

- / P. Treepong [et al.] // Clin. Microbiol. Infect. – 2018. – Vol. 24. – 258–266.
7. Hennequin, C. Correlation between antimicrobial resistance and virulence in *Klebsiella pneumoniae* / C. Hennequin, F. Robin // Eur. J. Clin. Microbiol. Infect. Dis. – 2016. – Vol. 35. – P. 333–341.
8. Holberger, L. E. Ribosomal protein S12 and aminoglycoside antibiotics modulate A-site mRNA cleavage and transfermessenger RNA activity in *Escherichia coli* / L. E. Holberger, C. S. Hayes // J. Biol. Chem. – 2009. – Vol. 284. – P. 32188–32200.
9. Impact of antimicrobial stewardship in critical care: a systematic review / R. Kaki [et al.] // J. Antimicrob. Chemother. – 2011. – Vol. 66. – P. 1223–1230.
10. Impact of blaNDM-1 on fitness and pathogenicity of *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* / S. Gottig [et al.] // Int. J. Antimicrob. Agents. – 2016. – Vol. 47. – P. 430–435.
11. Lee, C. R. Global dissemination of carbapenemase-producing *Klebsiella pneumoniae*: epidemiology, genetic context, treatment options, and detection methods / C. R. Lee [et al.] // Front. Microbiol. – 2016. – Vol. 7. – Art. 895.
12. Low biological cost of carbapenemase-encoding plasmids following transfer from *Klebsiella pneumoniae* to *Escherichia coli* / M. C. Di Luca // J. Antimicrob. Chemother. – 2017. – Vol. 72. – P. 85–89.
13. Melnyk, A. H. The fitness costs of antibiotic resistance mutations / A. H. Melnyk, A. Wong, R. Kassen // Evol. Appl. – 2015. – Vol. 8. – P. 273–283.
14. Metallo- $\beta$ -Lactamases in clinical *Pseudomonas* isolates in Taiwan and identification of VIM-3, a novel variant of the VIM-2 enzyme / J. J. Yan [et al.] // Antimicrob. Agents Chemother. – 2001. – Vol. 45. – P. 2224–2228.
15. Mutation of *nfxB* causes global changes in the physiology and metabolism of *Pseudomonas aeruginosa* / H. G. Stickland [et al.] // J. Proteome Res. – 2010. – Vol. 9. – P. 2957–2967.
16. Pages, J.-M. The porin and the permeating antibiotic: a selective diffusion barrier in Gram-negative bacteria / J.-M. Pages, C. E. James, M. Winterhalter // Nat. Rev. Microbiol. – 2008 – Vol. 6. – P. 893–903.
17. Retrospective evidence for a biological cost of vancomycin resistance determinants in the absence of glycopeptides selective pressures / P. J. Johnsen [et al.] // J. Antimicrob. Chemother. – 2011. – Vol. 66. – P. 608–610.
18. Salyers, A. A. Why are antibiotic resistance genes so resistant to elimination? / A. A. Salyers, C. F. Amabile-Guevas // Antimicrob. Agents Chemother. – 1997. – Vol. 41. – P. 2321–2325.
19. San Millan, A. Interactions between horizontally acquired genes create a fitness cost in *Pseudomonas aeruginosa* / A. San Millan, M. Toll-Riera, Q. Qi, R. C. MacLean // Nature Communications. – 2015. – Vol. 6. – Art. 6845.
20. Vogwill, T. The genetic basis of the fitness costs of antimicrobial resistance: a meta-analysis approach / T. Vogwill, R. C. MacLean // Evol. Appl. – 2015. – Vol. 8. – P. 284–295.

## ЭТИОЛОГИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА ВТОРИЧНЫХ БАКТЕРИАЛЬНЫХ ПНЕВМОНИЙ У ПАЦИЕНТОВ С ИНФЕКЦИЕЙ COVID-19

Черняк Л.К.<sup>1</sup>, Волосач О.С.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>УЗ «Гродненская областная инфекционная клиническая больница», Беларусь

<sup>2</sup>Гродненский государственный медицинский университет, Беларусь

Кафедра инфекционных болезней

**Актуальность.** Коронавирусная инфекция COVID-19 может predispose к развитию вторичных бактериальных поражений дыхательных путей. Респираторные вирусы поражают дыхательные пути и

нарушают регуляцию как врожденного, так и приобретенного иммунного ответа, что, в свою очередь, способствует проникновению бактерий в обычно стерильные участки дыхательных путей, их адгезии на слизистых и последующему размножению [2]. Возбудителями вторичных бактериальных инфекций обычно являются представители резидентной и транзиторной микробной флоры, которые во многих случаях характеризуется антибактериальной резистентностью [1]. Современные классификации пневмоний предусматривают обязательное установление этиологии, поскольку этиологический диагноз во многом определяет течение болезни и наиболее рациональный вид ее лечения [3]. Поэтому изучение этиологической структуры вторичных бактериальных пневмоний у пациентов с инфекцией COVID-19 является актуальным.

**Цель.** Определить этиологическую структуру вторичных бактериальных пневмоний у пациентов с инфекцией COVID-19 стационаров г. Гродно на основании результатов регионального микробиологического мониторинга, проведенного с апреля 2020 года по август 2021 года.

**Материалы и методы исследования.** Объектом исследования явились пациенты с инфекцией COVID-19, осложненной вторичной бактериальной пневмонией, проходившие лечение в стационарах г. Гродно с апреля 2020 года по август 2021 года. Для микробиологического исследования в лабораторию учреждения здравоохранения «Гродненская областная инфекционная клиническая больница» поступал биологический материал из 5 стационаров городского типа г. Гродно: УЗ «Гродненская областная клиническая больница медицинской реабилитации», УЗ «Городская клиническая больница № 2», УЗ «Городская клиническая больница № 3», УЗ «Городская клиническая больница № 4», УЗ «Гродненская областная инфекционная клиническая больница», где проходили стационарное лечение пациенты с инфекцией COVID-19. Микробиологический мониторинг и верификация возбудителей осуществлялись на базе бактериологической лаборатории УЗ «Гродненская областная инфекционная клиническая больница» (центр коллективного пользования).

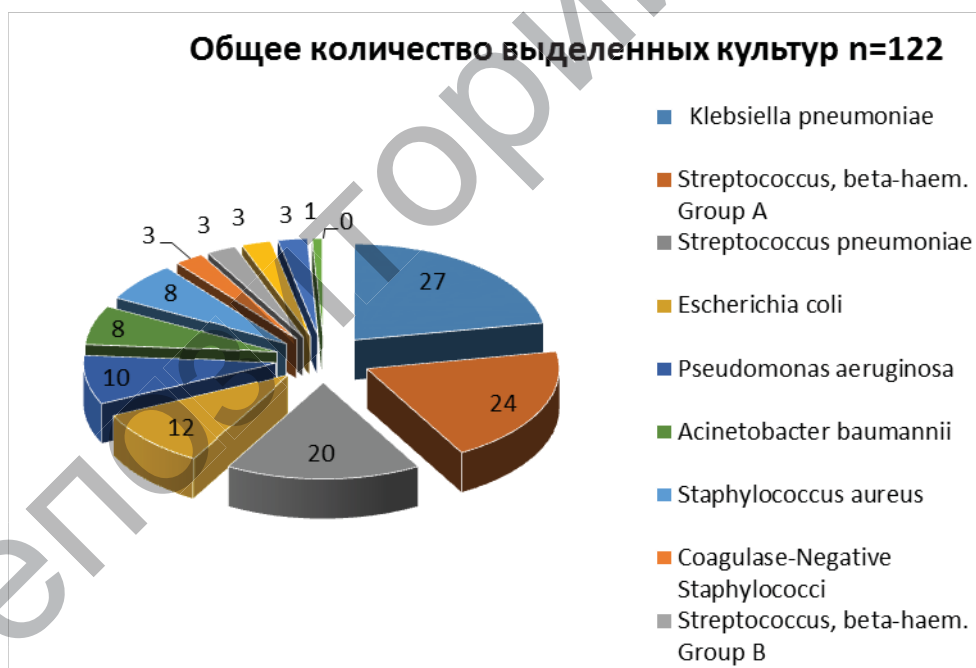
Микробиологическому исследованию подлежала мокрота и бронхоальвеолярный лаваж, полученные у пациентов с инфекцией COVID-19. Для культивации микроорганизмов использовались среды российского производства: среда Эндо – для выделения энтеробактерий, желточно-солевой агар – для выделения стафилококков, кровяной агар – для выделения стрептококков и некоторых других микроорганизмов. Забор биологического материала и идентификация выделенных возбудителей проводились по классическим микробиологическим методикам. Микробиологический мониторинг выделенных культур проводился с помощью аналитической компьютерной программы WHONET (США).

Статистическая обработка полученных цифровых данных производилась с использованием программ Statistica 10.0, Excel 2010. В качестве уровня статистической значимости принято значение  $p < 0,05$ .

**Результаты.** В указанный период времени из отделяемого нижних дыхательных путей пациентов, проходивших стационарное лечение в учреждениях здравоохранения г. Гродно с диагнозом инфекцией COVID-19, пневмония, были выделены 122 культуры микроорганизмов. Этиологическая структура вторичных бактериальных пневмоний у пациентов с инфекцией COVID-19 представлена на рисунке 1.

Как следует из представленного рисунка, видовой спектр возбудителей вторичных бактериальных пневмоний у пациентов с инфекцией COVID-19 был представлен как грамотрицательными, так и грамположительными бактериями.

Среди грамотрицательных возбудителей вторичных бактериальных пневмоний у пациентов с инфекцией COVID-19 лидирующую этиологическую роль занимала *Klebsiella pneumoniae*, которой было выделено 27 штаммов, что составило 22,1% от всех выделенных возбудителей и достоверно превышало количество других грамотрицательных микроорганизмов ( $p < 0,05$ ). Среди других представителей семейства энтеробактерий были выделены 12 штаммов (9,8% от всех выделенных возбудителей) *Escherichia coli* и в единичном случае был выделен *Enterobacter cloacae*. Среди грамотрицательных неферментирующих бактерий были идентифицированы 10 штаммов *Pseudomonas aeruginosa* (8,2%) и 8 штаммов *Acinetobacter baumannii* (6,6% от всех выделенных возбудителей).



**Рисунок 1. – Этиологическая структура вторичных бактериальных пневмоний у пациентов с инфекцией COVID-19**

Среди грамположительных микроорганизмов преобладающими возбудителями вторичных бактериальной пневмоний у пациентов с инфекцией COVID-19 явились стрептококки. Среди представителей стрептококков  $\beta$ -гемолитического стрептококка группы А было выделено 24 штамма, что составило 19,7% от всех выделенных возбудителей. Количество *Streptococcus*

*pneumonia* составило 20 клинических изолятов (16,4% от всех выделенных возбудителей). В единичных наблюдениях высевался  $\beta$ -гемолитический стрептококк группы В, которого было идентифицировано 3 штамма (2,5%). Среди стафилококков были выделены 8 клинических изолятов *S.aureus* (6,6% от всех выделенных возбудителей) и 3 штамма (2,5%) коагулазонегативных стафилококков. *Enterococcus faecalis* и *Enterococcus faecium* были получены по 3 клинических изолятов, что составило по 2,5% от всех выделенных возбудителей, полученных из отделяемого нижних дыхательных путей пациентов с инфекцией COVID-19.

**Выводы.** Этиологическая структура вторичных бактериальных пневмоний у пациентов с инфекцией COVID-19 была представлена как грамотрицательными, так и грамположительными микроорганизмами. Среди грамотрицательных микроорганизмов частым возбудителем вторичных бактериальных пневмоний являлась *K.pneumonia*. Однако этиологическими агентами вторичных пневмоний могут являться и другие представители семейства энтеробактерий, а также представители неферментирующих бактерий. Среди грамположительных возбудителей вторичных бактериальных пневмоний у пациентов с инфекцией COVID-19 преобладали стрептококки, реже стафилококки и энтерококки.

#### Литература

1. Абабий, И.И. Значения микробной флоры ротоглотки в развитии острых и хронических заболеваний верхних дыхательных путей / И.И. Абабий [и др.] // Инфекция и иммунитет. – 2020. – Т.10, № 2. – С. 359-367.
2. Миннуллин, Т.И. Иммунологические аспекты поражения коронавирусом SARS-CoV-2 / Т.И. Миннуллин [и др.] // Вестник Российской Военно-медицинской академии. – 2021. – № 2 (74). – С. 187-198.
3. Хамитов, Р.Ф. Острые респираторные инфекции в амбулаторной практике в эпоху COVID-19: роль и место антибактериальной терапии // Р.Ф. Хамитов / Русский медицинский журнал. Медицинское обозрение. – 2020. – Т.4, № 4. – С. 214-218.

### СКРИНИНГ ТУБЕРКУЛЕЗНОЙ ИНФИЦИРОВАННОСТИ С ПОМОЩЬЮ ТЕСТА, ОСНОВАННОГО НА ВЫСВОБОЖДЕНИИ ГАММА-ИНТЕРФЕРОНА В УСЛОВИЯХ ПАНДЕМИИ COVID-19

Шаламовский В.В., Стринович А.Л., Суркова Л.К., Будник О.А., Бахтина А.Д.

РНПЦ пульмонологии и фтизиатрии, Беларусь  
Отдел лабораторной диагностики и лечения туберкулеза

**Актуальность.** Латентная туберкулезная инфекция (ЛТИ) – это состояние стойкого иммунного ответа на стимуляцию антигенами микобактерий туберкулеза (МБТ) при отсутствии клинико-лабораторных и рентгенологических признаков активного туберкулеза.

Считается, что у трети всего населения Земли имеется ЛТИ и существует огромный потенциал постоянной передачи и возникновения болезни. Риск развития туберкулеза в течение жизни для лиц с установленной ЛТИ составляет