

Сравнительное изучение бета-лактамаз *E.coli* и Сальмонелл

Ананич Злата Сергеевна

Белорусский государственный медицинский университет, Минск

Научный(-е) руководитель(-и) – кандидат медицинских наук, доцент Слизень Вероника

Вячеславовна, Белорусский государственный медицинский университет, Минск

Введение

В настоящий момент отмечается тенденция к подъему уровня резистентности патогенных микроорганизмов к карбапенемам и цефалоспорином третьего поколения. Резистентность к бета-лактамам обеспечивают бактериальные бета-лактамазы, генетические детерминанты которых могут передаваться в процессе горизонтального переноса генов.

Цель исследования

Оценить сходство/различие бета-лактамаз *E.coli* и *Sallmonela enterica*.

Материалы и методы

Проведен анализ литературы и определены бета-лактамазы, которые могут встречаться у *E.coli* и *Salmonella enterica*. Изучено сходства/различия в последовательности нуклеотидов генов бета-лактамаз *E.coli* и *Salmonella enterica*. Первичную структуру генов получали из баз проекта Human Microbiome Project (<http://www.hmpdacc.org>) и NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>). Выравнивание и филогенетический анализ генов, оценку сходства/различий генов проводили с использованием программы MEGA7.

Результаты

У *E.coli* описаны как сериновые, так и металло-бета-лактамазы. У *E.coli* могут встречаться цефалоспорины AmpC, плазмидно-кодируемые б-лактамазы класса C: MIR-1, BIL-1, MOX-1, FOX-1, группы 2b - TEM-1, TEM-2 и SHV-1, группы 2be - более 80 производных TEM-1, TEM-2 и SHV-1 (бета-лактамазы расширенного спектра действия), группы 2br - SHV-10, карбапенемазы класса A - KPC, карбапенемазы класса D - OXA-48. Из металло-бета-лактамаз у *E.coli* могут встречаться карбапенемазы класса B: VIM, IMP, NDM.

У представителей сальмонелл описаны blaTEM-1, blaSHV-1, blaOXA, blaCTX-M, blaAMPС, blaPSE, blaKPC-1.

Бета-лактамазы KPC-1, CTX-M, TEM-1, SHV-1, blaOXA присутствуют и у *E.coli* и у *Salmonella spp.* Филогенетический анализ blaTEM, blaSHV, blaOXA, blaCTX-M, blaAMPС, встречающихся у *E.coli* и сальмонелл, свидетельствует об определенном структурном сходстве каждой из этих генетических детерминант, что подтверждает существование активного горизонтального переноса генов бета-лактамаз в семействе энтеробактерий.

Выводы

Изучение генов, кодирующих бета-лактамазы, и вскрытие механизмов горизонтального переноса в перспективе позволит ограничить горизонтальный внутривидовой и межвидовой перенос генов устойчивости, разработать способы понижения резистентности микроорганизмов к антибиотикам данного ряда.