

РЕЗИСТОМ КАРБАПЕНМРЕЗИСТЕНТНЫХ ИЗОЛЯТОВ KLEBSIELLA PNEUMONIAE, ВЫДЕЛЕННЫХ У ПАЦИЕНТОВ С НОВОЙ КОРОНАВИРУСНОЙ ИНФЕКЦИЕЙ

© Гончарова Алина Рамилевна

Научный руководитель: д.м.н., профессор Краева Людмила Александровна, к.м.н., доцент Гладин Дмитрий Павлович

Лаборатория медицинской бактериологии

Кафедра микробиологии, вирусологии и иммунологии

Санкт-Петербургский НИИ эпидемиологии и микробиологии имени Пастера

Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет

Контактная информация: Гончарова Алина Рамилевна — студентка 6 курса лечебного факультета, лаборант-исследователь лаборатории медицинской бактериологии ФБУН НИИЭМ им. Пастера.

E-mail: ar.khairullina98@gmail.com

Ключевые слова: COVID-19, *Klebsiella pneumoniae*, меропенем, NGS.

Актуальность исследования: *Klebsiella pneumoniae* является наиболее опасным нозокомиальным патогеном, коинфицирующим пациентов с новой коронавирусной инфекцией (НКВИ) [1]. Распространение в популяции карбапенмрезистентных изолятов, в особенности, гипервирулентных, вызывает особую обеспокоенность [2]. По данным зарубежных исследователей, частота выделения клебсиелл у пациентов с затяжным течением НКВИ в некоторых странах достигает 80% [3, 4, 5, 6].

Цель исследования: охарактеризовать резистом штаммов *Klebsiella pneumoniae*, выделенных у пациентов с НКВИ.

Материалы и методы: в исследование включены 3 клинических изолята клебсиелл, выделенных в инфекционном стационаре г. Санкт-Петербург. Видовую идентификацию культур осуществляли с помощью MALDI-TOF MS (Bruker Daltonics, Германия). Чувствительность к карбапенемам определяли диско-диффузионным методом, интерпретировали в соответствии с EUCAST v.11.0. Минимальную подавляющую концентрацию (МПК) меропенема определяли с помощью Е-теста (BioMerieux, Франция). Генетическая характеристика штаммов получена в результате полногеномного секвенирования NGS с использованием секвенатора MiSeq (Illumina, США) и набора Nextera XT library preparation kit.

Результаты: установлена фенотипическая резистентность всех изолятов к меропенему (зона задержки роста 6 мм при нагрузке диска 10 мкг). МПК меропенема у штаммов 1 и 2 составила 8 µg/ml, у штамма 3 превысила 32 µg/ml. Согласно данным NGS, обработанным в пакете программ PubMLST определены 3 разных сквиенс-типа (ST) клебсиелл: ST147, ST15, ST395. Полученные резистомные профили включают в себя генетические детерминанты устойчивости к бета-лактамам (blaCTX-M-15, blaNDM-1, blaNDM-5, blaOXA-9, blaOXA-1, blaSHV-11, blaSHV-106, blaSHV-158, blaTEM-150, blaTEM-1), аминогликозидам (aadA1, aadA2, aph(3')-VI, aph(3'')-Ib, aph(6)-Id, armA, aac(3)-II), хинолонам (aac(6')-Ib-AKT, aac(6')-Ib-D181Y), хлорамфениколу (catA1), тетрациклину (tet(A)), сульфаниламидам (dfrA5, dfrA12, dfrA14, sul1, sul2), фосфомицину (fosA_gen, fosA6).

Выводы: данное исследование показало гетерогенность исследуемых штаммов. Было выявлено 3 различных сквиенс-типа, превалирования какого-либо сквиенс-типа не установлено. Во всех штаммах найдены гены, детерминирующие устойчивость ко всем основным группам антибактериальных препаратов, использующихся при лечении бактериальных осложнений НКВИ. Необходим тщательный молекулярно-эпидемиологический мониторинг за циркулирующей нозокомиальной патогенов в госпитальной среде, главным инструментом которого является NGS, позволяющее получить подробную генетическую характеристику наиболее опасных микроорганизмов.

Литература

1. Ahmed N, Khan M, Saleem W, Karobari MI, Mohamed RN, Heboyan A, Rabaa AA, Mutair AA, Alhumaid S, Alsadiq SA, Bueid AS, Santali EY, Alestad JH. Evaluation of Bi-Lateral Co-Infections

- and Antibiotic Resistance Rates among COVID-19 Patients. *Antibiotics* (Basel). 2022 Feb 19;11(2):276. doi: 10.3390/antibiotics11020276. PMID: 35203877; PMCID: PMC8868529.
2. Lorenzin G, Gona F, Battaglia S, Spitaleri A, Saluzzo F, Trovato A, di Marco F, Cichero P, Biancardi A, Nizzero P, Castiglione B, Scarpellini P, Moro M, Cirillo DM. Detection of NDM-1/5 and OXA-48 co-producing extensively drug-resistant hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* in Northern Italy. *J Glob Antimicrob Resist*. 2022 Jan 10;28:146–150. doi: 10.1016/j.jgar.2022.01.001. Epub ahead of print. PMID: 35017071.
 3. Falcone M, Tiseo G, Arcari G, Leonildi A, Giordano C, Tempini S, Bibbolino G, Mozzo R, Barnini S, Carattoli A, Menichetti F. Spread of hypervirulent multidrug-resistant ST147 *Klebsiella pneumoniae* in patients with severe COVID-19: an observational study from Italy, 2020–21. *J Antimicrob Chemother*. 2022 Jan 18;dkab495. doi: 10.1093/jac/dkab495. Epub ahead of print. PMID: 35040981.
 4. Истомина, Ф. Ю. Особенности течения новой коронавирусной инфекции SARS COV 2 у новорожденных детей / Ф. Ю. Истомина // *Forcipe*. — 2021. — Т. 4. — № S1. — С. 348. — EDN XUARCY.
 5. Моргунов, В. С. Феномен азуи на примере новой коронавирусной инфекции / В. С. Моргунов, У. Б. Федотова // *Forcipe*. — 2021. — Т. 4. — № S1. — С. 545. — EDN MZVYBQ.
 6. Хайруллина, А. Р. Антибиотикорезистентность *Klebsiella pneumoniae*, выделенных у больных с новой коронавирусной инфекцией / А. Р. Хайруллина // *Forcipe*. — 2021. — Т. 4. — № S1. — С. 556–557. — EDN LTCHFC.