

Гены резистентности к антимикробным препаратам и дезинфектантам штаммов *Salmonella spp.*, выделенные из свинины.

Genes of resistance to antimicrobial drugs and disinfectants of *Salmonella spp.*, strains isolated from pork.

Жамборова С.Х¹, Хоанг Т.А.В.³, Макарова М.А.^{1,2}

Zhamborova S.K.^{1,2}, Hoang Thi Ai Van³, Makarova M.A.^{1,2}

¹ФБУН НИИ эпидемиологии и микробиологии имени Пастера, Санкт-Петербург, Россия

²ФГБОУ ВО СЗГМУ имени И.И. Мечникова, Санкт-Петербург, Россия

³Институт Пастера, Нячанг, Вьетнам

¹FBUN Research Institute of Epidemiology and Microbiology named after Pasteur, St. Petersburg, Russia

²FGBOU HE Northwestern State Medical University named after I.I. Mechnikov, St. Petersburg, Russia

³Pasteur Institute, Nha Trang, Vietnam

Введение

Актуальность сальмонеллезов определяется их широким распространением среди людей и животных, увеличением контаминации объектов окружающей среды и продуктов животного происхождения [1]. Резистентность сальмонелл к антибиотикам и дезинфектантам снижает эффективность лечения и профилактики сальмонеллезов и создает общемировые проблемы в медицине и ветеринарии. Для современного осуществления мероприятий по профилактике сальмонеллезов помимо систематического слежения за серотиповой структурой популяции сальмонелл, выделенных из продуктов животноводства, необходимо проводить динамическое наблюдение за резистентностью к антибиотикам и дезинфектантам на современном уровне знаний [2].

Цель

Выявить генетические детерминанты резистентности к антимикробным препаратам и дезинфектантам у штаммов *Salmonella enterica* по результатам полногеномного секвенирования.

Материалы и методы

Изучены 54 фенотипически резистентных к антибиотикам штаммов сальмонелл, выделенных из свинины, в Нячанге, Вьетнам. Геномную ДНК выделяли набором diaGene (Россия), приготовление библиотек набором TruSeq DNA Nano (Illumina, США). Секвенирование проводили с использованием секвенатора MiSeq (Illumina, США). Поиск генетических детерминант, ассоциированных с резистентностью к антибиотикам и дезинфектантам осуществляли на веб-платформе (<https://cge.sbs.dtu.dk/services/>).

Результаты

Анализ присутствия генетических детерминант резистентности к антибиотикам выявил наличие у 79,6% штаммов сальмонелл двух и более генов резистентности. У 64,8% штаммов были выявлены гены резистентности к бета-лактамам. Резистентность к хинолонам/фторхинолонам была обусловлена наличием гена *qnrS1*, а также мутациями в генах *gyrA_D87Y* (9,3%) и *gyrA_D83Y* (31,5%). Генетические детерминанты резистентности к аминогликозидам были выявлены у 63,0% штаммов. Гены резистентности к сульфаниламидам были выявлены у 68,5% штаммов, к триметоприму у 66,7%. Ассоциированные с резистентностью к тетрациклину гены были обнаружены у 72,2% штаммов, к хлорамфениколу – 70,4%. Гены, характеризующие резистентность к полимиксинам, выявлены не были (таблица 1). Генетические детерминанты, обуславливающее резистентность к четвертично аммонийным соединениям – дезинфектантам, широко используемым в медицине и ветеринарии были выявлены у 57,4% штаммов (таблица 2).

Таблица 1. Генетические детерминанты резистентности.

Антимикробные препараты	Гены резистентности
Аминопенициллины, цефалоспорины 3-4 п.	<i>blaTEM-1</i> , <i>blaCTX-M-65</i>
Ципрофлоксацин	<i>gyrA_D87Y</i> , <i>gyrA_D83Y</i> , <i>qnrS1</i>
Гентамицин, тобрамицин, амикацин	<i>aac(3)-IVa</i> , <i>aph(4)-Ia</i> , <i>aph(3')-Ia</i> , <i>aadA1</i> , <i>aadA2</i> , <i>aph(3'')-Ib</i> , <i>aph(6)-Id</i>
Сульфаниламид	<i>sul1</i> , <i>sul2</i> , <i>sul3</i>
Триметоприм	<i>dfxA12</i> , <i>dfxA14</i>
Тетрациклин	<i>tetA</i> , <i>tetB</i> , <i>tetM</i>
Хлорамфеникол	<i>cmlA1</i> , <i>floR</i>

Таблица 2. Генетические детерминанты резистентности к дезинфектантам.

Гены резистентности	n	%
<i>qacEdelta1</i>	27	75,0%
<i>qacL</i>	8	22,2%
<i>qacE</i>	1	2,8%

Выводы

Постоянный мониторинг качества продуктов животного происхождения позволит своевременно выявлять популяционные изменения циркулирующих штаммов и разрабатывать эффективные стратегии контроля, необходимого для снижения риска передачи резистентных штаммов через пищу и защиты населения. Полногеномное секвенирование позволяет выявить весь спектр генов резистентности к антибиотикам и дезинфектантам [3].

Библиография

- Garrido V, Arrieta-Gisasola A, Migura-García L, Laorden L, Grilló MJ. Multidrug resistance in Salmonella isolates of swine origin: mobile genetic elements and plasmids associated with cephalosporin resistance with potential transmission to humans. Appl Environ Microbiol. 2024 May 21;90(5):e0026424.
- Gupta SK, Sharma P, McMillan EA, Jackson CR, Hiott LM, Woodley T, Humayoun SB, Barrett JB, Frye JG, McClelland M. Genomic comparison of diverse Salmonella serovars isolated from swine. PLoS One. 2019 Nov 1;14(11):e0224518.
- Mthembu TP, Zishiri OT, El Zowalaty ME. Genomic Characterization of Antimicrobial Resistance in Food Chain and Livestock-Associated *Salmonella* Species. Animals (Basel). 2021 Mar 18;11(3):872.

