

## БИОИНФОРМАТИЧЕСКИЕ МЕТОДЫ АНАЛИЗА ШТАММОВ ВОЗБУДИТЕЛЯ БРЮШНОГО ТИФА В НИИ ЭПИДЕМИОЛОГИИ И МИКРОБИОЛОГИИ ИМЕНИ ПАСТЕРА

*А. Т. Саитова, Д. Е. Полев*

Санкт-Петербургский НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера,  
197101, Санкт-Петербург, ул. Мира, 14; *a.t.saitova@gmail.com*

*Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovar Typhi (S. Typhi) вызывает острую антропонозную инфекцию – брюшной тиф, который способен к широкому эпидемическому распространению. В развитых странах, чаще всего, заболевание выявляют у людей, посещавших эндемичные по брюшному тифу страны. Методы секвенирования следующего поколения с последующей биоинформатической обработкой данных могут использоваться для анализа геномов бактерий, клинико-эпидемиологических исследований, изучения молекулярной эволюции, а также разработки эффективных методов диагностики брюшного тифа. Использование таких методов позволяет в короткий срок получить большой объем информации для расширенной характеристики возбудителя инфекции, что бывает критически важно при проведении эпидемиологических расследований вспышек брюшного тифа. Целью работы является внедрение биоинформатических методов анализа геномов штаммов S. Typhi в практику НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера, являющегося референс-центром по брюшному тифу.

В ходе работы проводится секвенирование геномов штаммов S. Typhi с последующим анализом полученных нуклеотидных последовательностей. Данный анализ включает в себя контроль качества секвенирования (FastQC), подготовку прочтений к дальнейшему анализу (Trim Galore), сборку *de novo* (SPAdes 3.15.5) и оценку сборки геномов (QUAST), поиск генетических факторов резистентности, вирулентности и стресса (ResFinder 4.1, AMRFinderPlus 3.11, Muckrobe), определение сиквенс-типов (MLST 2.0, cgMLSTfinder 1.2), построение филогенетических деревьев (Snippy, RAxML-NG v1.1.0) и их визуализацию (FigTree). В результате работы в срок от трех дней с момента получения бактериальной ДНК мы имеем информацию, подтверждающую видовую принадлежность клона бактерий и его чистоту, определяем сиквенс-тип по любой классификации, выявляем генетические маркеры вирулентности и резистентности к АМП, определяем филогенетическое родство с другими штаммами S. Typhi, в том числе штаммами, представленными в научных базах данных. Полученная информация о нуклеотидной последовательности генома может использоваться в дальнейшем при появлении новых баз данных и программ для анализа геномов, или необходимости получения дополнительной генетической информации.

Использование биоинформатического анализа штаммов S. Typhi расширяет наши аналитические и диагностические возможности, позволяет дать необходимую информацию для решения эпидемиологических задач в течение небольшого срока.

*Отраслевая научно-исследовательская программа «Научное обеспечение эпидемиологического надзора и санитарной охраны территории российской федерации, создание новых технологий, средств и методов контроля и профилактики инфекционных и паразитарных болезней» на 2021-2025 гг. (госзадание). Регистрационный номер в ЕГИСУ - 121021600227-0 от 16.02.2021*