

Были сформированы две группы: основная – показатель CD4<350 клеток/мкл. через 2 года после назначения АРТ и далее не поднимался выше – всего 280 человек; контрольная – показатель CD4>350 клеток/мкл. через 2 года после назначения АРТ и далее не опускался ниже – всего 188 человек.

Результаты. Из группы нуклеозидных ингибиторов обратной транскриптазы в основной группе пациентов 196 человек (70,0 %) принимали тенофовир, 65 человек (23,2 %) - абакавир, 19 человек (6,8%) - зидовудин; в контрольной группе тенофовир получали 123 человека (67,6%), абакавир – 46 человек (24,4 %), зидовудин – 15 (8,0%). По результатам статистического анализа различия между группами были статистически не значимы ( $p > 0,05$ ). В группе пациентов с иммунологической неэффективностью АРТ 163 человека (58,0 %) принимали схемы на основе ненуклеозидных ингибиторов (ННИОТ) обратной транскриптазы, в контрольной группе схемы на основе ННИОТ получали – 122 человека (64,9%). Различия между группами были статистически не значимы ( $p > 0,05$ ). Препараты группы ингибиторов протеазы получали 59 человек (21,0%) в основной группе и 40 человек (21,3%) в контрольной ( $p > 0,05$ ). Ингибиторы интегразы получали 36 человек (13,8%) в основной группе и 18 человек (10,0%) в контрольной. Различия между группами так же оказались статистически не значимыми ( $p > 0,05$ ).

Выводы. Результаты исследования демонстрируют отсутствие статистически значимых различий в развитии иммунологической неэффективности АРТ у пациентов с тяжелым иммунодефицитом, что частично объясняется тенденцией отказа специалистов от назначения «наивным» пациентам антиретровирусных препаратов предыдущих поколений, оказывавших негативное влияние на прирост CD4+ (зидовудин, ставудин, невирапин). Выбор более современных схем АРТ, быстро снижающих вирусную нагрузку и воздействующих на резервуары вируса, более благоприятен в отношении прогноза восстановления иммунного статуса у пациентов с тяжелым иммунодефицитом.

*Баранов О.Ю.<sup>1</sup>, Воропаев Е.В.<sup>2</sup>, Богдан В.Г.<sup>1</sup>,  
Осипкина О.В.<sup>2</sup>, Иващенко Л.О.<sup>3,4</sup>*

#### **НЕТАКСОНОМИЧЕСКИЕ ПОДХОДЫ К МЕТАГЕНЕТИЧЕСКОМУ АНАЛИЗУ ПАТОСИСТЕМ**

<sup>1</sup>Национальная академия наук Беларуси, Минск,  
Беларусь

<sup>2</sup>Гомельский государственный медицинский  
университет, Гомель, Беларусь

<sup>3</sup>Белорусский государственный технологический  
университет, Минск, Беларусь

<sup>4</sup>Институт леса НАН Беларуси, Гомель, Беларусь

Исследование особенностей генетической структуры и преобразования видового состава микробиомов представляет собой важную научную задачу, являющуюся одним из базисов для последующего изучения и определения основных механизмов и закономерностей направленности трансформации биологических систем. Методологической основой метагенетического анализа является использование в качестве ДНК-маркеров различных ортологических локусов. Проведенные молекулярно-генетические исследования грибных организмов

показали, что размер внутренних транскрибируемых спейсеров рДНК – является для вида величиной специфичной и постоянной. Таким образом, данный молекулярный признак может быть использован для описания и сравнительного анализа доминирующего состава грибных видов в пределах изучаемых патосистем. Для установления размера ампликонов не требуется секвенирования ампликонов, а сам анализ молекулярно-генетических спектров может быть выполнен и в случае смешанных инфекций. Дополнительная количественная оценка ПЦР-продуктов дает возможность определения долевого участия видов в микробиоме. Идентификация видов может быть выполнена на использовании репозитория размеров маркеров ITS1 и ITS2, либо путем сравнительного анализа микробиомов, который проводится с применением нетаксономического подхода – обозначением названий грибных видов с помощью значений длин ампликонов. Применительно к бактериальным организмам, молекулярная идентификация видов осуществляется посредством Т-ПДРФ (T-RFLP) анализа регионов генов 16S или 23S рРНК. Использование нетаксономического подхода в равной степени позволяет производить расчет всех индексов видового разнообразия и структуры, а также определять уровень видовой подобия микробиомов.

В то же время, ДНК-маркеры, используемые для установления таксономической принадлежности микроорганизмов, не всегда являются информативными в отношении оценки функциональных особенностей как отдельных видов, так и их сообществ. Физиологические и экологические характеристики штаммов могут варьировать в значительной степени в пределах вида, что обусловлено полиморфизмом наследственных детерминант патогенности и вирулентности (по отношению к организму-хозяину), антагонистических, конкурентных и синтрофных (по отношению к другим микроорганизмам) свойств. Таким образом, для описания свойств микробиомов и функциональной оценки метаболомов сообществ микроорганизмов, на наш взгляд, наиболее перспективным направлением является анализ совокупной структуры и изменчивости локусов, детерминирующих факторы патогенности и вирулентности.

Проведенные нами исследования показали, что большинство патогенных микроорганизмов и их сообществ могут быть сгруппированы на основании перечня генов, кодирующих те или иные факторы патогенности и вирулентности, воздействие которых приводит к возникновению специфических симптомов у организма-хозяина и обуславливающих характер протекания заболевания, что может являться молекулярно-генетическим признаком данных патосистем

*Батян Г.М.<sup>1</sup>, Грынчак В.П.<sup>2</sup>, Гаркун А.О.<sup>1</sup>,  
Миклашевская Т.А.<sup>2</sup>*

#### **СРАВНИТЕЛЬНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ТЕРАПИИ СИНДРОМА КАВАСАКИ И МУЛЬТИСИСТЕМНОГО ВОСПАЛИТЕЛЬНОГО СИНДРОМА, АССОЦИИРОВАННОГО С COVID-19**

<sup>1</sup>Белорусский государственный медицинский  
университет, Минск, Республика Беларусь

<sup>2</sup>Городская детская инфекционная клиническая  
больница, Минск, Республика Беларусь