

# Генетическое разнообразие полирезистентных штаммов *Klebsiella pneumoniae*, выделенных от онкологических больных в период с 2021 по 2023 гг.

## Genetic diversity of polyresistant *Klebsiella pneumoniae* strains isolated from cancer patients in 2021-2023

Авдеева Виктория Алексеевна/Avdeeva Viktoria Alekseevna

Евсеева М.А.<sup>1</sup>, Багирова Н.С.<sup>2</sup>, Григорьевская З.В.<sup>2</sup>, Петухова И.Н.<sup>2</sup>, Кисличкина А.А.<sup>1</sup>, Соломенцев В.И.<sup>1</sup>, Федюкина Г.Н.<sup>1</sup>, Фурсова Н.К.<sup>1</sup>, Хохлова О.Е.<sup>1</sup> Evseeva M.A.<sup>1</sup>, Bagirova N.S.<sup>2</sup>, Grigorievskaya Z.V.<sup>2</sup>, Petukhova I.N.<sup>2</sup>, Kislichkina A.A.<sup>1</sup>, Solomentsev V.I.<sup>1</sup>, Fedyukina G.N.<sup>1</sup>, Fursova N.K.<sup>1</sup>, Khokhlova O.E.<sup>1</sup>  
1ФБУН ГНЦ ПМБ Роспотребнадзора, п. Оболонск, Московская обл., РФ/ 1 Federal State Budgetary Institution SSC PMB of Rosпотребнадзор, Obolensk, Moscow region, Russian Federation  
2ФГБУ НМИЦ онкологии им. Н.Н. Блохина Минздрава России, г. Москва, РФ/ 2FGBU NMIC of Oncology named after N.N. Blokhin of the Ministry of Health of Russia, Moscow, Russian Federation

### Введение

*Klebsiella pneumoniae* относится к широко распространенным в окружающей среде бактериям, она также является постоянным компонентом микробиоты желудочно-кишечного тракта человека. Но при этом способна вызывать широкий спектр заболеваний различной степени тяжести: как у иммунокомпromетированных, так и компетентных лиц.

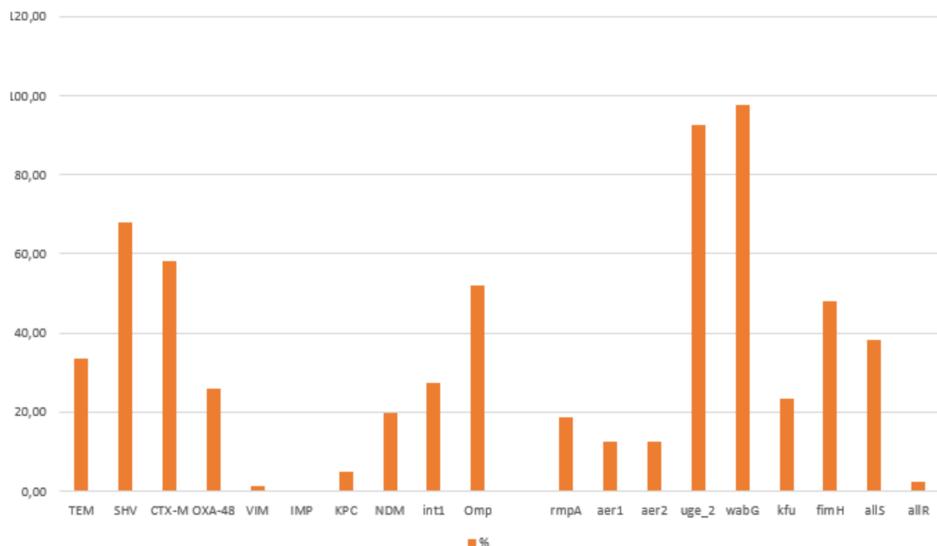
### Цель

Определение генетического разнообразия антибиотикорезистентных штаммов *K. pneumoniae*, выделенных от пациентов больных онкологией в 2021-2023 гг.

### Материалы и методы

Исследовали штаммы *K. pneumoniae* (n=81) выделенные от пациентов ФГБУ НМИЦ онкологии им. Н.Н. Блохина Минздрава России. Идентификацию бактерий проводили на приборе MALDI-TOF Biotyper (Bruker, Германия). Чувствительность к 23 антибактериальным препаратам 5 функциональных классов (пенициллинам, цефалоспорином, карбапенемам, аминогликозидам, фторхинолонам, колистину) определяли на приборе Vitek-2 Compact (bioMerieux, Франция) и интерпретировали по EUCAST-2023. Гены антибиотикорезистентности и вирулентности определяли методом ПЦР со специфичными праймерами. Анализ полных геномов (GenoLab M) осуществляли с помощью BLAST, PubMLST, Kaptive, ResFinder, CARD и VFAnalyzer

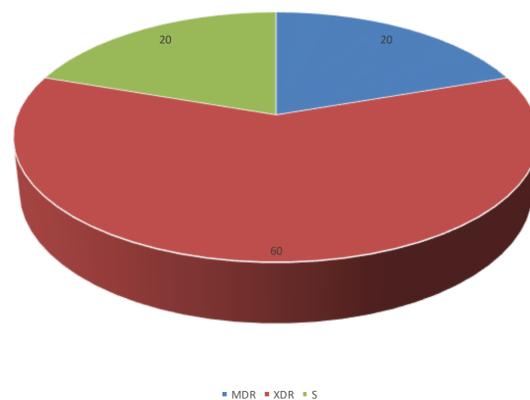
Гены антибиотикорезистентности и вирулентности



### Результаты

В результате исследования штаммов *K. pneumoniae* выявили, что 60% с экстремальной устойчивостью (XDR) и 20% с множественной лекарственной устойчивостью (MDR), остальные 20% имели устойчивость менее чем к 3 классам антибиотиков. Наличие штаммов с высокой степенью антибиотикорезистентности обусловлено наличием генов бета-лактамаз: blaSHV (68%), blaCTX-M (58%), blaTEM (33%), blaOXA-48 (26%), blaNDM (20%); blaKPC (5%), интегрона 1 класса (int1-27%) и гена поринового белка ompK36 (52%). В исследуемых штаммах выявили генетические детерминанты вирулентности: глюкозилтрансферазы wabG (98%), уридин-дифосфат-галактуронат-4-эпиразы uge\_2 (93%), адгезина фимбрий I типа fimH (48%), оперон метаболизма аллантаина all (40%), аэробактерина aer (24%), оперон поглощения железа kfu (23%) и ген регулятора гипермукоидного фенотипа gmpA (19%). При анализе геномов исследуемых штаммов *K. pneumoniae* определили 31 сиквенс-тип, среди них преобладали ST147(K64), ST395(K2/39), реже представлены ST23(57), ST307(K102/149/155), ST380. Выявлены гены антибиотикорезистентности blaSHV-106/1/28/33, blaTEM-1B, blaCTX-M-15/55, blaKPC-3, blaNDM-1, blaOXA-48, armA, aph(3')-VI; aac(3)-IIa/d, aac(6)-Ib-cr; aph(3)-Ia/VI, aadA1/2, sul1/2, fosA, catA1/B3, msrE, mphA, ermB, tetA.

Доля XDR, MDR (%)



### Библиография

- В.А. Агеев, И.В. Агеев, С.В. Сидоренко  
КОНВЕРГЕНЦИЯ МНОЖЕСТВЕННОЙ РЕЗИСТЕНТНОСТИ И ГИПЕРВИРУЛЕНТНОСТИ У *KLEBSIELLA PNEUMONIAE*  
Инфекция и иммунитет Russian Journal of Infection and Immunity = Infektsiya i immunitet 2022, T. 12, № 3, с. 450-460  
2022, vol. 12, no. 3, pp. 450-460

### Выводы

В ходе работы было определено высокое генетическое разнообразие штаммов *K. pneumoniae*, выделенных от пациентов онкоцентра в 2021-2023 гг. Было установлено, что исследуемые штаммы были представлены 31 сиквенс-типом. Среди них преобладают штаммы с высокой степенью антибиотикорезистентности, обусловленной наличием сочетания генов бета-лактамаз: blaSHV и blaTEM (6%), blaTEM и blaCTX-M (28%); и гипервирулентностью за счет сочетания генов gmpA, aer1 и aer2. (12%), что представляет серьезную опасность для современной системы здравоохранения.

