



Т.Р. Аверкина, К.К. Мустафина, Б.А. Рамазанова, Е.А. Колоскова, А.К. Абдрахманова, Р.Р. Юсупов, З.М. Хандилла, У.Б. Искакова, Т.С. Бегадилова, А.А. Мусаева, Г.Н. Бейсегулова, А.С. Нурматова, А.С. Маматова
 Казахский национальный медицинский университет имени С.Д.Асфендиярова
 Алматы, Казахстан

ЭКОЛОГИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА МИКРОБИОЦЕНОЗА НОСОГЛОТКИ У ЛИЦ, ПЕРЕНЕСШИХ COVID-19 ИНФЕКЦИЮ

Резюме: В современном мире вирусы являются возбудителями основного числа острых инфекционных заболеваний дыхательных путей, которые уносят порядка 4-х миллионов человеческих жизней в год и наносят ущерб здоровью населения. В декабре 2019 года новой коронавирусной инфекцией SARS-CoV-2 была вызвана вспышка атипичных респираторных заболеваний в Китае. Заболевание COVID-19 стремительно распространилось по миру. В статье представлены результаты исследования 186-ти мазков из носоглотки, взятых у лиц, перенесших COVID-19 инфекцию, и произведена оценка состояния микробиоты носоглотки. Заинтересованность микробиотой обосновывается тем, что она представляет из себя своеобразный «орган», высокоорганизованную систему, реагирующую качественными и количественными сдвигами на динамическое состояние организма человека в различных условиях жизнедеятельности, здоровья и болезни. Согласно результатам исследования, у пациентов, перенесших COVID-19 инфекцию, наблюдаются структурные изменения микробиоты носоглотки, что позволяет предположить развитие дисбиотического процесса в организме человека и косвенно подтвердить снижение неспецифической резистентности организма под действием коронавирусной инфекции. В данной связи рекомендовать лицам, перенесших коронавирусную инфекцию, проведение микробиологической коррекции для повышения их иммунного статуса.

Ключевые слова: микробиота, микробиоценоз, носоглотка, COVID-19, SARS-CoV-2, дисбиоз.

Т.Р. Аверкина, К.К. Мустафина, Б.А. Рамазанова, Е.А. Колоскова, А.К. Абдрахманова, Р.Р. Юсупов, З.М. Хандилла, У.Б. Искакова, Т.С. Бегадилова, А.А. Мусаева, Г.Н. Бейсегулова, А.С. Нурматова, А.С. Маматова
 С.Ж. Асфендияров атындағы Қазақ ұлттық медицина университеті
 Алматы, Қазақстан

COVID-19 ИНФЕКЦИЯСЫМЕН АУЫРЫП ЖАЗЫЛҒАН АДАМДАРДЫҢ МҰРЫН-ЖҰТҚЫНШАҚ МИКРОБИОЦЕНОЗЫНЫҢ ЭКОЛОГИЯЛЫҚ СИПАТТАМАСЫ

Түйін: Бүгінгі таңда вирустар тыныс алу жолдарының жедел жұқпалы ауруларының негізгі қоздырғыштарының бірі болып саналады, одан жылына 4 миллионға жуық адам қаза табады және денсаулығына байланысты зардап шегеді. 2019 жылдың желтоқсан айында SARS-CoV-2 жаңа коронавирустық инфекциясы Қытайда тыныс алу жолдарының атипті ауруларының өршуіне себепші болды. COVID-19 бүкіл әлемге тез тарады. Баяндамада COVID-19 инфекциясынан жазылған 186 адамның мұрын-жұтқыншағынан алынған жағындылардың нәтижесі көрсетілді және мұрын-жұтқыншақ микробиотаның жағдайы бағаланды. Микробиотқа деген көзқарастың артуы себебі, тіршіліктің, денсаулықтың және аурудың әртүрлі жағдайларында адам ағзасының динамикалық жағдайына микробиотаның сапалық және сандық өзгеруімен әсер ететін жоғары ұйымдасқан жүйенің өзіндік «мүшесі» ретінде танылуында. Зерттеу нәтижелері бойынша, COVID-19 инфекциясын жұқтырған науқастарда коронавирустық инфекцияның әсерінен мұрын-жұтқыншақ микробиотында құрылымдық өзгерістер байқалған, бұл адам ағзасында дисбиотикалық процестің дамуын болжайды және жанама түрде организмнің бейспецификалық төзімділігінің төмендеуін растайды. Осыған байланысты, коронавирустық инфекциямен ауырған адамдарға иммундық жағдайын жақсарту үшін микробиологиялық түзетулер ұсынылады.

Түйінді сөздер: микробиота, микробиоценоз, мұрын-жұтқыншақ, COVID-19, SARS-CoV-2, дисбиоз

T.R. Averkina, K.K. Mustafina, B.A. Ramazanova, E.A. Koloskova, A.K. Abdrahmanova, R.R. Jusupov, Z.M. Handilla, U.B. Iskakova, T.S. Begadilova, A.A. Musaeva, G.N. Bejsegulova, A.S. Nurmatova, A.S. Mamatova
 Asfendiyarov Kazakh national medical university
 Almaty, Kazakhstan

ECOLOGICAL CHARACTERISTICS OF NASOPHARYNGEAL MICROBIOCENOSIS OF COVID-19 INFECTION AFFECTED PATIENTS

Resume: In the modern world, viruses are the causative agents of the main number of acute infectious diseases of the respiratory tract, which kill about 4 million people per year and damage population health. In December 2019, a new coronavirus infection SARS-CoV-2 led to outbreak of atypical respiratory diseases in China. COVID-19 disease has spread rapidly around the world. The article presents the results of a study of 186 nasopharyngeal smears taken from people who had COVID-19 infection, and an assessment of the nasopharyngeal microbiota's state. The interest in microbiota is justified by the fact that it is a kind of "organ", a highly organized system that reacts with qualitative and quantitative changes to the dynamic state of the human organism in various conditions of life, health and disease. According to the results of the study, patients who have had COVID-19 infection have structural changes in the nasopharyngeal microbiota, which suggests the development of a dysbiotic process in the human



organism and indirectly confirm a decrease in nonspecific resistance of the organism under the influence of coronavirus infection. In this regard, it is recommended that persons who have had a coronavirus infection undergo microbiological correction to increase their immune status.

Key words: microbiota, microbiocenosis, nasopharynx, COVID-19, SARS-CoV-2, dysbiosis.

В 2019 г. в г. Ухань (КНР) произошла вспышка новой коронавирусной инфекции. ВОЗ в 2020 г. присвоила ей официальное название - COVID-19. В этом же году Международный комитет по таксономии вирусов присвоил возбудителю название - SARS-CoV-2. Инфекция достаточно быстро распространилась по планете. Уже 13.03.2020 были официально зарегистрированы первые случаи инфекции в

Республике Казахстан, а 15.03.2020 был введен режим чрезвычайной ситуации. На рисунке 1 представлен сводный график по всем категориям инфицированных в РК за 2 года, где четко прослеживается их увеличение с течением времени и двумя плато с октября 2021 до января 2022 и с февраля 2022 до настоящего времени.

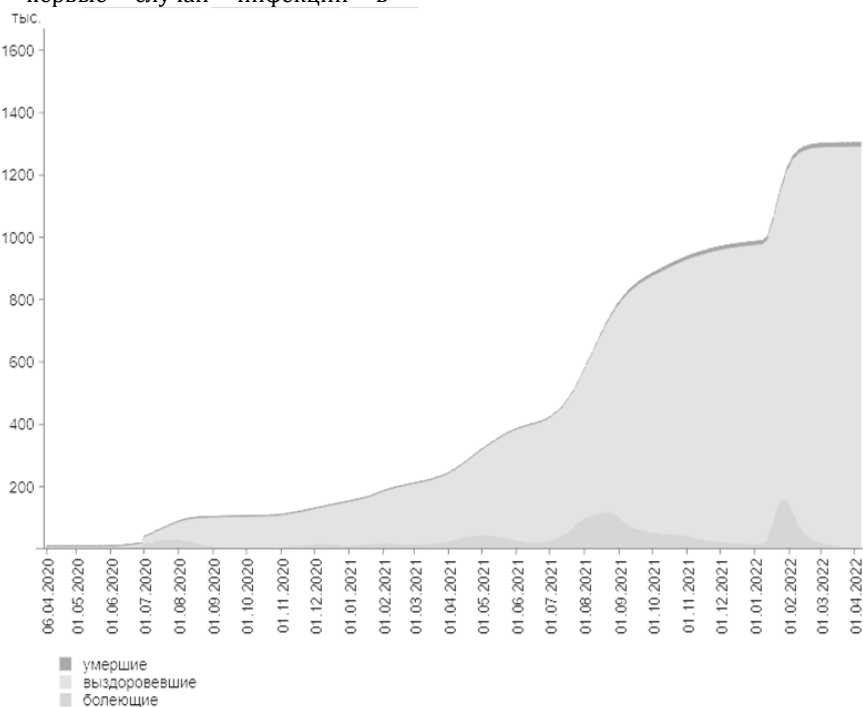


Рисунок 1- Сводный график по всем категориям инфицированных в РК за 2 года [1]

Ситуация на апрель 2022 года показывает, что по настоящее время инфекция остается актуальной, несмотря на смягчение карантинных мер: всего заражений – 6,8% от всего населения РК, процент выздоровевших составляет 98,9%, а смертельные случаи – 1,0% от всех заражений [1]. В мире же на 04.04.2022 г. складывается следующая ситуация: зараженных COVID-19 - 492 млн 448 тыс. человек, смертельные случаи - 6 млн 178 тыс., выздоровевших - 427 млн 763 тыс. человек [1].

Глобальное и стремительное распространение COVID-19 оказало влияние на все отрасли жизнедеятельности, и в частности, на здравоохранение во всем мире и позволило понять, что новые инфекции «не дремлют». Врачи и ученые всего мира получили новые представления о возбудителе, эпидемиологии, характере течения данного заболевания, диагностике, лечении и профилактике новой коронавирусной инфекции. Сложившаяся ситуация показала достаточно большой интерес исследователей всего мира к данной проблеме [2-3].

Поскольку новая коронавирусная инфекция затрагивает практически все органы и системы тела человека, лабораторная диагностика включает в себя общие биохимические анализы, с обязательным проведением коагулограммы, пульсоксиметрию для

выявления дыхательной недостаточности и оценки выраженности гипоксемии, исследование газов артериальной крови, рН, бикарбонатов, лактата. Из инструментальных методов диагностики используется компьютерная томография легких, рентгенографии грудной клетки, ЭКГ. Одним из важных компонентов диагностики является ПЦР биологического материала, взятого от пациента. Используются также **тест на антиген**, иммунохроматография, **тест на антитела** к коронавирусу, **экспресс-тест на коронавирус**. О проведении данных исследований свидетельствуют данные в различных источниках отечественной и зарубежной литературы [4-5].

Таким образом, можно сделать заключение, о том, что без комплексного изучения возникшей проблемы вряд ли можно рассчитывать на быстрое, успешное решение вопросов профилактики и борьбы с коронавирусной инфекцией, которая причиняет вред здоровью людей, имеет масштабный характер и наносит огромный экономический ущерб странам.

На фоне воздействия массового и не всегда контролируемого приема антибиотиков во время лечения коронавирусной инфекции возникают негативные тенденции, среди которых нарушение качественного и количественного пейзажа сложившихся микробных экосистем [6]. Особенно



серьезной проблемой становится активизация условно-патогенной флоры, причем одновременное персистирование в организме человека ассоциаций двух и более микроорганизмов, которые предположительно могут вызывать атипичную клиническую картину заболевания, усугублять тяжесть течения заболевания, осложнять лечение [7-8].

Микроорганизмы связаны между собой в пределах своей экосистемы (организм человека). Нормальная микробиота рассматривается как самостоятельный экстракорпоральный орган с определенной анатомической структурой и функциями и может служить косвенным показателем состояния организма в целом, а дисбиоз микробиоты приводит ко многим заболеваниям поскольку микробиота играет роль в индукции иммунной системы [9].

В проспективном исследовании, опубликованном в журнале «Frontiers in Cellular and Infection Microbiology» было показано, что микробиом кишечника у пациентов, инфицированных SARS-CoV-2, характеризовался более низким бактериальным богатством и отчетливыми различиями в составе микробиома кишечника, включая обогащение типов Proteobacteria и Bacteroidetes и уменьшение числа актинобактерий по сравнению с пациентами, отрицательными к SARS-CoV-2 [10]. В другом исследовании изучался состав фекального микробиома и функциональность микробиома в связи с признаками фекальной инфекционности SARS-CoV-2. Было выявлено, что микробиота кишечника пациентов с активной инфекцией ЖКТ SARS-CoV-2 характеризовалась обогащением условно-патогенными микроорганизмами и потерей нормальных симбионтов [10].

Был проведен систематический обзор о микробиоме и COVID-19. В 543 статьях были описаны микробиом кала, мазков из носоглотки или зева, жидкости бронхоальвеолярного лаважа, легочной ткани. У пациентов с COVID-19 был выявлен дисбиоз

фекального микробиома за счет увеличения количества условно-патогенных микроорганизмов. Аналогичная ситуация прослеживалась и с микробиомом легких. При этом, отмечалось, что связь между тяжестью COVID-19 и микробиомом человека оставалась неопределенной. Выводом же послужило заявление о том, что необходимы дальнейшие исследования для выяснения влияния микробиома человека на патогенез заболевания [11].

Материалы и методы: Были обследованы 186 пациентов с COVID-19 инфекцией, ПЦР-положительным статусом на базе инфекционных, провизорных и городских поликлиник г. Алматы. Исследование получило одобрение Локальной этической комиссии КазНМУ им. С.Д. Асфендиярова. Было проведено наблюдательное аналитическое продольное исследование по изучению микробиоты носоглотки у лиц, перенесших COVID-19 инфекцию. Микробиота носоглотки совершеннолетних пациентов, переболевших коронавирусной инфекцией, была исследована на момент выписки из ковидного стационара. Сбор материала из носоглотки проводили по общепринятой методике [12]. Далее выделяли чистую культуру микроорганизмов, используя посев взятого материала на кровяной агар, МПА, ЖСА, среды Сабуро и Эндо, кукурузный агар. Проводили микроскопию, биохимические и серологические тесты. Выделенные микроорганизмы идентифицировали согласно справочным материалам Bergey [13]. В исследовании были использованы методы статистической обработки, включающие формулы экологической характеристики микробиоты [14].

Результаты и обсуждение: Всего обследованных – 186 человек с ПЦР-положительным статусом. В большинстве это были женщины (62,9% от всех обследованных). Возраст обследованных был ранжирован в соответствии с классификацией ВОЗ (2015) и представлен в таблице 1.

Таблица 1 - Распределение по возрасту обследованных пациентов (абс/%)

Возраст	Количество	
	Абс число	%
молодой (18-44)	17	9,14
средний (45-59)	24	12,90
пожилой (60-74)	82	44,09
старческий (75-90)	61	32,80
долгожители (старше 90)	2	1,08

Данные таблицы соответствуют данным о том, что в большинстве своем коронавирусной инфекции подвержены лица пожилого возраста. 68,3% пациентов имели сопутствующую патологию различных органов и систем. Чаще всего встречалась патология сердечно-сосудистой системы (75,8%). Анализ данных литературы по клиническому опыту ведения пациентов с COVID-19 позволил выделить несколько препаратов этиологической направленности, которые, как правило,

использовались в комбинации. Согласно протоколам лечения все пациенты прошли лечение антибактериальными препаратами: фуразолидон, цефтриаксон, цефазолин, сумамед, левофлоксацин, меропенем, ампициллин, цефуроксим [15]. При этом, 47,3% обследованных принимали такой препарат, как цефтриаксон.

В таблице 2 представлено распределение выделенных микроорганизмов из носоглотки обследованных по родам и частота их выделения.

Таблица 2 - Распределение микроорганизмов из носоглотки обследованных по родам и частота их выделения

Микроорганизмы	Количество	
	абс	%
Staphylococcus	80	43,0
Candida	72	38,7
Corynebacterium	46	24,7



Streptococci (Beta-hemolytic)	18	9,6
Streptococci (Alpha-hemolytic)	15	8,1
Escherichia	14	7,5
Enterococcus	10	5,4
Pseudomonas	2	1,1
Sarcina	1	0,5

При изучении смывов прослеживается преобладание грамположительной флоры в микробиоценозе носоглотки и, в частности, бактерий рода *Staphylococcus* и грибов рода *Candida* (43,0% и 38,7% соответственно). В меньшем проценте случаев встречались сарцины (0,5%) и синегнойная палочка (1,1%). Эти данные показывают показатель встречаемости микроорганизмов в биоценозе. В зависимости от данного показателя микробы распределяли на постоянные - встречаемость > 50%, дополнительные - 25-50% и случайные - < 25%. Таким образом, у пациентов, перенесших COVID-19 инфекцию, основных постоянных представителей микробиоценоза носоглотки нет, в то время, как у здоровых людей постоянными представителями носоглотки являются стафилококки и коринебактерии. Как показали полученные нами данные, всех представителей микробиоценоза у лиц, перенесших коронавирусную инфекцию, можно

отнести к дополнительным или случайным видам [16]. При этом, происходит снижение встречаемости основных видов - стафилококков и коринебактерий, и существенное преобладание грибов рода кандиды. В меньшем проценте случаев встречаются «виды-наполнители». Видимо, в микробиоценозе носоглотки имеет место замещение одних видов микробов на другие.

Экологическая характеристика микробиоценоза носоглотки также рассматривалась с позиции расселения микроорганизмов в биотопе. При этом определялись показатели доминирования, разнообразия микроорганизмов и их экологического сходства.

Для характеристики значимости микроорганизма в биоценозе использовали индекс доминирования (ИД) того или иного вида в структуре микробного сообщества [17].

Таблица 3 - Показатели ИД и ИВР в микробиоценозе носоглотки обследованных лиц

Микроорганизмы	ИД
<i>Staphylococcus</i>	24,1
<i>Streptococcus</i> (Beta-hemolytic)	10,6
<i>Candida</i>	9,6
<i>Sarcina</i>	9,4
<i>Corynebacterium</i>	5,0
<i>Escherichia</i>	2,5
<i>Pseudomonas</i>	1,9
<i>Streptococcus</i> (Alpha-hemolytic)	1,5
<i>Enterococcus</i>	0,003

Из таблицы 3 можно увидеть подтверждение вышесказанному. Наибольший ИД отмечен у стафилококков, стрептококков, грибов рода *Candida* и сарцин (ИД=24,1; 10,6; 9,6 и 9,4 соответственно). Из нормальных представителей микробиоты меньший ИД отмечался у коринебактерий (ИД=5,0). Далее нишу заполняли «виды-наполнители»: *Escherichia*, *Pseudomonas*, *Enterococcus* (ИД=2,5; 1,9; 0,003). Данные показатели, видимо, можно объяснить длительным приемом достаточно больших доз антибактериальных препаратов и, как следствие, сдвигом в микробиоценозе носоглотки, а также возрастом пациентов и снижением напряженности защитных сил слизистой оболочки и мукоцилиарного клиренса [16].

Существенной характеристикой сообщества являлось видовое разнообразие микроорганизмов (ИВР). Данный индекс использовали для оценки стабильности микробиоценоза. В нашем исследовании он составил 1,1, что свидетельствует о низком видовом разнообразии исследуемого биоценоза и его нестабильности. Видимо, это также объясняется приемом антибактериальных препаратов и снижением защитных сил организма. Этот вывод можно сделать на основании того, что видовое разнообразие микробов, наоборот, идет в тесном контакте с формированием иммунной системы [10, 16].

Для выявления экологического сходства различных условно-патогенных видов бактерий исследовали частоту выделения их попарно, используя при этом коэффициент Жаккара ($g=0-100\%$). При $g < 30\%$ взаимоотношения рассматривались, как антагонистические, а выше 30% - как синергидные. Коэффициент Жаккара варьировал от 14,1% в ассоциации *Candida*+ *Staphylococcus* до 0% в ассоциациях *Candida*+ *Sarcina*, *Escherichia*+ *Streptococci*, *Escherichia* + *Sarcina*, *Escherichia* + *Enterococcus*, *Escherichia* + *Pseudomonas*, *Streptococci* + *Staphylococcus*, *Streptococcus* (Alpha-hemolytic) + *Sarcina*, *Streptococci* + *Pseudomonas*. Давая характеристику данному биотопу, и принимая во внимание данные коэффициента Жаккара, было установлено, что все выделенные микроорганизмы обладали антагонистической способностью по отношению друг к другу и, следовательно, не обладали экологическим сходством. Эти данные подтверждают, что все выделенные микробы являются в данной ситуации дополнительными видами или «видами-наполнителями» и не могут существовать в нормальном микробиологическом сообществе, как это показано в различных литературных источниках [10, 16]

Таким образом, выявленные изменения в микробиоценозе носоглотки лиц, перенесших коронавирусную инфекцию, свидетельствуют о



развитии дисбиоза в одном из биотопов тела человека, определяют III тип биоценоза и косвенно свидетельствуют о снижении неспецифической резистентности организма поскольку микробиота является одним из ее факторов. В данной связи можно рекомендовать лицам, перенесших коронавирусную инфекцию проведение микробиологической коррекции для повышения их иммунного статуса.

Выводы:

1. У пациентов, перенесших коронавирусную инфекцию, обнаружена структурная перестройка микробиоценоза носоглотки, проявляющаяся в снижении значимости нормальных симбионтов (стафилококков и коринебакетрий) и увеличением значимости условно-патогенных микроорганизмов (грибов рода кандиды).

2. Результаты проведенной экологической характеристики микробиоценоза носоглотки позволяет предположить возникновение дисбиотического процесса в организме человека, ведущего к снижению неспецифической резистентности организма.

3. Рекомендовать пациентам, перенесших коронавирусную инфекцию, проведение микробиологической коррекции микробиоты организма целью повышения их иммунного статуса.

Вклад авторов. Все авторы принимали равносильное участие при написании данной статьи.

Конфликт интересов – не заявлен.

Данный материал не был заявлен ранее, для публикации в других изданиях и не находится на рассмотрении другими издательствами.

При проведении данной работы не было финансирования сторонними организациями и медицинскими представительствами.

Финансирование – не проводилось.

Авторлардың үлесі. Барлық авторлар осы мақаланы жазуға тең дәрежеде қатысты.

Мүдделер қақтығысы – мәлімделген жоқ.

Бұл материал басқа басылымдарда жариялау үшін бұрын мәлімделмеген және басқа басылымдардың қарауына ұсынылмаған.

Осы жұмысты жүргізу кезінде сыртқы ұйымдар мен медициналық өкілдіктердің қаржыландыруы жасалған жоқ.

Қаржыландыру жүргізілмеді.

Authors' Contributions. All authors participated equally in the writing of this article.

No conflicts of interest have been declared.

This material has not been previously submitted for publication in other publications and is not under consideration by other publishers.

There was no third-party funding or medical representation in the conduct of this work.

Funding - no funding was provided.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- 1 Coronavirus in Kazakhstan - Statistics Charts. <https://index.minfin.com.ua/reference/coronavirus/geography/kazakhstan/> (accessed 14.04.2022).
- 2 Yuki, K., Fujiogi, M., Koutsogiannaki, S. COVID-19 pathophysiology: A review. *Clinical immunology*. 2020; 32(215).
- 3 Alimohamadi, Y. Determine the most common clinical symptoms in COVID-19 patients: a systematic review and meta-analysis. *Journal of preventive medicine and hygiene*. 2020;32(61):304.
- 4 Alimohamadi, Y., Sepandi, M., Taghdir, M., & Hosamirudsari, H. Determine the most common clinical symptoms in COVID-19 patients: a systematic review and meta-analysis. *Journal of preventive medicine and hygiene*. 2020; 61(3):304-312.
- 5 Li, Y. C., Bai, W.Z., Hashikawa, T. The neuroinvasive potential of SARS-CoV2 may play a role in the respiratory failure of COVID-19 patients. *Journal of medical virology*. 2020; (92):552-555.
- 6 Chedid, M. Antibiotics in treatment of COVID-19 complications: a review of frequency, indications, and efficacy. *Journal of infection and public health*. 2021; 14(2):570-576.
- 7 Jamwal, S. An updated insight into the molecular pathogenesis, secondary complications and potential therapeutics of COVID-19 pandemic. *Life sciences*. 2020; 32(257):118105.
- 8 Sharifipour, E. Evaluation of bacterial co-infections of the respiratory tract in COVID-19 patients admitted to ICU. *BMC infectious diseases*. 2020; (20):1.
- 9 Libertucci, J., Young, V.B. The role of the microbiota in infectious diseases. *Nature Microbiology*. 2019;(4):35-45.
- 10 Kuznetsova, T. A. Intestinal microbiota and its relationship with the course of coronavirus infection. <https://white-product.com/info/news/mikrobiota-kishechnika-i-ee-svyaz-s-techeniem-koronavirusnoy-infektsii-chast-1/> (accessed 14.04.2022).
- 11 Yamamoto, S., Saito, M., Tamura, A., Prawisuda, D., Mizutani, T., Yotsuyanagi, H. The human microbiome and COVID-19: A systematic review. *PLoS one*. 2021;(16).
- 12 Satzke, C., Turner, P., Virolainen-Julkunen, A., Adrian, P.V., Antonio, M., Hare, K.M. Standard method for detecting upper respiratory carriage of *Streptococcus pneumoniae*: Updated recommendations from the World Health Organization Pneumococcal Carriage Working Group. *Vaccine*. 2013; 32(1):165-179.
- 13 Vos P., Garrity G., Jones D., Kreig N.R., Ludwig W. *Bergey's manual of systematic bacteriology*. 2011;3.
- 14 Chuiko V., Khaskhachykh D. Determination of the Condition of "Normocenosis" on the Results of a Prospective Bacteriological Study of the Dairy Glands in Families in the Dynamics of 7 Days of Post-natal Period. *ScienceRise: Medical Science*. 2019;31:35-38.
- 15 Clinical protocol for the diagnosis and treatment of coronavirus infection COVID-19. https://www.gov.kz/uploads/2020/7/18/4cdd145671895d1bd8e58914117c93dc_original.2463851.pdf (accessed 14.04.2022).
- 16 Lopatin A.S., Azizov I.S., Kozlov R.S. Microbiome of the nasal cavity and paranasal sinuses in normal and pathological conditions. Part I. *Russian rhinology*. 2021;29(1):23-30.
- 17 Kefi S. Advancing our understanding of ecological stability. *Ecology Letters*. 2019;22(9):1349-1356.

**Сведения об авторах****Аверкина Танира Ринатовна / Averkina Tanira Rinatovna**

Магистрант 2-го курса КазНМУ им. С.Д. Асфендиярова

Специальность: «Биомедицина»

Адрес: Казахстан, г. Алматы

e-mail: sagitovat9@gmail.com

ORCID 0000-0002-4710-3512

Рамазанова Бахыт Амануolloвна / Ramazanova Bakhit Amanullovna

-д.м.н., профессор,

-зав. кафедрой микробиологии, вирусологии КазНМУ им. С.Д.

Асфендиярова

-b.ramazanova@kaznmu.kz

-г. Алматы, Казахстан,

ORCID 0000-0002-4014-4215

Мустафина Камиля Камаловна / Mustafina Kamilya Kamalovna

-к.м.н., доцент,

-профессор кафедры микробиологии, вирусологии КазНМУ

им. С.Д. Асфендиярова

-mustafina.k@kaznmu.kz

-г. Алматы, Казахстан,

ORCID 0000-0001-8861-4047

Колоскова Екатерина Александровна / Koloskova Yekaterina Aleksandrovna

-PhD

-доцент кафедры микробиологии, вирусологии КазНМУ им.

С.Д. Асфендиярова

-koloskova.e@kaznmu.kz

-г. Алматы, Казахстан,

ORCID 0000-0002-6329-5032

Абдрахманова Айгуль Каметовна / Abdrakhmanova Aigul Kametovna

Кандидат медицинских наук

Главный врач ГКП на ПВХ ГКИБ им. И. Жакеновой

Адрес: Казахстан, г. Алматы

e-mail: a.kamet@mail.ru

ORCID 0000-0002-6332-9503

Юсупов Рустам Рахимович / Yussupov Rustam Rahimovich

-к.м.н.

-доцент кафедры микробиологии, вирусологии КазНМУ им.

С.Д. Асфендиярова

-r.yussupov@kaznmu.kz

-г. Алматы, Казахстан,

ORCID 0000-0002-1899-2146

Хандилла Замзагуль Мырзановна / Handilla Zamzagul Mirzanovna

-магистр по специальности «Здравоохранение»

-лектор кафедры микробиологии, вирусологии КазНМУ им.

С.Д. Асфендиярова

-handilla.z@kaznmu.kz

-г. Алматы, Казахстан,

ORCID 0000-0001-8798-2059

Искакова Улжан Бекболатовна / Iskakova Ulzhan Bekbolatovna

-лектор кафедры микробиологии, вирусологии КазНМУ им.

С.Д. Асфендиярова

-iskakova.u@kaznmu.kz

-г. Алматы, Казахстан,

ORCID 0000-0003-0082-0968

Берадилова Толкын Сембаевна / Begadilova Tolkyn Sembayevna

-к.м.н.

-доцент кафедры микробиологии, вирусологии КазНМУ им.

С.Д. Асфендиярова

-begadilova.t@kaznmu.kz

-г. Алматы, Казахстан,

ORCID 0000-0002-3287-2263

Мусаева Айжан Аблаевна / Mussaeva Aizhan Ablayovna

-магистр по специальности «Медицина»

-лектор кафедры микробиологии, вирусологии КазНМУ им.

С.Д. Асфендиярова

-mussaeva.a@kaznmu.kz

-г. Алматы, Казахстан, ORCID 0000-0003-4348-8985

Бейсегулова Гулжан Нуркапызовна / Beissegulova Gulzhan Nurkapuzovna

-магистр по специальности «Сестринское дело»

-лектор кафедры микробиологии, вирусологии КазНМУ им.

С.Д. Асфендиярова

-g.beisegulova@kaznmu.kz

-г. Алматы, Казахстан,

ORCID 0000-0002-7397-2762

Нурматова Айгерим Салыбековна / Nurmatova Aigerim Salybekovna

Докторант 1-го КазНМУ им. С.Д. Асфендиярова

ГКП на ПВХ ГКИБ им. И. Жакеновой, врач-ординатор

Адрес: Казахстан, г. Алматы

e-mail: gu.gkib@gmail.ru

ORCID 0000-0001-5988-7855

Маматова Алия Серикжановна / Mamatova Aliya Sericzhanovna

-PhD

-доцент кафедры микробиологии, вирусологии КазНМУ им.

С.Д. Асфендиярова

-mamatova.a@kaznmu.kz

-г. Алматы, Казахстан, ORCID 0000-0002-7171-0537