

Краткая информация о гранте

Проект: Изучение генетического разнообразия штаммов чумы для создания биорепозитория и определения генезиса ядер энзоотической чумы в природных очагах Казахстана, ИРН АР09261078

Актуальность:

Актуальность изучения этих территорий связана со значительным повышением рисков заболеваний в непосредственных ядрах энзоотии чумы и необходимы для принятия оперативных мер профилактики. Кроме того, по ряду причин, эти участки принципиальны для изучения механизмов природной очаговости чумы, разработки и испытания мер «сдерживания» распространения на энзоотичной по чуме территории в ограниченных эпидемически значимых участках. Проведенные расширенные лабораторные исследования полевого материала из ядер энзоотии чумы помогут определить сохранения чумного микроба в межэпизоотический период. Современные молекулярно-генетические исследования позволят определить видовую и внутривидовую принадлежность штаммов, устанавливать происхождение и географическую приуроченность изолята, в том числе с атипичными свойствами. Впервые будет создан генный банк данных и геномного биорепозитория штаммов *Y. pestis*. Предлагаемая научная работа и разработка алгоритма соответствует современным требованиям мониторинга по чумной инфекции, молекулярной диагностике, генотипированию и секвенированию штаммов чумного микроба, который соответствует по приоритетным и специализированным направлениям практического здравоохранения и в области науки.

Цели: Проведение молекулярно-генетических исследований для получения сведений о географическом распределении и генетическом разнообразии возбудителя чумы циркулирующих на энзоотичной по чуме территории страны, определения причин сохранения микроорганизма в пределах ядер энзоотий, создания геномного биорепозитория, для выявления источника и происхождения во время вспышек этой инфекции, для проведения своевременных профилактических и противоэпидемических мероприятий

Ожидаемые результаты:

При накоплении большого массива информации по результатам исследований, использование разрабатываемых алгоритмов даст возможность, во-первых, повысить эффективность эпидемиологического и эпизоотологического мониторинга чумы, во-вторых, с использованием специализированных компьютерных программ создать базы данных молекулярно-генетических портретов штаммов возбудителей чумной инфекции, создания геномного биорепозитория и определение пространственно-временной характеристики возбудителя чумы циркулирующих в природных очагах Казахстана, что соответствует программе по внедрению инновационных технологий в медицине.

Мониторинг за чумной инфекцией является не коммерческой деятельностью, но прерогативой выполнения государственных и международных программ по биологической безопасности согласно требованиям Международных медико-санитарных правил (ММСП ВОЗ, 2005 г.). Внедрение современных высокочувствительных методов экспресс-диагностики, молекулярной генетики и информационной цифровой технологии сыграют огромную роль в подготовке научных специалистов и работников практического здравоохранения. В проекте предусмотрено прохождения 3-х молодых ученых стажировку за рубежом. Планируется публикация 3 (трех) статей и (или) обзоров в рецензируемых научных изданиях, индексируемых в *Science Citation Index Expanded* базы *Web of Science (The Journal of Infection in Developing Countries*, импакт-фактор 1,2; *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, импакт-фактор 1,4; *PLOS ONE*, импакт-фактор 1,4) или имеющих процентиль по CiteScore в базе Scopus не менее 35 (тридцати пяти). Получение национальных патентов РК по результатам исследований. По результатам

научно-технической деятельности будут составлены инструктивно-методические документы для практических работников здравоохранения.

Полученные результаты в 2021 году

Научной группой был проведен анализ данных литературы, посвященных применению методов микробиологии и молекулярной генетики для типирования, дифференциации и изучения генетического полиморфизма штаммов чумы, определению эффективности использования разных методов для комплексного алгоритма оценки генетического разнообразия природных изолятов *Yersinia pestis*, где общая ссылка составило 134 первоисточника. Для детального изучения и проведения мониторинга нами были определены географические координаты существующих 4-х ядер энзоотии природных очагов чумы Казахстана. Всего из 13-ти автономных очагов было собрано – 2000 проб полевого материала, в том числе почвы – 779 проб, субстратов нор – 337 проб, содержимое кормовой камеры – 260 проб, костные останки – 12 экз, биологические объекты – 612 проб сывороток от основных и второстепенных носителей чумной инфекции. Материалы в процессе изучения. Для проведения молекулярно-генетических исследований был проведен отбор 65 штаммов чумного микроба, выделенных из различных объектов в различные годы и циркулирующих в природных очагах чумы Казахстана и для комплексного алгоритма оценки генетического разнообразия изолятов *Y. pestis* были подготовлены лизаты 65 штаммов с предварительным изучением фенотипических свойств для проведения дальнейших молекулярно-генетических методов исследования (генотипирования, секвенирования). Для экстракции ДНК использовали комплект реагентов *QIAamp DNA Mini Kit (Qiagen, USA)* согласно инструкциям производителя. Нуклеотидная последовательность ДНК *Y. pestis* была амплифицирована с использованием праймеров YPO2088 R и YPO2088 F с протяженностью 191 п.н. Концентрация ДНК измерена на флуориметре с использованием набора *Qubit dsDNA HS Assay Kit*. Очистку продуктов ПЦР проводили методом с использованием экзонуклеазы I и щелочной фосфатазы (*Thermo Scientific*) ДНК для дальнейшего проведения генотипирования секвенирования. Работа будет продолжена в 2022-2023 гг.

Исследовательская группа

Руководитель проекта:

Абдел Зият Жумадилулы – к.м.н., ассоц. профессор, врач-эпидемиолог высшей категории. SC: 57204073636; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2738-6818>

Соруководитель проекта:

Абдирасилова Айгуль Акзамовна - соруководитель проекта, к.м.н., врач-микробиолог высшей категории. SC: 6504400765; ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7308-2113>

Исполнители:

Мусагалиева Райхан Сафаровна – к.м.н., ассоц. профессор, врач-эпидемиолог высшей категории. SC: 57208029281; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6838-2338>

Аймаханов Батырбек Кошербаевич – н.с., магистр здравоохранения, врач-эпидемиолог высшей категории. SC: 57203331422; ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2311-3791>

Далибаев Жандос Сатыбалдыевич – н.с, врач-эпидемиолог высшей категории. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6567-2225> SC:

<https://www.scopus.com/results/authorNamesList.uri?st1=Dalibaev&st2=Zh&origin=searchauthorlookup>

Абделиев Бек Зиятович - магистр генетики, доктарант PhD, врач-микробиолог. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4184-6227>; SC:

<https://www.scopus.com/results/authorNamesList.uri?st1=Abdeliev&st2=B&origin=searchauthorlookup>

Есімсеит Д. ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2202-9333>;
<https://www.scopus.com/results/authorNamesList.uri?st1=Esimseit&st2=D&origin=searchauthorlookup>