

Мовкаленко Е.В.

**ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА *SHIGELLA SONNEI*,
ВЫДЕЛЕННЫХ В ГОРОДЕ ЧАУСЫ МОГИЛЁВСКОЙ ОБЛАСТИ**

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

Кафедра микробиологии, вирусологии, иммунологии

Белорусский государственный медицинский университет, г. Минск

Актуальность. Уменьшение показателя инцидентности бактериальных диарей – одна из основных особенностей современных кишечных инфекций, что обусловлено минимизацией «участия человека» на производственных этапах приготовления пищи, ужесточением требований по предупреждению возможной контаминации продуктов питания на производстве, при этом у детей стал доминировать контактный путь передачи ОКИ. В Республике Беларусь, согласно данным многолетней динамики, происходит снижение заболеваемости шигеллезами: в 2016 году показатель заболеваемости дизентерией Флекснера населения составил 0,095 ‰; в 2017 – 0,053 ‰, в 2018 – 0 ‰, дизентерией Зонне – 2016 – 0,105 ‰, 2017 – 0,116 ‰, а в 2018 – 0,15 ‰. В декабре 2019 года в городе Чаусы Могилевской области зарегистрирована вспышка шигеллеза, вызываемого *Shigella sonnei*, что диктует необходимость проведения эпидемиологического расследования вспышки и изучения генетических особенностей выделяемых штаммов *S. sonnei*.

Цель: провести генетическое типирование *Shigella sonnei* и установить источники инфекции, а также пути и факторы передачи шигеллеза во время вспышки инфекции в г. Чаусы Могилевской области.

Материалы и методы. В качестве объектов исследования использовали 35 штаммов шигелл, изолированных от пациентов во время вспышки в г. Чаусы и предоставленных Могилевским зональным центром эпидемиологии и микробиологии. Типирование шигелл проводили с помощью ПЦР, для чего экстрагировали бактериальную ДНК в 5% растворе Chelex-100-1хТАЕ буфере. Типирование шигелл проводили по следующим детерминантам: 1) RAPD-повторам (использован арбитражный праймер P1254); 2) ERIC-повторам; 3) структуре интегрона 1; 4) генам резистентности к антибиотикам (бета-лактамам - blaSHV, blaOXA, тетрациклам - tetA, tetB, триметоприму - dfr, аминогликозидам - aphA1, aadAB, сульфаниламидам - sul1); 5) гену шига-токсина - stx. Для статистической обработки использованы программы Microsoft Office Excel, 2010 и «Статистика 10».

Результаты и их обсуждение. Анализ фрагментов, образуемых в процессе амплификации, позволил установить, что у исследуемых шигелл присутствовали гены SHV, OXA, о наличии которых свидетельствовали ампликоны 392 и 619 п.о. соответственно. Гены tetB, tetA, OXA, sul1 не были выявлены, в связи с отсутствием образования ампликонов соответствующего размера - 956, 600, 619, 500 п.о. Устойчивость к антибиотикам и сульфаниламидам у энтеробактерий может быть сопряжена с присутствием интегрона класса 1, который может содержать различные наборы генов устойчивости, что приводит к формированию ампликонов различных размеров в процессе амплификации интегрона класса 1. У исследованных шигелл присутствовали элементы интегрона 1. У всех штаммов присутствует ампликон размером 200 п.о. и менее выраженный ампликон размером 1000 п.о., который может обуславливать фенотип устойчивости SUL-STR-SPT-CHL-SXT (AMP; CEF; GEN; KAN; TET) или SUL-STR-SPT-CHL-KAN-SXT-TET. В ходе амплификации stx гена, кодирующего шига-токсин, образовывалось два фрагмента, что говорит об отсутствии генетических детерминант шига-токсина, однако, в геноме шигелл присутствуют генетические детерминанты, проявляющие некоторое сходство с генами, кодирующими классический шига-токсин. В ходе проведения RAPD – ПЦР и ERIC-ПЦР образовывались идентичные фрагменты ДНК

Выводы. Полученные данные подтверждают генетическую идентичность, исследованных изолятов шигелл, что свидетельствует об общем источнике инфекции и вспышечном характере заболеваемости.