

УДК 616:579.61

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ МИКРОБИОТЫ ДЫХАТЕЛЬНЫХ ПУТЕЙ ЧЕЛОВЕКА ПРИ РАЗЛИЧНЫХ ПАТОЛОГИЯХ

Валиахметова Д.З., студентка 2 курса

Института развития и образования

Научный руководитель – Гимранова И.А., к.м.н., доцент

ФГБОУ ВО БГМУ Минздрава России

Ключевые слова: инфекция дыхательных путей, полимеразная цепная реакция

Инфекции дыхательных путей — острые заболевания, вызванные воздушными инфекционными агентами. Состав пневмопатогенов может различаться в зависимости от способов их детекции, эффективность которых зависит от типа бактерий, материала и стадии заболевания, что и стало основой нашего исследования.

Введение. Инфекционные заболевания органов дыхания являются одной из самых актуальных проблем в области здравоохранения. К инфекциям верхних дыхательных путей относятся острый ринит, острый синусит и острый фарингит[1]. Наиболее распространенными заболеваниями дыхательных путей являются пневмония, бронхит, хроническая обструктивная болезнь легких (ХОБЛ) и бронхиальная астма[2]. Бактериальные инфекции часто возникают вследствие вирусных воспалений дыхательных путей, поскольку вирусы являются их главной причиной. При длительном воздействии этих факторов может развиваться вторичное бактериальное инфицирование. Основными возбудителями таких инфекций выступают микроорганизмы, включая *Streptococcus pneumoniae*, *Haemophilus influenzae* и *Moraxellacatarrhalis*[3].

Цель работы: Анализ частоты встречаемости *Streptococcus pneumoniae*, *Haemophilus influenzae*, *Moraxellacatarrhalis* при различных

заболеваниях органов дыхательной системы человека с использованием молекулярно-генетических методов.

Результаты исследований. В нашем исследовании мы использовали ранее подобранные олигонуклеотидные праймеры, которые специфичны для консервативных последовательностей ДНК микроорганизмов *Streptococcus pneumoniae*, *Haemophilus influenzae* и *Moraxellacatarrhalis*. Эти праймеры ориентированы на гены 16S рРНК, зарегистрированные в международной базе нуклеотидных последовательностей EMBL/GenBank и уникальные для указанных микроорганизмов.

В ходе исследования мокроты для выявления *Streptococcus pneumoniae* применялись праймеры S.pneumF (17,6 ое/мл) и S.pneumR (2,5 ое/мл), что позволило обнаружить ДНК в 42 из 68 анализируемых образцов. Для выявления *Moraxellacatarrhalis* использовались праймеры MarakF (30,1 ое/мл) и MarakR (26,9 ое/мл), в результате чего была выявлена ДНК в 20 образцах. При исследовании *Haemophilus influenzae* применялись праймеры HEMF (23,5 ое/мл) и HEMR (25,9 ое/мл), что позволило обнаружить ДНК в 14 образцах. Положительными считались образцы, в которых размер продукта соответствовал 290 п.н. В то же время, в отрицательном контрольном образце после проведения ПЦР продукт амплификации не был обнаружен.

Выводы. Исследование различий в частоте обнаружения видоспецифических фрагментов ДНК (гена 16S рРНК) *Moraxellacatarrhalis*, *Streptococcus pneumoniae* и *Haemophilus influenzae* при заболеваниях органов дыхательной системы показало, что в ходе ПЦР-анализа фрагменты ДНК *Streptococcus pneumoniae* были выявлены в значительно большем количестве образцов пациентов по сравнению с фрагментами ДНК других изучаемых пневмопатогенов.

Библиографический список:

1. Особенности течения инфекционного процесса при патологии верхних дыхательных путей. Туровский А.Б., Колбанова И.Г., Кудрявцева Ю.С., Крюков А.И. РМЖ. 2016. Т. 24. № 21.
2. Роль изучения факторов местного иммунитета при патологии дыхательных путей Савалкин В.И., Алтынова Е.И., Нестерова К.И.,

Ломброзо А.В. Фундаментальные исследования. 2011. № 10-1. С. 151-154.

3. Мониторинг степени влияния патологии верхних дыхательных путей на качество жизни Арустамян И.Г., Сопко О.Н. Российская оториноларингология. 2013. № 1 (62). С. 21-25

MOLECULAR GENETIC ANALYSIS OF HUMAN RESPIRATORY TRACT MICROBIOTA IN VARIOUS PATHOLOGIES

Valiakhmetova D.Z.

Scientific supervisor – Gimranova I.A.

**Federal State Budgetary Educational Institution of Higher
Medical Education of the Ministry of Health of the Russian Federation**

Keywords: *Respiratory tract infection, polymerase chain reaction*

Respiratory tract infections are acute diseases caused by airborne infectious agents. The composition of pneumopathogens may vary due to different laboratory detection methods, the effectiveness of which depends on the type of bacteria, the material and the stage of the disease, which became the basis of our study.