

УДК 579.63:616.24-008.8.078
DOI 10.23648/UMBJ.2018.32.22705

ОЦЕНКА ВЛИЯНИЯ МИКРОФЛОРЫ ОБЪЕКТОВ ОКРУЖАЮЩЕЙ СРЕДЫ НА ВОЗМОЖНОСТЬ ВНЕСТАЦИОНАРНОЙ КОЛОНИЗАЦИИ ДЫХАТЕЛЬНЫХ ПУТЕЙ ПАЦИЕНТОВ С МУКОВИСЦИДОЗОМ

О.В. Кондратенко

ФГБОУ ВО «Самарский государственный медицинский университет» Минздрава России,
г. Самара, Россия

e-mail: Helga1983@yandex.ru

Цель исследования – оценка возможных рисков микробной колонизации дыхательных путей пациентов с муковисцидозом.

Материалы и методы. Было проведено микробиологическое исследование 176 проб от членов семьи пациента и смывов с объектов с места проживания 17 семей Самарской области, в которых проживают пациенты с муковисцидозом. Посев каждой пробы осуществляли на следующие питательные среды: 5 % кровяной агар, универсальная хромогенная среда, OFPBL-агар для эффективного выделения бактерий *V. serasia* *complex*, шоколадный агар, среда Сабуро для культивирования грибов. Посевы инкубировали при 37 и 28 °С в течение 24–48 ч. Посевы на средах OFPBL и Сабуро оставляли до 14 сут культивирования. Идентификацию выделенных культур проводили с помощью MALDI-ToF-масс-спектрометрии на приборе Microflex, Bruker.

Результаты. Выделено 404 штамма микроорганизмов. Среди них – значительное количество штаммов неферментирующих грамотрицательных бактерий, имеющих клиническое значение при муковисцидозе, в т.ч. штаммы *Achromobacter* spp., *Ralstonia* spp., *Pandora* spp. Установлено, что колонизация дыхательных путей пациентов может осуществляться не только в условиях стационара, но и в быту. Основными источниками при этом могут быть члены семьи пациента, элементы небулайзеров при их недостаточной обработке. Наибольшую опасность представляют места с повышенной влажностью, а именно сливы ванн, раковин, поддоны душевых кабин, а также поддоны сушилок для тарелок на кухне. Пациентам с муковисцидозом следует уделять особое внимание вопросам дезинфекции объектов, которые могут быть контаминированы штаммами грамотрицательных бактерий и грибов.

Ключевые слова: муковисцидоз, окружающая среда, дыхательные пути, бактерии.

Введение. Муковисцидоз (МВ) является самым частым моногенным заболеванием. Как известно, большинство бактерий, имеющих клиническое значение в развитии легочных осложнений при МВ, являются представителями почвенного биоценоза и ризосферы ряда растений. Так, в частности, среди α -протеобактерий в составе ризобиома встречаются роды *Ochrobactrum*, *Rhizobium*, среди β -протеобактерий – *Burkholderia* и *Cupriavidus*, а среди γ -протеобактерий – *Pseudomonas*. Многие из них являются симбионтами растений. Так, например, нормальной экологической нишей бактерий рода *Rhizobium* являются корневые клубеньки бобовых, так же как и для представителей рода *Burkholderia*, кото-

рые помимо этого колонизируют листовые клубеньки розоцветных, а также ризосферу и эндосферу других растений. Представители семейства *Enterobacteriaceae*, в частности *Klebsiella pneumoniae*, *Enterobacter* spp., а также *Pseudomonas putida*, *Stenotrophomonas maltophilia* и *Variovorax paradoxus*, также заселяют эндосферу различных растений [1].

Staphylococcus aureus способен колонизировать носовые ходы примерно у 30 % здоровых людей. С учетом этого обстоятельства одним из возможных механизмов распространения инфекции для пациентов с МВ, в т.ч. и MRSA, может быть контакт с носителем штамма, в роли которого могут выступать родственники и члены семьи больного

[2, 3]. Штаммы *Pseudomonas aeruginosa* часто обнаруживаются в загрязненных водных источниках, морской воде вблизи сброса нечистот, недостаточно хлорированных плавательных бассейнах, аквапарках и других водных аттракционах [4]. Аэрозоли *P. aeruginosa* могут формироваться в некоторых контаминированных резервуарах, таких как небулайзеры, туалеты, стоки раковин, и передаваться из них пациентам с МВ [5–11]. Контакт с такими резервуарами является важным для передачи этого микроорганизма через аэрозоли, так как длительность выживания указанного возбудителя в составе аэрозоля ограничивается несколькими минутами. [5]. Ромлинг и коллеги описали штамм *P. aeruginosa*, который был выделен от пациентов с МВ и в образцах из окружающей среды в различных эпидемиологических областях Германии [12, 13]. Этот же штамм был идентифицирован у пациентов из Великобритании [12]. Штаммы *S. maltophilia* и *Achromobacter xylosoxydans* также выделяются из стоячей воды и других водных источников, что также не исключает возможности их распространения в быту [14]. Бактерии *Burkholderia cepacia* complex живут в почве и растениях [14]. Все бактерии комплекса были выделены из образцов почвы и воды [12, 14]. Клоны штаммов PHDC и Midwest, несмотря на достаточный уровень эпидемиологического контроля в стационаре и исключение вероятности внутриагентского распространения, не были элиминированы, что позволяет предположить непациентский источник инфицирования, в т.ч. из объектов окружающей среды [12]. Штамм PHDC был выделен из сельскохозяйственной почвы США и от пациентов с МВ в различных областях США и Европы. Широкое распространение этого штамма в окружающей среде может способствовать колонизации дыхательных путей пациентов с МВ [12, 15–18]. История наблюдений за новыми случаями заражения штаммами *B. cepacia* complex в США не обнаружила связи с межпациентской передачей, что говорит о том, что возможным источником заражения может выступать окружающая среда [12, 19–20]. Проведенный анализ на основе мультилокусного секвенирования продемонстрировал, что бо-

лее 20 % из 381 изолята *B. cepacia* complex от пациентов с МВ идентичны штаммам, выделенным из окружающей среды [12, 21]. Таким образом, подобно тому, как пациенты с аллергическими заболеваниями должны придерживаться условий гипоаллергенного быта, также и пациенты с МВ должны помнить о том, что окружающая их среда может быть источником колонизации дыхательных путей.

Цель исследования. Оценка возможных рисков микробной колонизации дыхательных путей пациентов с муковисцидозом.

Материалы и методы. С целью оценки возможных рисков микробной колонизации дыхательных путей пациентов с МВ было проведено исследование микрофлоры в 17 семьях Самарской области, в которых проживают пациенты с МВ.

Было проведено микробиологическое исследование 176 проб, полученных из различных источников. Забор материала с верхних дыхательных путей осуществлялся в соответствии с методическими указаниями 4.2.2039-05.4.2 «Методы контроля. Биологические и микробиологические факторы. Техника сбора и транспортирования биоматериалов в микробиологические лаборатории». Забор смывов с поверхностей объектов производился в соответствии с методическими указаниями 4.2.2942-11 «Методы санитарно-бактериологических исследований объектов окружающей среды, воздуха и контроля стерильности в лечебных организациях». Исследуемый материал забирался в пробирки с транспортной средой Эймса и доставлялся в лабораторию в изотермических условиях в течение нескольких часов после сбора. Посев каждой пробы осуществлялся на следующие питательные среды: 5 % кровяной агар, универсальная хромогенная среда, OFPBL-агар для электрофильного выделения бактерий *B. cepacia* complex, шоколадный агар, а также среда Сабуро для культивирования грибов. Посевы инкубировались при 37 и 28 °С в течение 24–48 ч. Посевы на средах OFPBL и Сабуро оставались до 14 сут культивирования. Оценивались культуральные свойства выросших колоний, производился подсчет КОЕ выделенных микроорганизмов. Проводилась идентификация выделенных культур

с помощью MALDI-Tof-масс-спектрометрии на приборе Microflex, Bruker.

Результаты и обсуждение. В результате проведенного исследования было выделено 404 штамма микроорганизмов. При этом в 24 (13,6 %) пробах из 176 не было отмечено роста. В общей структуре выделенных штаммов преобладали представители кокковой флоры – 153 (37,8 %) штамма, в т.ч. 16 штаммов *S. aureus*. На втором месте по распространенности оказались представители неферментирующих грамотрицательных бактерий (НФГОБ) – 121 (30,0 %) штамм, реже, примерно в равной степени часто, встречались энтеробактерии (59 (14,6 %) штаммов) и спорообразующие палочки (56 (13,9 %) штаммов). Кроме того, было выделено 15 (3,7 %) штаммов грибов.

С целью оценки роли родителей и других членов семьи, проживающих с ребенком, как возможных носителей и источников для инфицирования было проведено исследование 59 проб с верхних дыхательных путей. При этом при посеве только одна из проб (1,7 %) не дала роста на питательных средах. В результате исследования было выделено 113 штаммов микроорганизмов. В структуре выделенных микроорганизмов преобладали грамположительные кокки – 98 (86,7 %) штаммов. Среди них – представители нормальной орофарингеальной флоры – 43 (43,8 %) штамма. На втором месте по частоте встречаемости был *S. aureus* – 16 (16,3 %) штаммов, при этом все выделенные штаммы были чувствительны к оксациллину и цефокситину при тестировании *in vitro*. Кроме того, встречались штаммы *Staphylococcus* spp. – 32 (32,6 %), *S. pneumoniae* – 1 (1,0 %), по 2 (2,0 %) штамма *S. pyogenes*, *Enterococcus* spp., *Kocuria* spp. Также было выделено 7 (6,2 %) штаммов энтеробактерий, среди которых *E. coli* – 3 (42,8 %) штамма, *E. aerogenes* – 2 (28,6 %) штамма, по 1 (14,3 %) штамму *K. pneumoniae* и *K. oxytoca*. Выделено 6 (5,3 %) штаммов представителей НФГОБ, по 1 (16,6 %) штамму *P. nitroreducens*, *P. stutzeri*, *A. pittii*, *A. Lwoffii*, *A. radioresistens*, *A. ursungii*. Также выделено 2 (1,8 %) штамма грибов, среди которых 1 (50,0 %) штамм *Candida* spp., 1 (50,0 %) штамм *Aspergillus* spp.

С целью оценки качества обработки небулайзеров пациентов как возможного фактора риска распространения инфекции, особенно в семьях, имеющих двоих детей с МВ, было проведено исследование 29 проб, из них 13 до обработки (сразу после ингаляции) с маски, дыхательного контура и стаканчика с раствором для ингаляций, а также 16 проб после обработки (стерилизации паром не менее 10 мин и полного высушивания на воздухе) с этих же элементов. При исследовании 13 проб с небулайзера, взятых родителями сразу после ингаляции, был выделен 21 штамм микроорганизмов. В 4 пробах не было выявлено признаков роста. Доминирующее положение в структуре занимали представители нормальной орофарингеальной флоры и микрофлоры дыхательных путей. В структуре протеобактерий отмечались фитопатогенные ризобактерии. При исследовании 16 проб, взятых после обработки и полной просушки элементов небулайзера, было выделено 6 штаммов микроорганизмов. При этом в 11 пробах не было получено роста, что свидетельствует о высоком качестве обработки элементов прибора. Было выделено 3 (50,0 %) штамма *Staphylococcus* spp. и 3 (50,0 %) штамма представителей рода *Acinetobacter*, по 1 штамму *A. Iwoffii*, *A. radioresistens*, *A. ursungii*, не имеющих клинического значения в качестве возбудителей при МВ.

С целью оценки роли объектов окружающей пациента среды было изучено 88 проб со следующих объектов из мест проживания больного: поверхности санузлов, душевых, стиральных машин (37 проб), сливы раковин и краны, сушилка для посуды на кухне (14 проб), емкости для хранения овощей (12 проб), поверхности игрушек и мебели в детской комнате (11 проб), системы кондиционирования и вентиляции воздуха (7 проб), пробы грунта из цветочных горшков (7 проб). При этом было выделено 264 штамма микроорганизмов. В структуре выделенных штаммов доминирующее положение занимали представители НФГОБ – 108 (40,9 %) штаммов (рис. 1), примерно в равной степени часто встречались споровые палочки – 55 (20,8 %) и энтеробактерии – 52 (19,7 %) штамма. Реже встречались грамположительные кокки – 37 (14,0 %) штаммов, в т.ч. представители

нормальной орофарингеальной флоры, а также 12 (4,6 %) штаммов грибов.

Из представленной диаграммы видно, что нами было выделено значительное количество штаммов НФГОБ, имеющих клиническое значение при МВ. Нами был выделен

широкий спектр представителей семейства *Enterobacteriaceae* (рис. 2), однако их клиническое значение при МВ, как правило, не велико. Выделение подобных штаммов может свидетельствовать о недостаточном уровне гигиенической обработки объектов.

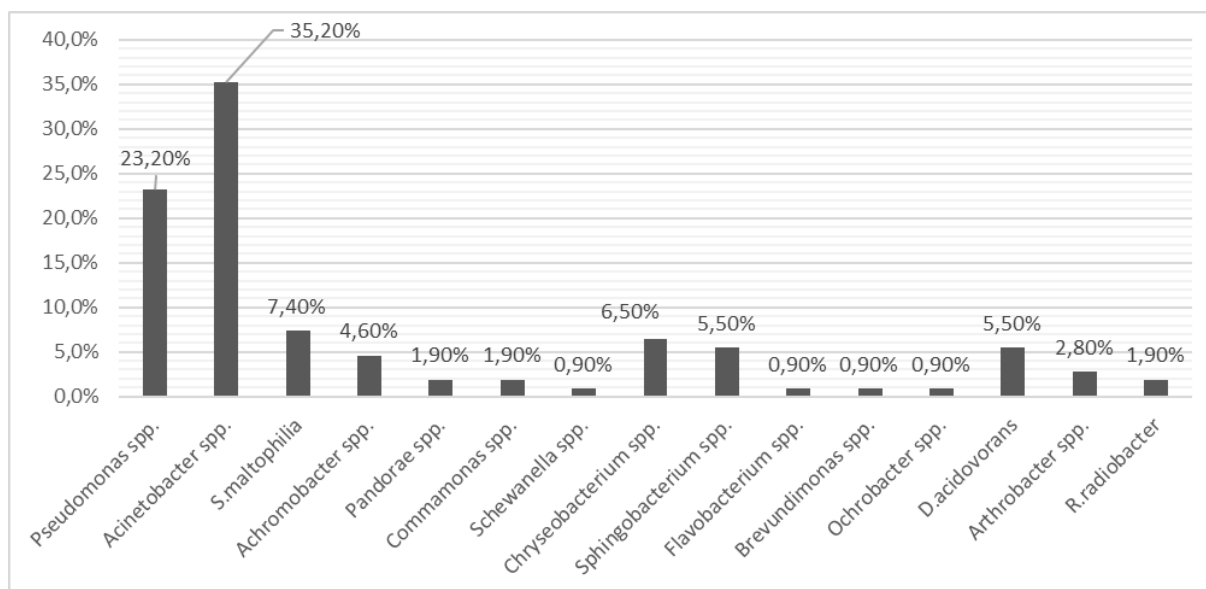


Рис. 1. Структура НФГОБ, обнаруженных на объектах с места проживания пациента

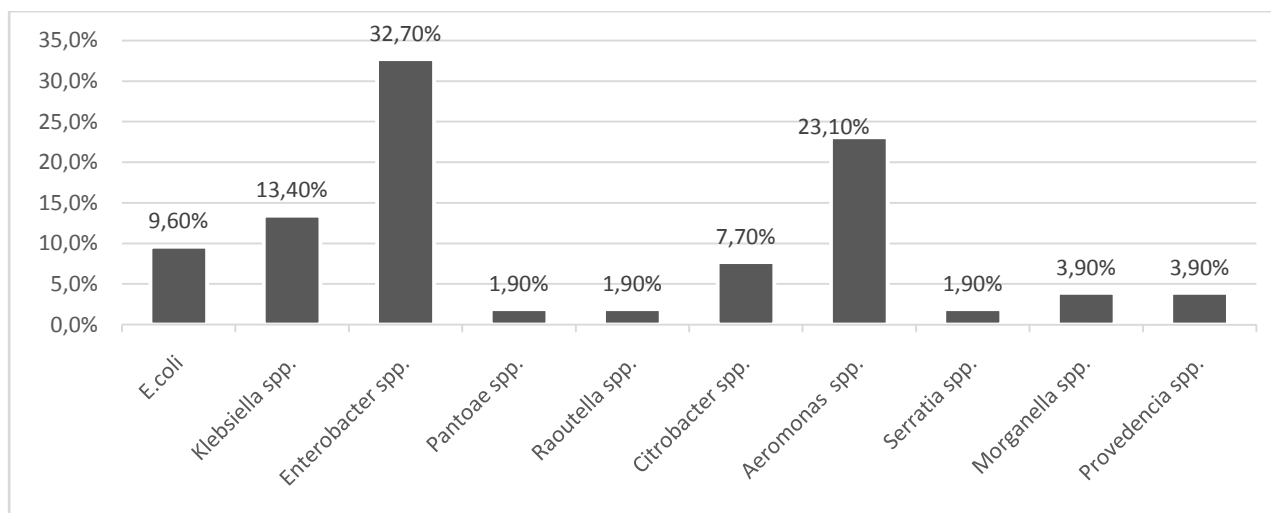


Рис. 2. Структура энтеробактерий, обнаруженных на объектах с места проживания пациента

Нами не было выделено штаммов грамположительных бактерий, имеющих клиническое значение при МВ. Кроме того, было выделено 12 штаммов грибов, среди которых *Aspergillus* spp. – 9 (75,0 %), *Candida* spp. – 2 (16,7 %), *Mucor* spp. – 1 (8,3 %).

Особое внимание нами было уделено оценке роли микрофлоры мест с повышенной влажностью, которые могут быть потенциально контаминированы НФГОБ. Было проведено исследование 37 смывов с санузлов, душевых кабин, а также резиновых конту-

ров стиральных машин. Выделено 111 штаммов микроорганизмов. В 2 (5,4 %) пробах не было выявлено признаков роста. Среди вы-

деленных штаммов наиболее часто встречались представители НФГОБ – 60 (54,1 %) (рис. 3).

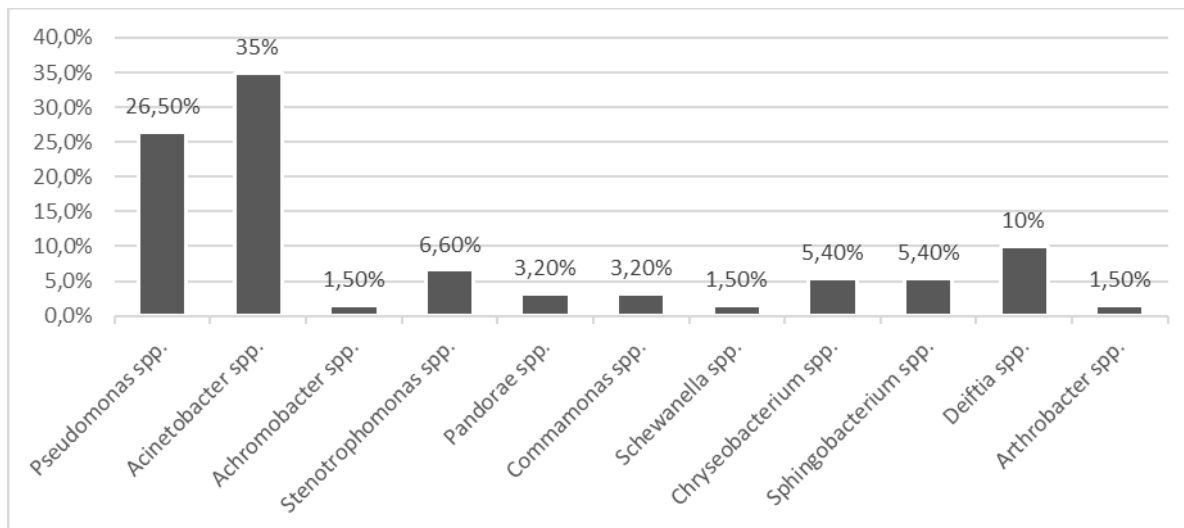


Рис. 3. Структура штаммов НФГОБ, обнаруженных в смывах с санузлов и ванных комнат

Кроме того, выделено 13 (11,7 %) штаммов представителей грамположительной кокковой флоры, среди них 4 (30,8 %) штамма *Staphylococcus* spp., 1 (7,7 %) штамм *Enterococcus* spp., 6 (46,1 %) штаммов представите-

лей нормальной орофарингеальной флоры и 2 (15,4 %) штамма *M. luteus*. Указанные бактерии не представляют опасности для пациентов. Был выделен 31 (27,9 %) штамм энтеробактерий (рис. 4).

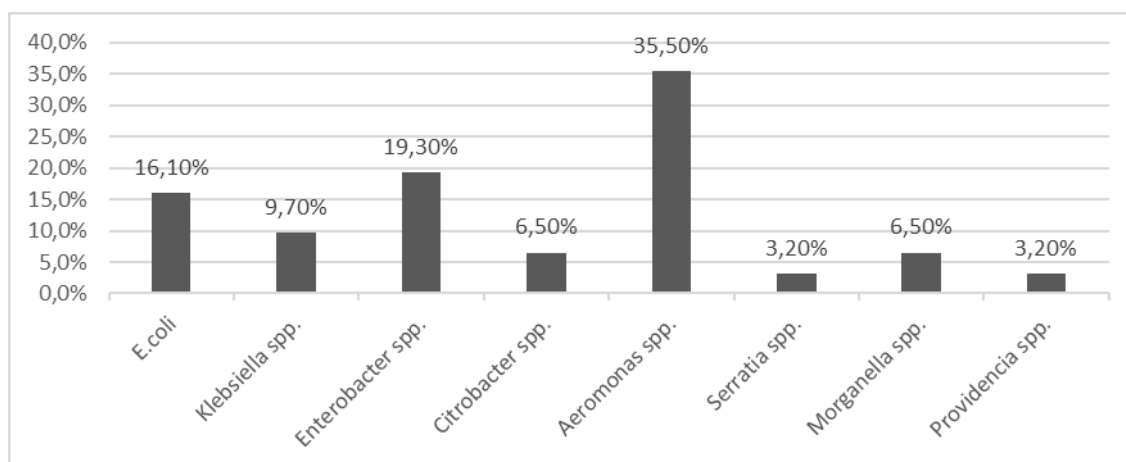


Рис. 4. Видовая структура штаммов бактерий семейства *Enterobacteriaceae*, обнаруженных в смывах с санузлов и ванных комнат

Как видно из представленной диаграммы, нами был выделен широкий спектр представителей семейства *Enterobacteriaceae*, что может свидетельствовать о недостаточном уровне гигиенической обработки помещений.

Кроме этого, было выделено 6 (5,4 %) штаммов *Bacillus* spp., а также 1 (0,9 %) штамм *Candida* spp. Указанные штаммы не имеют клинического значения при МВ.

Для оценки степени контаминации объектов на кухне пациента исследовано 14 проб с раковин, кранов и сушилок для посуды. Был выделен 41 штамм микроорганизмов, при этом доминирующее положение в структуре занимали представители НФГОБ – 22 (53,7 %) штамма (рис. 5).

Из представленной диаграммы видно, что в структуре выделенных штаммов НФГОБ преобладают представители рода *Acinetobacter*, реже – рода *Pseudomonas*, при этом не было выделено штаммов, имеющих доказанное клиническое значение при МВ, в т.ч. *P. aeruginosa*. Также выделено 13 (31,7 %) штаммов представителей семейства *Enterobacteriaceae*, среди которых 4 (30,8 %) штамма *Klebsiella* spp., 8 (61,5 %) штаммов *Enterobacter* spp., 1 (2,4 %) штамм *Aeromonas* spp. Кроме этого, выделено 3 (7,3 %) штамма *Bacillus* spp. и 1 (2,4 %) штамм *Aspergillus* spp., а также 2 (4,9 %) штамма грамположительных кокков: 1 (50,0 %) штамм представите-

лей нормальной орофарингеальной флоры и 1 (50,0 %) штамм *Enterococcus* spp.

При оценке 12 проб с ящиков для хранения овощей выделено 47 штаммов микроорганизмов. Из них доминирующее положение занимали спорообразующие палочки – 25 (53,2 %) штаммов: 21 (84,0 %) штамм рода *Bacillus* spp., 4 (8,6 %) штамма грамположительных кокков, среди которых 3 (75,0 %) штамма *Enterococcus* spp., 1 (25,0 %) штамм представителей нормальной орофарингеальной флоры. Среди энтеробактерий выделено 5 (10,6 %) штаммов: 2 (40,0 %) штамма *Enterobacter* spp., по 1 (20,0 %) штамму *Pantoea* spp., *Raoutella* spp., *Providencia* spp. Среди НФГОБ выделено 8 (17,0 %) штаммов: по 1 штамму (12,5 %) *P. putida*, *S. multivorum*, *A. Lwoffii*, *F. saccharophilum*, *A. radioresistens*, *A. ardleyensis*, *A. schindleri*, *R. radiobacter*. Кроме этого выделено 5 (10,6 %) штаммов грибов рода *Aspergillus*, которые могут иметь клиническое значение при МВ.

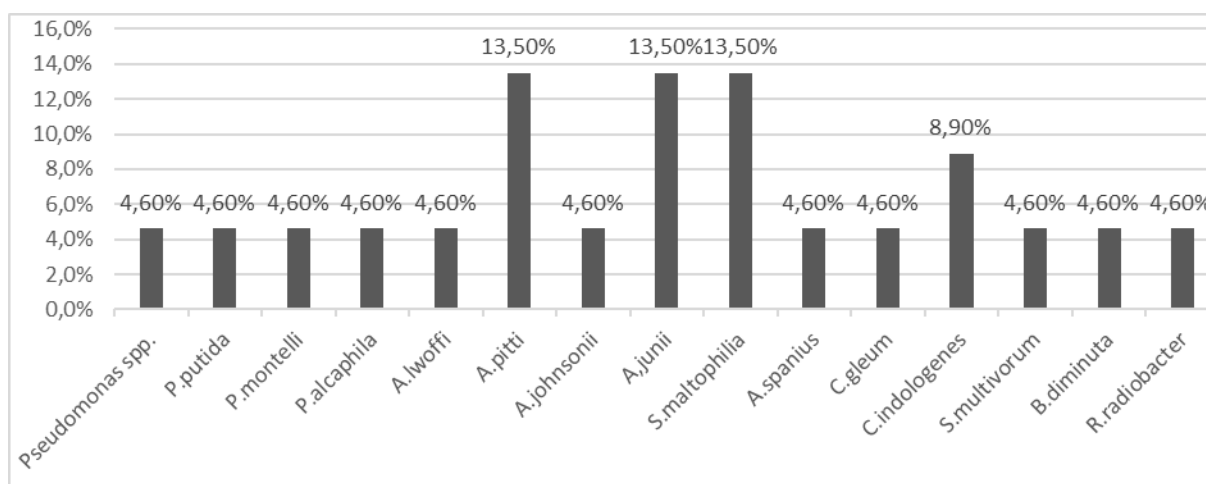


Рис. 5. Видовая структура штаммов НФГОБ, обнаруженных в смывах с влажных поверхностей кухни

При исследовании 11 проб, взятых из детских комнат, в которых проживают пациенты с МВ, выделено 16 штаммов микроорганизмов, среди которых 10 (62,5 %) – представители грамположительной кокковой флоры (5 (50,0 %) штаммов *Staphylococcus* spp., 3 (30,0 %) штамма *Micrococcus* spp., 2 (20,0 %) штамма представителей нормальной орофарингеальной флоры), 4 (25,0 %)

штамма спорообразующих палочек рода *Bacillus*, а также 2 (12,5 %) штамма НФГОБ (по 1 (50,0 %) штамму *P. putida* и *A. Lwoffii*).

При исследовании 7 проб, взятых с систем кондиционирования и вентиляции, выделено 10 штаммов микроорганизмов, при этом 3 (42,9 %) пробы не дали роста. В структуре выделенных штаммов преобладали НФГОБ – 4 (40,0 %) штамма, среди которых 3 (75,0 %)

штамма *A. ursungii* и 1 (25,0 %) штамм *P. stutzeri*. Реже встречались представители грамположительной кокковой флоры – 3 (30,0 %) штамма (2 (66,7 %) – *Micrococcus* spp., 1 (33,3%) – представитель нормальной орофарингеальной флоры), 2 (20,0 %) штамма спорообразующих палочек рода *Bacillus*, а также 1 (10,0 %) штамм грибов рода *Aspergillus*.

При исследовании 7 проб грунта из цветочных горшков выделено 39 штаммов микроорганизмов, при этом 1 (14,3 %) проба не дала роста. В структуре выделенных штаммов лидирующее место занимали спорообразующие палочки рода *Bacillus* – 15 (38,5 %) штаммов. На втором месте по частоте встречаемости были НФГОБ – 12 (30,8 %) штаммов, по 1 штамму (8,3 %) *P. graminis*, *P. alkaligenes*, *A. junii*, *A. schindleri*, *S. maltophilia*, *A. spanius*, *A. denitrificans*, *A. piechaudii*, *C. gleum*, *S. multivorum*, *O. terrebeum* и *A. Sulfireus*. На третьем месте по частоте выделения были грибы – 4 (10,2 %) штамма: 1 (25,0 %) штамм *Candida* spp., 2 (50,0 %) штамма *Aspergillus* spp. и 1 (25,0 %) штамм *Mucor* spp. Выделено 5 (12,8 %) штаммов грамположительных кокков (2 (40,0 %) штамма *Staphylococcus* spp., 2 (40,0 %) штамма *Enterococcus* spp. и 1 (20,0 %) штамм представителей нормальной орофарингеальной флоры). Кроме этого, выделено 3 (7,7 %) штамма энтеробактерий, среди которых 2 (66,7 %) штамма *Citrobacter* spp. и 1 (33,3 %) штамм *Enterobacter* spp.

Выводы:

1. Родственники и члены семей пациентов с МВ могут являться источниками распространения агрессивных штаммов, в т.ч. быть источником распространения штаммов *S. aureus*. Несмотря на то что среди обследованных нами семей не было случаев носительства штаммов MRSA, нужно учитывать, что колонизация дыхательных путей пациентов с МВ подобными штаммами возможна не

только в условиях стационара, но и в быту. Кроме того, несмотря на то что нами не было выявлено случаев носительства потенциально опасных микроорганизмов для этой группы больных, таких как *P. aeruginosa*, *Achromobacter* spp., *S. maltophilia*, *B. cepacia* complex и др., у членов семей пациентов, нами были выявлены носители НФГОБ, значение которых при МВ не установлено до конца.

2. Важным фактором, препятствующим распространению штаммов, имеющих значение для пациентов с МВ, является качественная обработка элементов небулайзеров и других ингаляторов. При несоблюдении правил обработки элементов небулайзера, а также неполной их просушке эти приборы могут быть потенциально опасными источниками концентрации и распространения штаммов НФГОБ и других микроорганизмов.

3. Наибольший риск для возможной колонизации дыхательных путей штаммами НФГОБ, имеющими клиническое значение при МВ, представляют места с повышенной влажностью, а именно сливы ванн, раковин, поддоны душевых кабин, а также поддоны сушилок для тарелок на кухне. Учитывая это обстоятельство, родители и пациенты должны обращать особое внимание на обработку этих объектов дезинфицирующими средствами.

4. Ящики для хранения овощей могут быть источниками колонизации штаммами *Aspergillus* spp., а также некоторыми представителями НФГОБ, а грунт из цветочных горшков может быть контаминирован значительным количеством возбудителей. При наличии в доме систем кондиционирования воздуха необходимо уделять особое внимание их регулярному профилактическому инженерному обслуживанию с целью недопущения размножения и распространения штаммов, представляющих опасность для пациентов с МВ.

Литература

1. *Проворов Н.А., Тихонович И.А., ред.* Генетические основы эволюции бактерий – симбионтов растений. СПб.: Информ-Навигатор; 2016. 240.
2. *Goerke C., Kraning K., Stern M.* Molecular epidemiology of community-acquired *Staphylococcus aureus* in families with and without cystic fibrosis patients. *J. Infect. Dis.* 2000; 181: 984–989.
3. *Von Eiff C., Becker K., Machka K.* Nasal carriage as a source of *Staphylococcus aureus* bacteremia. Study Group. *N. Engl. J. Med.* 2001; 344: 11–16.
4. *Botzenhart K., Doring G.* Epidemiology and ecology of *Pseudomonas aeruginosa*. In: Campa M., Bendinelli M., Friedman H., eds. *Pseudomonas aeruginosa as an opportunistic pathogen.* New York: Plenum; 1993: 1–18.
5. *Doring G., Ulrich M., Muller W.* Generation of *Pseudomonas aeruginosa* aerosols during handwashing from contaminated sink drains, transmission to hands of hospital personnel, and its prevention by use of a new heating device. *Zentralbl. Hyg.* 1991; 191: 494–505.
6. *Bosshammer J., Fiedler B., Gudowski P.* Comparative hygienic surveillance of contamination with pseudomonads in cystic fibrosis ward over a 4-year period. *J. Hosp. Infect.* 1995; 31: 261–274.
7. *Pitchford K.C., Corey M., Highsmith A.K.* *Pseudomonas* species contamination of cystic fibrosis patients home inhalation equipment. *J. Pediatr.* 1987; 111: 212–216.
8. *Rosenfield M., Emerson J., Astley S.* Home nebulizer use among patients with cystic fibrosis. *J. Pediatr.* 1998; 132: 125–131.
9. *Jakobsson B.M., Onnered A.B., Hjelte L.* Low bacterial contamination of nebulizers in home treatment of cystic fibrosis patients. *J. Hosp. Infect.* 1997; 36: 201–207.
10. *Jensen E.T., Gewercman B., Ojeniyi B.* Epidemiology of *Pseudomonas aeruginosa* in cystic fibrosis and the possible role of contamination by dental equipment. *J. Hosp. Infect.* 1997; 36: 117–122.
11. *Halabi M., Wiesholzer-Pittl M., Schoberl J.* Non-touch fitting in hospitals: a possible source of *Pseudomonas aeruginosa* and *Legionella* spp. *J. Hosp. Infect.* 2001; 49: 117–121.
12. *LiPuma J.J.* The Changing Microbial Epidemiology in Cystic Fibrosis. *Clin. Microbiol. Rev.* 2010; 23 (2): 299–323.
13. *Romling U., Wingender J., Muller H., Tummeler B.* A major *Pseudomonas aeruginosa* clone common to patients and aquatic habitats. *Appl. Environ. Microbiol.* 1994; 60: 1734–1738.
14. *Doring G., Hoiby N.* Early intervention and prevention of lung disease in cystic fibrosis: a European consensus. *J. Cyst. Fibrosis.* 2004; 3: 67–91.
15. *Campana S., Tacetti G., Ravenni F.* Transmission of *Burkholderia cepacia* complex: evidence for new epidemic clones infecting cystic fibrosis patients in Italy. *J. Clin. Microbiol.* 2005; 43: 5136–5142.
16. *Coenye T., Spilker T., Van Schoor A.* Recovery of *Burkholderia cenocepacia* strain PHDC from cystic fibrosis patients in Europe. *Thorax.* 2004; 59: 952–954.
17. *Fisher M.C., LiPuma J.J., Dasen E.* Source of *Pseudomonas cepacia*: ribotyping of isolated from patients and from the environment. *J. Pediatr.* 1993; 123: 745–747.
18. *LiPuma J.J., Spilker T., Coenye T.* An epidemic *Burkholderia cepacia* complex strain identified in soil. *Lancet.* 2003; 359: 2002–2003.
19. *Govan J.R., Brown A.R., Jones A.M.* Evolving epidemiology of *Pseudomonas aeruginosa* and the *Burkholderia cepacia* complex in cystic fibrosis lung infection. *Future Microbiol.* 2007; 2: 153–164.
20. *Mortensen J.E., Fischer M.C., LiPuma J.J.* Recovery of *Pseudomonas cepacia* and other *Pseudomonas* species from the environment. *Infect. Control. Hosp. Epidemiol.* 1995; 16: 30–32.
21. *Baldwin A., Mahenthiralingam E., Drevenik P.* Environmental *Burkholderia cepacia* complex isolated in human infections. *Emerg. Infect. Dis.* 2007; 13: 458–461.

IMPACT OF MICROFLORA OF ENVIRONMENTAL MEDIUM ON AMBULATORY AIRWAY COLONIZATION IN PATIENTS WITH CYSTIC FIBROSIS

O.V. Kondratenko

Samara State Medical University, Ministry of Health of the Russian Federation, Samara, Russia

e-mail: Helga1983@yandex.ru

The aim of the study is to evaluate possible risks of respiratory tract microbial colonization in patients with cystic fibrosis.

*Materials and Methods. The authors conducted microbiological studies of 176 samples from family members and swabs from various objects taken in 17 families, in which patients with cystic fibrosis live. The research was conducted in Samara region. Each sample was analyzed for following culture media: 5 % blood agar, universal chromogenic culture medium, OFPBL-agar for elective isolation of *B. sepacia* complex bacteria, chocolate agar, and Saburo medium for fungi cultivation. Inoculations were incubated for 24–48 hours; the temperature was 37 and 28 °C. On OFPBL and Saburo media inoculations were left for incubation for 14 days. MALDI-ToF-mass spectrometry (Microflex, Bruker) was used to identify the isolated cultures. In general, 404 microbial strains were isolated. Among them there were many strains of non-fermentative gram-negative bacteria, which are of clinical importance in case of cystic fibrosis, namely *Achromobacter* spp., *Ralstonia* spp., *Pandorae* spp. It has been established that colonization of patients' respiratory tract can occur not only in a clinical setting, but also in everyday life. The main sources of invasion are family members or nebulizers if they are insufficiently processed. The most dangerous places, where people can catch an infection, are the bathtub sinks, kitchen sinks, shower cabins, and dish racks in the kitchen. Patients with cystic fibrosis should pay special attention to disinfection of objects that may be contaminated by strains of gram-negative bacteria and fungi.*

Keywords: cystic fibrosis, environment, respiratory tract, bacteria.

References

1. Provorov N.A., Tikhonovich I.A. *Geneticheskie osnovy evolyutsii bakteriy – simbiotov rasteniy* [Genetic basis of bacteria (symbiotic plants) evolution]. St. Petersburg: Inform-Navigator; 2016. 240 (in Russian).
2. Goerke C., Kraning K., Stern M. Molecular epidemiology of community-acquired *Staphylococcus aureus* in families with and without cystic fibrosis patients. *J. Infect. Dis.* 2000; 181: 984–989.
3. Von Eiff C., Becker K., Machka K. Nasal carriage as a source of *Staphylococcus aureus* bacteremia. Study Group. *N. Engl. J. Med.* 2001; 344: 11–16.
4. Botzenhart K., Doring G. Epidemiology and ecology of *Pseudomonas aeruginosa*. In: Campa M., Bendinelli M., Friedman H., eds. *Pseudomonas aeruginosa as an opportunistic pathogen*. New York: Plenum; 1993: 1–18.
5. Doring G., Ulrich M., Muller W. Generation of *Pseudomonas aeruginosa* aerosols during handwashing from contaminated sink drains, transmission to hands of hospital personnel, and its prevention by use of a new heating device. *Zentralbl. Hyg.* 1991; 191: 494–505.
6. Bosshammer J., Fiedler B., Gudowius P. Comparative hygienic surveillance of contamination with pseudomonads in cystic fibrosis ward over a 4-year period. *J. Hosp. Infect.* 1995; 31: 261–274.
7. Pitchford K.C., Corey M., Highsmith A.K. *Pseudomonas* species contamination of cystic fibrosis patients home inhalation equipment. *J. Pediatr.* 1987; 111: 212–216.
8. Rosenfield M., Emerson J., Astley S. Home nebulizer use among patients with cystic fibrosis. *J. Pediatr.* 1998; 132: 125–131.
9. Jakobsson B.M., Onnered A.B., Hjelte L. Low bacterial contamination of nebulizers in home treatment of cystic fibrosis patients. *J. Hosp. Infect.* 1997; 36: 201–207.
10. Jensen E.T., Gewercman B., Ojeniyi B. Epidemiology of *Pseudomonas aeruginosa* in cystic fibrosis and the possible role of contamination by dental equipment. *J. Hosp. Infect.* 1997; 36: 117–122.
11. Halabi M., Wiesholzer-Pittl M., Schoberl J. Non-touch fitting in hospitals: a possible source of *Pseudomonas aeruginosa* and *Legionella* spp. *J. Hosp. Infect.* 2001; 49: 117–121.

12. LiPuma J.J. The Changing Microbial Epidemiology in Cystic Fibrosis. *Clin. Microbiol. Rev.* 2010; 23 (2): 299–323.
13. Romling U., Wingender J., Muller H., Tummeler B. A major *Pseudomonas aeruginosa* clone common to patients and aquatic habitats. *Appl. Environ. Microbiol.* 1994; 60: 1734–1738.
14. Doring G., Hoiby N. Early intervention and prevention of lung disease in cystic fibrosis: a European consensus. *J. Cyst. Fibrosis.* 2004; 3: 67–91.
15. Campana S., Tacetti G., Ravenni F. Transmission of *Burkholderia cepacia* complex: evidence for new epidemic clones infecting cystic fibrosis patients in Italy. *J. Clin. Microbiol.* 2005; 43: 5136–5142.
16. Coenye T., Spilker T., Van Schoor A. Recovery of *Burkholderia cenocepacia* strain PHDC from cystic fibrosis patients in Europe. *Thorax.* 2004; 59: 952–954.
17. Fisher M.C., LiPuma J.J., Dasen E. Source of *Pseudomonas cepacia*: ribotyping of isolated from patients and from the environment. *J. Pediatr.* 1993; 123: 745–747.
18. LiPuma J.J., Spilker T., Coenye T. An epidemic *Burkholderia cepacia* complex strain identified in soil. *Lancet.* 2003; 359: 2002–2003.
19. Govan J.R., Brown A.R., Jones A.M. Evolving epidemiology of *Pseudomonas aeruginosa* and the *Burkholderia cepacia* complex in cystic fibrosis lung infection. *Future Microbiol.* 2007; 2: 153–164.
20. Mortensen J.E., Fischer M.C., LiPuma J.J. Recovery of *Pseudomonas cepacia* and other *Pseudomonas* species from the environment. *Infect. Control. Hosp. Epidemiol.* 1995; 16: 30–32.
21. Baldwin A., Mahenthiralingam E., Drevenik P. Environmental *Burkholderia cepacia* complex isolated in human infections. *Emerg. Infect. Dis.* 2007; 13: 458–461.