

УДК: 616.24-002-078:57.083.1]:616.98.578.834.1Coronavirus-036.21(571.620)"2020"

ОСОБЕННОСТИ БАКТЕРИАЛЬНОЙ МИКРОФЛО- РЫ, ВЫДЕЛЕННОЙ ИЗ ПРОБ МОКРОТЫ БОЛЬ- НЫХ ПНЕВМОНИЕЙ В ХАБАРОВСКОМ КРАЕ В НАЧАЛЬНЫЙ ПЕРИОД ПАНДЕМИИ COVID-19

**А.П. Бондаренко, В.А. Шмыленко, О.Е. Троценко, В.О. Котова, Л.В. Бута-
кова, Е.А. Базыкина**

*ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора,
Хабаровск, Российская Федерация*

Представлены результаты исследования бактериальной микрофлоры мокроты двух групп пациентов, больных внебольничной пневмонией («Covid-19+», N=86 и «Covid-19–», N=87). Обе группы характеризуются высоким уровнем выделения бактериальной флоры (81,4% и 74,7%), в том числе общепринятых возбудителей внебольничных пневмоний, существенной частотой выделения грибов рода Candida и микробных ассоциаций. Группа больных «Covid-19+» характеризуется более широким спектром определяемых возбудителей, выявлением полирезистентных грамотрицательных энтеробактерий – продуцентов БЛРС, грамотрицательных неферментирующих полирезистентных бактерий, более выраженным проявлением микробных ассоциаций. В группе наблюдения «Covid-19–» лекарственно-устойчивая флора представлена только стафилококками групп MRSA, MRSE и др.

Ключевые слова: внебольничная пневмония, группы наблюдения «Covid-19+» и «Covid-19–», мокрота, бактериальная микрофлора.

FEATURES OF BACTERIAL MICROFLORA ISOLATED FROM SPUTUM CLINICAL SAMPLES OF PATIENTS WITH PNEUMONIA RESIDING IN Khabarovsk Krai in the initial period of Coronavirus pandemic

A.P. Bondarenko, V.A. Shmylenko, O.E. Trotsenko, V.O. Kotova, L.V. Butakova, E.A. Bazykina
FBIS Khabarovsk research institute of microbiology and epidemiology of the Federal service for surveillance on consumers rights protection and human wellbeing (Rospotrebnadzor), Russia

The article presents data of bacterial microflora evaluation of two groups of patients with community-acquired pneumonia («Covid-19+», N=86 and «Covid-19–», N=87). Both groups had high levels of bacterial flora isolation (81.4% and 74.7%) including common pathogens for community-acquired pneumonia as well as notable detection frequency of Candida spp. and microbial associations. The group of «Covid-19+» patients was characterized with a more vast specter of detected pathogens, isolation of poly-resistant gram-negative Enterobacteriaceae producing ESBL, nonfermenting gram-negative poly-resistant bacteria, more excessive manifestation of microbial associations. In the group of «Covid-19–» participants drug-resistant microflora was presented only by MRSA and MRSE [staphylococci](#) and others.

Key words: community-acquired pneumonia, observed groups «COVID-19+» and «COVID-19–», sputum, bacterial microflora

Материалы и методы

Исследовали бактериальную микрофлору мокроты 173 больных пневмонией, госпитализированных в лечебные учреждения Хабаровского края в мае-июне 2020 года, а также одновременно определяли наличие в пробах нуклеиновой кислоты вируса SARS-CoV-2 и возбудителей хламидиоза и микоплазмоза.

Выявление РНК вируса SARS-CoV-2 проводили методом ПЦР с тест-системой "Вектор-ПЦР_{РВ}-2019- nCoV-RG" (производство ФБУН "ГНЦ ВБ "Вектор", р. п. Кольцово). Определение ДНК возбудителей микоплазмоза и хламидиоза проводили с тест-системой "АмплиСенс® Mycoplasma pneumoniae/Chlamydia pneumoniae" (производство ФБУН ЦНИИЭ).

Бактериологический анализ мокроты проводили классическим количественным методом с разведением мокроты до титра 10^{-7} и с высевом на дифференциально-диагностические среды. Идентификацию выделенных патогенов и определение чувствительности к антимикробным препаратам (АМП) выполняли с помощью бактериологического анализатора Vitec 2 Compact.

Статистическую обработку данных выполняли с использованием программы Excel.

Результаты и обсуждение

РНК вируса SARS-CoV-2 выявлена в 86 из 173 исследованных образцов ($49,7 \pm 3,8\%$). ДНК хламидий и микоплазм не выявлены.

Далее проведен сопоставительный анализ результатов бактериологического исследования двух групп клинических образцов мокроты: 1-я группа (86 проб), в которых обнаружена РНК коронавируса «Covid-19+», и 2-я группа (87 образцов), в которых РНК нового коронавируса не обнаружена «Covid-19-». Возрастная группа «65 лет и старше» преобладала среди пациентов 1-й группы наблюдения ($45,4 \pm 5,4$ и $36,8 \pm 5,2\%$).

При сравнительном анализе микрофлоры клинических образцов мокроты двух групп больных показано, что обе группы характеризуются высоким уровнем выделения бактериальной флоры ($81,4 \pm 4,2\%$ для «Covid-19+» и $74,7 \pm 4,7\%$ для «Covid-19-»), низким уровнем выделения наиболее значимого возбудителя пневмоний *S. pneumoniae* ($2,3 \pm 1,6$ и $3,6 \pm 1,9\%$), высоким уровнем выделения грибов рода *Candida* ($65,1 \pm 5,1$ и $58,6 \pm 5,3\%$) и микробных ассоциаций.

Группа больных коронавирусной пневмонией «Covid-19+» характеризуется более широким спектром определяемых возбудителей (16 видов против 12 в группе «Covid-19-»), выявлением полирезистентных к АМП грамотрицательных бактерий, более выраженным, в сравнении с группой «Covid-19-» проявлением микробных ассоциаций ($35,7 \pm 5,7\%$ против $26,2 \pm 5,5\%$), более высоким уровнем выделения неферментирующей грамотрицательной флоры (НГОб) ($11,6 \pm 3,5$ и $6,9 \pm 2,7\%$), обладающей природной множественной лекарственной устойчивостью и, в ряде случаев, несущей дополнительные детерминанты резистентности (штаммы из группы проб «Covid-19+»), что ограничивает выбор эффективных АМП для лечения больных.

Основной грамотрицательный патоген - *Klebsiella pneumoniae* - выявлен в обеих группах проб ($11,6 \pm 3,5$ и $11,6 \pm 3,4\%$), но лекарственноустойчивые штаммы – продуценты БЛРС выявлены на данном этапе наблюдения только в первой группе, определяя 3,6% случаев заболеваний. При этом выявлена устойчивость к цефалоспорином I – IV поколений, фторхинолонам, фосфомицину.

Среди НГОб полирезистентные штаммы выделены от 4 больных ($4,7 \pm 2,3\%$) также только в первой группе наблюдения, при этом выявлены максимальный набор детерминант антибиотикорезистентности и чувствительность только к колистину.

Грамположительная флора (*Staphylococcus* spp.) выявлялась чаще в «Covid-19+» группе проб ($17,4 \pm 4,1$ и $9,2 \pm 3,1\%$), но лекарственноустойчивые штаммы стафилококков (MRSA, MRSE, KNC) обнаружены в обеих группах наблюдения в равных долях ($8,2$ и $8,1\%$), проявляя резистентность практически ко всем группам АМП. В обеих группах проб выявлены также штаммы с критической устойчивостью к линезолиду и меропенему, т. е. к препаратам резерва.

В обеих группах наблюдения отмечен высокий уровень выделения грибов рода *Candida*, зарегистрированы штаммы *C. glabrata*, *C. crusei*, устойчивые к антимикотикам. Грибы рода *Candida* не являются классическими возбудителями пневмонии, но эта флора в составе микробных ассоциаций и как моноинфекция удлиняет и усложняет течение болезни, ухудшая прогноз заболевания [1,2].

Участие микробных ассоциаций в инфекционном процессе пневмоний создает дополнительные сложности в лечебной тактике, так как воздействие на один компонент ассоциаций может привести к количественному увеличению другого компонента [3,5,6,7].

Впервые в нашем регионе во второй группе проб «Covid-19-», выявлены энтеробактерии *Raoultella ornithinolytica*, циркулирующие, хорошо сохраняющиеся и накапливающиеся в госпитальных условиях. Нами выявлен чувствительный к АМП вариант. Но в больничных условиях штамм быстро приобретает мультирезистентность, длительно сохраняется в пыли и в вентиляционных решетках и представляет реальный риск инфицирования пациентов даже при отсутствии явных источников инфекции. Этот микроб рассматривается как кандидат на роль ведущего госпитального патогена [4,8].

Заключение

Точная идентификация всех патогенов очень важна, так как она позволяет определять адекватные приемы лечения и тактику эпидемиологического надзора.

Литература

1. Петрухина М.И., Мартынова А.М., Политова Н.Г., Старостина Н.В., Каира А.Н. Результаты микробиологического мониторинга циркуляции грибов рода *Candida* в детском и взрослом многопрофильных стационарах // Эпидемиология и вакцинопрофилактика. - 2018. - № 1(98). – С. 33-39.
2. Слепакова С.А. Возбудители кандидоз-инфекций в отделениях реанимации и интенсивной терапии // Инфекция и иммунитет. - 2012. – Т. 2. - № 1-2. – С. 495.
3. Симонова Е.В. Значение микробных ассоциантов в развитии госпитальных инфекций // Инфекция и иммунитет. - 2012. – Т. 2. - № 1-2. – С. 495.
4. Чезганова Е.А., Ефимова О.С., Созинов С.А., Ефимова А.Р., Сахарова В.М., Кутихин А.Г., Основа М.В., Исмаилов З.Р., Брусина Е.Б. Больничная пыль как потенциальный резервуар госпитальных штаммов // Эпидемиология и вакцинопрофилактика. - 2019. - № 19(4). – С. 82-92.

5. Hughes S, Troise O, Donaldson H, Mughal N, Moore LS. Bacterial and fungal coinfection among hospitalised patients with COVID-19: A retrospective cohort study in a UK secondary care setting // Clin Microbiol Infect. – 2020. – Vol. 26(10). – P. 1395-1399.
6. Lansbury L, Lim B, Baskaran V, Lim WS. Co-infections in people with COVID-19: a systematic review and meta-analysis // J Infect. - 2020. – Vol. 81(2). – P. 266-275.
7. Teng F, Liu X, Guo SB, et al. Community-acquired bacterial co-infection predicts severity and mortality in influenza-associated pneumonia admitted patients // J Infect Chemother. – 2019. – Vol. 25(2). – P. 129-136.
8. Alicja Sêkowska, Tomasz Bogiel, Marcin Woźniak, Eugenia Gospodarek-Komkowska. Raoultella spp. – reliable identification, susceptibility to antimicrobials and antibiotic resistance mechanisms // Journal of medical microbiology. - 2020. – Vol. 69(2). P. 233-238.

Сведения об ответственном авторе:

Бондаренко Альбина Павловна – кандидат медицинский наук, ведущий научный сотрудник-заведующая лабораторией бактериальных инфекций ФБУН Хабаровский НИИ эпидемиологии и микробиологии Роспотребнадзора e-mail: baklabhniem@gmail.com