

Сполигопрофили *Mycobacterium tuberculosis* на Северо-Западе России

Авторы: Нарвская О.В.¹, Мокроусов И.В.¹, Вязовая А.А.¹, Журавлев В.Ю.², Соловьева Н.С.², Оттен Т.Ф.², Вишневский Б.И.², Шульгина М.В.²

¹ ФБУН НИИ эпидемиологии и микробиологии имени Пастера

² ФГБУ «Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт фтизиопульмонологии»

База данных содержит информацию о сполиготипах 1210 изолятов *M. tuberculosis* complex, выделенных в 1997-2013 гг от больных туберкулезом на территории Северо-Запада России (включая Санкт-Петербург).

Сполигопрофили (профили сполиготипирования) *Mycobacterium tuberculosis* complex получают в процессе генотипирования изолятов возбудителя туберкулеза с помощью сполиготипирования (spoligotyping, spacer oligonucleotide typing).

Метод сполиготипирования основан на анализе полиморфизма нуклеотидных последовательностей (спейсеров), разделяющих прямые повторы (Direct Repeats, DR), линейно расположенные в DR области хромосомы *M. tuberculosis* complex [2]. В классическом варианте исследования продукты ПЦР-амплификации DR области исследуемых изолятов, меченные биотином, гибридизуют с 43 спейсерными последовательностями ДНК, последовательно нанесенными на специальную мембрану, которую затем экспонируют на светочувствительной пленке [2, 3]. По наличию или отсутствию в определенных участках пленки темных пятен (сигналов гибридизации) судят о присутствии или отсутствии у изолятов соответствующих спейсеров. Для сполиготипирования микобактерий туберкулеза можно также использовать метод гибридизации на биологическом микрочипе («СПОЛИГО-БИОЧИП», ООО БИОЧИП-ИМБ (Регистрационное удостоверение Федеральной службы по надзору в сфере здравоохранения и социального развития РФ № ФСР 2010/09519 от 03.10.2010 г.).

Результаты исследования представляют с помощью бинарного кода (п/о или 1/0), который переводится в восьмеричный формат и обратно согласно http://www.pasteur-guadeloupe.fr:8081/SITVIT_ONLINE/tools.jsp# (функция Online Tools) и для наглядности отображается графически в виде квадратов (черный □ - наличие спейсера и белый - отсутствие спейсера). Каждый изолят имеет определенный набор спейсеров - сполиготип

Сполигопрофили (бинарный или восьмеричный формат) микобактерий туберкулеза можно сравнить с данными, представленными в общедоступной глобальной обновляемой международной компьютерной базе данных SITVITWEB http://www.pasteur-guadeloupe.fr:8081/SITVIT_ONLINE/ [1], которая содержит информацию о профилях сполиготипирования штаммов *M. tuberculosis* complex, выделенных в разных странах мира: кодовое международное обозначение сполиготипа - SIT (Spoligotype International

Type) для классифицированных и ORPHAN – для неклассифицированных профилей сполиготипирования, отнесенных к генетическим линиям/сублиниям (семейства, клады) Beijing, LAM, Haarlem, T, X и др.

Таблица базы данных «Сполигопрофили *Mycobacterium tuberculosis* на Северо-Западе России» представлена в формате Microsoft Excel (168 строк, 8 колонок).

Колонки:

- (1) порядковые номера
- (2) схематическое изображение сполигопрофилей в виде черных (наличие спейсера) и белых (отсутствие спейсера) квадратов
- (3) сполигопрофили, представленные с помощью восьмеричного цифрового кода
- (4) международное обозначение (код) сполиготипа (Spoligotype International Type, SIT) согласно общедоступной международной компьютерной базе данных SITVITWEB (http://www.pasteur-guadeloupe.fr:8081/SITVIT_ONLINE/ и ее обновляемой версии SITVIT2[©] (Institut Pasteur de la Guadeloupe)
- (5) принадлежность к генетической линии (сублинии) согласно общедоступной международной компьютерной базе данных SITVITWEB (http://www.pasteur-guadeloupe.fr:8081/SITVIT_ONLINE/ и ее обновляемой версии SITVIT2[©] (Institut Pasteur de la Guadeloupe)
- (6) число изолятов *M. tuberculosis* complex данного сполиготипа, выделенных на Северо-Западе России
- (7) наименования изолятов *M. tuberculosis* complex (прототипы) данного сполиготипа, выделенных на Северо-Западе России
- (8) год выделения изолятов *M. tuberculosis* complex (прототипы) данного сполиготипа, выделенных на Северо-Западе России

Литература

1. Demay C., Liens B., Burguiere T., Hill V, Couvin D, Millet J., Mokrousov I., Sola C., Zozio T., Rastogi N. SITVITWEB – a publicly available international multimer database for studying *Mycobacterium tuberculosis* genetic diversity and molecular epidemiology // Infection, Genetics and Evolution. - 2012. – Vol. 12. - № 4. – P. 755-766.
2. Kamerbeek J., Schouls L., Kolk A., et al. Simultaneous detection and strain differentiation of *Mycobacterium tuberculosis* for diagnosis and epidemiology // J. Clin. Microbiol. – 1997. – Vol. 35. – P. 907 - 914.
3. Пособие для врачей «Генотипирование возбудителя туберкулеза методом сполиготипирования». СПб, 2004. – 19 с. (Утв. МЗ РФ 02.12.04, протокол № 5.).