

УДК 579.25

## **МЕТОД ПЦР ДЛЯ ИДЕНТИФИКАЦИИ МИКРООРГАНИЗМОВ**

*Кошкина В.А., студентка 2 курса факультета  
ветеринарной медицины и биотехнологии  
Научный руководитель – Сульдина Е.В., ассистент  
кафедры микробиологии, вирусологии, эпизоотологии и ВСЭ  
ФГБОУ ВО Ульяновский ГАУ*

**Ключевые слова:** *Полимеразная цепная реакция (ПЦР), секвенирование, идентификация, микроорганизмы*

*Статья посвящена изучению метода полимеразной цепной реакции, а также ее роль в идентификации микроорганизмов.*

Полимеразная цепная реакция (ПЦР) – метод молекулярной биологии, позволяющий добиться значительного увеличения малых концентраций определённых фрагментов нуклеиновой кислоты (ДНК или РНК) в биологическом материале (пробе).

Традиционные методы идентификации микробов требуют распознавания различий в морфологии, росте, ферментативной активности и метаболизме для определения родов и видов.

В течение последнего десятилетия клинические лаборатории применяли ПЦР-амплификацию и секвенирование генов для характеристики микроорганизмов в культуре, а иногда и для прямого обнаружения патогенов в образцах пациентов. Секвенирование генов - это более точный и воспроизводимый метод идентификации микроорганизмов, который повысил способность фиксировать разнообразие микробных таксонов. Эта новая технология привела к идентификации необычных микроорганизмов и обнаружению новых, трудно культивируемых микроорганизмов

Для бактерий, микобактерий и грибов многие генные мишени признаны полезными инструментами для идентификации. Гены-мишени широкого диапазона для вирусов не были разработаны из-за их большего генетического разнообразия и нашей неспособности найти общую генетическую связь. Выбранные генные мишени должны быть функционально постоянными и служить молекулярными часами микробных эволюционных изменений (филогении). Ген должен иметь консервативный сегмент, общий для всех бактерий (или грибов) и фланкированный

вариабельными или сильно вариабельными участками. Консервативные области ответственны за «универсальность» гена-мишени, в которой происходит отжиг праймеров ПЦР и секвенирования ДНК. Во время циклического секвенирования вариабельные или сильно вариабельные области генерируют уникальные фрагменты или последовательности нуклеотидных оснований, которые служат «сигнатурами» для различных видов. Затем последовательность сравнивается с эталонными последовательностями, которые хранятся в публичных или частных библиотеках последовательностей, чтобы определить родство. Приемлемая степень различия между двумя последовательностями для классификации по роду или видам варьируется в зависимости от генной мишени и микроорганизма и является предметом постоянных дебатов.

Метод молекулярной биологии, позволяющий добиться значительного увеличения малых концентраций определённых фрагментов нуклеиновой кислоты в биологическом материале. Помимо амплификации ДНК, ПЦР позволяет производить множество других манипуляций с нуклеиновыми кислотами и широко используется в биологической и медицинской практике, например, для диагностики заболеваний, для установления отцовства, для клонирования генов, выделения новых генов.

*Библиографический список:*

1. L. Barth Reller, Melvin P. Weinstein, Cathy A. Petti, Detection and Identification of Microorganisms by Gene Amplification and Sequencing, Clinical Infectious Diseases, Volume 44, Issue 8, 15 April 2007, Pages 1108–1114
2. Barghouthi S.A. A Universal Method for the Identification of Bacteria Based on General PCR Primers. Indian J. Microbiol. 2011; 51 (4): 430–444.
3. Petti C. A., Polage C. R., Schreckenberger P. (2005). The role of 16S rRNA gene sequencing in identification of microorganisms misidentified by conventional methods. J. Clin. Microbiol. 43 6123–6125.

## **PCR METHOD FOR IDENTIFICATION OF MICROORGANISMS**

*Koshkina V. A.*

**Key words:** *Polymerase chain reaction (PCR) , sequencing, identification, microorganisms.*

*The article is devoted to the study of the polymerase chain reaction method, as well as its role in the identification of microorganisms..*