DOI 10.66073/ReFocus-Conf/3010108

ВЫДЕЛЕНИЕ И ИДЕНТИФИКАЦИЯ БАКТЕРИЙ ГРУППЫ ESKAPE ИЗ ВОДНЫХ ОБЪЕКТОВ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННОГО НАЗНАЧЕНИЯ И ПЕРВИЧНЫЙ СКРИНИНГ ИХ РОСТА В ПРИСУТСТВИИ АНТИБИОТИКОВ

Махсумханова Мубинахон Ахмаджан кизи, Саидова Ирода Мирджамаловна, Алимова Барно Хасановна, Пулатова Озодахон Мансуровна, Махсумханов Ахмаджан Азамханович

Институт микробиологии Академии наук Республики Узбекистан, Ташкент, Узбекистан; e-mail: muanmyro27@mail.ru

Ключевые слова: ESKAPE, сельскохозяйственные водные объекты, антибиотики, фенотипический скрининг, MALDI-TOF MS.

Актуальность

Сельскохозяйственные водные объекты могут служить резервуарами бактерий и генетических детерминант антимикробной резистентности. Поступление животноводческих стоков и поверхностного стока с удобряемых навозом угодий создаёт потенциальные пути их распространения в окружающей среде [1, 2]. Особый интерес представляет выявление бактерий группы ESKAPE в воде, используемой для сельскохозяйственных нужд.

Цель исследования

Выделить и идентифицировать бактерии группы ESKAPE из водных объектов сельскохозяйственного назначения и провести первичный скрининг их способности к росту в присутствии антибактериальных препаратов.

Материалы и методы

Исследовали образцы воды из пяти источников, включавших тепличные системы водоснабжения и каналы. Проведено три последовательных этапа отбора с интервалом 30 дней. После поступления образцов определяли pH. Количество культивируемых микроорганизмов оценивали методом глубинного посева десятикратных разведений на Nutrient Agar с инкубацией при 37 °C и учётом колоний через 24, 48 и 72 ч; результаты выражали в КОЕ/мл.

Для повышения выявляемости бактерий 100 мл воды фильтровали через мембраны с размером пор 0,22 мкм. Мембраны переносили в Tryptic Soy Broth и Mossel Broth и инкубировали при 37 °C в течение 24–48 ч. Результаты после обогащения использовали только для качественного обнаружения бактерий, а не для расчёта их исходной концентрации. Чистые культуры получали последовательными пересевами; предварительную дифференциацию проводили на селективных и дифференциально-диагностических средах, идентификацию проводили методом MALDI-TOF MS.

Первичный скрининг проводили посевом 100 мкл накопительной культуры на Mueller–Hinton Agar с антибиотиками. Регистрировали видимый рост, рассчитывая долю положительных посевов для каждой комбинации препарата и концентрации. Данная схема не являлась стандартизованным определением антибиотикочувствительности; категории S, I и R не присваивали.

ДЛЯ ЦИТИРОВАНИЯ
Махсумханова М., Саидова И., Алимова Б.Х., Пулатова О.М. и др. Выделение и идентификация бактерий группы ESKAPE из водных объектов сельскохозяйственного назначения и первичный скрининг их роста в присутствии антибиотиков // Состояние и перспективы развития фундаментальной и прикладной микробиологии: точка зрения молодых учёных: материалы Республиканской научно-практической конференции. – Ташкент, 2026. – С. 380–381.
DOI: https://doi.org/10.66073/ReFocus-Conf/3010108

Результаты и обсуждение

Культивируемые микроорганизмы обнаружены во всех исследованных образцах воды. Методом MALDI-TOF MS идентифицировано 148 изолятов. Среди них выявлены следующие представители классической группы ESKAPE: *Klebsiella pneumoniae* — 15 изолятов (10,1 %), *Enterococcus faecium* — 8 (5,4 %), *Pseudomonas aeruginosa* — 17 (11,5 %) и *Acinetobacter baumannii* — 4 (2,7 %). Суммарно указанные представители группы ESKAPE составили 44 изолята (29,7 % от общего числа идентифицированных изолятов). *Staphylococcus aureus* не выявлен. Кроме того, идентифицировано 42 изолята *Escherichia coli* (28,4 %) и 4 изолята *Enterococcus faecalis* (2,7 %). Выделенные *E. coli* и *E. faecalis* не относятся к классической группе ESKAPE, однако представляют интерес для исследования антимикробной резистентности. Остальные 58 изолятов (39,2 % от общего числа идентифицированных изолятов) были отнесены к другим бактериальным таксонам.

Выводы

В исследованных водных объектах сельскохозяйственного назначения выявлены представители классической группы ESKAPE — *K. pneumoniae*, *E. faecium*, *P. aeruginosa* и *A. baumannii*, суммарно составившие 29,7 % идентифицированных изолятов. Первичный скрининг показал сохранение бактериального роста в присутствии ряда антибактериальных препаратов при заданных экспериментальных концентрациях. Полученные результаты обосновывают дальнейшее стандартизованное определение антибиотикочувствительности выделенных чистых культур и исследование генетических детерминант устойчивости.

Список литературы

1. Murray C. J. L. et al. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. The Lancet. 2022; 399:629–655. doi:10.1016/S0140-6736(21)02724-0.
2. Hanna N., Tamhankar A. J., Stålsby Lundborg C. Antibiotic concentrations and antibiotic resistance in aquatic environments of the WHO Western Pacific and South-East Asia regions: a systematic review and probabilistic environmental hazard assessment. The Lancet Planetary Health. 2023;7: e45–e54. doi:10.1016/S2542-5196(22)00254-6.