

© КОЛЛЕКТИВ АВТОРОВ, 2025

Гречишникова О.Г., Байракова А.Л., Егорова Е.А., Урбан Ю.Н., Зуева М.М.,
Воропаева Е.А.



<https://elibrary.ru/lqcxts>

ХАРАКТЕРИСТИКА КЛОНАЛЬНОЙ СТРУКТУРЫ И ГЕНЕТИЧЕСКОГО ПРОФИЛЯ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ *STREPTOCOCCUS* *AGALACTIAE* У БЕРЕМЕННЫХ ЖЕНЩИН В Г. МОСКВЕ

ФБУН «Московский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. Г.Н. Габричевского»
Роспотребнадзора, 125212, Москва, Россия

Цель исследования. Оценить распространенность клональных комплексов *Streptococcus agalactiae* среди беременных женщин, а также охарактеризовать профили устойчивости изолятов к противомикробным препаратам и спектр детерминирующих её генов.

Материалы и методы. Проведено исследование 55 клинических изолятов *S. agalactiae* из коллекции ФБУН МНИИЭМ им. Г.Н. Габричевского, выделенных в 2025 году в ходе планового обследования беременных женщин, вставших на учет в женских консультациях г. Москвы.

Полученные результаты. Проведенное исследование выявило значительное генетическое разнообразие штаммов *S. agalactiae* и высокий уровень резистентности к макролидам и линкозамидам среди беременных женщин в Москве. Наряду с глобально распространенным комплексом CC19, доминирующую позицию занял клональный комплекс CC452, что указывает на особенности локальной эпидемиологии.

Заключение. Высокий уровень резистентности к макролидам/линкозамидам и доминирование клонального комплекса CC452 диктуют необходимость применения бензилпенициллина в качестве препарата выбора для антибиотикопрофилактики и подчеркивают важность непрерывного молекулярно-эпидемиологического мониторинга *S. agalactiae* в регионе.

Ключевые слова: *Streptococcus agalactiae*; клональные комплексы; антибиотикорезистентность; стрептококк группы B; беременные; молекулярная эпидемиология; CC452; макролиды; линкозамиды; гены резистентности

Для цитирования: Гречишникова О.Г., Байракова А.Л., Егорова Е.А., Урбан Ю.Н., Зуева М.М., Воропаева Е.А. Характеристика клональной структуры и генетического профиля антибиотикорезистентности *Streptococcus agalactiae* у беременных женщин в г. Москве. *Эпидемиология и инфекционные болезни*. 2025; 30; 4: 343-347

DOI: <https://doi.org/10.51620/3034-1981-2025-30-4-343-347>

EDN: LQCXTS

Для корреспонденции: Гречишникова Ольга Геннадьевна, кандидат биологических наук, руководитель Исследовательского центра по изучению бактериальных инфекций ФБУН «Московский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. Г.Н. Габричевского» Роспотребнадзора, г. Москва, ул. Адмирала Макарова, д. 10, e-mail: kafedragabrich@mail.ru

Финансирование. Работа выполнена в рамках отраслевой программы Роспотребнадзора.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Поступила 10.10.2025

Принята к печати 21.12.2025

Grechishnikova O.G., Bayrakova A.L., Egorova E.A., Urban Yu.N., Zueva M.M., Voropaeva E.A.

CHARACTERIZATION OF THE CLONAL STRUCTURE AND GENETIC PROFILE OF ANTIBIOTIC RESISTANCE IN *STREPTOCOCCUS AGALACTIAE* AMONG PREGNANT WOMEN IN MOSCOW

G. N. Gabrichevsky Research Institute for Epidemiology and Microbiology Rospotrebnadzor, 125212, Moscow, Russia

The aim of the study. To evaluate the prevalence of *Streptococcus agalactiae* clonal complexes among pregnant women, as well as to characterize the profiles of antimicrobial resistance of isolates and the spectrum of genes determining it.

Materials and methods. A study of 55 clinical isolates of *S. agalactiae* from the collection of the G. N. Gabrichevsky Research Institute for Epidemiology and Microbiology, isolated in 2025 during a planned examination of pregnant women enrolled in antenatal clinics in Moscow, was conducted.

The results obtained. The study revealed a significant genetic diversity of *S. agalactiae* strains and a high level of resistance to macrolides and lincosamides among pregnant women in Moscow. Along with the globally widespread CC19 complex, the clonal CC452 complex has taken the dominant position, which indicates the peculiarities of local epidemiology.

Conclusion. The high level of resistance to macrolides/lincosamides and the dominance of the CC452 clonal complex dictate the need to use benzylpenicillin as the drug of choice for antibiotic prophylaxis and emphasize the importance of continuous molecular and epidemiological monitoring of *S. agalactiae* in the region.

Key words: *Streptococcus agalactiae*; clonal complexes; antibiotic resistance; group B streptococcus; pregnant women; molecular epidemiology; CC452; macrolides; lincosamides; resistance genes

For citation: Grechishnikova O.G., Bayrakova A.L., Egorova E.A., Urban Yu.N., Zueva M.M., Voropaeva E.A. Characterization of the clonal structure and genetic profile of antibiotic resistance in *Streptococcus agalactiae* among pregnant women in Moscow. *Epidemiologiya i Infektsionnye bolezni (Epidemiology and infectious diseases)*. 2025; 30; 4: 343-347 (in Rus.).

DOI: <https://doi.org/10.51620/3034-1981-2025-30-4-343-347>

EDN: LQCXTS

For correspondence: Olga G. Grechishnikova, PhD in Biological Sciences, leading researcher at the Research Center for the

Study of Bacterial Infections, the Moscow Research Institute of Epidemiology and Microbiology named after G.N. Gabrichevsky, Rospotrebnadzor, Moscow, Admiral Makarov St., 10, e-mail: kafedragabrich@mail.ru

Information about authors:

Grechishnikova O.G., <https://orcid.org/0000-0002-0999-836X>;
Bayrakova A.L., <https://orcid.org/0000-0001-9289-0765>;
Egorova E.A., <https://orcid.org/0000-0003-1096-4324>;
Urban Yu.N., <https://orcid.org/0000-0003-0189-3608>;
Zueva M.M., <https://orcid.org/0000-0003-0339-7069>;
Voropaeva E.A., <https://orcid.org/0000-0002-0463-0136>.

Funding. The work was carried out within the framework of the sectoral program of Rospotrebnadzor.

Conflict of interests. The authors declare the absence of conflict of interests.

Received 13.10.2025

Accepted 02.12.2025

ВВЕДЕНИЕ

Streptococcus agalactiae, или стрептококк группы В (GBS), продолжает оставаться одним из наиболее значимых условно-патогенных микроорганизмов, представляющих серьезную угрозу для здоровья человека, особенно для двух групп населения – новорожденных и лиц пожилого возраста с коморбидной патологией [1–5]. Несмотря на многолетнее изучение и внедрение стратегий профилактики, бремя GBS-инфекций остается высоким, что обуславливает непреходящую актуальность исследований в данной области.

Являясь ведущим этиологическим агентом тяжелых неонатальных инфекций, таких как сепсис, менингит и пневмония, *S. agalactiae* представляет собой глобальную проблему, внося весомый вклад в показатели младенческой смертности и заболеваемости [6, 7]. Передача микроорганизма от колонизированной матери ребенку во время родоразрешения может приводить к развитию инвазивной болезни с ранним (в первые 7 дней жизни) или поздним (от 7 дней до 3 месяцев) началом, характеризующимся тяжелым, часто молниеносным течением [8–10]. Внедрение в мировую клиническую практику скрининга беременных на носительство GBS и применения антибиотикопрофилактики в родах позволило существенно снизить частоту ранних неонатальных инфекций, однако их уровень все еще значителен, а случаи инфекций с поздним началом остаются практически неконтролируемыми [11–13].

Особую озабоченность научного и медицинского сообщества вызывает растущая проблема антибиотикорезистентности GBS. Хотя штаммы *S. agalactiae* по-прежнему сохраняют высокую чувствительность к бета-лактамам (пенициллинам, цефалоспорином), повсеместно регистрируется рост резистентности к макролидам и линкозамидам, что ставит под угрозу эффективность альтернативных схем терапии для пациентов с аллергией на пенициллин и требует постоянного эпидемиологического мониторинга [14–16].

ЦЕЛЬ ИССЛЕДОВАНИЯ

Оценить распространенность клональных комплексов *Streptococcus agalactiae* среди беременных женщин, а также охарактеризовать профили устойчивости изолятов к противомикробным препаратам и спектр детерминирующих её генов.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

В исследовании проанализированы 55 клинических изолятов *S. agalactiae* из коллекции ФБУН МНИИЭМ им. Г.Н. Габричевского. Штаммы были выделены в 2025 году в ходе планового обследования беременных женщин, вставших на учет в женских консультациях

г. Москвы, из образцов мочи и мазков (цервикального канала, влагалища, вагинально-ректальных и ректальных). Для исключения дублирования из анализа были удалены повторные изоляты от одного и того же пациента. Распределение по локусам выделения было следующим: из цервикального канала – 34,55 % (n = 19), из вагинально-ректальных мазков – 20 % (n = 11), из образцов мочи – 36,36 % (n = 20), со слизистой оболочки влагалища – 5,45 % (n = 3) и из ректальных мазков – 3,64 % (n = 2) от общего числа изолятов. Бактерии хранились в замороженном состоянии в защитной среде (бульон триптон-соевый с глицерином 1:1), при температуре (минус 70) °C, непосредственно до проведения анализа. Реидентификация микроорганизмов проводилась на основании морфотинкториальных, культуральных и биохимических свойств с последующей верификацией методом MALDI-TOF масс-спектрометрии на микробиологическом анализаторе “VastoSCREEN” (Литех, Россия). Для идентификации штаммов до вида брали изолированные колонии бактерий, выращенные на Колумбийском агаре (ФБУН ГНЦ ПМБ) с добавлением 5 % стерильной дефибринированной бараньей крови при температуре 37 °C в течении 18–24 ч с последующим нанесением в двух повторностях на ячейки слайда (мишени). Ионизацию бактериальных белков осуществляли с помощью специального реагента матрицы (α-циано-4-гидроксикоричная кислота и раствор, содержащий 50 % ацетонитрила и 2,5 % трифторуксусной кислоты). Идентификацию проводили в автоматическом режиме с использованием программного обеспечения для управления, анализа и идентификации микроорганизмов «VastoSCREEN-ID». В качестве критерия надежной видовой идентификации использовали рекомендуемые значения Score ≥ 0,8.

Определение чувствительности к противомикробным препаратам. Антибиотикочувствительность бактерий оценивали методом диффузии в агар Мюллера-Хинтона II (ФБУН ГНЦ ПМБ) с использованием дисков ФБУН НИИ эпидемиологии и микробиологии имени Пастера (РФ), в соответствии с рекомендациями European Committee on Antimicrobial Susceptibility

Testing (EUCAST v.15). Антибиотики, протестированные в этом исследовании, включали норфлоксацин (10 мкг), бензилпенициллин (1 ЕД), триметоприм/сульфометаксозол (1,25–23,75 мкг), ванкомицин (5 мкг), клиндамицин (2 мкг), эритромицин (15 мкг).

Полногеномное секвенирование

Для выделения геномной ДНК *S. agalactiae* использовали 24–36 часовую чистую культуру, выращенную на твердой питательной среде. Биомассу бактерий суспендировали в 200 мкл 0,85 % фосфатного буфера с добавлением 40 мг/мл лизоцима (Sigma, США). Экстракцию ДНК осуществляли с использованием коммерческого набора «Набор для выделения ДНК из цельной крови «GM Blood Q» («Raissol» Россия) согласно инструкции производителя. Концентрацию ДНК измеряли на флуориметре Qubit 2 («Thermo Fisher Scientific», США) с использованием реактивов Spectra Q HS, («Raissol», Россия) для количественного определения ДНК от 0,1–100 нг в программе измерения dsDNA High sensitivity. Качество геномной ДНК и отсутствие деградации проверялось с помощью электрофореза в 1.5 % агарозе («Helicon», Россия). Подготовку геномных библиотек осуществляли с помощью набора Fast PCR-FREE FS DNA Library Prep Set «MGI» (Китай), согласно инструкции производителя. Полногеномное секвенирование проходило на платформе GenoLab M (GeneMind Biosciences Co., Ltd, KHP) с использованием набора Genolab M V1.0 FCM 300 (GeneMind Biosciences Co., Ltd, KHP). Сборка генома была выполнена с помощью программного обеспечения Spades (v3.15.4). Гены резистентности были проанализированы с использованием CARD Resistance Gene Identifier (CARD RGI, 1.3.1) [17].

РЕЗУЛЬТАТЫ

Распределение по сиквенс-типам (ST) и клональным комплексам (CC)

В данной выборке ($n = 55$) идентифицировано 17 ST, которые были сгруппированы в семь CC (CC1, CC12, CC17, CC19, CC23, CC452 и CC459). Доминирующими клональными комплексами были CC452 и CC19, на долю которых приходилось 15 и 12 случаев соответственно. Практически одинаково по частоте встречались CC17 ($n = 8$), CC23 ($n = 7$), CC1 ($n = 6$), CC12 ($n = 6$). CC459 выявили в одном случае. Преобладающими ST были ST19 (14,54 %, $n = 8$), ST17 и ST498 (по 12,73 %, $n = 7$), которые принадлежат к CC19, CC17 и CC452 соответственно. За ними следуют ST890 и ST10 (по 9,09 %, $n = 5$) и ST23 (7,27 %, $n = 4$). Сиквенс-типы ST88, ST1, ST1010 встречались равно по 5,45 % ($n = 3$), ST2221, ST28 – по 3,64 % ($n = 2$). ST147, ST196, ST2, ST12, ST335 и ST861 были представлены по одному экземпляру, что составило по 1,82 % (табл. 1).

Профиль чувствительности к противомикробным препаратам

Определение чувствительности диффузионным методом показало, что 69,1% (38/55) изолятов были нечувствительны как минимум к одному из протестированных противомикробных препаратов. Согласно рекомендациям EUCAST (v.15) показатели рези-

стентности к эритромицину, клиндамицину, норфлоксацину составили 65,45 %, 50,9 % и 10,9 % от общего числа штаммов соответственно. Среди 38 штаммов было выявлено 2 варианта профиля резистентности (норфлоксацин, эритромицин, клиндамицин), из которых наиболее часто встречался следующий: эритромицин-клиндамицин (73,7 %). За ним следовал норфлоксацин – эритромицин (13,15 %). Устойчивость только к эритромицину демонстрировали 7,9 % изолятов, к норфлоксацину – 2,6 %.

Штаммы, устойчивые по схеме эритромицин-клиндамицин были сосредоточены во всех клональных комплексах, но чаще регистрировались в CC19 ($n = 7$) и CC1 ($n = 6$). Все изоляты были чувствительны к триметоприм/сульфометаксозолу и ванкомицину (табл. 2).

Гены устойчивости

Из 55 изолятов было идентифицировано в общей сложности 17 генов устойчивости. Все штаммы ($n = 55$) несли ген *mreA*, обеспечивающий устойчивость к макролидам, в то время как 34,5 % ($n = 19$) – *ermB*. Были выявлены гены устойчивости к тетрациклину, в том числе *tetM*, *tetO*, у пятидесяти образцов. За исключением одного штамма из CC17, который содержал как *tetM*, так и *tetO*, все остальные содержали только один тип *tet* ген резистентности. Частота носительства *tetO* составляла всего 12,7 %, что значительно ниже, чем *tetM* (80 %). За исключением одного штамма из CC17, все гены устойчивости к хлорамфениколу *catQ* были обнаружены в штаммах CC19 ($n = 6$). Кроме того, в исследуемой выборке были обнаружены три аминокликозидных гена устойчивости, а именно *aad(6)*,

Таблица 1

Клональные комплексы (CC) и ассоциированные с ними сиквенс-типы (ST) исследованных изолятов *Streptococcus agalactiae* ($n=55$), выделенных у беременных женщин в г. Москве в 2025 г.

№ п/п	Клональный комплекс (CC)	Сиквенс-тип (ST)
1	CC1 ($n = 6$)	ST1 ($n = 3$), ST2 ($n = 1$), ST2221 ($n = 2$)
2	CC12 ($n = 6$)	ST10 ($n = 5$), ST12 ($n = 1$)
3	CC17 ($n = 8$)	ST17 ($n = 7$), ST147 ($n = 1$)
4	CC19 ($n = 12$)	ST19 ($n = 8$), ST28 ($n = 2$), ST335 ($n = 1$), ST861 ($n = 1$)
5	CC23 ($n = 7$)	ST23 ($n = 4$), ST88 ($n = 3$)
6	CC452 ($n = 15$)	ST890 ($n = 5$), ST498 ($n = 7$), ST1010 ($n = 3$)
7	CC459 ($n = 1$)	ST196 ($n = 1$)

Таблица 2

Распределение профилей резистентности к противомикробным препаратам 55 штаммов *Streptococcus agalactiae*

	Клональный комплекс						
	CC1	CC12	CC17	CC19	CC23	CC452	CC459
Норфлоксацин (скрининг) (10 мкг)	-	1 (1,8 %)	1 (1,8 %)	3 (5,45 %)	-	1 (1,8 %)	-
Бензилпенициллин (1 ЕД)	-	-	-	-	-	-	-
Триметоприм/сульфометаксозол (1,25-23,75 мкг)	-	-	-	-	-	-	-
Ванкомицин (5 мкг)	-	-	-	-	-	-	-
Клиндамицин (2 мкг)	6 (10,9 %)	3 (5,45 %)	4 (7,27 %)	7 (12,7 %)	2 (3,64 %)	5 (9,09 %)	1 (1,8 %)
Эритромицин (15 мкг)	6 (10,9 %)	5 (9,09 %)	5 (9,09 %)	10 (18,2 %)	2 (3,64 %)	7 (12,7 %)	1 (1,8 %)

aph(3')-IIIa и *AAC(6')-Ie-APH(2'')-Ia bifunctional protein*, а также гены устойчивости к пептидным и гликопептидным антибиотикам – *vanT*, *mprF*, *vanY*, *vanT*.

ОБСУЖДЕНИЕ

Проведенное исследование предоставляет актуальные данные о молекулярной эпидемиологии и антимикробной резистентности штаммов *Streptococcus agalactiae*, циркулирующих среди беременных женщин в Москве в 2025 году. Полученные данные выявили значительное генетическое разнообразие штаммов, высокий уровень резистентности к макролидам и линкозамидам и выявление доминирования клональных комплексов CC19 и CC452.

Генотипирование 55 изолятов выявило 17 сиквенс-типов, сгруппированных в 7 клональных комплексов, что указывает на гетерогенность популяции GBS. Широкая распространенность CC19 согласуется с данными международных исследований, где этот комплекс ассоциируется с колонизацией беременных женщин [18]. Заслуживающей внимания является высокая частота встречаемости CC452, представленного ST498, ST890 и ST1010. Хотя CC452 ранее описывался в литературе, его столь значительное преобладание в московской популяции может указывать на особенности локальной эпидемиологии GBS, что требует дальнейшего мониторинга, поскольку эпидемиологический потенциал этого комплекса еще полностью не изучен [19]. Также была подтверждена значительная доля гипервирулентного комплекса CC17, известного своей ролью в неонатальном сепсисе и менингите [20, 21], что подчеркивает угрозу, которую представляют эти штаммы.

Важнейшим результатом работы является выявление высокого уровня резистентности к антибиотикам, рекомендуемым для антибиотикопрофилактики у пациенток с непереносимостью пенициллинов. Резистентность к эритромицину и клиндамицину достигла 65,45 % и 50,9 % соответственно, что согласуется с тревожной глобальной тенденцией роста устойчивости GBS к макролидам и линкозамидам [22, 23, 26]. Обнадеживающим фактом является сохранение 100 % чувствительности всех изолятов к бензилпенициллину, ванкомицину и триметоприм/сульфометаксозолу. Это подтверждает, что пенициллин остается надежным препаратом выбора для антибиотикопрофилактики в данном регионе, а ванкомицин – эффективной альтернативой.

Молекулярный анализ генов резистентности предоставил объяснение наблюдаемым фенотипическим профилям. Присутствие гена *mreA* во всех 55 изолятах является интересным фактом. Этот ген кодирует эффлюксный насос, что, по-видимому, является базовым механизмом устойчивости к макролидам в данной популяции. Однако его одного, вероятно, недостаточно для обеспечения высокого уровня резистентности, что подтверждается наличием гена *ermB* (34,5 %), который опосредует фенотип устойчивости к макролидам, линкозамидам и стрептограмину В и объясняет высокую частоту сопутствующей резистентности к эритромицину и клиндамицину. Высокая распространенность гена *tetM* (80 %) подтверждает данные, приведенные в других работах [24, 25].

Ограничения исследования

Следует отметить, что размер выборки (55 изоля-

тов) ограничивает возможность широких эпидемиологических обобщений. Кроме того, исследование было сфокусировано на беременных женщинах в одном городе, поэтому результаты не могут быть репрезентативными для всей страны или других групп пациентов.

ВЫВОДЫ

Несмотря на ограничения, наше исследование демонстрирует тревожную ситуацию с резистентностью *Streptococcus agalactiae* к макролидам и линкозамидам среди беременных женщин в Москве. Доминирование комплекса CC452 является новой и важной региональной особенностью. Полученные данные имеют непосредственное практическое значение: они подтверждают недопустимость использования эритромицина и клиндамицина для эмпирической антибиотикопрофилактики в данном регионе без предварительного тестирования чувствительности. Бензилпенициллин и ванкомицин остаются надежными препаратами выбора. Непрерывный молекулярно-эпидемиологический мониторинг GBS является необходимым условием для разработки эффективных стратегий по предотвращению перинатальных инфекций, вызванных этим патогеном



ЛИТЕРАТУРА (пп. 1-7, 9-25 см. REFERENCES)

8. Шабалов Н.П. Внутриутробные инфекции. В кн: Шабалов Н.П. Неонатология: в 2 т. С-Пб., РФ: Специальная литература, 1996.
26. Хуснутдинова Т.А., Шалепов К.В., Будилова О.В., Крысанова А.А., Спаськова Е.В., Синякова А.А., Тапильская Н.И., Савичева А.М., Корган И.Ю. Мониторинг антибиотикорезистентности штаммов *Streptococcus agalactiae*, выделенных у беременных женщин и новорожденных в 2010–2022 гг. *Клиническая микробиология и антимикробная химиотерапия*. 2024; 26(2):194-200.



REFERENCES

1. Raabe, V. N. & Shane, A. L. Group B streptococcus (*Streptococcus agalactiae*). *Microbiol. Spectr.* 2019; 7 (2), 10–128.
2. Tavares, T., Pinho, L. & Bonifácio Andrade, E. Group B streptococcal neonatal meningitis. *Clin. Microbiol. Rev.* 2022; 35 (2), e00079–e00021
3. Ya'qoub, L., Rehan, L., Parikh, S. & Enriquez, J. *Streptococcus agalactiae* infective endocarditis in a healthy middle-aged man: uncommon but life-threatening. *Cureus*. 2018; 10(5).
4. do Nascimento, C. S., Dos Santos, N. F., Ferreira, R. C. & Taddei, C. R. *Streptococcus agalactiae* in pregnant women in Brazil: prevalence, serotypes, and antibiotic resistance. *Brazilian J. Microbiol.* 2019; 50: 943–952.
5. Tesfaye, A. et al. Vertical transmission of group B *Streptococcus*, prevalence, associated factors, and antimicrobial susceptibility profile among newborns delivered at health facilities in Jijiga City, Ethiopia. *Int. J. Microbiol.* 2024; 1: 5673366.
6. Premanatham, N., John, M. S. & Reddy, P. S. Prevalance of vaginal colonisation of group b streptococci in pregnant women attending tertiary care hospital and its transmission to neonates. *Int. J. Curr. Microbiol. Appl. Sci.* 2015; 4 (2): 225–230.
7. Rao G.G. & Khanna P. To screen or not to screen women for Group B *Streptococcus* (*Streptococcus agalactiae*) to prevent early onset sepsis in newborns: recent advances in the unresolved debate. *Therapeutic Adv. Infect. Disease*. 7, 2049936120942424 (2020).



Спокойствие в каждой капсуле

Успокаивает

Улучшает сон

Снимает
напряжение



Покупайте
на маркетплейсах

АО "ЭКОЛАБ"

142530, Московская обл., г. Электрогорск, ул. Буденного, д. 1
 ИНН 5035025076 ОГРН 1035007106958

БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНАЯ ДОБАВКА.
НЕ ЯВЛЯЕТСЯ ЛЕКАРСТВЕННЫМ СРЕДСТВОМ

8. Shabalov NP. Vnutritrobnnye infekcii. V kn: Shabalov N.P. Neonatologiya: v 2 t. – S–Pb., RF: Special'naya literatura, 1996. (in Russ.)
9. Red Book: Report of the Committee on Infectious Diseases. 27th ed. Elk Grove Village, IL: American Academy of Pediatrics, 2006.
10. Russell NJ, Seale AC, O'Sullivan C, et al. Risk of Early-Onset Neonatal Group B Streptococcal Disease with Maternal Colonization Worldwide: Systematic Review and Metaanalyses. *Clin Infect Dis*. 2017; 65(suppl_2): S152-S159. doi:10.1093/cid/cix655
11. Prevention of Group B Streptococcal Early-Onset Disease in Newborns: ACOG Committee Opinion, Number 797. *Obstet. Gynecol*. 2020; 135(2): e51-e72.
12. Hasperhoven G.F., Al-Nasiry S., Bekker V., Villamor E., Kramer B.W.W. Universal screening versus risk-based protocols for antibiotic prophylaxis during childbirth to prevent early-onset group B streptococcal disease: a systematic review and meta-analysis. *BJOG*. 2020; 127(6): 680-91. <https://dx.doi.org/10.1111/1471-0528.16085>.
13. Edmond KM, Kortsalioudaki C, Scott S, et al. Group B streptococcal disease in infants aged younger than 3 months: systematic review and meta-analysis. *Lancet*. 2012; 379(9815): 547-556. doi: 10.1016/s0140-6736(11)61651-6
14. Gizachew, M. et al. Streptococcus agalactiae from Ethiopian pregnant women; prevalence, associated factors and antimicrobial resistance: alarming for prophylaxis. *Ann. Clin. Microbiol. Antimicrob*. 2019; 18: 1–9
15. Liu Z. et al. Molecular characteristics and antibiotic resistance mechanisms of clindamycin-resistant Streptococcus agalactiae isolates in China. *Front. Microbiol*. 2023; 14: 1138039.
16. Kamińska D. et al. Macrolide and lincosamide resistance of Streptococcus agalactiae in pregnant women in Poland. *Sci. Rep*. 2024; 14(1): 3877
17. Alcock et al. 2023. CARD 2023: expanded curation, support for machine learning, and resistome prediction at the Comprehensive Antibiotic Resistance Database. *Nucleic Acids Research*, 51(D1):D690-D699
- Zhaomin Cheng, Pinghua Qu, Peifeng Ke, et al. Antibiotic Resistance and Molecular Epidemiological Characteristics of Streptococcus agalactiae Isolated from Pregnant Women in Guangzhou, South China. *Canadian Journal of Infectious Diseases and Medical Microbiology*. 2020; 7: 1-11 DOI:10.1155/2020/1368942
18. Creti R., Imperi M., Khan UB, et al. Emergence of High-Level Gentamicin Resistance in Streptococcus agalactiae Hypervirulent Serotype IV ST1010 (CC452) Strains by Acquisition of a Novel Integrative and Conjugative Element. *Antibiotics (Basel, Switzerland)*. 2024; 13(6): 491.
19. Davies HD, Jones N, Whittam TS, et al. Multilocus sequence typing of serotype III group B streptococcus and correlation with pathogenic potential. *J Infect Dis*. 2004; 189(6): 1097-1102. doi: 10.1086/382087.
20. Bohnsack JF, Whiting A, Gottschalk M, et al. Population structure of invasive and colonizing strains of Streptococcus agalactiae from neonates of six U.S. Academic Centers from 1995 to 1999. *J Clin Microbiol*. 2008; 46(4): 1285-1291. doi:10.1128/JCM.02105-07.
21. Vazquez-Guillen JM, Palacios-Saucedo GC, Rivera-Morales LG, et al. Genomic profiling of Streptococcus agalactiae (Group B Streptococcus) isolates from pregnant women in northeastern Mexico: clonal complexes, virulence factors, and antibiotic resistance. *PeerJ*. 2025; 13: e19454
22. Creti R., Imperi M., Gherardi G., et al. Group B Streptococcus (GBS) Carriage in Pregnant Women: Possible Emergence of Rare Serotypes and Antibiotic Resistance in Neonatal Disease. *Microorganisms*. 2025; 13: 1496.
23. Mohammadi A, Amini C, Bagheri P, Salehi Z, Goudarzi M. Unveiling the genetic landscape of Streptococcus agalactiae bacteremia: emergence of hypervirulent CC1 strains and new CC283 strains in Tehran, Iran. *BMC Microbiol*. 2024; 28; 24(1): 365. doi: 10.1186/s12866-024-03521-z. PMID: 39342084; PMCID: PMC11438095.
24. Gizachew, M., Tiruneh, M., Moges, F. et al. Molecular characterization of Streptococcus agalactiae isolated from pregnant women and newborns at the University of Gondar Comprehensive Specialized Hospital, Northwest Ethiopia. *BMC Infect Dis*. 2020; 20: 35. <https://doi.org/10.1186/s12879-020-4776-7>
25. Khusnutdinova T.A., Shalepo K.V., Budilovskaya O.V., Krysanova A.A., Spasibova E.V., Sinyakova A.A., Tapilskaya N.I., Savicheva A.M., Kogan I.Yu. Surveillance of antimicrobial resistance in Streptococcus agalactiae isolated from pregnant women and newborns in 2010–2022. *Clinical Microbiology and Antimicrobial Chemotherapy*. 2024; 26(2): 194-200.