

С 1987 года (регистрация первых случаев ВИЧ) эпидемиологическая ситуация по ВИЧ-инфекции в Гомельской области претерпела ряд изменений. Парентеральный путь заражения сменился на половой, которым на сегодняшний день ежегодно инфицируется 94% из взятых на учет. С 2017 года в области наблюдается снижение удельного веса ВИЧ-положительных женщин репродуктивного возраста из общего числа, вновь выявленных ВИЧ-позитивных.

С 1987 года в Гомельской области всего зарегистрировано 2880 беременностей среди ВИЧ-положительных. Начиная с 2013 года, наблюдается снижение количества беременностей у ВИЧ-положительных женщин.

Всего по состоянию на 01.01.2023 года в области родилось 2 055 детей от ВИЧ-положительных матерей. Диагноз «ВИЧ-инфекция» был установлен 186 детям, на долю вертикального пути инфицирования приходится 84,4% (157 случаев).

Беременные, прошедшие неполный курс профилактического лечения либо вовсе не прошедшие лечение, а также, имеющие низкую приверженность к приему антиретровирусных препаратов имеют высокий риск реализации вертикальной трансмиссии ВИЧ (20–40%). В Гомельской области в 2019–2021 гг. не зарегистрировано ни одного случая передачи ВИЧ от матери ребенку у женщин с полным курсом профилактики, высоким уровнем приверженности к приему АРВТ и неопределяемым уровнем вирусной нагрузки к моменту родов. Риск передачи ВИЧ от матери ребенку в Гомельской области снижен в 10 раз (с 10,34% в 2011г. до 0 в 2022 году).

Требуют особого внимания случаи ВИЧ-инфекции среди детей с неустановленным путем инфицирования. За весь период эпидемии в области зарегистрировано 17 случаев ВИЧ-инфекции среди детей с неустановленным путем передачи ВИЧ.

Заключение: наиболее эффективными являются лечебно-профилактические мероприятия, начиная с этапа планирования беременности, проведения прегравидарной подготовки женщин, приема АРВТ у ВИЧ-положительных женщин до наступления беременности, оперативное родоразрешение, отказ от грудного вскармливания, и завершая назначением АРВ средства ребенку и обеспечением заместительным вскармливанием. Комплексность и этапность в проведении профилактики дают гарантированную возможность ВИЧ-положительной женщине иметь здорового ребенка.

*Сужаева Л.В.¹, Nguyen Quang Truong²,
Макарова М.А.¹, Жамборова М.Х.¹, Старкова Д.А.¹,
Полев Д.Е.¹, Саитова А.Т.¹*

УСТОЙЧИВЫЕ К ХИНОЛОНАМ ШТАММЫ SALMONELLA, ВЫДЕЛЕННЫЕ ВО ВЬЕТНАМЕ

¹ФБУН НИИ эпидемиологии и микробиологии им.
Пастера, Санкт-Петербург, Россия

²Институт Пастера, Хошимин, Социалистическая
Республика Вьетнам

Введение. По данным исследования глобального бремени болезней, травм и факторов риска ежегодно в мире регистрируется 93,8 (95% ДИ: 61,8–131,6) миллиона случаев гастроэнтерита, вызванного нетифоидными *Salmonella*, в том числе 80,3 миллиона случаев связаны

с пищевыми продуктами, при этом 155 (95% ДИ: 39,0–303,0) тысяч случаев этого заболевания заканчиваются летальным исходом. Главная проблема в лечении связана с наличием у *Salmonella* резистентности к основным препаратам стартовой терапии – фторхинолонам.

Цель. Выявить механизмы устойчивости к хинолонам у штаммов *Salmonella*, выделенных из различных источников во Вьетнаме.

Материалы и методы. Исследовано 390 штаммов *Salmonella*, выделенных от людей, животных, из продуктов питания животного происхождения в Социалистической Республике Вьетнам. Скрининг штаммов, устойчивых к хинолонам, проводили диско-диффузионным методом с налидиксовой кислотой (30 мкг) и пепфлоксацином (5 мкг). У резистентных штаммов определена минимальная ингибирующая концентрация (МИК) ципрофлоксацина методом градиентной диффузии с использованием E-тестов (BioMerieux). Выполнено полногеномное секвенирование на платформе Illumina MiSeq устойчивых штаммов (МИК > 0,06 мг/л) с анализом полученных данных на предмет поиска детерминант резистентности с использованием платформы ResFinder.

Результаты. Среди 390 штаммов доля устойчивых к хинолонам составила 56,0%. Среди резистентных штаммов устойчивостью низкого уровня (МИК 0,094–0,5 мг/л) обладали 61,1% штаммов. МИК свыше 0,5 мг/л выявлена у 38,9% изолятов, в том числе у 11,1% штаммов МИК превышала 32 мг/л.

Анализ данных полногеномного секвенирования 54 резистентных к хинолонам изолятов показал наличие хромосомных мутаций (однонуклеотидных замен) в генах ДНК-гиразы у 42,6% резистентных штаммов (*gyrA* (24,1%), *gyrB* (5,5%), *gyrA* + *gyrB* (13,0%)) и в генах топоизомеразы - у 94,4% штаммов (*parC* (83,3%), *parE* (11,1%)). Гены семейства *qnr*, кодирующие продукцию экранирующих белков, защищающих мишени от воздействия хинолонов, обнаружили у 75,9% изолятов (*qnrS1* - 72,2%, *qnrA1* - 3,7%). Ген аминогликозид-ацетилтрансферазы (*aac(6)-Ib-cr*), ответственной, в том числе, и за инактивацию ципрофлоксацина, выявлен у 13,0% изолятов. Таким образом, у каждого протестированного штамма выявлен по крайней мере один плазмидный ген или однонуклеотидная замена в хромосомных генах, обуславливающих устойчивость.

Выявлено 14 генотипов резистентности, из которых 4 связаны только с мутациями в генах ДНК-гиразы и/или топоизомеразы, 1 – с наличием плазмидного гена *qnr*, 6 – представляют собой комбинацию мутаций в генах ДНК-гиразы и/или топоизомеразы с наличием какого-либо гена, кодирующего экранирующие белки (*qnrS1/qnrA1*), 3 – являются сочетанием двух вышеуказанных механизмов и наличием гена аминогликозид-ацетилтрансферазы.

Выводы. В Социалистической Республике Вьетнам резистентность к хинолонам выявлена у 56,0% штаммов *Salmonella*, выделенных от людей, сельскохозяйственных животных и из продуктов питания животного происхождения. Основной механизм резистентности связан с хромосомными точечными мутациями в гене топоизомеразы *parC* и наличием гена *qnrS1*, кодирующего продукцию экранирующих белков.