

© Коллектив авторов, 2019

УДК 616.24-008.8.078

О.В. Кондратенко¹, А.В. Жестков¹, А.В. Лямин¹, С.В. Поликарпова²

МИКРОБИОТА РЕСПИРАТОРНОГО ТРАКТА У ПАЦИЕНТОВ С МУКОВИСЦИДОЗОМ

¹ Самарский государственный медицинский университет, Самара, Россия

² ГБУЗ ГКБ №15 им. О.М. Филатова, Москва, Россия

Цель. Оценка структуры возбудителей, выделенных из респираторных образцов у пациентов с муковисцидозом (МВ) из различных регионов РФ за 2018 год.

Материал и методы. проведено исследование 1245 проб от 479 пациентов с МВ из 38 регионов РФ. В работе использовался классический микробиологический метод. Идентификацию выделенных штаммов проводили с помощью MALDI-TOF-масс-спектрометрии.

Результаты. В результате проведенного исследования выделено 4488 штаммов микроорганизмов. Доминирующее положение в структуре клинически значимых штаммов занимали неферментирующие грамотрицательные бактерии. Отмечалось широкое видовое разнообразие выделенных возбудителей.

Заключение. Структура бактериальных возбудителей при МВ уникальна и не встречается при других заболеваниях. Микробиологическое исследование респираторных образцов от пациентов с МВ должно осуществляться в специализированных лабораториях, с учетом особенностей метаболизма и сложностей идентификации выделенных штаммов микроорганизмов.

Ключевые слова: муковисцидоз, бактерии, нижние дыхательные пути, мокрота.

O. V. Kondratenko¹, A. V. Zhestkov¹, A. V. Lyamin¹, S. V. Polikarpova²

MICROBIOTA OF THE RESPIRATORY TRACT IN PATIENTS WITH CYSTIC FIBROSIS

¹ Samara State Medical University, Samara, Russia

² Children City Clinical Hospital named after O.M. Filatov, Moscow, Russia

The aim of the study was to assess the structure of pathogens isolated from respiratory samples in patients with cystic fibrosis (CF) from different regions of the Russian Federation in 2018.

Material and methods. A study of 1245 samples from 479 patients with CF from 38 regions of the Russian Federation. The classical microbiological method was used in the work. Identification of the isolated strains was performed using MALDI-TOF mass spectrometry.

Results. As a result of the study, 4488 strains of microorganisms were isolated. The dominant position in the structure of clinically significant strains was occupied by non-fermenting gram-negative bacteria. There was a wide species diversity of isolated pathogens.

Conclusion: the Structure of bacterial pathogens in CF is unique and does not occur in other diseases. Microbiological examination of respiratory samples from patients with CF should be carried out in specialized laboratories, taking into account the peculiarities of metabolism and difficulties in identifying the isolated strains.

Key words: cystic fibrosis, bacteria, lower respiratory tract, sputum.