
Тонко О.В.¹, Коломиец Н.Д.², Ханенко О.Н.², Буландо В.Д.², Романова О.Н.³, Соколова М.В.¹

¹ Городская детская инфекционная клиническая больница, Минск, Беларусь

² Институт повышения квалификации и переподготовки кадров здравоохранения Белорусского государственного медицинского университета, Минск, Беларусь

³ Белорусский государственный медицинский университет, Минск, Беларусь

Распространенность генов резистентности *Klebsiella pneumoniae*, выделенных в детском стационаре

Введение. *Klebsiella pneumoniae* – грамотрицательный условно-патогенный микроорганизм, являющийся одной из основных причин инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи (ИСМП). Согласно данным глобального исследования в 2019 году инфекции, вызванные *K. pneumoniae*, привели к более чем 500 000 летальных исходов. Особую тревогу вызывает рост антибиотикорезистентности, включая распространение карбапенемаз (КРС, ОХА-48, NDM) и бета-лактамаз расширенного спектра (БЛРС), что значительно ограничивает возможности терапии.

Цель. Оценить динамику молекулярно-генетических механизмов резистентности *K. pneumoniae*, выделенных в отделениях реанимации и интенсивной терапии детского стационара, в период 2019–2024 гг., включая влияние пандемии COVID-19.

Материалы и методы. Материал: 72 неповторяющихся изолята *K. pneumoniae*, выделенных у пациентов 0–17 лет в 2019 г. (n=25), 2021 г. (n=10), 2023 г. (n=26) и 2024 г. (n=11).

Методы: мультиплексная ПЦР-РВ с использованием коммерческих наборов: АмплиСенс®MDR КРС/ОХА-48-FL (гены КРС, ОХА-48-подобные), АмплиСенс®MDR MBL-FL (гены VIM, IMP, NDM), АмплиСенс®ESBL CTX-M-FL (гены CTX-M).

Результаты. Установлено наличие карбапенемаз:

- ОХА-48-подобные: 32% (2019), 60% (2021), 42,3% (2023), 63,6% (2024).
- КРС: выявлены только в 2023–2024 гг. (42,3% и 81,8% соответственно).
- NDM: 16% (2019), 19,2% (2023), 36,4% (2024).
- VIM: 10% (2021), 3,8% (2023), 27,3% (2024).
- IMP: обнаружен только в 2024 г. (9,1%).

А также β-лактамаз расширенного спектра CTX-M: 12% (2019), 80% (2021), 34,6% (2023), 9,1% (2024).

Частота изолятов с ≥ 2 генами резистентности в 2019 – 8%, в 2021 – 60%, в 2023 – 26,9%, в 2024 – 72,7%.

Таким образом, установлены: рост резистентности к карбапенемам – резкое увеличение КРС (до 81,8% в 2024 г.) и ОХА-48 (до 63,6%) свидетельствует о селективном давлении антибиотиков, особенно в период пандемии; эпидемиологические сдвиги – высокий уровень NDM и VIM в 2024 г. указывают на распространение металло- β -лактамаз; роль COVID-19 – пик полирезистентности в 2021 и 2024 гг. коррелирует с периодами интенсивной антимикробной терапии; клиническое значение – преобладание СТХ-М в 2021 г. (80%) требует пересмотра эмпирической антибиотикотерапии.

Заключение. Выявлен значительный рост полирезистентных штаммов *K. pneumoniae*, особенно после 2021 года, с доминированием генов КРС и ОХА-48. Пандемия COVID-19 негативно повлияла на распространение генетических механизмов устойчивости, включая распространение ранее редких генов (IMP). Внедрение молекулярного мониторинга резистентности и усиление инфекционного контроля с разработкой госпитальных алгоритмов антибиотикотерапии на основе локальных данных являются необходимыми мерами в рутинной практике стационаров Республики Беларусь.
