

Буландо В.Д., Тонко О.В.

KLEBSIELLA PNEUMONIAE В ИНФЕКЦИОННОМ СТАЦИОНАРЕ

Научный руководитель: канд. мед. наук, доц. Тонко О.В.

*Кафедра клинической микробиологии, лабораторной диагностики и эпидемиологии
Белорусский государственный медицинский университет, г. Минск*

Актуальность. *Klebsiella pneumoniae* – вид грамотрицательных факультативно-анаэробных условно-патогенных бактерий, с которой в 2019 году ассоциировано более 500 000 смертельных исходов (Ikuta Kevin S., et al. The Lancet, 2022). *K. pneumoniae* – одна из основных причин инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи (ИСМП). В последние годы опубликованы вспышки, связанные с устойчивыми к распространенным антимикробным препаратам, штаммами клебсиелл в крупных многопрофильных стационарах. Многофакторность проблемы, связанной с антибиотикорезистентностью, определяет её приоритетность для систем здравоохранения всего мира.

Цель: провести ретроспективное исследование динамики изменения молекулярно-генетического пейзажа и устойчивости *K. pneumoniae* на современном этапе, в том числе в период пандемии коронавирусной инфекции (COVID-19), выделенных в отделениях реанимации и интенсивной терапии детского стационара.

Материалы и методы. Всего исследовано 72 неповторяющихся изолята *K. pneumoniae*, включая 25 изолятов за 2019 г., 10 изолятов за 2021 г., 26 изолятов за 2023 г. и 11 изолятов за 2024г., выделенных от пациентов в возраст 0-17 лет, госпитализированных в инфекционный стационар. Для определения генов резистентности использовались наборы реагентов для выявления генов приобретенных карбапенемаз групп KPC и OXA-48-подобных АмплиСенс® MDR KPC/OXA-48-FL, набор реагентов для выявления генов приобретенных карбапенемаз класса МБЛ групп VIM, IMP и NDM АмплиСенс® MDR MBL-FL и АмплиСенс® ESBL CTX-M-FL, позволяющий выявить гены бета-лактамаз расширенного спектра (ESBL) из кластера CTX-M. Обнаружение генов проводилось методом мультиплексной полимеразной цепной реакции в режиме реального времени (ПЦР-РВ).

Результаты и их обсуждение. Установлено, что наиболее распространенными были гены резистентности групп KPC и OXA-48-подобных. Так. В 2019 г. OXA-48-подобные гены составили 32%, в 2021 г. 60%, в 2023г. 42,3%, а в 2024г. - 63,6%. Гены группы KPC были обнаружены в 2023г. и 2024 г., и составили 42,3% и 81,8% соответственно. Также были обнаружены гены NDM (16% -2019г., 19,2%-2023г. и 36,4%-2024г.), VIM (10%-2021г., 3,8%-2023г., 27,3%-2024г.), БЛРС CTX-M (12%-2019г., 80%-2021г., 34,6%-2023г., 9,1%-2024г.) и IMP (9,1%-2024г.). Кроме того, изоляты с несколькими генами резистентности ежегодно имели тенденцию к увеличению и в 2019г. они составляли 8%, в 2021г. - 60%, в 2023г. - 26,9% и в 2024г. - 72,7%.

Выводы. Таким образом были выявлены изоляты, имеющие различные гены резистентности к наиболее важным в клинической практике антибиотикам, при этом произошло увеличение числа изолятов с множественными механизмами устойчивости к антибиотикам в период во время и после пандемии COVID-19, что может быть связано с нерациональным использованием антимикробных препаратов. Таким образом, проведение мониторинга циркулирующих в стационарах этиологических агентов, вызывающих ИСМП, с обязательным анализом в изменении их устойчивости и механизмов резистентности является необходимым не только в целях назначения своевременной адекватной антимикробной терапии, но и действенным инструментом инфекционного контроля в стационаре.