Таблица — Выявление IgM антител к вирусу кори, вирусу краснухи, парововирусу В19, энтеровирусу, аденовирусу, ВГЧ6 в сыворотке крови детей 0—18 лет с лихорадкой и макуло-папулезной сыпью

Возраст, лет	N, абс	Положительные, абс. (%)	В том числе положительные к вирусам, абс. (%)					
			кори	краснухи	парвовирусу В19	энтеровирусу	аденоирусу	ВГЧ 6
0—2	111	62 (55,9)	4 (3,6)	0	12 (10,8)	14 (12,6)	2 (1,8)	30 (27,0)
3—6	191	91 (47,6)	0	0	51 (26,7)	22 (11,5)	17 (8,9)	1
7—10	96	58 (60,4)	0	0	44 (45,8)	10 (10,4)	4 (4,2)	0
11—14	47	18 (38,3)	2 (4,3)	0	10 (21,3)	4 (8,5)	2 (4,3)	0
15—18	90	50 (55,6)	8 (8,9)	2	25 (27,8)	10 (11,1)	5 (5,6)	0
0—18	535	279 (52,2)	14 (2,6)	2 (0,4)	142 (26,5)	60 (11,2)	30 (5,6)	31 (5,8)

У детей 3 лет и старше наиболее распространенной причиной острой экзантемы являлась парвовирусная инфекция, что наблюдается и в других странах умеренного климата [3]. В возрастной группе 7—10 лет она была выявлена у 45,8% обследованных, что составляло 75,9% всех случаев с лабораторно подтвержденным диагнозом. У детей 3—6 лет парвовирусом В19 было обусловлено 26,7% случаев, 11—14 лет — 21,3% и 15—18 лет — 27,8%. Энтеровирусная инфекция у детей 3 лет и старше была второй по распространенности и выявлялась во всех возрастных группах практически с одинаковой частотой (8,5—11,5%). Аденовирусная инфекция также была подтверждена во всех возрастных группах, однако практически в два раза чаще она встречалась у детей 3—6 лет.

Все 10 заболевших корью детей 14—18 лет были дважды вакцинированы, 80% из них — коревой моновакциной. Все случаи развились в период ограниченной вспышки кори в 2011 г. и могли быть обусловлены как первичными, так и вторичными вакцинальными неудачами. В целом, крайне редкие случаи кори, возникшие у адекватно привитых детей, свидетельствуют об успешности проводимой в стране вакцинопрофилактики.

Заключение.Включение в число диагностируемых вирусных инфекций у детей 0—18 лет, кроме кори и краснухи, также парвовирусной, энтеровирусной, аденовирусной и ВГЧ6 инфекций позволило установить этиологию в 52,2% исследованных случаев.

Наиболее редко у детей выявлялись корь и краснуха, что является следствием высокого охвата вакцинацией. Наиболее распространенным возбудителем острой экзантемы у детей 0—2 лет являлся ВГЧ6, который обусловил макуло-папулезную сыпь у 27% обследованных и имел особую эпидемиологическую значимость для детей первого года жизни. Основной причиной вирусной экзантемы у детей в возрасте 3 лет и старше являлась парвовирусная инфекция, которая составляла более 25% случаев. Эти данные свидетельствуют о необходимости первоочередного обследования детей моложе 1 года на ВГЧ6 инфекцию и детей 3 лет и старше на парвовирусную инфекцию при проведении у них дифференциальной диагностики острой экзантемы.

Энтеровирусная и аденовирусная инфекции составляли от 5 до 10% в структуре острых экзантем у детей и выявлялись во всех возрастных группах, что также не позволяет исключить ни одну из них при проведении лабораторного обследования лиц с макуло-папулезной сыпью.

Литература

1. Cherry J.D. Contemporary infectious exanthems // Clin. Infect. Dis.—1993. — Vol. 16. — P. 199—205.
2. Vianna RA, de Oliveira SA, Camacho LA, e.a. Role of human herpesvirus 6 infection in young Brazilian children with rash illnesses // Pediatr. Infect. Dis. J. — 2008. — Vol. 27. — P. 533—537.
3. Pedranti M.S., Barbero P., Wolff C., e.a. Infection and immunity for human parvovirus B19 in patients with febrile exanthema // Epidemiol. Infect. — 2012. — Vol. 140. — P. 454—461.

ПРОДУЦЕНТЫ БЕТА-ЛАКТАМАЗ РАСШИРЕННОГО СПЕКТРА СРЕДИ ЭНТЕРОБАКТЕРИЙ — ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ПИЕЛОНЕФРИТОВ

Жаворонок С.В.[1], Лагун Л.В.[2], Тапальский Д.В.[1]

1. Белорусский государственный медицинский университет, г. Минск, Беларусь
2. Гомельский государственный медицинский университет, г. Гомель, Беларусь

Продукция бета-лактамаз расширенного спектра (БЛРС) энтеробактериями — возбудителями пиелонефритов может затруднять проведение эффективной антибактериальной терапии. Цель исследования — определить БЛРС-активностьвозбудителей пиелонефритов.

С использованием метода «двойных дисков» выполнен фенотипический скрининг продукции БЛРС для 65 штаммов *E. coli*, 35 штаммов *Proteusspp.*, 10 штаммов *K. pneumoniae* с различными профилями резистентности к антибактериальным препаратам, выделенных из мочи пациентов с пиелонефритами. Для выявления генов БЛРС различных классов (TEM, OXA, SHV, CTX-M) проведена полимеразная цепная реакция с электрофоретической детекцией продуктов амплификации. Определена групповая принадлежность БЛРС классов TEM, SHV и CTX-M в мультиплексной ПЦР в реальном времени с последующей оценкой температур плавления зондов, позволяющей выявлять точечные мутации, придающие расширенный спектр бета-лактамазной активности в соответствующих кодонах генов. Для ПЦР-тестирования отобраны 49 изолятов энтеробактерий с подтвержденным БЛРС-фенотипом (*E. coli* — 29 штаммов, *K. pneumoniae* — 5 штаммов, *Proteus spp.* — 15 штаммов).

У 44,6% штаммов *E. coli*, 50% штаммов K. pneumoniae и 42,9% штаммов *Proteus spp.* с использованием фенотипического скринингового метода выявлена продукция БЛРС. При этом 12,2% БЛРС-позитивных штаммов при использовании стандартного диско-диффузионного метода ранее были охарактеризованы как «чувствительные» к цефотаксиму и цефтазидиму.

При проведении геноиндикации БЛРС ни у одного из 49 исследуемых штаммов энтеробактерий БЛРС класса ОХА обнаружены не были. У 38 из 49 исследуемых штаммов амплифицировался участок гена bla_{TEM}, однако нуклеотидных замен в 104 позиции, придающих БЛРС-активность, выявлено не было (WT, дикий тип). У всех исследованных штаммов *Proteusspp.* и *E. coli* (не зависимо от наличия или отсутствия фенотипически определяемой БЛРС-активности) гены bla_{SHV} не детектировались. Обнаружено присутствие bla_{SHV}-генов как у БЛРС-позитивных, так и БЛРС-негативных штаммов *K. pneumoniae.* Анализ кривых плавления зондов не выявил точечных мутаций в анализируемых кодонах (179, 238—240) bla_{SHV}-генов исследуемых штаммов клебсиелл (WT, дикий тип).

У 14 штаммов E. coli, 8 штаммов P. mirabilis и 5 штаммов K. pneumoniaeвыявлен ген $bla_{CTX-M-3}$, у 2 штаммов E. coli — $bla_{CTX-M-14}$.

Показано, что диско-диффузионный метод определения чувствительности не всегда позволяет выявить истинную резистентность БЛРС-продуцирующих штаммов, поскольку такие штаммы могут проявлять in vitro уровень устойчивости к цефалоспоринам ниже установленных пограничных значений. В связи с этим показана необходимость проведения дополнительных фенотипических тестов для выявления устойчивости к антибиотикам, опосредованной продукцией БЛРС.

Бета-лактамазная активность расширенного спектра у клинических изолятов энтеробактерий — возбудителей пиелонефритов опосредована наличием генов bla_{CTX-M}. Наличие генов бета-лактамаз других типов (TEM, SHV), как правило, не связано с расширением бета-лактамазной активности в связи с отсутствием нуклеотидных замен в соответствующих позициях.

ОПРЕДЕЛЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ПРЕДИКТОРОВ СПОНТАННОГО КЛИРЕНСА HCV И ХРОНИЗАЦИИ HCV-ИНФЕКЦИИ СРЕДИ ПАЦИЕНТОВ УКРАИНСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ

Жандарова Н.А., Капустин Ю.Н.

Государственное учреждение «Институт эпидемиологии и инфекционных болезней им. Л.В. Громашевского НАМНУ», г. Киев, Украина

Течение HCV-инфекции, невзирая на достигнутые успехи, все еще остается проблемой для специалистов в области инфектологии. Одним из вариантов естественного течения заболевания является спонтанный клиренс (СК) вируса гепатита С (ВГС, HCV) после перенесننного острого гепатита С (ОГС) у части инфицированных пациентов. СК HCV диагностируется в разных количественных значениях в различных регионах земного шара — от минимальных показателей (3,7%) в Японии до максимальных (53%) в Центральной и Восточной Африке среди всех случаев заболевания. Изучая данные мировой медицинской литературы, определено, что в славянской популяции, проживающей в центральном и южном регионах Украины, СК HCV диагностируется достаточно редко (12—16%) в сравнении с другими странами.

В последние годы все большее внимание клиницистов привлекает возможность персонифицированного подхода к определению прогноза естественного течения HCV-инфекции, основанного на генетических особенностях человека. Недавно в руках клиницистов появился новый генетически детерминированной фактор прогноза течения заболевания, который представлен двумя вариантами однонуклеотидных полиморфизмов (singlenucleotidepolymorphism, SNP), расположенными вблизи гена человека интерлейкин-28B (IL28B) на локусах 19 (19q13) хромосомы. IL28B кодирует интерферон лямбда (ИФН-лямбда), который относится к семейству интерферонов III типа (ИФН λ3) и берет участие в адаптивном иммунном ответе человека, обладает сильным противовирусным действием и подавляет репликацию ВГС.

Известно, что высокая склонность мужчин к развитию HCV-инфекции связана с низкой активностью макрофагов, по сравнению с женщинами, где эстрогены активируют Fas/Fasl-путь регуляции генов иммуноглобулинов.

Целью работы является установление влияния вариантов SNP гена человека IL28B и пола на течение HCV-инфекции: СК HCV и хронизацию заболевания среди пациентов украинской популяции.

Материалы и методы. 22 пациента со СК HCV (1 группа) и 55 — с ХГС (2 группа) были обследованы на варианты SNP гена IL28B. Средний возраст пациентов 1 группы составил 37±7,8 лет, 2 группы — 47±9,4 лет.

В качестве материала для исследования использовалась ДНК, выделенная из крови пациентов. Диагностика проводилась с помощью комплекта реагентов для определения генетических полиморфизмов методом ПЦР в режиме реального времени «ИмуноГенетика IL28B» (ДНК Технология, Россия) на оборудовании CFX96 (BioRad, США) и Дт96 (ДНК Технология, Россия) согласно инструкциям производителей. Для оценки прогноза HCV-инфекции мы использовали два основных SNP: rs 12979860 с возможными вариантами генотипов — CC, CT, TT и rs 8099917 с возможными генотипами — TT, TG, GG.

Статистическая обработка полученных результатов проводилась с помощью программы SPSS v17.0 (IBM, США). Для определения значимости полученных результатов использовали критерий χ^2 (Хи-квадрат). Статистически значимой считалась 95% вероятность отличия ($p \leq 0,05$).

Результаты исследования. При распределении пациентов по полу в 1 группу вошли 8 (36,4%) мужчин и 14 (63,6%) женщин, во вторую — 35 (63,6%)