

Профили и генетические детерминанты антибиотикорезистентности возбудителей внебольничных инфекций мочевыводящих путей у женщин репродуктивного возраста

Т. А. Хуснутдинова^{1,2}, Е. В. Шипицына¹, А. А. Крысанова^{1,2}, А. М. Савичева^{1,2}

¹ФГБНУ «НИИ акушерства, гинекологии и репродуктологии имени Д. О. Отта», Санкт-Петербург

²ФГБОУ ВО «Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет» Минздрава России, Санкт-Петербург

РЕЗЮМЕ

Цель исследования. Определить профили и генетические детерминанты антибиотикорезистентности возбудителей внебольничных инфекций мочевыводящих путей (ИМП) у женщин репродуктивного возраста в Санкт-Петербурге.

Материалы и методы. В исследование были включены штаммы микроорганизмов, полученные от 145 женщин репродуктивного возраста с диагнозом ИМП. Чувствительность к антибиотикам исследовали диско-диффузионным методом, интерпретацию результатов осуществляли в соответствии критериями EUCAST. Штаммы уропатогенных энтеробактерий были протестированы методом ПЦР на наличие генов бета-лактамаз: гены бета-лактамаз, кодирующих ферменты группы AmpC (MOX, CMY, LAT, BIL, DHA, ACC, MIR, ACT, FOX), TEM, SHV, OXA-1, генов БЛРС группы CTX-M, генов карбапенемаз (KPC, OXA-48) и металло-бета-лактамаз (VIM, IMP, NDM).

Результаты. Большинство (81 %) случаев ИМП у женщин в Санкт-Петербурге были обусловлены энтеробактериями с подавляющим доминированием *Escherichia coli* (66 %). Фосфомицин, меропенем и нитрофурантоин имели самую высокую *in vitro* активность против уропатогенных энтеробактерий. Были отмечены высокие показатели резистентности к бета-лактамамным антибиотикам (от 16 % к цефотаксиму до 28 % к амоксициллин / клавулановой кислоте). Гены TEM-бета-лактамаз были обнаружены в 31 изоляте (26,7 %), SHV – в 17 (14,6 %), CTX-M типа – в 15 (12,9 %), гена DHA – в 2 (1,7 %). Остальные гены бета-лактамной резистентности (MOX, CMY, LAT, BIL, ACC, MIR, ACT, FOX, группа KPC, группа OXA-подобных, VIM, IMP, NDM) не были выявлены.

Заключение. Микробиологический и молекулярный анализ структуры бета-лактамной резистентности имеет ключевое значение для эффективного эпидемиологического контроля устойчивости возбудителей инфекций мочевыводящих путей к антибактериальным препаратам.

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА: инфекции мочевыводящих путей, уропатогенные энтеробактерии, антибиотикорезистентность, гены бета-лактамаз.

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Исследование выполнено в рамках поисковой научной темы «Определение клинически значимой бактериурии и детерминант антибиотикорезистентности возбудителей инфекций мочевыводящих путей у беременных женщин с применением молекулярно-биологических методов». Номер госрегистрации: AAAA-A20-120041390029-7.

Profiles and genetic determinants of antimicrobial resistance in pathogens causing community-acquired urinary tract infections in reproductive-age women

T. A. Khusnutdinova^{1,2}, E. V. Shipitsyna¹, A. A. Krysanova^{1,2}, A. M. Savicheva^{1,2}

¹Research Institute for Obstetrics, Gynecology and Reproductology n.a. D. O. Ott, Saint Petersburg, Russia

²Saint Petersburg State Pediatric Medical University, Saint Petersburg, Russia

SUMMARY

Objective. To characterize the profiles and genetic determinants of antibiotic resistance in pathogens of community-acquired urinary tract infections (UTI) in women of reproductive age in St. Petersburg (Russia).

Materials and methods. The study included strains of microorganisms obtained from 145 women of reproductive age with diagnosed with a UTI. Antibiotic susceptibility was evaluated by disk diffusion method; the interpretation of the results was carried out in accordance with the EUCAST criteria. Strains of uropathogenic enterobacteria were tested by PCR for the presence of beta-lactamase genes: beta-lactamase genes encoding enzymes of the AmpC group (MOX, CMY, LAT, BIL, DHA, ACC, MIR, ACT, FOX), TEM, SHV, OXA-1, ESBL genes of the CTX-M group, genes of carbapenemases (KPC, OXA-48) and metal-beta-lactamases (VIM, IMP, NDM).

Results. Most cases (81 %) of UTIs in women in St. Petersburg were due to enterobacteria, with *Escherichia coli* highly prevailing (66 %). Fosfomycin, meropenem and nitrofurantoin had the highest *in vitro* activity against uropathogenic Enterobacteriaceae. High rates of resistance to beta-lactam antibiotics were found (from 16% to ceftotaxime to 28% to amoxicillin/clavulanic acid). The genes of TEM-beta-lactamases were found in 31 isolates (26.7 %), SHV – in 17 (14.6 %), CTX-M type – in 15 (12.9 %), DHA – in 2 (1.7 %). The other beta-lactam resistance genes (MOX, CMY, LAT, BIL, ACC, MIR, ACT, FOX, KPC group, OXA-like group, VIM, IMP, NDM) were not detected.

Conclusion. Microbiological and molecular analysis of the structure of beta-lactam resistance is important for the effective of epidemiological control of antimicrobial resistance in pathogens causing urinary tract infections.

KEY WORDS: urinary tract infections, uropathogenic enterobacteria, antibiotic resistance, beta-lactamase genes.

CONFLICT OF INTEREST. The authors declare no conflict of interest.

The study was carried out within the framework of the research topic 'Determination of clinically significant bacteriuria and determinants of antibiotic resistance of urinary tract infections in pregnant women using molecular biological methods'. State registration number: AAAA-A20-120041390029-7.

Введение

Инфекции мочевыводящих путей (ИМП) являются одними из самых распространенных инфекционных заболеваний во всем мире. В подавляющем большинстве случаев возбудителями ИМП являются грамотрицательные патогены, в основном представители семейства *Enterobacteriaceae*, главным образом *Escherichia coli* и *Klebsiella spp.* [1]. Бета-лактамы антибиотики (БЛА) занимают ведущее место при лечении ИМП. В последние годы отмечается устойчивая тенденция к повышению резистентности уропатогенных энтеробактерий к антибактериальным препаратам, особенно к БЛА (пенициллины, цефалоспорины, карбапенемы), что может приводить к неблагоприятным клиническим исходам ввиду неэффективности применяемого антибиотика. Увеличение числа резистентных штаммов микроорганизмов к БЛА в первую очередь обусловлено продукцией ферментов бета-лактамаз, особенно бета-лактамаз расширенного спектра действия (БЛРС), которая является одним из наиболее важных и клинически значимых механизмов устойчивости. Поскольку эти ферменты кодируются плазмидой, резистентность бактерий, обусловленная синтезом этих ферментов, распространяется очень быстро. Наиболее распространенными типами генов БЛРС являются СТХ–М, TEM и SHV. Среди ферментов типов TEM и SHV могут быть бета-лактамазы как широкого спектра, так и расширенного спектра, которые различаются между собой единичными аминокислотными заменами. Все бета-лактамазы СТХ–М-типа являются БЛРС и в последние годы стали доминирующей группой среди БЛРС продуцирующих бактерий. Другой механизм устойчивости обусловлен образованием хромосомных или плазмидных бета-лактамаз AmpC. Ферменты типа AmpC, в отличие от большинства БЛРС, не ингибируются клавулановой кислотой и аналогичными ингибиторами бета-лактамаз. В связи с ростом БЛРС-продуцирующих энтеробактерий, широкое применение получают карбапенемы. Важной угрозой, которая требует пристального внимания, является появление устойчивости к карбапенемам у энтеробактерий, опосредованной металл-бета-лактамазами (такими как ферменты групп VIM, IMP и NDM) или приобретенными карбапенемазами групп KPC и OXA-48-подобных, обеспечивающими устойчивость к большинству или всем доступным БЛА [2, 3]. Кроме того, обнаружение штаммов энтеробактерий, продуцирующих множественные бета-лактамазы, становится все более распространенным явлением, что также приводит к увеличению резистентности к БЛА. Это обосновывает необходимость получения данных не только о распространенности антибиотикорезистентности, но и о ее структуре и механизмах.

Цель исследования

Определить профили и генетические детерминанты антибиотикорезистентности возбудителей внебольничных инфекций мочевыводящих путей у женщин репродуктивного возраста в Санкт-Петербурге.

Материалы и методы

Штаммы уропатогенных энтеробактерий были выделены у женщин репродуктивного возраста, которые наблюдались акушером-гинекологом в ФГБНУ «Научно-исследователь-

ский институт акушерства, гинекологии и репродуктологии имени Д. О. Отта» с октября 2017 по декабрь 2019 года. Материалом для исследования служила средняя порция утренней свободно выпущенной мочи, полученная после туалета наружных половых органов. Бактериологическое исследование клинического материала проводилось с использованием универсальной питательной среды (кровяного агар) с определением числа микробных клеток в 1 мл мочи. Идентификацию выделенных микроорганизмов проводили методом масс-спектрометрии (MALDI-TOF MS, BRUKER Daltonics, Германия). Определение чувствительности выделенных уропатогенов к антибиотикам проводили диско-диффузионным методом, интерпретацию результатов осуществляли в соответствии критериями European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST), версия 10.0. Тестируемые антибиотики: ампициллин, амоксициллин / клавулановая кислота, цефотаксим, цефтазидим, цефподоксим, цефтриаксон, цефиксим, офлоксацин, ципрофлоксацин, нитрофурантоин, меропенем, гентамицин, фосфомицин, триметоприм-сульфаметоксазол (Oxoid, Великобритания).

Выделение ДНК из культур уропатогенов проводили с применением набора реагентов «ГК-экспресс» (ФБУН «Центральный НИИ эпидемиологии» Роспотребнадзора). Выявление генов БЛРС группы СТХ–М, генов карбапенемаз KPC и OXA-48, и металл-бета-лактамаз (VIM, IMP, NDM) проводили методом ПЦР в реальном времени с использованием тестов «АмплиСенс ESBP СТХ–М-FL», «АмплиСенс MDR KPC/OXA-48-FL» и «АмплиСенс MDR MBL-FL» (ФБУН «Центральный НИИ эпидемиологии» Роспотребнадзора) соответственно. Определение генов бета-лактамаз групп AmpC (MOX, CMY, LAT, BIL, DHA, ACC, MIR, ACT, FOX), TEM, SHV, OXA проводили методом ПЦР с электрофоретической детекцией с использованием опубликованных праймеров [4, 5, 6].

Результаты исследования и обсуждение

Всего было проанализировано 145 штаммов бактерий. Структура возбудителей внебольничных ИМП, выделенных от женщин репродуктивного возраста, представлена на рис. 1. Энтеробактерии составили в общей сложности 81 % всех выделенных уропатогенов. *E. coli* являлась самым частым возбудителем ИМП и была выделена у 66 % женщин. Частота выделения *Klebsiella spp.* составила 12 %, в 1 % случаев были выделены *Proteus spp.*, *Enterobacter aerogenes* и *Morganella morganii* каждый. Кроме энтеробактерий, были выделены *S. agalactiae* (6%), *Enterococcus spp.* (8%), *S. saprophyticus* (4%) и в 1 % случаев *S. oralis*.

Полученные нами результаты о выявлении в подавляющем большинстве случаев представителей семейства *Enterobacteriaceae*, особенно *E. coli*, согласуются с ранее опубликованными данными. Так, по результатам многоцентрового эпидемиологического исследования ДАРМИС-2018, наиболее частыми возбудителями ИМП являлись представители порядка *Enterobacterales*. Их доля составила 91 %, при этом *E. coli* была возбудителем в 71 % случаев, *Klebsiella spp.* – в 12 % [7].

Основным методом лечения всех ИМП является антибактериальная терапия, которая в большинстве случаев

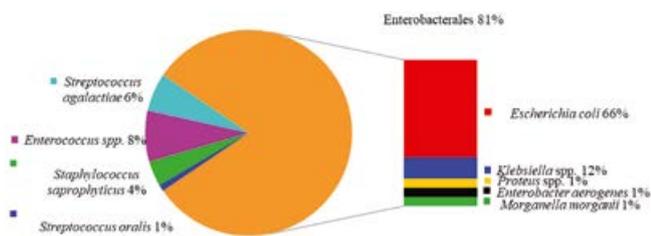


Рисунок 1. Структура возбудителей внебольничных инфекций мочевыводящих путей, выделенных у женщин репродуктивного возраста.

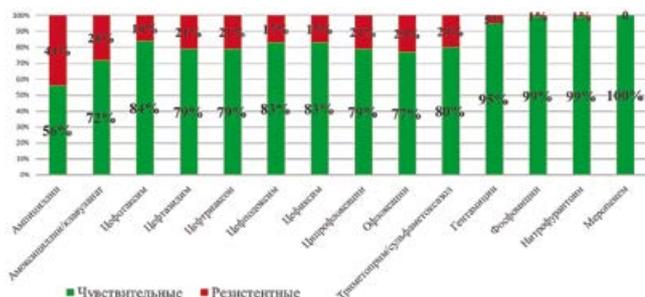


Рисунок 2. Чувствительность штаммов *Enterobacteriales*, выделенных от женщин репродуктивного возраста.

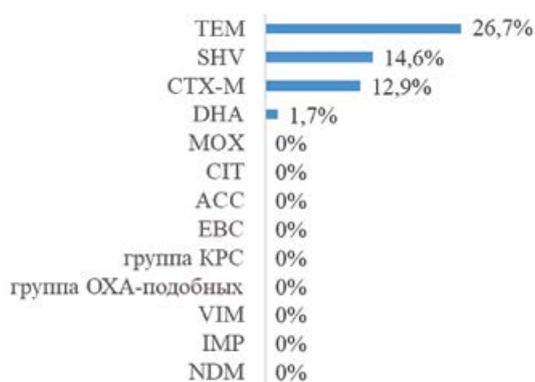


Рисунок 3. Распространенность генов бета-лактамаз среди уропатогенных энтеробактерий.

Таблица
Гены бета-лактамаз среди уропатогенных энтеробактерий

Гены бета-лактамаз	Изоляты, n (%)			Всего (n = 55)
	<i>E. coli</i> (n = 37)	<i>K. pneumoniae</i> (n = 17)	<i>K. oxytoca</i> (n = 1)	
<i>bla</i> _{CTXM}	6 (16,2%)	0	1 (100%)	7 (12,8%)
<i>bla</i> _{TEM}	23 (62,2%)	0	0	23 (41,8%)
<i>bla</i> _{SHV}	0	15 (88,2%)	0	15 (27,3%)
<i>bla</i> _{DHA}	2 (5,4%)	0	0	2 (3,6%)
<i>bla</i> _{CTXM} + <i>bla</i> _{TEM}	6 (16,2%)	0	0	6 (10,9%)
<i>bla</i> _{CTXM} + <i>bla</i> _{TEM} + <i>bla</i> _{SHV}	0	2 (11,8%)	0	2 (3,6%)

начинается эмпирически. Определение антимикробной чувствительности клинического изолята часто имеет решающее значение для выбора оптимальной антимикробной терапии. Наибольший практический интерес представляют данные по чувствительности возбудителей порядка *Enterobacteriales* в связи с их доминированием в этиологической структуре ИМП (рис. 2). Согласно результатам нашего исследования максимальные показатели чувствительности в отношении этой группы уропатогенов продемонстрировали меропенем

(100%), фосфомидин и нитрофурантоин (чувствительность по 99,0%). Также высокую антибактериальную активность продемонстрировал гентамицин (94,9%). Наименьшие показатели чувствительности среди всех изолятов были зарегистрированы к ампициллину (56,0%), амоксициллину / клавуланату (72,4%), триметоприму / сульфаметоксазолу (80,5%), ципрофлоксацину (78,8%) и офлоксацину (77,1%). Чувствительность к различным цефалоспорином варьировала в диапазоне 78,8–83,9% и составила для цефотаксима 83,9%, цефтазидима и цефтриаксона – 78,8%, для цефподоксима и цефиксима – по 83,0%.

Результаты многочисленных исследований также подтверждают высокую эффективность фосфомидина, нитрофурантоина и карбапенемов в терапии ИМП, резистентность к которым остается на низком уровне (1–2%) [7, 8]. Однако отмечается снижение активности ингибиторозащищенных ампициллинов и цефалоспоринов III–IV поколения в отношении уропатогенных энтеробактерий, резистентность к которым составляет 45 и более 20% соответственно [7].

Продукция бета-лактамаз грамотрицательными уропатогенами, особенно бета-лактамаз расширенного спектра и металло-бета-лактамаз, является наиболее важным механизмом устойчивости к БЛА. Для выявления генетических детерминант резистентности к АБП, наиболее часто применяемым для лечения ИМП (ингибиторозащищенные пенициллины, цефалоспорины широкого спектра), и препаратам группы карбапенемов, было проведено тестирование 116 изолятов *Enterobacteriales*. Штаммы *M. morganii* и *E. aerogenes*, которые обладают природной резистентностью к цефалоспорином, не тестировались.

На рисунке 3 представлено распределение изучаемых генов бета-лактамаз. Генетические детерминанты резистентности, обусловленные наличием TEM-бета-лактамаз, были обнаружены в 31 изоляте уропатогенов (26,7%), SHV – в 17 изолятах (14,6%), CTX–M типа – в 15 изолятах (12,9%), гена *bla*_{DHA} – в 2 (1,7%). Остальные генетические детерминанты резистентности (MOX, CMY, LAT, BIL, ACC, MIR, ACT, FOX, группа KPC, группа OXA-подобных, VIM, IMP, NDM) не были обнаружены ни в одном изоляте *Enterobacteriales*.

В таблице представлено распределение обнаруженных генов бета-лактамаз. Среди всех уропатогенных изолятов бета-лактамаз TEM-типа были выявлены у 29 изолятов *E. coli* (30,2%) и в 2 изолятах *K. pneumoniae* (11,8%), ферменты CTX–M типа – у 12 штаммов *E. coli* (12,5%), 2 штаммов *K. pneumoniae* (11,8%) и в одном выделенном штамме *K. oxytoca* (100%). Гены SHV были выявлены только среди штаммов *K. pneumoniae* (100%), ген DHA был обнаружен только среди изолятов *E. coli* (2%). Таким образом, всего гены бета-лактамаз были обнаружены у 55 штаммов уропатогенов – 37 штаммов *E. coli*, 17 штаммов *K. pneumoniae* и 1 штамма *K. oxytoca*.

В исследуемых изолятах бета-лактамазы были представлены в изолированно и в сочетаниях. У большинства (85,5%) изолятов гены резистентности выделялись изолированно, у 14,5% изолятов было обнаружено сочетание генов разных типов бета-лактамаз (CTX–M, TEM и SHV). Один тип генов бета-лактамаз чаще выявлялся у *E. coli* (83,8%) и был представлен геном *bla*_{TEM} (62,2%). Обнаружение двух генов бета-лактамаз *bla*_{CTXM} и *bla*_{TEM} одно-

временно было определено у 6 штаммов *E. coli* (16,2%), что составляет 10,9% общего числа изолятов с генами резистентности. Среди всех изолятов *K. pneumoniae* в 2 (11,8%) случаях определялось сочетание трех генов резистентности *bla*_{CTXM} + *bla*_{TEM} + *bla*_{SHV}, что составляет 3,6% общего числа изолятов с генами резистентности.

Молекулярная характеристика генов бета-лактамаз имеет решающее значение для надежного эпидемиологического анализа устойчивости уропатогенов к АБП. Согласно результатам исследований, ген бета-лактамазы TEM-типа был преобладающим геном БЛРС среди уропатогенных *E. coli*. Так, ген бета-лактамазы TEM-типа преобладал в Италии (45,4%) [9], Португалии (40,9%) [10] и Турции (72,7%) [11]. Об обнаружении нескольких типов бета-лактамаз в одних и тех же изолятах *E. coli* отмечалось в исследовании, проведенном в Индии. Обнаружение двух генов одновременно наблюдалось чаще всего в сочетании TEM и CTX-M в 23 (50,00%) изолятах, сочетания TEM и SHV выявили в 8 (17,39%) изолятах и CTX-M и SHV – в 6 (13,04%) изолятах [12].

Распространенность генетических детерминант резистентности к БЛА у энтеробактерий активно изучается во всем мире. Среди европейских стран распространенность БЛРС-продуцирующей *E. coli* в среднем составляет 8,7% и значительно варьирует в разных странах. Такие штаммы не были обнаружены в Финляндии и Латвии, в Швеции показатель составил 5,8%, в Польше – 7,4%, в Германии – 7,9%, в России – 15,7% [8]. Согласно результатам исследований «ДАРМИС», проведенных в 2010–2011 и 2018 годах, среди взрослой популяции в России был отмечен статистически значимый рост доли штаммов среди *E. coli*, продуцирующих БЛРС, с 8,5 до 27,0% [7, 13].

Заключение

Неуклонно растущая и существенно варьирующая в разных регионах и популяциях резистентность уропатогенных энтеробактерий к бета-лактамам антибиотикам обосновывает необходимость регулярного локального мониторинга фенотипической и генотипической резистентности уропатогенов. Микробиологический и молекулярный анализ структуры бета-лактаманной резистентности имеет

ключевое значение для эффективного эпидемиологического контроля устойчивости возбудителей инфекций мочевыводящих путей к антибактериальным препаратам.

Список литературы / References

1. Flores-Mireles A.L., Walker J.N., Caparon M., Hultgren S.J. Urinary tract infections: epidemiology, mechanisms of infection and treatment options. *Nat. Rev. Microbiol.* 2015. Vol. 13. P. 269–284. <https://doi.org/10.1038/nrmicro3432>.
2. Ruppé E., Woerther P.L., Barbier F. Mechanisms of antimicrobial resistance in Gram-negative bacilli. *Ann. Intensive Care.* 2015. Vol. 5. No. 1. P. 61. <https://doi.org/10.1186/s13613-015-0061-0>.
3. Сидоренко С.В., Березин А.Г., Иванов Д.В. Молекулярные механизмы устойчивости грамотрицательных бактерий семейства Enterobacteriaceae к цефалоспориновым антибиотикам / Антибиотики и химиотерапия. 2004. Т. 49. № 3. С. 6–16. Sidorenko S.V., Berезin A.G., Ivanov D.V. Molecular mechanisms of cephalosporins resistance in gramnegative bacteria of the Enterobacteriaceae family. *Antibiotiki i khimioterapiya.* 2004; 49 (3): 6–16. (In Russ.)
4. Dailenne C., da Costa A., Decré D., Favier C., Arlet G. Development of a set of multiplex PCR assays for the detection of genes encoding important β -lactamases in Enterobacteriaceae. *J. Antimicrob. Chemother.* 2010. Vol. 65. P. 490–495. <https://doi.org/10.1093/jac/dkp498>.
5. Olesen L., Hasman H., Aarestrup F.M. Prevalence of beta-lactamases among ampicillin-resistant *Escherichia coli* and *Salmonella* isolated from food animals in Denmark. *Microb. Drug Resist.* 2004. Vol. 10. No. 4. P. 334–340. <https://doi.org/10.1089/mdr.2004.10.334>.
6. Pérez-Pérez F.J., Hanson N.D. Detection of plasmid-mediated AmpC β -lactamase genes in clinical isolates by using multiplex PCR. *J. Clin. Microbiol.* 2002. Vol. 40. No. 6. P. 2153–2162. <https://doi.org/10.1128/jcm.40.6.2153-2162.2002>.
7. Палагин И.С., Сухорукова М.В., Дехнич А.В., Эйдельштейн М.В., Перепанова Т.С., Козлов П.С. и исследовательская группа «ДАРМИС-2018». Антибиотикорезистентность возбудителей внебольничных инфекций мочевых путей в России: результаты многоцентрового исследования «ДАРМИС-2018». *Клин. микробиол. антимикроб. химиотерапия.* 2019. Т. 21. № 2. С. 134–146. <https://doi.org/10.1186/s13055-019-0146-6>.
8. Ny S., Edquist P., Dumpis U. [et al.] Antimicrobial resistance of *Escherichia coli* isolates from outpatient urinary tract infections in women in six European countries including Russia. *J. Glob. Antimicrob. Resist.* 2019. Vol. 17. P. 25–34. <https://doi.org/10.1016/j.jgar.2018.11.004>.
9. Carattoli A., García-Fernández A., Varesi P. [et al.] Molecular epidemiology of *Escherichia coli* producing extended-spectrum β -lactamases isolated in Rome, Italy. *J. Clin. Microbiol.* 2008. Vol. 46. P. 103–108. <https://doi.org/10.1128/JCM.01542-07>.
10. Fernandes R., Amador P., Oliveira C., Prudêncio C. Molecular characterization of ES- β -lactamase-producing Enterobacteriaceae in northern Portugal. *Sci. World J.* 2014. <https://doi.org/10.1155/2014/782897>.
11. Bali E.B., Aşik L., Sultan N. Phenotypic and molecular characterization of SHV produced by *Escherichia coli*, *Acinobacter baumannii* and *Klebsiella* isolates in a Turkish hospital. *Afr. J. Microbiol. Res.* 2010. Vol. 4. P. 650–654.
12. Jena J., Sahoo R.K., Debata N.K., Subudhi E. Prevalence of TEM, SHV, and CTX-M genes of extended-spectrum β -lactamase-producing *Escherichia coli* strains isolated from urinary tract infections in adults. *3 Biotech.* 2017. Vol. 7. No. 4. P. 1–7. <https://doi.org/10.1007/s13205-017-0879-2>.
13. Палагин И.С., Сухорукова М.В., Дехнич А.В. и соавт. Исследовательская группа «ДАРМИС». Современное состояние антибиотикорезистентности возбудителей внебольничных инфекций мочевых путей в России: результаты исследования «ДАРМИС» (2010–2011). *Клин. микробиол. антимикроб. химиотерапия.* 2012. № 14 (4). С. 280–302. Palagin I.S., Sukhorukova M.V., Dekhnic A.V. et al. DARMIS Study Group. Current state of antibiotic resistance of pathogens causing community-acquired urinary tract infections in Russia: «DARMIS» study (2010–2011). *Klinicheskaya mikrobiologiya i antimikrobnaya himioterapiya.* 2012; 14(4): 280–302. (In Russ.)

Статья поступила / Received 12.03.2021

Получена после рецензирования / Revised 19.03.2021

Принята к публикации / Accepted 25.03.2021

Сведения об авторах

Хуснутдинова Татьяна Алексеевна, научный сотрудник группы экспериментальной микробиологии¹, ассистент кафедры клинической лабораторной диагностики ФП и ДПО². E-mail: husnutdinovat@yandex.ru. ORCID: 0000-0002-2742-2655. ID researcher: K-1852-2018. Scopus: 57015542400

Шипицына Елена Васильевна, д.б.н., вед.н.с. группы экспериментальной микробиологии¹. E-mail: shipitsyna@inbox.ru. ORCID: 0000-0002-2309-3604. ID researcher: K-1271-2018. Scopus: 14071984800

Крысанова Анна Александровна, н.с. группы экспериментальной микробиологии¹, ассистент кафедры клинической лабораторной диагностики ФП и ДПО². E-mail: krusanova.anna@mail.ru. ORCID: 0000-0003-4798-1881. ID researcher: K-3678-2018. Scopus: 57199643089

Савичева Алевтина Михайловна, д.м.н., проф., заслуженный деятель науки РФ, зав. отделом медицинской микробиологии¹, зав. кафедрой клинической лабораторной диагностики ФП и ДПО². E-mail: savitcheva@mail.ru. ORCID: 0000-0003-3870-5930. ID researcher: P-6788-2015. Scopus: 6602838765

¹ФГБУ «НИИ акушерства, гинекологии и репродуктологии имени Д.О. Отта», Санкт-Петербург

²ФГБОУ ВО «Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет» Минздрава России, Санкт-Петербург

Автор для переписки: Хуснутдинова Татьяна Алексеевна. E-mail: husnutdinovat@yandex.ru

Для цитирования: Хуснутдинова Т.А., Шипицына Е.В., Крысанова А.А., Савичева А.М. Профили и генетические детерминанты антибиотикорезистентности возбудителей внебольничных инфекций мочевыводящих путей у женщин репродуктивного возраста. *Медицинский алфавит.* 2021; (18): 12–15. <https://doi.org/10.33667/2078-5631-2021-18-12-15>

About authors

Khusnutdinova Tatiana A., researcher of Experimental Microbiology Group¹, assistant at Dept of Clinical Laboratory Diagnostics². E-mail: husnutdinovat@yandex.ru. ORCID: 0000-0002-2742-2655. ID researcher: K-1852-2018. Scopus: 57015542400

Shipitsyna Elena V., PhD Med, leading researcher of Experimental Microbiology Group¹. E-mail: shipitsyna@inbox.ru. ORCID: 0000-0002-2309-3604. ID researcher: K-1271-2018. Scopus: 14071984800

Krusanova Anna A., researcher of Experimental Microbiology Group¹, assistant at Dept of Clinical Laboratory Diagnostics². E-mail: krusanova.anna@mail.ru. ORCID: 0000-0003-4798-1881. ID researcher: K-3678-2018. Scopus: 57199643089

Savitcheva Alevtina M., DM Sci, prof., head of Dept of Medical Microbiology¹, head of the Dept of Clinical Laboratory Diagnostics². E-mail: savitcheva@mail.ru. ORCID: 0000-0003-3870-5930. ID researcher: P-6788-2015. Scopus: 6602838765

¹Research Institute for Obstetrics, Gynecology and Reproductology n.a. D. O. Ott, Saint Petersburg, Russia

²Saint Petersburg State Pediatric Medical University, Saint Petersburg, Russia

Corresponding author: Khusnutdinova Tatiana A. E-mail: husnutdinovat@yandex.ru

For citation: Khusnutdinova T.A., Shipitsyna E.V., Krusanova A.A., Savitcheva A.M. Profiles and genetic determinants of antimicrobial resistance in pathogens causing community-acquired urinary tract infections in reproductive-age women. *Medical alphabet.* 2021; (18): 12–15. <https://doi.org/10.33667/2078-5631-2021-18-12-15>

