

© Коллектив авторов, 2024

УДК. 614.2:616-036.882-036.22.

*К.В. Васильева¹, С.А. Сафина¹, О.И. Сидоренко¹, П.Н. Филиппов¹,
Д.Т. Джандарова¹, Т.В. Нархова¹, Н.С. Эргашева¹, О.К. Мигяев¹,
Г.И. Спешилов², А.Т. Лейнсоо³, Т.М. Мругова¹, О.С. Глотов^{1,4},
Д.Ю. Щекочихин^{5,6}, И.А. Штинова¹, О.Г. Шпакова¹, А.Г. Комаров¹*

ПЕРВЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ СРАВНИТЕЛЬНОГО АНАЛИЗА МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ НАТИВНОГО МАТЕРИАЛА И ЧИСТЫХ КУЛЬТУР МИКРООРГАНИЗМОВ, ВЫДЕЛЕННЫХ ОТ ПАЦИЕНТОВ ОТДЕЛЕНИЙ РЕАНИМАЦИИ И ИНТЕНСИВНОЙ ТЕРАПИИ

¹ Государственное бюджетное учреждение здравоохранения «Московский научно-практический центр лабораторных исследований департамента здравоохранения города Москвы», Москва, Россия.

² ООО «Научно-производственное предприятие «БИОСФЕРА», Москва, Россия.

³ Научно-исследовательский институт скорой помощи имени Н.В. Склифосовского, Москва, Россия

⁴ Федеральное государственное бюджетное учреждение «Детский научно-клинический центр инфекционных болезней Федерального Медико-Биологического Агентства»

⁵ Первый Московский государственный медицинский университет имени И.М. Сеченова.

⁶ Городская клиническая больница № 1 имени Н.И. Пирогова.

Цель. Сравнение результатов секвенирования нативного биоматериала и выделенных из него бактериальных изолятов в группе пациентов с нозокомиальными инфекциями, вызываемыми бактериями группы ESKAPE, из отделений реанимации и интенсивной терапии Московских стационаров.

Материалы и методы. Объект исследования: 48 образцов бронхоальвеолярного лаважа от пациентов из отделений реанимации и интенсивной терапии двух московских стационаров, а также 97 образцов клинических изолятов этиологически значимых микроорганизмов, выделенных из биоматериала пациентов и подвергнутых метагеномному секвенированию гена 16S рРНК и таргетному секвенированию генов антибиотикорезистентности.

Результаты. Сравнительный анализ данных классических микробиологических методов и секвенирования показал схожие результаты. Имеющиеся отличия можно объяснить недостатками обоих методов, а также сложностью биоинформатического протокола обработки данных. Использование обоих подходов позволяет сбалансированно и наиболее полно подойти к изучению возбудителей нозокомиальных инфекций.

Заключение. Результаты секвенирования могут способствовать оптимизации назначения рациональной антибактериальной терапии нозокомиальных инфекций и будут полезны для мониторинга нозокомиальных инфекций.

Ключевые слова: нозокомиальные инфекции, микробиологический мониторинг, метагеномное секвенирование, антибиотикорезистентность, бактерии группы ESKAPE, внутрибольничный инфекционный контроль.

K.V. Vasilyeva¹, S.A. Safina¹, O.I. Sidorenko¹, P.N. Filippov¹, J.T. Dzhandarova¹, T.V. Narkhova¹, N.S. Ergasheva¹, O.K. Migyaev¹, G.I. Speshilov², A.T. Leinsoo³, T.M. Mrugova¹, O.S. Glotov^{1,4}, D.Y. Shchekochikhin^{5,6}, I.A. Shtinova¹, O.G. Shpakova¹, A.G. Komarov¹

THE FIRST RESULTS OF A COMPARATIVE ANALYSIS OF MOLECULAR GENETIC STUDIES OF NATIVE MATERIAL AND PURE CULTURES OF MICROORGANISMS ISOLATED FROM PATIENTS IN INTENSIVE CARE UNITS

¹ State Budgetary Healthcare Institution "Moscow Scientific and Practical Laboratory Research Center of the Moscow City Health Department", Moscow, Russia

² Limited Liability Company "Scientific and Production Enterprise "BIOSPHERE", Moscow, Russia

³ Sklifosovsky Clinical and Research Institute for Emergency Medicine, Moscow, Russia

⁴ Federal State Budgetary Institution "Children's Scientific and Clinical Center for Infectious Diseases of the Federal Medical and Biological Agency", St. Petersburg, Russia

⁵ First Moscow State Medical University.

⁶ No. 1 Pirogov First Moscow City Hospital.

Aim. Comparison of sequencing results of native biomaterial and bacterial isolates isolated from it in a group of patients with nosocomial infections caused by bacteria of the ESKAPE group, intensive care units and intensive care units of Moscow hospitals.

Materials and methods. The object of the study: 48 samples of bronchoalveolar lavage from patients in intensive care and intensive care units of two Moscow hospitals, as well as 97 samples of clinical isolates of etiologically significant microorganisms isolated from the patients' biome and subjected to metagenomic sequencing of the 16S rRNA gene and targeted sequencing of antibiotic resistance genes.

Results. A comparative analysis of data from classical microbiological methods and sequencing showed similar results. Some of the differences can be explained by the disadvantages of both methods, as well as the complexity of the bioinformatic data processing protocol. The use of both methods allows for a balanced and comprehensive approach to the study of the causative agents of nosocomial infections.

Conclusion. The sequencing results can help optimize the administration of rational antibacterial therapy for nosocomial infections and are useful for monitoring nosocomial infections.

Key words: Nosocomial infections, microbiological monitoring, metagenomic sequencing, antibiotic resistance, bacteria of the ESKAPE group, nosocomial infection control.