

Полногеномное секвенирование энтероагрегативных *E. coli*, полученных от детей раннего возраста с диагнозом «Острая кишечная инфекция?», Дисбактериоз кишечника»

Научный руководитель – Кечин Андрей Андреевич

Болдырева Д.С.¹, Чурина М.А.²

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*

Энтероагрегативные *E. coli* (EAggEC) являются возбудителями таких заболеваний, как энтерит, острая и хроническая диарея, задержка роста у детей. Их геномные последовательности характеризуются наличием большого числа генов, кодирующих факторы вирулентности и антибиотикоустойчивости, за счет чего EAggEC часто являются причиной внутрибольничных инфекций, а также затруднена этиотропная терапия вызываемых ими заболеваний.

В данной работе целью стало исследование геномов восьми изолятов *E. coli*, которые были идентифицированы как EAggEC. Изоляты были выделены от детей раннего возраста (от 7 месяцев - 2 года), которые страдали от неустойчивого стула со слизью 3 - 4 раза в день, болей в животе на фоне нормальной температуры тела. Пациентам был поставлен диагноз «Острая кишечная инфекция?, Дисбактериоз кишечника».

Последовательности геномов штаммов *EAggEC* были определены с помощью полногеномного секвенирования на платформе MiSeq (Illumina). Поиск генов лекарственной устойчивости и генов факторов вирулентности был проведен программами ResFinder и VirulenceFinder, соответственно. Серотипы были определены программным обеспечением SerotypeFinder, MLST-типы - программой MLST (<https://cge.cbs.dtu.dk/services/cge/>) и секвенированием по Сэнгеру.

Наиболее часто штаммы были устойчивы к следующим группам антибактериальных препаратов: к β -лактамам (6 образцов), аминогликозидам (6 образцов) и сульфаниламидам (5 образцов). В среднем было найдено 12 генов, кодирующих факторы вирулентности, для каждого штамма. Наиболее часто встречались *aap* и *ORF4* - гены, ответственные за адгезию изолятов к слизистой кишечника, и за транслокацию эффекторных белков в клетки хозяина, соответственно. Гены, кодирующие токсины, *astA* и *sat*, были обнаружены в геномах трех и двух изолятов, соответственно. Гены шига-токсинов, одних из основных факторов патогенности, найдены не были. Были определены серотипы O-групп (O3, O92, O86, O140) и H-групп (H2, H33, H30 антигены). Два штамма принадлежали к серотипам, которые ранее были обнаружены у *E. coli*, способных вызывать воспалительные заболевания кишечника (O92:H33 и O3:H2). Для всех штаммов были определены MLST-типы: 10 (для трех образцов), 34 (для одного образца) и 38 (для трех образцов). Для одного из EAggEC был определен новый MLST-тип, ранее не идентифицированный в базе данных CGE.

Таким образом, среди исследуемых штаммов, были обнаружены *E. coli* патогруппы EAggEC с широким спектром антибиотикорезистентности, штаммы, несущие большое число генов факторов вирулентности (в том числе токсинов), и с серотипами, ассоциированными с воспалительными заболеваниями кишечника.