

ЭТИОЛОГИЯ ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИИ У ДЕТЕЙ И ВЗРОСЛЫХ ПО РЕЗУЛЬТАТАМ БАКТЕРИОЛОГИЧЕСКИХ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ В 2015–2022 гг.



В.И. Сергевнин¹, М.В. Рожкова¹, К.В. Овчинников², Е.Ж. Кузовникова³

¹ ФГБОУ ВО Пермский государственный медицинский университет имени академика Е.А. Вагнера Минздрава России, г. Пермь, Россия

² ГКУЗ ПК Пермский краевой центр по профилактике и борьбе со СПИД и инфекционными болезнями, г. Пермь, Россия

³ ФБУЗ Центр гигиены и эпидемиологии в Пермском крае Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, г. Пермь, Россия

Резюме. Сведения об этиологии внебольничной пневмонии (ВП) противоречивы. Нередко этиологию ВП оценивают лишь по данным бактериологических исследований и приходят к выводу о низкой частоте выделения основного возбудителя — *Streptococcus pneumoniae*. В то же время очень мало наблюдений параллельного обследования больных ВП одновременно двумя методами — бактериологическим и молекулярно-генетическим. Отсутствуют наблюдения за этиологией ВП в многолетней динамике. Цель работы — изучить этиологию ВП у детей и взрослых по результатам бактериологических и молекулярно-генетических исследований в 2015–2022 гг. Этиологию пневмонии оценивали по результатам исследований смывов с задней стенки глотки 418 детей и 483 взрослых, госпитализированных с первичным диагнозом ВП в две медицинские организации г. Перми в 2015–2022 гг. Пробы исследовали бактериологическим методом и в полимеразной цепной реакции с использованием коммерческих тест-систем. Использовали амплификатор «CFX96» (Bio-Rad, США). Результаты показали, что *S. pneumoniae*, несмотря на проведение декретированных прививок против пневмококковой инфекции, остается ведущим возбудителем ВП как у детей, так и взрослых. На изучаемой территории среди детей и взрослых в среднем частота выделения пневмококка по данным бактериологических исследований составила 9,7 на 100 обследованных, по данным молекулярно-генетических исследований — 48,5 на 100 обследованных. По данным бактериологических исследований в 2021–2022 гг. по сравнению 2015–2017 гг. среди детей статистически значимо увеличилась частота выделения *Staphylococcus aureus*, среди взрослых — *S. pneumoniae*. По результатам молекулярно-генетических исследований среди детей и взрослых статистически значимых изменений в этиологии ВП не произошло. В 2021–2022 гг. у больных ВП, инфицированных SARS-CoV-2, по сравнению с SARS-CoV-2-негативными, было выявлено более частое выделение *S. aureus*, *Klebsiella pneumoniae* и *Haemophilus influenzae*, то есть тех возбудителей, количество которых возросло в многолетней динамике наблюдений.

Ключевые слова: внебольничная пневмония, дети, взрослые, бактериологический метод, молекулярно-генетический метод, виды бактерий, респираторные вирусы.

Адрес для переписки:

Рожкова Марина Владимировна
614990, Россия, г. Пермь, ул. Петропавловская, 26,
ФГБОУ ВО Пермский государственный медицинский
университет им. акад. Е.А. Вагнера МЗ РФ.
Тел.: 8 965 572-35-11.
E-mail: rozhkovamary@yandex.ru

Contacts:

Marina V. Rozhkova
614990, Russian Federation, Perm, Petropavlovskaya str., 26,
Perm State Medical University named after academician E.A. Wagner.
Phone: +7 965 572-35-11.
E-mail: rozhkovamary@yandex.ru

Для цитирования:

Сергевнин В.И., Рожкова М.В., Овчинников К.В., Кузовникова Е.Ж. Этиология внебольничной пневмонии у детей и взрослых по результатам бактериологических и молекулярно-генетических исследований в 2015–2022 гг. // Инфекция и иммунитет. 2023. Т. 13, № 5. С. 972–978. doi: 10.15789/2220-7619-EOC-10360

Citation:

Sergevnin V.I., Rozhkova M.V., Ovchinnikov K.V., Kuzovnikova E.Zh. Etiology of community-acquired pneumonia in children and adults based on 2015–2022 bacteriological and molecular genetic studies // Russian Journal of Infection and Immunity = Infektsiya i immunitet, 2023, vol. 13, no. 5, pp. 972–978. doi: 10.15789/2220-7619-EOC-10360

ETIOLOGY OF COMMUNITY-ACQUIRED PNEUMONIA IN CHILDREN AND ADULTS BASED ON 2015–2022 BACTERIOLOGICAL AND MOLECULAR GENETIC STUDIES

Sergevnin V.I.^a, Rozhkova M.V.^a, Ovchinnikov K.V.^b, Kuzovnikova E.Zh.^c

^a Perm State Medical University named after Academician E.A. Wagner, Perm, Russian Federation

^b Perm Regional Center for Control and Prevention of AIDS and Infectious Diseases, Perm, Russian Federation

^c Perm Center of Hygiene and Epidemiology in Perm Region of the Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing, Perm, Russian Federation

Abstract. The data on etiology of community-acquired pneumonia (CAP) remain contradictory, which is often assessed only according to bacteriological studies coming to a conclusion about the low frequency of major main pathogen *Streptococcus pneumoniae* isolation. At the same time, there are very few observations of parallel examination of patients with CAP simultaneously by bacteriological and molecular genetic methods. There are no observations on the etiology of CAP in the long-term dynamics. The aim of the work is to analyze the etiology of CAP in children and adults based on 2015–2022 bacteriological and molecular genetic studies. The etiology of pneumonia was assessed using the data on posterior pharyngeal wall washes from 418 children and 483 adults hospitalized with a primary diagnosis of CAP at two large Perm medical organizations in 2015–2022. The samples were examined by the bacteriological method and polymerase chain reaction using commercial test systems with the amplifier “CFX96” (Bio-Rad, USA). The results showed that *S. pneumoniae*, despite implementing decreed vaccinations against pneumococcal infection, it remains the leading causative agent of CAP in both children and adults. The 2015–2022 frequency of pneumococcal discharge according to bacteriological studies was 9.7 per 100 examined, according to molecular genetic studies — 48.5 per 100 examined among children and adults in the study area. According to 2021–2022 vs 2015–2017 bacteriological studies, the frequency of *Staphylococcus aureus* excretion among children increased significantly, and *S. pneumoniae* increased among adults. According to the results of molecular genetic studies among children and adults, no significant changes in the etiology of CAP were found. In 2021–2022, SARS-CoV-2-positive vs SARS-CoV-2-negative patients with CAP infected had higher rate of isolated *S. aureus*, *Klebsiella pneumoniae* and *Hemophilus influenzae*, i.e., those pathogens whose number increased in the long-term follow-up observations.

Key words: community-acquired pneumonia, children, adults, bacteriological method, molecular genetic method, bacterial species, respiratory viruses.

Введение

Внебольничная пневмония (ВП) является полиэтиологическим инфекционным заболеванием бактериальной или вирусной природы [5]. Между тем вопрос этиологической расшифровки ВП в практике остается проблемным, поскольку не все пациенты с подозрением на это заболевание лабораторно обследуются, а методы лабораторной диагностики, применяемые в разных медицинских организациях (МО), не идентичны и не ориентированы на обнаружение максимального количества видов возбудителей ВП. Трудности этиологической диагностики ВП, кроме того, определяются отсутствием универсального информативного субстрата для исследования. Диагностическая ценность микробиологического исследования мокроты «сдерживается» тем, что нередко у больных пневмонией кашель имеет непродуктивный характер. Кроме того, при естественном откашливании мокрота может быть контаминирована микрофлорой глотки, зева и ротовой полости. Поэтому для этиологической расшифровки ВП допускается исследование мазков из ротоглотки и носоглотки [2, 5].

Сведения об этиологии ВП противоречивы. Очень часто этиологию ВП оценивают лишь по данным бактериологических исследований

и нередко приходят к выводу о низкой частоте выделения основного возбудителя — *Streptococcus pneumoniae*. В то же время очень мало наблюдений параллельного обследования больных ВП одновременно двумя методами — бактериологическим и молекулярно-генетическим. Отсутствуют наблюдения за этиологией ВП в многолетней динамике. Между тем в последние 10 лет в жизни общества Российской Федерации произошли социальные изменения, которые могли оказать существенное влияние на этиологию ВП. Так, с 2014 г. в России введены декретированные прививки детского населения против пневмококковой инфекции, а в 2020–2022 гг. отмечена эпидемия новой коронавирусной инфекции.

Цель исследования — изучить этиологию внебольничной пневмонии у детей и взрослых по результатам бактериологических и молекулярно-генетических исследований в 2015–2022 гг.

Материалы и методы

Этиологию ВП оценивали по результатам бактериологических и молекулярно-генетических исследований смывов с задней стенки глотки 981 пациента (418 детей и 483 взрослых), госпитализированного с первичным диагнозом «Внебольничная пневмония» (коды

по МКБ-10: J13–J18) в 2015–2022 гг. в две крупные МО г. Перми. Средний возраст детей был $3,5 \pm 0,2$ года, взрослых — $65,0 \pm 2,3$ года соответственно. Обязательным условием при проведении работы было наличие подписанного добровольного информированного согласия участников, а для лиц, не достигших 18 лет, — одного из родителей. Отбор проб проводили в первые 2 дня госпитализации в соответствии с методическими указаниями [7].

Бактериологическое исследование мазков из носоглотки на наличие условно-патогенных бактерий осуществляли в лабораториях двух МО, являвшихся базами для госпитализации пациентов с ВП. Молекулярно-генетические исследования на наличие ДНК/РНК ряда вирусов и трудно культивируемых бактерий проводили в лаборатории Центра гигиены и эпидемиологии в Пермском крае методом ПЦР в режиме реального времени с использованием наборов ре-

агентов производства ООО «ИнтерЛабСервис», позволяющих выявить: ДНК *S. pneumoniae*; ДНК *H. influenzae*; ДНК *N. meningitidis*; ДНК *Chlamyphila pneumoniae*; ДНК *M. pneumoniae*; ДНК *Chlamyphila psittaci*; ДНК *L. pneumophila*; РНК гриппа А; РНК гриппа В; РНК гриппа H1N1 pdm2009; РНК парагриппа 1, 2, 3, 4; РНК РС-вируса; РНК риновируса; ДНК аденовируса. Использовали амплификатор «CFX96» (BioRad, США).

В 2021–2022 гг. все пациенты (142 ребенка и 190 взрослых) при поступлении в стационар были обследованы на SARS-CoV-2 методом ПЦР.

Статистическую обработку материалов проводили с использованием программ Statistica 6 и WinPepi, версия 11.65 (автор — профессор Joe Abramson, Израиль). Статистическую значимость различий показателей определяли путем расчета критерия согласия χ^2 , при малом числе наблюдений — точного критерия Фишера.

Таблица 1. Частота выделения возбудителей внебольничной пневмонии у больных детей и взрослых по данным бактериологических исследований за 2015–2022 гг.

Table 1. Frequency of isolation of pathogens of community-acquired pneumonia in sick children and adults according to bacteriological studies for 2015–2022

Микроорганизмы Microorganisms	Частота выделения микроорганизмов на 100 обследованных Frequency of isolation of microorganisms per 100 examined		
	Дети Children n = 418	Взрослые Adults n = 479	Всего Total n = 897
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	3,1 (1,7–5,3)	15,4 (12,3–19,0)	9,7 (7,8–11,8)
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	2,9 (1,5–4,9)	7,1 (4,9–9,7)	5,1 (3,8–6,7)
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	1,9 (0,8–3,7)	3,5 (2,1–5,6)	2,8 (1,8–4,1)
<i>Staphylococcus aureus</i>	7,2 (4,9–10,1)	3,9 (2,4–6,1)	4,1 (2,9–5,6)
<i>Haemophilus influenzae</i>	0,2 (0,01–1,3)	1,7 (0,7–3,2)	1,0 (0,5–1,9)
<i>Escherichia coli</i>	0,9 (0,3–2,4)	2,9 (1,6–4,8)	2,5 (1,6–3,8)
<i>Candida albicans</i>	2,8 (1,5–4,9)	1,2 (4,5–2,7)	2,0 (1,2–4,1)
<i>Enterococcus faecalis</i>	0,2 (0,01–1,3)	1,7 (0,7–3,2)	1,0 (0,5–1,9)
<i>Streptococcus viridans</i>	0	1,2 (0,7–3,2)	0,6 (0,3–1,4)
<i>Klebsiella oxytoca</i>	0	0,6 (0,7–3,2)	0,3 (0,1–0,9)
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	0,5 (0,01–1,3)	1,2 (0,7–3,2)	0,9 (0,4–1,7)
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	0	1,2 (0,7–3,2)	0,6 (0,3–1,4)
<i>Acinetobacter baumannii</i>	0,2 (0,01–1,3)	1,7 (0,7–3,2)	1,0 (0,5–1,9)
<i>Neisseria meningitidis</i>	0	1,2 (0,7–3,2)	0,6 (0,3–1,4)
<i>Streptococcus oralis</i>	1,2 (0,4–2,7)	2,5 (1,3–4,3)	1,9 (1,1–3,0)

Результаты

По данным бактериологических исследований в целом за 2015–2022 гг. у больных детей выделили 89 штаммов 10 видов бактерий, у взрослых — 229 штаммов 15 видов (табл. 1). У детей доминировали *S. pneumoniae* (3,1 на 100 обследованных), *Klebsiella pneumoniae* (2,9) и *Staphylococcus aureus* (7,2). Нередко встречались *Candida albicans* и *Pseudomonas aeruginosa*. У взрослых преобладали *S. pneumoniae* (15,4 на 100 обследованных) и *K. pneumoniae* (7,1). В сумме среди детей и взрослых частота выделения *S. pneumoniae* составила 9,7 на 100 обследованных пациентов, что оказалось статистически значимо выше, чем других микроорганизмов ($p < 0,05$ во всех случаях). Доля пневмококка в сумме всех выделенных возбудителей составила 28,2. Интенсивность выделения *K. pneumoniae*, *S. aureus*, *P. aeruginosa* составила 5,1, 4,1, 2,8 на 100 обследованных соответственно, других возбудителей — лишь 0,3–1,9. Доля указанных трех возбудителей оказалась равной 14,9, 11,9, 8,1% соответственно, прочих микроорганизмов — 0,9–5,5%.

По результатам ПЦР у детей выделили маркеры 452 штаммов 7 видов микроорганизмов, у взрослых — 181 штамма 8 видов (табл. 2). У детей доминировали маркеры *S. pneumoniae* (77,3 на 100 обследованных), *Hemophilus influenzae* (10,5) и *Mycoplasma pneumoniae* (15,3). У взрослых ведущее место занимали *S. pneumoniae* (23,4), *H. influenzae* (5,0) и *M. pneumoniae* (6,7). В целом у детей и взрослых, так же как и по данным бактериологических анализов, ведущую роль играл *S. pneumoniae*, частота которого составила 48,5 на 100 (по отношению к показателю частоты выделения других возбудителей $p < 0,05$ во всех случаях). Его доля в структуре маркеров всех возбудителей составила 68,7%. Частота выделения маркеров таких микроорганизмов как *M. pneumoniae* и *H. influenzae* составила 10,7 и 7,6 на 100 обследованных соответственно, а их доля — 15,2 и 10,7%. Маркеры вирусов (РНК вируса гриппа H1N1 и РНК риновируса) были обнаружены лишь в единичных случаях.

Оценка результатов бактериологических исследований в многолетней динамике показала (табл. 3), что в 2021–2022 гг. по сравнению 2015–

Таблица 2. Частота выделения возбудителей внебольничной пневмонии у больных детей и взрослых по данным молекулярно-генетических исследований за 2015–2022 гг.

Table 2. 2015–2022 Frequency of isolated pathogens for community-acquired pneumonia in sick children and adults according to molecular genetic studies.

Маркеры микроорганизмов Microorganism markers	Частота выделения маркеров микроорганизмов на 100 обследованных Frequency of isolated microorganism markers per 100 examined		
	Дети Children n = 418	Взрослые Adults n = 479	Всего Total n = 897
ДНК <i>Streptococcus pneumoniae</i> <i>Streptococcus pneumoniae</i> DNA	77,3 (72,9–81,2)	23,4 (19,7–27,4)	48,5 (45,2–51,0)
ДНК <i>Hemophilus influenzae</i> <i>Hemophilus influenzae</i> DNA	10,5 (7,8–13,8)	5,0 (3,2–7,3)	7,6 (5,9–9,5)
ДНК <i>Mycoplasma pneumoniae</i> <i>Mycoplasma pneumoniae</i> DNA	15,3 (11,9–19,1)	6,7 (4,6–9,3)	10,7 (8,7–12,9)
РНК РС-вируса RS virus RNA	2,2 (0,9–4,1)	0,2 (0,01–1,1)	1,1 (8,5–12,9)
РНК вируса гриппа А Influenza A virus RNA	1,7 (0,7–3,4)	0,6 (0,1–2,2)	1,1 (8,5–12,9)
ДНК аденовируса Adenovirus DNA	0,9 (0,3–2,4)	0	0,4 (0,1–1,1)
ДНК <i>Neisseria meningitidis</i> <i>Neisseria meningitidis</i> DNA	0,2 (0,01–1,7)	0	0,1 (0,1–0,6)
ДНК <i>Legionella pneumophila</i> <i>Legionella pneumophila</i> DNA	0	0,2 (0,01–1,1)	0,1 (0,1–0,6)
ДНК <i>Chlamydophila pneumoniae</i> <i>Chlamydophila pneumoniae</i> DNA	0		0
РНК Вирус гриппа В Influenza B virus RNA	0	0	0
ДНК <i>Chlamydophila psittaci</i> <i>Chlamydophila psittaci</i> DNA	0	0	0
РНК вирус гриппа H1N1 H1N1 influenza virus RNA	0	0	0,3 (0,1–0,9)
РНК риновируса Rhinovirus RNA	0	1,0 (0,3–2,4)	0,5 (0,1–1,3)

2017 гг. среди детей статистически значимо увеличилась частота выделения *S. aureus* — с 0,9 до 13,4 на 100 обследованных ($p = 0,001$). Среди взрослых увеличилось количество случаев выявления *S. pneumoniae* с 2,5 до 20,0 ($p = 0,001$), *K. pneumoniae* — с 1,9 до 13,1 ($p = 0,001$).

По данным молекулярно-генетических исследований среди детей и взрослых в 2021–2022 гг. по сравнению с 2015–2017 гг. статистически значимых изменений в этиологии ВП не произошло (табл. 4). Вместе с тем в 2018–2019 гг. по сравнению с 2015–2017 гг. по данным ПЦР существенно возросла частота выделения ДНК *M. pneumoniae* у детей — с 14,9 до 42,5, у взрослых — с 8,8 до 16,5 ($p = 0,05$).

Из числа обследованных на SARS-CoV-2 в 2021–2022 гг. у 11 детей и 106 взрослых анализ был положительный. При этом у инфицированных вирусом было выявлено более частое выделение ряда бактериальных возбудителей ВП, причем именно тех, количество которых возросло в многолетней динамике наблюдений. Так, по результатам бактериологических исследований показатель частоты выделения *K. pneumoniae* у детей с SARS-CoV-2 составил 27,3 (6,0–61,0)

на 100 обследованных против 3,0 (0,8–7,6) у SARS-CoV-2-негативных (тест Фишера = 0,01, $p < 0,05$). Частота выделения *S. aureus* у взрослых в группе больных коронавирусной инфекцией оказалась равным 11,3 (5,9–18,9) на 100 обследованных, тогда как у SARS-CoV-2-негативных — 2,4 (0,3–7,3) (тест Фишера = 5,5, $p < 0,05$). По данным ПЦР у детей показатель частоты выделения *H. influenzae* у пациентов с SARS-CoV-2 был 45,5 (16,8–76,6) на 100 обследованных, а у больных без SARS-CoV-2 — лишь 12,9 (7,7–19,9) (тест Фишера = 0,01, $p < 0,05$).

Обсуждение

По результатам многолетних бактериологических и молекулярно-генетических исследований доминирующими видами возбудителей у больных ВП оказались: *S. pneumoniae*, *K. pneumoniae*, *M. pneumoniae* и *H. influenzae*. При этом стабильно лидирующая этиологическая роль *S. pneumoniae* отмечена не только среди взрослых, но и среди детей, несмотря на проведение декретированных прививок против пневмококковой инфекции с 2014 г. Даже

Таблица 3. Частота выделения возбудителей внебольничной пневмонии у больных детей и взрослых по данным бактериологических исследований в 2015–2022 гг.

Table 3. 2015–2022 Frequency of isolated pathogens for community-acquired pneumonia in sick children and adults according to bacteriological studies

Микроорганизмы Microorganisms	Частота выделения микроорганизмов на 100 обследованных Frequency of isolation of microorganisms per 100 examined					
	2015–2017 гг.		2018–2019 гг.		2021–2022 гг.	
	Дети Children n = 201	Взрослые Adults n = 204	Дети Children n = 75	Взрослые Adults n = 85	Дети Children n = 142	Взрослые Adults n = 190
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	3,5 (1,4–7,0)	2,5 (3,4–10,6)	1,3 (0,03–7,2)	27,1 (17,9–37,7)	3,5 (1,2–8,0)	20,0 (14,6–26,4)
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	1,5 (0,3–4,3)	1,9 (0,5–4,9)	2,6 (0,3–9,2)	5,8 (1,9–13,2)	4,9 (2,0–9,8)	13,1 (8,7–18,9)
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	1,5 (0,3–4,3)	2,5 (0,8–5,6)	1,3 (0,3–7,2)	1,1 (0,03–6,3)	2,8 (0,8–7,1)	5,8 (2,9–10,1)
<i>Staphylococcus aureus</i>	0,9 (0,1–3,5)	2,5 (0,8–5,6)	12,0 (5,6–21,5)	0	13,4 (8,3–20,1)	7,4 (4,1–12,1)
<i>Candida albicans</i>	0	0	0	0	4,9 (2,0–9,8)	3,1 (1,2–6,7)
<i>Escherichia coli</i>	0,9 (0,1–3,5)	0	1,3 (0,3–7,2)	0	0,71 (0,02–3,8)	6,8 (3,7–11,4)
<i>Haemophilus influenzae</i>	0,5 (0,1–2,7)	0	0	1,1 (0,3–6,3)	0	2,6 (0,9–6,0)
<i>Enterococcus faecalis</i>	0	0	1,3 (0,3–7,2)	0	0	4,2 (1,8–8,1)
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	0	0	2,6 (0,3–9,2)	0	0	3,1 (1,2–6,7)
<i>Acinetobacter baumannii</i>	0	0	1,3 (0,3–7,2)	0	0	4,2 (1,8–8,1)
<i>Neisseria meningitidis</i>	0	0	0	1,1 (0,3–6,3)	0	2,6 (0,9–6,0)
<i>Streptococcus oralis</i>	0	0	6,6 (2,2–4,8)	0	0	6,3 (3,3–10,8)

Таблица 4. Частота выделения маркеров возбудителей внебольничной пневмонии у больных детей и взрослых по данным молекулярно-генетических исследований в 2015–2022 гг.

Table 4. 2015–2022 Frequency of isolated pathogen markers for community-acquired pneumonia in sick children and adults according to molecular genetic studies.

Маркеры микроорганизмов Microorganism markers	Частота выделения маркеров микроорганизмов на 100 обследованных Frequency of isolation of markers of microorganisms per 100 examined					
	2015–2017 гг.		2018–2019 гг.		2021–2022 гг.	
	Дети Children	Взрослые Adults	Дети Children	Взрослые Adults	Дети Children	Взрослые Adults
ДНК <i>Streptococcus pneumoniae</i> <i>Streptococcus pneumoniae</i> DNA	73,6 (66,9–79,6)	25,5 (20,5–31,0)	73,3 (61,7–82,8)	31,8 (22,1–42,1)	84,5 (77,5–90,0)	17,4 (12,3–23,5)
ДНК <i>Hemophilus influenzae</i> <i>Hemophilus influenzae</i> DNA	5,9 (3,1–10,2)	0,5 (2,4–8,8)	13,3 (6,6–23,1)	0	15,5 (9,9–22,5)	7,4 (4,1–12,0)
РНК РС-вируса RS virus RNA	1,9 (0,5–5,0)	0,5 (0,1–2,7)	0	0	3,5 (1,2–8,0)	0
РНК вируса гриппа А Influenza A virus RNA	0,5 (0,1–2,7)	0,9 (0,1–3,5)	4,0 (0,8–11,2)	1,2 (0,3–6,3)	1,4 (0,2–4,9)	0
ДНК аденовируса Adenovirus DNA	0	0	0	0	2,8 (0,8–7,1)	0
ДНК <i>Mycoplasma pneumoniae</i> <i>Mycoplasma pneumoniae</i> DNA	14,9 (10,3–20,6)	8,8 (5,3–13,6)	45,3 (33,8–57,2)	16,5 (9,3–26,1)	0	0
ДНК <i>Neisseria meningitidis</i> <i>Neisseria meningitidis</i> DNA	0,5 (0,1–2,7)	0	0	0	0	0
РНК риновируса Rhinovirus RNA	0	0	0	0	0	2,6 (0,9–6,6)

если учесть, что применение пневмококковых конъюгированных вакцин сопровождается вытеснением вакцинных штаммов *S. pneumoniae* серотипами, не входящими в состав вакцин [3, 10], вопрос о причинах отсутствия снижения частоты выделения пневмококка от больных ВП, особенно у детей, требует дополнительного изучения. Что касается статистически значимого увеличения частоты выделения в 2019 гг. *M. pneumoniae* у детей, то рост заболеваемости респираторным микоплазмозом в этот период отмечен не только в России [4, 6], но и на территории многих европейских государств, например, Дании, Швеции, Норвегии, Англии, Германии, Финляндии, Нидерландов, Франции [1]. В последние годы частота выделения микоплазм у детей значительно снизилась.

По данным лабораторных исследований в 2021–2022 гг. по сравнению с 2015–2017 гг. у больных ВП отмечено увеличение частоты выделения ряда условно-патогенных бактерий (*K. pneumoniae*, *H. influenzae*, *S. aureus*) за счет SARS-CoV-2-позитивных пациентов. Известно, что респираторные вирусы, включая SARS-CoV-2, вызывают нарушения функционирования иммунной системы, что снижает восприимчивость к бактериальной инфек-

ции [8, 9]. Следовательно, есть основание считать, что COVID-19 может способствовать присоединению ВП бактериальной этиологии.

Заключение

S. pneumoniae, несмотря на проведение декретированных прививок против пневмококковой инфекции, остается ведущим возбудителем внебольничной пневмонии как у детей, так и взрослых. На изучаемой территории среди детей и взрослых за 2015–2022 гг. в среднем частота выделения пневмококка по данным бактериологических исследований составила 9,7 на 100 обследованных, по данным молекулярно-генетических исследований — 48,5 на 100 обследованных. В 2021–2022 гг. на фоне эпидемии новой коронавирусной инфекции у больных внебольничной пневмонией отмечено статистически значимое увеличение частоты выделения *S. aureus*, *K. pneumoniae*, *H. influenzae*.

Конфликт интересов

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

Список литературы/References

1. Кошкарина Е.А., Квашнина Д.В., Широкова И.Ю. Клинико-эпидемиологические и иммунологические характеристики микоплазменных пневмоний (аналитический обзор) // Медиаль. 2019. № 1 (23). С. 7–18. [Koshkarina E.A., Kvashnina D.V., Shirokova I.Yu. Clinical, epidemiological and immunological characteristics of mycoplasma pneumonias (analytical review). *Medial' = Medial*, 2019, no. 1 (23), pp. 7–18. (In Russ.)] doi: 10.21145/2225-0026-2019-1-7-18
2. Лабораторная диагностика внебольничной пневмонии пневмококковой этиологии: методические рекомендации. М.: Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, 2017. 64 с. [Laboratory diagnosis of community-acquired pneumonia of pneumococcal etiology. Methodical recommendations Moscow: Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Welfare, 2017. 64 p. (In Russ.)] URL: https://www.rosпотребнадзор.ru/documents/details.php?ELEMENT_ID=9036
3. Муравьев А.А., Козлов Р.С., Лебедева Н.Н. Эпидемиология серотипов S. pneumoniae на территории Российской Федерации // Клиническая микробиология и антимикробная терапия. 2017. Т. 19, № 3. С. 200–206. [Muravyev A.A., Kozlov R.S., Lebedeva N.N. Epidemiology of S. pneumoniae serotypes in the Russian Federation. *Klinicheskaya mikrobiologiya i antimikrobnaya terapiya = Clinical Microbiology and Antimicrobial Therapy*, 2017, vol. 19, no. 3, pp. 200–206. (In Russ.)]
4. О состоянии санитарно-эпидемиологического благополучия населения в Российской Федерации в 2019 году: Государственный доклад. М.: Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, 2020. 299 с. [On the state of sanitary and epidemiological well-being of the population in the Russian Federation in 2019: state report. Moscow: Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Welfare, 2020. 299 p. (In Russ.)] URL: https://www.rosпотребнадзор.ru/documents/details.php?ELEMENT_ID=14933
5. Попова А.Ю., Ежлова Е.Б., Демина Ю.В., Носков А.К., Ковалев Е.В., Чемисова О.С., Твердохлебова Т.И., Павлович Н.В., Водопьянов С.О., Цимбалистова М.В., Гаевская Н.Е., Воловикова С.Ф., Стенина С.И., Гудуева Е.Н., Сагакянц М.М., Алешукина А.В., Слись С.С. Особенности этиологии внебольничных пневмоний, ассоциированных с COVID-19 // Проблемы особо опасных инфекций. 2020. № 4. С. 99–105. [Popova A.Yu., Ezhlova E.B., Demina Yu.V., Noskov A.K., Kovalev E.V., Chemisova O.S., Tverdokhlebova T.I., Pavlovich N.V., Vodopyanov S.O., Tsimbalistova M.V., Gaevskaya N.E., Volovikova S.V., Stenina S.I., Gudueva E.N., Sagakyants M.M., Aleshukina A.V., Slis S.S. Features of the etiology of community-acquired pneumonia associated with COVID-19. *Problemy osobo opasnykh infektsii = Problems of Particularly Dangerous Infections*, 2020, no. 4, pp. 99–105. (In Russ.)] doi: 10.21055/0370-1069-2020-4-99-105
6. Сергевнин В.И., Овчинников К.В., Кузовникова Е.Ж., Эльмететова Н.В. Видовая структура возбудителей внебольничной пневмонии среди детей на фоне проведения декретированных прививок пневмококковой конъюгированной вакциной // Санитарный врач. 2021. № 4. С. 5–15. [Sergevnin V.I., Ovchinnikov K.V., Kuzovnikova E.Zh., Elmemetova N.V. Species composition of community-acquired pneumonia pathogens in children in association with decreed pneumococcal conjugated vaccine immunization. *Sanitarnyi vrach = Sanitary Doctor*, 2021, no. 4, pp. 5–15. (In Russ.)] doi: 10.33920/med-08-2104-01
7. Техника сбора и транспортирования биоматериалов в микробиологические лаборатории: методические указания. М.: Федеральный центр гигиены и эпидемиологии Роспотребнадзора, 2006. 126 с. [Technique for collecting and transporting biomaterials to microbiological laboratories: methodical recommendations. Moscow: Federal Center of Hygiene and Epidemiology of Rosпотребнадзор, 2006, 126 p. (In Russ.)] URL: https://www.rosпотребнадзор.ru/documents/details.php?ELEMENT_ID=4750
8. Du Toit A. Measles increases the risk of other infections. *Nat. Rev. Microbiol.*, 2019, vol. 18, no. 1, pp. 2. doi: 10.1038/s41579-019-0301-7
9. Howard L.M. Is there an association between severe acute respiratory syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) and Streptococcus pneumoniae? *Clin. Infect. Dis.*, 2021, vol. 72, no. 5, pp. e76–e78. doi: 10.1093/cid/ciaa1812
10. Sim J.Y., Chang L.Y., Chang T.H., Chen J.M., Lee P.I., Huang L.M., Lu C.Y. Pediatric parapneumonic effusion before and after national pneumococcal vaccination programs in Taiwan. *J. Formos. Med. Assoc.*, 2020, vol. 119, no. 11, pp. 1608–1618. doi: 10.1016/j.jfma.2020.07.026

Авторы:

Сергевнин В.И., д.м.н., профессор кафедры эпидемиологии и гигиены ФГБОУ ВО Пермский государственный медицинский университет им. акад. Е.А. Вагнера МЗ РФ, г. Пермь, Россия;
Рожкова М.В., очный аспирант кафедры эпидемиологии и гигиены ФГБОУ ВО Пермский государственный медицинский университет им. акад. Е.А. Вагнера МЗ РФ, г. Пермь, Россия;
Овчинников К.В., главный врач ГБУЗ ПК Пермский краевой центр по борьбе и профилактике со СПИД и инфекционными заболеваниями, г. Пермь, Россия;
Кузовникова Е.Ж., зам. главного врача, ФБУЗ Центр гигиены и эпидемиологии в Пермском крае, г. Пермь, Россия.

Authors:

Sergevnin V.I., DSc (Medicine), Professor of the Department of Epidemiology and Hygiene, Perm State Medical University named after academician E.A. Wagner, Perm, Russian Federation;
Rozhkova M.V., PhD Student, Department of Epidemiology and Hygiene, Perm State Medical University named after academician E.A. Wagner, Perm, Russian Federation;
Ovchinnikov K.V., Chief Physician, Perm Regional Center for the Control and Prevention of AIDS and Infectious Diseases, Perm, Russian Federation;
Kuzovnikova E.Zh., Deputy Chief Physician, Perm Center of Hygiene and Epidemiology in Perm Region, Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing, Perm, Russian Federation.

Поступила в редакцию 10.05.2023
 Принята к печати 02.11.2023

Received 10.05.2023
 Accepted 02.11.2023