

УСТОЙЧИВОСТЬ К АНТИБИОТИКАМ МОЖЕТ РАЗВИВАТЬСЯ ЛЕГЧЕ, ЧЕМ ПРЕДПОЛАГАЛОСЬ

**Абрамова А. Н., студентка I курса
факультета ветеринарной медицины и биотехнологии
Научный руководитель - Фролова Т. А., ст. преподаватель
ФГБОУ ВО Ульяновский ГАУ**

Ключевые слова: бактерии, устойчивость к антибиотикам, плазмиды, перенос генов, метод анализа данных, участки *oriT*, релаксаза.

По данным Всемирной организации здравоохранения, устойчивость к антибиотикам является одной из самых серьезных угроз для здоровья людей и безопасности пищевых продуктов во всем мире. Только в Европе по ее вине ежегодно умирает более 33 тысяч человек. В этой статье рассматривается устойчивость патогенных бактерий к антибиотикам и новый метод анализа данных.

Бактерии, являющиеся болезнетворными по отношению к человеку, приобретают устойчивость к антибиотикам намного легче, чем предполагалось. Согласно исследованиям шведского учёного Яна Зримеца из Чалмерского технологического университета одной из причин этого может быть перенос генов между бактериями.

Совершенно разные виды бактерий могут передавать друг другу гены устойчивости через плазмиды - небольшие молекулы ДНК, физически обособленные от хромосом и способные к автономной репликации. Данный процесс называется конъюгацией и представляет собой наиболее важный механизм распространения устойчивости к антибиотикам.

«В последние годы мы увидели, что гены устойчивости распространяются среди патогенов человека в гораздо большей степени, чем мы могли предположить», - говорит Ян Зримец. «Многие из генов, видимо, произошли от бактерий самых разных видов и сред обитания».

«Этот факт было трудно объяснить. Хотя конъюгация является широко распространенным процессом, мы предполагали, что обмен плазмидами между бактериями различных видов имеет определённое ограничение. Плазмиды принадлежат к группам различной подвижности (mobility groups –МОВ-groups), поэтому они не могут передаваться между абсолютно любыми видами бактерий».

Зримец разработал новые методы анализа данных, которые показывают, что процесс передачи генов имеет гораздо меньше ограничений и более широко распространен, нежели предполагалось ранее.

Среди прочего, ученый разработал алгоритм, который способен идентифицировать определенные участки ДНК, необходимые для конъюгации, называемые точкой начала переноса (oriT), среди большого объема данных, состоящих из генетических последовательностей ДНК тысяч плазмид. Алгоритм также может сортировать плазмиды на МОВ-группы на основе идентифицированных областей oriT.

Исследователь использовал алгоритм для изучения известных последовательностей генов из более чем 4600 природных плазмид из различных типов бактерий, что раньше было невозможно сделать систематически. Как показывают результаты:

- Число участков oriT может быть почти в восемь раз больше, чем их количество, которое удалось обнаружить посредством современных стандартных методов исследования.

- Количество подвижных плазмид может быть вдвое больше, чем считалось ранее.

- Число видов бактерий, имеющих подвижные плазмиды, может быть почти в два раза выше, чем было известно ранее.

- Свыше половины этих плазмид имеют участки oriT, которые соответствуют ферменту конъюгации из другой плазмиды, которую ранее относили к иной МОВгруппе. Это означает, что они могут передаваться одной из плазмид, находящихся в той же самой бактериальной клетке.

Последнее предложение означает, что могут существовать механизмы передачи генов между бактериями самых различных видов и сред обитания, относительно которых ранее такую передачу считали ограниченной.

«Эти результаты могут означать, что существует устойчивая сеть для передачи плазмид между бактериями, обитающими в организме человека, животных и растений, а также в почве, водной среде и промышленных предприятиях», - объясняет Зримец. «Гены устойчивости встречаются у многих различных бактерий в этих экосистемах, и если гипотетическая сеть существует, то гены бактерий из всех этих сред обитания могут быть переданы бактериям, вызывающим заболевания у людей.

«Это может быть возможной причиной быстрого развития резистентности патогенов человека, которое мы наблюдаем в последние годы. Широкое использование антибиотиков посредством естественного отбора приводит к распространению среди бактерий генов устойчивости, а источник, из которого данные гены могут поступать оказывается гораздо более крупным, чем мы предполагали ранее».

Результаты должны быть проверены экспериментально в будущем, но методы анализа данных, разработанные Зримцом, уже могут использоваться многими исследователями, имеющими дело с устойчивостью к антибиотикам в различных областях медицины и биологии. Они предоставляют новый мощный инструмент для систематического картирования потенциальной переносимости различных плазмид.

Библиографический список:

1. Antibiotic resistance may spread even more easily than expected [Электронный ресурс] - Режим доступа: <https://www.labnews.co.uk/article/2031117/genetic-transfer-may-be-much-more-boundless-than-previously-expedited>
2. Multiple plasmid origin-of-transfer regions might aid the spread of antimicrobial resistance to human pathogens [Электронный ресурс] - Режим доступа: <https://www.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/mbo3.1129>
3. Фролова Т. А. АНГЛО-РУССКИЙ РУССКО-АНГЛИЙСКИЙ СЛОВНИК. - Ульяновск, 2015.

ANTIBIOTIC RESISTANCE MAY SPREAD EVEN MORE EASILY THAN EXPECTED

Abramova A.

Key words: *bacteria, antibiotic resistance, plasmids, genetic transfer, data analysis method, oriT regions, relaxase.*

According to the World Health Organisation, antibiotic resistance is one of the greatest threats to global health and food safety. It already causes over 33,000 deaths a year in Europe alone. This article deals with pathogenic bacteria resistance to antibiotics and new data analysis method.