

**Громыко Л. Ю., Пономарёва К. А.**  
**MLVA- МЕТОД ТИПИРОВАНИЯ МИКРООРГАНИЗМОВ**

**Научный руководитель канд. мед. наук, доц. Слизень В. В.**  
*Кафедра микробиологии, вирусологии, иммунологии*  
*Белорусский государственный медицинский университет, г.Минск*

**Актуальность.** Геномная идентификация микроорганизмов с последующим определением их резистентности и восприимчивости к определенным антибиотикам является важным этапом борьбы с очаговыми заболеваниями. Одним из наиболее точных методов типирования микроорганизмов, основанных на полимеразной цепной реакции, является мультилокусный анализ числа тандемных повторов (Multilocus variable number tandem repeat (VNTR) analysis — MLVA).

**Материал и методы.** Использован метод MLVA для типирования микроорганизмов с проведением мультипраймной ПЦР и электрофореза.

**Результаты.** Метод MLVA применяется для установления принадлежности исследуемой культуры бактерий к определенному штамму по уникальному набору тандемных повторов в структуре ДНК клетки. Типирование основано на идентификации рассеянных в цепи ДНК VNTR-локусов (участков, содержащих разное число тандемных повторов). Сущность метода состоит в определении локализации тандемных повторов в нуклеотидной последовательности ДНК исследуемого изолята бактерий и последующем определении их длины при помощи полимеразной цепной реакции. Полученный в результате типирования цифровой код, содержит информацию о количестве повторов в VNTR-локусах, что позволяет отнести тестируемые культуры бактерий к тому или иному штамму. В настоящее время функционирует международная база данных тандемных повторов, что создает возможность стандартизации метода. Активно ведутся работы в области интеграции информации о MLVA-протоколах разработанных в разных странах, утверждения MLVA-стандартов и пополнения базы данных по MLVA-типированию. MLVA успешно применяется для типирования самых разных микроорганизмов: *Staphylococcus aureus*, *Salmonella typhimurium*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Legionella pneumophila*, *Burkholderia pseudomallei*, бактерии рода *Brucella* и др. К преимуществам данного метода относятся высокая скорость, пропускная способность, приемлемая стоимость, простота использования, объективность, универсальность и портативность. Получены профили ампликонов для *S.typhimurium* и *M.tuberculosis*.

**Выводы:** MLVA-типирование завоевывает признание эпидемиологов, микробиологов, клиницистов во многих странах, как удобный и качественный метод типирования микроорганизмов. Показано, что метод MLVA позволяет типировать *S.typhimurium* и *M.tuberculosis*.