

© Коллектив авторов, 2017

УДК 616.98:579.861.2].015.8.076:575.083

*В.А. Гриценко<sup>1,2</sup>, О.Л. Карташова<sup>1</sup>, Т.М. Пашкова<sup>1</sup>, Я.В. Тяпаева<sup>1,3</sup>,  
Ю.П. Белозерцева<sup>3</sup>, П.П. Курлаев<sup>3</sup>, А.Р. Мавзютов<sup>4</sup>, А.А. Владимирова<sup>4</sup>*

### **ГЕНЫ *SDR*: РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ СРЕДИ ИЗОЛЯТОВ *STAPHYLOCOCCUS AUREUS*, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ РАЗЛИЧНЫХ БИОТОПОВ ТЕЛА ЧЕЛОВЕКА**

<sup>1</sup> Институт клеточного и внутриклеточного симбиоза УрО РАН, Оренбург, Россия

<sup>2</sup> Оренбургский научный центр УрО РАН, Оренбург, Россия

<sup>3</sup> Оренбургский государственный медицинский университет, Оренбург, Россия

<sup>4</sup> Башкирский государственный медицинский университет, Уфа, Россия

**Цель.** Охарактеризовать с помощью ПЦР распространенность генов *sdr*-локуса среди изолятов *Staphylococcus aureus*, выделенных от бактерионосителей и больных с различными инфекционно-воспалительными заболеваниями стафилококковой этиологии.

**Материалы и методы.** Методом ПЦР исследован 171 штамм *S. aureus*, выделенный со слизистой оболочки носовой полости резидентных и транзиторных бактерионосителей, из отделяемого влагалища женщин с миомой матки (ММ), содержимого пустул новорожденных с перинатальной пиодермией (ПП), транссудата венозно-трофических язв нижних конечностей (ВТЯНК) и гнойных ран у больных с синдромом диабетической стопы (СДС).

**Результаты.** Установлено, что гены *sdr*-локуса у штаммов *S. aureus*, изолированных от резидентных носителей, больных с ВТЯНК и СДС, обнаруживались значительно чаще (84,2, 83,3 и 86,4%, соответственно), чем у штаммов *S. aureus*, выделенных от транзиторных носителей (45,0%). Показано, что у изученных штаммов *S. aureus* наиболее часто обнаруживались *sdrC* и *sdrE* (33,3 и 59,1%, соответственно), тогда как ген *sdrD* выявлялся лишь у 7,6% изолятов *S. aureus*. Охарактеризована зависимость частоты встречаемости генов *sdr*-локуса у штаммов *S. aureus* от источника выделения.

**Заключение.** Обсуждены возможные причины вариабельности частоты встречаемости отдельных *sdr*-генов и их комбинаций у штаммов *S. aureus*, выделенных из различных биотопов тела человека. Рассмотрена перспектива разработки панели генетических маркеров для идентификации патогенных вариантов *S. aureus* в микробиоценозах как источниках потенциальных возбудителей эндогенных инфекций.

**Ключевые слова:** *Staphylococcus aureus*, бактерионосительство, инфекционно-воспалительная патология, *sdr*-гены, MSCRAMM.

---

---

*V.A. Gritsenko<sup>1,2</sup>, O.L. Kartashova<sup>1</sup>, T.M. Pashkova<sup>1</sup>, Y.V. Tyapaeva<sup>1,3</sup>,  
Y.P. Belozertseva<sup>3</sup>, P.P. Kurnaev<sup>3</sup>, A. R. Mavzyutov<sup>4</sup>, A.A. Vladimirova<sup>4</sup>*

### **SDR GENES: DISTRIBUTION AMONG ISOLATES OF *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* ISOLATED FROM DIFFERENT BIOTOPES OF MAN**

<sup>1</sup> Institute for Cellular and Intracellular Symbiosis UB RAS, Orenburg, Russia

<sup>2</sup> Orenburg Scientific Centre UrB RAS, Orenburg, Russia

<sup>3</sup> Orenburg State Medical University, Orenburg, Russia

<sup>4</sup> Bashkir State Medical University, Ufa, Russia

**Objective.** Characterized by PCR the distribution of the genes of *sdr*-region among *Staphylococcus aureus* strains, isolated from men with staphylococcal nasal-carriage and patients with various infectious and inflammatory diseases of staphylococcal etiology.

*Materials and methods.* 171 strains of *S. aureus*, isolated from the nasopharynx of resident and transient bacterial carriers, from the vaginal discharge of women with uterine myoma (UM), from the contents of the pustules of the newborns with perinatal pyoderma (PP), from the venous-trophic ulcer of the lower extremities (VTULE) and from the purulent separated erosion and ulcers of patients with diabetic foot syndrome (DFS) were studied by PCR.

*Results.* Found that genes of *sdr*-region from *S. aureus* strains isolated from resident carriers, patients with VTULE and DFS, were detected significantly more often (84,2, 83,3 and 86,4 per cent, respectively) than from *S. aureus* strains, isolated from transient carriers (45 per cent). The studied *S. aureus* strains were found most frequently *sdrC* and *sdrE* (33.3 and 59.1 per cent, respectively), while the *sdrD* gene was detected in only 7.6 per cent of *S. aureus* isolates was shown. The dependence of the frequency of occurrence of genes *sdr*-region of *S. aureus* strains from the emission source was characterized.

*Conclusion.* Possible causes of variability in the frequency of occurrence of individual *sdr*-genes and their combinations of *S. aureus* strains isolated from different biotopes of the human body were discussed. The long term development of panels of genetic markers to identify pathogenic variants of *S. aureus* in the microbiocenosis of man as sources of potential pathogens endogenous infections was considered.

*Keywords:* *Staphylococcus aureus*, nasal-carriage, infectious and inflammatory pathology, *sdr*-genes, MSCRAMM.