

Шульга А. С.

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕТЕРМЕНАНТ УСТОЙЧИВОСТИ К АНТИБИОТИКАМ РАЗЛИЧНЫХ КЛАССОВ У САЛЬМОНЕЛЛ

Научный руководитель: канд. мед. наук, доц. Слизень В. В.

Кафедра микробиологии, вирусологии, иммунологии

Белорусский государственный медицинский университет, г. Минск

Актуальность. Динамическое наблюдение за уровнем антибиотикорезистентности возбудителей инфекционных заболеваний является одним из приоритетных направлений медицинской науки, в связи с важностью этих знаний для разработки схем эмпирической терапии, разработки политики закупки и использования противомикробных лекарственных средств.

Цель: наблюдение за циркулирующими серовариантами сальмонелл, с целью ограничения распространения устойчивых к антибиотикам вариантов.

Материалы и методы. Изучены 98 культур сальмонелл. Экстракцию ДНК проводили инкубацией бактериальной петли чистой культуры сальмонелл при 98 °С в течение 10 минут в 5% суспензии Chelex-100 в 1хТАЕ буфере, далее центрифугировали 13000 g – 10 мин. Детекцию генов устойчивости к антибиотикам различных классов *tem*, *shv*, *оха*, *tet A*, *tet B*, *tet G*, *ctxM* проводили методом ПЦР. Наличие продуктов амплификации выявляли электрофорезом 12 мкл образцов в 1,5% агарозном геле с бромидом этидия (0,5 мкг/мл). Для определения резистентности к антибиотикам изучаемых серовариантов использовали метод разведений в агаре.

Результаты и их обсуждение. Была оценена распространенность генетических детерминант резистентности к антибиотикам различных классов, обусловленная генами *tem*, *shv*, *оха* (устойчивость к бета-лактамам антибиотикам), *tet - A*, *B*, *G* (устойчивость к тетрациклинам), *ctxM* (устойчивость к цефалоспорином третьего поколения), и охарактеризована связь между присутствием генов устойчивости и спектром фенотипической резистентности. Были тестированы 98 культур *Salmonella enterica*, относившихся к различным серовариантам. Наличие генов *tet - A*, *B*, *G* в ПЦР подтверждалось образованием ампликонов размером 956, 600, 391 п. о. соответственно. Гены *tetA* и *tetB* присутствовали у 11,3% и 35% изученных изолятов соответственно, ген *tetB* более широко распространен среди резистентных к тетрациклинам сальмонелл. У 21 (21,4%) исследованной культуры выявлен ген *blaTem*, о наличии которого в процессе ПЦР свидетельствовали ампликоны размером 800 п. о. У одной культуры выявлен ген *ctxM*, обуславливающий устойчивость к цефалоспорином третьего поколения. Была оценена резистентность сальмонелл методом разведений в агаре. Уровни резистентности зависели от группы антибиотика и составляли: к амоксиклаву - 13,2±3,4%, тикарциллину - 41,8±5,0%, ампициллину - 54,1±5,03%, цефотаксиму 11,2±3,2%, цефтриаксону 17,3±3,8%, цефепиму - 0%, тетрациклину - 38,8±4,9%, левомицетину - 25,5±4,4%, налидиксовой кислоте - 61,2±4,9%, ципрофлоксацину - 2,1±1,48%, фуразолидону - 0%.

Выводы. Наиболее активными в отношении сальмонелл в 2016 году были фуразолидон, ципрофлоксацин, цефалоспорины третьего поколения, цефепим, амоксилав. В ходе исследования выявлена широкая распространенность среди изученных изолятов сальмонелл генетически обусловленной устойчивости к тетрациклинам – 46,25%, к пенициллинам – 21,4%.