



ФЕНОТИП АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ *CORYNEBACTERIUM SPP.* И *CORYNEBACTERIUM STRIATUM*: СХОДСТВО И ОТЛИЧИЕ

ФГБОУ ВО «Ростовский государственный медицинский университет» Минздрава РФ, 344022, Ростов-на-Дону, Россия

Цель исследования – сравнительный анализ фенотипа чувствительности и резистентности к antimикробным препаратам (AMP) клинических изолятов недифтерийных коринебактерий и *C. striatum*.

Материал и методы. Клинические штаммы *Corynebacterium spp.* и *C. striatum* идентифицированы методом MALDI-ToF MS (BioMerieux, Франция), определена их чувствительность и резистентность к AMP диско-диффузионным методом. Проведён анализ геномов 796 штаммов *C. striatum*, размещенных в международной базе данных NCBI.

Результаты. Установлено, что исследованные клинические изоляты *Corynebacterium spp.* и *C. striatum* обладают резистентностью к клиндамицину (62,6–77,5 %). Достоверно чаще ($p \leq 0,05$) у штаммов *C. striatum* выявлена резистентность к бензилпенициллину, ципрофлоксацину, моксифлоксацину, гентамицину, тетрациклину,rifампицину по сравнению с изолятами *Corynebacterium spp.* Это соотносится с данными о наличии генов резистентности к AMP (erm, acc, aad, aph), обнаруженных в геномах штаммов *C. striatum* по данным NCBI. Все исследованные клинические штаммы коринебактерий проявляют, в основном, чувствительность к ванкомицину и линезолиду (95,0–98,7 %). Клинические изоляты *C. striatum* характеризуются наличием резистентности ко многим AMP, часто МЛУ, что отличается от аналогичных показателей у *Corynebacterium spp.* AMP выбора для лечения инфекций, вызванных *C. striatum*, являются ванкомицин и линезолид.

Заключение. Учитывая появление отдельных штаммов, обладающих резистентностью к этим AMP, необходим постоянный мониторинг чувствительности и резистентности к AMP *C. striatum* и *Corynebacterium spp.*

Ключевые слова: *C. striatum*; *Corynebacterium spp.*; antimикробные препараты; чувствительность; резистентность

Для цитирования: Харсеева Г.Г., Алутина Э.Л., Щербатая О.С., Сылка О.И., Воронина Н.А., Киселева А.С., Велюханова С.В. Фенотип антибиотикорезистентности *Corynebacterium spp.* и *Corynebacterium striatum*: сходство и отличие. Клиническая лабораторная диагностика. 2026; 71(1): 64-69.

DOI: <https://doi.org/10.51620/0869-2084-2026-71-1-64-69>

EDN: HWRNFJ

Для корреспонденции: Харсеева Галина Георгиевна, д-р мед. наук, проф., зав. кафедрой микробиологии и вирусологии № 2, начальник отдела микробиологии и вирусологии; e-mail: galinagh@bk.ru

Финансирование. Исследование не имело спонсорской поддержки.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Поступила 30.11.2015

Принята к печати 19.12.2025

Опубликовано 25.12.2025

Kharseeva G.G., Alutina E.L., Shcherbataya O.S., Sylka O.I., Voronina N.A., Kiseleva A.S., Velyukhanova S.V.

THE PHENOTYPE OF ANTIBIOTIC RESISTANCE OF *CORYNEBACTERIUM SPP.* AND *CORYNEBACTERIUM STRIATUM*: SIMILARITIES AND DIFFERENCES

Federal State Educational Institution of Higher Education «Rostov State Medical University» Ministry of Health of Russia, 344022, Rostov-on-Don, Russia

*The aim of the study was to comparatively analyze the phenotype of sensitivity and resistance to antimicrobial agents in clinical isolates of non-diphtheria corynebacteria and *C. striatum*. Clinical strains of *Corynebacterium spp.* and *C. striatum* were identified by mass spectrometry (MALDI-ToFMS, BioMerieux, France), and their sensitivity and resistance to antimicrobial agents (AMPs) were determined using the disk diffusion method. The genomes of 796 *C. striatum* strains stored in the NCBI international database were analyzed. It was found that the studied clinical isolates of *Corynebacterium spp.* and *C. striatum* were resistant to clindamycin (62.6–77.5 %). Resistance to benzylpenicillin, ciprofloxacin, moxifloxacin, gentamicin, tetracycline, and rifampicin was significantly more frequent ($p \leq 0.05$) in *C. striatum* strains compared to *Corynebacterium spp.* isolates. This was consistent with the presence of AMP resistance genes (erm, acc, aad, aph) found in the genomes of *C. striatum* strains according to NCBI data. All studied clinical strains of corynebacteria showed mainly sensitivity to vancomycin and linezolid (95.0–98.7%). Thus, clinical isolates of *C. striatum* were characterized by resistance to many AMPs, often multiple, which differed from similar indicators in *Corynebacterium spp.* Vancomycin and linezolid are the drugs of choice for treating infections caused by *C. striatum*. Given the emergence of individual strains resistant to these antibiotics, continuous monitoring of antibiotic susceptibility and resistance is necessary for both *C. striatum* and *Corynebacterium spp.**

Key words: *C. striatum*; *Corynebacterium spp.*; antimicrobial drugs; sensitivity; resistance

For citation: Kharseeva G.G., Alutina E.L., Shcherbataya O.S., Sylka O.I., Voronina N.A., Kiseleva A.S., Velyukhanova S.V. The phenotype of antibiotic resistance of *Corynebacterium spp.* and *Corynebacterium striatum*: similarities and differences. Klinicheskaya Laboratoriya Diagnostika (Russian Clinical Laboratory Diagnostics). 2026; 71(1): 64-69 (in Russ.)

DOI: <https://doi.org/10.51620/0869-2084-2026-71-1-64-69>

EDN: HWRNFJ

For correspondence: Galina G. Kharseeva, MD, Professor, Head of the Department of Microbiology and Virology № 2, Head of the Department of Microbiology and Virology; e-mail: galinagh@bk.ru

Information about authors:

Kharseeva G.G.,	https://orcid.org/0000-0002-6226-2183;
Alutina E.L.,	https://orcid.org/0000-0001-6968-0583;
Shcherbataya O.S.,	https://orcid.org/0000-0002-0507-3853;
Sylka O.I.,	https://orcid.org/0009-0000-9145-4670;
Voronina N.A.,	https://orcid.org/0000-0002-9655-6876;
Kiseleva A. S.,	https://orcid.org/0009-0004-6619-1986;
Velukhanova S.V.,	https://orcid.org/0009-0000-0002-1280;

Funding. The study had no sponsor support.

Conflict of interest. The authors declare no conflict of interest.

Received 30.11.2025

Accepted 19.12.2025

Published 25.12.2025

ВВЕДЕНИЕ

Важную роль в распространении антибиотикорезистентности сыграла пандемия COVID-19, во время которой значительно возросла устойчивость микробов, особенно условно-патогенных (УПМ), ко многим антимикробным препаратам (АМП). Это еще более увеличило необходимость мониторинга формирования антибиотикорезистентности УПМ и усовершенствования существующих подходов борьбы с нею. Значительную часть микробиоты организма человека составляют недифтерийные коринебактерии, среди которых выделяется вид *C. striatum*, отличающийся, как правило, наличием множественной лекарственной устойчивости (МЛУ) ко многим АМП [1-6]. У бактерий, в частности *Corynebacterium* spp., фенотип антибиотикорезистентности не всегда коррелирует с наличием соответствующих генов [7], тогда как у *C. striatum*, наоборот, наблюдается, в основном, полное соответствие фенотипических проявлений резистентности к АМП и генетических детерминант, их кодирующих.

Большинство клинических изолятов *C. striatum*, как и *Corynebacterium* spp., проявляют резистентность к клиндамицину [8]. Многие штаммы *C. striatum* имеют фенотип MLS (резистентность к макролидам, линкозамидам, стрептограммину) [6, 9], увеличивается количество клинических изолятов, резистентных к фторхинолонам [6, 8, 9, 10]. Периодически выявляют штаммы *C. striatum* с резистентностью к линезолиду, что вызывает особую настороженность, поскольку линезолид является АМП выбора при лечении пациентов, инфицированных штаммами *C. striatum* с МЛУ [11]. В последние годы появляются штаммы *C. striatum*, резистентные к даптомицину [9, 12, 13].

У недифтерийных коринебактерий и, особенно *C. striatum*, чаще обнаруживают кодирующие резистентность к различным АМП гены *ermX*, *ctxM*, *sull*, *tet(W)* [14, 15], реже – *aac(6')-Ia*, *aac(6')-I-b7*, *aph(3')-Vla* и др. [16]. Располагаются эти гены у коринебактерий в составе плазмид и мобильных генетических элементов (транспозоны, инсерционные последовательности, реже, интегроны), что создает предпосылки для их горизонтального переноса другим УПМ [17], и свидетельствует о необходимости пристального внимания к *Corynebacterium* spp., особенно *C. striatum*, как важных факторов распространения антибиотикорезистентности в популяции [18, 19].

В связи с вышеизложенным, представляет интерес

провести сравнительный анализ фенотипа чувствительности и резистентности к АМП недифтерийных коринебактерий и *C. striatum*. Это позволит расширить представление о распространении резистентности к АМП в популяции УПМ и может быть полезным при проведении клинической лабораторной диагностики инфекционных заболеваний.

ЦЕЛЬ ИССЛЕДОВАНИЯ – сравнительный анализ фенотипа чувствительности и резистентности к АМП клинических изолятов недифтерийных коринебактерий и *C. striatum*.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Клинические штаммы *Corynebacterium* spp. (238 шт.) выделены из биоматериала (мокрота, отделяемое слизистой оболочки ротоглотки, полости носа, цервикального канала, наружного слухового прохода, заднего свода влагалища) от детей (4–15 лет) и взрослых (18–70 лет). Клинические изоляты *C. striatum* (40 шт.) от взрослых (39–74 лет) выделены из раневого отделяемого, слизистой оболочки ротоглотки, мокроты, бронхо-альвеолярного лаважа. Исследованные штаммы коринебактерий выделены в период 2018–2025 гг. в лаборатории клинической микробиологии ФГБОУ ВО РостГМУ Минздрава России и лаборатории клинической бактериологии ГАУ РО «Областной клинико-диагностический центр». Идентификация исследованных штаммов недифтерийных коринебактерий проведена с помощью анализатора VITEK MS (BioMérieux, Франция) методом время-пролётной масс-спектрометрии.

Определение чувствительности штаммов *Corynebacterium* spp. к АМП проведено диско-диффузионным методом и с помощью автоматизированного бактериализатора VITEK 2 Compact (BioMérieux) к: бензилпенициллину, ципрофлоксацину, моксифлоксацину, гентамицину, ванкомицину, клиндамицину, тетрациклину, линезолиду, рифампицину в соответствии с Клиническими рекомендациями¹. В качестве контроля использованы эталонные *Streptococcus pneumoniae* ATCC 49619 (BD, США), *Staphylococcus aureus* ATCC 29213 (BD, США), *Klebsiella pneumoniae* ATCC 700603 (BD, США), *Escherichia coli* ATCC 25922 (BD, США), *Escherichia coli* ATCC 35218 (BD, США), *Pseudomonas aeruginosa* ATCC

¹ Определение чувствительности микроорганизмов к антимикробным препаратам: клинические рекомендации (EUCAST, 2024). URL: <https://www.antibiotic.ru/library/eucast-eucast-clinical-breakpoints-bacteria-13-0-rus/>.

Таблица 1

Количество клинических штаммов *Corynebacterium* spp., резистентных к АМП (абс / % ± m)

Вид	Количество	Бензилпенициллин	Ципрофлоксацин	Моксифлоксацин	Гентамицин	Ванкомицин	Клиндамицин	Тетрациклин	Линезолид	Рифампицин
<i>C.pseudodiphtheriticum</i>	85	12 5,0 ± 1,4	26 10,9 ± 2,0	4 1,7 ± 0,8	5 2,1 ± 0,9	2 0,8 ± 0,6	59 24,8 ± 2,8	6 2,5 ± 1,0	5 2,1 ± 0,9	9 3,8 ± 1,2
<i>C. propinquum</i>	41	5 2,1 ± 0,9	9 3,8 ± 1,2	3 1,2 ± 0,7	-	-	27 11,3 ± 2,1	8 3,7 ± 1,2	1 0,4 ± 0,4	2 0,8 ± 0,6
<i>C. accolens</i>	27	4	-	2	-	-	11	3	-	3
<i>C. amycolatum</i>	20	7	10	6	5	-	11	6	-	3
<i>C. argentoratense</i>	11	3	6	1	1	1	5	1	-	-
<i>C. otitidis</i>	9	2	2	2	3	-	2	1	1	2
<i>C. durum</i>	8	1	-	-	-	-	6	-	-	-
<i>C. afermentans</i>	8	5	-	-	-	-	6	1	-	-
<i>C. falsenii</i>	6	5	1	1	1	-	3	2	-	-
<i>C. tuberculostearicum</i>	4	1	1	1	1	-	4	1	-	-
<i>C. xerosis</i>	3	1	2	1	-	-	2	1	-	-
<i>C. simulans</i>	3	1	2	-	-	-	3	-	-	-
<i>Corynebacterium</i> spp.	2	1	1	1	1	-	1	1	-	-
<i>C. freneyi</i>	2	-	-	-	-	-	1	-	-	-
<i>C. mucifaciens</i>	2	-	1	-	-	-	1	-	-	-
<i>C. variable</i>	2	2	1	-	-	-	2	2	-	2
<i>C. minutissimum</i>	1	-	-	-	-	-	1	-	-	-
<i>C. kroppenstedtii</i>	1	-	1	1	-	-	1	1	-	-
<i>C. glutamicum</i>	1	-	-	-	-	-	1	-	-	-
<i>C. coyleae</i>	1	1	1	1	-	-	1	-	-	-
<i>C. aurimucosum</i>	1	-	-	-	-	-	1	-	-	-
Всего:	238 100 %	51 21,4 ± 2,7	64 26,9 ± 2,9	24 10,1 ± 2,0	17 7,1 ± 1,7	3 1,3 ± 0,7	149 62,6 ± 3,1	34 14,3 ± 2,3	7 2,9 ± 1,1	21 8,8 ± 1,8

27853 (ГКПМ-Оболенск, Россия), *Haemophilus influenzae* ATCC 497664 (ГКПМ-Оболенск, Россия), *Enterococcus faecalis* ATCC 29212 (ГКПМ-Оболенск, Россия).

Исследованы геномы 796 штаммов *C. striatum*, размещенных в международной базе данных NCBI.

Статистическая обработка результатов проведена с помощью программы STATISTICA 12.0 (StatSoftInc, США) и MedCalc (версия 9.3.5.0).

РЕЗУЛЬТАТЫ

При определении чувствительности к АМП установлено (табл. 1), что наиболее часто среди всех 238 исследованных клинических штаммов *Corynebacterium* spp. регистрировали резистентность к клиндамицину ($62,6 \pm 3,1\%$), реже – к ципрофлоксацину ($26,9 \pm 2,9\%$), бензилпенициллину ($21,4 \pm 2,7\%$), моксифлоксацину ($10,1 \pm 2,0\%$). Исследованные клинические изоляты недифтерийных коринебактерий, в основном, сохраняли чувствительность к ванкомицину и линезолиду: только в единичных случаях выделяли резистентные к этим АМП штаммы ($1,3 \pm 0,7\%$ и $2,9 \pm 1,1\%$ соответственно).

Среди наиболее часто встречающихся видов

Таблица 2

Количество резистентных к АМП клинических штаммов среди наиболее часто встречающихся видов *Corynebacterium* spp. (абс / % ± m)

АМП	<i>C. pseudodiphtheriticum</i>	<i>C. propinquum</i>	<i>C. striatum</i>
Бензилпенициллин	12* 14,1 ± 3,8	5* 12,2 ± 5,2	22 55,0 ± 8,0
Ципрофлоксацин	26* 30,6 ± 5,0	9* 22,0 ± 6,5	31 77,5 ± 6,7
Моксифлоксацин	4* 4,7 ± 2,3	3* 7,3 ± 4,1	32 80,0 ± 6,4
Гентамицин	5* 5,9 ± 2,6	-	23 57,5 ± 7,9
Ванкомицин	2 2,4 ± 1,7	-	2 5,0 ± 3,5
Клиндамицин	59 69,4 ± 5,0	27 65,9 ± 7,5	31 77,5 ± 6,7
Тетрациклин	6* 7,1 ± 2,8	8* 19,5 ± 6,2	28 70,0 ± 7,3
Линезолид	5 5,9 ± 2,6	1 2,4 ± 2,4	1 2,5 ± 2,5
Рифампицин	9* 10,6 ± 3,3	2* 4,9 ± 3,4	28 70,0 ± 7,3
Всего	85 100 %	41 100 %	40 100 %

Условные обозначения: * – достоверность отличий ($p \leq 0,05$) между аналогичными показателями у *C. pseudodiphtheriticum*, *C. propinquum*, *C. striatum*.

C. pseudodiphtheriticum и *C. propinquum* (табл. 2) в большинстве случаев выявляли резистентность к клиндамицину (65,9–69,4 %), реже – ципрофлоксацину (22,0–30,6 %), к другим АМП количество резистентных штаммов колебалось в пределах 2,4–19,5 % случаев.

Между штаммами коринебактерий этих видов никаких отличий по числу антибиотикорезистентных изолятов не установлено. При исследовании клинических штаммов, относящихся к виду *C. striatum*, обнаружено, что среди них в большинстве случаев (55,0–80,0 %) регистрировалась резистентность ко всем АМП, за исключением линезолида (2,5 ± 2,5 %) и ванкомицина (5,0 ± 3,5%). При этом количество резистентных к бензилпенициллину, ципрофлоксацину, моксифлоксацину, гентамицину, тетрациклину, рифампицину штаммов *C. striatum* достоверно ($p \leq 0,05$) превышало таковое у видов *C. pseudodiphtheriticum* и *C. propinquum*.

Аналогичная картина (рис. 1) наблюдалась и при сравнении числа резистентных к АМП клинических штаммов *Corynebacterium* spp. и *C. striatum*. Среди них обнаружено большое количество резистентных к клиндамицину клинических изолятов (62,6–77,5 %), причем никаких отличий по этому показателю между *Corynebacterium* spp. и *C. striatum* не установлено.

Показательными явились результаты выявления клинических изолятов с МЛУ и экстремально резистентных (ЭР) (рис. 2). Среди *Corynebacterium* spp. обнаружено 13,0 % штаммов с МЛУ и 0,4 % ЭР, тогда как при исследовании *C. striatum* выявлено значительно больше ($p \leq 0,05$) таковых (60,0 % и 30,0 % соответственно).

Представляло интерес выяснить, как соотносились полученные результаты определения фенотипа чувствительности и резистентности к АМП с показателями распространенности генов антибиотикорезистентности в других регионах мира по сведениям, размещенным в международной базе данных NCBI. Обнаружено (табл. 3), что наиболее часто (90,8 % случаев)

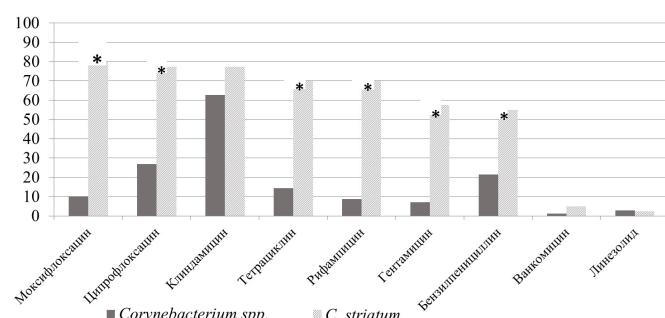


Рис. 1. Количество клинических штаммов *Corynebacterium* spp. и *C. striatum*, резистентных к АМП (%)

Условные обозначения: * – достоверность отличий ($p \leq 0,05$) между аналогичными показателями у *Corynebacterium* spp. и *C. striatum*.

геномы *C. striatum* содержат гены семейства *erm*, кодирующие резистентность одновременно к трем группам АМП (макролидам, линкозамидам, стрептограмину В). В подавляющем большинстве (70,1–81,3 %) выявлены семейства генов *pbp2m*, *aac*, *tet*, связанные с формированием резистентности к цефалоспоринам, аминогликозидам, тетрациклинам. Реже встречающиеся группы генов кодируют резистентность, в основном, к аминогликозидам, и β -лактамным АМП, карбапенемам и цефалоспоринам.

ОБСУЖДЕНИЕ РЕЗУЛЬТАТОВ

Проблемы, связанные с формированием антибиотикорезистентности УПМ, и, особенно МЛУ, возросли в период после пандемии новой коронавирусной инфекции. Накопление данных о резистентности к АМП клинических изолятов микроорганизмов, входящих в состав микробиоты человека, позволяет существенно расширить представления о ее распространении, а также эффективности проводимой антибиотикотерапии.

Таблица 3

Распространенность семейств генов резистентности к АМП у *C. striatum* (по данным NCBI)

Семейство генов	Спектр кодируемой резистентности к АМП	Количество (абс / % ± m)
<i>erm</i>	Макролиды (эритромицин), линкозамиды (клиндамицин), стрептограмины В (квинупристин)	723 90,8 ± 1,0
<i>pbp2m</i>	Цефалоспорины V поколения (цефтаролин)	647 81,3 ± 1,9
<i>acc</i>	Аминогликозиды (гентамицин)	640 80,4 ± 2,0
<i>tet</i>	Тетрациклины (тетрациклин, окситетрациклин, доксициклин, миноциклин)	558 70,1 ± 2,6
<i>aad</i>	Аминогликозиды (стрептомицин, спектиномицин, гентамицин)	283 35,6 ± 2,9
<i>aph</i>	Аминогликозиды (стрептомицин, гентамицин)	220 27,6 ± 2,5
<i>bla(OXA/TEM)</i>	β -лактамы (пенициллины, защищенные пенициллины, карбапенемы, цефалоспорины)	2 0,3 ± 0,03
<i>ant</i>	Аминогликозиды (гентамицин+тобрамицин)	1 0,1 ± 0,02
<i>aac(6'-Ie / aph(2''-Ia)</i>	Аминогликозиды (гентамицин, тобрамицин, канамицин, нетилмицин, сизомицин)	1 0,1 ± 0,02
Всего геномов		796 100 %

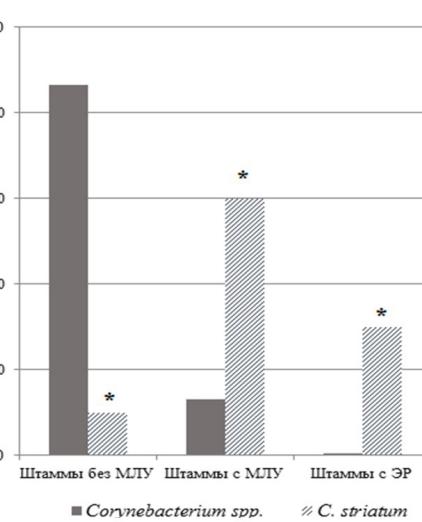


Рис. 2. Количество клинических штаммов *Corynebacterium* spp. и *C. striatum* с МЛУ и ЭР (%)

Условные обозначения: * – достоверность отличий ($p \leq 0,05$) между аналогичными показателями у *Corynebacterium* spp. и *C. striatum*.

В составе комменсальной микрофлоры значительную часть составляют *Corynebacterium* spp., колонизирующие практически все биотопы организма человека. По нашим данным, среди 238 исследованных клинических изолятов недифтерийных коринебактерий, выделенных в течение последних восьми лет (2018–2025 гг.), наиболее часто регистрировалась резистентность к клиндамицину ($62,6 \pm 3,1\%$), что статистически значимо не отличается от аналогичных показателей у отдельных наиболее распространенных видов *C. pseudodiphtheriticum* ($69,4 \pm 5,0\%$), *C. propinquum* ($65,9 \pm 7,5\%$), *C. striatum* ($77,5 \pm 6,7\%$). Иные результаты получены при определении количества клинических изолятов, проявляющих устойчивость к другим АМП. Достоверно чаще ($p \leq 0,05$) у штаммов *C. striatum* выявлялась резистентность к бензилпенициллину, цiproфлоксацину, моксифлоксацину, гентамицину, тетрациклину,rifampицину по сравнению с клиническими изолятами *C. pseudodiphtheriticum*, *C. propinquum* и, в целом, *Corynebacterium* spp. Это подтверждалось и при определении количества штаммов с МЛУ и ЭР, которых среди клинических изолятов *Corynebacterium* spp. значительно меньше ($p \leq 0,05$), чем среди изолятов, относящихся к виду *C. striatum*. Этот вид коринебактерий в последние годы привлекает внимание специалистов, что связывают с его способностью вызывать воспалительные заболевания респираторного тракта, инфекции ран, бактериемию, и инфекции, связанные с оказанием медицинской помощи (ИСМП) [3, 5, 7]. Отличительной особенностью *C. striatum* является наличие резистентности и, особенно МЛУ, ко многим АМП [14]. Сообщается, что 96,2 % штаммов *C. striatum*, выделенных в Китае от пациентов с респираторными инфекциями, относились к категории МЛУ, причем большинство из них проявляло резистентность к клиндамицину [3]. Наши результаты соотносятся с этим, однако количество клинических изолятов *C. striatum* с МЛУ ниже, и составляет 60,0 %.

Представляет интерес выяснить, с чем связаны столь высокие показатели численности антибиотикорезистентных штаммов *C. striatum*. Для этого проведён анализ сведений о наличии генов резистентности к АМП у 796 штаммов *C. striatum*, размещенных в международной базе данных NCBI. Установлено, что 90,8 \pm 1,0 % геномов этого вида коринебактерий содержат ген *erm*, кодирующий резистентность сразу к трем группам АМП: макролидам, линкозамидам, стрептограмину В. Столь широкая распространность гена *erm* в популяции этого вида коринебактерий, по-видимому, и объясняет наличие у подавляющего большинства ($77,5 \pm 6,7\%$) исследованных клинических изолятов фенотипической резистентности к клиндамицину. Частота встречаемости гена *pbp2m*, детерминирующего резистентность к цефалоспоринам составила $81,3 \pm 1,9\%$, что коррелировало с результатами определения у *C. striatum* фенотипа резистентности к цiproфлоксацину и моксифлоксацину ($77,5\text{--}80,0\%$). Обращает на себя внимание факт обнаружения в составе 27,6–80,4 % геномов *C. striatum* нескольких генов (*acc*, *aad*, *aph*), детерминирующих резистентность к аминогликозидам. У исследованных клинических изолятов этого вида коринебактерий фенотипическая резистентность к гентамицину регистрировалась в $57,5 \pm 7,9\%$ случаев, что соответствует с частотой выявления соответствующих генов

по данным NCBI. Аналогичная картина наблюдалась и в отношении резистентности к тетрациклину, фенотип которой обнаружен у $70,0 \pm 7,3\%$ исследованных клинических штаммов *C. striatum*, а ген *tet*, кодирующий резистентность к нему встречался у $70,1 \pm 2,6\%$ геномов.

Среди клинических штаммов *Corynebacterium* spp. и *C. striatum*, фенотип резистентности к ванкомицину и линезолиду регистрировался редко (в 1,3–5,0 % случаев). Гены резистентности к этим АМП у *C. striatum* отсутствуют, причем о сохранении чувствительности у *C. striatum* сообщают и другие авторы [17]. Даже выявление резистентности к линезолиду у отдельных клинических изолятов *C. striatum* является настораживающим фактом, поскольку линезолид является АМП выбора при лечении пациентов, инфицированных штаммами *C. striatum* с МЛУ [11].

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Клинические изоляты *C. striatum* характеризуются наличием резистентности ко многим АМП, часто МЛУ, что отличается от аналогичных показателей у *Corynebacterium* spp. АМП выбора для лечения инфекций, вызванных *C. striatum*, являются ванкомицины и линезолиды. Учитывая появление отдельных штаммов, обладающих резистентностью к этим АМП, необходим постоянный мониторинг чувствительности и резистентности к АМП как *C. striatum*, так и *Corynebacterium* spp.



ЛИТЕРАТУРА (ПП. 1-6, 8-18 СМ. REFERENCES)

7. Мангутов Э.О., Харсеева Г.Г., Подойницина О.А., Носков А.К., Кругликов В.Д., Алутина Э.Л. и др. *Corynebacterium* spp.: анализ профилей резистентности к антимикробным препаратам у изолятов от больных с воспалительными заболеваниями респираторного тракта и практически здоровых лиц. *Клиническая лабораторная диагностика*. 2023; 68(6): 356-64. doi: org/10.51620/0869-2084-2023-68-6-356-364.



REFERENCES

1. Orosz L., Sóki J., Kókai D., Burián K. *Corynebacterium striatum* - Got Worse by a Pandemic? *J. Pathogens*. 2022; 11(6): 685. DOI: 10.3390/pathogens11060685.
2. Jesus H. N. R., Ramos J. N., Rocha D., Alves D. A., Silva C. S., Cruz J. V. O. et al. The pan-genome of the emerging multidrug-resistant pathogen *Corynebacterium striatum*. *Funct. Integr. Genomics*. 2022; 23(1): 5. DOI: 10.1007/s10142-022-00932-x.
3. Li W., Gao M., Yu J. Rising prevalence and drug resistance of *Corynebacterium striatum* in lower respiratory tract infections. *Front Cell Infect. Microbiol.* 2025; 14: 1526312. DOI: 10.3389/fcimb.2024.1526312.
4. Leyton B., Ramos J. N., Baio P. V. P., Veras J. F. C., Souza C., Burkovski A. et al. Treat Me Well or Will Resist: Uptake of Mobile Genetic Elements Determine the Resistome of *Corynebacterium striatum*. *Int. J. Mol. Sci.* 2021; 22: 7499. DOI: 10.3390/ijms22147499
5. Alibi S., Ferjani A., Boukadida J., Cano M. E., Fernández-Martínez M., Martínez-Martínez L. et al. Occurrence of *Corynebacterium striatum* as an Emerging Antibiotic-Resistant Nosocomial Pathogen in a Tunisian Hospital. *Sci. Rep.* 2017; 7: 9704. DOI: 10.1038/s41598-017-10081-y.
6. Milosavljevic M. N., Milosavljevic J. Z., Kocovic A. G., Stefanovic S. M., Jankovic S. M., Djesevic M. et al. Antimicrobial Treatment of *Corynebacterium striatum* Invasive Infections: A Systematic Review. *Rev. Inst. Med. Trop. São Paulo*. 2021; 63: e49. DOI: 10.1590/s1678-9946202163049.

7. Mangutov E. O., Kharseeva G. G., Podoynitsyna O. A., Noskov A. K., Kruglikov V. D., Alutina E. L. et al. *Corynebacterium* spp.: analysis of antimicrobial resistance profiles in isolates from patients with inflammatory diseases of the respiratory tract and practically healthy individuals. *Klinicheskaya Laboratornaya Diagnostika*. 2023; 68(6): 356-64. DOI: 10.51620/0869-2084-2023-68-6-356-364. (in Russian)
8. Olander A. Mechanisms of Antibiotic Resistance in *Corynebacterium* spp. Causing Infections in People. In: Pana M., editor. Antibiotic Resistant Bacteria - A Continuous Challenge in the New Millennium. *In Tech*; 2012: 387-402. DOI: 10.5772/29418
9. Goldner N. K., Bulow C., Cho K., Wallace M., Hsu F., Patti G. J. et al. Mechanism of high-level daptomycin resistance in *Corynebacterium striatum*. *mSphere*. 2018; 8; 3(4): e00371-18. DOI: 10.1128/mSphereDirect.00371-18.
10. Dragomirescu C. C., Lixandru B. E., Coldea I. L., Cornel O. N., Pana M., Palade A. M. et al. Antimicrobial susceptibility testing for *Corynebacterium* species isolated from clinical samples in Romania. *Antibiotics*. 2020; 9(1): 31. DOI: 10.3390/antibiotics9010031.
11. Urrutia C., Leyton-Carcaman B., Abanto Marin M. Contribution of the Mobilome to the Configuration of the Resistome of *Corynebacterium striatum*. *Int J. Mol. Sci.* 2024; 25(19): 10499. DOI: 10.3390/ijms251910499
12. Sun W., Ma L., Li Y., Xu Y., Wei J., Sa L. et al. In vitro Studies of Non-Diphtheriae *Corynebacterium* Isolates on Antimicrobial Susceptibilities, Drug Resistance Mechanisms, and Biofilm Formation Capabilities. *Infect. Drug. Resist.* 2022; 15: 4347-59. DOI: 10.2147/IDR.S376328
13. Sabbagh P., Rajabnia M., Maali A., Ferdosi-Shahandashti E. Integron and its role in antimicrobial resistance: A literature review on some bacterial pathogens. *Iran J. Basic. Med. Sci.* 2021; 24(2): 136-42. DOI: 10.22038/ijbms.2020.48905.11208.
14. Wen J., Wang Z., Du X., Liu R., Wang J. Antibiofilm effects of extracellular matrix degradative agents on the biofilm of different strains of multi-drug resistant *Corynebacterium striatum*. *Ann. Clin. Microbiol. Antimicrob.* 2022; 21(1): 53. DOI: 10.1186/s12941-022-00546-y.
15. Tauch A., Krieft S., Kalinowski J., Pühler A. The 51,409-bp R-plasmid pTP10 from the multiresistant clinical isolate *Corynebacterium striatum* M82B is composed of DNA segments initially identified in soil bacteria and in plant, animal, and human pathogens. *Mol. Gen. Genet.* 2000; 263: 1-11. DOI: 10.1007/pl00008668
16. Qiu J., Shi Y., Zhao F., Xu Y., Xu H., Dai Y., Cao Y. The Pan-Genomic Analysis of *Corynebacterium striatum* Revealed Its Genetic Characteristics as an Emerging Multidrug-Resistant Pathogen. *Evol. Bioinform.* 2023; 19:11769343231191481. doi: 10.1177/11769343231191481.
17. Nageeb W. M., Hetta H. F. Pan-genome Analysis of *Corynebacterium striatum*: Insights into a Neglected Multidrug-Resistant Pathogen. *BMC Microbiol.* 2023; 23:252. doi: 10.1186/s12866-023-02996-6.
18. Fernandez-Roblas R., Adames H., Martín-de-Hijas N. Z., García Almeida D., Gadea I., Esteban J. In vitro activity of tigecycline and 10 other antimicrobials against clinical isolates of the genus *Corynebacterium*. 2009; 33: 453-55. DOI: 10.1016/j.ijantimicag.2008.11.001
19. Hagiya H., Kimura K., Okuno H., Hamaguchi S., Morii D., Yoshida H. et al. Bacteremia due to high-level daptomycin-resistant *Corynebacterium striatum*: A case report with genetic investigation. *J. Infect. Chemother.* 2019; 25: 906-08. DOI: 10.1016/j.jiac.2019.04.009.

РЕУТЕРИ ЭКОЛАБ



покупайте
на маркетплейсах

ПОДДЕРЖИВАЕТ ЗДОРОВЫЙ
БАЛАНС МИКРОФЛОРЫ

СНИЖАЕТ РИСК РАЗВИТИЯ
ЯЗВЫ И ГАСТРИТА

ПОМОГАЕТ
УЛУЧШИТЬ ПИЩЕВАРЕНИЕ



МОЖНО
ИСПОЛЬЗОВАТЬ
В КАЧЕСТВЕ
ЗАКВАСКИ

БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНАЯ ДОБАВКА.
НЕ ЯВЛЯЕТСЯ ЛЕКАРСТВЕННЫМ СРЕДСТВОМ



СИНЕФРИН+ ХРОМ ЭКОЛАБ

СПОСОБСТВУЕТ
СЖИГАНИЮ ЖИРА,
УМЕНЬШАЕТ АППЕТИТ,
УЛУЧШАЕТ
РАБОТОСПОСОБНОСТЬ
И ЗАЩИЩАЕТ МЫШЕЧНУЮ
ТКАНЬ ДАЖЕ В УСЛОВИЯХ
ДЕФИЦИТА КАЛОРИЙ.

покупайте
на маркетплейсах