

ANALYSIS OF THE DISTRIBUTION OF BACTERIAL ETIOLOGY RESPIRATORY INFECTION PATHOGENS IN CHILDREN OF DIFFERENT AGE GROUPS

Oles Honchar Dnipro National University (Dnipro, Ukraine)

microviro@ukr.net

This study aims to analyze the species spectrum of bacterial pathogens causing respiratory tract infections in children of different age groups, identify the dominant etiological agents, and establish their antibiotic resistance profiles.

As a result of microbiological research conducted in 179 children aged 0-17 years with diseases of various parts of the respiratory tract, the etiological structure of the most significant pathogens of infectious lesions was determined. The frequency of their isolation was as follows: 51.9% of cases – Haemophilus influenzae, 15.7% – Klebsiella pneumoniae, 9.5% – Pseudomonas aeruginosa, 5.6% – Stenotrophomonas maltophilia, 6.1% of cases – Streptococcus pneumoniae. It has been shown that the most vulnerable age groups for pathogens of acute respiratory diseases of the upper and lower respiratory tract are children under 3 years of age (34% and 46% of cases, respectively), while adolescents aged 13 to 17 years are the most vulnerable age groups for chronic infections of the upper and lower respiratory tract (57% and 31% of cases, respectively).

The circulation of antibiotic-resistant variants of Haemophilus bacteria has been established in children with respiratory diseases, which were more frequently detected in chronic forms (54.5% of cases). High levels of resistance to penicillin and fluoroquinolone drugs have been demonstrated, with lower levels of resistance to cephalosporins. Multiple-resistant isolates of Haemophilus bacteria to 2-5 antibiotics were detected in both chronic (21.2%) and acute (15.6%) infections.

The data obtained demonstrate the necessity of continuous monitoring of the etiological structure, the nature of manifestations, age-specific development of infections in various parts of the respiratory tract, and the circulation of antibiotic-resistant variants of disease-causing agents in hospital populations. These data are important for developing preventive and therapeutic measures and for advancing research programs aimed at protecting children's health.

Key words: pathogens of respiratory diseases, age groups of the child population, antibiotic-resistance profiles of Haemophilus spp.

Connection of the publication with planned research works.

This work is part of the SRW "Interrelationships between microorganisms in biocenoses," state registration number 0125U002226.

Introduction.

Infectious diseases of the respiratory tract dominate among all infectious pathologies in the child population, due to their high prevalence, significant impact on various aspects of child development, and the complexity of diagnosis and treatment. Bacterial respiratory infections pose a particular danger, as they can be severe, cause complications, and lead to chronicity of the pathological process. Diseases of the upper and lower respiratory tract lead to an increase in the number of patients in all age groups of children, a high level of their morbidity from acute and chronic pathologies of the respiratory system and, as a result, a decrease in the quality of life of patients.

To date, a link has been established in children between the bacterial composition of the nasopharyngeal microbiota and susceptibility to upper or lower respiratory tract infections over time [1]. Pathogens of various etiologies and environmental risk factors can impact the respiratory system, altering the bacterial community in the respiratory tract and leading to inflammation, damage to the epithelium of the upper respiratory tract, and

increased host susceptibility to pathological conditions [2]. Disruption of regulatory mechanisms in the microbiome can drive disease by amplifying inflammatory signals or inhibiting cytokine production [3]. At the same time, bacteria colonizing the upper respiratory tract of children play a key role in the pathogenesis of lower respiratory tract infections [4].

A number of literary sources show that the respiratory microbiome determines the severity of various acute and chronic lung diseases. Thus, an increase in the bacterial load on the lungs accelerates the development of pulmonary fibrosis and worsens the condition of critically ill patients receiving artificial lung ventilation [2, 5]; a decrease in the bacterial diversity of sputum increases the mortality rate from COPD; any shifts in the microbial landscape of the respiratory tract worsen the course of bronchiectasis and respiratory tract infections in children [6, 7, 8]. In patients with bronchiectasis, a direct correlation has been observed between deviations in the quantitative and qualitative indicators of the respiratory microbiome and the frequency of pulmonary exacerbations [8].

In addition, an imbalance in the species composition of the normal microbiota of the respiratory tract can cause the rapid attachment of bacterial pathogens, the development of which causes the onset and progression of an infectious process in the respiratory system and

leads to the negative course of respiratory pathology at various periods of childhood [9].

One of the main problems today remains the development of antibiotic resistance in microorganisms that cause respiratory diseases [10, 11]. Irrational antibiotic therapy significantly alters the biological properties of microbes and contributes to the formation of populations of antibiotic-resistant variants. Therefore, the incentive to reduce respiratory tract infectious pathology is to establish proper monitoring, an effective prevention system, and adequate treatment with chemotherapeutic drugs [12, 13, 14].

Insufficient attention to age-related characteristics of respiratory infections leads to late diagnosis and possible complications with prolonged exacerbations [15, 16]. A more in-depth approach to this medical issue and constant monitoring of the spread of infectious respiratory pathogens, taking into account the patient's age, are important steps that will ensure an individualized approach to each patient's treatment and minimize the risk of complications.

The aim of the study.

Conducting microbiological research on the species composition of bacterial pathogens of respiratory tract infections in children of different age groups, depending on the characteristics of the inflammatory process in them.

Object and research methods.

The study aimed to analyze the species composition of the respiratory tract in 179 children and adolescents aged 17 or younger hospitalized in the Zaporizhzhia Regional Children's Hospital of the Zaporizhzhia Regional Council due to suspected bacterial respiratory infection.

Bacteriological analysis was performed at the bacteriological laboratory of the Zaporizhzhia Regional Children's Hospital in accordance with the applicable regulatory documents: "Medical laboratories – Requirements for quality and competence – ISO 15189:2022," Order of the Ministry of Health of Ukraine No. 170 dated April 15, 2005 (as amended by Order of the Ministry of Health No. 2415 dated November 3, 2021) "On the approval of methodological guidelines for the microbiological diagnosis of meningococcal infection and purulent bacterial meningitis [17, 18]. Clinical samples were delivered to the laboratory within an hour after collection and seeded on culture media from Graso Biotech and BioMérieux (France), followed by comprehensive culture and instrumental testing. The etiological significance of the isolated microorganism was confirmed by the presence of III (more than 10^4 CFU/ml) or IV (10^5 CFU/ml) degrees of growth.

Identification of respiratory infection pathogens and determination of antibiotic sensitivity of isolated *Haemophilus* strains were performed using a VITEK 2 COMPACT bacteriological analyzer (BioMérieux, France) with AES: Global CL-SI-based+Phenotypic software. Antibiotic sensitivity was

determined according to the SLSI and EUCAST tables (2024-2025).

The sensitivity levels of *Haemophilus* bacteria were analyzed in relation to antibiotics of different classes: amoxicillin, ampicillin, cefepime, cefotaxime, and ciprofloxacin. The antibiotic resistance coefficient (ARC) was calculated for each isolate using the formula: $K = R / N$, where K is the antibiotic resistance coefficient, R is the number of antibiotics to which the isolate under study was resistant, and N is the total number of antibiotics tested for this isolate. This indicator allows us to assess the relative integral resistance of microbial strains to the antibacterial drugs used in the study. The minimum value of the coefficient, which indicates the absence of resistance of the studied microorganism strains, is "0", and the maximum value indicates the resistance of the pathogen to all drugs used in the study [19].

The study was conducted in accordance with the basic bioethical norms of the World Medical Association's Declaration of Helsinki on Ethical Principles for Medical Research Involving Human Subjects, as amended (2000, amended in 2008), the Universal Declaration on Bioethics and Human Rights (1997), the Council of Europe Convention on Human Rights and Biomedicine (1997). Written informed consent was obtained from each study participant, and all necessary measures were taken to ensure patient anonymity.

Research results and their discussion.

During the study, 65 children with upper respiratory tract infections and 114 children with lower respiratory tract diseases were examined. The most common diagnoses were acute bronchitis (72 cases), cystic fibrosis (38 cases), and chronic tonsillitis (30 cases). Less common diagnoses included acute tonsillitis (12 cases), ARVI in 10 people, rhinitis and chronic bronchitis in 5 people, bronchopulmonary dysplasia in 4 people, and rhinopharyngitis in 3 children (fig. 1).

In order to establish the etiological structure of respiratory diseases in different age groups of the examined children, they were conditionally divided into 4 categories by age: the first (0-3 years) included 56 children, the second (4-6 years) – 34, the third (7-12 years) – 45, and the fourth group (13-17 years) – 44 children (table).

The results of microbiological analysis showed that the most common cause of bacterial respiratory infections in children across all age groups was Gram-negative

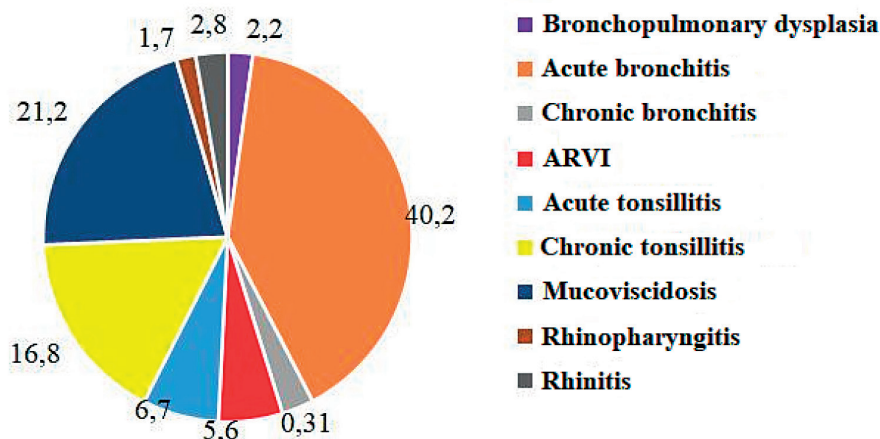


Figure 1 – Frequency of diagnosis of respiratory tract diseases in children at the Zaporizhzhia Regional Children's Hospital of the Zaporizhzhia Regional Council (%).

bacteria, which accounted for 93.85% of all isolated cultures. Among them, *Haemophilus influenzae* was most frequently isolated (51.9%), followed by *Klebsiella pneumoniae* (15.7%), *Pseudomonas aeruginosa* (9.5%), and *Stenotrophomonas maltophilia* (5.6%). Among Gram-positive bacteria, clinical isolates of *Streptococcus pneumoniae* were found to be etiologically significant pathogens – 6.1% (table).

The next stage of the study involved analyzing pathogens isolated from the upper and lower respiratory tracts of patients of different age groups with acute and chronic forms of the infectious process. It was found that the most vulnerable groups for upper respiratory tract infection pathogens in the chronic form of the disease were adolescents aged 13 to 17 (57% of cases) and children aged 7 to 12 (31% of cases), and in the acute form – children under 3 years of age – 34%, and, to a lesser extent, school-age groups: adolescents aged 13-17 years (29%) and children aged 7-12 years (26%) of cases.

Table – Frequency of detection of microorganisms causing respiratory tract diseases in patients of different age groups

Type of microorganism	Patient age groups									
	I (0-3) n=56		II (4-6) n=34		III (7-12) n=45		IV (13-17) n=44		Total number of strains	
	Aбс.	%	Aбс.	%	Aбс.	%	Aбс.	%	Aбс.	%
<i>Haemophilus influenzae</i>	22	39.2	20	58.9	23	51.1	28	63.5	93	51.9
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	15	26.8	4	11.8	5	11.1	4	9.1	28	15.7
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	5	8.9	3	8.8	4	8.9	5	11.4	17	9.5
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	4	7.1	3	8.8	3	6.7	1	2.3	11	6.1
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	2	3.6	2	5.9	3	6.7	3	6.8	10	5.6
<i>Escherichia coli</i>	3	5.4	1	2.9	3	6.7	1	2.3	8	4.5
<i>Haemophilus haemolyticus</i>	-	-	-	-	3	6.7	2	4.6	5	2.8
<i>Acinetobacter baumannii</i>	2	3.6	1	2.9	1	2.1	-	-	4	2.2
<i>Enterobacter cloacae</i>	3	5.4	-	-	-	-	-	-	3	1.7
Total	56	100	34	100	45	100	44	100	179	100

Chronic lower respiratory tract diseases were more frequently recorded in school-age children aged 7-12 and 13-17 years – 31% of cases each, while acute infections were more common in infants under 3 years of age and younger children aged 3-6 years – 46% and 32% of cases, respectively (fig. 2).

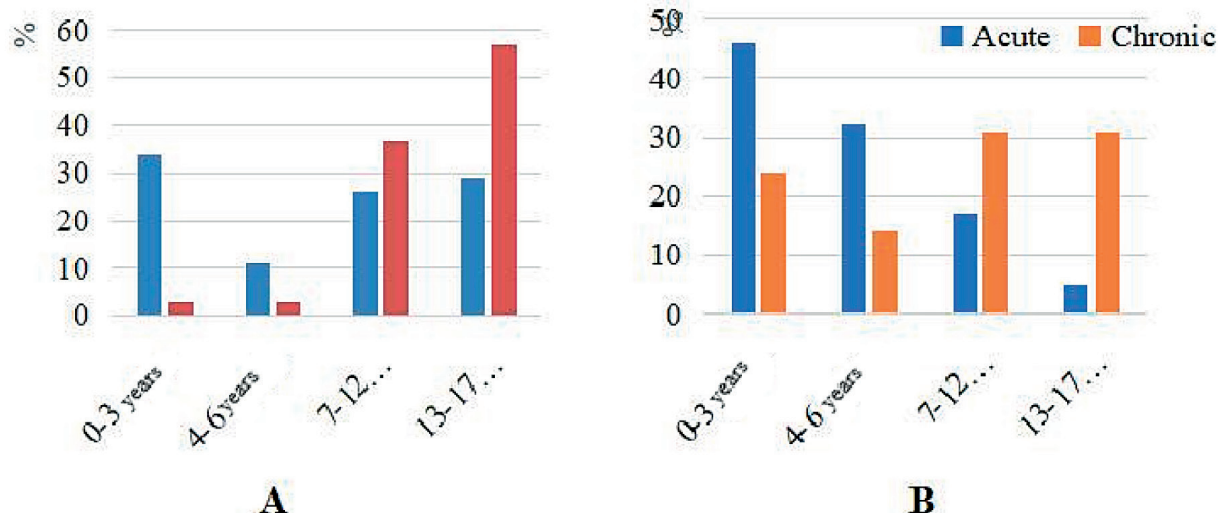


Figure 2 – Frequency of diagnosis of upper (A) and lower (B) respiratory tract diseases in patients of different age groups.

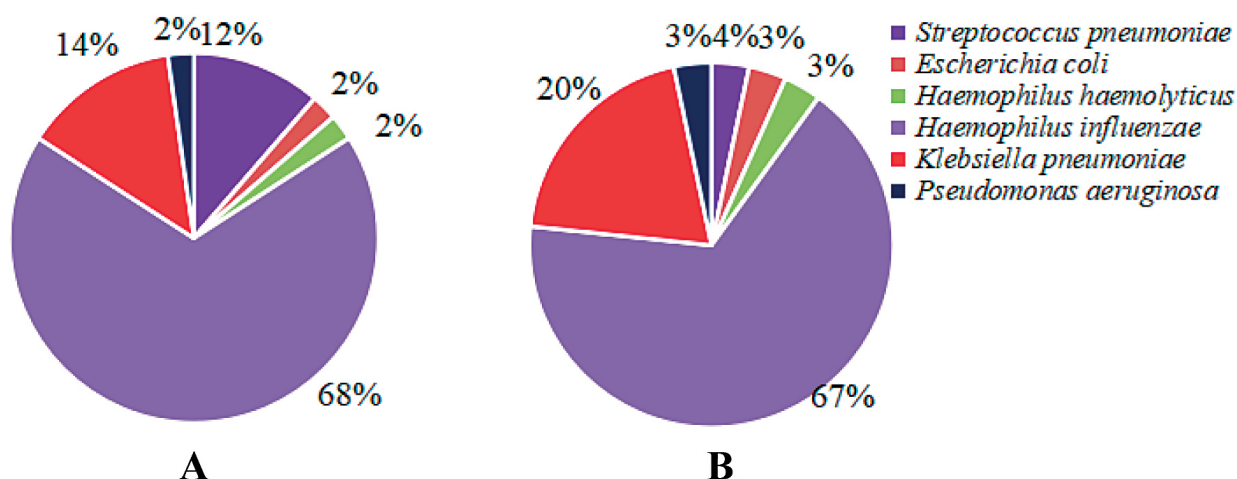


Figure 3 – Frequency of isolation of pathogens causing acute (A) and chronic (B) infectious diseases of the upper respiratory tract in children.

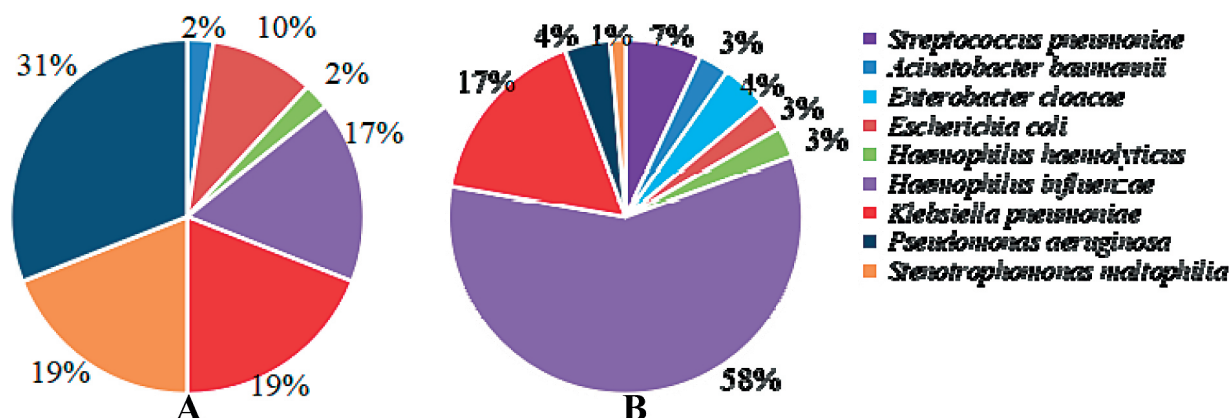


Figure 4 – Frequency of isolation of pathogens causing chronic (A) and acute (B) infectious diseases of the lower respiratory tract in children.

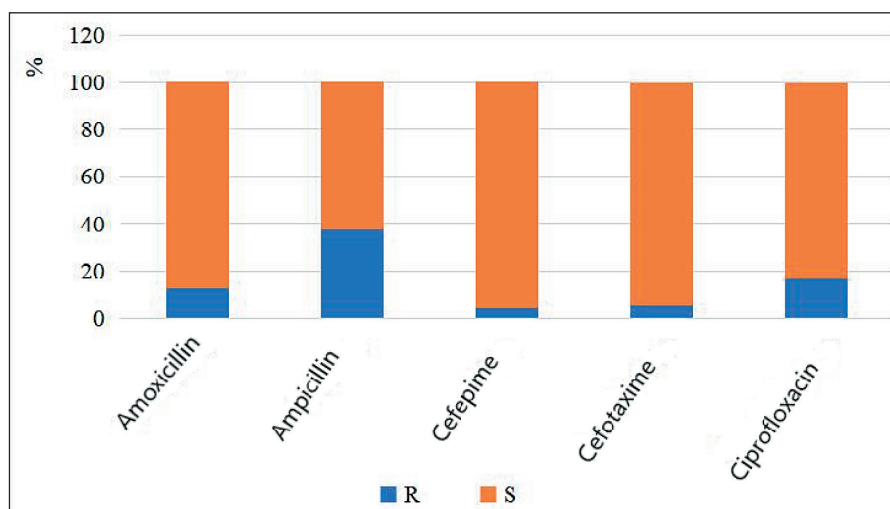


Figure 5 – Determination of antibiotic sensitivity levels of *Haemophilus* bacteria isolated from children with respiratory tract infections (%).

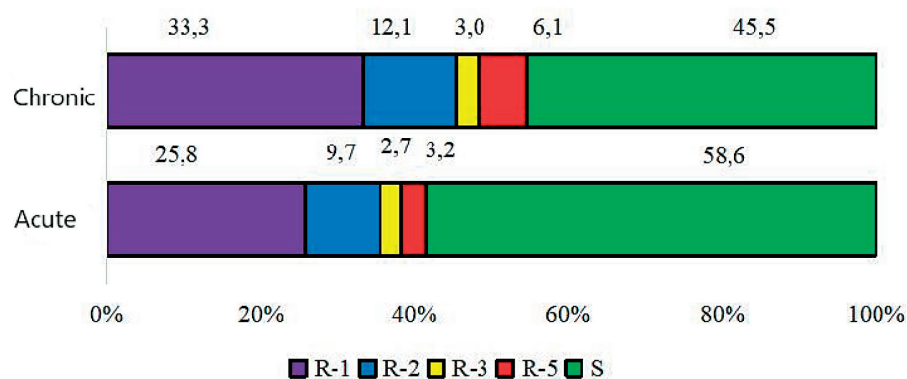


Figure 6 – Antibiotic resistance profiles of *Haemophilus influenzae* isolates from children with acute and chronic forms of respiratory tract infections.

Analysis of the spectrum of etiological agents revealed that in acute upper respiratory tract infections, the dominant pathogens were *Haemophilus influenzae* (68.0%), *Klebsiella pneumoniae* (14.0%), and *Streptococcus pneumoniae* (12.0%), while in chronic infections, the dominant pathogens were *Haemophilus influenzae* (67.0%) and *Klebsiella pneumoniae* (20.0%). As for other representatives, they were isolated in pathological processes with URT in isolated cases (fig. 3).

A study of the etiological spectrum of pathogens causing lower respiratory tract diseases in the examined patients showed that in acute infections, *Haemophilus*

influenzae (58.0%) and *Klebsiella pneumoniae* (17.0%) predominated, while in chronic infections, the most frequently isolated bacteria were *Pseudomonas aeruginosa* (31.0%), *Klebsiella pneumoniae* (19%), *Stenotrophomonas maltophilia* (19%), and *Haemophilus influenzae* (17%) (fig. 4).

The data obtained confirm that the dominant pathogen in both acute and chronic respiratory infections in children is *Haemophilus* bacteria (54.7%), therefore, it was appropriate to analyze the frequency of detection of antibiotic-resistant variants of *Haemophilus* bacteria in various forms of respiratory tract infections. The choice of antibiotics used in the study was determined by the spectrum of activity of regional strains, the localization and severity of the infectious disease, as well as the available set of antibacterial drugs in the formularies of healthcare facilities (fig. 5).

Analysis of the antibioticograms showed that the largest number of isolated *Haemophilus* cultures (37.5%) were resistant to ampicillin, and 16.6% were resistant to ciprofloxacin.

Only 5.2% and 4.1% of isolates were resistant to cefotaxime and cefepime, respectively. Resistant strains of *Haemophilus influenzae* were detected during testing with all antibiotics.

Of the 98 clinical isolates of *Haemophilus* bacteria, 53.1% of cultures were sensitive to all antibiotics studied, 30.6% were resistant to one, 10.2% of isolates were resistant to two, and 4.1% were resistant to five antibacterial drugs. The average growth aggressiveness index of the *Haemophilus influenzae* sample was 0.01 ± 0.001 units. It should be noted that antibiotic-resistant strains were more common in chronic respiratory

ry diseases (54.5%) than in acute respiratory diseases (41.4%). 33.3% of isolates isolated in chronic infections and 25.8% in acute infections were resistant to one of the antibiotics studied; 12.1% in chronic infections and 9.7% in acute infections were resistant to two drugs; to three drugs – 3.0% and 2.7%, to five antibiotics – 6.1% and 3.2%, respectively. At the same time, the resistance coefficient for acute infections was 0.006 ± 0.001 a.u., and for chronic infections – 0.01 ± 0.002 a.u. (fig. 6).

Thus, differences were found in the resistance profiles of respiratory tract pathogens between acute and chronic infections, as well as the presence of resistant variants of *H. influenzae* to all tested antibiotics in acute infections, which require further research and adjustments to treatment regimens.

Comparing the data with those obtained by other scientists 7-10 years ago, we can trace a trend towards a decrease in the levels of resistance of *Haemophilus* bacteria to penicillin drugs and third-generation cephalosporins. At the same time, the emergence of previously undetected fluoroquinolone-resistant variants demonstrates the adaptive capabilities of microorganisms and the need for continuous monitoring of the spread of antibiotic-resistant strains of respiratory infection pathogens [6].

Conclusions.

As a result of microbiological research conducted on 179 children under the age of 17 with diseases of various parts of the respiratory tract, the etiological structure of pathogens was determined, among which the most significant are: *Haemophilus influenzae* – with a frequency of isolation of 51.9%, *Klebsiella pneumoniae* – 15.7%, *Pseudomonas aeruginosa* – 9.5%, *Stenotrophomonas maltophilia* – 5.6%, *Streptococcus pneumoniae* – 6.1%.

It has been shown that the most vulnerable age groups for pathogens of acute respiratory diseases of the upper and lower respiratory tract are children under 3 years of age (34% and 46% of cases, respectively), while adolescents aged 13 to 17 years are the most vulnerable age groups for chronic infections of the upper and lower respiratory tract (57% and 31% of cases, respectively).

The circulation of antibiotic-resistant variants of *Haemophilus* bacteria has been established in children with respiratory diseases, which were more often detected in chronic forms (54.5% of cases). High levels of resistance of pathogens to penicillin and fluoroquinolones were shown, and lower levels to cephalosporins. Multiple-resistant isolates of *Haemophilus* bacteria to 2-5 antibiotics were detected in both chronic (21.2%) and acute (15.6%) infections.

The data obtained demonstrate the need for continuous monitoring of the etiological structure, the nature of manifestations, age-specific development of infections in various parts of the respiratory tract, and the circulation of antibiotic-resistant variants of disease-causing agents in hospital patient populations.

Prospects for further research.

The results of the study can be used to diagnose and develop appropriate treatment regimens for infections of various parts of the respiratory system, taking into account the age-related risk factors of patient groups - children and adolescents - and the forms and severity of respiratory tract diseases. The etiological spectrum of the main causative agents of respiratory infections and the profiles of the emergence of antibiotic-resistant variants of *Haemophilus* bacteria can serve as a basis for developing evidence-based approaches to antibiotic therapy and improving strategies to prevent bacterial respiratory infections in the pediatric population.

DOI 10.29254/2077-4214-2025-4-179-263-274

УДК 616.34-002.1:579.61

Куцеров В. Р., Гаврилюк В. Г., Курагіна Н. В., Лаврентьєва К. В., Скляр Т. В., Зубарева І. М.

АНАЛІЗ РОЗПОВСЮДЖЕННЯ ЗБУДНИКІВ РЕСПІРАТОРНИХ ІНФЕКЦІЙ БАКТЕРІАЛЬНОЇ ЕТІОЛОГІЇ У ДІТЕЙ РІЗНИХ ВІКОВИХ ГРУП

Дніпровський національний університет ім. Олеся Гончара (м. Дніпро, Україна)

microviro@ukr.net

Дане дослідження спрямоване на аналіз видового спектру бактеріальних збудників інфекцій дихальних шляхів у дітей різних вікових категорій, визначення домінуючих етіологічних агентів та встановлення їх профілів антибіотикорезистентності.

У результаті проведеного мікробіологічного дослідження у 179 дітей віком від народження до 17 років із захворюваннями різних відділів респіраторного тракту визначено етіологічну структуру найбільш значущих збудників інфекційних уражень. Частота їх виділення відповідно складала: 51,9% випадків – *Haemophilus influenzae*, 15,7% – *Klebsiella pneumoniae*, 9,5% – *Pseudomonas aeruginosa*, 5,6% – *Stenotrophomonas maltophilia*, 6,1% випадків – *Streptococcus pneumoniae*. Показано, що найбільш уразливими віковими групами для збудників гострих респіраторних захворювань верхніх і нижніх дихальних шляхів є малюки до 3 років (34% і 46% випадків, відповідно), а хронічних інфекцій верхніх і нижніх відділів респіраторного тракту – підлітки від 13 до 17 років (57% і 31% випадків, відповідно).

Встановлено факт циркуляції антибіотикорезистентних варіантів бактерій роду *Haemophilus* у дітей із респіраторними захворюваннями, які частіше виявлялись при хронічних формах перебігу (54,5% випадків). Показано високі рівні стійкості до препаратів пеніцилінового ряду й фторхінолонів, менші – до цефалоспоринов. Виявлено множинностійкі ізоляти гемофільних бактерій до 2-5 антибіотичних препаратів як при хронічних (21,2%), так і при гострих (15,6%) формах інфекцій.

Отримані дані демонструють необхідність проведення постійного моніторингу етіологічної структури, характеру прояву, вікової специфіки розвитку інфекцій різних відділів респіраторного тракту та циркуляції антибіотикорезистентних варіантів збудників захворювань у популяціях госпітальних

хворих і мають важливе значення для розробки профілактично-терапевтичних заходів та перспектив розвитку науково-дослідницьких програм у боротьбі за збереження здоров'я категорій дитячого населення.

Ключові слова: збудники захворювань дихальних шляхів, вікові групи дитячого населення, профілі антибіотикорезистентності штамів гемофільних бактерій.

Зв'язок публікації з плановими науково-дослідними роботами.

Дана робота є фрагментом НДР: «Взаємовідносини мікроорганізмів в біоценозах», номер державної реєстрації 0125U002226.

Вступ.

Інфекційні захворювання дихальних шляхів домінують серед всієї інфекційної патології дитячого населення, що обумовлено їх високою поширеністю, значним впливом на різноманітні аспекти дитячого розвитку, складністю діагностики і лікування. Особливу небезпеку становлять бактеріальні респіраторні інфекції, що можуть мати тяжкий перебіг, викликати ускладнення та хронізацію патологічного процесу. Захворювання верхніх і нижніх дихальних шляхів призводять до збільшення кількості хворих в усіх вікових групах дітей, високого рівня їх захворюваності на гострі й хронічні патології респіраторної системи та, як наслідок, зниження якості життя пацієнтів.

На сьогоднішній день доведено наявність у дітей зв'язку між бактеріальним складом мікробіоти носоглотки та сприйнятливостю до інфекцій верхніх або нижніх дихальних шляхів із часом [1]. Вплив патогенів різної етіології та факторів ризику навколишнього середовища на дихальну систему може спричиняти порушення бактеріальної спільноти в респіраторному тракті та призводити до запалення, пошкодження епітелію верхніх дихальних шляхів, підвищення чутливості організму хазяїна до патологічних станів [2]. Порушення регулятивних механізмів у мікробіомі обумовлює розвиток захворювання, посилюючи запальні сигнали або перешкоджаючи виробленню цитокінів [3]. При цьому бактерії, що колонізують верхні дихальні шляхи дітей, відіграють ключову роль у патогенезі інфекцій нижніх відділів респіраторного тракту [4].

У ряді літературних джерел показано, що респіраторний мікробіом визначає важкість перебігу різних гострих і хронічних захворювань легень. Так, підвищення бактеріального навантаження на легені прискорює розвиток легеневого фіброзу та посилює стан важкохворих пацієнтів, котрі отримують штучну вентиляцію легень [2, 5]; зменшення бактеріального розмаїття мокротиння збільшує відсоток смертності від ХОЗЛ; будь-які зсуви у складі мікробного пейзажу дихальних шляхів погіршують перебіг бронхоектатичної хвороби та інфекцій дихальних шляхів у дітей [6, 7, 8]. У пацієнтів із бронхоектазами відмічено наявність прямого корелятивного зв'язку між відхиленнями у кількісних та якісних показниках респіраторного мікробіому і частотою загострень легеневої патології [8]. Окрім того, дисбаланс у видовому складі нормальної мікробіоти дихальних шляхів може стати причиною швидкого приєднання бактеріальних патогенів, розвиток яких викликає появу і протікання інфекційного процесу в дихальній системі, і обумовлює негативний перебіг респіраторної патології у різні періоди дитячого віку [9].

Однією з основних проблем сьогодення все ще залишається розвиток стійкості до антибіотиків у мікроорганізмів – збудників захворювань дихальної системи [10, 11]. Нераціональна антибіотикотерапія істотно змінює біологічні властивості мікробів і сприяє формуванню популяцій антибіотикорезистентних варіантів. Тому стимулом до зниження інфекційної патології респіраторного тракту є створення належного моніторингу, ефективної системи профілактики та адекватного лікування хіміотерапевтичними препаратами [12, 13, 14].

Недостатня увага до вікових особливостей перебігу респіраторних інфекцій призводить до пізньої діагностики останніх і можливих ускладнень із тривалими загостреннями [15, 16]. Більш глибоке ставлення до даного медичного питання і постійний моніторинг розповсюдження збудників інфекційних захворювань дихальних шляхів із урахуванням віку хворого є важливим кроком, який забезпечить індивідуальний підхід до лікування кожного конкретного пацієнта і мінімізує у нього ризик розвитку ускладнень.

Мета дослідження.

Проведення мікробіологічного дослідження видового складу бактеріальних збудників інфекцій дихальних шляхів у дітей різних вікових груп залежно від особливостей перебігу у них запального процесу.

Об'єкт і методи дослідження.

Об'єктом дослідження був аналіз видового складу респіраторного тракту 179 дітей та підлітків віком до 17 років, госпіталізованих до відділення КУ «Запорізька обласна дитяча лікарня» ЗОР через підозру на наявність бактеріальної респіраторної інфекції.

Бактеріологічний аналіз проводили на базі бактеріологічної лабораторії Запорізької обласної дитячої лікарні згідно чинних нормативних документів: «Медичні лабораторії – вимоги до якості та компетентності – ISO 15189:2022», наказ Міністерства охорони України № 170 від 15.04.2005 р. (зі змінами, внесеними згідно з Наказом Міністерства охорони здоров'я № 2415 від 03.11.2021) «Про затвердження методичних вказівок з мікробіологічної діагностики менінгококової інфекції та гнійних бактеріальних менінгітів [17, 18]. Клінічні зразки доставляли в лабораторію протягом години після забору матеріалу і засівали на поживні середовища фірм «Graso Biotech», «BioMérieux» (Франція) із подальшим комплексним культуральним і апаратним дослідженням. Етіологічну значущість виділеного мікроорганізму підтверджувала наявність III (понад 10^4 КУО/мл) або IV ступенів росту (10^5 КУО/мл).

Ідентифікацію видів збудників респіраторних інфекцій та визначення чутливості до антибіотиків виділених штамів гемофільних бактерій проводили на бактеріологічному аналізаторі VITEK 2 COMPACT («BioMérieux», Франція) із використанням програмного забезпечення AES: Global CLSI-based+Phenotypic. Антибіотикочутливість визначали відповідно до таблиць SLSI та EUCAST (2024-2025 р.).

Аналіз рівнів чутливості бактерій роду *Haemophilus* проводили по відношенню до антибіотиків різних класів: амоксицилін, ампіцилін, цефепім, цефотаксим та ципрофлоксацин. Коефіцієнт антибіотикорезистентності (КАР) розраховували для кожного ізоляту за формулою: $K = R / N$, де K – коефіцієнт антибіотикорезистентності, R – кількість антибіотиків, до яких досліджуваний ізолят виявився стійким, N – загальна кількість антибіотиків, протестованих для цього ізоляту. Цей показник дозволяє оцінити відносну інтегральну резистентність штамів мікроорганізмів до антибактеріальних препаратів, що використовувалися в дослідженні. Мінімальне значення коефіцієнта, яке означає відсутність резистентності штамів досліджуваних мікроорганізмів, становить «0», максимальне, яке вказує на резистентність збудника до всіх препаратів, застосованих у дослідженні [19].

Дослідження проведено відповідно до основних біоетичних норм Гельсінської декларації Всесвітньої медичної асоціації про етичні принципи проведення науково-медичних досліджень із поправками (2000, з поправками 2008), Універсальної декларації з біоетики та прав людини (1997), Конвенції Ради Європи з прав людини та біомедицини (1997). Письмову інформовану згоду отримано від кожного учасника дослідження і вжито всі необхідні заходи для забезпечення анонімності пацієнтів.

Результати дослідження та їх обговорення.

У процесі дослідження обстежено 65 дітей, хворих на респіраторні інфекції верхніх дихальних шляхів, та 114 дітей із захворюваннями нижніх відділів дихальної системи. Найчастіше діагностували гострий бронхіт – у 72 осіб, муковісцидоз – у 38, хронічний тонзиліт – у 30, рідше реєстрували гострий тонзиліт – у 12, ГРВІ – у 10, риніт і хронічний бронхіт – у 5, бронхолегенева дисплазія – у 4 та ринофарингіт – у 3 дітей (рис. 1).

Із метою встановлення етіологічної структури респіраторних захворювань у різних вікових групах обстежених, їх умовно-розподілили на 4 категорії за віком: до першої (0-3 роки) увійшли 56 дітей, до другої (4-6 років) – 34, до третьої (7-12 років) – 45, до четвертої групи (13-17 років) – 44 дитини (таблиця).

За результатами проведеного мікробіологічного аналізу визначено, що найбільш частою причиною розвитку респіраторних інфекцій бактеріальної етіології у дітей всіх вікових груп виступали грамнегативні мікроорганізми, на долю яких припадало 93,85 %

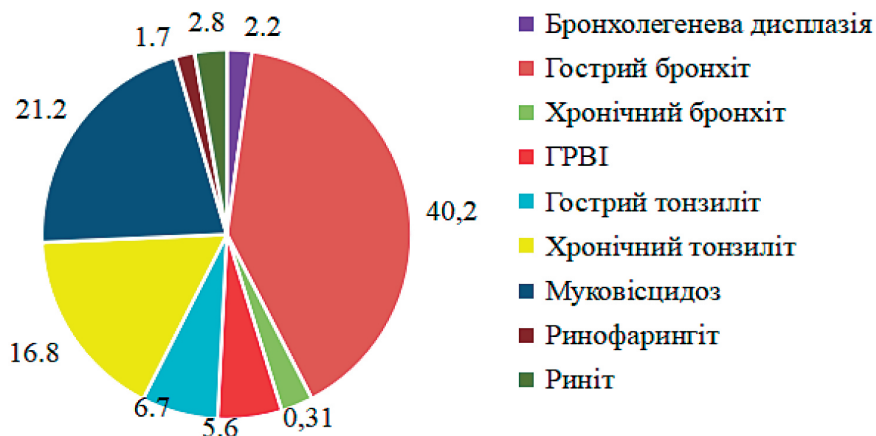


Рисунок 1 – Частота діагностування захворювань респіраторного тракту у дітей КУ «Запорізька обласна дитяча лікарня» ЗОР (%).

всіх виділених культур. Серед них найчастіше виділялись бактерії виду *Haemophilus influenzae* – 51,9 %, дещо рідше – штами *Klebsiella pneumoniae* – 15,7 %, *Pseudomonas aeruginosa* – 9,5 %, *Stenotrophomonas maltophilia* – 5,6 %. Серед грампозитивних бактерій етіологічно значущими збудниками виявились клінічні ізоляти *Streptococcus pneumoniae* – 6,1% (табл.).

На наступному етапі роботи проведено аналіз виділення збудників із верхніх і нижніх відділів респіраторного тракту пацієнтів різних вікових груп за гострої та хронічної форм інфекційного процесу. Встановлено, що найбільш вразливими групами для збудників інфекцій верхніх дихальних шляхів за хронічної форми захворювань виявились підлітки від 13 до 17 років (57% випадків) і діти віком 7-12 років (31% випадків), а за гострої форми – малюки до 3 років – 34%, і, у дещо меншому ступені – групи шкільного віку: підлітки 13-17 років – 29% та діти 7-12 років – 26% випадків. Хронічні захворювання нижніх дихальних шляхів частіше реєстрували в групах дітей шкільного віку 7-12 та 13-17 років – по 31% випадків, а гострі інфекції – у малюків до 3 років і дітей молодшого віку 3-6 років – у 46% та 32 % випадків відповідно (рис. 2).

Аналіз спектру етіологічних агентів дозволив встановити, що при гострих інфекціях верхніх дихальних шляхів домінуючими збудниками виступали

Таблиця – Частота виявлення мікроорганізмів – збудників захворювань респіраторного тракту у пацієнтів різних вікових груп

Вид мікроорганізму	Вікові групи пацієнтів									
	I (0-3) n=56		II (4-6) n=34		III (7-12) n=45		IV (13-17) n=44		Загальна кількість штамів	
	Абс.	%	Абс.	%	Абс.	%	Абс.	%	Абс.	%
<i>Haemophilus influenzae</i>	22	39.2	20	58.9	23	51.1	28	63.5	93	51.9
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	15	26.8	4	11.8	5	11.1	4	9.1	28	15.7
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	5	8.9	3	8.8	4	8.9	5	11.4	17	9.5
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	4	7.1	3	8.8	3	6.7	1	2.3	11	6.1
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	2	3.6	2	5.9	3	6.7	3	6.8	10	5.6
<i>Escherichia coli</i>	3	5.4	1	2.9	3	6.7	1	2.3	8	4.5
<i>Haemophilus haemolyticus</i>	-	-	-	-	3	6.7	2	4.6	5	2.8
<i>Acinetobacter baumannii</i>	2	3.6	1	2.9	1	2.1	-	-	4	2.2
<i>Enterobacter cloacae</i>	3	5.4	-	-	-	-	-	-	3	1.7
Разом	56	100	34	100	45	100	44	100	179	100

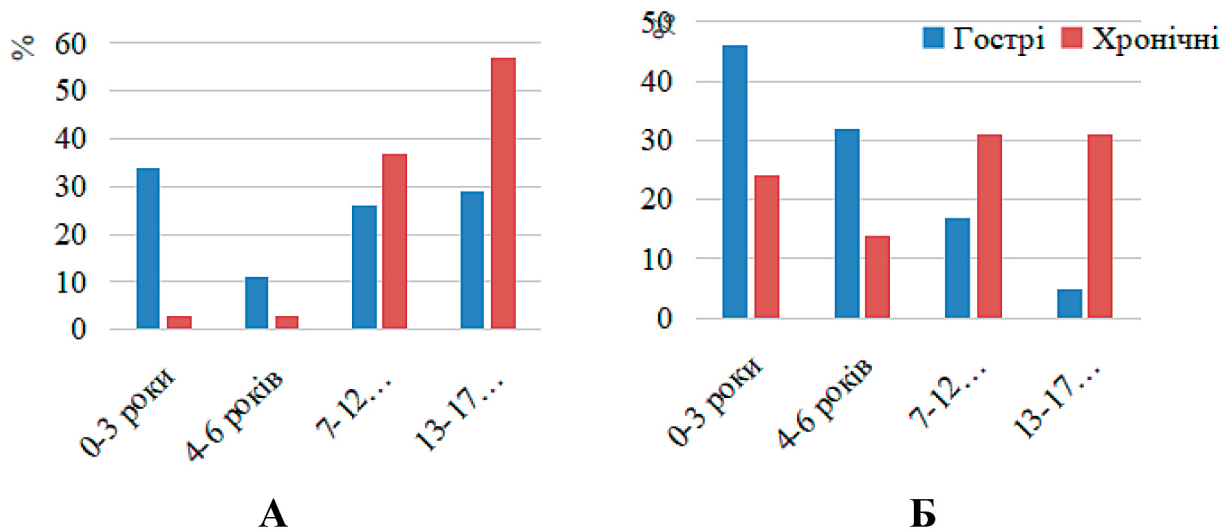


Рисунок 2 – Частота діагностування респіраторних захворювань верхніх (А) і нижніх (Б) дихальних шляхів у пацієнтів різних вікових груп.

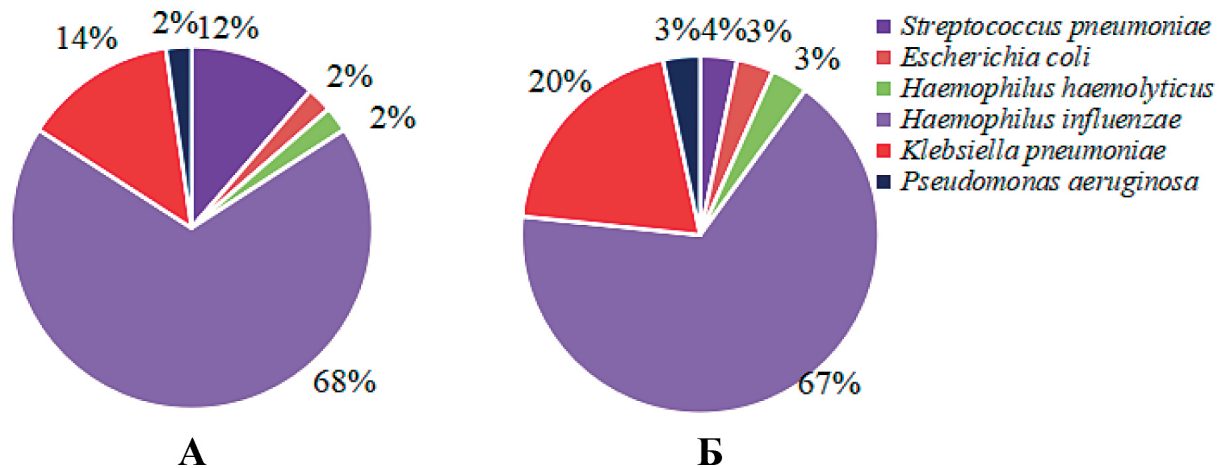


Рисунок 3 – Частота виділення у дітей збудників гострих (А) і хронічних (Б) інфекційних захворювань верхніх дихальних шляхів.

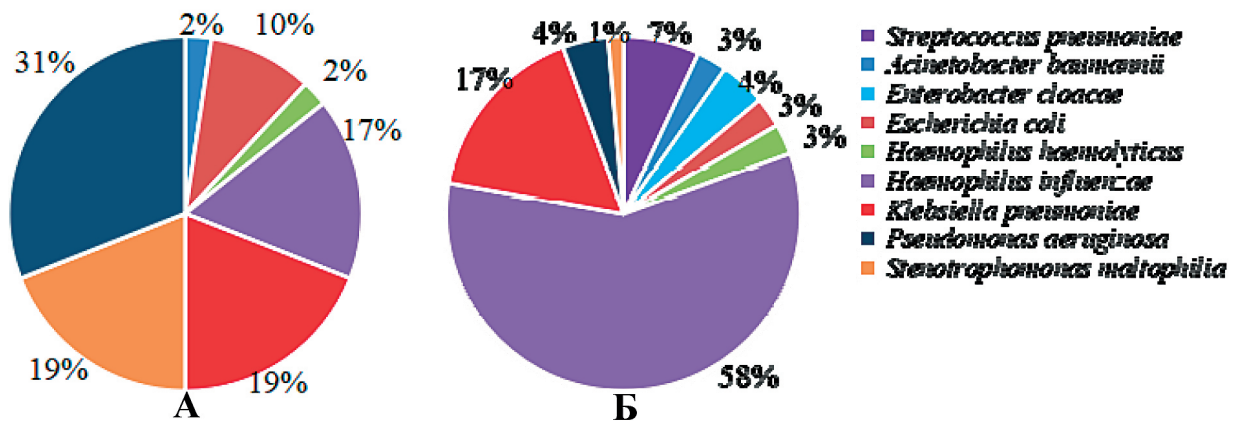


Рисунок 4 – Частота виділення у дітей збудників хронічних (А) і гострих (Б) інфекційних захворювань нижніх дихальних шляхів.

Haemophilus influenzae (68,0%), *Klebsiella pneumoniae* (14,0%) та *Streptococcus pneumoniae* (12,0%), а при хронічних – види *Haemophilus influenzae* (67,0%) та *Klebsiella pneumoniae* (20,0%). Щодо інших представників, – то вони виділялися при патологічних процесах із ВДШ у поодиноких випадках (рис. 3).

Вивчення етіологічного спектру збудників захворювань нижніх відділів респіраторного тракту в обстежених пацієнтів показало, що за гострого перебігу

інфекції переважали представники видів *Haemophilus influenzae* (58,0%) та *Klebsiella pneumoniae* (17,0%), а при хронічних інфекціях найчастіше виділялись бактерії видів *Pseudomonas aeruginosa* – 31,0%, *Klebsiella pneumoniae* – 19%, *Stenotrophomonas maltophilia* – 19%, *Haemophilus influenzae* – 17% (рис. 4).

Отримані дані засвідчують те, що домінуючим збудником як гострих, так і хронічних респіраторних інфекцій у дітей є бактерії роду *Haemophilus* (54,7%),

тому надалі було доцільним проаналізувати частоту виявлення антибіотикорезистентних варіантів гемофільних бактерій за різних форм інфекцій дихальних шляхів. Вибір антибіотиків, використаний у дослідженні, обумовлений спектром активності регіональних штамів, локалізацією та ступенем важкості перебігу інфекційного захворювання, а також наявного набору антибактеріальних препаратів у формі закладів охорони здоров'я (рис. 5).

Аналіз антибіотикограм дозволив дійти висновку, що найбільша кількість виділених культур гемофільних бактерій (37,5%) мала стійкість до ампіциліну, 16,6% культур – до ципрофлоксацину. До цефотаксиму і цефепіму виявилися стійкими усього 5,2% і 4,1% ізолятів, відповідно. Резистентні штами гемофільних паличок були виявлені при тестуванні всіх антибіотичних препаратів.

Із 98 виділених клінічних ізолятів бактерій роду *Haemophilus* 53,1% культур характеризувалися чутливістю до всіх досліджуваних антибіотиків, 30,6% варіантів мали резистентність до одного, 10,2% ізолятів – до двох, 4,1% – до 5 антибактеріальних препаратів. Індекс КАР зразка гемофільної палички в середньому становив $0,01 \pm 0,001$ од. Слід зазначити, що антибіотикорезистентні штами виділялися частіше при хронічних формах респіраторних захворювань (54,5%), порівняно із гострими формами (41,4% випадків). Стійкими до одного із досліджуваних антибіотиків виявились 33,3% ізолятів, виділених при хронічних інфекціях, і 25,8% – при гострих; до двох препаратів – 12,1% при хронічних і 9,7% – при гострих; до трьох – 3,0% і 2,7%, до п'яти антибіотиків – 6,1% і 3,2%, відповідно. При цьому, коефіцієнт резистентності при гострих інфекціях становив $0,006 \pm 0,001$ у.о, а при хронічних – $0,01 \pm 0,002$ у.о (рис. 6.).

Таким чином, виявлено відмінності у профілях резистентності збудників захворювань респіраторного тракту при гострих та хронічних формах інфекцій, а також наявність стійких варіантів *H. Influenzae* до всіх тестованих антибіотичних препаратів при гострих формах інфекцій, що потребує подальших досліджень і корекції схем лікування.

Порівнюючи дані з отриманими іншими науковцями 7-10 років тому, можна простежити тенденцію до зниження рівнів стійкості гемофільних бактерій до препаратів пеніцилінового ряду та цефалоспоринов 3-го покоління, у той же час поява антибіотикорезистентних варіантів до фторхінолонів, які раніше не

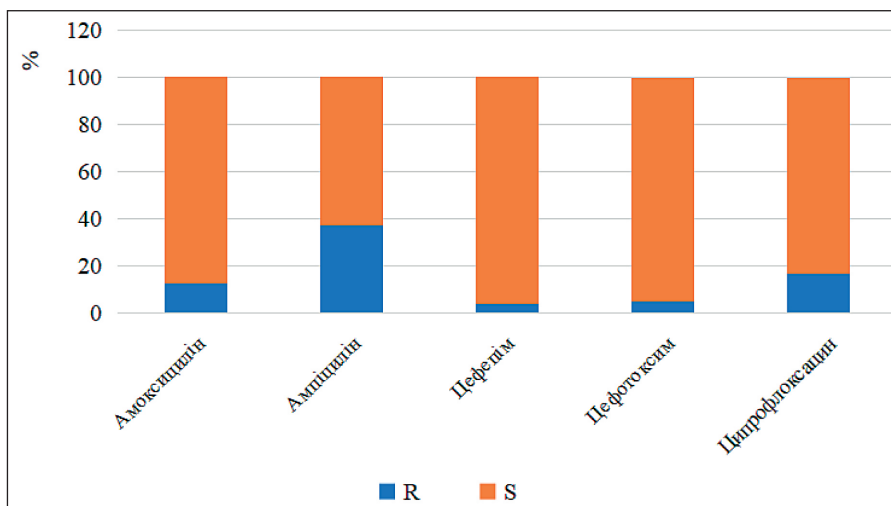


Рисунок 5 – Визначення рівнів чутливості до антибіотиків бактерій роду *Haemophilus* виділених у дітей з інфекціями дихальних шляхів (%).

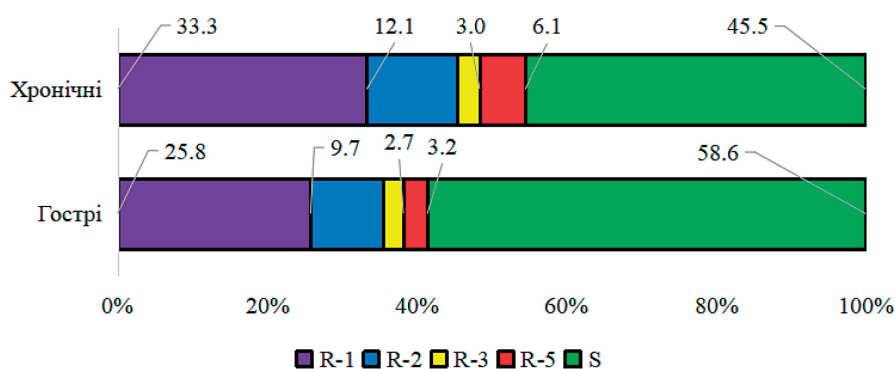


Рисунок 6 – Профілі антибіотикорезистентності ізолятів *Haemophilus influenzae* від дітей із гострими та хронічними формами інфекцій дихальних шляхів.

виявлялися, засвідчує адаптивні можливості мікроорганізмів і необхідність постійного моніторингу розповсюдження антибіотикостійких штамів збудників респіраторних інфекцій [6].

Висновки.

У результаті проведеного мікробіологічного дослідження у 179 дітей віком до 17 років із захворюваннями різних відділів респіраторного тракту визначено етіологічну структуру збудників, серед яких найбільше значення мають: *Haemophilus influenzae* – із частотою виділення 51,9%, *Klebsiella pneumoniae* – 15,7%, *Pseudomonas aeruginosa* – 9,5%, *Stenotrophomonas maltophilia* – 5,6%, *Streptococcus pneumoniae* – 6,1%.

Показано, що найбільш уразливими віковими групами для збудників гострих респіраторних захворювань верхніх і нижніх дихальних шляхів є малюки до 3 років (34% і 46% випадків, відповідно), а хронічних інфекцій верхніх і нижніх відділів респіраторного тракту – підлітки від 13 до 17 років (57% і 31% випадків, відповідно).

Установлено факт циркуляції антибіотикорезистентних варіантів бактерій роду *Haemophilus* у дітей із респіраторними захворюваннями, які частіше виявлялись при хронічних формах перебігу (54,5% випадків). Показано високі рівні стійкості збудників до препаратів пеніцилінового ряду й фторхінолонів, менші – до цефалоспоринов. Виявлено множинностійкі ізоляти гемофільних бактерій до 2-5 антибіотичних препаратів як при хронічних (21,2%), так і при гострих (15,6%) формах інфекцій.

Отримані дані демонструють необхідність проведення постійного моніторингу етіологічної структури, характеру прояву, вікової специфіки розвитку інфекцій різних відділів респіраторного тракту та циркуляції антибіотикорезистентних варіантів збудників захворювань у популяціях госпітальних хворих.

Перспективи подальших досліджень.

Результати досліджень можуть бути використані в сфері діагностики й розробки адекватних схем терапії інфекцій різних відділів дихальної системи з ураху-

ванням вікових особливостей груп ризику – пацієнтів дитячого й підліткового періодів життя, форм і тяжкості перебігу захворювань респіраторного тракту. Показаний етіологічний спектр основних збудників респіраторних інфекцій та профілі виникнення антибіотикорезистентних варіантів гемofilічних бактерій можуть слугувати основою для розробки обґрунтованих підходів до антибіотикотерапії та удосконалення стратегій профілактики бактеріальних респіраторних інфекцій серед дитячого населення.

References / Література

- Man WH, van Houten MA, Merelle ME, Vlieger AM, Chu MLJN, Jansen NJG, et al. Bacterial and viral respiratory tract microbiota and host characteristics in children with lower respiratory tract infections: a matched case-control study. *Lancet Respir Med*. 2019;7(5):417-426. DOI: [10.1016/S2213-2600\(18\)30449-1](https://doi.org/10.1016/S2213-2600(18)30449-1).
- Li R, Li J, Zhou X. Lung microbiome: new insights into the pathogenesis of respiratory diseases. *Signal Transduct Target Ther*. 2024;9(1):19. DOI: [10.1038/s41392-023-01722-y](https://doi.org/10.1038/s41392-023-01722-y).
- Tsay JCJ, Wu BG, Badri MH, Clemente JC, Shen N, Meyn P, et al. Airway microbiota is associated with upregulation of the PI3K pathway in lung cancer. *Am J Respir Crit Care Med*. 2018;198(9):1188-1198. DOI: [10.1164/rccm.201710-2118OC](https://doi.org/10.1164/rccm.201710-2118OC).
- Claassen-Weitz S, Lim KY, Mullally C, Zar HJ, Nicol MP. The association between bacteria colonizing the upper respiratory tract and lower respiratory tract infection in young children: a systematic review and meta-analysis. *Clin Microbiol Infect*. 2021;27(9):1262-1270. DOI: [10.1016/j.cmi.2021.05.034](https://doi.org/10.1016/j.cmi.2021.05.034).
- Dickson RP, Schultz MJ, Van Der Poll T, Schouten LR, Falkowski NR, Luth JE, et al. Lung microbiota predict clinical outcomes in critically ill patients. *Am J Respir Crit Care Med*. 2020;201(5):555-563. DOI: [10.1164/rccm.201907-1487OC](https://doi.org/10.1164/rccm.201907-1487OC).
- Alotaibi NM, Ngan D, Tam S, Yang J, Hollander Z, Chen V, et al. Sputum microbiome is associated with 1-year mortality after chronic obstructive pulmonary disease hospitalizations. *Am J Respir Crit Care Med*. 2019;199(10):1205-1213. DOI: [10.1164/rccm.201806-1135OC](https://doi.org/10.1164/rccm.201806-1135OC).
- Bosch AAD, Piters WADS, van Houten MA, Chu MLJN, Biesbroek G, Kool J, et al. Maturation of the infant respiratory microbiota, environmental drivers, and health consequences: a prospective cohort study. *Am J Respir Crit Care Med*. 2017;196(12):1582-1590. DOI: [10.1164/rccm.201703-0554OC](https://doi.org/10.1164/rccm.201703-0554OC).
- Rogers GB, Zain NMM, Bruce KD, Burr LD, Chen AC, Rivett DW, et al. A novel microbiota stratification system predicts future exacerbations in bronchiectasis. *Ann Am Thorac Soc*. 2014;11(4):496-503. DOI: [10.1513/AnnalsATS.201310-335OC](https://doi.org/10.1513/AnnalsATS.201310-335OC).
- Wang Z, Locantore N, Haldar K, Ramsheh MY, Beech AS, Ma W, et al. Inflammatory endotype-associated airway microbiome in chronic obstructive pulmonary disease clinical stability and exacerbations: a multicohort longitudinal analysis. *Am. J. Respir. Crit. Care Med*. 2021;203:1488-1502. DOI: [10.1164/rccm.202009-3448OC](https://doi.org/10.1164/rccm.202009-3448OC).
- Wajima T, Tanaka E, Uchiya KI. Unique and ingenious mechanisms underlying antimicrobial resistance and spread of *Haemophilus influenzae*. *Biol Pharm Bull*. 2025;48(3):205-212. DOI: [10.1248/bpb.b23-00640](https://doi.org/10.1248/bpb.b23-00640).
- Zwama M, Nishino K. Ever-adapting RND efflux pumps in Gram-negative multidrug-resistant pathogens: a race against time. *Antibiotics (Basel)*. 2021;10(7):774. DOI: [10.3390/antibiotics10070774](https://doi.org/10.3390/antibiotics10070774).
- Bassetti S, Tschudin-Sutter S, Egli A, Osthoff M. Optimizing antibiotic therapies to reduce the risk of bacterial resistance. *Eur J Intern Med*. 2022;99:7-12. DOI: [10.1016/j.ejim.2022.01.029](https://doi.org/10.1016/j.ejim.2022.01.029).
- Hinić V, Reist J, Egli A. Evaluation of the rapid biochemical β -CARBA™ test for detection of carbapenemase-producing Gram-negative bacteria. *J Microbiol Methods*. 2018;144:44-46. DOI: [10.1016/j.mimet.2017.10.008](https://doi.org/10.1016/j.mimet.2017.10.008).
- Kavya IK, Kochhar N, Ghosh A, Shrivastava S, Rawat VS, Ghoraiet SM, et al. Perspectives on systematic generation of antibiotic resistance with special emphasis on modern antibiotics. *Total Environ Res Themes*. 2023;8:100068. DOI: [10.1016/j.totres.2023.100068](https://doi.org/10.1016/j.totres.2023.100068).
- Nor Amdan NA, Shahruzamri NA, Hashim R, Mohamad NJ. Understanding the evolution of macrolides resistance: a mini review. *J Glob Antimicrob Resist*. 2024;38:368-375. DOI: [10.1016/j.jgar.2024.07.016](https://doi.org/10.1016/j.jgar.2024.07.016).
- Sunarti LS. Microbial normal flora: its existence and their contribution to homeostasis. *J Adv Microbiol*. 2022;22(9):1-15. DOI: [10.9734/jamb/2022/v22i930483](https://doi.org/10.9734/jamb/2022/v22i930483).
- Natsionalne ahentstvo z akredytatsiyi Ukrainy. Medychnyi laboratorii – Vymohy do yakosti ta kompetentnosti (ISO 15189:2022). ZD-08.01.42. Kyiv: Natsionalne ahentstvo z akredytatsiyi Ukrainy; 2023. 62 s. [in Ukrainian].
- Ministerstvo okhorony zdorovia Ukrainy. Nakaz № 170 Pro zatverdzhennia metodychnykh vказivok z mikrobiolohichnoi diahnostryky meninhokokovoi infektsii ta hniinykh bakteriinykh meninhitiv (zi zminamy, nakaz MOZ № 2415 vid 03.11.2021). Kyiv: Ministerstvo okhorony zdorovia Ukrainy; 2005. [in Ukrainian].
- Akinpelu S, Ajayi A, Smith SI, Adeleye AI. Efflux pump activity, biofilm formation and antibiotic resistance profile of *Klebsiella* spp. isolated from clinical samples at Lagos University Teaching Hospital. *BMC Res Notes*. 2020;13:1-5. DOI: [10.1186/s13104-020-05105-2](https://doi.org/10.1186/s13104-020-05105-2).

АНАЛІЗ РОЗПОВСЮДЖЕННЯ ЗБУДНИКІВ РЕСПІРАТОРНИХ ІНФЕКЦІЙ БАКТЕРІАЛЬНОЇ ЕТІОЛОГІЇ У ДІТЕЙ РІЗНИХ ВІКОВИХ ГРУП

Кущеров В. Р., Гаврилюк В. Г., Курагіна Н. В., Лаврентьева К. В., Скляр Т. В., Зубарева І. М.

Резюме. В роботі проведено аналіз видового спектру бактеріальних збудників інфекцій дихальних шляхів у дітей різних вікових категорій, визначено домінуючі етіологічні агенти та встановлено їх профілі антибіотикорезистентності.

Метою роботи стало дослідження видового складу бактеріальних збудників інфекцій дихальних шляхів у дітей різних вікових груп залежно від особливостей перебігу у них запального процесу.

Методи досліджень: мікробіологічні, біометричні.

При обстеженні 179 дітей віком від народження до 17 років найчастіше діагностували гострий бронхіт – у 72 осіб, муковісцидоз – у 38, хронічний тонзиліт – у 30, значно рідше реєстрували гострий тонзиліт – у 12, ГРВІ – у 10, риніт і хронічний бронхіт – у 5, бронхолегеневу дисплазію – у 4 та ринофарингіт – у 3 дітей. Визначено етіологічну структуру найбільш значущих збудників інфекційних уражень. Частота їх виділення відповідно складала: 51,9% випадків – *Haemophilus influenzae*, 15,7% – *Klebsiella pneumoniae*, 9,5% – *Pseudomonas aeruginosa*, 5,6% – *Stenotrophomonas maltophilia*, 6,1% випадків – *Streptococcus pneumoniae*. Показано, що найбільш уразливими віковими групами для збудників гострих респіраторних захворювань верхніх і нижніх дихальних шляхів є малюки до 3 років (34% і 46% випадків, відповідно), а хронічних інфекцій верхніх і нижніх відділів респіраторного тракту – підлітки від 13 до 17 років (57% і 31% випадків, відповідно).

Із гостим перебігом інфекції були представники видів *Haemophilus influenzae* (58,0%) та *Klebsiella pneumoniae* (17,0%), а при хронічних інфекціях найчастіше виділялись бактерії видів *Pseudomonas aeruginosa* – 31,0%, *Klebsiella pneumoniae* – 19%, *Stenotrophomonas maltophilia* – 19%, *Haemophilus influenzae* – 17%.

Встановлено факт циркуляції антибіотикорезистентних варіантів бактерій роду *Haemophilus* у дітей із респіраторними захворюваннями, які частіше виявлялись при хронічних формах перебігу (54,5% випадків). Із 98 виділених клінічних ізолятів бактерій роду *Haemophilus* 53,1% культур були чутливими до всіх досліджуваних антибіотиків, 30,6% варіантів мали резистентність до одного, 10,2% ізолятів – до двох, 4,1% – до 5 антибактеріальних препаратів. Показано високі рівні стійкості до препаратів пеніцилінового ряду й фторхінолонів, менші – до цефалоспоринов. Виявлено множинностійкі ізоляти гемофільних бактерій до 2-5 антибіотичних препаратів як при хронічних (21,2%), так і при гострих (15,6%) формах інфекцій.

Отримані дані демонструють необхідність проведення постійного моніторингу етіологічної структури, характеру прояву, вікової специфіки розвитку інфекцій різних відділів респіраторного тракту та циркуляції антибіотикорезистентних варіантів збудників захворювань у популяціях госпітальних хворих і мають важливе значення для розробки профілактично-терапевтичних заходів та перспектив розвитку науково-дослідницьких програм у боротьбі за збереження здоров'я категорій дитячого населення.

Ключові слова: збудники захворювань дихальних шляхів, вікові групи дитячого населення, профілі антибіотикорезистентності штамів гемофільних бактерій.

ANALYSIS OF THE DISTRIBUTION OF BACTERIAL ETIOLOGY RESPIRATORY INFECTION PATHOGENS IN CHILDREN OF DIFFERENT AGE GROUPS

Kutserov V. R., Gavryliuk V. G., Kurahina N. V., Lavrentieva K. V., Sklyar T. V., Zubareva I. M.

Abstract. It was analyzed the species spectrum of bacterial pathogens of respiratory tract infections in children of different age categories, identified the dominant etiological agents and established their antibiotic resistance profiles in this work.

The aim of this work was to research the species composition of bacterial pathogens of respiratory tract infections in children of different age groups depending on the characteristics of the course of their inflammatory process.

Research methods: microbiological, biometric.

When researching 179 children aged from birth to 17 years, acute bronchitis was most often diagnosed – in 72 people, cystic fibrosis – in 38, chronic tonsillitis – in 30, acute tonsillitis was recorded much less often – in 12, ARVI – in 10, rhinitis and chronic bronchitis – in 5, bronchopulmonary dysplasia – in 4 and rhinopharyngitis – in 3 children. The etiological structure of the most significant pathogens of infectious lesions was determined. The frequency of their isolation was, respectively: 51.9% of cases – *Haemophilus influenzae*, 15.7% – *Klebsiella pneumoniae*, 9.5% – *Pseudomonas aeruginosa*, 5.6% – *Stenotrophomonas maltophilia*, 6.1% of cases – *Streptococcus pneumoniae*.

It has been shown that the most vulnerable age groups for pathogens of acute respiratory diseases of the upper and lower respiratory tract are children under 3 years old (34% and 46% of cases, respectively), and for chronic infections of the upper and lower respiratory tract – adolescents from 13 to 17 years (57% and 31% of cases, respectively).

In children with an acute course of respiratory tract infections, the main etiological agents were *Haemophilus influenzae* (58.0%) and *Klebsiella pneumoniae* (17.0%). In chronic diseases, the most frequently isolated bacteria were *Pseudomonas aeruginosa* (31.0%), *Klebsiella pneumoniae* (19%), *Stenotrophomonas maltophilia* (19%), and *Haemophilus influenzae* (17%).

The circulation of antibiotic-resistant variants of *Haemophilus* bacteria in children with respiratory diseases has been established, which were more frequently observed in chronic forms of the disease (54.5% of cases). Of the 98 clinical isolates of *Haemophilus* bacteria obtained, 53.1% of cultures were sensitive to all tested antibiotics, 30.6% of variants were resistant to one, 10.2% of isolates were resistant to two, and 4.1% were resistant to five antibacterial drugs. High levels of resistance to penicillin-group drugs and fluoroquinolones were shown, with lower levels of resistance to cephalosporins. Multidrug-resistant isolates of *Haemophilus* bacteria resistant to 2–5 antibiotics were found in both chronic (21.2%) and acute (15.6%) forms of infections.

The obtained data demonstrate the necessity of continuous monitoring of the etiological structure, patterns of manifestation, age-specific characteristics of infections in various parts of the respiratory tract, and the circulation of antibiotic resistant strains of pathogens in hospital patient populations, and they are the significant important for the development of preventive and therapeutic measures as well as for guiding the future development of research programs aimed at safeguarding the health of pediatric populations.

Key words: pathogens of respiratory diseases, age groups of the child population, antibiotic-resistance profiles of *Haemophilus* spp.

ORCID and contributionship / ORCID кожного автора та їх внесок до статті:

Kutserov V. R.: <https://orcid.org/0009-0008-7365-8686>^{BD}

Gavryliuk V. G.: <https://orcid.org/0000-0003-0112-3275>^{AD}

Kurahina N. V.: <https://orcid.org/0000-0001-7184-2836>^{DE}

Lavrentieva K. V.: <https://orcid.org/0000-0002-2711-7968>^{CE}

Sklyar T. V.: <https://orcid.org/0000-0003-0224-2460>^{AF}

Zubareva I. M.: <https://orcid.org/0000-0002-8160-6519>^{AD}

Conflict of interest / Конфлікт інтересів:

The authors declare no conflict of interest / Автори заявляють про відсутність конфлікту інтересів.

Corresponding author / Адреса для кореспонденції

Kurahina Nina Volodymyrivna / Курагіна Ніна Володимирівна

Oles Honchar Dnipro National University / Дніпровський національний університет ім. Олеса Гончара
Ukraine, 49045, Dnipro, 72 Nauky Ave. / Адреса: Україна, 49045, м. Дніпро, пр. Науки 72

Tel.: +380973638841 / Тел.: +380973638841

E-mail: microviro@ukr.net

A – Work concept and design, **B** – Data collection and analysis, **C** – Responsibility for statistical analysis, **D** – Writing the article, **E** – Critical review, **F** – Final approval of the article / **A** – концепція роботи та дизайн, **B** – збір та аналіз даних, **C** – відповідальність за статистичний аналіз, **D** – написання статті, **E** – критичний огляд, **F** – остаточне затвердження статті.

Received 25.07.2025 / Стаття надійшла 25.07.2025 року
Accepted 11.11.2025 / Стаття прийнята до друку 11.11.2025 року