

<https://doi.org/10.31631/2073-3046-2024-23-1-51-56>

Этиологическая структура внебольничных пневмоний в период эпидемии COVID-19

В. И. Сергеевнин¹, М. В. Рожкова*², К. В. Овчинников², Е. Ж. Кузовникова³

¹ФГБОУ ВО «Пермский государственный медицинский университет имени академика Е. А. Вагнера» Минздрава России, г. Пермь

²ГКУЗ ПК «Пермский краевой центр по борьбе и профилактике со СПИД и инфекционными заболеваниями», г. Пермь

³ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Пермском крае» Роспотребнадзора, г. Пермь

Резюме

Актуальность. Изучение этиологической структуры внебольничных пневмоний (ВП) на фоне широкой циркуляции SARS-CoV-2 представляет практический интерес для оперативного выбора тактики лечения. **Цель.** Оценка возможного влияния новой коронавирусной инфекции на спектр возбудителей внебольничной пневмонии для эмпирического выбора антибактериальной терапии. **Материалы и методы.** Этиологию ВП оценивали по результатам бактериологических и молекулярно-генетических исследований проб мокроты и смывов с задней стенки глотки 142 детей и 190 взрослых пациентов в первые 2 дня от момента госпитализированных в две медицинские организации г. Перми в 2021–2022 гг. с первичным диагнозом «внебольничная пневмония». У 131 ребенка SARS-CoV-2 не был обнаружен, у 11 – выявлен, у 84 взрослых отрицательный результат тестирования, у 106 – положительный. **Результаты.** У больных ВП при наличии COVID-19 по сравнению с SARS-CoV-2-негативными пациентами достоверно установлено более частое выделение *K. pneumoniae*, *S. aureus*, *S. haemolyticus* и ДНК *H. influenzae*, а также микробных ассоциаций бактериальной этиологии. **Заключение.** Результаты исследования могут быть использованы при выборе тактики лечения сочетанной инфекции.

Ключевые слова: COVID 19, внебольничные пневмонии, виды бактерий, респираторные вирусы

Конфликт интересов не заявлен.

Для цитирования: Сергеевнин В. И., Рожкова М. В., Овчинников К. В. и др. Этиологическая структура внебольничных пневмоний в период эпидемии COVID-19. Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2024;23(1):51-56. <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2024-23-1-51-56>

Etiological Structure of Community-Acquired Pneumonia in the period of COVID-19 epidemic

VI Sergevnin¹, MV Rozhkova**², KV Ovchinnikov², EZh Kuzovnikova³

¹Perm State Medical University named after Academician E.A. Wagner, Perm, Russia

²Perm Regional Center for Control and Prevention of AIDS and Infectious Diseases, Perm, Russia

³Perm Center of Hygiene and Epidemiology in Perm Region of the Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing, Perm Russia

Abstract

Relevance. The etiological structure of community-acquired pneumonia (CAP) with the widespread COVID-19 as backdrop is poorly studied. **Aim.** Comparative study of community-acquired pneumonia etiological structure in patients with and without a new coronavirus infection. **Materials and methods.** The etiology of CAP was estimated on the base of the results of bacteriological and molecular genetic studies of sputum samples and swabs from the posterior pharyngeal wall in 142 children and 190 adults in 1-2 days from the moment they were hospitalized to two medical organizations of Perm in the period of 2021-2022 with a primary diagnosis of CAP. There were 131 negative and 11 positive for SARS-CoV-2 among pediatric patients. There were 84 negative and 106 – positive for SARS-CoV-2 among the adults. **Results.** It was found that in patients with CAP in the presence of COVID-19, compared with SARS-CoV-2-negative patients, a more frequent isolation of *K. pneumoniae*, *S. aureus*, *S. haemolyticus* and *H. influenzae* DNA, as well as microbial associations of bacterial etiology. **Conclusion.** The results of the study can be used when choosing treatment tactics for combined infections.

Keywords: COVID 19, community-acquired pneumonia, bacterial species, respiratory viruses

No conflict of interest to declare.

* Для переписки: Рожкова Марина Владимировна, заведующая организационно-методическим отделом, ГБУЗ ПК «Пермский краевой центр по борьбе и профилактике со СПИД и инфекционными заболеваниями», 614088, Пермский край, г. Пермь, ул. Архитектора Связьева, 21. +7 (950) 458-47-02, RozhkovaMary@yandex.ru. ©Сергеевнин В. И. и др.

** For correspondence: Rozhkova Marina V., Head of the Organizational and Methodological Department, Perm Regional Center for Control and Prevention of AIDS and Infectious Diseases, Perm, Russia. +7 (950) 458-47-02, RozhkovaMary@yandex.ru. ©Sergevnin VI, et al.

For citation: Sergevni VI, Rozhkova MV, Ovchinnikov KV, et al. Etiological structure of community-acquired pneumonia in the period of COVID-19 epidemic. *Epidemiology and Vaccinal Prevention*. 2024;23(1):51-56 (In Russ.). <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2024-23-1-51-56>

Введение

Внебольничные пневмонии (ВП) в период эпидемии COVID-19 были широко распространены и характеризовались большой степенью осложненного и затяжного течения и значительной летальностью [1]. Результаты лабораторных исследований пациентов с ВП, ассоциированной с COVID-19, указывают на наличие в респираторном тракте сопутствующих основной инфекции патогенных микроорганизмов у 0,6–54% больных [2–4]. Ко-патогенами SARS-CoV-2 установлены: *S. pneumoniae*, *S. aureus*, *K. pneumoniae*, *Haemophilus influenzae*, *Mycoplasma pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Legionella pneumophila*, *Chlamydia pneumoniae*, а также вирус гриппа, риновирус и др. [5–8]. Вместе с тем результаты исследований по оценке частоты ко-инфицирования у больных ВП при наличии и отсутствии COVID-19 разнятся. А. Ю. Попова и соавт. [1] указывают, что у больных с лабораторно подтвержденным COVID-19 (COVID-19 (+)), по сравнению с пациентами с SARS-CoV-2-негативными (COVID-19(-)) при ВП статистически значимо чаще выделяются *Streptococcus viridans* и грибы рода *Candida*. В то же время такие микроорганизмы как *Streptococcus mitis*, *Streptococcus oralis*, *Streptococcus salivarius*, *Streptococcus parasanguinis*, *Neisseria* spp. у больных COVID-19 обнаруживались реже. Не выявлено статистически значимых различий и в частоте выделения респираторных вирусов у пациентов SARSCoV-2 «+» и SARS-CoV-2 «-». Об отсутствии различий в частоте выделения условно-патогенных бактерий у больных ВП при наличии и отсутствии COVID-19 сообщают С. А. Портенко и соавт. [5] и Chiara Di Mitri, et al. [6]. Наконец есть сообщения, что в микробиоте нижних дыхательных путей пациентов с ВП, ассоциированных с SARS-CoV-2, бактерии семейства *Enterobacteriaceae* и неферментирующие грамотрицательные бактерии встречались реже, чем у пациентов без COVID-19 [9].

Цель – оценка возможного влияния новой коронавирусной инфекции на спектр возбудителей внебольничной пневмонии для эмпирического выбора антибактериальной терапии.

Материалы и методы

Этиологию ВП оценивали по результатам бактериологических и молекулярно-генетических исследований проб мокроты, а в некоторых случаях – смывов с задней стенки глотки (при отсутствии мокроты в момент обследования). Всего обследовано 142 ребенка и 190 взрослых, госпитализированных в две медицинские организации г. Перми в 2021–2022 гг. с первичным диагнозом «внебольничная пневмония» (коды по МКБ10:

J13-J18) или «COVID-19» (код по МКБ10: U07.1). На наличие SARS-CoV-2 пациенты были обследованы либо на догоспитальном этапе, либо при поступлении в приемное отделение стационара, выявление условно-патогенных бактерий, грибов и респираторных вирусов – в приемном отделении либо при поступлении в палату. У 131 больного ребенка результат анализа на SARS-CoV-2 был отрицательным, у 11 – положительным, у 84 взрослых – отрицательным, у 106 – положительным. Средний возраст детей с COVID-19 (+) был 3,5 ± 0,2 года, COVID-19 (+) – 3,4 ± 0,2 года, взрослых – 66,0 ± 2,2 лет и 65,0 ± 2,3 года соответственно. Процедуру искусственной вентиляции легких пациенты не получали.

Исследование смывов с ротоглотки на наличие SARS-CoV-2 проводили методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) в лабораториях г. Перми (Центр гигиены и эпидемиологии в Пермском крае, Пермская станция переливания крови) с использованием наборов реагентов для выявления и количественного определения РНК SARS-CoV-2 в биологическом материале следующих производителей: «АмплиСенс® COVID-19-FL» (производство: ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора, г. Москва), «РеалБест РНК SARS-CoV2» (производство: АО Вектор Бест, г. Новосибирск), «ОТ-ПЦР-РБ-SARS-CoV-2-Д» (производство НПК «СИНТОЛ», г. Москва).

Бактериологическое исследование мокроты и мазков из носоглотки на наличие условно-патогенных бактерий и грибов осуществляли в лабораториях двух медицинских организаций, являющихся базами для госпитализации пациентов с ВП, в соответствии со стандартными методами и процедурами.

Молекулярно-генетические исследования на наличие ДНК/РНК ряда вирусов и трудно культивируемых возбудителей ВП осуществляли в лаборатории Центра гигиены и эпидемиологии в Пермском крае методом ПЦР в режиме реального времени с использованием наборов реагентов производства ООО «ИнтерЛабСервис», позволяющих выявить: ДНК *S. pneumoniae*; ДНК *H. influenzae*; ДНК *N. meningitidis*; ДНК *Chlamydia pneumoniae*; ДНК *M. pneumoniae*; ДНК *Chlamydia psittaci*; ДНК *L. pneumophila*; РНК гриппа А; РНК гриппа В; РНК гриппа H1N1 pdm 2009; РНК парагриппа 1,2,3,4; РНК РС-вируса; РНК риновируса; ДНК аденовируса. Использовали амплификатор «CFX96» «Bio-Rad», США. Статистическую обработку материалов проводили с использованием программы «WinPepi», версия 11.65 (автор профессор Joe Abramson, Израиль). Статистическую значимость различий показателей определяли путем расчета

критерия согласия χ^2 , при малом числе наблюдений – точного критерия Фишера. Различия результатов считали статистически значимыми при $p < 0,05$.

Результаты и их обсуждение

По результатам бактериологических исследований биоматериала, взятого при обследовании детей (табл. 1), потенциальные возбудители ВП были выявлены у 28,2% детей COVID-19 (-) и у 63,6% детей COVID-19 (+) ($p > 0,05$). У больных ВП детей COVID-19(-) бактериологически идентифицированы: *S. pneumoniae*, *K. pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*, *S. aureus*, *Escherichia coli*, *Candida albicans*. Доминирующее положение занимали *S. aureus* и *C. albicans*, частота выделения каждого из которых составила 12,2 на 100 обследованных пациентов, тогда как других микроорганизмов лишь 2,3–3,0 ($p < 0,05$ во всех случаях). У больных детей COVID-19 (+) были выделены *S. pneumoniae*, *K. pneumoniae* и *S. aureus* (соответственно 18,2, 27,3 и 27,2 на 100 обследованных) практически на одном уровне ($p > 0,05$). При этом частота выделения *K. pneumoniae* у пациентов с COVID-19 (+) (27,3 на 100), по сравнению с COVID-19 (-) больными (3,0 на 100), оказался статистически значимо выше ($p < 0,05$), что указывает на то, что коронавирусная инфекция способствует инфицированию клебсиеллами.

По данным бактериологических исследований биоматериала, взятого при обследовании взрослых

(табл. 2), предполагаемый возбудитель ВП был выявлен у 76,2% с отрицательным и у 93,4% больных с положительным результатом ПЦР на SARS-CoV2 ($p < 0,05$). У пациентов с COVID-19 (-) ведущее место занимали *S. pneumoniae* и *C. albicans*, частота выделения которых (соответственно 26,1 и 29,7 на 100 обследованных) была выше, чем других возбудителей ($p < 0,05$ во всех случаях). У пациентов COVID-19 (+) приоритетное место занимали *C. albicans* (33,0 на 100 обследованных). Вместе с тем достаточно часто выделялись *K. pneumoniae* (18,8 на 100 обследованных) и *S. pneumoniae* (15,1 на 100 обследованных). При этом *K. pneumoniae*, *S. aureus* и *Staphylococcus haemolyticus* достоверно чаще выделялись у больных COVID-19 (+) ($p < 0,05$ во всех случаях).

По результатам молекулярно-генетических исследований биоматериала, взятого при обследовании детей (табл. 3), возбудитель ВП был выявлен у 87,8% больных с COVID-19 (-) и у 90,9% пациентов COVID-19 (+) ($p > 0,05$). У больных ВП детей с COVID-19 (-) были идентифицированы ДНК *S. pneumoniae*, ДНК *H. influenzae*, РНК RS-вируса, РНК вируса гриппа А, РНК риновируса, ДНК аденовируса. Доминировал *S. pneumoniae*, частота выделения которого составила 83,9 на 100 обследованных против 1,5–16,0 других патогенов ($p < 0,05$ во всех случаях). У детей с COVID-19 (+) были выделены ДНК *S. pneumoniae*, ДНК *H. influenzae*, РНК RS-вируса, РНК риновируса. Частота

Таблица 1. Частота выявления возбудителей внебольничных пневмоний у больных детей по данным бактериологических исследований в 2021–2022 гг.

Table 1. The frequency of detection of pathogens of community-acquired pneumonia in sick children according to bacteriological studies in 2021–2022

Микро-организмы Microorganisms	Больные с отрицательным анализом на SARS-CoV-2 Patients with a negative test for SARS-CoV-2 (n = 131)		Больные с положительным анализом на SARS-CoV-2 Patients with a positive test for SARS-CoV-2 (n = 11)		Критерий Фишера; p Fischer's criterion; p
	Кол-во пациентов, у которых выделен микроорганизм Number of patients with identified microorganism	На 100 обследованных Per 100 examined	Кол-во пациентов, у которых выделен микроорганизм Number of patients with identified microorganism	На 100 обследованных Per 100 examined	
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	3	2,3 [0,5–6,5]	2	18,2 [2,3–51,7]	1,0; > 0,05
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	4	3,0 [0,8–7,6]	3	27,3 [6,0–61,0]	0,01; < 0,05
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	4	3,0 [0,8–7,6]	0	0	1,0; > 0,05
<i>Staphylococcus aureus</i>	16	12,2 [7,1–19,0]	3	27,2 [6,0–60,9]	0,2; > 0,05
<i>Candida albicans</i>	16	12,2 [7,1–19,0]	0	0	0,7; > 0,05
<i>Escherichia coli</i>	1	0,8 [0,02–5,5]	0	0	0,09; > 0,05

Таблица 2. Частота выявления возбудителей внебольничных пневмоний у больных взрослых по данным бактериологических исследований в 2021–2022 гг.

Table 2. The frequency of detection of pathogens of community-acquired pneumonia in adult patients according to bacteriological studies in 2021–2022

Микроорганизмы Microorganisms	Больные с ВП с COVID-19 (-) Patients with a negative test for SARS-CoV-2 (n = 84)		Больные с ВП с COVID-19 (+) Patients with a positive test for SARS-CoV-2 (n = 106)		χ ² ; p Fischer's criterion; p
	Кол-во пациентов, у которых выделен микроорганизм Number of patients with identified microorganism		Кол-во пациентов, у которых выделен микроорганизм Number of patients with identified microorganism		
	Абс. Abs.	На 100 обследованных Per 100 examined	Абс. Abs.	На 100 обследованных Per 100 examined	
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	22	26,1 [17,2–36,9]	16	15,1 [8,9–23,3]	3,6; 0,06
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	5	5,9 [1,9–13,3]	20	18,8 [11,9–27,6]	6,8; 0,009
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	2	2,3 [0,3–8,3]	9	8,4 [3,9–15,5]	3,2; 0,07
<i>Escherichia coli</i>	3	3,5 [0,7–10,0]	10	9,4 [4,6–16,6]	2,5; 0,1
<i>Haemophilus influenzae</i>	1	1,2 [0,03–6,4]	4	3,7 [1,0–9,3]	1,2; 0,3
<i>Staphylococcus aureus</i>	2	2,3 [0,03–6,4]	12	11,3 [5,9–18,9]	5,5; 0,02
<i>Candida albicans</i>	25	29,7 [20,3–40,7]	35	33,0 [24,6–42,3]	0,2; 0,6
<i>Enterococcus faecalis</i>	1	1,2 [0,03–6,4]	7	6,6 [2,7–13,1]	3,3; 0,06
<i>Streptococcus viridans</i>	1	1,2 [0,03–6,4]	5	4,7 [1,6–10,6]	1,9; 0,2
<i>Klebsiella oxytoca</i>	0	0	3	2,8 [0,6–8,0]	2,4; 0,1
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	3	3,5 [0,7–10,0]	3	2,8 [0,6–8,0]	0,08; 0,8
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	0	0	6	5,6 [2,1–11,9]	4,9; 0,03
<i>Acinetobacter baumannii</i>	4	4,7 [1,3–11,7]	4	3,7 [1,0–9,3]	0,1; 0,7
<i>Neisseria spp.</i>	3	3,5 [0,7–10,0]	2	1,8 [0,2–6,6]	0,5; 0,5
<i>Streptococcus oralis</i>	4	4,7 [1,3–11,7]	8	7,5 [3,3–14,3]	0,6; 0,4

выделения преобладала и составила соответственно 90,9 и 45,5 на 100 обследованных, что было статистически значимо выше частоты выделения ДНК/РНК других возбудителей ($p < 0,05$ во всех случаях). При этом частота выделения *H. influenzae* у пациентов COVID-19 (+) (45,5 на 100 обследованных), по сравнению с больными COVID-19 (-) (12,9 на 100 обследованных), оказалась статистически значимо выше ($p < 0,05$).

По данным молекулярно-генетических исследований биоматериала, взятого при обследовании взрослых (табл. 4), возбудитель ВП был

обнаружен у 23,8% у пациентов с COVID-19 (-) и у 26,4% пациентов с COVID-19 (+) ($p = 0,05$). У взрослых больных COVID-19 (-) COVID-19 (+) были выделены лишь ДНК *S. pneumoniae* и *H. influenzae* и РНК риновируса. У пациентов с COVID-19 (-) значительно чаще выделялся ДНК *S. pneumoniae* (20,2 на 100 обследованных), чем другие маркеры (2,3–4,7 на 100 обследованных). У пациентов COVID-19 (+) чаще обнаруживали ДНК *S. pneumoniae* (15,0 на 100 обследованных) и *H. influenzae* (9,4 на 100 обследованных), чем маркер риновируса (2,3 на 100 обследованных) ($p < 0,05$).

Таблица 3. Частота выявления возбудителей внебольничной пневмонии у больных детей по данным молекулярно-генетических исследований в 2021–2022 гг.

Table 3. The frequency of detection of pathogens of community-acquired pneumonia in sick children according to molecular genetic studies in 2021–2022

Микроорганизмы Microorganisms	Больные с COVID-19 (-) Patients with a negative test for SARS-CoV-2 (n = 131)		Больные COVID-19 (+) Patients with a positive test for SARS-CoV-2 (n = 11)		Критерий Фишера; р Fischer's criterion; p
	Кол-во пациентов, у которых выделен микроорганизм Number of patients with identified microorganism		Кол-во пациентов, у которых выделен микроорганизм Number of patients with identified microorganism		
	Абс. Abs.	На 100 обследованных Per 100 examined	Абс. Abs.	На 100 обследованных Per 100 examined	
ДНК <i>Streptococcus pneumoniae</i>	110	83,9 [76,5–9,7]	10	90,9 [58,7–99,7]	1,0; >0,05
ДНК <i>Hemophilus influenzae</i>	17	12,9 [7,7–19,9] Можно – 18,7	5	45,5 [16,8–76,6] Можно – 40	0,01, <0,05
РНК RS-вируса	4	3,0 [0,8–7,6]	1	9,0 [0,2–41,2]	0,3; >0,05
РНК вируса гриппа А	2	1,5 [0,2–5,4]	0	0	1,0; >0,05
РНК риновируса	21	16,0 [10,2–23,4]	1	9,0 [0,2–41,2]	1,0; >0,05
ДНК аденовируса	4	3,0 [0,8–7,6]	0	0	1,0; >0,05

Таблица 4. Частота выявления возбудителей внебольничных пневмоний у больных взрослых по данным молекулярно-генетических исследований в 2021–2022 гг.

Table 4. The frequency of detection of pathogens of community-acquired pneumonia in adult patients according to molecular genetic studies in 2021–2022

Микроорганизмы Microorganisms	Больные с ВП с COVID-19 (-) Patients with a negative test for SARS-CoV-2 (n=84)		Больные с ВП с COVID-19 (+) Patients with a positive test for SARS-CoV-2 (n =106)		χ ² , p Fischer's criterion; p
	Кол-во пациентов, у которых выде- лен микроорганизм Number of patients with identified microorganism		Кол-во пациентов, у которых вы- делен микроорганизм Number of patients with identified microorganism		
	Абс. Abs.	На 100 обследованных Per 100 examined	Абс. Abs.	На 1000 обследованных Per 100 examined	
ДНК <i>Streptococcus pneumoniae</i>	17	20,2 [12,2–30,4]	16	15,0 [8,8–23,3]	0,8; 0,4
ДНК <i>Hemophilus influenzae</i>	4	4,7 [1,3–11,7]	10	9,4 [4,6–16,6]	1,5: 0,2
РНК риновируса	2	2,3 [0,3–8,3]	3	2,8 [0,6–8,0]	0,03; 0,8

в обоих случаях). Значимых различий между частотой обнаружения маркеров вирусов у всех пациентов не отмечено.

Оценка частоты выделения ассоциаций микроорганизмов показала, что по данным бактериологических исследований у 5,3% детей COVID-19(-) было обнаружено одновременное сочетание двух и более возбудителей и у 9,1% детей с COVID-19 (+) ($p > 0,05$). У пациентов COVID-19 (-) преимущественно выявляли микробную ассоциацию *S. aureus* + *C. albicans*, COVID-19 (+) – *S. aureus* + *K. pneumoniae*. У взрослых COVID-19

(-) и COVID-19 (+) ассоциации возбудителей обнаружены соответственно у 14,3 и 42,4%, ($p < 0,05$), чаще всего *S. pneumoniae* + *C. albicans*.

По результатам молекулярно-генетических исследований, микробные ассоциации выявлены у 32,0% детей COVID-19 (-) и у 27,3% детей COVID-19 (+) ($p > 0,05$). У детей COVID-19 (-) чаще обнаруживали ассоциации нуклеиновых кислот *S. pneumoniae* + риновируса и *S. pneumoniae* + *H. influenzae*, у детей с COVID-19 (+) – *S. pneumoniae* + *H. influenzae*. У взрослых COVID-19 (-) и COVID-19 (+), по данным молекулярно-генетических исследований, частота

выделения ассоциаций составила лишь 3,6 и 1,8% соответственно ($p > 0,05$).

Заключение

Таким образом, с помощью бактериологического и молекулярно-генетического методов в пробах респираторного тракта больных ВП выделены культуры и маркеры микроорганизмов, из которых часть являются потенциальными возбудителями ВП. Ведущими патогенами оказались *S. pneumoniae*, *K. pneumoniae*, *S. aureus* и *H. influenzae*. В ряде случаев обнаружены микроорганизмы, являющиеся представителями резидентной микрофлоры человека, а именно *S. viridans*, *Enterococcus faecalis*, *Neisseria spp.*, *S. haemolyticus*, *Candida albicans*, которые, как известно, могут иметь этиологическое

значение в развитии ВП только при их неконтролируемом размножении на фоне резкого снижения иммунного статуса организма. У COVID-19 (+) больных, по сравнению с больными ВП COVID-19 (-), установлено более частое выделение *K. pneumoniae*, *S. aureus*, *S. haemolyticus* и ДНК *H. influenzae*, а также микробных ассоциаций бактериальной этиологии. Известно, что респираторные вирусы, включая SARS-CoV-2, вызывают нарушения функционирования иммунной системы, что снижает восприимчивость к бактериальной инфекции [10–12]. Таким образом, есть основания считать, что COVID-19 может способствовать присоединению ВП бактериальной этиологии, что следует учитывать при оперативном выборе тактики лечения сочетанной инфекции.

Литература

1. Попова А. Ю., Ежлова Е. Б., Демина Ю. В. и др. Особенности этиологии внебольничных пневмоний, ассоциированных с COVID-19. Проблемы особо опасных инфекций. 2020; 4:99–105. doi: 10.21055/0370-1069-2020-4-99-105.
2. Стулова М.В., Кудряшева И.А., Полунина О.С., и др. Сравнительный клинико-лабораторный анализ COVID-19 ассоциированной пневмонии с внебольничной пневмонией бактериальной этиологии. Современные проблемы науки и образования, 2020; 3: 134. doi:10.17513/spno.29905.
3. Lai CC., Wang CY., Hsueh PR. Co-infections among patients with COVID-19: The need for combination therapy with non-anti-SARS-CoV-2 agents? J Microbiol Immunol Infect. 2020; 53(4): 505–12. doi:10.1016/j.jmii.2020.05.013.
4. Lucien MAB, Canarie MF, Kilgore PE, et al. Antibiotics and antimicrobial resistance in the COVID-19 era: Perspective from resourcelimited settings. Int J Infect Dis. 2021; 104: 250–4. doi:10.1016/j.ijid.2020.12.087.
5. Портенко С. А., Казакова Е. С., Найденова Е. В. и др. Этиологическая структура внебольничных пневмоний в условиях пандемии новой коронавирусной инфекции в Саратовской области. Инфекция и иммунитет. 2022;12 (1):95–104. doi:0.15789/2220-7619-AEO-1747.
6. Di Mitri C, Arcoleo G, Mazzuca E, et al. COVID-19 and non-COVID-19 pneumonia: a comparison. Pulmonary Medicine. 2021. Pages 2321–2331 | Received, Accepted 19 Nov 2021, Published online: 02 Dec 2021. doi:10.1080/07853890.2021.2010797.
7. Getahun H, Smith I, Trivedi K, et al. Tackling antimicrobial resistance in the COVID-19 pandemic. Bull World Health Organ. 2020; 98(7): 442–442A. doi:10.2471/BLT.20.268573.
8. Lansbury L, Lim B, Baskaran V, Lim WS. Co-infections in people with COVID-19: a systematic review and meta-analysis. J Infect. 2020; 81(2): 266–75. doi:10.1016/j.jinf.2020.05.046.
9. Катаева Л. В., Вакарин А. А., Степанова Т. Ф., Степанова К. Б. Микробиота нижних дыхательных путей при внебольничных пневмониях, в том числе ассоциированных с SARS-CoV-2. Журнал микробиологии, эпидемиологии и иммунобиологии. 2021;98(5):528–537. doi:10.36233/0372-9311-10.7.
10. Howard ML. Is There an Association Between Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) and Streptococcus pneumoniae? Clinical Infectious Diseases, 2021; 72(5):76–78. doi:10.1093/cid/ciaa1812.
11. Du Toit A. Measles increases the risk of other infections. Nat Rev Microbiol. 2019; 18(1):2. doi: 10.1038/s41579-019-0301-7.
12. Zhou Y, Guo S, He Y, et al. COVID-19 is distinct from SARS-CoV-2-negative community-acquired pneumonia. Front Cell Infect Microbiol. 2020; 10:322. doi:10.3389/fcimb.2020.00322.

References

1. Popova A. Yu., Yezhova E. B., Demina Yu. V., et al. Features of the etiology of community-acquired pneumonia associated with COVID-19. Problems of particularly dangerous infections. 2020; 4:99–105. doi: 10.21055/0370-1069-2020-4-99-105(In Russ.).
2. Stulova M. V., Kudryasheva I. A., Polunina O. S., et al. Comparative clinical and laboratory analysis of COVID-19 associated pneumonia with community-acquired pneumonia of bacterial etiology. Modern Problems of Science and Education, 2020; 3:134. doi:10.17513/spno.29905(In Russ.).
3. Lai CC., Wang CY., Hsueh PR. Co-infections among patients with COVID-19: The need for combination therapy with non-anti-SARS-CoV-2 agents? J Microbiol Immunol Infect. 2020; 53(4): 505–12. doi:10.1016/j.jmii.2020.05.013.
4. Lucien MAB, Canarie MF, Kilgore PE, et al. Antibiotics and antimicrobial resistance in the COVID-19 era: Perspective from resourcelimited settings. IntJInfectDis. 2021; 104: 250–4. doi:10.1016/j.ijid.2020.12.087.
5. Portenko S. A., Kazakova E. S., Naidenova E. V., et al. Etiological pattern of community-acquired pneumonia related to the new coronavirus infection covid-19 pandemic in the Saratov region. Infection and immunity. 2022;12 (1):95–104. doi: 0.15789/2220-7619-AEO-1747(In Russ.).
6. Di Mitri C, Arcoleo G, Mazzuca E, et al. COVID-19 and non-COVID-19 pneumonia: a comparison. Pulmonary Medicine. 2021.Pages 2321–2331 | Received, Accepted 19 Nov 2021, Published online: 02 Dec 2021. doi:10.1080/07853890.2021.2010797.
7. Getahun H, Smith I, Trivedi K, et al. Tackling antimicrobial resistance in the COVID-19 pandemic. Bull World Health Organ. 2020; 98(7): 442–442A. doi:10.2471/BLT.20.268573.
8. Lansbury L, Lim B, Baskaran V, Lim WS. Co-infections in people with COVID-19: a systematic review and meta-analysis. J Infect. 2020; 81(2): 266–75. doi:10.1016/j.jinf.2020.05.046.
9. Kataeva L.V., Vakorina A.A., Stepanova T.F., Stepanova K.B. Microbiota of the lower respiratory tract in community-acquired pneumonia, including associated with SARS-CoV-2. Journal of Microbiology, Epidemiology and Immunobiology. 2021;98(5):528–537. doi:10.36233/0372-9311-10.7 (In Russ.).
10. Howard ML. Is There an Association Between Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 (SARS-CoV-2) and Streptococcus pneumoniae? Clinical Infectious Diseases, 2021; 72 (5):76–78. doi:10.1093/cid/ciaa1812.
11. Du Toit A. Measles increases the risk of other infections. Nat Rev Microbiol. 2019; 18(1):2. doi: 10.1038/s41579-019-0301-7.
12. Zhou Y, Guo S, He Y, et al. COVID-19 is distinct from SARS-CoV-2-negative community-acquired pneumonia. FrontCellInfectMicrobiol. 2020; 10:322. doi: 10.3389/fcimb.2020.00322.

Об авторах

- **Виктор Иванович Сергеев** – д. м. н., профессор кафедры эпидемиологии и гигиены, ФГБОУ ВО Пермский государственный медицинский университет имени академика Е. А. Вагнера Минздрава России. +7 (912) 592-91-40, viktor-sergeev@mail.ru. ORCID 0000-0002-2729-2248.
- **Марина Владимировна Рожкова** – заведующая организационно-методическим отделом, ГБУЗ ПК «Пермский краевой центр по борьбе и профилактике со СПИД и инфекционными заболеваниями». +7 (950) 458-47-02, RozhkovaMarya@yandex.ru. ORCID 0000-0002-1113-100.
- **Кирилл Вячеславович Овчинников** – главный врач, ГБУЗ ПК «Пермский краевой центр по борьбе и профилактике со СПИД и инфекционными заболеваниями». +7 (992) 214-17-50, okv-ac@mail.ru. ORCID 0000-0001-9677-6935.
- **Елена Жернольдновна Кузовникова** – заместитель главного врача, ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в Пермском крае» Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека. +7 (912) 98-96-814, antropoz@yandex.ru.

Поступила: 17.07.2023. Принята к печати: 16.01.2024.

Контент доступен под лицензией CC BY 4.0.

About the Authors

- **Victor I. Sergeev** – Dr. Sci. (Med.), Professor of the Department of Hygiene and Epidemiology, Perm State Medical University named after Academician E.A. Wagner, Perm, Russia. +7 (912) 592-91-40, viktor-sergeev@mail.ru. ORCID 0000-0002-2729-2248.
- **Marina V. Rozhkova** – Head of the Organizational and Methodological Department, Perm Regional Center for Control and Prevention of AIDS and Infectious Diseases, Perm, Russia. +7 (950) 458-47-02, RozhkovaMarya@yandex.ru. ORCID 0000-0002-1113-100.
- **Kirill V. Ovchinnikov** – Chief Medical Officer, Perm Regional Center for Control and Prevention of AIDS and Infectious Diseases, Perm, Russia. +7 (992) 214-17-50, okv-ac@mail.ru. ORCID 0000-0001-9677-6935.
- **Elena Zh. Kuzovnikova** – Deputy Chief Physician, Perm Center of Hygiene and Epidemiology in Perm Region of the Federal Service for Surveillance on Consumer Rights Protection and Human Wellbeing, Perm Russia. +7 (912) 98-96-814, antropoz@yandex.ru.

Received: 17.07.2023. Accepted: 16.07.2024.

Creative Commons Attribution CC BY 4.0.