

## ХАРАКТЕРИСТИКА ГИПЕРВИРУЛЕНТНЫХ ШТАММОВ KLEBSIELLA PNEUMONIAE, ВЫДЕЛЕННЫХ В ДЕТСКОМ СТАЦИОНАРЕ

Бойцев А. Д., Войло М. С.

Научный руководитель: к.м.н., доцент Гладин Дмитрий Павлович  
Кафедра микробиологии, вирусологии и иммунологии  
Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет

**Контактная информация:** Бойцев Алексей Дмитриевич — студент 5 курса педиатрического факультета.  
E-mail: lesha6679@gmail.com

**Ключевые слова:** K.pneumoniae, гипервирулентный, антибиотикорезистентность.

**Актуальность исследования:** в 2017 году Всемирная Организация Здравоохранения отнесла K. pneumoniae к группе опасных «супербактерий» ESCAPE, как одну из наибольших угроз по формированию множественной антибиотикорезистентности [1]. В настоящее время K. pneumoniae разделяют на 2 патотипа: классический (сКр) и гипервирулентный (hvКр) [2]. Группа hvКр способна вызывать внебольничную инфекцию в форме первичных абсцессов печени и синдрома системной воспалительной реакции (ССВР) у ранее здоровых лиц, в связи с наличием высоковирулентных факторов (адгезины, капсульный антиген, липополисахарид), которые обеспечивают высокую степень защиты от бактерицидной активности сыворотки крови.

**Цель исследования:** анализ микробиологических характеристик штаммов hvКр и сКр, выделенных от пациентов реанимационного отделения детского многопрофильного стационара.

**Материалы и методы:** за период 2017-2020 года на базе клиники выделено 30 изолятов K. pneumoniae, послуживших причиной сепсиса или ССВР. Микроорганизмы идентифицированы на анализаторах «Vitek», чувствительность к антибактериальным препаратам (АБП) определялась диско-диффузионным методом на агаре Мюллера-Хинтона (EUCAST) к 7 стандартным АБП. Гипермукоидный фенотип установлен методом string-test [3]. Серорезистентность установлена путем определения количества колоний, выросших на среде, после смешивания микробной культуры с сывороткой здорового человека. Статистическая обработка данных выполнена в программе Statistica 10. Значимость показателей оценивалась критерием Стьюдента (критический уровень  $p=0,05$ ).

**Результаты:** одними из характерных признаков hvКр является гипермукоидный фенотип, в связи с этим за hvКр принимались штаммы, обладающие гипермукоидностью и высоким уровнем серорезистентности, остальные принимались за сКр. Среди 30 выделенных изолятов, гипермукоидным фенотипом обладали 8 штаммов (27%). Штаммы с гипермукоидным фенотипом (hvКр) обладали резистентностью к  $2,78 \pm 0,38$  АБП, а штаммы сКр к  $3,96 \pm 0,15$  АБП ( $p < 0,05$ ). 5 штаммов сКр обладали устойчивостью хотя бы к одному из карбапенемов (22,2%), среди hvКр устойчивость к одному из карбапенемов наблюдалась у 1 штамма (12,5%),  $p < 0,05$ . Резистентность к нескольким карбапенемам среди hvКр составила 0%, среди сКр — 4,5%,  $p > 0,05$ . Высокие уровни серорезистентности наблюдались у гипермукоидных штаммов ( $52,3\% \pm 4,5\%$ ) по отношению к немуккоидным ( $29,2\% \pm 2,7\%$ ),  $p < 0,05$ . Среди 8 пациентов, от которых выделены hvКр, летальный исход наступил в 25% случаев, а среди пациентов с сКр летальный исход наступил в 9,1% случаев,  $p < 0,05$ .

**Выводы:** все штаммы hvКр были полирезистентны, однако имели большую чувствительность к АБП в сравнении с сКр. Штаммы hvКр проявили высокий уровень серорезистентности, а также высокую вероятность летального исхода. Полученные результаты сходятся с современными литературными данными. Установление патотипа K. pneumoniae имеет большое клиническое значение, для прогнозирования исходов заболевания и подбора терапии.

### Литература

1. World Health Organization Global priority list of antibiotic-resistant bacteria to guide research, discovery, and development of new antibiotics [Электронный ресурс]. Режим доступа: <https://>

[www.who.int/ru/news/item/27-02-2017-who-publishes-list-of-bacteria-for-which-new-antibiotics-are-urgently-needed](http://www.who.int/ru/news/item/27-02-2017-who-publishes-list-of-bacteria-for-which-new-antibiotics-are-urgently-needed)

2. I. Lazareva, et al. The emergence of hypervirulent blaNDM-1-positive *Klebsiella pneumoniae* sequence type 395 in an oncology hospital. *Infection, Genetics and Evolution* 85 (2020) 1045227 [Электронный ресурс]. Режим доступа: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1567134820303580?via%3Dihub>
3. Bialek-Davenet S., Criscuolo A., Ailloud F. et al. Genomic definition of hypervirulent and multi-dug-resistant *Klebsiella pneumoniae* clonal groups. *Emerg. Infect. Dis.* 2014;