



УДК 616-008.87-07.097.931

Ассоциации видов и генов патогенности бактерий рода *Enterococcus*, выделенных из разных биотопов у жителей г. Иркутска

С. М. Попкова¹, А. С. Волокитина^{1,2}, Ю. П. Джигоев¹, П. А. Медведева^{2,3},
Л. С. Козлова², У. М. Немченко¹, Н. М. Шабанова¹, Е. И. Иванова¹,
А. И. Пилуева¹, Е. Б. Ракова¹, П. М. Куркутова², А. А. Приставка³,
В. П. Саловарова³, Г. В. Юринова³

¹Институт эпидемиологии и микробиологии, Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека СО РАМН, Иркутск

²Институт педиатрии, Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека СО РАМН, Иркутск

³Иркутский государственный университет, Иркутск
E-mail: anyavolokitina@mail.ru

Аннотация. Впервые проведён анализ ассоциаций генов патогенности и видов энтерококков, выделенных из разных биотопов людей, проживающих в г. Иркутске. Установлено, что из двух медицински значимых видов энтерококков (*E. faecalis* и *E. faecium*) превалирует *E. faecium*. Большой потенциал патогенности сосредоточен в *E. faecalis*. Из анализируемых генов патогенности, кодирующих белки адгезии (*asa1*) и цитוליцина (*cylA*), в исследуемой выборке культур, микробиологически типированных как род энтерококков, чаще фиксировался первый. Сочетаемость исследуемых видов с другими нетипируемыми нами видами энтерококков для каждого изучаемого биотопа (кишечный, вагинальный, носоглоточный) имела оригинальные отличия с наиболее полным спектром видов и их ассоциаций в кишечном. Исследуемые гены патогенности чаще встречались в образцах культур, изолированных от мужской части выборки. От возраста проявление изучаемых генов патогенности не зависело.

Ключевые слова: энтерококки, полимеразная цепная реакция, ассоциации видов энтерококков, ассоциации генов патогенности энтерококков, биотопы.

Введение

Бактерии рода *Enterococcus* являются одними из важнейших представителей микробиоценоза кишечника человека и часто могут быть причиной энтерококковой инфекции. В других биотопах эти микроорганизмы встречаются реже и, полагают, причиной заболевания быть не могут, либо становятся чрезвычайно редко [1]. Эта группа микроорганизмов интересна тем, что её представителей в норме обнаруживают во всех отделах пищеварительного тракта здоровых людей разного возраста. Они играют важную роль в обеспечении колонизационной резистентности слизистых, в формировании и поддержании иммунитета, в нормальном пищеварении, в витаминобразовании и многих других жизненно важных процессах [2; 3]. В то же время они являются представителями группы условно-патогенных бактерий, способных вызывать аутоинфекцию, а при накоплении в окружающей среде – приводить к экзогенному инфицированию [4; 5].

Энтерококки видов *E. faecalis* и *E. faecium* чаще всего выделяются из клинического материала (80–90 % и 5–10 % соответственно) и при снижении резистентности организма нередко могут вызывать серьёзные гнойно-воспалительные заболевания (эндокардиты, менингиты) [6; 8; 9]. Ключевым критерием при дифференцировке полезных для человека представителей рода *Enterococcus* от патогенных является наличие или отсутствие у штамма набора генов патогенности [10]. Поэтому для разграничения потенциально опасных и полезных штаммов необходим анализ их генетического профиля [1].

Культуры энтерококков в работе исследовались с помощью стандартного метода ПЦР на наличие двух медицински значимых видов – *E. faecium* и *E. faecalis*, а также определялись два гена патогенности (ГП) – ген поверхностных белков, адгезинов (*asa1*) [12] и ген, кодирующий синтез факторов вирулентности – цитוליцинов (*cylA*) [11; 13]. Большинство исследу-

дователей полагают, что именно данные гены наиболее важны для развития энтерококкового инфекционного процесса [2; 14]. Исходя из вышеизложенного, целью данного исследования являлось определение ассоциаций видов и генов патогенности бактерий рода *Enterococcus*, выделенных из разных биотопов людей, проживающих в г. Иркутске.

Материалы и методы

В работе исследованы 93 образца культур представителей рода *Enterococcus*, выделенных из копрологических проб (47), гинекологических мазков (12), мазков из носоглотки (31), грудного молока (2), раны (1). Материал забирался в течение 2010 г. у лиц, проживающих в г. Иркутске и проходивших обследование в Центре дисбактериозов НЦ ПЗСРЧ СО РАМН.

Выделение чистой культуры и идентификация бактерий рода *Enterococcus* из клинического материала (копрологическая проба, мазок) проводились бактериологическим методом. Первичный посев осуществлялся с использованием кровяного агара и селективной коммерческой среды – энтерококкагара (Россия, Оболенск). После изучения культуральных свойств и микроскопии производились откол колоний и биохимическое тестирование для определения родовой принадлежности с использованием следующих идентификационных тестов: гемолиз, тест с 6,5%-ным NaCl, ПИР-тест, гидролиз эскулина в присутствии желчи, рост при 45 °С [7]. Видовая диагностика энтерококков, а именно принадлежность их к наиболее распространённым и клинически значимым видам, *E. faecium* и *E. faecalis*, проводилась с помощью полимеразной цепной реакции (ПЦР). В выделенных культурах энте-

рококков генетически выявлялись либо два вида энтерококков (*E. faecium* и *E. faecalis*), либо при отсутствии данных двух видов – другие, не идентифицированные нами виды, *Enterococcus* spp.

Для изучения видовой гетерогенности энтерококков, выделенных у индивидуума и бактериологически идентифицированных как *Enterococcus* spp., готовился образец смешанной культуры (далее – «образец») для дальнейшей генетической диагностики видов-ассоциантов. Выращенные на селективной среде колонии *Enterococcus* spp. собирались бакпетлём и суспензировались в 25 мкл дистиллированной воды.

Выделение суммарной ДНК бактерий осуществляли методом кипячения [13]. Для этого в пробирку Эппендорфа вносили 25 мкл дистиллированной воды, в которой суспензировали откол с колонии клеток *Enterococcus*. Пробирку помещали в термостат на 5 мин при температуре 95 °С. Амплификацию проводили с использованием коммерческого набора AmpliSens-200-1 (Россия, ФГУН ЦНИИЭ Роспотребнадзора). Реакционную смесь доводили до объёма 15 мкл, которая включала: 3 мкл 5×ПЦР буфера, 0,3 мкл dNTPmix, 1,5 мкл MgSO₄, 8,2 мкл H₂O MilliQ, по 1 мкл F-R-праймеров, 0,05 мкл Taq-полимеразы. ПЦР проводили с четырьмя парами бактериальных праймеров: две пары – видовые на *E. faecium* и *E. faecalis* (специфические к данным видам праймеры на основе гена 16S рибосомного ДНК), две пары, позволяющие выявлять гены патогенности *Enterococcus*. Характеристика и структура данных праймеров взята из литературных источников (табл. 1) [5].

Таблица 1

Характеристики праймеров, используемых в работе [5]

Виды, гены		Последовательности ДНК праймеров (5'–3')	Размер ампликона (п. н.)
<i>Enterococcus faecium</i>	F	TTG AGG CAG ACC AGA TTG ACG	658
	R	TAT GAC AGC GAC TCC GAT TCC	
<i>Enterococcus faecalis</i>	F	TCA AGT ACA GTT AGT CTT TAT TAG	941
	R	ACG ATT CAA AGC TAA CTG AAT CAG T	
<i>asa1</i>	F	CCAGCCAACATATGGCGGAATC	529
	R	CCTGTTCGCAAGATCGACTGTA	
<i>cylA</i>	F	ACTCGGGGATTGATAGGC	688
	R	GCTGCTAAAGCTGCGCTT	

Термическая программа цикла амплификации проводилась на амплификаторе (Applied Biosystems 2720 Thermal Cycler) и определялась методом подбора оптимального режима реакции амплификации для всех пар праймеров. После оптимизации режима амплификации ПЦР со всеми парами праймеров проводили в условиях: 95 °С – 2 мин; далее 35 циклов в режимах 95 °С – 20 с, 55 °С – 20 с, 72 °С – 30 с; затем 72 °С – 5 мин. ПЦР-продукты амплификации анализировали в 1%-ном агарозном геле в 0,5×ТА буфере, содержащем: 4 мкг/мл бромистого этидия, 5 мкг/мл маркера молекулярной массы (использовали O'RangeRuler 100 bp DNA Ladder или O'RangeRuler 200 bp DNA Ladder, производства «Fermentas»). В качестве отрицательного контроля использовали реакцию смесь, не содержащую ДНК. Режим электрофореза: 120 В, 50 мА, 30–50 мин. Результаты визуализировали в ультрафиолетовом свете и документировали с помощью програм-

мы inVCR на трансиллюминаторе UVT 1 Biokom. Статистическую обработку результатов ПЦР-анализа осуществляли методом двухфакторного дисперсионного анализа без повторения, при уровне значимости $p \leq 0,05$. Все расчёты проводились с использованием программы MS Excel.

Результаты

По всем исследуемым видам энтерококков и генам патогенности результаты ПЦР-анализа идентифицированных ДНК-фрагментов представлены в виде электрофореграмм (рис. 1). Из 93 образцов культур *Enterococcus*, исследованных в ПЦР, только 30 (32,3 %) оказались положительными на наличие исследуемых видов (*E. faecium*, *E. faecalis*), а 63 образца их не содержали (67,7 %) (рис. 2). Были генетически идентифицированы два вида: *E. faecium*, который встречался чаще (22 образца, 23,6 %), чем *E. faecalis* (8 образцов, 8,6 %).

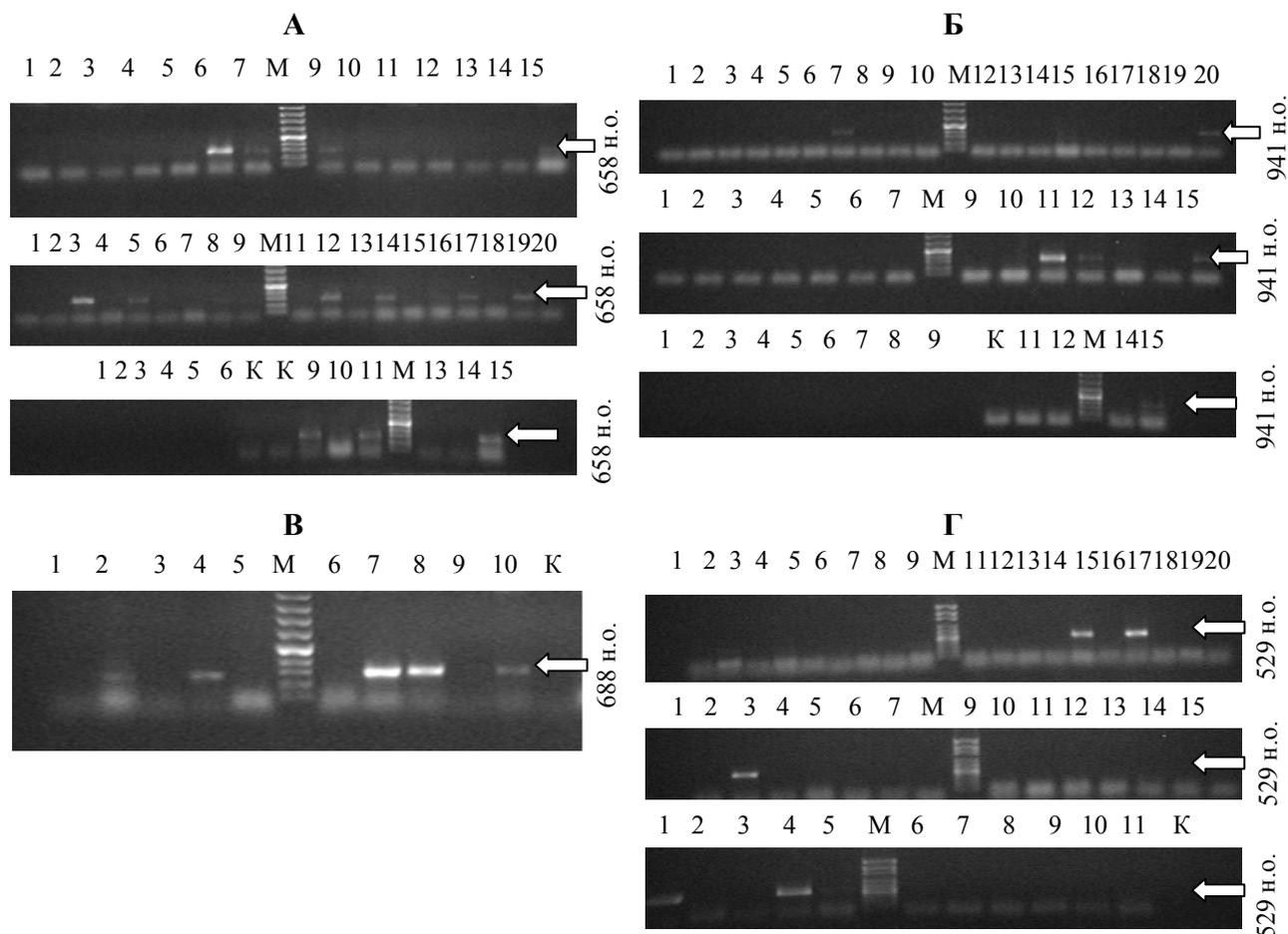


Рис. 1. Электрофореграмма результатов ПЦР-анализа: А – видовое типирование *E. faecium*; Б – видовое типирование *E. faecalis*; В – типирование генов патогенности, кодирующих синтез факторов вирулентности – цитолизина (*cylA*); Г – с праймерами на гены поверхностных белков – адгезинов (*asa1*). М – маркер молекулярной массы; К – отрицательный контроль

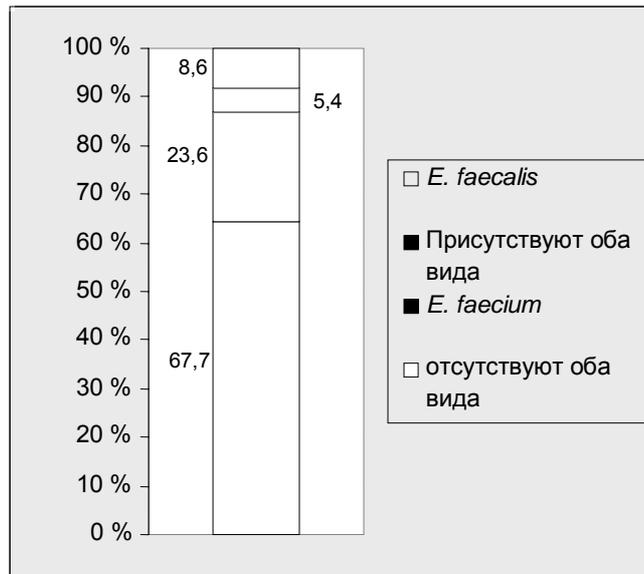


Рис. 2. Распределение видов (%) *E. faecium* и *E. faecalis* и их ассоциаций в исследуемой выборке

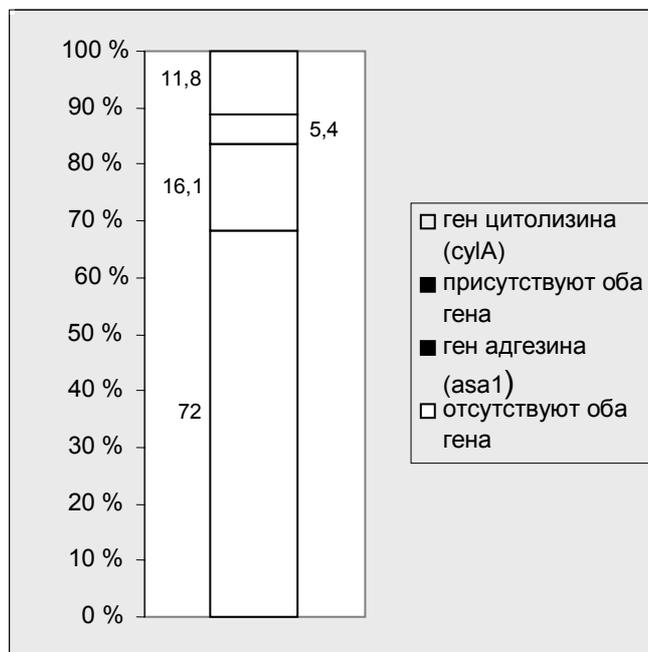


Рис. 3. Распределение генов патогенности и их ассоциаций в исследуемой выборке

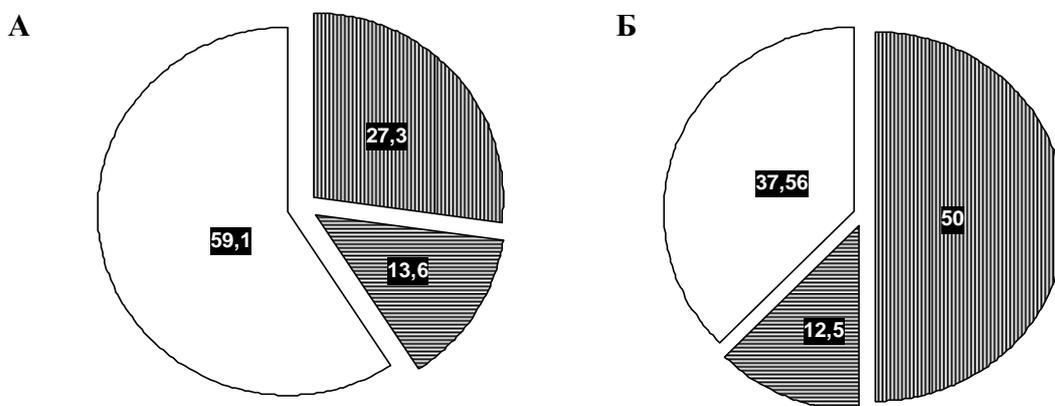


Рис. 4. А – Распределение генов патогенности у вида *E. faecium*, Б – у вида *E. faecalis*: – ген адгезина (*asa1*), – ген цитолизина (*cylA*), – отсутствуют оба гена

При этом одновременно оба вида сочетались редко (в 5 случаях, 5,4 %) (см. рис. 2). В исследуемой выборке превалировали образцы, не содержащие генов патогенности (67 образцов, 72 %). Ген, кодирующий адгезины (*asaI*), встречался чаще (15 образцов, 16,1 %), чем ген, кодирующий цитолизин (*cytA*) (11 образцов, 11,8 %), одновременно оба гена сочетались в только 5 образцах (5,4 % случаев) (рис. 3). Распределение генов патогенности по видам было следующим. В шести образцах культур (27,3 %), содержащих *E. faecium*, определялись гены патогенности, кодирующие синтез поверхностных белков адгезинов, в трёх образцах (13,6 %) – гены, кодирующие цитолизин. В тринадцати образцах (59,1 %) исследуемые гены не выявлялись (рис. 4, А).

Образцы с *E. faecalis* содержали гены патогенности, кодирующие синтез поверхностных белков адгезинов в четырёх случаях (50 %), кодирующие цитолизин – в одном (12,5 %), оба гена отсутствовали в трёх образцах культур (37,5 %) (рис. 4, Б). В общей сложности штаммы *E. faecalis* значительно чаще (5 из 8 выделенных культур, в 62,5 % случаев) обладали генами патогенности, чем *E. faecium* (9 из 22 культур, 40,9 %). Среди остальных, неидентифицируемых нами видов энтерококков (*Enterococcus* spp.), выявляемость изучаемых генов патогенности составляла 17,5 % (11 образцов из 63).

Распределение частот проявления генов патогенности зависело от пола: оба гена чаще встречались в выборке от мужской части ис-

следуемых ($p < 0,05$). От возраста проявление изучаемых генов патогенности не зависело.

Наиболее типичным биотопом для энтерококков является желудочно-кишечный тракт, однако известны случаи выделения этих микроорганизмов из других биотопов организма человека. В связи с этим для нас представлял интерес анализ полученных результатов в соответствии со всеми биотопами выделения (рис. 5–7). Как видим, наибольшее разнообразие ассоциаций изучаемых видов наблюдалось в кишечном тракте (см. рис. 5). Более половины образцов культур энтерококка были представлены *F. faecium* (60 %), около 30 % – *F. faecalis*, в 21 % образцов присутствовала ассоциация двух генетически типизируемых видов. В трети образцов энтерококков, выделенных из копрологических биопроб, присутствовали энтерококки других, не идентифицируемых нами видов, т. е. *Enterococcus* spp.

В носоглотке в подавляющем большинстве мазков присутствовали штаммы либо *F. faecium* (85 %), либо, хотя и достаточно редко, – *F. faecalis* (11 %, см. рис. 6). Других видов энтерококков в данном биотопе не обнаружено.

Видовая палитра энтерококков, определённых в мазках из мочеполювого тракта женщин, представляла в какой-то степени зеркальное отображение таковой носоглотки. В вагинальном биотопе отсутствовали определяемые нами два «медицински значимых» вида, но присутствовали другие нетипизируемые нами виды энтерококков (см. рис. 7).

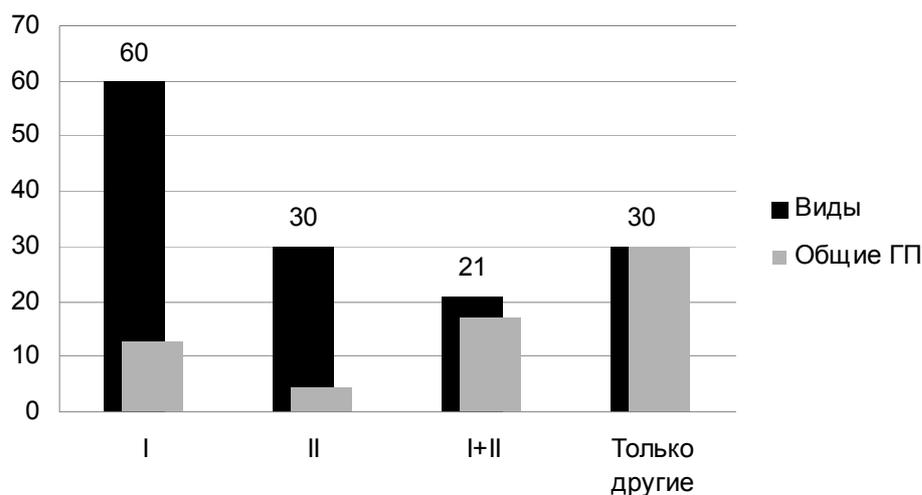


Рис. 5. Структура ассоциаций видов и удельный вес генов патогенности (ГП) энтерококков, выделенных из кишечного биотопа. Обозначения к рисункам 4–6: По оси абсцисс – виды энтерококков по отдельности и в ассоциациях: I – *F. faecium*; II – *F. faecalis*; I+II – *F. faecium*+*F. faecalis*; только другие (не идентифицированные), по оси ординат – % выявленных видов из образцов

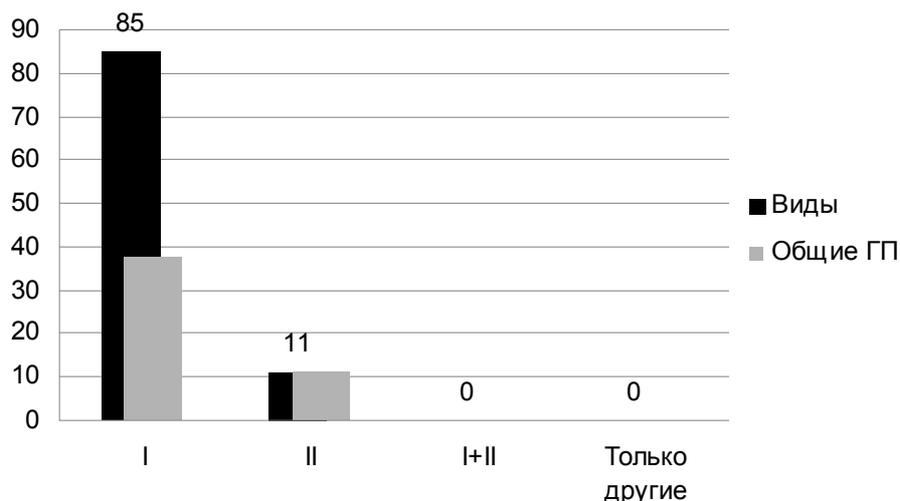


Рис. 6. Структура ассоциаций видов и удельный вес генов патогенности энтерококков, выделенных из носоглотки

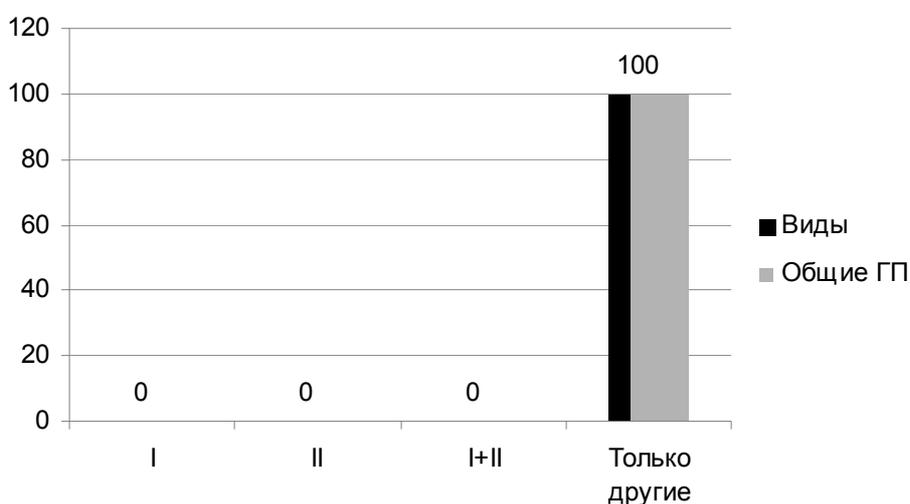


Рис. 7. Структура ассоциаций видов и удельный вес генов патогенности (ГП) энтерококков, выделенных из вагинального биотопа

Удельный вес генов патогенности, определяемых по видам, в кишечном биотопе был сопоставим как для штаммов *F. faecium*, так и *F. faecalis*: ГП присутствовали примерно в каждой пятой выделенной культуре. Однако при ассоциативном видовом статусе общий патогенный потенциал был более весомым, поскольку ГП, присутствуя хотя бы в одном из ассоциантов, регистрировались практически во всех исследуемых образцах. ГП отсутствовали только в каждом пятом из них, где имелась ассоциация двух видов. Во всех остальных образцах, где присутствовали неидентифицируемые виды энтерококков, ГП регистрировались.

В носоглоточном биотопе ГП определялись в половине образцов, где присутствовал *E. faecium* и во всех, где определялся *E. faecalis*. В вагинальном биотопе, при отсутствии двух ге-

нетически определяемых нами видов, присутствие какого-либо представителя ГП идентифицировалось в каждом образце посева (мазке).

Обсуждение

Известно, что нарастание случаев инфекционных процессов, обусловленных условно-патогенными микроорганизмами (УПМ), в том числе и энтерококками, в первую очередь связывают с увеличением числа лиц, имеющих иммунодефицитное состояние. Следовательно, учитывая усиливающееся клиническое значение энтерококков, в особенности видов *E. faecium* и *E. faecalis*, как возбудителей гнойно-воспалительных инфекций человека, представляются важными как идентификация возбудителя, так и возможность отличить его от энтерококков – компонентов нормального микро-

биоценоза или пищевых продуктов (пробиотиков, синбиотиков) [15]. Важно отметить, что ещё десятилетие назад основную долю выделенных от человека энтерококков составляли *E. faecalis* (80–90 %) и всего 5–10 % приходилось на долю *E. faecium* [1; 2]. В настоящее время ситуация изменяется с точностью до наоборот. Так, по нашим данным, из двух видов лидером по частоте выделяемости определялся *E. faecium* (23,6 % по сравнению с *E. faecalis* – 8,6 %). Хотя результаты исследований, проведенных в 2008 г. на материалах от населения ряда областей северо-западного региона России (Московской, Ленинградской и Тверской) [5], подтверждают превалирование штаммов *E. faecalis* над *E. faecium* (62,4 % и 37,6 % соответственно), однако по их данным уже отмечается тенденция выравнивания соотношения данных видов энтерококков в кишечной микробиоте населения. Как видим, результаты наших исследований уже свидетельствуют о смене лидерства, причем, с большим преимуществом в пользу *E. faecium* (23,6 % по сравнению с *E. faecalis* – 8,6 %). Соотношение же частот выявляемости определяемых нами генов патогенности в двух видах также различалось при сравнении с результатами работы [5], где эти маркеры определялись у *E. faecalis* в 2,1 раза чаще (62,5 %) по сравнению *E. faecium* (27,3 %). По нашим данным, это соотношение было равно 1,53 (*E. faecalis* – 62,5 %, *E. faecium* – 40,9 %). Подобное соотношение получилось, как видим, за счёт увеличения доли выявляемости в *E. faecium* исследуемых генов патогенности. В ряде работ [5; 15] ДНК также реагировала с праймерами на оба вида энтерококков, что указывает на возможную их ассоциацию. Определяемые нами гены патогенности в 3 раза чаще идентифицировались в двух изучаемых видах (*E. faecium*, *E. faecalis*) по сравнению с остальными, неидентифицируемыми в данном исследовании видами энтерококков.

Таким образом, исходя из полученных нами результатов, с одной стороны, подтверждают существующие данные других исследователей о большем потенциале патогенности у этих видов, с другой – наблюдается смена лидерства среди этих двух медицински значимых видов энтерококков.

Анализ материала в соответствии с биотопом выделения представляет интерес с точки зрения выявления патогенетической значимости идентифицируемого вида для конкретного биотопа, поскольку далеко не все представители видов энтерококков имеют медицинское

значение в развитии локальной инфекции. Поэтому на практике необходимо учитывать не только родовую и видовую принадлежность выделенного микроорганизма, но и патогенный потенциал штамма (например, принадлежность к определенному патогенному варианту), локализацию его в организме и степень обсеменённости им клинического материала. В связи с этим приведённые данные о частоте обнаружения бактериальных видов в различных биотопах организма человека, их ассоциаций и, главное, патогенном потенциале представляют интерес с точки зрения механизма взаимоотношения как общего потенциала патогенности микробиологического статуса организма, так и его локального сосредоточения. Данные о присутствии в вагинальном биотопе генов патогенности в неидентифицируемых в данном исследовании видах энтерококков согласуются с результатами генетического анализа штаммов из копрологических образцов, где в 30 % случаев также определялись аналогичные виды, в каждом из которых присутствовали исследуемые ГП. Таким образом, прослеживается микробиологическая взаимосвязь двух тесно связанных биотопов – кишечного и вагинального. Подтверждением данного наблюдения могут быть исследования, в которых отмечают, что микробиологический дисбаланс вагинального биотопа следует за таковым кишечного [6].

Полученные пока на небольшом объёме материалов результаты ставят дополнительные вопросы. Так, если присутствие фекальных энтерококков в носоглоточном биотопе расценивать как «случайный занос» из кишечника, почему они обладают большим потенциалом патогенности по сравнению с таковым в кишечнике? Не связана ли смена лидерства *E. faecalis* в пользу *E. faecium* с более широким использованием последнего в пищевой промышленности, особенно в сырах и колбасах? Так, авторы [16] на основании мониторинговых исследований энтерококков, применяемых в пищевой промышленности, отмечают возможность мигрирования по пищевой цепи генов, ответственных за проявление их антибиотической устойчивости, которые могут, в конечном счёте, попадать в организм человека.

Подобное исследование в регионе проведено впервые. Результаты дают пока предварительную информацию о вариантах ассоциаций видов энтерококков в целом и некоторых генов патогенности этих микроорганизмов, колонизирующих биотопы организма человека. Пла-

нируемые дальнейшие более детальные исследования с целью создания панорамного (объективного) представления о структурной архитектонике видов *Enterococcus* и их патогенного потенциала помогут решить некоторые поставленные вопросы, а также, возможно, поставят новые.

Выводы

1. Исследуемая популяция энтерококков, собранная из разных биотопов людей, характеризуется большим удельным весом *E. faecium* (23,6 %) по сравнению с *E. faecalis* (8,6 %). Ассоциация этих видов встречалась в 5,4 % случаев.

2. Ген патогенности *asa1*, кодирующий адгезины, встречался чаще (16,1 %), чем ген *cytA*, кодирующий цитолизин (11,8 %). Их ассоциация выявлялась в 5,4 % образцов.

3. Изучаемые гены патогенности в 3 раза чаще выявлялись в образцах культур энтерококков, где генетически определялись *E. faecium* и *E. faecalis* по сравнению с остальными образцами энтерококков, где отсутствовали эти два вида, подтверждая известные данные о большем потенциале патогенности у данных видов.

4. Ассоциации видов энтерококков для каждого биотопа имели оригинальные отличия: наиболее полный спектр вариантов (оба вида, один из определяемых видов, другие генетически не идентифицируемые в данной работе, или *Enterococcus* spp.) и их сочетаемость отмечались в кишечном микробиоценозе, наиболее бедный спектр – в вагинальном.

5. В носоглоточном биоценозе определялись энтерококки, отнесенные либо к *E. faecium*, либо к *E. faecalis*. Образцов с неидентифицируемыми видами (*Enterococcus* spp.) в носоглотке не выявлено.

6. Удельный вес генов патогенности был выше в образцах культур энтерококков, выделенных из носоглоточного биотопа.

7. Оба гена патогенности чаще встречались среди мужской части исследуемой выборки.

Литература

1. Билимова С. И. Характеристика факторов персистенции энтерококков / С. И. Билимова // Микробиология. – 2000. – № 4. – С. 104–105.
2. Бондаренко В. М. «Острова» патогенности бактерий / В. М. Бондаренко // Микробиология. – 2001. – № 4. – С. 67–74.

3. Бондаренко В. М. Ранние этапы развития инфекционного процесса и двойственная роль нормальной микрофлоры / В. М. Бондаренко, В. Г. Петровская // Вестн. РАМН. – 1997. – № 3. – С. 7–10.

4. Бондаренко В. М. Симбиотические энтерококки и проблемы энтерококковой оппортунистической инфекции / В. М. Бондаренко, А. Н. Суворов. – М., 2007. – 30 с.

5. Генетическая идентификация как способ выявления патогенных и симбиотических штаммов энтерококков / А. Е. Вершинин [и др.] // Журн. микроб. эпидем. иммунологии. – 2008. – № 5. – С. 83–87.

6. Кира Е. Ф. Бактериальный вагиноз (клиника, диагностика, лечение) : автореф. дис. ... д-ра мед. наук / Е. Ф. Кира. – СПб., 1995. – 22 с.

7. Методики клинических лабораторных исследований : справ. пособие. Т. 3. Клиническая микробиология. Бактериологические исследования. Микологические исследования. Паразитологические исследования. Инфекционная иммунодиагностика. Молекулярные исследования в диагностике инфекционных заболеваний / под ред. В. В. Меньшикова. – М. : Лабора, 2009. – С. 62–70.

8. Сидоренко С. В. Инфекции в интенсивной терапии / С. В. Сидоренко, С. В. Яковлев. – М. : Бионика, 2003. – 208 с.

9. Сидоренко С. В. Клиническое значение антибиотикорезистентности грамположительных микроорганизмов / С. В. Сидоренко // Инфекции и антимикробная терапия. – 2003. – № 5. – С. 3–15.

10. Шабанова Н. А. Различия по набору генов патогенности у штаммов *E. coli*, продуцирующих шига-подобные токсины / Н. А. Шабанова, В. М. Бондаренко // Журн. микроб. эпидем. иммунологии. – 2009. – № 5. – С. 4–8.

11. Щелкунов С. Н. Генетическая инженерия: учеб.-справ. пособие / С. Н. Щелкунов. – 2-е изд., испр. и доп. – Новосибирск : Сиб. университет. изд-во, 2004. – 496 с.

12. Энтерококки как возбудители инфекционных послеоперационных осложнений / И. Н. Габриэлян [и др.] // Микробиология. – 2007. – № 4. – С. 50–53.

13. Begley M. The interaction between bacteria and bile / M. Begley, C. G. Gahan, C. Hill // FEMS Microbiol. Rev. – 2005. – N 29. – P. 625–651.

14. Chenoweth C. The epidemiology of *Enterococcus* / C. Chenoweth, C. Schaberg // Eur. J. Clin. Microbiol. – 2005. – N 9. – P. 80–89.

15. Murray B. E. The life and times of the *Enterococcus* / B. E. Murray // J. Clin. Microbiol. – 1990. – N 3. – P. 46–65

16. Vancomycin resistant enterococci (VRE) in Swedish sewage sludge / L. Sahlström [et al.] // Acta Veterinaria Scandinavica. – 2009. – P. 451–452.

Association of species and genes of pathogenic bacteria genus *Enterococcus*, isolated from different biotopes to residents of the Irkutsk

S. M. Popkova¹, A. S. Volokitina^{1,2}, Yu. P. Dzhioev¹, P. A. Medvedeva^{2,3}, L. S. Kozlova², U. M. Nemchenko¹, N. M. Shabanova¹, E. I. Ivanova¹, A. I. Pilueva¹, E. B. Rakova¹, P. M. Kurkutova², A. A. Pristavka³, V. P. Salovarova³, G. V. Yurina³

¹ Institute of Epidemiology and Microbiology, SC PFHHR SB RAMS, Irkutsk

² Institute of Pediatrics, SC PFHHR SB RAMS, Irkutsk

³ Irkutsk State University, Irkutsk

Abstract. For the first time analyzed the association of pathogenicity genes and species of enterococci isolated from different biotopes of the people living in the city of Irkutsk. Established that on two medically significant species of enterococci (*E. faecalis* and *E. faecium*) prevails *E. faecium*. Greater potential for pathogenicity is concentrated on *E. faecalis*. Of the analyzed genes of pathogenicity, encoding proteins of adhesion (*asa1*) and cytolysin (*cytA*), in the studied sample of cultures, microbiological typed the genus *Enterococcus*, usually a fixed first. Compatibility of the species with other species of enterococci unidentifiable us for each of the studied biotopes (intestinal, vaginal, nasopharyngeal) had original differences with the fullest spectrum of species and their associations in the intestinal. Investigated genes of pathogenicity met in samples from a man's part of sample is more often. Display of studied genes of pathogenicity didn't depend on age.

Keywords: enterococci, pathogenicity gene, polymerase chain reaction, specific diversity of genes, biotopes.

Попкова Софья Марковна
Институт эпидемиологии и микробиологии
НЦ ПЗС РЧ СО РАМН

664025, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 3
доктор биологических наук, заведующий
лабораторией микроэкологии
тел. (3952) 33–34–41

Волокитина Анна Степановна
Институт эпидемиологии и микробиологии
НЦ ПЗС РЧ СО РАМН

664025, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 3
Институт педиатрии НЦ ПЗС СО РАМН

664003, г. Иркутск, ул. Тимирязева, 16
младший научный сотрудник
E-mail: anyavolokitina@mail.ru
тел. (3952) 33–39–52

Джиоев Юрий Павлович
Институт эпидемиологии и микробиологии
НЦ ПЗС РЧ СО РАМН

664025, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 3
кандидат биологических наук, старший научный
сотрудник
тел. (3952) 33–39–52
E-mail: alanir07@mail.ru

Козлова Любовь Сергеевна
Институт педиатрии НЦ ПЗСРЧ РАМН
664003, г. Иркутск, ул. Тимирязева, 16
кандидат медицинских наук, заведующий
лабораторией клинической иммунологии
и иммунопрофилактики
E-mail: clinica@irk.ru
тел. (3952) 24–68–21

Popkova Sofia Markovna
Institute of Epidemiology and Microbiology,
Scientific Centre of Family Health and Human
Reproduction Problems SO RAMS
3 K. Marx St., Irkutsk, 664025
D. Sc. of Biology, Head of Laboratory
of Microecology
phone: (3952) 33–34–41

Volokitina Anna Stepanovna
Institute of Epidemiology and Microbiology, Scientific
Centre of Family Health and Human Reproduction
Problems SO RAMS
3 K. Marx St., Irkutsk, 664025
Institute of Pediatrics, Scientific Centre of Family
Health and Human Reproduction Problems SO RAMS
16 Timiryazeva St., Irkutsk, 664003
junior research scientist
E-mail: anyavolokitina@mail.ru
phone: (3952) 33–39–51

Dzhioev Yuri Pavlovitch
Institute of Epidemiology and Microbiology,
Scientific Centre of Family Health and Human
Reproduction Problems SO RAMS
3 K. Marx St., Irkutsk, 664025
Ph. D. in Biology, senior research scientist
phone: (3952) 33–39–51,
E-mail: alanir07@mail.ru

Kozlova Lubov Sergeevna
Institute of Pediatrics, Scientific Centre of Family
Health and Human Reproduction Problems SO RAMS
16 Timiryazeva St., Irkutsk, 664003
Ph. D. in Medicine, Head of Laboratory of Clinical Im-
munology and Immunization
E-mail: clinica@irk.ru
phone: (3952) 24–68–21

Немченко Ульяна Михайловна
Институт эпидемиологии и микробиологии НЦ
ПЗСРЧ СО РАМН

664025, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 3
младший научный сотрудник
тел. (3952) 33–39–52

Ракова Елена Борисовна
Институт эпидемиологии и микробиологии
НЦ ПЗСРЧ СО РАМН

664025 г. Иркутск, ул. К. Маркса, 3
научный сотрудник
тел. (3952) 33–34–41

Шабанова Наталья Михайловна
Институт эпидемиологии и микробиологии НЦ
ПЗСРЧ СО РАМН

664025, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 3
младший научный сотрудник
тел. (3952) 33–39–52

Иванова Елена Иннокентьевна
Институт эпидемиологии и микробиологии НЦ
ПЗСРЧ СО РАМН

664025, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 3
младший научный сотрудник
тел. (3952) 33–39–52

Медведева Полина Алексеевна
Институт педиатрии НЦ ПЗСРЧ СО РАМН

664003, г. Иркутск, ул. Тимирязева, 16
младший научный сотрудник
тел. (3952) 24–68–21

Пилуева Алена Ивановна
Институт эпидемиологии и микробиологии НЦ
ПЗСРЧ СО РАМН

664025, г. Иркутск, ул. К. Маркса, 3
лаборант
тел. (3952) 33–39–52

Куркутова Полина Михайловна
Институт педиатрии НЦ ПЗСРЧ СО РАМН
664003, г. Иркутск, ул. Тимирязева, 16
младший научный сотрудник
тел. (3952) 24–68–21

Саловарова Валентина Петровна
Иркутский государственный университет 664003 г.
Иркутск, ул. Сухэ-Батора, 5
зав. кафедрой физико-химической биологии
доктор биологических наук, профессор.
E-mail: vsalovarova@rambler.ru
тел. (3952) 24–18–55

Nemchenko Ulyana Mikhaylovna
Institute of Epidemiology and Microbiology, Scientific
Centre of Family Health and Human Reproduction
Problems SO RAMS

3 K. Marx St., Irkutsk, 664025
junior research scientist
phone: (3952) 33–39–52

Rakova Elena Borisovna
Institute of Epidemiology and Microbiology,
Scientific Centre of Family Health and Human
Reproduction Problems SO RAMS

3 K. Marx St., Irkutsk, 664025
research scientist
phone: (3952) 33–34–41

Shabanova Natalia Mikhaylovna
Institute of Epidemiology and Microbiology, Scientific
Centre of Family Health and Human Reproduction
Problems SO RAMS

3 K. Marx St., Irkutsk, 664025
junior research scientist
phone: (3952) 33–39–52

Ivanova Elena Innokentyevna
Institute of Epidemiology and Microbiology, Scientific
Centre of Family Health and Human Reproduction
Problems SO RAMS,

3 K. Marx St., Irkutsk, 664025
junior research scientist
phone: (3952) 33–39–52

Medvedeva Polina Alekseevna
Institute of Pediatrics, Scientific Centre of Family
Health and Human Reproduction Problems SO RAMS

16 Timiryazev St., Irkutsk, 664003
junior research scientist
phone: (3952) 24–68–21

Pilueva Alena Ivanovna
Institute of Epidemiology and Microbiology, Scientific
Centre of Family Health and Human Reproduction
Problems SO RAMS

3 K. Marx St., Irkutsk, 664025
laboratorian
phone: (3952) 33–39–52

Kurkutova Polina Mikhaylovna
Institute of Pediatrics, Scientific Centre of Family
Health and Human Reproduction Problems SO RAMS

16 Timiryazev St., Irkutsk, 664003
junior research scientist
phone: (3952) 24–68–21

Salovarova Valentina Petrovna
Irkutsk State University
5 Sukhe-Bator St., Irkutsk, 664003
D. Sc. of Biology, Prof., Head of Department of Physi-
cal and Chemical Biology
E-mail: vsalovarova@rambler.ru
phone: (3952) 24–18–55

*Юринова Галина Валерьевна
Иркутский государственный университет
664003 г. Иркутск, ул. Сухэ-Батора, 5
кандидат биологических наук, доцент
тел. (3952) 24-18-55*

*Yurinova Galina Valeryevna
Irkutsk State University
5 Sukhe-Bator St., Irkutsk, 664003
Ph. D. in Biology, ass. prof.
phone: (3952) 24-18-55*

*Приставка Алексей Александрович
Иркутский государственный университет
664003 г. Иркутск, ул. Сухэ-Батора, 5
кандидат биологических наук, доцент
тел. (3952) 24-18-55*

*Pristavka Aleksey Aleksandrovitch
Irkutsk State University
5 Sukhe-Bator St., Irkutsk, 664003
Ph. D. in Biology, ass. prof.
phone: (3952) 24-18-55*