АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ МИКРОБИОТЫ ДЫХАТЕЛЬНЫХ ПУТЕЙ И ВЫБОР АНТИБАКТЕРИАЛЬНОЙ ТЕРАПИИ ПРИ ТЯЖЁЛОЙ БРОНХИАЛЬНОЙ АСТМЕ

Сатликов Рашид Каримович
Ургенчский Государственный медицинский институт, к.м.н.
Абдуллаев Равшан Бабажонович
Ургенчский Государственный медицинский институт, доктор медицинских наук, профессор
Зиядуллаев Шухрат Худайбердиевич
Самаркандский филиал Ташкентского международного университета,
доктор медицинских наук, профессор

Актуальность

Тяжёлая бронхиальная астма (ТБА) характеризуется частыми обострениями, снижением контроля заболевания и необходимостью применения высоких доз ингаляционных глюкокортикостероидов, системных кортикостероидов и биологической терапии. Наряду с иммуновоспалительными механизмами существенное значение в прогрессировании заболевания приобретает нарушение микробиотического равновесия дыхательных путей. Дисбиоз верхних дыхательных путей способствует колонизации условно-патогенными микроорганизмами, которые могут поддерживать хроническое воспаление и участвовать в развитии инфекционно-обусловленных обострений. Особую клиническую проблему представляет формирование антибиотикорезистентности.

Цель исследования

Изучить профиль антибиотикорезистентности микроорганизмов верхних дыхательных путей у пациентов с тяжёлой бронхиальной астмой и определить подходы к рациональному выбору антибактериальных препаратов при инфекционно-обусловленных обострениях заболевания.

Материалы и методы

Микробиологическое исследование выполнено у 100 обследованных: 70 пациентов с верифицированной тяжёлой бронхиальной астмой и 30 практически здоровых лиц

контрольной группы. Материал из носоглотки исследовали культуральным методом с посевом на кровяной агар, маннитол-солевой агар, среду Эндо и агар Сабуро. Видовую идентификацию микроорганизмов проводили методом MALDI-TOF MS. Количественную оценку бактериальной нагрузки выполняли в КОЕ/мл.

Результаты

У пациентов с тяжёлой бронхиальной астмой частота колонизации условно-патогенными и патогенными микроорганизмами верхних дыхательных путей составила 82,0%, тогда как в контрольной группе — 56,7% (ОШ 3,51; 95% ДИ 1,51–8,13; p=0,003). Одновременно отмечалось снижение представленности комменсальной флоры, прежде всего Streptococcus viridans, и увеличение частоты выявления Staphylococcus aureus, что свидетельствовало о выраженной дисбиотической перестройке микробиоценоза. Наиболее значимым результатом исследования стало выявление высокого уровня метициллинорезистентности S. aureus. Среди 26 пациентов с носительством данного микроорганизма у 22 был определён MRSA/MSSA-статус. Из них 14 пациентов являлись носителями MRSA и 8 — MSSA. Таким образом, MRSA-фенотип был выявлен у 53,8% всех носителей S. aureus.

Выводы

У пациентов с тяжёлой бронхиальной астмой выявлена выраженная дисбиотическая перестройка микробиоты верхних дыхательных путей с увеличением частоты колонизации условно-патогенными микроорганизмами.

Метициллинорезистентный Staphylococcus aureus выявлен у 53,8% носителей S. aureus и ассоциирован с повышением уровня общего IgE и снижением контроля заболевания по АСТ.

Высокая распространённость MRSA ограничивает эффективность стандартных β-лактамных схем при подтверждённых стафилококковых инфекционных осложнениях.

Выявление БЛРС-продуцирующих энтеробактерий свидетельствует о необходимости микробиологического контроля перед назначением антибактериальных препаратов.

Ключевые слова: тяжёлая бронхиальная астма, микробиота дыхательных путей, антибиотикорезистентность, MRSA, MSSA, EUCAST, антибактериальная терапия.