

УДК 614.2

DOI: 10.56871/MHCO.2025.75.15.006

Организация системы микробиологического мониторинга и антимикробной резистентности в многопрофильном стационаре

© Ольга Васильевна Мироненко^{1, 2}, Анна Александровна Тованова¹,
Елена Аркадьевна Петрова⁵, Михаил Игоревич Подборонов³,
Игорь Юрьевич Коваленко⁴, Даниил Евгеньевич Мурашев¹

¹ Северо-Западный государственный медицинский университет им. И.И. Мечникова. 191015, г. Санкт-Петербург, ул. Кирочная, д. 41, Российская Федерация

² Санкт-Петербургский государственный университет. 199034, г. Санкт-Петербург, Университетская наб., д. 7–9, Российская Федерация

³ Клиника «Мой медицинский центр». 194044, г. Санкт-Петербург, Финляндский пр., д. 4А, Российская Федерация

⁴ Стоматологическая поликлиника № 32. 195426, г. Санкт-Петербург, пр. Наставников, д. 22А, Российская Федерация

⁵ Городская больница № 26. 196247, г. Санкт-Петербург, ул. Костюшко, д. 2, Российская Федерация

Контактная информация: Анна Александровна Тованова — к.м.н., ассистент кафедры коммунальной гигиены.
E-mail: ann.tovan@bk.ru ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4137-8259> SPIN: 7687-4489

Для цитирования: Мироненко О.В., Тованова А.А., Петрова Е.А., Подборонов М.И., Коваленко И.Ю., Мурашев Д.Е. Организация системы микробиологического мониторинга и антимикробной резистентности в многопрофильном стационаре. Медицина и организация здравоохранения. 2025;10(1):55–63. DOI: <https://doi.org/10.56871/MHCO.2025.75.15.006>

Поступила: 15.01.2025

Одобрена: 05.02.2025

Принята к печати: 28.03.2025

РЕЗЮМЕ. Инфекции, связанные с оказанием медицинской помощи (ИСМП), являются одной из актуальных проблем, с которой сталкивается современная медицина. Одним из элементов организации контроля за ИСМП в стационаре является микробиологический мониторинг и оценка антимикробной резистентности штаммов, выделенных от пациентов. Особую озабоченность вызывает широкое распространение штаммов *Klebsiella pneumoniae*. Данные штаммы часто вызывают инфекционные заболевания мочевыводящих путей, пневмонию и обладают множественной устойчивостью к антибактериальным препаратам. В этой связи целью исследования является проведение оценки организации системы микробиологического мониторинга для совершенствования внутренней системы эпидемиологической безопасности и контроля за ИСМП в стационарах. В статье проведен ретроспективный анализ результатов микробиологического мониторинга двух стационаров города Санкт-Петербурга, выполненный в период с мая по октябрь 2024 года. Результаты исследования подтверждают высокую эпидемиологическую значимость группы ESCAPE-патогенов, в частности *Klebsiella pneumoniae*, и демонстрируют их выраженную устойчивость к антибиотикам по сравнению с другими актуальными штаммами. Обоснована необходимость регулярного микробиологического мониторинга для своевременной коррекции протоколов эмпирической терапии, раннего назначения рациональной антибиотикотерапии и предотвращения распространения антибиотикорезистентных штаммов в медицинских учреждениях.

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА: инфекции, связанные с оказанием медицинской помощи (ИСМП), микробиологический мониторинг, штамм, *Klebsiella pneumoniae*, бета-лактамазы, антибиотикорезистентность, эмпирическая и рациональная антибиотикотерапия, цифровые технологии

DOI: 10.56871/MHCO.2025.75.15.006

Organization of a system for microbiological monitoring and antimicrobial resistance in a multidisciplinary hospital

© Olga V. Mironenko^{1, 2}, Anna A. Tovanova¹, Elena A. Petrova⁵, Mikhail I. Podboronov³, Igor Yu. Kovalenko⁴, Daniil E. Murashev¹

¹ North-Western State Medical University named after I.I. Mechnikov. 41 Kirochnaya str., Saint Petersburg 191015 Russian Federation

² Saint Petersburg State University. 7–9 Universitetskaya emb., Saint Petersburg 199034 Russian Federation

³ Clinic “My Medical Center”. 4A Finland ave., Saint Petersburg 194044 Russian Federation

⁴ Dental Polyclinic No. 32. 22A Nastavnikov ave., Saint Petersburg 195426 Russian Federation

⁵ City Hospital No. 26. 2 Kostyushko str., Saint Petersburg 196247 Russian Federation

Contact information: Anna A. Tovanova — Candidate of Medical Sciences, Assistant of the Department of Communal Hygiene. E-mail: ann.tovan@bk.ru ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4137-8259> SPIN: 7687-4489

For citation: Mironenko OV, Tovanova AA, Petrova EA, Podboronov MI, Kovalenko IYu, Murashev DE. Organization of a system for microbiological monitoring and antimicrobial resistance in a multidisciplinary hospital. *Medicine and Health Care Organization*. 2025;10(1):55–63. (In Russian). DOI: <https://doi.org/10.56871/MHCO.2025.75.15.006>

Received: 15.01.2025

Revised: 05.02.2025

Accepted: 28.03.2025

ABSTRACT. Healthcare-associated infections (HAI) are one of the most pressing problems facing modern medicine. One of the elements of organization of control of HAI in hospital is microbiological monitoring and assessment of antimicrobial resistance of strains isolated from patients. Of particular concern is the high prevalence of *Klebsiella pneumoniae* strains. These strains frequently cause urinary tract infections, pneumonia and have multiple resistance to antibacterial drugs. In this regard, the aim of the study is to evaluate the organization of the microbiological monitoring system to improve the internal system of epidemiological safety and control of UTIs in hospitals. In this article, a retrospective analysis of the results of microbiological monitoring of two hospitals in the city of St. Petersburg, carried out in the period from May to October 2024, is carried out. The results of the study confirm the high epidemiologic significance of the group of ESCAPE-pathogens, in particular *Klebsiella pneumoniae*, and demonstrate their pronounced resistance to antibiotics compared to other relevant strains. The necessity of regular microbiological monitoring for timely correction of empirical therapy protocols, early prescription of rational antibiotic therapy and prevention of the spread of antibiotic-resistant strains in medical institutions was substantiated.

KEYWORDS: healthcare-associated infections (HAI), microbiologic monitoring, strain, *Klebsiella pneumoniae*, beta-lactamases, antibiotic resistance, empirical and rational antibiotic therapy, digital technologies

ВВЕДЕНИЕ

В организации внутреннего контроля за инфекциями, связанными с оказанием медицинской помощи (ИСМП), ключевую роль занимает проведение микробиологического мониторинга, что позволяет давать характеристику этиологической структуры ИСМП [1–3]. По данным микробиологического мониторинга, основным возбудителем ИСМП является *Klebsiella pneumoniae*. Резистентные штаммы этого вида активно распространились в стационарах Санкт-Петербурга в постковидный период [4]. Инфекции, вызванные штаммами *Klebsiella pneumoniae*, часто приводят к смерти пациентов, особенно с ослабленным иммунитетом, а именно среди онкологических пациентов, с заболеваниями эндокринной системы, пациентов, находящихся в отделении реанимации и интенсивной терапии и после недавно перенесенных хирургических вмешательств. Клинические проявления инфекций, обусловленных *Klebsiella pneumoniae*, крайне разнообразны и могут варьировать от легких инфекций мочевыводящих путей до тяжелых, таких как пневмония и сепсис [1, 5].

Особое беспокойство вызывают штаммы *Klebsiella pneumoniae*, продуцирующие ферменты устойчивости к антибактериальным препаратам, такие как карбапенемазы, в частности NDM (New Delhi Metallo-beta-lactamase), обуславливающие высокий уровень резистентности данного микроорганизма к антибиотикам [6, 7].

Штаммы *Klebsiella pneumoniae*, содержащие ген NDM, были впервые идентифицированы в 2008 году в Индии [8]. С тех пор наблюдается их глобальное распространение, что привело к значительным изменениям в эпидемиологической ситуации и увеличению частоты инфекций, вызванных данными штаммами.

Основные факторы риска, способствующие распространению этих штаммов, связаны с повышением числа инвазивных вмешательств, использованием антибиотиков широкого спектра, несовершенными методами контроля за инфекциями, связанными с оказанием медицинской помощи. Ограничение распространения штаммов *Klebsiella pneumoniae*, нерезистентных к антимикробным препаратам, в медицинских учреждениях с помощью соблюдения противоэпидемических мероприятий является важным звеном в борьбе с ИСМП.

ЦЕЛЬ ИССЛЕДОВАНИЯ

Провести оценку организации системы микробиологического мониторинга для совершенствования внутренней системы эпидемиологической безопасности и контроля за ИСМП.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЯ

На первом этапе исследования был выполнен ретроспективный анализ результатов микробиологического мониторинга многопрофильного стационара г. Санкт-Петербурга на 1000 коек, работающего по ОМС. Период проведения исследования — с мая по октябрь 2024 года, в течение которого было проанализировано 4760 штаммов, выделенных от пациентов (стационар № 1). Далее был выполнен анализ данных микробиологического мониторинга нового многопрофильного стационара, обслуживающего население г. Санкт-Петербурга и Ленинградской области по ОМС, ДМС и за наличный расчет, число коек составило 230, было выделено 465 изолятов (стационар № 2). Обработка полученных данных осуществлялась при помощи компьютерной аналитической программы WHONET и онлайн-платформы AMRCloud. Статистическая обработка результатов исследования проводилась с использованием методов параметрического и непараметрического анализа. Достоверность результатов исследования обеспечивалась репрезентативностью выборки и достаточным объемом эмпирических данных. Доказательный уровень принят как $p > 0,05$. Для анализа достоверности различий в распределении частот выделения штаммов *Klebsiella pneumoniae* между стационарами были выделены виды лидирующих возбудителей в этиологической структуре стационаров № 1 и № 2. Анализ различий в уровнях резистентности *Klebsiella pneumoniae* к антимикробным препаратам проводился при помощи расчета медианного метода.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

В рамках микробиологического мониторинга в рассматриваемых медицинских учреждениях были использованы результаты бактериологических исследований 5225 образцов биологического материала пациентов: 4760 из стационара № 1 и 465 из стационара № 2. В этиологической структуре стационара № 1 ведущими патогенами являются следующие микроорганизмы (рис. 1): *Klebsiella pneumoniae* — 27,52% ($n=1310$), *Escherichia coli* — 19,79% ($n=942$),

Staphylococcus epidermidis — 10,09% (n=480), *Staphylococcus aureus* — 8,89% (n=420), *Acinetobacter baumannii* — 7,35% (n=350). Всего выделено 18 микроорганизмов.

В этиологической структуре стационара № 2 выделен 71 вид микроорганизмов (рис. 2), среди которых следующие: *Escherichia coli* —

22,63% (n=105), *Klebsiella pneumoniae* — 11,21% (n=52), *Staphylococcus aureus* — 10,78% (n=50), *Enterococcus faecalis* — 7,76% (n=36), *Candida albicans* — 5,60% (n=26).

Количество выделенных видов микроорганизмов в стационаре № 1 статистически значительно ниже, чем в стационаре № 2 ($p < 0,05$). Эти

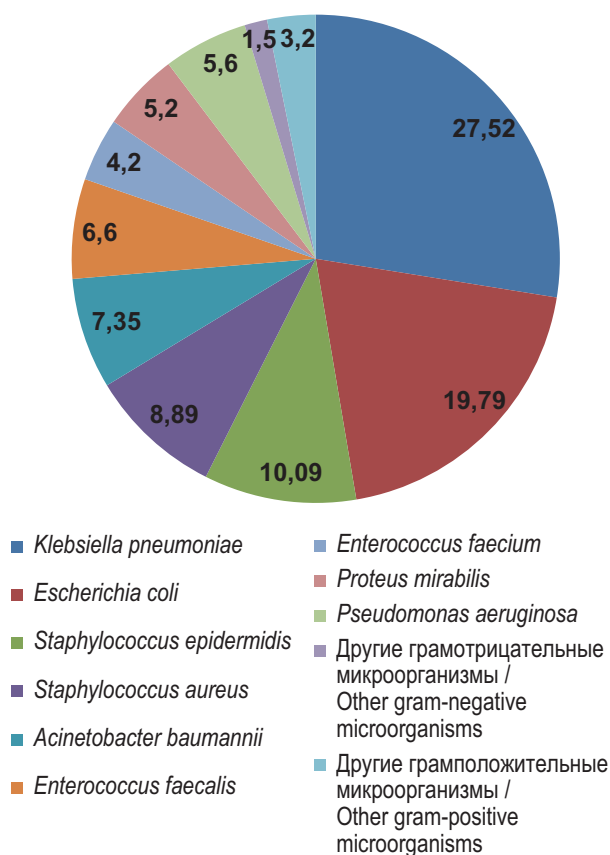


Рис. 1. Этиологическая структура изолятов в стационаре № 1
Fig. 1. Etiological structure of isolates in hospital No. 1

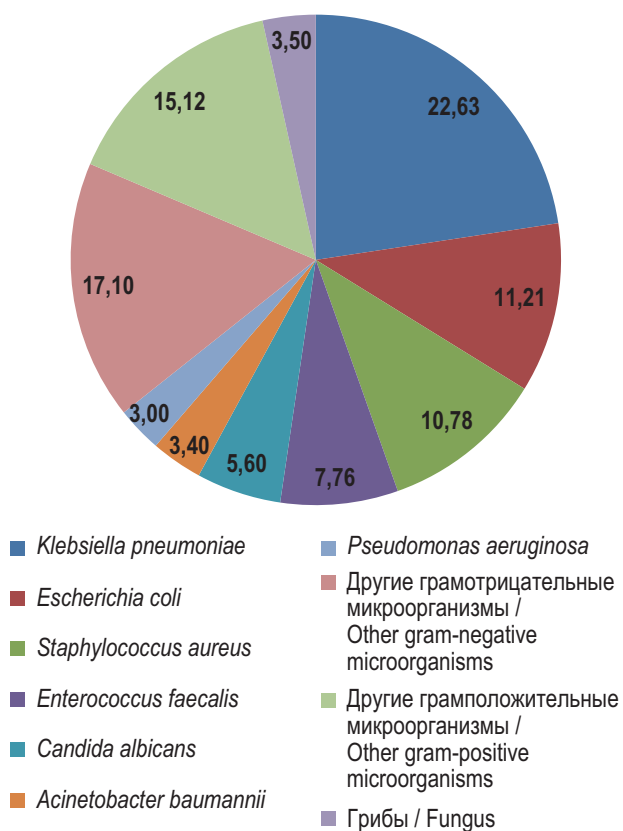


Рис. 2. Этиологическая структура изолятов в стационаре № 2
Fig. 2. Etiological structure of isolates in hospital No. 2

Таблица 1

Распределение изолятов в зависимости от локализации инфекции

Table 1

Distribution of isolates depending on the location of infection

№	Стационар № 1 / Hospital No. 1		Стационар № 2 / Hospital No. 2	
	Биологический субстрат / Biological substrate	Процент / Абсолютное количество / Percentage / Absolute count	Биологический субстрат / Biological substrate	Процент / Абсолютное количество / Percentage / Absolute count
1	Моча / Urine	38,8 / 1858	Моча / Urine	29,7 / 138
2	Мокрота / Sputum	26,9 / 1289	Мокрота / Sputum	12,7 / 59
3	Рана / Wound	17,2 / 824	Кровь / Blood	6,9 / 32
4	Кровь / Blood	7,5 / 362	Бронхоальвеолярный лаваж / Bronchoalveolar lavage	5,6 / 29
5	Прочее / Other	9,6 / 427	Прочее / Other	45,1 / 206

различия объясняются тем, что в стационаре № 2 применяются более современные методы лабораторной диагностики, а также оказывается медицинская помощь пациентам, нуждающимся в углубленном обследовании и лечении.

Несмотря на различия в видовом составе изолятов в рассматриваемых нами стационарах, ведущее место в этиологической структуре ИСМП занимают микроорганизмы группы ESCAPE-патогенов, в состав которой входят микроорганизмы с высокой резистентностью к антибиотикам — *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* и *Enterobacter* spp.

Именно эти микроорганизмы чаще всего становятся возбудителями ИСМП [9]. Одна из лидирующих позиций принадлежит *Klebsiella pneumoniae*.

В процессе анализа микробиологических данных клинически значимых локусов, полученных от пациентов стационара № 1, установлено, что максимальная частота выделения микроорганизмов из биологического материала приходится на: мочу (38,8%), мокроту (26,9%), раны (17,2%), кровь (7,5%). В стационаре № 2 значимым биологическим субстратом также являлись моча (29,7%), мокрота (12,7%), кровь (6,9%), бронхоальвеолярный лаваж (5,6%) (табл. 1).

В процессе осуществления эпидемического надзора важным составляющим является выявление групп риска. При анализе данных основная масса выделенных изолятов в стационаре № 1 приходится на следующие отделения: реанимация (24,8%), нейрореанимация (13,1%), неврология (8,7%), гепатохирургия 5,5%, урология (5,2%). В стационаре № 2 такими отделениями являлись: терапия (22,2%), реанимация (18,9%), хирургия (18,9%), урология (14,4%) и центр профильной медицины (11,8%) (табл. 2).

Полученные данные показывают необходимость учета специфики отделения при организации мероприятий по профилактике инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи.

Особую озабоченность вызывает выявление и распространение штаммов *K. pneumoniae*, продуцирующих бета-лактамазы, в связи с тяжелым состоянием пациентов и трудностью подбора антибактериальных препаратов для их лечения [3, 5, 6]. Анализ данных показал, что в стационаре № 1 доля штаммов *K. pneumoniae*, продуцирующих бета-лактамазы, среди всех выделенных изолятов *K. pneumoniae* составила 6,2% (82 изолята). Основным биологическим субстратом, из которого были получены штаммы *K. pneumoniae*, продуцирующие бета-лактамазы, является моча (рис. 3).

В стационаре № 2 доля штаммов *K. pneumoniae* среди всех выделенных изолятов *K. pneumoniae* составила 38,4% (20 изолятов). Основная масса микроорганизмов была выделена из мочи (рис. 4).

На следующем этапе был проведен анализ антибиотикорезистентности выделенных штаммов *Klebsiella pneumoniae* к различным классам антимикробных препаратов с использованием онлайн-платформы AMRcloud.

Таблица 2

Распределение выделенных изолятов по основным отделениям стационаров

Table 2

Distribution of isolated isolates by main hospital departments

№	Стационар № 1 / Hospital No. 1		Стационар № 2 / Hospital No. 2	
	Отделение / Department	Процент / Абсолютное количество / Percentage / Absolute count	Отделение / Department	Процент / Абсолютное количество / Percentage / Absolute count
1	Реанимация / Resuscitation	24,8 / 1190	Терапия / Therapy	22,2 / 103
2	Нейрореанимация / Neuroreanimation	13,1 / 627	Реанимация / Resuscitation	18,9 / 88
3	Неврология / Neurology	8,7 / 419	Хирургия / Surgery	18,9 / 88
4	Гепатохирургия / Hepatobiliary surgery	5,3 / 256	Урология / Urology	14,4 / 67
5	Урология / Urology	5,2 / 251	Центр профильной медицины / Center for Specialized Medicine	11,8 / 55
6	Прочее / Other	42,9 / 2017	Прочее / Other	13,8 / 64

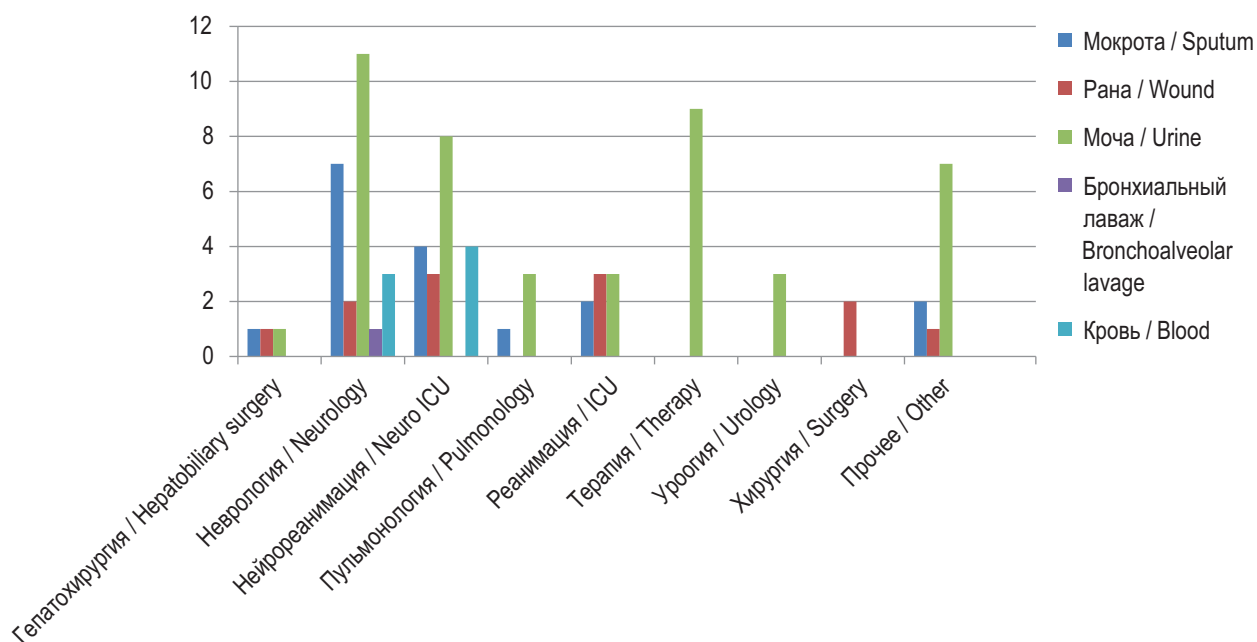


Рис. 3. Распределение штаммов *K. pneumoniae* по отделениям и биологическому субстрату в стационаре № 1

Fig. 3. Distribution of *K. pneumoniae* strains by departments and biological substrate in hospital No. 1

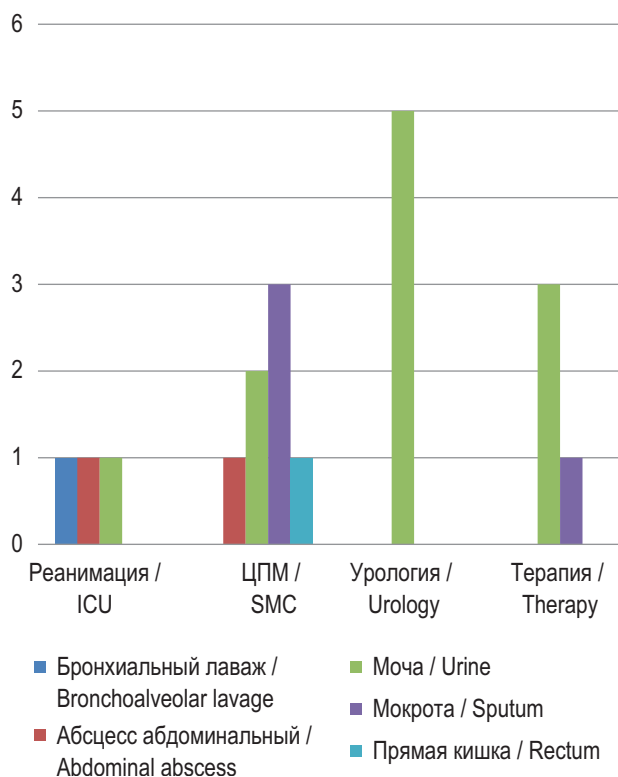


Рис. 4. Распределение штаммов *K. pneumoniae* по отделениям и биологическому субстрату в стационаре № 2

Fig. 4. Distribution of *K. pneumoniae* strains by departments and biological substrate in hospital No. 2

Также был проведен сравнительный анализ чувствительности к тем же классам антибиотиков штаммов *Klebsiella pneumoniae*, продуцирующих бета-лактамазы. При оценке чувствительности по результатам лабораторных исследований выявлено, что штаммы, продуцирующие бета-лактамазы, проявляют большую резистентность к антимикробным препаратам (табл. 3, 4).

Для анализа различий резистентности *Klebsiella pneumoniae* к антимикробным препаратам в двух стационарах был проведен расчет медианы.

Стационар № 1: Упорядочим данные: 56, 59,7, 83, 84, 85, 85.

$$\text{Медиана} = \frac{83 + 84}{2} = 83,5.$$

Стационар № 2: Упорядочим данные: 40, 56,8, 68,7, 69,4, 71,7, 71,7.

$$\text{Медиана} = \frac{68,7 + 69,4}{2} = 69,05.$$

Медиана резистентности *K. pneumoniae* к антимикробным препаратам в стационаре № 1 выше (83,5%) по сравнению с медианой в стационаре № 2 (69,05%).

Штаммы *Klebsiella pneumoniae*, продуцирующие бета-лактамазы, широко распространены

Таблица 3

Чувствительность *K. pneumoniae* к антибактериальным препаратам в стационаре № 1

Table 3

Sensitivity of *K. pneumoniae* to antibacterial drugs in hospital No. 1

Антибиотик / Antibiotic	Доля резистентных штаммов / Proportion of resistant strains (n=1310), %	Доля резистентных штаммов, продуцирующих бета-лактамазы / Proportion of resistant strains producing beta-lactamases (n=82), %
Амикацин / Amikacin	59,7	30,4
Меропенем / Meropenem	56,0	0,0
Цефтазидим / Ceftazidime	85,0	96,3
Цефепим / Cefepime	84,0	97,5
Цефотаксим / Cefotaxime	85,0	100,0
Ципрофлоксацин / Ciprofloxacin	83,0	84,1

Таблица 4

Чувствительность *K. pneumoniae* к антибактериальным препаратам в стационаре № 2

Table 4

Sensitivity of *K. pneumoniae* to antibacterial drugs in hospital No. 2

Антибиотик / Antibiotic	Доля резистентных штаммов / Proportion of resistant strains (n=52), %	Доля резистентных штаммов, продуцирующих бета-лактамазы / Proportion of resistant strains producing beta-lactamases (n=20), %
Амикацин / Amikacin	40,0	66,6
Меропенем / Meropenem	56,8	100,0
Цефтазидим / Ceftazidime	71,7	100,0
Цефепим / Cefepime	68,7	100,0
Цефотаксим / Cefotaxime	69,4	100,0
Ципрофлоксацин / Ciprofloxacin	71,7	100,0

и могут обнаруживаться в различных условиях и локализациях в организме человека (например, в дыхательной системе (развитие пневмонии, особенно у иммунокомпрометированных пациентов), мочеполовой системе, кровяном русле) и окружающей среде [1, 5].

Летальность, связанная с инфекциями, вызванными *Klebsiella pneumoniae*, продуцирующими NDM, варьирует в зависимости от ряда факторов, включая степень тяжести заболевания, общее состояние пациента, наличие сопутствующих заболеваний и эффективность лечения [1, 2, 10]. Среди тяжелобольных пациентов, находящихся в реанимационных отделениях или с ослабленным иммунитетом, летальность достигает 50%. У пациентов с сепсисом, вызванным штаммами, продуцирующими NDM, летальные исходы наблюдаются в 40–60% случаев [11]. Аналогичная ситуация наблюдается и при пневмонии, особенно у пациентов с хроническими заболеваниями легких. Однако летальность существенно варьирует в зависимости от региона: в странах с высоким уровнем антибиотикорези-

стентности и недостаточными мерами контроля показатели ИСМП выше, чем в странах с более развитыми системами здравоохранения.

Диагностика инфекций, вызванных *Klebsiella pneumoniae*, продуцирующими NDM, сопряжена с отдельными проблемами. Стандартные методы идентификации могут не обнаруживать штаммы с высокими уровнями резистентности. И поэтому требуется применение молекулярных методов, таких как ПЦР, для быстрого идентифицирования резистентных бактерий, это будет являться вторым этапом нашего исследования [11].

ВЫВОДЫ

Проблема антибиотикорезистентности в настоящее время является особенно актуальной для современного здравоохранения. Важной проблемой в стационарах является нарастающая резистентность штаммов *Klebsiella pneumoniae*. Одним из основных инструментов по контролю антибиотикорезистентности является постоянно

проводимый микробиологический мониторинг в лечебном учреждении, поскольку микробный пейзаж каждого учреждения, в зависимости от его профиля и особенностей поступающих пациентов, приобретает свою «уникальность».

Но, несмотря на это, имеются и общие закономерности. Данные микробиологического мониторинга свидетельствуют о преобладании в этиологической структуре двух стационаров микроорганизмов из группы ESCAPE-патогенов, одна из лидирующих позиций принадлежит *Klebsiella pneumoniae* (в стационаре № 1 — 27,52%, в стационаре № 2 — 11,21%). Приоритетными отделениями, где был получен биологический материал для нашего анализа, были отделения реанимации, хирургии, терапии, урологии, что связано с тем, что на данные отделения поступают самые тяжелые коморбидные пациенты, со сниженным иммунитетом. Основным исследуемым биологическим материалом являлись моча, мокрота, рана, кровь — очевидно, что с данными локациями чаще связаны инвазивные вмешательства, что увеличивает риск развития ИСМП, что подтверждает литературные данные о наиболее частой локализации патогена [1, 12, 13].

Результаты проведенного исследования свидетельствуют, что при сравнении двух медицинских учреждений в стационаре № 1 доля резистентных к различным антибактериальным препаратам штаммов *K. pneumoniae* статистически значимо выше, чем в стационаре № 2. Выявленные различия могут быть объяснены тем фактом, что стационар № 1 функционирует уже более 50 лет, мощность его значительно превышает недавно введенный в эксплуатацию стационар № 2, что привело, возможно, к формированию госпитальных штаммов и обуславливает многообразие хирургической патологии. На различия также влияют более продолжительные сроки пребывания и тяжесть состояния госпитализированных пациентов стационара № 1 в сравнении со стационаром № 2.

Анализ результатов по данным лабораторных исследований резистентности к антибактериальным препаратам показал, что в течение изучаемого периода были выделены штаммы *K. pneumoniae*, продуцирующие бета-лактамазы, характеризующиеся в большинстве случаев большей устойчивостью к антимикробным препаратам по сравнению с *K. pneumoniae* без продукции ферментов резистентности.

Регулярно проводимый микробиологический мониторинг позволяет выявить изменения структуры микроорганизмов и вовремя заподозрить предвестники неблагоприятной эпидемиологиче-

ской ситуации. Проводимый анализ резистентности возбудителей к антимикробным препаратам необходим для своевременной корректировки эмпирической антибиотикотерапии и контроля распространения этих микроорганизмов в медицинских учреждениях. Такая работа связана с необходимостью быстрого анализа большого массива данных, что требует разработки абсолютно новых систем цифровых технологий для внедрения их в медицинские информационные системы (МИС) и лабораторные информационные системы (ЛИС) стационаров.

ДОПОЛНИТЕЛЬНАЯ ИНФОРМАЦИЯ

Вклад авторов. Все авторы внесли существенный вклад в разработку концепции, проведение исследования и подготовку статьи, прочли и одобрили финальную версию перед публикацией.

Конфликт интересов. Авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов, связанных с публикацией настоящей статьи.

Источник финансирования. Авторы заявляют об отсутствии внешнего финансирования при проведении исследования.

ADDITIONAL INFORMATION

Author contribution. Thereby, all authors made a substantial contribution to the conception of the study, acquisition, analysis, interpretation of data for the work, drafting and revising the article, final approval of the version to be published and agree to be accountable for all aspects of the study.

Competing interests. The authors declare that they have no competing interests.

Funding source. This study was not supported by any external sources of funding.

ЛИТЕРАТУРА

1. Guoying W., Guo Z., Xiaoyu C., Longxiang X., Hongju W. The Characteristic of Virulence, Biofilm and Antibiotic Resistance of *Klebsiella pneumoniae*. Int J Environ Res Public Health. 2020;17(17):6278.
2. Чеботарь И.В., Бочарова Ю.А., Подопригра И.В., Шагин Д.А. Почему *Klebsiella pneumoniae* становится лидирующим оппортунистическим патогеном. Клиническая микробиология и антибактериальная химиотерапия. 2020;22:4–19.
3. Endimiani A., Depasquale J.M., Forero S. et al. Emergence of blaKPC-containing *Klebsiella pneumoniae* in a long-term acute care hospital: a new challenge to our healthcare system. J Antimicrob Chemother. 2009;64:1102–1110.

4. Clegg S., Murphy CN. Epidemiology and Virulence of *Klebsiella pneumoniae*, Microbiol Spectr. 2016;4(1): 1–17.
5. Paczosa M.K., Meccas J. *Klebsiella pneumoniae*: Going on the Offense with a Strong Defense. Microbiol Mol Biol Rev. 2016;80(3):629–661.
6. Isler B., Aslan A.T., Akova M., Harris P. & Paterson D.L. Treatment strategies for OXA-48-like and NDM producing *Klebsiella pneumoniae* infections. Clinical Infectious Diseases. 2021;73(8):1389–1400.
7. Божкова С.А., Гордина Е.М., Шнейдер О.В., Рукина А.Н., Шабанова В.В. Резистентность продуцирующих карбапенемазы штаммов *Klebsiella pneumoniae*, выделенных от пациентов с ортопедической инфекцией. Клиническая микробиология и антибактериальная химиотерапия. 2020;22(1):47–52.
8. Giske C.G., Fröding I., Hasan C.M., Turlej-Rogacka A., Toleman M., Livermore D., Woodford N. & Walsh T.R. Diverse Sequence Types of *Klebsiella pneumoniae* Contribute to the Dissemination of blaNDM-1 in India, Sweden, and the United Kingdom. Journal of Antimicrobial Chemotherapy. 2021;76(8):1934–1942.
9. Denissen J., Reyneke B., Waso-Reyneke M., Havenga B., Barnard T., Khan S., Khan W. Prevalence of ESKAPE pathogens in the environment: Antibiotic resistance status, community-acquired infection and risk to human health. Int J Hyg Environ Health. 2022;244:11400.
10. Lapp Z., Crawford R., Miles-Jay A., Pirani A., Trick W.E., Weinstein R.A., Hayden M.K., Snitkin E.S., Lin M.Y. Regional Spread of blaNDM-1-Containing *Klebsiella pneumoniae* ST147 in Post-Acute Care Facilities. Clinical Infectious Diseases. 2021;73(8):1431–1438.
11. Hoj R.T., McNeely B., Webber K., Welling E., G Pitt W., C Ford L., Robison A.R. A pentaplex real-time PCR assay for rapid identification of major beta-lactamase genes KPC, NDM, CTX, CMY, and OXA-48 directly from bacteria in blood. J Med Microbiol. 2021;70(12):1–10.
12. Gao H., Liu Y., Wang R., Wang Q., Jin L., Wang H. The transferability and evolution of NDM-1 and KPC-2 co-producing *Klebsiella pneumoniae* from clinical settings. Journal of Global Antimicrobial Resistance. 2021;28:93–99.
13. Xiang T., Chen C., Wen J., Liu Y., Zhang Q., Cheng N., Wu X., Zhang W. Resistance of *Klebsiella pneumoniae* Strains Carrying blaNDM-1 Gene and the Genetic Environment of blaNDM-1. Microbial Drug Resistance. 2021;27(4):453–462.
3. Endimiani A., Depasquale J.M., Forero S. et al. Emergence of blaKPC-containing *Klebsiella pneumoniae* in a long-term acute care hospital: a new challenge to our healthcare system. J Antimicrob Chemother. 2009;64:1102–1110.
4. Clegg S., Murphy CN. Epidemiology and Virulence of *Klebsiella pneumoniae*, Microbiol Spectr. 2016;4(1): 1–17.
5. Paczosa M.K., Meccas J. *Klebsiella pneumoniae*: Going on the Offense with a Strong Defense. Microbiol Mol Biol Rev. 2016;80(3):629–661.
6. Isler B., Aslan A.T., Akova M., Harris P. & Paterson D.L. Treatment strategies for OXA-48-like and NDM producing *Klebsiella pneumoniae* infections. Clinical Infectious Diseases. 2021;73(8):1389–1400.
7. Bozhkova S.A., Gordina E.M., Schneider O.V., Rukina A.N., Shabanova V.V. Resistance of carbapenemase-producing *Klebsiella pneumoniae* strains isolated from patients with orthopedic infection. Clinical microbiology and antibacterial chemotherapy. 2020;22(1):47–52. (In Russian).
8. Giske C.G., Fröding I., Hasan C.M., Turlej-Rogacka A., Toleman M., Livermore D., Woodford N. & Walsh T.R. Diverse Sequence Types of *Klebsiella pneumoniae* Contribute to the Dissemination of blaNDM-1 in India, Sweden, and the United Kingdom. J Antimicrob Chemother. 2021;76(8):1934–1942.
9. Denissen J., Reyneke B., Waso-Reyneke M., Havenga B., Barnard T., Khan S., Khan W. Prevalence of ESKAPE pathogens in the environment: Antibiotic resistance status, community-acquired infection and risk to human health. Int J Hyg Environ Health. 2022;244:11400.
10. Lapp Z., Crawford R., Miles-Jay A., Pirani A., Trick W.E., Weinstein R.A., Hayden M.K., Snitkin E.S. & Lin M.Y. Regional Spread of blaNDM-1-Containing *Klebsiella pneumoniae* ST147 in Post-Acute Care Facilities. Clinical Infectious Diseases. 2021;73(8):1431–1438.
11. Hoj R.T., McNeely B., Webber K., Welling E., Pitt G.W., Ford C.L., Robison A.R. A pentaplex real-time PCR assay for rapid identification of major beta-lactamase genes KPC, NDM, CTX, CMY, and OXA-48 directly from bacteria in blood. J Med Microbiol. 2021;70(12):1–10.
12. Gao H., Liu Y., Wang R., Wang Q., Jin L. & Wang H. The transferability and evolution of NDM-1 and KPC-2 co-producing *Klebsiella pneumoniae* from clinical settings. Journal of Global Antimicrobial Resistance. 2021;28: 93–99.
13. Xiang T., Chen C., Wen J., Liu Y., Zhang Q., Cheng N., Wu X., & Zhang W. Resistance of *Klebsiella pneumoniae* Strains Carrying blaNDM-1 Gene and the Genetic Environment of blaNDM-1. Microbial Drug Resistance. 2021;27(4):453–462.

REFERENCES

1. Guoying W., Guo Z., Xiaoyu C., Longxiang X., Hongju W. The Characteristic of Virulence, Biofilm and Antibiotic Resistance of *Klebsiella pneumoniae*. Int J Environ Res Public Health. 2020;17(17):6278.
2. Chebotar I.V., Bocharova Iu., Podoprigrora I., Shagin D. Why *Klebsiella pneumoniae* is becoming the leading op-