

<https://doi.org/10.31631/2073-3046-2019-18-6-34-38>

## Микробиологические и молекулярно-генетические аспекты антибиотикорезистентности *Pseudomonas aeruginosa* и *Acinetobacter baumannii*

Ю. Е. Скурихина\*, В. Б. Туркутюков

ФГБОУ ВО «Тихоокеанский государственный медицинский университет»  
Министерства здравоохранения Российской Федерации, Владивосток

### Резюме

**Актуальность.** Рост частоты инфекций, вызванных *Pseudomonas aeruginosa* и *Acinetobacter baumannii*, обладающих высоким уровнем резистентности ко многим группам антибиотиков требует всестороннего исследования, в том числе современными методами. **Цель.** Изучение региональных особенностей динамики формирования и циркуляции штаммов *A. baumannii* и *P. aeruginosa*, резистентных к антибиотикам. **Материалы и методы.** В настоящей работе проведен ретроспективный анализ данных микробиологических лабораторий многопрофильных стационаров и выборочное молекулярно-генетическое исследование детерминант антибиотикорезистентности методом ПЦР штаммов *A. baumannii* и *P. aeruginosa*, выделенных из клинического материала, с целью определения уровня изменчивости резистентности на протяжении 2009–2018 гг. **Результаты и обсуждение.** В ходе исследования выявлена тенденция к росту в этиологической структуре возбудителей инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи и гнойно-септических инфекций доли *A. baumannii* и *P. aeruginosa*; высокая частота встречаемости штаммов, устойчивых к цефалоспорином 2–4 поколений, карбапенемам, β-лактамам, и полирезистентных. Также обнаружено появление и распространение у данных бактерий детерминант антибиотикорезистентности NDM-1 и MCR-1. **Выводы.** На протяжении последнего десятилетия наблюдается неуклонное увеличение в структуре инфекций у пациентов ОРИТ и отделений хирургии стационаров г. Владивостока доли *A. baumannii* и *P. aeruginosa*, устойчивых ко многим антибактериальным препаратам, и появление новых механизмов антибиотикорезистентности у этих микроорганизмов.

**Ключевые слова:** *Pseudomonas aeruginosa*, *Acinetobacter baumannii*, ИСМП, гнойно-септические инфекции, антибиотикорезистентность, металло-лактамазы  
Конфликт интересов не заявлен.

**Для цитирования:** Скурихина Ю. Е., Туркутюков В. Б. Микробиологические и молекулярно-генетические аспекты антибиотикорезистентности *Pseudomonas aeruginosa* и *Acinetobacter baumannii*. Эпидемиология и Вакцинопрофилактика. 2019; 18 (6): 34–38. <https://doi.org/10.31631/2073-3046-2019-18-6-34-38>.

### Microbiological and Molecular Genetic Aspects of Antibiotic Resistance of *Pseudomonas aeruginosa* and *Acinetobacter baumannii*

YuE Skurikhina\*\*, VB Turkutyukov

Pacific State Medical University, Vladivostok, Russian Federation

#### Abstract

**Relevance.** The increase in the frequency of infections caused by *Pseudomonas aeruginosa* and *Acinetobacter baumannii*, which have a high level of resistance to many groups of antibiotics, requires a comprehensive study, including modern research methods. **Aims.** The study of regional features of the dynamics of the formation and circulation of antibiotic-resistant strains *A. baumannii* and *P. aeruginosa*. **Materials and methods.** During 2009–2018 we analyzed the data of microbiological laboratories of multidisciplinary hospitals and carried out a molecular genetic study of the determinants of antibiotic resistance by PCR of *A. baumannii* and *P. aeruginosa* strains isolated from clinical material in order to determine the level of variability of resistance. **Results.** The study revealed a tendency to increase in the proportion of strains *A. baumannii* and *P. aeruginosa* in the etiological structure of health-care associated infections and purulent-septic infections; high incidence of strains resistant to cephalosporins, carbapenems, beta-lactams and multi-resistant strains. The appearance and distribution of the determinants of antibiotic resistance NDM-1 and MCR-1 in these bacteria were also detected. **Conclusions.** Over the past decade, a steady increase in the proportion of *A. baumannii* and *P. aeruginosa*

\* Для переписки: Скурихина Юлия Евгеньевна, к.м.н., доцент кафедры эпидемиологии и военной эпидемиологии Тихоокеанского государственного медицинского университета, 690002, г. Владивосток, пр-т Острякова, 2. +79146765047, eesku@mail.ru.

\*\* For correspondence: Skurikhina Yulia E., Cand. Sci. (Med.), associate professor of Department of Epidemiology and Military Epidemiology, Pacific State Medical University, Russia, Vladivostok, Ostryakova ave., 2, Vladivostok, Russia 690002. +79146765047, eesku@mail.ru.

resistant to many antibiotics in patients in intensive care unit and surgery departments in hospitals of Vladivostok (Primorsky reg., Russia), and the emergence of new antimicrobial resistance mechanisms in these microorganisms.

**Key words:** *Pseudomonas aeruginosa*, *Acinetobacter baumannii*, health-care associated infections, purulent-septic infections, antibiotic resistance, metallo-beta-lactamase

No conflict of interest to declare.

**For citation:** Skurikhina YuE, Turkutyukov VB. Microbiological and Molecular Genetic Aspects of Antibiotic Resistance of *Pseudomonas aeruginosa* and *Acinetobacter baumannii* *Epidemiology and Vaccinal Prevention*. 2019; 18 (6): 34–38 (In Russ.). [https://doi: 10.31631/2073-3046-2019-18-6-34-38](https://doi.org/10.31631/2073-3046-2019-18-6-34-38).

## Введение

Среди возбудителей инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи, в том числе инфекций области хирургического вмешательства, гнойно-септических инфекций (ГСИ), пневмоний и других инфекционных осложнений у пациентов всё более устойчивые позиции занимают неферментирующие грамотрицательные бактерии (НГБ). Отмечается постоянный рост частоты инфекций, вызванных *Pseudomonas aeruginosa* и *Acinetobacter spp.*, особенно *A. baumannii* [1–3]. Это условно-патогенные, свободно живущие в окружающей среде бактерии. Они контаминируют самые разнообразные растворы, в том числе и некоторые из дезинфектантов (фурацилин, риванол и др.), а также медицинский инструментарий и оборудование, особенно в местах скопления жидкости. Основные их особенности – «чувство кворума», формирование биопленок, наличие первичной резистентности ко многим группам антибиотиков, быстрая выработка приобретенной резистентности. Важные детерминанты антибиотикоустойчивости – это металло-β-лактамазы (МБЛ) различных классов. Гены, кодирующие МБЛ, входят в состав плазмид, что способствует их быстрому внутри- и межвидовому распространению. Оно часто носит эпидемический характер, при этом доминируют определенные штаммы или ферменты в масштабах как отдельных центров, так и обширных географических зон [4–6]. Популяции микроорганизмов, складывающиеся в условиях стационара, всегда состоят из штаммов с высокой вирулентностью и антибиотикоустойчивостью.

Большой интерес представляет анализ с использованием молекулярных маркеров, который позволяет судить о наличии эпидемической связи между штаммами, выявлять в стационаре присутствие госпитальных штаммов и определять источник инфицирования пациентов. В России в большинстве регионов эпидемиологические и микробиологические исследования по изучению проблемы, к сожалению, проводятся локально и не носят регулярного характера.

**Цель данной работы** – изучение региональных особенностей динамики формирования и циркуляции штаммов *A. baumannii* и *P. aeruginosa*, резистентных к антибиотикам.

## Материалы и методы

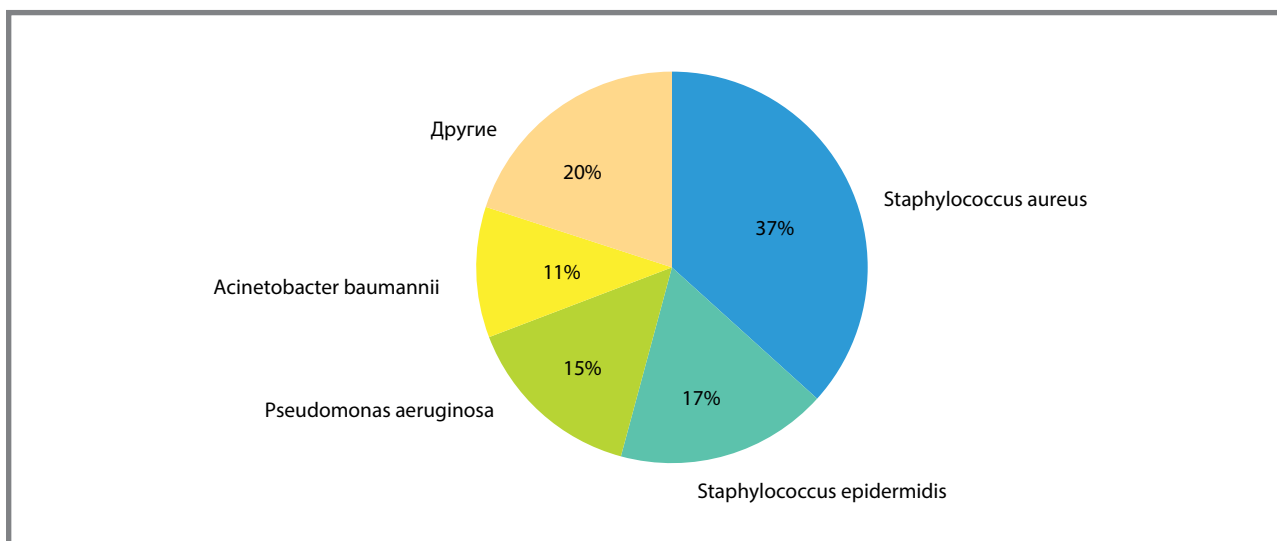
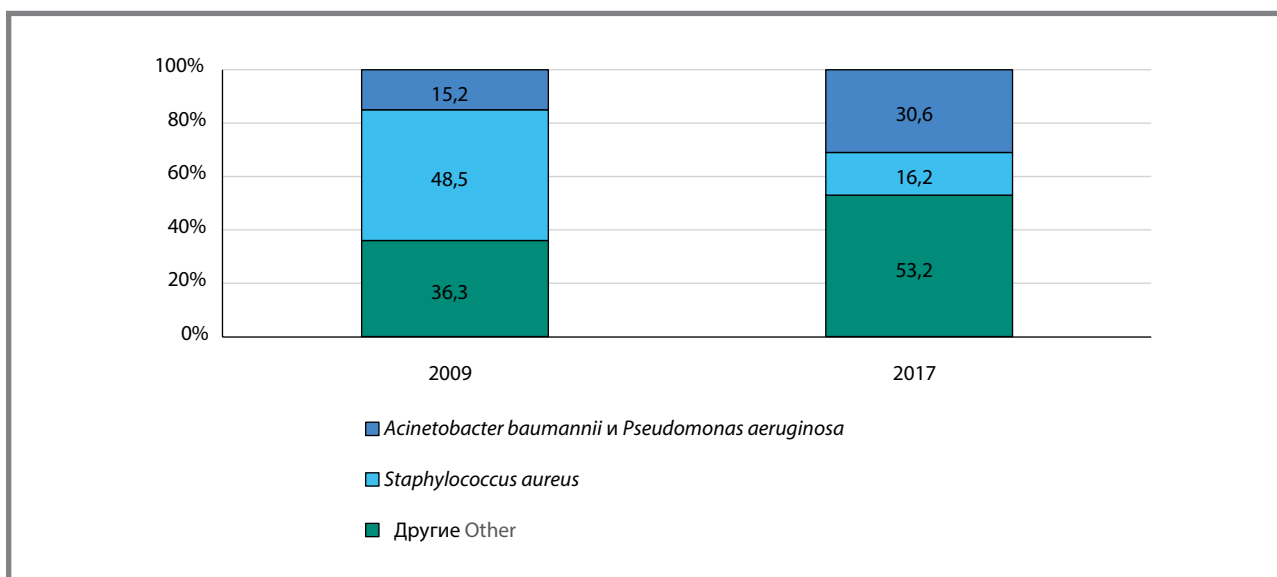
Ретроспективное описательное эпидемиологическое исследование выполнено на основании данных

многопрофильных стационаров г. Владивостока и их микробиологических лабораторий. Проведен анализ 297 историй болезни пациентов и 87 карт учета больных с ИСМП, журналов учета инфекционных больных (ф. 060/леч), анализ данных медицинской организации по сопутствующей заболеваемости пациентов, данные программы WHONET и микробиологических лабораторий за 2009–2017 гг. Для выборочных молекулярно-генетических исследований использовано 60 штаммов *A. baumannii* и 100 штаммов *P. aeruginosa*, выделенных в 2009–2017 гг. от пациентов отделений хирургии и реанимации (ОРИТ) данных учреждений. Молекулярно-генетические исследования на основе полимеразной цепной реакции (ПЦР) с разработанными ранее праймерами [7–9] проводились в лаборатории генетики Национального научного центра морской биологии им. А. В. Жирмунского Дальневосточного отделения РАН.

Статистическую обработку данных осуществляли с помощью программы Microsoft Excel 2010. Применяли общепринятые статистические приемы с определением средней арифметической величины и ее ошибок. Достоверность различия показателей рассчитывали по методу  $\chi^2$  Пирсона (различия считали значимыми при  $p \leq 0,05$ ).

## Результаты и обсуждение

Самыми распространенными инфекционными осложнениями у пациентов ОРИТ и отделений хирургии были гнойно-септические инфекции (нагноения послеоперационных ран –  $54,5 \pm 2,9\%$ ), и пневмонии ( $16,4 \pm 4,0\%$ ). В среднем за весь исследуемый период доминирующими возбудителями были *Staphylococcus aureus* ( $36,7 \pm 2,5\%$ ), *S. epidermidis* ( $17,5 \pm 2,8\%$ ), *P. aeruginosa* ( $15,0 \pm 2,9\%$ ), *A. baumannii* ( $10,8 \pm 2,9\%$ ). Реже (суммарно –  $20 \pm 2,7\%$ ) встречались *Streptococcus viridans*, *S. pneumoniae*, *Proteus vulgaris*, *P. mirabilis*, *Morganella morganii*, *Enterobacter gergoviae*, *Klebsiella pneumoniae*, *K. oxitoca*, *Enterococcus faecium*, *Escherichia coli*, *Stenotrophomonas maltophilia* (рис. 1). Несмотря на преобладание рода *Staphylococcus* необходимо отметить выраженную тенденцию к снижению доли грамположительных микроорганизмов в развитии инфекционной патологии. В 2009 г. на долю *S. aureus* приходилось  $48,5 \pm 5,1\%$ , до 2017 г. она постепенно снижалась

**Рисунок 1. Этиологическая структура возбудителей ИСМП и ГСИ в 2009–2017 гг.****Figure 1. The etiological structure of the causative agents of health-care associated infections and purulent-septic infections for the period 2009–2017****Рисунок 2. Динамика соотношения грам+ и грам- микроорганизмов в 2009 и 2017 гг.****Figure 2. The dynamics of the ratio of gram+ and gram- microorganisms in 2009 and 2017**

до  $16,2 \pm 6,3\%$ . Доля *A. baumannii* и *P. aeruginosa* наоборот, возрастала, в 2009 г. эти возбудители были выделены у  $15,2 \pm 6,5\%$ , а в 2017 г. – у  $30,6 \pm 5,7\%$  обследованных пациентов (рис. 2). Оценка достоверности различий, проведенная с помощью теста  $\chi^2$ , показала, что состав возбудителей в 2009 г. и 2017 г. достоверно отличается ( $p = 0,001$ ).

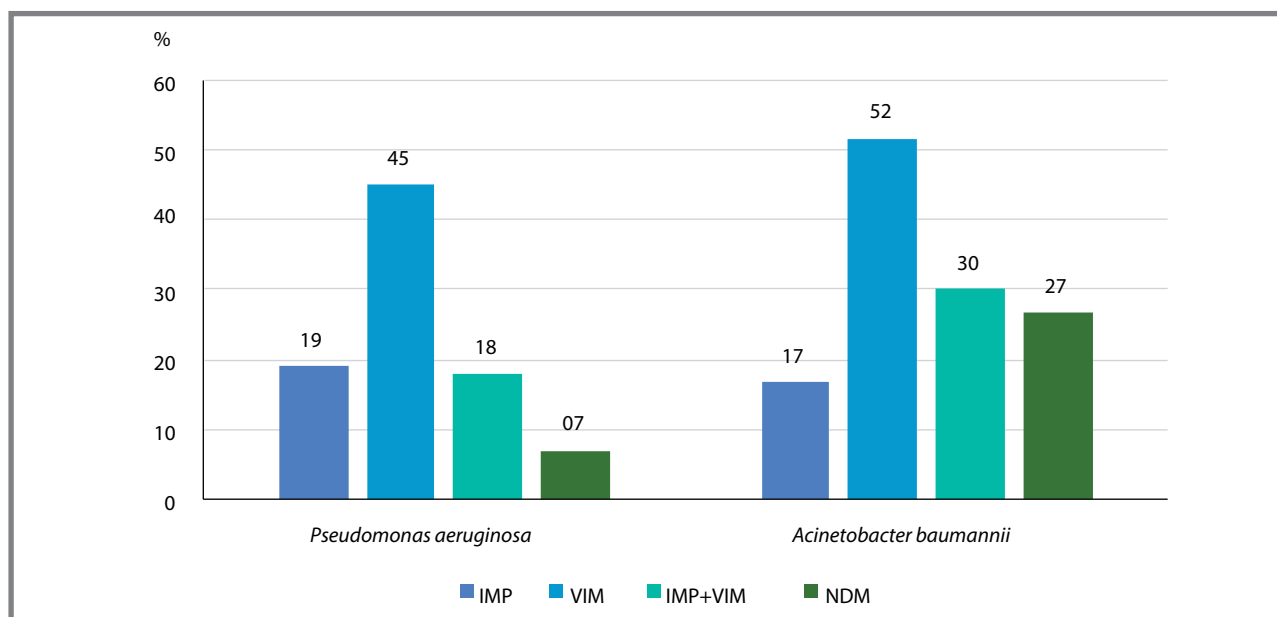
Возрастающая доля в этиологии ГСИ НГБ, обладающих исходно высоким уровнем антибиотикорезистентности, обосновывает необходимость оперативной оценки чувствительности штаммов *A. baumannii* и *P. aeruginosa* к антибактериальным химиопрепаратам, как важного элемента коррекции эмпирической антибактериальной химиотерапии.

При анализе данных о резистентности, определяемой традиционным микробиологическим методом в лабораториях медицинских организаций, выявлен

высокий уровень резистентности *P. aeruginosa* к неустойчивым к  $\beta$ -лактамазе пенициллинам ( $77,6 \pm 3,8\%$ ),  $\beta$ -лактамам ( $76,4 \pm 3,9\%$ ). Важно подчеркнуть, что высокий уровень резистентности наблюдался к азтреонаму (группа монобактамов) – антибиотику, используемому именно для лечения инфекций, вызванных аэробной грамотрицательной флорой, и особенно *P. aeruginosa*. Устойчивыми к нему оказались  $94,0 \pm 2,0\%$  штаммов.

Уровень резистентности *A. baumannii* оказался еще выше, чем у псевдомоны. Среди выделенных штаммов 100% были резистентны к цефалоспорином 2 поколения (цефоперазон) и фосфомицином, высокий уровень резистентности был выявлен к неустойчивым к  $\beta$ -лактамазе пенициллинам и  $\beta$ -лактамам пенициллинам, цефалоспорином 4 поколения ( $93,9 \pm 2,4\%$ ). Эффективным

**Рисунок 3. Частота встречаемости генов МБЛ у штаммов *P. aeruginosa* и *A. baumannii***  
**Figure 3. The frequency of MBL genes in *P. aeruginosa* and *A. baumannii* strains**



в отношении ацинетобактеров оказался лишь тигециклин ( $22,8 \pm 8,3\%$  устойчивых штаммов). Выделялись штаммы *A. baumannii*, чувствительные только к тигециклину. Интересен факт, что нет прямой зависимости уровня резистентности гораздо более сложные.

Методом ПЦР были исследованы некоторые генетические детерминанты антибиотикорезистентности – гены МБЛ. Существует по меньшей мере девять различных типов приобретенных МБЛ. Одни из важнейших по распространенности и клинической значимости – IMP, VIM и NDM. IMP и VIM дают устойчивость к карбапенемам и цефалоспорином. Определение генетических детерминант  $\beta$ -лактамаз является одним из наиболее актуальных путей детекции комплексной антибиотикоустойчивости. По данным мировых исследований, гены МБЛ обнаруживаются от 10 до 95% случаев [5,6]. Частота встречаемости была следующей: у *P. aeruginosa* ген blaIMP определялся в 19% случаев, ген blaVIM – в 45%. У *A. baumannii* – 10% и 52% соответственно. Образцы, сочетающие в себе все определяемые признаки, среди *P. aeruginosa* встречались в 18%, среди *A. baumannii* – в 30% (рис. 3).

Нужно упомянуть еще об одной МБЛ – NDM-1 (New Delhi metallo- $\beta$ -lactamase-1). Бактерии, несущие этот ген, часто называют «superbugs» (сверхбактерии), они резистентны практически ко всем применяемым в практике антибактериальным препаратам. Быстрая передача плазмид, несущих NDM-1, как внутри одного вида бактерий, так и между видами, трудно выявляется фенотипическими методами. Впервые NDM-1 была обнаружена в 2008 г. у изолята *Klebsiella pneumoniae*, и получила мировую известность после публикации в сентябре 2010 г. [10,11]. Бактерии, несущие этот ген, резистентны к  $\beta$ -лактамам антибиотикам, включая пиперациллин/тазобактам, азтреонам, все карбапенемы, цефтазидим и цефепим, и сохраняют

чувствительность только к тигециклину. Недопустимо недооценивать риск распространения и эпидемическую угрозу распространения NDM-1 не только в стационарах, но и за пределами медицинских учреждений, и выноса гена в окружающую среду. В нашем исследовании ген NDM1 обнаружен из выделенных в 2009 г. штаммов *A. baumannii* (6%) и у 20% штаммов – в 2017–2018 гг. У *P. aeruginosa* ген NDM1 впервые выявлен лишь в 2017 г. у 7% штаммов (рис. 3).

Еще один маркер резистентности, MCR-1, обнаружен в 2016 г. в Шанхае. Вскоре ген MCR-1 был выявлен у НГБ уже в 25 странах на четырех континентах. Он обеспечивает бактерии устойчивостью к полимиксидам, препаратам «последнего шанса», к которым прибегают в тех случаях, когда другие средства лечения исчерпаны. Расположенный на плазмиде ген легко передается даже между разными видами и родами бактерий. В нашем исследовании ген MCR-1 был обнаружен у одного штамма *P. aeruginosa*. Это очень интересный факт, так как сообщений о выявлении этого гена у *P. aeruginosa* в мире очень мало [12–14].

В последние годы госпитальные эпидемиологи и клиницисты говорят о необходимости внедрения новых молекулярно-генетических методов в повседневную практику, по крайней мере, для расследования сложных эпидемиологических случаев возникновения ИСМП и формирования госпитальных штаммов, поскольку данных рутинных микробиологических методов обычно недостаточно, и они не дают возможность оценить спектр возбудителей у одного пациента, степень родства штаммов, истинный уровень антибиотикорезистентности и т. д. Поэтому необходимо адаптировать современные молекулярно-генетические методы для применения как в научных исследованиях, так и в практическом здравоохранении для проведения молекулярно-эпидемиологического мониторинга ИСМП. А также

## Original Articles

совершенствовать риск-ориентированные технологии оказания медицинской помощи, повышать ее качество путем внедрения эффективных мероприятий по обеспечению эпидемиологической безопасности и рациональной антибактериальной химиотерапии.

В ходе данного исследования выявлено:

1. Выраженная тенденция к росту в этиологической структуре ИСМП и ГСИ доли *P. aeruginosa* и *A. baumannii* с 15,2 до 30,6%.

2. Высокая частота встречаемости (76,0–100%) штаммов, устойчивых к цефалоспорином 2–4 поколений к неустойчивым к β-лактамазе пеницилинам, β-лактамам, а также полирезистентных штаммов.

3. Появление и распространение среди *P. aeruginosa* и *A. baumannii* важных генетических детерминант антибиотикорезистентности – NDM-1 и MCR-1.

## Литература

1. Тапальский Д. В., Бонда Н. А. *Acinetobacter baumannii*: распространенность, спектр и динамика антибиотикорезистентности, чувствительность к комбинациям антибиотиков. // Журнал Гродненского государственного медицинского университета. 2018. Т. 16, № 3. С. 286–291. doi: 10.25298/2221-8785-2018-16-3-286-291.
2. Козлова Н. С., Баранцевич Н. Е., Баранцевич Е. П. Антибиотикорезистентность возбудителей гнойно-септических инфекций в многопрофильном стационаре. // Проблемы медицинской микологии. 2018. N 1. С. 40–48. doi: 10.15789/2220-7619-2018-1-79-84.
3. Покровский В. И., Акимкин В. Г., Брико Н. И. и др. Внутрибольничные инфекции: новые горизонты. // Эпидемиология и инфекционные болезни. 2011. № 1. С. 4–7.
4. Лагун Л. В. Бета-лактамазы расширенного спектра и их значение в формировании устойчивости возбудителей инфекций мочевыводящих путей к антибактериальным препаратам. // Проблемы здоровья и экологии. 2012. № 3 (33). С. 82–88.
5. Khorvash F, Yazdani M, Shabani S et al. Pseudomonas aeruginosa-producing Metallo-β-lactamases (VIM, IMP, SME, and AIM) in the Clinical Isolates of Intensive Care Units, a University Hospital in Isfahan, Iran. // Adv Biomed Res. 2017; 6: 147–151. doi: 10.4103/2277-9175.219412.
6. Hong D, Bae IK, Jang I, et al. Epidemiology and Characteristics of Metallo-β-Lactamase-Producing Pseudomonas aeruginosa. // Infect Chemother. 2015. Jun; 47 (2): P81–97. doi: 10.3947/ic.2015.47.2.81.
7. Amudhan MS, Sekar U, Kamalanathan A et al. blaIMP and blaVIM mediated carbapenem resistance in Pseudomonas and Acinetobacter species in India. // The Journal of Infection in Developing Countries. 2012; 6 (11): 757–762. doi: 10.3855/jidc.2268.
8. Lee K, Lee WG, Uh Y et al. VIM- and IMP-type metallo-beta-lactamase-producing Pseudomonas spp. and Acinetobacter spp. in Korean hospitals. // Emerg Infect Dis. 2003; 9 (7): 868–871. doi:10.3201/eid0907.020753.
9. Fomda B.A., Khan A., Zahoor D. NDM-1 (New Delhi metallo beta lactamase-1) producing Gram-negative bacilli: emergence & clinical implications // Indian J Med Res. 2014; 140 (5): 672–678.
10. Yong D, Toleman M.A., Giske C.G., et al. Characterization of a new metallo-β-lactamase gene, bla (NDM-1), and a novel erythromycin esterase gene carried on a unique genetic structure in Klebsiella pneumoniae sequence type 14 from India. // Antimicrob Agents Chemother. 2009; 53: 5046–5054. doi: 10.1128/AAC.00774-09.
11. Kumarasamy KK, Toleman MA, Walsh TR et al. Emergence of a new antibiotic resistance mechanism in India, Pakistan, and the UK: a molecular, biological, and epidemiological study. // Lancet Infect Dis. 2010; 10: 597–602. doi: 10.1016/S1473-3099(10)70143-2.
12. Caselli E, D'Accolti M, Soffritti I et al. Spread of mcr-1-Driven Colistin Resistance on Hospital Surfaces, Italy. // Emerg Infect Dis. 2018; 24 (9): 1752–1753. doi: 10.3201/eid2409.171386.
13. Pedersen MG, Olesen HV, Jensen-Fangel S et al. Colistin resistance in Pseudomonas aeruginosa and Achromobacter spp. cultured from Danish cystic fibrosis patients is not related to plasmid-mediated expression of mcr-1. // J Cyst Fibros. 2018; 17 (2): e22–e23. doi: 10.1016/j.jcf.2017.12.001.
14. Liu YY, Wang Y, Walsh TR et al. Emergence of plasmid-mediated colistin resistance mechanism MCR-1 in animals and human beings in China: a microbiological and molecular biological study. // Lancet Infect Dis. 2016; 16: 161–168. doi: 10.1016/S1473-3099(15)00424-7.

## References

1. Tapalski DV, Bonda NA. *Acinetobacter baumannii*: prevalence, spectrum and dynamics of antimicrobial resistance, susceptibility to antibiotic combinations. Journal of the Grodno State Medical University. 2018; 16 (3): 286–291 (In Russ.). doi: 10.25298/2221-8785-2018-16-3-286-291.
2. Kozlova NS, Barantsevich NE, Barantsevich EP. Susceptibility to antibiotics in Klebsiella pneumoniae strains isolated in a multidisciplinary medical centre. Russian Journal of Infection and Immunity. 2018; 8 (1): 79–84. (In Russ.). doi: 10.15789/2220-7619-2018-1-79-84.
3. Pokrovsky VI, Akimkin VG, Briko NI. Nosocomial infections: New vistas in their prevention. Epidemiology and Infectious Diseases. 2011; 1: 4–7 (In Russ.).
4. Lagun LV. Extended spectrum beta-lactamase and their importance in the formation of resistance of urinary tract pathogens to antibacterial drugs. Problems of Health and Ecology. 2012; 3 (33): 82–88 (In Russ.).
5. Khorvash F, Yazdani M, Shabani S, et al. Pseudomonas aeruginosa-producing Metallo-β-lactamases (VIM, IMP, SME, and AIM) in the Clinical Isolates of Intensive Care Units, a University Hospital in Isfahan, Iran. Adv Biomed Res. 2017; 6: 147–151. doi: 10.4103/2277-9175.219412.
6. Hong D, Bae IK, Jang I et al. Epidemiology and Characteristics of Metallo-β-Lactamase-Producing Pseudomonas aeruginosa. Infect Chemother. 2015. Jun; 47 (2): 81–97. doi: 10.3947/ic.2015.47.2.81.
7. Amudhan, MS, Sekar U, Kamalanathan A, et al. blaIMP and blaVIM mediated carbapenem resistance in Pseudomonas and Acinetobacter species in India. The Journal of Infection in Developing Countries. 2012; 6 (11): 757–762. doi: 10.3855/jidc.2268.
8. Lee K, Lee WG, Uh Y, et al. VIM- and IMP-type metallo-beta-lactamase-producing Pseudomonas spp. and Acinetobacter spp. in Korean hospitals. Emerg Infect Dis. 2003; 9 (7): 868–871. doi:10.3201/eid0907.020753.
9. Fomda BA, Khan A, Zahoor D. NDM-1 (New Delhi metallo beta lactamase-1) producing Gram-negative bacilli: emergence & clinical implications. Indian J Med Res. 2014; 140 (5): 672–678.
10. Yong D, Toleman MA, Giske CG et al. Characterization of a new metallo-β-lactamase gene, bla (NDM-1), and a novel erythromycin esterase gene carried on a unique genetic structure in Klebsiella pneumoniae sequence type 14 from India. Antimicrob Agents Chemother. 2009; 53: 5046–54. doi: 10.1128/AAC.00774-09.
11. Kumarasamy KK, Toleman MA, Walsh TR et al. Emergence of a new antibiotic resistance mechanism in India, Pakistan, and the UK: a molecular, biological, and epidemiological study. Lancet Infect Dis. 2010; 10: 597–602. doi: 10.1016/S1473-3099(10)70143-2.
12. Caselli E, D'Accolti M, Soffritti I et al. Spread of mcr-1-Driven Colistin Resistance on Hospital Surfaces, Italy. Emerg Infect Dis. 2018; 24 (9): 1752–1753. doi: 10.3201/eid2409.171386.
13. Pedersen MG, Olesen HV, Jensen-Fangel S et al. Colistin resistance in Pseudomonas aeruginosa and Achromobacter spp. cultured from Danish cystic fibrosis patients is not related to plasmid-mediated expression of mcr-1. J Cyst Fibros. 2018; 17 (2): e22–e23. doi: 10.1016/j.jcf.2017.12.001.
14. Liu YY, Wang Y, Walsh TR, et al. Emergence of plasmid-mediated colistin resistance mechanism MCR-1 in animals and human beings in China: a microbiological and molecular biological study. Lancet Infect Dis. 2016; 16: 161–168. doi: 10.1016/S1473-3099(15)00424-7.

## Об авторах

- **Юлия Евгеньевна Скурихина** – к. м. н., доцент кафедры эпидемиологии и военной эпидемиологии Тихоокеанского государственного медицинского университета, 690002, г. Владивосток, пр-т Острякова, 2. +79146765047, eesku@gmail.ru.
- **Вячеслав Борисович Туркутюков** – д.м.н., профессор, заведующий кафедрой эпидемиологии и военной эпидемиологии Тихоокеанского государственного медицинского университета, 690002, г. Владивосток, пр-т Острякова, 2. +79147347500, clinbact.dvfo@inbox.ru. ORCID: 0000-0002-2910-2284.

Поступила: 15.07.2019. Принята к печати: 5.11.2019.

Контент доступен под лицензией CC BY 4.0.

## About the Authors

- **Skurikhina Yulia E.** – Cand. Sci. (Med.), associate professor of Department of Epidemiology and Military Epidemiology of Pacific State Medical University, Ostryakova ave., 2, Vladivostok, Russia, Russia 690002 Vladivostok. +79146765047, eesku@mail.ru.
- **Vacheslav B. Turkutyukov** – Dr. Sci. (Med.), professor, Head of the Department of Epidemiology and Military Epidemiology of Pacific State Medical University, Ostryakova ave., 2, Vladivostok, Russia, Russia 690002 Vladivostok. +79147347500, clinbact.dvfo@inbox.ru. ORCID: 0000-0002-2910-2284.

Received: 15.07.2019. Accepted: 5.11.2019

Creative Commons Attribution CC BY 4.0.