



## ГЕНОМНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА КИШЕЧНЫХ ШТАММОВ *KL. PNEUMONIAE*, ВЫДЕЛЕННЫХ У НОВОРОЖДЕННЫХ ДЕТЕЙ В РОДИЛЬНОМ ДОМЕ

**И. Николаева<sup>1</sup>, Г. Шайхиев<sup>1</sup>, Т. Григорьева<sup>2</sup>, И. Васильев<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>«Казанский государственный медицинский университет»; 420012, г. Казань, ул.Бутлерова, д. 49, Институт фундаментальной медицины и биологии, Казанский Федеральный университет 420008, Россия, Республика Татарстан, г. Казань, ул. Кремлевская, д.18.

<sup>2</sup>Институт фундаментальной медицины и биологии, Казанский Федеральный университет, Казань, Российская Федерация

**Ключевые слова: новорожденные, клебсиелла, кишечник, полногеномное секвенирование**

*Kl. pneumoniae* являются одними из первых колонизаторов кишечника новорожденных и способны вызывать местные и системные заболевания в форме инфекции и мочевых путей, менингита, пневмонии, неонатального сепсиса. В связи со способностью клебсиелл длительно сохраняться во внешней среде, в стационарных условиях формируются внутрибольничные клоны с множественной антибиотикорезистентностью, устойчивостью к дезинфектантам и наличием генов, кодирующих «острова патогенности». Учитывая выше изложенные данные, актуальным является изучение антибиотикорезистентности и вирулентности штаммов *Kl. pneumoniae*, колонизирующих детей в родильных домах. Проведено генотипирование секвенированных последовательностей 8 штаммов *Kl. pneumoniae*, выделенных из фекалий у здоровых новорожденных детей на 4-5 день жизни. Полногеномные секвенирования проводились на платформе IlluminaMiSeq в режиме paired-end, 2-250 п.о. с использованием наборов NexteraXTDNA Library Preparation Kit (Illumina Inc., США), согласно инструкциям производителя. Результаты: У всех штаммов обнаружены гены бета-лактамаз, в том числе blaOXA-1 обнаружены у 60%, blaTEM-30 – у 70%, blaCTX-M-15 – у 70%, blaSHV – у 100% штаммов. Гены устойчивости к аминогликозидам обнаружены у 90%, фторхинолонам – у 40%, сульфаниламидам – у 80%, хлорамфениколу – у 70%, тетрациклину – у 50% и триметоприму – у 70% штаммов *Kl. pneumoniae*. Гены иерсиниабактерии обнаружены у 70%, аэробактерии, сальмохелина, колибактерии и гипермукоидности – у 60%, К- и О-антигенов – у 100% штаммов. 60% штаммов *Kl. pneumoniae* имели сходный набор генов, соответствующий «гипервирулентному» и одновременно мультирезистентному генотипу *Kl. pneumoniae* и относились к сиквенс-типу ST23. Выявлено наличие генных детерминант множественной лекарственной устойчивости и вирулентности у штаммов *Kl. pneumoniae*, выделенных у здоровых новорожденных детей, что характерно для госпитальных штаммов микробов и может иметь клиническое и эпидемиологическое значение.