

© Коллектив авторов, 2018

УДК 616.98:579.861.2].015.8.076:575.083

*О.Л. Карташова¹, Т.М. Пашкова¹, Я.В. Тяпаева^{1,3}, Ю.П. Белозерцева³,
П.П. Курлаев³, А.Р. Мавзютов⁴, В.А. Гриценко^{1,2}*

STAPHYLOCOCCUS AUREUS: ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ С УЧЕТОМ ИСТОЧНИКА ВЫДЕЛЕНИЯ

¹ Институт клеточного и внутриклеточного симбиоза УрО РАН, Оренбург, Россия

² Оренбургский научный центр УрО РАН, Оренбург, Россия

³ Оренбургский государственный медицинский университет, Оренбург, Россия

⁴ Башкирский государственный медицинский университет, Уфа, Россия

Цель. Анализ генетического разнообразия *S. aureus* с учетом источников выделения.

Материалы и методы. Методом ПЦР исследовано 163 штамма *S. aureus*, выделенных со слизистой оболочки носовой полости стафилококковых бактерионосителей (БН), 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. Проведено сравнительное изучение генетического разнообразия *S. aureus*, выделенных при инфекционных процессах разной локализации. Установлены особенности распространения комбинаций генов *ssp*, *spa*, *sdrE*, *sdrC*, *sdrD*, *clfA*, *clfB* в популяциях *S. aureus*, изолированных при инфекционных заболеваниях. Показано, что частота их встречаемости нарастает в ряду: больные с ММ и ВТЯНК < бактерионосители < новорожденные с ПП < больные с СДС.

Заключение. Полученные данные расширяют представление о генетическом разнообразии *S. aureus*, выделенных при инфекционных процессах разной локализации и бактерионосительстве.

Ключевые слова: *Staphylococcus aureus*, бактерионосительство, инфекции, генетические маркеры патогенности.

*O.L. Kartashova¹, T.M. Pashkova¹, Y.V. Tyapaeva^{1,3}, Y.P. Belozertseva³,
P.P. Kurnaev³, A.R. Mavzyutov⁴, V.A. Gritsenko^{1,2}*

STAPHYLOCOCCUS AUREUS: GENETIC DIVERSITY TAKING INTO ACCOUNT THE SOURCE OF ALLOCATION

¹ Institute for Cellular and Intracellular Symbiosis UrB RAS, Orenburg, Russia

² Orenburg Scientific Centre UrB RAS, Orenburg, Russia

³ Orenburg State Medical University, Orenburg, Russia

⁴ Bashkir State Medical University, Ufa, Russia

Objective. Analysis of the genetic diversity of *S. aureus*, taking into account the sources of isolation.

Materials and methods. 163 strains of *S. aureus*, isolated from the nasopharynx of 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. A comparative study of the genetic diversity of *S. aureus* isolated during infectious processes of different localization was carried out. Peculiarities of distribution of *ssp*, *spa*, *sdrE*, *sdrC*, *sdrD*, *clfA*, *clfB* genes in *S. aureus* populations isolated in infectious diseases have

been established. It is shown that the frequency of their occurrence increases in the series: patients with UM and VTULE < bacterial carriers < newborns with PP < patients with DFS

Conclusion. The data obtained expand the understanding of the genetic diversity of *S. aureus*, isolated during infectious processes of different localization and bacteriocarrier.

Key words: *Staphylococcus aureus*, bacteriocarrier, infections, genetic markers of pathogenicity.