



Лапо Т.П.✉, Аношко О.Н., Кищенко Е.Н., Савинова О.В., Сивец Н.В., Шмельёва Н.П.
Республиканский научно-практический центр эпидемиологии и микробиологии,
Минск, Беларусь

Mycoplasma pneumoniae и Chlamydomphila pneumoniae в этиологической структуре возбудителей респираторных инфекций детского населения Республики Беларусь в период эпидемических сезонов 2017–2022 гг.

Конфликт интересов: не заявлен.

Вклад авторов: концепция и дизайн исследования, сбор и исследование материала, анализ полученных данных и статистическая обработка, написание текста – Лапо Т.П.; концепция и дизайн исследования, сбор и исследование материала, статистическая обработка, редактирование – Аношко О.Н.; концепция и дизайн исследования, сбор и исследование материала – Кищенко Е.Н.; концепция и дизайн исследования, сбор и исследование материала, редактирование – Савинова О.В.; концепция и дизайн исследования, сбор и исследование материала, систематизация – Сивец Н.В.; концепция статьи, концепция и дизайн исследования, анализ полученных данных, редактирование – Шмельёва Н.П.

Подана: 20.03.2023

Принята: 18.04.2023

Контакты: tatyanalapo@gmail.com

Резюме

Введение. Вклад *Mycoplasma pneumoniae* и *Chlamydomphila pneumoniae* в этиологическую структуру респираторной патологии детского населения остается недооценен из-за схожести клинической картины с заболеваниями вирусной природы. Изучение роли данных возбудителей в этиологической структуре респираторных заболеваний позволит сформировать правильный подход к диагностике и лечению инфекций дыхательных путей.

Цель. Определить вклад *Mycoplasma pneumoniae* и *Chlamydomphila pneumoniae* в формирование этиологической структуры возбудителей респираторных инфекций детского населения Республики Беларусь в период эпидемических сезонов 2017–2022 гг.

Материалы и методы. В данной работе проанализированы результаты исследования клинического материала (назофарингеальные мазки) пациентов в возрасте от 0 до 17 лет с симптомами респираторных заболеваний, поступившего в РНПЦ эпидемиологии и микробиологии в эпидемический и межэпидемический периоды сезонов 2017–2018 гг., 2018–2019 гг., 2019–2020 гг., 2020–2021 гг., 2021–2022 гг. Образцы были исследованы методом ПЦР на содержание генетического материала следующих респираторных возбудителей: *Mycoplasma pneumoniae*, *Chlamydomphila pneumoniae*, вирусы гриппа А и В, вирусы парагриппа 1–4-го типа, аденовирус, бокапарвовирус, метапневмовирус, риновирус, респираторно-синцитиальный вирус, сезонные коронавирусы NL63, BetaCoV1, HKU1, 229E, с 2020 года – новый коронавирус SARS-CoV-2.

Результаты. За весь период наблюдения было протестировано 3763 клинических образца. Генетический материал *Mycoplasma pneumoniae* был обнаружен в диапазоне от 6,7% до 11,7% от общего числа положительных образцов в зависимости

от эпидемического сезона. Доля образцов, содержащих ДНК *Chlamydomphila pneumoniae*, составила 5,4% и 11,4% в сезоны наиболее активной циркуляции.

Заключение. *Mycoplasma pneumoniae* и *Chlamydomphila pneumoniae* активно циркулируют среди детского населения Республики Беларусь наряду с другими возбудителям респираторных инфекций. С появлением коронавируса SARS-CoV-2 активность данных патогенов значительно снизилась, что может быть связано с мероприятиями, направленными на предотвращение распространения инфекции COVID-19, явлением интерференции или их естественными особенностями циркуляции.

Ключевые слова: дети, *Mycoplasma pneumoniae*, *Chlamydomphila pneumoniae*, инфекции дыхательных путей, ПЦР

Lapo T., Anoshka V., Kishchanka K., Savinava V., Sivets N., Shmialiova N.
The Republican Research and Practical Center for Epidemiology and Microbiology,
Minsk, Belarus

Mycoplasma Pneumoniae and Chlamydomphila Pneumoniae in the Etiological Structure of Respiratory Pathogens among Children of the Republic of Belarus during the Epidemic Seasons of 2017–2022

Conflict of interest: nothing to declare.

Authors' contribution: Lapo T. participated in developing the study concept and design, collecting and researching of the gained material, analyzing data, statistical data processing, writing the article; Anoshka V. participated in developing the study concept and design, collecting and researching of the gained material, statistical data processing, editing the article; Kishchanka K. participated in developing the study concept and design, collecting and researching of the gained material; Savinava V. participated in developing the study concept and design, collecting and researching of the gained material, editing the article; Sivets N. participated in developing the study concept and design, collecting and researching of the gained material, systematization; Shmialiova N. participated in developing the concept of article, the study concept and design, analyzing data, editing the article.

Submitted: 20.03.2023

Accepted: 18.04.2023

Contacts: tatyanalapo@gmail.com

Abstract

Introduction. The contribution of *Mycoplasma pneumoniae* and *Chlamydomphila pneumoniae* to the etiological structure of the respiratory tract infections among children remains underestimate due to the similar clinical picture with the infections of a viral nature. The awareness of the true role of these pathogens in the etiological structure of the respiratory diseases will help to form correct approach to making a diagnosis and prescription.

Purpose. To estimate the contribution of *Mycoplasma pneumoniae* and *Chlamydomphila pneumoniae* in the etiological structure of respiratory infections pathogens among children of the Republic of Belarus during the epidemic seasons of 2017–2022.

Materials and methods. In this study we analyzed the results of PCR testing of the nasopharyngeal samples obtained from children during epidemic seasons of 2017–2018, 2018–2019, 2019–2020, 2020–2021, 2021–2022. We detected all the samples to have

the genetic material of the following respiratory pathogens: *Mycoplasma pneumoniae*, *Chlamydomphila pneumoniae*, influenza viruses A and B, parainfluenza viruses types 1–4, adenovirus, bocaparvovirus, metapneumovirus, rhinovirus, respiratory syncytial virus, seasonal coronaviruses NL63, BetaCoV1, HKU1, 229E, since 2020 – novel coronavirus SARS-CoV-2.

Results. During the entire observation period, 3763 clinical specimens were tested. The genetic material of *Mycoplasma pneumoniae* was found in the range from 6.7% to 11.7% out of the total number of positive samples, depending on the epidemic season. The prevalence of samples containing DNA of *Chlamydomphila pneumoniae* was 5.4% and 11.4% during the seasons with the most active circulation.

Conclusion. *Mycoplasma pneumoniae* and *Chlamydomphila pneumoniae* are actively circulating among the child population of the Republic of Belarus along with other respiratory pathogens. With the advent of the SARS-CoV-2 coronavirus, the activity of these pathogens has significantly decreased, which may be due to measures preventing the spread of COVID-19 infection, the phenomenon of interference, or their natural features of circulation.

Keywords: children, *Mycoplasma pneumoniae*, *Chlamydomphila pneumoniae*, respiratory tract infection, PCR

■ ВВЕДЕНИЕ

Острые респираторные инфекции занимают одно из лидирующих мест среди инфекционных заболеваний во всем мире. Это во многом обусловлено широким разнообразием респираторных возбудителей, восприимчивостью к ним всех возрастных групп населения и формированием непродолжительного иммунитета. Согласно данным Всемирной организации здравоохранения, инфекции нижних дыхательных путей по состоянию на 2019 г. занимали четвертое место в списке ведущих причин смертности в мире [1]. Респираторные возбудители *Mycoplasma pneumoniae* и *Chlamydomphila pneumoniae*, относящиеся к домену бактерий, как правило, исследуются совместно с респираторными патогенами вирусной природы. Нередко клиническая картина инфекционного заболевания, вызванного данными респираторными агентами, носившими название «атипичных» в начале своего открытия, протекает без яркой симптоматики. Это не всегда позволяет дифференцировать природу заболевания и вовремя назначить противомикробные средства. Прямые высокочувствительные методы диагностики на основе амплификации нуклеиновых кислот, такие как ПЦР, не всегда доступны в практике лечащего врача. Культивирование на специально обогащенных питательных средах, являющееся «золотым стандартом» выявления бактериальных инфекций, мало подходит для рутинной работы в связи с длительностью проведения исследования. Чаще всего для идентификации инфекций, вызванных *Mycoplasma pneumoniae* и *Chlamydomphila pneumoniae*, используют серологические методы, однако следует учитывать, что они не обладают высокой чувствительностью и специфичностью. Правильная постановка диагноза и корректное медицинское назначение лекарственных средств особенно важны при лечении данных инфекций среди детей, так как *Mycoplasma pneumoniae* и *Chlamydomphila*

рнеumoniae могут длительно персистировать в клетках респираторного эпителия, обуславливая формирование хронической бронхолегочной патологии и способствуя возникновению аллергических реакций. Зачастую у переболевших отмечают повторные инфекции дыхательных путей, протекающие с обструкцией, тенденцией к затяжному течению и рецидивированию [2, с. 74].

Таким образом, при выборе лечения пациентов детского возраста с инфекциями дыхательных путей одну из ключевых ролей играет информированность лечащего врача о возможных этиологических агентах при данной форме заболевания и эпидемиологических особенностях их циркуляции. Расшифровка этиологического спектра возбудителей, являющихся причиной возникновения респираторных инфекций среди детского населения Республики Беларусь, не только позволяет получить представление о структуре респираторной патологии, но и помогает сформировать систему знаний, необходимую для последующего выбора тактики ведения пациентов, что в дальнейшем позволит снизить частоту развития осложнений и хронизации воспалительного процесса.

■ ЦЕЛЬ ИССЛЕДОВАНИЯ

Определить вклад *Mycoplasma pneumoniae* и *Chlamydomphila pneumoniae* в формирование этиологической структуры возбудителей респираторных инфекций детского населения Республики Беларусь в период эпидемических сезонов 2017–2022 гг.

■ МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Материалом для исследования являлись назофарингеальные мазки пациентов в возрасте от 0 до 17 лет с симптомами респираторных заболеваний, полученные в рамках дозорного надзора за гриппом и острыми респираторными вирусными инфекциями (ОРВИ). В данной работе проанализированы результаты исследования образцов, отобранных в эпидемический и межэпидемический периоды сезонов 2017–2018 гг., 2018–2019 гг., 2019–2020 гг., 2020–2021 гг., 2021–2022 гг. Длительность эпидемического сезона для Республики Беларусь определяется как период времени, для которого характерна наибольшая вероятность эпидемического подъема заболеваемости респираторными инфекциями, в частности гриппом, и измеряется календарными неделями (к. н.). Эпидемический сезон в нашей стране, как и во всех странах Северного полушария, начинается с 40-й к. н. текущего года и продолжается до 20-й к. н. следующего года.

Выделение РНК/ДНК из биологического материала проводили с использованием набора «Нукле Сорб», ТУ BY 100558032.248 – 2015 (РНПЦ ЭМ, Беларусь), постановку реакции обратной транскрипции – с применением набора «РЕВЕРТАЗА-М-MuLV-50», ТУ BY 100558032.306 – 2015 (РНПЦ ЭМ, Беларусь). Помимо *Mycoplasma pneumoniae* и *Chlamydomphila pneumoniae* спектр диагностируемых возбудителей включал в себя вирусы гриппа А и В, парагриппа 1–4-го типа, аденовирус, бокапарвовирус, метапневмовирус, риновирус, респираторно-синцитиальный вирус, сезонные коронавирусы NL63, BetaCoV1, HKU1, 229E, с 2020 года – новый коронавирус SARS-CoV-2. Выявление генетического материала респираторных возбудителей проводили методом ПЦР с использованием наборов реагентов: «ФЛУ-ген», ТУ BY 100558032.304-2015; «ОРВИ-ген» ТУ BY 100558032.248 – 2015; «КОРОНА-ген» ТУ BY 100558032.414 –

2019, «COVID-19 скрин» ТУ BY 100558032.421 – 2020 (РНПЦ ЭМ, Беларусь), «Ампли-Сенс® Mycoplasma pneumoniae/Chlamydomphila pneumoniae – FL» (АмплиСенс, Россия), ПНЕВМО-ген», ТУ BY 100558032.427 – 2022 (РНПЦ ЭМ, Беларусь). Постановку ПЦР проводили на амплификаторах RotorGene 6000 (Corbett Research, Австралия), Real-time CFX96 Touch (Bio-Rad, США). Доверительные интервалы для частот и долей рассчитывали по методу Уилсона без учета поправки на непрерывность. Обработка данных проводилась с помощью функций пакета анализа Microsoft Office Excel 2013 под управлением операционной системы Windows 8.1. Для сравнения совокупностей по качественным признакам применяли анализ четырехпольных таблиц сопряженности, рассчитывали критерий χ^2 с уровнем значимости $p < 0,05$ и/или $p < 0,001$. Статистическая обработка данных проводилась с использованием онлайн-программ Wassar Stats: Web Site for Statistical Computation (<http://faculty.vassar.edu/lowry/prop1.html>) и MEDSTATISTIC.RU.

■ РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

За весь период исследования на содержание генетического материала респираторных патогенов было проанализировано 3763 клинических образца, полученных от детей разных возрастных групп. В табл. 1 указано количество образцов, вошедших в работу, с распределением по сезонам и возрастным группам.

Сезон 2019–2020 гг. отличался небольшим количеством исследований по сравнению с другими эпидемическими сезонами: в работу были взяты образцы, полученные с 20-й к. н. 2019 г. по 5-ю к. н. 2020 г. Это связано с появлением нового коронавируса SARS-CoV-2, об обнаружении которого впервые сообщили власти КНР 31 декабря 2019 г., а в марте 2020 г. распространение ассоциированного с ним нового инфекционного заболевания COVID-19 приобрело статус пандемии [3]. В связи с возникновением новой угрозы исследования по расшифровке спектра возбудителей респираторных инфекций были приостановлены до конца сезона и все ресурсы медицинских лабораторий были направлены на выявление случаев заболевания COVID-19. Возобновленные в октябре 2020 года исследования по выявлению генетического материала возбудителей респираторных инфекций среди детей показывают, что наиболее частым возбудителем ОРВИ с установленной этиологией был коронавирус SARS-CoV-2, что указывает на преобладающую роль данного респираторного патогена в формировании заболеваемости ОРВИ у детей [4, с. 11]. Активная

Таблица 1
Количество исследованных образцов в зависимости от эпидемического сезона и возрастной группы детского населения
Table 1

The number of studied samples depending on the epidemic season and the age group of the population

Возрастная группа	Сезон 2017–2018	Сезон 2018–2019	Сезон 2019–2020	Сезон 2020–2021	Сезон 2021–2022	Всего
0–1 год	165	94	51	127	139	576
2–5 лет	315	199	91	412	427	1444
6–17 лет	218	96	91	688	650	1743
Всего	698	389	233	1227	1216	3763

циркуляция коронавируса SARS-CoV-2 наблюдалась на фоне снижения эпидемической активности других респираторных возбудителей, в том числе *Mycoplasma pneumoniae* и *Chlamydia pneumoniae*. Появление нового респираторного патогена и введение ограничительных мероприятий по предотвращению его распространения, таких как социальное дистанцирование, введение масочного режима, а также широкое применение дезинфицирующих средств, изменило общую картину циркуляции респираторных возбудителей, характерную для допандемического периода. В табл. 2 представлена этиологическая структура возбудителей респираторных инфекций среди детского населения Республики Беларусь в сезоны 2017–2018 гг., 2018–2019 гг., 2019–2020 гг.

Эпидемические сезоны 2017–2018 гг., 2018–2019 гг., 2019–2020 гг. мало различались по спектру циркулирующих патогенов. В этот период лидирующая роль в этиологической структуре возбудителей респираторных инфекций среди детского

Таблица 2
Этиологическая структура возбудителей респираторных инфекций среди детского населения Республики Беларусь в эпидемические сезоны 2017–2018 гг., 2018–2019 гг., 2019–2020 гг.
Table 2
Etiological structure of respiratory pathogens among the child population of the Republic of Belarus during epidemic seasons 2017–2018, 2018–2019, 2019–2020

Наименование респираторного патогена	Сезон 2017–2018 гг.			Сезон 2018–2019 гг.			Сезон 2019–2020 гг.		
	N*	%	95% ДИ	N	%	95% ДИ	N	%	95% ДИ
Вирус гриппа А (H1N1)pdm09	29	8,7	6,1–12,2	32	16,40	11,9–22,3	5	8,3	13,6–18,1
Вирус гриппа А (H3N2)	8	2,4	1,2–4,7	25	12,80	8,8–18,2	1	1,7	0,3–8,9
Вирус гриппа В	35	10,5	7,6–14,2	–	–	–	2	3,3	0,9–11,4
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	37	11,1	8,2–14,9	13	6,70	3,9–11,1	7	11,70	5,8–22,2
<i>Chlamydia pneumoniae</i>	18	5,4	3,4–8,4	22	11,30	7,6–16,5	–	–	–
Риновирус	50	15,0	11,5–19,2	38	19,50	14,5–25,6	8	13,30	6,9–24,2
Сезонные коронавирусы BetaCov, NL63, 229E, HKU1	26	7,8	5,4–11,1	22	11,30	7,6–16,5	14	23,30	14,4–35,4
Аденовирус	16	4,8	2,9–7,6	8	4,10	2,1–7,9	4	6,70	2,6–15,9
Бокавирус	18	5,4	3,4–8,4	3	1,50	0,5–4,4	5	8,30	3,6–18,1
Вирусы парагриппа 1–4-го типа	19	5,7	3,7–8,7	8	4,10	2,1–7,9	12	20	11,8–31,8
РС-вирус	12	3,6	2,1–6,2	3	1,50	0,5–4,4	3	5	3,6–18,1
Метапневмовирус	1	0,3	0,05–1,7	–	–	–	–	–	–
Микст-инфекция	65	19,5	15,6–24,0	21	10,80	7,2–15,9	7	11,70	5,7–22,2
Всего	334	100,0	–	195	100,00	–	60	100,00	–

Примечание: * N – абсолютное количество образцов, содержащих генетический материал респираторных возбудителей.

населения принадлежала вирусам гриппа, на долю которых в сумме приходилось 21,6% (95% ДИ: 17,5; 26,3) положительных образцов в сезон 2017–2018 гг., 29,2% (95% ДИ: 23,3; 36,0) – в 2018–2019 гг., 13,3% (95% ДИ: 6,9; 24,2) – в 2019–2020 гг. Так, сезон 2017–2018 гг. характеризовался совместной циркуляцией вирусов гриппа типа В (10,5%) и типа А с преобладанием подтипа А (H1N1)pdm09 (8,7%). Для сезона 2018–2019 гг. отмечалась совместная циркуляция вирусов гриппа типа А: 12,8% положительных находок приходилось на подтип А (H3N2), 16,4% – на А (H1N1)pdm09. В сезон 2019–2020 гг. наблюдалась активная циркуляция вирусов гриппа А (H1N1)pdm09, на долю которого приходилось 8,3% положительных образцов, и гриппа В – 3,3%. Полученные данные сопоставимы с характеристикой соответствующих эпидемических сезонов для стран Северного полушария [5–7].

Значимое место в формировании респираторной патологии среди детского населения республики занимал риновирус, на долю которого приходилось 15,0%, 19,5% и 13,3% от общего числа положительных образцов в сезоны 2017–2018 гг., 2018–2019 гг., 2019–2020 гг. соответственно. *Mycoplasma pneumoniae* и *Chlamydomphila pneumoniae* также активно циркулировали на протяжении вышеуказанных сезонов. ДНК *Mycoplasma pneumoniae* была обнаружена в 11,1% положительных образцов в 2017–2018 гг., в 6,7% – в 2018–2019 гг., в 11,7% – в 2019–2020 гг., в то время как *Chlamydomphila pneumoniae* была выявлена в сезоны 2017–2018 гг. и 2018–2019 гг. в 5,4% и 11,3% от общего числа положительных находок. Сезонные коронавирусы довольно часто встречались среди этиологических агентов респираторных заболеваний: 7,8%, 11,3%, 23,3% положительных образцов в сезон 2017–2018 гг., 2018–2019 гг., 2019–2020 гг. соответственно. Реже в клинических образцах был выявлен генетический материал адено-, бокапарво-, респираторно-синцитиального вирусов.

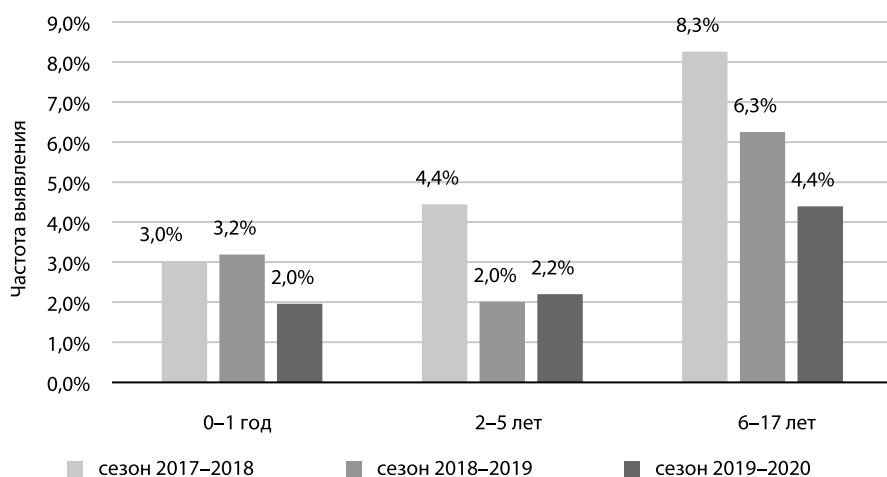


Рис. 1. Частота выявления *Mycoplasma pneumoniae* в возрастных категориях детского населения Республики Беларусь в 2017–2018 гг., 2018–2019 гг., 2019–2020 гг.

Fig. 1. The frequency of detection of *Mycoplasma pneumoniae* in the age groups of the child population of the Republic of Belarus in 2017–2018, 2018–2019, 2019–2020



Для анализа частоты выявления ДНК *Mycoplasma pneumoniae* и *Chlamydomphila pneumoniae* все образцы, содержащие генетический материал данных возбудителей, были разделены на три группы в зависимости от возраста пациентов: 0–1 год, дети дошкольного возраста от 2 до 5 лет, дети школьного возраста от 6 до 17 лет. На рис. 1 представлена частота выявления *Mycoplasma pneumoniae* в годы своей наиболее активной циркуляции.

Показатель частоты выявления *Mycoplasma pneumoniae* был максимальным в возрастной группе 6–17 лет в сезоне 2019–2020 гг. и составил 8,3% (95% ДИ: 5,3; 12,7). В сезоне 2018–2019 гг. значения данного показателя для образцов, полученных от пациентов школьного возраста, также превысили аналогичные значения для других возрастных групп – 6,3% (95% ДИ: 2,9; 12,9), однако статистически значимых различий частоты выявления микоплазм в зависимости от возраста выявлено не было ($p > 0,05$).

Частота выявления *Chlamydomphila pneumoniae* была максимальной в 2018–2019 гг. в возрастной группе 0–1 год, значение данного показателя составило 10,6% (95% ДИ: 5,9; 18,5) (рис. 2). Для детей в возрасте от 6 до 17 лет в этом же сезоне – 5,2% (95% ДИ: 2,3; 11,6). Показатели частоты выявления *Chlamydomphila pneumoniae* в зависимости от возрастной группы и сезона статистически значимо не различались ($p > 0,05$).

Как уже отмечалось выше, появление нового респираторного агента не только привело к развитию самой масштабной пандемии со времен 2009 года, вызванной в то время вирусом гриппа А (H1N1)pdm09, но и существенно повлияло на снижение эпидемической активности других респираторных возбудителей, в том числе *Mycoplasma pneumoniae* и *Chlamydomphila pneumoniae*.

Масштабные исследования, проведенные в странах Европы, показали значительное снижение частоты выявления возбудителей респираторных инфекций в первый год (с 1 апреля 2020 г. по 31 марта 2021 г.) после внедрения ограничительных

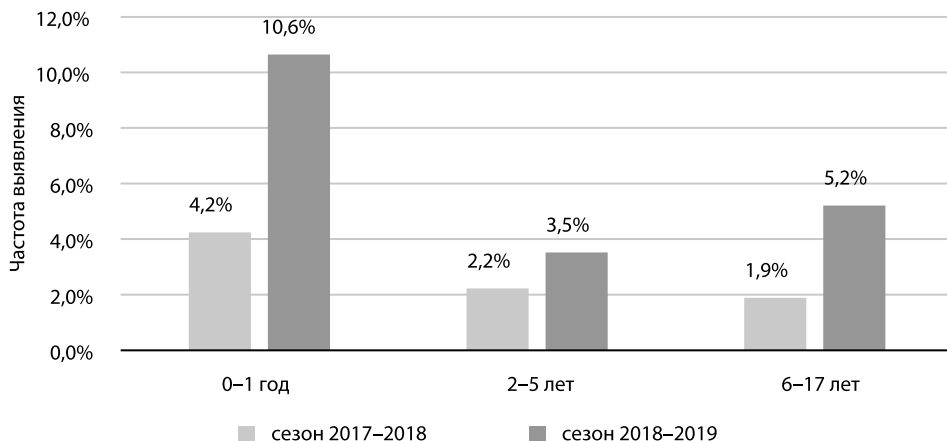


Рис. 2. Частота выявления *Chlamydomphila pneumoniae* в возрастных категориях детского населения Республики Беларусь в 2017–2018 гг., 2018–2019 гг.
Fig. 2. The frequency of detection of *Chlamydomphila pneumoniae* in the age groups of the child population of the Republic of Belarus in 2017–2018, 2018–2019

мероприятий, направленных на предотвращение распространения инфекции COVID-19, по сравнению с предыдущим периодом [8]. Отмена мероприятий по социальному дистанцированию способствовала возвращению в активную циркуляцию многих респираторных патогенов, но не *Mycoplasma pneumoniae*. По результатам наблюдений в период с 1 апреля 2021 г. по 31 марта 2022 г. в образцах, исследованных в 20 странах Европы, Азии, Америки и Океании, прямыми методами исследования (ПЦР, тест на антиген) только в 0,06% была выявлена ДНК *Mycoplasma pneumoniae*. Ожидаемого роста заболеваемости *Mycoplasma pneumoniae* среди детей школьного возраста, которые чаще болеют данной инфекцией, зарегистрировано не было. Несмотря на то, что на территории Республики Беларусь не вводились строгие ограничительные мероприятия, направленные на поддержание социального дистанцирования, для детского населения нашей страны наблюдалась аналогичная картина. На рис. 3 указана частота выявления респираторных возбудителей в течение пяти эпидемических сезонов. Представленные данные свидетельствуют о снижении активности циркуляции *Mycoplasma pneumoniae* и *Chlamydomphila pneumoniae*, а также других респираторных возбудителей с момента регистрации положительных образцов, содержащих коронавирус SARS-CoV-2.

Сезоны 2017–2018 гг. и 2018–2019 гг. отличались разнообразием циркулирующих респираторных возбудителей среди детского населения Беларуси. Высокая активность вирусов гриппа отмечалась в зимне-весенние месяцы с пиком частоты выявления в марте 2018 г. и феврале 2019 г. *Mycoplasma pneumoniae* и *Chlamydomphila pneumoniae* также достаточно часто встречались в образцах пациентов с симптомами респираторных заболеваний. Наибольшее количество образцов, содержащих ДНК *Mycoplasma pneumoniae*, было зарегистрировано в период с июня по сентябрь

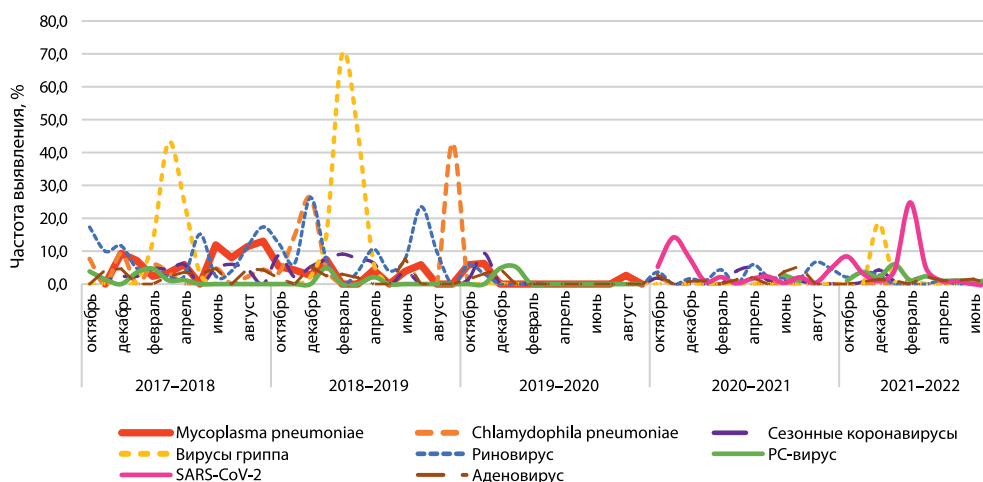


Рис. 3. Частота выявления генетического материала возбудителей респираторных инфекций среди детского населения Республики Беларусь в сезоны 2017–2018 гг., 2018–2019 гг., 2019–2020 гг., 2021–2022 гг.

Fig. 3. The positive rates detection of genetic material of respiratory pathogens among children during 2017–2018, 2018–2019, 2019–2020, 2021–2022 epidemic seasons in Republic of Belarus

2018 года с частотой выявления 11,9% (95% ДИ: 5,2; 24,9) в июне, 11,36% (95% ДИ: 5,0; 23,4) – в августе и 13,04% и (95% ДИ: 4,5; 32,1) в сентябре. Пик частоты выявления *Chlamydophila pneumoniae* приходился на ноябрь и декабрь 2018 года: 14,9% (95% ДИ: 7,4; 27,7) и 26,3% (95% ДИ: 15,0; 42,0) соответственно.

С началом активной циркуляции нового коронавируса SARS-CoV-2 на территории нашей страны резко снизилось число случаев респираторных инфекций, ассоциированных с другими респираторными патогенами, в том числе *Mycoplasma pneumoniae* и *Chlamydophila pneumoniae*. В сезоны 2020–2021 гг., 2021–2022 гг. в условиях активного распространения коронавируса SARS-CoV-2 генетический материал других респираторных возбудителей значительно реже встречался в клиническом материале пациентов. Среди образцов, исследованных в постпандемический период, ДНК *Chlamydophila pneumoniae* была выявлена в 1 случае, в то время как генетический материал *Mycoplasma pneumoniae* выявлен не был. Следует отметить, что в отличие от *Chlamydophila pneumoniae*, сезонность циркуляции для которой не установлена, для *Mycoplasma pneumoniae* характерны естественные периоды подъема заболеваемости продолжительностью 1–3 года с 3–7-летними интервалами [9, 10]. Таким образом, отсутствие положительных находок данных патогенов может быть связано с явлением интерференции, когда один возбудитель подавляет циркуляцию других коинфицирующих агентов, или с естественными особенностями циркуляции.

■ ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В ходе проведенного нами исследования было установлено, что *Mycoplasma pneumoniae* и *Chlamydophila pneumoniae* активно циркулируют на территории Республики Беларусь наряду с другими возбудителями респираторных инфекций детского населения. Число положительных образцов, содержащих ДНК данных патогенов, составило в отдельные сезоны 11,7% для *Mycoplasma pneumoniae* и 11,3% для *Chlamydophila pneumoniae*.

Частота выявления данных возбудителей отличалась в зависимости от возрастной группы пациентов и была максимальной для хламидофилы (10,6%) в возрастной группе 0–1 год в сезоне 2018–2019 гг., для микоплазмы – среди детей от 6 до 17 лет в сезоне 2017–2019 гг. (6,3%) ($p > 0,05$). С появлением коронавируса SARS-CoV-2 активность многих респираторных возбудителей, в том числе *Mycoplasma pneumoniae* и *Chlamydophila pneumoniae*, значительно снизилась, что может объясняться как введением ряда мероприятий, направленных на предотвращение распространения инфекции COVID-19, так и явлением интерференции или естественными особенностями циркуляции респираторных возбудителей. Для выявления возможных особенностей эпидемического процесса для *Mycoplasma pneumoniae* и *Chlamydophila pneumoniae* на территории Беларуси необходим более длительный период наблюдения.

■ ЛИТЕРАТУРА/REFERENCES

1. *The top 10 causes of death. World Health Organization 2019.* Available at: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/the-top-10-causes-of-death>
2. Levina A., Babchenko I. The etiological structure of diseases in frequently ill children depending on age. *Ros. Vestn. Perinatol. i Pediatr.* 2017;62(2):72–77. doi: 10.21508/1027–4065–2017–62–2–72–77 (in Russian)
3. *WHO Director-General's opening remarks at the media briefing on COVID-19 - 11 March 2020. World Health Organization 2020.* Available at: <https://www.who.int/director-general/speeches/detail/who-director-general-s-opening-remarks-at-the-media-briefing-on-covid-19---11-march-2020>
4. Anoshko O. Covid-19 infection in acute respiratory viral infections structure in children in Belarus, 2020–2021. *Sovremennye problemy infektsionnoi patologii cheloveka. 14th.* Minsk: Izd. tsentr BGU; 2022. (in Russian)
5. *Seasonal influenza, 2017–2018. European Centre for Disease Prevention and Control 2018.* Available at: https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/AER_for_2017-seasonal-influenza.pdf
6. *Seasonal influenza, 2018–2019. European Centre for Disease Prevention and Control 2019.* Available at: https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/AER_for_2018_seasonal-influenza-corrected.pdf
7. *Influenza virus characterisation – Summary Europe, September 2020. European Centre for Disease Prevention and Control 2020.* Available at: <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/influenza-characterisation-report-september-2020.pdf>
8. Sauter P., Chalker V. Mycoplasma pneumoniae beyond the COVID-19 pandemic: where is it? *The Lancet Microbe.* 2022;3(12):e897. doi: 10.1016/S2666-5247(22)00190-2
9. Yan C., Sun H. Latest surveillance data on Mycoplasma pneumoniae infections in children, suggesting a new epidemic occurring in Beijing. *J. Clin. Microbiol.* 2016;5(54):1400–1401. doi: 10.1128/JCM.00184-16