

## **ВИДОВОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ БАКТЕРИАЛЬНЫХ ИНФЕКЦИЙ НИЖНИХ ДЫХАТЕЛЬНЫХ ПУТЕЙ**

**Ю.И. Липская**, магистрант

Научный руководитель – **С.Н. Лекунович**, к.б.н.

**Полесский государственный университет**

**Введение.** Пневмония – одна из наиболее встречаемых микробиологических поражений нижних дыхательных путей. Для своевременной диагностики такого рода поражения важное значение имеют результаты исследования мокроты – патологического содержимого респираторной трубки, представленного отделяемым железистых клеток слизистой оболочки трахеи и бронхов с примесью слюны, секрета носоглотки [1].

**Цель работы:** определить преобладающие виды патогенной бактериальной микрофлоры, вызывающие пневмонию.

**Объект исследования:** патогенная микрофлора мокроты.

**Предмет исследования:** видовой разнообразие патогенной бактериальной микрофлоры нижних дыхательных путей.

**Материалы и методы исследований.** Микробиологическое исследование мокроты проводилось на протяжении 2019 – 2021 гг. в Петриковском районном центре гигиены и эпидемиологии.

Проведение исследований включало следующие этапы работы: забор мокроты, микроскопия, посев исследуемого материала, оценка результатов. Забор биологического материала проводился по микробиологическим методикам в соответствии с инструкцией по применению МЗ РБ «Микробиологические методы исследования биологического материала» [2]. Идентификацию микроорганизмов проводили на основании изучения культурально-морфологических, биохимических, серологических свойств.

**Результаты исследований.** В ходе микробиологического исследования мокроты нижних дыхательных путей в 2019 году выявлены возбудители пневмонии, которые представлены следующими патогенными видами микроорганизмов (таблица 1):

Таблица 1. – Видовое разнообразие патогенной микрофлоры мокроты (2019 год)

Микроорганизмы	Количество случаев	%
<i>Candida sp.</i>	105	21,43
<i>Candida albicans</i>	7	1,43
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	24	4,9
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	33	6,73
<i>Enterobacter cloacae</i>	11	2,24
<i>Enterobacter agglomerans</i>	6	1,22
<i>Acinetobacter baumannii</i>	49	10
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	12	2,45
<i>Staphylococcus aureus</i>	23	4,69
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	100	20,41
<i>Klebsiella oxytoca</i>	15	3,06
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	8	1,63
<i>Campylobacter rectus</i>	11	2,24
<i>Cryptococcus laurentii</i>	13	2,65
<i>Escherichia coli</i>	22	4,49
<i>Citrobacter diversus</i>	12	2,45

Преобладающая патогенная микрофлора в мокроте болеющих пневмонией в 2019 году была представлена следующими видами микроорганизмов: *Staphylococcus aureus* (4,69 %), *Streptococcus pneumoniae* (4,9 %), *Pseudomonas aeruginosa* (6,73%), *Acinetobacter baumannii* (10 %), *Klebsiella pneumoniae* (20,41 %), *Candida sp.* (21,43 %).

В ходе микробиологического исследования мокроты нижних дыхательных путей в 2020 году выявлены возбудители пневмонии, которые представлены следующими патогенными видами микроорганизмов (таблица 2):

Таблица 2. – Видовое разнообразие патогенной микрофлоры мокроты (2020 год)

Микроорганизмы	Количество случаев	%
<i>Candida sp.</i>	163	34,6
<i>Candida albicans</i>	12	2,55
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	25	5,31
<i>Streptococcus viridans</i>	11	2,34
<i>Enterobacter cloacae</i>	13	2,76
<i>Acinetobacter baumannii</i>	68	14,43
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	7	1,49
<i>Staphylococcus aureus</i>	29	6,16
<i>Enterococcus faecalis</i>	19	4,03
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	62	13,16
<i>Klebsiella oxytoca</i>	5	1,06
<i>Proteus mirabilis</i>	7	1,49
<i>Campylobacter lari</i>	13	2,76
<i>Escherichia coli</i>	20	4,25

Преобладающая патогенная микрофлора в мокроте болеющих пневмонией в 2020 году была представлена следующими видами микроорганизмов: *Streptococcus pneumoniae* (5,31%), *Staphylococcus aureus* (6,16 %), *Acinetobacter baumannii* (14 %), *Klebsiella pneumoniae* (13,16 %), *Escherichia coli* (20 %), *Candida sp.* (34,6 %).

В ходе микробиологического исследования мокроты нижних дыхательных путей в 2021 году выявлены возбудители пневмонии, которые представлены следующими патогенными видами микроорганизмов (таблица 3):

Таблица 3. – Видовое разнообразие патогенной микрофлоры мокроты (2021 год)

Микроорганизмы	Количество случаев	%
<i>Burkholderia cepacia</i>	13	1,26
<i>Candida sp.</i>	218	21,1
<i>Candida albicans</i>	97	9,39
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	23	2,27
<i>Enterobacter cloacae</i>	11	1,06
<i>Acinetobacter baumannii</i>	200	19,36
<i>Staphylococcus aureus</i>	88	8,52
<i>Enterococcus faecalis</i>	13	1,26
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	142	13,75
<i>Klebsiella oxytoca</i>	27	2,61
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	18	1,74
<i>Proteus mirabilis</i>	24	2,32
<i>Campylobacter rectus</i>	21	2,03
<i>Cryptococcus laurentii</i>	28	2,71
<i>Escherichia coli</i>	46	4,45
<i>Morganella morganii</i>	12	1,16

Преобладающая патогенная микрофлора в мокроте болеющих пневмонией в 2021 году была представлена следующими видами микроорганизмов: *Escherichia coli* (4,45 %), *Staphylococcus aureus* (8,52 %), *Candida albicans* (9,39 %), *Acinetobacter baumannii* (19,36 %), *Klebsiella pneumoniae* (13,75 %), *Candida sp.* (21,10 %).

**Выводы.** Преобладающими видами патогенных микроорганизмов, вызывающих пневмонию за период 2019 –2021 гг были: *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Acinetobacter baumannii*, *Klebsiella pneumoniae*, *Candida sp.*, *Escherichia coli*, *Candida albicans*.

#### Список использованных источников

1. Мокрота. – Справочник симптомов [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <https://www.krasotaimedicina.ru/symptom/sputum> – Дата доступа: 30.03.2023.
2. Микробиологические методы исследования биологического материала: инструкция по применению № 075-0210: утв. Заместителем Министра здравоохранения Республики Беларусь – Главным государственным санитарным врачом Республики Беларусь 19.03.2010 г. – 123 с.