

DOI: 10.21055/0370-1069-2020-3-43-49

УДК 616.98:578.2

А.П. Бондаренко, В.А. Шмыленко, О.Е. Троценко, В.О. Котова, Л.В. Бутакова,
Е.А. Базыкина**ХАРАКТЕРИСТИКА БАКТЕРИАЛЬНОЙ МИКРОФЛОРЫ, ВЫДЕЛЕННОЙ ИЗ ПРОБ МОКРОТЫ БОЛЬНЫХ ПНЕВМОНИЕЙ В ХАБАРОВСКЕ И ХАБАРОВСКОМ КРАЕ В НАЧАЛЬНЫЙ ПЕРИОД ПАНДЕМИИ COVID-19 (МАЙ–ИЮНЬ 2020 г.)***ФБУН «Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии»,
Хабаровск, Российская Федерация*

Цель исследования: изучить бактериальную микрофлору в мокроте больных пневмонией, вызванной SARS-CoV-2 или другими возбудителями. **Материалы и методы.** Исследовали бактериальную микрофлору мокроты 173 больных пневмонией, госпитализированных в лечебные учреждения г. Хабаровска и Хабаровского края в мае–июне 2020 г. Бактериологический анализ мокроты проводили с использованием дифференциально-диагностических сред, идентификацию выделенных патогенов – с помощью микробиологического анализатора Vitec 2 Compact. Выявление РНК вируса SARS-CoV-2 проводили методом ПЦР с тест-системой «Вектор-ПЦР_{РВ}-2019-nCoV-RG» (производство ФБУН «ГНЦ ВБ «Вектор», р.п. Кольцово). Определение ДНК возбудителей микоплазмоза и хламидиоза проводили с тест-системой «АмплиСенс® Mycoplasma pneumoniae/Chlamydia pneumonia» (производство ФБУН ЦНИИЭ). Статистическую обработку данных выполняли с использованием программы Excel. **Результаты и обсуждение.** Обе группы больных (Covid-19+ и Covid-19–) характеризуются высоким уровнем выделения бактериальной флоры (81,4 и 74,7 %), в том числе обычных возбудителей внебольничных пневмоний, существенной частотой выделения грибов рода *Candida* и микробных ассоциаций. Группа больных Covid-19+ характеризуется более широким спектром возбудителей, выявлением полирезистентных грамотрицательных энтеробактерий, грамотрицательных неферментирующих полирезистентных бактерий, более выраженным проявлением микробных ассоциаций. В группе наблюдения Covid-19– лекарственно устойчивая флора представлена в основном стафилококками групп MRSA, MRSE.

Ключевые слова: внебольничная пневмония, возбудители, группы наблюдения Covid-19+ и Covid-19–, мокрота, бактериальная микрофлора.

Корреспондирующий автор: Бондаренко Альбина Павловна, e-mail: baklabhniem@gmail.com.

Для цитирования: Бондаренко А.П., Шмыленко В.А., Троценко О.Е., Котова В.О., Бутакова Л.В., Базыкина Е.А. Характеристика бактериальной микрофлоры, выделенной из проб мокроты больных пневмонией в Хабаровске и Хабаровском крае в начальный период пандемии COVID-19 (май–июнь 2020 г.). *Проблемы особо опасных инфекций*. 2020; 3:43–49. DOI: 10.21055/0370-1069-2020-3-43-49

Поступила 14.09.20. Принята к публ. 16.09.20.

A.P. Bondarenko, V.A. Shmylenko, O.E. Trotsenko, V.O. Kotova, L.V. Butakova, E.A. Bazykina

Characteristics of Bacterial Microflora Isolated from Sputum of Patients with Pneumonia Registered in Khabarovsk City and Khabarovsk Territory in the Initial Period of COVID-19 Pandemic in May–June, 2020*Khabarovsk Research Institute of Microbiology and Epidemiology, Khabarovsk, Russian Federation*

Abstract. Objective: to study the bacterial microflora in the sputum of patients with pneumonia caused by SARS-CoV-2 or other pathogens. **Materials and methods.** The bacterial microflora of sputum of 173 patients with pneumonia admitted to hospitals in Khabarovsk and the Khabarovsk Territory in May – June 2020 was examined. Detection of RNA of the SARS-CoV-2 virus was carried out by PCR with the Vector-PCRRV-2019-nCoV-RG test system (manufactured by the State Scientific Center of VB “Vector”, Koltsovo). Determination of the DNA of mycoplasmosis agents and chlamydia was carried out with the test system “AmpliSens® Mycoplasma pneumoniae/Chlamydia pneumonia” (manufactured by CRIE). Statistical data processing was performed using the Excel program. **Results and discussion.** Both groups of patients (Covid-19+ and Covid-19–) had high levels of bacterial flora isolation (81.4 and 74.7 %) including common pathogens for community-acquired pneumonia as well as notable detection frequency of *Candida* spp. and microbial associations. The group of Covid-19+ patients demonstrated a wider range of detected pathogens, was positive for poly-resistant gram-negative *Enterobacteriaceae*, non-fermenting gram-negative poly-resistant bacteria, with more expressed manifestation of microbial associations. In the group of Covid-19– participants drug-resistant microflora was presented only by MRSA and MRSE staphylococci.

Key words: community-acquired pneumonia, etiological agents, groups under observation Covid-19+ and Covid-19–, sputum, bacterial microflora.

Conflict of interest: The authors declare no conflict of interest.

Corresponding author: Albina P. Bondarenko, e-mail: baklabhniem@gmail.com.

Citation: Bondarenko A.P., Shmylenko V.A., Trotsenko O.E., Kotova V.O., Butakova L.V., Bazykina E.A. Characteristics of Bacterial Microflora Isolated from Sputum of Patients with Pneumonia Registered in Khabarovsk City and Khabarovsk Territory in the Initial Period of COVID-19 Pandemic in May–June, 2020. *Problemy Osobo Opasnykh Infektsii [Problems of Particularly Dangerous Infections]*. 2020; 3:43–49. (In Russian). DOI: 10.21055/0370-1069-2020-3-43-49

Received 14.09.20. Accepted 16.09.20.

Bondarenko A.P., ORCID: <http://orcid.org/0000-0002-9197-8519>
Shmylenko V.A., ORCID: <http://orcid.org/0000-0002-7170-3032>
Trotsenko O.E., ORCID: <http://orcid.org/0000-0003-3050-4472>
Kotova V.O., ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9824-7025>
Butakova L.V., ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-7238-3691>
Bazykina E.A., ORCID: <http://orcid.org/0000-0002-5695-6752>

Актуальной проблемой здравоохранения является внебольничная пневмония (ВП) – одна из ведущих причин заболеваемости, госпитализации и смертности населения. По данным литературы, *Streptococcus pneumoniae* считается доминирующим этиологическим агентом пневмоний, вызывая от 50 до 80 % случаев заболеваний у лиц всех возрастных групп [1]. Однако, по последним сведениям, частота обнаружения *S. pneumoniae* при ВП варьирует в пределах от 5 до 35 %. Такой разброс в показателях можно объяснить трудностями в получении качественных образцов мокроты из нижних отделов дыхательных путей, различиями в чувствительности применяемых диагностических сред и тестов, использованием антимикробных препаратов (АМП) для лечения заболевания до проведения этиологической диагностики [2].

Среди других типичных бактериальных возбудителей ВП заметная роль принадлежит *Haemophilus influenzae*, грамотрицательным микроорганизмам семейства энтеробактерий (*Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli* и др.), неферментирующим грамотрицательным бактериям (НГОБ – *Pseudomonas aeruginosa*, *Acinetobacter spp.* и др.), *Staphylococcus spp.* В последние годы значительно чаще в качестве возбудителей выявляются микроорганизмы – внутриклеточные паразиты (*Mycoplasma pneumoniae*, *Chlamydophila pneumoniae*, *Legionella pneumophila*).

МКБ-10 выделяет пневмонии, вызванные вирусами гриппа, парагриппа, аденовирусами. Чаще у детей при пневмонии выявляют смешанную бактериально-вирусную инфекцию с участием большой группы респираторных вирусов: респираторно-синциального, метапневмовируса, бокавируса, риновируса.

С начала пандемии в России развернута сеть новых инфекционных стационаров, которые, по определению Ch. Brun-Buisson, представляют собой особую экологическую нишу, где группируются ослабленные больные и применяются инвазивные методы лечения [3]. По современной терминологии, новые инфекционные госпитали относятся к учреждениям высокого эпидемиологического риска инфицирования [4].

В настоящее время накоплены данные по проблеме обеспечения эпидемиологической безопасности больничной среды, связанные с глобальным распространением мультирезистентных бактерий, а также с интенсивным развитием медицинских лечебных технологий. В частности, искусственная вентиляция легких (ИВЛ) приводит к развитию вентилятор-ассоциированных заболеваний с присоединением различных вариантов коинфицирования [4, 5].

Известно, что процесс формирования госпи-

тальных клонов возбудителей инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи (ИСМП), представляет собой многоступенчатый эволюционный процесс, в котором выживание и накопление возбудителя имеет существенное значение. Безусловно, в процессе селекции госпитальных мультирезистентных клонов основная роль принадлежит пассажиру возбудителя через организм пациентов [6]. Больничная среда может играть роль резервуара инфекции [7].

По данным последних научных публикаций, бактериальное коинфицирование пациентов, больных пневмонией новой коронавирусной этиологии, в целом развивается в 7 % случаев. Однако показано, что у пациентов с наличием SARS-CoV-2, находящихся в отделениях интенсивной терапии, бактериальная коинфекция развивалась в 3,5 раза чаще, чем у больных, получающих лечение в других общих отделениях. Среди патогенов, выявляемых при коинфекции, отмечены *S. aureus*, *S. pneumoniae*, *P. aeruginosa*, *H. influenzae*, *Candida albicans*, *C. glabrata*, *Aspergillus spp.* и др., что определяет необходимость уделять внимание не только диагностике COVID-19, но и выявлению других патогенов для улучшения исхода заболевания [8–13]. Сочетанное инфицирование синегнойной палочкой, патогенными грибами косвенно указывает на значительный вклад внутрибольничного инфицирования вследствие длительной госпитализации пациентов с SARS-CoV-2 [14, 15].

Внедрение в лабораторную микробиологическую практику новых методов исследования, в частности все более широкое использование бактериологического анализатора Vitec 2 Compact, масс-спектрометра значительно увеличивает диагностические возможности лабораторий, что особенно важно для характеристики микробных ассоциаций, влияющих на патологическое состояние пациента и коррелирующих с тяжестью течения заболеваний [16].

Цель исследования – представить характеристику бактериальной микрофлоры, выявленной в мокроте двух групп пациентов, больных пневмонией (Covid-19+ и Covid-19–), в г. Хабаровске и Хабаровском крае в начальный период пандемии нового коронавируса в мае–июне 2020 г.

Материалы и методы

Обследованы 173 больных пневмонией, госпитализированных в лечебные учреждения г. Хабаровска и Хабаровского края в мае–июне 2020 г.

С учетом отдаленности районных больниц клинические образцы мокроты больных доставляли для исследования в течение 2–24 ч после забора материала. Больных обследовали в разные сроки с момента заболевания и/или госпитализации (с 1-го по 20-й

день), так как целями диагностики являлись не только определение этиологии болезни, но и контроль эффективности лечения в ходе заболевания.

Исследование проводили в соответствии с МУК 4.2.3115-13 «Лабораторная диагностика внебольничных пневмоний», МР 4.2.0114-16 «Лабораторная диагностика внебольничной пневмонии пневмококковой этиологии», а также согласно Приказу от 22.04.1985 № 535 «Об унификации микробиологических (бактериологических) методов исследования, применяемых в клинико-диагностических лабораториях лечебно-профилактических учреждений».

Выявление РНК вируса SARS-CoV-2 проводили методом ПЦР с тест-системой «Вектор-ПЦР_{РВ}-2019-nCoV-RG» (производство ФБУН «ГНЦ ВБ «Вектор», р.п. Кольцово). Определение ДНК возбудителей микоплазмоза и хламидиоза проводили с тест-системой «АмплиСенс® Mycoplasma pneumoniae/Chlamydomphila pneumonia» (производство ФБУН ЦНИИЭ). Бактериологическое исследование проводили классическим количественным методом с разведением мокроты до титра 10⁻⁷ и высевом на дифференциально-диагностические среды, обеспечивающие рост основных бактериальных патогенов. Для выявления прихотливых микроорганизмов (*S. pneumoniae*, *H. influenzae*, *Streptococcus spp.*) применяли агар с дефибринированной кровью барана (5%), обогащенный лошадиной сывороткой (3,5%), и шоколадный агар с термостатированием посевов в CO₂-инкубаторе. Идентификацию выделенных патогенов проводили с использованием микробиологического анализатора Vitec 2 Compact. Антибиотикорезистентность определяли диско-диффузионным методом с интерпретацией результатов в соответствии с рекомендациями EUCAST (версия 8.0) и в необходимых случаях – с использованием микробиологического анализатора Vitec 2 Compact.

Статистическую обработку данных выполняли с использованием программы Excel: проводили расчет средних значений удельного веса выделенных в ходе исследования возбудителей (M) и ошибки средней величины (m).

Результаты и обсуждение

РНК вируса SARS-CoV-2 выявлена в 86 из 173 исследованных образцов (49,7±3,8%). ДНК хламидий и микоплазм не выявлены. Далее проведен сопоставительный анализ результатов бактериологического исследования двух групп клинических образцов мокроты: 1-я группа: 86 проб мокроты, в которых методом ПЦР обнаружена РНК коронавируса SARS-CoV-2 (Covid-19+); 2-я группа: 87 образцов мокроты, в которых РНК коронавируса SARS-CoV-2 не обнаружена (Covid-19-).

Возрастной состав двух групп пациентов, больных пневмонией (Covid-19+, N=86 и Covid-19-, N=87) и прошедших бактериологическое обследование, представлен в табл. 1.

Следует отметить, что возрастная группа «65 лет и старше» преобладала среди пациентов первой группы наблюдения (45,4±5,4 и 36,8±5,2%).

Результаты исследования бактериальной флоры в мокроте больных двух групп наблюдения представлены в табл. 2.

Видовой состав грибов рода *Candida*, выделенных из мокроты больных, представлен в табл. 3.

Для 1-й группы больных характерно участие микробных ассоциаций в составе микрофлоры мокроты (табл. 4). Грибы рода *Candida* входили в состав всех грибково-бактериальных ассоциаций.

Микробные ассоциации во 2-й группе выявлялись реже, чем в 1-й группе проб (26,2±5,5% против 35,7±5,7%), в том числе двух- и трехкомпонентные (23,1±5,2 и 3,1±2,1%). Как показал проведенный анализ, выявленная закономерность связана с различиями в возрастном составе наблюдаемых групп больных. А именно: ассоциации в большей степени характерны для образцов мокроты возрастной группы больных «65 лет и старше», которая и преобладает среди пациентов 1-й группы обследования (Covid-19+).

В целом для второй группы (Covid-19-) характерны более узкий спектр возбудителей, отсутствие регистрации полирезистентных к АМП грамотрицательных бактерий и НГОБ, меньшая доля участия микробных ассоциаций на данном этапе наблюдения.

Таблица 1 / Table 1

Возрастной состав двух групп пациентов, больных пневмонией
Age distribution of two patient groups with community-acquired pneumonia

Возрастные группы Age groups	Всего Total	1-я группа Covid-19+ (N=86) 1 st group Covid-19+ (N=86)		2-я группа Covid-19- (N=87) 2 nd group Covid-19- (N=87)	
		абс. число abs. number	%	абс. число abs. number	%
20–50	49	24	27,9±4,8	25	28,7±4,8
51–64	53	23	26,7±4,7	30	34,5±5,1
65 и старше 65 and over	71	39	45,4±5,4	32	36,8±5,2
<i>Итого:</i> <i>Total:</i>	173	86	100	87	100

Таблица 2 / Table 2

Результаты исследования бактериальной флоры, выявленной в мокроте

Results of the evaluation of bacterial microflora isolated from sputum

Возбудители Pathogens	1-я группа Covid-19+ (N=86) 1 st group Covid-19+ (N=86)		2-я группа Covid-19- (N=87) 2 nd group Covid-19- (N=87)	
	абс. число abs.	%	абс. число abs.	%
<i>S. pneumoniae</i>	2	2,3±1,6	3	3,6±1,9
<i>Klebsiella</i> spp., в т.ч. продуценты БЛРС <i>Klebsiella</i> spp. including ESBL producers	10 3	11,6±3,5 3,6±2,0	10 -	11,5±3,4 -
Прочие энтеробактерии Other <i>Enterobacteriaceae</i>	4	4,6±2,3	4	4,6±2,2
НГОБ*, в т.ч. полирезистентные GNNB* including poly-resistant strains	10 4	11,6±3,5 4,7±2,3	6 -	6,9±2,7 -
<i>Staphylococcus</i> spp., в т.ч. <i>S. aureus</i> <i>Staphylococcus</i> spp. including <i>S. aureus</i>	15 4	17,4±4,1 4,7±2,3	8 1	9,2±3,1 1,1±1,1
- <i>S. aureus</i> (MRSA)	4	4,7±2,3	2	2,3±1,6
- <i>S. epidermidis</i> (MRSE)	2	2,3±1,6	3	3,5±2,0
- КНС** полирезистентные - CNS** poly-resistant	1	1,2±1,17	2	2,3±1,6
- КНС - CNS	4	4,7±2,3	-	-
<i>Candida</i> , в т.ч. моноинфекция <i>Candida</i> including mono-infection	56 33	65,1±5,1 38,4±5,2	51 34	58,6±5,3 39,1±5,2
Всего положительных: Total number of the positive:	70	81,4±4,2	65	74,7±4,7
Искомые возбудители не обнаружены: Pathogens of interest were not detected:	16	18,6±4,2	22	25,3±4,7
Всего проб: Total amount of samples:	86	100	87	100

*Неферментирующие грамотрицательные бактерии;

**Коагулазонегативные стафилококки.

*Gram-negative non-fermenting bacteria;

**Coagulase-negative staphylococcus.

Характеристика лекарственной устойчивости. Следует отметить, что среди грамположительных микроорганизмов как в первой, так и во второй группе проб выявлена равная доля лекарственно устойчивых стафилококков (8,2 и 8,1 % соответственно), проявляющих резистентность практически ко всем группам АМП (β-лактамам, фторхинолонам, макролидам, аминогликозидам, тетрациклинам). В том числе в пробах первой группы получен один изолят *S. aureus* MRSA, устойчивый к линезолиду, и один изолят КНС *S. haemolyticus*, устойчивый к ме-

ропенему, т.е. к препаратам резерва. В пробах второй группы получен один изолят КНС *S. capitis*, устойчивый к линезолиду. С учетом массивности выделения стафилококков в пробах мокроты (до 10⁷ КОЕ/мл) регистрация этих штаммов в госпитальных учреждениях в качестве этиологических агентов пневмоний значительно ограничивает возможности лечения.

Основной грамотрицательный патоген – *K. pneumoniae* – выявлен в обеих группах проб, но лекарственно устойчивые штаммы – продуценты БЛРС – выявлены только в первой группе, определяя 3,6 %

Таблица 3 / Table 3

Видовой состав грибов рода *Candida*, выделенных из мокроты двух групп больных пневмонией*Candida* fungi species composition, isolated from two groups of patients with community-acquired pneumonia

Видовой состав грибов рода <i>Candida</i> <i>Candida</i> fungi species composition	Концентрация Concentration	1-я группа Covid-19+, N=56 1 st group Covid-19+, N=56		2-я группа Covid-19-, N=51 2 nd group Covid-19-, N=51	
		абс. число abs.	%	абс. число abs.	%
<i>C. albicans</i>	10 ² –10 ⁵	41	73,2±5,9	39	76,5±5,9
<i>C. glabrata</i>	10 ⁴ –10 ⁷	9	16,1±4,9	7	9,8±4,2
<i>C. krusei</i>	10 ² –10 ⁵	6	10,7±4,1	5	13,7±4,8
Итого: Total:		56	100	51	100

Таблица 4 / Table 4

Уровень выявления бактериальных ассоциаций в составе бактериальной микрофлоры мокрот двух групп больных пневмонией
Rate of bacterial associations identification in bacterial microflora from the sputum of two patient groups with community-acquired pneumonia

Бактериальные ассоциации Bacterial associations	1-я группа Covid-19+ (N=70) 1 st group Covid-19+ (N=70)		2-я группа Covid-19- (N=65) 2 nd group Covid-19- (N=65)	
	абс. число abs.	%	абс. число abs.	%
<i>Всего:</i> <i>Total:</i>	25	35,7±5,7	17	26,2±5,5
<i>В том числе:</i> <i>Including:</i>				
2-компонентные Dual associations	20	28,6±5,4	15	23,1±5,2
3-компонентные Triple associations	4	5,7±2,8	2	3,1±2,1
5-компонентные Quinary associations	1	1,4±1,4	-	-

случаев заболеваний. При этом выявлена устойчивость к цефалоспорином 1–4 поколений, фторхинолонам, фосфомицину.

Среди НГОБ полирезистентные штаммы выделены от 4 (4,7 %) больных только в первой группе наблюдения (Covid-19+). Так, все 4 штамма *A. baumannii* с максимальным набором детерминант антибиотикорезистентности оказались чувствительными только к колистину. Формирование антибиотикорезистентной флоры связано с интенсивным антибактериальным лечением этой группы больных, использованием ИВЛ, других инвазивных методов лечения.

В мокроте 1-й группы больных отмечены случаи выделения грибов *C. glabrata*, также устойчивых ко всем антимикотикам.

Обнаружение антибиотико-устойчивых возбудителей является прогностически неблагоприятным признаком в плане возможного формирования ИСМП. В связи с этим обязательным условием при микробиологическом мониторинге является выявление маркеров антибиотикоустойчивости – фенотипов MRSA и MRSE для стафилококков. В отношении грамотрицательных микроорганизмов необходимо учитывать резистентность к цефалоспорином 1–4 поколений для ориентировочного определения продукции β-лактамаз различных классов, к карбапенемам – для выявления продукции карбапенемаз. При тестировании энтерококков применяют диски с ванкомицином для идентификации фенотипа VRE (vancomycin-resistant enterococci) [17, 18].

В данном наблюдении приведена количественная характеристика искомых патогенов. Нам представлялось важным регистрировать не только «диагностические титры» возбудителей (10⁶ и выше). Учитывая сложность получения качественных проб мокроты для исследования, собранных с соблюдением сроков отбора образцов (с первых дней болезни, до начала лечения), правил транспортировки, сроков начала исследования в условиях массового поступления проб в лабораторию, мы сочли целесообразным представ

ить истинную количественную характеристику микрофлоры. Клиническая оценка результатов анализа может быть дифференцированной в зависимости от сроков начала заболевания, фазы течения болезни, проводимого лечения, цели исследования и т.д.

Таким образом, при сравнительном анализе микрофлоры клинических образцов мокроты двух групп больных показано, что обе характеризуются высоким уровнем выделения бактериальной флоры (81,4 и 74,7 %), в том числе обычных возбудителей внебольничных пневмоний, высоким уровнем выделения грибов рода *Candida* (65,1 и 58,6 %) и микробных ассоциаций.

Группа больных коронавирусной пневмонией характеризуется более широким спектром определяемых возбудителей (16 видов против 12 в группе Covid-19–), выявлением полирезистентных к АМП грамотрицательных бактерий, более выраженным, в сравнении с группой Covid-19–, проявлением микробных ассоциаций (35,7 % против 26,2 %), более высоким уровнем выявления неферментирующей флоры (НГОБ) (11,6–6,9 %), обладающей природной множественной лекарственной устойчивостью и несущей дополнительные детерминанты резистентности, что ограничивает выбор эффективных АМП для лечения больных.

В обеих группах наблюдения отмечен высокий уровень выделения грибов рода *Candida*. Последние не являются классическими возбудителями пневмоний, но эта флора в составе микробных ассоциаций и как моноинфекция удлиняет и усложняет течение болезни (с учетом появления устойчивости к противогрибковым препаратам и склонностью к формированию биопленок), ухудшая прогноз заболевания.

Участие микробных ассоциаций в инфекционном процессе пневмоний создает дополнительные сложности в лечебной тактике, так как воздействие на один компонент ассоциации может привести к количественному увеличению другого компонента [19].

Неблагоприятным признаком для обеих групп пациентов является регистрация антибиотикорези-

стентности к «индикаторным» для *S. pneumoniae* АМП – пенициллину и клиндамицину у пневмококков, выделенных от 4 больных из 5. Также следует обратить внимание на регистрацию полирезистентной грамположительной флоры из числа КНС (*S. pseudointermedius*, *S. capitis*, *S. haemolyticus*), выделяемых из образцов мокроты обеих групп наблюдения в высоком титре.

Пристального внимания требует факт регистрации энтеробактерий *Raoultella ornithinolytica* в образцах мокроты больных пневмонией 2-й группы наблюдения (Covid-19–). По данным последних публикаций, *Raoultella ornithinolytica*, циркулирующая в госпитальных условиях, быстро приобретает мультирезистентность, сохраняя чувствительность только к колистину и тигециклину, длительно сохраняется в пыли вентиляционных решеток благодаря низким метаболическим потребностям и представляет реальный риск инфицирования пациентов даже при отсутствии явных источников инфекции [20]. По мнению A. Sekowska, *Raoultella spp.* рассматривается как кандидат на роль ведущего госпитального патогена в ближайшем будущем [21]. Точная идентификация всех патогенов очень важна, т.к. она позволяет определить адекватные приемы лечения и тактику эпидемиологического надзора.

Конфликт интересов. Авторы подтверждают отсутствие конфликта финансовых/нефинансовых интересов, связанных с написанием статьи.

Список литературы

1. Чучалин А.Г., Синопальников А.И., Козлов Р.С., Тюрин И.Е., Рачина С.А. Внебольничная пневмония у взрослых: практические рекомендации по диагностике, лечению и профилактике: пособие для врачей. М.; 2010. 106 с.
2. Баязитова Л.Т., Тюпкина О.Ф., Чазова Т.А., Тюрин Ю.А., Исаева Г.Ш., Зарипова А.З., Пяташина М.А., Авдонина Л.Г., Юзлибаева Л.Р. Внебольничные пневмонии пневмококковой этиологии и микробиологические аспекты назофарингеального носительства *Streptococcus pneumoniae* в Республике Татарстан. *Инфекция и иммунитет*. 2017; 7(3):271–8.
3. Brun-Busson Ch. Des germes si ordinaires. *Le recherché*. 1994; 25:706–9.
4. Головерова Ю.А., Мар'ин Г.Г., Шабалина С.В., Тутельян А.В., Орлова О.А., Акимкин В.Г. Уровень заболеваемости инфекциями, связанными с оказанием медицинской помощи, в отделениях высокого эпидемиологического риска инфицирования. *Инфекционные болезни*. 2019; 17(3):69–73.
5. Орлова О.А., Акимкин В.Г. Организация эпидемиологической диагностики вентилятор-ассоциированных инфекций дыхательных путей. *Медицинский алфавит*. 2017; 3(30):15–9.
6. Брико Н.И., Брусина Е.Б., Зуева Л.П., Ковалишенина О.В., Ряпис Л.А., Стасенко В.Л., Фельдблюм И.В., Шкарин В.В. Госпитальный штамм – непознанная реальность. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2013; 1(68):30–5.
7. Брусина Е.Б. Эпидемиология инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи, вызванных возбудителями группы сапронозов. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2015; 14(2):50–6.
8. Kreitmann L., Monard C., Dauwalder O., Simon M., Argaud L. Early bacterial co-infection in ARDS related to COVID-19. *Intensive Care Med*. 2020; 46(9):1787–9. DOI: 10.1007/s00134-020-06165-5.
9. Cucchiari D., Pericàs J.M., Riera J., Gumucio R., Coloma E., Nicolás D. Pneumococcal superinfection in COVID-19 patients: A series of 5 cases. *Med. Clin. (Barc)*. 2020 Jun 5; S0025-7753(20)30349-3. DOI: 10.1016/j.medcli.2020.05.022.
10. Chaudhary W.A., Chong P.L., Mani B.I., Asli R., Momin R.N., Abdullah M.S., Chong V.H. Primary respiratory bacterial coinfections in patients with COVID-19. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 2020; 103(2):917–9. DOI: 10.4269/ajtmh.20-0498.
11. Hughes S., Troise O., Donaldson H., Mughal N., Moore

L.S. Bacterial and fungal coinfection among hospitalised patients with COVID-19: a retrospective cohort study in a UK secondary care setting. *Clin. Microbiol. Infect.* 2020; 26(10):1395–9. DOI: 10.1016/j.cmi.2020.06.025.

12. Слепакова С.А. Возбудители кандид-инфекций в отделениях реанимации и интенсивной терапии. *Инфекция и иммунитет*. 2012; 2(1–2):495.

13. Петрухина М.И., Мартынова А.М., Политова Н.Г., Старостина Н.В., Каира А.Н. Результаты микробиологического мониторинга циркуляции грибов рода *Candida* в детском и взрослом многопрофильных стационарах. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2018; 1(98):33–9.

14. Lansbury L., Lim B., Baskaran V., Lim W.S. Co-infections in people with COVID-19: a systematic review and meta-analysis. *J. Infect.* 2020; 81(2):266–75. DOI: 10.1016/j.jinf.2020.05.

15. Teng F., Liu X., Guo S.-b., Li Z., Ji W.-Q., Zhang F., Zhu X. Community-acquired bacterial co-infection predicts severity and mortality in influenza-associated pneumonia admitted patients. *J. Infect. Chemother.* 2019; 25(2):129–36. DOI: 10.1016/j.jiac.2018.10.014.

16. Борисова О.Ю., Алешкин В.А., Пименова А.С., Крюков А.И., Кунельская Н.Л., Гуров А.В., Шадрин Г.Б., Товмасын А.С., Ефимов Б.А., Кафарская Л.И. Микробный состав микрофлоры ротоглотки у больных с тонзиллярной патологией. *Инфекция и иммунитет*. 2015; 5(3):225–32.

17. Демиховская Е.В. Беседы с микробиологом. *Болезни и антибиотики*. 2011; 2(05):13–9.

18. Демиховская Е.В. Ванкомицин-резистентные энтерококки как возбудители внутрибольничных инфекций. *Болезни и антибиотики*. 2013; 1(8):68–71.

19. Симонова Е.В. Значение микробных ассоциантов в развитии госпитальных инфекций. *Инфекция и иммунитет*. 2012; 2(1–2):495.

20. Чезганова Е.А., Ефимова О.С., Созинов С.А., Ефимова А.Р., Сахарова В.М., Кутихин А.Г., Основа М.В., Исмагилов З.Р., Брусина Е.Б. Больничная пыль как потенциальный резервуар госпитальных штаммов. *Эпидемиология и вакцинопрофилактика*. 2019; 19(4):82–92.

21. Sêkowska A., Bogiel T., Woźniak M., Gospodarek-Komkowska E. *Raoultella spp.* – reliable identification, susceptibility to antimicrobials and antibiotic resistance mechanisms. *J. Med. Microbiol.* 2020; 69(2):233–8. DOI: 10.1099/jmm.0.001150.

References

1. Chuchalin A.G., Sinopal'nikov A.I., Kozlov R.S., Tyurin I.E., Rachina S.A. [Community-acquired pneumonia in adults: practical recommendations on diagnostics, treatment and prevention (a manual for doctors)]. М.; 2010. 106 p.
2. Bayazitova L.T., Tyupkina O.F., Chazova T.A., Tyurin Yu.A., Isaeva G.S., Zariyova A.Z., Patyashina M.A., Avdonina L.G., Yuzlibaeva L.R. [Community-acquired pneumonia of pneumococcal etiology and microbiological aspects of nasopharyngeal carriage of *Streptococcus pneumoniae* in children in the Republic of Tatarstan]. *Infectsiya i Immunitet [Russian Journal of Infection and Immunity]*. 2017; 7(3):271–8. DOI: 10.15789/2220-7619-2017-3-271-278.
3. Brun-Busson Ch. Des germes si ordinaires. *Le recherché*. 1994; 25:706–9.
4. Goloverova Yu. A., Mar'in G.G., Shabalina S.V., Tutelyan A.V., Orlova O.A., Akimkin V.G. [Incidence of health care-associated infections in high-risk hospital units]. *Infectsiyonnye Bolezni [Infectious Diseases]*. 2019; 17(3):69–73. DOI: 10.20953/1729-9225-2019-3-69-73.
5. Orlova O.A., Akimkin V.G. [Organization of epidemiological diagnosis of ventilator-associated respiratory infections]. *Meditsinskiy alfavit*. Medical Alphabet 2017; 3(30): 15-19. (in Russian)
6. Briko N.I., Brusina E.B., Zueva L.P., Kovalishena O.V., Ryapis L.A., Stasenko V.L., Kovalishena O.V., Ryapis L.A., Stasenko V.L., Fel'dblum I.V., Shkarin V.V. [Hospital strain – mysterious reality]. *Epidemiologiya i Vaksino profilaktika [Epidemiology and Vaccinal Prevention]*. 2013; 1(68):30–5.
7. Brusina E.B. [Epidemiology of healthcare-associated infections caused by sapronoses group pathogens]. *Epidemiologiya i Vaksino profilaktika [Epidemiology and Vaccinal Prevention]*. 2015; 14(2):50–6.
8. Kreitmann L., Monard C., Dauwalder O., Simon M., Argaud L. Early bacterial co-infection in ARDS related to COVID-19. *Intensive Care Med*. 2020; 46(9):1787–9. DOI: 10.1007/s00134-020-06165-5.
9. Cucchiari D., Pericàs J.M., Riera J., Gumucio R., Coloma E., Nicolás D. Pneumococcal superinfection in COVID-19 patients: A series of 5 cases. *Med. Clin. (Barc)*. 2020 Jun 5; S0025-7753(20)30349-3. DOI: 10.1016/j.medcli.2020.05.022.
10. Chaudhary W.A., Chong P.L., Mani B.I., Asli R., Momin R.N., Abdullah M.S., Chong V.H. Primary respiratory bacterial coinfections in patients with COVID-19. *Am. J. Trop. Med. Hyg.* 2020; 103(2):917–9. DOI: 10.4269/ajtmh.20-0498.
11. Hughes S., Troise O., Donaldson H., Mughal N., Moore

11. Hughes S., Troise O., Donaldson H., Mughal N., Moore L.S. Bacterial and fungal coinfection among hospitalised patients with COVID-19: a retrospective cohort study in a UK secondary care setting. *Clin. Microbiol. Infect.* 2020; 26(10):1395–9. DOI: 10.1016/j.cmi.2020.06.025.
12. Slepakova S.A. [The causative agents of candida infections in the intensive care units]. *Infektsiya i Immunitet [Russian Journal of Infection and Immunity]*. 2012; 2 (1-2): 495. (in Russian)
13. Petrukhina M.I., Martynova A.M., Politova N.G., Starostina N.V., Kaira A.N. [Circulation of fungi of the genus candida in children's and adult multipurpose hospitals]. *Epidemiologiya i Vaksino profilaktika [Epidemiology and Vaccinal Prevention]*. 2018; 1(98):33–9.
14. Lansbury L., Lim B., Baskaran V., Lim W.S. Co-infections in people with COVID-19: a systematic review and meta-analysis. *J. Infect.* 2020; 81(2):266–75. DOI: 10.1016/j.jinf.2020.05.
15. Teng F., Liu X., Guo S.-b., Li Z., Ji W.-Q., Zhang F., Zhu X. Community-acquired bacterial co-infection predicts severity and mortality in influenza-associated pneumonia admitted patients. *J. Infect. Chemother.* 2019; 25(2):129–36. DOI: 10.1016/j.jiac.2018.10.014.
16. Borisova O. Yu., Aleshkin V.A., Pimenova A.S., Kryukov A.I., Kunel'skaya N.L., Gurov A.V., Shadrin G.B., Tovmasyan A.S., Efimov B.A., Kafarskaya L.I. [Microbial landscape of microflora of a pharynx in patients with tonsillitic pathology]. *Infektsiya i Immunitet [Russian Journal of Infection and Immunity]*. 2015; 5(3):225–32.
17. Demikhovskaya E.V. [Conversations with a microbiologist]. *Bolezni i Antibiotiki [Diseases and Antibiotics]*. 2011; 2(05):13–9.
18. Demikhovskaya E.V. [Vancomycin-resistant enterococci as causative agents of nosocomial infections]. *Bolezni i Antibiotiki [Diseases and Antibiotics]*. 2013; 1(8):68–71.
19. Simonova E.V. [The importance of microbial associates in the development of nosocomial infections]. *Infektsiya i Immunitet [Russian Journal of Infection and Immunity]*. 2012; 2(1–2):495.
20. Chezganova E.A., Efimova O.S., Sozinov S.A., Efimova A.R., Sakharova V.M., Kutikhin A.G., Osnova M.V., Ismagilov Z.R., Brusina E.B. [Particulate matter in a hospital environment: as potential reservoir for hospital strains]. *Epidemiologiya i Vaksino profilaktika [Epidemiology and Vaccinal Prevention]*. 2019; 18(4):82–92. DOI: 10.31631/2073-3046-2019-18-4-82-92.
21. Sękowska A., Bogiel T., Woźniak M., Gospodarek-Komkowska E. *Raoultella spp.* – reliable identification, susceptibility to antimicrobials and antibiotic resistance mechanisms. *J. Med. Microbiol.* 2020; 69(2):233–8. DOI: 10.1099/jmm.0.001150.

Authors:

Bondarenko A.P., Shmylenko V.A., Trotsenko O.E., Kotova V.O., Butakova L.V., Bazykina E.A. Khabarovsk Research Institute of Microbiology and Epidemiology, 2, Shevchenko St., Khabarovsk, 680610, Russian Federation. E-mail: adm@hniiem.ru.

Об авторах:

Бондаренко А.П., Шмыленко В.А., Троценко О.Е., Котова В.О., Бутакова Л.В., Базыкина Е.А. Хабаровский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии. Российская Федерация, 680610, Хабаровск, ул. Шевченко, 2. E-mail: adm@hniiem.ru.