

Заключение.

ДТЛ у больных с 4В стадией ВИЧ-инфекции в фазе прогрессирования и при отсутствии АРВТ характеризуется количеством CD4⁺-лимфоцитов менее 50 кл/мкл крови, тяжелыми клиническими проявлениями с высокой частотой генерализации

туберкулеза и наличием нескольких оппортунистических заболеваний.

*Мишин Владимир Юрьевич
(Vladimir Yu. Mishin)
E-mail: mishin.vy@mail.ru*

DOI 10.21292/2075-1230-2018-96-12-70-71

**СЕКВЕНИРОВАНИЕ ГЕНОМОВ ШЕСТИ КЛИНИЧЕСКИХ ШТАММОВ
НЕТУБЕРКУЛЕЗНЫХ МИКОБАКТЕРИЙ**

Устинова В. В., Смирнова Т. Г., Андреевская С. Н., Андриевская И. Ю., Ларионова Е. Е., Черноусова Л. Н.
ФГБНУ «Центральный НИИ туберкулеза», Москва, Россия

**SEQUENCING OF SIX GENOMES OF CLINICAL STRAINS OF NON-TUBERCULOUS
MYCOBACTERIA**

Ustinova V. V., Smirnova T. G., Andreevskaya S. N., Andrievskaya I. Yu., Larionova E. E., Chernousova L. N.
Central Tuberculosis Research Institute, Moscow, Russia

Цель исследования: полногеномное секвенирование клинических штаммов нетуберкулезных микобактерий, принадлежащих к видам, геномы которых представлены в NCBI черновыми последовательностями небольшого количества штаммов (от 1 до 6): *Mycobacterium gordonae*, *Mycobacterium heckeshornense*, *Mycobacterium interjectum*, *Mycobacterium malmoeense*, *Mycobacterium scrofulaceum*, *Mycobacterium szulgai*.

Материалы и методы. Исследованные штаммы выделены от пациентов, направленных в ЦНИИТ с подозрением на туберкулез легких. Посев диагностического материала (мокроты) проводили на жидкую питательную среду Middlebrook 7H9 для получения культур в системе автоматической детекции роста микобактерий Bactec MGIT 960 (Becton Dickinson, США) согласно инструкции произво-

дителя. Культуры получены как минимум дважды из разных порций мокроты для каждого пациента. Видовая идентификация культур проведена с помощью набора Genotype CM/AS (HainLifescience, Germany) и подтверждена секвенированием вариабельных регионов гена 16S рРНК. По результатам идентификации отобранные культуры принадлежали к *M. gordonae*, *M. heckeshornense*, *M. interjectum*, *M. malmoeense*, *M. scrofulaceum* и *M. szulgai*. ДНК для полногеномного секвенирования выделена из культуры с помощью метода фенол-хлороформной экстракции. Библиотеки ДНК готовили с использованием набора NexteraXT (Illumina, США). Парноконцевое секвенирование полученных библиотек ДНК проводили на секвенаторе MiSeq (Illumina) с использованием набора реагентов для секвенирования MiSeq® Reagent Kit v2, 500 циклов. Анализ

Таблица. Характеристика полученных геномных сборок
Table. Characteristics of obtained genomic assemblies

Показатели	CTRI-14-8773	CTRI-134	CTRI-143	CTRI-256	CTRI-203	CTRI-164
Число контигов > 0 п.н.	377	199	336	353	175	408
Число контигов > 1000 п.н.	351	149	217	215	136	223
Контиг максимальной длины	455117	169673	297130	327437	230892	267261
Общая длина контигов > 0	7552315	4755256	6166222	5699728	6342118	6979229
Общая длина контигов > 1000 п.н.	7543876	4635709	6131275	5657577	6327086	6887273
N50	61403	79093	63837	87536	91723	79279
N75	29795	41011	32611	44550	50954	36064
L50	29	22	28	21	25	28
L75	73	42	61	43	48	61
GC%	66,79	65,95	68,52	66,81	68,43	65.66

качества полученных прочтений проведен с использованием ПО FastQC version 0.11.3. Последовательности адаптеров, нуклеотиды с качеством ниже q30, N-нуклеотиды, прочтения длиной менее 50 нуклеотидов удалены из полученных данных с помощью ПО Trimmomatic 0.33. Сборку генома *de novo* проводили с использованием ПО SPAdes версии 3.5.0 с применением опции “careful” и значениями k 21, 33, 55, 77, 99, 127. Оценку качества сборки выполняли с помощью ПО Quast.

Результаты. Характеристика полученных сборок представлена в таблице.

В базу данных Национального центра биотехнологической информации США (NCBI) DDBJ/EMBL/GenBank за отчетный период де-

понированы сборки геномов *M. gordonae* 14-8773, *M. heckeshornense* CTRI-134 и *M. malmoeense* CTRI-256. Аннотацию этих геномов выполнили с помощью открытого онлайн-ресурса Национального центра биотехнологической информации США (NCBI) Procarotic Genome Annotation Pipeline (PGAP).

Заключение. Полученные последовательности геномов и их функциональные аннотации послужат источником новых сведений о филогении, патогенности и вирулентности нетуберкулезных микобактерий.

Устинова Вера Витальевна

(Vera V. Ustinova)

E-mail: ustinoville@gmail.com