:</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>0,14</b>	0,397	0,5289
<i>M. mageritense</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<b><i>Mycobacterium mucogenicum-phocaicum</i> complex, в т.ч.:</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>1</b>	<b>0,14</b>	0,397	0,5289
<i>M. mucogenicum</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<b><i>Mycobacterium parafortuitum</i> complex, в т.ч.:</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>2</b>	<b>0,28</b>	0,00306	0,9559
<i>M. neoaurum</i>	0	0	2	0,28	0,00306	0,9559
<b>Другие быстрорастущие, в т.ч.:</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>7</b>	<b>0,97</b>	<b>1,012</b>	<b>0,3144</b>
<i>M. murale/tokaiense</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<i>M. arabiense</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<i>M. asiaticum</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<i>M. chubuense</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<i>M. novocastrense</i>	0	0	1	0,14	0,397	0,5289
<i>M. stephanolepidis</i>	0	0	2	0,28	0,00306	0,9559

## Обсуждение

В регионах России как до, так и во время пандемии COVID-19 преобладали медленно растущие НТМБ (93,09% и 87,36% соответственно), при этом отмечалось увеличение доли быстрорастущих микроорганизмов в период пандемии с 6,91% до 12,64%, за счет расширения видового спектра выявляемых НТМБ. Среди медленно растущих преобладали виды, принадлежащие к МАС, однако их доля снизилась с 79,26% до 65% во время пандемии. Обращает на себя внимание также увеличение доли *M. lentiflavum* с 1,84% до 5,42% и *M. gordonae* с 0,46% до 4,72%.

## Заключение

Частота выявления НТМБ, а также их видовое разнообразие обусловлены многими факторами. В данном исследовании мы показали отличия видового разнообразия НТМБ в 2018–2019 гг. (в «доковидный» период) и в 2020–2023 гг. (во время пандемии COVID-19). Необходимо проведение дополнительных исследований для оценки влияния пандемии COVID-19 на частоту выделения и видовое разнообразие НТМБ, а также их ассоциацию с микобактериозами, диагностированными у соответствующих пациентов-бактериовыделителей.

## Литература

1. Parte A.C., Sardà Carbasse J., Meier-Kolthoff J.P., Reimer L.C., Göker M. List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature (LPSN) moves to the DSMZ. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2020;70:5607-5612. DOI: 10.1099/ijsem.0.004332
2. Zimina V.N., Degtyareva S.Yu., Beloborodova E.N., Kulabukhova E. I., Rusakova L.I., Fesenko O.V. Микобактериозы: current state of the problem. *Klinicheskaa mikrobiologija i antimikrobnaa himioterapija.* 2017; 19(4):276-282. Russian. (Зими́на В.Н., Дегтярёва С.Ю., Белобородова Е.Н., Кулабухова Е.И., Русакова Л.И., Фесенко О.В. Микобактериозы: современное состояние проблемы. *Клиническая микробиология и антимикробная химиотерапия.* 2017;19(4):276-282.)
3. Daley C.L., Iaccarino J.M., Lange C., Cambau E., Wallace R.J., Jr., Andrejak C., et al. Treatment of nontuberculous mycobacterial pulmonary disease: an official ATS/ERS/ESCMID/IDSA clinical practice guideline. *Clin Infect Dis.* 2020;71(4):e1-e36. DOI: 10.1093/cid/ciaa241
4. Bryant J.M., Grogono D.M., Greaves D., Foweraker J., Roddick I., Inns T., et al. Whole-genome sequencing to identify transmission of *Mycobacterium abscessus* between patients with cystic fibrosis: a retrospective cohort study.

- Lancet. 2013;381(9877):1551-1560. DOI: 10.1016/S0140-6736(13)60632-7
5. Veselova E.I., Presnyakova O.A., Tinkova V.V., Beloborodova E.N. Etiology of lung lesions in patients with HIV infection at stage 4B. Infectious diseases in the modern world: evolution, current and future threats: materials of the XVI Annual All-Russian congress on infectious diseases named after acad. V.I. Pokrovsky. M., 2024. P. 47. Russian. (Веселова Е.И., Преснякова О.А., Тинькова В.В., Белобородова Е.Н. Этиология поражений легких у больных ВИЧ-инфекцией на стадии 4B. Инфекционные болезни в современном мире: эволюция, текущие и будущие угрозы: материалы XVI ежегодного Всероссийского конгресса по инфекционным болезням им. акад. В.И. Покровского. М., 2024. С. 47)
  6. Parolina L., Pshenichnaya N., Vasilyeva I., Lizinfed I., Urushadze N., Guseva V., et al. Clinical characteristics of COVID-19 in patients with tuberculosis and factors associated with the disease severity. *Int J Infect Dis.* 2022;124(Suppl. 1):82-89. DOI: 10.1016/j.ijid.2022.04.041
  7. TB/COVID-19 Global Study Group. Tuberculosis and COVID-19 co-infection: description of the global cohort. *Eur Respir J.* 2022;59(3):2102538. DOI: 10.1183/13993003.02538-2021
  8. Petrov I.V., Amirova T.Kh., Petrova L.V., Petrova F.S., Sevastyanova E.V., Valiev R.I. Microbiological and epidemiological features of mycobacteriosis. *Epidemiology and vaccinal prevention.* 2020;19(3):89-94. Russian. (Петров И.В., Амирова Т.Х., Петрова Л.В., Петрова Ф.С., Севастьянова Э.В., Валиев Р.И. Микробиологические и эпидемиологические особенности микобактериозов. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика.* 2020;19(3):89-94.) DOI: 10.31631/2073-3046-2020-19-3-89-94
  9. Starkova D.A., Zhuravlev V.Yu., Vyazovaya A.A., Solovieva N.S., Kulikova O.N., Narvskaya O.V. Species diversity of non-tuberculous mycobacteria in patients with mycobacteriosis in the North-Western Federal District of Russia. *Tuberculosis and Lung Diseases.* 2019;97(6):16-22. Russian. (Старкова Д.А., Журавлев В.Ю., Вязовая А.А., Соловьева Н.С., Куликова О.Н., Нарвская О.В. Видовое разнообразие нетуберкулезных микобактерий у больных микобактериозом на территории Северо-Западного федерального округа России. *Туберкулез и болезни легких.* 2019;97(6):16-22.) DOI: 10.21292/2075-1230-2019-97-6-16-22
  10. Panteleev A.M., Dracheva M.S., Nikulina O.V., Sokolova O.S., Zonova A.V. Clinical and laboratory features of atypical mycobacteriosis in HIV-patients. *Journal infectology.* 2016;8(3):40-45. Russian. (Пантелеев А.М., Драчева М.С., Никулина О.В., Соколова О.С., Зоннова А.В. Клинико-лабораторные особенности микобактериоза у больных вич-инфекцией. *Журнал инфектологии.* 2016;8(3):40-45.)
  11. Panteleev A.M., Nikulina O.V., Khristusev A.S., Dracheva M.S., Sokolova O.S., Zonova A.V. Differential diagnostics of tuberculosis and mycobacteriosis in HIV patients. *Tuberculosis and lung diseases.* 2017;95(10):47-52. Russian. (Пантелеев А.М., Никулина О.В., Христусев А.С., Драчева М.С., Соколова О.С., Зоннова А.В. Дифференциальная диагностика туберкулеза и микобактериоза у больных вич-инфекцией. *Туберкулез и болезни легких.* 2017;95(10):47-52.) DOI: 10.21292/2075-1230-2017-95-10-47-52
  12. Fomenkova N.V., Leonova O.N., Vinogradova T.N., Otten T.F. Atypical mycobacteriosis is an opportunistic disease in patients with HIV infection. Medical-biological and socio-psychological problems of safety in emergency situations. 2011;(3):52-57. Russian. (Фоменкова Н.В., Леонова О.Н., Виноградова Т.Н., Оттен Т.Ф. Атипичный микобактериоз-оппортунистическое заболевание у больных с ВИЧ-инфекцией. Медико-биологические и социально-психологические проблемы безопасности в чрезвычайных ситуациях. 2011;(3):52-57.)
  13. Steens A., Knol M.J., Freudenburg-de Graaf W., de Melker H.E., van der Ende A., van Sorge N.M. Pathogen- and type-specific changes in invasive bacterial disease epidemiology during the first year of the COVID-19 pandemic in the Netherlands. *Microorganisms.* 2022;10(5):972. DOI: 10.3390/microorganisms10050972
  14. Stefanini I., De Renz, G., Foddai E., Cordani E., Moggetti B. Profile of bacterial infections in COVID-19 patients: antimicrobial resistance in the time of SARS-CoV-2. *Biology.* 2021;10(9):822. DOI: 10.3390/biology10090822