В целом к вакцинации отношение можно назвать положительным, но население продолжает воспринимать его как опасность, в том числе ввиду низкой информированности о физиологии иммунитета человека. При проведении информационно-образовательной работы с населением по проблемам вакцинации необходимо говорить с аудиторией о мотивах отказа от вакцин. Если человек предпочитает проверять информацию в интернете, необходимо уточнять на каких сайтах он считает информацию достоверной. Грамотно организованная работа с населением может создать и поддерживать позитивное отношение к вакцинации.

Выводы

1. $72 \pm 7,87\%$ населения доверяют мнению медицинских работников.
2. Шанс встретить вакцинирующихся лиц в 1,4 раза выше среди участников исследования, оценивающих страх перед болью от 1 до 5, чем среди лиц, оценивающих страх боли в 6–10 баллов.
3. Пациенты, которые спокойно посещают поликлинику, прививались чаще (шанс 2:1), чем тревожные респонденты (1,4:1) – отношение шансов 1,4.
4. По мнению респондентов, основными недостатками вакцинации являются: возможность побочной реакции ($65,6 \pm 4,25\%$); качество компонентов ($32,8 \pm 4,20\%$); стоимость препарата ($16,0 \pm 3,28\%$); боль при вакцинации ($10,4 \pm 2,73\%$).

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ

1. Почему все больше людей отказывается делать прививки? [Электронный ресурс] – Режим доступа: <https://www.bbc.com/russian/features-48676305>. – Дата доступа: 04.08.2024.
2. Гржибовский, А. М. Анализ биомедицинских данных с использованием пакета статистических программ SPSS / А. М. Гржибовский, Т. Н. Унгурияну // Архангельск: Изд-во Северного государственного медицинского университета, 2017. – 293 с.

УДК 616.24-002.5-089:[616.2:579.61]:004

В. С. Владымцев

Научный руководитель: старший преподаватель В. И. Майсеенко

Учреждение образования

«Гомельский государственный медицинский университет»

г. Гомель, Республика Беларусь

ЗНАЧЕНИЕ ВИДЕОАССИСТИРОВАННОЙ ТОРАКОСКОПИЧЕСКОЙ РЕЗЕКЦИИ В ИЗУЧЕНИИ РЕСПИРАТОРНОЙ МИКРОБИОТЫ У ПАЦИЕНТОВ С ТУБЕРКУЛЕЗОМ ЛЕГКИХ

Введение

Заболевания органов дыхания обуславливают высокие показатели смертности среди населения. При этом во всем мире туберкулез является второй по значимости причиной смерти от инфекционных болезней после COVID-19 (показатели смертности выше, чем от ВИЧ-инфекции и СПИДа) [1]. В последнее десятилетие появляется все больше публикаций, что микробиота легких, наряду с микробиотой желудочно-кишечного тракта, вносит значительный вклад в развитие респираторных заболеваний и, таким образом, может рассматриваться как патогенетический фактор [2]. Наиболее изученные изменения микробиоты легких связаны с обострением хронической обструктивной болезни легких и астмы, при туберкулезе же легочный дисбиоз менее изучен [3]. Анализ бактериальных генов 16S рРНК при использовании Oxford Nanopore

MiniION секвенирования и прокариотических баз данных MegaBLAST и EZ BioCloud позволил идентифицировать основные таксоны, обитающие в респираторном тракте человека. Согласно результатам исследований, преобладающими типами бактерий в составе здоровых легких являются *Bacteroidetes* и *Firmicutes*. Описано увеличение разнообразия бактериальных видов при хронических заболеваниях респираторного тракта, чаще со сдвигом сообщества от типа *Bacteroidetes* к типу *Proteobacteria*. В целом ряде исследований было показано, что для инфекционного процесса свойственно повышенное содержание *Fusobacterium spp.* [4]. Необходимо подчеркнуть, что исследователи микробиома легкого сталкиваются со сложностями, уникальными для этой ниши: присутствуют значительные технические сложности отбора образцов из нижних дыхательных путей. В последнее время широко применяются видеоассистированные торакоскопические резекции легкого. Подобные операции характеризуются малой травматичностью и кровопотерей, коротким сроком реабилитации [5], однако исследований микробиома легких, полученных таким образом, крайне мало.

Цель

Изучить микробное разнообразие респираторной микробиоты у пациентов с туберкулезом легких после видеоассистированной торакоскопической резекции (ВАТС-резекции).

Материал и методы исследования

В группу исследования включены 36 пациентов, находившихся в туберкулезном хирургическом торакальном отделении в учреждении «Гомельская туберкулезная клиническая больница». Всем пациентам была выполнена видеоторакоскопия с диагностической целью из-за выявленных при рентгенфлюорографическом обследовании изменений в легких. В предоперационном периоде пациентам проводилось обследование по общепринятой схеме, включавшей лабораторные исследования, бактериологическое исследование мокроты, рентгенографию, компьютерную томографию органов грудной клетки и другие, однако, окончательный диагноз был установлен только после гистологической верификации. После этого все пациенты были разделены на две группы: в первую вошли пациенты с туберкулезом органов дыхания, во вторую – с другими заболеваниями легких. Изучение микробного разнообразия легких проводили с помощью метода высокопроизводительного секвенирования, с помощью секвенатора MiSeq (Illumina, США) с использованием протокола, основанного на анализе вариабельных регионов гена 16s рРНК. Статистическую обработку результатов исследования проводили с помощью пакета программ «Statistica v.10» и «Excel» с использованием стандартных методов описательной статистики. Количественные данные представляли в виде Me (Q25; Q75) – медианы и интерквартильного размаха (Q25; Q75 – 25-й и 75-й процентиля). Для относительных значений определялся 95 % доверительный интервал (95% ДИ min-max) методом Клоппера – Пирсона. Различия считались достоверными при уровне значимости $p < 0,05$.

Результаты исследования и их обсуждение

Из 36 человек проведение ВАТС-резекции позволило установить диагноз туберкулеза у 15 (41,6%) обследуемых. Использование традиционных диагностических возможностей не позволило диагностировать туберкулез у этой группы пациентов в связи с патоморфологическими особенностями специфического процесса и олигобацилярностью. При этом из клинических форм туберкулеза преобладала туберкулома – 9 случаев (60%; 32,3–83,7). По результатам микробиологического исследования биопсийного материала у всех пациентов с гистологически подтвержденным туберкулезом обнару-

жены микобактерии туберкулеза. При этом в 6 случаях (40%; 16,3–67,7) обнаружена множественная лекарственная устойчивость, несмотря на то, что никто из пациентов ранее туберкулезом не болел.

Во всех образцах пациентов доминирующими таксонами на уровне типа были *Proteobacteria*, типы *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria* представлены в меньшем количестве. В таблице 1 приведены медианные значения в % относительной представленности типов бактерий в группах.

Таблица 1 – Наиболее представленные типы бактерий

Тип бактерий	Туберкулез легких	Другие заболевания легких
<i>Proteobacteria</i>	97,99	97,38
<i>Firmicutes</i>	1,08	1,24
<i>Bacteroidetes</i>	0,7	0,59
<i>Actinobacteria</i>	0,06	0,05

Примечание – Приведены только те типы, медианы относительной представленности которых в группах больше 0,005%.

При этом статистических различий в представленности наиболее многочисленных бактерий в группах на уровне типа выявлено не было.

Во всех изученных нами образцах наиболее широко были представлены роды *Stenotrophomonas*, *Delftia*, *Achromobacter*, *Ralstonia*, *Liberibacter*, *Sphingomonas*. Однако, значимых статистических различий между группами также не было выявлено. При сравнении таксономического состава образцов двух групп (бета-разнообразие) различий не выявлено.

В таблице 2 приведены медианы и интерквартильный размах (Q25; Q75 – 25-й и 75-й процентиля) основных родов бактерий у пациентов с туберкулезом легких. При сравнении таксономического состава образцов двух групп (бета-разнообразие) различий не выявлено.

Таблица 2 – Наиболее представленные роды бактерий у пациентов с туберкулезом легких

Род бактерий	Me, %	Q25, %	Q75, %
<i>Stenotrophomonas</i>	34,45	62,42	67,87
<i>Delftia</i>	21,40	17,96	22,38
<i>Achromobacter</i>	3,7	3,355	3,91
<i>Ralstonia</i>	2,52	1,89	2,7
<i>Liberibacter</i>	0,84	0,6	0,98
<i>Sphingomonas</i>	0,82	0,79	0,94

Выводы

Дифференциальная диагностика инфильтративных процессов, округлых образований в легких, имеющих схожие клинико-рентгенологические проявления, на основе результатов обязательного диагностического минимума представляет определенные трудности. Осуществление ВАТС сделало возможным верификацию диагноза туберкулеза в 15 случаях из 36 выполненных исследований, позволив выявить преобладающие типы (*Proteobacteria*) и роды (*Stenotrophomonas*) бактерий. Отсутствие статистических различий между группами можно объяснить малой выборкой и тем, что во второй группе все пациенты имели различные заболевания легких (рак, саркоидоз, легочный фиброз). Многие вопросы относительно роли микробиоты в патогенезе заболеваний

легких остаются дискуссионными и далекими от своего разрешения, таким образом, исследование респираторной микробиоты целесообразно продолжить.

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ

1. World Health Organization: Global tuberculosis report 2024. [Electronic resource] – Mode of access: <https://www.who.int/teams/global-tuberculosis-programme/tb-reports/global-tuberculosis-report-2024>. – Date of access: 30.10.2024.
2. Moffatt, M.F. The lung microbiome in health and disease / M. F. Moffatt, W. O. Cookson // Clin Med (Lond). – 2017. – Vol. 17, № 6. – P. 525–529.
3. The role of microbiota in respiratory health and diseases, particularly in tuberculosis. / T. Shah [et al.] // Biomed. Pharmacother. – 2021. – Vol. 143. – P. 108–112.
4. Species- level evaluation of the human respiratory microbiome / O. Ibranke [et al.] // GigaScience. – 2020. – Vol. 9, № 4.
5. Самородов, Н. А. Применение видеоассистированных торакоскопических резекций легкого для дифференциальной диагностики заболеваний легких / Н. А. Самородов, Ж. Х. Сабанчиева, И. В. Васильев // Туберкулез и болезни легких. – 2021. – Т. 99, № 2. – С.16–20.

УДК 616-002.5"2007/2024"

К. С. Галицкая, Д. В. Остапович

Научные руководители: старший преподаватель кафедры Ж. Е. Сверх

Учреждение образования

«Гомельский государственный медицинский университет»

г. Гомель, Республика Беларусь

АНАЛИЗ ОЧАГОВ ТУБЕРКУЛЕЗНОЙ ИНФЕКЦИИ С НАЛИЧИЕМ ДЕТЕЙ В Г. ГОМЕЛЕ ЗА 2007–2024 ГГ.

Введение

Туберкулез – это хроническое инфекционное гранулематозное заболевание, вызываемое МБТ и характеризующееся образованием специфических гранулем в различных органах и тканях, а также полиморфной клинической картиной [1].

Туберкулез остается одной из наиболее актуальных и сложных медико-социальных проблем современности, особенно в контексте детского здоровья, что обуславливает необходимость не только соответствующих противоэпидемических мероприятий, но и организации эффективного межведомственного взаимодействия в вопросах выявления, профилактики и лечения данного заболевания. Перспективным направлением здесь считается приоритет в работе с группами населения, имеющими факторы повышенного риска заболевания [2].

Наиболее уязвимой группой риска по развитию туберкулеза являются дети, проживающие в эпидемических очагах туберкулезной инфекции, т.к. семейные контакты отличаются интенсивностью и продолжительностью [3].

Цель

Проанализировать очаги туберкулезной инфекции с наличием проживающих в них детей г. Гомель за период 2007–2024 гг.

Материал и методы исследования

Использованы данные амбулаторных карт детей из очагов туберкулезной инфекции филиала №1 Учреждения «Гомельская областная туберкулезная клиническая больница». Применены: ретроспективный анализ, описательно-оценочные методы. Анали-