

## Применение цифровых технологий для организации системы микробиологического мониторинга и оценки антибактериальной резистентности в отделениях интенсивной терапии

О.В. МIRONENKO<sup>1,2,3</sup>, Р.В. Бузинов<sup>4</sup>, А.А. Тованова<sup>1,2</sup>, И.Ю. Коваленко<sup>5</sup>, Е.А. Петрова<sup>6</sup>, В.В. Сельничева<sup>7</sup>, М.И. Подборонов<sup>3</sup>, М.Ю. Буцкая<sup>7</sup>

<sup>1</sup> Северо-Западный государственный медицинский университет им. И.И. Мечникова, Санкт-Петербург, Россия;

<sup>2</sup> Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия;

<sup>3</sup> Мой медицинский центр, Санкт-Петербург, Россия;

<sup>4</sup> Северо-Западный научный центр гигиены и общественного здоровья, Санкт-Петербург, Россия;

<sup>5</sup> Стоматологическая поликлиника № 32, Санкт-Петербург, Россия;

<sup>6</sup> Городская больница № 26, Санкт-Петербург, Россия;

<sup>7</sup> Городская многопрофильная больница № 2, Санкт-Петербург, Россия

### АННОТАЦИЯ

**Обоснование.** Одной из серьёзных проблем современного здравоохранения являются инфекции, связанные с оказанием медицинской помощи, при которых в качестве приоритетных возбудителей выступают полирезистентные штаммы. Наибольшей актуальностью характеризуется широкое распространение штаммов *Klebsiella pneumoniae* в отделениях интенсивной терапии, связанное с тяжёлым состоянием пациентов, для которых инфицирование полирезистентными штаммами усугубляет течение основного заболевания, увеличивает длительность лечения, приводит к существенному экономическому ущербу. Важными элементами организации контроля за инфекциями, связанными с оказанием медицинской помощи в стационаре, являются систематический микробиологический мониторинг и оценка антибактериальной резистентности штаммов, выделенных из биологического материала пациентов.

**Цель.** Сравнительная характеристика микробиологического пейзажа и антибиотикорезистентности выделенных полирезистентных штаммов на основе современных цифровых технологий у пациентов отделений реанимации и кардиореанимации двух многопрофильных стационаров Санкт-Петербурга.

**Методы.** Проведён ретроспективный анализ результатов микробиологического мониторинга отделений реанимации и кардиореанимации двух многопрофильных стационаров Санкт-Петербурга за 2024 г. Полученные данные обрабатывали при помощи компьютерной аналитической программы WHONET и онлайн-платформы AMRCloud.

**Результаты.** Основное место в структуре микроорганизмов отделений реанимации и кардиореанимации занимает группа ESCAPE-патогенов, выделенных из мокроты и смывов из бронхоальвеолярного лаважа пациентов. Выявлен статистически значимый более высокий уровень резистентности данных штаммов в отделениях реанимации по сравнению с отделениями кардиореанимации. Для анализа уровня распространённости пневмоний, ассоциируемых с искусственной вентиляцией лёгких, проведен расчёт стратифицированных эпидемиологических показателей, результаты которого соответствуют данным, полученным из литературных источников.

**Заключение.** Одним из основных инструментов по контролю за возбудителями инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи в стационаре, динамикой их антибиотикорезистентности является регулярно проводимый микробиологический мониторинг, который позволяет своевременно реагировать на изменяющуюся эпидемиологическую ситуацию, структуру микроорганизмов, образующиеся ассоциации штаммов, их резистентность к антибактериальным препаратам. Данная работа неотъемлемо связана с быстрым анализом большого массива данных, что требует разработки новых цифровых технологий для внедрения их в медицинские информационные системы стационаров.

**Ключевые слова:** инфекции, связанные с оказанием медицинской помощи; микробиологический мониторинг; отделение реанимации и интенсивной терапии; отделение кардиореанимации; штаммы микроорганизмов; *Klebsiella pneumoniae*; антибиотикорезистентность; эмпирическая и рациональная антибиотикотерапия; цифровые технологии.

#### КАК ЦИТИРОВАТЬ:

Мироненко О.В., Бузинов Р.В., Тованова А.А., Коваленко И.Ю., Петрова Е.А., Сельничева В.В., Подборонов М.И., Буцкая М.Ю. Применение цифровых технологий для организации системы микробиологического мониторинга и оценки антибактериальной резистентности в отделениях интенсивной терапии // Экология человека. 2025. Т. 32, № 10. С. XX-XX. DOI: 10.17816/humeco689971 EDN: GLKXMS

Рукопись поступила: 29.08.2025

Рукопись одобрена: 29.10.2025

Опубликована online: 14.11.2025

Статья доступна по лицензии CC BY-NC-ND 4.0 International License

© Эко-Вектор, 2025

## Application of Digital Technologies for Organizing a Microbiological Monitoring and Antimicrobial Resistance System in Intensive Care Unit

Olga V. Mironenko<sup>1,2,3</sup>, Roman V. Buzinov<sup>4</sup>, Anna A. Tovanova<sup>1,2</sup>, Elena A. Petrova<sup>5</sup>, Victoria V. Selnitseva<sup>6</sup>, Igor Yu. Kovalenko<sup>7</sup>, Mikhail I. Podboronov<sup>3</sup>, Maria Yu. Butskaya<sup>6</sup>

<sup>1</sup> North-Western State Medical University n.a. I.I. Mechnikova, St. Petersburg, Russia;

<sup>2</sup> Saint-Petersburg State University, St. Petersburg, Russia;

<sup>3</sup> My Medical Center, St. Petersburg, Russia;

<sup>4</sup> Northwest Public Health Research Center, St. Petersburg, Russia;

<sup>5</sup> Dental clinic No. 32, St. Petersburg, Russia;

<sup>6</sup> City Hospital No. 26, St. Petersburg, Russia;

<sup>7</sup> City Multidisciplinary Hospital No. 2, St. Petersburg, Russia

#### ABSTRACT

**BACKGROUND.** One of the serious problems in modern healthcare is healthcare-associated infections (HAIs), in which multidrug-resistant strains are the priority pathogens. The widespread distribution of *Klebsiella pneumoniae* strains in intensive care units is particularly relevant due to the severity of patients' conditions, where secondary contamination with these multidrug-resistant strains significantly exacerbates the course of the underlying disease, prolongs treatment, and causes significant economic damage. One of the elements of the organization of control over nosocomial infections in a hospital is systematic microbiological monitoring and assessment of the antibacterial resistance of strains isolated from patients' biological material.

**AIM:** The aim of this work is to compare the microbiological landscape and antibiotic resistance of multidrug-resistant strains isolated from patients in intensive care and cardiocirculatory intensive care units of two multidisciplinary hospitals in St. Petersburg using modern digital technologies.

**METHODS.** A retrospective analysis of the results of microbiological monitoring of the intensive care and cardiorespiratory intensive care units of two multidisciplinary hospitals in St. Petersburg for 2024 was conducted. The data was processed using the WHONET computer analytical program and the AMRCloud online platform.

**RESULTS:** The main place in the structure of microorganisms in the intensive care and cardioreanimation departments is occupied by the group of ESCAPE pathogens isolated from the sputum and BAL of patients. A higher level of resistance of these strains was found in intensive care units compared to cardioreanimation units, which is a statistically significant criterion. To analyze the

prevalence of ventilator-associated pneumonia, stratified epidemiological indicators were calculated, and the results corresponded to the data obtained from literature sources.

**CONCLUSION:** One of the main tools for controlling nosocomial infections in a hospital and monitoring their antibiotic resistance is regular microbiological monitoring, which allows for timely response to changing epidemiological situations, the structure of microorganisms, and the formation of associations of strains and their resistance to antibiotics.

It is clear that timely detection of precursors of an unfavorable epidemiological situation in structural units is possible through systematic microbiological monitoring.

This work is inextricably linked to the rapid analysis of large amounts of data, which requires the development of new digital technologies for their implementation in hospital medical information systems.

**Keywords:** infections associated with medical care; nosocomial infections; microbiological monitoring; intensive care unit; cardiopulmonary resuscitation unit; strain; *Klebsiella pneumoniae*; antibiotic resistance; empirical and rational antibiotic therapy; digital technologies.

#### TO CITE THIS ARTICLE:

Mironenko OV, Buzinov RV, Tovanova AA, Petrova EA, Selnitseva VV, Kovalenko IYu, Podboronov MI, Butskaya MYu. Application of Digital Technologies for Organizing a Microbiological Monitoring and Antimicrobial Resistance System in Intensive Care Unit. *Ekologiya cheloveka* (Human Ecology). 2025;32(10):XX–XX. DOI: 10.17816/humeco689971 EDN: GLKXMS.

Received: 29.08.2025

Accepted: 29.10.2025

Published online: 14.11.2025

The article can be used under the CC BY-NC-ND 4.0 International License

© Eco-Vector, 2025

## ОБОСНОВАНИЕ

В отделениях интенсивной терапии и реанимации пациенты наиболее подвержены риску возникновения инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи (ИСМП). Ключевым инструментом эпидемиологического надзора и профилактики ИСМП в медицинских организациях является системный микробиологический мониторинг. Регулярный надзор за этиологической структурой микроорганизмов, их резистентностью позволяет вовремя выявить ухудшение эпидемиологической ситуации и принять своевременные управленческие решения для профилактических и противоэпидемических мероприятий в стационарах. Особую актуальность приобретает микробиологический мониторинг в отделениях с высоким риском ИСМП, такими как отделение реанимации и интенсивной терапии, кардиореанимации и хирургии [1]. Большое количество инвазивных вмешательств, в том числе искусственной вентиляции лёгких (ИВЛ), катетеризации периферических и магистральных сосудов, в совокупности с тяжёлым состоянием пациентов на фоне выраженного иммунодефицита повышают риск колонизации и инфицирования пациентов в данных отделениях. Анализ результатов микробиологического мониторинга неразрывно связан с обработкой большого объёма информации, что невозможно без использования современного программного обеспечения, такого как WHONET, AMRCloud. Эти программы позволяют быстро выявлять тенденции и отклонения в устоявшейся структуре микроорганизмов, оперативно реагировать на рост устойчивости к антимикробным препаратам, дезинфицирующим средствам и адаптировать схемы эмпирической терапии [2–4].

**Цель исследования.** Сравнительная характеристика микробиологического пейзажа и антибиотикорезистентности выделенных полирезистентных штаммов на основе современных цифровых технологий у пациентов отделений реанимации и кардиореанимации двух многопрофильных стационаров Санкт-Петербурга.

## МЕТОДЫ

В ходе исследования выполнен ретроспективный анализ результатов микробиологического мониторинга отделений реанимации и кардиореанимации двух многопрофильных стационаров Санкт-Петербурга мощностью более 1000 коек каждый за 2024 г. В стационаре № 1 оценке

подвергнут 2601 штамм микроорганизмов, полученных из биологического материала пациентов, в стационаре № 2 — 947 штаммов. Эмпирические данные были собраны и проанализированы с использованием современных методов статистического анализа, а также при помощи компьютерной аналитической программы WHONET и онлайн-платформы AMRCloud.

Анализ длительности пребывания пациентов на аппарате ИВЛ проводили на основании данных электронных медицинских карт стационарного больного в медицинских информационных системах. Проведен расчёт стратифицированных показателей эпидемиологической диагностики: кумулятивная инцидентность и плотность инцидентности среди пациентов с установленным диагнозом ИВЛ-ассоциированных пневмоний.

Для описания видовой принадлежности возбудителей использованы абсолютные числа и относительные частоты (%). Резистентность к антимикробным препаратам представлена в виде медианы. Оценку данных резистентности *Klebsiella pneumoniae* к антимикробным препаратам в двух стационарах выполнили с помощью критерия Манна–Уитни. За критический уровень статистической значимости принимали  $p < 0,05$ .

## РЕЗУЛЬТАТЫ

На первом этапе исследования анализировали данные микробиологического мониторинга за 2024 г. у пациентов многопрофильных стационаров, проходивших лечение в отделениях реанимации и кардиореанимации: 2601 штамм микроорганизмов в стационаре № 1 и 947 штаммов — в стационаре № 2.

В отделении реанимации стационара № 1 идентифицировано 2494 штамма, состоящих из 15 видов возбудителей. Основное место в видовой структуре принадлежало следующим микроорганизмам: *Klebsiella pneumoniae* 34,7% ( $n=866$ ), *Acinetobacter baumannii* 14,0% ( $n=350$ ), *Staphylococcus aureus* 11,1% ( $n=277$ ), *Pseudomonas aeruginosa* — 8,1% ( $n=201$ ), *Escherichia coli* — 7,9% ( $n=197$ ), *Staphylococcus epidermidis* — 6,4% ( $n=159$ ), *Enterococcus faecium* — 5,4% ( $n=134$ ) (В графу «Прочее» вошли такие микроорганизмы, как *Proteus mirabilis* — 4,6% ( $n=114$ ), *Enterococcus faecalis* — 4,0% ( $n=99$ ), *Staphylococcus haemolyticus* — 2,6% ( $n=65$ ), *Streptococcus pneumoniae* — 0,6% ( $n=14$ ), *Klebsiella oxytoca* — 0,2% ( $n=5$ ), *Streptococcus agalactiae* — 0,2% ( $n=5$ ), *Bacillus cereus* — 0,2% ( $n=4$ ), *Proteus vulgaris* — 0,2% ( $n=4$ ).

В отделении кардиореанимации стационара № 1 идентифицировано 107 штаммов микроорганизмов, 14 видов возбудителей. Наиболее часто выделяемыми микроорганизмами стали *Klebsiella pneumoniae* — 18,7% ( $n=20$ ), *Escherichia coli* — 17,8% ( $n=19$ ), *Staphylococcus aureus* — 14,0% ( $n=15$ ), *Pseudomonas aeruginosa* — 13,1% ( $n=14$ ), *Acinetobacter baumannii* — 11,2% ( $n=12$ ), *Enterococcus faecalis* — 6,5% ( $n=7$ ), *Staphylococcus epidermidis* — 4,7% ( $n=5$ ); В графу «Прочее» вошли следующие виды: *Enterococcus faecium* 3,7% ( $n=4$ ), *Proteus mirabilis* — 3,7% ( $n=4$ ), *Staphylococcus haemolyticus* — 1,9% ( $n=2$ ), *Streptococcus pneumoniae* — 1,9% ( $n=2$ ), *Klebsiella aerogenes* — 0,9% ( $n=1$ ), *Klebsiella oxytoca* — 0,9% ( $n=1$ ), *Staphylococcus simulans* — 0,9% ( $n=1$ ).

При анализе видовой структуры микроорганизмов исследуемых отделений выявлено, что основную долю составляет группа ESCAPE-патогенов, включающая микроорганизмы с высоким эпидемическим потенциалом — *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* и *Enterobacter* spp., что полностью согласовывается с литературными данными [5, 6].

Основным биологическим материалом для анализа в отделениях реанимации и кардиореанимации служила мокрота и смывная жидкость бронхоальвеолярного лаважа (БАЛ), доля которых наиболее значима — 47,8 и 54,2% соответственно. Помимо респираторных образцов, аналитически значимую долю также составили исследования других типов клинического материала, таких как моча, кровь и раневое отделяемое (рис. 1).

При анализе данных стационара № 2 установлено, что в отделении реанимации было выделено 685 штаммов микроорганизмов, 42 вида возбудителей. При этом в видовой структуре преобладали *Klebsiella pneumoniae* — 20,6% ( $n=141$ ), *Acinetobacter baumannii* — 14,3% ( $n=98$ ), *Staphylococcus aureus* — 11,1% ( $n=76$ ), *Corynebacterium striatum* — 9,6% ( $n=66$ ), *Proteus mirabilis* — 8,2% ( $n=56$ ), *Pseudomonas aeruginosa* — 6,9% ( $n=47$ ), *Enterococcus faecalis* — 5,7% ( $n=39$ );

В графу «Прочее» вошли микроорганизмы, доля которых в общей структуре составила менее 5,0%: *Staphylococcus haemolyticus* — 3,9% ( $n=27$ ), *Staphylococcus epidermidis* — 2,3% ( $n=16$ ), *Enterococcus faecium* — 2,2% ( $n=15$ ), *Escherichia coli* — 1,9% ( $n=13$ ), *Providencia stuartii* — 1,7%



( $n=12$ ), *Serratia marcescens* — 1,7% ( $n=12$ ), *Stenotrophomonas maltophilia* — 1,3% ( $n=9$ ), *Candida albicans* — 1,0% ( $n=7$ ), *Staphylococcus hominis* — 1,0% ( $n=7$ ), *Streptococcus mitis* — 0,7% ( $n=5$ ), *Staphylococcus capitis* — 0,6% ( $n=4$ ), *Acinetobacter nosocomialis* — 0,4% ( $n=3$ ), *Candida glabrata* — 0,4% ( $n=3$ ), *Morganella morganii* — 0,4% ( $n=3$ ), *Streptococcus oralis* — 0,4% ( $n=3$ ), *Candida parapsilosis* — 0,3% ( $n=2$ ), *Corynebacteria mulcerans* — 0,3% ( $n=2$ ), *Streptococcus salivarius* — 0,3% ( $n=2$ ), *Acinetobacter calcoaceticus* — 0,1% ( $n=1$ ), *Candida tropicalis* — 0,1% ( $n=1$ ), *Citrobacter koseri* — 0,1% ( $n=1$ ), *Corynebacterium afermentans* — 0,1% ( $n=1$ ), *Enterobacter asburiae* — 0,1% ( $n=1$ ), *Enterobacter cloacae* — 0,1% ( $n=1$ ), *Enterococcus raffinosus* 0,1% ( $n=1$ ), *Neisseria subflava* — 0,1% ( $n=1$ ), *Proteus penneri* — 0,1% ( $n=1$ ), *Pseudomonas putida* — 0,1% ( $n=1$ ), *Serratia liquefaciens* — 0,1% ( $n=1$ ), *Sphingomonas paucimobilis* — 0,1% ( $n=1$ ), *Staphylococcus simulans* — 0,1% ( $n=1$ ), *Streptococcus agalactiae* — 0,1% ( $n=1$ ), *Streptococcus anginosus* — 0,1% ( $n=1$ ), *Streptococcus pneumoniae* — 0,1% ( $n=1$ ), *Streptococcus vestibularis* — 0,1% ( $n=1$ ).

В отделении кардиореанимации стационара № 2 за исследуемый период было определено 262 изолята, включивших в себя 23 вида возбудителей: *Klebsiella pneumoniae* — 17,2% ( $n=45$ ), *Acinetobacter baumannii* — 16,0% ( $n=42$ ), *Corynebacterium striatum* — 9,2% ( $n=24$ ), *Staphylococcus aureus* — 8,4% ( $n=22$ ), *Pseudomonas aeruginosa* — 6,9% ( $n=18$ ), *Enterococcus faecalis* — 6,1% ( $n=16$ ), *Staphylococcus epidermidis* — 5,7% ( $n=15$ ), *Proteus mirabilis* — 5,3% ( $n=15$ );).

В графу «Прочее» включены *Enterococcus faecium* — 5,0% ( $n=13$ ), *Stenotrophomonas maltophilia* — 5,0% ( $n=13$ ), *Escherichia coli* — 3,4% ( $n=9$ ), *Candida albicans* — 3,1% ( $n=8$ ), *Streptococcus mitis* — 2,3% ( $n=6$ ), *Staphylococcus haemolyticus* — 1,9% ( $n=5$ ), *Serratia marcescens* — 1,1% ( $n=3$ ), *Streptococcus oralis* — 0,8% ( $n=2$ ), *Acinetobacter nosocomialis* — 0,4% ( $n=1$ ), *Candida nonalbicans* — 0,4% ( $n=1$ ), *Candida atropicalis* — 0,4% ( $n=1$ ), *Citrobacter freundii* — 0,4% ( $n=1$ ), *Enterobacter asburiae* — 0,4% ( $n=1$ ), *Staphylococcus capitis* — 0,4% ( $n=1$ ), *Streptococcus vestibularis* — 0,4% ( $n=1$ ).

Основным приоритетным биологическим материалом, отобранном для дальнейшего анализа и установления возможной связи между данными микробиологического мониторинга и частотой ИВЛ-ассоциированной пневмонии в отделениях реанимации и кардиореанимации стационара № 2, как и в стационаре № 1, являлась мокрота и смывная жидкость БАЛ (рис. 2).

В результате сравнительного анализа данных двух стационаров установлено, что в обоих стационарах группа бактерий ESKAPE является достоверно преобладающей ( $p \leq 0,05$ ), среди которой преобладали *Klebsiella pneumoniae*. ESKAPE-патогены характеризуются эпидемиологической значимостью в формировании случаев ИСМП среди пациентов интенсивной терапии, поскольку бактерии данной группы быстро формируют высокую резистентность к антимикробным препаратам и дезинфицирующим средствам [7, 8].

Количество идентифицированных видов микроорганизмов в стационаре № 1 статистически значимо ниже, чем в стационаре № 2 ( $p < 0,05$ ). Данное различие может быть связано с различным типом применяемых методов лабораторной диагностики, стандартами и показаниями к выполнению исследований, принятых в данных стационарах.

Итак, *Klebsiella pneumoniae* занимает лидирующее место в структуре микробиологического пейзажа отделений интенсивной терапии. Основным биологическим локусом, из которого наиболее часто происходит выделение данного патогена, является респираторный тракт, в частности, мокрота и смывная жидкость БАЛ (рис. 3, 4). Это объясняет тот факт, что ИВЛ-ассоциированные пневмонии — одно из наиболее частых инфекционных осложнений в отделениях интенсивной терапии, что связано с тяжёлым состоянием пациентов, длительным периодом госпитализации, использованием аспирационных зондов. Высокое эпидемиологическое значение *Klebsiella pneumoniae* при ИВЛ-ассоциированных пневмониях потребовало более детального анализа в отношении данного возбудителя [9].

В этой связи на следующем этапе нашей работы был выполнен сравнительный анализ антибиотикорезистентности выделенных штаммов *Klebsiella pneumoniae* из исследуемых отделений стационаров № 1 и 2. Анализ чувствительности проводили к различным группам антимикробных препаратов, таких как цефалоспорины, карбопенемы, аминогликозиды и фторхинолоны. При оценке чувствительности выявлено, что процент резистентных штаммов *Klebsiella pneumoniae* в отделениях кардиореанимации обоих стационаров достоверно ниже, чем в отделениях реанимации (табл. 1).

Для анализа различий резистентности *Klebsiella pneumoniae* к антимикробным препаратам в двух стационарах отделений реанимации и кардиореанимации рассчитали медианы. В

отделении реанимации стационара № 1 значение медианны составило 88,9%, тогда как в кардиореанимации — 73,6%. В стационаре № 2 также прослеживается аналогичная тенденция: медиана в отделении реанимации составила 92,9%, в то время как в отделении кардиореанимации — 86,7%. В ходе теста установлено, что медианное значение резистентности *Klebsiella pneumoniae* к антимикробным препаратам в отделениях реанимации в обоих стационарах статистически значимо выше (88,9% — стационар № 1, 92,9% — стационар № 2) медианного значения в отделениях кардиореанимации (73,6% — стационар № 1, 86,7% — стационар № 2);  $W=129,0$ ;  $p \leq 0,05$ .

С целью оценки уровня заболеваемости ИВЛ-ассоциированными пневмониями у пациентов исследуемых отделений рассчитали стратифицированные эпидемиологические показатели, в том числе кумулятивную инцидентность (КИ) и плотность инцидентности (ПИ). Эти показатели позволяют не только количественно оценить риск развития инфекции среди пациентов, находящихся на ИВЛ, но и сравнивать эпидемиологическую ситуацию между различными отделениями и медицинскими организациями в динамике [10, 11].

В стационаре № 1 проанализировано 465 электронных карт пациентов отделения реанимации и кардиореанимации, которые находились на ИВЛ, у которых в анализе мокроты и смывах БАЛ была выделена *Klebsiella pneumoniae*. КИ составила 12,9 на 1000 пациентов, ПИ — 1,3 на 1000 человекодней. В стационаре № 2 проанализировано 135 электронных карт пациентов, отобранных по тем же критериям, при этом КИ составила — 7,4 на 1000 пациентов, ПИ — 0,3 на 1000 человекодней. Показатели заболеваемости ИВЛ-ассоциированными пневмониями в стационаре № 1 выше, чем в стационаре № 2. Данное различие может быть связано с особенностями статуса пациентов, связанных с тяжестью состояния, длительностью пребывания в отделении, объёмом и интенсивностью инвазивных вмешательств, а также с различной системой учёта и регистрации данных осложнений. Несмотря на различия в уровне заболеваемости двух стационаров, полученные данные о стратифицированных эпидемиологических показателях соответствуют общемировым тенденциям, что может говорить об эффективных лечебных и санитарно-противоэпидемических мероприятиях [12, 13, 14].

## ОБСУЖДЕНИЕ

Проведённый анализ видовой структуры микроорганизмов двух многопрофильных стационаров подтверждает высокую эпидемиологическую значимость группы ESKAPE-патогенов, а именно возбудителя *Klebsiella pneumoniae*, выделенных из мокроты и смывов БАЛ пациентов отделений интенсивной терапии, что подтверждается результатами зарубежных исследований, где представители группы ESKAPE, включая *Klebsiella pneumoniae*, определяются как лидирующие микроорганизмы. Этому способствуют коморбидность, концентрация и длительность нахождения тяжелобольных пациентов в данных отделениях, высокая частота инвазивных вмешательств, что создает благоприятную среду для распространения полирезистентных условно-патогенных штаммов микроорганизмов. Частота выделения из мокроты и смывов, полученных из БАЛ, *Klebsiella pneumoniae* коррелирует с уровнем ИВЛ-ассоциированных пневмоний в отделениях реанимации и кардиореанимации, что диктует необходимость пристального надзора за данным возбудителем в рамках микробиологического мониторинга в стационаре [15].

Также следует отметить выявленные статистически значимые различия в количестве идентифицированных возбудителей *Klebsiella pneumoniae*: в стационаре № 1 ниже, чем в стационаре № 2, что может быть связано с различным типом применяемых методов лабораторной диагностики, стандартами и показаниями для исследования, принятыми в данных стационарах.

Анализ уровня резистентности *Klebsiella pneumoniae* к антимикробным препаратам показал, что устойчивость штаммов в отделениях реанимации статистически выше, чем в отделениях кардиореанимации обоих стационаров ( $p \leq 0,05$ ). Данные отличия можно связать с особенностями состояния пациентов отделений реанимации, а именно полиморбидностью, низким уровнем иммунитета, возможной полиорганной недостаточностью, сепсисом, внутрибольничной пневмонией, что требует выраженных реанимационных мероприятий, длительной ИВЛ, катетеризации магистральных сосудов и массивной антибактериальной терапии, способствующих возникновению ИСМП с участием полирезистентных штаммов в отделениях интенсивной терапии, что подтверждается данными литературных источников. Эти

факторы риска напрямую связаны с высоким риском. Полученные данные в уровнях антибиотикорезистентности между отделениями реанимации и кардиореанимации указывают на необходимость индивидуального подхода к организации противоэпидемических мероприятий и выбору рациональной антибиотикотерапии [16].

С целью оценки уровня заболеваемости ИВЛ-ассоциированными пневмониями у пациентов исследуемых отделений получены данные о стратифицированных показателях (КИ и ПИ), при этом показатели заболеваемости ИВЛ-ассоциированными пневмониями в стационаре № 1 выше, чем в стационаре № 2. Показатели находятся в диапазоне значений, регистрируемых в отделениях интенсивной терапии по всему миру [17, 18]. Полученные данные требуют детального эпидемиологического анализа, что запланировано на следующем этапе исследования, в том числе, с привлечением авторской базы данных, зарегистрированной под № 2025622422 «База данных микробиологического мониторинга и антибиотикорезистентности пациентов стационара для организации эпидемиологической диагностики случаев ИСМП» от 03.06.2025.

## ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Одним из основных инструментов по контролю за ИСМП в стационаре и уровнем антибиотикорезистентности является своевременный микробиологический мониторинг, напрямую связанный с рациональной антибиотикотерапией. Выполнение задач исследования требует быстрого анализа большого массива данных, что обуславливает необходимость разработки новых специализированных баз данных, цифровых технологий для внедрения их в медицинские информационные системы стационаров.

Применение цифрового программного обеспечения, такого как WHONET и AMRCloud, на основе специализированных баз данных позволяет оперативно реагировать на информацию о росте уровня устойчивости к антимикробным препаратам и адаптировать схемы эмпирической терапии. Таким образом, внедрение и развитие информационно-аналитического сопровождения микробиологического мониторинга на базе современных цифровых решений — необходимое условие для формирования устойчивой системы эпидемиологической безопасности.

## ДОПОЛНИТЕЛЬНАЯ ИНФОРМАЦИЯ

**Вклад авторов.** И.Ю. Коваленко — концепция и дизайн, анализ и интерпретация результатов; М.И. Подборонов — сбор и обработка данных; Е.А. Петрова — предоставление материалов исследования; В.В. Сельничева — предоставление материалов исследования, М.Ю. Буцкая — предоставление материалов исследования; А.А. Тованова — написание текста; О.В. Мироненко — редактирование; Р.В. Бузинов — редактирование. Все авторы одобрили рукопись (версию для публикации), а также согласились нести ответственность за все аспекты работы, гарантируя надлежащее рассмотрение и решение вопросов, связанных с точностью и добросовестностью любой её части.

**Этическая экспертиза.** Не требуется, т.к. исследование не проводилось на пациентах. В ходе работы были изучены статистические и эпидемиологические данные.

**Источники финансирования.** Отсутствуют.

**Раскрытие интересов.** Авторы заявляют об отсутствии отношений, деятельности и интересов за последние три года, связанных с третьими лицами (коммерческими и некоммерческими), интересы которых могут быть затронуты содержанием статьи.

**Оригинальность.** При создании настоящей работы авторы не использовали ранее опубликованные сведения (текст, иллюстрации, данные).

**Доступ к данным.** Редакционная политика в отношении совместного использования данных к настоящей работе не применима, новые данные не собирали и не создавали.

**Генеративный искусственный интеллект.** При создании настоящей статьи технологии генеративного искусственного интеллекта не использовали.

**Рассмотрение и рецензирование.** Настоящая работа подана в журнал в инициативном порядке и рассмотрена по обычной процедуре. В рецензировании участвовали два внешних рецензента, член редакционной коллегии и научный редактор издания.

## ADDITIONAL INFORMATION

**Author contributions:** I.Yu. Kovalenko — concept and design, analysis and interpretation of results; M.I. Podboronov — data collection and processing; E.A. Petrova — provision of research materials; V.V. Selnitseva — provision of research materials, M.Yu. Butskaya — provision of research materials; A.A. Tovanova — writing the text; O.V. Mironenko — editing; R.V. Buzinov — editing. All the authors approved the version of the manuscript to be published and agreed to be accountable for all aspects of the work, ensuring that questions related to the accuracy or integrity of any part of the work are appropriately investigated and resolved.

**Ethics approval:** No conclusion is required, as the study was not conducted on patients. Statistical and epidemiological data were studied during the work

**Funding sources:** No funding.

**Disclosure of interests:** The authors have no relationships, activities, or interests for the last three years related to for-profit or not-for-profit third parties whose interests may be affected by the content of the article.

**Statement of originality:** No previously published material (text, images, or data) was used in this work.

**Data availability statement:** The editorial policy regarding data sharing does not apply to this work, as no new data was collected or created.

**Generative AI:** No generative artificial intelligence technologies were used to prepare this article.

**Provenance and peer review:** This paper was submitted unsolicited and reviewed following the standard procedure. The peer review process involved two external reviewers, a member of the editorial board, and the in-house scientific editor.

## СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ | REFERENCES

1. Prin M, Li G. Complications and in-hospital mortality in trauma patients treated in intensive care units in the United States, 2013. *Inj Epidemiol.* 2016;3(1):18. doi: 10.1186/s40621-016-0084-5
2. Fan P, Fu P, Liu J, et al. Monitoring of *Klebsiella pneumoniae* infection and drug resistance in 17 pediatric intensive care units in China from 2016 to 2022. *Infect Drug Resist.* 2024;17:4125–4136. doi: 10.2147/IDR.S475720
3. Lohiya R, Deotale V. Surveillance of health-care associated infections in an intensive care unit at a tertiary care hospital in Central India. *GMS Hyg Infect Control.* 2023;18:Doc28. doi: 10.3205/dgkh000454
4. Nabieva AS, Aslanov BI, Nokhrin AV. Risk factors for healthcare-associated infections in pediatric cardiac surgery. *Public Health and Life Environment — PH&LE.* 2022;30(11):69–75. doi: 10.35627/2219-5238/2022-30-11-69-75 EDN: YLLRXY
5. Venkateswaran P, Vasudevan S, David H, et al. Revisiting ESKAPE Pathogens: virulence, resistance, and combating strategies focusing on quorum sensing. *Front Cell Infect Microbiol.* 2023;13:1159798. doi: 10.3389/fcimb.2023.1159798
6. Teng J, Imani S, Zhou A, et al. Combatting resistance: Understanding multi-drug resistant pathogens in intensive care units. *Biomed Pharmacother.* 2023;167:115564. doi: 10.1016/j.biopha.2023.115564
7. Goloverova, YuA, Akimkin VG. Prospects of epidemiological investigation of outbreaks caused by the ESCAPE group of bacteria among patients of intensive care units and intensive care units. In: *From the theory of self-regulation to global self-isolation: modern challenges to epidemiological science and practice: Collection of articles of the All-Russian interdepartmental scientific and practical conference dedicated to the 100th anniversary of the birth of Academician.* St. Petersburg: S.M. Kirov Military Medical Academy; 2022. P. 44–49. EDN SQESRZ
8. De Oliveira DMP, Forde BM, Kidd TJ, et al. Antimicrobial resistance in ESKAPE pathogens. *Clin Microbiol Rev.* 2020;33(3):e00181–00119. doi: 10.1128/CMR.00181-19
9. Kireev SS, Matveenkova LV. Intensive therapy of the intrahospital infection in office of reanimation and intensive therapy. *Journal of New Medical Technologies.* 2014;21(4):92–97. doi: 10.12737/7277 EDN: RHHWIU
10. Orlova OA, Akimkin VG. Organization of epidemiological diagnosis of ventilator-associated respiratory infections. *Medical Alphabet.* 2017;3(30):15–19. EDN: ZVGRQJ
11. Zueva LP, Aslanov BI, Vasiliev KD, et al. Epidemiological diagnostics — basis of risk-oriented technologies for the prevention healthcare-associated infections. *Epidemiology and*



*Vaccinal Prevention*. 2017;16(5):69–74. doi: 10.31631/2073-3046-2017-16-5-69-74 EDN: ZQOLTT

12. Charles MP, Kali A, Easow JM, et al. Ventilator-associated pneumonia. *Australas Med J*. 2014;7(8):334–44. doi: 10.4066/AMJ.2014.2105
13. Mumtaz H, Saqib M, Khan W, et al. Ventilator associated pneumonia in intensive care unit patients: a systematic review. *Ann Med Surg (Lond)*. 2023;85(6):2932–2939. doi: 10.1097/MS9.0000000000000836
14. Timsit JF, Esaied W, Neuville M, et al. Update on ventilator-associated pneumonia. *F1000Res*. 2017;6:2061. doi: 10.12688/f1000research.12222.1
15. Baigenzhin A, Bissenova N, Yergaliyeva A, et al. ESKAPE pathogens in pediatric cardiac surgery patients: 5-year microbiological monitoring in a tertiary hospital in Kazakhstan. *Acta Microbiol Immunol Hung*. 2024;71(3):211–219. doi: 10.1556/030.2024.02352
16. Fernández-Martínez NF, Cárcel-Fernández S, De la Fuente-Martos C, et al. Risk factors for multidrug-resistant gram-negative bacteria carriage upon admission to the intensive care unit. *Int J Environ Res Public Health*. 2022;19(3):1039. doi: 10.3390/ijerph19031039
17. Ali HS, Khan FY, George S, et al. Epidemiology and Outcome of ventilator-associated pneumonia in a heterogeneous ICU population in Qatar. *Biomed Res Int*. 2016;2016:8231787. doi: 10.1155/2016/8231787
18. Li Y, Liu C, Xiao W, et al. Incidence, Risk factors, and outcomes of ventilator-associated pneumonia in traumatic brain injury: a meta-analysis. *Neurocrit Care*. 2020;32(1):272–285. doi: 10.1007/s12028-019-00773-w

## ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ / AUTHORS' INFO

| * Автор, ответственный за переписку                                                                                                                                                                            | * Corresponding author                                                                                                                                                                                    |
|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>* Тованова Анна Александровна</b> , канд. мед. наук;<br>адрес: Россия, 191015, Санкт-Петербург, ул. Кирочная, д. 41;<br>OCRID: 0000-0002-4137-8259;<br>eLibrary SPIN: 7687-4489;<br>e-mail: ann.tovan@bk.ru | <b>* Anna A. Tovanova</b> , MD, Cand. Sci. (Medicine);<br>address: 41Kirochnaya, Saint-Petersburg, Russia, 191015;<br>OCRID: 0000-0002-4137-8259;<br>eLibrary SPIN: 7687-4489;<br>e-mail: ann.tovan@bk.ru |
| <b>Мироненко Ольга Васильевна</b> , д-р мед. наук, профессор;<br>OCRID: 0000-0002-1484-8251;<br>eLibrary SPIN: 9368-7627;<br>e-mail: miroolga@yandex.ru                                                        | <b>Olga V. Mironenko</b> , MD, Dr. Sci. (Medicine), Professor;<br>OCRID: 0000-0002-1484-8251;<br>eLibrary SPIN: 9368-7627;<br>e-mail: miroolga@yandex.ru                                                  |
| <b>Бузинов Роман Вячеславович</b> , д-р мед. наук;<br>OCRID: 0000-0002-8624-6452;<br>eLibrary SPIN: 8849-3830;<br>e-mail: r.buzinov@s-znc.ru                                                                   | <b>Roman V. Buzinov</b> , MD, Dr. Sci. (Medicine);<br>OCRID: 0000-0002-8624-6452;<br>eLibrary SPIN: 8849-3830;<br>e-mail: r.buzinov@s-znc.ru                                                              |
| <b>Петрова Елена Аркадьевна</b> ;<br>eLibrary SPIN: 8923-3499;<br>e-mail: petrova_epid@mail.ru                                                                                                                 | <b>Elena A. Petrova</b> ;<br>eLibrary SPIN: 8923-3499;<br>e-mail: petrova_epid@mail.ru                                                                                                                    |
| <b>Сельничева Виктория Владиславовна</b> ;<br>e-mail: selavik@mail.ru                                                                                                                                          | <b>Victoria V. Selnitseva</b> ;<br>e-mail: selavik@mail.ru                                                                                                                                                |
| <b>Коваленко Игорь Юрьевич</b> ;<br>eLibrary SPIN: 4643-5110;<br>e-mail: igorkovalenko022@yandex.ru                                                                                                            | <b>Igor Yu. Kovalenko</b> ;<br>eLibrary SPIN: 4643-5110;<br>e-mail: igorkovalenko022@yandex.ru                                                                                                            |
| <b>Подборонов Михаил Игоревич</b> ;<br>eLibrary SPIN: 2352-2471;<br>e-mail: podboronov.misha@yandex.ru                                                                                                         | <b>Mikhail I. Podboronov</b> ;<br>eLibrary SPIN: 2352-2471;<br>e-mail: podboronov.misha@yandex.ru                                                                                                         |
| <b>Буцкая Мария Юрьевна</b> ;<br>OCRID: 0000-0003-0933-7972;<br>eLibrary SPIN: 3602-8316;<br>e-mail: butskaya.masha@yandex.ru                                                                                  | <b>Maria Yu. Butskaya</b> ;<br>OCRID: 0000-0003-0933-7972;<br>eLibrary SPIN: 3602-8316;<br>e-mail: butskaya.masha@yandex.ru                                                                               |

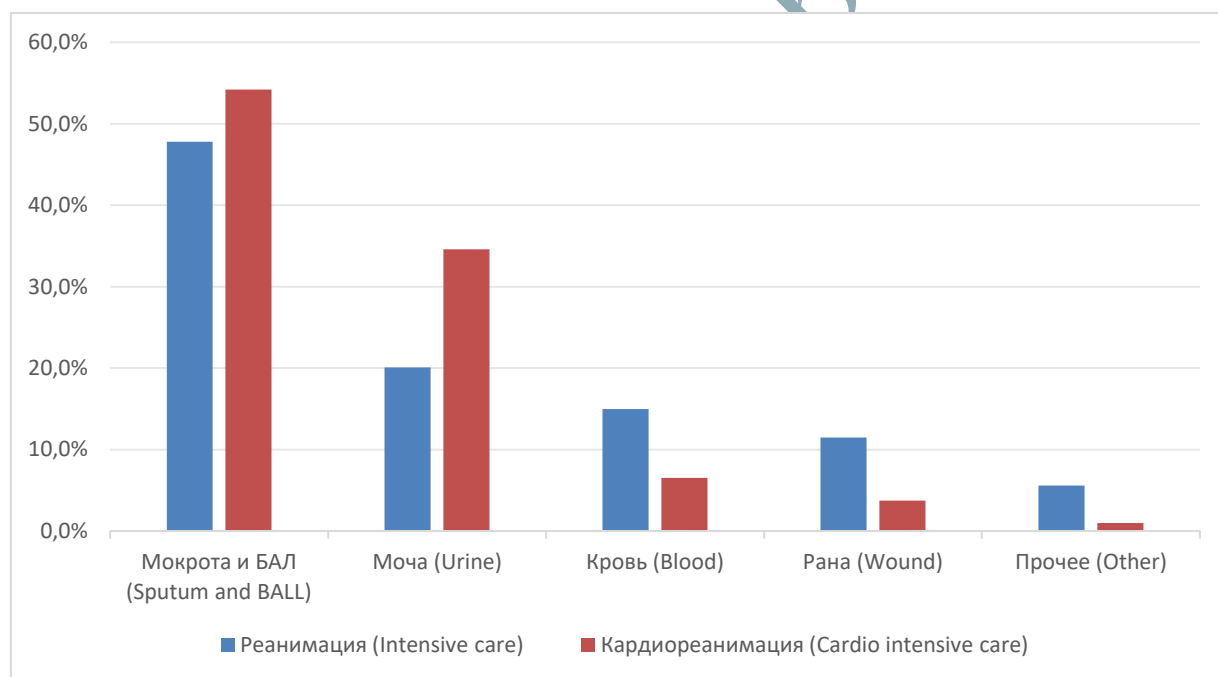
## ТАБЛИЦЫ

**Таблица 1.** Распределение нечувствительных к антимикробным препаратам изолятов *Klebsiella Pneumoniae* отделений реанимации и кардиореанимации стационаров № 1 и 2, %

**Table 1.** Percentage of detection of antimicrobial-resistant *Klebsiella Pneumoniae* isolates in the intensive care and cardiopulmonary resuscitation departments of Hospital № 1 and № 2, %

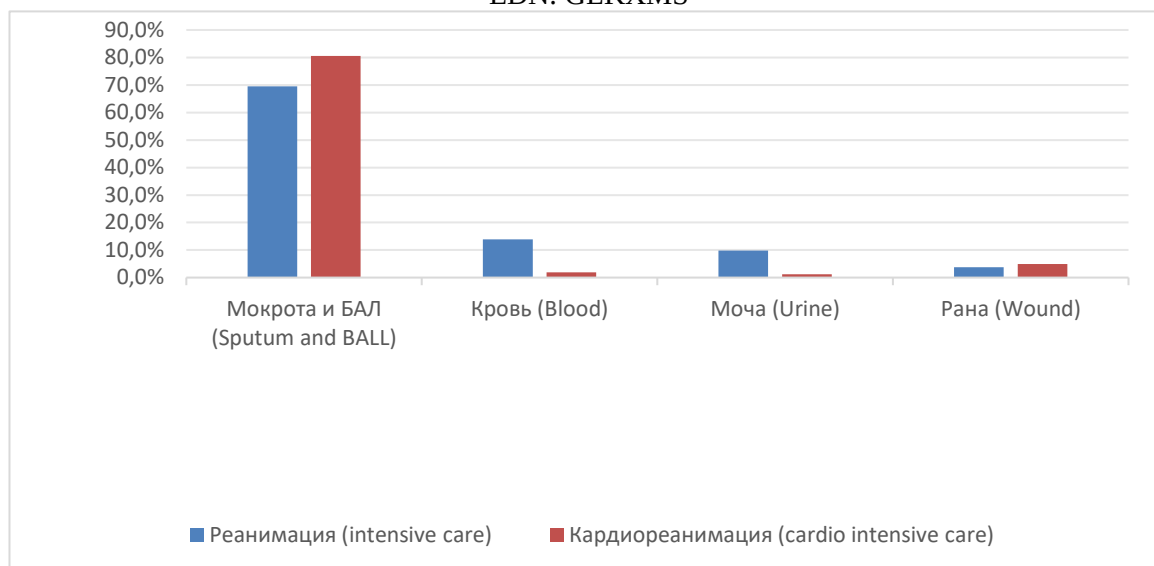
| Антибиотик            | Стационар № 1        |                            | Стационар № 2        |                            |
|-----------------------|----------------------|----------------------------|----------------------|----------------------------|
|                       | отделение реанимации | отделение кардиореанимации | отделение реанимации | отделение кардиореанимации |
| <b>Цефалоспорины</b>  |                      |                            |                      |                            |
| Цефтазидим            | 90,5                 | 78,9                       | 94,3                 | 86,7                       |
| Цефотаксим            | 90,6                 | 80,0                       | 95,0                 | 88,9                       |
| Цефепим               | 90,4                 | 72,2                       | 94,3                 | 88,9                       |
| <b>Карбопенемы</b>    |                      |                            |                      |                            |
| Меропенем             | 69,6                 | 52,6                       | 44,6                 | 62,2                       |
| <b>Аминогликозиды</b> |                      |                            |                      |                            |
| Амикацин              | 69,4                 | 68,4                       | 72,3                 | 73,3                       |
| <b>Фторхинолоны</b>   |                      |                            |                      |                            |
| Ципрофлоксацин        | 87,5                 | 75,0                       | 91,5                 | 86,7                       |

## РИСУНКИ



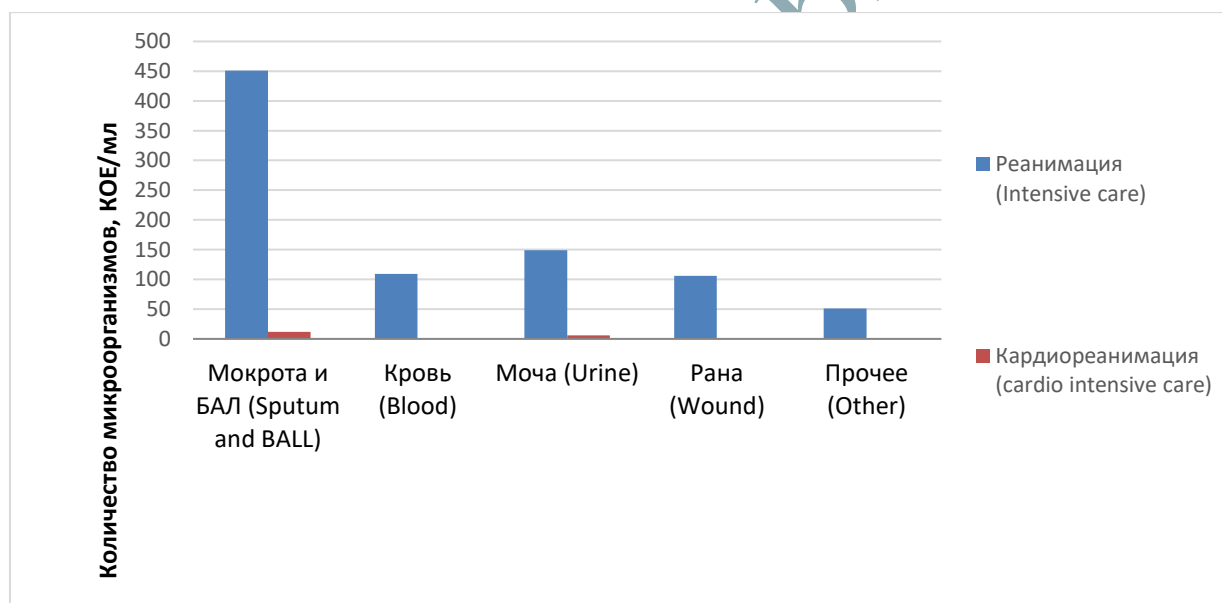
**Рис. 1.** Основной клинический материал в отделениях реанимации и кардиореанимации стационара № 1, %: БАЛ — бронхоальвеолярный лаваж.

**Fig. 1.** The main clinical material in the intensive care and cardiac intensive care units of hospital No. 1, %: BAL — bronchoalveolar lavage.



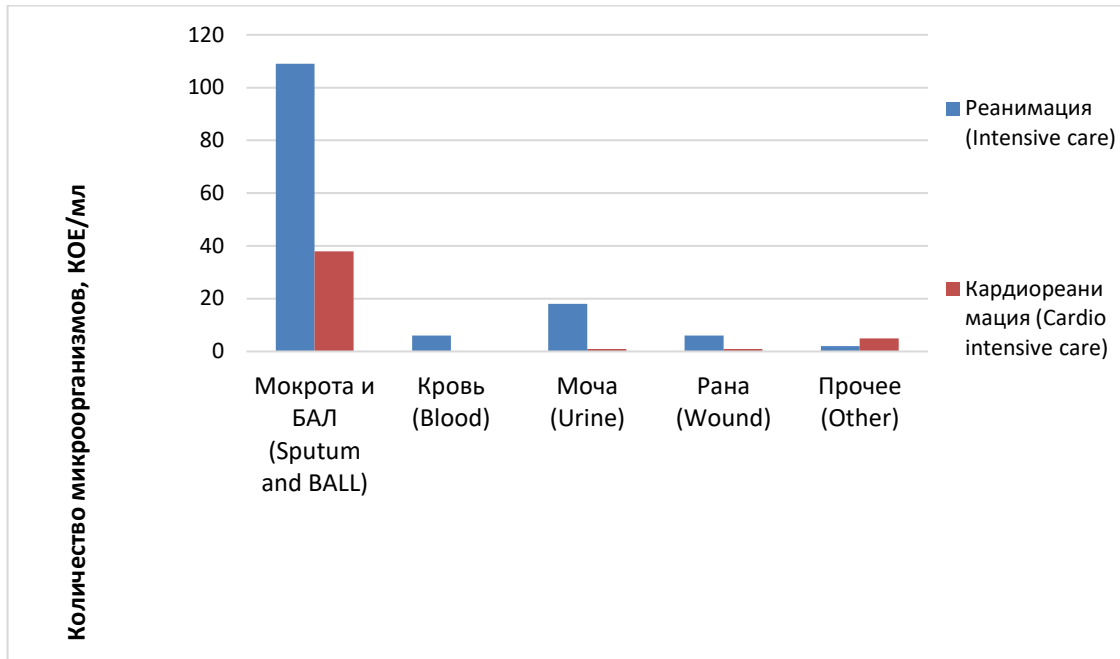
**Рис. 2.** Основной клинический материал в отделениях реанимации и кардиореанимации стационара № 2, %: БАЛ — бронхоальвеолярный лаваж.

**Fig. 2.** The main clinical material in the intensive care and cardiac intensive care units of hospital No. 2, %: BAL — bronchoalveolar lavage.



**Рис. 3.** Распределение *Klebsiella pneumoniae* в биологическом материале отделений реанимации и кардиореанимации стационара № 1: БАЛ — бронхоальвеолярный лаваж (количество выделенных микроорганизмов).

**Fig. 3.** Distribution of *Klebsiella pneumoniae* in the biological material of intensive care units and cardiac intensive care unit of hospital No. 1: BAL — bronchoalveolar lavage (number of isolated microorganisms).



**Рис. 4.** Распределение *Klebsiella pneumoniae* в биологическом материале отделений реанимации и кардиореанимации стационара № 2: БАЛ — бронхоальвеолярный лаваж (количество выделенных микроорганизмов).

**Fig. 4.** Distribution of *Klebsiella pneumoniae* in the biological material of intensive care units and cardiac intensive care unit No. 2: BAL — bronchoalveolar lavage (number of isolated microorganisms).