



**JOURNAL OF MEDICINE AND
PHARMACY OF KAZAKHSTAN**

**ҚАЗАҚСТАН МЕДИЦИНА
ЖӘНЕ ФАРМАЦИЯ ЖУРНАЛЫ**

**КАЗАХСТАНСКИЙ ЖУРНАЛ
МЕДИЦИНЫ И ФАРМАЦИИ**

eISSN : 3 1 0 5 – 8 0 3 5

ОҢТҮСТІК ҚАЗАҚСТАН МЕДИЦИНА АКАДЕМИЯСЫ
ҚАЗАҚСТАН МЕДИЦИНА ЖӘНЕ ФАРМАЦИЯ ЖУРНАЛЫ
ЮЖНО-КАЗАХСТАНСКАЯ МЕДИЦИНСКАЯ АКАДЕМИЯ
КАЗАХСТАНСКИЙ ЖУРНАЛ МЕДИЦИНЫ И ФАРМАЦИИ
SOUTH KAZAKHSTAN MEDICAL ACADEMY
JOURNAL OF MEDICINE AND PHARMACY OF KAZAKHSTAN

Основан с мая 1998 г.

Учредитель:

АО «Южно-Казахстанская медицинская академия»

Журнал перерегистрирован
Министерством информации и коммуникаций
Республики Казахстан
Регистрационное свидетельство
№KZ89VPY00065454 от 24.02.2023 года.
ISSN 3105-8027

«Казахстанский журнал медицины и фармации»
зарегистрирован в Международном центре по
регистрации сериальных изданий
ISSN(ЮНЕСКО, г.Париж,Франция), присвоен
международный номер eISSN 3105-8035

Журнал индексируется в КазБЦ; в
международной базе данных Information Service,
for Physics, Electronics and Computing
(InspecDirect)

Адрес редакции:

160019 Республика Казахстан,
г. Шымкент, пл. Аль-Фараби, 1
Тел.: 8(725-2) 39-57-57, (1095)
Факс: 40-82-19
www.skma.edu.kz
e-mail: info@skma.kz

Главный редактор

Жаркинбекова Н.А., кандидат мед. наук., профессор

Заместитель главного редактора

Нурмашев Б.К., кандидат медицинских наук, профессор

Технический редактор

Сейіл Б.С., магистр медицинских наук

Редакционная коллегия:

Абдурахманов Б.А., к.м.н., профессор

Абуова Г.Н., к.м.н., профессор

Анартаева М.У., доктор мед.наук, профессор

Кауызбай Ж.А., к.м.н., доцент

Ордабаева С.К., доктор фарм. наук, профессор

Орманов Н.Ж., доктор мед.наук, профессор

Сагиндыкова Б.А., доктор фарм.наук, профессор

Сисабеков. К.Е., доктор мед. наук, профессор

Шертаева К.Д., доктор фарм.наук, профессор

Редакционный совет:

Бачек Т., асс.профессор(г.Гданьск, Республика
Польша)

Gasparyan Armen Y., MD, PhD, FESC, Associated
Professor (Dudley, UK)

Георгиянц В.А., д.фарм.н., профессор (г.Харьков,
Украина)

Дроздова И.Л., д.фарм.н., профессор (г.Курск,
Россия)

Корчевский А. Phd, Doctor of Science (г.Колумбия,
США)

Раменская Г.В., д.фарм.н., профессор (г.Москва,
Россия)

Халиуллин Ф.А., д.фарм.н., профессор (г.Уфа,
Россия)

Иоханна Хейкиля, (Университет JAMK, Финляндия)

Хеннеле Титтанен, (Университет LAMK,
Финляндия)

Шнитовска М.,Prof.,Phd., M.Pharm (г.Гданьск,
Республика Польша)

Секция «Современные вызовы и инновационные подходы в борьбе с инфекционными заболеваниями»

УДК: 616.98:579.841.93 (574)

Kalkaman A., Zhanibekova A., Ashirbay B., Maukayeva S., Kudaibergenova N.

Semey Medical University, Semey, Kazakhstan

BRUCELLOSIS IN KAZAKHSTAN

Abstract

Brucellosis in Kazakhstan remains a persistent zoonotic threat, particularly affecting rural populations involved in livestock breeding. This thesis highlights historical trends, clinical patterns, and evolving diagnostic and prevention efforts. With Brucella melitensis responsible for nearly all human cases, transmission stems from direct animal contact and unsafe food practices. Despite extensive vaccination and surveillance programs, the disease persists due to environmental contamination, informal slaughter, and gaps in veterinary oversight. Addressing these challenges requires strengthened collaboration between veterinary and public health sectors, alongside community-based education and improved diagnostic approaches.

Keywords: Brucellosis, zoonotic infection, epidemiology, livestock, Kazakhstan

Қалқаман А., Жәнібекова А., Маукаева С., Әшірбай Б., Кудайбергенова Н.

Медицинский Университет Семей, Семей, Казахстан

БРУЦЕЛЛЕЗ В КАЗАХСТАНЕ

Аннотация

*Бруцеллёз в Казахстане остаётся устойчивой зоонозной угрозой, особенно затрагивая сельское население, занимающееся животноводством. В данной работе рассматриваются исторические тенденции, клинические проявления, а также методы диагностики и профилактики. Основным возбудителем большинства случаев у человека является *Brucella melitensis*; передача инфекции происходит при прямом контакте с животными и через небезопасные пищевые практики. Несмотря на масштабные программы вакцинации и эпиднадзора, заболевание сохраняется из-за загрязнения окружающей среды, неофициального убоя скота и недостаточного ветеринарного контроля. Решение этих проблем требует укрепления сотрудничества между ветеринарными и санитарно-*

эпидемиологическими службами, а также просвещения населения и совершенствования методов диагностики.

Ключевые слова: бруцеллёз, зоонозная инфекция, эпидемиология, животноводство, Казахстан

Қалқаман А., Жәнібекова А., Маукаева С., Әшірбай Б., Құдайбергенова Н.

Семей медицина университеті, Семей, Қазақстан

ҚАЗАҚСТАНДАҒЫ БРУЦЕЛЛЕЗ

Аңдатпа

Қазақстандағы бруцеллез — әсіресе мал шаруашылығымен айналысатын ауыл тұрғындарын зақымдайтын, әлі де жойылмаған зооноздық қауіп болып табылады. Бұл жұмыста аурудың тарихи үрдістері, клиникалық көріністері, сондай-ақ диагностика мен алдын алудың даму жолдары қарастырылады. Адамдардағы бруцеллездің басым бөлігінің қоздырғышы — *Brucella melitensis*. Инфекция жануарлармен тікелей байланыс кезінде және қауіпсіз емес тамақтану тәжірибесі арқылы жұғады. Вакцинация мен эпидемиологиялық бақылаудың кең ауқымды бағдарламаларына қарамастан, ауру қоршаған ортаның ластануы, бейресми мал сою және ветеринариялық қадағалаудың жеткіліксіздігі салдарынан әлі де сақталуда. Бұл мәселелерді шешу үшін ветеринариялық және қоғамдық денсаулық сақтау салалары арасындағы ынтымақтастықты нығайту, халыққа түсіндіру жұмыстарын жүргізу және диагностика әдістерін жетілдіру қажет.

Түйін сөздер: бруцеллез, зооноздық инфекция, эпидемиология, мал шаруашылығы, Қазақстан

Introduction. Brucellosis remains one of the most significant zoonotic infections globally, with particular relevance to Kazakhstan, where agriculture and livestock breeding play a crucial role in the economy. Brucellosis is primarily transmitted to humans through direct contact with infected animals (sheep, goats, cattle, camels, and pigs) or consumption of contaminated food products, such as unpasteurized dairy products. This zoonosis represents a persistent public health challenge, particularly in resource-limited settings, rural areas, and regions with significant livestock populations.

Objective. To analyze the epidemiology, distribution, and control measures of brucellosis in Kazakhstan.

Materials and Methods. The study is based on epidemiological data, official health statistics, and literature reviews addressing brucellosis in Kazakhstan. Sources included scientific publications, national surveillance data, and historical trends in incidence rates, vaccination programs, and control measures.

Results and Discussion. Kazakhstan ranks among the top 25 countries with the highest incidence of brucellosis globally [1] and is second only to Kyrgyzstan among post-Soviet states. Between 2,500 and 3,500 human cases are registered annually, with approximately 600 cases affecting children under the age of 14 [2]. Notably, 42.2% of Kazakhstan's population resides in rural areas, where livestock breeding is a primary source of income, significantly contributing to brucellosis prevalence. The infection is predominantly associated with *B. melitensis*, the most pathogenic species for humans, primarily transmitted from small ruminants, though cattle can also act as secondary hosts [2]. In Kazakhstan, the priority source of human brucellosis is small cattle (in 77% of cases), in 22% of cases cattle and other types of animals account for about 1% [3]. Most brucellosis cases in Kazakhstan (83%) are registered in rural areas, while urban areas account for 17% of cases. Among urban residents, 88.9% of cases are men and 11.1% are women. In rural areas, 81.4% of cases are men and 18.6% are women [4]. In South Kazakhstan in 2010, among urban residents, 56% of infections were caused by alimentary transmission and 44% by contact with animals. Among rural residents, 75% were infected through contact and 25% were alimentary. In terms of age, the largest group of patients (43.9%) are working-age adults (21-40 years) [5]. According to the Committee on Consumer Protection of the Ministry of National Economy of RK 7299 cases of brucellosis serological test positive results from the external environment were investigated in 2014. Contamination of water from reservoirs across the Republic of Kazakhstan is revealed in 1.9%, sterns in 1.9%, meat in 2.0%, soil in 5.6%, layings in 9.2%, dairy products in 9.8% and dung in 16.9% [6]. The first recorded human brucellosis case in Kazakhstan dates back to 1932 in the southern regions, following the detection of animal cases in 1930. Subsequent medical expeditions confirmed its high prevalence among the population. The epidemiological timeline can be divided into several distinct periods: 1954-1960: Widespread outbreaks across the republic; 1961-1979: Significant reduction in incidence due to coordinated eradication efforts, including livestock vaccination and slaughter programs; 1980-1991: Gradual increase following cessation of sheep vaccination and lapses in veterinary oversight; 1992-2004: Sharp increase during the socio-economic transition, which saw livestock ownership shift to individuals, often with poor veterinary control; 2005-present: Stabilization achieved through enhanced diagnostic surveillance, ELISA testing, and targeted vaccination programs [7]. Brucellosis transmission in Kazakhstan is facilitated

through multiple mechanisms: direct contact with infected animals during birthing or slaughter; handling contaminated meat, wool, milk, or hides; consumption of unboiled milk and unpasteurized dairy products; inhalation of contaminated dust during animal care and processing. Environmental contamination is also a key factor, with infected dung often used as construction material or fuel in rural areas, compounding the risk of exposure [6]. High-risk populations include veterinarians, farmers, shepherds, slaughterhouse workers, dairy workers, and employees in leather and wool-processing industries. These occupational exposures reflect the close human-animal interface in rural Kazakhstan. The clinical course of brucellosis varies significantly, with acute, subacute, and chronic forms recognized. According to the clinical classification used in Kazakhstan (CP, 2018), these stages include: latent brucellosis (asymptomatic infection); acute brucellosis (symptoms lasting up to 3 months); subacute brucellosis (lasting 3-6 months); chronic brucellosis (persisting for 6 months to 2 years, further divided into primary and secondary chronic forms); residual brucellosis, secondary brucellosis. Acute brucellosis is typically characterized by fever, chills and sweating, weakness, headache, osteoarticular and neuromuscular algia (pain), hepatomegaly, lymphadenitis, ECG abnormalities and splenomegaly [2]. In acute brucellosis, the most common temperature curve is intermittent (33%), followed by subfebrile (20%), wave-like (17%), remittent (17%), and irregular (13%) [8]. The disease frequently progresses to chronicity, especially in untreated or inadequately treated cases, leading to long-term disability in many patients. Pediatric brucellosis often presents with milder musculoskeletal involvement but pronounced lymphadenopathy, hepatosplenomegaly, and systemic symptoms [9]. Adolescents in rural areas are particularly vulnerable due to their involvement in animal care and household tasks [10]. Effective diagnosis relies on a combination of serological and molecular methods. In humans, Wright's agglutination reaction and ELISA (both universal and accelerated) remain central diagnostic tools. In animals, the Rose Bengal Test and ELISA are the primary methods. Notably, seronegative brucellosis is a diagnostic challenge in chronic forms, underscoring the need for improved diagnostic algorithms [3]. Despite decades of eradication campaigns, brucellosis remains a persistent threat in Kazakhstan due to: high rates of chronic infection (40-52%); significant disability burden; high proportion of pediatric and young adult cases; involvement of individuals with no direct occupational exposure; environmental contamination and informal slaughter practices; predominance of *B. melitensis*, which exhibits high pathogenicity and adaptability to various hosts. Kazakhstan's brucellosis control strategy has evolved over the decades: early eradication programs (test-and-slaughter, mass vaccination); comprehensive diagnostic screening of livestock using ELISA; targeted vaccination programs for sheep (*B. melitensis* Rev1) and cattle (*B.*

abortus strains S19, 82, and RB-51); emphasis on veterinary-public health collaboration for surveillance, diagnosis, and education [1].

Conclusions. Brucellosis remains a significant public health problem in Kazakhstan, particularly in rural and livestock-dependent regions. While current control programs have reduced incidence compared to historical peaks, full eradication requires stronger integration between veterinary and public health sectors, improved diagnostics, continuous public education, and stricter regulation of livestock trade and slaughter practices.

References list

1. Elena Shevtsova, Alexandr Shevtsov, Kasim Mukanov, Maxim Filipenko, Dinara Kamalova, Igor Sytnik, Marat Syzdykov, Andrey Kuznetsov, Assel Akhmetova, Mira Zharova, Talgat Karibaev, Pavel Tarlykov, Erlan Ramanculov. Epidemiology of Brucellosis and Genetic Diversity of *Brucella abortus* in Kazakhstan. December 1, 2016 <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0167496>
2. Ким А.А., Колмогорова Е.Л., Рахимбекова Д.К., Лукьянченко Н.Г., Каратаева Л.С. Бруцеллез – краевая патология Казахстана. International journal of applied and fundamental research #5, 2013. 3. Оракбай Л.Ж., Черепанова Л.Ю., Денисова Т.Г. «Современные аспекты эпидемического процесса бруцеллеза» 2015г.
4. Кузнецова А.Н., Сыздыков М.С., Казаков С.В., Журнал инфектологии, Том 4, №3, 2012, стр. 62
5. Нурмашева А.А., Журнал инфектологии, Том 4 №3, 2012, стр. 77-78
6. Мурзакаева Г.К. «Эпидемиологическая ситуация по бруцеллезу в Республике Казахстан и в Карагандинской области.» 2017 год.
7. Urazayeva A.B., Bekenov Z.E., Urazayeva S.T. The epidemic potential of brucellosis in the Aktobe region. Meditsina (Almaty) = Medicine (Almaty). 2018;11(197):71-77 (In Russ.). DOI: 10.31082/1728-452X-2018-197-11-71-77
8. Муковозова Л.А., Кулжанова Ш.А., Смаил Е.М., И.В. Избасарова, Бруцеллез: клиника, диагностика, лечение и диспансеризация. Республика Казахстан, Семей, 2006г
9. Атаходжаева Д.Р. «Клинико-иммунологическая характеристика острого бруцеллеза у детей» Ташкентский педиатрический медицинский институт, республика Узбекистан 2013г.
- 10 .Абуова Г.Н., Конирбаева К.К «Бруцеллез у подростков в Южно-Казахстанской области» г. Шымкент, 2018г.

УДК 614.446.2:

**Muxtarov Orkhan Alimuxtar oglu, Terane Hafiz gizi Suleymanova, Garayev Gunduz
Asgar oglu**

Major of Medical Service, qaragunduz1984@gmail.com

**HOSPITAL-ACQUIRED INFECTIONS AFTER SURGICAL OPERATIONS AND
THEIR MICROBIOLOGICAL DIAGNOSTIC METHODS**

**Мухтаров Орхан Алимухтар оглу, Теране Хафиз гызы Сулейманова, Гараев
Гюндуз Аскар оглу**

Специальность "Медицинская служба", qaragunduz1984@gmail.com

**ВНУТРИБОЛЬНИЧНЫЕ ИНФЕКЦИИ ПОСЛЕ ХИРУРГИЧЕСКИХ ОПЕРАЦИЙ
И МЕТОДЫ ИХ МИКРОБИОЛОГИЧЕСКОЙ ДИАГНОСТИКИ**

**Мұхтаров Орхан Әлімұстар оғлу, Теране Хафиз ғизи Сүлейманова, Гараев Гүндуз
Асгар оғлу**

Медициналық қызмет көрсету мамандығы, qaragunduz1984@gmail.com

**ХИРУРГИЯЛЫҚ ОПЕРАЦИЯДАН КЕЙІНГІ АУРУХАНАШІЛІК
ИНФЕКЦИЯЛАР ЖӘНЕ ОЛАРДЫҢ МИКРОБИОЛОГИЯЛЫҚ
ДИАГНОСТИКАЛЫҚ ӘДІСТЕРІ**

Relevance:The rational prevention and management of infectious complications is a current and priority issue across all fields of surgery. Issues related to antibiotic prophylaxis in surgical procedures, as well as the prevention and treatment of infectious complications, are now significantly standardized. However, it is also important to consider a clinical approach that takes into account the individual characteristics of the patient and the complexity of existing pathological processes. Despite differences in approaches, antibacterial agents remain the cornerstone of all treatment regimens for infectious complications. The frequency of antibiotic prescription varies between 23.5% and 38% across different hospital departments, while in intensive care units this

figure reaches 50% or more. The role of microbiological diagnostics is crucial in organizing the prevention of infectious complications.

In 2024, the World Health Organization (WHO) published the Priority List of Antibiotic-Resistant Bacterial Pathogens, which includes 15 bacterial families. Among them are resistant gram-negative bacteria, *Mycobacterium tuberculosis*, *Salmonella* spp., *Shigella* spp., *Neisseria gonorrhoeae*, *Pseudomonas aeruginosa*, and *Staphylococcus aureus*, as well as other highly resistant pathogens. This list emphasizes their global disease burden, transmissibility, treatment and prevention challenges, and reflects the urgent need for new therapeutic approaches, as well as emerging resistance trends. Numerous national and international monitoring programs currently focus on methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA), vancomycin-resistant *S. aureus* (VRSA), extended-spectrum beta-lactamase (ESBL)-producing Enterobacterales, vancomycin-resistant *Enterococcus* (VRE), and multidrug-resistant *Acinetobacter baumannii*.

The collection of specimens during surgical procedures is of fundamental importance for infection diagnosis. All surgically obtained tissues and pathological materials must be regarded as potentially infectious. Samples should be obtained using sterile techniques and sent to the microbiology laboratory together with detailed information about the organisms under diagnostic consideration. Clear instructions should also be provided when anaerobic or difficult-to-cultivate species are suspected. The surgical pathologist must ensure that all possible diagnostic options have been considered.

Separating part of a biopsy specimen for ultrastructural analysis may facilitate the accurate diagnosis of various organisms (e.g., viruses, microsporidia). In addition, samples can be collected for polymerase chain reaction (PCR) analysis to detect other infectious agents such as *Coxiella*, *Mycobacterium*, and *Rickettsia*.

Objective of the study: The aim was to investigate the principles of microbiological diagnostics of microorganisms isolated during infectious complications following surgical operations.

Materials and Methods: The study was conducted at the Main Clinical Hospital of the Ministry of Defense between November 1, 2024, and January 10, 2025. Pathological samples were collected from 17 patients who presented with postoperative complications and sent to the laboratory for microbiological diagnostics. The patients, aged 21–37 years, had undergone different surgical procedures, including soft tissue trauma of the left leg, wound of the left big toe, appendicitis, inguinal hernia, gallstone disease, abdominal hernia, internal hemorrhoids, foreign body in the gastrointestinal tract, multiple open pelvic injuries, and others. Microbiological

investigations were mainly performed using microscopic and bacteriological methods. Pathological materials were cultured on nutrient agar (meat-peptone agar), sugar agar, blood agar, chocolate agar, and Sabouraud agar. Identification of microorganisms was carried out after 24–48 hours of incubation.

Results:Based on the obtained findings, *Staphylococcus aureus* was detected in 7 patients, *Pseudomonas aeruginosa* in 2 patients, *Escherichia coli* in 2 patients, *Acinetobacter baumannii* in 4 patients, and streptococci and other pathogens in 3 patients. At the next stage, susceptibility testing was performed using the disk-diffusion method against 24 antibiotics and 13 antifungal agents. According to the results, appropriate antimicrobial agents were selected and treatment was prescribed.

Conclusion:During surgical procedures, strengthening sterilization and disinfection practices, as well as ensuring the proper performance of accompanying procedures, should be considered fundamental requirements. Reducing the role of hospital microflora in the development of infectious complications and detecting strains that serve as significant markers of polyresistance make it possible to assess the contribution of nosocomial epidemic processes. Complications resulting from such hospital-acquired epidemic processes can be mitigated in surgical departments through modern technologies that enable high-quality visualization of lesions and organs affected by pathological processes, reduce surgical trauma and operation times, and through the implementation of infection safety models, which significantly decrease the incidence of purulent-infectious complications.

Keywords: surgical operation, infectious complication, antibacterial drugs, microbiological diagnostic methods

УДК 614

Temirova Niginabonu Odilovna, Rakhimova Durdona Zhurakulovna

SamSMU, Samarkand, Uzbekistan

MODERN ECOLOGICAL AND HYGIENIC ASPECTS OF INFECTIOUS AND NON-COMMUNICABLE DISEASES

Abstract

Modern ecological, hygienic, and epidemiological aspects of infectious and non-communicable diseases represent key challenges in global healthcare. Under conditions of climate

change, urbanization, and technogenic impact, environmental factors significantly influence the spread of diseases. This article explores the role of environmental conditions, hygiene, and epidemiological characteristics in the development and dynamics of infectious and non-communicable diseases and analyzes modern approaches to prevention and reduction of their global burden.

Keywords (English): *infectious diseases, non-communicable diseases, ecology, hygiene, epidemiology, prevention, climate change*

Темірова Нигинабону Одиловна, Рахимова Дурдона Журакуловна
Самарқанд Мемлекеттік Медицина Университеті, Самарқанд, Өзбекстан

ЖҰҚПАЛЫ ЖӘНЕ ЖҰҚПАЛЫ ЕМЕС АУРУЛАРДЫҢ ЗАМАНАУИ ЭКОЛОГИЯЛЫҚ-ГИГИЕНАЛЫҚ АСПЕКТІЛЕРІ

Аңдатпа

Инфекциялық және инфекциялық емес аурулардың заманауи экологиялық, гигиеналық және эпидемиологиялық аспектілері жаһандық денсаулық сақтау саласындағы негізгі мәселелердің бірі болып табылады. Климаттың өзгеруі, урбанизация және техногендік әсер жағдайында қоршаған орта факторлары аурулардың таралуына елеулі әсер етеді. Бұл мақалада инфекциялық және инфекциялық емес аурулардың қалыптасуы мен дамуының экологиялық және гигиеналық факторлары қарастырылып, олардың алдын алу мен жаһандық жүктемесін азайтудың заманауи тәсілдері талданады.

Түйін сөздер (қаз): *инфекциялық аурулар, инфекциялық емес аурулар, экология, гигиена, эпидемиология, профилактика, климаттың өзгеруі* *Infeksion va noinfeksion kasalliklarning zamonaviy ekologik-gigiyenik va epidemiologik jihatlari: global muammolar va yechimlari*

Темирова Нигинабону Одиловна, Рахимова Дурдона Журакуловна
Самарқандский государственный медицинский университет, Самарқанд, Узбекистан

СОВРЕМЕННЫЕ ЭКОЛОГИЧЕСКИЕ И ГИГИЕНИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ ИНФЕКЦИОННЫХ И НЕИНФЕКЦИОННЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ

Аннотация

Современные экологические, гигиенические и эпидемиологические аспекты инфекционных и неинфекционных заболеваний являются одними из ключевых проблем

глобального здравоохранения. В условиях климатических изменений, урбанизации и техногенного воздействия возрастает влияние экологических факторов на распространение болезней. Данная статья рассматривает роль окружающей среды, гигиенических условий и эпидемиологических особенностей в формировании и динамике инфекционных и неинфекционных заболеваний, а также анализирует современные подходы к профилактике и снижению их глобального бремени.

Ключевые слова (рус):инфекционные болезни, неинфекционные заболевания, экология, гигиена, эпидемиология, профилактика, климатические изменения

Relevance:One of the most pressing issues of modern medicine is the widespread occurrence of infectious and non-communicable diseases and the complex interaction of ecological, hygienic, and epidemiological factors in their development. In the 21st century, global climate change, the acceleration of urbanization processes, anthropogenic environmental pollution, and changes in lifestyle have a significant impact on human health. These factors not only lead to the emergence of new forms of infectious diseases and alter their spread dynamics but also contribute to the increase of cardiovascular, oncological, metabolic, and other non-communicable diseases.

Infectious diseases remain a serious threat to global healthcare systems. Recent pandemics—particularly COVID-19—have clearly demonstrated how rapidly infections can spread as a result of ecological factors, migration, urbanization, and global interconnectedness. At the same time, environmental pollution, air and water quality, and food safety are major hygienic factors playing a crucial role in the spread of infectious diseases.

Non-communicable diseases (NCDs)—cardiovascular diseases, diabetes, chronic respiratory diseases, and cancer—account for more than 70% of global deaths. Their development is closely linked with ecological conditions, living environment, dietary habits, physical activity, and psychosocial factors. Due to climate change and urbanization, these diseases are becoming increasingly prevalent even among younger generations.

From this perspective, a deep study of the ecological-hygienic and epidemiological aspects of infectious and non-communicable diseases, the analysis of their global development trends, and the development of modern prevention strategies are among the most important tasks of modern healthcare. This article provides a systematic analysis of these issues, examines the ecological factors contributing to their emergence, and discusses ways to prevent diseases and reduce their burden on a global scale.

Infectious diseases have historically posed a significant threat to humanity. Even today, they remain a critical challenge for global healthcare systems. Urbanization processes and population density contribute to the rapid spread of infections. For example, inadequate sanitation and hygiene conditions in urban areas increase the risk of vector-borne diseases (such as dengue or malaria). Moreover, infections spread rapidly through global transportation networks, increasing the risk of pandemics.

Environmental pollution weakens the immune system and raises susceptibility to infectious diseases. Contamination of water and food with microbes, as well as the presence of biological and chemical substances, can significantly harm human health. Furthermore, insufficient development of hygienic practices complicates infection control efforts.

Non-communicable diseases (NCDs)—cardiovascular diseases, diabetes, chronic respiratory diseases, and cancer—are among the leading causes of global morbidity and mortality in the 21st century. Their development is closely related to personal factors (diet, physical activity, stress), socio-cultural factors (urbanization, living conditions), and environmental factors (air pollution, climate change). Air pollution not only exacerbates chronic respiratory diseases but also contributes to the development of cardiovascular diseases and cancer. High noise levels and stress in urban areas negatively affect psychosocial health. Preventing NCDs is closely tied to strengthening ecological and hygienic measures, as the quality of living and environmental conditions shapes a healthy lifestyle.

Climate change significantly affects the spread of infectious and non-communicable diseases. Changes in temperature, rainfall, and drought events increase the risk of vector-borne diseases. Additionally, climate change reduces food security and water resources, leading to weakened immune systems and heightened disease risk.

Hot weather and polluted urban air exacerbate cardiovascular diseases and increase the severity of diabetes and chronic respiratory diseases. Ecological, hygienic, and epidemiological measures are crucial in preventing infectious and non-communicable diseases. Ensuring water and food safety, monitoring air quality, and complying with sanitation and hygiene standards reduce the incidence of infections. Furthermore, promoting a healthy lifestyle, increasing physical activity, and improving nutritional culture help prevent non-communicable diseases. International cooperation is essential for disease control and prevention on a global scale. The World Health Organization (WHO) and other international institutions play an active role in pandemic preparedness, disease monitoring, and the development of prevention programs.

Conclusion: Ecological, hygienic, and epidemiological factors of infectious and non-communicable diseases represent a significant challenge for global healthcare. Climate change, urbanization, environmental pollution, and insufficient hygienic conditions greatly influence disease spread. Comprehensive measures, prevention strategies, and international cooperation are essential to prevent them. Moreover, strengthening ecological and hygienic control, promoting healthy lifestyles, and enhancing global monitoring systems can reduce the global burden of diseases.

References:

1. WHO. Global Health Observatory Data. 2024.
2. Ezzati M., et al. Comparative Risk Assessment of the Burden of Disease and Injury. Lancet, 2023.
3. Morens D.M., Fauci A.S. Emerging Infectious Diseases: Threats to Human Health and Global Stability. PLoS Pathogens, 2022.
4. Kovats R.S., et al. Climate Change and Human Health: Impacts, Vulnerability, and Public Health. Annual Review of Public Health, 2023.
5. WHO. Noncommunicable Diseases Country Profiles. 2023.
6. Hajat S., Kosatky T. Heat-related mortality: a review and exploration of heterogeneity. J Epidemiol Community Health, 2022.

УДК 616-036

Amala Titus, Zhuzzhasarova A.A.

JSC "South Kazakhstan Academy of Medicine", Shymkent, Kazakhstan

**FEATURES OF THE COURSE AND COMPLICATIONS OF INFECTION CAUSED
BY THE CHIKUNGUNYA VIRUS**

Амала Титус, Жузжасарова А.А.

АО "Южно-Казахстанская медицинская академия", Шымкент, Казахстан

**ОСОБЕННОСТИ ТЕЧЕНИЯ И ОСЛОЖНЕНИЯ ИНФЕКЦИИ, ВЫЗВАННОЙ
ВИРУСОМ ЧИКУНГУНЯ**

Амала Титус, Жужасарова А. А.

"Оңтүстік Қазақстан Медицина Академиясы" АҚ, Шымкент Қ., Қазақстан

ЧИКУНГУНЯ ВИРУСЫНАН ТУЫНДАҒАН ИНФЕКЦИЯНЫҢ АҒЫМЫНЫҢ ЕРЕКШЕЛІКТЕРІ МЕН АСҚЫНУЛАРЫ

Thesis. The global resurgence of Chikungunya virus, driven by viral adaptation, vector expansion, and increased international travel, poses a serious public health challenge due to its debilitating clinical effects, diagnostic complexity, and lack of specific treatments or vaccines.

Abstract. Chikungunya virus, an arthropod-borne alphavirus transmitted primarily by *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* mosquitoes, was historically limited to Africa and Asia. Since 2004, however, it has spread worldwide due to climate change, globalization, and a key mutation (E1-A226V) that enhanced replication in new vectors. The virus causes sudden fever, severe joint pain, rash, headache, and fatigue. While acute symptoms usually resolve within 7–10 days, up to 60% of patients develop persistent arthralgia lasting months or even years, significantly affecting quality of life and productivity.

Epidemiology. Since its re-emergence, Chikungunya virus has been detected in over 115 countries. **India:** Now endemic, with over 5 million people at risk annually. Forecasts estimate up to 12 million cases per year by 2050 if stronger interventions are not implemented. **Americas:** Over 7.6 million cases reported between 2023 and 2025, especially in Brazil, Paraguay, and Argentina. **Europe:** Local transmission has occurred in France and Italy during warmer months. **Kazakhstan:** No endemic transmission yet, but at risk due to global travel and the expanding range of *Aedes* mosquitoes.

Clinical Features. Chikungunya virus infection typically follows a biphasic course:

Acute phase (3–10 days): Sudden high fever, intense joint pain (polyarthralgia), rash, headache, and fatigue.

Chronic phase: Up to 60% of patients may develop long-term arthritis-like symptoms, leading to economic and social burdens.

Diagnosis: RT-PCR is most effective during the viremic phase (first 5–7 days).

Serology (ELISA) is used to detect IgM/IgG antibodies after the first week. **Treatment:** There is no specific antiviral therapy. Management is supportive, including rest, hydration, and pain relief (e.g., paracetamol or NSAIDs).

Public Health Challenges and Strategies.

Key challenges include: Rapid spread via; international travel; Difficult clinical differentiation from dengue and Zika; Absence of licensed vaccines or antiviral drugs; Urban mosquito control is complex and resource-intensive. **Effective strategies require:** Integrated vector control (source reduction, targeted insecticide use); Enhanced epidemiological and entomological surveillance; Public education on personal protection (repellents, clothing); Accelerated research into vaccines and antiviral therapies.

Conclusion. Chikungunya virus exemplifies the intersection of viral evolution, climate change, and global mobility. With its expanding reach, chronic morbidity, and lack of treatment options, Chikungunya virus remains a growing global health threat. Comprehensive efforts in surveillance, vector control, and vaccine development are essential to prevent and contain future outbreaks.

УДК 616.9

Алгазинова А. К.

ЖҰҚПАЛЫ АУРУЛАРМЕН КҮРЕСТЕГІ ЗАМАНАУИ СЫН-ТЕГЕУРІНДЕР МЕН ИННОВАЦИЯЛЫҚ ТӘСІЛДЕР

Аңдатпа

Бұл мақалада қазіргі заманғы инфекциялық ауруларға қарсы күрестің өзекті мәселелері мен инновациялық тәсілдері терең қарастырылады. Антибиотикке төзімділік, жаңа вирустық қауіптер, жаһандану, урбанизация және климаттық өзгерістер сияқты факторлардың денсаулық сақтау жүйесіне ықпалы талданады. mRNA-вакциналар, телемедицина, жасанды интеллект, фаготерапия және гендік инженерия сияқты заманауи технологиялардың рөлі көрсетілген. Болашақтағы даму перспективалары мен халықаралық ынтымақтастықтың маңызы да ерекше атап өтіледі.

Түйін сөздер: жұқпалы аурулар, антибиотиктерге төзімділік, mRNA вакциналары, телемедицина, жасанды интеллект, фаготерапия, жаһандану, климаттың өзгеруі.

Алгазинова А.К.

СОВРЕМЕННЫЕ ВЫЗОВЫ И ИННОВАЦИОННЫЕ ПОДХОДЫ В БОРЬБЕ С ИНФЕКЦИОННЫМИ ЗАБОЛЕВАНИЯМИ

Аннотация

В статье подробно рассматриваются актуальные вызовы в борьбе с инфекционными заболеваниями, такие как антибиотикорезистентность, новые вирусные угрозы, глобализация, урбанизация и изменение климата. Особое внимание уделяется инновационным технологиям: mRNA-вакцинам, телемедицине, искусственному интеллекту, фаготерапии и генной инженерии. Отмечается значение международного сотрудничества и прогнозируются перспективы развития в данной сфере.

Ключевые слова: *инфекционные заболевания, антибиотикорезистентность, mRNA-вакцины, телемедицина, искусственный интеллект, фаготерапия, глобализация, климатические изменения.*

Algazinova A.K.

MODERN CHALLENGES AND INNOVATIVE APPROACHES IN THE FIGHT AGAINST INFECTIOUS DISEASES

Abstract

This article provides a detailed overview of the current challenges in combating infectious diseases, including antibiotic resistance, emerging viral threats, globalization, urbanization, and climate change. The role of innovative technologies such as mRNA vaccines, telemedicine, artificial intelligence, phage therapy, and genetic engineering is highlighted. The importance of international cooperation is emphasized, along with forecasts for future development in this critical area of global health.

Keywords: *infectious diseases, antibiotic resistance, mRNA vaccines, telemedicine, artificial intelligence, phage therapy, globalization, climate change.*

Введение

Инфекционные заболевания на протяжении всей истории человечества представляли серьёзную угрозу для здоровья и жизни людей. Даже в условиях стремительного развития науки и медицины они остаются одной из ведущих причин смертности. Пандемия COVID-19 ярко показала, насколько уязвимо современное общество перед быстро распространяющимися инфекциями. Поэтому поиск инновационных подходов к профилактике и лечению инфекций является стратегическим приоритетом мирового здравоохранения.

Антибиотикорезистентность

Одной из самых острых проблем является устойчивость микроорганизмов к антибиотикам. По данным ВОЗ, ежегодно более 700 тысяч человек умирают от инфекций, вызванных резистентными штаммами. При сохранении текущих тенденций к 2050 году это число может достичь 10 миллионов смертей в год. Причинами являются неконтролируемое применение антибиотиков, их использование в животноводстве, а также несоблюдение правил лечения пациентами.

Новые вирусные угрозы

Вирусные инфекции остаются серьёзным вызовом. COVID-19, ВИЧ, вирусные гепатиты, лихорадка Эбола и новые варианты гриппа требуют постоянного эпидемиологического надзора и разработки новых средств защиты. Особое внимание уделяется ранней диагностике и созданию универсальных противовирусных препаратов.

Глобализация, урбанизация и климат

Современный мир характеризуется высокой мобильностью населения. Перемещения людей и грузов ускоряют распространение инфекций. Урбанизация создаёт благоприятные условия для эпидемий в густонаселённых районах. Изменение климата способствует расширению ареала переносчиков болезней, например комаров, переносящих малярию и денге.

Инновационные технологии

Прорывом последних лет стали mRNA-вакцины, доказавшие эффективность и гибкость разработки. Телемедицина позволяет оказывать медицинскую помощь удалённо, а искусственный интеллект – анализировать большие массивы данных, предсказывать вспышки заболеваний и разрабатывать новые препараты. Фаготерапия рассматривается как альтернатива антибиотикам, особенно при лечении хронических инфекций. Генная инженерия и CRISPR-технологии открывают новые перспективы в борьбе с вирусами и бактериями.

Перспективы и прогнозы

В будущем основное внимание будет уделяться персонализированной медицине, быстрой разработке вакцин, созданию глобальных систем мониторинга и применению инновационных технологий в клинической практике. Международное сотрудничество станет ключевым фактором в предотвращении новых пандемий.

Заключение

Таким образом, современный мир сталкивается с множеством вызовов в сфере инфекционных заболеваний. Однако инновационные подходы и технологии дают

человечеству шанс эффективно справляться с ними. Комплексная стратегия, включающая науку, практику и международное сотрудничество, позволит минимизировать риски и обеспечить здоровье будущих поколений.

Список литературы:

- [1] Всемирная организация здравоохранения. Доклады о состоянии здравоохранения в мире. – Женева, 2022.
- [2] O'Neill J. Tackling Drug-Resistant Infections Globally. UK Government Report, 2016.
- [3] Fauci A. Emerging and Re-emerging Infectious Diseases: The Perpetual Challenge. – N Engl J Med. 2018.
- [4] WHO. Global report on effective access to assistive technology. Geneva, 2022.
- [5] Morens D., Fauci A. Pandemic prediction and preparedness: lessons from COVID-19. – Science, 2021.
- [6] World Health Organization. Antimicrobial resistance: global report on surveillance. – Geneva, 2020.
- [7] Laxminarayan R. et al. Antibiotic resistance — the need for global solutions. – Lancet Infect Dis, 2016.
- [8] Krammer F. SARS-CoV-2 vaccines in development. – Nature, 2020.
- [9] Hsu LY, et al. Phage therapy: from biological mechanisms to future directions. – Cell, 2022.
- [10] Ledford H. CRISPR takes on disease. – Nature, 2020.

Список сокращений:

ВОЗ	–	Всемирная	организация	здравоохранения
ВИЧ	–	вирус	иммунодефицита	человека
COVID-19	–	коронавирусная	инфекция	2019 года
mRNA	–	матричная	рибонуклеиновая	кислота
AI	–	Artificial Intelligence	(искусственный	интеллект)

CRISPR – Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats

УДК 616:9:578.834.1:612.11-085

Кусеева Д.М. Биркен К.К.

НАО «Карагандинский медицинский университет» Г. Караганда, Казахстан

ВЛИЯНИЕ СИСТЕМЫ АВО НА ТЕЧЕНИЕ COVID-19

Аннотация

Целью исследования являлась оценка связи между анти-А антителами и течением COVID-19. Проведено ретроспективное исследование среди 103 респондентов из Казахстана и России, из которых 55 знали свою группу крови и перенесли COVID-19. Информация о течении заболевания и группе крови собиралась с помощью анкетирования, для статистической обработки использовался точный критерий Фишера. Результаты показали отсутствие статистически значимой ассоциации между наличием анти-А антител и тяжестью течения COVID-19 ($p = 0,4216$).

Ключевые слова: группы крови, система АВО, COVID-19, SARS-CoV-2, инфекция, анти-А антитела;

Кусеева Д.М., Биркен К.М.

Қарағанды медицина университеті КЕАҚ, Қарағанды қ., Қазақстан

COVID-19 АҒЫМЫНА АВО ЖҮЙЕСІНІҢ ӘСЕРІ

Аңдатпа

Зерттеудің мақсаты анти-А антиденелері мен COVID-19 ағымы арасындағы байланысты бағалау болды. Қазақстан мен Ресейден 103 респонденттің қатысуымен ретроспективті зерттеу жүргізілді, олардың 55-і өз қан тобын біліп, COVID-19-бен ауырған. Ауру ағымы мен қан тобы туралы ақпарат сауалнама арқылы жиналды, статистикалық талдау үшін Фишердің дәл критерийі қолданылды. Нәтижелер анти-А антиденелері мен COVID-19 ағымының ауырлығы арасында статистикалық тұрғыда мәнді ассоциацияның жоқ екенін көрсетті ($p = 0,4216$).

Түйін сөздер: қан топтары, АВО жүйесі, COVID-19, SARS-CoV-2, инфекция, анти-А антиденелер;

Kusseeva D.M., Birken K.K.

NAO "Karaganda Medical University", Karaganda, Kazakhstan

INFLUENCE OF THE ABO SYSTEM ON THE COURSE OF COVID-19

Abstract

The aim of the study was to assess the association between anti-A antibodies and the course of COVID-19. A retrospective study was conducted among 103 respondents from Kazakhstan and Russia, of whom 55 knew their blood type and had recovered from COVID-19. Data on the disease course and blood type were collected through a questionnaire, and Fisher's exact test was used for statistical analysis. The results showed no statistically significant association between the presence of anti-A antibodies and the severity of COVID-19 ($p = 0.4216$).

Keywords: *blood groups, ABO system, COVID-19, SARS-CoV-2, infection, anti-A antibodies;*

Введение

Коронавирусы известны человечеству на протяжении десятилетий, однако XXI век ознаменовался несколькими крупными вспышками инфекций, вызванных представителями этого семейства. В 2002 году в Китае был зарегистрирован первый случай тяжёлого острого респираторного синдрома (SARS), вызванного SARS-CoV, который впоследствии распространился в ряд стран, включая Канаду и Вьетнам. В 2012 году был описан ближневосточный респираторный синдром (MERS), вызванный новым для человека коронавирусом MERS-CoV, отличавшийся более высокой летальностью[1].

В конце 2019 года возникла пандемия, связанная с появлением нового патогена — SARS-CoV-2, вызывающего заболевание COVID-19. В отличие от предыдущих вспышек коронавирусных инфекций, COVID-19 характеризовался стремительным распространением по всему миру. По данным Всемирной организации здравоохранения, к 2025 году зарегистрировано более 700 миллионов случаев заболевания, из которых около 7 миллионов закончились летально[2]. Несмотря на относительно низкий уровень смертности по сравнению с SARS и MERS, пандемия COVID-19 оказала колоссальное влияние на здоровье населения и систему здравоохранения, что обусловлено огромным числом заболевших.

В последние годы активно исследуется влияние различных факторов риска на течение и исходы COVID-19. Среди них обсуждается возможная роль системы групп крови АВО. Согласно ряду исследований, антитела к антигену А могут препятствовать проникновению вируса в клетки, что потенциально обуславливает более лёгкое течение заболевания у носителей групп крови 0 и В по сравнению с группами А и АВ[3]. SARS-CoV-2 проникает в клетки человека через рецептор ACE2 (Ангиотензинпревращающий фермент 2) при помощи

S-белка: субъединица S1 связывается с рецептором, а S2 обеспечивает слияние мембран. Внутри клетки вирусная РНК используется для синтеза белков и сборки новых вирионов. У лиц с 0 (I) группой крови естественные анти-A антитела могут связываться с S-белком и блокировать его взаимодействие с ACE2, что частично препятствует проникновению вируса в клетки дыхательного эпителия[6]. Однако существуют и работы, указывающие на противоположные результаты: некоторые авторы сообщают о более тяжёлом течении при группе крови B[4], другие — о меньшей склонности к госпитализации у пациентов с группой A[5]. В то же время ряд исследований не выявил статистически значимой связи между системой ABO и особенностями течения COVID-19.

Таким образом, вопрос о наличии взаимосвязи между группой крови и клиническим течением COVID-19 остаётся открытым.

Цель

исследования

Оценить наличие ассоциации между Анти-A антителами и течением COVID-19.

Гипотеза

Предполагается, что наличие антител к антигену A (у лиц с группами крови 0 и B) связано с более лёгким течением COVID-19 по сравнению с носителями групп крови A и AB.

Материалы и методы

Дизайн

исследования.

Проведено ретроспективное исследование.

Участники.

В исследование были включены 103 респондента в возрасте от 18 лет и старше, проживающие в Казахстане и России. В выборку вошли лица, перенёвшие COVID-19, а также те, кто не имел подтверждённой инфекции SARS-CoV-2. Критериями исключения являлись отсутствие информации о собственной группе крови и недостоверность сведений о перенесённом заболевании.

Сбор данных.

Информация о группе крови, факте перенесённого COVID-19, его течения и последствиях собиралась с помощью анкетирования. Опрос проводился в онлайн-формате.

Переменные.

Независимой переменной являлась система групп крови ABO.

Зависимая переменная — тяжесть течения COVID-19. Для статистического анализа категории были укрупнены:

- лёгкое течение (включало бессимптомное, лёгкую форму без госпитализации и среднетяжёлое течение без потребности в кислороде);
- тяжёлое течение (объединяло случаи, когда требовалась кислородная поддержка, и критические случаи с госпитализацией в реанимацию/ИВЛ).

Статистический

анализ.

Для оценки взаимосвязи между группой крови и тяжестью COVID-19 использовались таблицы сопряжённости и критерий Фишера. Уровень статистической значимости принимался равным $p < 0,05$.

Результаты.

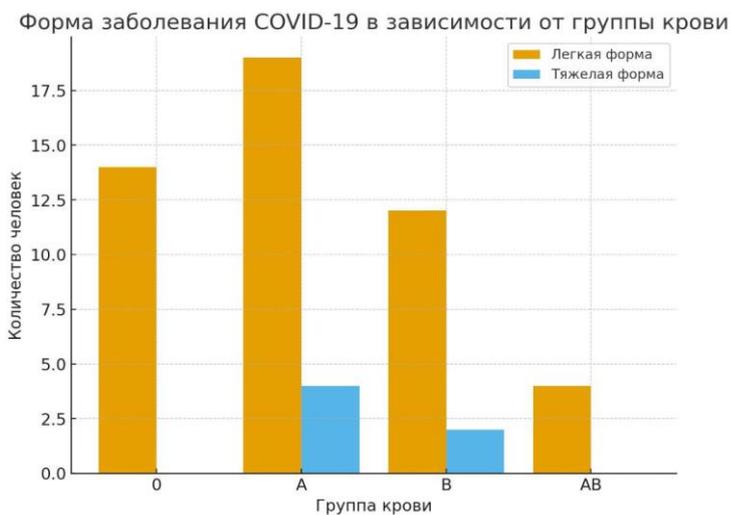


Рисунок 1.

В исследование вошло 103 респондента, из которых 55 человек знали свою группу крови и имели подтверждённый анамнез COVID-19. В таблице 1 представлено количество людей с каждой группой крови и формой течения COVID-19, а также на рисунке 1 имеется графическая интерпретация 55 респондентов. В таблице 2 показаны, какие антигены присутствуют в

группах крови, а также какие антитела есть в плазме при данных агглютиногенах. В связи с тем, что группа крови и форма течения заболевания COVID-19 являются качественными признаками, кроме того, мы оцениваем взаимосвязь системы АВ0 и тяжесть заболевания, поэтому эффективнее применить таблицу сопряженности представленную в таблице 3. Нулевая гипотеза (H_0) данного анализа состоит в том, что форма течения COVID-19 не зависит от анти-А антител. Альтернативная гипотеза же: форма течения COVID-19 зависит от анти-А антител. Для анализа таблиц сопряженности 2×2 обычно используется χ^2 Пирсона с поправкой Йетса. Однако поскольку в ряде подгрупп количество наблюдений было меньше 5, что нарушает условие применимости критерия χ^2 Пирсона, то в анализе наших данных мы использовали критерий Фишера.

Группа крови	Легкая форма	Тяжелая форма
0	14	0
A	19	4
B	12	2
AB	4	0
Итого	49	6

Таблица 1.

Группа крови	Агглютиногены (антигены) на эритроцитах	Агглютинины (антитела) в плазме
0 (I)	Нет	Анти-А и Анти-В
A (II)	Антиген А	Анти-В
B (III)	Антиген В	Анти-А
AB (IV)	Антигены А и В	Нет

Таблица 2.

Анти-А антитела	Легкая	Тяжелая	Итого
Есть (0, B)	26	2	28
Нет (A, AB)	23	4	27
Итого	49	6	55

Таблица 3.

```
> X <- matrix(c(26, 23, 2, 4), ncol = 2)
> X
     [,1] [,2]
[1,]  26   2
[2,]  23   4
> fisher.test(X)

Fisher's Exact Test for Count Data

data: X
p-value = 0.4216
alternative hypothesis: true odds ratio is not equal to 1
95 percent confidence interval:
 0.2882538 26.7977329
sample estimates:
odds ratio
 2.228233
```

В данном случае критерий Фишера является более корректным и статистически

обоснованным методом для анализа ассоциаций в таблицах сопряженности. Для проведения расчётов применялась статистическая программа R (рисунок 2), что обеспечило точность вычислений и корректность интерпретации полученных результатов. Из рисунка 2, можно заметить, что критерий Фишера показал, что высчитанное $p\text{-value} = 0.4216$, что больше установленного $p = 0.05$. Учитывая, что высчитанное $p\text{-value} = 0.4216 > 0.05$, то мы не можем отвергнуть H_0 , следовательно, связь между анти-А антителами и формой течения COVID-19 статистически не выявлена.

Обсуждение:

Наше исследование не обнаружило статистически значимой связи между наличием анти-А антител (группы О и В) и тяжестью COVID-19. В литературе существуют различные данные, которые позволяют рассмотреть несколько альтернативных трактовок и обоснований.

Во-первых, ряд метаанализов и обзоров указывает на то, что группы крови А и В могут быть связаны с более высоким риском заражения SARS-CoV-2, тогда как группа О — с более низким риском. Например, систематическое исследование Liu et al. показало, что группы А и В могли быть факторами риска COVID-19, а группа О выступала как потенциально защитный фактор [7]. Также обзор Franchini et al. рассматривает большое количество работ и подчёркивает неоднозначность выводов по различным популяциям и географиям [8].

Во-вторых, крупное исследование французского популяционного когорты ($n = 67\,340$) обнаружило, что лица с не-О группами (особенно А и АВ) имели немного более высокую вероятность наличия антител к SARS-CoV-2 (серопозитивность), что может свидетельствовать о большей восприимчивости к инфекции [9]. Эти данные говорят скорее о влиянии группы крови на риск заражения, а не обязательно на тяжесть заболевания.

В-третьих, существуют отчёты, которые не подтверждают связь и с заражением, и с исходом заболевания. Например, исследование из Саудовской Аравии (2302 пациента) не выявило значимой корреляции между группой АВО или Rh и смертностью от COVID-19 [10]. Это согласуется с нашими результатами, где различия между группами не достигали статистической значимости.

Тем не менее, существуют ограничения и факторы, которые могут объяснить отсутствие значимой связи в нашем исследовании:

- Малый размер выборки — особенно низкое число тяжёлых случаев ($n = 6$) делает статистическую мощность низкой, и возможные эффекты могли остаться незамеченными.

- Количество и выраженность сопутствующих факторов риска (возраст, сопутствующие заболевания, доступность медпомощи) могли оказывать более сильное влияние, маскируя слабые эффекты группы крови.
- Ретроспективный дизайн и зависимость от самоотчёта — возможны ошибки в данных, смещение отбора и нерегулируемые факторы.

Вывод:

В заключение, это исследование не выявило существенной связи между группой крови АВО и тяжестью и смертностью COVID-19. Это согласуется с некоторыми другими исследованиями, но есть и исследования, которые обнаружили противоречивые результаты. Поэтому необходимы дальнейшие хорошо продуманные и контролируемые исследования для изучения потенциальной связи между группой крови АВО и тяжестью и смертностью COVID-19.

Список литературы.

1. de Wit E, van Doremalen N, Falzarano D, Munster VJ. SARS and MERS: recent insights into emerging coronaviruses. *Nat Rev Microbiol.* 2016 Aug;14(8):523–534. doi:10.1038/nrmicro.2016.81.
2. Worldometer. COVID-19 Coronavirus Pandemic [Internet]. Dover (Delaware): Worldometer; [cited 2025 Sep 28]. Available from: <https://www.worldometers.info/coronavirus/>
3. Zhao J, Yang Y, Huang H, Li D, Gu D, Lu X, et al. Relationship between the ABO Blood Group and the COVID-19 Susceptibility. *Clin Infect Dis.* 2021 Jul 15;73(2):328–331. doi:10.1093/cid/ciaa1150. PMID: 32497965; PMCID: PMC7454371.
4. Padhi S, Suvankar S, Dash D, Panda VK, Pati A, Panigrahi J, Panda AK. ABO blood group system is associated with COVID-19 mortality: An epidemiological investigation in the Indian population. *Transfus Clin Biol.* 2020 Sep 25;27(4):253-258. doi:10.1016/j.tracli.2020.08.009.
5. Vázquez-Medina, M. U., Cerda-Reyes, E., Barrón-Campos, A. C., Almeyda-Farfán, J. A., Ocharan-Hernández, M. E., & Vargas-De-León, C. (2022). Association of ABO blood type with mortality in hospitalized patients with COVID-19. *Revista de la Facultad de Medicina (México)*, 65(1), 17–24. https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2007-74592022000100017

6. Walls, A. C., Park, Y.-J., Tortorici, M. A., Wall, A., McGuire, A. T., & Veerler, D. (2020). Structure, function, and antigenicity of the SARS-CoV-2 spike glycoprotein. *Cell*, 181(2), 281–292.e6. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.02.058>
7. Liu, N., Zhang, T., Ma, L., Zhang, H., Wang, H., Wei, W., Pei, H., & Li, H. (2021). The impact of ABO blood group on COVID-19 infection risk and mortality: A systematic review and meta-analysis. *Transfusion and Apheresis Science*, 60(6), 103306. <https://doi.org/10.1016/j.transci.2021.103306>
8. Franchini, M., Cruciani, M., Mengoli, C., Marano, G., Candura, F., Lopez, N., Pati, I., Pupella, S., & De Angelis, V. (2021). ABO blood group and COVID-19: an updated systematic literature review and meta-analysis. *Blood Transfusion*, 19(4), 317–326. <https://doi.org/10.2450/2021.0049-21>
9. Deschasaux-Tanguy, M., Szabo de Edelenyi, F., Druesne-Pecollo, N., Esseddik, Y., Allègre, J., Srour, B., ... & Touvier, M. (2023). ABO blood types and SARS-CoV-2 infection assessed using seroprevalence data in a large population-based sample: The SAPRIS-SERO multi-cohort study. *Scientific Reports*, 13, Article 4775. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-31264-4>
10. Halawani, A. J., Alhamoud, A. H. M., Kabrah, S. M., Al Eissa, M. M., Daowd, R. A., Algarni, A. M., Alqarni, A. H., Alshahrani, M. M., Khan, A. A., Jalal, N. A., Mujalli, A., Malak, H. A., & Bantun, F. (2024). Lack of association of ABO and RhD blood groups with COVID-19 mortality: A 2-center cross-sectional study in Saudi Arabia. *Medicine*, 103(37), e39673. <https://doi.org/10.1097/MD.00000000000039673>

УДК: 004.8:616–07

Nurmagambet S.D., Ankita Pareek, Aastha Shinde

South Kazakhstan Medical Academy, Shymkent, Kazakhstan

ARTIFICIAL INTELLIGENCE IN THE DIAGNOSIS AND CONTROL OF INFECTIOUS DISEASES

Abstract

Artificial Intelligence (AI) has emerged as a transformative element in global healthcare, reshaping diagnostic strategies and disease management frameworks. Through machine learning and deep learning algorithms, AI enables early recognition of patterns, precise detection of infectious diseases, and data-informed medical decisions. Its application has demonstrated marked

improvements in tuberculosis imaging, hepatitis B antigen prediction, and COVID-19 screening. Beyond diagnostics, AI contributes to epidemic monitoring and antimicrobial resistance detection by analyzing extensive datasets in real time. The sustainable integration of AI in medicine requires ethical responsibility, interprofessional collaboration, and continuous education to ensure transparency, reliability, and patient trust.

Keywords: *Artificial Intelligence, machine learning, infectious diseases, diagnostics, epidemic surveillance*

Нурмагамбет С.Д., Анкита Парик, Аста Шинде

Южно-Казахстанская медицинская академия, Шымкент, Казахстан

ИСКУССТВЕННЫЙ ИНТЕЛЛЕКТ В ДИАГНОСТИКЕ И БОРЬБЕ С ИНФЕКЦИОННЫМИ ЗАБОЛЕВАНИЯМИ

Аннотация

Искусственный интеллект (ИИ) стал одним из ключевых направлений развития современной медицины, радикально изменив подходы к диагностике и контролю инфекционных заболеваний. Использование алгоритмов машинного и глубокого обучения обеспечивает раннее выявление закономерностей, точную диагностику и принятие решений на основе анализа больших объёмов данных. Применение ИИ показало высокую эффективность при выявлении туберкулёза, гепатита В и COVID-19. Помимо диагностики, ИИ активно используется для эпидемиологического мониторинга и выявления антимикробной резистентности. Устойчивое внедрение технологий ИИ требует этической ответственности, междисциплинарного взаимодействия и повышения уровня квалификации медицинских специалистов, что позволит укрепить доверие пациентов и повысить качество медицинской помощи.

Ключевые слова: *искусственный интеллект, машинное обучение, инфекционные заболевания, диагностика, эпидемиологический надзор*

Нурмагамбет С. Д., Анкита Парик, Ааста Шинде

Оңтүстік Қазақстан Медицина Академиясы, Шымкент Қ., Қазақстан

ЖҰҚПАЛЫ АУРУЛАРДЫ ДИАГНОСТИКАЛАУ МЕН БАҚЫЛАУДАҒЫ ЖАСАНДЫ ИНТЕЛЛЕКТ

Аңдатпа

Жасанды интеллект (ЖИ) қазіргі медицинада маңызды рөл атқарып, жұқпалы ауруларды диагностикалау мен бақылау тәсілдерін түбегейлі өзгертуде. Машиналық және терең оқыту алгоритмдерін пайдалану ауруды ерте анықтауға, дәл диагноз қоюға және үлкен деректерді талдауға негізделген шешім қабылдауға мүмкіндік береді. ЖИ туберкулезді, В гепатитін және COVID-19 ауруларын анықтауда жоғары тиімділік көрсетті. Сонымен қатар, ЖИ эпидемиологиялық бақылауда және антимикробтық төзімділікті анықтауда маңызды рөл атқарады. Бұл технологияларды тұрақты енгізу үшін этикалық қағидаларды сақтау, салааралық ынтымақтастық және медицина қызметкерлерін үздіксіз оқыту маңызды болып табылады.

Түйін сөздер: жасанды интеллект, машиналық оқыту, жұқпалы аурулар, диагностика, эпидемиологиялық бақылау

Introduction

The rapid evolution of Artificial Intelligence (AI) has profoundly influenced global healthcare systems. Its capability to process complex datasets and recognize hidden correlations enables clinicians to make faster and more accurate diagnostic decisions. AI is particularly impactful in infectious disease management, where early detection determines clinical outcomes and limits epidemic spread.

AI in Infectious Disease Diagnostics

In tuberculosis diagnosis, AI algorithms analyze chest radiographs and identify subtle pathological changes with higher accuracy than traditional methods. In hepatitis B prediction, models such as XGBoost and Random Forest have outperformed classical regression approaches, achieving reliable antigen detection rates. For COVID-19, AI has been incorporated into image analysis, molecular diagnostics, and patient monitoring systems, allowing healthcare professionals to assess disease severity and optimize treatment pathways efficiently.

AI in Antimicrobial Resistance and Epidemiological Control

AI technologies support the detection of antimicrobial resistance by integrating genomic sequencing data and mass spectrometry results. Machine learning frameworks trained on extensive microbiological datasets allow for rapid identification of resistant strains, facilitating informed antibiotic use and strengthening infection control policies. Furthermore, AI-based epidemic intelligence leverages natural language processing to detect early signals of emerging health threats from digital and environmental data sources.

Conclusion

The use of AI in diagnosing and controlling infectious diseases signifies a paradigm shift from reactive to predictive medicine. By accelerating diagnostics, enhancing accuracy, and enabling data-driven decisions, AI contributes to a more resilient and efficient healthcare system. Future advancements should prioritize ethical implementation, transparency, and equal access to ensure that AI serves as a tool for global health improvement rather than technological disparity.

References

1. Zaizen et al. AI-enhanced pathology for tuberculosis detection, Journal of Clinical Imaging, 2021.
2. Tian et al. Predictive modeling for hepatitis B surface antigen using machine learning algorithms, BMC Infectious Diseases, 2019.
3. Sun et al. Deep learning–integrated diagnostic devices for SARS-CoV-2 detection, Nature Biomedical Engineering, 2022.
4. Weis et al. Machine learning approaches to antimicrobial resistance profiling, Scientific Reports, 2020.
5. MacIntyre et al. AI-driven epidemic intelligence and pandemic preparedness, Global Health Security Review, 2023.

УДК 004.8

Автор: Кендирбек Алтынай, Кабдурахит Абай

Научный руководитель: Байгенжеева Раушан Кужатовна

КАК ИСКУССТВЕННЫЙ ИНТЕЛЛЕКТ МОЖЕТ ПОМОЧЬ В БОРЬБЕ С ИНФЕКЦИОННЫМИ ЗАБОЛЕВАНИЯМИ

Аннотация

Инфекционные заболевания остаются серьезной проблемой здравоохранения на планете, и это особенно широко наблюдалось во время пандемии COVID-19. Развитие искусственного интеллекта (ИИ) является быстрорастущей тенденцией последних лет и открывает новые возможности в диагностике, мониторинге, прогнозировании и лечении инфекционных заболеваний. В этой статье рассматриваются ключевые аспекты анализа медицинских изображений, эпидемиологического моделирования, прогнозирования вспышек и индивидуального лечения как ключевые области применения искусственного интеллекта в

борьбе с инфекционными заболеваниями. Особое внимание уделяется ограничениям, связанным с этическими вопросами, качеством данных и внедрением в клиническую практику. Таким образом, искусственный интеллект может стать важным инструментом, который может способствовать совершенствованию системы здравоохранения и минимизировать глобальные риски, связанные с инфекционными заболеваниями.

Ключевые слова: искусственный интеллект; машинное обучение; инфекционные заболевания; диагностика; эпидемиологическое моделирование; COVID-19; прогнозирование

Авторы: Кендірбек Алтынай, Қабдуахит Абай

Жетекшісі: Байгенжеева Раушан Кужатовна

ЖАСАНДЫ ИНТЕЛЛЕКТ ЖҰҚПАЛЫ АУРУЛАРМЕН КҮРЕСУГЕ ҚАЛАЙ КӨМЕКТЕСЕДІ

Аңдатпа

Жұқпалы аурулар планетада денсаулық сақтаудың маңызды мәселесі болып қала береді және бұл әсіресе COVID-19 пандемиясы кезінде кеңінен байқалды. Жасанды интеллекттің (AI) дамуы соңғы жылдардағы қарқынды дамып келе жатқан үрдіс болып табылады және жұқпалы ауруларды диагностикалауда, БАҚЫЛАУДА, болжауда және емдеуде жаңа мүмкіндіктер ашады. Бұл мақалада жұқпалы аурулармен күресуде жасанды интеллектті қолданудың негізгі бағыттары ретінде медициналық бейнелеуді талдаудың, эпидемиологиялық модельдеудің, ышметті болжаудың және жеке емдеудің негізгі аспектілері қарастырылады. Этикалық мәселелерге, деректер сапасына және клиникалық тәжірибеге енгізуге байланысты шектеулерге ерекше назар аударылады. Осылайша, жасанды интеллект Денсаулық сақтау жүйесін жақсартуға және жұқпалы аурулармен байланысты жаһандық тәуекелдерді азайтуға көмектесетін маңызды құрал бола алады.

Түйін сөздер: жасанды интеллект; машиналық оқыту; жұқпалы аурулар; диагностика; эпидемиологиялық модельдеу; COVID-19; болжау

Author: Kendirbek Altynay, Kabduakhit Abay

Supervisor: Baigenzheyeva Raushan Kuzhatovna

HOW ARTIFICIAL INTELLIGENCE CAN HELP IN COMBATING INFECTIOUS DISEASES

Abstract

The infectious diseases remain a serious health concern on the planet, and it was especially widely observed during the COVID-19 pandemic. The development of artificial intelligence (AI) is a fast-growing trend in recent years, and it provides new opportunities in the diagnosis, monitoring, prediction, and treatment of infectious diseases. This article studies the key medical image analysis, epidemiological modelling, outbreak prediction, and individualized treatment as the key applications of AI in combating infectious diseases. The restrictions related to the ethical issues, data quality, and incorporation into clinical practice are given special attention. Thus, AI can become an essential instrument that can facilitate the improvement of the healthcare system and minimize global risks related to infectious diseases.

Keywords: *artificial intelligence; machine learning; infectious diseases; diagnostics; epidemiological modelling; COVID-19; prediction*

Introduction

Diseases brought about by microorganisms have been deadly to the health of the human. Although there has been an impressive improvement in contemporary medicine, the emergence of new pathogens, and the emergence of antimicrobial resistance still pose a challenge to the health sector across the globe [2]. COVID-19 revealed the strengths and weaknesses of the national and international preparedness and response efforts [4; 5]. This international crisis brought into focus the importance of innovative solutions that are able to hasten the process of diagnosis, enhance the process of forecasting outbreaks, and increase the efficiency of epidemiological surveillance.

Artificial intelligence (AI) is one of the most promising innovations, and it has evolved very fast and is now being utilized in the realm of medicine. AI includes machine learning and deep learning algorithms that can analyse large and heterogeneous data, discover hidden patterns, and make correct predictions [6; 7]. AI use in the healthcare sector involves applications such as medical image analysis and diagnostic tools development, epidemiology modelling, outbreak prediction, and individual treatment plans [1; 8].

One of the most important benefits of AI is that it can handle large and heterogeneous data, such as electronic health records, laboratory tests, radiographies, and epidemiologic data [3; 9]. This renders AI to be essential when it comes to early identification of infectious diseases and real-time observation. As an illustration, deep learning systems have been found useful when it comes to the

automatic classification of pneumonia into COVID-19-induced pneumonia on the basis of CT scans and chest X-rays [4; 5; 12]. These technologies decrease the amount of work of health care workers, and they give fast and stable assistance to diagnostic services in the case of massive outbreaks.

Prediction of outbreaks and epidemiological modelling also have an increasing number of applications of AI. Combining AI-based solutions with mechanistic epidemiology has been shown to be a more efficient and accurate way to predict disease propagation and assess the potential efficacy of public health interventions [10]. These are essential capabilities that will be very useful in preparing and responding to future epidemics and pandemics. Nevertheless, there are a number of challenges that accompany the use of AI in the management of infectious diseases. Ethical concerns and data privacy, the necessity to maintain the quality and completeness of input data, challenges in involving innovative technologies into everyday clinical practice are some of the major concerns [11]. The only way to handle these challenges is by adopting an interdisciplinary approach and collaborating closely with the healthcare professionals, researchers, developers and policymakers. This paper is aimed to examine the key uses of artificial intelligence in the fight against infectious diseases, evaluate the potential and constraints of AI technologies, and present the future outlook of AI technologies in world health.

Main Body

Artificial intelligence has been on the limelight as a revolution instrument within the healthcare industry especially in infectious disease. Diagnostic imaging and clinical decision support is one of the major fields that AI has proved to be useful. Radiological data including CT scans and chest X-rays turned out to be essential in recognizing pneumonia and the development of the disease during the COVID-19 pandemic. The conventional radiological examination can be lengthy and it can be inter-observer variability. The use of AI algorithms, especially the convolutional neural networks (CNNs) offered a better alternative due to the accuracy, consistency, and speed of analyzing the images. It has been demonstrated that AI-based models could detect COVID-19 pneumonia with high sensitivity and specificity, which relieved radiologists of most of the workload and made clinical intervention possible earlier [4; 5; 12]. The progress does not only emphasize the strength of AI in diagnostics but also presents the importance of AI to enhance the speed and quality of healthcare delivery in the case of severe outbreaks. Besides imaging, AI has been used in the field of infectious disease monitoring and prediction of outbreaks. It is very crucial to detect and anticipate early to prevent specific infections and to be able to distribute the resources efficiently. Conventional surveillance systems usually use information that is retrospective, and it might take time to detect an impending threat. However, AI-based solutions may use wide-ranging

data, such as epidemiological, mobility, social media, and even environmental data, to detect trends that can point to potential outbreaks [2; 3]. Incorporating machine learning with mechanistic epidemiological models, researchers have been able to reach a high level of accuracy in the prediction of the trajectory of infections and estimating the effects of the interventions made by the public health [10]. These predictive models have been especially useful in the COVID-19 crisis, when governments and health agencies needed real-time information to inform decision-making and policy-making.

Another vital frontier is the use of AI in the laboratory diagnostics. Genomic sequences of pathogens have been analyzed using machine learning algorithms and have been useful in identifying the mutation and evolution of infectious agents. As an example, AI is used to assist in genomic surveillance of SARS-CoV-2 through detection of variants of concern and their possible effect on transmissibility and vaccine efficacy [6]. The opportunities of AI to speed up such laboratory procedures that are often time-consuming and resource-intensive are emphasized in such applications. With the ability to analyze genomic and molecular data more quickly, AI allows responding to emerging pathogens quicker and helps the world at large to control the spread of infectious threats. In addition, AI has been incorporated more and more in clinical decision support systems to streamline treatment plan options. Customized medicine is becoming a possibility because AI applications can review patient records, including medical history, comorbidities, and lab results to prescribe customized treatments. This can be specifically applicable to infectious diseases, where AI can be used to propose optimal antibiotic regimens based on trends in local resistance [7; 11]. Individualized recommendations such as these do not only enhance patient outcomes but also involve strategies globally to prevent the abuse of antibiotics.

The AI has a strong aspect of scalability and flexibility in various healthcare settings. Examples of AI-driven chatbots and virtual assistants have been implemented in the triage of patients in an outbreak, simple health information provision, and decrease the number of unnecessary hospital visits. They came in handy in the times of COVID-19, when hospital systems became overcrowded, and physical distancing limited the ability to use physical consultations [1]. When used in low-resource environments, AI can have a vital role by adding to the insufficient infrastructure in healthcare and offer early identification solutions in situations where there are few trained specialists. This health care democratization highlights the promise of AI to change the world of medical healthcare, particularly in countries with ongoing issues with infectious diseases.

Table 1. Reported Performance of AI Models for COVID-19 Detection from Medical Imaging

Study/Model	Dataset Size	Imaging Modality	Accuracy (%)	Sensitivity (%)	Specificity (%)
Deep COVID DeteCT	5,000+ scans	Chest CT	91	89	93
CovidCTNet	1,200 scans	Chest CT	94	92	95
CNN Model	3,000 X-rays	Chest X-ray	88	85	90

Sources: [4], [5],[12]

The table above shows the claimed performance indicators of various AI models used to detect the presence of COVID-19 based on radiological images. As depicted, the accuracy of the studies is between 88 and 94 with both specificity and sensitivity standing at over 85. The results of such studies show that AI can provide clinically relevant performance to a degree that is in some cases similar or even higher than human radiologists. Notably, the difference in the performance measures in diverse datasets signifies that there is a necessity of standardizing data quality and stringent external verification of the data quality before introducing these systems in the normal clinical practice. However, these results imply that AI tools can develop quality diagnostic aid in high stakes situations, like the COVID-19 pandemic, where quick decision-making is crucial.

In spite of these promising applications, the successful use of AI in healthcare systems must consider a number of issues. One of the most topical issues is data quality. The AI models make use of high quality and large datasets to make accurate predictions. Nonetheless, the medical records are usually disjointed, partial or biased, thereby undermining the performance of models [8]. As an example, in case the training datasets fail to reflect diverse populations, AI models might provide biased results, and this situation could contribute to the existing health disparity. To deal with this challenge, standardized data collection practices should be developed and representation among the various demographic groups should be made equal. The other significant issue is the ethical aspect of AI in healthcare. The privacy of patient data and informed consent are also crucial issues when machine learning algorithms are used to analyse large datasets. Even though anonymization procedures are applied, there is still a risk to re-identification, especially when datasets are cross-linked with other databases. In addition, the use of AI in the clinical decision-making process casts doubt on accountability. In case an AI system draws an incorrect suggestion and causes harm to patients, it is not clear whether the blame should be placed on the healthcare provider or the

developer and the institution implementing the system [11]. These problems underscore the importance of having stringent regulatory frameworks to regulate the ethical AI application in medicine.

AI has demonstrated significant opportunities to improve epidemiology models and prediction of outbreaks. Conventional epidemiological approaches, including SEIR (Susceptible-Exposed-Infectious-Recovered), are based on assumptions related to population behaviour and rate of disease transmission. Although these models have been very useful, their predictive capacity may be weak where there are high change rates or some of the data is incomplete. With the introduction of AI-based machine learning methods, scientists have enhanced the forecasting capability and flexibility. AI systems are capable of processing real-time data, including mobility data, hospital admission records, climate indicators, and social media trends, to give early alerts in relation to an outbreak of an infectious disease [2; 3]. This feature turns AI into a precious resource to the agencies in the field of public health, especially when it comes to the prevention and control of new infectious threats.

The AI-based forecasting tools were used during the COVID-19 pandemic to allow governments predict cases spikes and allocate resources accordingly. The combination of real-time case reports and mechanistic epidemiological models was better at machine learning than the conventional ones in predicting the time and the intensity of infection waves [10]. It is shown in this type of integration that hybrid models have the potential to capture the benefits of both interpretability of mechanistic models and pattern recognition capabilities of AI. Moreover, such predictive systems can be adjusted to other epidemics, including influenza or dengue, and allow the public health authorities to be prepared to face a variety of threats at once.

Another field where AI has been significant is in the field of genomic surveillance. Genetic mutations have been identified to be the major cause of infectious disease outbreaks that increase the transmissibility, virulence, or resistance of the pathogen to treatment. Conventional genomic analysis is time-consuming and labor-intensive, however, AI algorithms can analyze massive genomic data in a timeframe of hours to determine mutations and monitor their worldwide distribution. To illustrate the point, AI-mediated genomic surveillance had enabled the discovery of SARS-CoV-2 variants of concern like Delta and Omicron and aided in the vaccine development program during the COVID-19 pandemic [6]. This functionality explains why AI will become the key to enhancing surveillance tools used in different countries, where speed and accuracy are significant to avert crises around the globe.

Antimicrobial resistance (AMR) is also one of the most urgent global health issues that AI applications have been applied to. Through genomic information of bacteria and clinical treatment

response, AI can learn about resistance and suggest alternative treatment regimes [7; 11]. This role is critical in informing the antibiotic stewardship initiatives whose goals are to reduce the misuse of the antibiotics and limit the transmission of the resistant strains. The predictive nature of the AI in AMR management offers clinicians with evidence-based assistance and also safeguard the health of the population at a larger scale.

The role of AI may be more clearly traced in the context of all healthcare functions that aid in controlling infectious diseases.

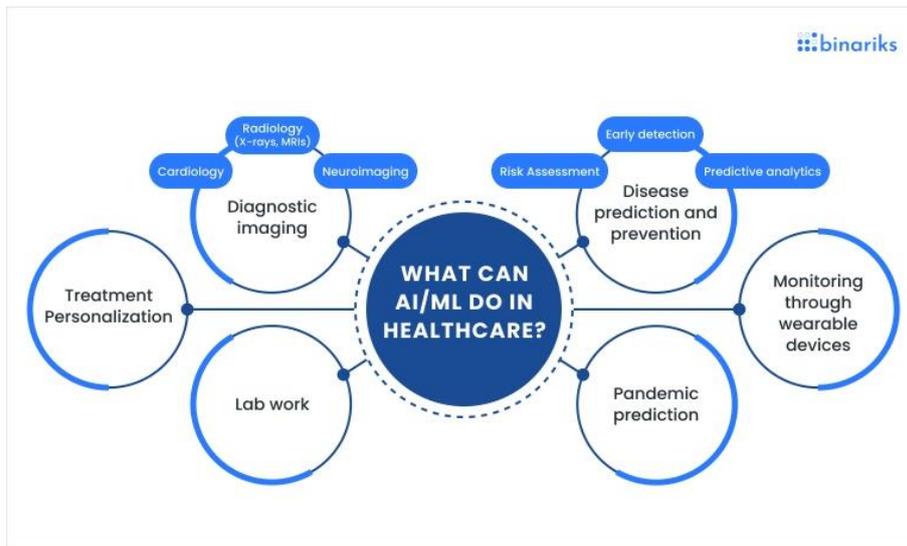


Figure 1. Key applications of AI/ML in healthcare relevant to infectious disease management

The above diagram demonstrates the wide variety of AI/ML uses in healthcare much of which has a direct connection with combating infectious diseases. An example is diagnostic imaging, which can be used to detect conditions at their initial stages, e.g., pneumonia related to COVID-19 or tuberculosis with the use of automated radiology and neuroimaging systems [4; 5; 12]. It is also helpful to the work of laboratories where AI enhances the speed of genomic sequencing and pathogen detection, which played a crucial role in the management of the evolution of SARS-CoV-2 [6]. Treatment personalization, in which AI assists clinicians with suggestions on the antibiotic regimens, is equally important and is based on local-level trends of antimicrobial resistance [7]. Such applications do not only enhance patient care at an individual level but also play a basis of a larger approach to control of infectious diseases. Moreover, the diagram brings out the preventive and predictive aspects of AI. The AI systems will be able to identify the trends of anomalies in the population health data, predict the occurrence of outbreaks by combining predictive analytics with the real-time data obtained with wearable devices and assist the interventions to promote the population health [2; 3]. This ability to spot the disease early was particularly applicable in the COVID-19 pandemics, yet it has the possibilities in expanding to other upcoming diseases like

influenza, Ebola, or diseases transmitted by vectors. An example of a tool that illustrates how technology can bridge the gap between clinical and healthcare preparedness is the use of AI-based pandemic predictive tools to provide a single tool of disease prevention and management. In addition to monitoring and diagnostic tests, AI has also aided healthcare systems by facilitating its operation. It has been used in predictive analytics to manage hospitals and thus predict patient arrivals and subsequent allocation of resources in case of an outbreak. As an illustration, AI-based forecasts were applied to predict the ICU demand during the COVID-19 to make sure that hospitals mapped out more capacity and had enough ventilators and essential supplies on hand [9]. This predictive ability helps minimize the chances of overloading the healthcare system, which is extremely important in times of pandemics, as even the slightest inefficiency can cause massive death.

The other valuable input of AI is the field of drug discovery and vaccine development. Conventional pharmaceutical studies are frequently a time consuming and expensive affair. AI increases the pace of this operation through the analysis of large molecular databases and discovery of potential drug candidates with possible antiviral effects. In the COVID-19 pandemic, AI systems were used to screen pharmaceutical compounds that were already available to find out those that could be repurposed, which saved the time of clinical testing [8]. In addition, tooling applications enabled the design of mRNA vaccines that became a pillar of the global response to a pandemic with the assistance of AI. Such innovations show the disruptive nature of AI in biomedical innovation and readiness in the event of a pandemic.

Although these achievements have been made, there are still weaknesses when it comes to implementing AI in the management of infectious diseases. A lack of transparency in most AI systems, otherwise known as the black box problem is one such concern. Clinicians and policymakers could be reluctant to rely on the advice of obscure models that are not able to make their rationale clear. Some work is being done to create explainable AI (XAI), that allows consumers to understand model output in a way that enables them to trust it and accept it in clinical practice [11]. Also, the inequality in the sharing of data across the globe is an issue that impedes the entire potential of AI applications. Successful AI systems must access a wide range of high quality multi-national and multi-population datasets. Nevertheless, the flow of information is usually curtailed by issues like lack of uniformity in data standards, politics, and data sovereignty concerns [1; 6]. To overcome such obstacles, it is necessary to achieve international collaboration and establish safe and standardized data-sharing models to achieve maximum global impact of AI.

Although the uses of artificial intelligence in the context of managing infectious diseases have potential, their implementation into healthcare systems introduce several ethical, technical, and social concerns. The issue of data privacy and security is one of the most important ones. The training and optimization of AI systems need substantial amounts of health data, which usually concerns the use of sensitive patient data. Although there is anonymization, there is a chance of re-identification when the datasets are cross-linked with other sources of information. The illegal use, hacking, or other uncontrolled access to health data may have disastrous effects, including discrimination during insurance coverage or employment [11]. Thus, it is important to set up stringent regulatory systems and create effective cybersecurity solutions to guarantee that the implementation of AI does not undermine patient rights.

The other significant ethical issue is that of accountability and liability in clinical decision making. Recommendations made by AI have the potential to affect some of the most important medical choices, including the diagnostic classifications, treatment options, or the prediction of outbreaks. But in the event of mistakes, it is not always obvious whose fault it is, the clinician who took the advice or the institution that implemented the system, or the developer who wrote the algorithm. This responsibility gap makes the implementation of AI in clinical practice difficult. Having no clear mechanisms of accountability, clinicians might be reluctant to implement AI tools or could simply overuse it without proper supervision [7; 11]. In this regard, a number of scholars propose shared responsibility models, in which the human professionals, along with the developers of AI, will be ethically and legally responsible for the outcomes.

Another topical issue is equity and fairness. Artificial intelligence can be as trustworthy as the information underlying its training. When the datasets are biased (that is, one population is overrepresented and another is underrepresented), then the resulting models may support or perpetuate health inequity. As an example, an AI model that is mostly trained on imaging data in high-income countries can be inefficient when used in low-resource conditions with various disease rates, demographics, or diagnostic imaging patterns [8]. This issue is particularly applicable in infectious diseases, which tend to be more common among disadvantaged groups. It is imperative to ensure that training data is as varied, representative, and of high quality as to achieve fair and equal AI tools that serve every community in the best way.

transparency and trust have issues with most AI models because they are black box in nature. Detailed deep learning algorithms can produce predictions of high accuracy, however, in many cases they are unable to explain how a decision was made. This interpretability does not provide clinicians with an easy way out, as they require an interpretation of the rationale behind

recommendations prior to their implementation into practice. The new branch of explainable AI (XAI) is aimed at resolving the problem by coming up with algorithms with explainable outputs [11]. XAI implementation in the sphere of infectious diseases may help to fill the gap between the power of algorithms and clinical trust and make AI systems more transparent and responsible.

The AI applications in the management of infectious diseases are also limited by technical constraints. Data fragmentation is also a common issue, since healthcare data is usually spread throughout several systems and facilities, which are not interoperable. Such fragmentation will not allow creating comprehensive datasets to train powerful AI models [1]. Also, available data may not be as consistent with mistakes in clinical records, incomplete laboratory results, or irregularities in reporting standards. The restrictions lower the validity of the AI results and emphasize the necessity to develop the standardized models of health data gathering, storage, and sharing.

Among the most promising aspects of AI in the context of managing infectious diseases, in the future, global cooperation should be mentioned. National borders are not considered during pandemics, and prompt data exchange between countries is the only way to effectively respond to an outbreak. AI can be an interface to combine data feeds of various sources, allowing the monitoring of diseases globally and coordinated responses. Nevertheless, such a vision must surmount political and logistical obstacles, like bargaining data sovereignty and making sure that low-resource nations have the resources to engage in the process [2; 6]. Digital health and integration of AI into the development of global pandemic preparedness are already emphasized in the context of international efforts of organizations like the World Health Organization (WHO) [1]. Enhancing these partnerships would make AI a key element of the global health agenda.

The extension of AI to personalized and precision medicine of infectious diseases is another potential direction in the future. When integrated with genomic, proteomic, and clinical data, AI has the capability of making personalised risk assessments, estimating the severity of a disease, and prescribing personalised treatment. This method can transform the care of infectious diseases to move towards generalized treatment plans towards more specific plans that maximize patient outcomes [7]. These innovations would also prove useful in combating antimicrobial resistance by reducing the number of unnecessary prescriptions and encouraging better use of antibiotics.

There are more opportunities of AI-based surveillance of infectious diseases in combination with wearable and Internet of Things (IoT). Vital signs including temperature, heart rate, oxygen saturation and so on require smart gadgets, which can produce continuous health data streams. This information can be analyzed by AI systems to identify anomalies that could signal the beginning of infection, which can be intervened at the level of an individual or community earlier on [3]. These

technologies might in the long-term allow real-time epidemic intelligence, allowing the citizenry to input directly into the public health surveillance systems.

The moral and social aspects of the introduction of AI in healthcare should be considered a priority in the dialogue. The effective implementation of AI technologies is impossible without the public trust, especially in the cases when these technologies can access sensitive health information or affect clinical judgment. To establish trust it is necessary not only to be transparent and accountable but to actively work with patients and communities. The stakeholders in designing, implementing, and evaluating AI tools should be involved to make sure that these tools do not contradict the social values and ethical norms. In addition, healthcare professional education and training programs are essential in providing healthcare professionals with the abilities to employ AI in a responsible and efficient manner [11].

AI-based integration in the management of infectious diseases has both disruptive prospects and complicated scenarios. Although AI is an improvement to diagnostics, epidemiological modeling, prediction of outbreaks, and personalized treatment, its application causes ethical concerns on privacy, accountability, equity, and trust. To mitigate these problems, the solution should be through strong regulatory systems and international collaboration and continuous research on explainable and fair AI systems.

Conclusion

The accelerated development of artificial intelligence has created new opportunities in the combating of infectious diseases and essentially transformed how health systems identify, track and react to outbreaks. As it was shown in the course of this paper, AI has great opportunities in numerous healthcare fields. In the diagnostics, AI-enhanced imaging and genomics can present fast, precise, and reliable diagnostics that can assist in early intervention and positively impact patient outcomes [4; 5; 6]. In epidemiological modeling and surveillance AI can be used to augment the predictive power of conventional methods, providing real-time information to allow the public health authority to prepare and respond to an outbreak more efficiently [2; 3; 10]. Moreover, the introduction of AI to the process of antimicrobial resistance control and clinical decision support shows that it can be used to optimize treatments and reduce the transmission of one of the most dangerous health threats in the world [7; 11].

The role of AI in the pandemic preparedness and biomedical innovation is also important. The application of machine learning in drug discovery and vaccine development has already proven its transformative strength in the COVID-19 pandemic, as artificial intelligence-based tools were used to discover repurposed medications and speed up the development and testing of mRNA vaccines

[8]. Simultaneously, the examples of AI use in the management of resources in a hospital and in wearable health control demonstrate that it may enhance healthcare resiliency in the period of crisis [1; 9]. A combination of these applications demonstrates the scope of AI contribution to personal patient care and the health of the population level.

Nevertheless, to achieve maximum capabilities of AI in the context of controlling the spread of infectious diseases, some important issues need to be addressed. Ethical issues that have not been resolved include data privacy, accountability, equity, and transparency and need to be handled keenly [11]. In the absence of strong protections, AI can potentially become a source of unintentional harm, increasing the gap between the existing disparities or undermining the trust in healthcare systems. Similarly, technical issues, such as data fragmentation and training data biases, have to be addressed in order to provide accuracy and fairness during AI applications [8]. The next step will require the creation of explainable AI, data structures that are universally accepted, and collaboration among countries in order to provide fair access to such technologies [6].

To recap it all, artificial intelligence is not a panacea, but it is one of the most effective tools that can be used in the continuous fight against infectious diseases. With its abilities integrated into human expertise, ethical governance, and international cooperation, AI can shift to becoming an addition to global health security, becoming a key component of it. With the future pandemics and the ongoing infectious threats that the world is experiencing, responsible introduction of AI to the healthcare is not only going to save lives, but also change the basis of contemporary medicine.

References

1. World Health Organization. (2024). *Harnessing artificial intelligence for health*. World Health Organization. <https://www.who.int/teams/digital-health-and-innovation/harnessing-artificial-intelligence-for-health>
2. Odone, A., Signorelli, C., & Hanvoravongchai, P. (2025). Artificial intelligence and infectious diseases: An evidence review. *The Lancet Infectious Diseases*. Advance online publication. <https://www.thelancet.com/journals/laninf/article/PIIS1473-3099%2825%2900412-8/abstract>
3. Parums, D. V. (2023). Editorial: Infectious disease surveillance using artificial intelligence. *Medical Science Monitor*, 29, e939212. <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC10240961/>

4. Lee, E. H., Lee, J., Kim, H., & Kim, J. (2021). Deep COVID DeteCT: International experience on COVID-19 lung detection using deep learning. *NPJ Digital Medicine*, 4(1), 125. <https://www.nature.com/articles/s41746-020-00369-1>
5. Javaheri, T., Homayounieh, F., & Gholamrezanezhad, A. (2021). CovidCTNet: An open-source deep learning approach to COVID-19 CT classification. *Scientific Reports*, 11(1), 13642. <https://www.nature.com/articles/s41746-021-00399-3>
6. Keshavamurthy, R., Srinivasan, K., & Rao, A. S. (2022). A systematic review of machine learning and deep learning methods for infectious disease prediction. *Frontiers in Public Health*, 10, 851742. <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9582566/>
7. Santangelo, O. E., Provenzano, S., & Firenze, A. (2023). Machine learning for infectious disease risk prediction: A systematic review. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 20(6), 4952. <https://www.mdpi.com/2504-4990/5/1/13>
8. Liu, T., Xu, K., & Wang, H. (2022). Deep learning and medical image analysis for COVID-19: Review and recommendations. *Annual Review of Biomedical Engineering*, 24, 399–421. <https://www.annualreviews.org/content/journals/10.1146/annurev-bioeng-110220-012203>
9. Nishio, M., Noguchi, S., & Matsuo, H. (2022). Automatic classification of COVID-19 pneumonia on CT images with deep learning: A multicenter study. *Scientific Reports*, 12(1), 1–10. <https://www.nature.com/articles/s41598-022-11990-3>
10. Ye, Y., Li, X., & Zhang, Q. (2025). Integrating artificial intelligence with mechanistic epidemiological models: A scoping review. *Nature Communications*, 16(1), 1123. <https://www.nature.com/articles/s41467-024-55461-x>
11. Sarantopoulos, A., Koufopoulos, S., & Gourgoulisanis, K. I. (2024). Artificial intelligence in infectious disease clinical practice: Opportunities and challenges. *Infectious Diseases Reports*, 16(2), 133–145. <https://www.mdpi.com/2414-6366/9/10/228>
12. Akter, S., Shamsuddin, S. M., & Hossain, M. S. (2021). COVID-19 detection using deep learning on chest X-rays. *Healthcare*, 9(8), 1014. <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8614951/>

УДК:616.981:615.849-19

Сатжанова А.А; Нұрмағамбет С.Д.

АО "Южно-Казахстанская академия медицины", Г. Шымкент, Казахстан

СОВРЕМЕННЫЕ ПОДХОДЫ К ЭТИОПАТОГЕНЕТИЧЕСКОМУ ЛЕЧЕНИЮ ХРОНИЧЕСКОГО БРУЦЕЛЛЁЗА

Аннотация

Хронический бруцеллёз остаётся актуальной проблемой из-за длительного течения, инвалидизации пациентов и роста антибиотикорезистентности. В исследовании 12 пациентов показано, что комбинированная терапия эффективнее классической: быстрее купирует симптомы, снижает лабораторные показатели воспаления и предупреждает рецидивы. Перспективным направлением является персонализированное лечение с применением инновационных технологий и искусственного интеллекта.

Ключевые слова: бруцеллёз, антибиотикорезистентность, комбинированная терапия, искусственный интеллект.

Сатжанова А. А.; Нұрмағамбет С. Д.

"Оңтүстік Қазақстан медицина академиясы" АҚ, Шымкент қ., Қазақстан

СОЗЫЛМАЛЫ БРУЦЕЛЛЕЗДІ ЭТИОПАТОГЕНЕТИКАЛЫҚ ЕМДЕУДІҢ ЗАМАНАУИ ТӘСІЛДЕРІ

Аңдатпа

Созылмалы бруцеллез ұзақ мерзімді ағымға, пациенттердің мүгедектігіне және антибиотикке төзімділіктің өсуіне байланысты өзекті мәселе болып қала береді. 12 пациенттің зерттеуі аралас терапия классикалыққа қарағанда тиімдірек екенін көрсетті: симптомдарды тезірек тоқтатады, қабынудың зертханалық көрсеткіштерін төмендетеді және қайталанудың алдын алады. Инновациялық технологиялар мен жасанды интеллектті қолдана отырып, дербестендірілген емдеу перспективалы бағыт болып табылады.

Түйін сөздер: бруцеллез, антибиотикке төзімділік, аралас терапия, жасанды интеллект.

Satzhanova A. A.; Nurmagambet S. D.

JSC "South Kazakhstan medical Academy ", Shymkent, Kazakhstan

MODERN APPROACHES TO ETIOPATHOGENETIC TREATMENT OF CHRONIC BRUCELLOSIS

Abstract

Chronic brucellosis is an actual problem of surgical intervention, invalidation of patients and growth of antibiotic resistance. In the study, 12 patients showed that combined therapy is an effective classic: it most often contains symptoms, reduces laboratory indicators of morbidity and prevents relapses. The promising direction is staffed with innovative technologies and Research Intelligence.

Key words: *brucellosis, antibiotic resistance, combined therapy, intelligence.*

Введение Бруцеллёз остаётся актуальной инфекцией в странах Центральной Азии, Средиземноморья и Ближнего Востока. Хронические формы заболевания нередко приводят к снижению трудоспособности и инвалидизации. Внутриклеточная персистенция возбудителя и рост антибиотикорезистентности требуют поиска новых терапевтических стратегий, выходящих за рамки стандартной монотерапии.

Цель Оценить эффективность современных этиопатогенетических схем лечения хронического бруцеллёза.

Материалы и методы Исследование проспективное, сравнительное. Под наблюдением находились 12 пациентов с хроническим бруцеллёзом (7 мужчин, 5 женщин, 24–50 лет). Диагноз подтверждён серологическими тестами (реакция Райта, ELISA), а также ПЦР. Все пациенты прошли дополнительное обследование на антибиотикочувствительность/резистентность выделенных штаммов *Brucella spp.* с помощью молекулярных методов (ПЦР-детекция генов устойчивости, анализ клинической эффективности ранее применённых схем). Пациенты были разделены на две группы: I группа — классическая схема (доксициклин + рифампицин, 6 недель). II группа — комбинированная схема (доксициклин + рифампицин + стрептомицин 14 дней) + патогенетическая терапия (НПВС, иммуномодуляторы, витамины). Эффективность оценивалась по динамике симптомов, лабораторных показателей (СОЭ, CRP, IgG к *Brucella*), данным о чувствительности к антибиотикам, а также по частоте рецидивов в течение 12 месяцев

Результаты исследования

1. Температурная реакция. Среднее время нормализации температуры в I группе составило $12,0 \pm 2,1$ дня, тогда как во II группе — $6,2 \pm 1,5$ дня ($p < 0,01$).

2. Суставной синдром. Купирование болей и скованности в суставах отмечено через $5,0 \pm 1,0$ недель в I группе и через $2,3 \pm 0,5$ недели во II группе ($p < 0,01$).

3. Лабораторные показатели. СОЭ к моменту выписки снизилась в I группе до $18,5 \pm 3,2$ мм/ч, во II — до $9,8 \pm 2,1$ мм/ч ($p < 0,05$). Нормализация уровня CRP отмечена у 67 % пациентов I группы и у 100 % пациентов II группы ($p < 0,05$). Снижение титров IgG к *Brucella spp.* зарегистрировано у 66,7 % пациентов I группы и у 100 % пациентов II группы.

4. Антибиотикочувствительность.

Из 12 штаммов *Brucella spp.*:

чувствительность к доксициклину — 83,3 %,

к рифампицину — 66,7 %,

к стрептомицину — 100 %,

к ципрофлоксацину — 58,3 %,

к гентамицину — 91,7 %.

Наибольшая устойчивость зафиксирована к рифампицину (33,3 %) и фторхинолонам (41,7 %).

5. Отдалённые результаты. При наблюдении в течение 12 месяцев: рецидивы выявлены у 33,3 % пациентов I группы во II группе рецидивов не зафиксировано (0 %, $p < 0,05$).

Клинический случай. (Успешное лечение комбинированной терапией)

Пациентка К., 29 лет, жительница сельской местности. Жалобы: слабость, ночная потливость, субфебрилитет, боли в коленных суставах. В анамнезе — контакт с мелким рогатым скотом. При обследовании: серология — IgG к *Brucella melitensis* положительные, ПЦР — выявлена ДНК возбудителя, СОЭ — 32 мм/ч. Назначена комбинированная терапия: доксициклин + рифампицин + стрептомицин (14 дней), НПВС, тималин, витамины группы В. Через 3 недели: нормализация температуры, исчезновение суставных болей, СОЭ — 10 мм/ч. При наблюдении в течение 12 месяцев рецидивов не выявлено.

Заключение. Комбинированные схемы лечения с включением стрептомицина и патогенетической терапии демонстрируют значительные преимущества перед классической терапией, обеспечивая более быстрое клиническое выздоровление, нормализацию воспалительных маркеров и предотвращение рецидивов. Выявленная антибиотикорезистентность *Brucella spp.* к рифампицину и фторхинолонам подчёркивает необходимость адаптации схем терапии к региональным особенностям. Перспективным

направлением является внедрение персонализированных подходов, опирающихся на молекулярную диагностику и инновационные технологии. Использование искусственного интеллекта позволит анализировать большие массивы клинических данных, прогнозировать течение заболевания и подбирать оптимальные комбинации препаратов, что открывает новые горизонты в лечении хронического бруцеллёза.

ӘОЖ. 579.61:616.831.9-002

Сейтханова Б.Т., Полатбекова Ш.Т., Садыбек Ұ.Ә.

«Оңтүстік Қазақстан медицина академиясы» АҚ, Шымкент қ., Қазақстан

МЕНИНГИТ ЖАҒДАЙЛАРЫН ЗЕРТТЕУ ЖӘНЕ МИКРОБИОЛОГИЯЛЫҚ ТАЛДАУ

Аңдатпа

Бұл мақалада 2023 және 2024 жылдары жүргізілген менингитке қатысты микробиологиялық талдау нәтижелері ұсынылған. Зерттеу барысында әртүрлі жастағы пациенттердің биоматериалдары талданып, олардың ішінен *Neisseria meningitidis*, *Streptococcus pneumoniae*, *Moraxella catarrhalis* және басқа бактериялар бөлініп алынды. [2; 9] Нәтижелер көрсеткендей, менингококк инфекциясының таралу қаупі жоғары, бұл вакцинопрофилактиканың маңыздылығын дәлелдейді. Сонымен қатар, аралас инфекциялар диагностиканың күрделілігін көрсетеді. Бұл зерттеу деректері денсаулық сақтау саласындағы эпидемиологиялық жағдайды жақсарту үшін маңызды болып табылады.

Түйін сөздер: менингит, этиологиялық факторлар, *Neisseria meningitidis*, бактериологиялық зерттеу, вакцинопрофилактика, антибиотикке сезімталдық, эпидемиология.

Сейтханова Б.Т., Полатбекова Ш.Т., Садыбек У.А.

АО «Южно-Казахстанская медицинская академия», г. Шымкент, Казахстан

ИССЛЕДОВАНИЕ СЛУЧАЕВ МЕНИНГИТА И МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ

Аннотация

В данной статье представлены результаты микробиологического анализа, проведённого в 2023 и 2024 годах по случаям менингита. В ходе исследования были проанализированы биоматериалы пациентов разных возрастных групп, из которых были выделены *Neisseria meningitidis*, *Streptococcus pneumoniae*, *Moraxella catarrhalis* и другие бактерии [2; 9]. Результаты показали высокий риск распространения менингококковой инфекции, что подтверждает важность вакцинопрофилактики. Кроме того, смешанные инфекции указывают на сложность диагностики. Полученные данные имеют важное значение для улучшения эпидемиологической ситуации в сфере здравоохранения.

Ключевые слова: менингит, этиологические факторы, *Neisseria meningitidis*, бактериологическое исследование, вакцинопрофилактика, антибиотикочувствительность, эпидемиология.

Seitkhanova B.T., Polatbekova Sh.T., Sadybek U.A.

JSC "South Kazakhstan Medical Academy", Shymkent, Kazakhstan

STUDY OF MENINGITIS CASES AND MICROBIOLOGICAL ANALYSIS

Abstract

*This article presents the results of a microbiological analysis of meningitis cases conducted in 2023 and 2024. During the study, biomaterials from patients of different age groups were analyzed, and *Neisseria meningitidis*, *Streptococcus pneumoniae*, *Moraxella catarrhalis*, and other bacteria were isolated [2; 9]. The findings demonstrated a high risk of meningococcal infection, highlighting the importance of vaccine prophylaxis. In addition, mixed infections indicate the complexity of diagnostics. These research data are of great importance for improving the epidemiological situation in public health.*

Keywords: meningitis, etiological factors, *Neisseria meningitidis*, bacteriological research, vaccine prophylaxis, antibiotic susceptibility, epidemiology.

Кіріспе

Менингит – орталық жүйке жүйесінің ауыр инфекциялық ауруларының бірі. Бұл ауру әртүрлі бактериялар мен вирустардың әсерінен дамуы мүмкін. [1; 2] Соңғы жылдары менингиттің этиологиялық құрылымы мен клиникалық ағымын зерттеу өзекті мәселе болып отыр. Әлемдік тәжірибе көрсеткендей, менингиттің таралуы көптеген факторларға байланысты. [3; 4] Олардың ішінде жас ерекшеліктері, географиялық аймақ,

вакцинопрофилактика деңгейі және әлеуметтік-экономикалық жағдайлар ерекше рөл атқарады. [5]

Қазақстанда менингиттің таралу деңгейі жыл сайын өзгеріп отырады. [6; 7] Осы зерттеу аясында 2023 және 2024 жылдары менингитпен ауырған пациенттерден алынған үлгілерді микробиологиялық талдау нәтижелері қарастырылды. Зерттеу Шымкент қаласындағы Жұқпалы аурулар ауруханасының бактериологиялық зертханасында жүргізілді. [8; 9]

Материалдар және әдістер

Зерттеу барысында әртүрлі жастағы пациенттерден алынған клиникалық материалдар бактериологиялық әдістермен зерттелді. Бактериялардың бөліну деңгейі мен олардың антибиотикке сезімталдығы анықталды. Микробиологиялық зерттеу нәтижелері статистикалық өңдеуден өтті. Сонымен қатар, этиологиялық факторлардың жас топтары бойынша таралу ерекшеліктері ескерілді.

Қолданылған әдістер:

- **Бактериологиялық зерттеу** қанды агарға, шоколадты агарға, таңдамалы орталарға дақылдау арқылы жүргізілді.
- **Полимеразды тізбекті реакция (ПТР)** арқылы қоздырғыштар нақты сәйкестендірілді.
- **Антибиотикке сезімталдықты анықтау** диск-диффузиялық әдіс арқылы анықталды.
- **Статистикалық талдау** *SPSS* және *GraphPad Prism* бағдарламалары арқылы есептелді.

Нәтижелер және талқылау

Жалпы, зерттеу нәтижесінде қоздырғыштар пациенттердің жас ерекшеліктеріне қарай әртүрлі анықталды. Төменде 2023 және 2024 жылдардағы жас топтары бойынша анықталған қоздырғыштардың таралуы көрсетілген:

2023 жылғы деректер:

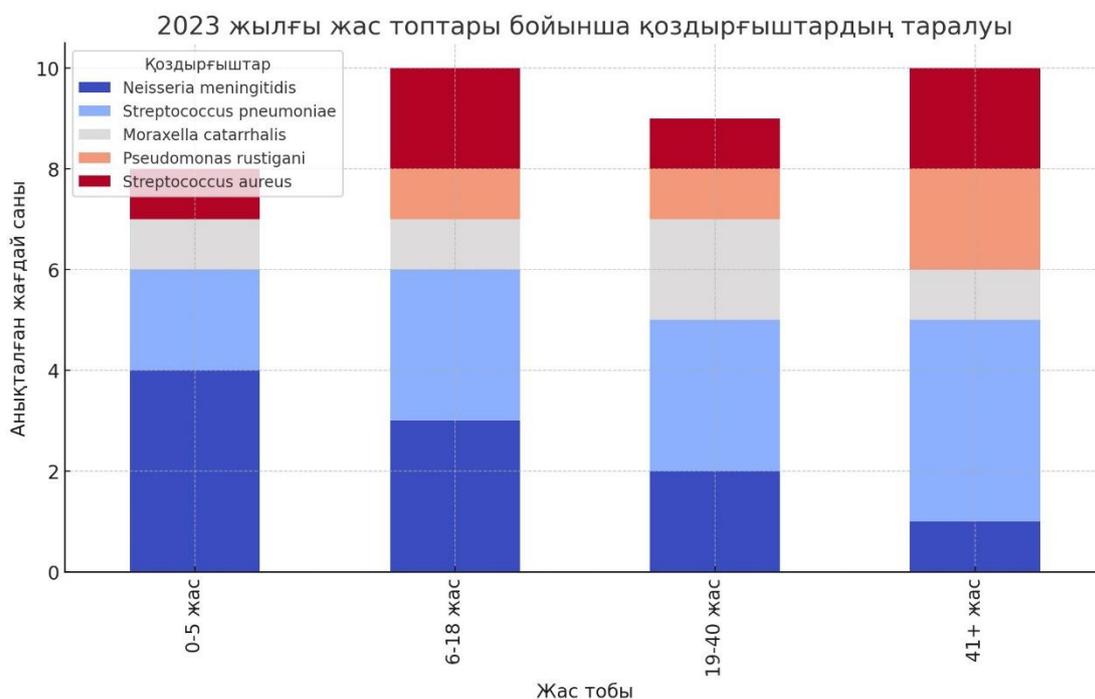
Жас тобы	<i>Neisseria meningitidis</i>	<i>Streptococcus pneumoniae</i>	<i>Moraxella catarrhalis</i>	<i>Pseudomonas rustigani</i>	<i>Streptococcus aureus</i>
0-5 жас	4	2	1	0	1
6-18 жас	3	3	1	1	2
19-40 жас	2	3	2	1	1

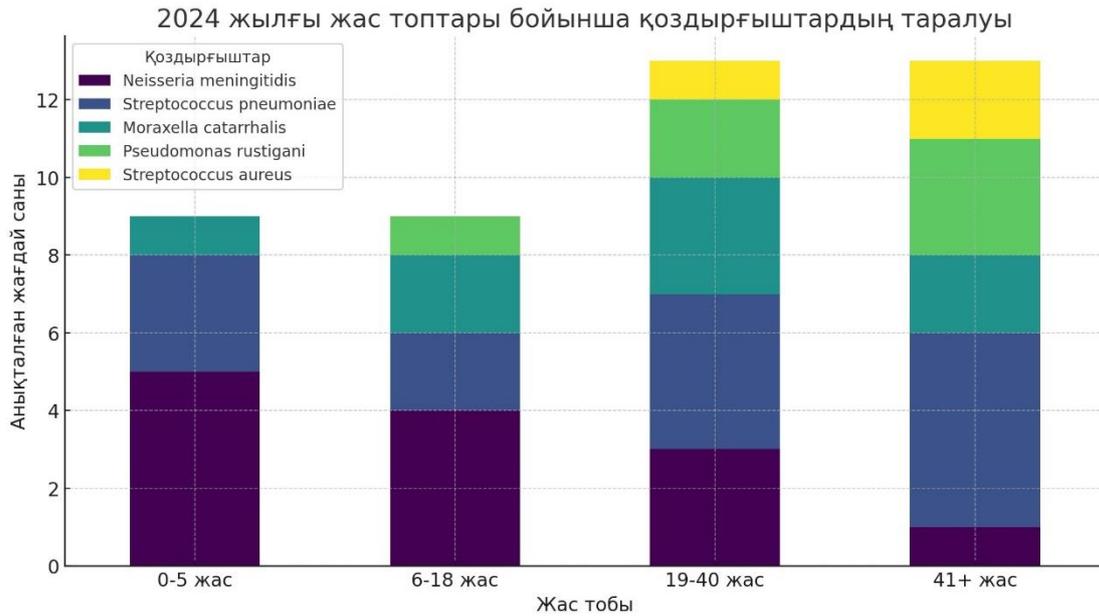
41+ жас	1	4	1	2	2
---------	---	---	---	---	---

2024 жылғы деректер:

Жас тобы	<i>Neisseria meningitidis</i>	<i>Streptococcus pneumoniae</i>	<i>Moraxella catarrhalis</i>	<i>Pseudomonas rustigani</i>	<i>Streptococcus aureus</i>
0-5 жас	5	3	1	0	0
6-18 жас	4	2	2	1	0
19-40 жас	3	4	3	2	1
41+ жас	1	5	2	3	2

Жас топтары бойынша анықталған қоздырғыштардың диаграммалары төменде көрсетілген:





Этиологиялық факторлардың өзгерісі 2023 және 2024 жылдардағы деректерді салыстыру кезінде кейбір қоздырғыштардың таралуында өзгерістер байқалды:

- *Neisseria meningitidis* 2024 жылы 0-5 және 6-18 жас топтарында жоғарылаған; [3; 10]
- *Streptococcus pneumoniae* 41+ жастағы топта көбейген;
- *Moraxella catarrhalis* барлық жас топтарында 2024 жылы біршама артқан;
- *Pseudomonas rustigani* 41+ жастағы топта 2024 жылы 2 жағдайға көбейген.

Қорытынды және ұсыныстар

Жас топтары бойынша қоздырғыштардың таралуындағы өзгерістер менингиттің алдын алу мен емдеу стратегияларын жаңартуды қажет ететінін көрсетеді.

Ұсыныстар:

1. **Вакцинопрофилактиканы күшейту** – *Neisseria meningitidis* пен *Streptococcus pneumoniae*-ға қарсы вакцинация.
2. **Диагностикалық әдістерді жетілдіру** – жедел тест жүйелерін дамыту.
3. **Антибиотикке төзімділікті бақылау** – антибиотикке сезімталдық мониторингін жүргізу.
4. **Эпидемиологиялық бақылауды күшейту** – жас топтарына бағытталған мониторинг жүргізу.

Әдебиеттер тізімі

1. Балалы, Н.Қ., Құлмаханова, Ш.Б. (2022). **Менингит: этиологиясы, клиникалық көріністері және диагностикасы.** *Медициналық ғылым және практика журналы*, **28(3)**, 45-52.
2. Ғаббасова, Л.Т., Өтегенова, Р.С. (2021). **Neisseria meningitidis таралуы және вакцинопрофилактиканың рөлі.** *ҚР Денсаулық сақтау ғылымдары журналы*, **17(2)**, 87-93.
3. Kim, H., Park, J., & Lee, C. (2020). **Epidemiology of Bacterial Meningitis and Antibiotic Resistance Trends.** *Journal of Infectious Diseases Research*, **36(4)**, 299-310. <https://doi.org/10.1016/j.jidr.2020.08.003>
4. World Health Organization (WHO). (2023). **Meningococcal disease: Global epidemiology and prevention strategies.** Geneva: WHO Press. Retrieved from <https://www.who.int/publications/meningitis>
5. Tunkel, A.R., Hartman, B.J., Kaplan, S.L., Kaufman, B.A., Roos, K.L., Scheld, W.M., & Whitley, R.J. (2019). **Practice guidelines for the management of bacterial meningitis.** *Clinical Infectious Diseases*, **48(2)**, 85-108. <https://doi.org/10.1093/cid/cir015>
6. Қазақова, Ә.М., Сәтпаева, Г.Ж. (2020). **Менингит кезіндегі бактериологиялық зерттеудің маңызы.** *Қазақстандық медициналық журнал*, **21(1)**, 55-61.
7. Murray, P.R., Rosenthal, K.S., & Pfaller, M.A. (2021). **Medical Microbiology** (9th ed.). Elsevier.
8. European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). (2023). **Annual Epidemiological Report on Meningococcal Infections in Europe.** Stockholm: ECDC. Retrieved from <https://www.ecdc.europa.eu/meningitis>
9. Батырбеков, С.Қ., Әбдірайымова, Ж.Ш. (2022). **Менингококк инфекциясының клиникалық және микробиологиялық ерекшеліктері.** *Жұқпалы аурулар ғылыми зерттеу институтының еңбектері*, **15(4)**, 33-40.
10. Peltola, H. (2019). **Bacterial meningitis in children and adults: Clinical features and outcomes.** *The Lancet Infectious Diseases*, **19(3)**, 256-267. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(19\)30202-8](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(19)30202-8)

УДК 616-002.1-036.22:579.61:615.33

Сутимбекова Н., Бисенова Н., Дусмағамбетов М., Байдуйсенова А.

«Астана медицина университеті» АҚ, Астана қ., Қазақстан

КӨПБЕЙІНДІ АУРУХАНАДАҒЫ ACINETOBACTER BAUMANNII ИНФЕКЦИЯСЫНЫҢ АНТИБИОТИКТЕРГЕ ТӨЗІМДІ ШТАММДАРЫНЫҢ ТАРАЛУЫН БАҚЫЛАУ

Аңдатпа

Қазіргі таңда *Acinetobacter baumannii* қоздырғышы көптеген дәрілерге төзімділігімен ғалымдардың назарын аударуда. *A.baumannii* штамдары қарқынды терапия мен кардиохирургиялық бөлімшелерде ерекше қауіп төндіреді. Дүниежүзілік денсаулық сақтау ұйымының тізімінде соңғы қатардағы антибиотиктер ретінде қолданылатын карбапенемдерге төзімділіктің жоғарылауы мәселені ушықтыруда. *Acinetobacter baumannii* көбінесе реанимациялық бөлімдерде, интенсивті терапия бөлімшелерінде және хирургиялық стационарларда кездеседі. Ол жасанды тыныс алдыру аппаратына қосылған науқастарда, катетеризация және ұзақ уақыт антибиотик қабылдаған адамдарда жиі анықталады. Бұл жағдай дәрігерлер мен медицина қызметкерлеріне айтарлықтай қиындық туғызып, ауруханада емделу мерзімінің ұзаруына және науқастар арасындағы өлім-жітімнің артуына себеп болуда.

Түйін сөздер: ауруханаішілік инфекциялар, *Acinetobacter baumannii*, антибиотиктерге төзімділік, карбапенемдер, колистин.

Sutimbekova N., Bisenova N., Dusmagambetov M., Baiduysenova A.

Astana Medical University JSC, Astana, Kazakhstan

CONTROL OF THE SPREAD OF ANTIBIOTIC-RESISTANT STRAINS OF ACINETOBACTER BAUMANNII INFECTION IN A MULTIDISCIPLINARY HOSPITAL

Abstract

Currently, the causative agent *Acinetobacter baumannii* attracts the attention of scientists with its resistance to many drugs. *A.baumannii* strains are particularly at risk in intensive care and cardiac surgery departments. The problem is exacerbated by increased resistance to carbapenems, which are used as antibiotics of the last line on the list of the World Health Organization. *Acinetobacter baumannii* is most commonly found in intensive care units, intensive care units, and surgical hospitals. It is often detected in patients connected to an artificial respiration apparatus, catheterization and people who have been taking antibiotics for a long time. This situation is

causing serious problems for doctors and medical workers, increasing the duration of hospital treatment and increasing the mortality rate among patients.

Keywords: *nosocomial infections, Acinetobacter baumannii, antibiotic resistance, carbapenems, colistin.*

Сутимбекова Н., Бисенова Н., Дусмагамбетов М., Байдуйсенова А.

АО "Медицинский университет Астана", г. Астана, Казахстан

КОНТРОЛЬ РАСПРОСТРАНЕНИЯ УСТОЙЧИВЫХ К АНТИБИОТИКАМ ШТАММОВ ИНФЕКЦИИ ACINETOBACTER BAUMANNII В МНОГОПРОФИЛЬНОЙ БОЛЬНИЦЕ

Аннотация

В настоящее время возбудитель Acinetobacter baumannii привлекает внимание ученых своей устойчивостью ко многим лекарствам. А штаммы baumannii представляют особую опасность в отделениях интенсивной терапии и кардиохирургии. Повышенная устойчивость к карбапенемам, используемым в качестве антибиотиков последнего ряда в списке Всемирной организации здравоохранения, усугубляет проблему. Acinetobacter baumannii чаще всего встречается в отделениях интенсивной терапии, отделениях интенсивной терапии и хирургических стационарах. Он часто выявляется у пациентов, подключенных к аппарату искусственного дыхания, у тех, кто перенес катетеризацию и длительное время принимал антибиотик. Эта ситуация представляет собой серьезную проблему для врачей и медицинских работников, что приводит к увеличению продолжительности лечения в больнице и увеличению смертности среди пациентов.

Ключевые слова: *внутрибольничные инфекции, Acinetobacter baumannii, устойчивость к антибиотикам, карбапенемы, колистин.*

Зерттеудің мақсаты: *эртүрлі локализациядағы инфекциясы бар балалар кардиохирургиясы бөлімшесімен анестезиология, реанимация және қарқынды терапия бөлімшелеріндегі науқастардан бөлінген Acinetobacter baumannii қоздырғышын, бактерияға қарсы жиі қолданылатын микробқа қарсы препараттарға төзімділігін талдау, осы инфекциялардың терапиясы бойынша ұсыныстар әзірлеу болды.*

Зерттеудің материалдары мен әдістері

Зерттеу 2015 жылдан 2022 жылға дейінгі кезеңде анестезиология, реанимация және қарқынды терапия бөлімшесіндегі ересек науқастардан, сондай-ақ балалар кардиохирургиясы бөлімшесінде емделушілерден алынған биоматериалдарды талдау негізінде жүргізілді. Негізгі назар патогендік микрофлораны оқшаулауға және анықтауға, кейіннен микробқа қарсы антибиотикке сезімталдықты анықтауға арналды. Зерттеудің маңызды қоздырғышы *Acinetobacter baumannii* грам-теріс бактериялардың клиникалық маңызды түрлері болды.

Микробиологиялық талдау және изоляттарды анықтау

Зерттелетін материалдың сандық талдауы әртүрлі қоректік орталарды, соның ішінде қанды агар, Эндо ортасы, сары-тұзды агар, *Candida* агар, Калина агары, шоколадты агар және Хром агарлар арқылы жүргізілді. Дақылдар 37°C температурада 24 сағат бойы инкубацияланды. Әдістемелік ұсыныстарға сәйкес изоляттарды анықтау морфологиялық қасиеттері, Грам бойынша бояу, оксидаза және каталаза сынамалары, сондай-ақ плазмалық коагулаза, өт сынамасы және индол түзілуіне сынақтар жүргізілді. Таза дақылдарды түпкілікті идентификациялау Vitek 2 – Compact микробиологиялық анализаторы (bioMérieux, Marcy l'Étoile, Франция) көмегімен орындалды. Оқшауланған штамдардың микробқа қарсы препараттарға, соның ішінде меропенемді, имипенемді, амикацинді, гентамицинді, тобрамицинді, ципрофлоксацинді және левофлоксацинді сезімталдығы Vitek 2 – Compact көмегімен ең төменгі тежегіш концентрация әдісімен анықталды.

Нәтижесі

Интенсивті терапия бөлімшесінде қоздырғыштардың этиологиялық спектрін зерттеу *A. baumannii* штамдарын анықтау жиілігінің жоғарылауының кең таралуы мен динамикасын анықталды. *A. baumannii* қоздырғышының 629 штаммы бөлініп алынды, оның ішінде 426 штамм анестезиология, реанимация және қарқынды терапия бөлімшелерінде, 203 штамм балалар кардиохирургиясында оқшауланды.

Антибиотикорезистенттілікті зерттеу барысында *A. baumannii* штамдарының ересектерде балалар кардиохирургияға қарағанда ($P < 0,0001$) айтарлықтай жоғары екені анықталды. Ересектерде левофлоксацинге 93%, меропенемге 93%, гентамицинге 91%, ципрофлоксацинге 90% және имипенемге 86% резистенттілік байқалды, бұл кейбір шетелдік авторлардың деректерімен сәйкес келеді. Дегенмен, зерттелген кезеңде колистинге резистенттілік анықталған жоқ, алайда кейбір авторлар *A. baumannii*-дің колистинге тұрақтылығының артуын атап өтеді. Сонымен қатар, балалар кардиохирургиясында барлық тестіленген антибиотиктерге қатысты резистенттіліктің көрсеткіші: имипенемге 28%,

левофлоксацинге 27%, ципрофлоксацинге 27%, меропенемге 26,3% және гентамицинге 24% көрсетті.

Қорытынды

Осы зерттеудің нәтижелері анестезиология, реанимация және қарқынды терапия бөлімшелерінде, сонымен қатар балалар кардиохирургиясы бөлімшесінде жетекші патогендердің бірі ретінде *A.baumannii* маңыздылығын көрсетті. *Acinetobacter baumannii* төзімді штаммдарының пайда болуы мен таралуын азайту мақсатында микробиологиялық мониторинг жүргізу ұсынылады және әрбір денсаулық сақтау мекемесінде микробқа қарсы препараттарды тиімді қолдануды оңтайландыру қажеттілігі ұсынылады.

УДК 616.981.21/.958.

Ashirova M.Z., Abduzhalil A.Zh

. South Kazakhstan Medical Academy, Shymkent, Kazakhstan

THE EFFECT OF VACCINATION ON THE COURSE OF COVID-19 IN PATIENTS WITH CONCOMITANT DISEASES

Аширова М. З., Абдужалил А. Ж.

Оңтүстік Қазақстан медицина академиясы, Шымкент, Қазақстан

ҚАТАР ЖҮРЕТІН АУРУЛАРЫ БАР НАУҚАСТАРДА ВАКЦИНАЦИЯНЫҢ COVID-19 АҒЫМЫНА ӘСЕРІ

Аширова М.З., Абдужалил А.Ж.

Южно-Казахстанская медицинская академия, Шымкент, Казахстан

ВЛИЯНИЕ ВАКЦИНАЦИИ НА ТЕЧЕНИЕ COVID-19 У ПАЦИЕНТОВ С СОПУТСТВУЮЩИМИ ЗАБОЛЕВАНИЯМИ

Абстрактный. Целью нашей работы было проанализировать клинические, рентгенологические и лабораторные различия между вакцинированными и

невакцинированными пациентами, госпитализированными в связи с пневмонией, вызванной коронавирусной болезнью-2019 (COVID-19).

Методы. В исследование были включены пациенты, госпитализированные в клинику с COVID-19 в период с января 2021 года по октябрь 2021 года. Были описаны демографические, клинические особенности и результаты лечения. Кроме того, был зафиксирован статус вакцинации против COVID-19. Случаи были разделены на две группы: с вакцинацией против COVID и без нее, и их сравнили.

Результаты. Всего в наше исследование были включены 510 пациентов, которые были разделены на 2 группы в зависимости от прививочного статуса: невакцинированные против COVID-19 (n=367) и те, кто был вакцинирован от COVID-19 (n=143). Продолжительность госпитализации в невакцинированной группе была больше, чем в вакцинированной (9,6 и 7,1 дня соответственно) ($p < 0,001$). Хотя различий между двумя группами с точки зрения характера радиологического поражения не было, количество пораженных сегментов было значительно выше в невакцинированной группе ($p < 0,05$). Статистически значимой разницы между двумя группами по количеству осложнений не было (97,9%, n=140/143 случаев в вакцинированной группе и 99,2%, n=364/367) в невакцинированной группе. По летальности 9,8% (14/143) заболевших умерли в привитой группе и 21,3% (78/367) в невакцинированной группе. Статистически значимой разницы между двумя группами достигнуто было (0,002*). Согласно полученным данным при оценке показателя "показатель SPO2 при поступлении: были выявлены статистически значимые различия ($p < 0,001$). При исследовании биохимических показателей значения мочевины, альбумина, глюкозы и креатинина были статистически выше у непривитых больных (у непривитых и привитых соответственно мочевины: $4,2 \pm 19,3$; креатинин: $9,8 \pm 18,5$). Уровни С-реактивного белка (СРБ) и прокальцитонина (ПРК), сыворотке крови у вакцинированных пациентов были значительно выше (Таблица 4). Уровни интерлейкин-6 ($< 0,001*$), тропонина ($< 0,001*$), ферритина (0,002*) и Д-димера ($< 0,001*$) у невакцинированных пациентов были статистически выше.

Выводы. У вакцинированных пациентов, инфицированных COVID-19, продолжительность госпитализации была короче, а тяжесть радиологического поражения была меньше. Уровни предикторов тяжелого течения COVID-19, как СРБ, ИЛ-6, Д-димер, ферритин были статистически значимыми у невакцинированной группы. Уровень смертности у невакцинированных групп была выше по сравнению с вакцинированной группой. Вакцинация, по-видимому, очень полезна в борьбе с побочным эффектом Covid-19

у пациентов с хроническими сопутствующими заболеваниями. Это также значительно снижает смертность у пациентов с коморбидным фоном, инфицированных Covid-19.

Ключевые слова: COVID-19, смертность, связанная с COVID-19, вакцинация, сопутствующая патология.

УДК 616.9-022.1

Yerlanova Dinara

South Kazakhstan Medical Academy JSC, Shymkent, Kazakhstan

**KNOWLEDGE, ATTITUDES, AND PERCEPTIONS OF HPV VACCINATION
AMONG ADULTS: RESULTS OF A WEB SURVEY IN DIFFERENT COUNTRIES**

Ерланова Динара

АО «Южно-Казахстанская медицинская академия», г. Шымкент, Казахстан

**ЗНАНИЯ, ОТНОШЕНИЕ И ВОСПРИЯТИЕ ВАКЦИНАЦИИ ПРОТИВ ВПЧ
СРЕДИ ВЗРОСЛОГО НАСЕЛЕНИЯ: РЕЗУЛЬТАТЫ ВЕБ-ОПРОСА В РАЗНЫХ
СТРАНАХ**

Динанова Динара

"Оңтүстік Қазақстан медициналық академиясы" АҚ, Шымкент қ., Қазақстан

**ЕРЕСЕКТЕР АРАСЫНДА НРV ВАКЦИНАЦИЯСЫНЫҢ БІЛІМІ, КӨЗҚАРАСЫ
ЖӘНЕ ҚАБЫЛДАУЫ: ӘРТҮРЛІ ЕЛДЕРДЕГІ ВЕБ-САУАЛНАМА НӘТИЖЕЛЕРІ**

Введение. Вирус папилломы человека (ВПЧ) остаётся одной из самых распространённых инфекций, передающихся половым путём, вызывая серьёзные последствия для здоровья — в том числе рак шейки матки, ротоглотки и анального канала. Несмотря на рекомендации ВОЗ и доказанную эффективность вакцины против ВПЧ с 2006 года, охват вакцинацией остаётся неравномерным и недостаточным, особенно в странах с низким и средним уровнем дохода.

Цель исследования: оценить знания, отношение и восприятие взрослого населения по вопросам вакцинации против ВПЧ в разных странах.

Материалы и методы. Проведено кросс-секционное веб-исследование с использованием платформы SurveyMonkey.com в период с 7 сентября по 26 октября 2025 года. Анкета включала 25 вопросов, охватывающих знания о ВПЧ, отношение к вакцинации и социо-демографические данные. Использовалась выборка по удобству — ссылка на опрос распространялась через X (Twitter), Facebook и WhatsApp. Данные анализировались с помощью IBM SPSS Statistics 25.0; применялись описательные статистики и критерий χ^2 , статистически значимыми считались различия при $p < 0.05$.

Результаты. Опрос был проведен у 328 участников из 26 стран; три ведущие страны — Казахстан ($n=184$), Индия ($n=59$) и Турция ($n=16$). Среди участников 52,4% были работниками здравоохранения, 72,9% — женщины. Большинство (93,6%) знали о вакцинации и понятии ВПЧ, а 81,1% связывали его с онкологическими заболеваниями. Основным путём передачи считали половой путь (79%). 71,6% респондентов указали, что вакцинация должна проводиться до начала половой жизни (в возрасте 9–14 лет), а 75% отметили эффективность вакцины как для мужчин, так и для женщин. О рекомендациях ВОЗ знали 64,3% участников. Более половины (52,7%) полностью доверяли безопасности вакцины против ВПЧ, а 59,8% — медицинским рекомендациям врачей. Большинство (52,4%) отвергли мнение, что вакцинация способствует раннему началу половой жизни.

Заключение. Несмотря на высокий уровень осведомлённости и доверия к вакцинации против ВПЧ, сохраняются информационные пробелы и различия в восприятии между странами. Повышение охвата вакцинацией требует усиления роли врачей, просветительских кампаний и доступности вакцины. Необходимо бороться с дезинформацией через доказательную коммуникацию и сотрудничество с медицинскими и образовательными структурами.

Характеристика	Частота (n)	(%)
Работники здравоохранения	172	52.4
Не работники	156	47.6

здравоохранения		
Уровень образования		
Послевузовский	49	14.9
Высший	245	74.7
Средний	34	10.4
Возраст		
20-24	86	26.5
25-34	153	47.2
35-44	63	19.4
45-54	22	6.8
Пол		
Мужской	89	27.1
Женский	239	72.9

Таблица 1. Социально-демографическая характеристика участников опроса

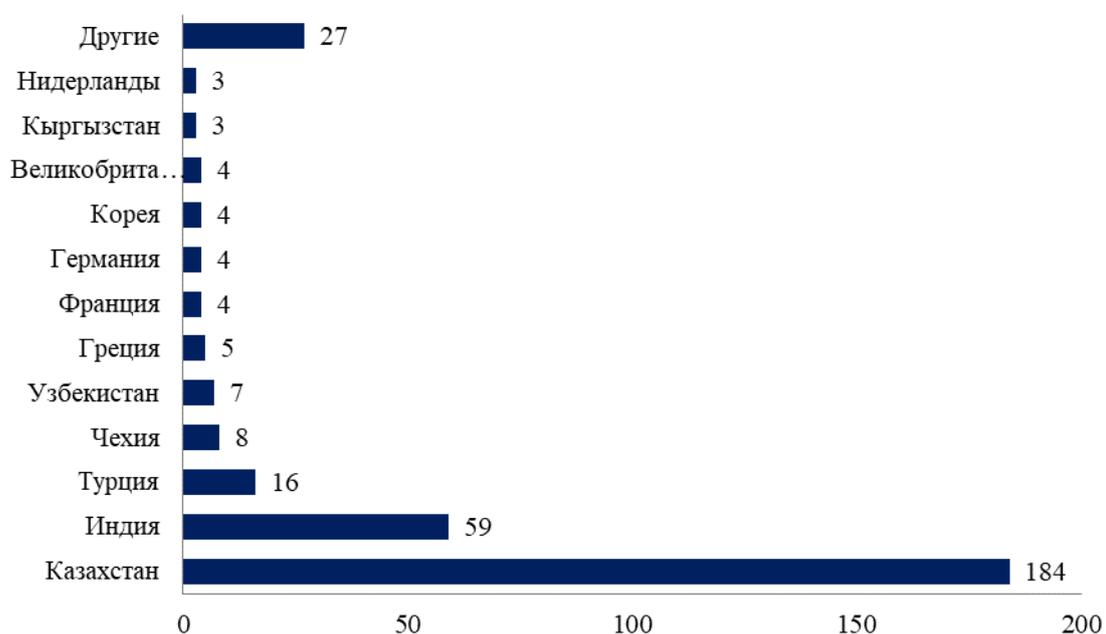
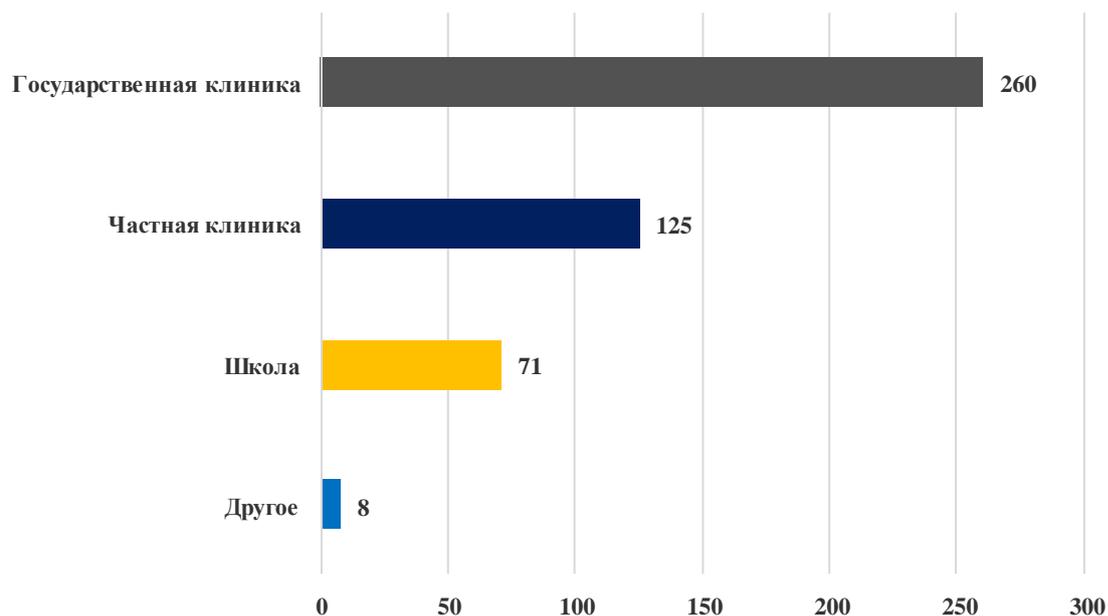


Рис 1. Распределение участников кросс-секционного исследования по странам.



Ғис 2. 1 предпочтительные места вакцинации против Б11С среди респондентов

UDK 616.36-002.1

Rahimova Gamze

"Azerbaijan Medical University", Baku, Azerbaijan

HERPESVIRUS INFECTIONS DURING PREGNANCY: CLINICAL OUTCOMES AND DIAGNOSTIC STRATEGIES

Рахимова Гамзе

"Әзірбайжан Медициналық Университеті", Баку, Әзірбайжан

ЖҮКТІЛІК КЕЗІНДЕГІ ГЕРПЕСВИРУСТЫҚ ИНФЕКЦИЯЛАР: КЛИНИКАЛЫҚ НӘТИЖЕЛЕРІ ЖӘНЕ ДИАГНОСТИКАЛЫҚ СТРАТЕГИЯЛАРЫ

Рахимова Гамзе

"Азербайджанский медицинский университет", Баку, Азербайджан

ГЕРПЕСВИРУСНЫЕ ИНФЕКЦИИ ВО ВРЕМЯ БЕРЕМЕННОСТИ: КЛИНИЧЕСКИЕ ИСХОДЫ И СТРАТЕГИИ ДИАГНОСТИКИ

Introduction. Herpesviruses are considered one of the most serious infectious problems in modern medicine. Particularly during pregnancy, these infections pose a life-threatening risk to both the mother and the fetus. Herpesvirus infections in pregnant women may lead to spontaneous abortion, preterm delivery, intrauterine infection, and severe complications such as neonatal herpes. Neonatal herpes is associated with a high mortality rate (over 80%) and, among survivors, a considerable risk of neurological impairments.

Objective. The aim of this study was to investigate the clinical and epidemiological impact of herpesvirus infections during pregnancy, to evaluate the effectiveness of modern diagnostic methods, to analyze the role of antiviral therapy and preventive measures, and to define perspectives for future clinical approaches.

Materials and Methods. The study was conducted at the Educational Surgical Clinic of Azerbaijan Medical University, the Republican Clinical Hospital named after Academician Mirqasımov in Baku, and the Reference Laboratory. Between 26.11.2024 and 26.08.2025, a total of 72 pregnant women and 6 neonates diagnosed with neonatal herpes were examined. For confirmation of HSV infection, polymerase chain reaction (PCR), serological tests (detection of IgM and IgG antibodies), clinical examinations, imaging techniques, and laboratory analyses were applied. Among the studied cases, HSV was detected in 16 patients (predominantly HSV-2), cytomegalovirus (CMV) in 7 patients, and Epstein–Barr virus (EBV) in 4 patients. Antiviral treatment was administered to pregnant women (acyclovir 400 mg/day or valacyclovir 500 mg/day). The mode of delivery (vaginal or cesarean section) was determined according to clinical indications. Data were statistically analyzed using the SPSS software.

Results. The findings revealed that HSV infection during pregnancy caused vesicular eruptions, perineal pain, and psychological discomfort. In the second and third trimesters, infection was associated with an increased risk of spontaneous abortion, preterm birth, and placental insufficiency. Transplacental transmission led to complications such as microcephaly, chorioretinitis, and neurological deficits. Vaginal delivery increased the risk of neonatal herpes up to 40%, whereas cesarean section significantly reduced this risk. Pregnant women who received antiviral therapy demonstrated alleviation of clinical symptoms and improved fetal outcomes.

Conclusion. Considering the high mortality and morbidity rates of neonatal herpes, preconception screening and timely initiation of antiviral therapy in cases of active infection are of

vital importance. The application of modern diagnostic techniques, preventive antiviral therapy, and the appropriate choice of delivery method play a crucial role in reducing neonatal complications.

Keywords: HSV, pregnancy, neonatal herpes, antiviral therapy.

УДК 618.146-006.6:615.371

Тлекбай С.Қ

«Ш.Уалиханов атындағы университеті» КеАҚ, Көкшетау қаласы, Қазақстан

ЖАТЫР МОЙНЫ ОБЫРЫНЫҢ АЛДЫН АЛУДА АПВ-ВАКЦИНАЦИЯСЫНЫҢ РӨЛІ ЖӘНЕ ҚАЗАҚСТАНДАҒЫ ӨЗЕКТІЛІГІ

Аңдатпа

Жатыр мойны обыры – әйелдер арасында жиі кездесетін әрі қоғамдық денсаулық сақтау саласына айтарлықтай қауіп төндіретін қатерлі ісік түрі. Қазақстанда жыл сайын шамамен 1900 жаңа науқас анықталып, олардың ішінде 600-ден астам әйел қайтыс болады. Дүниежүзілік денсаулық сақтау ұйымының мәліметтері адам папилломавирусын (АПВ) осы дерттің басты этиологиялық факторы ретінде көрсетеді. Зерттеудің негізгі мақсаты – АПВ инфекциясының жатыр мойны обырының дамуындағы әсерін қарастыру, вакцинацияның тиімділігі мен қауіпсіздігін талдау және Қазақстан үшін өзектілігін көрсету. Жұмыста ДДСҰ деректері мен ҚР Денсаулық сақтау министрлігінің ресми статистикалық мәліметтері қолданылды. Қорытындысында АПВ-ға қарсы вакциналардың (Gardasil, Cervarix) аурудың алдын алудағы клиникалық тиімділігі дәлелденгені айқындалды. Вакцинация алған әйелдерде жатыр мойны обыры алдындағы патологиялардың даму қаупі айтарлықтай төмендейтіні байқалды. Қазақстанда АПВ-вакцинациясы 2024 жылдан бастап Ұлттық егу күнтізбесіне енгізілді. Дегенмен, халықты қамту деңгейі жеткіліксіз, ал жалған ақпараттың таралуы мен ата-аналардың сенімсіздігі вакцинация қарқынын төмендетуде.

Қорытынды: АПВ вакцинациясы – жатыр мойны обырының алдын алудың тиімді әрі қауіпсіз әдісі. Қазақстан үшін негізгі міндет – иммундау деңгейін арттыру, халықты дұрыс ақпараттандыру және қоғамдағы қате пікірлердің алдын алу.

Түйін сөздер: жатыр мойны обыры; АПВ; вакцинация; профилактика; Қазақстан; қоғамдық денсаулық.

Тлекбай С.К.

«Кокшетауский университет имени Ш. Уалиханова» НАО, г. Кокшетау, Республика
Казахстан

РОЛЬ HPV-ВАКЦИНАЦИИ В ПРОФИЛАКТИКЕ РАКА ШЕЙКИ МАТКИ И АКТУАЛЬНОСТЬ ДЛЯ КАЗАХСТАНА

Аннотация

Рак шейки матки является одним из наиболее опасных онкологических заболеваний среди женщин. В Казахстане ежегодно регистрируется около 1900 новых случаев, более 600 женщин умирают. По данным Всемирной организации здравоохранения, основной причиной развития патологии является инфекция вируса папилломы человека (HPV).

Цель исследования – определить роль HPV-инфекции в развитии рака шейки матки, оценить эффективность вакцинации и показать ее значимость для Казахстана. В работе использованы данные ВОЗ и официальная статистика Министерства здравоохранения РК.

Результаты показывают, что вакцины против HPV (Gardasil, Cervarix) обладают высокой эффективностью в профилактике инфекции. У женщин, получивших вакцинацию, риск развития предраковых состояний значительно ниже. Вакцинация против HPV включена в Национальный календарь прививок РК с 2024 года. Однако уровень охвата остается низким, а распространение ложной информации и недоверие со стороны родителей препятствуют широкому внедрению программы.

Заключение: вакцинация против HPV – эффективная и безопасная мера профилактики рака шейки матки. Для Казахстана ключевыми задачами остаются повышение охвата населения, информационно-просветительская работа и преодоление общественных предубеждений.

Ключевые слова: рак шейки матки; HPV; вакцинация; профилактика; Казахстан; общественное здоровье.

Tlekabay S.K.

“Sh. UalikhanovKokshetau University” NJC, Kokshetau, Republic of Kazakhstan

THE ROLE OF HPV VACCINATION IN CERVICAL CANCER PREVENTION AND ITS RELEVANCE FOR KAZAKHSTAN

Abstract

Cervical cancer is one of the most significant health threats for women worldwide. In Kazakhstan, approximately 1,900 new cases are registered annually, with more than 600 deaths. According to the World Health Organization, human papillomavirus (HPV) is the primary cause of cervical cancer.

The aim of this study was to assess the role of HPV infection in the development of cervical cancer, evaluate the effectiveness of vaccination, and highlight its relevance for Kazakhstan. The analysis was based on WHO data and official statistics from the Ministry of Health of the Republic of Kazakhstan.

The findings show that HPV vaccines (Gardasil, Cervarix) are highly effective in preventing infection. Women who received vaccination demonstrated a significantly reduced risk of developing precancerous conditions. HPV vaccination was introduced into the National Immunization Schedule of Kazakhstan in 2024. However, coverage remains insufficient, while misinformation and parental distrust hinder the full implementation of the program.

Conclusion: *HPV vaccination is an effective and safe preventive measure against cervical cancer. For Kazakhstan, the main priorities are increasing immunization coverage, improving public awareness, and overcoming social barriers to ensure protection of women's health.*

Keywords: *cervical cancer; HPV; vaccination; prevention; Kazakhstan; public health.*

Список литературы:

<https://www.gov.kz/memleket/entities/departament-kkbtu-akmolinsk><https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0290808><https://www.inform.kz/ru/dlya-chego-devochek-v-kazahstane-vaktsiniruyut-protiv-vpch-804eb0><https://www.mdpi.com/1999-4915/13/6/1091><https://www.gov.kz/memleket/entities/departament-kkbtu-shymkent/press/news/details/714543?lang=kk&ysclid=ltkwa0t98b553909356>

ӘОЖ 615.37

Мирзамуратова Г., Мендыбаева А.

«Астана медициналық университеті» КеАҚ, Астана қаласы, Қазақстан.

**STAPHYLOCOCCUS AUREUS ИНФЕКЦИЯЛАРЫНДАҒЫ ФАГОТЕРАПИЯНЫҢ
ТІІМДІЛІГІ: КЛИНИКАЛЫҚ ЗЕРТТЕУЛЕРДІҢ МЕТА-ТАЛДАУЫ**

Аңдатпа

Бұл мета-анализдің мақсаты антибиотиктерге төзімділікті арттыру шеңберінде клиникалық зерттеулердің нәтижелерін зерттеу арқылы алтын стафилококк инфекцияларының фаготерапиясының тиімділігін бағалау болды. Фагтарды монотерапия ретінде немесе антибиотиктермен бірге қолданатын 19 зерттеудің деректері енгізілген. Деректер 2005-2025 жылдар аралығында талдау әдістерін қолдана отырып жиналды.

Түйін сөздер: *Staphylococcus aureus*, фаготерапия, бактериофаг, антибиотикке төзімділік, метициллинге төзімді *Staphylococcus aureus*.

Г. Мирзамуратова, А. Мендыбаева.

НАО «Медицинский университет Астана» г. Астана, Республика Казахстан

ЭФФЕКТИВНОСТЬ ФАГОТЕРАПИИ ПРИ ИНФЕКЦИЯХ, ВЫЗВАННЫХ STAPHYLOCOCCUS AUREUS: МЕТА-АНАЛИЗ КЛИНИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ

Аннотация

Целью мета-анализа являлась оценить эффективность фаготерапии при инфекциях, вызванных *Staphylococcus aureus*, исследуя результаты на фоне нарастающей антибиотикорезистентности. Включены данные 19 исследований, в которых фаги использовались как монотерапия или в комбинации с антибиотиками. Данные собирались за период 2005–2025 гг. с использованием методов анализа медицинской документации

Ключевые слова: золотистый стафилококк, фаготерапия, бактериофаг, антибиотикорезистентность, метициллин-устойчивый стафилококк золотистый.

G. Mirzamuratova, A. Mendybayeva.

Np JSC «Astana Medical University», Astana, Kazakhstan

THE EFFECTIVENESS OF PHAGE THERAPY IN INFECTIONS CAUSED BY STAPHYLOCOCCUS AUREUS: A META-ANALYSIS OF CLINICAL STUDIES

Abstract

The aim of this meta-analysis was to evaluate the efficacy of phage therapy for *Staphylococcus aureus* infections by examining the results of clinical trials as part of the antibiotic resistance improvement. Data from 19 studies that used phages as monotherapy or in combination

with antibiotics were included. The data was collected for the period 2005-2025 using analysis of medical records.

Keywords: *Staphylococcus aureus, phage therapy, bacteriophage, antibiotic resistance, methicillin-resistant Staphylococcus aureus.*

Введение

Устойчивый к лекарственным препаратам золотистый стафилококк является распространённым возбудителем внутрибольничных и внебольничных инфекций, способным вызывать различные инфекции в разных частях тела пациентов[1, с.1]. В связи с нерациональным использованием антибиотиков, проблема антибиотикорезистентности становится все более актуальной, снижается эффективность применения традиционных методов лечения по отношению к бактериальным инфекциям. В ответ на усугубляющую проблему антибиотикоустойчивости, применение фаготерапии считается перспективным и инновационным подходом в борьбе с инфекционными заболеваниями, однако фаготерапия не является препаратом выбора лечения, а лишь используется как дополнение при неэффективности антибиотиков. Фаготерапия имеет значительный потенциал, но проведено недостаточно исследований в данной области, что доказывали бы его ценность как альтернативу лечения.

Цель исследования: Оценить эффективность применения фаготерапии при инфекциях, вызванных золотистым стафилококком, обладающих антибиотикорезистентностью, анализируя результаты проведенных клинических исследований и потенциал фагов как альтернативу.

Материалы и методы

В состав мета-анализа включены 19 исследований, сосредоточенных на применении фаготерапии при инфекциях, вызванных *Staphylococcus aureus*. В основном это были описания отдельных клинических случаев и серии случаев, что дало возможность провести анализ практический опыт применения фагов в реальной клинической практике. В рамках исследования изучались локализация инфекционного процесса, наименование использованных фагов (индивидуальных или комплексных), наличие рецидивов, способы введения препаратов, сочетанное применение с антибиотиками, клинические результаты, а также продолжительность курса фаготерапии. Проведен поиск литературы в базах данных PubMed, Cochrane Library, Google Scholar. При поиске использовались ключевые слова: золотистый стафилококк, фаготерапия, бактериофаг, антибиотикорезистентность, метициллин-устойчивый стафилококк золотистый. Статистический анализ был проведен с

использованием программы Excel. Критериями включения являлись первичные исследования, опубликованные в период с 2005 по 2025 год, включались пациенты всех возрастных групп (как взрослых, так и детей) с подтверждённым диагнозом инфекции, вызванной *Staphylococcus aureus*. Включались только работы, в которых использовали фаготерапию (независимо от типа фагов - индивидуальные или комплексные препараты), и которые содержали данные о результатах клинических наблюдений или побочных эффектах. Критериями исключения являлись исследования, являющиеся доклиническими (лабораторные работы, модели на животных, *in vitro*), а также работы с пациентами, имеющие заболевания желудочно-кишечного тракта, не вызванные инфекцией *S. aureus* или метаболические заболевания, рак, патологий печени или почек. Исключались случаи, где фаготерапия не применялась, отсутствовало подробное объяснение методологии или данные о результатах исследования, а также исследования, опубликованные до 2005 года или недоступные в полном объеме.

Результаты

В состав мета-анализа были включены 19 исследований, посвящённых применению фагов в лечении при инфекциях, вызванных *Staphylococcus aureus*. Наиболее частая локализация инфекции в этом исследований были в суставах (22,2%) и верхних дыхательных путях (18,5%), далее были кожные инфекции (7,4%) и другие локализации, в том числе остеомиелит и инфекции мягких тканей.

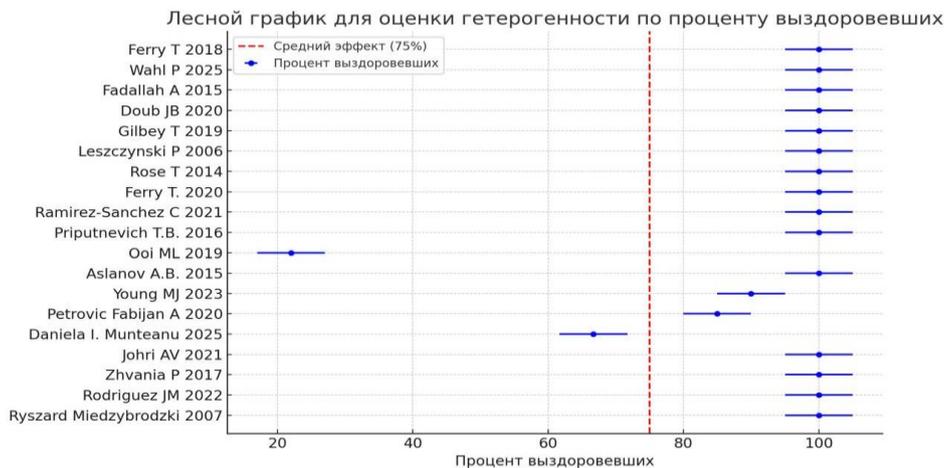


Рисунок 1. Лесной график. На графике показана красная вертикальная линия, которая представляет средний процент выздоровевших, что служит ориентиром для оценки общего эффекта фаготерапии. Горизонтальные линии демонстрируют доверительные интервалы, что позволяет более точно оценить вариабельность результатов.

Оценка гетерогенности между этими исследованиями была проведена с использованием лесного графика (**Рисунок 1.**), который показывает процент выздоровевших в каждом исследовании. Из графика можно заметить, что результаты исследования сильно различаются, что указывает на высокую гетерогенность. Это может быть определяется с отличиями в методах лечения, размерах выборок и других факторах.

Длительность фаготерапии различалась от однократного введения до 14 месяцев, в зависимости от клинической ситуации и локализации инфекции. Рецидивы инфекции фиксировались как при краткосрочном, так и при долгосрочном применении фаготерапии, в том числе случаи внутривенного введения и в комбинации с антибиотиками. В 14 из 19 исследований использовалась фаготерапия с антибиотиками, что в большинстве ситуаций обеспечивало клиническое улучшение, хотя рецидивы инфекции независимо от этого наблюдались. В 7 исследованиях были отмечены рецидивы, что свидетельствует о необходимости дополнительных исследований для улучшения методов фаготерапии и её сочетания с антибиотиками. Побочные эффекты были обнаружены в 5 исследованиях, среди которых наиболее частыми были: слабое персистирующее нагноение в области введения фагов, временное усиление болей в яичках и пояснице в начале лечения, эритема в области введения фагов, повышение температуры до 39°C, тошнота, риналгия, носовое кровотечение, боль в горле, кашель, диарея, пониженные уровни бикарбоната в крови, повышение уровни трансаминаз и гепатомегалия. Все эти побочные эффекты были кратковременными и не приводили к тяжелым осложнениям.

Таблица 1. Резюме включенных исследований.

№	Автор/год	Страна	Локализация инфекции	Название фага	Фаготерапия + антибиотика	Рецидивы	Путь введения бактериофагов	Продолжительность терапии	Побочные эффекты	Результаты
1	Ryszard Międzybrodzki 2007 [2, p. 461]	Польша	Остеомиелит, фарингит, абсцессы молочной железы, инфекции мягких тканей, инфекции дыхательных путей.	Staphylococcus bacteriophage	Нет	Нет	Перорально, локально	6,5 недель	Не указаны	Клиническое улучшение
2	Rodriguez JM 2022 [3, p. 14]	США	Хронический риносинусит	SeMN68phi1	Да	Да	Внутривенно, локально, интраназально	18 недель	Постоянное легкое нагноение	Клиническое улучшение, наблюдались рецидивы
3	Zhvania P 2017 [4, p. 1]	Грузия	Кожные покровы	Pyobacteriophage, Staphylococcus bacteriophage	Нет	Нет	Наружно, перорально, локально.	6 месяцев	Не указаны	Клиническое улучшение

ҚАЗАҚСТАН МЕДИЦИНА ЖӘНЕ ФАРМАЦИЯ ЖУРНАЛЫ, 2025 жыл 11-том
XII международная научная конференция молодых ученых и студентов «Перспективы
развития биологии, медицины и фармации», сборник статей

4	Johri AV 2021 [5, p.1]	Грузия	Простатит	Pyo, Intesti, and Staphylococcal phage, аутофаг	Нет	Нет	Перорально, ректальные суппозитории, уретральные инстиляции	от 7 месяцев до 14 месяцев	Временное усиление болей в яичке и пояснице в начале лечения	Клиническое улучшение
5	Daniela I. Munteanu 2025 [6, p. 1]	Великоб ритания	Перипротезная инфекция левого тазобедренного сустава и правого коленного сустава	Анти-стафилококковый фаг ISP, Фаг SCM (Scrapmetal), Фаг COP- 80B	Да	Да	Локально	4 дня после хирургичес кого вмешатель ства.	Эритема в области введения фагов, повышение температуры до 39 °С, лихорадка, тошнота	Клиническое улучшение, наблюдались рецидивы
6	PetrovicFa bijan A 2020 [7, p. 465]	Австрал ия	Бактериemia, инфекционный эндокардит	AB-SA01	Да	Да	Внутривенно	14 дней	Нет	Клиническое улучшение, были зафиксированы рецидивы и осложнения
7	Young MJ 2023 [8, p. 797]	Великоб ритания	Язвы диабетической стопы	Анти-стафилококковый фаг (ISP)	Да	Да	Топически на рану	6-23 дней	Нет	Клиническое улучшение, наблюдались рецидивы
8	Асланов А.Б. 2015 [9, с. 116]	Россия	Кожные покровы	Микроген	Да	Нет	Топически	6 дней	Не указаны	Клиническое улучшение
9	Ooi ML 2019 [10, p. 723]	Австрал ия	Хронический риносинусит	AB-SA01	Да	Нет	Интраназально	7-14 дней	Риналгия, эпистаксис, боль в горле, кашель, диарея, пониженные уровни бикарбоната в крови	Клиническое и микробиологичес кое устранение инфекции
10	Припутнев ич Т.В. 2016 [11, с. 111]	Россия	Носоглотка	Отофаг Микромир	Нет	Да	Интраназально	6 дней	Нет	Клинические улучшения, наблюдались рецидивы
11	Ramirez- Sanchez C 2021 [12, p. 1]	США	Перипротезная инфекция правого коленного сустава	AB-SA01, SaGR51ø1	Да	Да	Внутрисуставно и внутривенно	2-6 недель	Нет	Клиническое улучшение, наблюдались рецидивы
12	Ferry T. 2020 [13, p. 1]	Франци я	Перипротезная инфекция коленного сустава	PP1493, PP1815, PP1957	Да	Да	Внутрисуставно	6-12 недель	Нет	Клиническое улучшение, наблюдались рецидивы
13	Rose T 2014 [14, p. 66]	Бельгия	Ожоговые раны	BFC-1	Да	Нет	Топически	Однократн о	Нет	Незначительное снижение бактериальной

										нагрузки
14	Leszczyński P 2006 [15, p. 236]	Польша	Желудочно-кишечный тракт	Фаги 676/F, A3/R, A5/80	Да	Нет	Перорально	4 недели	Нет	Клиническое и микробиологическое устранение инфекции
15	Gilbey T 2019 [16, p. 142]	Австралия	Перипротезная инфекции аортального клапана	AB-SA01	Да	Нет	Внутривенно	14 дней	Нет	Клиническое и микробиологическое устранение инфекции
16	Doub JB 2020 [17, p.1]	США	Перипротезная инфекция правого коленного сустава	SaGR51ø1	Да	Нет	Внутрисуставно и внутривенно	3 дня	Трансаминит ,гепатомегалия	Клиническое улучшение
17	Fadlallah A 2015 [18, p. 167]	Грузия	Глаза (кератит; корнеальный абсцесс)	SATA-8505	Нет	Нет	Топически, внутривенно	4 недели	Нет	Клиническое и микробиологическое устранение инфекции
18	Wahl P 2025 [19, p.1]	Швейцария	Перипротезная инфекция правого тазобедренного и коленного сустава	Бактериофаг ISP	Да	Нет	Внутрисуставно, внутривенно	10 дней	Нет	Клиническое улучшение
19	Ferry T 2018 [20, p. 1]	Франция	Перипротезная инфекция правого тазобедренного сустава	Фаг 1493, 1815, 1957	Да	Нет	Внутрисуставно, внутривенно	10 дней	Нет	Клиническое улучшение

Обсуждение

В настоящее время в Казахстане, как и во всем мире, отмечается высокий уровень антибиотикорезистентности, в связи, с чем необходимо применять инновационные методы борьбы с инфекционными заболеваниями, такие как фаготерапия. По мере роста интереса к фаготерапии применение этой технологии в лечении бактериальных инфекций стало областью активных научных исследований в странах Европы, США, Австралии. Данная работа оценивает эффективность использования фаготерапии при инфекциях *Staphylococcus aureus*, у пациентов различной локализации, путей введения фагов, в виде моно терапии и комбинированного применения с антибиотиками. Был использован лесной график для обобщения результатов исследований и оценки общей эффективности между данными клинических исследований. По результатам, тазобедренные и коленные суставы являются наиболее частой локализацией поражения золотистым стафилококком (22,2%), второе место занимает верхние дыхательные пути (18,5%), далее пораженная область кожных покровов (7,4%) и другие локализации. В ходе исследования выявлено, что комбинированное применение фаготерапии с антибиотиками имеет наибольшую результативность, уменьшает длительность лечения и снижает случаи рецидива по

сравнению с моно терапией. Также в 5 исследованиях установлено кратковременное появление побочных эффектов после завершения фаготерапии, не приводящие к осложнениям. Несмотря на высокую эффективность и положительные результаты исследования, данный мета - анализ имеет несколько ограничений. В процессе поиска данных, выборка пациентов является небольшой, что ограничивает обобщаемость результатов. Во-вторых, применение различных типов фагов, описанные в исследованиях, не охватывают все штаммы *S.aureus*, необходимы расширенные, долгосрочные клинические исследования для оценки широкого спектра фагов. Таким образом, результаты данного исследования подтверждают, эффективность фаготерапии как перспективной альтернативы по сравнению с традиционными антибиотиками, в частности при инфекциях, вызванных *Staphylococcus aureus*.

Заключение

Фаготерапия продемонстрировала результаты с хорошими перспективами в лечении инфекций, вызванных *Staphylococcus aureus*, особенно в условиях хронических инфекции и резистентности к антибиотикам. Применение фагов в сочетании с антибиотиками продемонстрировало синергетический эффект, что подтверждает их потенциал как эффективного дополнения к классическим методам лечения. Необходимость дальнейших исследований остается актуальной, несмотря на положительные клинические результаты, чтобы оценить безопасность и эффективность фаготерапевтического лечения, а также разработать стандарты для её применения в крупномасштабной практике. Клинические исследования в будущем должны быть ориентированы на всесторонний анализ, взаимодействия фагов с различными типами бактерий, их действия против бактерий возможности включения фаготерапии в стандартные протоколы лечения. Учитывая трудность и длительные последствия антибиотикорезистентности, фаги могут стать основным инструментом в борьбе с инфекциями, которые на данный момент сложно лечить традиционными методами.

Список литературы

1. Kaixin Liu. Bacteriophage therapy for drug-resistant *Staphylococcus aureus* infections. – China, 2024. – p.1.
2. Ryszard Międzybrodzki. Phage therapy of staphylococcal infections (including MRSA) may be less expensive than antibiotic treatment. – Poland, 2007. – p. 461.

3. Rodriguez J. M. Case Report: successful use of phage therapy in refractory MRSA chronic rhinosinusitis. – USA, 2022. – p. 14.
4. Zhvania P. Phage Therapy in a 16-Year-Old Boy with Netherton Syndrome. – Georgia, 2017. – p. 1.
5. Johri A.V. Case Report: Chronic Bacterial Prostatitis Treated With Phage Therapy After Multiple Failed Antibiotic Treatments. – Georgia, 2021. – p. 1.
6. Daniela I. Munteanu. Phage Therapy for Orthopaedic Infections: The First Three Cases from the United Kingdom. – United Kingdom, 2025. – p. 1.
7. PetrovicFabijan A. Safety of bacteriophage therapy in severe Staphylococcus aureus infection. – Australia, 2020. – p. 465.
8. Young M. J. Phage Therapy for Diabetic Foot Infection: A Case Series. – United Kingdom, 2023. – p. 797.
9. Асланов А.Б. Бактериофаги для купирования вспышки, вызванной staphylococcusaureus, в отделении реанимации новорожденных. – Россия, 2015. – 116 с.
10. Ooi M.L. Safety and Tolerability of Bacteriophage Therapy for Chronic Rhinosinusitis Due to Staphylococcus aureus. – Australia, 2019. – p. 723.
11. Припутневич Т.В. Использование геля с бактериофагами для санации носоглотки у носителей золотистого стафилококка среди персонала родовспомогательного учреждения. – Россия, 2016. – с. 111.
12. Ramirez-Sanchez C. Successful Treatment of Staphylococcus aureus Prosthetic Joint Infection with Bacteriophage Therapy. – USA, 2021. – p. 1.
13. Ferry T. Phage Therapy as Adjuvant to Conservative Surgery and Antibiotics to Salvage Patients with Relapsing S. aureus Prosthetic Knee Infection. – France, 2020. – p. 1.
14. Rose T. Experimental phage therapy of burn wound infection: difficult first steps. – Belgium, 2014. – p. 66.
15. Leszczyński P. Successful eradication of methicillin-resistant Staphylococcus aureus (MRSA) intestinal carrier status in a healthcare worker — Case report. – Poland, 2006. – p. 236.
16. Gilbey T. Adjunctive bacteriophage therapy for prosthetic valve endocarditis due to Staphylococcus aureus. – Australia, 2019. – p. 142.
17. Doub J.B. Salvage Bacteriophage Therapy for a Chronic MRSA Prosthetic Joint Infection. – USA, 2020. – p. 1.
18. Fadlallah A. Corneal Infection Therapy with Topical Bacteriophage Administration. – France, 2015. – p. 167.

19. Wahl P. Bacteriophage therapy created the necessary conditions for successful antibiotic suppression in a periprosthetic hip joint infection: a Case Report. – Switzerland, 2025. – p. 1.
20. Ferry T. Salvage Debridement, Antibiotics and Implant Retention ("DAIR") With Local Injection of a Selected Cocktail of Bacteriophages: Is It an Option for an Elderly Patient With Relapsing Staphylococcus aureus Prosthetic-Joint Infection? – France, 2018. – p. 1.

Содержание

BRUCELLOSIS IN KAZAKHSTAN Kalkaman A., Zhanibekova A., Ashirbay B., Maukayeva S., Kudaibergenova N.	2
HOSPITAL-ACQUIRED INFECTIONS AFTER SURGICAL OPERATIONS AND THEIR MICROBIOLOGICAL DIAGNOSTIC METHODS Muxtarov Orkhan Alimuxtar oglu, Terane Hafiz gizi Suleymanova, Garayev Gunduz Asgar oglu	7
MODERN ECOLOGICAL AND HYGIENIC ASPECTS OF INFECTIOUS AND NON-COMMUNICABLE DISEASES Temirova Niginabonu Odilovna, Rakhimova Durдона Zhurakulovna	9
FEATURES OF THE COURSE AND COMPLICATIONS OF INFECTION CAUSED BY THE CHIKUNGUNYA VIRUS Amala Titus, Zhuzzhasarova A.A.	13
СОВРЕМЕННЫЕ ВЫЗОВЫ И ИННОВАЦИОННЫЕ ПОДХОДЫ В БОРЬБЕ С ИНФЕКЦИОННЫМИ ЗАБОЛЕВАНИЯМИ Алгазинова А.К.	15
ВЛИЯНИЕ СИСТЕМЫ АВ0 НА ТЕЧЕНИЕ COVID-19 Кусеева Д.М. Биркен К.К.	18
ARTIFICIAL INTELLIGENCE IN THE DIAGNOSIS AND CONTROL OF INFECTIOUS DISEASES Nurmagambet S.D., Ankita Pareek, Aastha Shinde	26
HOW ARTIFICIAL INTELLIGENCE CAN HELP IN COMBATING INFECTIOUS DISEASES Kendirbek Altynay, Kabduakhit Abay Baigenzheyeva Raushan Kuzhatovna	29

СОВРЕМЕННЫЕ ПОДХОДЫ К ЭТИОПАТОГЕНЕТИЧЕСКОМУ ЛЕЧЕНИЮ ХРОНИЧЕСКОГО БРУЦЕЛЛЁЗА Сатжанова А.А; Нұрмағамбет С.Д.	43
МЕНИНГИТ ЖАҒДАЙЛАРЫН ЗЕРТТЕУ ЖӘНЕ МИКРОБИОЛОГИЯЛЫҚ ТАЛДАУ Сейтханова Б.Т., Полатбекова Ш.Т., Садыбек Ұ.Ә.	46
КӨПБЕЙІНДІ АУРУХАНАДАҒЫ АСІНЕТОВАСТЕР ВАУМАННИ ИНФЕКЦИЯСЫНЫҢ АНТИБИОТИКТЕРГЕ ТӨЗІМДІ ШТАММДАРЫНЫҢ ТАРАЛУЫН БАҚЫЛАУ Сутимбекова Н., Бисенова Н., Дусмағамбетов М., Байдуйсенова А.	51
ВЛИЯНИЕ ВАКЦИНАЦИИ НА ТЕЧЕНИЕ COVID-19 У ПАЦИЕНТОВ С СОПУТСТВУЮЩИМИ ЗАБОЛЕВАНИЯМИ Аширова М.З., Абдужалил А.Ж.	55
ЗНАНИЯ, ОТНОШЕНИЕ И ВОСПРИЯТИЕ ВАКЦИНАЦИИ ПРОТИВ ВПЧ СРЕДИ ВЗРОСЛОГО НАСЕЛЕНИЯ: РЕЗУЛЬТАТЫ ВЕБ-ОПРОСА В РАЗНЫХ СТРАНАХ Ерланова Динара	57
HERPESVIRUS INFECTIONS DURING PREGNANCY: CLINICAL OUTCOMES AND DIAGNOSTIC STRATEGIES Rahimova Gamze	60
ЖАТЫР МОЙНЫ ОБЫРЫНЫҢ АЛДЫН АЛУДА АПВ-ВАКЦИНАЦИЯСЫНЫҢ РӨЛІ ЖӘНЕ ҚАЗАҚСТАНДАҒЫ ӨЗЕКТІЛІГІ Тлекбай С.Қ	62
ЭФФЕКТИВНОСТЬ ФАГОТЕРАПИИ ПРИ ИНФЕКЦИЯХ, ВЫЗВАННЫХ STAPHYLOCOCCUS AUREUS: МЕТА-АНАЛИЗ КЛИНИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ Мирзамуратова, А. Мендыбаева.	64