

© Ю.А. Панферова, 2019

УДК 579.25:577.29

Ю.А. Панферова

АНАЛИЗ *IN SILICO* ГЕНА *VLY*, КОДИРУЮЩЕГО ЦИТОЛИЗИН ВАГИНОЛИЗИН, У ШТАММОВ *GARDNERELLA VAGINALIS* РАЗЛИЧНОГО ГЕОГРАФИЧЕСКОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ

НИИ эпидемиологии и микробиологии имени Пастера Роспотребнадзора, г. Санкт-Петербург, Россия

Цель. Оценка структуры нуклеотидной последовательности гена *vly*, кодирующего фактор вирулентности вагинолизин, у штаммов *G. vaginalis* различного географического происхождения.

Материалы и методы. *In silico* анализ консервативных и полиморфных участков гена и построение филогенетического дерева с использованием пакета программ Ugene. Анализ сходства нуклеотидных последовательностей гена и аминокислотных последовательностей его продукта с помощью онлайн-инструментов NCBI.

Результаты. В структуре гена *vly* обнаружены консервативные и полиморфные участки. Проанализированы некоторые однонуклеотидные замены, характерные для разных штаммов бактерии, и более протяженные полиморфные участки, характерные для групп штаммов. На кладограмме штаммы группируются, как правило, независимо от географического источника выделения, однако штамм, выделенный в России, представляет собой отдельную ветвь по данному маркеру. Вариабельность последовательности гена составила 88,9-100%, аминокислотной последовательности вагинолизина – 94,4-100%.

Заключение. Вариабельность структуры гена *vly* может служить основой для исследования патотипов *G. vaginalis*, ассоциированных с клиническим проявления бактериального вагиноза либо с бессимптомным носительством бактерии. Функциональное изучение кодируемого геном фактора вирулентности может быть фундаментом создания новых целевых средств терапии гарднереллезной инфекции.

Ключевые слова: *Gardnerella vaginalis*, бактериальный вагиноз, патотипы, фактор вирулентности, вагинолизин, полиморфизмы.

Yu.A. Panferova

***IN SILICO* ANALYSIS OF *VLY* GENE, CODING CYTOLYSIN VAGINOLYSIN, IN *GARDNERELLA VAGINALIS* STRAINS FROM DIFFERENT GEOGRAPHICAL LOCATIONS**

Saint Petersburg Pasteur Institute, St-Petersburg, Russia

Objective. Analysis of nucleotide sequences of *vly* gene, coding one of virulence factors, vaginolysin, in *Gardnerella vaginalis* strains from different geographical locations.

Materials and methods. *In silico* analysis of the conservative and polymorphic gene regions and phylogenetic analysis of marker using Ugene software. Similarity analysis of *vly* gene nucleotide sequences and aminoacid sequences of their coding vaginolysin using online packages of NCBI.

Results. Both conservative and polymorphic loci were recognized in the sequences of *vly* gene. Some single nucleotide polymorphisms of the certain bacterial strains and more extensive polymorphisms of distinct groups of strains were analyzed. In most cases, strains group at cladogram regardless their geographical origin, but Russian strain forms unique genotype in distinct clade using *vly* as marker. The similarity of nucleotide sequences varies in the range 88,9-

100%, aminoacid cequence of coding protein vaginolysin – in range 94,4-100%.

Conclusions. The variability of the *vly* gene structure should be base of pathotype-specific studies of *G. vaginalis* strains, associated both with bacterial vaginosis or asymptomatic persistence. The functional analysis of vaginolysin as a virulence factor can be used in new types of target therapy development in cases of *Gardnerella* infection.

Key words: *Gardnerella vaginalis*, bacterial vaginosis, pathotypes, virulence factor, vaginolysin, polymorphisms.