

Влияние бактериофага *Pseudomonas phage Ka1* из семейства *Podoviridae* на активность антимикробных препаратов в отношении *Pseudomonas aeruginosa*

Научный руководитель – Каюмов Айрат Рашитович

Палагина Виктория Геннадьевна

Студент (бакалавр)

Казанский (Приволжский) федеральный университет, Институт фундаментальной медицины и биологии, Кафедра генетики, Казань, Россия

E-mail: palagina.vika@bk.ru

Открытие антибиотиков стало одним из значимых достижений в области здравоохранения. Сейчас антибиотические препараты находятся в постоянной доступности для населения. Неограниченное использование препаратов сопровождается быстрым ростом резистентности [2,3].

Pseudomonas aeruginosa является широко распространенной, грамотрицательной бактерией, способной вызывать тяжелые инфекции. Преимущественно поражает дыхательные, мочевыводящие пути, является причиной осложнения ожоговых ран [1]. Антибиотикам, действующим в лабораториях, часто не удается устранить штамм из дыхательных путей пациента из-за развития устойчивых колоний [5].

Одно из возможных решений данной проблемы - введение альтернативных методов борьбы с инфекциями, что позволит снизить общую дозировку антибиотиков и предотвратить появление новой устойчивости.

Фаги показывают многообещающие результаты против биопленок, а также в лечении устойчивых к антибиотикам инфекций *P. aeruginosa* [3].

Целью данной работы являлась оценка совместного применения нового бактериофага *Pseudomonas phage Ka1* с антибиотиками против *Pseudomonas aeruginosa*.

Из озера Байкал был выделен бактериофаг Ka1, способный лизировать клетки *P. aeruginosa*. Проведено полногеномное секвенирование генома бактериофага на платформе Illumina-SOLEXA (MiSeq). Геном Ka1 содержит 46092 нуклеотидов и имеет максимальную идентичность с геномом бактериофага *Pseudomonas phage PSA37* (95,14%) при покрытии 79%, относящимся к семейству *Podoviridae*. Электронная микроскопия Ka1 подтвердила соответствие структуры подовирусам.

В ходе исследований выявлен синергетический эффект бактериофага Ka1 в отношении *P. aeruginosa* с антибактериальными препаратами, такими как амикацин, гентамицин, меропенем и цiproфлоксацин. В сочетании с бактериофагом минимальная подавляющая концентрация этих препаратов снижалась в 4 раза.

Бактериофаг Ka1 является потенциальным агентом для внесения его в состав фаговых коктейлей для лечения инфекций. Также его можно применять совместно с амикацином, гентамицином и меропенемом для снижения дозировки препаратов и получения большего бактерицидного эффекта.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований проект №20-04-00247.

Источники и литература

- 1) Horcajada J. Epidemiology and treatment of multidrug-resistant and extensively drug-resistant *Pseudomonas aeruginosa* infections // Clin Microbiol Rev., 2019. С. 32-35.

- 2) Medina E. Tackling Threats and Future Problems of Multidrug-Resistant Bacteria // How to Overcome the Antibiotic Crisis. M., 2016. C. 5-8.
- 3) Soothill J. Use of bacteriophages in the treatment of Pseudomonas aeruginosa infections // Expert Review of Anti-infective Therapy, 2013. C. 909-915.
- 4) Tacconelli E. Discovery, research, and development of new antibiotics: the WHO priority list of antibiotic-resistant bacteria and tuberculosis // Lancet Infect Dis., 2018. C. 318-320.
- 5) Treepong P. Global emergence of the widespread Pseudomonas aeruginosa ST235 clone // Clin Microbiol Infect., 2018. C. 258.