

**Разнообразие генов лекарственной устойчивости и факторов вирулентности энтероагрегативных *E. coli*, выделенных от детей с дисбиозом кишечника**

**Научный руководитель – Кечин Андрей Андреевич**

*Болдырева Д.С.<sup>1</sup>, Чурина М.А.<sup>2</sup>, Апалько С.В.<sup>3</sup>*

1 - Новосибирский государственный университет, Медицинский факультет, Новосибирск, Россия, *E-mail: daria19960017@gmail.com*; 2 - Северо-Западный государственный медицинский университет имени И.И.Мечникова, Санкт-Петербург, Россия, *E-mail: churina.mari@yandex.ru*; 3 - Кемеровский государственный университет, Биологический факультет, Кемерово, Россия, *E-mail: svetlana.apalko@gmail.com*

Энтероагрегативные *E. coli* (*EAggEC*) являются возбудителями кишечных заболеваний, приводя к развитию острой и хронической диареи, воспалению кишечника у детей и взрослых, дефициту роста у детей. *EAggEC* часто становятся виновниками внутрибольничных инфекций и гибели пациентов в детских инфекционных и акушерских отделениях. Штаммы *EAggEC* характеризуются широким набором факторов вирулентности и лекарственной устойчивости.

В данной работе были исследованы восемь изолятов *E. coli*, которые были получены из проб фекалий детей с дисбиозом кишечника без клинических проявлений острой кишечной инфекции, а также не несущих других бактериальных патогенов. Изоляты *E. coli* были классифицированы как *EAggEC* с помощью ПЦР анализа специфичных для этого типа бактерий генов вирулентности.

Последовательности геномов изолятов были определены с помощью секвенирования нового поколения (NGS) на платформе MiSeq (Illumina). Гены лекарственной устойчивости и гены, кодирующие факторы вирулентности, в полученных геномных последовательностях выявляли программами ResFinder и VirulenceFinder, соответственно.

Наиболее часто изоляты были устойчивы к  $\beta$ -лактамам (6 изолятов), аминогликозидам (6 изолятов) и сульфаниламидам (5 изолятов). Данные, полученные с помощью полногеномного секвенирования, были подтверждены диско-диффузионным методом (результаты сошлись в 85 % случаев).

В среднем было найдено 12 генов факторов вирулентности для каждого штамма. Наиболее часто встречались: *aar* (7 изолятов) и ORF4 (6 изолятов). Гены, кодирующие токсины *astA* и *sat*, встретились в геномах трех и двух изолятов, соответственно. Гены шига-токсинов, одних из основных факторов патогенности, найдены не были. Согласно филогенетическому анализу последовательностей генов, кодирующих факторы вирулентности, все изоляты могут быть отнесены к нескольким кластерам.

Таким образом, среди восьми исследованных изолятов не было выявлено особо опасных, несущих гены шига-токсинов, однако были найдены изоляты с другими токсинами, а также были обнаружены изоляты с широким спектром устойчивости к антибиотикам.