

М.А. Шкурат, К.А. Коваленко, И.О. Покудина

## РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ ГЕНОВ БЕТА-ЛАКТАМАЗ У ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ВНЕБОЛЬНИЧНЫХ ИНФЕКЦИЙ

Академия биологии и биотехнологии Южного федерального университета  
Россия, 344090, г. Ростов-на-Дону, пр. Стачки, 194/1  
e-mail: ipokudina@mail.ru

Проблема возникновения и распространения устойчивости к  $\beta$ -лактамам антибиотикам у клинически значимых видов микроорганизмов имеет чрезвычайно важное значение, поскольку  $\beta$ -лактамы являются наиболее часто используемыми препаратами для лечения бактериальных инфекций (Токаjian S. et.al, 2015). Основным механизмом резистентности к  $\beta$ -лактамам у грамотрицательных микроорганизмов является продукция  $\beta$ -лактамаз широкого и расширенного спектра действия (БЛРС), гидролизующих  $\beta$ -лактамно-аминокислотное кольцо.

Гены, кодирующие БЛРС, в основном расположены на мобильных генетических элементах, что способствует их быстрому распространению среди возбудителей внутри- и внебольничных инфекций, преимущественно у *E. coli* и *Klebsiella* spp. (Pfeifer et al., 2010). В настоящее время распространение этих ферментов среди возбудителей инфекционных заболеваний человека приняло угрожающий характер по всему миру (Breuges et. al, 2013). Важнейшим мероприятием для предотвращения негативных последствий этого являются исследования формирования и распространения антибиотикорезистентности, как многоцентровые, так и локальные.

Целью данного исследования было выявление генов-маркеров резистентности к  $\beta$ -лактамам препаратами у *E. coli* (22 изолята) и *Klebsiella pneumoniae* (36 изолятов), выделенных из биопроб амбулаторных пациентов г. Ростова-на-Дону. Критерием включения изолятов в исследование служило снижение чувствительности хотя бы к одному из  $\beta$ -лактамов до уровня, предлагаемого Национальным комитетом по клиническим лабораторным стандартам США – CLSI (Clinical and Laboratory Standards Institution, 2007).

Первичная информация о наличии и характере  $\beta$ -лактамаз у исследуемых изолятов была получена на основании анализа профилей чувствительности к  $\beta$ -лактамам антимикробным препаратам. Интерпретация результатов фенотипического исследования показала, что 46% изолятов *E. coli* и 57% *K. pneumoniae* экспрессируют фенотип цефалоспориноаз, ферментов, доминирующих в семействе БЛРС и представляющих наибольшую угрозу цефалоспоринозам.

Для точной детекции  $\text{bla}_{\text{CTX-M}}$  генов, все изоляты были исследованы с помощью ПЦР (наборы ООО НПО «Литех»). Положительные результаты амплификации наблюдались у 100% *E. coli* и 95% *K. pneumoniae*, экспрессирующих фенотип БЛРС. Таким образом, устойчивость к цефалоспоринозам у исследованных изолятов бактерий связана с продукцией БЛРС СТХ-М, что является фактором, способствующим распространению штаммов с антимикробной устойчивостью среди пациентов стационаров, здоровых лиц и контаминации окружающей среды.

Исследование выполнено при поддержке Министерства образования и науки Российской Федерации в рамках базовой части государственного задания в сфере научной деятельности № 1878 «Разработка фундаментальных аспектов молекулярной диагностики и митохондриальной фармакологии».