

ТОНКО О.В.¹, КОЛОМИЕЦ Н.Д.², ХАНЕНКО О.Н.², СОКОЛОВА М.В.¹,
БУЛАНДО В.Д.², ЗЕНЧЕНКО Л.В.¹, ЛАЗАРЕВ А.В.¹, ПОРГАНАЕВА В.В.¹,
СМАЛЬ А.П.¹, АВДЕВИЧ В.Г.¹

89. ДИНАМИКА ЧАСТОТЫ ВСТРЕЧАЕМОСТИ ГЕНОВ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ У ИЗОЛЯТОВ *ACINETOBACTER BAUMANNII* В ДЕТСКОМ ИНФЕКЦИОННОМ СТАЦИОНАРЕ

¹УЗ «Городская детская инфекционная клиническая больница», Минск,
Республика Беларусь

² Институт повышения квалификации и переподготовки кадров
здравоохранения УО «Белорусский государственный медицинский
университет», Минск, Республика Беларусь

Цель. Оценить динамику изменения генов резистентности у изолятов *A. baumannii*, выделенных в отделениях реанимации и интенсивной терапии детского инфекционного стационара, и механизмы устойчивости к антимикробным препаратам на современном этапе, в том числе в период до, во время и после пандемии COVID-19.

Материалы и методы. Всего исследовано 46 неповторяющихся изолятов *A. baumannii*, включая 8 изолятов за 2019 г., 9 изолятов за 2021 г., 16 изолятов за 2023 г. и 13 изолятов за 2024 г., выделенных от пациентов в возраст 0–17 лет, госпитализированных в инфекционный стационар. Для определения генов резистентности использовались наборы реагентов АмплиСенс® MDR A.b.-OXA-FL для выявления генов карбапенемаз и генов-маркеров *A. baumannii*, набор реагентов для выявления генов приобретенных карбапенемаз групп VIM, IMP и NDM «АмплиСенс® MDR MBL-FL» и «АмплиСенс® ESBL CTX-M-FL», позволяющий выявить гены бета-лактамаз расширенного спектра (БЛРС) из кластера CTX-M. Обнаружение генов проводилось методом мультиплексной ПЦР в режиме реального времени.

Результаты. Установлено, что наиболее распространенными были гены резистентности группы OXA-58-подобных, которые в 2019 г. составили 87,5%, в 2021 г. – 55,6%, в 2023 г. – 37,5% и 53,8% в 2024 г. Встречались также гены групп OXA-23-подобных (11,1% – 2021 г., 23,1% – 2024 г.) и OXA-40-подобных (25% – 2023 г., 23,1% – 2024 г.). В 2019 г. были выделены гены NDM и БЛРС CTX-M, которые составили 12,5% и 25% соответственно. В 2021 г. были обнаружены гены VIM и БЛРС CTX-M, которые составили 22,2% и 11,1% соответственно. В 2023 г. изоляты имели гены NDM, VIM и БЛРС CTX-M, которые составили 12,5%, 37,5% и 24% соответственно. В 2024 г. впервые за все периоды наблюдения были обнаружены гены IMP, которые составили 15,4%, также гены NDM, VIM и БЛРС CTX-M, которые составили 7,7%, 7,7% и 15,4% соответственно. Также были обнаружены изоляты с несколькими генами резистентности, частота которых имеет тенденцию к увеличению и составила 25% в 2019 г., 22,2% в 2021 г., 43,8% в 2023 г. и 46,2% в 2024 г. В 2024 г. был обнаружен изолят с генотипом VIM + OXA-40 + OXA-58 + БЛРС CTX-M, выделенный

из крови пациента с основным диагнозом «генерализованная менингококковая инфекция: менингококцемия, гнойный менингит, септический шок».

Выходы. Таким образом были выявлены изоляты, имеющие гены устойчивости к основным антибактериальным препаратам из группы бета-лактамов. Разнообразие генов и наличие у одного изолята нескольких вариантов увеличивается и достигло наибольшей частоты после пандемии COVID-19.

ТОПОЛЯНСКАЯ С.В.^{1,2}, САВОЧКИНА Ю.А.³, УСОВА Т.В.¹, РАЧИНА С.А.²,
БУРИЕВ И.М.¹, БУБМАН Л.И.¹, КАЗАНЦЕВ А.Д.², ГЛАДКИХ М.А.¹, ОЛЕЙНИК
О.Н.³, ДАНИЛОВ Д.И.³, КУКУШКИН И.А.¹, НЕЧАЕВ А.И.¹, КАРПОВ В.В.¹,
ЭМОМАДОВ А.М.¹, ФОМИНЫХ Е.М.¹, ХАН С.О.¹, МАРЧЕНКО И.П.¹,
ЛЫТКИНА К.А.¹, МЕЛКОНЯН Г.Г.¹

90. МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ ТКАНЕВЫХ БИОПТАТОВ У ПАЦИЕНТОВ С БОЕВЫМИ РАНАМИ: ПРЕДВАРИТЕЛЬНЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ

¹ ГБУЗ «Госпиталь для ветеранов войн №3 ДЗМ», Москва, Россия

² ФГАОУ ВО «Первый МГМУ им. И.М. Сеченова» Минздрава России,
Москва, Россия

³ ФГБУ «ЦСП» ФМБА России, Москва, Россия

Цель. Оценить структуру бактериальных возбудителей раневой инфекции у пациентов с боевыми ранениями конечностей с помощью молекулярно-генетических методов.

Материалы и методы. Молекулярно-генетическое исследование тканевых биоптатов боевых ран проводили методом ПЦР в реальном времени (ПЦР-РВ): количественно определяли содержание ДНК распространенных возбудителей раневой инфекции одновременно с детекцией генов карбапенемаз групп NDM, VIM, KPC и OXA-48, а также гена *mecA* у *Staphylococcus* spp. с помощью 5 мультиплексных ПЦР-РВ.

Результаты. В исследование включено 86 пациентов, перенесших ранение конечностей в сроки от 4 до 121 дней до поступления в стационар. По результатам ПЦР-РВ ДНК *Acinetobacter baumannii* в значимом количестве обнаружена у 27,9% пациентов, *Pseudomonas aeruginosa* – у 23,3%, *Enterococcus* spp. – у 22,1%, *Staphylococcus aureus* – у 18,6%, *Klebsiella pneumoniae* – у 16,3%, *Escherichia coli* – у 7,0%, *Enterobacterales* – у 31,4% пациентов. Значимое количество ДНК 1 микроорганизма в ранах было обнаружено у 30,2%, 2 и более возбудителей – у 47,7% раненых. У 22,1% пациентов определить значимое количество ДНК какого-либо из исследуемых микроорганизмов не удалось. Наиболее часто выявлялась коинфекция *K. pneumoniae* и *A. baumannii* (у 6 пациентов), *E. coli* в сочетании с *A. baumannii* и *Enterococcus* spp. (у 5 пациентов), *K. pneumoniae* и *P. aeruginosa* (у 4 пациентов). С помощью ПЦР-РВ гены карбапенемаз группы NDM (металло-бета-лактамазы, МБЛ) обнаружены в образцах 40,7% пациентов одно-