

УДК 579.252

СВЯЗЬ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕТЕРМИНАНТ И ФЕНОТИПИЧЕСКИХ ХАРАКТЕРИСТИК ГИПЕРВИРУЛЕНТНОСТИ У КЛИНИЧЕСКИХ ШТАММОВ *K. PNEUMONIAE*

А. А. Самойлова, Л. А. Краева, Д. Д. Светлов

Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

RELATIONSHIP OF GENETIC DETERMINANTS AND PHENOTYPICAL CHARACTERISTICS OF HYPERVIRULENCE IN CLINICAL *K. PNEUMONIAE* STRAINS

A. A. Samoilova, L. A. Kraeva, D. D. Svetlov

St. Petersburg Pasteur Research Institute of Epidemiology and Microbiology, St. Petersburg, Russia

Цель. Определить связь между генетическими детерминантами и фенотипическими характеристиками гипервирулентности у клинических штаммов *Klebsiella pneumoniae*.

Материалы и методы. В исследовании использовали 85 клинических штаммов *K. pneumoniae*, полученных от госпитализированных пациентов Санкт-Петербурга. Фенотипические характеристики гипервирулентности определяли при помощи «стринг-теста» [1]. Генотипические детерминанты гипервирулентности (*iroB*, *entB*, *iucA*, *iutA*, *irp2*, *MagA*, *Wzy*, *prmpA*, *prmpA2*, *crmpA*) [2–4] определяли при помощи ПЦР. Ожидаемые размеры ампликонов подтверждали электрофорезом. Для оценки достоверности различий между долями использовали критерий Фишера. Расчеты производили с помощью программного пакета Microsoft Excel. Выбранный уровень достоверности составлял 0,99.

Результаты и их обсуждение. Среди исследованных штаммов *K. pneumoniae* на основании «стринг-теста» было выявлено 32,9% изолятов с гипермукоидным фенотипом. Гены синтеза сидерофоров энтеробактина (*entB*), сальмокселина (*iroB*) и иерсиниабактина (*irp2*), были обнаружены у 100%, 18,8% и 80% штаммов соответственно. Гены синтеза сидерофора аэробактина *iucA* и *iutA*

были характерны для 30,6% и 78,8% изолятов. Плазмидные гены регуляторов мукоидного фенотипа (*prmpA* или *prmpA2*) присутствовали в 55,3% и 76,5% штаммах, а хромосомный ген *crmpA* обнаружен не был. Гены *MagA* и *wzy*, связанные с капсульными типами K1 и K2, были характерны для 8,2% и 30,6% штаммов.

Генетические маркеры *iucA*, *rpmA/rmpA2* и *iroB* обычно расположены на плазмиде вирулентности и на основании данных литературы наиболее часто связаны с гипервирулентностью. В проведенном исследовании у 16% штаммов вышеперечисленные гены присутствовали одновременно. 92,8% штаммов, имеющих данную комбинацию генов, показали положительный результат стринг-теста. У 100% штаммов, не имеющих ни одного из данных генов, результат стринг-теста был отрицательный.

Заключение. При отрицательном результате стринг-теста в 100% случаев наблюдалось отсутствие комбинации генов *iucA*, *rpmA/rmpA2* и *iroB*. В то же время сделать вывод о вирулентности штамма по результатам стринг-теста не представляется возможным вследствие большого количества ложноотрицательных результатов, связанных с отсутствием гипермукоидного фенотипа у значительного числа штаммов, обладающих генетическими детерминантами вирулентности.

ЛИТЕРАТУРА/REFERENCES

1. Russo T.A., Olson R., Fang C.T., Stoesser N., Miller M., MacDonald U., Hutson A., Barker J.H., La Hoz R.M., Johnson J.R. Identification of Biomarkers for Differentiation of Hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* from Classical *K. pneumoniae* // *Journal of Clinical Microbiology*. 2018. Vol. 56, No. 9. e00776–18. doi: 10.1128/JCM.00776-18.

2. Parrott A.M., Shi J., Aaron J., Green D.A., Whittier S., Wu F. Detection of multiple hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* strains in a New York City hospital through screening of virulence genes // *Clinical Microbiology and Infection*. 2021. Vol. 27, No. 4. P. 583–589. doi: 10.1016/j.cmi.2020.05.012.
3. Turton J.F., Baklan H., Siu L.K., Kaufmann M.E., Pitt T.L. Evaluation of a multiplex PCR for detection of serotypes K1, K2 and K5 in *Klebsiella* sp. and comparison of isolates within these serotypes // *FEMS Microbiology Letters*. 2008. Vol. 284. P. 247–252. doi: 10.1111/j.1574-6968.2008.01208.x.

УДК [618.3+618.15-022]-071.1

РОЛЬ ИССЛЕДОВАНИЯ «ФЕМОФЛОР-16» В ДИАГНОСТИКЕ ВАГИНАЛЬНЫХ ИНФЕКЦИЙ ВО ВРЕМЯ БЕРЕМЕННОСТИ

А. Н. Приходько, Т. Н. Захаренкова

Гомельский государственный медицинский университет, Гомель, Республика Беларусь

THE ROLE OF THE FEMOFLO-16 STUDY IN THE DIAGNOSIS OF VAGINAL INFECTIONS DURING PREGNANCY

A. N. Prikhodko, T. N. Zakharenkova

Gomel State Medical University, Gomel, Republic of Belarus

Современные возможности лабораторной диагностики позволяют более подробно изучить нарушения вагинального микробиома. Одной из таких методик является «Фемофлор-16» [1–4]. «Фемофлор-16» содержит 16 показателей, которые позволяют выявить дисбиоз различной степени выраженности. Определить количественную характеристику условно-патогенных анаэробов, лактобактерий, входящих в состав нормальной микрофлоры.

Цель. Определить роль исследования «Фемофлор-16» в диагностике вагинальных инфекций у беременных.

Материалы и методы. Обследованы беременные I триместра, у которых в результате бактериоскопического исследования вагинального отделяемого были выявлены признаки вагинита. Данные обследуемые вошли в основную группу — 56 беременных. В группу сравнения вошли беременные, у которых по результатам бактериоскопического исследования вагинального отделяемого, не было признаков вагинита, не было никаких жалоб — 22 обследуемых. Всем обследуемым проводилось исследование вагинального отделяемого методом «Фемофлор-16».

Все обследуемые женщины не имели тяжелой экстрагенитальной патологии и не требовали прерывания беременности по показаниям со стороны

матери и плода. Статистический анализ производился в системе MedCalc_10.2.0.0. Обработка результатов проведена с помощью метода χ^2 для оценки значимости различий частот наблюдений. Различия считались статистически значимыми при $p < 0,05$.

Результаты и их обсуждение. Основная группа включила в себя 56 беременных первого триместра, у которых при бактериоскопическом исследовании вагинального отделяемого были патологические изменения (лейкоциты в большом количестве, индекс воспаления >1 , «ключевые клетки»). Группу сравнения составили 22 беременных первого триместра с результатом бактериоскопического исследования вагинального, отделяемого без патологических изменений. Исследование проводилось на базе женских консультаций и гинекологических отделений города Гомеля.

В основной группе распределение заключений результатов «Фемофлор-16» имело следующий вид: абсолютный нормоценоз встречался у 20 (35,7%) беременных, условный нормоценоз — у 15 (26,8%) беременных, умеренный анаэробный дисбиоз — у 5 (8,9%) беременных, условный нормоценоз + *Candida spp.* (в превышающих пороговые значения цифрах) — у 3 (5,4%) беременных, умеренный анаэробный дисбиоз — у 5 (8,9%) беременных,