

ОРИГИНАЛЬНЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ

Эпидемиологическое значение окружающей домашней среды у больных муковисцидозом с хронической инфекцией легких, вызванной *Pseudomonas aeruginosa*

Е.А. Сиянова¹, М.Ю. Чернуха^{1,3}, Л.Р. Аветисян¹, О.С. Медведева¹, А.Ю. Воронкова^{2,3}, Е.И. Кондратьева^{2,3}, Е.М. Бурмистров¹, Н.Б. Поляков¹, А.И. Соловьев¹, В.Г. Жуховицкий^{1,4}, Е.К. Жекайте^{2,3}

¹ ФГБУ «Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии им. почетного академика Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России (ул. Гамалеи, д. 18, г. Москва, 123098, Россия)

² ФГБНУ «Медико-генетический научный центр им. академика Н.П. Бочкова» (ул. Москворечье, д. 1, г. Москва, 115522, Россия)

³ ГБУЗ МО «Научно-исследовательский клинический институт детства Минздрава Московской области» (ул. Большая Серпуховская, д. 62, г. Москва, 115093, Россия)

⁴ ФГБОУ ДПО «Российская медицинская академия непрерывного профессионального образования» Минздрава России (ул. Баррикадная, д. 2/1, стр. 1, г. Москва, 125993, Россия)

Резюме

Для больных муковисцидозом (МВ) фактором риска является инфицирование дыхательных путей бактериями *Pseudomonas aeruginosa*, *S. aureus*, *B. cepacia complex* и другими представителями НГОБ. Недостаточная дезинфекция объектов внешней среды и предметов ухода за больными детьми, циркуляция возбудителей в окружающей домашней среде может приводить к повторному заражению и суперинфекции.

Цель работы — определение эпидемиологического значения окружающей домашней среды в инфицировании детей, больных муковисцидозом (МВ), бактериями *P. aeruginosa* и оценка эффективности профилактических мер в домашних условиях.

Материалы и методы. В ходе исследования проанализированы условия проживания 27 детей с хронической инфекцией легких, вызванной *P. aeruginosa*, страдающих МВ, и их семей. Изучены 265 проб, взятых с объектов домашней внешней среды. Отбор проб с поверхностей осуществляли методом смывов. Исследование проводилось с помощью бактериологических и молекулярно-генетических методов.

Результаты. Анализ анкет показал, что 26 % семей детей, больных МВ, не использовали моющие или дезинфицирующие средства для ухода за ингаляторами. 41 % семей не выдерживали определенное время (режим) дезинфек-

ции раковин. 83 % раковин санузлов были контаминированы микроорганизмами. Среди выделенных микроорганизмов частота высева *P. aeruginosa* составила 20 %. Мониторинг домашней среды показал, что основными резервуарами *P. aeruginosa* являлись сливы раковин, а также выявлена контаминация синегнойной палочкой масок небулайзеров и зубных щеток. Данные, полученные методом ПЦР при изучении изолятов *P. aeruginosa*, выделенных из разных объектов, указывают на возможность циркуляции одного генотипа в домашней среде. Исследования эффективности профилактических мер по дезинфекции небулайзеров и раковин показали, что они являются недостаточными. После проведения дезинфекции с поверхностей 22 % небулайзеров высевали условно-патогенные микроорганизмы. С фильтров компрессоров небулайзеров и зубных щеток выделяли *A. lwoffii*, *Aspergillus niger*, *Candida albicans* и *S. aureus*, которые могут инфицировать легкие пациентов с CF, в том числе в ассоциации с *P. aeruginosa*.

Заключение. Обязательным для больных с МВ для достижения эрадикации возбудителей инфекции легких должен стать контроль за микробиологическими рисками в домашней среде, включающий регулярный мониторинг и строгие протоколы обработки ключевых объектов.

Ключевые слова: *Pseudomonas aeruginosa*, домашняя среда, муковисцидоз, хроническая инфекция

Для цитирования: Сиянова Е.А., Чернуха М.Ю., Аветисян Л.Р., Медведева О.С., Воронкова А.Ю., Кондратьева Е.И., Бурмистров Е.М., Поляков Н.Б., Соловьев А.И., Жуховицкий В.Г., Жекайте Е.К. Эпидемиологическое значение окружающей домашней среды у больных муковисцидозом с хронической инфекцией легких, вызванной *Pseudomonas aeruginosa*. *Архив педиатрии и детской хирургии*. 2025;3(3):26–37. doi: 10.66825/2949-4664-apps-3-3-26-37

Сведения об авторах / Information about the authors

✉ Сиянова Екатерина Алексеевна, к. б. н., научный сотрудник лаборатории эпидемиологии госпитальных инфекций ФГБУ «Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии им. почетного академика Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, e-mail: hal-katy@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3826-3733>

Чернуха Марина Юрьевна, д. м. н., заведующая лабораторией эпидемиологии госпитальных инфекций ФГБУ «Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России; главный научный сотрудник ГБУЗ МО «Научно-исследовательский клинический институт детства» Минздрава Московской области, e-mail: chernukha@gamaleya.org, <https://orcid.org/0000-0002-2349-8556>

Аветисян Лусине Ремуальдовна, д. м. н., заведующий лабораторией эпидемиологии оппортунистических инфекций, ведущий научный сотрудник лаборатории эпидемиологии госпитальных инфекций ФГБУ «Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии им. почетного академика Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, e-mail: lusavr@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9053-2515>

Медведева Ольга Сергеевна, младший научный сотрудник лаборатории эпидемиологии госпитальных инфекций ФГБУ «Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии им. почетного академика Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, e-mail: olgamedw.olga@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1988-7775>

Воронкова Анна Юрьевна, к. м. н., ведущий научный сотрудник научно-клинического отдела муковисцидоза; ведущий научный сотрудник отдела наследственных и метаболических заболеваний ФГБНУ «Медико-генетический научный центр им. академика Н.П. Бочкова»; врач-педиатр отделения муковисцидоза ГБУЗ МО «Научно-исследовательский клинический институт детства» Минздрава Московской области, e-mail: voronkova11@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8183-7990>

Кондратьева Елена Ивановна, д. м. н., профессор, руководитель научно-клинического отдела муковисцидоза ФГБНУ «Медико-генетический научный центр им. академика Н.П. Бочкова»; зав. кафедрой генетики болезней дыхательной системы Института высшего и дополнительного профессионального образования; зам. директора по науке, руководитель центра наследственных заболеваний легких ГБУЗ МО «Научно-исследовательский клинический институт детства» Минздрава Московской области, e-mail: elenafpk@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-6395-0407>

Бурмистров Егор Михайлович, младший научный сотрудник лаборатории эпидемиологии госпитальных инфекций ФГБУ «Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии им. почетного академика Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, e-mail: chetusha2006@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-6592-8331>

Поляков Никита Борисович, научный сотрудник лаборатории индикации и ультраструктурного анализа микроорганизмов ФГБУ «Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии им. почетного академика Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, e-mail: polyakovnb@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-1647-5815>

Соловьев Андрей Иванович, д. б. н., научный сотрудник лаборатории индикации и ультраструктурного анализа микроорганизмов ФГБУ «Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии им. почетного академика Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России, e-mail: dronnias@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-7389-6157>

Жуховицкий Владимир Григорьевич, к. м. н., заведующий лабораторией индикации и ультраструктурного анализа микроорганизмов ФГБУ «Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии им. почетного академика Н.Ф. Гамалеи» Минздрава России; доцент кафедры биохимии и иммунопатологии ФГБОУ ДПО «Российская медицинская академия непрерывного профессионального образования» Минздрава России, e-mail: zhukhovitsky@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4653-2446>

Жекайте Елена Кястутисовна, к. м. н., старший научный сотрудник отдела муковисцидоза ФГБНУ «Медико-генетический научный центр им. академика Н.П. Бочкова»; врач-педиатр отделения муковисцидоза ГБУЗ МО «Научно-исследовательский клинический институт детства» Минздрава Московской области, e-mail: elena_zhekayte@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-5013-3360>

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Источник финансирования

Внешнее финансирование не привлекалось.

✉ Ekaterina A. Siyanova, Cand. Sci. (Biol.), Researcher, Laboratory of Molecular Epidemiology of Nosocomial Infections, N.F. Gamaleya National Research Center for Epidemiology and Microbiology, e-mail: hal-katy@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3826-3733>

Marina Yu. Chernukha, Dr. Sci. (Med.), Head of Laboratory of Molecular Epidemiology of Nosocomial Infections, N.F. Gamaleya National Research Center for Epidemiology and Microbiology; Senior Researchers, Scientific Research Clinical Institute of Childhood, Ministry of Health of the Moscow Oblast, e-mail: chernukha@gamaleya.org, <https://orcid.org/0000-0002-2349-8556>

Lusine R. Avetisyan, Dr. Sci. (Med.), Leading Researcher, Laboratory of Molecular Epidemiology of Nosocomial Infections, N.F. Gamaleya National Research Center for Epidemiology and Microbiology, e-mail: lusavr@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9053-2515>

Olga S. Medvedeva, Junior Researcher, Laboratory of Molecular Epidemiology of Nosocomial Infections, N.F. Gamaleya National Research Center for Epidemiology and Microbiology, e-mail: olg.medwedewa@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1988-7775>

Anna Yu. Voronkova, Cand. Sci. (Med.), Leading Researcher, Scientific and Clinical Department of Cystic Fibrosis Research Centre for Medical Genetics; Pediatrician, Cystic Fibrosis Department, Scientific Research Clinical Institute of Childhood, Ministry of Health of the Moscow Oblast, e-mail: voronkova11@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8183-7990>

Elena I. Kondrateva, Dr. Sci. (Med.), Prof., Head of Scientific Department of Cystic Fibrosis, Research Centre for Medical Genetics Named After Academician N.P. Bochkov(Support7); Vice-Director for Research, Head of the Center for Hereditary Lung Diseases, Scientific Research Clinical Institute of Childhood, Ministry of Health of the Moscow Oblast, e-mail: elenafpk@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-6395-0407>

Egor M. Burmistrov, Research Scientist, Laboratory of Molecular Epidemiology of Nosocomial Infections, N.F. Gamaleya National Research Center for Epidemiology and Microbiology, e-mail: chetusha2006@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-6592-8331>

Nikita B. Polyakov, Researcher, Laboratory of Indication and Ultrastructural Analysis of Microorganisms, N.F. Gamaleya National Research Center for Epidemiology and Microbiology, e-mail: polyakovnb@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-1647-5815>

Andrey I. Solovyev, Dr. Sci. (Biol.), Researcher, Laboratory of Indication and Ultrastructural Analysis of Microorganisms, N.F. Gamaleya National Research Center for Epidemiology and Microbiology, e-mail: dronnias@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-7389-6157>

Vladimir G. Zhukhovitsky, Cand. Sci. (Med.), Head of Laboratory of Indication and Ultrastructural Analysis of Microorganisms, N.F. Gamaleya National Research Center for Epidemiology and Microbiology; Assoc. Prof., Department of Biochemistry and Immunopathology, Russian Medical Academy of Continuous Professional Education, e-mail: zhukhovitsky@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4653-2446>

Elena K. Zhekayte, Cand. Sci. (Med.), Senior Researcher, Department of Cystic Fibrosis, Scientific and Clinical Department of Cystic Fibrosis, Research Centre for Medical Genetics; Pediatrician, Department of Cystic Fibrosis, Scientific Research Clinical Institute of Childhood, Ministry of Health of the Moscow Oblast, e-mail: elena_zhekayte@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-5013-3360>

Conflict of interests

The authors declare no conflict of interest.

Funding source

No external funding was attracted.

Epidemiological significance of home environment for cystic fibrosis patients with *Pseudomonas aeruginosa* lung infections

Ekaterina A. Siyanova¹, Marina Yu. Chernukha^{1,3}, Lusine R. Avetisyan¹, Olga S. Medvedeva¹, Anna Yu. Voronkova^{2,3}, Elena I. Kondratieva^{2,3}, Egor M. Burmistrov¹, Nikita B. Polyakov¹, Andrey I. Solovyev¹, Vladimir G. Zhukhovitsky¹, Elena K. Zhekayte^{2,3}

¹ N.F. Gamaleya National Research Centre of Epidemiology and Microbiology (18 Gamaleya str., Moscow, 123098, Russia)

² Research Centre for Medical Genetics (1 Moskvorechye str., Moscow, 115522, Russia)

³ Scientific Research Clinical Institute of Childhood, Ministry of Health of the Moscow Oblast (62 Bolshaya Serpukhovskaya str., Moscow, 115093, Russia)

⁴ Russian Medical Academy of Continuous Professional Education (2/1, 1 Barrikadnaya str., Moscow, 125993, Russia)

Abstract

Background. For patients with cystic fibrosis (CF), respiratory tract infections caused by *Pseudomonas aeruginosa*, *S. aureus*, *B. cepacia* complex, and other non-fermenting bacteria (NGOs) are significant risk factors. Insufficient disinfection of environmental objects and care items used by children suffering from cystic fibrosis, as well as the circulation of pathogens in the home environment, can lead to reinfection and superinfection.

Objective. To determine the epidemiological significance of the home environment in the transmission of *P. aeruginosa* bacteria to children with CF and to evaluate the effectiveness of preventive measures at home.

Materials and methods. The living conditions of 27 children with CF with a chronic lung infection caused by *P. aeruginosa* and their families were assessed. A total of 265 samples collected from home environmental objects were analyzed. Surface samples were collected using swabs. The study was conducted using bacteriological and molecular genetic methods.

Results. An analysis of questionnaires revealed that 26% of families of children with CF did not use detergents or disinfectants to care for their inhalers. 41% of families did not ad-

here to the specified time (schedule) for sink disinfection. 83% of bathroom sinks were contaminated with microorganisms. Among the isolated microorganisms, the rate of *P. aeruginosa* isolation was 20%. Monitoring of the home environment revealed that sink drains were the main reservoirs of *P. aeruginosa*. *Pseudomonas aeruginosa* contamination of nebulizer masks and toothbrushes was also detected. PCR data obtained from studying *P. aeruginosa* isolates from different objects indicate the possibility of the circulation of a single genotype in the home environment. The effectiveness of preventive measures for disinfecting nebulizers and sinks was established to be insufficient. After disinfection, opportunistic pathogens were isolated from 22% of nebulizer surfaces. *A. lwoffii*, *Aspergillus niger*, *Candida albicans*, and *S. aureus* were isolated from nebulizer compressor filters and toothbrushes. These bacteria can infect the lungs of patients with CF, including in association with *P. aeruginosa*.

Conclusion. Control over microbiological risks in the home environment, including regular monitoring and strict protocols for the treatment of key objects, should be mandatory for patients with CF to achieve eradication of lung pathogens.

Keywords: *Pseudomonas aeruginosa*, home environment, cystic fibrosis, chronic lung infection

For citation: Siyanova E.A., Chernukha M.Yu., Avetisyan L.R., Medvedeva O.S., Voronkova A.Yu., Kondratieva E.I., Burmistrov E.M., Polyakov N.B., Solovyev A.I., Zhukhovitsky V.G., Zhekayte E.K. Epidemiological significance of home environment for cystic fibrosis patients with *Pseudomonas aeruginosa* lung infections. *Archives of Pediatrics and Pediatric Surgery*. 2025;3(3):26–37. doi: 10.66825/2949-4664-apps-3-3-26–37

Введение

Кистозный фиброз (муковисцидоз) — это генетическое заболевание, которое требует пожизненного лечения. Прогноз течения заболевания напрямую связан со степенью поражения бронхолегочной системы.

В течение многих лет (2005–2025 гг.) проводилась исследовательская работа в лаборатории молекулярной эпидемиологии госпитальных инфекций

ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» по изучению ведущих возбудителей хронической инфекции легких у пациентов с муковисцидозом (МВ) совместно с научно-клиническим отделом муковисцидоза ФГБНУ «Медико-генетический научный центр им. академика Н.П. Бочкова» (проф. Н.И. Капрановым, проф. Е.И. Кондратьевой) [1]. Полученные результаты подтвердили длительную персистенцию бактерий *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus aureus*, *Burkholderia cepacia*

complex, Achromobacter spp. при хронической инфекции легких у пациентов с муковисцидозом [2, 3, 4].

Молекулярно-генетический мониторинг хронической инфекции, вызванной *P. aeruginosa*, показал, что такая инфекция может быть связана с персистенцией одного генотипа, одновременным присутствием нескольких генотипов (генотипическая гетерогенность) или последовательным изменением генотипов *P. aeruginosa* [2, 3]. Эта динамика отражает постоянное суперинфицирование или реинфицирование детей бактериями *P. aeruginosa*, что препятствует эрадикации инфекции, несмотря на проводимую антибактериальную терапию.

Молекулярные исследования изолятов *P. aeruginosa*, выделенных от разных больных с МВ, показали, что они характеризуются генетическим разнообразием: *P. aeruginosa*, выделенные от 82,2% пациентов, принадлежали к разным генотипам [4]. Такое генетическое разнообразие свидетельствует о различных источниках инфекции, преимущественно внегоспитальных.

Pseudomonas aeruginosa — широко распространенный сапрофит, обитающий в окружающей среде, включая воду, почву и растения. Этот микроорганизм не зависит от хозяина и активно колонизирует влажные поверхности в домашних условиях, такие как раковины, душевые кабины, кухонные покрытия, текстиль, игрушки и растения. На этих субстратах *P. aeruginosa* формирует биопленки, обеспечивающие длительное сохранение в окружающей среде и устойчивость к бытовым дезинфицирующим средствам [5–12].

Эпидемиологические исследования за рубежом подтверждают, что бактерии *P. aeruginosa* могут сохраняться в домашней среде детей с МВ [13, 14, 15]. В Российской Федерации подобные исследования остаются ограниченными [16]. В связи с этим исследование домашней среды играет ключевую роль в раскрытии источников реинфицирования, суперинфицирования бактериями *P. aeruginosa* и разработке стратегий предотвращения инфекций у пациентов с МВ.

Цель — определить значение окружающей домашней среды в инфицировании детей, больных муковисцидозом, бактериями *P. aeruginosa* и оценить эффективность профилактических мер в домашних условиях.

Материалы и методы

В ходе исследования были описаны и проанализированы условия проживания 27 детей с хронической инфекцией легких, вызванной *P. aeruginosa*, страдающих МВ, и их семей. Опрос родителей проводился с помощью специально разработанных анкет «Изучение внешней среды и бытовых условий, в которых проживают дети с МВ». Анкеты содержали информацию о наименованиях моющего средства (МС) и дезинфицирующего средства (ДС) для ухода за ингалятором (небулайзером), наименования МС

и ДС, используемых в санузле, время их экспозиции, способ стерилизации и метод сушки ингалятора; сведения о ребенке (диагноз, дату рождения), состав семьи и наличие няни, ухаживающей за ребенком, наличие хронических бронхолегочных заболеваний у членов семьи, тип санузла (совмещенный, раздельный), наличие животных.

Для исследования внешней среды пациентов с МВ в негоспитальных условиях проводили бактериологическое исследование микробной обсемененности объектов домашней среды. Отбор проб с поверхностей изучаемых объектов осуществляли методом смывов в соответствии с методическими рекомендациями [17]. Исследовано 265 проб, взятых с домашней внешней среды 27 детей (в том числе 3 в динамике). Пробы были взяты с поверхностей следующих объектов: маска ингалятора до ингаляции, после ингаляции и после обработки; камера ингалятора до ингаляции, после ингаляции и после обработки; слив раковины до уборки, чистящая поверхность зубной щетки, фильтр компрессора ингалятора.

Идентификацию проводили общепринятыми микробиологическими и биохимическими методами, используя алгоритм микробиологической диагностики, разработанный сотрудниками лаборатории молекулярной эпидемиологии госпитальных инфекций ФГБУ «НИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи» [18]. Метод РАПД-ПЦР (Random Amplified Polymorphic DNA) с праймером Short 1 («Синтол») и методика MLST (по протоколу Curran B.) были использованы для проведения генотипирования [19].

Результаты

Условия проживания были изучены в семьях 27 детей (рис. 1). Было выявлено, что 59,3% семей, в которых находятся дети с МВ, состояли из 4–6 человек. В 96,3% семей за детьми ухаживали только близкие родственники. Няни участвуют в уходе за детьми в 4% семей. Родственники 18,5% детей имели хронические бронхолегочные заболевания. В семьях 48% детей есть домашние животные. В квартирах 48,1% детей санузел раздельный.

92% семей для очистки и дезинфекции ингаляторов используют стерилизатор с сушкой. Из них 14,8% родителей не указали длительность стерилизации. 7,4% стерилизуют в течение 10 мин, 48,1% — от 12 до 20 мин, 14,8% — от 20 до 30 мин, 7,4% — от 30 до 40 мин (рис. 2). Стерилизатор без сушки используют 4% семей и при этом высушивание проводят на чистых поверхностях. 4% семей стерилизуют детали ингалятора кипячением при 100 °C в течение 10 мин, после протирают одноразовыми тканевыми салфетками.

26% семей детей, страдающих муковисцидозом, не использовали МС или ДС для ухода за ингаляторами. Профессиональными дезинфектантами обрабатывали ингаляторы 44,4% семей, бытовые средства для мытья посуды применяли 29,6% семей. 25,9% се-

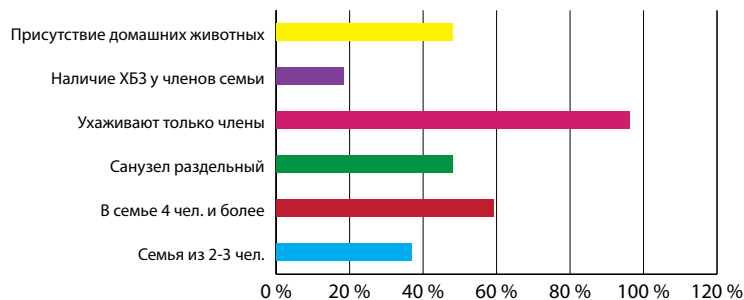


Рисунок 1.
Условия проживания детей с муковисцидозом
Figure 1.
Living conditions of children with CF

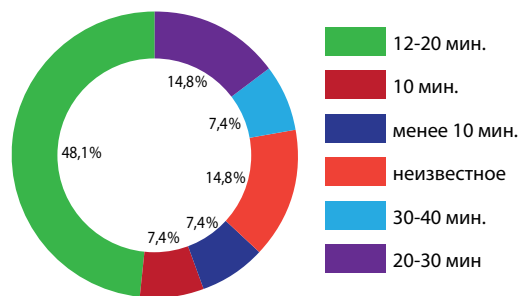


Рисунок 2.
Время стерилизации ингаляторов
Figure 2.
Inhaler sterilization duration

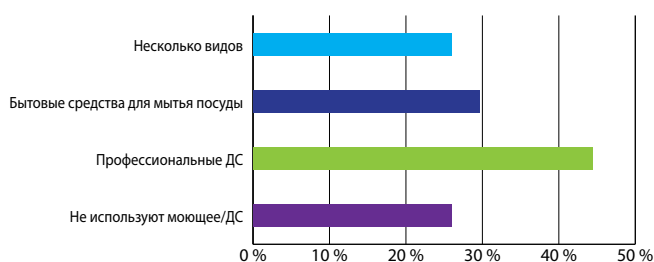


Рисунок 3.
ДС и МС, применяемые для ухода за ингаляторами.
Figure 3.
Disinfectants and detergents used for inhaler maintenance

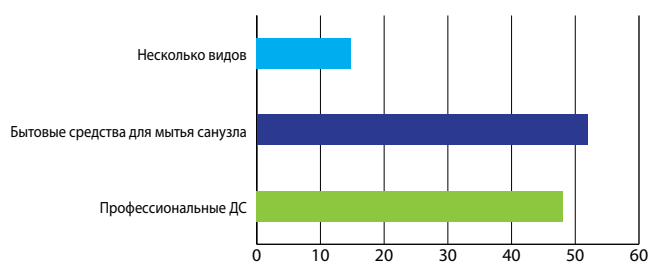


Рисунок 4.
ДС и МС, применяемые для обработки раковин санузла
Figure 4.
Disinfectants and detergents used for bathroom sink maintenance

мей уход за ингалятором и его очистку проводили с использованием различных ДС.

Для дезинфекции санузла во время уборки бытовые МС применяли 51,9% семей, а профессиональные — 48,1% (рис. 4). 36% семей не выдерживают определенное время дезинфекции. 32% семей дезинфицируют в течение 10–20 минут, 4% — 30–60 мин, 8% семей проводили дезинфекцию более часа. Заливали на ночь сливы раковин только 16% семей.

Итак, из проведенного анализа анкетных данных следует, что в связи с использованием различных методов стерилизации и дезинфекции ингаляторов, санузла и наличия сопутствующих хронических инфекций у членов семьи существуют риски инфицирования детей больных МВ. К группе риска можно отнести 26% детей, больных МВ, в семьях которых не использовали МС или ДС для ухода за ингаляторами, и 41% семей, которые не выдерживали строго определенное время дезинфекции раковин. К группе риска можно также отнести 18,5% детей, родственники которых имели хронические бронхолегочные заболевания, в том числе у одного родственника, не страдающего муковисцидозом, была обнаружена хроническая инфекция легких, вызванная *P. aeruginosa*, вследствие этого нельзя исключить, что данный человек может являться источником инфекции. Поэтому необходимо проводить бактериологические исследования микрофлоры респираторного тракта

не только детей с МВ, но и ближайших родственников, проживающих с ними.

Результаты исследования микробной контаминации объектов домашней среды продемонстрировали разную степень обсемененности (рис. 5). Наибольший процент высевов микроорганизмов выявлен в сливах раковин (83%), из внутренней поверхности маски после ингаляции (63%) и с чистящей поверхности зубных щеток (50%).

В сливах раковин обнаружили различные микроорганизмы: *P. aeruginosa*, *E. coli*, *C. freundii*, *K. oxitoca*, *P. mirabilis*, *S. maltophilia*, *E. falsenii* (*W. falsenii*) *Streptococcus pneumoniae*, *Achromobacter* spp. (*A. insuavis*, *A. insolitus*, *A. pichaundii*), *Pseudomonas* spp., *Acinetobacter* spp. (*A. ursingii*, *A. junni*) и другие представители неферментирующих грамотрицательных бактерий, представленные на рисунке 6. Кроме того, выделяли бактерии рода *Staphylococcus* spp. (*S. epidermidis*, *S. saprophyticus*, *S. hominis*), при этом *S. aureus* отсутствовал. Из 20% смывов высевали бактерии *P. aeruginosa*. 15% (4/27) раковин не были контаминированы бактериями, из них 2 объекта заливали на ночь хлорсодержащим средством, для дезинфекции третьей раковины использовали два средства одновременно: хлорсодержащее и моющее средство.

Микробный пейзаж объектов домашней среды и ингаляторов представлен в таблице 1. Микроорганизмами *Acinetobacter lwoffii*, *S. aureus*, *Staphylococcus*

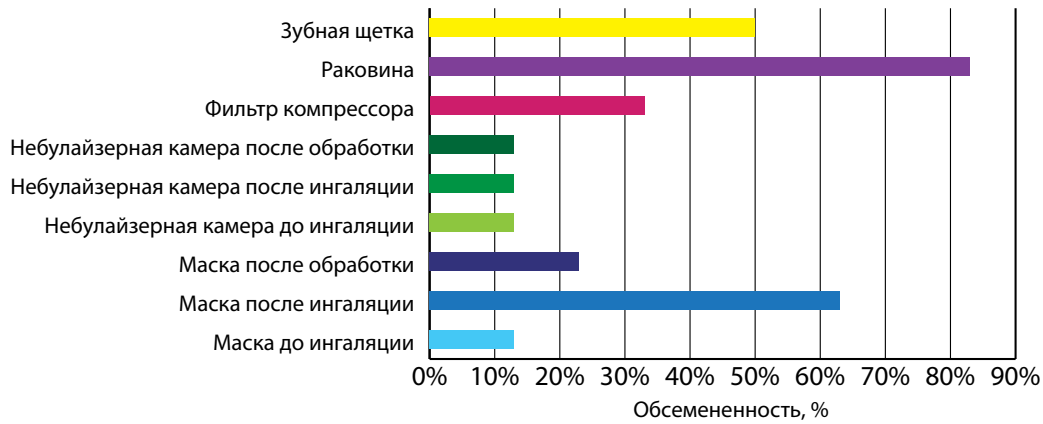


Рисунок 5.
 Процент объектов, контаминированных микроорганизмами, от их общего числа
Figure 5.
 Share of objects contaminated with microorganisms out of their total number

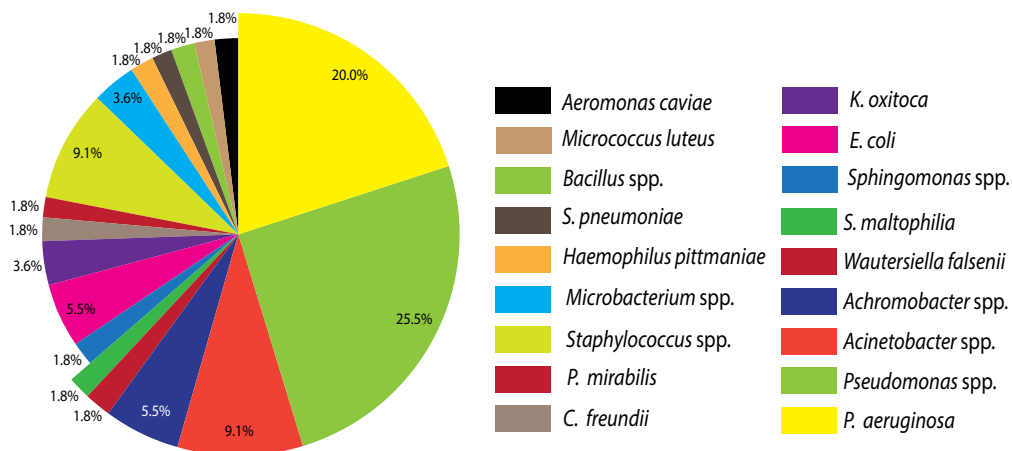


Рисунок 6.
 Частота встречаемости микрофлоры, выделенной из смывов раковин санузлов в квартирах детей, больных МВ
Figure 6.
 Frequency of occurrence of microflora isolated from washings of bathroom sinks in homes of children with CF

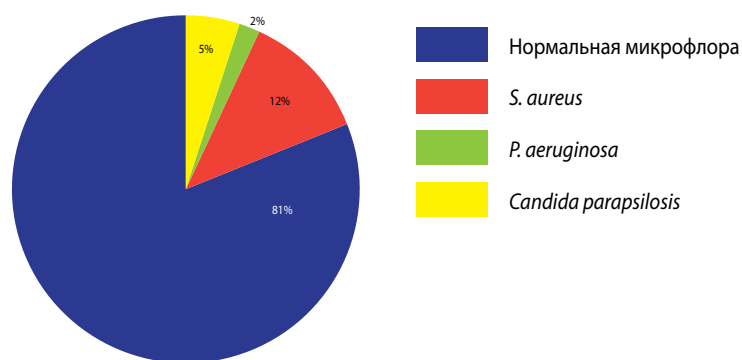


Рисунок 7.
 Микробный пейзаж масок ингаляторов после ингаляции
Figure 7.
 Microbial image of inhaler masks after inhalation

saprophyticus были контаминированы маски до ингаляции. Бактерии *S. aureus* и *S. adhaesiva* были высеяны с ингаляторных камер до ингаляции. *A. lwoffii*, *S. aureus*, *Sphingomonas adhaesiva* были выделены с объектов ингаляторов, время стерилизации которых у одного из детей составляло 10 мин, у второго — 20 мин, а у третьего не было указано. Это может сви-

детельствовать о том, что время стерилизации было недостаточным.

Микробиоценоз масок после ингаляции в 81 % случаев был представлен нормальной микрофлорой ротовой полости, в 2 % случаев выделяли *P. aeruginosa*, в 12 % — *S. aureus*, в 5 % случаев — *Candida parapsilosis* (рис. 7).

Таблица 1.
Микробный пейзаж объектов домашней среды
Table 1.
Microbial image of household objects

Объект	Маска до ингаляции	Небулайзерная камера до ингаляции	Маска после ингаляции	Небулайзерная камера после ингаляции	
Микроорганизмы	Нормальная микрофлора (20%): <i>S. saprophyticus</i>	Нормальная микрофлора (50%): <i>S. epidermidis</i>	Нормальная микрофлора (81%): <i>S. epidermidis</i> , <i>S. parasanguinis</i> , <i>S. mitis</i> , <i>S. viridans</i> , <i>S. salivarius</i> , <i>S. oralis</i> , <i>N. flavescens</i> , <i>R. mucilaginosus</i> , <i>Actinomyces oris</i> , <i>Enterococcus</i> spp.	Нормальная микрофлора (83%): <i>S. epidermidis</i> , <i>S. mitis</i>	
	<i>Ac. Iwoffii</i> (20%)				
	<i>S. aureus</i> (20%)	<i>Sphingomonas adhaesiva</i> (25%)			<i>S. aureus</i> (12%)
	<i>P. aeruginosa</i> (20%)				<i>P. aeruginosa</i> (2%)
	<i>Bacillus luciferensis</i> (20%)				<i>Candida parap.silo.sis</i> 5%
<i>S. aureus</i> (25%)			<i>Achromobacterpichaundii</i> (17%)		
Объект	Маска после обработки	Небулайзерная камера после обработки	Фильтр компрессора	Зубная щетка	
Микроорганизмы	Нормальная микрофлора (66%)	Нормальная микрофлора (60%): <i>S. warneri</i> <i>Rothia dentocariosa</i> <i>S. epidermidis</i>	<i>N. subflava</i> 5%	Нормальная микрофлора (70 %): <i>S. saprophyticus</i> , <i>S. epidermidis</i> , <i>S. warneri</i> , <i>Str. mitis</i> , <i>R. mucilaginosus</i> , <i>R. nasimurium</i> , <i>Bacillus</i> spp.	
			<i>S. saprophyticus</i> 15%		
			<i>S. epidermidis</i> 10%		
			<i>S. homonis</i> 5%		
	<i>Aspergillus</i> spp. 25%				
	<i>Candida albicans</i> 15%				
	<i>S. aureus</i> 10%				
<i>Ac. Iwoffii</i> 5%					
<i>S. aureus</i> 17%	<i>Acinetobacter johnsonii</i> 20%	<i>Candida albicans</i> 15%	<i>S. aureus</i> 17%		
<i>Candida albicans</i> 17%	<i>S. aureus</i> (20%)	<i>S. aureus</i> 10%	<i>Ac. Iwoffii</i> 5%		
		<i>Micrococcus luteus</i> 5%			
		<i>Bacillus</i> spp. 5%			
			<i>P. aeruginosa</i> 4%		

Таблица 2.
Объекты домашней среды, контаминированные бактериями *P. aeruginosa*, у детей с МВ
Table 2.
Objects in the home environment contaminated with *P. aeruginosa* bacteria in children with CF

№ пациента	Маска после обработки	Зубная щетка	Раковина
Дети с положительным посевом из мокроты <i>P. aeruginosa</i>			
S6	-	-	+
S13	-	-	+
G15	-	-	+
D23	-	-	+
Отрицательный посев из мокроты <i>P. aeruginosa</i>			
L10	-	+	+
B11	+	-	-
G14	-	-	+
Y17	-	-	+
K19	-	-	+
S22	-	-	+

Для проверки эффективности дезинфекции ингаляторов проводили посеы смывов после их обработки. Поверхности 22 % объектов ингалятора (масок и камер) после дезинфекции были контаминированы микроорганизмами, среди которых выделяли *S. aureus*, *Candida albicans*, *A. johnsonii* (табл. 1). Эти ингаляторы были обработаны только бытовыми моющими средствами или моющие и дезинфицирующие средства вовсе не применялись.

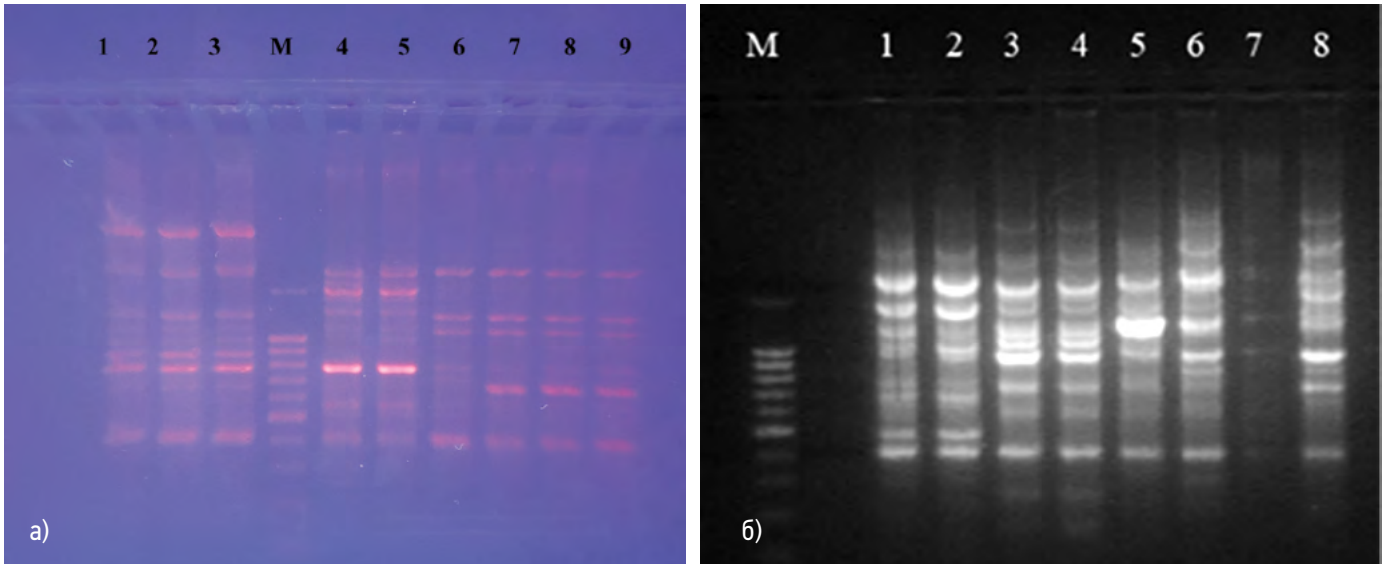
С чистящей поверхности 50 % зубных щеток высевали грамтрицательные и грамположительные микроорганизмы. Из них — 4 % *P. aeruginosa*, 17 % — *S. aureus*, 9 % — *A. Iwoffii*. 70 % выделенных микроорганизмов при исследовании зубных щеток были представи-

телями нормальной микрофлоры ротовой полости человека.

33 % смывов с фильтров компрессора ингалятора содержали микроорганизмы (рис. 5). Из смывов с наличием роста микроорганизмов были выделены *Aspergillus niger* — 25 %, *S. aureus* — 10 %, *A. Iwoffii* — 5 %.

На момент мониторинга домашней среды 27 семей детей с МВ проводили микробиологическое исследование мокроты и мазков из зева, и только у 6 детей (№ S6, S13, G15, D23, N29, N30) высевали *P. aeruginosa*. У 4 из них из сливов раковин в домашних условиях были выделены бактерии *P. aeruginosa* (табл. 2).

Из 21 ребенка, у которых из мокроты *P. aeruginosa* не высевалась на момент мониторинга, в 6 (29%)

**Рисунок 8.**

Электрофореграмма изолятов *P. aeruginosa*

Figure 8.

Electrophoregram of *P. aeruginosa* isolates

а) 1 — 268–2, 2 — 268–1, 3 — 167, 4 — 3462r1, 5 — 3462z1, 6 — № 3324, 7 — № 3324–2, 8 — № 279B, 9 — № 159B;

б) 1 — 3396, 2 — 3045–1, 3 — 3402, 4 — 3017, 5 — 3394r, 6 — № 3394–2, 7 — № 3394m, 8 — № 196

случаях выявлена контаминация объектов домашней среды бактериями *P. aeruginosa*. У больного L10 выделяли *P. aeruginosa* с чистящей поверхности зубной щетки и из слива раковины. У больного B11 высевали *P. aeruginosa* с ингаляторной маски после ингаляции. У 4 больных (G14, Y17, K19, S22) *P. aeruginosa* выделяли из сливов раковин (табл. 2).

Исследование генетического родства двух изолятов *P. aeruginosa* 3462r1 и 3462z1, выделенных с чистящей поверхности зубной щетки и раковины больного L10 в RAPD-PCR, показало, что они являются родственными штаммами и относятся по RAPD к 138-му кластеру (рис. 8а). Изоляты 3394r и 3394–2, выделенные из слива раковины и мокроты больного S6 (рис. 8б), также оказались родственными и принадлежали к 45-му кластеру, ST 2390.

Генотипы изолятов *P. aeruginosa*, выделенные из слива раковины и мокроты больных G15 и D23, отличались. В домашней среде пациента G15 были выделены изоляты *P. aeruginosa*, генотипы которых отнесли к 141-му и 142-му кластерам по RAPD, а у больного D23 генотипы *P. aeruginosa* — к 146-му и 147-му кластерам.

Домашнюю среду трех пациентов (C20, S4 и S13) исследовали в динамике. У пациента C20 при первичном исследовании были контаминированы камера ингалятора (после обработки) — бактериями *S. aureus*, фильтр компрессора — микроорганизмами *Candida albicans*, *Aspergillus niger*, *S. aureus*. При повторном исследовании спустя 18 мес. данные микроорганизмы отсутствовали на указанных объектах. Но из слива раковины выделяли *Pseudomonas veronii*, *Escherichia coli*.

У пациента S4 при первичном исследовании с маски ингалятора после обработки высевали грибы рода *Candida*, с поверхности ингаляторной камеры (до процедуры) — *S. adhaesiva*, а из слива раковины — *A. lwoffii*. При следующем исследовании, через 12 мес., камера ингалятора и маска не были контаминированы микроорганизмами, а из слива раковины высеяли бактерии *P. aeruginosa*. На момент исследования окружающей домашней среды посев *P. aeruginosa* из мокроты ребенка был отрицательный. Ранее у данного больного регистрировали положительные посевы *P. aeruginosa*.

У пациента S13 при первичном исследовании объекты камеры ингалятора не были контаминированы микроорганизмами, а из слива раковины высевали бактерии *P. aeruginosa*, *P. putida*, *Sphingomonas* spp. Через 6 мес. при исследовании домашней среды данного ребенка из слива раковины вновь высевали *P. aeruginosa*. А результат исследования мокроты на *P. aeruginosa* был отрицательный.

На основании анализа данных в динамике установлено, что используемые в бытовых условиях способы дезинфекции раковины не были эффективны в отношении синегнойной палочки. Неэффективная дезинфекция объектов домашней среды является фактором риска реинфекции бактериями *P. aeruginosa*.

Обсуждение

Эпидемиологические исследования домашней среды больных МВ были проведены главным образом в зарубежных странах [13, 14, 15]. М.Е. Purdy-Gibson и соавт. исследовали домашнюю среду пациентов

с муковисцидозом и больных, не страдающих муковисцидозом, и выявили, что в 28% смывов, взятых из сливов раковин в домашних условиях больных МВ, выделялась *P. aeruginosa* [13]. Это более чем в восемь раз превышало частоту контаминации бактерий в домашней среде контрольной группы. Исследователи P. Schelstraete, S. Van Daele изучали домашнюю среду 50 пациентов с муковисцидозом. *P. aeruginosa* была обнаружена из окружающей среды 18 пациентов с МВ (36%). В Российской Федерации такие исследования были ограничены. Так, российские исследователи проводили оценку влияния микрофлоры объектов окружающей среды на возможность колонизации дыхательных путей пациентов с МВ г. Самары. Были выделены неферментирующие грамотрицательные бактерии, имеющие клиническое значение при муковисцидозе, в т.ч. *Achromobacter* spp., *Ralstonia* spp., *Pandora* spp. Бактерии *P. aeruginosa* не были обнаружены [16]. Наши исследования во внегоспитальных условиях внешней среды детей, больных МВ, выявили домашние очаги *P. aeruginosa*. В ходе исследования выявлены потенциальные резервуары и факторы передачи патогена, которыми являлись сливные отверстия раковин и контактные поверхности зубных щеток. А также показано, что *P. aeruginosa* может оставаться на маске после ингаляции; таким образом, данный объект при ненадлежащем уходе также может являться фактором передачи *P. aeruginosa* и требует тщательной обработки после каждого использования или замены.

К группе риска можно отнести 18,5% детей, родственники которых имели хронические бронхолегочные заболевания. Дополнительным фактором риска может быть содержание домашних животных. Так, данные международной базы PubMLST (Public databases for molecular typing and microbial genome diversity) показывают случаи выявления у домашних кошек и собак в Японии и в Австралии бактерии *P. aeruginosa* эпидемически значимых сиквенс-типов ST 235 и ST 274, которые ассоциированы с высоковирулентными и мультирезистентными штаммами у людей [20–30].

Вклад авторов / Author contribution

Е.А. Сиянова — разработка концепции и дизайна исследования, сбор материала, проведение исследования, обработка и анализ полученных данных, написание статьи.

М.Ю. Чернуха — разработка концепции и дизайна исследования, редактирование, утверждение окончательного варианта статьи, общая ответственность.

Л.Р. Аветисян — разработка концепции и дизайна исследования, анализ полученных данных, редактирование статьи.

О.С. Медведева — сбор материала, обработка и анализ полученных данных.

А.Ю. Воронкова — разработка дизайна исследования, редактирование статьи.

Е.И. Кондратьева — разработка дизайна исследования, редактирование статьи.

Е.М. Бурмистров — сбор материала, обработка и анализ полученных данных.

Н.Б. Поляков — обработка и анализ полученных данных.

А.И. Соловьев — обработка и анализ полученных данных.

В.Г. Жуховицкий — анализ полученных данных, редактирование.

Е.К. Жекайте — сбор материала, обработка полученных данных.

Этот потенциальный зооантропонозный резервуар требует дальнейшего изучения в контексте МВ.

Данные, полученные в результате генотипирования, свидетельствуют о циркуляции в бытовых условиях одного генотипа синегнойной палочки. Это создает риск реинфицирования и может объяснять неудачи эрадикационной терапии.

Анализ эффективности профилактических мер по дезинфекции камеры ингаляторов и сливных отверстий раковин показали, что они являются недостаточными. После проведения дезинфекции с поверхности 22% объектов камера ингалятора высевались микроорганизмы. 41% семей не выдерживали определенное время дезинфекции раковин. Для обеспечения эффективной дезинфекции сливов раковин требовалось проводить обработку длительностью более 6 часов. Кроме того, с фильтров ингаляторов и чистящей поверхности зубных щеток выделяли *A. lwoffii*, *Aspergillus niger*, *Candida albicans* и *S. aureus*, которые могут инфицировать легкие больного МВ, в том числе в ассоциации с *P. aeruginosa*. Поэтому данные объекты требуют частой замены при использовании пациентами с МВ. Мониторинг домашней среды в динамике подтвердил роль раковин как стабильных резервуаров бактерий *P. aeruginosa*, в которых они могут длительно сохраняться.

Полученные данные свидетельствуют о том, что домашняя среда является значимым и недооцененным резервуаром и фактором передачи *P. aeruginosa* для пациентов с муковисцидозом. Контаминация таких объектов, как сливы раковин, оборудование для ингаляционной терапии и средства гигиены, поддерживает цикл реинфекции, препятствуя эрадикации. Существующие бытовые практики дезинфекции часто оказываются неэффективными из-за несоблюдения протоколов и высокой устойчивости биопленок в сливах. Следовательно, обязательным для пациентов с муковисцидозом должен стать контроль за микробиологическими рисками в домашней среде, включающий регулярный мониторинг и строгие протоколы обработки ключевых объектов.

Ekaterina A. Siyanova — development of research concept and design, collecting material, conducting research, data analysis, article writing.

Marina Yu. Chernukha — development of research concept and design, editing, approval of the final version of the article, overall responsibility.

Lusine R. Avetisyan — development of research concept and design, data analysis, manuscript revision.

Olga S. Medvedeva — collecting material, data processing, data analysis.

Anna Yu. Voronkova — development of research concept and design, manuscript revision.

Elena I. Kondratieva — development of research concept and design, manuscript revision.

Egor M. Burmistrov — data processing, data analysis.

Nikita B. Polyakov — data processing.

Andrey I. Solovveyev — data processing.

Vladimir G. Zhukhovitsky — data analysis, manuscript revision.

Elena K. Zhekyate — collecting material, data processing.

Литература

- Муковисцидоз. Издание 2-е., переработанное и дополненное (под редакцией Н.Ю. Каширской, Н.И. Капранова и Е.И. Кондратьевой). М.: ИД «МЕДПРАКТИКА-М». 2021:680. <https://www.medpraktika.ru/books/new/?id=316>
- Аветисян Л.Р., Чернуха М.Ю., Бурмистров Е.М. и др. Персистенция и адаптация бактерий *Staphylococcus aureus*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Burkholderia cepacia* complex, *Achromobacter* spp. при хронической инфекции легких у пациентов с муковисцидозом. *Бюллетень Оренбургского научного центра УрО РАН*. 2023;2. doi: 10.24411/2304-9081-2023-12002.
- Шагинян И.А., Аветисян Л.Р., Чернуха М.Ю. и др. Эпидемиологическая значимость молекулярной изменчивости генома изолятов *Pseudomonas aeruginosa*, вызывающих хроническую инфекцию легких у больных муковисцидозом. *КМАХ*. 2019;21(4):340–351. <https://cyberleninka.ru/article/n/epidemiologicheskaya-znachimost-molekulyarnoy-izmenchivosti-genoma-izolyatov-pseudomonas-aeruginosa-vyzyvayuschih-hronicheskuyu>
- Сиянова Е.А., Чернуха М.Ю., Аветисян Л.Р. и др. Мониторинг хронической инфекции легких у больных муковисцидозом, вызванной бактериями *Pseudomonas aeruginosa*. *Педиатрия. Журнал им. Г.Н. Снежанского*. 2018;97(2):77–86. <https://cyberleninka.ru/article/n/monitoring-hronicheskoy-infektsii-legkih-u-bolnyh-mukovistsidom-vyzvannoy-bakteriyami-pseudomonas-aeruginosa>
- Медицинская микробиология. Покровский В.И. 4-е изд., стереот. М.: ГЭОТАР Медиа, 2010. 768 с.
- Bergan T. Pathogenetic factors of *Pseudomonas aeruginosa*. *Scandinavian journal of infectious diseases*. 1981;29:7–12. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/6797059/>
- Silva M.E., Filho I.C., Endo E.H., et al. Characterisation of potential virulence markers in *Pseudomonas aeruginosa* isolated from drinking water. *Antonie Van Leeuwenhoek*. 2008;93(4):323–334. doi: 10.1007/s10482-007-9209-8.
- Crone S., Vives-Florez M., Kvich L., et al. The environmental occurrence of *Pseudomonas aeruginosa*. *APMIS*. 2020;128(3):220–231. doi: 10.1111/apm.13010.
- Воробьев А.А. Микробиология / Воробьев А.А., Быков А.С., Пашков Е.П., Рыбакова А.М. 2-е изд. М.: Медицина, 2003. 335 с.
- Nesse L.L., Simm R. Biofilm: A hotspot for emerging bacterial genotypes. *Adv. Appl. Microbiol.* 2018;103:223–246. doi: 10.1016/bs.aambs.2018.01.003.
- Moradali M.F., Ghods S., Rehm B.H. *Pseudomonas aeruginosa* Lifestyle: A Paradigm for Adaptation, Survival, and Persistence. *Front Cell Infect Microbiol.* 2017;7:39. Published 2017 Feb 15. doi: 10.3389/fcimb.2017.00039.
- Boyle M., Ford T., Maki J.S., et al. Biofilms and the survival of opportunistic pathogens in recycled water. *Waste Manag Res.* 1991;9(5):465–470. doi: 10.1177/0734242X9100900165.
- Schelstraete P., Van Daele S., De Boeck K., et al. *Pseudomonas aeruginosa* in the home environment of newly infected cystic fibrosis patients. *Eur Respir J.* 2008;31(4):822–829. doi: 10.1183/09031936.00088907.
- Regnath T., Kreutzberger M., Illing S., et al. Prevalence of *Pseudomonas aeruginosa* in households of patients with cystic fibrosis. *Int J Hyg Environ Health.* 2004;207(6):585–588. doi: 10.1078/1438-4639-00331.
- Purdy-Gibson M.E., France M., Hundley T.C., et al. *Pseudomonas aeruginosa* in CF and non-CF homes is found predominantly in drains. *J Cyst Fibros.* 2015;14(3):341–346. doi: 10.1016/j.jcf.2014.10.008.
- Кондратенко О.В. Оценка влияния микрофлоры объектов окружающей среды на возможность внестационарной колонизации дыхательных путей пациентов с муковисцидозом. *Ульяновский медико-биологический журнал*. 2018;4:156–164. <https://cyberleninka.ru/article/n/otsenka-vliyaniya-mikroflory-obektov-okruzhayushey-sredy-na-vozmozhnost-vnestatsionarnoy-kolonizatsii-dyhatelnyh-putej-patsientov-s> (дата обращения: 16.01.2026).
- Методические рекомендации. МУК 4.2.2942–11 Методы санитарно-бактериологических исследований объектов окружающей среды, воздуха и контроля стерильности в лечебных организациях.
- Чернуха М.Ю., Аветисян Л.Р., Шагинян И.А. и др. Алгоритм микробиологической диагностики хронической инфекции легких у больных муковисцидозом. *Клиническая микробиология и антимикробная химиотерапия*. 2014;16(4):312–324. <https://cyberleninka.ru/article/n/algoritm-mikrobiologicheskoy-diagnostiki-hronicheskoy-infektsii-lyogkih-u-bolnyh-mukovistsidom>
- Curran B., Jonas D., Grundmann H., et al. Development of a multilocus sequence typing scheme for the opportunistic pathogen *Pseudomonas aeruginosa*. *J Clin Microbiol.* 2004;42(12):5644–5649. doi: 10.1128/JCM.42.12.5644-5649.2004.
- The Main Site PubMLST at the Department of Biology, Oxford University, Great Britain Public databases for molecular typing and microbial genome diversity. [Электронный ресурс] Режим доступа: <https://www.pubmlst.org>
- Lee A.C., Jones A.L. Multi-resistant *Pseudomonas aeruginosa* ST235 in cystic fibrosis. *Paediatr Respir Rev.* 2018;27:18–20. doi: 10.1016/j.prrv.2018.05.009.
- Treepong P., Kos V.N., Guyeux C., et al. Global emergence of the widespread *Pseudomonas aeruginosa* ST235 clone. *Clin Microbiol Infect.* 2018;24(3):258–266. doi: 10.1016/j.cmi.2017.06.018.
- Chichon G., Lopez M., de Toro M., et al. Spread of *Pseudomonas aeruginosa* ST274 Clone in Different

- Niches: Resistome, Virulome, and Phylogenetic Relationship. *Antibiotics* (Basel, Switzerland). 2023;12(11):1561. doi: 10.3390/antibiotics12111561.
24. Ocampo-Sosa A.A., Fernandez-Martinez M., Cabot G., et al. Draft Genome Sequence of the Quorum-Sensing and Biofilm-Producing *Pseudomonas aeruginosa* Strain Pae221, Belonging to the Epidemic High-Risk Clone Sequence Type. *Genome Announc.* 2015;3: e01343–14. doi: 10.1128/genomeA.01343-14.
 25. Nageeb W., Amin D.H., Mohammedsaleh Z.M., et al. Novel Molecular Markers Linked to *Pseudomonas aeruginosa* Epidemic High-Risk Clones. *Antibiotics.* 2021;10:35. doi: 10.3390/antibiotics10010035.
 26. Ahmed M.A.S., Hadi H.A., Abu Jarir S., et al. Prevalence and microbiological and genetic characteristics of multidrug-resistant *Pseudomonas aeruginosa* over three years in Qatar. *Antimicrob. Steward. Healthc. Epidemiol.* 2022;2: e96. doi: 10.1017/ash.2022.226.
 27. Cortes-Lara S., del Barrio-Tofino E., Lopez-Causape C., et al Predicting *Pseudomonas aeruginosa* susceptibility phenotypes from whole genome sequence resistome analysis. *Clin. Microbiol. Infect.* 2021;27:1631–1637. doi: 10.1016/j.cmi.2021.05.011.
 28. Bocharova Y.A., Savinova T.A., Lyamin A.V., et al. Genome features and antibiotic resistance of *Pseudomonas aeruginosa* strains isolated in patients with cystic fibrosis in the Russian Federation. *Russ. Clin. Lab. Diagn.* 2021;66:629–634. doi: 10.51620/0869-2084-2021-66-10-629-634.
 29. Van Mansfeld R., Willems R., Brimicombe R., et al. *Pseudomonas aeruginosa* genotype prevalence in Dutch cystic fibrosis patients and age dependency of colonization by various *P. aeruginosa* sequence types. *J. Clin. Microbiol.* 2009;47:4096–4101. doi: 10.1128/JCM.01462-09.
 30. Mitchelmore P.J., Randall J., Bull M.J., et al. Molecular epidemiology of *Pseudomonas aeruginosa* in an unsegregated bronchiectasis cohort sharing hospital facilities with a cystic fibrosis cohort. 2017;73:677–679. doi: 10.1136/thoraxjnl-2016-209889.
 - cystic fibrosis. *CMAC.* 21(4):340–351. (In Russ.). doi: 10.36488/cmacc.2019.4.340-351.
 4. Siyanova E.A., Chernuha M. Yu., Avetisyan L.R., et al. Monitoring of chronic lung infection in patients with cystic fibrosis caused by *Pseudomonas aeruginosa*. *Pediatrics n.a. G.N. Speransky.* 2018;97(2):77–86. (In Russ.). <https://cyberleninka.ru/article/n/monitoring-hronicheskoy-infektsii-legkih-u-bolnyh-mukovistsidozom-vyzvannoy-bakteriyami-pseudomonas-aeruginosa>
 5. Medical microbiology / Pokrovsky V.I. 4th ed., stereot. M.: GEOTAR Media, 2010. 768 p. (In Russ.).
 6. Bergan T. Pathogenetic factors of *Pseudomonas aeruginosa*. *Scandinavian journal of infectious diseases.* 1981;29:7–12. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/6797059/>
 7. Silva M.E., Filho I.C., Endo E.H., et al. Characterisation of potential virulence markers in *Pseudomonas aeruginosa* isolated from drinking water. *Antonie Van Leeuwenhoek.* 2008;93(4):323–334. doi: 10.1007/s10482-007-9209-8.
 8. Crone S., Vives-Florez M., Kvich L., et al. The environmental occurrence of *Pseudomonas aeruginosa*. *APMIS.* 2020;128(3):220–231. doi: 10.1111/apm.13010.
 9. Vorobyev A.A. Microbiology / Vorobyov A.A., Bykov A.S., Pashkov E.P., Rybakova A.M. 2nd ed. M.: Medicine 2003. 335 p. (In Russ.).
 10. Nesse L.L., Simm R. Biofilm: A hotspot for emerging bacterial genotypes. *Adv. Appl. Microbiol.* 2018;103:223–246. doi: 10.1016/bs.aambs.2018.01.003.
 11. Moradali M.F., Ghods S., Rehm B.H. *Pseudomonas aeruginosa* Lifestyle: A Paradigm for Adaptation, Survival, and Persistence. *Front Cell Infect Microbiol.* 2017;7:39. Published 2017 Feb 15. doi: 10.3389/fcimb.2017.00039.
 12. Boyle M., Ford T., Maki J.S., et al. Biofilms and the survival of opportunistic pathogens in recycled water. *Waste Manag Res.* 1991;9(5):465–470. doi: 10.1177/0734242X9100900165.
 13. Schelstraete P., Van Daele S., De Boeck K., et al. *Pseudomonas aeruginosa* in the home environment of newly infected cystic fibrosis patients. *Eur Respir J.* 2008;31(4):822–829. doi: 10.1183/09031936.00088907.
 14. Regnath T., Kreutzberger M., Illing S., et al. Prevalence of *Pseudomonas aeruginosa* in households of patients with cystic fibrosis. *Int J Hyg Environ Health.* 2004;207(6):585–588. doi: 10.1078/1438-4639-00331.
 15. Purdy-Gibson M.E., France M., Hundley T.C., et al. *Pseudomonas aeruginosa* in CF and non-CF homes is found predominantly in drains. *J Cyst Fibros.* 2015;14(3):341–346. doi: 10.1016/j.jcf.2014.10.008
 16. Kondratenko O.V. Impact of microflora of environmental medium on ambulatory airway colonization in patients with cystic fibrosis. *Ulyanovsk Medico-biological Journal.* 2018;4:156–164. (In Russ.). <https://cyberleninka.ru/article/n/otsenka-vliyaniyamikroflory-obektov-okruzhayuschey-sredy-na>

References

1. Cystic Fibrosis. 2nd edition, revised and supplemented (edited by N. Yu. Kashirskaya, N.I. Kapranov, and E.I. Kondratyeva). Moscow: MEDPRAKTIKA-M Publishing House, 2021, 680 p. (In Russ.). <https://www.medpraktika.ru/books/new/?id=316>
2. Avetisyan L.R., Chernukha M. Yu., Burmistrov E.M., Siyanova E.A., et al. Adaptation of *Staphylococcus aureus*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Burkholderia cepacia* complex, and *Achromobacter* spp. bacteria during chronic lung infection in patients with cystic fibrosis. *Bulletin of the Orenburg Scientific Center.* 2023(2). (In Russ.). doi: 10.24411/2304-9081-2023-12002.
3. Shaginyan I.A., Avetisyan L.R., Chernukha M. Yu., Siyanova E.A., et al. Epidemiological significance of genome variations in *Pseudomonas aeruginosa* causing chronic lung infection in patients with

- vozmozhnost-vnestatsionarnoy-kolonizatsii-dyhatelnyh-putey-patsientov-s (available at: 16.01.2026).
17. Guidelines. MUK 4.2.2942–11 Methods of Sanitary and Bacteriological Studies of Environmental Objects, Air, and Sterility Control in Healthcare Facilities. (In Russ.).
 18. Chernukha M. Yu., Avetisyan L.R., Shaginyan I.A., et al. Microbiological diagnosis algorithm for chronic lung infection in Patients with Cystic Fibrosis. *Clinical Microbiology and Antimicrobial Chemotherapy*. 2014;16(4):312–324. (In Russ.). <https://cyberleninka.ru/article/n/algorithm-mikrobiologicheskoy-diagnostiki-hronicheskoy-infektsii-lyogkih-u-bolnyh-mukovistsidozom>
 19. Curran B., Jonas D., Grundmann H., et al. Development of a multilocus sequence typing scheme for the opportunistic pathogen *Pseudomonas aeruginosa*. *J Clin Microbiol*. 2004;42(12):5644–5649. doi: 10.1128/JCM.42.12.5644-5649.2004.
 20. The Main Site PubMLST at the Department of Biology, Oxford University, Great Britain Public databases for molecular typing and microbial genome diversity. <https://www.pubmlst.org>
 21. Lee A.C., Jones A.L. Multi-resistant *Pseudomonas aeruginosa* ST235 in cystic fibrosis. *Paediatr Respir Rev*. 2018;27:18–20. doi: 10.1016/j.prrv.2018.05.009.
 22. Treepong P., Kos V.N., Guyeux C., et al. Global emergence of the widespread *Pseudomonas aeruginosa* ST235 clone. *Clin Microbiol Infect*. 2018;24(3):258–266. doi: 10.1016/j.cmi.2017.06.018.
 23. Chichon G., Lopez M., de Toro M., et al. Spread of *Pseudomonas aeruginosa* ST274 Clone in Different Niches: Resistome, Virulome, and Phylogenetic Relationship. *Antibiotics* (Basel, Switzerland). 2023;12(11):1561. doi: 10.3390/antibiotics12111561.
 24. Ocampo-Sosa A.A., Fernandez-Martinez M., Cabot G., et al. Draft Genome Sequence of the Quorum-Sensing and Biofilm-Producing *Pseudomonas aeruginosa* Strain Pae221, Belonging to the Epidemic High-Risk Clone Sequence Type. *Genome Announc*. 2015;3: e01343–14. doi: 10.1128/genomeA.01343-14.
 25. Nageeb W., Amin D.H., Mohammedsaleh Z.M., et al. Novel Molecular Markers Linked to *Pseudomonas aeruginosa* Epidemic High-Risk Clones. *Antibiotics*. 2021;10:35. doi: 10.3390/antibiotics10010035.
 26. Ahmed M.A.S., Hadi H.A., Abu Jarir S., et al. Prevalence and microbiological and genetic characteristics of multidrug-resistant *Pseudomonas aeruginosa* over three years in Qatar. *Antimicrob. Steward. Healthc. Epidemiol*. 2022;2: e96. doi: 10.1017/ash.2022.226.
 27. Cortes-Lara S., del Barrio-Tofino E., Lopez-Causape C., et al. Predicting *Pseudomonas aeruginosa* susceptibility phenotypes from whole genome sequence resistome analysis. *Clin. Microbiol. Infect*. 2021;27:1631–1637. doi: 10.1016/j.cmi.2021.05.011.
 28. Bocharova Y.A., Savinova T.A., Lyamin A.V., et al. Genome features and antibiotic resistance of *Pseudomonas aeruginosa* strains isolated in patients with cystic fibrosis in the Russian Federation. *Russ. Clin. Lab. Diagn*. 2021;66:629–634. doi: 10.51620/0869-2084-2021-66-10-629-634.
 29. Van Mansfeld R., Willems R., Brimicombe R., et al. *Pseudomonas aeruginosa* genotype prevalence in Dutch cystic fibrosis patients and age dependency of colonization by various *P. aeruginosa* sequence types. *J. Clin. Microbiol*. 2009;47:4096–4101. doi: 10.1128/JCM.01462-09.
 30. Mitchelmore P.J., Randall J., Bull M.J., et al. Molecular epidemiology of *Pseudomonas aeruginosa* in an unsegregated bronchiectasis cohort sharing hospital facilities with a cystic fibrosis cohort. 2017;73:677–679. doi: 10.1136/thoraxjnl-2016-209889.

Поступила: 15.07.2025

Принята в печать: 20.08.2025