

DOI: 10.25205/978-5-4437-1691-6-216

**ИДЕНТИФИКАЦИЯ *COXIELLA BURNETII* МЕТОДОМ СЕКВЕНИРОВАНИЯ
И ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОГО АНАЛИЗА ГЕНА 16S РРНК****IDENTIFICATION OF *COXIELLA BURNETII* USING SEQUENCING
AND PHYLOGENETIC ANALYSIS OF THE 16S RRNA GENE**М. Р. Абаева, А. У. Исабек, А. М. Мелисбек, А. К. Бопи, Г. О. Шыныбекова,
Н. С. Кожаберженов, М. Д. Алмежанова, К. Т. Султанкулова*Научно-исследовательский институт проблем биологической безопасности
Министерства здравоохранения Республики Казахстан, пгт Гвардейский*M. R. Abaeva, A. U. Isabek, A. M. Melisbek, A. K. Bopi, G. O. Shynybekova,
N. S. Kozhabergenov, M. D. Almezhanova, K. T. Sultankulova*Research Institute for Biological Safety Problems, Ministry of Healthcare
of the Republic of Kazakhstan, Gvardeysky*

✉ Madik5897@mail.ru

Аннотация

Ген 16S рРНК несет как консервативные, так и переменные участки нуклеотидной последовательности, что позволяет использовать его как для определения рода, так и для видового типирования микроорганизмов. С использованием метода секвенирования и филогенетического анализа гена 16S рРНК идентифицирован *Coxiella burnetii*, присутствующий в организме клеща из Туркестанской области Республики Казахстан. Результаты филогенетического анализа по гену 16S рРНК показали, что в образце, выделенном из клеща из Туркестанской области в 2023 г., присутствует возбудитель Ку лихорадки *Coxiella burnetii*. При молекулярном типировании изолята *Coxiella burnetii* обнаружен тип MST 6.

Abstract

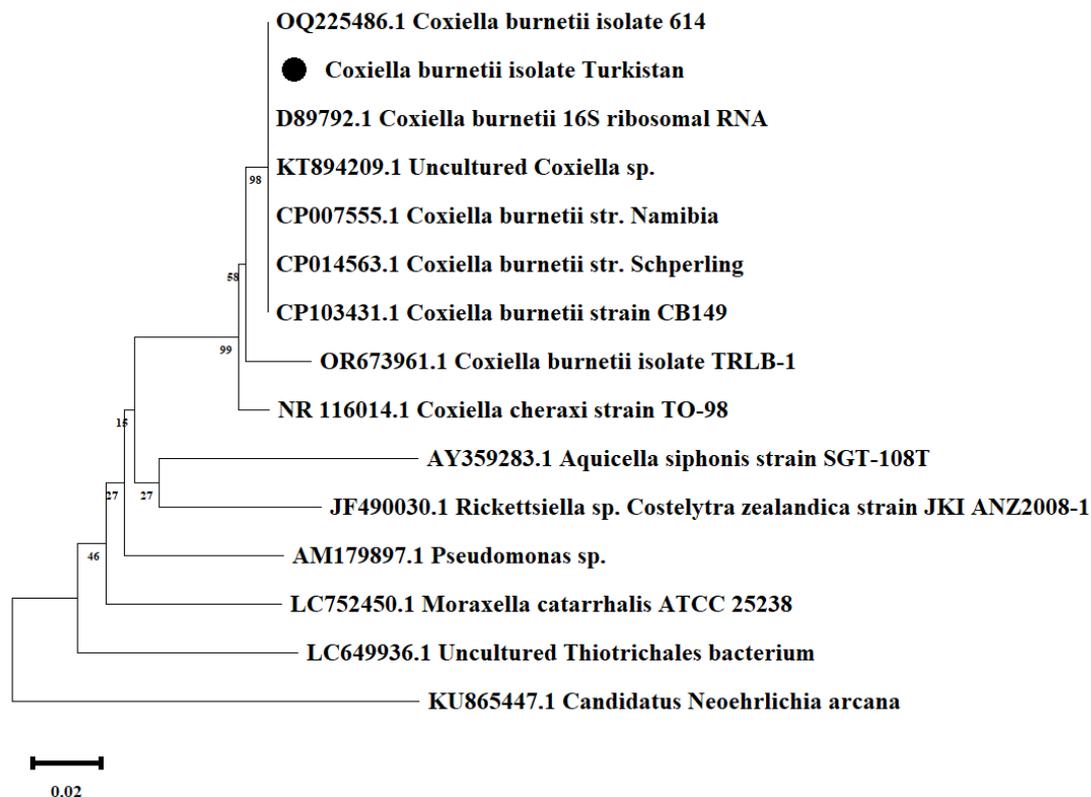
The 16S rRNA gene carries both conservative and variable regions of the nucleotide sequence, which allows it to be used for both genus and species typing of microorganisms. Using the sequencing method and phylogenetic analysis of the 16S rRNA gene, *Coxiella burnetii* was identified in the body of a tick from the Turkestan region of the Republic of Kazakhstan. The results of the phylogenetic analysis of the 16S rRNA gene showed that the causative agent of Q fever *Coxiella burnetii* was present in the sample isolated from a tick from the Turkestan region in 2023. Molecular typing of the *Coxiella burnetii* isolate revealed the MST 6 type.

Лихорадка Ку (кокциеллез) — вызываемая *Coxiella burnetii* зоонозная инфекция с длительным и самостоятельным существованием очагов сельскохозяйственных животных, наличием на отдельных территориях смешанных природно-хозяйственных (антропоургических) очагов. В природных очагах резервуаром *C. burnetii* являются дикие мелкие млекопитающие, иксодовые и аргасовые клещи. В антропоургических очагах — сельскохозяйственные животные, среди которых основным источником возбудителя является мелкий и крупный рогатый скот.

В этом исследовании проанализирован изолят *Coxiella burnetii*, выделенный из клещей из Туркестанской области Республики Казахстан, путем определения последовательностей 16S рРНК и филогенетического анализа.

Известно, что все бактериальные рРНК локусы содержат гены 16S РНК. Эти гены обладают изменчивостью на уровне родов и видов. Определение типовой принадлежности проводили на основе секвенирования и филогенетического анализа гена 16S рибосомальной РНК. Для этого проводили наработку ПЦР продуктов гена 16S рРНК с использованием пар праймеров QF (5'-ATTGAAGAGTTTGATTCTGG-3') и QR (5'-CGGCCTCCCGAAGGTTAG-3'), размер получаемого продукта составил 1457 п. о.

На рисунке представлены данные филогенетического дерева по гену 16S рРНК, который построен по компьютерной программе Mega 11 методом Neigbor-Joining. Для проведения сравнительного анализа были взяты штаммы из международной базы данных GenBank. Изолят *Coxiella burnetii*, выделенный из клещей из Туркестанской области, образовал одну клональную группу по гену 16S рРНК со штаммом CB149 (CP103431.1), относящимся к шестому генотипу (MST 6).



Филогенетическое древо, основанное на нуклеотидной последовательности гена 16S рРНК *C. burnetii*

При проведении сравнительного анализа нуклеотидных последовательностей гена 16S рРНК было определено, что идентичность казахстанского изолята *C. burnetii*, выделенного из клеща и доставленного из Туркестанской области, и азиатских и африканских штаммов (CP014563 *Coxiella burnetii* str. Schperling из Кыргызстана, OQ225486.1 *Coxiella burnetii* isolate 614 штамм из России, CP007555 *Coxiella burnetii* str. Namibia из Намибии и CP103431 *Coxiella burnetii* strain CB149 из Сенегала) из базы данных GenBank составляет 99–99,93 %.

Результаты исследований по определению молекулярно-генетических особенностей казахстанского изолята *Coxiella burnetii*, выделенного из клеща и доставленного из Туркестанской области, использованы для решения задач генетической паспортизации возбудителя Ку лихорадки *Coxiella burnetii*.