

ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ И ГЕНОГЕОГРАФИЯ ПОПУЛЯЦИЙ *NEISSERIA MENINGITIDIS*

К. В. СИНЮК, Л. П. ТИТОВ, А. М. ДРОНИНА

The objects of the research are genes using in *N. meningitidis* multilocus sequence typing. European and African sequences were taken from Neisseria Sequence Typing Home Page, isolates from Belarus were sequenced in The Republican Research and Practical Center for Epidemiology and Microbiology. The aim of the research is to find out connection between meningococcal phylogeny and its geographical dissemination. In course of research Belarusian isolates were characterized and dynamics of dissemination of meningococcal infection was found out

Ключевые слова: филогеография, менингококковая инфекция, мультилокусное сиквенс-типирование

1. ВВЕДЕНИЕ

Мультилокусное сиквенс-типирование (МЛСТ) изолятов возбудителя, базирующееся на секвенировании фрагментов генов домашнего хозяйства, является современным стандартом эпидемиологического мониторинга менингококковой инфекции. Уникальная последовательность фрагмента типизируемого гена рассматривается как аллельный вариант с определенным номером. Совокупность аллельных вариантов одного изолята определяет его сиквенс-тип.

2. ЦЕЛЬ ИССЛЕДОВАНИЯ

Определить связь между филогенией менингококка и его географическим распространением на территории Европы и Республики Беларусь.

3. МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

В качестве объектов исследования использовались последовательности 11 белорусских изолятов, типированных по МЛСТ схеме, 110 и 94 сиквенс-типов выборки из европейских и африканских изолятов, соответственно. Филогенетический и филогеографический анализ проведен в программах BEAST и MEGA 4.

4. РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЯ

Установлено, что аллельные варианты *agoE* гена № 602 и № 603, гена *gdh* № 560 и гена *fumC* № 541 белорусских изолятов отсутствуют в международной базе данных. Изоляты с родственными открытым аллелями достоверно ($p < 0,001$) чаще встречаются в странах Восточной и Центральной Европы по сравнению с другими странами. Распространение менингококковой инфекции в Европе происходило одновременно с миграцией человека с востока на запад на протяжении 7000-500 лет до н.э. Анализ генов МЛСТ изолятов стран Африки показал существование большого числа африканских сиквенс-типов, дивергировавших в различное время.

5. ВЫВОДЫ

Обнаруженные в Беларуси аллели *agoE* и *gdh* генов являются родственными с аллелями из Восточной и Центральной Европы. Распространение менингококковой инфекции происходило вместе с миграцией человека из Африки в Европы при ее заселении.

Литература

1. Maiden M.C., Bygraves J.A., Feil E. Multilocus sequence typing: a portable approach to the identification of clones within populations of pathogenic microorganisms. // Proc Natl Acad Sci SA. 1998, №95. p. 3140–3145.