

варианта вируса, имеющего в геноме мутацию K103N. Высокая частота мутаций группы SDRM к ННИОТ показывает на необходимость продолжения слежения за первичной лекарственной устойчивостью у пациентов, начинающих антиретровирусную терапию.

Буткевич В.В., Бабенко А.С., Тапальский Д.В., Жаворонок С.В.

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГЕНОВ OXA, NDM, KPC–КАРБАПЕНЕМАЗ У ЭНТЕРОБАКТЕРИЙ С ПОМОЩЬЮ ПЦР В РЕАЛЬНОМ ВРЕМЕНИ

Республика Беларусь, г. Минск

Введение. Согласно данным Всемирной организации здравоохранения, устойчивость энтеробактерий к антибиотикам остаётся одной из главных проблем клинической микробиологии. В условиях пандемии COVID-19 данная ситуация усугубилась как во всём мире, так и на территории Республики Беларусь. Наши исследования также подтвердили рост антибиотикорезистентности среди грамотрицательных микроорганизмов в 2021 году по сравнению с 2019, особенно *Klebsiella pneumoniae*, что потребовало более глубокого анализа механизмов резистентности в клинических изолятах. Особое внимание уделяется карбапенемазам — ферментам, способным нейтрализовать действие карбапенемов. Наиболее часто встречающиеся гены карбапенемаз включают группы OXA, NDM и KPC.

Цель. Изучить частоту выявления основных генов карбапенемаз группы OXA, NDM, KPC с использованием ПЦР-РВ у клинических изолятов *K. pneumoniae* резистентных к карбапенемам, которые были выделены из биологического материала (кровь, мокрота) умерших и проходивших лечение пациентов с бактериальными осложнениями в период COVID-19.

Материалы и методы. В настоящей работе рассматривается частота выявления генов OXA, NDM, KPC карбапенемаз с помощью разработанных нами вариантов ПЦР РВ на клинических изолятах *K. pneumoniae*, которые были выделены из биологического материала (кровь, мокрота) умерших и проходивших лечение пациентов с бактериальными осложнениями в период COVID-19. Было проанализировано 30 устойчивых к карбапенемам клинических изолятов *K. pneumoniae*, полученных и идентифицированных общепринятыми бактериологическими методами.

Результаты и их обсуждение. Среди исследованных штаммов *K. pneumoniae* наиболее часто выявлялись гены типа blaOXA — их доля составила 56,6% (n=16). Эти данные соответствуют литературным сведениям о высокой распространённости β-лактамаз расширенного спектра (БЛРС, ESBL) и карбапенемаз среди грамотрицательных микроорганизмов, что, вероятно, связано с плазмидной локализацией генов, кодирующих указанные ферменты. Частота выявления других генов составила: blaKPC — 20,0% (n=6), blaNDM — 16,6% (n=5). В том числе, были установлены штаммы *K. pneumoniae* содержащие детерминанты резистентности одновременно двух и более типов: 11 штаммов содержали OXA+KPC и 4 — штамма - OXA+NDM. У 6,8% (n=3) штаммов *K. pneumoniae* карбапенемазные гены обнаружены не были. Отсутствие генов OXA, NDM и KPC при подтверждённой устойчивости *K. pneumoniae* к карбапенемам указывает на альтернативные механизмы резистентности. Возможно это гиперэкспрессия ESBL (CTX-M, SHV, TEM) β-лактамаз в сочета-

нии с мутациями пориновых каналов, что ограничивает проникновение антибиотиков.

Выводы. Полученные результаты исследования демонстрируют высокую эффективность и идентификацию карбапенемаз у штаммов *K. pneumoniae*. Устойчивость штаммов *K. pneumoniae* к карбапенемам связана 93,2% с наличием карбапенемазных генов трёх основных групп: OXA, NDM и KPC. Выявление указанных генов позволяет не только детализировать молекулярные механизмы резистентности, но и служит важной основой для выбора рациональной терапевтической тактики.

Быков Ю.В.¹, Беккер Р.А.²

РОЛЬ НАРУШЕНИЙ ХОЛОБИОМА В РАЗВИТИИ ТЕРАПЕВТИЧЕСКИ РЕЗИСТЕНТНОЙ ДЕПРЕССИИ: КЛИНИЧЕСКИЙ СЛУЧАЙ

¹ Ставропольский государственный медицинский университет, Ставрополь, Россия

² Независимый исследователь Беэр-Шева, Израиль

В последние годы холибиом человека — совокупность всех симбиотических микробных сообществ, включая бактерии, вирусы (в том числе бактериофаги) и грибки — рассматривается как важнейший регулятор не только иммунного и метаболического, но и нейробиологического гомеостаза. Представленный клинический случай иллюстрирует возможную причинно-следственную связь между перенесённым инфекционным заболеванием, нарушением структуры и функции микробиоты и развитием тяжёлого психического расстройства.

Пациент (мужчина, 1992 г.р.) обратился за консультацией в возрасте 20 лет с жалобами на длительное депрессивное состояние, стойкое к психофармакотерапии, выраженные когнитивные нарушения (снижение памяти, внимания), общую слабость, нарушения стула (хроническая диарея), а также болевой синдром и значительное снижение массы тела. Из анамнеза: в 16 лет перенёс острую кишечную инфекцию, вызванную *Shigella flexneri*, с последующим многократным применением антибактериальных препаратов и рецидивированием выделением шигелл в течение нескольких лет. На протяжении четырёх лет у пациента диагностировалась терапевтически резистентная депрессия (ТРД), не поддающаяся коррекции стандартными антидепрессантами. В ходе консультирования была предложена стратегия коррекции холибиома, включающая персонализированную фаготерапию с целью устранения хронического носительства *Shigella flexneri* и нормализации фагового компонента микробиоты. Дополнительно применялись пробиотики, включая сапрофитные бактерии и дрожжи *Saccharomyces boulardii*, курс стимуляции гранулоцитарного ростка (Г-КСФ, 5 млн ЕД подкожно × 5 дней), курс дарбэпоэтина-альфа в комбинации с препаратами железа, меди, цинка и витаминами. С учётом выраженного болевого синдрома и дефицита массы тела была назначена психотропная комбинация венафаксина (до 300 мг/сут) и мirtазапина (30 мг/сут), обладающая как анальгезирующим, так и орексигенным эффектом. Уже через три месяца отмечалась позитивная динамика, а к шестому месяцу лечения была достигнута стойкая клинико-функциональная ремиссия: полное исчезновение депрессивной симптоматики, восстановление когнитив-

ISSN (print) 2072-6732
ISSN (online) 2499-9865

НАУЧНО-ПРАКТИЧЕСКИЙ ЖУРНАЛ

ЖУРНАЛ ИНФЕКТОЛОГИИ

МАТЕРИАЛЫ ТРЕТЬЕГО ГОМЕЛЬСКОГО МЕЖДУНАРОДНОГО КОНГРЕССА
«ИНФЕКЦИОННЫЕ БОЛЕЗНИ, МИКРОБИОЛОГИЯ И ИММУНОЛОГИЯ»

11–12 СЕНТЯБРЯ 2025 ГОДА
ГОМЕЛЬ, БЕЛАРУСЬ

Приложение 1

Том 17 №3, 2025