

валентной вакциной — 889 SFUs, тогда как в отрицательной контрольной группе — 9 SFUs ($p < 0,01$).

Культуральные среды, в которых росли спленоциты, были проанализированы с помощью сэндвич-ИФА на концентрацию цитокинов IFN- γ , IL-2, TNF- α , IL-4. Анализ показал значительно более высокую продукцию IFN- γ спленоцитами мышей, иммунизированных бивалентной мРНК-вакциной, умеренное повышение продукции IL-2 и TNF- α , а также отсутствие IL-4 в образцах.

Полученные данные говорят о формировании выраженного гуморального и Т-клеточного ответа и о Th1-смещении хелперного ответа, что является положительной характеристикой для вакцин против COVID-19.

Исследование выполнено в рамках государственного задания ФБУН ГНЦ ВБ Вектор» Роспотребнадзора.

Бохонов М.С.¹, Коклюшкина А.А.¹, Ситников И.Г.¹, Краснов В.В.²

РОЛЬ ГЕНА FTO В РАЗВИТИИ МЕТАБОЛИЧЕСКОГО СИНДРОМА ПРИ ХГС

¹Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ярославский государственный медицинский университет» Минздрава России, г. Ярославль, Россия

²Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Приволжский исследовательский медицинский университет» Минздрава России, г. Нижний Новгород, Россия

Несмотря на успехи современной противовирусной терапии и возможность достижения устойчивого вирусологического ответа у подавляющего большинства больных хроническим гепатитом С (ХГС) последствия длительного инфицирования HCV продолжают сказываться и после подавления репликации вируса. Научные исследования последнего десятилетия демонстрируют, что у больных ХГС распространены метаболические расстройства вследствие изменения липидного обмена, что может неблагоприятно отражаться на скорости прогрессирования HCV-инфекции. Изучение взаимосвязи генов с хроническим гепатитом С и метаболическим синдромом (МС) является актуальным. По данным исследования Э.С.Насибулиной (2012 г), установлено, что полиморфизм гена FTO способствовал развитию ожирения.

Цель исследования: изучение влияния мутации гена FTO A23525T на компоненты МС при HCV-инфекции.

Материалы и методы: в работе приняли участие 201 пациент (120 мужчин и 81 женщина) с установленным диагнозом ХГС (наличие спектра антител и РНК в сыворотке крови). Проведена ПЦР-детекция в режиме real time на гены МС: APOE, LPL, FTO на приборе «iCycler iQ5» BioRad (США)

Результаты: В основную группу вошли больные с ХГС и метаболическим синдромом в количестве 161 человека, а в группу сравнения - 40 больных ХГС без МС. Все участники исследования относились к европеоидной расе и проживали на территории Ярославской области. У больных основной группы достоверно чаще встречалась мутация гена FTO A23525T, чем в группе без МС ($p < 0,05$). С помощью дисперсионного анализа ANOVA получены достоверные различия при выделении варианта гена (FTO) как опреде-

ляющего фактора. Ген FTO A23525T влияет на биохимическую степень активности гепатита С, стадию фиброза печени (ФП) и наличие компонентов МС. При мутации в данном гене достоверно значимо возрастают показатели трансаминаз, дислипидемии, ФП (F3, F4), значения индекса массы тела и объема талии ($p < 0,05$). Также достоверно чаще определяется сахарный диабет 2 типа ($p < 0,05$). При определении взаимосвязей клинико-лабораторных данных использован коэффициент ранговой корреляции Спирмена. Отмечены сильные прямые корреляции между высокой степенью активности гепатита, стадиями фиброза печени F3-F4 и компонентами МС (увеличение ОТ, наличие АГ и СД 2 типа). У гена FTO A23525T в состоянии мутации регистрируется прямая положительная сильная связь с высокой степенью активности гепатита ($r = 0,33$) и фиброза F3- F4 ($r = 0,27$)

Заключение: У большинства пациентов при сочетании ХГС с МС определена мутация гена FTO A23525T. Результаты настоящего исследования показали влияние полиморфизма гена на скорость прогрессирования HCV-инфекции, степень биохимической активности гепатита и выраженность компонентов метаболического синдрома. Таким образом, сочетание ХГС с метаболическими расстройствами может существенно влиять на качество жизни пациента, что определяет необходимость в персонализированном подходе к терапии данной категории больных.

Буткевич В.В.¹, Бабенко А.С.² Жаворонок С.В.¹, Циунчик А.А.³, Филонюк В.А.⁴

ВЫЯВЛЕННЫЕ ГЕНЫ РЕЗИСТЕНТНОСТИ СРЕДИ КЛИНИЧЕСКИХ ИЗОЛЯТОВ K. PNEUMONIAE ВЫДЕЛЕННЫХ ОТ ПАЦИЕНТОВ В ПЕРИОД ПАНДЕМИИ COVID-19 ЗА 2019–2021 Г.

¹Белорусский государственный медицинский университет, Минск, Республика Беларусь

²Республиканский научно-практический центр «Кардиология», Минск, Республика Беларусь

³Минский городской центр гигиены и эпидемиологии, Минск, Республика Беларусь

⁴Министерство здравоохранения Республики Беларусь, Минск, Республика Беларусь

В настоящее время инфекции, связанные с оказанием медицинской помощи (ИСМП), вызываемые антибиотикорезистентными штаммами энтеробактерий и грамотрицательных неферментирующих бактерий, представляют серьезную угрозу для госпитализированных пациентов. Большинство грамотрицательных возбудителей ИСМП характеризуются множественной, экстремальной и даже полной устойчивостью к антибиотикам. Особую значимость имеет устойчивость грамотрицательных патогенов к карбапенемам, обусловленная продукцией приобретенных карбапенемаз. Сцепление генов карбапенемаз с другими детерминантами резистентности во многих случаях сопровождается развитием экстремальной антибиотикорезистентности. Это обстоятельство стимулирует поиск новых подходов к рациональному применению существующих и направленному поиску новых антибиотиков и генетических последовательностей.

Цель исследования — Выявить распространение генов резистентности к антибиотикам blaOXA, blaKPC, blaNDM, blaCTX-M и blaTEM среди клинических изолятов

K. pneumoniae выделенных в период пандемии COVID-19 с 2019 г. по 2021 г.

Материалы и методы. Было исследовано всего 56 не дублирующих друг друга клинических изолятов *K. pneumoniae* выделенных в ходе микробиологического мониторинга из биологического материала (мокроты и крови) из разных стационаров г. Минска. Детекцию генов blaOXA, blaKPC, blaNDM, blaCTX-M и blaTEM выполняли методом полимеразной цепной реакции в режиме реального времени (ПЦР-РВ).

Результаты и их обсуждение. Наиболее часто у исследованных штаммов *K. pneumoniae* встречались гены типа blaOXA – 26,7% и blaCTX-M – 32,5%. Это согласуется с другими литературными данными о распространенности лактамаз расширенного спектра (БЛРС, ESBL) и карбапенемаз для грамотрицательных бактерий, возможно это связано с плазмидной локализацией кодирующих их генов. Частота встречаемости других типов генов была TEM – 22,1%, NDM – 15,1% и KPC – 3,5%. Было установлено, что наиболее распространёнными генами в изолированном виде, чаще были blaOXA и blaCTX-M. Также, были установлены штаммы *K. pneumoniae* содержащие детерминанты резистентности двух и более типов рисунок 2, например 7 - OXA + CTX (2 гена), 7 - OXA + CTX + TEM (3 гена), 6 - OXA + CTX + TEM + NDM (4 гена) и 1 штамм содержал все 5 типов генов.

Выводы. В проведенном исследовании установлено, что чаще всего встречались гены типа CTX-M и OXA, эти 2 гена входили во все встречаемые комбинации генов в исследовании. Приобретенные карбапенемазы являются важными детерминантами антибиотикорезистентности многих грамотрицательных бактерий, включая энтеробактерии и другие грамотрицательные неферментирующие бактерии.

Волчев Е.Г.¹, Чеканова Т.А.², Карташов М.Ю.³,
Раков А.В.², Железнова А.С.³, Петремгвдливил К.²,
Свирин К.А.³, Кость М.И.¹, Сапожникова В.В.¹

НЕДООЦЕНЕННЫЙ РИСК ЗАРАЖЕНИЯ НАСЕЛЕНИЯ КАЛИНИНГРАДСКОЙ ОБЛАСТИ ПАТОГЕННЫМИ ДЛЯ ЧЕЛОВЕКА РИККЕТСИЯМИ ГРУППЫ КЛЕЩЕВОЙ ПЯТНИСТОЙ ЛИХОРАДКИ

¹ФГБОУ ВО Кировский ГМУ Минздрава России,
г. Киров, Россия

²ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора,
Москва, Россия

³ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» Роспотребнадзора,
р.п. Кольцово, Россия

Введение. В Российской Федерации роль риккетсиозов группы клещевой пятнистой лихорадки (КПЛ) в структуре заболеваемости инфекциями, переносимыми клещами, является недостаточно изученной. Выделяют эндемичные по риккетсиозам регионы, в основном, по сыпному клещевому тифу Северной Азии (сибирский клещевой тиф) и астраханской пятнистой лихорадке. Однако исследования зараженности клещей риккетсиями в разных субъектах РФ свидетельствуют о вероятной гиподиагностике риккетсиозов.

Цель работы: изучение встречаемости в иксодовофауне Калининградской области (К.обл.) риккетсий группы КПЛ и оценка недооцененного риска инфицирования ими населения самого западного субъекта РФ.

Материалы и методы: Иксодовые клещи видов *Ixodes ricinus* L. (*I.ric.*) и *Dermacentor reticulatus* Fabr. (*D.ret.*) были собраны в 15 муниципалитетах области с растительности методом «на флаг» в 2021–2023 гг. Генотипирование риккетсий проводили методом ПЦР с последующим секвенированием по Сэнгеру. Проанализировано 2173 особей иксодид (1205 *I.ric.*, 968 *D.ret.*). Количество пострадавших от присасывания клещей приведено по данным Роспотребнадзора.

Результаты и обсуждение: ДНК *Rickettsia helvetica* детектирована в 82 образцах *I.ric.* (6,8%, ДИ 95% 5,5–8,3) *Rickettsia raoultii* – в 179 особях *D.ret.* (18,5%, ДИ 95% 16,2–21,1). Оба эти вида риккетсий группы КПЛ патогенны для человека. Сочетанное резервирование риккетсий группы КПЛ и возбудителей иксодовых клещевых боррелиозов (ИКБ), гранулоцитарного анаплазмоза (ГАЧ), моноцитарного эрлихиоза человека (МЭЧ) суммарно детектировано в 22 пробах иксодид. Однако, в К.обл. анализ клещей и пострадавших от их присасывания лиц на наличие риккетсий группы КПЛ не проводится. При отрицательном результате анализа клещей на наличие в них возбудителей ИКБ, ГАЧ и МЭЧ профилактика с применением антибиотиков не предусмотрена. Между тем, в регионе от укусов клещей только в 2023 г. пострадало 6366 человек. Поэтому имеются основания полагать, что риск заражения риккетсиозами группы КПЛ в К.обл. на современном этапе является недооценённым. Необходимо учесть, что при обнаружении в снятых с населения клещах ДНК возбудителей ИКБ, ГАЧ, МЭЧ назначается профилактический курс антибиотиками тетрациклинового ряда, обладающими бактериостатическими свойствами и в отношении риккетсий, что, вероятно, способствует снижению количества больных клещевыми риккетсиозами. Следует отметить, что риккетсиозы, вызываемые обнаруженными в регионе двумя видами патогенов, протекают, как правило, без сыпи и доброкачественно. Однако у пациентов со сниженным иммунитетом и при сопутствующих заболеваниях риккетсиозы группы КПЛ могут протекать тяжело и приводить к осложнениям.

Выводы: необходимо внедрение в практическое здравоохранение Калининградской области методов лабораторной диагностики риккетсиозов группы КПЛ среди пострадавших от присасывания клещей лиц.

Воробьева Е.А., Тураева Н.В., Цвиркун О.В. ЗАБОЛЕВАЕМОСТЬ ЭПИДЕМИЧЕСКИМ ПАРОТИТОМ И УРОВЕНЬ ПРИВИТОСТИ В РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

ФБУН МНИИЭМ им Г.Н. Габричевского
Роспотребнадзора
Москва, Россия

Эпидемический паротит – вакциноуправляемая инфекция, при этом коэффициент воспроизводства инфекции (R_0) в 3 раза ниже, по сравнению с высоко контагиозной корью, что сказывается на проявлениях эпидемического процесса данной инфекции. В 2024 г. продолжился подъём заболеваемости эпидемическим паротитом, начавшийся в 2022 году, обусловленный накоплением восприимчивого контингента по ряду причин, в том числе и снижением привитости населения. Так, охват прививками вакцинацией детей в возрасте 1 года в 2023 г. снизился до 73,41%, ревакцинацией в 6 лет – до 71,27%. Всего зарегистрировано 2811 случаев заболевания эпидемическим паротитом в 2024 году, показатель заболеваемости составил

МИНИСТЕРСТВО ЗДРАВООХРАНЕНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
ПРАВИТЕЛЬСТВО САНКТ-ПЕТЕРБУРГА
ОТДЕЛЕНИЕ МЕДИЦИНСКИХ НАУК РАН
САНКТ-ПЕТЕРБУРГСКОЕ ОТДЕЛЕНИЕ РАН
КОМИТЕТ ПО ЗДРАВООХРАНЕНИЮ САНКТ-ПЕТЕРБУРГА
КОМИТЕТ ПО НАУКЕ И ВЫСШЕЙ ШКОЛЕ САНКТ-ПЕТЕРБУРГА
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ
«НИИ ГРИППА ИМ. А.А. СМОРОДИНЦЕВА» МИНЗДРАВА РОССИИ
МЕЖДУНАРОДНАЯ ОБЩЕСТВЕННАЯ ОРГАНИЗАЦИЯ
«ЕВРО-АЗИАТСКОЕ ОБЩЕСТВО ПО ИНФЕКЦИОННЫМ БОЛЕЗНЯМ»
ОБЩЕСТВО С ОГРАНИЧЕННОЙ ОТВЕТСТВЕННОСТЬЮ «МАЙС ПАРТНЕР»
ОБЩЕСТВО С ОГРАНИЧЕННОЙ ОТВЕТСТВЕННОСТЬЮ «МЕДИЦИНСКИЕ КОНФЕРЕНЦИИ»
АВТОНОМНАЯ НЕКОММЕРЧЕСКАЯ ОРГАНИЗАЦИЯ «МЕДФАРМРАЗВИТИЕ»

XI КОНГРЕСС

**Евро-Азиатского общества по инфекционным болезням,
посвященный 80-й годовщине
Победы в Великой Отечественной войне 1941–1945 гг.
18–20 мая 2025 года**

МАТЕРИАЛЫ



**Санкт-Петербург
2025**