

# ИЗУЧЕНИЕ ГЕНОВ РЕЗИСТЕНТНОСТИ К КАРБАПЕНЕМАМ, ЦЕФАЛОСПОРИНАМ И ВАНКОМИЦИНУ У ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ КИШЕЧНОЙ МИКРОБИОТЫ МЕТОДОМ ПЦР-РВ

Букина Ю.В., Полищук Н.Н., Стеца Е.С.

Научный руководитель: проф. Камышный А.М.

Запорожский государственный медицинский университет

Кафедра микробиологии, вирусологии и иммунологии

Способность микроорганизмов формировать резистентность к антибактериальным препаратам является причиной неудач при проведении эмпирической антибиотикотерапии, особенно в условиях применения общеизвестных схем.

**Цель исследования:** определение генов резистентности у клинически значимых фенотипически резистентных штаммов микроорганизмов семейств *Enterobacteriaceae*, *Bacteroidaceae*, *Pseudomonadaceae* (род *Pseudomonas*), *Enterococcaceae*, *Peptostreptococcaceae*.

**Материалы и методы.** В качестве материала для ПЦР-исследования использовали фенотипически резистентные штаммы микроорганизмов, выделенные при микробиологическом исследовании просветной и пристеночной микрофлоры у 80 крыс линии «Вистар». Выделение ДНК микроорганизмов проводили с использованием реагентов «ДНК-экспресс» («Литех», Россия). Для обнаружения генов резистентности методом ПЦР в режиме реального времени (ПЦР-РВ) применяли наборы реактивов «ФЛУОРОПОЛ-РВ» («Литех», Россия). В ходе эксперимента определяли гены *VIM*, *KPC*, *NDM*, *OXA-48*, отвечающие за резистентность микроорганизмов к карбапенемам, *CTX-M* – резистентность к цефалоспорином, а также гены *VanA* и *VanB*, определяющие развитие резистентности к гликопептидам (ванкомицину и тейкопланину). Параллельно с анализируемыми образцами проводились реакции с положительным и отрицательным контролем. Все исследования проводились в соответствии с инструкциями изготовителя, что обеспечило высокую скорость и точность анализа. Анализ результатов амплификации проводился с помощью программы Bio-Rad CFX Manager 3.0 согласно «Руководству по применению наборов формата Флуоропол – РВ».

**Результаты.** Ген резистентности *VIM* выявлен у 14,14% штаммов микроорганизмов семейства *Enterobacteriaceae*, у 9,86% представителей семейства *Bacteroidaceae* и у 15,38% – *Pseudomonadaceae* рода *Pseudomonas*, но не обнаружен у микроорганизмов семейств *Enterococcaceae* (0%) и *Peptostreptococcaceae* (0%). Гены *NDM*, *OXA-48* и *KPC* идентифицированы у бактерий семейств *Enterobacteriaceae* (8,23%, 8,44% и 7,81% соответственно) и *Bacteroidaceae* (12,68%, 4,23% и 9,86%), и в то же время не обнаружены у микроорганизмов *Pseudomonadaceae*, *Enterococcaceae*, *Peptostreptococcaceae* (0%). Ген резистентности к цефалоспорином – *CTX-M* – был выявлен у бактерий семейств *Enterobacteriaceae* – 10,97%, *Bacteroidaceae* – 15,49%, *Peptostreptococcaceae* – 6,25% и не обнаружен у псевдомонад и энтерококков (0%). Изучение резистентности к гликопептидам, в частности, к ванкомицину и тейкопланину, показало наличие генов резистентности *VanA* у 1,93% и *VanB* у 1,27% фенотипически резистентных штаммов микроорганизмов семейства *Enterococcaceae*. У бактерий семейства *Peptostreptococcaceae* гены *VanA* и *VanB* не обнаружены. Также, данные гены не выявлены у энтеробактерий, бактериоидов и псевдомонад, что в очередной раз подтверждает факт наличия природной резистентности у данных микроорганизмов к ванкомицину.

**Выводы.** Полученные в ходе исследований результаты позволяют нам сделать вывод о нецелесообразности применения карбапенемов в качестве этиотропной терапии при заболеваниях, вызванных энтеробактериями, бактериоидами и псевдомонадами; цефалоспоринов в терапии инфекций, обусловленных энтеробактериями, бактериоидами и пептострептококками, а также ванкомицина при лечении заболеваний энтерококковой этиологии.