



АНАЛИЗ МИКРОБНОГО ПРОФИЛЯ МОКРОТЫ У БОЛЬНЫХ ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИЕЙ В ПЕРИОД ПАНДЕМИИ COVID-19

И.С. Полищук, И.С. Березинская, М.А. Наумова, И.Б. Мартюшева.

Руководитель работы: д.м.н А.В. Алешукина

Ростовский научно-исследовательский институт микробиологии и паразитологии
Роспотребнадзора, Ростов-на-Дону, Россия

Введение

Внебольничная пневмония (ВП), несмотря на современные методы диагностики и лечения, продолжает оставаться значимой медикосоциальной проблемой поскольку занимает одно из ведущих мест в структуре заболеваемости и смертности пациентов от осложнений инфекционных заболеваний. Согласно данным ВОЗ, ежегодный показатель заболеваемости ВП в мире составляет порядка 1000-1200 на 100000 населения [1]. В Российской Федерации общее число больных ВП ежегодно превышает 1,5 млн. человек [2]. Ведущим этиологическим фактором ВП являются *Streptococcus pneumoniae*, *Haemophilus influenzae*, *Staphylococcus aureus*, *Enterobacteriaceae spp* и др. [3]. К атипичным возбудителям ВП бактериальной природы относят *Mycoplasma pneumoniae*, *Chlamydomphila pneumoniae*, *Legionella pneumophila* и др. Особый вклад в эпидемиологию ВП внесла пандемия COVID-19, вызванная SARS-CoV-2.

Цель

Провести сравнительный анализ микробного профиля в образцах мокроты больных внебольничной пневмонией с положительными и отрицательными результатами ПЦР на РНК SARS-CoV-2.

Материалы и методы

В период с 2021 г. по 2022 г. проведено исследование:

- ✓ Микрофлоры мокроты (n=315)
- ✓ Микрофлоры мазков из носо/ротоглотки (n=315) пациентов (МО) находящихся на стационарном лечении в инфекционных отделениях г. Ростова-на-Дону и Ростовской области.

Методы:

- ✓ Качественно-количественный анализ состава микрофлоры образцов мокрот методиками (ОСТ 2003, Приказ М. З. СССР № 535, 1985)
- ✓ Идентификация микроорганизмов осуществлялась с применением классически принятых методов идентификации и масс-спектрометрического анализа MALDI-TOF (Bruker, Германия)
- ✓ (ПЦР) real time на амплификаторах серии «ДТпрайм» (ДНК-технология, Россия). Были использованы коммерческие наборы реагентов «РИБО-преп», «Реверта-L», «АмплиСенс ОРВИ-скрин-FL», «АмплиСенс Influenza virus A/B-FL», «АмплиСенс Mycoplasma pneumoniae/ Chlamydomphila pneumonia-FL», «АмплиСенс Legionella pneumophila-FL», (ФБУН «ЦНИИЭ Роспотребнадзора», Россия), «ВекторПЦРrv-2019-nCoV-RG» (ГНЦ «Вектор Роспотребнадзора», Россия).
- ✓ Статистическую обработку данных выполняли с использованием программы Excel 2013. Различия считали статистически значимыми при $p < 0,05$.

Результаты

На первом этапе исследования у всех больных ВП (n=315) была выполнена ПЦР мазков из носо/ротоглотки. РНК SARS-CoV-2 в представленных образцах была обнаружена у 212 пациентов (67%). У 103 (n=103) больных ВП (33%) результаты ПЦР мазков из носо/ротоглотки на РНК SARS-CoV-2 были отрицательными. Пробы мокроты были распределены на 2 группы: образцы с SARS-CoV-2+ и с SARS-CoV-2-.

В группах исследования был проведен ОРВИ-скрин-FL (Human Coronavirus(OC43, E229, NL63, HKU1) Human Respiratory Syncytia Ivirus) и ПЦР диагностика наиболее типичных возбудителей ВП (*Mycoplasma pneumoniae*, *Chlamidia pneumoniae*, *Haemophilus influenzae*, *Influenzae virus A/B*, *Legionella*) рисунок 1.

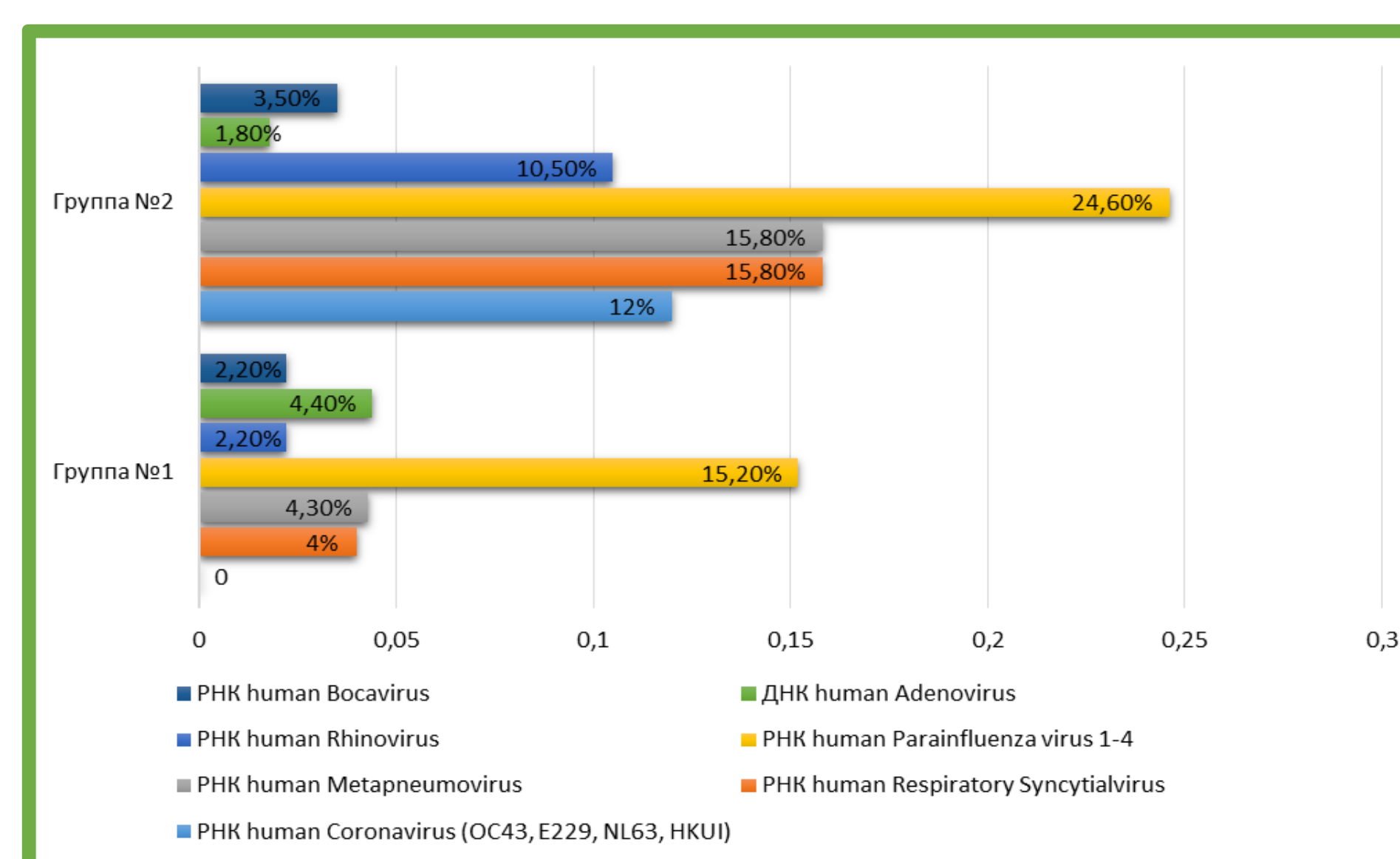


Рис.1. Распределение потенциальных вирусных возбудителей ВП, выделенных из мокроты.

В мокротах обеих групп были обнаружены вирусные ассоциации рисунок 2,3. Бактериологический анализ позволил выявить широкое разнообразие видового состава потенциальных возбудителей ВП: в 1-й группе – 25 видов, во 2-й – 44 вида. Чаще всего в мокротах обеих групп встречались 3 микробных возбудителя, которые могут отягощать течение ВП: грамположительные кокки, представленные в основном родом *Streptococcus*, *Staphylococcus*, и дрожжеподобными грибами рода *Candida*. Распределение в группах произошло следующим образом рисунок 3.

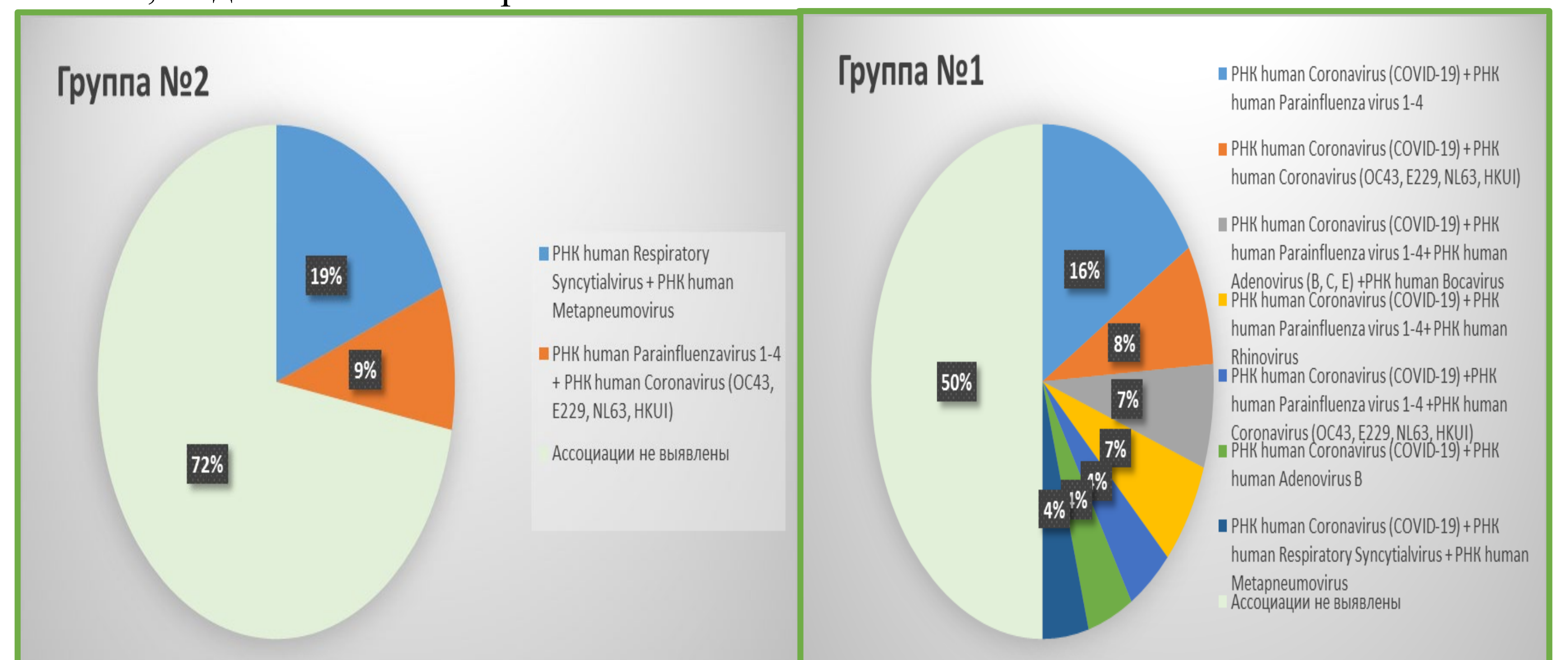


Рис.2. Ассоциации вирусных возбудителей ВП, выделенных из мокроты.

Выводы

Результаты исследования показали, что РНК SARS-CoV-2 у больных с ВП были выделены в мазках из носо/ротоглотки (n=212), в мокроте (n=103), в мазке из носо/ротоглотки и мокроте (n=258).

В структуре микробиоты мокроты у пациентов с ВП в обеих группах исследования в остром периоде преобладала грамположительная кокковая флора, представленная бактериями рода *Streptococcus* и *Staphylococcus*, достоверно отличающимися большей резистентностью к антибиотикам. В ходе проведенного исследования была показана значимая роль дрожжеподобных грибов рода *Candida* в развитии ВП.

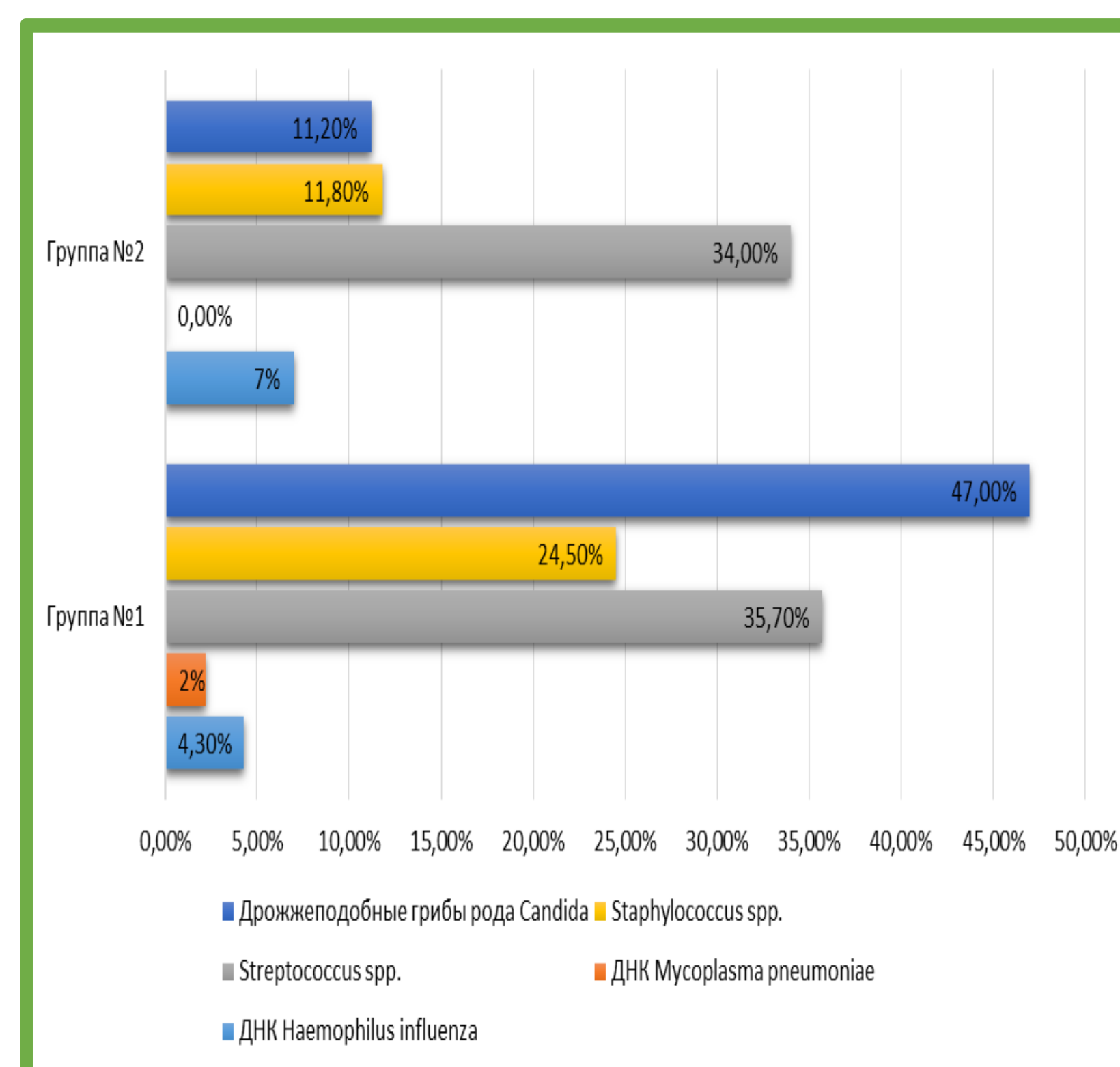


Рис.3. Распределение потенциальных бактериальных возбудителей ВП, выделенных из мокроты.

Библиография

1. Рачина С.А., Бобылев А.А. Атипичные возбудители внебольничной пневмонии: от эпидемиологии к особенностям диагностики и лечения. Практическая пульмонология. 2016; 2:20–7.
2. Рачина С.А., Иванчик Н.В., Козлов Р.С. Особенности микробиологической диагностики при внебольничной пневмонии у взрослых. Практическая пульмонология. 2016; 4:40–7.
3. Du Toit A. Measles increases the risk of other infections. Nat. Rev. Microbiol. 2019; 18(1):2. DOI: 10.1038/s41579-019-0301-7
4. Кесснер Л.Н., Маркелова Е.В., Ицкович А.И. Цитокины как показатель воспаления при пневмонии у детей // Успехи современного естествознания. – 2005. – № 7. – С. 35-36;