

ческой антикоагулянтной терапии низкомолекулярными гепаринами 30,8% беременным, что позволило сохранить беременность у 61,5% из них. Дальнейшие результаты будут представлены в последующих публикациях.

5. Выводы

Анализ структуры факторов риска невынашивания беременности продемонстрировал очевидное значение тромбофилических и аутоиммунных нарушений в генезе потери беременности. 2. Полученные результаты подтверждают рациональность проведения скринингового обследования на АФС после первого эпизода потери беременности.

Литература

1. Антифосфолипидный синдром в акушерской практике/ Макацария А.Д., Мищенко А.Л., Бицадзе В.О. и др. – М.: «Руссо», 2006 – 344 с;
2. Сидельникова В.М. Привычная потеря беременности. – М.: Триада-Х, 2005 – 304 с.

©БГМУ

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ДАННЫХ МУЛЬТИЛОКУСНОГО СИКВЕНС-ТИПИРОВАНИЯ ДЛЯ ХАРАКТЕРИСТИКИ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ПОПУЛЯЦИИ NEISSERIA MENINGITIDIS В ЕВРОПЕ

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

Population of *Neisseria meningitidis* circulating on territory of Europe including Belarus were studied. Multilocus sequence typing data of 11483 isolates in the form of nucleotide sequences were exported and analyzed by phylogenetic and population genetics approaches. Identical clustered genetic structure was found in different countries. Each cluster consists of different sequence-types. Several sequence-types inside every cluster express higher adaptive potential compared to other sequence-types. Such highly-adapted sequence-types are the backbone of cluster and determine its spatial and temporal dynamics

Ключевые слова: мультилокусное сиквенс-типирование, *Neisseria meningitidis*, популяционная генетика, молекулярная эпидемиология

Актуальность настоящего исследования обусловлена высоким уровнем социально-экономического ущерба, обусловленного высокой летальностью молниеносных форм генерализованной менингококковой инфекции. Необходимость эпидемиологического мониторинга за *Neisseria meningitidis* обусловлена высоким уровнем носительства в сравнении с числом случаев заболевания [1].

Целью исследования является охарактеризовать генетическую структуру популяций менингококков, выделенных на территории европейских стран.

Нуклеотидные последовательности фрагментов 7 генов, определенных схемой мультилокусного сиквенс-типирования 11483 изолятов *N. meningitidis*, выделенных в 20 странах Европы, в том числе Беларуси, были экспортированы из международной базы PubMLST. Построение филогенетического дерева на основании нуклеотидных последовательностей был проведен в FastTree 2.0, популяционно-генетический анализ – в Arlequin 3.2, рандомизация принадлежности изолятов к кластерам и странам была проведена в языке статистического программирования R.

Результаты выполненного исследования позволяют сделать следующие выводы:

1. Все популяции *N. meningitidis*, циркулирующие в странах Европы и Беларуси, по своей генетической структуре делятся на 5 кластеров. При этом изоляты из разных стран, принадлежащие одному кластеру, более филогенетически близки к друг другу, чем изоляты из одной страны, принадлежащие разным кластерам. Данное филогенетическое родство объясняется более высоким уровнем обмена генетического материала между изолятами одного кластера по сравнению с уровнем генетического обмена между изолятами разных кластеров.

2. Существует ряд часто встречающихся сиквенс-типов, носители которых обладают большей способностью к распространению в популяции человека и большей вирулентностью по сравнению с единично встречающимися сиквенс-типами. Таким образом, разные сиквенс-типы имеют неодинаковый уровень адаптационного потенциала и, соответственно, вносят различный вклад в формирование кластера и его динамики на разных территориях. В каждом кластере существует несколько узловых сиквенс-типов, которые в результате генетического обмена материалом с изолятами данного кластера, повышают их адаптационный потенциал и частоту встречаемости.

3. Изменение частоты встречаемости изолятов определенного кластера определяется соотношением изолятов с его узловыми СТ ко всем узловым сиквенс-типам других кластеров, что позволяет прогнозировать динамику изменения генетической структуры *N. meningitidis*.

Литература

1. Титов, Л. П. Менингококковая инфекция: современное состояние проблемы. / Л. П. Титов // Здоровоохранение. – 2010. – №12. – С.15-23.