

времени, ресурсов и высокой квалификации персонала. Перспективным решением является разработка лиофилизированных тест-штаммов заданной концентрации, для использования которых требуется только растворение лиофилизата.

Цель оценить качество лиофилизированных стандартизованных по количеству жизнеспособных клеток тест-штаммы микроорганизмов «ЛеоШтамм», разработанных для использования в микробиологических исследованиях.

Материалы и методы. В работе использовали тест-штаммы рекомендованных для микробиологических исследований в *S. Abony* 6517, *S. aureus* ATCC 6538P, *P. aeruginosa* ATCC 9027, *Y. enterocolitica* ATCC 9610, *E. coli* ATCC 25922, *B. subtilis* ATCC 6633, *B. cereus* ATCC 10702. Для каждого штамма были подобраны условия культивирования на плотной питательной среде таким образом, чтобы культура находилась в стационарной фазе роста. После готовили суспензию клеток концентрацией 10^3 КОЕ/мл. Полученные лиофилизированные образцы оценивали по следующим показателям качества: остаточная влажность (потеря в массе при высушивании) и однородность массы. Количество жизнеспособных клеток определяли чашечным методом, лиофилизат восстанавливали 1,0 мл стерильной дистиллированной воды и высевали по 0,1 мл.

Результаты и обсуждения. Для каждого тест-штамма были изготовлены по две серии образцов объемом по 200 флаконов. Средняя остаточная влажность образцов составила $(1,4 \pm 0,4)$ %, с минимальным значением 0,7 % и максимальным 2,1 %. Однородность дозирования внутри серии была в пределах 0,3–3,6 %, между сериями 3,5 %.

Среднее значение числа колоний на поверхности чашки Петри составило 55 ± 31 , что соответствует требуемому диапазону 10–100 колоний на чашке. Фенотипически штаммы микроорганизмов, культивируемые 24 и 48 часов обладали типичными культурально-морфологическими признаками. По морфологии колоний и времени появления не отличаются от колоний полученных традиционным методом приготовления бактериальных суспензий из суточной культуры тест-штаммов микроорганизмов.

Выводы. Используемая технология разработки стандартизованных по количеству жизнеспособных клеток тест-штаммов микроорганизмов позволяет получать, однородны серии образцов с заданным количеством жизнеспособных клеток.

Воропаев Е.В.¹, Воропаева А.В.², Баранов О.Ю.³,
Валентович Л.Н.⁴

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ ГЕНОМОВ БАКТЕРИЙ *HELICOBACTER PYLORI*, ЦИРКУЛИРУЮЩИХ В БЕЛОРУССКОЙ ПОПУЛЯЦИИ

¹ УО «Гомельский государственный медицинский университет», г. Гомель, Беларусь

² ГУ «Республиканский научно-практический центр радиационной медицины и экологии человека», г. Гомель, Беларусь

³ Национальная академия наук Беларуси, г. Минск, Беларусь

⁴ Институт микробиологии НАН Беларуси, г. Минск, Беларусь

Введение. Выделение и культивирование микроорганизмов из биоптатов слизистой оболочки желудка пациен-

тов, страдающих хроническим гастритом и язвой, получивших в дальнейшем название *Helicobacter pylori* (*H. pylori*), привело к развитию целого научного направления, посвященного изучению особенностей заболеваний, связанных с этими бактериями. Анализ полных геномных последовательностей изолятов *H. pylori* представляет интерес для изучения патогенетических и клинических характеристик заболеваний, связанных с этими широко распространенными микроорганизмами.

Цель. Исследовать структурно-функциональную организацию геномов белорусских изолятов *H. pylori* HP42K и HP45K для идентификации генетических локусов, определяющих патогенетические механизмы развития заболеваний.

Материалы и методы. Для геномного исследования выбраны изоляты *H. pylori*, полученные из слизистой оболочки антрального отдела желудка пациентки 48 лет (штамм HP42K), с диагнозом «эритематозная гиперпластическая антральная гастропатия» и 34 лет (штамм HP45K) с диагнозом «эритематозная гастропатия». Перед проведением исследования биологического материала от пациенток получено информированное согласие установленного образца. Высокопроизводительное секвенирование генома *H. pylori* выполнялось с использованием ионной полупроводниковой технологии на базе геномного анализатора Ion PGM System (Thermo Scientific, США). Автоматическая аннотация последовательностей проводилась с помощью программного конвейера NCBI PGAP (NCBI Prokaryotic Genome Annotation Pipeline), также использовались возможности международной базы данных с открытым доступом.

Результаты. Прочтения, полученные в результате секвенирования ДНК-библиотек изолята HP42K *H. pylori*, были собраны в три кольцевые последовательности, представленные хромосомной ДНК размером (1 645 783 п.н.) и двумя плазмидами, обозначенными как rHP42-1 (10 013 п.н.) и rHP42-2 (2 658 п.н.). Полученные последовательности были депонированы в GenBank NCBI с идентификационными номерами CP034314.1, CP034313.1 и CP034312.1. Проведенный сравнительный анализ GC-состава хромосомной и плазмидных (1 и 2) ДНК показал, что данный показатель был относительно сходным и составил 38,9%, 36,1% и 36,5%, соответственно. Прочтения, полученные в результате секвенирования ДНК-библиотек изолята HP45K *H. pylori*, были собраны в одну кольцевую последовательность ДНК размером 1 654 504 п.н., представленную 118 контигами. Проведенный сравнительный анализ GC-состава хромосомной ДНК показал, что данный показатель составил 39%. Полученная последовательность была депонирована в GenBank NCBI с идентификационным номером CP129105.1.

Заключение. Сравнительный анализ антибиотикорезистентности белорусских изолятов *H. pylori* показал, что в изоляте HP45K, в отличие от HP42K присутствует дополнительная мутация *frxA*, обуславливающая устойчивость к метронидазолу и мутация *gntA*, обуславливающий устойчивость к фторхинолонам. Полученные результаты подчеркивают важность анализа бактериальных геномов, позволяющий оценить их патогенный потенциал.