Микробиологический профиль взрослых пациентов интенсивной терапии с НКИ COVID-19

Сорокин Р.А., Марусина А. А. , Руслякова И.А., Борзова Ю.В. , Шурпицкая О.А., Шабани М.Л. , Коптелин И.А.
ФБОУ ВО «Северо-Западный государственный медицинский университет им. И. И. Мечникова» Минздрава России

ФГБОУ ВО СЗГМУ им.И.И.Мечникова Минздрава России

Цель исследования

Цель – выявление основных возбудителей тяжелых инфекций у взрослых пациентов интенсивной терапии с новой коронавирусной инфекцией COVID-19.

Материалы и методы

- Проведено сплошное про- и ретроспективное исследование результатов микробиологического материала пациентов.
- При подозрении на присоединение бактериальной и/или грибковой инфекции обследовано 315 пациентов в критическом состоянии, что составило 61,4% от общего количества пациентов с НКИ COVID - 19 получавших терапию в ОРИТ.
- Всего было взято 1478 образца биологического материала. Получено 679 (45,9%) положительных проб у 260 (82,5%) пациентов.
- Забор и транспортировка биоматериала производилась согласно "МУ 4.2.2039-05. 4.2. Методы контроля. Биологические и микробиологические факторы. Техника сбора и транспортирования биоматериалов в микробиологические лаборатории. Методические указания" (утв. Роспотребнадзором 23.12.2005 г.)
- Биоматериал пациентов исследован классическим микробиологическим методом и методом посева на среду BD BACTEC™ Plus Aerobic/F и Plus Anaerobic/F, BacT/ALERT FN Plus с использованием бактериологического геманализатора BD BACTEC™ 9050/FX и BacT/ALERT 3D 60.
- Идентификация выделенных микроорганизмов выполнялась с помощью времяпролетной масс-спектрометрии с матрично-активированной лазерной десорбцией/ионизацией (MALDI-TOF -MS) и классическим микробиологическим методом.

Таблица 1.

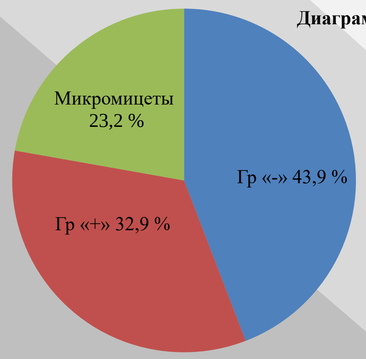
Количество обследованных пациентов и распределение микробиологических проб

Тип образца	Обследовано пациентов (n=315)	Количество микробиологического материала (n=1478)	Количество положительных микробиологических проб	Количество положительных микробиологических проб с ростом больше одного микроорганизма
Кровь	255 (80,9%)	812 (54,9%)	138 (16,9%)	8 (5,79%)
Респираторный тракт (мокрота, ТБА)	137 (43,4%)	253 (17,1%)	249 (98,4%)	215 (86,3%)
Моча	215 (68,2%)	413 (27,9%)	292 (70,7%)	42 (14,3%)

Результаты и обсуждение

Положительные пробы из крови получены в 16,9% случаев, из респираторных биосубстратов (мокрота, трахеобронхиальный аспират) – в 98,4% случаев, из образцов мочи – в 70,0% случаев. Самое большое количество сочетаний микроорганизмов получено из образцов респираторного тракта – 86,3%, тогда как в образцах мочи выявлено 14,3%, а в образцах крови – 5,79% соответственно.

Диаграмма 1. Структура выделенных микроорганизмов



- 33 вида грам «-» бактерий
- 14 видов грам «+» бактерий
- 11 видов грибов

Таблица 2.

Представительство бактериальной и грибковой биоты в микробиологических образцах

Микроорганизм	Кровь	Моча	Респираторный тракт
Обследовано человек	255 (81%)	215 (68 %)	137 (43 %)
Количество выделенных культур	159 (15,1 %)	327 (31,1 %)	566 (53,8 %)
Грамположительные кокки и палочки	67 (6,4%)	82 (7,8 %)	197 (18,7 %)
Streptococcus viridans, alpha-hem.	1 (0,1 %)	1 (0,1 %)	80 (7,6 %)
Staphylococcus epidermidis	23 (2,2 %)	8 (0,8 %)	31 (2,9 %)
Staphylococcus haemolyticus	1 (0,1 %)	5 (0,5 %)	23 (2,2 %)
Enterococcus faecalis	7 (0,7 %)	21 (2,0 %)	21 (2,0 %)
Enterococcus faecium	5 (0,5 %)	30 (2,9 %)	17 (1,6 %)
Staphylococcus aureus ss. aureus	12 (1,1 %)	3 (0,3 %)	19 (1,8 %)
Streptococcus pneumoniae	-	-	2 (0,2 %)
Staphylococcus simulans	-	-	1 (0,1 %)
Staphylococcus warneri	1 (0,1 %)	-	1 (0,1 %)
Streptococcus, Group D (non-enterococcal)	-	-	1 (0,1 %)
Staphylococcus auricularis	-	1 (0,1 %)	-
Staphylococcus saprophyticus ss. Saprophytic	-	1 (0,1 %)	-
Lactobacillus sp.	-	4 (0,4 %)	-
Corynebacterium sp. (diphtheroids)	1 (0,1 %)	8 (0,8 %)	1 (0,1 %)
Gram positive cocci	16 (1,5 %)	-	-

Микроорганизм	Кровь	Моча	Респираторный тракт
Обследовано человек	255 (81%)	215 (68 %)	137 (43 %)
Количество выделенных культур	159 (15,1 %)	327 (31,1 %)	566 (53,8 %)
Грибковая флора	6 (0,6 %)	112 (10,6 %)	126 (12 %)
Candida albicans	4 (0,4 %)	56 (5,3 %)	92 (8,7 %)
Candida krusei	-	5 (0,5 %)	10 (1 %)
Candida tropicalis	-	2 (0,2 %)	7 (0,7 %)
Candida glabrata	1 (0,1 %)	12 (1,1 %)	7 (0,7 %)
Candida kefyr	-	3 (0,3 %)	4 (0,4 %)
Candida sp.	1 (0,1 %)	4 (0,4 %)	2 (0,2 %)
Candida dubliniensis	-	3 (0,3 %)	2 (0,2 %)
Candida parapsilosis	-	4 (0,4 %)	1 (0,1 %)
Aspergillus sp.	-	-	1 (0,1 %)
Trichosporon sp.	-	21 (2,0 %)	-
Candida famata	-	2 (0,2 %)	-

Микроорганизм	Кровь	Моча	Респираторный тракт
Обследовано человек	255 (81%)	215 (68 %)	137 (43 %)
Количество выделенных культур	159 (15,1 %)	327 (31,1 %)	566 (53,8 %)
Грамотрицательная флора	86 (8,2 %)	133 (12,6 %)	243 (23,1 %)
Klebsiella pneumoniae ss. pneumoniae	55 (5,2 %)	67 (6,4 %)	88 (8,4 %)
Acinetobacter baumannii	13 (1,2 %)	6 (0,6 %)	57 (5,4 %)
Escherichia coli	3 (0,3 %)	25 (2,4 %)	20 (1,9 %)
Pseudomonas aeruginosa	-	13 (1,2 %)	14 (1,3 %)
Haemophilus parainfluenzae	-	-	9 (0,9 %)
Enterobacter cloacae	1 (0,1 %)	2 (0,2 %)	8 (0,8 %)
Haemophilus influenzae	-	-	6 (0,6 %)
Stenotrophomonas maltophilia	-	2 (0,2%)	5 (0,5 %)
Acinetobacter sp.	12 (1,1 %)	1 (0,1 %)	5 (0,5 %)
Burkholderia cepacia complex	-	-	4 (0,4 %)
Hafnia alvei	-	-	3 (0,3 %)
Aggregatibacter segnis	-	-	3 (0,3 %)
Neisseria sp.	-	-	3 (0,3 %)
Serratia marcescens	-	1 (0,1 %)	2 (0,2 %)
Acinetobacter lwoffii	-	-	2 (0,2 %)
Enterobacter aerogenes	-	2 (0,2%)	2 (0,2 %)
Moraxella sp.	1 (0,1 %)	1 (0,1 %)	2 (0,2 %)
Morganella morganii ss. morganii	-	1 (0,1 %)	2 (0,2 %)
Neisseria flavescens	-	-	2 (0,2 %)
Klebsiella oxytoca	-	1 (0,1 %)	1 (0,1 %)
Enterobacter sp.	-	-	1 (0,1 %)
Aggregatibacter aphrophilus	-	-	1 (0,1 %)
Citrobacter sp.	-	1 (0,1 %)	1 (0,1 %)
Haemophilus influenzae (type b)	-	-	1 (0,1 %)
Ochrobactrum anthropi	-	-	1 (0,1 %)
Raoultella terrigena	-	2 (0,2%)	-
Serratia grimesii	-	1 (0,1 %)	-
Serratia odorifera	-	1 (0,1 %)	-
Serratia sp.	-	1 (0,1 %)	-
Pseudomonas mendocina	-	2 (0,2%)	-
Achromobacter xylosoxidans ss. xylosoxidans	-	1 (0,1 %)	-
Citrobacter freundii	1 (0,1 %)	-	-
Proteus mirabilis	-	2 (0,2%)	-

В структуре выделенных микроорганизмов преобладает грамотрицательные бактерии (43,9%): в респираторном тракте и в моче *Klebsiella pneumoniae ss. pneumoniae* (8,4% и 6,4% соответственно), *Acinetobacter baumannii* (5,4% и 0,6%), *Escherichia coli* (1,9% и 2,4%), *Pseudomonas aeruginosa* (1,3% и 1,2%); в крови: *Klebsiella pneumoniae ss. pneumoniae* (5,2%), *Acinetobacter baumannii* (1,2%), *Acinetobacter* sp. (1,1%), *Escherichia coli* (0,3%).

Среди грамположительных бактерий (32,9%) в образцах, полученных из респираторного тракта и мочи, выделены энтерококки. *Enterococcus faecium* и *Enterococcus faecalis* получены из гемокультуры 0,5 % и 0,7 % соответственно, из образцов мочи 2,0% и 2,9%, тогда как из респираторного тракта 1,6% и 2,0%, соответственно.

Микромицеты выделены в 23,2% положительных проб. Грибы рода *Candida* высевали в 15% проб (преобладали *C. albicans* - 14,4%). 8,7% изолятов *C. albicans* выделено из респираторного тракта (мокрота), 5,3 % - при посеве мочи. Из гемокультуры выделяля *C. albicans* (0,4%), *C. glabrata* (0,1%), *Candida* sp. (0,1%). В период «второй волны COVID-19» (осень - зима) выявлено изменение видового разнообразия микромицетов: кроме *C. albicans*, *C. krusei*, *C. tropicalis C. glabrata* из биосубстратов выделяли *C. kefyr*, *C. dubliniensis*, *C. parapsilosis*, *C. famata*, *Aspergillus* sp., *Trichosporon* sp.

Выводы

Основными возбудителями тяжелых бактериальных инфекций у пациентов интенсивной терапии с новой коронавирусной инфекцией COVID -19 являются грамотрицательные микроорганизмы, в частности *Acinetobacter baumannii* и *Klebsiella pneumoniae ss. pneumoniae*. Наибольшее количество сочетаний микроорганизмов выделено из образцов респираторного тракта. Микромицеты выделяли в 23 % случаев положительных образцов.