

АНТИБІОТИКОРЕЗИСТЕНТНІСТЬ ПРИ ПНЕВМОНІЇ У ДІТЕЙ: ВИКЛИКИ ТА ШЛЯХИ ПОДОЛАННЯ

Д. В. Усенко

Одеський національний медичний університет, м. Одеса, Україна

Проблема антибіотикорезистентності при пневмонії у дітей є актуальним викликом для сучасної медицини. Хоча завдяки покращенню доступу до медичної допомоги, вакцинації та вдосконаленню антибактеріальної терапії вдалося значно знизити рівень захворюваності та смертності, розвиток стійкості збудників до антибактеріальних препаратів загрожують ефективності традиційних методів лікування.

Мета роботи – здійснити аналіз даних літератури стосовно сучасного стану антибіотикорезистентності при пневмонії у дітей, основних факторів, що сприяють розвитку стійкості до антибактеріальних препаратів, а також щодо ефективних підходів до її подолання.

Висновки. На основі аналізу сучасних клінічних досліджень показано ефективність актуальних схем емпіричної антибактеріальної терапії з урахуванням локальних даних про чутливість збудників. Отримані результати можуть стати основою для вдосконалення підходів до антибактеріальної терапії у дітей із пневмонією.

Ключові слова:

антибіотики, антибіотикорезистентність, пневмонія у дітей, бактеріальні збудники, механізми антибактеріальної резистентності.

Клінічна та експериментальна патологія 2025. Т.24, №2 (92). С. 59-65.

DOI 10.24061/1727-4338.XXIV.2.92.2025.09

E-mail:

dariav.usenko@gmail.com

ANTIBIOTICS RESISTANCE IN CHILDHOOD PNEUMONIA: CHALLENGES AND WAYS TO OVERCOME

D. V. Usenko

Odesa National Medical University, Odesa, Ukraine

The problem of antibiotic resistance in pediatric pneumonia is a current challenge for modern medicine. Although improvements in healthcare access, vaccination, and advancements in antibacterial therapy have significantly reduced the incidence and mortality rates of pneumonia, the development of pathogen resistance to antibacterial drugs threatens the effectiveness of traditional treatment methods.

Objective – to analyze the current state of antibiotic resistance in pediatric pneumonia, identify key factors contributing to the development of resistance to antibacterial drugs, as well as effective approaches to overcome it.

Conclusions. On the analysis basis of recent clinical studies, the effectiveness of current empirical antibacterial therapy regimens has been demonstrated, taking into account local data on pathogen susceptibility. The findings may serve as a basis for improving approaches to antibacterial therapy in children with pneumonia.

Key words:

antibiotics; antibiotic resistance; pediatric pneumonia; bacterial pathogens; mechanisms of antibacterial resistance.

Clinical and experimental pathology 2025. Vol.24, № 2 (92). P. 59-65.

Вступ

Позалікарняна пневмонія залишається однією з провідних причин захворюваності та смертності серед дітей у всьому світі [1]. Щорічно фіксується від 120 до 160 мільйонів випадків цього захворювання, з яких близько 14 мільйонів потребують госпіталізації, а майже мільйон закінчуються летально у дітей віком до п'яти років [2, 3]. Хоча найчастішими збудниками пневмонії в дитячому віці є респіраторні віруси, основна частка смертей зумовлена бактеріальними формами хвороби, зокрема тими, що викликаються *S. pneumoniae* та *H. influenzae* типу b [3, 4]. Завдяки вакцинації, покращеному доступу до медичних послуг та ефективній антибіотикотерапії в останні роки вдалося знизити загальну захворюваність та смертність від пневмонії [4, 5]. Попри це, залишаються актуальними питання щодо доцільності

та тривалості застосування антибіотиків при пневмонії, особливо на тлі стрімкого поширення антибіотикорезистентності. Оскільки в більшості випадків збудниками є віруси [6, 7], виникає потреба у чіткому визначенні показань до антибактеріального лікування та його тривалості.

Наразі зростає стурбованість через резистентність збудників до антибіотиків, що створює серйозні ризики для здоров'я дітей – від зниження ефективності лікування до підвищення рівня ускладнень та смертності [8]. Одним із важливих викликів сьогодення залишається розмежування бактеріальної та небактеріальної етіології пневмонії, що дасть змогу обґрунтовано призначати антибіотики лише тим пацієнтам, які дійсно їх потребують. При цьому важливо враховувати індивідуальну клінічну відповідь дитини, що часто визначає тривалість лікування.

ISSN 1727-4338 <https://www.bsmu.edu.ua>

Попри досягнення в галузі фармакології, зростання резистентності мікроорганізмів знижує ефективність традиційних схем терапії, ускладнюючи перебіг захворювання, підвищуючи ризик розвитку негативних наслідків і летальність [9]. У зв'язку з цим виникає нагальна потреба у нових підходах до лікування пневмонії в педіатрії, що включають удосконалення методів діагностики, оптимізацію антибіотикотерапії та запровадження ефективних профілактичних стратегій.

Мета дослідження

Здійснити аналіз даних літератури щодо сучасного стану антибіотикорезистентності при пневмонії у дітей, ключових чинників її розвитку та формування ефективних підходів до подолання цієї проблеми.

Основна частина

Поширеність та особливості резистентності збудників пневмонії у дітей. Під час вибору антибактеріального препарату для лікування дітей із бактеріальною пневмонією, а також визначення оптимальної тривалості терапії, враховують низку важливих чинників. Серед них: 1) клінічні прояви захворювання та ступінь його тяжкості; 2) ймовірна етіологія інфекції з урахуванням віку дитини, статусу вакцинації, наявності супутніх патологій і локальних даних щодо чутливості патогенів до антибіотиків; 3) доступність, вартість, переносимість і зручність застосування обраного препарату [10].

Проблема антибіотикорезистентності збудників пневмонії у дітей ускладнює лікування цих інфекцій, що, у свою чергу, негативно впливає на показники захворюваності та смертності. У багатьох країнах світу функціонують програми епідеміологічного нагляду за стійкістю мікроорганізмів до антимікробних засобів [11-13]. Проте опубліковані результати щодо частоти призначення антибіотиків або поширеності бактеріальних патогенів при пневмонії в дитячому віці залишаються обмеженими та часто суперечливими.

У дослідженні Fu P. та співавт. [14] проаналізовано бактеріальну епідеміологію та профілі резистентності основних збудників пневмонії у дітей. За даними, що датуються до 2019 року, серед бактерій, ізолюваних із нижніх дихальних шляхів, переважали *S. pneumoniae* (22,5%), *H. influenzae* (18,8%) і *M. catarrhalis* (12,5%). Водночас серед ізолятів із верхніх дихальних шляхів домінував *S. pyogenes* (75,4%). У 2020 році, на тлі пандемії COVID-19, зафіксовано різке зменшення частоти виявлення збудників, які раніше переважали. Зокрема, частка *S. pneumoniae* знизилася до 9,8%, а *S. pyogenes* – до 1,9%. Після поступового зростання з 2016 року (9,3%) до 2019 року (18,8%) частота виявлення *H. influenzae* також суттєво зменшилася у 2020 році – до 5,4%.

Оцінка резистентності до антибіотиків виявила, що *S. aureus*, який часто є збудником тяжких форм пневмонії, у 93,2% випадків був стійким до пеніциліну. Близько 35% штамів були резистентними до оксациліну. Також зареєстровано високу стійкість до еритроміцину та кліндаміцину (понад 80%), тоді як чутливість до метициліну зберігалась [14-16].

Для *S. pyogenes* і *S. pneumoniae* характерний високий рівень резистентності до кліндаміцину та еритроміцину (понад 90%). Усі штами *S. pyogenes* залишалися чутливими до пеніциліну, тоді як частка пеніцилін-резистентних штамів *S. pneumoniae* (PNSP) у 2016-2020 роках варіювала в межах 9,6-20,7% [14, 17, 18].

Щодо *K. pneumoniae*, то її штами продемонстрували високу стійкість до цефазоліну та ампіциліну-сульбактаму. Водночас із 2016 року відзначається поступове зниження резистентності до меропенему – з 23% до 13,4% у 2020 році. Штами, що залишалися чутливими до карбапенемів, також показали хорошу ефективність до інших протестованих антибіотиків [14, 19-21].

Середпоширених бактеріальних збудників пневмонії в дітей *H. influenzae* та *M. catarrhalis* займають важливе місце. Зокрема, більше 95% штамів *M. catarrhalis* [22] і приблизно 60% *H. influenzae* [23] продукували β-лактамази, але залишалися чутливими до відповідних антибіотиків. *M. catarrhalis* зберігає високу чутливість до більшості протимікробних засобів.

Отже, отримані дані засвідчують про зміну етіологічного спектра пневмоній у дітей в останні роки, що частково пов'язано з впливом пандемії COVID-19. Провідними бактеріальними збудниками залишаються *S. pneumoniae*, *H. influenzae*, *M. catarrhalis* та *K. pneumoniae*, при цьому рівень їхньої резистентності до основних груп антибіотиків – β-лактамів, макролідів і фторхінолонів – залишається досить високим.

Передумови розвитку антибіотикорезистентності. Антибіотикорезистентність щорічно призводить до сотень тисяч смертей у всьому світі [2]. Через зростання стійкості бактеріальних патогенів до антимікробних препаратів і прогнозовану тенденцію до її подальшого поширення, Всесвітня організація охорони здоров'я класифікує антибіотикорезистентність як одну з найсерйозніших загроз для глобального здоров'я [24]. Історично заходи боротьби з антибіотикорезистентністю зосереджувалися переважно в медичному та громадському секторах, а останнім часом активно впроваджуються і в аграрному секторі, з метою зменшення поширення резистентних штамів та запобігання їх селекції під впливом антимікробної терапії [25].

Фактори, що ініціюють у бактерій стійкість до антибіотиків, можуть впливати в будь-якому середовищі – у людей, тварин чи довіклі – внаслідок природної генетичної варіабельності, мутацій, реорганізації ДНК або горизонтального перенесення генів. У випадку пневмонії, яку можуть викликати численні бактеріальні агенти, такі механізми особливо актуальні. Горизонтальна передача генів відіграє ключову роль у поширенні резистентності, адже вона дає змогу різним бактеріальним штамам одного виду набувати спільні гени стійкості [26, 27].

Формування стійких до антибіотиків мутацій часто є наслідком тривалого впливу антибіотиків на чутливі бактерії, а також тісної взаємодії на межі людина-тварина-довкілля. Основними факторами, що сприяють клональному розповсюдженню антибіотикорезистентності, є постійний селективний

тиск антибіотиків та особливості генетичного фону мікроорганізмів [28]. Це може спричиняти хромосомні зміни, що стимулюють утримання плазмід із генами стійкості або появу компенсаторних мутацій у вже резистентних штамів. Такі клони можуть поширюватися географічно й проникати в нові популяції господарів залежно від шляхів передачі та рівня експозиції до антибіотиків [29].

Вважається, що мобільні генетичні елементи – ключові учасники поширення резистентності у межах екосистеми людина-тварина-довкілля. Наприклад, *K. pneumoniae* визначена як важливе джерело мобільних генів антибіотикорезистентності, зокрема β -лактамаз і карбапенемаз розширеного спектру дії [30]. Горизонтальний перенос генів у *K. pneumoniae* сприяє переміщенню генів резистентності з великого генетичного резервуара до менших популяцій бактерій.

Антибіотикорезистентність значно знижує клінічну ефективність антибіотиків, призводить до зростання кількості тяжких інфекцій та ускладнень [31]. Значний внесок у поширення стійкості робить і широке застосування антибіотиків у тваринництві, яке впливає на формування резистентних штамів серед мікроорганізмів, патогенних для людини [32].

Отже, основними чинниками, що сприяють резистентності збудників пневмонії, є мобільні генетичні елементи, які забезпечують швидке поширення генів стійкості. Саме вони є ключовими в передаванні резистентності до β -лактамних антибіотиків, аміноглікозидів і, за останніми даними, до фторхінолонів. Унаслідок цього поширеність резистентних бактеріальних штамів набуває глобального масштабу.

Механізми антибактеріальної резистентності.

Поступове зростання антибіотикорезистентності серйозно ускладнює ефективну профілактику та терапію бактеріальної пневмонії у дитячому віці. Бактерії можуть набувати стійкості до антибіотиків за допомогою різноманітних механізмів, серед яких – зменшення проникності клітинної стінки для лікарських засобів, утворення біоплівки, що знижують ефективність лікування, та активність ефлюксних насосів, які виводять антибіотик із клітини [30]. Крім того, постійно з'являються нові механізми резистентності, що поширюються на глобальному рівні. Розглянемо ключові механізми антибіотикорезистентності на прикладі *S. pneumoniae*.

У дослідженні Li L. та співавт. [33] доведено, що головними факторами стійкості *S. pneumoniae* до β -лактамів є пеніцилінзв'язувальні білки (PBP). Із шести PBP, наявних у геномі пневмокока (1a, 1b, 2a, 2x, 2b, 3), саме PBP1a, 2x і 2b мають вирішальне значення для формування резистентності. Ділянки зв'язування пеніциліну розташовані в доменах транспептидази або карбоксипептидази з характерними збереженими мотивами [34]. Зокрема, мозаїчні форми PBP2X і PBP1A забезпечують високу резистентність до цефалоспоринов III покоління, а PBP2b – до меропенему [35].

Окрім цього, існують PBP-незалежні шляхи резистентності до β -лактамів. Зокрема, встановлено [34], що двокомпонентна система CiaRH (гістидинкіназа CiaH і регулятор відповіді CiaR) бере участь у формуванні стійкості до цефотаксиму.

Мутація в гені *ciaH* (T230P) може посилити стійкість бактерій і знизити їхню здатність до трансформації.

Іншим прикладом є мутації в гені глікозилтрансферази *croA*, які виявлено у штамів, резистентних до піперациліну. Такі зміни можуть зменшувати експресію PBP1a та знижувати чутливість бактерій до піперациліну через порушення синтезу GalGlcDAG [36]. Крім того, навіть сублетальні дози β -лактамів (наприклад, $\frac{1}{4}$ МК пеніциліну або цефотаксиму) здатні індукувати експресію генів *stkP*, *phpP* і процес фосфорилування *StkP*, що також пов'язано з резистентністю [37].

Механізми стійкості пневмокока до макролідів включають два основні шляхи: метилювання мішені за допомогою ферменту *Erm(B)*, який кодується геном *erm(B)*, та активне виведення антибіотика з клітини через транспортну систему, опосередковану *mefE* або *mefA*. *Erm(B)* метилює 23S рРНК, перешкоджаючи зв'язуванню антибіотика, що зумовлює фенотип MLSB (макролід-лінкозамід-стрептограмін В) і високу резистентність до різних антибіотиків [38].

Резистентність до фторхінолонів формується шляхом мутацій у генах, які кодують ДНК-гіразу (*gyrA*, *gyrB*) та топоізомеразу IV (*parC*, *parE*), що є мішенями для цих антибіотиків. Додатковим механізмом є активний ефлюкс, який зменшує внутрішньоклітинну концентрацію препарату. Процес набуття стійкості є поетапним: першою зазвичай виникає мутація в *parC*, що забезпечує низький рівень резистентності, тоді як мутація в *gyrA* значно підвищує рівень стійкості [39].

Отже, аналіз основних молекулярно-генетичних механізмів резистентності демонструє необхідність постійного моніторингу для вивчення епідеміологічних змін серотипів та профілів чутливості бактерій. Подальші дослідження, орієнтовані на клінічно ізольовані резистентні штами, мають важливе значення для виявлення нових мішеней терапії та ефективнішого контролю пневмоній у дітей, викликаних антибіотикорезистентними патогенами.

Оцінка ефективності сучасних схем антибактеріальної терапії при дитячій пневмонії.

Сучасні схеми лікування пневмонії в дітей зазвичай передбачають застосування антибіотиків для боротьби з бактеріальними інфекціями. Однак зростання стійкості мікроорганізмів до антибіотиків може вплинути на ефективність лікування таких захворювань. Емпірична терапія залежить від віку пацієнта, тяжкості хвороби та можливих збудників інфекції. Наприклад, у дітей до 2 місяців пневмонію часто спричиняють *S. agalactiae* або *S. aureus*, тому рекомендованими є ампіцилін та аміноглікозиди або цефалоспоринов III покоління. У дітей віком від 2 місяців до 5 років основними збудниками пневмонії є *S. pneumoniae*, а рідше – *H. influenzae* та *M. pneumoniae*, тому основним засобом терапії є амоксицилін, а при підозрі на атипичні збудники – макролід (азитроміцин, кларитроміцин). Для дітей старшого віку (понад 5 років) у розвитку пневмонії характерна участь атипичних бактерій – *M. pneumoniae*, *C. pneumoniae*, тому перевага надається макролідам або комбінаціям β -лактамів із макролідами [40-42].

Для лікування інвазивних пневмококових захворювань у пацієнтів без супутніх захворювань зазвичай застосовують амоксицилін, доксициклін

або макроліди, а для осіб із супутніми патологіями – амоксицилін/клавуланова кислота або цефалоспорины у поєднанні з макролідами чи доксицикліном або монотерапія фторхінолонами. У тяжких випадках, коли стандартне лікування не дає результату, можуть бути використані левофлоксацин, лінезолід, кліндаміцин або ванкоміцин [43, 44]. Хоч ці методи є ефективними, проблема антибіотикорезистентності залишається актуальною, оскільки збудники розвивають стійкість до препаратів, що часто застосовуються. Наприклад, *S. pneumoniae* набув стійкості до пеніциліну, макролідів, фторхінолонів і сульфаметоксазол-триметоприму. Окремою проблемою є поширення метицилін-резистентного штаму *S. aureus*, що вимагає корекції лікування з використанням ванкоміцину, лінезоліду, карбапенемів (меропенем, іміпенем) або фторхінолонів (левофлоксацин, моксифлоксацин).

Отже, сучасне лікування дитячої пневмонії базується на етіотропному підході, що враховує найпоширеніші бактеріальні збудники та рівень їхньої стійкості до антибіотиків. Оцінка ефективності терапії повинна проводитися на основі клінічних результатів, зокрема швидкості зменшення симптомів, частоти ускладнень та потреби в корекції лікування.

Висновки

1. Антибіотикорезистентність збудників пневмонії у дітей залишається однією з головних проблем сучасної медицини, що ускладнює ефективне лікування бактеріальних інфекцій і підвищує рівень захворюваності та смертності. Аналіз літератури засвідчує про зміну спектра бактеріальних збудників пневмонії у дітей за останні роки, зокрема в умовах пандемії коронавірусної хвороби. Основними збудниками залишаються *S. pneumoniae*, *H. influenzae*, *M. catarrhalis* та *K. pneumoniae*, при цьому спостерігається висока стійкість до ключових антибіотиків, таких як β-лактами, макроліди та фторхінолони.

2. Основні механізми антибіотикорезистентності збудників пневмонії включають зміну мішеней дії антибіотиків, активний викид препаратів із клітин, продукцію β-лактамаз і горизонтальне перенесення генів, що кодуєть білки, які сприяють розвитку стійкості. Важливу роль у поширенні резистентності відіграють мобільні генетичні елементи, які сприяють передачі стійких штамів між різними видами мікроорганізмів.

3. Зростання резистентності до антибіотиків вимагає комплексного підходу до лікування бактеріальної пневмонії у дітей, включаючи раціональне застосування антибіотиків, активний моніторинг резистентних штамів та впровадження нових стратегій боротьби з антибіотикорезистентністю. Подальші дослідження мають бути спрямовані на розробку ефективних методів контролю і профілактики поширення резистентних патогенів. Це дасть змогу вдосконалити підходи до лікування та зменшити негативний вплив стійкості до антибіотиків на здоров'я дітей.

Список літератури

1. Meyer Sauter PM. Childhood community-acquired pneumonia. Eur J Pediatr. 2024;183(3):1129-36. doi: 10.1007/s00431-023-05366-6
2. Tsoumani E, Carter JA, Salomonsson S, Stephens JM, Bencina G. Clinical, economic, and humanistic burden of

community acquired pneumonia in Europe: a systematic literature review. Expert Rev Vaccines. 2023;22(1):876-84. doi: 10.1080/14760584.2023.2261785

3. GBD 2019 Antimicrobial Resistance Collaborators. Global mortality associated with 33 bacterial pathogens in 2019: a systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2019. Lancet. 2022;400(10369):2221-48. doi: 10.1016/s0140-6736(22)02185-7
4. GBD 2021 Lower Respiratory Infections and Antimicrobial Resistance Collaborators. Global, regional, and national incidence and mortality burden of non-COVID-19 lower respiratory infections and aetiologies, 1990-2021: a systematic analysis from the Global Burden of Disease Study 2021. Lancet Infect Dis. 2024;24(9):974-1002. doi: 10.1016/s1473-3099(24)00176-2
5. Okafor C, Olaniran A, Darj E. Challenges and recommendations for addressing under-five pneumonia morbidity and mortality in Nigeria. Afr Health Sci. 2023;23(2):193-201. doi: 10.4314/ahs.v23i2.21
6. Binns E, Tuckerman J, Licciardi PV, Wurzel D. Respiratory syncytial virus, recurrent wheeze and asthma: A narrative review of pathophysiology, prevention and future directions. J Paediatr Child Health. 2022;58(10):1741-6. doi: 10.1111/jpc.16197
7. Principi N, Autore G, Ramundo G, Esposito S. Epidemiology of respiratory infections during the COVID-19 pandemic. Viruses [Internet]. 2023[cited 2025 Jun 20];15(5):1160. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC10224029/pdf/viruses-15-01160.pdf> doi: 10.3390/v15051160
8. Tran-Quang K, Nguyen-Thi-Dieu T, Tran-Do H, Pham-Hung V, Nguyen-Vu T, Tran-Xuan B, et al. Antibiotic resistance of Streptococcus pneumoniae in Vietnamese children with severe pneumonia: a cross-sectional study. Front Public Health [Internet]. 2023[cited 2025 Jun 20];11:1110903. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC10294427/pdf/fpubh-11-1110903.pdf> doi: 10.3389/fpubh.2023.1110903
9. Singla S, Sih K, Goldman RD. Antibiotic treatment duration for community-acquired pneumonia in children. Can Fam Physician. 2023;69(6):400-2. doi: 10.1093/cid/ciac374
10. Lipsett SC, Hall M, Ambroggio L, Hersh AL, Shah SS, Brogan TV, et al. Antibiotic choice and clinical outcomes in ambulatory children with community-acquired pneumonia. J Pediatr. 2021;229:207-15. doi: 10.1016/j.jpeds.2020.10.005
11. GBD GBD 2021 Antimicrobial Resistance Collaborators. Global burden of bacterial antimicrobial resistance 1990-2021: a systematic analysis with forecasts to 2050. Lancet. 2024;404(10459):1199-26. doi: 10.1016/s0140-6736(24)01867-1
12. Antimicrobial Resistance Collaborators. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. Lancet. 2022;399(10325):629-55. doi: 10.1016/s0140-6736(21)02724-0
13. Baquero F. Threats of antibiotic resistance: an obliged reappraisal. Int Microbiol. 2021;24(4):499-506. doi: 10.1007/s10123-021-00184-y
14. Fu P, Xu H, Jing C, Deng J, Wang H, Hua C, et al. Bacterial epidemiology and antimicrobial resistance profiles in children reported by the ISPED program in China, 2016 to 2020. Microbiol Spectr [Internet]. 2021[cited 2025 Jun 18];9(3):e0028321. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8567242/pdf/spectrum.00283-21.pdf> doi: 10.1128/spectrum.00283-21
15. Lázár V, Snitser O, Barkan D, Kishony R. Antibiotic combinations reduce Staphylococcus aureus clearance. Nature. 2022;610(7932):540-6. doi: 10.1038/s41586-022-05260-5
16. Freiberg JA, Reyes Ruiz VM, Gimza BD, Murdoch CC, Green ER, Curry JM, et al. Restriction of arginine induces antibiotic tolerance in Staphylococcus aureus. Nat Commun [Internet]. 2024[cited 2025 Jun 20];15(1):6734. Available from: https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11306626/pdf/41467_2024_Article_51144.pdf doi: 10.1038/s41467-024-51144-9

Клінічна та експериментальна патологія. 2025. Т.24, № 2 (92)

17. Brouwer S, Rivera-Hernandez T, Curren BF, Harbison-Price N, De Oliveira DMP, Jespersen MG, et al. Pathogenesis, epidemiology and control of Group A Streptococcus infection. *Nat Rev Microbiol*. 2023;21(7):431-47. doi: 10.1038/s41579-023-00865-7
18. Ferretti JJ, Stevens DL, Fischetti VA, editors. *Streptococcus pyogenes: Basic Biology to Clinical Manifestations*. 2nd ed. Oklahoma City (OK): University of Oklahoma Health Sciences Center; 2022. Chapter 30, Cattoir V. Mechanisms of Streptococcus pyogenes Antibiotic Resistance.
19. Wang G, Zhao G, Chao X, Xie L, Wang H. The characteristic of virulence, biofilm and antibiotic resistance of *Klebsiella pneumoniae*. *Int J Environ Res Public Health* [Internet]. 2020[cited 2025 Jun 18];17(17):6278. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7503635/pdf/ijerph-17-06278.pdf> doi: 10.3390/ijerph17176278
20. Hu F, Pan Y, Li H, Han R, Liu X, Ma R, et al. Carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* capsular types, antibiotic resistance and virulence factors in China: a longitudinal, multi-centre study. *Nat Microbiol*. 2024;9(3):814-29. doi: 10.1038/s41564-024-01612-1
21. Stojowska-Swędryńska K, Łupkowska A, Kuczyńska-Wisnik D, Laskowska E. Antibiotic heteroresistance in *Klebsiella pneumoniae*. *Int J Mol Sci* [Internet]. 2021[cited 2025 Jun 18];23(1):449. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8745652/pdf/ijms-23-00449.pdf> doi: 10.3390/ijms23010449
22. Bristy SA, Hossain MA, Hasan MI, Mahmud SMH, Moni MA, Rahman MH. An integrated complete-genome sequencing and systems biology approach to predict antimicrobial resistance genes in the virulent bacterial strains of *Moraxella catarrhalis*. *Brief Funct Genomics*. 2023;22(4):375-91. doi: 10.1093/bfpg/eland005
23. Ekinci E, Willen L, Rodriguez Ruiz JP, Maertens K, Van Heirstraeten L, Serrano G, et al. Haemophilus influenzae carriage and antibiotic resistance profile in Belgian infants over a three-year period (2016-2018). *Front Microbiol* [Internet]. 2023[cited 2025 Jun 21];14:1160073. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC10164969/pdf/fmicb-14-1160073.pdf> doi: 10.3389/fmicb.2023.1160073
24. World Health Organization. *Antimicrobial Resistance: Global Report on Surveillance*. Geneva: WHO; 2014. 256 p.
25. Larsson DGJ, Flach CF. Antibiotic resistance in the environment. *Nat Rev Microbiol*. 2022;20(5):257-69. doi: 10.1038/s41579-021-00649-x
26. Tang KWK, Millar BC, Moore JE. Antimicrobial Resistance (AMR). *Br J Biomed Sci* [Internet]. 2023[cited 2025 Jun 18];80:11387. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC10336207/pdf/bjbs-80-11387.pdf> doi: 10.3389/bjbs.2023.11387
27. Samreen, Ahmad I, Malak HA, Abulreesh HH. Environmental antimicrobial resistance and its drivers: a potential threat to public health. *J Glob Antimicrob Resist*. 2021;27:101-11. doi: 10.1016/j.jgar.2021.08.001
28. Nguyen AQ, Vu HP, Nguyen LN, Wang Q, Djordjevic SP, Donner E, et al. Monitoring antibiotic resistance genes in wastewater treatment: Current strategies and future challenges. *Sci Total Environ* [Internet]. 2021[cited 2025 Jun 21];783:146964. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0048969721020349?via%3Dihub> doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.146964
29. Baker S, Thomson N, Weill FX, Holt KE. Genomic insights into the emergence and spread of antimicrobial-resistant bacterial pathogens. *Science*. 2018;360(6390):733-8. doi: 10.1126/science.aar3777
30. Aslam B, Khurshid M, Arshad MI, Muzammil S, Rasool M, Yasmeen N, et al. Antibiotic resistance: one health one world outlook. *Front Cell Infect Microbiol* [Internet]. 2021[cited 2025 Jun 21];11:771510. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8566695/pdf/fcimb-11-771510.pdf> doi: 10.3389/fcimb.2021.771510
31. O'Neill J. *Tackling Drug-Resistant Infections Globally: Final Report and Recommendations*. The Review on Antimicrobial Resistance. Government of the United Kingdom; 2016. 84 p.
32. Catalano A, Iacopetta D, Ceramella J, Scumaci D, Giuzio F, Satumino C, et al. Multidrug resistance (MDR): a widespread phenomenon in pharmacological therapies. *Molecules* [Internet]. 2022[cited 2025 Jun 18];27(3):616. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8839222/pdf/molecules-27-00616.pdf> doi: 10.3390/molecules27030616
33. Li L, Ma J, Yu Z, Li M, Zhang W, Sun H. Epidemiological characteristics and antibiotic resistance mechanisms of *Streptococcus pneumoniae*: An updated review. *Microbiol Res* [Internet]. 2023[cited 2025 Jun 18];266:127221. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0944501322002610?via%3Dihub> doi: 10.1016/j.micres.2022.127221
34. Li L, Zhou J, Li M, Yu Z, Gao K, Yang J, et al. Comparative genomic analysis of streptococcus pneumoniae strains: penicillin non-susceptible multi-drug-resistant serotype 19A isolates. *Curr Microbiol*. 2022;79:49. doi: 10.1007/s00284-021-02715-2
35. Chen YY, Hsieh YC, Gong YN, Liao WC, Li SW, Chang IY, et al. Genomic Insight into the Spread of Meropenem-Resistant *Streptococcus pneumoniae* Spain23F-ST81, Taiwan. *Emerg Infect Dis*. 2020;26(4):711-20. doi: 10.3201/eid2604.190717
36. Meiers M, Volz C, Eisel J, Maurer P, Henrich B, Hakenbeck R. Altered lipid composition in *Streptococcus pneumoniae* cpoA mutants. *BMC Microbiol* [Internet]. 2014[cited 2025 Jun 21];14:12. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC3901891/pdf/1471-2180-14-12.pdf> doi: 10.1186/1471-2180-14-12
37. Huang YY, Sun YH, Huang N, Liu XX, Yan J, Sun AH. Sublethal β -lactam antibiotics induce PhpP phosphatase expression and StkP kinase phosphorylation in PBP-independent β -lactam antibiotic resistance of *Streptococcus pneumoniae*. *Biochem Biophys Res Commun*. 2018;503(3):2000-8. doi: 10.1016/j.bbrc.2018.07.148
38. Schroeder MR, Lohsen S, Chancey ST, Stephens DS. High-level macrolide resistance due to the mega element [mef(E)/mel] in *Streptococcus pneumoniae*. *Front Microbiol* [Internet]. 2019[cited 2025 Jun 18];10:868. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC6491947/pdf/fmicb-10-00868.pdf> doi: 10.3389/fmicb.2019.00868
39. Keness Y, Bisharat N. Draft genome sequences of *Streptococcus pneumoniae* with high-level resistance to respiratory fluoroquinolones. *Genome Announc* [Internet]. 2016[cited 2025 Jun 21];4(2):e00181-16. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC4816619/pdf/e00181-16.pdf> doi: 10.1128/genomea.00181-16
40. Torres A, Cilloniz C, Niederman MS, Menéndez R, Chalmers JD, Wunderink RG, et al. *Pneumonia*. *Nat Rev Dis Primers*. 2021;7(1):25. doi: 10.1038/s41572-021-00259-0
41. Leung AKC, Wong AHC, Hon KL. Community-acquired pneumonia in children. *Recent Pat Inflamm Allergy Drug Discov*. 2018;12(2):136-44. doi: 10.2174/1872213x12666180621163821
42. Kulkarni D, Wang X, Sharland E, Stansfield D, Campbell H, Nair H. The global burden of hospitalisation due to pneumonia caused by *Staphylococcus aureus* in the under-5 years children: A systematic review and meta-analysis. *EclinicalMedicine* [Internet]. 2022[cited 2025 Jun 21];44:101267. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8763635/pdf/main.pdf> doi: 10.1016/j.eclim.2021.101267
43. Cools F, Delpitte P, Cos P. The search for novel treatment strategies for *Streptococcus pneumoniae* infections. *FEMS Microbiol Rev* [Internet]. 2021[cited 2025 Jun 18];45(4):fuaa072. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8371276/pdf/fuaa072.pdf> doi: 10.1093/femsre/fuaa072
44. Scelfo C, Menzella F, Fontana M, Ghidoni G, Galeone C, Facciolo NC. Pneumonia and invasive pneumococcal diseases: the role of pneumococcal conjugate vaccine in the era of multi-drug resistance. *Vaccines (Basel)* [Internet]. 2021[cited 2025 Jun 18];9(5):420. Available from: <https://www.mdpi.com/2076-393X/9/5/420> doi: 10.3390/vaccines9050420

References

- Meyer Sauter PM. Childhood community-acquired pneumonia. *Eur J Pediatr*. 2024;183(3):1129-36. doi: 10.1007/s00431-023-05366-6
- Tsoumani E, Carter JA, Salomonsson S, Stephens JM, Bencina G. Clinical, economic, and humanistic burden of community acquired pneumonia in Europe: a systematic literature review. *Expert Rev Vaccines*. 2023;22(1):876-84. doi: 10.1080/14760584.2023.2261785
- GBD 2019 Antimicrobial Resistance Collaborators. Global mortality associated with 33 bacterial pathogens in 2019: a systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2019. *Lancet*. 2022;400(10369):2221-48. doi: 10.1016/s0140-6736(22)02185-7
- GBD 2021 Lower Respiratory Infections and Antimicrobial Resistance Collaborators. Global, regional, and national incidence and mortality burden of non-COVID-19 lower respiratory infections and aetiologies, 1990-2021: a systematic analysis from the Global Burden of Disease Study 2021. *Lancet Infect Dis*. 2024;24(9):974-1002. doi: 10.1016/s1473-3099(24)00176-2
- Okafor C, Olaniran A, Darj E. Challenges and recommendations for addressing under-five pneumonia morbidity and mortality in Nigeria. *Afr Health Sci*. 2023;23(2):193-201. doi: 10.4314/ahs.v23i2.21
- Binns E, Tuckerman J, Licciardi PV, Wurzel D. Respiratory syncytial virus, recurrent wheeze and asthma: A narrative review of pathophysiology, prevention and future directions. *J Paediatr Child Health*. 2022;58(10):1741-6. doi: 10.1111/jpc.16197
- Principi N, Autore G, Ramundo G, Esposito S. Epidemiology of respiratory infections during the COVID-19 pandemic. *Viruses* [Internet]. 2023[cited 2025 Jun 20];15(5):1160. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC10224029/pdf/viruses-15-01160.pdf> doi: 10.3390/v15051160
- Tran-Quang K, Nguyen-Thi-Dieu T, Tran-Do H, Pham-Hung V, Nguyen-Vu T, Tran-Xuan B, et al. Antibiotic resistance of *Streptococcus pneumoniae* in Vietnamese children with severe pneumonia: a cross-sectional study. *Front Public Health* [Internet]. 2023[cited 2025 Jun 20];11:1110903. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC10294427/pdf/fpubh-11-1110903.pdf> doi: 10.3389/fpubh.2023.1110903
- Singla S, Sih K, Goldman RD. Antibiotic treatment duration for community-acquired pneumonia in children. *Can Fam Physician*. 2023;69(6):400-2. doi: 10.1093/cid/ciac374
- Lipsett SC, Hall M, Ambroggio L, Hersh AL, Shah SS, Brogan TV, et al. Antibiotic choice and clinical outcomes in ambulatory children with community-acquired pneumonia. *J Pediatr*. 2021;229:207-15. doi: 10.1016/j.jpeds.2020.10.005
- GBD GBD 2021 Antimicrobial Resistance Collaborators. Global burden of bacterial antimicrobial resistance 1990-2021: a systematic analysis with forecasts to 2050. *Lancet*. 2024;404(10459):1199-26. doi: 10.1016/s0140-6736(24)01867-1
- Antimicrobial Resistance Collaborators. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. *Lancet*. 2022;399(10325):629-55. doi: 10.1016/s0140-6736(21)02724-0
- Baquero F. Threats of antibiotic resistance: an obliged reappraisal. *Int Microbiol*. 2021;24(4):499-506. doi: 10.1007/s10123-021-00184-y
- Fu P, Xu H, Jing C, Deng J, Wang H, Hua C, et al. Bacterial epidemiology and antimicrobial resistance profiles in children reported by the ISPED program in China, 2016 to 2020. *Microbiol Spectr* [Internet]. 2021[cited 2025 Jun 18];9(3):e0028321. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8567242/pdf/spectrum.00283-21.pdf> doi: 10.1128/spectrum.00283-21
- Lázár V, Snitser O, Barkan D, Kishony R. Antibiotic combinations reduce *Staphylococcus aureus* clearance. *Nature*. 2022;610(7932):540-6. doi: 10.1038/s41586-022-05260-5
- Freiberg JA, Reyes Ruiz VM, Gimza BD, Murdoch CC, Green ER, Curry JM, et al. Restriction of arginine induces antibiotic tolerance in *Staphylococcus aureus*. *Nat Commun* [Internet]. 2024[cited 2025 Jun 20];15(1):6734. Available from: https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11306626/pdf/41467_2024_Article_51144.pdf doi: 10.1038/s41467-024-51144-9
- Brouwer S, Rivera-Hernandez T, Curren BF, Harbison-Price N, De Oliveira DMP, Jespersen MG, et al. Pathogenesis, epidemiology and control of Group A *Streptococcus* infection. *Nat Rev Microbiol*. 2023;21(7):431-47. doi: 10.1038/s41579-023-00865-7
- Ferretti JJ, Stevens DL, Fischetti VA, editors. *Streptococcus pyogenes: Basic Biology to Clinical Manifestations*. 2nd ed. Oklahoma City (OK): University of Oklahoma Health Sciences Center; 2022. Chapter 30, Cattoir V. Mechanisms of *Streptococcus pyogenes* Antibiotic Resistance.
- Wang G, Zhao G, Chao X, Xie L, Wang H. The characteristic of virulence, biofilm and antibiotic resistance of *Klebsiella pneumoniae*. *Int J Environ Res Public Health* [Internet]. 2020[cited 2025 Jun 18];17(17):6278. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7503635/pdf/ijerph-17-06278.pdf> doi: 10.3390/ijerph17176278
- Hu F, Pan Y, Li H, Han R, Liu X, Ma R, et al. Carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* capsular types, antibiotic resistance and virulence factors in China: a longitudinal, multi-centre study. *Nat Microbiol*. 2024;9(3):814-29. doi: 10.1038/s41564-024-01612-1
- Stojowska-Swędryńska K, Łupkowska A, Kuczyńska-Wiśnik D, Laskowska E. Antibiotic heteroresistance in *Klebsiella pneumoniae*. *Int J Mol Sci* [Internet]. 2021[cited 2025 Jun 18];23(1):449. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8745652/pdf/ijms-23-00449.pdf> doi: 10.3390/ijms23010449
- Bristy SA, Hossain MA, Hasan MI, Mahmud SMH, Moni MA, Rahman MH. An integrated complete-genome sequencing and systems biology approach to predict antimicrobial resistance genes in the virulent bacterial strains of *Moraxella catarrhalis*. *Brief Funct Genomics*. 2023;22(4):375-91. doi: 10.1093/bfgp/eland005
- Ekinci E, Willen L, Rodriguez Ruiz JP, Maertens K, Van Heirstraeten L, Serrano G, et al. Haemophilus influenzae carriage and antibiotic resistance profile in Belgian infants over a three-year period (2016-2018). *Front Microbiol* [Internet]. 2023[cited 2025 Jun 21];14:1160073. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC10164969/pdf/fmicb-14-1160073.pdf> doi: 10.3389/fmicb.2023.1160073
- World Health Organization. *Antimicrobial Resistance: Global Report on Surveillance*. Geneva: WHO; 2014. 256 p.
- Larsson DGJ, Flach CF. Antibiotic resistance in the environment. *Nat Rev Microbiol*. 2022;20(5):257-69. doi: 10.1038/s41579-021-00649-x
- Tang KWK, Millar BC, Moore JE. Antimicrobial Resistance (AMR). *Br J Biomed Sci* [Internet]. 2023[cited 2025 Jun 18];80:11387. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC10336207/pdf/bjbs-80-11387.pdf> doi: 10.3389/bjbs.2023.11387
- Samreen, Ahmad I, Malak HA, Abulreesh HH. Environmental antimicrobial resistance and its drivers: a potential threat to public health. *J Glob Antimicrob Resist*. 2021;27:101-11. doi: 10.1016/j.jgar.2021.08.001
- NguyenAQ, Vu HP, NguyenLN, Wang Q, Djordjevic SP, Donner E, et al. Monitoring antibiotic resistance genes in wastewater treatment: Current strategies and future challenges. *Sci Total Environ* [Internet]. 2021[cited 2025 Jun 21];783:146964. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0048969721020349?via%3Dihub> doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.146964
- Baker S, Thomson N, Weill FX, Holt KE. Genomic insights into the emergence and spread of antimicrobial-resistant bacterial pathogens. *Science*. 2018;360(6390):733-8. doi: 10.1126/science.aar3777
- Aslam B, Khurshid M, Arshad MI, Muzammil S, Rasool M, Yasmeen N, et al. Antibiotic resistance: one health one world outlook. *Front Cell Infect Microbiol* [Internet]. 2021[cited 2025 Jun 21];11:771510. Available from: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fcimb.2021.771510/full> doi: 10.3389/fcimb.2021.771510

- Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8656695/pdf/fcimb-11-771510.pdf> doi: 10.3389/fcimb.2021.771510
31. O'Neill J. Tackling Drug-Resistant Infections Globally: Final Report and Recommendations. The Review on Antimicrobial Resistance. Government of the United Kingdom; 2016. 84 p.
 32. Catalano A, Iacopetta D, Ceramella J, Scumaci D, Giuzio F, Saturnino C, et al. Multidrug resistance (MDR): a widespread phenomenon in pharmacological therapies. *Molecules* [Internet]. 2022[cited 2025 Jun 18];27(3):616. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8839222/pdf/molecules-27-00616.pdf> doi: 10.3390/molecules27030616
 33. Li L, Ma J, Yu Z, Li M, Zhang W, Sun H. Epidemiological characteristics and antibiotic resistance mechanisms of *Streptococcus pneumoniae*: An updated review. *Microbiol Res* [Internet]. 2023[cited 2025 Jun 18];266:127221. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0944501322002610?via%3Dihub> doi: 10.1016/j.micres.2022.127221
 34. Li L, Zhou J, Li M, Yu Z, Gao K, Yang J, et al. Comparative genomic analysis of *Streptococcus pneumoniae* strains: penicillin non-susceptible multi-drug-resistant serotype 19A isolates. *Curr Microbiol*. 2022;79:49. doi: 10.1007/s00284-021-02715-2
 35. Chen YY, Hsieh YC, Gong YN, Liao WC, Li SW, Chang IY, et al. Genomic Insight into the Spread of Meropenem-Resistant *Streptococcus pneumoniae* Spain23F-ST81, Taiwan. *Emerg Infect Dis*. 2020;26(4):711-20. doi: 10.3201/eid2604.190717
 36. Meiers M, Volz C, Eisel J, Maurer P, Henrich B, Hakenbeck R. Altered lipid composition in *Streptococcus pneumoniae* cpoA mutants. *BMC Microbiol* [Internet]. 2014[cited 2025 Jun 21];14:12. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC3901891/pdf/1471-2180-14-12.pdf> doi: 10.1186/1471-2180-14-12
 37. Huang YY, Sun YH, Huang N, Liu XX, Yan J, Sun AH. Sublethal β -lactam antibiotics induce PhpP phosphatase expression and StkP kinase phosphorylation in PBP-independent β -lactam antibiotic resistance of *Streptococcus pneumoniae*. *Biochem Biophys Res Commun*. 2018;503(3):2000-8. doi: 10.1016/j.bbrc.2018.07.148
 38. Schroeder MR, Lohsen S, Chancey ST, Stephens DS. High-level macrolide resistance due to the mega element [mef(E)/mel] in *Streptococcus pneumoniae*. *Front Microbiol* [Internet]. 2019[cited 2025 Jun 18];10:868. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC6491947/pdf/fmicb-10-00868.pdf> doi: 10.3389/fmicb.2019.00868
 39. Keness Y, Bisharat N. Draft genome sequences of *Streptococcus pneumoniae* with high-level resistance to respiratory fluoroquinolones. *Genome Announc* [Internet]. 2016[cited 2025 Jun 21];4(2): e00181-16. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC4816619/pdf/e00181-16.pdf> doi: 10.1128/genomea.00181-16
 40. Torres A, Cilloniz C, Niederman MS, Menéndez R, Chalmers JD, Wunderink RG, et al. Pneumonia. *Nat Rev Dis Primers*. 2021;7(1):25. doi: 10.1038/s41572-021-00259-0
 41. Leung AKC, Wong AHC, Hon KL. Community-acquired pneumonia in children. *Recent Pat Inflamm Allergy Drug Discov*. 2018;12(2):136-44. doi: 10.2174/1872213x12666180621163821
 42. Kulkarni D, Wang X, Sharland E, Stansfield D, Campbell H, Nair H. The global burden of hospitalisation due to pneumonia caused by *Staphylococcus aureus* in the under-5 years children: A systematic review and meta-analysis. *EclinicalMedicine* [Internet]. 2022[cited 2025 Jun 21];44:101267. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8763635/pdf/main.pdf> doi: 10.1016/j.eclinm.2021.101267
 43. Cools F, Delputte P, Cos P. The search for novel treatment strategies for *Streptococcus pneumoniae* infections. *FEMS Microbiol Rev* [Internet]. 2021[cited 2025 Jun 18];45(4): fuaa072. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8371276/pdf/fuaa072.pdf> doi: 10.1093/femsre/fuua072
 44. Scelfo C, Menzella F, Fontana M, Ghidoni G, Galeone C, Facciolo NC. Pneumonia and invasive pneumococcal diseases: the role of pneumococcal conjugate vaccine in the era of multi-drug resistance. *Vaccines (Basel)* [Internet]. 2021[cited 2025 Jun 18];9(5):420. Available from: <https://www.mdpi.com/2076-393X/9/5/420> doi: 10.3390/vaccines9050420

Відомості про автора:

Усенко Д. В. – доктор філософії, доцент кафедри педіатрії Одеського національного медичного університету, м. Одеса, Україна.

E-mail: dariav.usenko@gmail.com

ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0003-4143-2099>

Information about author:

Usenko D. V. – PhD, Associate Professor, Department of Pediatrics, Odesa National Medical University, Odesa, Ukraine.

E-mail: dariav.usenko@gmail.com

ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0003-4143-2099>

Стаття надійшла до редакції 23.05.2025

© Д. В. Усенко

