

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

Сергевнин В. И. ¹,

Рожкова М. В. ¹,

Овчинников К. В. ²,

Кузовникова Е. Ж. ³

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

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

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

ЭТИОЛОГИЯ ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИИ ПО РЕЗУЛЬТАТАМ БАКТЕРИОЛОГИЧЕСКИХ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ

ETIOLOGY OF COMMUNITY-ACQUIRED PNEUMONIA ACCORDING TO THE RESULTS OF BACTERIOLOGICAL AND MOLECULAR GENETIC STUDIES 10.15789/2220-7619-EOC-10360

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

Sergevnina 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, Russia.

^b Perm Regional Center for Control and Prevention of AIDS and Infectious Diseases, Perm, Russia.

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

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 *Streptococcus 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 – *Streptococcus 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 *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae* и *Haemophilus influenzae*, т. е. тех возбудителей, количество которых возросло в многолетней динамике наблюдений.

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

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 *Streptococcus 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 *Streptococcus 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 *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella rhainosphaerae* and *Hemophilus influenzae*, i.e., those pathogens whose number increased in the long-term follow-up observations.

ЭТИОЛОГИЯ ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИИ ПО РЕЗУЛЬТАТАМ БАКТЕРИОЛОГИЧЕСКИХ
И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ

ETIOLOGY OF COMMUNITY-ACQUIRED PNEUMONIA ACCORDING TO THE RESULTS OF
BACTERIOLOGICAL AND MOLECULAR GENETIC STUDIES 10.15789/2220-7619-EOC-10360

Keywords: community-acquired pneumonia, children, adults, bacteriological
and molecular genetic methods, bacterial species, respiratory viruses.

1 **1 Введение**

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

17 Сведения об этиологии ВП противоречивы. Очень часто этиологию ВП
18 оценивают лишь по данным бактериологических исследований и нередко
19 приходят к выводу о низкой частоте выделения основного возбудителя –
20 *Streptococcus pneumoniae*. В то же время очень мало наблюдений
21 параллельного обследования больных ВП одновременно двумя методами –
22 бактериологическим и молекулярно-генетическим. Отсутствуют наблюдения
23 за этиологией ВП в многолетней динамике. Между тем в последние 10 лет в
24 жизни общества Российской Федерации произошли социальные изменения,
25 которые могли оказать существенное влияние на этиологию ВП. Так, с 2014 г.
26 в России введены декретированные прививки детского населения против
27 пневмококковой инфекции, а в 2020–2022 гг. отмечена эпидемия новой
28 коронавирусной инфекции.

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

32 2 Материалы и методы

33 Этиологию ВП оценивали по результатам бактериологических и
34 молекулярно-генетических исследований смывов с задней стенки глотки 981
35 пациента (418 детей и 483 взрослых), госпитализированного с первичным
36 диагнозом «внебольничная пневмония» (коды по МКБ10: J13-J18) в 2015–2022
37 гг. в две крупные МО г. Перми. Средний возраст детей был $3,5 \pm 0,2$ года,
38 взрослых – $65,0 \pm 2,3$ года соответственно. Обязательным условием при
39 проведении работы было наличие подписанного добровольного
40 информированного согласия участников, а для лиц, не достигших 18 лет, –
41 одного из родителей. Отбор проб проводили в первые 2 дня госпитализации в
42 соответствии с методическими указаниями [7].

43 Бактериологическое исследование мазков из носоглотки на наличие
44 условно-патогенных бактерий осуществляли в лабораториях двух МО,
45 явившихся базами для госпитализации пациентов с ВП. Молекулярно-
46 генетические исследования на наличие ДНК/РНК ряда вирусов и трудно
47 культивируемых бактерий проводили в лаборатории Центра гигиены и
48 эпидемиологии в Пермском крае методом ПЦР в режиме реального времени
49 с использованием наборов реагентов производства ООО «ИнтерЛабСервис»,
50 позволяющих выявить: ДНК *S. pneumoniae*; ДНК *H. influenzae*; ДНК *N.*
51 *meningitidis*; ДНК *Chlamydophila pneumoniae*; ДНК *M. pneumoniae*; ДНК
52 *Chlamydophila psittaci*; ДНК *L. pneumophila*; РНК гриппа А; РНК гриппа В;
53 РНК гриппа H1N1 pdm 2009; РНК парагриппа 1,2,3,4; РНК РС-вируса; РНК
54 риновируса; ДНК аденовируса. Использовали амплификатор «CFX96» «Bio-
55 Rad», США.

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

58 Статистическую обработку материалов проводили с использованием
59 программ «Statistica 6» и «WinPepi», версия 11.65 (автор профессор
60 JoeAbramson, Израиль). Статистическую значимость различий показателей
61 определяли путем расчета критерия согласия χ^2 , при малом числе наблюдений
62 – точного критерия Фишера.

63 3 Результаты

64 По данным бактериологических исследований в целом за 2015–2022 гг.
65 у больных детей выделили 89 штаммов 10 видов бактерий, у взрослых – 229
66 штаммов 15 видов (табл. 1). У детей доминировали *Streptococcus pneumoniae*
67 (3,1 на 100 обследованных), *Klebsiella pneumoniae* (2,9) и *Staphylococcus aureus*
68 (7,2). Нередко встречались *Candida albicans* и *Pseudomonas aeruginosa*. У
69 взрослых превалировали *Streptococcus pneumoniae* (15,4 на 100
70 обследованных) и *Klebsiella pneumoniae* (7,1). В сумме среди детей и взрослых
71 частота выделения *Streptococcus pneumoniae* составила 9,7 на 100
72 обследованных пациентов, что оказалось статистически значимо выше, чем
73 других микроорганизмов ($p < 0,05$ во всех случаях). Доля пневмококка в сумме
74 всех выделенных возбудителей составила 28,2. Интенсивность выделения
75 *Klebsiella pneumoniae*, *Staphylococcus aureus*, *Pseudomonas aeruginosa*
76 составила 5,1 – 4,1 – 2,8 на 100 обследованных, других возбудителей – лишь
77 0,3 – 1,9. Доля указанных трех возбудителей оказалась равной 14,9 – 11,9 –
78 8,1% соответственно, прочих микроорганизмов – 0,9 – 5,5%.

79 По результатам ПЦР у детей выделили маркеры 452 штаммов 7 видов
80 микроорганизмов, у взрослых – 181 штамма 8 видов (табл. 2). У детей
81 доминировали маркеры *Streptococcus pneumoniae* (77,3 на 100 обследованных),
82 *Haemophilus influenzae* (10,5) и *Mycoplasma pneumoniae* (15,3). У взрослых
83 ведущее место занимали *Streptococcus pneumoniae* (23,4), *Haemophilus*

84 *influenzae* (5,0) и *Mycoplasma pneumoniae* (6,7). В целом у детей и взрослых,
85 так же как и по данным бактериологических анализов, ведущую роль играл
86 *Streptococcus pneumoniae*, частота которого составила 48,5 на 100 (по
87 отношению к показателю частоты выделения других возбудителей $p < 0,05$ во
88 всех случаях). Его доля в структуре маркеров всех возбудителей составила
89 68,7%. Частота выделения маркеров таких микроорганизмов как *Mycoplasma*
90 *pneumoniae* и *Haemophilus influenzae* составила 10,7 и 7,6 на 100
91 обследованных соответственно, а их доля – 15,2 и 10,7%. Маркеры вирусов
92 (РНК вируса гриппа H1N1 и РНК риновируса) были обнаружены лишь в
93 единичных случаях.

94 Оценка результатов бактериологических исследований в многолетней
95 динамике показала (табл. 3), что в 2021–2022 гг. по сравнению 2015–2017 гг.
96 среди детей статистически значимо увеличилась частота выделения
97 *Staphylococcus aureus* – с 0,9 до 13,4 на 100 обследованных ($p = 0,001$). Среди
98 взрослых увеличилось количество случаев изоляции *Streptococcus pneumoniae*
99 с 2,5 до 20,0 ($p = 0,001$), *Klebsiella pneumoniae* – с 1,9 до 13,1 ($p = 0,001$).

100 По данным молекулярно-генетических исследований среди детей и
101 взрослых в 2021–2022 гг. по сравнению с 2015–2017 гг. статистически
102 значимых изменений в этиологии ВП не произошло (табл. 4). Вместе с тем
103 в 2018–2019 гг. по сравнению с 2015–2017 гг. по данным ПЦР существенно
104 возросла частота выделения ДНК *Mycoplasma pneumoniae* у детей – с 14,9 до
105 42,5, у взрослых – с 8,8 до 16,5 ($p = 0,05$).

106 Из числа обследованных на SARS-CoV-2 в 2021–2022 гг. у 11 детей и 106
107 взрослых анализ был положительный. При этом у инфицированных вирусом
108 было выявлено более частое выделение ряда бактериальных возбудителей ВП,
109 причем именно тех, количество которых возросло в многолетней динамике
110 наблюдений. Так, по результатам бактериологических исследований
111 показатель частоты выделения *Klebsiella pneumoniae* у детей с SARS-CoV-2

112 составил 27,3 [6,0-61,0] на 100 обследованных против 3,0 [0,8-7,6] у SARS-
113 CoV-2-негативных (тест Фишера = 0,01, $p < 0,05$). Частота выделения
114 *Staphylococcus aureus* у взрослых в группе больных коронавирусной
115 инфекцией оказалась равным 11,3 (5,9–18,9) на 100 обследованных, тогда как
116 у SARS-CoV-2-негативных – 2,4 (0,3–7,3) (тест Фишера = 5,5, $p < 0,05$). По
117 данным ПЦР у детей показатель частоты выделения *Haemophilus influenzae* у
118 пациентов с SARS-CoV-2 был 45,5 (16,8–76,6) на 100 обследованных, а у
119 больных без SARS-CoV-2 – лишь 12,9 (7,7–19,9) (тест Фишера = 0,01 $p < 0,05$).

120 4 Обсуждение

121 Итак, по результатам многолетних бактериологических и молекулярно-
122 генетических исследований доминирующими видами возбудителей у больных
123 ВП оказались: *Streptococcus pneumoniae*, *Klebsiella pneumoniae*, *Mycoplasma*
124 *pneumoniae* и *Haemophilus influenzae*. При этом стабильно лидирующая
125 этиологическая роль *Streptococcus pneumoniae* отмечена не только среди
126 взрослых, но и среди детей, несмотря на проведение декретированных
127 прививок против пневмококковой инфекции с 2014 г. Даже если учесть, что
128 применение пневмококковых конъюгированных вакцин сопровождается
129 вытеснением вакцинных штаммов *Streptococcus pneumoniae* серотипами, не
130 входящими в состав вакцин [3, 10], вопрос о причинах отсутствия снижения
131 частоты выделения пневмококка от больных ВП, особенно у детей, требует
132 дополнительного изучения. Что касается статистически значимого увеличения
133 частоты выделения в 2019 гг. *Mycoplasma pneumoniae* у детей, то рост
134 заболеваемости респираторным микоплазмозом в этот период отмечен не
135 только в России [4, 6], но и на территории многих европейских государств,
136 например, в Дании, Швеции, Норвегии, Англии, Германии, Финляндии,
137 Нидерландов, Франции [1]. В последние годы частота выделения микоплазм у
138 детей значительно снизилась.

139 По данным лабораторных исследований в 2021–2022 гг. по сравнению с
140 2015–2017 гг. у больных ВП отмечено увеличение частоты выделения ряда
141 условно-патогенных бактерий (*Klebsiella pneumoniae*, *Haemophilus influenzae*,
142 *Staphylococcus aureus*) за счет SARS-CoV-2-позитивных пациентов. Известно,
143 что респираторные вирусы, включая SARS-CoV-2, вызывают нарушения
144 функционирования иммунной системы, что снижает восприимчивость к
145 бактериальной инфекции [8, 9]. Следовательно, есть основание считать, что
146 COVID-19 может способствовать присоединению ВП бактериальной
147 этиологии.

148 5 Заключение

149 *Streptococcus pneumoniae*, несмотря на проведение декретированных
150 прививок против пневмококковой инфекции, остается ведущим возбудителем
151 внебольничной пневмонии как у детей, так и взрослых. На изучаемой
152 территории среди детей и взрослых в среднем за 2015–2022 гг. частота
153 выделения пневмококка по данным бактериологических исследований
154 составила 9,7 на 100 обследованных, по данным молекулярно-генетических
155 исследований – 48,5 на 100 обследованных. В 2021–2022 гг. на фоне эпидемии
156 новой коронавирусной инфекции у больных внебольничной пневмонией
157 отмечено статистически значимое увеличение частоты выделения
158 *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Haemophilus influenzae*.

159 Конфликт интересов

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

ТАБЛИЦЫ

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 (n=418) children	взрослые (n=479) adults	всего (n=897) total
<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 [0,5-2,7]	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]

ЭТИОЛОГИЯ ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИИ ПО РЕЗУЛЬТАТАМ БАКТЕРИОЛОГИЧЕСКИХ
И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ

ETIOLOGY OF COMMUNITY-ACQUIRED PNEUMONIA ACCORDING TO THE RESULTS OF
BACTERIOLOGICAL AND MOLECULAR GENETIC STUDIES 10.15789/2220-7619-EOC-10360

<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]

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 (n=418) children	взрослые (n=479) adults	все (n=897) total
ДНК <i>Streptococcus pneumoniae</i>	77,3 [72,9-81,2]	23,4[19,7-27,4]	48,5 [45,2-51,0]
ДНК <i>Haemophilus influenzae</i>	10,5 [7,8-13,8]	5,0[3,2-7,3]	7,6 [5,9-9,5]
ДНК <i>Mycoplasma pneumonia</i>	15,3 [11,9-19,1]	6,7[4,6-9,3]	10,7 [8,7-12,9]
РНК RS-вируса RSvirusRNA	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>	0,2 [0,01-1,7]	0	0,1 [0,1-0,6]
ДНК <i>Legionella pneumophila</i>	0	0,2 [0,01-1,1]	0,1 [0,1-0,6]
ДНК <i>Chlamydia pneumoniae</i>	0		0
РНК Вирус гриппа В RNA Influenza B virus	0	0	0
<i>Chlamydia psittaci</i>	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]

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.

Микроорга низмы	Частота выделения микроорганизмов на 100 обследованных					
	Frequency of isolation of microorganisms per 100 examined					
	2015–2017 гг.		2018–2019 гг.		2021–2022 гг.	
	дети (n=201) children	взрослые (n=204) adults	дети (n=75) children	взрослые (n=85) adults	дети (n=142) children	взрослые (n=190) adults
<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 auruginosa</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	0,7 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</i>	0	0	1,3	0	0	4,2

ЭТИОЛОГИЯ ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИИ ПО РЕЗУЛЬТАТАМ БАКТЕРИОЛОГИЧЕСКИХ
И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ

ETIOLOGY OF COMMUNITY-ACQUIRED PNEUMONIA ACCORDING TO THE RESULTS OF
BACTERIOLOGICAL AND MOLECULAR GENETIC STUDIES

10.15789/2220-7619-EOC-10360

<i>baumannii</i>			[0,3-7,2]			[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	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>	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>Haemophilus influenzae</i>	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 RS-вируса RSvirusRNA	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 <i>Influenza A virus</i> 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>	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

ЭТИОЛОГИЯ ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИИ ПО РЕЗУЛЬТАТАМ БАКТЕРИОЛОГИЧЕСКИХ
И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ

ETIOLOGY OF COMMUNITY-ACQUIRED PNEUMONIA ACCORDING TO THE RESULTS OF
BACTERIOLOGICAL AND MOLECULAR GENETIC STUDIES

10.15789/2220-7619-EOC-10360

ДНК <i>Neisseria meningitidis</i>	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]

ТИТУЛЬНЫЙ ЛИСТ_МЕТАДААННЫЕ

Блок 1. Информация об авторе ответственном за переписку

Рожкова Марина Владимировна, очный аспирант кафедры эпидемиологии и гигиены. ФГБОУ ВО «Пермский государственный медицинский университет имени академика Е.А. Вагнера» Министерства здравоохранения Российской Федерации. Служ. адрес 614990, г. Пермь, ул. Петропавловская, 26; 89655723511, rozhkovamary@yandex.ru

Marina V. Rozhkova, post-graduate of the Department of Epidemiology and Hygiene of the Perm State Medical University named after academician E.A. Wagner, 26 Petropavlovskaya st. Perm, 614990, Russia. +7 (342) 233-40-15, e-mail: rozhkovamary@yandex.ru

Блок 2. Информация об авторах

Виктор Иванович Сергевнин, д. м. н., профессор кафедры эпидемиологии и гигиены Пермского государственного медицинского университета имени академика Е. А. Вагнера, 614990 г. Пермь, ул. Петропавловская, 26; 8912592-9140, viktor-sergevnin@mail. ru. orcid.org/0000-0002-2729-2248.

Viktor I. Sergevnin, Dr. Sci. (Med.), Professor of the Department of Epidemiology and Hygiene of the Perm State Medical University named after academician E.A. Wagner. 614990 Perm, Petropavlovskaya st.26, 89125929140. viktor-sergevnin@mail.ru. orcid. org/0000-0002-2729-2248.

Овчинников Кирилл Вячеславович, главный врач ГБУЗ ПК «Пермский краевой центр по борьбе и профилактике со СПИД и инфекционными заболеваниями», 614088, Пермь, ул. Свйазева, 21.Телефон: +7 (342) 227-5862. E-mail: okv-ac@mail.ru

ЭТИОЛОГИЯ ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИИ ПО РЕЗУЛЬТАТАМ БАКТЕРИОЛОГИЧЕСКИХ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ

ETIOLOGY OF COMMUNITY-ACQUIRED PNEUMONIA ACCORDING TO THE RESULTS OF BACTERIOLOGICAL AND MOLECULAR GENETIC STUDIES 10.15789/2220-7619-EOC-10360

Kirill V. Ovchinnikov Chief Physician of the Perm Regional Center for the Control and Prevention of AIDS and Infectious Diseases, 614088 Sviyazev st 26, Perm, Russia +7 (342) 227-5862. E-mail: okv-ac@mail.ru

Кузовникова Елена Жернольдовна, зам. главного врача, Федеральное бюджетное учреждение здравоохранения «Центр гигиены и эпидемиологии в Пермском крае». 614016 г. Пермь, ул. Куйбышева, 50. Тел.: 89129896814, E-mail: antropnoz@yandex.ru.

Elena Z. Kuzovnikova deputy chief physician of the Perm Center of Hygiene and Epidemiology in Perm Region of the Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing, Perm Russia ", 614016, Kuibyshev str., 50, Perm, Russia. antropnoz@yandex.ru.

Блок 3. Метаданные статьи

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

ETIOLOGY OF COMMUNITY-ACQUIRED PNEUMONIA IN CHILDREN AND ADULTS ACCORDING TO THE RESULTS OF BACTERIOLOGICAL AND MOLECULAR GENETIC RESEARCHES IN 2015-2022

Сокращенное название статьи для верхнего колонтитула:

ЭТИОЛОГИЯ ВНЕБОЛЬНИЧНОЙ ПНЕВМОНИИ ПО РЕЗУЛЬТАТАМ БАКТЕРИОЛОГИЧЕСКИХ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ

ETIOLOGY OF COMMUNITY-ACQUIRED PNEUMONIA ACCORDING TO THE RESULTS OF BACTERIOLOGICAL AND MOLECULAR GENETIC STUDIES

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

Keywords: community-acquired pneumonia, children, adults, bacteriological and molecular genetic methods, bacterial species, respiratory viruses.

Оригинальные статьи.

Количество страниц текста – 7, количество таблиц – 4, количество рисунков – 0.

10.05.2023.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

Порядковый номер ссылки	Авторы, название публикации и источника, где она опубликована, выходные данные	Ф.И.О., название публикации и источника на английском языке	Полный интернет-адрес (URL) цитируемой статьи и/или ее DOI
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 pneumonia (analytical review). <i>Medial.2019, no. 1(23), pp.7–18. (In Russ.)</i>]	doi: 10.21145/2225-0026-2019-1-7-18
2	Лабораторная диагностика внебольничной пневмонии пневмококковой этиологии. Методические рекомендации МР 4.2.0114-16. М., 2016.	Laboratory diagnosis of community-acquired pneumonia of pneumococcal etiology. <i>Methodical recommendations MP 4.2.0114-16. M., 2016. (In Russ.)</i>	https://www.rospotrebnadzor.ru/documents/details.php?ELEMENT_ID=9036
3	Муравьев А.А., Козлов Р.С., Лебедева Н.Н. Эпидемиология серотипов <i>S. pneumoniae</i> 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 <i>S. pneumoniae</i> serotypes in the Russian Federation. <i>Clinical microbiology and antimicrobial therapy. 2017, vol. 19, no. 3, pp. 200–206. (In Russ.)</i>	https://cyberleninka.ru/article/n/epidemiologiya-serotipov-s-pneumoniae-na-territorii-

			rossiyskoy-federatsii
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.)	https://www.rosposrebnadzor.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. // Проблемы особо опасных инфекций. 2020. №4. С.99–105.	Popova A.Yu., Yezhlova 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., Gayevskaya N.E., Volovikova S.F., Stenina S.I., Gudueva E.N., Sagakyants M.M., Alyoshukina A.V., Sly S.S. Features of the etiology of community-acquired pneumonia associated with COVID-19. <i>Problems of particularly dangerous infections. 2020. no. 4. pp.99–105. (In Russ.)</i>	doi: 10.21055/0370-1069-2020-4-99-105
6.	Сергевнин В.И., Овчинников К.В., Кузовникова Е.Ж., Эльмеметова Н.В. Видовая структура возбудителей внебольничной пневмонии среди детей на фоне проведения декретированных прививок пневмококковой	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. <i>Sanitary doctor. 2021. no.4. pp. 5–15. (In Russ.)</i>	doi: 10.33920/med-08-2104-01

	конъюгированной вакциной // Санитарный врач. 2021.№ 4.С.5–15.		
7	Техника сбора и транспортирования биоматериалов в микробиологические лаборатории. МУ 4.2.2039-05	Technique for collecting and transporting biomaterials to microbiological laboratories. MU 4.2.2039-05 (In Russ.)	https://www.rospotrebnadzor.ru/documents/details.php?ELEMENT_ID=4750
8	-	Du Toit A. Measles increases the risk of other infections. <i>Nat Rev Microbiol.</i> 2019; vol. 18, no. 1. pp. 2.	doi: <i>10.1038/s41579-019-0301-7</i>
9	-	Howard M.L. Is There an Association Between Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) and Streptococcus pneumoniae? <i>Clinical Infectious Diseases</i> , 2021.vol.72, no. 5. pp.76–78	doi: <i>10.1093/cid/ciaa1812</i>
10	-	Jun Yi Sim , Luan-Yin Chang , Tu-Hsuan Chang , Jong-Min Chen ^b , Ping-Ing Lee ^b , Li-Min Huang , Chun-Yi Lu. Pediatric parapneumonic effusion before and after national pneumococcal vaccination programs in Taiwan. <i>J Formo Med Assoc</i> , 2020. vol.119, no. (11). pp.1608–1618.	doi: <i>10.1016/j.jfma.2020.07.026</i>