

Дешиц Д. Н.
**БИОИНФОРМАЦИОННЫЙ АНАЛИЗ ГЕНЕТИЧЕСКИХ МАРКЕРОВ
ГЕНОТИПОВ *Mycobacterium tuberculosis***

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

Актуальность. В настоящее время туберкулез остается одной из наиболее значимых проблем здравоохранения во всем мире. Туберкулез является одной из 10 ведущих причин смерти в мире. В 2015 году туберкулезом заболели 10,4 миллиона человек, и 1,8 миллиона человек (в том числе 0,4 миллиона человек с ВИЧ) умерли от этой болезни. *M. tuberculosis* гетерогенны, в настоящее время описаны следующие генотипы *M. tuberculosis*: *Beijing*, *CAS*, *Haarlem*, *LAM*, *EAI*, *Ural*, *T*. Наиболее часто встречаемым генотипом, особенно в странах бывшего СССР, является *Beijing*, что связано с его повышенной вирулентностью, способностью размножаться в макрофагах и адаптацией к иммунной системе макроорганизма.

Цель: выявить генетические маркеры, специфичные для различных генотипов *M. tuberculosis* для дальнейшего использования их в экспресс-генотипировании в клинической практике.

Материалы и методы. Проведен анализ литературы и определены генотипы *M. tuberculosis*, которые чаще всего выявляются у больных туберкулезом. Изучены сходства и различия в последовательности нуклеотидов, а также полиморфизм генов основных генотипов возбудителя с помощью методов биоинформационного анализа. Первичную структуру генов получали из баз проекта Human Microbiome Project, NCBI, TubList, TBDB, Tbvarg. Выравнивание и филогенетический анализ генов, оценку сходства и различий генов проводили с использованием программы MEGA7.

Результаты и их обсуждение. Уникальные молекулярно-генетические характеристики генотипа *Beijing*: 1) IS6110 – это специфический комплекс, позволяющий идентифицировать генотип *Beijing*, интегрированный между генами *dnaA* и *dnaN*; 2) делеция региона RD207 и регионов RD105, RD181, RD150, RD142 (в зависимости от типа штамма); 3) делеция в гене Rv0927 и SNP в межгенном регионе Rv0927; 4) мутация A191C в гене Rv2629 (ассоциирована с резистентностью к рифампицину); 5) делеция в гене Rv0279c; 6) полиморфизм нуклеотидов в 3 генах *mut*: *mutT2*, *mutT4* и *ogt*. Гены, которые также могут быть использованы для идентификации генотипов *M. tuberculosis*: Rv0749 – генотип *EAI*; Rv1740 – генотип *LAM*; Rv1956 – генотип *Beijing*; Rv2103c – генотип *Beijing*; Rv2494 – генотипы *LAM*, *Haarlem*, *Beijing*; Rv2526 – генотип *SMI*; Rv2595 – генотип *EAI*; Rv1397 – генотип *Ural*; Rv2274c – генотип *LAM*; Rv3408 – генотип *T*.

Выводы. Выявленные специфичные генетические маркеры помогут ускорить процесс идентификации ключевых генотипов *M. tuberculosis*, что, в свою очередь, позволит проводить адресные противозидемические мероприятия.