

Д.А. Пономаренко, Д.Д. Зинкевич
**АНАЛИЗ ЭТИОЛОГИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ
НОЗОКОМИАЛЬНЫХ ИНФЕКЦИЙ**

Научный руководитель: канд. мед. наук, доц. О.Л. Тумаши
Кафедра инфекционных болезней

Гомельский государственный медицинский университет, г. Гомель

D.A. Ponomarenko, D.D. Zinkevich
**THE ANALYSIS OF ETIOLOGICAL STRUCTURE OF NOSOCOMIAL
INFECTIONS**

Tutor: PhD, docent O.L. Tumash
Department of Infectious Diseases
Gomel State Medical University, Gomel

Резюме: При изучении этиологической структуры нозокомиальных инфекций наиболее часто были выявлены: грибы рода *Candida* (42,01% штаммов), *Klebsiella pneumoniae* (43,80% штаммов), *Acinetobacter baumannii* (29,53% штаммов). При сравнении 2017г и 2021г увеличилось количество выявляемых штаммов группы РЕКАР на 22,31% (с 34,9% до 57,21%) и уменьшение количества выявления грибов рода *Candida* на 25,09% (с 63,42% до 38,33%).

Ключевые слова: *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Enterococcus ssp.*, *Proteus ssp.*

Resume: As a result of the analysis of the etiological structure of nosocomial infections the leading agent is *Candida* species (42,01% штаммов), *Klebsiella pneumoniae* (43,80%), *Acinetobacter baumannii* (29,53%). When comparing 2017 and 2021 there is an increase in the amount of revealed strains of РЕКАР group by 22,31% (from 34,9% to 57,21%) and a reduce in the amount of revealed strains of РЕКАР group by 25,09% (from 63,42% to 38,33%).

Keywords: *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Enterococcus ssp.*, *Proteus ssp.*

Актуальность. Нозокомиальной, или внутрибольничной, инфекцией называется инфекционный процесс, возникший в результате обращения пациента с целью получения медицинской помощи в организациях здравоохранения и возникший не ранее 72 часов после попадания в лечебно-профилактическое учреждение. В настоящее время ведущими возбудителями нозокомиальных инфекций являются: вид *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa*, род *Enterococcus* и *Proteus* (далее – группа РЕКАР)[1].

На сегодняшний день внутрибольничные инфекции являются приоритетной проблемой здравоохранения, в связи с возрастанием резистентности данных возбудителей к существующей антибиотикотерапии. Для предотвращения ухудшения динамики устойчивости внутрибольничных штаммов к антибиотикотерапии и повышения эффективности лечебных мероприятий необходимо знать микробный пейзаж лечебного учреждения.

Цель: изучить этиологическую структуру возбудителей нозокомиальных пневмоний.

Материалы и методы. В ходе исследования был проведен ретроспективный анализ посевов мокроты пациентов, госпитализированных в отделения реанимации и интенсивной терапии многопрофильных стационаров г.Гомеля в 2017 - 2021 гг.

Чувствительность бактерий к антибиотикам определялась согласно рекомендациям EUCAST версии 2021г. (European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing Breakpoint tables for interpretation of MICs and zone diameters).

Статистическая обработка данных, полученных в данном исследовании, проводилась с использованием программного пакета STATISTICA 12.0.

За пятилетний период было проведено 4786 посевов мокроты с целью выявления возбудителя инфекционного процесса. Рост различной микрофлоры был получен в 2628 образцах (54,91%).

Наибольшее количество посевов из мокроты показали рост грибов рода *Candida* – 1104 штамма за пятилетний период.

Результаты и их обсуждение. В 2017 году было взято 508 проб мокроты, из них из 298 (58,66%) образцов был получен рост микрофлоры. В результате выполненных посевов рост грибов рода *Candida* был получен в 189 случаях (63,42%). Среди бактерий всего было выявлено 104 (34,9%) штамма группы РЕКАР. 60 штаммов (57,69%) относились к виду *Klebsiella pneumoniae*, 20 (19,23%) – к *Acinetobacter baumannii*, 14 (13,46%) – к *Pseudomonas aeruginosa*, 6 (5,77%) – к *Enterococcus ssp.*, 4 (3,85%) – к *Proteus ssp.*

За 2018 год выполнено 578 посевов мокроты с целью выявления возбудителя, 336 из которых (58,13%) показали положительный рост микрофлоры. Грибы рода *Candida* были выявлены в 142 случаев (42,26%), возбудители группы РЕКАР – в 151 случае (44,94% выявленных штаммов). *Klebsiella pneumoniae* была выявлена в 62 случаях (41,06%), *Acinetobacter baumannii* в 40 случаях (26,49%), *Pseudomonas aeruginosa* в 35 случаях (23,18%), *Proteus ssp.* в 8 случаях (5,30%), *Enterococcus ssp.* в 6 случаях (3,97%).

Общее количество проведенных посевов мокроты за 2019 год составило 939 единиц, из которых рост микрофлоры был выявлен в 490 образцах (52,18%). Грибы рода *Candida* в 2019 году были выявлены в 186 случаях (37,96%), рост бактерий группы РЕКАР – в 271 случае (55,31% выявленных штаммов). Штаммы вида *Klebsiella pneumoniae* за 2019 год в общей сумме при посеве были выявлены в 133 (49,08%) образцах мокроты, вида *Pseudomonas aeruginosa* – в 60 (22,14%) образцах мокроты, вида *Acinetobacter baumannii* в 50 (18,45%) образцах мокроты, *Proteus ssp.* – в 18 (6,64%) образцах мокроты, *Enterococcus ssp.* – в 10 (3,69%) образцах мокроты.

В 2020 году суммарно было проведено 1017 заборов и исследований мокроты, из которых 471 анализ (46,31%) дал положительный рост микрофлоры. Грибы рода *Candida* были высеяны из 191 образцов мокроты (40,55%), возбудители группы РЕКАР – в 188 исследованиях (39,91% выявленных штаммов). *Klebsiella pneumoniae* выявлена в 82 анализах мокроты (43,61%), *Acinetobacter baumannii* в 50 (26,60%), *Pseudomonas aeruginosa* в 25 (13,30%), *Enterococcus ssp.* в 16 (8,51%), *Proteus ssp.* в 15 (7,98%).

2021 год включил в себя 1743 посева мокроты, из которых 1033 показали положительный рост микрофлоры (59,27%). Грибы рода *Candida* в 2021 году были выявлены в 396 случаях (38,33%), бактерии группы РЕКАР – в 591 исследовании (57,21% выявленных штаммов). Наиболее часто за период 2017-2021 гг. в мокроте пациентов с пневмониями выделялись следующие микроорганизмы: *Klebsiella pneumoniae* – 246 (41,62%). 210 штаммов (35,53%) относились к виду *Acinetobacter baumannii*, 76 (12,86%) – к *Pseudomonas aeruginosa*, 45 (7,61%) – к *Proteus ssp.*, 14 (2,37%) – к *Enterococcus ssp.*

Выводы:

1. При изучении этиологической структуры нозокомиальных инфекций наиболее часто были выявлены: грибы рода *Candida* (42,01% штаммов), *Klebsiella pneumoniae* (43,80% штаммов), *Acinetobacter baumannii* (29,53% штаммов).

2. При сравнении 2017 и 2021 года увеличилось количество выявляемых штаммов группы РЕКАР на 22,31% (с 34,9% до 57,21%) и уменьшение количества выявления грибов рода *Candida* на 25,09% (с 63,42% до 38,33%). Количество обнаруженных штаммов рода *Proteus ssp.* возросло в 11,25 раз, штаммов *Acinetobacter baumannii* возросло в 10,5 раз, штаммов *Pseudomonas aeruginosa* – в 5,42 раз, штаммов *Klebsiella pneumoniae* – в 4,1 раз, рода *Enterococcus ssp.* – 2,33 раз.

3. Большое количество выявляемых штаммов возбудителей нозокомиальных инфекций, полученных в ходе исследования, указывают на обязательное дальнейшее проведение углубленного исследования антибиотикорезистентности исследуемых штаммов.

Литература

1. Соболев, М.М. Этиология нозокомиальных пневмоний и антибиотикорезистентность выделенных возбудителей в отделении реанимации и интенсивной терапии онкологического диспансера в 2017-2018 гг./ Соболев М.М., Бахир С.С., Свирепик М.А., Большедворская О.А. // Клиническая микробиология и антимикробная терапия – 2019. – . – Т. 21, С. 59-60.