

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ
ФЕДЕРАЛЬНЫЙ НАУЧНО-КЛИНИЧЕСКИЙ ЦЕНТР
ФИЗИКО-ХИМИЧЕСКОЙ МЕДИЦИНЫ
ФЕДЕРАЛЬНОГО МЕДИКО-БИОЛОГИЧЕСКОГО АГЕНТСТВА



**НАУЧНАЯ КОНФЕРЕНЦИЯ
МОЛОДЫХ УЧЕНЫХ
ПО МЕДИЦИНСКОЙ БИОЛОГИИ
ФГБУ ФНКЦ ФХМ ФМБА**



**ПРОГРАММА
И
НАУЧНЫЕ ТРУДЫ**

**МОСКВА
19–20 апреля 2016**



НАУЧНАЯ КОНФЕРЕНЦИЯ МОЛОДЫХ УЧЕНЫХ ПО МЕДИЦИНСКОЙ БИОЛОГИИ ФГБУ ФНЦ ФИЗИКО-ХИМИЧЕСКОЙ МЕДИЦИНЫ ФМБА

19–20 апреля 2016

ОЦЕНКА РИСКА РАСПРОСТРАНЕНИЯ ГЕНОВ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ В МИКРОБИОМЕ ЧЕЛОВЕКА ОТ ПРОБИОТИЧЕСКИХ ЛАКТОБАЦИЛЛ

Е.А. Анисимова, Н.Л. Бруслик, Д.Р. Ахатова, Р.К. Исмагилова, А.А. Тойменцева,
Д.Р. Яруллина

*Казанский (Приволжский) федеральный университет, Институт фундаментальной
медицины и биологии, Лаборатория биосинтеза и биоинженерии ферментов*

Лактобациллы тесно ассоциированы с продуктами питания, а также являются членами резидентной микрофлоры желудочно-кишечного тракта человека и животных, они часто находят применение в качестве стартерных культур при производстве пробиотических препаратов. Важное требование к пробиотическим штаммам – устойчивость к антибиотикам. Однако, локализованные на плаزمиде и конъюгативных транспозонах гены антибиотикорезистентности (АР) таких бактерий могут способствовать распространению лекарственной устойчивости внутри кишечной микрофлоры, что противоречит требованиям микробиологической безопасности пробиотиков. Целью данной работы является выявление и характеристика генетических детерминант антибиотикорезистентности у потенциально пробиотических штаммов лактобацилл.

В данной работе из кисломолочных продуктов, пробиотических препаратов и фекалий человека было выделено 34 штамма лактобацилл и методом MALDI TOF масс-спектрометрии установлена их видовая принадлежность. Диско-диффузионным методом была оценена резистентность исследуемых лактобацилл к антибактериальным препаратам девяти различных классов. Обнаружена высокая устойчивость лактобацилл к ципрофлоксацину, ванкомицину и аминогликозидам. У 1 штамма выявлена резистентность к эритромицину (*Erm*) и у 5 штаммов – к тетрациклину (*Tet*). Поскольку гены устойчивости к *Erm* и *Tet* подвержены горизонтальному транспорту, в геномах устойчивых к данным антибиотикам бактерий с помощью секвенирования амплифицированных фрагментов ДНК было проверено наличие 15 генов, кодирующих устойчивость к *Erm* и *Tet*. В результате были обнаружены гены *ermB* и *ermA* в геномной ДНК и ряд генов (*tetM*, *tetK*, *ermA*, *ermC*, *mefA*) – в плазмидной ДНК. У некоторых штаммов, не проявляющих устойчивость к *Erm*, выявлены молчащие гены *ermA*, *ermC* и *mefA*, у одного штамма, выделенного нами из кисломолочных продуктов, обнаружен ген *aph(3')-III*, детерминирующий устойчивость к аминогликозидам. Возможность горизонтального транспорта генов АР от лактобацилл к условно-патогенным бактериям гастроинтестинальной микрофлоры была оценена с помощью трансформации и электропорации чувствительных к *Tet* штаммов *Escherichia coli*, *Acinetobacter baumannii*, *Citrobacter freundii* геномной и плазмидной ДНК лактобацилл, а также при совместном культивировании бактерий в условиях, имитирующих кишечник человека. При трансформации клеток *C. freundii* плазмидной ДНК *Tet*-резистентных бактерий *L. fermentum* 5-1 была обнаружена возможность передачи генетических детерминант устойчивости к *Tet*. В остальных исследованных вариантах экспериментально горизонтальный транспорт генов АР не



НАУЧНАЯ КОНФЕРЕНЦИЯ МОЛОДЫХ УЧЕНЫХ ПО МЕДИЦИНСКОЙ БИОЛОГИИ ФГБУ ФНКЦ ФИЗИКО-ХИМИЧЕСКОЙ МЕДИЦИНЫ ФМБА

19–20 апреля 2016

зафиксирован. Таким образом, штамм *L. fermentum* 5-1 является непригодным для включения в пробиотические препараты, поскольку может служить источником генов устойчивости к антибиотикам в микробиоме человека. Полученные результаты необходимо учитывать при использовании бактерий рода *Lactobacillus* в пробиотиках и продуктах функционального питания.