

МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ
ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
«ПСКОВСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»

3-й РОССИЙСКИЙ МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИЙ КОНГРЕСС

г. Псков, 26 сен. – 1 окт. 2021 г.

Материалы конгресса

Электронное сетевое издание

Псков
2021

дом отпечатка, выдерживали в хлороформе и проводили дот-блот с антителами, используя стандартные методы. В работе были протестированы штаммы *L. monocytogenes*, *L. innocua*, *L. ivanovii*, *L. welshimeri*, *L. seeligeri*, *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli* из коллекции НИЦЭМ им. Н. Ф. Гамалеи.

Результаты и обсуждение

Положительные результаты были получены со всеми штаммами *L. monocytogenes*, относящимися к разным клональным группам. С другими видами листерий и другими бактериями результат был отрицательный. В смешанных культурах метод позволял достоверно определять наличие *L. monocytogenes*. Прямые высевы из контаминированного молока позволили выявить бактерию через 24 часа.

Заключение

Применяемый подход показал высокую специфичность и может применяться для выявления патогенных листерий, что облегчит процедуру скрининга.

Работа выполнена при поддержке РФФИ (грант № 20-38-90260 ЕК).

новые подходы к ТЕРАПИИ СМЕШАННЫХ ИНФЕКЦИЙ

Каюмов А. Р., Тризна Е. Ю., Миронова А. В., Федорова М. С., Каримова А. В.

ФГАОУ ВО Казанский (Приволжский) федеральный университет, Казань

Исследования последних десятилетий показали, что 90 % всех известных микроорганизмов в естественных условиях предпочтительно существуют в виде многоклеточных сообществ – биопленок. При этом многие инфекции связаны с образованием смешанных биопленок, межвидовые взаимодействия в которых приводят к повышенной устойчивости к антимикробным препаратам и высокой вирулентности. Помимо синергетических взаимоотношений, в полимикробных сообществах также встречаются антагонистические благодаря образованию различных метаболитов, которые могут как понижать чувствительность одних членов консорциума к антибиотикам (например, метаболиты синегнойной палочки), так и наоборот, в отдельных случаях наблюдается повышение чувствительности всего сообщества к антибиотикам широкого спектра действия.

Мы показали, что ванкомицин, цефтриаксон и тетрациклин, неактивные против *P. aeruginosa*, приводили к частичной гибели клеток *S. aureus* в моновидовой биопленке, тогда как в составе полимикробной биопленки, *S. aureus* оставались живыми в нижних слоях благодаря диффузному барьеру благодаря матриксу биопленки *P. aeruginosa*, и становились нечувствительны к данным антибиотикам. В присутствии ципрофлоксацина, гентамицина и амикацина, которые активны против обоих штаммов, значимое снижение числа жизнеспособных клеток и *S. aureus* и *P. aeruginosa* в полимикробном сообществе наблюдалось при концентрациях антибиотиков в 4–8 раза ниже, чем для монокультур обоих штаммов. В случае внедрения одного штамма к сформированной биопленке другого штамма также было установлено повышение эффективности антибиотиков широкого спектра действия против бактерий в составе биопленки. Наиболее ярко данный эффект был выражен для аминогликозидов. Кроме того, при добавлении культуральной жидкости золотистого стафилококка наблюдалось также повышение эффективности всех антибиотиков широкого спектра действия, а при инкубации в концентрированной культуральной жидкости наблюдалась полная гибель синегнойной палочки в составе биопленки. Вероятно, подобные результаты являются следствием биосинтеза внеклеточных метаболитов клетками *S. aureus*, которые негативно влияют на жизнеспособность *P. aeruginosa* в составе биопленки, однако природа данных соединений и механизм их действия остается неизученным. Поиск и идентификация факторов антагонизма *S. aureus* позволит использовать их в качестве антагонистов для борьбы с патогенной микрофлорой и повышения эффективности антибиотикотерапии при бактериальных инфекциях различного рода, а получение и продукция молекул позволит создавать новые антимикробные препараты.

Работа выполнена при поддержке грантов Российского Научного Фонда (№15-14-00046 и 20-64-47014).

ОЦЕНКИ ЭНТРОПИИ ПРИ АНАЛИЗЕ СТРУКТУРЫ ВИРУСНЫХ ГЕНОМОВ НА ПРИМЕРЕ SARS-COV-2

Орлов Ю. Л.^{1,2*}, Лузин А. Н.², Дергилев А. И.², Юнусов В. В.², Обозина А. С.¹

¹Первый МГМУ им. И. М. Сеченова Минздрава России (Сеченовский Университет), Москва

²Новосибирский государственный университет (НГУ), Новосибирск

³Институт молекулярной биологии РАН, Москва

* E-mail: orlov@d-health.institute

Актуальность и цель работы. Эпидемии вирусных заболеваний, таких как коронавирус COVID-2019, представляют серьезную угрозу населению мира. Анализ геномных перестроек и мутаций вируса с целью оценки рисков и контроля представляет глобальный вызов для здравоохранения. Постоянно пополняемые данные по геномному секвенированию коронавируса (SARS-CoV-2) дают детальный материал для анализа структуры генома и возможности его диагностики с помощью секвенирования. Ставилась задача оценки нуклеотидных повторов в геноме коронавируса с помощью оценок сложности текста и энтропии.

Материалы и методы. Использовались данные GenBank для реконструкции филогенетического дерева штаммов COVID-2019 и SARS. Исследование структуры повторов геномов прокариот позволяет найти эволюционные взаимоотношения между различными видами, в том числе для коронавирусов. Использовалась собственная компьютерная программа для оценки межгеномного расстояния по числу перестроек последовательностей. Оценки сложности текста в целом важны как для анализа структуры генетического текста, выявления эволюционного происхождения и сравнения полных геномов.

Результаты и обсуждение. Использован модифицированный алгоритм Лемпеля-Зива сжатия текста для оценки структуры повторов в геноме коронавируса. Представлено применение оценок сложности текста (лингвистическая сложность, энтропия) для исследования структуры последовательностей. Определены участки низкой сложности текста в геноме коронавируса, построено дерево сходства для родственных вирусов.

Заключение. Несмотря на беспрецедентные меры по борьбе с эпидемией продолжается рост числа инфицированных, растет смертность. Научные направления включают разработку диагностик, дизайн возможных ингибиторов связывания эпитопов COVID-2019, включая мутантные формы. Необходима разработка новых теоретических подходов для оценки вирулентности, анализа происхождения штаммов. Разработка программ биоинформатики для геномного анализа была поддержана грантом РФФ 19-15-00219.

ЭПИДЕМИОЛОГИЯ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА *PSEUDOMONAS AERUGINOSA* И *ACINETOBACTER BAUMANNII*, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ КРОВИ И ЛИКВОРА У ДЕТЕЙ

Садеева З. З.^{1*}, Комягина Т. М.¹, Алябьева Н. М.¹, Новикова И. Е.¹,
Шакирзянова Р. А.¹, Лазарева А. В.¹, Вершинина М. Г.¹

¹Национальный медицинский исследовательский Центр Здоровья Детей
Федеральное государственное автономное учреждение Министерства здравоохранения
Российской Федерации, Москва, director@nczd.ru

* zulfiryasadeeva@yandex.ru

Введение: Инфекции кровотока и ЦНС, вызванные неферментирующими грамотрицательными бактериями, являются опасной и серьезной проблемой в педиатрической практике.

Цель: Оценка чувствительности, определение генов резистентности и сиквенса типов у штаммов *P. aeruginosa* и *A. baumannii*.

Методы: С 2014 по 2020 гг. было отобрано 25 штаммов *P. aeruginosa* (PA) и 14 штаммов *A. baumannii* (AB). Чувствительность к антибиотикам определяли методом микроразве-