

© ИТКИС В.Я., КОНЬКОВА-РЕЙДМАН А.Б., 2025

Иткис В.Я.<sup>1</sup>, Конькова-Рейдман А.Б.<sup>2</sup>



<https://elibrary.ru/eksjhw>

## ЭТИОЛОГИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА НОЗОКОМИАЛЬНЫХ ШТАММОВ И СПЕКТР ИХ УСТОЙЧИВОСТИ К АНТИБАКТЕРИАЛЬНЫМ ПРЕПАРАТАМ

<sup>1</sup> Клиника ФГБОУ ВО Южно-Уральский государственный медицинский университет Минздрава России, 454052, Челябинск, Россия;

<sup>2</sup> ГАУЗ «Областная клиническая больница № 3», 454021, Россия, Челябинск, Россия

**Обоснование.** В последнее время отмечается повсеместное распространение устойчивости возбудителей нозокомиальных инфекций к антибактериальным препаратам. Она препятствует эффективному лечению пациентов, способствует формированию хронических, рецидивирующих инфекций. Несмотря на разнообразие препаратов, практически для всех из них существуют ограничения по применению, связанные с природной или приобретенной резистентностью микроорганизмов к действующему веществу. В наибольшей степени проблема антибиотикорезистентности актуальна в стационарах, особенно в условиях реанимационного профиля.

**Цель исследования** – изучить распространённость нозокомиальных штаммов, устойчивых к антибактериальным препаратам из группы  $\beta$ -лактамов в многопрофильной медицинской организации и провести сравнительный анализ резистентности доминирующих возбудителей ИСМП к основным классам антибактериальных препаратов в динамике лет.

**Материалы и методы.** Микробиологический мониторинг проводился по данным Межрегиональной ассоциации по клинической микробиологии и антимикробной химиотерапии (МАКМАХ). Динамика антибактериальной резистентности изучена, согласно онлайн – платформе анализа данных по резистентности к антимикробным препаратам в России – AMR map. Микробиологические (культуральные) исследования на аэробные и факультативно-анаэробные условно-патогенные микроорганизмы проводились культуральным методом.

**Результаты.** Нозокомиальные инфекции в медицинской организации, в подавляющем большинстве представлены условно – патогенными микроорганизмами из группы ESCAPE. Среди основных групп антибиотикорезистентности, чаще прослеживаются штаммы с продуцированием  $\beta$ -лактамаз расширенного спектра действия (БЛРС). Основными микроорганизмами в данной группе явились *Escherichia coli* – 60,8 % и *Klebsiella pneumoniae* – 35,8 %. Чаще всего резистентность к  $\beta$ -лактамным препаратам выявлена у пациентов реанимационного профиля.

**Заключение.** Среди основных групп антибиотикорезистентности, чаще прослеживаются штаммы с продуцированием  $\beta$ -лактамаз расширенного спектра действия (БЛРС). Основными микроорганизмами в данной группе явились *Escherichia coli* и *Klebsiella pneumoniae*. В структуре карбапенемаз и комплексной резистентности (БЛРС + карбапенемазы) ведущую позицию занял штамм *Klebsiella pneumoniae*. Чаще всего резистентность к  $\beta$ -лактамным препаратам выявлена у пациентов реанимационного профиля.

**Ключевые слова:** нозокомиальные штаммы; резистентность;  $\beta$ -лактамазы расширенного спектра (БЛРС); карбапенемазы

**Для цитирования:** Иткис В.Я., Конькова-Рейдман А.Б. Этиологическая структура нозокомиальных штаммов и спектр их устойчивости к антибактериальным препаратам. Эпидемиология и инфекционные болезни. 2025; 30; 4: 314-319

DOI: <https://doi.org/10.51620/3034-1981-2025-30-4-314-319>

EDN: EKSJHW

**Для корреспонденции:** Иткис Всеволод Яковлевич, врач-эпидемиолог, Клиника ФГБОУ ВО Южно-Уральский государственный медицинский университет Минздрава России; Челябинск, Россия, e-mail: vsevoloditkis1997@yandex.ru

**Финансирование.** Финансирование данной работы не проводилось

**Конфликт интересов.** Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

**Благодарность.** Авторы статьи выражают благодарность коллективу бактериологической лаборатории Клиники ЮУГМУ и в частности заведующему лаборатории А.В. Поступовой.

Поступила 21.09.2025

Принята к печати 22.11.2025

Itkis V.Ya.<sup>1</sup>, Konkova – Reidman A.B.<sup>2</sup>

## ETIOLOGICAL STRUCTURE OF NOSOCOMIAL STRAINS AND THE SPECTRUM OF THEIR RESISTANCE TO ANTIBACTERIAL DRUGS

<sup>1</sup> Clinic of the South Ural State Medical University, Ministry of Health of the Russian Federation, 454052, Chelyabinsk, Russia;

<sup>2</sup> State Autonomous Healthcare Institution "Regional Clinical Hospital No. 3", Chelyabinsk, Russia, 454021

**Rationale.** Recently, widespread resistance of nosocomial pathogens to antibacterial drugs has been observed. This resistance hinders effective treatment of patients and contributes to the development of chronic, recurrent infections. Despite the variety of drugs available, virtually all have limitations in use due to natural or acquired microbial resistance to the active substance. The problem of antibiotic resistance is particularly acute in hospitals, especially in intensive care settings.

**The aim** of the study was to assess the prevalence of nosocomial strains resistant to  $\beta$ -lactam antibiotics in a multidisciplinary medical facility and to conduct a comparative analysis of the resistance of the predominant HAI pathogens to the main classes of antibacterial drugs over time.

**Materials and Methods.** Microbiological monitoring was conducted using data from the Interregional Association for Clinical Microbiology and Antimicrobial Chemotherapy (IACMAC). The dynamics of antimicrobial resistance were studied using AMR Map, an online platform for analyzing antimicrobial resistance data in Russia. Microbiological (culture) studies for aerobic and facultative-anaerobic opportunistic microorganisms were conducted using the culture method.

**Results.** Nosocomial infections in healthcare facilities are overwhelmingly represented by opportunistic microorganisms from the

*ESCAPE group. Among the main groups of antibiotic resistance, strains producing extended-spectrum  $\beta$ -lactamases (ESBL) are most frequently observed. The main microorganisms in this group were *Escherichia coli* (60.8%) and *Klebsiella pneumoniae* (35.8%). Resistance to  $\beta$ -lactam agents was most often detected in intensive care patients.*

**Conclusion.** *Among the main groups of antibiotic resistance, strains producing extended-spectrum  $\beta$ -lactamases (ESBLs) are most common. The main microorganisms in this group were *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumonia*. In the structure of carbapenemases and complex resistance (ESBLs and carbapenemases), the *Klebsiella pneumonia* strain took the leading position. Resistance to  $\beta$ -lactam drugs was most often detected in patients in intensive care.*

**Key words:** nosocomial strains; resistance; extended-spectrum beta-lactamases (BLRS); carbapenemases

**For citation:** Itkis V.Ya., Konkova – Reidman A.B. Etiological structure of nosocomial strains and the spectrum of their resistance to antibacterial drugs. *Epidemiologiya I Infektsionnye bolezni (Epidemiology and infectious diseases)*. 2025; 30; 4: 314-319 (in Rus.). DOI: <https://doi.org/10.51620/3034-1981-2025-30-4-314-319>

EDN: EKSJHW

**For correspondence:** Vsevolod Y. Itkis, epidemiologist, Clinic of South Ural State medical university (SUSMU), e-mail: [vsevoloditkis1997@yandex.ru](mailto:vsevoloditkis1997@yandex.ru)

**Information about authors:**

Itkis V.Ya., <https://orcid.org/0009-0007-6852-4483>;  
Konkova – Reidman A.B., <https://orcid.org/0000-0002-6058-0997>.

**Funding.** No funding support has been provided for this work.

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

**Acknowledgments.** The authors of this article express their gratitude to the staff of the bacteriology laboratory of the South Ural State Medical University Clinic, and in particular to the head of the laboratory, A.V. Pospelova.

Received 21.09.2025

Accepted 22.11.2025

## ВВЕДЕНИЕ

В XXI веке проблема антибиотикорезистентности приобрела особую значимость во всем мире. Резистентность к антибиотикам имеет огромное социально-экономическое значение и в развитых странах мира рассматривается как угроза национальной безопасности\*. Согласно оценкам международных экспертов, антимикробная резистентность является причиной более 700 тысяч смертельных случаев ежегодно (в том числе в Европе – 22 тысячи случаев). Предполагается, что к 2050 году эта цифра может увеличиться до 10 млн. человек [1]. При оценке данных многоцентрового исследования распространенности нозокомиальных инфекций в стационарах «ЭРГИНИ» на общее количество госпитализированных пациентов, количество нозокомиальных инфекций в РФ, составляет около 2,3 млн. случаев в год [2].

Среди проблем, связанных с антибиотикорезистентностью нозокомиальной микрофлоры в России, наиболее значимыми являются три:

- метициллинорезистентность или, фактически, полирезистентность у *Staphylococcus aureus* (MRSA);
- полирезистентность и панрезистентность у *Pseudomonas aeruginosa*;
- полирезистентность у ряда грамотрицательных бактерий (*Escherichia coli*, *Klebsiella spp.*, *Proteus spp.* и др.), обусловленная образованием этими бактериями  $\beta$ -лактамаз расширенного спектра (БЛРС), или *Extended-Spectrum  $\beta$ -Lactamases (ESBL)*.

\* Распоряжение Правительства Российской Федерации от 30 марта 2019 г. № 604-р. План мероприятий на 2019 – 2024 годы по реализации Стратегии предупреждения распространения антимикробной резистентности в Российской Федерации на период до 2030 года.

При этом опасность инфицирования бактериями – продуцентами БЛРС обусловлена: резистентностью этих бактерий ко всем пенициллинам и цефалоспоринам, что ограничивает применение важнейших классов антибиотиков; сопутствующая полирезистентность к другим классам антибиотиков (аминогликозидам, фторхинолонам);

частой клинической неэффективность лечения, так как гораздо труднее поддаются антибактериальной терапии, в связи с чем отмечается ухудшение течения инфекций, рост летальности по сравнению с инфекциями, вызванными возбудителями, не продуцирующими БЛРС; экономический ущерб, который связан с усложнением микробиологической диагностики; усилиением инфекционного контроля, необходимостью применять дорогостоящие антибиотики, клинической неэффективностью и дополнительными расходами в связи с увеличением срока пребывания в стационаре [3].

Особое внимание заслуживает распространение MRSA, проявляющего множественную лекарственную устойчивость и содержащего не только различные гены резистентности, но и факторы вирулентности [4]. При этом несомненный научный и практический интерес представляют механизмы формирования антимикробной резистентности, одним из принципиальных патогенетических аспектов которой является ферментативный гидролиз антибиотиков. К настоящему времени описано >1000  $\beta$ -лактамаз, различающихся по субстратной специфичности, чувствительности к действию ингибиторов, локализации генов, отвечающих за их продукцию. Карбапенемазы — ферменты из группы бета-лактамаз, проявляющие способность гидролизовать карбапенемные антибиотики. Рост резистентности к карбапенемам среди нозокомиальных штаммов неферментирующих грам – отрицательных бактерий из семейства *Enterobacteriaceae* отмечается во всем мире. Гены, кодирующие карбапенемазы, входят в состав мобильных генетических элементов (плазиды, транспозоны), что способствует их быстрому распространению в госпитальной среде [5]. В связи с этим необходимо проводить регулярный локальный мониторинг чувствительности этих бактерий к карбапенемам, в каждом стационаре [6,7]. Конвергенция множественной устойчивости и гипервирулентности госпитальных штаммов определяет критически высокий уровень разработки новых антибактериальных препаратов.

**ЦЕЛЬ ИССЛЕДОВАНИЯ** – изучить распространённость нозокомиальных штаммов, устойчивых к антибактериальным препаратам из группы  $\beta$ -лактамов в многопрофильной медицинской организации и провести сравнительный анализ резистентности доминирующих возбудителей ИСМП к основным классам антибактериальных препаратов в динамике лет.

## МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Эпидемиологическая структура нозокомиальных штаммов изучена по данным ежемесячного мониторинга за выявлением инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи. Территориальные показатели микробиологического мониторинга и резистентность к антибактериальным препаратам изучались по алгоритму Межрегиональной ассоциации по клинической микробиологии и антимикробной химиотерапии (МАКМАХ). Динамика антибактериальной резистентности изучена согласно онлайн – платформе анализа данных по резистентности к антимикробным препаратам в России – AMR map. Отбор проб осуществлялся, в случае возникновения у пациентов клиники инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи, по утвержденному методическому руководству «Национальной ассоциации специалистов по контролю инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи» (НАСКИ). Доставка биологического материала осуществлялась согласно утвержденной схеме на основе методических указаний.

Лабораторные исследования проводили силами и средствами бактериологической лаборатории на базе изучаемой многопрофильной медицинской организации. Для бактериологических исследований был отобран биологический материал от 378 пациентов Клиники ФГБОУ ВО ЮУГМУ Минздрава России (далее Клиника ЮУГМУ) хирургического, терапевтического и реанимационного профилей: кровь, моча, раневое отделяемое, мокрота.

Микробиологические (культуральные) исследования на аэробные и факультативно-анаэробные условно-патогенные микроорганизмы проводились культуральным методом. Первичный посев проводился на питательные среды: кровяной агар на основе колумбийского агара сухого (производитель: «Научно-исследовательский центр фармакотерапии (НИЦФ), Россия, Санкт-Петербург); Urinary Tract Infections Chromogenic Agar (UTIC) (производитель: Condalab, Испания). Агар ЭНДО, питательная среда для выделения энтеробактерий (производитель: «Научно-исследовательский центр фармакотерапии (НИЦФ), Россия, Санкт-Петербург); Элективный солевой агар, питательная среда для выделения стафилококков (производитель: «Научно-исследовательский центр фармакотерапии (НИЦФ), Россия, Санкт-Петербург); Агар Сабуро с хлорамфениколом, питательная среда для культивирования грибов (производитель: «Научно-исследовательский центр фармакотерапии (НИЦФ), Россия, Санкт-Петербург); Среды питательные ЮНОНА® во флаконах к анализаторам бактериологическим автоматическим сериям ЮНОНА® LABSTAR, Китай.

Для идентификации выделенных микроорганизмов использовался бактериологический анализатор BD Phoenix M50 (производитель: BD Biosciences, США).

Антибиотикочувствительность проводилась двумя методами: диск-диффузионный метод и при помощи

автоматических систем к бактериологическому анализатору BD Phoenix. При диск-диффузионном методе использовали питательные среды: Мюллера-Хинтона агар, питательная среда для определения чувствительности микроорганизмов к противомикробным лекарственным средствам (производитель: «Научно-исследовательский центр фармакотерапии (НИЦФ), Россия, Санкт-Петербург); Агар Мюллера-Хинтона с лошадиной кровью и  $\beta$ -NAD (производитель: ООО «Средофф», Россия, Санкт-Петербург). При постановке антибиотикочувствительности при помощи автоматических систем использовали: реагенты на панели, для идентификации грам-негативных микроорганизмов и их чувствительности к антибиотикам (BD Phoenix NMIC/ID), США; реагенты на панели, для идентификации грам-положительных микроорганизмов и их чувствительности к антибиотикам (BD Phoenix PMIC/ID), США.

Выявление карбапенемаз проводили иммунохроматографическим методом при помощи тест-системы: Экспресс-тест для определения карбапенемаз КРС, OXA, VIM, NDM в бактериальной колонии из культуры NG – Test CARBA 5, «НГ Биотех», Франция.

Выявление ESBL у энтеробактерий проводили методом «двойных дисков». Для теста использовали: реагенты на дисках для определения чувствительности микроорганизмов к антибиотикам, цефотаксим (5 мкг), цефуроксим (30 мкг), амоксициллин/claveulanовая кислота (30 мкг) (производитель: Bioanalyse, Турция); Мюллера-Хинтона агар, питательная среда для определения чувствительности микроорганизмов к противомикробным лекарственным средствам (производитель: «Научно-исследовательский центр фармакотерапии (НИЦФ), Россия, Санкт-Петербург

## РЕЗУЛЬТАТЫ

Согласно данным Межрегиональной ассоциации по клинической микробиологии и антимикробной химиотерапии (МАКМАХ) и анализу данных резистентности к антимикробным препаратам в России – AMR map, среди нозокомиальных штаммов, доминирующими в 2021 году являлись: *Klebsiella pneumoniae* – 34,76 %; *Acinetobacter baumannii* – 14,29 % и *Escherichia coli* – 13,31 %.

При микробиологическом мониторинге в Уральском федеральном округе, лидирующие позиции в структуре нозокомиальных штаммов занимают *Klebsiella pneumoniae* – 35,07 %; *Acinetobacter baumannii* – 19,65 % и *Pseudomonas aeruginosa* – 12,69 %. Среди нозокомиальных штаммов в Клинике ЮУГМУ за 2021 год ведущую роль занимает *Escherichia coli* – 44,13 %; *Staphylococcus aureus* – 21,36 %.

В 2022 – 2023 годах принадлежность возбудителей ИСМП к основным госпитальным штаммам практически не изменилась, как и в представленной медицинской организации. Исключением стало выделение из биологических материалов больных штаммов *Escherichia coli* в 44,13 % в Клинике ЮУГМУ, в связи с увеличением объемов проводимого микробиологического мониторинга пациентов онкологического отделения с патологией желчных протоков, поступающие в Клинику ЮУГМУ с наличием наружных дренажей. В данном случае выявленный рост кишечной палочки не являлся основным фактором роста ИОХВ.

*Staphylococcus aureus*, показатель которого в Ураль-

ском федеральном округе и в Российской Федерации в целом вырос повсеместно (14,00 % / 11,71 %), в связи с ростом ИОХВ и выделением золотистого стафилококка, как одного из ведущих факторов гнойно-септических осложнений в послеоперационном периоде [8].

В динамике за несколько лет четко прослеживается ведущая роль в формировании нозокомиальных штаммов возбудителей, из группы ESCAPE. По данным литературы эти микроорганизмы составляют более 80 % всех резистентных к карбапенемам нозокомиальных штаммов [9].

Обладая адаптационными возможностями и мобильностью биологических свойств, наряду с формированием резистентности к антибактериальным препаратам, микроорганизмы группы ESCAPE могут изменять патогенный потенциал. Функциональная лабильность бактерий проявляется при действии антибиотиков и разных местных методов лечения, при нахождении в составе биопленки, хроническом течении патологического процесса, что особенно актуально в стационарных условиях [10, 11]. Основной проблемой инфекционной патологии, связанной со способностью бактерий формировать биопленки, является их резистентность к лекарственным препаратам. Многочисленные исследования показали, что целый ряд причин обуславливает повышенную устойчивость биопленочных бактерий. Одной из важнейших причин резистентности к антибиотикам является наличие матрикса, затрудняющего проникновение антимикробных агентов в биопленки.

## ОБСУЖДЕНИЕ

Нами были изучены в динамике три уровня антибиотикорезистентности микроорганизмов:

- продуцирующие карбапенемазы
- продуцирующие  $\beta$ -лактамазы расширенного спектра (БЛРС)
- комплексная продукция БЛРС и карбапенемаз

В динамике трех лет (2021 – 2023 гг.) штаммы бактерий, с возможностью продуцировать  $\beta$ -лактамазы расширенного спектра действия (БЛРС) и карбапенемазы выявлены в посевах:

- кровь – 34,89 %
- моча – 28,76 %
- мокрота – 9,88 %
- отделяемое из раны – 8,31 %

За 2021 год выявлено 95 бактериологических культур основных нозокомиальных штаммов, устойчивых к карбапенемам, из которых 79 (83 %) выявлены в отделениях реанимации и интенсивной терапии. Среди штаммов БЛРС выявле-

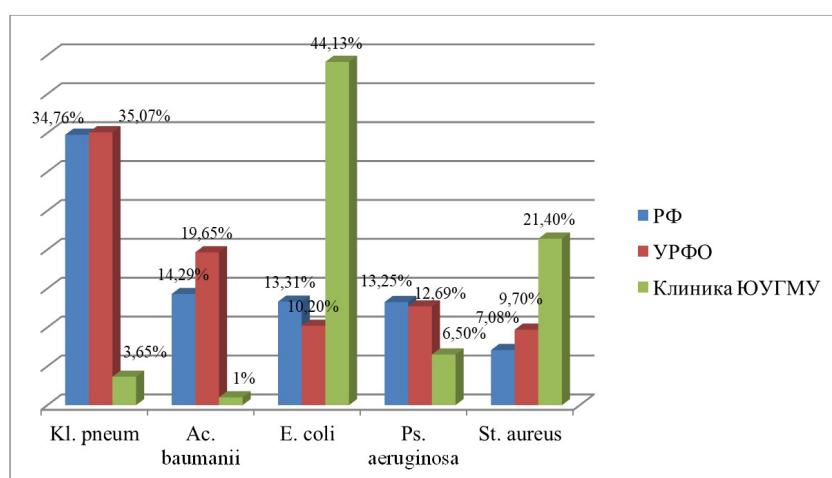


Рис. 1. Структура выявленных штаммов за 2021 г.

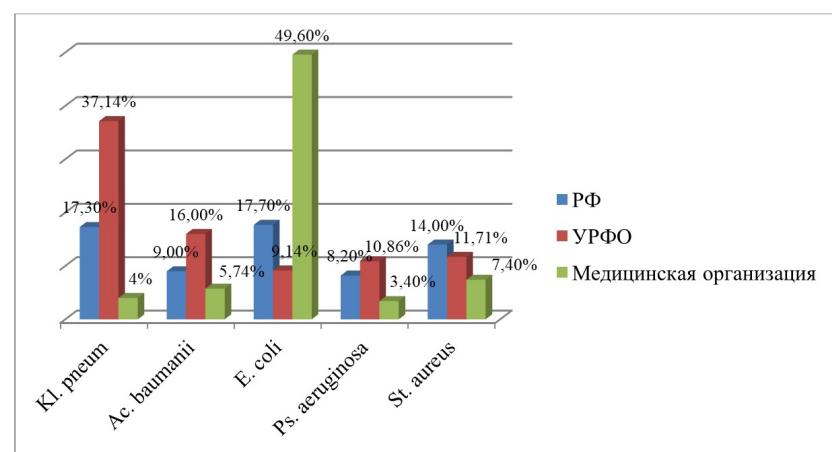


Рис. 2. Структура выявленных штаммов за 2022 – 2023 гг.

но 183 культуры, 90 (49 %) из которых выявлены у пациентов, находящихся на лечении в ОРИТ. В свою очередь, комплексная резистентность (БЛРС + карбапенемазы) была определена в 8 случаях и представлена исключительно одним видом микроорганизма – *Klebsiella pneumoniae* с полирезистентностью к антибактериальным препаратам.

В 2022 году устойчивость к карбапенемам выявлена в 55 бактериальных культурах и представлена тремя ведущими микроорганизмами: *Klebsiella pneumoniae* – 54,5 %; *Pseudomonas aeruginosa* – 23,6 %; *Acinetobacter baumannii* – 5,5 %. Устойчивость к БЛРС прослеживается чаще у *Klebsiella pneumoniae* – 49,5 %, а также *Escherichia coli* – 44,5 %. За год резко увеличилось количество комплексной антибиотикорезистентности (БЛРС + карбапенемазы) и выявлена в 29 культурах, 22 из которых представлены у пациентов ОРИТ.

В 2023 году ведущий показатель среди штаммов БЛРС показал *Escherichia coli* – 70 %. Несмотря на это полирезистентность вновь прослеживается только у *Klebsiella pneumoniae*.

В динамике трёх лет (2021–2023 гг.), чувствительность штаммов с комплексной антибиотикорезистентностью выявлена только к препаратам из группы аминогликозидов: амикацин, гентамицин, но прослеживается в менее 50 % случаев. В связи с этим можно предполагать о наличии сопутствующей полирезистентности штаммов БЛРС к другим классам антибиотиков.

С целью мониторинга эффективности назначения антибактериальной терапии было проведено исследование основных нозокоми-

альных штаммов, выявленных в Клинике ЮУГМУ в спектре устойчивости к используемым препаратам и сравнение с общероссийскими показателями.

В медицинской организации используются следующие антибактериальные препараты:

– **β-лактамы:** Ампициллин сульбактам, Цефепим, Цефепим сульбактам, Цефотаксим, Цефотаксим сульбактам;

– **карбапенемы:** Имипенем, Меропенем, Эртапенем.

Как следует из материалов таблицы 1, в которой представлена сравнительная динамика показателей резистентности основных нозокомиальных штаммов за 2021 – 2023 гг.

#### *Acinetobacter baumannii*

Данный микроорганизм показывает подавляющую резистентность к меропенему в РФ с показателем 87,2 % и 64,3 % в Клинике ЮУГМУ соответственно. В последующие годы в РФ прослеживается увеличение данного показателя – 88,24 %, когда в Клинике ЮУГМУ составил 33,3 %, при этом показав достаточно высокую устойчивость – 66,7 %.

#### *Pseudomonas aeruginosa*

В клинической практике для лечения ИСМП, обусловленных данным микроорганизмом используются преимущественно подкласс β – лактамных антибиотиков (карбапенемы). β – лактамные антибиотики также включают цефалоспорины, монобактамы и пенициллины. При использовании антибактериальных схем в виде моно – терапии с меропенемом устойчивость составляет более 50 %, что соответствует данным других исследований. Резистентность к β – лактамам у *P. aeruginosa* может быть обусловлена тремя механизмами: выработка неконститутивных (адаптивных) β – лактамаз; снижение проницаемости мембранны; и эффлукс зависимое удаление антибиотика из периплазматического пространства. У многих нозокомиальных штаммов (> 40 %) эти механизмы сочетаются друг с другом [12].

#### *Klebsiella pneumonia*

*Kl. pneumoniae* обладает немногочисленными, но эффективными факторами вирулентности, обеспечивающими развитие всех стадий инфекционного процесса, включая адгезию и колонизацию, инвазию и защиту от иммунных эффекторов. Основные вирулентные свойства реализуются за счет капсулы, липополисахарида (ЛПС), пилей, сидерофоров, колибактина и белков наружной мембранны. В геноме некоторых штаммов клебсиелл обнаруживались гены и других потенциальных факторов вирулентности, таких как протеаза HtrA и фосфолипаза D [13]. Главная причина опасности современных госпитальных штаммов *K. pneumoniae* кроется в их способности проявлять нечувствительность к антибиотикам. Именно резистентность делает данный микроорганизм занимает лидирующие позиции среди нозокомиальных штаммов. *Kl. pneumoniae* обладает природной (видовой) резистентностью к незащищенным пенициллинам, включая ампициллин, а также к макролидам, гликопептидам, линкозамидам, рифампицину, линезолиду [14].

Адаптивная резистентность *Kl. pneumoniae* детерминируется внутренними генетическими перестройками или генетическим материалом, приобретенным клебсиеллами путем горизонтального переноса от ре-

Таблица 1  
Сравнительная динамика федеральных и локальных (Клиника ЮУГМУ) показателей резистентности основных нозокомиальных штаммов за 2021–2023 гг.

<i>Acinetobacter baumannii</i>						
Препарат	Резистентность %					
	R (resistant)		S (sensitive)		I (intermediate)	
	РФ	Клиника ЮУГМУ	РФ	Клиника ЮУГМУ	РФ	Клиника ЮУГМУ
Меропенем	88,24	33,3	8,0	66,7	3,8	-

<i>Pseudomonas aeruginosa</i>						
Препарат	Резистентность %					
	R (resistant)		S (sensitive)		I (intermediate)	
	РФ	Клиника ЮУГМУ	РФ	Клиника ЮУГМУ	РФ	Клиника ЮУГМУ
Меропенем	33,8	34,0	50,8	56,3	15,4	9,7

<i>Klebsiella pneumonia</i>						
Препарат	Резистентность %					
	R (resistant)		S (sensitive)		I (intermediate)	
	РФ	Клиника ЮУГМУ	РФ	Клиника ЮУГМУ	РФ	Клиника ЮУГМУ
Меропенем	56,7	50,0	35,7	50,0	7,6	-
Эртапенем	72,7	54,0	27,3	46,0	-	-
Цефотаксим	87,2	53,9	11,6	46,1	1,2	-

зистентного микробного окружения. Адаптивная резистентность может обеспечить защиту клебсиелл от всех известных классов АМП.

В группе карбапенемов по меропенему, данный штамм показывает более 50 % резистентность. Это прослеживается на всех территориальных уровнях. Устойчивость к данному препарату, в федеральной статистике, согласно онлайн – платформе анализа данных по резистентности к антимикробным препаратам в России – AMR map составляет более 30 %, а в Клинике ЮУГМУ достигает до 50 %. По эртапенему, несмотря на большую резистентность на федеральном уровне, локально в медицинских организациях, правильное назначение препарата, также может привести к положительному терапевтическому эффекту.

Чувствительность *Kl. pneumoniae* к цефотаксиму в Клинике ЮУГМУ гораздо превышает федеральные показатели, что указывает правильность выбора данного препарата.

Такая же динамика в Клинике ЮУГМУ прослеживается и при назначении препарата из этой группы – цефепима, но высокие федеральные показатели резистентности к данному препарату, указывают на его неадекватное назначение, а соответственно возможному ускорению перехода микроорганизма в полирезистентность.

Контроль нозокомиальных инфекций, вызванных *Kl. pneumoniae* может быть достигнут путем сочетания эпидемиологических мероприятий и организации рациональной, микробиологически обоснованной стратегии использования антибиотиков [15].

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Таким образом, полученные результаты свидетельствуют о распространенности нозокомиальных инфекций в Клинике ЮУГМУ, этиологически обусловленных в подавляющем большинстве условно – патогенными микроорганизмами из группы ESCAPE. Среди основных групп антибиотикорезистентности, чаще просле-

живаются штаммы с продуцированием  $\beta$ -лактамаз расширенного спектра действия (БЛРС). Основными микроорганизмами в данной группе явились *Escherichia coli* – 60,8 % и *Klebsiella pneumonia* – 35,8 %. В структуре карбапенемаз и комплексной резистентности (БЛРС + карбапенемазы) ведущую позицию занял штамм *Klebsiella pneumonia*, который составил около 70 %. Чаще всего резистентность к  $\beta$ -лактамным препаратам выявлена у пациентов реанимационного профиля. Связано это с тяжестью клинической картины и сопутствующими факторами, таких как занос инфекции с руками медицинского персонала при уходе за мочевыми катетерами и раневыми поверхностями. Анализ данных резистентности к антимикробным препаратам выявил рост резистентности основных нозокомиальных штаммов по РФ. Несмотря на это, в Клинике ЮУГМУ, факт некорректного назначения антибактериальных препаратов выявлен не был, и с годами устойчивость препаратов к микроорганизмам возрастает. Улучшение качества комплексной работы медицинских работников на всех уровнях (средний медицинский, врачи) и постоянный микробиологический контроль со стороны госпитальных эпидемиологов и клинических фармакологов, приведет к сокращению сроков госпитализации и улучшению исходов лечения.



## ЛИТЕРАТУРА (п. 3, 5-7, 9, 13 см.)

## REFERENCES

1. World Health Organization. Global Action Plan on Antimicrobial Resistance. 2016]. <https://www.who.int/publications/item/9789241509763>
2. Yakovlev S.V., Suvorova M.P., Beloborodov V.B., Basin E.E., Eliseev E.V., Kovelenov S.V., Portiyagina U.S., Rog A.A., Rudnov V.A., Barkanova O.N. Multicentre Study of the Prevalence and Clinical Value of Hospital-Acquired Infections in Emergency Hospitals of Russia: ERGINI Study Team 2016; 61: 5–6. (In Russ.).
3. Opal S.M., Medeiros A.A. Molecular mechanisms of antibiotic resistance in bacteria. In: Mandel G.L., Bennett J.E., Dolin R. (eds.). Principles and Practice of Infectious Diseases. 6th ed. Philadelphia: Churchill Livingstone. 2004; 253–270.
4. Байракова А.Л., Гречишникова О.Г., Егорова Е.А., Воропаева Е.А. Изучение лекарственной устойчивости коллекционных штаммов оксациллин-устойчивых изолятов *Staphylococcus* sp. Эпидемиология и инфекционные болезни. 2025; 30 (3): 202-206 DOI: <https://doi.org/10.51620/3034-1981-2025-30-3-202-206> EDN: TBXJNS
5. Partridge SR, Kwong SM, Firth N, Jensen SO. (eds.). Mobile genetic elements associated with antimicrobial resistance. Clin Microbiol Rev. 2018; 31 (4). <https://doi.org/10.1128/CMR.00088-17>
6. Bassetti M, Vena A, Croxatto A, Righi E, Guery B. (eds.). How to manage *Pseudomonas aeruginosa* infections. Drugs Context. 2018; Vol. 7. <https://doi.org/10.7573/dic.212527>
7. Karaïskos I, Giannarellou H. (eds.). Multidrug-resistant and extensively drugresistant Gram-negative pathogens: current and emerging therapeutic approaches. Expert Opin Pharmacother. 2014; 1351–1370. <https://doi.org/10.1517/14656566.2014.914172>
8. Morozov A.M., Sergeev A.N., Zhukov S.V., Morozova A.D., Muravlyantseva M.M., Sobol E.A. *Staphylococcus aureus* and its role in the development of surgical site infection. Doctor. 2022; 33 (10): 33–36. <https://doi.org/10.29296/25877305-2022-10-05> (In Russ.).
9. Tacconelli E, Buhl M, Humphreys H, Malek V, Prester E, Rodriguez-Bano J. (eds.). EUCIC StopNegative group. Analysis of the challenges in implementing guidelines to prevent the spread of multidrug-resistant gramnegatives in Europe. BMJ Open. 2019; 9. <https://doi.org/10.1136/bmjopen-2018-027683>
10. Andryukov B.G., Somova L.M., Matosova E.V., Lyapun I.N. Phenotypic plasticity as a strategy of bacterial resistance and an object of advanced antimicrobial technologies (review). Sovremennye tehnologii v medicine 2019; 11(2): 164–182. doi: 10.17691/stm2019.11.2.22.
11. Briko N.I., Brusin E.B., Zuev L.P., Kovalishena O.V., Ryapis L.A., Stasenko V.L. et al. Hospital strains – the unknown reality. Epidemiology and Vaccine Prevention. 2013; 1 (68): 30 – 35. (In Russ.).
12. Chebotar I.V., Bocharova Yu.A., Mayansky N.A. Mechanisms and regulation of antimicrobial resistance in *Pseudomonas aeruginosa*. 2017; 19 (4): 309 p. (In Russ.).
13. Lery L.M., Frangeul L., Tomas A., Passet V., Almeida A.S. (eds.). Comparative analysis of *Klebsiella pneumoniae* genomes identifies a phospholipase D family protein as a novel virulence factor. BMC Biol. 2014; 12–41 doi: 10.1186/1741-7007-12-41
14. Yarets Y.I. Pathogenic potential of ESKAPE group bacteria isolated from wounds: characterization of phenotypic and genotypic markers and possibility of their practical application. Journal of the Grodno State Medical University. 2022; 20(4): 400–413. (In Russ.). <https://doi.org/10.25298/2221-8785-2022-20-4-400-413>
15. Chebotar I.V., Bocharova Y.A., Podoprigora I.V., Shagin D.A. The reasons why *Klebsiella pneumoniae* becomes a leading opportunistic pathogen. 2020; 22 (1) 4–19. (In Russ.). doi: 10.36488/cmac.2020.1.4-19.

## REFERENCES

