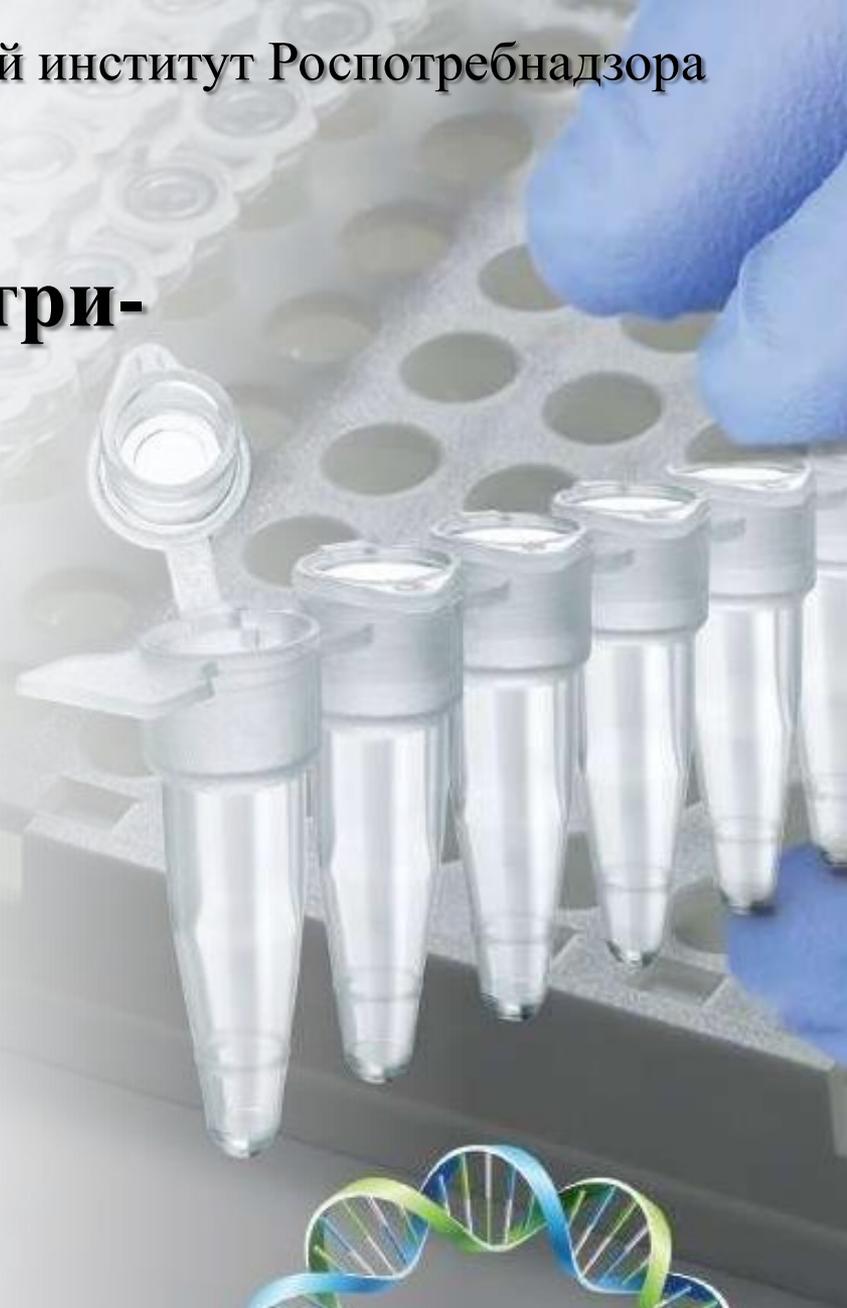
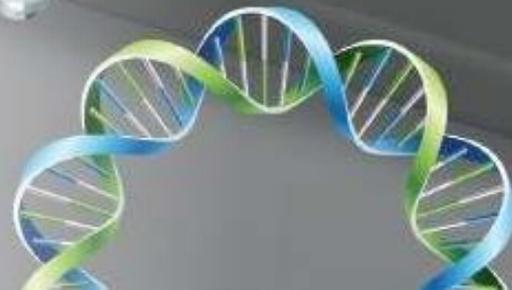


**«Разработка методов внутри-  
и межвидовой  
дифференциации  
патогенных иерсиний с  
помощью ПЦР-анализа  
генов биосинтеза  
сидерофоров»**

м.н.с. лаборатории  
микробиологии чумы и  
других иерсиниозов  
Кузнецова Д. А.



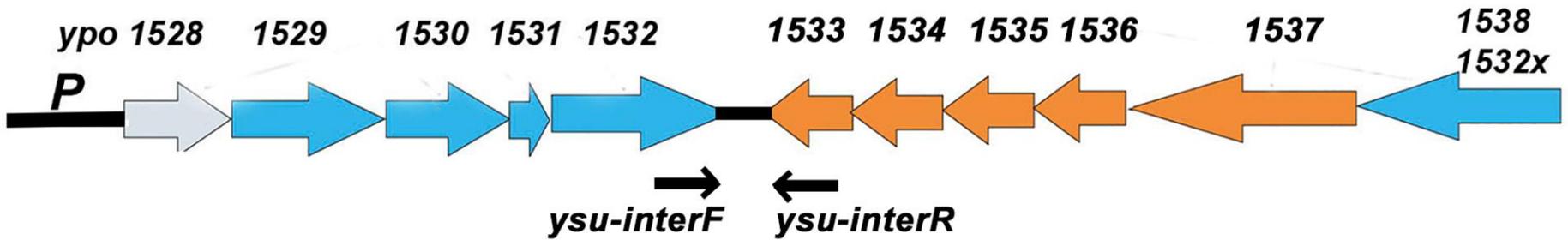
- 
- Целью настоящей работы была оценка возможности использования различий в структуре *usi* и *upr* локусов в качестве генетических маркеров для внутри- и межвидовой дифференциации патогенных иерсиний.



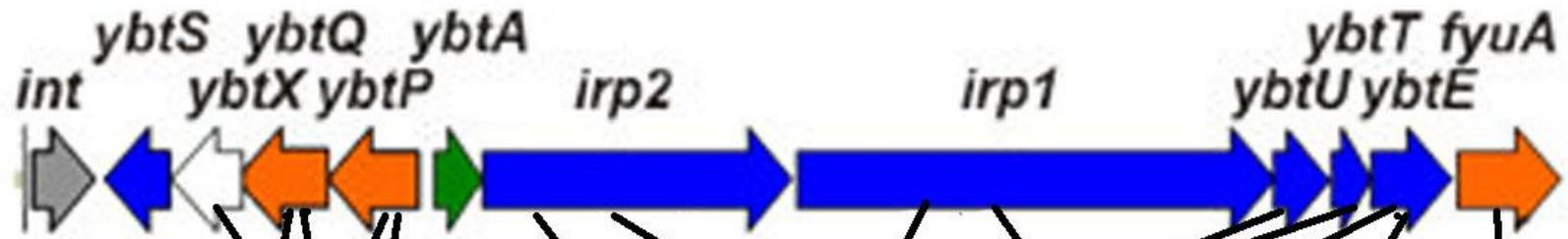
## Штаммы, использованные в исследовании

Yersinia species	Количество штаммов
<b>Yersinia pestis ssp pestis (основной)</b>	
<b>bv orientalis</b>	14
<b>bv mediaevalis</b>	3
<b>bv antiqua</b>	3
<b>Yersinia pestis endemic strains (неосновной)</b>	
<b>ssp caucasica</b>	7
<b>ssp microtus</b>	2
<b>ssp tallassica</b>	2
<b>ssp altaica</b>	4
<b>ssp hissarica</b>	1
<b>ssp ulegeica</b>	2
<b>Yersinia pseudotuberculosis</b>	
<b>1-16 serotype typical strain collection</b>	25
<b>Far Eastern strains</b>	4
<b>1-6 serotype typical strain collection</b>	9
<b>Yersinia enterocolitica</b>	
<b>8, 13, 20 serotype</b>	7

# Структура YSU локуса



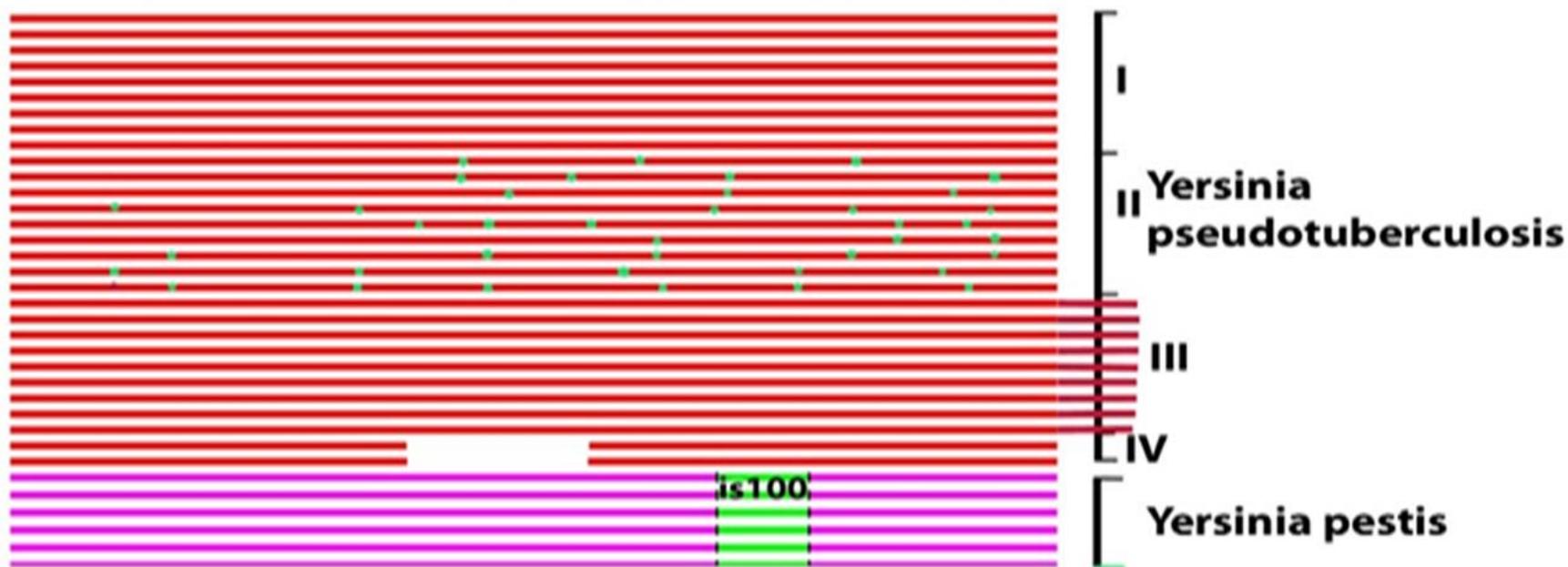
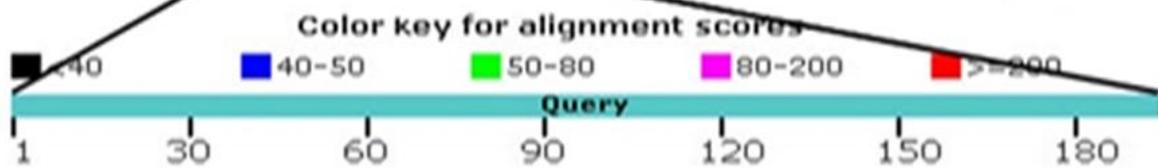
# *ybt cluster*

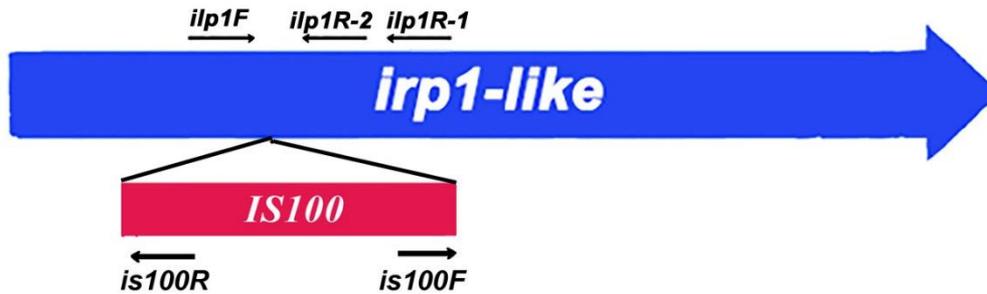
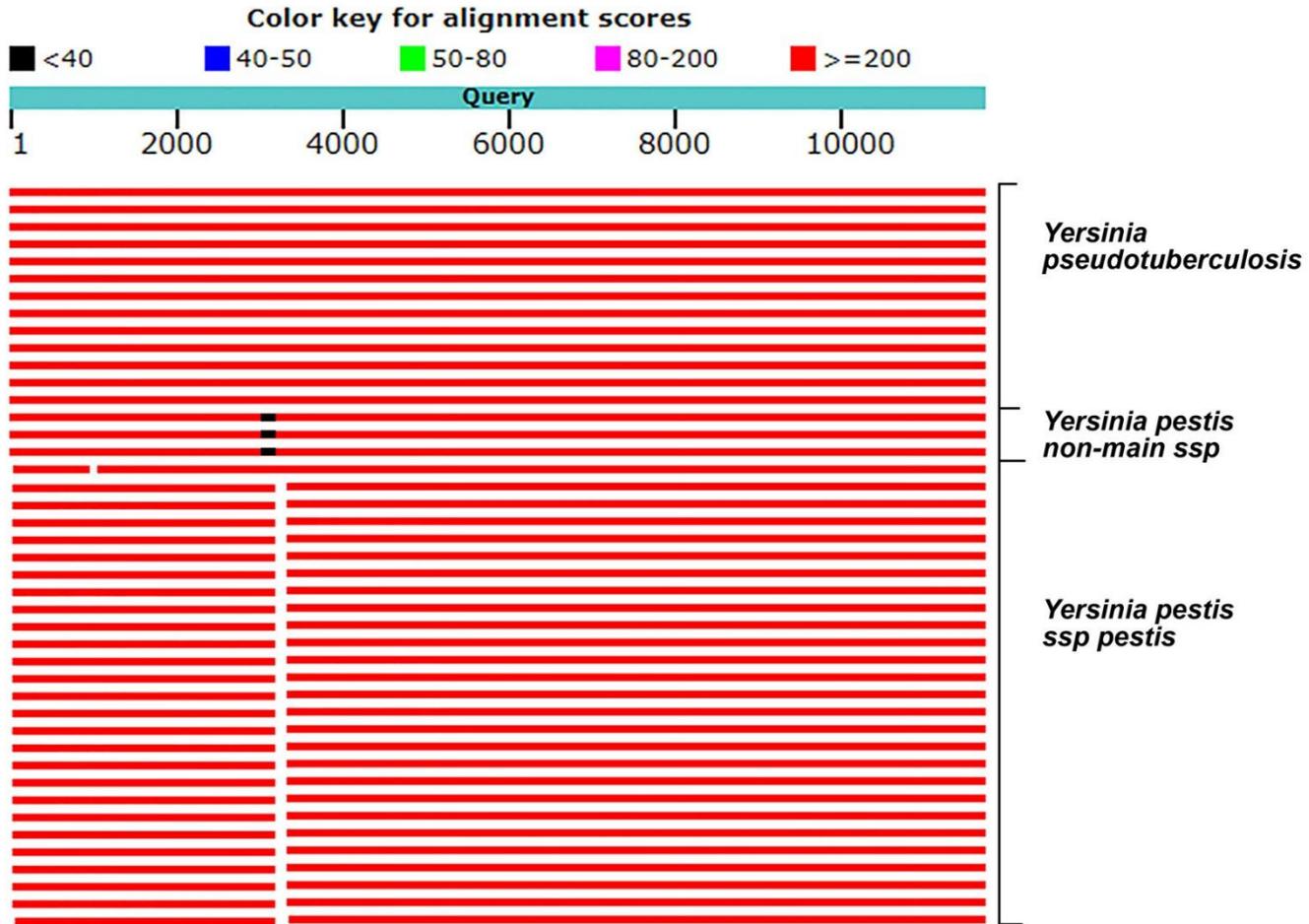


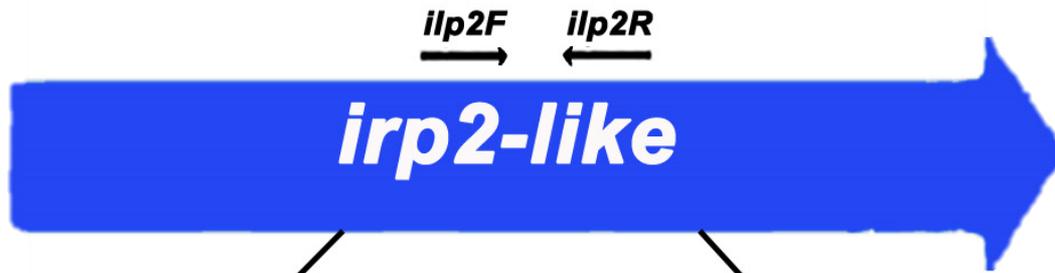
***YPTB* 3290 3292 3296 3297 3298**

# *ynp cluster*

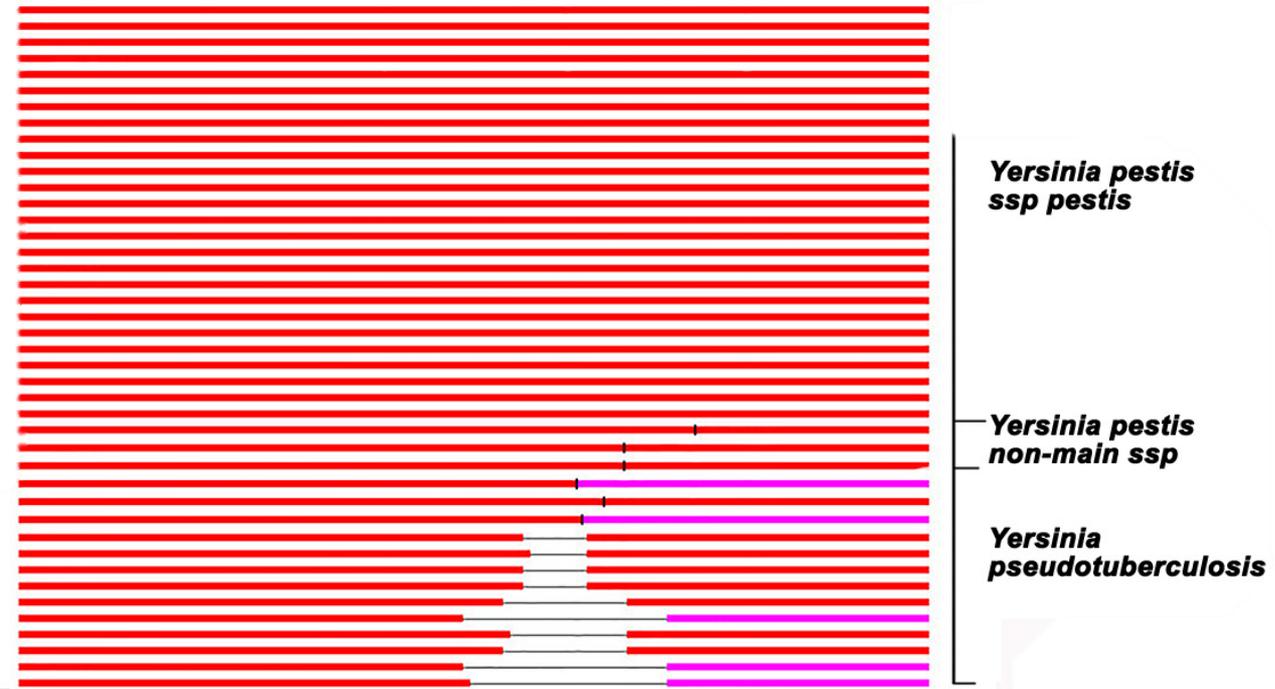
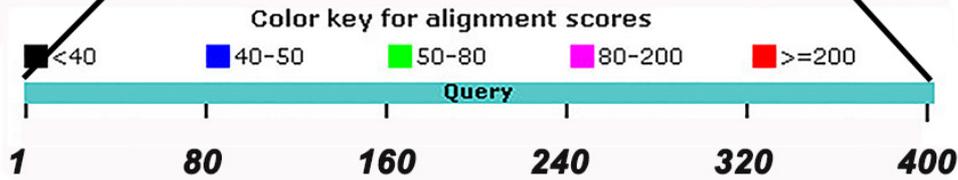








**BLAST RESULTS**



# Результаты ПЦР с праймерами, комплементарными генам *ysu* и *ynp* ЛОКУСОВ

Вид, подвид, серотип иерсиний	Количество штаммов	Длина ампликона (п.н.)			
		<i>ysu-interF</i> <i>ysu-interR</i>	<i>ilp1F-</i> <i>ilp1R-2</i>	<i>ilp1F-</i> <i>is100R</i>	<i>ilp2F-</i> <i>ilp2R</i>
<b><i>Yersinia pestis ssp pestis</i> (основной подвид)</b>					
<i>bv orientalis</i>	14	239	-	339	403
<i>bv mediaevalis</i>	3	239	-	339	358-430
<i>bv antiqua</i>	3	239	-	339	358-430
<b><i>Yersinia pestis</i> (неосновные подвиды)</b>					
<i>ssp caucasica</i>	7	-	-	-	-
<i>ssp microtus</i>	2	239	211	-	412
<i>ssp tallassica</i>	2	239	211	-	412
<i>ssp altaica</i>	4	239	211	-	412
<i>ssp hissarica</i>	1	239	211	-	412
<i>ssp ulegeica</i>	2	239	211	-	412
<b><i>Yersinia pseudotuberculosis</i></b>					
Серотип неизвестен	15	204-239-257- 293	157-175-193- 211	-	287-314
Серотип1а-1	6	292	193	-	251
Серотип1а-2	3	257	193	-	251
Серотип1b-1	3	257	193	-	251
Серотип1b-2	5	257	157	-	233
Серотип1b-3	8	204	157	-	233
<b><i>Yersinia enterocolitica</i></b>					
8, 13, 20 серотип	7	-	-	-	-

# ВЫВОДЫ

1. Структурное разнообразие генов биосинтеза двух сидерофоров можно использовать для внутри- и межвидовой дифференциации патогенных иерсиний с помощью четырех пар праймеров.
2. Разработанные праймеры могут быть использованы для создания дополнительных тестов для идентификации и дифференциальной диагностики наиболее опасных штаммов *Y. pestis* основного подвида, а также *Y. pseudotuberculosis* 1a и 1b серотипа.
3. Результаты генотипирования можно использовать как при изучении вновь выделенных и коллекционных штаммов чумного и псевдотуберкулезного микробов, так и при проведении эпидемиологического расследования вспышек заболеваний, вызванных патогенными иерсиниями.

**Благодарю  
за внимание!**

