

Филогенетический анализ штаммов *Helicobacter pylori*, циркулирующих в Якутии, по данным трех генов домашнего хозяйства *atpA*, *mutY*, *ppa*

Научный руководитель – Барашков Николай Алексеевич

*Борисова Т.В.*¹, *Solovov A.V.*², *Готовцев Н.Н.*³, *Барашков Н.А.*⁴

1 - Северо-Восточный федеральный университет имени М.К. Аммосова, Якутск, Россия, *E-mail: borisovatu96@gmail.com*; 2 - Северо-Восточный федеральный университет имени М.К. Аммосова, Институт естественных наук, Научно-исследовательская лаборатория молекулярной биологии, Якутск, Россия, *E-mail: Nelloann@mail.ru*; 3 - Северо-Восточный федеральный университет имени М.К. Аммосова, Якутск, Россия, *E-mail: Donzcrew@mail.ru*; 4 - Якутский научный центр комплексных медицинских проблем, Якутск, Россия, *E-mail: barashkov2004@mail.ru*

Генетическое разнообразие бактерии *Helicobacter pylori* (*H. pylori*), которая колонизирует слизистую оболочку желудка и двенадцатиперстной кишки человека, вызывая различные гастродуоденальные заболевания, схоже с географической подразделенностью *Homo sapiens* [2]. Данное явление связывают с коэволюцией анатомически современного человека (Anatomically modern human) и *H. pylori* со времен расселения из африканского континента [4]. В Якутии исследование происхождения штаммов *H. pylori* ранее не проводилось. Этот вопрос является актуальным, поскольку неизвестно, были ли бактерии *H. pylori* привнесены европейским населением в XVII веке (как, например, в случае с *Mycobacterium tuberculosis*) [3], или же местные штаммы имеют автохтонное происхождение. Была исследована выборка из 28 образцов ДНК *H. pylori*, выделенных из биоптатов пациентов с гастродуоденальными заболеваниями. Филогенетическое дерево, построенное на основе анализа трех генов - *atpA*, *mutY* и *ppa* включало данные по 1392 штаммам из открытой базы данных *H. pylori* MLST Database и 28 изолятам из Якутии.

Выявлен высокий процент европейской популяции *H. pylori* среди якутов (hpEurope - 89,3%). Полученные результаты можно связать с освоением территории Восточной Сибири русскими землепроходцами, начиная с XVII века с последующей экспансией русскоязычного населения на территорию Якутии. Наличие восточноазиатского гаплотипа (hpEastAsia) было выявлено у 10,7% образцов ДНК, что может свидетельствовать о том, что либо инфицирование восточноазиатскими штаммами могло произойти недавно, либо эти штаммы являются автохтонными и могут быть отнесены к субгаплотипу hspSiberia, относящихся к базовому гаплотипу hpEastAsia [1]. Для однозначной дифференциации якутских штаммов *H. pylori*, относящихся к гаплотипу hpEastAsia необходимы дополнительные исследования с увеличением размеров выборки и увеличением числа маркерных генов для филогенетического анализа.

Работа выполнена в рамках Государственного задания Министерства образования и науки РФ №6.1766.2017 ПЧ, проекта СВФУ им. М.К. Аммосова, программы биоресурсных коллекций ФАНО России УНУ «Геном Якутии» ЯНЦ КМП (БРК: 0556-2017-0003) и гранта РФФИ №18-05-60035_ Арктика.

Источники и литература

- 1) Момыналиев К. Т. Геномно-протеомная характеристика вариабельности *Helicobacter pylori*: Автореф. дисс. д.б.н. (03.00.04) – М., 2009. 45 с.
- 2) Covacci A., Telford J.L., Giudice G.D., Parsonnet J., Rappuoli R. *Helicobacter pylori* virulence and genetic geography // Science. 1999, №284. p. 1328–1333.

- 3) Dabernat H., The'ves C., Bouakaze C., Nikolaeva D., Keyser C., et al. Tuberculosis Epidemiology and Selection in an Autochthonous Siberian Population from the 16th-19th Century // PLoS ONE. 2014, №9(2).
- 4) Moodley Y., Linz B, Bond R.P., Nieuwoudt M., Soodyall H., Schlebusch C. M., Bernhöft S., Hale J., Suerbaum S., Mugisha L., van der Merwe S.W., Achtman M. Age of the Association between *Helicobacter pylori* and Man // PLoS Pathogens. 2012, №8(5).