

ГЕНОТИПИРОВАНИЕ ИЗОЛЯТОВ *Mycobacterium tuberculosis* В УРАЛЬСКОМ РЕГИОНЕ

Т.В. Умпелева¹, А.А. Вязовая², Н.И. Еремеева¹, М.А. Кравченко¹, О.В.
Нарвская²

(¹г.Екатеринбург, Уральский научно-исследовательский институт фтизиопульмонологии, ²г.Санкт-Петербург, Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии им. Пастера, tumpeleva@ya.ru)

Наличие в арсенале ПЦР лаборатории методов исследования геномного полиморфизма *M. tuberculosis* открывает возможности для изучения широкого круга вопросов, касающихся эпидемиологии возбудителя, особенностей биологии разных генотипов. Однако среди многообразия используемых методов генотипирования сложно выбрать подход, который бы обладал оптимальным соотношением критериев дискриминирующая способность/стоимость/трудозатраты.

Высокий процент штаммов генотипа Beijing, характерного для большинства территорий России, в том числе и для Уральского региона (55,1%), обуславливает целесообразность применения ПЦР для деления изолятов *M. tuberculosis* на группы Beijing и non-Beijing на первом этапе генотипирования. Последующее исследование возможно проводить, используя стандартизированные молекулярно-генетические методы, основанные на ПЦР, как наиболее доступные и недорогие. Так по результатам наших исследований, для изолятов группы non-Beijing следует использовать MIRU-VNTR-типирование с использованием 15-ти стандартных локусов (Mtub04, ETRC, MIRU04, MIRU40, MIRU10, MIRU16, Mtub21, QUB11b, ETRA, Mtub30, MIRU26, MIRU31, Mtub39, QUB26, QUB4156) и сполиготипирование. Для изолятов генотипа Beijing - MIRU-VNTR-типирование на основе 6 высоко дискриминирующих стандартных локусов (MIRU26, QUB26, MIRU31, Mtub21, QUB11b, MIRU40), что позволит

классифицировать изоляты с использованием международных баз данных; дальнейшее оценка полиморфизма трех гипервариабельных локусов (VNTR4120, VNTR3820, VNTR3232) повысит дискриминирующую способность типирования. *IS6110-RFLP*-типирование, не может быть рекомендовано для широкого применения, поскольку является наиболее дорогостоящим и трудоемким методом генотипирования, доступным лишь специализированным лабораториям.