

Обнаружение культур *Yersinia enterocolitica* subspecies *enterocolitica* O:8 выделенных на Чукотке

Автор: Кулибаба А.П.  
Соавтор: Лященко С.М.  
Научный руководитель: Куликалова Е.С.  
ФКУЗ Иркутский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора  
Иркутск, Россия

Введение

*Yersinia enterocolitica* - этиологический агент кишечного иерсиниоза, дифференцируется на 2 основных подвида – *palearctica* и *senso stricto enterocolitica*. Ареал *Yersinia enterocolitica ssp. enterocolitica*, впервые обнаруженного в Северной Америке в 1939 г.[1], представлен странами Северной Америки(США,Канада). Подвид относится к биовару 1В, и включает шесть сероваров: О:4, О:8, О:13, О:18, О:19, О:21. Возбудитель высокопатогенен, вызывает тяжелые формы заболевания. Патогенность обусловлена наличием кластера генов (НРІ), кодирующего белки - сидерофоры, способные извлекать железо из содержащих этот элемент белков, а также наличием генов Т3SS, облегчающих колонизацию кишечника млекопитающих.

В коллекции живых культур Иркутского НИПЧИ обнаружено пять штаммов *Y.enterocolitica*, выделенных от берингийских сусликов *Urocytellus parrii*(Rich.,1825) на Чукотке, 1975 г. Мы приводим результаты изучения этих штаммов, и предполагаем наличие очага высокопатогенного подвида *Y.enterocolitica enterocolitica* биотипа 1В серовара О:8 на территории России.

Цель

Изучение фено- и генотипических свойств штаммов *Y.enterocolitica*, выделенных в 1975 г. от берингийских сусликов *Urocytellus parrii* на Чукотке.

Материалы и методы

Использованы штаммы *Y.enterocolitica* под музейными номерами И-41, И-42, И-43, И-44, И-45.

Референс-геномы: *Y. enterocolitica* spp. *palearctica* **105.5R(r)** (NC\_015224) и *Y.enterocolitica* spp. *enterocolitica* **8081** (GCA\_000009345.1).

Применены микробиологический, масс-спектрометрический, молекулярно-генетический и иммуно-серологический методы. Проведено полногеномное секвенирование с последующим биоинформационным анализом. Филогенетический анализ проводился с использованием корового SNP-выравнивания.

Результаты

Видовая принадлежность штаммов подтверждена масс-спектрометрически, а также РТ-ПЦР с тест-системой «Амплисенс *Yersinia enterocolitica/pseudotuberculosis* FL».

Культурально-биохимическими методами подтвержден высокопатогенный биотип 1В (таблица 1).

| Таблица 1. Культурально-биохимические свойства исследуемых штаммов. |      |           |             |
|---------------------------------------------------------------------|------|-----------|-------------|
| Свойства                                                            | 8081 | 105.5R(r) | И-41 : И-45 |
| Твин-эстераза                                                       | +    | -         | +           |
| Салицин                                                             | -    | -         | -           |
| Ксилоза                                                             | +    | -         | +           |
| Трегалоза                                                           | +    | +         | +           |
| Индол (синтез)                                                      | +    | +         | +           |
| ОДС                                                                 | +    | +         | +           |
| V-P                                                                 | +    | +         | +           |
| Инозит                                                              | +    | +         | +           |
| Нитратредукта за                                                    | +    | +         | +           |

На базе Иркутского противочумного института была изготовлена антисыворотка к штаммам О:8 серовара. Агглютинация со специфической антисывороткой к О:8 наблюдается до титра 1:800-1:1600.

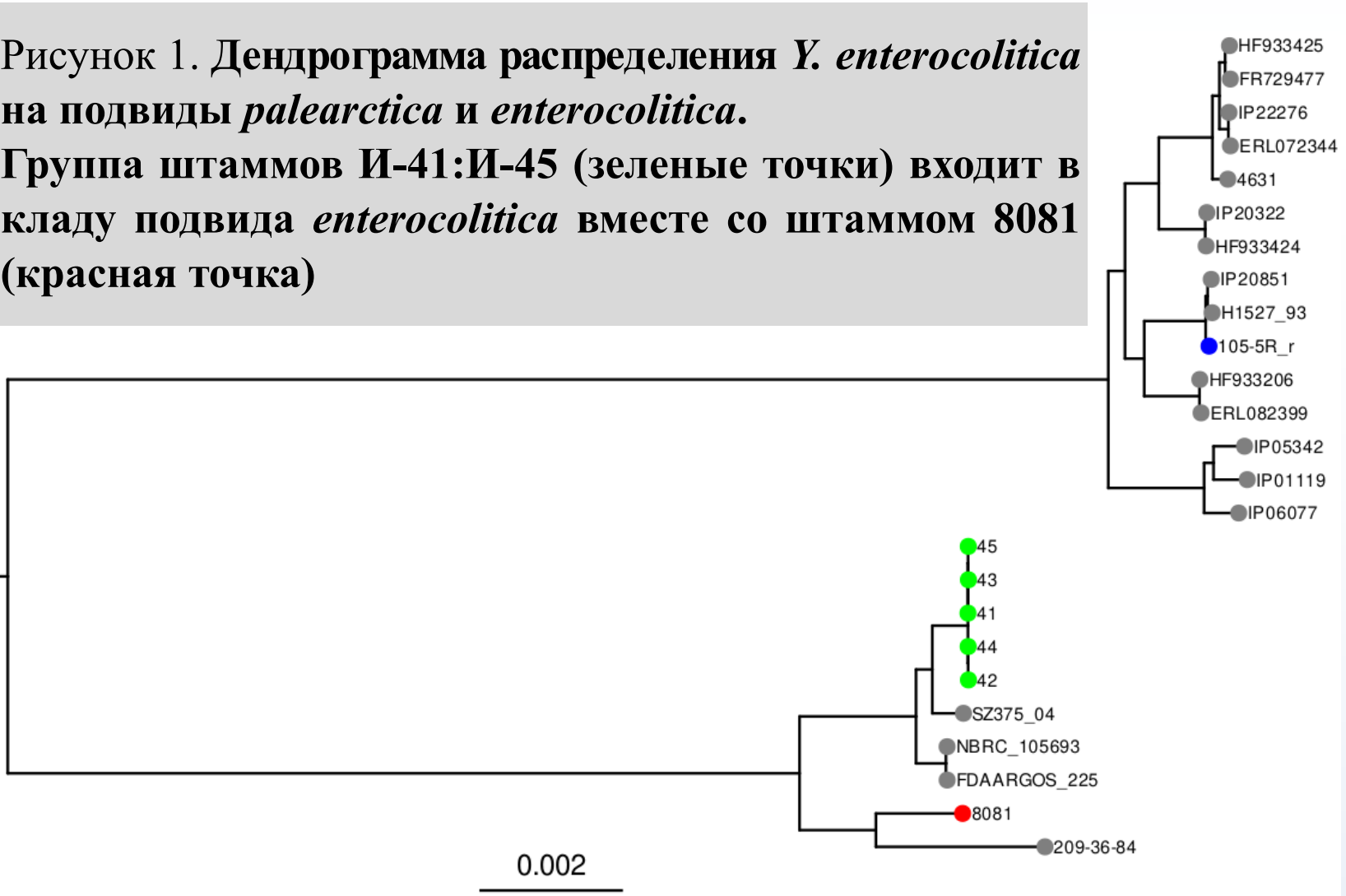
Detection of *Yersinia enterocolitica* subspecies *enterocolitica* O:8 cultures in Chukotka

Author: Kulibaba A.P.  
Coauthor: Lyashchenko S.M.  
Scientific supervisor: Kulikalova E.S.  
Irkutsk Anti-Plague Research Institute of Rospotrebnadzor  
Irkutsk, Russia

Средняя нуклеотидная идентичность исследуемых штаммов в сравнении с геномом *Y.enterocolitica* 8081 выше (99,2%), чем в сравнении с последовательностью *Y.enterocolitica* 105.5R(r) (96,9%). Все штаммы имеют полный хромосомный остров патогенности НРІ, гены *ail* и *ystA*, а также гены системы Т3SS (таблица 2).

| Таблица 2.Факторы патогенности исследуемых штаммов. |           |      |             |
|-----------------------------------------------------|-----------|------|-------------|
| Факторы патогенности                                | 105.5R(r) | 8081 | И-41 : И-45 |
| inv                                                 | +         | +    | +           |
| ail                                                 | +         | +    | +           |
| virF                                                | +         | -    | -           |
| ystA                                                | +         | +    | +           |
| yadA (плазмида)                                     | +         | -    | -           |
| НРІ                                                 | ybtA      | -    | +           |
|                                                     | ybtE      | -    | +           |
|                                                     | ybtT      | -    | +           |
|                                                     | ybtU      | -    | +           |
|                                                     | ybtP-Q    | -    | +           |
|                                                     | ybtX-S    | -    | +           |
|                                                     | HMWP1     | -    | +           |
|                                                     | HMWP2     | -    | +           |
|                                                     | fyuA      | -    | +           |

При филогенетическом анализе группа штаммов И-41 : И-45 образует с изолятами подвида *enterocolitica* общую кладу. (рисунок 1).



Выводы

Охарактеризованы штаммы высокопатогенного *Y.enterocolitica* ssp. *enterocolitica*, впервые выделенные от грызунов *Urocytellus parrii* на территории Чукотки. Штаммы обладают свойствами, идентичными для 1В биотипа возбудителя кишечного иерсиниоза. Ареал обитания берингийских сусликов включает Северную Америку и северо-восточный регион Сибири. Возможно существование природного очага возбудителя *Y.enterocolitica* О:8 на Чукотке.

Обнаружение и идентификация штаммов стали возможны благодаря междисциплинарному подходу в бактериологии с применением методов молекулярно-генетического типирования и биоинформационного анализа.

Библиография

1. Ющук Н.Д., Ценева Г.Я., Каретника Г.Н., Бродов Л.Е.. Иерсиниозы.—М.:Медицина, 2003.—208 с.: ил.—ISBN 5-225-04652-5
2. Schleifstein, J.I., and Coleman, M.B. "An unidentified microorganism resembling A. lignieri and Past. pseutuberculosis and pathogenic for man." N. Y. State J. Med. (1939) 39:1749-1753
3. Carniel, E. (1999). The Yersinia high-pathogenicity island. International microbiology : the official journal of the Spanish Society for Microbiology, 2 3, 161-7.