

Секция «Биоинженерия и биоинформатика»

Молекулярная характеристика изолятов *Neisseria meningitidis*, выделенных на территории Республики Беларусь

Синюк Константин Викторович

Студент

*Белорусский государственный медицинский университет, медико-профилактический,
Минск, Беларусь*

E-mail: KO-17@yandex.ru

Введение. В настоящее время «золотым стандартом» эпидемиологического мониторинга менингококковой инфекции является мультилокусное сиквенс-типирование (МЛСТ) изолятов возбудителя, базирующееся на секвенировании фрагментов генов домашнего хозяйства. Каждый фрагмент гена, отличающийся на один нуклеотид, рассматривается как уникальный аллельный вариант с присвоением соответствующего номера. Совокупность аллельных вариантов конкретного изолята определяет его сиквенс-тип. Близкородственные штаммы с несколькими совпадающими аллельными вариантами и произошедшие от одного предшественника объединяются в клональные комплексы.

Цель исследования: охарактеризовать генетическую структуру и филогению популяции *N. meningitidis*, циркулирующей на территории Республики Беларусь.

Материалы и методы: В качестве объектов исследования были использованы 17 изолятов *N. meningitidis* из разных областей Беларуси, выделенных на протяжении 2006 – 2010 гг. [1]. Условия реакции амплификации и секвенирования, а также последовательности праймеров соответствовали стандартным [3]. Филогенетический анализ проведен в программном комплексе BEAST [2].

Результаты и обсуждение. Аллельные профили 75% белорусских изолятов не имели аналогов в базе данных, для 43,75% изолятов не установлена принадлежность к существующим клональным комплексам. Также были открыты новые аллели *agoE*, *fumC* и *gdh* генов, не установленные ранее. Большинство изолятов, содержащие близкие к открытым аллели, ($80,57 \pm 0,67\%$; $p < 0,001$) были выделены в странах Европы, при этом выраженного преобладания распространения в какой-либо одной стране не наблюдалось.

В полученной дендрограмме (Рисунок 1) выделяются 2 филогенетически отдаленных кластера. Распределение изолятов в данных кладах не зависит от мест их выделения. Сиквенс-типы белорусских менингококков с неустановленной клональной принадлежностью характеризуются ранним временем дивергенции, что указывает на их анцестральную природу.

Выводы. Заболеваемость менингококковой инфекцией на территории Беларуси обусловлена эндемичными штаммами *N. meningitidis*, которые являются предками распространенных в Европе клональных комплексов, что подтверждается анализом впервые открытых аллелей *agoE*, *fumC* и *gdh* генов и эволюции, основанной на данных МЛСТ.

Литература

1. Титов Л.П. Менингококковая инфекция: современное состояние проблемы. // Здравоохранение. 2010. 12. С. 15-23.

2. Drummond A.J, Rambaut A. BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees. // BMC Evolutionary Biology. 2007, 7. p. 214
3. Maiden, M.C., Bygraves, J.A., Feil, E. Multilocus sequence typing: a portable approach to the identification of clones within populations of pathogenic microorganisms. // Proc Natl Acad Sci USA. 1998, 95. p. 3140–3145.

Иллюстрации

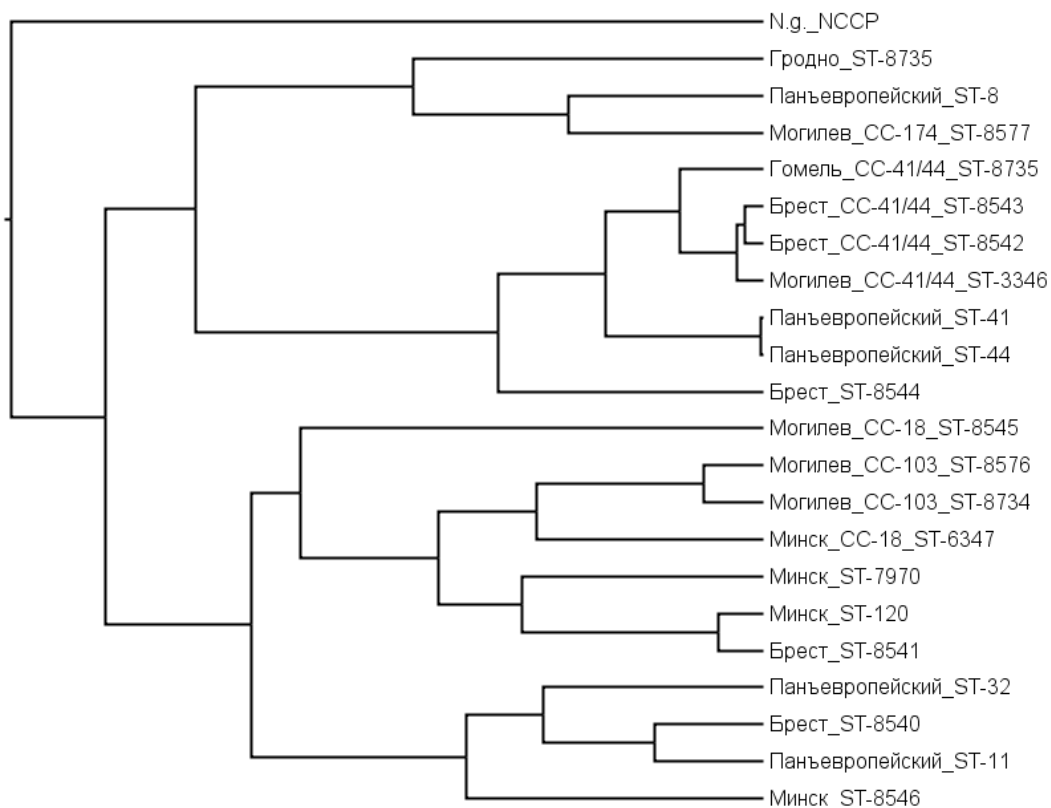


Рис. 1: Филогенетическое дерево белорусских сиквенс-типов и сиквенс-типов ST-41, ST-44, ST-32, ST-11, ST-8, взятых в качестве контроля. Штамм *N. gonorrhoeae* NCCP11945 взят в качестве внешней группы. СС – клональный комплекс, ST – сиквенс-тип.