

Исследование проведено с соблюдением принципов конфиденциальности, утверждено ЭК (протокол 5 от 21.07.2022).

Модель прогнозирования развития септического шока у детей с сепсисом

Сергиенко Е.Н.

Учреждение образования «Белорусский государственный медицинский университет», Минск, Беларусь

Целью исследования было разработать модель прогнозирования развития септического шока у детей на основании лабораторных маркеров.

Материалы и методы. Был проведен анализ 325 пациентов, которые находились на лечении в УЗ Городская детская инфекционная клиническая больница с 2009 по 2024 гг. с диагнозом Сепсис. С целью определения факторов, ассоциированных с развитием септического шока, были сформированы две группы: группа стандартного риска ($n = 109$), где сепсис протекал без септического шока, и группа угрожаемого риска ($n = 72$), где шок развился в 13 сутки после поступления пациентов в стационар. Пациенты были сопоставимы по возрасту и полу.

Результаты исследования. По результатам сравнительного анализа лабораторных показателей в предварительный анализ дискриминационной способности были отобраны: лактат, АЧТВ, мочевины и белок. В последующем определили пороговые значения для этих факторов риска: для АЧТВ более 50 сек, AUC 0,6 (0,510,69), Se 0,24 (0,150,35), Sp 0,93 (0,880,98); лактата более 3,5 ммоль/л, AUC 0,66 (0,580,75), Se 0,54 (0,420,65), Sp 0,71 (0,610,79); мочевины более 5,4 ммоль/л, AUC 0,57 (0,480,66), Se 0,52 (0,410,63), Sp 0,69 (0,600,78); белка менее 60 г/л, AUC 0,56 (0,470,64), Se 0,74 (0,640,83), Sp 0,33 (0,240,42).

Далее показатели были включены в многофакторный регрессионный анализ, который позволил выявить корреляцию между септическим шоком и показателями: лактатом (ОШ 2,4; 95% ДИ 1,2–5; $p = 0,02$), АЧТВ (ОШ 4,3; 95% ДИ 1,416; $p = 0,017$) и мочевиной (ОШ 2,3; 95% ДИ 1,14,7; $p = 0,026$). Модель, содержащая все четыре показателя, показала статистически значимые результаты (AUC 0,69 (0,610,76), Se 0,74 (0,610,84), Sp 0,65 (0,540,75), PPV 0,63 (0,510,74), NPV 0,75 (0,640,85). Согласно представленной модели, наличие 2-х предикторов вероятность развития септического шока составила 57,8%, 3-х 65,4%, 4-х 100%

Заключение. Раннее выявление риска септического шока у пациентов с сепсисом критически важно. Представленная модель предлагает простой и удобный инструмент для этого, используя всего четыре общедоступных лабораторных показателя: лактат >3,5 ммоль/л, мочевины >5,4 ммоль/л, общий белок <60 г/л и АЧТВ >50 сек.

Исследование антифаговых систем нетоксигенных штаммов *Vibrio cholerae* O1 Эль Тор

Сергутин Д.А., Федоров А.В., Заднова С.П.

ФКУН Российский научно-исследовательский противочумный институт «Микроб» Роспотребнадзора, Саратов, Россия

Наличие и структурные особенности антифаговых систем, обеспечивающих устойчивость к холерным литическим фагам и возможность длительной циркуляции нетоксигенных штаммов *V. cholerae* O1 серогруппы биовара Эль Тор в открытых водоемах РФ, исследованы фрагментарно.

Цель работы – анализ распространенности и структуры антифаговых систем в геноме нетоксигенных штаммов *V. cholerae* O1 Эль Тор.

Исследовали 95 нетоксигенных штаммов *V. cholerae* O1 Эль Тор, выделенных на территории РФ и сопредельных стран из внешней среды и от больных ОКИ с 1972 по 2018 гг. Секвенирование проводили на платформе MGI DNBSEQ-G50 (MGI, Китай). Для анализа антифаговых систем использовали программы DefensFinder, CRISPRCas Finder.

Анализ показал, что нетоксигенные штаммы не содержат ряд мобильных генетических элементов (острова PLE, BREX и DISARM системы), присутствующие у токсигенных штаммов *V. cholerae* O1 Эль Тор. В тоже время выявлено 50 различных антифаговых систем. Установлено, что 80% *ctxA tcpA*⁺ штаммов имеют гены системы рестрикции-модификации I типа, их структура соответствовала генам токсигенного референс-штамма *V. cholerae* N1696. У *ctxA tcpA*⁻ штаммов данная система отсутствует. Гены системы CBASS выявлены у единичных штаммов обеих групп. В геноме ряда *ctxA tcpA*⁻ штаммов установлено наличие системы CRISPR-Cas 1 класса типов I-E, I-F, I-C, III-B и I-Fmini. Нуклеотидная последовательность 16 генов систем токсин-антитоксин, отличалась большой вариабельностью. Система GAPS2 выявлена у 98% *ctxAtcpA* изолятов и в 60% штаммов с генотипом *ctxAtcpA*. Аналогичная ситуация наблюдалась и для систем Belisama и dGTPase, которые присутствовали в 100% *ctxAtcpA* штаммов, в то время как среди *ctxAtcpA* изолятов распространенность составила 60%. Система PIAT фиксировалась у 63% штаммов генотипа *ctxAtcpA* и только у 13% *ctxAtcpA* штаммов. Остальные системы обнаружены у единичных штаммов

В результате, выявлена гетерогенность изученных нетоксигенных штаммов *V. cholerae* O1 Эль Тор по наличию антифаговых систем, что расширяет сведения об их генетической организации и служит основой для разработки новых диагностических и профилактических препаратов.

МАТЕРИАЛЫ КОНГРЕССА

**XVIII Ежегодный Всероссийский Конгресс
по инфекционным болезням
имени академика В.И.Покровского
*«Инфекционные болезни в современном мире:
эволюция, текущие и будущие угрозы»***

Москва, 30 марта – 1 апреля 2026 года