

ДЕТЕКЦИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕТЕРМИНАНТ УСТОЙЧИВОСТИ МИКРООРГАНИЗМОВ К БИОЦИДАМ

Ю. В. САВЧУК, В. В. СЛИЗЕНЬ

There is no clear hypothesis explaining the mechanisms of bacterial resistance to biocides nowadays. In this work an attempt was made to improve the diagnosis and monitoring of the spread of resistance to biocides among pathogens of purulent-septic infections. High prevalence of biocide resistance associated genes *smr* (94%) and *qac A/B* (75%) in MRSA enhance their adaptation to hospital environment and increases their virulence

Ключевые слова: MRSA, внутрибольничные инфекции (ВБИ), генотипирование

В настоящее время у устойчивых к метициллину стафилококков (MRSA) уровни и механизмы устойчивости к биоцидам остаются недостаточно изученными как в РФ, так и в мире, что делает акту-

альным выявление распространенности ассоциированных с устойчивостью к дезинфектантам генов *qacA/B*, *smr* [1].

В работе исследованы культуры MRSA (n=32), проявляющие устойчивость к антисептикам и дезинфектантам и полученные из ЦГЭ и ОЗ г. Минска. Для выявления распространенности среди MRSA плазмид проводили экстракцию пДНК методом щелочного лизиса и нейтрализации с последующими сорбцией на силиконе и десорбцией. С целью детекции генов *qacA/B* и *smr* использовали однопраймерную ПЦР. Эволюционный анализ генов *qacA/B* и *smr*, источником сиквенсов которых являлся международный банк геномов NCBI GeneBank, осуществляли с использованием метода UPGMA и программы MEGA 5.03 [2].

Было установлено, что среди исследованных MRSA ген *smr* выявлен у 94% (n=30) штаммов, ген *qac A/B* – у 75% (n=24) штаммов. Наблюдается более высокая частота встречаемости генов *qacA/B* и *smr* у резистентных к метициллину стафилококков (по сравнению с неустойчивыми по отношению к метициллину штаммами), обуславливающая высокие адаптационные возможности этих биовариантов к внутрибольничным условиям и проводимым в них противомикробным мероприятиям.

Проведенный биоанализ сиквенсов плазмидных генов *qacA/B* и *smr* подтверждает существование четких генетических групп, что свидетельствует о независимом приобретении этих генов несколькими изолированными штаммами-предшественниками.

Таким образом, в рамках проведенной работы усовершенствован метод экстракции плазмид у стафилококков и других микроорганизмов, разработаны методы ПЦР-детекции плазмидных генов *qacA/B* и *smr*, ассоциированных с устойчивостью к дезинфектантам, которые позволяют по присутствию ампликонов размером 350 п.о. проводить детекцию *qacA/B* и *smr* генетической детерминанты; установлена частота встречаемости генов *qacA/B* и *smr* среди MRSA, показатели которой являются более высокими в сравнении с частотой встречаемости этих генов у нерезистентных к метициллину стафилококков, изучен ход эволюции генов *qacA/B* и *smr*.

Литература

1. *Piddock L. J. V.* The importance of efflux pumps in bacterial antibiotic resistance [Text] / M. A. Webber, L. J. V. Piddock // *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*. – 2003. – Vol. 51. – P. 9–11.
2. *Tamura K.* MEGA: A biologist-centric software for evolutionary analysis of DNA and protein sequences [Text] / K. Tamura, S. Kumar, M. Nei, J. Dudley // *Briefings in bioinformatics*. – 2008. – Vol. 9. – P. 299-306.