УДК 616.231.98-079-036.22
DOI: 10.36979/1694-500X-2026-26-9-204-210

ПЕРВИЧНЫЙ СКРИНИНГ БАКТЕРИАЛЬНЫХ БИОПЛЕНОК ЭНДОТРАХЕАЛЬНЫХ ТРУБОК В РАЗНУЮ ЭПИДЕМИОЛОГИЧЕСКУЮ СИТУАЦИЮ COVID-19

Г.Р. Бестужева, Г.К. Садыбакасова

Аннотация. Исследуются бактериальные биопленки на эндотрахеальных трубках в различные периоды коронавирусной инфекции. Мониторинг осуществлялся в течение семи лет. Показано, что до карантина бляшки на эндотрахеальных трубках состояли из представителей семейства *Enterobacteriaceae* (26 %), главным представителем из которых были *Ent. aerogenes*, в 20 % род стафилококков в основном *St. epidermidis*, и по 17 % каждого *Pseudomonas aeruginosa*, *Acinetobacter spp*. В период карантина состав бляшек изменился: лидировали *St. epidermidis* (26 %), *Acinetobacter spp*. (22 %) *Pseudomonas aeruginosa* (19 %). Представители семейства *Enterobacteriaceae* снизились незначительно до 21 %. Кроме того, отмечено увеличение более чем в два раза микстультур. В постлакдаунский периоды (2022–2025) абсолютный приоритет в бактериальных биопленках принадлежал *Pseudomonas aeruginosa* до 31–35 % и *Acinetobacter spp*. – до 19–26 %. Также произошла замена условно-патогенных *Str. viridans* на *Str. pyogenes*, которые присутствовали в бактериальных бляшках каждой четвертой трубки. Коагрегация из двух-трех биопленкообразователей на эндотрахеальных трубках, состоящая из видов лидирующих возбудителей, отмечалась в 12–15 % случаев.

Ключевые слова: бактериальные биопленки; эндотрахеальные трубки; период COVID-19.

COVID-19ДУН АР КАНДАЙ ЭПИДЕМИОЛОГИЯЛЫК КЫРДААЛЫНДА ЭНДОТРАХЕАЛДЫК ТҮТҮКЧӨЛӨРДҮН БАКТЕРИАЛДЫК БИОКАБЫКЧАЛАРЫН БАШТАПКЫ СКРИНИНГДӨӨ

Г.Р. Бестужева, Г.К. Садыбакасова

Аннотация. Иш эндотрахеалдык түтүктөрдөгү бактериалдык биокабыкчаларды коронавирус жугуштуу оорусунун ар кандай кырдаалында изилдөөгө арналган. Мониторинг жети жыл бою жүргүзүлгөн. Карантинге чейин эндотрахеалдык түтүктөрдөгү биокабыкчалар Enterobacteriaceae тукумунан (26 %) турганы көрсөтүлгөн, алардын негизги өкүлү *Enterobacter aerogenes* болгон. 20 % учурда стафилококктор тукуму аныкталган, негизинен *Staphylococcus epidermidis*, ал эми ар бири 17 %дан *Pseudomonas aeruginosa* жана *Acinetobacter spp*. түзгөн. Карантин учурунда биокабыкчалардын курамы өзгөргөн: негизги орунда *Staphylococcus epidermidis* (26 %), *Acinetobacter spp*. (22 %) жана *Pseudomonas aeruginosa* (19 %) болгон. *Enterobacteriaceae* өкүлдөрү бир аз гана төмөндөп, 21 %га чейин жеткен. Мындан тышкары, микстмаданияттар эки эседен ашык көбөйгөнү белгиленген. Постлокдаун мезгилинде (2022–2025) бактериалдык биоплёнкаларда абсолюттук артыкчылык *Pseudomonas aeruginosa* (31–35 % чейин) жана *Acinetobacter spp*. (19–26 % чейин) таандык болгон. Ошондой эле шарттуу-патогендик *Streptococcus viridans* ордуна *Streptococcus pyogenes* алмашканы байкалган, алар ар бир төртүнчү түтүктөгү бактериалдык бляшкаларда кездешкен. Эндотрахеалдык түтүктөрдө эки-үч биокабыкчаларды түзүүчү микроорганизмдердин коагрегациясы 12–15 % учурларда катталып, негизинен лидер болгон козгогучтардын түрлөрүнөн турган.

Түйүндүү сөздөр: бактериалдык биокабыкчалар; эндотрахеалдык түтүкчөлөр; COVID-19дун кырдаалында.

PRIMARY SCREENING OF BACTERIAL BIOFILMS ON ENDOTRACHEAL TUBES IN DIFFERENT EPIDEMIOLOGICAL SITUATIONS OF COVID-19

G.R. Bestuzheva, G.K. Sadybakasova

Abstract. The work is devoted to the study of bacterial biofilms on endotracheal tubes during different periods of coronavirus infection. Monitoring was carried out for seven years. It is shown that before quarantine, plaques on endotracheal tubes consisted of representatives of the *Enterobacteriaceae* family (26 %), the main representative of which was *Ent. aerogenes*, 20 % of the genus *Staphylococci*, mainly *St. epidermidis*, and 17 % each of *Pseudomonas aeruginosa* and *Acinetobacter spp*. During the quarantine period, the composition of plaques changed: *St. epidermidis* (26 %), *Acinetobacter spp*. (22 %) and *Pseudomonas aeruginosa* (19 %) were in the lead. Representatives of the *Enterobacteriaceae* family decreased slightly to 21 %. In addition, a more than twofold increase in mixed cultures was noted. In the post-lockdown periods (2022–2025), *Pseudomonas aeruginosa* dominated bacterial biofilms, accounting for 31–35 % and *Acinetobacter spp*. for 19–26 %. Opportunistic *Str. viridans* was also replaced by *Str. pyogenes*, which were present in bacterial plaques in every fourth tube. Coaggregations of two to three biofilm-forming organisms on endotracheal tubes were observed in 12–15 % of cases, consisting of the leading pathogens.

Keywords: bacterial biofilms; endotracheal tubes; COVID-19 periods.

Исследование бактериальных биопленок является сложной, комплексной, актуальной, научной задачей клинической микробиологии и инфектологии. Бактериальные бляшки как форма существования микроорганизмов привлекают все большее внимание специалистов клинической микробиологии, учитывая многообразие средств и форм, которые используют бактерии для создания этих структур [1–15].

Бактериальная биопленка может состоять их одного или несколько видов бактерий, где микробные клетки прикреплены друг к другу и субстрату. Способность к биопленкообразованию является важной частью жизненного цикла и успешной стратегией защиты бактерий от неблагоприятных факторов окружающей среды. Бактериальные клетки в планктонной культуре, несмотря на их высокую приспособляемость в меняющейся среде, достаточно уязвимы для агрессивных факторов. Возможным решением является создание микробного консорциума. Бляшка – это мультивидовое сообщество, эволюционно выгодный способ надклеточной организацией прокариот, позволяющие успешно защищаться от внешних воздействий и создающая повышенную персистенцию в макроорганизме [4–7].

Развитие зрелой бактериальной бляшки происходит через программированную серию событий. После прикрепления клетки размножаются на поверхности субстрата. Отдельные клетки даже проявляют поверхностную подвижность (пили IV типа). В результате образуются микроколонии, которые дифференцируются для образования зрелой бляшки.

Микроколонии в зрелой бляшке имеют башню и грибовидную архитектуру. Клетки в этих структурах упаковываются во внеклеточные полисахаридные матриксы. Матрикс – комплекс полимеров, синтезируемый бактериями, а также полисахариды, структурные белки, ДНК, РНК, экзоферменты клеток и т. д. Структуру бляшки пронизывают водные каналы, через которые внутрь поступают питательные вещества и удаляются продукты метаболизма. При этом внутри бляшки наблюдается значительная гетерогенность. Клетки, находящиеся в глубоких слоях бляшки, растут медленно, а на поверхности быстро. Если бляшка сформирована в слабо подвижной среде, то она имеет низкую силу натяжения и легко разрывается, тогда как бляшка, сформированная в высоко подвижной среде, имеет высокую силу натяжения и устойчива к разрывам [2, 7, 13, 15].

Известно, что в составе бляшки клетки лучше защищены от различных негативных факторов. Матрикс, продуцируемый бактериями, обеспечивает «экранирование» живых клеток от воздействия температуры солей, УФЛ, излучения, токсических веществ, антибактериальных препаратов, эффекторов иммунитета [2, 3, 9, 16]. Такая высокая степень феноменальной резистентности способствует их длительному сохранению в организме, развитию хронических

инфекций, создает проблемы в лечении инфекционных заболеваний. Поэтому биопленкоассоциируемые инфекции гораздо труднее диагностировать, лечить и борьба с ними является одной из важных задач современной клинической микробиологии. Многочисленные исследования подтверждают ключевую роль бляшкообразования в развитии острых и особенно хронических бактериальных инфекций, которые характеризуются воспалением, повреждением тканей и могут влиять на клинические исходы пациентов с хроническими процессами [8–10, 15–17]. Так, по данным Американского центра контроля и профилактики заболеваний (СДС) с образованием биопленок протекает до 65 % всех бактериальных инфекций [17]. С другой стороны, способность с биопленкообразованию может рассматриваться не только как усиление «агрессии», но и как механизм, позволяющий симбиотической микробиоте выполнять свою биологическую роль, поддерживая нормальное функционирование макроорганизма [3, 4].

Особенно актуальным этот вопрос является в связи с широким применением в клинической практике био- и искусственных материалов, изделий медицинского назначения, на поверхности которых активно колонизируются многочисленные микроорганизмы. Гладкие поверхности этих изделий колонизируются также легко, как и шероховатые, а физические особенности поверхности очень незначительно влияют на бактериальную адгезию [2, 5].

На скорость образования бляшки на поверхности больничной среды, в том числе и на инструментах, энтотрахеальных трубках (ЭТТ), катетерах, линзах и других влияет количество и вид контаминирующих микробных клеток, скорость потока жидкости через прибор, физико-химические характеристики поверхности и температура окружающей србеды. При этом компоненты жидкости могут менять свойство поверхности и скорость прикрепления к ней микробных клеток. Особенно быстро формирование биопленок происходит на поверхностях сосудистых мочевых катетеров, ЭТТ, искусственных клапанов сердца [5, 14].

В составе бляшки преобладают иные фенотипические характеристики по сравнению с планктонными формами. Возникает субпопуляции персистеров со сниженным метаболической активностью или метаболической неактивностью. Между участниками бляшки возникает межклеточная сигнальная система – чувство кворума (qvorum sensing), посредством которого осуществляется урегулирование плотности бактериальной популяции, повышая патогенность и вирулентность всех возбудителей. Та же система обеспечивает формирование устойчивости не только к антибиотикам, но и к антисептикам и дезинфектантам группы окислителей. В основе регулирования межклеточных взаимодействий отдельных бактериальных клеток – участников бляшки – лежит принцип подчинения функционирования генетического аппарата каждой клетке общим интересам популяции [4, 11, 14–16].

С учетом вышеперечисленных фактов, нам было интересно выяснить пейзаж бляшкообразующих микрооганизмов на ЭТТ из реанимационных отделений в динамике развития пандемии коронавирусной инфекции.

Материалы и методы. В различные периоды пандемии коронавирусной инфекции было проведено бактериологическое и бактериоскопическое исследование бактериальных бляшек ЭТТ с полной идентификацией всех возбудителей в лаборатории ЦГСЭН г. Бишкек с 2019 года (контроль), годы карантина (2020–2021) и постлокдаунский период (2022–2025 гг.). Исследования осуществлялись согласно приказу и «Методическим рекомендациям по бактериологическим методам лабораторных исследований клинического материала» (Приказ МЗ КР № 843 от 18 ноября 2016 года).

За 7 лет исследован первичный скрининг микробов к бляшкообразованию с 440 ЭТТ отделений реанимации. Расчет статистически значимых различий частоты проводился с помощью Z-критерия на сайте VassarStats. Статистически значимые расчеты принимались при $p < 0,05$.

Результаты и обсуждение. В доковидный период времени были исследованы 84 ЭТТ, от которых были выделены 128 культур при абсолютной 100%-й высеваемости с каждой. Микробиологический пейзаж трубок крайне разнообразный (рисунок 1). До пандемии на ЭТТ превалировала флора

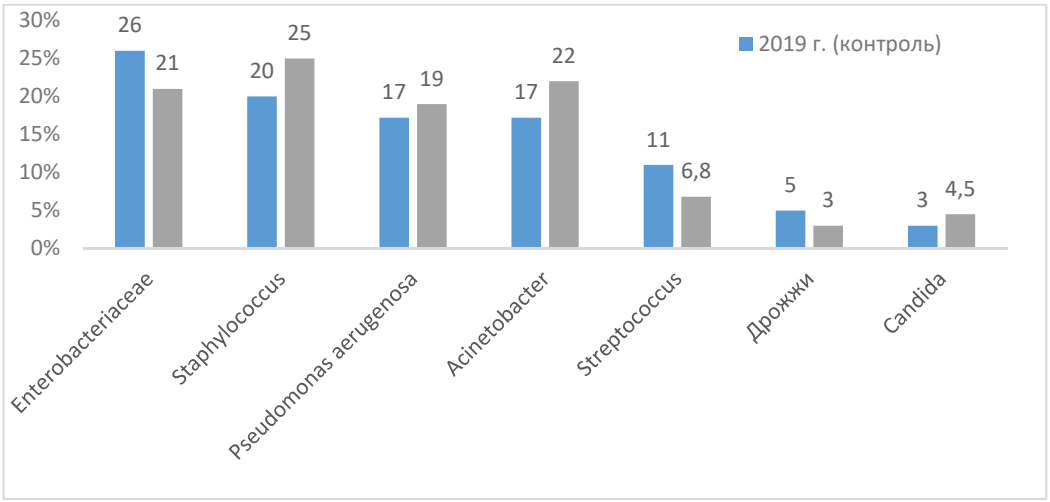


Рисунок 1 – Бактериальные пленки эндотрахеальных трубок в период COVID-19

семейства *Enterobacteriaceae* – 34 культуры (26 %). Главным представителем семейства были *Ent. aerogenes* – 22 (17 %), по 6 культур (4,7 %) каждого вида приходилось на *Esherichia coli* и *Ent. cloadcea*. Почти пятую часть культур – 20 (26 %) составлял род *Staphylococcus* с преобладанием *St. epidermidis* (18,4 %), в три раза реже (почти 5 %) высевался *St. aureus*, единичны *St. saprophyticus*. Одинаковая бактериальная обсемененность ЭТТ по 22 культуры каждого микроорганизма приходилось на *Pseudomonas aeruginosa* и *Acinetobacter spp.* (17,2 %). Реже, всего 14 культур, высевался род стрептококков, причем представленый только *Str. viridans* (11 %). Единичные культуры по три и две, соответственно, приходились на дрожжевые клетки и грибы *Candida*. Причем каждая пятая ЭТТ инфицирована двумя или тремя культурами (15 %). Когрегация биопленки представлена *Pseudomonas aeruginosa* и *St. epidermidis* или *Acinetobacter spp*, *Pseudomonas aeruginosa* и *Ent. aerogenes.*

Время ковидного карантина наложило слой отпечаток на результаты исследования, когда снизилось их общее число (рисунок 1). За 2 года был изучен первичный скрининг микробов к бляшкообразованию у 105 ЭТТ, от которых было выделено 176 культур. Исследования показали, что каждая четвертая ЭТТ (25 %) обсеменена стафилококками, причем в основном *St. epidermidis,* число которых составило 35 (25 %), а *St. aureus* – 8 культур (4,5 %). Наметилась четкая тенденция к интенсивности обсеменения ЭТТ *Acinetobacter spp.* до 22 % против 17 % – в контроле и *Pseudomonas aeruginosa aerugenoza* – до 19,3 %. Эта разница была статистически недостоверна. Присутствие других микроорганизмов в бляшках снизилось. Так, *St. viridans* – до 6,8 %, присутствие семейства *Enterobacteriaceae* – до 21 %, дрожжевые клетки и грибы *Candida* не отличалась от контроля. Необходимо подчеркнуть, что в период карантина более чем в два раза усилилась биопленкоагрегационная возможность, микстультуры составили 31,2 % ($p < 0,05$), Видовой состав микробов в бляшках аналогичен контролю.

Последующие 4 года ознаменовались окончанием локдауна и циркуляции многочисленных, но менее вирулентных штаммов коронавируса: омикрон, кракен, цербер, пирола, эрис и другие.

В первый посткарантинный год (2022 г.) исследованы бляшки с 62 ЭТТ, из которых выделены 98 различных видов микроорганизма (рисунок 2). Нужно отметить, что у четырех ЭТТ рост микробов не обнаружен, а биологический пейзаж бляшек от 58 ЭТТ полярно отличался от аналогичных показателей контроля и карантинного периодов. Каждая третья ЭТТ обсеменена *Pseudomonas aeruginosa* 31 культура

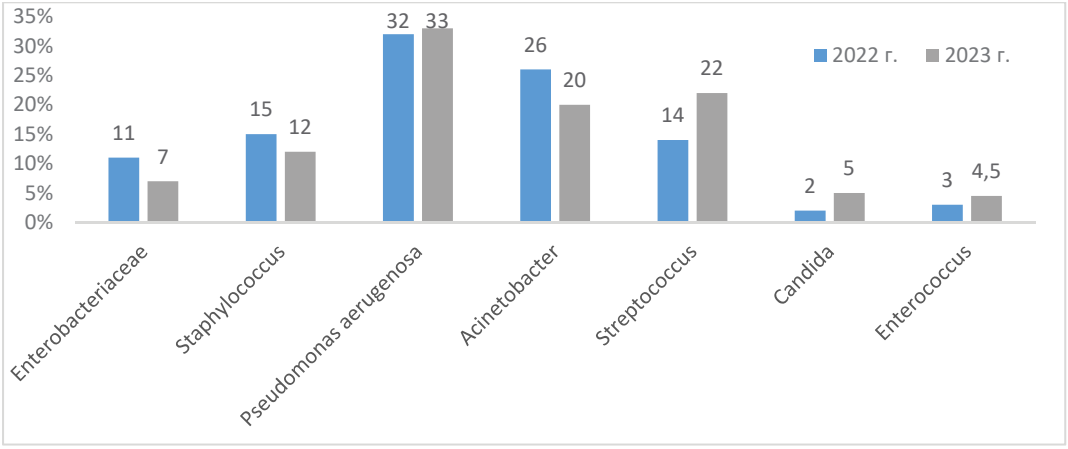


Рисунок 2 – Микробные бляшки эндотрахеальных трубок в посткарантийный период

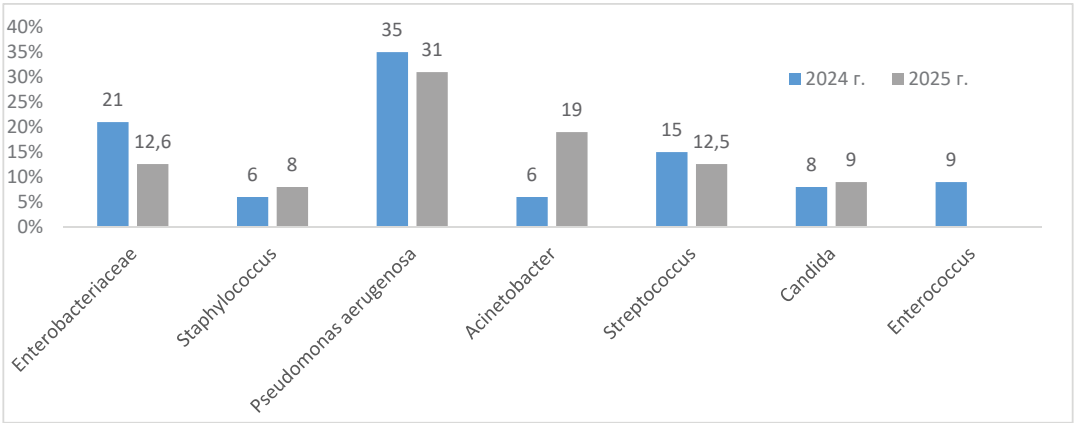


Рисунок 3 – Состав бактериальных биопленок эндотрахеальных трубок в постлокдаунский период

(32 %), а каждая четвертая *Acinetobacter spp*. – 25 культур (26 %) ($p < 0,05$). Бляшки 36 ЭТТ колонизированы двумя или тремя видами бактерий, и во всех случаях присутствовали псевдомонады и *Acinetobacter spp.* Присутствие стафилококков снизилось до 15 %, *Str. viridans* до 14 %, все представители семейства *Enterobacteriacea*e до 11 %, а грибы *Candida* были единичны – 2 %.

Исследования, проведенные в 2023 году, установили подобную картину. От 68 ЭТТ идентифицированы 80 различных видов бактериальных культур (см. рисунок 2). Каждая третья ЭТТ (33 %) содержала *Pseudomonas aerugenosa* и каждая пятая – *Acinetobacter spp.* (20 %). Необходимо отметить, что произошла замена видового состава рода стрептококков: исчезли зеленящие стрептококки, а появились патогенные *Str. pyogenes*, причем в значительном количестве, составив 22,5 %. Представители семейства *Enterobacteriacea*e сократились до 7 %, а грибы *Candida* составили соответственно 5 %. Совместная коагрегация бляшек составила 14 %, представленная *Pseudomonas aerugenosa* вместе с *Acinetobacter spp*. и стрептококкам. Другая коагрегация бляшек состояла из *Pseudomonas aerugenosa* и грибов *Candida*.

Мониторинг микрофлоры бляшкообразования ЭТТ в 2024 г. выявил следующую картину (рисунок 3). От 52 ЭТТ получено 68 культур. Основную роль бляшки составили *Pseudomonas*

aerugenosa, идентифицированы в 24 культурах (35 %). Каждая третья трубка инфицирована *Pseudomonus aeruginosa* и каждая пятая – культурами *Enterobacter aerogenes* и *Esherichia coli* (21 %). В то же время число *Acinetobacter spp*. снизилось и практически сравнялось с видом *St. epidermidis*, по 6 % каждая. Одновременно оставалась весьма значительная роль *Str. pyogenes*, частота присутствия которых была у 15 % ЭТТ, а грибов *Candida* – до 8 %. Более 10 % бляшек состояли их микстультур, представленных *Pseudomonas aeruginosa*, *Enterobacter aerogenes, E. coli*.

В последний год наблюдения (2025 г.) существенных изменений не отмечено (см. рисунок 3). Из бактериальных бляшек 69 ЭТТ идентифицированы 87 культур. Самую значительную часть из них составили *Pseudomonas aerugenosa*, идентифицированные в 31 культуре (35,6 %), число культур *Acinetobacter spp*. вновь возросло до 19 (22 %). Третье место разделили *Str. pyogenes* и семейство E*nterobacteriace*ae – по 11 культур (12,6 %) каждые. Число *St. epidermidis* не изменилось, составив 7 культур (8 %), а вот количество грибов *Candida* с каждым годом постепенно увеличивалось и достигло 9 %.

Семилетнее исследование бляшек ЭТТ свидетельствует о лидирующем присутствии в них *Pseudomonas aeruginosa* и *Acinetobacter spp.* в карантин COVID-19, и особенно в постлокдаунский период. Именно они, обладая способностью к неспецифической и специфической адгезии, инфицировали ЭТТ, образуя биопленки. Особое внимание направлено на способность псевдомонад образовывать биопленки [2]. Аналогичной способностью обладают *Esherichia coli* [5], коринобактерии [14], эпидермальный стафилококк, клебсиеллы и другие микроорганизмы. Но, когда на ЭТТ присутствуют два, три таких представителя, то они могут дейстовать через принцип подчинения функционирования генетического аппарата каждой клетке общим интересам популяции. Бактерии как бы продолжают свой путь к «многоклеточности». В частности, *Pseudomonas aeruginosa* имеют системы активации или подавления экспрессии генов в зависимости от плотности клеток к биопленке.

Выводы.

1. Бактериальные бляшки на эндотрахеальных трубках до карантина состояли из представителей семейства *Enterobacteriaceae* (26 %), главными из которых были *Ent. aerogenes*, в 20 % род стафилококков в основном *St. epidermidis*, и по 17 % каждого *Pseudomonas aeruginosa*, *Acinetobacter spp*.

2. В двухлетний карантин COVID-19 в бляшках лидировали *St. epidermidis* (26 %), *Acinetobacter spp.* (22 %), *Pseudomonas aeruginosa* (19 %), семейство *Enterobacteriaceae* снизилось незначительно – до 21 %. Кроме того, отмечено увеличение более чем в два раза микстультур.

3. В постлокдаунский период (2022–2025 гг.) абсолютный приоритет в бактериальных биопленках принадлежал *Pseudomonas aeruginosa* до 31–35 % и *Acinetobacter spp.* до 19–26 %.

4. После отмены карантина произошла замена *Str. viridans* на *Str. pyogenes*, которые присутствовали в бактериальной бляшке каждой четвертой эндотрахеальной трубке.

5. Коагрегация из двух-трех биопленкообразователей на эндотрахеальных трубках, состоящая из видов лидирующих возбудителей, отмечалась в 12–15 %.

Поступила: 01.06.2026;
рецензирована: 15.06.2026; принята: 17.06.2026.

Литература

1. *Андриянова И.В.* Изучение микробных бляшек с позиции оториноларинголога. Обзор / И.В. Андриянова, О.В. Перьянова // Российская оториноларингология. 2013. № 4 (65). С. 139–141.
2. *Егорова О.Н.* Эпидемиология и профилактика синегнойной инфекции. Федеральные клинические рекомендации / О.Н. Егорова, Е.Б. Брусина, Е.В. Григорьев. М., 2014. 82 с.
3. *Ильина Т.С.* Бактериальные биопленки: роль в хронических процессах и поиск борьбы с ними / Т.С. Ильина, Ю.М. Романова // Молекулярная генетика, микробиология и вирусология. 2021; 39 (2). С. 14–24.
4. *Кропотов В.С.* Современные методы исследования ультраструктуры бактериальных пленок (Обзор литературы) / В.С. Кропотов, М.И. Заславская, Н.И. Игнатова, Д.В. Кряжев

// Проблемы медицинской микологии. 2022. Т. 24. № 4. С. 10–19.
5. *Кузнецова М.В.* Уропатогенные штаммы E. Coli: биологические свойства и колонизационная активность / М.В. Кузнецова, Ю.С. Гизатуллина, В.А. Демаков // Вестник ПФИЦ. 2019. № 1. С. 14–22.
6. *Лямин А.В.* Проблемы в медицине, связанные с бактериальными пленками / А.В. Лямин, Е.А. Боткин, А.В. Жестков // Клиническая микробиология, бактериальная химиотерапия. 2012. Т. 4. № 4. С. 37–44.
7. *Марданова А.М.* Биопленки: основные принципы организации и методы исследования: учебное пособие / А.М. Марданова, Д.А. Кабанов, Н.Л. Рудакова, М.Р. Шарикова. Казань, 2016. 42 с.
8. *Петухова И.Н.* Инфекции, связанные с образованием биопленок / И.Н. Петухова, Н.В. Дмитриева, З.В. Григорьевская [и др.] // Злокачественные опухоли. 2019. Т. 9. № 3. С. 26–31.
9. *Плотников Ф.В.* Иммунитет и бактериальные бляшки: современное состояние вопроса (Обзор литературы) / Ф.В. Плотников, Н.А. Мовсесян, Г.А. Лектеева [и др.] // Вестник ВГМУ. 2021. Т. 20. № 3. С. 7–15.
10. *Романова Р.О.* Особенности формирования микробной биопленки при воспалительных заболеваниях пародонта / Р.О. Романова, М.Е. Кашлевская, Д.С. Левенков [и др.] // Вестник Пензенского государственного университета. 2022. № 1. С. 19–23.
11. *Хрянин А.А.* Биопленки микроорганизмов: современные представления / А.А. Хрянин // Антибиотики и химиотерапия. 2020. № 65 (5-6). С. 70–77.
12. *Чернявский В.И.* Бактериальные биопленки и инфекции / В.И. Чернявский // Annals of Mechnikov institute. 2013. № 1. С. 86–90.
13. *Azeredo J., Azeved N.F., Briandet R.* et. al. Critical review biofilm methods // Crit. Rev. Microbiol. 2017. 43 (3): 313–351.
14. *Ramos J.N., Souza C., Faria Y.V. et. al.* Bloodstream and catheter-related infections due to different clones of multidrug-resistand and biofilm producer. Corinebacterium striatum // BMC infect. Dis. 2019. 19 (1): 672.
15. *Roy R., Tiwari M., Donelli G., Tiwari V.* Strategies for combating bacterial biofilms: A focus and anti-biofilms agents and their mechanisms of action // Virulence. Taylor and Francis Inc. 2018; 9 (1): 522–554.
16. *Тец В.В.* Микробные биопленки и проблемы антибиотикотерапии / В.В. Тец, Г.В. Тец // Атмосфера, пульмонология и аллергология. 2013. № 4. С. 60–64.
17. *Morris D.P., Hagr A.* Biofilm: Why the Sudden // The Journal of Otoryngology. 2005; 34 (suppl. 2): 56–59.
18. *Rajpaul K.* Biofilms in woung care // Br. J. ommunity Nursing. 2015; DOI: 10.12968 / bycn. 2015. 20. Sup 3.56.