

Генотипирование вакцинных и аттенуированных штаммов возбудителя сибирской язвы, депонированных в Государственной коллекции патогенных микроорганизмов (ГКПМ-Оболенск) методом MLVA

Научный руководитель – Тимофеев Виталий Сергеевич

Гончарова Юлия Олеговна

Выпускник (магистр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра генетики, Москва, Россия

E-mail: iulia.belay@yandex.ru

MLVA (Multiple Locus VNTR Analysis) - метод, широко используемый для генотипирования патогенных микроорганизмов, суть которого заключается в определении длины VNTR (Variable Number Tandem Repeat) локусов, представляющих участки генома, организованные в виде коротких повторяющихся нуклеотидных последовательностей [5].

Несмотря на использование вакцинных и аттенуированных штаммов *B. anthracis* при изготовлении вакцин для человека и животных [2,4], а также в качестве модельных объектов в различных исследованиях, связанных с сибирской язвой, особенности их генома остаются слабо изученными. В частности, для некоторых ранее не осуществлялось MLVA-генотипирование.

В работе было осуществлено генотипирование 20 вакцинных и аттенуированных штаммов *B. anthracis* из Государственной коллекции патогенных микроорганизмов (ГКПМ-Оболенск) методом MLVA по ранее описанной схеме MLVA7, включающей 7 VNTR- локусов: *virA*, *bams03*, *bams05*, *bams22*, *bams34*, *bams44*, и *vntr23* [5]. В результате среди исследуемых штаммов выявлено 9 генотипов. К генотипу 1 отнесены 7 штаммов (СТИ-1, СТИ-ПР, 55, PARTEC, СТИ-5, М-71R, 228/8), к генотипу 2 - 3 штамма (Ланге-1, Ланге-2, Pasteur), к генотипу 3 - 2 штамма (34F2 Sterne, 220), к генотипу 4 - 2 штамма (СТИ-3 (401), Ихтиман), к генотипу 5 - 2 штамма (М-71S, 71/12). Другие 4 штамма (770, СТИ1-Rif4, Даккар, Ames-delta) имели индивидуальный MLVA-профиль, не совпадающий с другими штаммами, и отнесены к генотипам 6-9. Полученные данные были сопоставлены с ранее описанными результатами генотипирования *B. anthracis* методом MLVA [1, 3, 4, 5]. Статистическая обработка полученных данных была выполнена путем подсчета индекса биоразнообразия Симпсона для каждого локуса.

Источники и литература

- 1) Афанасьев М.В., Кравец Е.В., Дугаржапова З.Ф., Такайшвили В.Е., Половинкина В.С., Балахонов С.В. Сравнительный мультилокусный VNTR- и SNP-анализ вакцинных штаммов *Bacillus anthracis*. // Молекулярная генетика, микробиология и вирусология. 2014, №2, 36-40.
- 2) Маринин Л.И., и др. Методы изучения биологических свойств возбудителя сибирской язвы: (учебно-методическое пособие). / под ред. Л. И. Маринина и И. А. Дятлова. Гигиена, 2009.
- 3) Маринин Л.И., и др. Методы изучения биологических свойств возбудителя сибирской язвы: (учебно-методическое пособие). / под ред. Л. И. Маринина и И. А. Дятлова. Гигиена, 2009. Павлов Д.Л., Онучина Н.В., Кузнецовский А.В., Фоменков О.О.,

Туманов А.С. Результаты исследования биологических и генетических свойств сибирязвенных изолятов эпизоотии 2016 года в Ямало-Ненецком автономном округе. // Вестник войск РХБ защиты. 2017 Т. 1 № 1 С. 23–32.

- 4) Merabishvili M., Natidze M., Rigvava S., Brusetti L., Raddadi N., Borin S., Chanishvili N., Tediashvili M., Sharp R., et. al. Diversity of *Bacillus anthracis* strains in Georgia and of vaccine strains from the Former Soviet Union. // Applied and environmental microbiology. 2006, 72(8), 5631–5636.
- 5) Thierry S., Tourterel C., Le Flèche P., Derzelle S., Dekhil N., Mendy C., Colaneri C., Vergnaud G., Madani N. Genotyping of french *Bacillus anthracis* strains based on 31-loci multi locus VNTR analysis: epidemiology, marker evaluation, and update of the internet genotype database. // PLoS One. 2014. Vol. 9(6).