Обзор литературы
УДК 616.9-616.079.4
http://dx.doi.org/10.35177/1994-5191-2026-3-21

СОВРЕМЕННАЯ ЛАБОРАТОРНАЯ ДИАГНОСТИКА РЕСПИРАТОРНЫХ ИНФЕКЦИЙ

Анастасия Владимировна Зотова[1]✉, Елена Алексеевна Быкова[2], Наталья Валентиновна Половица[3]

[1,2]Амурская медицинская академия, Благовещенск, Россия
[1]✉30161zotova@mail.ru, https://orcid.org/0009-0003-4984-8491
[2]elena.bykova.xo@gmail.com
[3]Амурская областная инфекционная больница, Благовещенск, Россия, labor.aoib@mail.ru

Аннотация. Социальная значимость острых респираторных инфекций обусловлена не только лидирующими позициями по уровню заболеваемости, высокой распространенностью в мире, но и наносимым экономическим ущербом. Широкий спектр инфекционных патогенов, схожесть клинических симптомов требует применение точных и быстрых диагностических тестов, что позволит избегать эмпирического назначения антибактериальных препаратов.

Ключевые слова: респираторные инфекции, лабораторная диагностика, полимеразная цепная реакция, секвенирование, обзор

Для цитирования: Зотова А.В. Современная лабораторная диагностика респираторных инфекций / А.В. Зотова, Е.А. Быкова, Н.В. Половица // Дальневосточный медицинский журнал. – 2026. – № 3. – С. 124-131. http://dx.doi.org/10.35177/1994-5191-2026-3-21.

MODERN LABORATIRY DIAGNOSTICS OF RESPIRATORY INFECTIONS

Anastasiya V. Zotova[1]✉, Elena A. Bykova[2], Natalya V. Polovica[3]

[1,2]Amur Medical Academy, Blagoveshchensk, Russia
[1]✉30161zotova@mail.ru, https://orcid.org/0009-0003-4984-8491
[2]elena.bykova.xo@gmail.com
[3]Amur Regional Infectious Diseases Hospital, Blagoveshchensk, Russia, labor.aoib@mail.ru

Abstract. The social significance of acute respiratory infections is due not only to their leading positions in terms of morbidity and high prevalence in the world, but also to the economic losses they cause. A wide range of infectious pathogens and the similarity of clinical symptoms require the use of accurate and rapid diagnostic tests, which will avoid the empirical prescription of antibacterial drugs.

Keywords: respiratory infections, laboratory diagnostics, polymerase chain reaction, sequencing, review

For citation: Zotova A.V. Modern laboratiry diagnostics of respiratory infections / A.V. Zotova, E.A. Bykova, N.V. Polovica // Far Eastern medical journal. – 2026. – № 3. – P. 124-131. http://dx.doi.org/10.35177/1994-5191-2026-3-21.

Острые респираторные инфекции остаются одной из ведущих причин заболеваемости и смертности в мире, создавая тем самым большую нагрузку на систему здравоохранения. Их этиологический спектр широк и включает вирусы (грипп, респираторно-синцитиальный вирус, риновирусы, SARS-CoV-2, аденовирусы, парагрипп, бокавирус, метапневмовирус), бактерии (*Streptococcus pneumoniae, Haemophilus influenzae* и др.) и атипичные патогены. Согласно систематическому анализу «Глобальное бремя болезней» 2019 года [2], инфекции нижних дыхательных путей входят в число ведущих причин утраты лет здоровой жизни (DALYs), особенно среди детей младше 10 лет, что подчеркивает необходимость совершенствования подходов к их диагностике и лечению. Традиционные методы (культивирование, иммунофлуоресценция) часто не позволяют идентифицировать этиологический агент, особенно на фоне предшествующей антибиотикотерапии, и не способны отразить полную картину микробного пейзажа нижних дыхательных путей, что критически важно у тяжелых пациентов [1]. На данном этапе они

уступают место высокоскоростным, мультиплексным и высокочувствительным технологиям, позволяющим не только идентифицировать возбудителя, но и прогнозировать течение болезни [3].

Актуальная проблема на данном этапе диагностики – схожая клиническая картина при инфекциях различной этиологии, что затрудняет решение о назначении этиотропных препаратов. Эмпирическая антибактериальная терапия, часто избыточная при вирусных инфекциях, способствует росту антимикробной резистентности. Это становится особой проблемой в сфере первичной медико-санитарной помощи, где большинство инфекций вызывается вирусами, что является ключевым фактором селекции и распространения устойчивых штаммов [4]. Это приводит к увеличению сроков госпитализации, росту смертности и экономических затрат. В связи с этим, использование точных и быстрых диагностических тестов, включая экспресс-тесты у постели больного, рассматривается как одна из наиболее эффективных стратегий сдерживания антибиотикорезистентности, позволяющая проводить своевременную респираторную поддержку и избегать ненужного назначения антибактериальных препаратов [5].

Цель данного обзора – проанализировать современные подходы к лабораторной диагностике респираторных инфекционных заболеваний, оценить их место в клинической практике и обозначить будущие тенденции.

ПЦР-диагностика: новые форматы и автоматизация

Полимеразная цепная реакция (ПЦР) остается золотым стандартом лабораторной диагностики, однако лабораторные технологии на ее основе значительно эволюционировали. Введение в клиническую практику высокомультиплексных молекулярных панелей представляет собой одну из наиболее значимых трансформаций в лабораторной диагностике за последние пять лет [6] не только респираторных инфекционных заболеваний, но и инфекционных поражений других систем организма. Ключевой особенностью современных мультиплексных панелей является высокий уровень автоматизации и интеграции, что минимизирует ручной труд, риски лабораторной ошибки и время получения результата. Как подчеркивают Э. Хэнсон и соавторы [7], эти платформы представляют собой пример технологии «sample-in, answer-out» (образец на входе, ответ на выходе), где все этапы (от выделения нуклеиновых кислот до интерпретации данных) выполняются в замкнутом картридже или на автоматизированной станции. Это снижает требования к квалификации персонала, делая возможным выполнение сложных молекулярных анализов в режиме, приближенном к помощи «у постели больного» (point-of-care), и в условиях круглосуточной работы лаборатории.

Мультиплексная ПЦР позволила резко повысить диагностическую эффективность при внебольничных пневмониях и инфекциях нижних дыхательных путей, сократив время получения результата до 1,5-2 часов. Клинические исследования демонстрируют, что внедрение мультиплексной ПЦР оказывает прямое положительное влияние на использование ресурсов здравоохранения и ведение пациентов. В ретроспективном исследовании А. Субрамони [8] было показано, что у госпитализированных детей, тестированных с помощью мультиплексной ПЦР, по сравнению с группой, где использовались традиционные не-мультиплексные методы, наблюдалось статистически значимое снижение длительности антибиотикотерапии и частоты выполнения рентгенографии грудной клетки при поступлении. Кроме того, применение мультиплексных тестов способствовало более своевременному и продолжительному использованию изоляционных мер предосторожности, что имеет важное значение для инфекционного контроля.

Эти данные находят подтверждение и в исследованиях, проведенных в различных национальных системах здравоохранения. Т. Китано и соавторы [9] сравнили эффективность рутинного использования мультиплексной ПЦР с предшествовавшей практикой применения быстрых антигенных тестов. Переход на ПЦР-диагностику привел к достоверному снижению длительности антибактериальной терапии на один случай госпитализации (с 12,8 до 8,6 дней) и сокращению сроков пребывания в стационаре (с 8,2 до 6,8 дней). Выявляемость патогенов при этом возросла с 30,2 % до 87,2 %, что подчеркивает превосходство молекулярных методов в чувствительности.

Появление первых одобренных FDA США мультиплексных панелей ознаменовало смену парадигмы, переведя фокус с синдромной диагностики [11] на прямое, одновременное выявление широкого спектра патогенов. Современные панели, такие как Respiratory Panel 2.1 (RP2.1+), QIAstat-Dx, Respiratory SARS-CoV-2 Panel, ePlex и др. способны выявлять от 20 до 22 патогенов, включая вирусы (SARS-CoV-2, вирусы гриппа A/B с субтипированием, RSV, риновирус, энтеровирус, метапневмовирус, аденовирус, четыре сезонных коронавируса), а также атипичные бактерии (*Mycoplasma pneumoniae*, *Chlamydia pneumoniae*, *Bordetella pertussis*), что позволяет сократить ненужное назначение антибиотиков [12-17].

Исследование методом мультиплексной ПЦР продемонстрировало увеличение корректного выявления респираторных вирусов на 30-50 % по сравнению с иммунофлуоресцентными тестами и культивированием [20]. Пандемия COVID-19 стала катализатором развития и внедрения молекулярной диагностики респираторных инфекций [10]. Мультиплексная ПЦР стала ответом на клиническую необходимость быстрого и точного подхода к лечению, особенно в контексте сопутствующей циркуляции вирусов гриппа и респираторно-синцитиального вируса [19]. Исследование П. Штамм [21], основанное на анализе результатов 15 000 ПЦР-тестов, выполненных

в приемных покоях детской и взрослой больниц, продемонстрировало влияние пандемии и связанных с ней противоэпидемических мер на циркуляцию респираторных вирусов. Несмотря на пятикратное увеличение объемов тестирования в сезон 2020–2021 гг., частота выявления вирусов гриппа A, B и РСВ снизилась до 0 % по сравнению с 10-20 % в предшествующие сезоны. Это наблюдение подтверждает, что неспецифическая профилактика (маски, социальное дистанцирование, гигиена рук) в совокупности с перераспределением потоков пациентов способны изменить привычную сезонность респираторных инфекций. Point-of-care testing (POCT – «у постели больного») – это анализ образцов, взятых у пациента, вне клинической лаборатории, рядом с местом оказания медицинской помощи или непосредственно на месте [22].

Согласно исследованиям, использование любой молекулярной POCT-системы для респираторных вирусов сокращает время получения результата в среднем на 4,8 часа по сравнению с централизованной лабораторной диагностикой [27]. Такие системы как BioFire FilmArray (BioMérieux) [23,24], Xpert Xpress (Cepheid) [26] представляют собой компактные приборы, с одноразовыми картриджами, куда помещается образец биоматериала, где содержатся лиофилизированные реактивы для выделения нуклеиновых кислот, их амплификации и детекции. Использование данных панелей в отделении неотложной помощи у детей с симптомами ОРВИ позволило сократить время постановки диагноза в среднем до 1,5 часа, что привело к более раннему началу целевой противовирусной терапии при гриппе и других респираторных заболеваний [25].

Цифровая ПЦР (digital PCR, dPCR) представляет собой технологию третьего поколения ПЦР, основанную на принципе лимитирующего разведения и количественного определения нуклеиновых кислот без использования калибровочных кривых. В отличие от qPCR (ПЦР в реальном времени), в dPCR реакционная смесь разделяется на тысячи нанолитровых отсеков, в каждом из которых происходит независимая амплификация. Подсчет положительных и отрицательных отсеков позволяет рассчитать абсолютную концентрацию мишени с высокой точностью и чувствительностью [28]. При сравнении ddPCR и qPCR у 250 пациентов с COVID-19 в образцах с низкой вирусной нагрузкой (Ct>30 в qPCR), ddPCR показала в 5,8 раз более высокую чувствительность, обнаружив вирусную РНК у 42 % пациентов, у которых qPCR дал отрицательный или сомнительный результат [29].

Секвенирование нового поколения (NGS)

Несмотря на значительный прогресс в разработке и внедрении мультиплексных ПЦР-панелей, традиционные и даже современные молекулярные методы диагностики имеют значимое ограничение – они нацелены на поиск лишь заранее известного круга возбудителей. В реальной клинической практике, особенно у тяжелых пациентов с иммунокомпрометированными состояниями или атипичным течением инфекции, этиологический агент может оставаться невыявленным. Секвенирование нового поколения (next-generation sequencing, NGS) произвело революцию в диагностике респираторных инфекций, предложив принципиально иной подход – не поиск конкретных возбудителей, а полный (метагеномный) анализ всего генетического материала в клиническом образце. Это облегчает идентификацию бактерий, позволяет обнаруживать грибки, вирусы, а так же гены устойчивости к антибиотикам [30].

Метагеномное секвенирование (mNGS) – это определение совокупности геномов всех микроорганизмов, выделенной из образца. Клинические данные свидетельствуют о том, что mNGS обеспечивает более высокую чувствительность обнаружения по сравнению с традиционными методами, при этом диагностическая эффективность практически не зависит от предшествующего приема антибиотиков [31]. По данным исследований Л. Мин и соавторов [32], чувствительность mNGS составила 93,3 % против 55,6 % у культуральных методов, а отрицательная прогностическая ценность 63,9 % против 25,9 %. Однако специфичность культуральных методов была выше (71,8 % против 54,9 %), что отражает основную проблему mNGS – риск ложноположительных результатов за счет контаминации или колонизации.

Несмотря на высокую чувствительность, стандартное метагеномное секвенирование имеет ограничения: высокая стоимость, длительное время анализа, сложность интерпретации результатов из-за фоновой микробиоты дыхательных путей и необходимостью отдельного обнаружения ДНК и РНК [33]. Таргетное NGS (tNGS) сочетает секвенирование нового поколения с мультиплексной амплификацией методом ПЦР или захватом с помощью зондов, что помогает выделить целевые патогены в образцах пациентов и повысить чувствительность теста. Кроме того, технология tNGS повышает производительность тестирования при обнаружении патогенов и снижает затраты на секвенирование, поскольку требует всего 80 000 прочтений, что значительно меньше, чем 20 миллионов прочтений, необходимых для стандартного метогеномного секвенирования [34].

Гибридный захват (hybrid capture, chNGS) – это метод таргетного обогащения нуклеиновых кислот, при котором специально разработанные биотинилированные ДНК- или РНК-зонды гибридизуются с комплементарными последовательностями патогенов в библиотеках нуклеиновых кислот, после чего гибриды «вылавливаются» с помощью стрептавидиновых магнитных частиц. Технология гибридного захвата занимает промежуточное положение между стандартным метагеномным NGS-секвенированием, при котором анализируются все нуклеиновые кислоты в образце, и tNGS, при котором амплифицируются только конкретные мишени, данный метод позволяет обогащать сотни целевых последовательностей без амплифика-

ционных искажений, сохраняя возможность детекции неожиданных вариантов в пределах выбранных геномных последовательностей. Такой подход повышает эффективность выявления респираторных инфекций неизвестной этиологии и служит практической платформой для обнаружения новых патогенов и обеспечения готовности системы здравоохранения [36].

Данный метод продемонстрировал значительно более высокую чувствительность при выявлении бактерий, вирусов и грибков и более высокую эффективность при выявлении различных патогенов у пациентов с ко-инфекцией несколькими микроорганизмами в сравнении с мультиплексной ПЦР. В исследовании Вэй-Юй Сюй и соавторов [35] у пациентов с тяжелой пневмонией при сравнении с традиционным культуральным методом и мультиплексной ПЦР, метод гибридного захвата показал более высокую общую выявляемость бактерий, вирусов и грибов. Особенно важным представляется превосходство chNGS в детекции вирусов ($p<0,001$) и грибов ($p<0,001$), а также возможность идентификации дополнительных генов резистентности, таких как blaOXA, blaCMY и blaSHV, имеющих ключевое значение для выбора терапии при инфекциях, вызванных грамотрицательными бактериями.

Однако в исследовании Г. Жэнь и соавторов [37] проведено прямое сравнение гибридного захвата и таргетного секвенирования (tNGS), у пациентов с пневмонией. Результаты показали, что общая частота совпадения с клиническим диагнозом для chNGS составила 64,1 % против 39,8 % для традиционных методов. При этом tNGS продемонстрировал несколько более высокие показатели, особенно в выявлении вирусов, в то время как chNGS давал несколько больше ложноотрицательных результатов. Авторы подчеркивают, что эти методы не являются взаимоисключающими: комбинация chNGS и tNGS позволила повысить диагностическую точность до 81,3 %, подчеркивая, что выбор оптимальной стратегии может зависеть от клинического контекста, приоритетных патогенов и необходимой широты охвата.

Методы изотермической амплификации

Амплификация на основе последовательностей нуклеиновых кислот (Nucleic Acid Sequence-Based Amplification, NASBA), или изотермическая амплификация, представляет собой группу методов, которые позволяют проводит амплификацию ДНК или РНК при постоянной температуре, без необходимости в термоциклировании, характерном для полимеразной цепной реакции [38]. Данный подход начали применять для быстрой детекции патогенных РНК-содержащих вирусов с 1991 года. В период пандемии COVID-19 были разработаны диагностические тесты на основе NASBA в режиме реального времени, содержащие праймеры и зонды, специфичные к генам РНК-зависимой РНК-полимеразы и N-белка SARS-CoV-2. Этот метод позволяет выявлять 200 копий вируса на миллилитр с клинической чувствительностью 97,64 %, демонстрируя эффективность, сравнимую с ПЦР в реальном времени [39]. Однако для данного метода требуется использование специализированного детектора на основе люминесценции, что является сдерживающим фактором для широкого применения этого в клинической практике [40].

Диагностика на основе технологии CRISPR (Clustered regularly interspaced short palindromic repeats) стала молекулярной диагностикой нового поколения, и получила широкое распространение, благодаря своей специфичности, быстроте и возможности проведения анализа у постели больного [41]. Она включает методы на основе кластерных регулярно расположенных коротких палиндромных повторов (CRISPR) и ассоциированных с ними белков-каспаз (Cas). Получаемые в результате совмещенной с обратной транскрипцией изотермической рекомбиназной амплификации (RT-RPA) ампликоны распознаются комплексом CRISPR-Cas, который взаимодействует с зондами, меченными флуорофорами, и расщепляет их, что позволяет проводить флуоресцентный анализ или обнаруживать вирус невооруженным глазом на бумажной тест-полоске [42].

Многие авторы отмечают, что данный метод может потенциально служить инструментом тестирования на месте оказания медицинской помощи (POCT) для широкого спектра инфекционных вирусов.

Одним из примеров внедрения CRISPR-диагностики стала платформа mCARMEN (microfluidic Combinatorial Arrayed Reactions for Multiplexed Evaluation of Nucleic acids), разработанная Н.Уэлч и соавторами [47]. Данная система, объединяющая CRISPR-Cas13 с жидкостными схемами, позволяет одновременно тестировать 192 образца на наличие 21 респираторного вируса, включая SARS-CoV-2. В ходе исследования на 525 клинических образцах в академическом центре и 166 образцах в клинических условиях платформа продемонстрировала диагностическую точность, сопоставимую с цифоровой ПЦР и метагеномным секвенированием, со 100 % чувствительностью при концентрации 10^2 копий/мкл и 98,4 % чувствительностью при 10^1 копий/мкл. Кроме того, mCARMEN успешно дифференцировала шесть линий вариантов SARS-CoV-2 (включая Delta и Omicron) при тестировании 2 088 клинических образцов, достигнув почти идеального совпадения с результатами секвенирования.

Другим перспективным направлением стала разработка мультиплексных микрочиповых систем для одновременного выявления широкого спектра респираторных вирусов. М. Сюн и соавторы представили инновационный микрофлюидный чип с пространственным кодированием (space-coded microfluidic chip, SC-Chip), интегрирующий рекомбиназную полимеразную амплификацию (RPA) и CRISPR-Cas12a для детекции девяти распространенных респираторных вирусов: вирусов гриппа A и B, SARS-CoV-2, трех сезонных коронавирусов (OC43, NL63, HKU1),

респираторно-синцитиального вируса, вируса парагриппа и метапневмовируса [48]. Предел обнаружения SC-Chip составляет 10^{-18} М (приблизительно 1 копия на реакцию) при общем времени анализа менее 40 минут. При тестировании на 35 клинических образцах пациентов с подозрением на респираторную вирусную инфекцию метод показал 100 % специфичность, подтверждая свой потенциал как простого и быстрого инструмента для диагностики в клинических условиях.

Петлевая изотермическая амплификация (loop-mediated isothermal amplification, LAMP) – это метод амплификации нуклеиновых кислот, основанный на замещении цепей. Основной механизм заключается в целенаправленной идентификации 6-8 участков целевого гена с помощью специфических праймеров с последующей эффективной амплификацией с помощью ДНК-полимеразы Bst при постоянной температуре 60–65 °C [43]. Чувствительность LAMP часто сопоставима или даже превосходит ПЦР, достигая 10-100 копий на реакцию. Ключевое преимущество – возможность визуальной детекции результатов по помутнению раствора или изменению цвета благодаря побочному продукту реакции – пирофосфату магния, или с помощью простых флуоресцентных красителей. Ключевыми преимуществами LAMP являются высокая скорость реакции (обычно 30-60 минут), устойчивость к ингибиторам, содержащимся в клинических образцах, и возможность создания мультиплексных тест-систем.

М. Корюков и соавторы в Институте химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН разработали тест, позволяющий одновременно детектировать три вида аденовирусов – HAdV-B, HAdV-C и HAdV-E, которые наиболее часто вызывают респираторные инфекции [49]. Тест выявляет не менее 375 копий ДНК HAdV-B и -C и 750 копий HAdV-E за менее чем 35 минут при 60 °C. Валидация на 331 назальном мазке от пациентов с респираторными инфекциями показала 90-94 % согласованности с мультиплексной количественной ПЦР, а согласованность между количественной и визуальной детекцией достигла 99 %.

Клиническое исследование Ф. Янь и соавторов на 1 723 детях с инфекциями нижних дыхательных путей продемонстрировало, что LAMP-чип имеет значительно более высокую общую выявляемость патогенов по сравнению с культуральным методом (58,97 % против 43,64 %,). Данное исследование показало особенно высокую эффективность метода в детекции *Streptococcus pneumoniae, Staphylococcus aureus, Acinetobacter baumannii, Stenotrophomonas maltophilia u Haemophilus influenzae*, а также выявил значительно больше случаев смешанных инфекций (34,94 % против 12,77 %), показывая преимущество в диагностике коинфекций [50].

Рекомбиназная полимеразная амплификация (RPA), разработанная в 2006 году, сочетает в себе изотермическое праймирование мишени с помощью рекомбиназы и синтез ДНК со смещением цепи [44]. Для амплификации следовых количеств нуклеиновых кислот (от 1 до 10 копий) до уровня, поддающегося обнаружению, требуется 20-30 минут при температуре 37-42°C. Детекция обычно проводится с помощью флуоресцентных зондов в портативных флуориметрах, делает метод пригодным для скрининга инфекций в эндемичных очагах, особенно в удаленных и ресурсоограниченных регионах [46].

И. Чжао и соавторы [45] проанализировали перспективы сочетания RPA с иммунохроматографическими полосками (lateral flow assays, LFA) для разработки диагностических тестов. Полученные в RPA продукты реакции, меченные флуоресцентной меткой, наносятся на тест-полоску, где происходит их связывание с антителами к метке, формируя визуально различимую цветную линию. Авторы подчеркивают, что за последние годы технологии RPA нашли широкое применение для выявления самых разных патогенов, включая респираторные вирусы, бактерии и грибы, однако существуют ограничения, такие как риск контаминации при открытии пробирок после амплификации (необходимого для детекции с помощью LFA) и сложности с количественным определением нагрузки патогена.

Новейшие модификации RPA демонстрируют расширение диагностических возможностей: разработка каскадной системы PACRAT (RPA в комбинации с транскрипцией *in vitro* и флуоресцентными аптамерами) позволила достичь однокопийной чувствительности при детекции РНК SARS-CoV-2 и *Escherichia coli* в клинических образцах [46].

Выводы

За последние пять лет диагностика респираторных инфекционных заболеваний сместилась в сторону мультиплексности, скорости и портативности. Будущее лежит в интеграции нескольких технологий: быстрая мультиплексная POCT-PCR для рутинного скрининга, NGS для сложных случаев, ожидается дальнейшая миниатюризация устройств и снижение их стоимости. Идеальная диагностическая платформа будущего – это устройство «у постели больного», способное за один анализ идентифицировать широкий спектр патогенов, определить их генетические характеристики и предоставить врачу интерпретируемый отчет для немедленного назначения целевой терапии. Достижения, стимулированные пандемией COVID-19, уже сейчас формируют новый ландшафт диагностики респираторных инфекций, делая ее более точной, быстрой и клинически значимой.

Несмотря на прогресс, перед широким внедрением этих технологий в рутинную практику стоит ряд проблем: на данный момент нет единых протоколов пробоподготовки, биоинформатического анализа и критериев интерпретации клинической значимости обнаруженных микроорганизмов, особенно в условиях сложных микробиомов. Также актуальная

проблема – высокая стоимость оборудования, реагентов и биоинформатической поддержки ограничивает использование NGS и таргетных панелей в регионах с ограниченными ресурсами.

Необходимы крупные проспективные исследования, демонстрирующие не только диагностическую точность новых методов, но и их прямое влияние на исходы лечения пациентов (снижение смертности, осложнений) и экономическую эффективность по сравнению с существующими алгоритмами. Дальнейшее развитие этой области приведет к созданию более персонализированных и эффективных подходов к ведению пациентов с респираторными инфекциями и укреплению глобальной системы эпидемиологического надзора.

Список источников

1. Tsitsiklis A., Osborne C.M., Kamm J., et al. Lower respiratory tract infections in children requiring mechanical ventilation: a multicentre prospective surveillance study incorporating airway metagenomics // The Lancet Microbe. – 2022. – № 3 (4). – P. e284-e293.
2. GBD 2019 Diseases and Injuries Collaborators. Global burden of 369 diseases and injuries in 204 countries and territories, 1990-2019: a systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2019 // Lancet. – 2020. – № 396 (10258). – P. 1204-1222.
3. Hanson K.E., Caliendo A.M., Arias C.A., et al. Molecular Testing for Acute Respiratory Tract Infections: Clinical and Diagnostic Recommendations From the IDSA's Diagnostics Committee // Clinical Infectious Diseases. – 2020. – № 71 (10). – P. 2744-2751.
4. Llor C., Bjerrum L. Antimicrobial resistance: risk associated with antibiotic overuse and initiatives to reduce the problem // Therapeutic Advances in Drug Safety. – 2014. – № 5 (6). – P. 229-241.
5. Thompson W., McCormack S. Interventions to Influence the Use of Antibiotics for Acute Upper Respiratory Tract Infections [Internet] // Ottawa (ON): Canadian Agency for Drugs and Technologies in Health. – 2021. – Feb. – PMID: 34279868.
6. Huang H.S., Tsai C.L., Chang J., et al. Multiplex PCR system for the rapid diagnosis of respiratory virus infection: systematic review and meta-analysis // Clinical Microbiology and Infection. – 2018. – № 24 (10). – P. 1055-1063.
7. Hanson K.E., Couturier M.R. Multiplexed Molecular Diagnostics for Respiratory, Gastrointestinal, and Central Nervous System Infections // Clinical Infectious Diseases. – 2016. – № 63 (10). – P. 1361-1367.
8. Subramony A., Zachariah P., Krones A., et al. Impact of Multiplex Polymerase Chain Reaction Testing for Respiratory Pathogens on Healthcare Resource Utilization for Pediatric Inpatients // The Journal of Pediatrics. – 2016. – № 173. – P. 196-201.e2.
9. Kitano T., Nishikawa H., Suzuki R., et al. The impact analysis of a multiplex PCR respiratory panel for hospitalized pediatric respiratory infections in Japan // Journal of Infection and Chemotherapy. – 2020. – № 26 (1). – P. 82-85.
10. Li Z., Yi Y., Luo X., et al. Development and clinical application of a rapid IgM-IgG combined antibody test for SARS-CoV-2 infection diagnosis // Journal of Medical Virology. – 2020. – № 92 (9). – P. 1518-1524.
11. Ramanan P., Bryson A.L., Binnicker M.J., Pritt B.S., Patel R. Syndromic Panel-Based Testing in Clinical Microbiology // Clinical Microbiology Reviews. – 2018. – № 31 (1). – P. e00024-17.
12. Moran A., Beavis K.G., Matushek S.M., et al. Detection of SARS-CoV-2 by Use of the Cepheid Xpert Xpress SARS-CoV-2 and Roche cobas SARS-CoV-2 Assays // Journal of Clinical Microbiology. – 2020. – № 58 (8). – P. e00772-20.
13. Reyes J., Aguilar A.C., Caicedo A. Carbapenem-Resistant Klebsiella pneumoniae: Microbiology Key Points for Clinical Practice // International Journal of General Medicine. – 2019. – № 12. – P. 437-446.
14. Fistera D., Risse J., Pabst D., et al. Point-of-care PCR testing of SARS-CoV-2 in the emergency department: Influence on workflow and efficiency // PLoS One. – 2023. – № 18 (8). – P. e0288906.
15. Creager H.M., Cabrera B., Schnaubelt A., et al. Clinical evaluation of the BioFire® Respiratory Panel 2.1 and detection of SARS-CoV-2 // Journal of Clinical Virology. – 2020. – № 129. – P. 104538.
16. Harrington A., Cox B., Snowdon J., et al. Comparison of Abbott ID Now and Abbott m2000 Methods for the Detection of SARS-CoV-2 from Nasopharyngeal and Nasal Swabs from Symptomatic Patients // Journal of Clinical Microbiology. – 2020. – № 58 (8). – P. e00798-20.
17. Rhoads D.D., Cherian S.S., Roman K., et al. Comparison of Abbott ID Now, DiaSorin Simplexa, and CDC FDA Emergency Use Authorization Methods for the Detection of SARS-CoV-2 from Nasopharyngeal and Nasal Swabs from Individuals Diagnosed with COVID-19 // Journal of Clinical Microbiology. – 2020. – № 58 (8). – P. e00760-20.
18. Zhen W., Manji R., Smith E., Berry G.J. Clinical Evaluation of Three Sample-to-Answer Platforms for Detection of SARS-CoV-2 // Journal of Clinical Microbiology. – 2020. – № 58 (8). – P. e00783-20.

19. Babady N.E. The FilmArray® respiratory panel: an automated, broadly multiplexed molecular test for the rapid and accurate detection of respiratory pathogens // Expert Review of Molecular Diagnostics. – 2013. – № 13 (8). – P. 779-788.
20. Babady N.E. The FilmArray® respiratory panel: an automated, broadly multiplexed molecular test for the rapid and accurate detection of respiratory pathogens // Expert Review of Molecular Diagnostics. – 2013. – № 13 (8). – P. 779-788.
21. Stamm P., Sagoschen I., Weise K., et al. Influenza and RSV incidence during COVID-19 pandemic-an observational study from in-hospital point-of-care testing // Medical Microbiology and Immunology. – 2021. – № 210 (5-6). – P. 277-282.
22. Florkowski C., Don-Wauchope A., Gimenez N., et al. Point-of-care testing (POCT) and evidence-based laboratory medicine (EBLM) – does it leverage any advantage in clinical decision making? // Critical Reviews in Clinical Laboratory Sciences. – 2017. – № 54 (7-8). – P. 471-494.
23. Bergese S., Caceres Guido P., Riberi A., et al. Impact of the multiplex molecular FilmArray Respiratory Panel on antibiotic prescription and clinical management of immunocompromised adults with suspected acute respiratory tract infections: A retrospective before-after study // Revista Argentina de Microbiología. – 2023. – № 55 (4). – P. 337-344.
24. Cojuc-Konigsberg G., Moscona-Nissan A., Guzmán-Martínez M., et al. Diagnostic accuracy of the BioFire® FilmArray® pneumonia panel in COVID-19 patients with ventilator-associated pneumonia // BMC Infectious Diseases. – 2023. – № 23 (1). – P. 524.
25. Rogan D.T., Kochar M.S., Yang S., Quinn J.V. Impact of Rapid Molecular Respiratory Virus Testing on Real-Time Decision Making in a Pediatric Emergency Department // The Journal of Molecular Diagnostics. – 2017. – № 19 (3). – P. 460-467.
26. Mostafa H.H., Carroll K.C., Hicken R., et al. Multicenter Evaluation of the Cepheid Xpert Xpress SARS-CoV-2/Flu/RSV Test // Journal of Clinical Microbiology. – 2021. – № 59 (3). – P. e02955-20.
27. Gentilotti E., De Nardo P., Goossens H., et al. Diagnostic accuracy of point-of-care tests in acute community-acquired lower respiratory tract infections. A systematic review and meta-analysis // Clinical Microbiology and Infection. – 2022. – № 28 (1). – P. 13-22.
28. dMIQE Group, Huggett J.F. The Digital MIQE Guidelines Update: Minimum Information for Publication of Quantitative Digital PCR Experiments for 2020 // Clinical Chemistry. – 2020. – № 66 (8). – P. 1012-1029.
29. Park C., Lee J., Hassan Z.U., et al. Comparison of Digital PCR and Quantitative PCR with Various SARS-CoV-2 Primer-Probe Sets // Journal of Microbiology and Biotechnology. – 2021. – № 31 (3). – P. 358-367.
30. Chen Y., Fan L., Zhao J., et al. Targeting RNA with Next- and Third-Generation Sequencing Improves Pathogen Identification in Clinical Samples // Advanced Science. – 2021. – № 8 (23). – P. e2102593.
31. Sun T., Wu X., Cai Y., et al. Metagenomic Next-Generation Sequencing for Pathogenic Diagnosis and Antibiotic Management of Severe Community-Acquired Pneumonia in Immunocompromised Adults // Frontiers in Cellular and Infection Microbiology. – 2021. – № 11. – P. 661589.
32. Lai L.M., Chen Y.H., Lin S., et al. Clinical utility of metagenomic next-generation sequencing in pathogen detection for lower respiratory tract infections // Scientific Reports. – 2025. – № 15 (1). – P. 19039.
33. Deng Z., Zhou M., Cai X., et al. Targeted next-generation sequencing for pulmonary infection diagnosis in patients unsuitable for bronchoalveolar lavage // Frontiers in Medicine. – 2023. – № 10. – P. 1322347.
34. Li D., Li Q., Huang Z., et al. Comparison of the Impact of tNGS with mNGS on Antimicrobial Management in Patients with LRTIs: A Multicenter Retrospective Cohort Study // Infection and Drug Resistance. – 2025. – № 18. – P. 93-105.
35. Hsu W.Y., Yu C.M., Wu C.Y., et al. Performance of a hybrid capture-based target enrichment next-generation sequencing for the identification of respiratory pathogens and resistance-associated genes in patients with severe pneumonia // Microbiology Spectrum. – 2025. – № 13 (1). – P. e0086424.
36. Kim J.A., Lee J.H., Lee J.H., et al. Development and evaluation of a hybrid capture-based NGS panel for comprehensive detection of respiratory pathogens // Scientific Reports. – 2025. – № 15 (1). – P. 39281.
37. Ren G., Zhou X., Guo M., et al. Application of targeted metagenomic next-generation sequencing in pneumonia patients // Microbiology Spectrum. – 2025. – № 13 (8). – P. e0129725.
38. Compton J. Nucleic acid sequence-based amplification // Nature. – 1991. – № 350 (6313). – P. 91-92.
39. Kia V., Ahmadi A., Pourhajibagher M., et al. Evaluation of real-time NASBA assay for the detection of SARS-CoV-2 compared with real-time PCR // Irish Journal of Medical Science. – 2023. – № 192 (2). – P. 723-729.

40. Lau L.T., Fung Y.W., Wong F.P., et al. Development of multiplex nucleic acid sequence-based amplification for detection of human respiratory tract viruses // Journal of Virological Methods. – 2010. – № 168 (1-2). – P. 251-254.
41. Guk K., Yi S., Kim H., et al. Hybrid CRISPR/Cas protein for one-pot detection of DNA and RNA // Biosensors and Bioelectronics. – 2023. – № 219. – P. 114819.
42. Talwar C.S., Park K.H., Ahn W.C., et al. Detection of Infectious Viruses Using CRISPR-Cas12-Based Assay // Biosensors. – 2021. – № 11 (9). – P. 301.
43. Bi Q., Liu M., Yan L., et al. Progress in the application of isothermal amplification technology in the diagnosis of infectious diseases // Frontiers in Microbiology. – 2025. – № 16. – P. 1601644.
44. Piepenburg O., Williams C.H., Stemple D.L., Armes N.A. DNA detection using recombination proteins // PLoS Biology. – 2006. – № 4 (7). – P. e204.
45. Zhao Y., Yang J., Liu X., et al. Application of recombinase polymerase amplification with lateral flow assay to pathogen point-of-care diagnosis // Frontiers in Cellular and Infection Microbiology. – 2024. – № 14. – P. 1475922.
46. Khan P., Aufdembrink L.M., Engelhart A.E. PACRAT: pathogen detection with aptamer-observed cascaded recombinase polymerase amplification-in vitro transcription // RNA. – 2024. – № 30 (7). – P. 891-900.
47. Welch N.L., Zhu M., Hua C., et al. Multiplexed CRISPR-based microfluidic platform for clinical testing of respiratory viruses and identification of SARS-CoV-2 variants // Nature Medicine. – 2022. – № 28 (5). – P. 1083-1094.
48. Xiong M., Wang Y., Lu S., et al. Space-coded microchip for multiplexed respiratory virus detection via CRISPR-Cas12a and RPA // Talanta. – 2025. – № 291. – P. 127815.
49. Koryukov M.A., Kisakova L.A., Poryvaeva V.A., et al. A Novel Multiplex LAMP Assay for the Detection of Respiratory Human Adenoviruses // International Journal of Molecular Sciences. – 2024. – № 25 (13). – P. 7215.
50. Yan F., Zhang Y., Li D., et al. The value of loop-mediated isothermal amplification in diagnosing lower respiratory tract infections in children // Practical Laboratory Medicine. – 2025. – № 44. – P. e00463.

Вклад авторов: все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации.
Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.
Contribution of the authors: the authors contributed equally to this article.
The authors declare no conflicts of interests.

Статья принята к публикации 12.07.2026.
The article was accepted for publication 12.07.2026.

❑❑❑