

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ ОСОБО ОПАСНЫХ МИКОЗОВ НА ОСНОВЕ СЕКВЕНИРОВАНИЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ГЕНА 28S рРНК

Муругова А.А. / Murugova A.A.

Половец Н.В., Суркова Р.С., Устинов Д.В., Антонов А.С. / Polovets N.V., Surkova R.S., Ustinov D.V., Antonov A.S.

ФКУЗ Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора, Волгоград, Россия /
Volgograd Research Institute for Plague Control of Federal Service on Consumer Rights Protection and Human welfare
Supervision, Volgograd, Russia

Введение

С развитием молекулярно-генетических методов таксономия микромицетов претерпела ряд изменений. В связи с этим возникла необходимость уточнения систематического положения возбудителей особо опасных микозов (ООМ).

Цель

Оценить возможность использования нуклеотидных последовательностей гена 28S рРНК, полученных методом фрагментарного секвенирования в видовой идентификации возбудителей ООМ.

Материалы и методы

Проведено фрагментарное секвенирование рибосомальных генов 25 коллекционных штаммов ООМ (*Histoplasma spp.*, *Coccidioides spp.* и *Blastomyces spp.*). На основе секвенированных последовательностей участка гена 28S рРНК выполнен филогенетический анализ. Среди многочисленных ДНК-мишеней используемых в видовой идентификации грибов были выбраны праймеры Fungi28S-f/Fungi 28S-r (RU 2631935 C1), предназначенные для идентификации медицински значимых микромицетов. В качестве референсных использовали последовательности участков фрагмента гена 28S рРНК возбудителей ООМ, представленных в GenBank, NCBI (MH872156.1 *H. capsulatum* CBS 137.72; MH877756.1 *C. immitis* CBS 113855; MH874514.1 *C. posadasii* CBS 113858; AF038355.1 *B. dermatitidis* UAMH 3538; XR 004198594.1 *B. gilchristii* SLH14081; AF038323.1 *B. percursorus* UAMH 7425). Визуализацию филогенетического дерева проводили с помощью программного обеспечения iTOL v 6.

Результаты

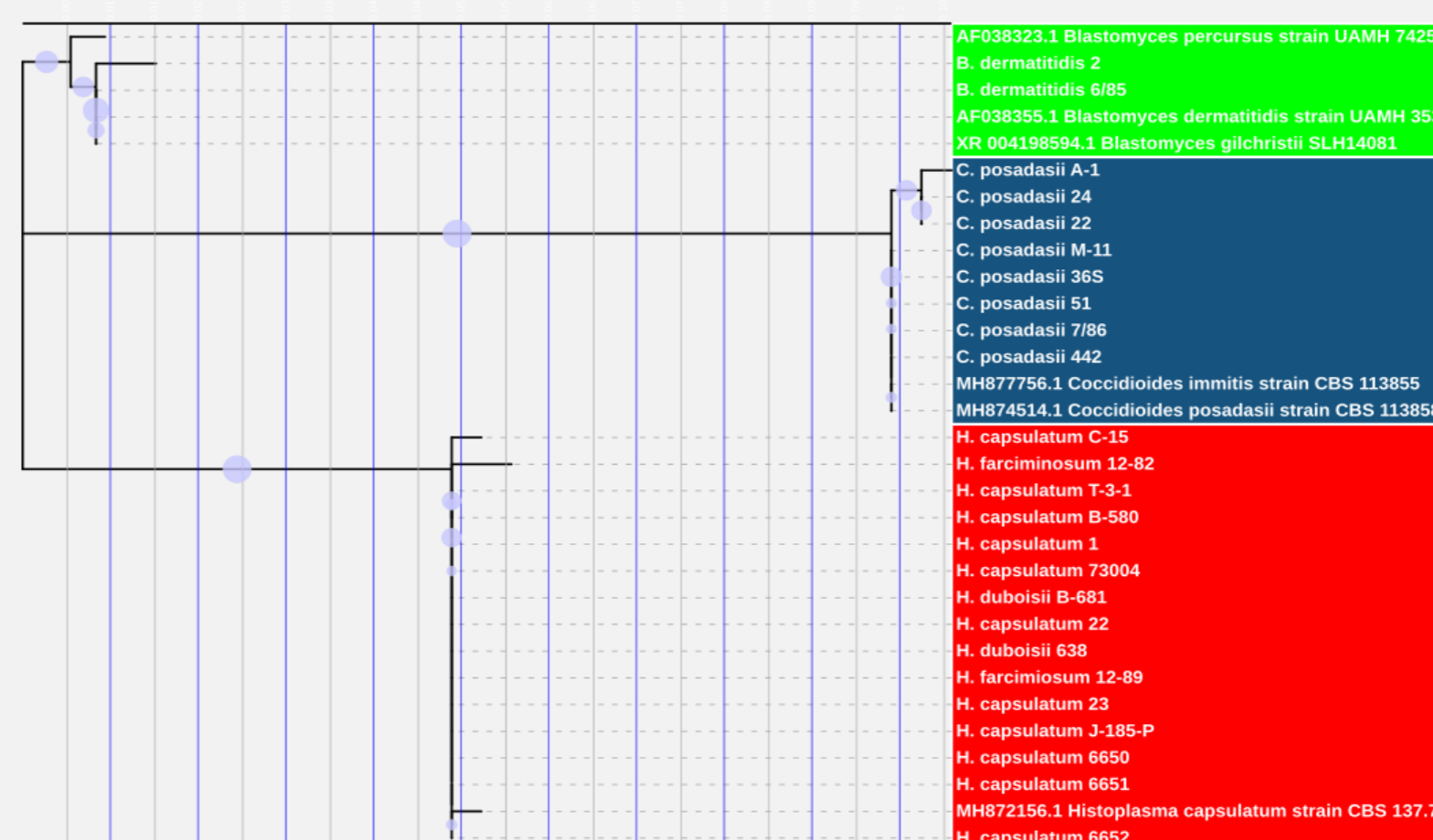


Рис.1 - Дендрограмма, построенная методом максимального правдоподобия, на основе выравненных последовательностей участка рДНК 25 коллекционных штаммов ООМ. В качестве референсных последовательностей использованы последовательности из базы данных GenBank NCBI. **g** обозначены штаммы *Blastomyces spp.*, **c** - штаммы *Coccidioides spp.*, **h** - штаммы *H. capsulatum*

В результате анализа, подтверждена видовая принадлежность представителей 15 коллекционных штаммов *H. capsulatum*, включая варианты *duboisii* и *farciminosum*. Для штаммов *Coccidioides spp.* и *Blastomyces spp.* установить видовую принадлежность с использованием секвенирования выбранного участка рДНК не представляется возможным ввиду высокой гомологии с близкородственными видами, последовательности которых депонированы в GenBank NCBI.

Выводы

1. Для повышения надежности метода необходимо произвести поиск дополнительных локусов для внутриродовой дифференциации микромицетов *Coccidioides spp.* и *Blastomyces spp.*
2. Праймеры Fungi28S-f/Fungi 28S-r можно рекомендовать для проведения первичного скринингового исследования в том случае, когда необходимо подтверждение родовой принадлежности медицински значимых микромицетов

