

**Разнообразие и свойства бактерий Белого моря с множественной
антибиотикорезистентностью**

Научный руководитель – Бубнов Иван Александрович

Богдан Ярослав Игоревич

Студент (бакалавр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический
факультет, Кафедра микробиологии, Москва, Россия

E-mail: yaroslav.bogdan.05@mail.ru

Множественная резистентность к антибиотикам у бактерий является серьёзной угрозой для здравоохранения. Основное внимание в изучении этого явления уделяется клинически значимым штаммам, возбудителям внутрибольничных инфекций, комменсалам и факультативным патогенам человека и животных. Тем не менее, в распространении множественной резистентности значительную роль могут играть природные микроорганизмы. Они могут выступать резервуаром для генов резистентности к антибиотикам, а также для мобильных генетических систем, обеспечивающих их горизонтальную передачу и распространение.

Нами был предпринят целенаправленный поиск таких микроорганизмов в акватории Кандалакшского залива Белого моря, в окрестностях Беломорской биостанции МГУ имени Н.А. Перцова. Объектом исследования были природные образцы морской и пресной воды, грунта, водорослей и беспозвоночных животных. Бактерий культивировали на агаризованной питательной среде, содержащей 4 или больше антибиотика, в том числе рифампицин, ванкомицин, гентамицин, ампициллин, линкомицин, налидиксовая кислота, в концентрациях, превышающих терапевтические, в соответствии с рекомендациями EUCAST. В результате было получено 19 штаммов множественно резистентных бактерий различных видов, проведено микробиологическое описание и определено систематическое положение с помощью секвенирования гена 16S рРНК.

Особый интерес представлял штамм *Pseudoalteromonas atlantica*, типичной морской бактерии, не связанной с болезнями человека, для представителей которой условная патогенность была показана лишь по отношению к некоторым морским беспозвоночным. Результаты гибридного полногеномного секвенирования на платформах Illumina и Oxford Nanopore Technology позволили полностью собрать геном этой бактерии, состоящий из 3,8 млн. п.о. кольцевой хромосомы и 830 тыс. п.о. хромиды. В составе генома обнаружен 21 ген устойчивости к антибиотикам, при этом 19 из них расположены в геномном островке длиной 143 тыс. п.о., относящемся к интегративным конъюгативным элементам семейства SXT/R391. Структура этого элемента интересна отсутствием некоторых служебных генов, консервативных для данного семейства, и их заменой нетипичными альтернативами. Это может свидетельствовать как об обнаружении новой разновидности элементов SXT/R391, так и о накоплении случайных изменений в силу отсутствия действия стабилизирующего отбора по отношению к этому, чужеродному для данного вида генетическому элементу. Проведение дальнейших исследований позволит определить пути передачи генов множественной устойчивости среди других обнаруженных бактерий и охарактеризовать ответственные за это механизмы, в том числе путем описания мобильных генетических элементов. Это может лежать в основе создания новых подходов к мониторингу распространения множественной устойчивости, а также разработки инновационных средств борьбы с этим явлением